



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

(11) PI 0912898-0 B1



(22) Data do Depósito: 18/08/2009

(45) Data de Concessão: 12/04/2022

(54) Título: MÉTODO PARA AUMENTAR A EFICIÊNCIA DE USO DO NITROGÊNIO E/OU TOLERÂNCIA À DEFICIÊNCIA DE NITROGÊNIO DE UMA PLANTA

(51) Int.Cl.: C12N 15/82; C07H 21/04.

(30) Prioridade Unionista: 18/08/2008 US 61/136,189.

(73) Titular(es): EVOGENE LTD.

(72) Inventor(es): MICHAEL GANG; DOTAN DIMET; BASIA JUDITH VINOCUR; SHARON AYAL; ALEX DIBER; EYAL EMMANUEL; GIL RONEN; HAGAI KARCHI; YOAV HERSCHKOVITZ.

(86) Pedido PCT: PCT IB2009053633 de 18/08/2009

(87) Publicação PCT: WO 2010/020941 de 25/02/2010

(85) Data do Início da Fase Nacional: 18/02/2011

(57) Resumo: POLINUCLEOTÍDEOS E POLIPETÍDEOS ISOLADOS ÚTEIS PARA AUMENTAR A EFICIÊNCIA DE USO DO NITROGÊNIO, TOLERÂNCIA AO ESTRESSE ABIÓTICO, PRODUÇÃO E BIOMASSA EM PLANTAS, são providos métodos para aumentar a eficiência de uso nitrogênio, eficiência de uso de fertilizante, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta expressando dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo uma sequência de ácido nucléico pelo menos 80% idêntica à SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295, 306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2507-2511, 2513-2521 ou 2522; e para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, eficiência de uso de fertilizantes e/ou teor de óleo de uma planta expressando dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo uma sequência de ácido nucléico pelo menos 80% idêntica à SEQ ID N°: 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 288, 394, 2398-2412 ou 2413; também são providos polipeptídeos e polinucleotídeos isolados que podem ser usados para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta de uma planta.

MÉTODO PARA AUMENTAR A EFICIÊNCIA DE USO DO NITROGÊNIO E/OU TOLERÂNCIA À DEFICIÊNCIA DE NITROGÊNIO DE UMA PLANTA

CAMPO E ANTECEDENTES DA INVENÇÃO

[001] A presente invenção, em algumas de suas configurações, está relacionada a polinucleotídeos e polipeptídeos isolados, combinações de ácido nucléico compreendendo os mesmos, plantas transgênicas expressando os mesmos e métodos para usar os mesmos para aumentar eficiência de uso do nitrogênio, produção, biomassa, vigor, taxa de crescimento, teor de óleo, eficiência de uso de fertilizantes, eficiência de uso de água e tolerância ao estresse abiótico de uma planta.

[002] Uma abordagem comum para promover o crescimento da planta era e continua a ser o uso de nutrientes naturais e sintéticos (fertilizantes). Dessa forma, os fertilizantes são o combustível por trás da "revolução verde", diretamente responsável pelo aumento excepcional nos rendimentos das safras durante os últimos 40 anos, e são considerados a despesa geral número um na agricultura. Dos três macronutrientes providos como fertilizantes principais [Nitrogênio (N), Fósforo (P) e Potássio (K)], o nitrogênio é o único que geralmente precisa ser repostado todo ano, em especial para cereais, que compreendem mais da metade das áreas cultivadas no mundo todo. Por exemplo, fertilizantes nitrogenados inorgânicos tais como nitrato de amônio, nitrato de potássio, ou ureia, normalmente são responsáveis por 40% dos custos associados a safras tais como milho e trigo.

[003] O nitrogênio é um macronutriente essencial para a planta, responsável pela biosíntese de aminoácidos e ácidos nucléicos, grupos prostéticos, hormônios vegetais, defesas químicas das plantas, etc. Além disso, o nitrogênio é, muitas vezes, o elemento limitador de taxa no crescimento da planta e todas as safras do campo têm uma dependência

fundamental do nitrogênio inorgânico. Dessa forma, o nitrogênio é translocado para os galhos, onde é armazenado nas folhas e no caule durante a rápida etapa de desenvolvimento da planta e até a florescência. No milho, por exemplo, as plantas acumulam o lote de seu nitrogênio orgânico durante o período de germinação do grão e até a florescência. Uma vez ocorrida a fertilização da planta, os grãos começam a se formar e se tornam o dreno principal de nitrogênio da planta. O nitrogênio armazenado pode então ser redistribuído a partir das folhas e do caule que serviram de compartimentos de armazenamento até a formação do grão.

[004] Uma vez que o fertilizante se esgota rapidamente na maioria dos tipos de solo, deve ser fornecido para cultivar safras duas ou três vezes durante a época de cultivo. Além disso, a baixa eficiência de uso do nitrogênio (EUN) das principais safras (ex., na faixa de apenas 30-70 %) afeta negativamente as despesas de insumo para o fazendeiro, devido ao excesso de fertilizante aplicado. Além do mais, a utilização excessiva e ineficiente de fertilizantes são fatores importantes responsáveis por problemas ambientais tais como eutroficação de lençóis freáticos, lagos, rios e mares, a poluição do nitrato na água potável que pode causar metemoglobinemia, poluição do fosfato, poluição atmosférica e similares. No entanto, apesar do impacto negativo dos fertilizantes sobre o ambiente e dos limites sobre a utilização de fertilizantes, que foram legislados em vários países, espera-se que o uso de fertilizantes aumente para dar suporte à produção de alimentos e fibras para atender ao rápido crescimento da população em recursos de terra limitados. Por exemplo, foi estimado que até 2050, mais de 150 milhões de toneladas de fertilizante nitrogenoso serão usadas anualmente no mundo todo.

[005] O aumento da eficiência de uso do nitrogênio pelas plantas deve possibilitar que as safras sejam cultivadas com menor insumo de fertilizantes, ou de maneira alternativa cultivadas em solos de qualidade inferior e teriam, portanto, um impacto econômico significativo em sistemas

agrícolas desenvolvidos e em desenvolvimento.

[006] O aperfeiçoamento genético da eficiência de uso de fertilizantes (EUF) em plantas pode ser obtido através do cultivo tradicional ou por engenharia genética.

[007] Tentativas de geração de plantas com maior EUF foram descritas no Pedido de Patente Americana Nº 20020046419 para Choo, et al.; Pedido de Patente Americana Nº 2005010879 para Edgerton et al; Pedido de Patente Americana Nº 20060179511 para Chomet et al; Good, A, et al. 2007 (Engineering nitrogen use efficiency with alanine aminotransferase. Canadian Journal of Botany 85: 252-262); e Good AG et al. 2004 (Trends Plant Sci. 9:597-605).

[008] Yanagisawa et al. (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 2004 101:7833-8) descreve plantas transgênicas de Dofl que apresentam crescimento aprimorado em condições de baixo nitrogênio.

[009] A Patente Americana Nº 6.084.153 para Good et al. divulga a utilização de um promotor que reage ao estresse para controlar a expressão de Alanina Aminotransferase (ALT) e plantas de canola transgênicas com tolerância à seca e à deficiência do nitrogênio melhoradas quando comparadas a plantas de controle.

[0010] A escassez global do fornecimento de água, desertificação, condições de estresse abiótico (ABS) (ex., seca, salinidade, osmótico, inundação, temperaturas não ideais tais como frio e calor, poluição química tóxica, radiação, deficiências de nutrientes e similares) juntamente com a presença de fontes limitadas de nitrogênio e fertilizante causam danos substanciais a plantas agrícolas tais como alterações importantes no metabolismo da planta, morte celular e diminuições no crescimento da planta e produtividade da safra.

[0011] A seca é um fenômeno gradativo que envolve períodos de clima irregularmente seco que persiste o suficiente para ocasionar

desequilíbrios hidrológicos sérios tais como danos à safra, escassez no fornecimento de água e aumento da suscetibilidade a diversas doenças.

[0012] A salinidade afeta um em cinco hectares de terra irrigada. Nenhuma das cinco principais culturas alimentares, i.e., trigo, milho, arroz, batata e soja é capaz de tolerar sal em excesso. Os efeitos prejudiciais do sal em plantas resultam tanto do déficit de água, que leva ao estresse osmótico (similar ao estresse por seca), quanto do efeito do excesso de íons de sódio em processos bioquímicos críticos. Como ocorre com o congelamento e a seca, a alta concentração de sal ocasiona o déficit de água; e a alta concentração de sal faz com que as raízes das plantas tenham dificuldade em extrair a água de seu ambiente. Dessa forma, a salinação dos solos que são usados para produção agrícola é um problema significativo e cada vez maior em regiões que dependem decisivamente da agricultura, e é piorado pela utilização excessiva, fertilização excessiva e escassez de água, normalmente causados por alterações climáticas e pelas demandas de uma população cada vez maior.

[0013] Temperaturas extremas tais como abaixo do ideal ou temperaturas de calor afetam o crescimento e o desenvolvimento das plantas ao longo de todo o ciclo de vida da planta. Dessa forma, temperaturas baixas reduzem a taxa de germinação e temperaturas altas resultam em necrose das folhas. Além disso, plantas maduras que são expostas ao calor excessivo podem experimentar choque de calor, que pode se originar em diversos órgãos, inclusive as folhas e, em especial, frutos, quando a transpiração é insuficiente para superar o estresse do calor. O calor também danifica estruturas celulares, inclusive organelas e o citoesqueleto e prejudica a função da membrana. O choque de calor pode produzir uma diminuição na síntese geral das proteínas, acompanhada de uma expressão de proteínas de choque de calor, ex., chaperonas, que estão envolvidas no redobramento de proteínas desnaturadas pelo calor. O dano por altas temperaturas ao pólen quase sempre ocorre em conjunto com o estresse por seca e raramente ocorre em condições

de boa umidificação. O estresse combinado pode alterar o metabolismo da planta de novas maneiras. Condições de resfriamento excessivo, ex., temperaturas baixas, mas acima do congelamento, afetam as safras de origens tropicais, tais como soja, arroz, milho e algodão. Os danos por resfriamento típicos incluem definhamento, necrose, clorose ou vazamento de íons das membranas celulares. Condições de luz excessiva, que ocorrem em condições atmosféricas limpas subsequentes a noites frias e tardias de verão/outono, podem levar à fotoinibição da fotossíntese (interrupção da fotossíntese). Além disso, o resfriamento pode levar a perdas de produção e qualidade de produto inferior através da maturação atrasada do milho.

[0014] As deficiências de nutrientes causam adaptações da arquitetura da raiz, particular e notavelmente, por exemplo, é a proliferação da raiz em pequenos pedaços de terra ricos em nutrientes para aumentar a absorção de nutrientes. As deficiências de nutrientes também causam a ativação de uma série de reações químicas metabólicas da planta que maximizam os processos de absorção, assimilação e distribuição tais como ativando alterações de arquitetura. A engenharia da expressão dos genes acionados pode fazer com que a planta exiba as alterações de arquitetura e um metabolismo aprimorado também sob outras condições.

[0015] Além disso, é bastante difundido que plantas normalmente respondem à deficiência de água criando um sistema de raízes mais profundas que permite o acesso à umidade situada em camadas mais profundas do solo. O desencadeamento desse efeito permitirá que as plantas acessem nutrientes e água situados em horizontes de solos mais profundos em especial aqueles imediatamente dissolvidos em nitratos como a água.

[0016] A produção é afetada por diversos fatores tais como o número e o tamanho dos órgãos da planta, a arquitetura da planta (por exemplo, o número de ramos), o comprimento definido dos grãos, o número de grãos preenchidos, vigor (ex. muda), taxa de crescimento, desenvolvimento da raiz,

utilização de água, nutrientes (ex., nitrogênio) e fertilizantes e tolerância ao estresse.

[0017] Safras tais como, milho, arroz, trigo, canola e soja são responsáveis por mais da metade da ingestão calórica humana total, seja por consumo direto das próprias sementes ou através do consumo de produtos alimentícios produzidos em forragem ou sementes processadas. As sementes também são uma fonte de açúcares, proteínas, óleos e metabólitos utilizados em processos industriais. A capacidade de aumentar a produção das plantas, seja pelo aumento da taxa de acúmulo de matéria seca, modificando a composição de lignina ou celulose, aumento da força do caule, ampliação do tamanho do meristema, alteração do padrão de ramificação da planta, ereção das folhas, aumento na eficiência da fertilização, taxa aprimorada de acúmulo de matéria seca da semente, modificação do desenvolvimento da semente, preenchimento aprimorado da semente ou aumento do teor de óleo, amido ou proteína nas sementes poderia ter muitas aplicações em usos agrícolas e não agrícolas tais como na produção biotecnológica de produtos farmacêuticos, anticorpos ou vacinas.

[0018] A publicação WO N° 2009/013750 divulga genes, combinações e métodos para aumentar a tolerância ao estresse abiótico, biomassa e/ou produção em plantas geradas com isso.

[0019] A publicação WO N° 2008/122980 divulga genes, combinações e métodos para aumentar o teor de óleo, a taxa de crescimento e biomassa das plantas.

[0020] A publicação WO N° 2008/075364 divulga polinucleotídeos envolvidos no desenvolvimento da fibra vegetal e métodos de utilizá-los.

[0021] A publicação WO N° 2007/049275 divulga polipeptídeos isolados, polinucleotídeos codificando-os, plantas transgênicas expressando-os e métodos para sua utilização para aumentar a eficiência de uso de fertilizantes, tolerância da planta ao estresse abiótico e biomassa.

[0022] A publicação WO N° 2004/104162 divulga métodos para aumentar a tolerância ao estresse abiótico e/ou biomassa em plantas e plantas geradas por meio disso.

[0023] A publicação WO N° 2005/121364 divulga polinucleotídeos e polipeptídeos envolvidos no desenvolvimento da fibra vegetal e métodos e métodos de utilizá-los para melhorar a qualidade da fibra, produção e/ou biomassa de uma planta produtora de fibras.

[0024] A publicação WO N° 2007/020638 divulga métodos para aumentar a tolerância ao estresse abiótico e/ou biomassa em plantas e plantas geradas através disso.

SUMÁRIO DA INVENÇÃO

[0025] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um método para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo uma sequência de ácido nucléico pelo menos 80% idêntica à SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2521 ou 2522, com isso aumentando eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta.

[0026] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um método para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo

exógeno compreendendo a sequência de ácido nucléico selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2522, 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 20, 61, 62, 129, 288, 294, 307, 363, 667, 668, 669, 670, 672, 2398-2413, 2456 e 2457, com isso aumentando a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta.

[0027] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um método para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo a sequência de ácido nucléico codificando um polipeptídeo pelo menos 80% idêntico à SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2562 or 2563, com isso aumentando a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta.

[0028] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um método para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo a sequência de ácido nucléico codificando um polipeptídeo selecionado a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2557,

2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2563, 138-143, 146, 148, 150-152, 157, 162, 198, 265, 1334-1350, 1352-1364, 1426-1428, 1458, 1460, 1732-1734, 1737-1738, 2523-2532, 2542 e 2543, com isso aumentando a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta.

[0029] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um método para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes e/ou teor de óleo de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo a sequência de ácido nucléico pelo menos 80% idêntica à SEQ ID N°: 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 288, 294, 2398-2412 ou 2413, com isso aumentando a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, e/ou teor de óleo da planta.

[0030] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um método para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes e/ou teor de óleo de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo a sequência de ácido nucléico selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 288, 294, 2398-2413, com isso aumentando a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes e/ou teor de óleo da planta.

[0031] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente é provido um método para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes e/ou teor de óleo de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo a sequência de ácido nucléico codificando um polipeptídeo

pelo menos 80% idêntico à SEQ ID N°: 138-153, 1334-1350, 1352-1364, 1458, 1460, 2523-2531 ou 2532, com isso aumentando a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes e/ou teor de óleo da planta.

[0032] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um método para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes e/ou teor de óleo de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo a sequência de ácido nucléico codificando um polipeptídeo selecionado a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 138-153, 1334-1350, 1352-1364, 1458, 1460, 2523-2532, com isso aumentando a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes e/ou teor de óleo da planta.

[0033] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um polinucleotídeo isolado compreendendo a sequência de ácido nucléico pelo menos 80% idêntica à SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2521 ou 2522, onde a sequência de ácido nucléico é capaz de aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou estresse abiótico de uma planta.

[0034] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um polinucleotídeo isolado compreendendo a sequência de ácido nucléico selecionado a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2522, 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 20, 61, 62, 129, 288, 294, 307, 363,

667, 668, 669, 670, 672, 2398-2413, 2456 e 2457.

[0035] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um polinucleotídeo isolado compreendendo a sequência de ácido nucléico codificando um polipeptídeo que compreende uma sequência de aminoácidos pelo menos 80% homóloga à sequência de aminoácidos estabelecida na SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2562 ou 2563, onde a sequência de aminoácidos é capaz de aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta.

[0036] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um polinucleotídeo isolado compreendendo a sequência de ácido nucléico codificando um polipeptídeo que compreende a sequência de aminoácidos selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2563, 138-143, 146, 148, 150-152, 157, 162, 198, 265, 1334-1350, 1352-1364, 1426-1428, 1458, 1460, 1732-1734, 1737-1738, 2523-2532, 2542 e 2543.

[0037] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido uma combinação de ácido nucléico compreendendo o polinucleotídeo isolado da invenção e um promotor para direcionar a transcrição da sequência de ácido nucléico em uma célula hospedeira.

[0038] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um polinucleotídeo isolado compreendendo uma sequência de aminoácidos pelo menos 80% homóloga à SEQ ID N°: 2557,

2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 30 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2562 ou 2563, onde a sequência de aminoácidos é capaz de aumentar eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta.

[0039] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provido um polinucleotídeo isolado compreendendo a sequência de aminoácidos selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2563, 138-143, 146, 148, 150-152, 157, 162, 198, 265, 1334-1350, 1352-1364, 1426-1428, 1458, 1460, 1732-1734, 1737-1738, 2523-2532, 2542 e 2543.

[0040] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provida uma célula vegetal que expressa de forma exógena o polinucleotídeo da invenção ou a combinação de ácido nucléico da invenção.

[0041] De acordo com um aspecto de algumas configurações da presente invenção é provida uma célula vegetal que expressa de forma exógena o polipeptídeo da invenção.

[0042] De acordo com algumas configurações da invenção, a sequência de ácido nucléico é conforme estabelecida na SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2521 ou 2522.

[0043] De acordo com algumas configurações da invenção, o

polinucleotídeo consiste na sequência de ácido nucléico selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2522.

[0044] De acordo com algumas configurações da invenção, a sequência de ácido nucléico codifica uma sequência de aminoácidos pelo menos 80% homóloga à SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2562 ou 2563.

[0045] De acordo com algumas configurações da invenção, a sequência de ácido nucléico codifica a sequência de aminoácidos selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2563.

[0046] De acordo com algumas configurações da invenção, a sequência de ácido nucléico é conforme estabelecida na SEQ ID N°: 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 288, 294, 2398-2412 ou 2413.

[0047] De acordo com algumas configurações da invenção, o polinucleotídeo consiste na sequência de ácido nucléico selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 288, 294, 2398-2413.

[0048] De acordo com algumas configurações da invenção, a sequência de ácido nucléico codifica uma sequência de aminoácidos pelo menos 80% homóloga à SEQ ID N°: 138-153, 1334-1350, 1352-1364, 1458, 1460, 2523-2531 ou 2532.

[0049] De acordo com algumas configurações da invenção, a

sequência de ácido nucléico codifica a sequência de aminoácidos selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 138-153, 1334-1350, 1352-1364, 1458, 1460, 2523-2532.

[0050] De acordo com algumas configurações da invenção, a célula vegetal forma parte de uma planta.

[0051] De acordo com algumas configurações da invenção, o método ainda compreendendo o cultivo da planta expressando o polinucleotídeo exógeno sob estresse abiótico.

[0052] De acordo com algumas configurações da invenção, o estresse abiótico é selecionado dentre um grupo que consiste em salinidade, seca, privação de água, inundação, estiolamento, baixa temperatura, alta temperatura, toxicidade de metais pesados, anaerobiose, deficiência de nutrientes, excesso de nutrientes, poluição atmosférica e Irradiação UV.

[0053] De acordo com algumas configurações da invenção, a produção compreende produção de sementes ou produção de óleo.

[0054] A menos que de outra forma definido, todos os termos técnicos e/ou científicos utilizados no presente documento têm o mesmo significado normalmente compreendido por alguém de habilidade comum na técnica à qual diz respeito a invenção. Embora métodos e materiais similares ou equivalentes àqueles descritos no presente documento possam ser utilizados na prática ou teste de configurações da invenção, são descritos abaixo exemplos de métodos e/ou materiais. Em caso de conflito, a especificação da patente incluindo definições, aplicar-se-á. Além disso, os materiais, métodos e exemplos têm caráter somente ilustrativo e não se destinam necessariamente a limitar a invenção.

BREVE DESCRIÇÃO DAS ILUSTRAÇÕES

[0055] Algumas configurações da invenção são descritas no presente documento somente como forma de exemplo, com referência às ilustrações em anexo. Agora se referindo especificamente às ilustrações detalhadas, é

ênfatisado que as especificidades mostradas são uma forma de exemplo e para fins de discussão ilustrativa de configurações da invenção. A esse respeito, a descrição feita com as ilustrações torna aparente àqueles com experiência na técnica como as configurações da invenção podem ser colocadas em prática.

[0056] Nas ilustrações:

A figura 1 é uma ilustração esquemática do plasmídeo binário pGI utilizado para expressar as sequências do polinucleotídeo isolado de algumas configurações da invenção. RB - borda direita do T - DNA; LB - borda esquerda do T - DNA; H - enzima de restrição Hind III; X - enzima de restrição XbaI; B - enzima de restrição BamHI; S - enzima de restrição Sall; Sm - enzima de restrição SmaI; R-I - enzima de restrição EcoRI; Sc - SacI/SstI/EclI36II; (números) - Extensão em pares-base; NOS pro = promotor da nopalina sintase; NPT-II = 15 gene de neomicina fosfotransferase; NOS ter = terminador da nopalina sintase; sinal Poli-A (sinal de poliadenilação); GUSintron - o gene repórter GUS (sequência de codificação e íntron). As sequências de polinucleotídeo isolado da invenção foram clonadas no vetor ao substituir o gene repórter GUSintron;

a figura 2 é uma ilustração esquemática do plasmídeo binário modificado pGI utilizado para expressar as sequências de polinucleotídeo isolado da invenção. RB - borda direita do T-DNA; LB - borda esquerda do T - DNA; MCS - Local de clonagem múltipla; RE - qualquer enzima de restrição; (números) - Extensão em pares-base; NOS pro = promotor da nopalina sintase; NPT-II = gene de neomicina fosfotransferase; NOS ter = terminador da nopalina sintase; Sinal Poli-A (sinal de poliadenilação); GUSintron - o gene repórter GUS (sequência de codificação e íntron) As sequências de polinucleotídeo isolado da invenção foram clonadas no vetor ao substituir o gene repórter GUSintron; e

as figuras 3A-B são imagens que representam a visualização do desenvolvimento da raiz de plantas cultivadas em placas de ágar

transparentes. Os diferentes transgenes foram cultivados em placas de ágar transparentes por 10 dias e as placas foram fotografadas a cada 3-4 dias começando no dia 1. Figura 3A – Uma imagem de uma fotografia de plantas tirada após 10 dias em placas de ágar. Figura 3B – Uma imagem da análise da raiz na qual a extensão da raiz medida é representada por uma seta vermelha.

DESCRIÇÃO DE CONFIGURAÇÕES ESPECÍFICAS DA INVENÇÃO

[0057] A presente invenção, em algumas de suas configurações, está relacionada a polinucleotídeos e polipeptídeos isolados, vetores de expressão compreendendo-os e plantas transgênicas expressando-os e, mais especificamente, mas não exclusivamente, a métodos para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, produção, biomassa, vigor, taxa de crescimento, teor de óleo e tolerância ao estresse abiótico de uma planta utilizando-os.

[0058] Antes de explicar pelo menos uma configuração da invenção em detalhes, deve ser compreendido que a invenção em sua aplicação não se limita necessariamente aos detalhes estabelecidos na descrição a seguir ou exemplificados pelos exemplos. A invenção é capaz de outras configurações ou de ser praticada ou executada de diversas formas.

[0059] Ao reduzir a presente invenção à prática, os presentes inventores identificaram novos polipeptídeos e polinucleotídeos que podem ser usados para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, a eficiência de uso de água, produção, taxa de crescimento, biomassa, teor de óleo, vigor e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta.

[0060] Dessa forma, conforme mostrado na seção de exemplos a seguir, os presentes inventores utilizaram ferramentas de bioinformática para gerar perfis de expressão digital de agrupamentos de genes cujo nível de expressão é associado a diversas condições e estresses tais como deficiência de nutrientes, frio, salinidade, seca, estresse por calor, estiolamento,

alagamento e estresse oxidativo (Tabelas 1-19; Exemplo 1 da Seção de exemplos a seguir), e com base nos perfis de expressão identificaram genes dos quais se espera o aprimoramento da eficiência de uso do nitrogênio, biomassa, taxa de crescimento, produção, vigor, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta (Tabela 20; polinucleotídeo SEQ ID N°: 1-137; polipeptídeos SEQ ID N°: 138-269; Exemplo 1 da seção de exemplos a seguir). Polipeptídeos e polinucleotídeos homólogos contendo a mesma função também foram identificados (Tabela 21, polinucleotídeo SEQ ID N°: 270-1333; polipeptídeo SEQ ID N°: 1334-2397; Exemplo 2 da seção de exemplos a seguir). Para testar o efeito dos genes isolados no traço de interesse, os polinucleotídeos foram clonados nos vetores binários (Tabela 23, polinucleotídeo SEQ ID N°: 2398-2522; Exemplo 3 da seção de exemplos a seguir) e as proteínas previstas foram identificadas (Tabela 23, Exemplo 3). Foi constatado que plantas transgênicas com excesso de expressão dos polinucleotídeos identificados apresentam aumento de eficiência de uso do nitrogênio, produção, biomassa, áreas fotossintéticas e taxa de crescimento (Tabelas 24-521 Exemplos 5, 6 e 7 da seção de exemplos a seguir), bem como aumento de tolerância ao estresse abiótico (ex., sob estresse de salinidade; Tabelas 53-55, Exemplo 8 da seção de exemplos a seguir). No todo, esses resultados sugerem a utilização dos novos polinucleotídeos e polipeptídeos da invenção e suas sequências homólogas para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção (inclusive a produção de óleo, a produção de sementes e o teor de óleo), taxa de crescimento, biomassa, vigor e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta.

[0061] Assim, de acordo com um aspecto de algumas configurações da invenção, é provido um método para aumentar a eficiência de uso de fertilizantes, a eficiência de uso do nitrogênio, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta, compreendendo expressar dentro da planta um polinucleotídeo

exógeno compreendendo a sequência de ácido nucléico pelo menos 80% idêntica à SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2521 ou 2522, com isso aumentando a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, eficiência de uso de água e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta.

[0062] Conforme utilizada no presente documento, a frase "eficiência de uso de fertilizantes" refere-se ao(s) processo(s) metabólico(s) que levam a um aumento da produção, biomassa, vigor, e taxa de crescimento por unidade de fertilizante aplicada na planta. O processo metabólico pode ser a absorção, dispersão, absorvente (sic), acúmulo, remanejamento (dentro da planta) e utilização de um ou mais dos minerais e partes orgânicas absorvidos pela planta, tais como nitrogênio, fosfatos e/ou potássio.

[0063] Conforme utilizada no presente documento, a frase "condições limitadas por fertilizantes" refere-se às condições de crescimento que incluem um nível (ex., concentração) de um fertilizante aplicado que está abaixo do nível necessário para o metabolismo, crescimento, reprodução e/ou viabilidade normais da planta.

[0064] Conforme utilizada no presente documento, a frase "eficiência de uso do nitrogênio (EUN)" refere-se ao(s) processo(s) metabólico(s) que levam a um aumento na produção, biomassa, vigor, e taxa de crescimento por unidade de nitrogênio aplicada na planta. O processo metabólico pode ser a absorção, dispersão, absorvente, acúmulo, remanejamento (dentro da planta) e utilização do nitrogênio absorvido pela planta.

[0065] Conforme utilizada no presente documento, a frase "condições limitadas pelo nitrogênio" refere-se às condições de crescimento que incluem um nível (ex., concentração) de nitrogênio (ex., amônio ou nitrato) aplicado

que está abaixo do nível necessário para o metabolismo, crescimento, reprodução e/ou viabilidade normais da planta.

[0066] EUN e EUF melhoradas são traduzidas no campo como a colheita de quantidades similares de produção, implementando menos fertilizantes, ou produções maiores obtidas com a implementação dos mesmos níveis de fertilizantes. Dessa forma, EUN ou EUF aprimoradas têm um efeito direto na produção da planta no campo. Assim, os polinucleotídeos e polipeptídeos de algumas configurações da invenção afetam positivamente a produção da planta, a produção de sementes e a biomassa da planta. Além disso, o benefício da EUN melhorada irá certamente melhorar a qualidade da safra e os componentes bioquímicos da semente tais como a produção de proteínas e a produção de óleo.

[0067] Conforme utilizada no presente documento, a frase "produção da planta" refere-se à quantia (conforme determinada por peso ou tamanho) ou quantidade (números) de tecido produzido por planta ou por época de cultivo. Por isso o aumento da produção poderia afetar o benefício econômico que se pode obter da planta em uma determinada área de cultivo e/ou tempo de cultivo.

[0068] Deve ser observado que a produção da planta pode ser afetada por diversos parâmetros incluindo, entre outros, biomassa da planta; vigor da planta; taxa de crescimento; produção de sementes; quantidade de grãos ou sementes; qualidade dos grãos ou sementes; produção de óleo; teor de óleo, amido e/ou proteína em órgãos ceifados (ex., sementes ou partes vegetativas da planta); número de flores (florículos) por panícula (expressa como uma taxa do número de sementes preenchidas sobre o número de panículas primárias); índice de colheita; número de plantas cultivadas por área; número e tamanho de órgãos ceifados por planta e por área; número de plantas por área de cultivo (densidade); número de órgãos ceifados no campo; área de folhagem total; assimilação de carbono e particionamento de carbono (a

distribuição/alocação do carbono dentro da planta); resistência à sombra; número de órgãos ceifáveis (ex. sementes), sementes por vagem, peso por semente; e arquitetura modificada [tal como aumento do diâmetro ou espessura do caule ou aprimoramento de propriedades físicas (ex. elasticidade)].

[0069] Conforme utilizada no presente documento, a frase "biomassa da planta" refere-se à quantia (medida em gramas de tecido seco ao ar) de um tecido produzido a partir da planta em uma época de cultivo, o que também poderia determinar ou afetar a produção da planta ou a produção por área de cultivo. Um aumento na biomassa da planta pode ser na planta toda ou em suas partes tais como partes acima do solo (ceifáveis), biomassa vegetativa, raízes e sementes.

[0070] Conforme utilizada no presente documento, a frase "taxa de crescimento" refere-se ao aumento de massa ou tamanho dos órgãos da planta por tempo (pode ser medida em cm^2 por dia, dia ou como o coeficiente de regressão do curso no decorrer do tempo).

[0071] Conforme utilizada no presente documento, a frase "vigor da planta" refere-se à quantia (medida por peso) de tecido produzido pela planta em um determinado tempo. Por isso um aumento de vigor poderia determinar ou afetar a produção da planta ou a produção por tempo de cultivo ou área de cultivo. Além disso, o vigor precoce (semente e/ou muda) resulta em uma sustentação melhorada do campo.

[0072] Conforme utilizada no presente documento, a frase "produção de sementes" refere-se ao número ou peso de sementes por planta, sementes por vagem, ou por área de cultivo ou ao peso de uma única semente, ou ao óleo extraído por semente. Portanto a produção de sementes pode ser afetada pelas dimensões da semente (ex., comprimento, largura, perímetro, área e/ou volume), número de sementes (preenchidas) e taxa de preenchimento de sementes e por teor de óleo da semente. Portanto, um aumento na produção de

sementes por planta poderia afetar o benefício econômico que se pode obter da planta em uma determinada área de cultivo e/ou tempo de cultivo; e um aumento na produção de sementes por área de cultivo poderia ser obtido aumentando a produção de sementes por planta e/ou aumentando o número de plantas cultivadas na mesma determinada área.

[0073] O termo "semente" (também denominado "grão") conforme utilizado no presente documento refere-se a uma pequena planta embrionária encerrada em uma cobertura chamada de casca da semente (normalmente com algum alimento armazenado), o produto do óvulo amadurecido de plantas angiospermas e gimnospermas que ocorre após a fertilização e algum crescimento dentro da planta mãe.

[0074] A frase "teor de óleo" conforme utilizada no presente documento refere-se à quantia de lipídios em um determinado órgão da planta, sejam as sementes (teor de óleo da semente) ou a parte vegetativa da planta (teor de óleo vegetativo) e é normalmente expressa como a porcentagem de peso seco (10% da umidade das sementes) ou peso líquido (para a parte vegetativa).

[0075] Deve ser observado que o teor de óleo é afetado pela produção de óleo intrínseca de um tecido (ex., semente, parte vegetativa), bem como a massa ou tamanho do tecido produtor de óleo por planta ou por período de cultivo.

[0076] Em uma configuração, o aumento no teor de óleo da planta pode ser obtido aumentando o tamanho/massa do(s) tecido(s) de uma planta que compreendem óleo por período de cultivo. Dessa forma, o aumento do teor de óleo de uma planta pode ser obtido aumentando a produção, taxa de crescimento, biomassa e vigor da planta.

[0077] Deve ser observado que a produção da planta pode ser determinada em condições de estresse (ex., estresse abiótico, condições limitadas pelo nitrogênio) ou condições de não estresse (normais).

[0078] Conforme utilizada no presente documento, a frase "condições de não estresse" refere-se a condições de crescimento (ex., água, temperatura, ciclos de presença/ausência de luz, umidade, concentração de sal, concentração de fertilizante no solo, fornecimento de nutrientes tais como nitrogênio, fosforoso (sic) e/ou potássio), que possibilitam metabolismo, crescimento, reprodução e/ou viabilidade normais de uma planta em qualquer etapa de seu ciclo de vida (da semente à planta madura e de volta à semente novamente). Deve ser observado que embora as condições de não estresse possam incluir algumas variações moderadas das condições ideais (que variam de um tipo/espécie de uma planta para outra), tais variações não fazem com que a planta deixe de crescer sem a capacidade de retomar o crescimento.

[0079] A frase "estresse abiótico", conforme utilizada no presente documento, refere-se a qualquer efeito adverso no metabolismo, crescimento, reprodução e/ou viabilidade de uma planta. Como tal, o estresse abiótico pode ser induzido por condições de crescimento ambientais abaixo do ideal tais como, por exemplo, salinidade, privação de água, inundação, congelamento, baixa ou alta temperatura, toxicidade de metais pesados, anaerobiose, deficiência de nutrientes, poluição atmosférica ou irradiação UV. As implicações do estresse abiótico são discutidas na seção Antecedentes da Invenção.

[0080] A frase "tolerância ao estresse abiótico", conforme utilizada no presente documento, refere-se à habilidade de uma planta de suportar um estresse abiótico sem sofrer uma alteração substancial no metabolismo, crescimento, produtividade e/ou viabilidade.

[0081] Conforme utilizada no presente documento, a frase "eficiência de uso de água (EUA)" refere-se ao nível de matéria orgânica produzida por unidade de água consumida pela planta, i.e., o peso seco de uma planta em relação ao uso de água da planta, ex., a biomassa produzida por transpiração de unidade.

[0082] Conforme utilizado no presente documento, o termo "aumento" refere-se a pelo menos aproximadamente 2%, pelo menos aproximadamente 3%, pelo menos aproximadamente 4%, pelo menos aproximadamente 5%, pelo menos aproximadamente 10%, pelo menos aproximadamente 15%, pelo menos aproximadamente 20%, pelo menos aproximadamente 30%, pelo menos aproximadamente 40%, pelo menos aproximadamente 50%, pelo menos aproximadamente 60%, pelo menos aproximadamente 70%, pelo menos aproximadamente 80%, aumento na eficiência de uso do nitrogênio, eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, eficiência de uso de água e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta em comparação a uma planta nativa [i.e., uma planta não modificada com as biomoléculas (polinucleotídeos ou polipeptídeos) da invenção, ex., uma planta não transformada da mesma espécie que é cultivada sob as mesmas condições de crescimento].

[0083] Conforme utilizada no presente documento, a frase "polinucleotídeo exógeno" refere-se a uma sequência de ácido nucléico heteróloga que pode não ser naturalmente expressa dentro da planta ou cujo excesso de expressão na planta é desejado. O polinucleotídeo exógeno pode ser introduzido na planta de maneira estável ou temporária, a fim de produzir uma molécula de ácido ribonucleico (RNA) e/ou uma molécula de polipeptídeo. Deve ser observado que o polinucleotídeo exógeno pode compreender uma sequência de ácido nucléico que é idêntica ou parcialmente homóloga a uma sequência de ácido nucléico endógena da planta.

[0084] De acordo com algumas configurações da invenção o polinucleotídeo exógeno compreende uma sequência de ácido nucléico que é pelo menos aproximadamente 80%, pelo menos aproximadamente 81%, pelo menos aproximadamente 82%, pelo menos aproximadamente 83%, pelo menos aproximadamente 84%, pelo menos aproximadamente 85%, pelo

menos aproximadamente 86%, pelo menos aproximadamente 87%, pelo menos aproximadamente 88%, pelo menos aproximadamente 89%, pelo menos aproximadamente 90%, pelo menos aproximadamente 91%, pelo menos aproximadamente 92%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 94%, pelo menos aproximadamente 95%, pelo menos aproximadamente 96%, pelo menos aproximadamente 97%, pelo menos aproximadamente 98%, pelo menos aproximadamente 99%, ex., 100% idêntica à sequência de ácido nucléico selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2522.

[0085] A identidade (ex., porcentagem de homologia) pode ser determinada utilizando qualquer software de comparação de homologia, incluindo, por exemplo, o software BlastN do National Center of Biotechnology Information (NCBI) tal como utilizando parâmetros padrão.

[0086] De acordo com algumas configurações da invenção o polinucleotídeo exógeno é pelo menos aproximadamente 80%, pelo menos aproximadamente 81%, pelo menos aproximadamente 82%, pelo menos aproximadamente 83%, pelo menos aproximadamente 84%, pelo menos aproximadamente 85%, pelo menos aproximadamente 86%, pelo menos aproximadamente 87%, pelo menos aproximadamente 88%, pelo menos aproximadamente 89%, pelo menos aproximadamente 90%, pelo menos aproximadamente 91%, pelo menos aproximadamente 92%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 94%, pelo menos aproximadamente 95%, pelo menos aproximadamente 96%, pelo menos aproximadamente 97%, pelo menos aproximadamente 98%, pelo menos aproximadamente 99%, ex., 100% idêntico ao polinucleotídeo selecionado a partir do grupo que consiste na SEQ

ID Nº: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2522.

[0087] De acordo com algumas configurações da invenção o polinucleotídeo exógeno é estabelecido pela SEQ ID Nº: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2521 ou 2522.

[0088] Conforme utilizado no presente documento o termo "polinucleotídeo" refere-se a uma sequência de ácido nucléico de um ou dois filamentos que é isolada e provida na forma de uma sequência de RNA, uma sequência de polinucleotídeo complementar (cDNA), uma sequência de polinucleotídeo genômica e/ou sequências de polinucleotídeo compostas (ex., uma combinação dos itens acima).

[0089] O termo "isolado" refere-se a pelo menos parcialmente separado do ambiente natural ex., de uma célula vegetal.

[0090] Conforme utilizada no presente documento, a frase "sequência de polinucleotídeo complementar" refere-se a uma sequência que resulta da transcrição reversa do RNA mensageiro utilizando uma transcriptase reversa ou qualquer outra DNA polimerase dependente de RNA. Tal sequência pode ser amplificada subsequentemente in vivo ou in vitro utilizando uma DNA polimerase dependente de DNA.

[0091] Conforme utilizada no presente documento, a frase "sequência de polinucleotídeo genômica" refere-se a uma sequência derivada (isolada) de um cromossomo e assim representa uma parte contígua de um cromossomo.

[0092] Conforme utilizada no presente documento, a frase "sequência de polinucleotídeo composta" refere-se a uma sequência que é pelo menos parcialmente complementar e pelo menos parcialmente genômica. Uma

sequência composta pode incluir algumas sequências exonais necessárias para codificar o polipeptídeo da presente invenção, bem como algumas sequências intrônicas se interpondo entre elas. As sequências intrônicas podem ser de qualquer fonte, inclusive de outros genes e normalmente incluem sequências de sinais de união conservadas. Tais sequências intrônicas podem ainda incluir elementos regulatórios de expressão de ação cis.

[0093] De acordo com algumas configurações da invenção, o polinucleotídeo exógeno da invenção codifica um polipeptídeo contendo uma sequência de aminoácidos pelo menos aproximadamente 80%, pelo menos aproximadamente 81%, pelo menos aproximadamente 82%, pelo menos aproximadamente 83%, pelo menos aproximadamente 84%, pelo menos aproximadamente 85%, pelo menos aproximadamente 86%, pelo menos aproximadamente 87%, pelo menos aproximadamente 88%, pelo menos aproximadamente 89%, pelo menos aproximadamente 90%, pelo menos aproximadamente 91%, pelo menos aproximadamente 92%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 94%, pelo menos aproximadamente 95%, pelo menos aproximadamente 96%, pelo menos aproximadamente 97%, pelo menos aproximadamente 98%, pelo menos aproximadamente 99%, ou mais, digamos 100% homóloga à sequência de aminoácidos selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2563.

[0094] A homologia (ex., porcentagem de homologia) pode ser determinada utilizando qualquer software de comparação de homologia, incluindo, por exemplo, o software BlastP ou TBLASTN do National Center of Biotechnology Information (NCBI) tal como utilizando parâmetros padrão, ao começar a partir de uma sequência de polipeptídeo; ou o algoritmo tBLASTX (disponível através do NCBI) tal como utilizando parâmetros

padrão, que compara os produtos de tradução conceitual de seis estruturas de uma sequência de consulta de nucleotídeos (ambos os filamentos) com um banco de dados de sequências de proteínas.

[0095] Sequências homólogas incluem tanto sequências ortólogas como sequências parálogas. O termo "parálogo" está relacionado a duplicações de genes dentro do genoma de uma espécie que leva a genes parálogos. O termo "ortólogo" está relacionado a genes homólogos em diferentes organismos devido à relação hereditária.

[0096] Uma opção para identificar ortólogas em uma espécie de planta monocotiledônea é realizando uma busca recíproca por blast. Isso pode ser feito por um primeiro blast envolvendo a utilização da sequência de interesse na blast comparada com qualquer banco de dados de sequência, tal como o banco de dados do NCBI disponível ao público em geral que pode ser encontrado em: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>. Se foram buscadas ortólogas no arroz, a sequência de interesse seria comparada no blast com, por exemplo, os 28.469 clones inteiros de cDNA do *Oryza sativa* Nipponbare disponível na NCBI. Os resultados da blast podem ser filtrados. As sequências inteiras dos resultados filtrados ou dos resultados não filtrados são então novamente comparadas no blast (segundo blast) com as sequências do organismo do qual a sequência de interesse é derivada. Os resultados da primeira e segunda blasts são então comparados. Uma ortóloga é identificada quando a sequência resultante na maior pontuação (melhor acerto) na primeira blast identifica na segunda blast a sequência da consulta (a sequência de interesse original) como o melhor acerto. Utilizando a mesma lógica, é encontrada uma paróloga (homologa a um gene no mesmo organismo). No caso de famílias de sequências grandes, pode ser usado o programa ClustalW [<http://www.ebi.ac.uk/Tools/clustalw2/index.html>], seguido de uma neighbor-joining tree (<http://en.wikipedia.org/wiki/Neighbor-joining>) que ajuda a visualizar o agrupamento (clustering).

[0097] De acordo com algumas configurações da invenção, o polinucleotídeo exógeno codifica um polipeptídeo que consiste na sequência de aminoácidos estabelecida pela SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2562 ou 2563.

[0098] De acordo com um aspecto de algumas configurações da invenção é provido um método para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta. O método é executado expressando dentro da planta um polinucleotídeo exógeno, compreendendo a sequência de ácido nucléico selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2522, 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 20, 61, 62, 129, 288, 294, 307, 363, 667, 668, 669, 670, 672, 2398-2413, 2456 e 2457, com isso aumentando a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta.

[0099] De acordo com algumas configurações da invenção o polinucleotídeo exógeno é estabelecido pela SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2522, 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 20, 61, 62, 129, 288, 294, 307, 363, 667, 668, 669, 670, 672, 2398-2413, 2456 ou 2457.

[00100] De acordo com algumas configurações da invenção, o polinucleotídeo exógeno da invenção codifica um polipeptídeo contendo uma

sequência de aminoácidos selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2563, 138-143, 146, 148, 150-152, 157, 162, 198, 265, 1334-1350, 1352-1364, 1426-1428, 1458, 1460, 1732-1734, 1737-1738, 2523-2532, 2542 e 2543, com isso aumentando a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo e/ou tolerância ao estresse abiótico da planta.

[00101] De acordo com um aspecto de algumas configurações da invenção é provido um método para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes e/ou teor de óleo de uma planta. O método é executado expressando dentro da planta um polinucleotídeo exógeno compreendendo uma sequência de ácido nucléico pelo menos 80% idêntica à SEQ ID N°: 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 288, 294, 2398-2412 ou 2413, com isso aumentando a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, e/ou teor de óleo da planta.

[00102] De acordo com algumas configurações da invenção o polinucleotídeo exógeno compreende uma sequência de ácido nucléico que é pelo menos aproximadamente 80%, pelo menos aproximadamente 81%, pelo menos aproximadamente 82%, pelo menos aproximadamente 83%, pelo menos aproximadamente 84%, pelo menos aproximadamente 85%, pelo menos aproximadamente 86%, pelo menos aproximadamente 87%, pelo menos aproximadamente 88%, pelo menos aproximadamente 89%, pelo menos aproximadamente 90%, pelo menos aproximadamente 91%, pelo menos aproximadamente 92%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 94%, pelo menos aproximadamente 95%, pelo menos aproximadamente 96%, pelo menos aproximadamente 97%, pelo menos aproximadamente 98%, pelo

menos aproximadamente 99%, ex., 100% idêntica à sequência de ácido nucléico selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 288, 294, 2398-2413.

[00103] De acordo com algumas configurações da invenção o polinucleotídeo exógeno é pelo menos aproximadamente 80%, pelo menos aproximadamente 81%, pelo menos aproximadamente 82%, pelo menos aproximadamente 83%, pelo menos aproximadamente 84%, pelo menos aproximadamente 85%, pelo menos aproximadamente 86%, pelo menos aproximadamente 87%, pelo menos aproximadamente 88%, pelo menos aproximadamente 89%, pelo menos aproximadamente 90%, pelo menos aproximadamente 91%, pelo menos aproximadamente 92%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 94%, pelo menos aproximadamente 95%, pelo menos aproximadamente 96%, pelo menos aproximadamente 97%, pelo menos aproximadamente 98%, pelo menos aproximadamente 99%, ex., 100% idêntica ao polinucleotídeo selecionado a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 288, 294, 2398-2413.

[00104] De acordo com algumas configurações da invenção o polinucleotídeo exógeno é estabelecido pela SEQ ID N°: 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 288, 294, 2398-2412 ou 2413.

[00105] De acordo com algumas configurações da invenção, o polinucleotídeo exógeno da invenção codifica um polipeptídeo contendo uma sequência de aminoácidos pelo menos aproximadamente 80%, pelo menos aproximadamente 81%, pelo menos aproximadamente 82%, pelo menos aproximadamente 83%, pelo menos aproximadamente 84%, pelo menos aproximadamente 85%, pelo menos aproximadamente 86%, pelo menos aproximadamente 87%, pelo menos aproximadamente 88%, pelo menos aproximadamente 89%, pelo menos aproximadamente 90%, pelo menos aproximadamente 91%, pelo menos aproximadamente 92%, pelo menos

aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 94%, pelo menos aproximadamente 95%, pelo menos aproximadamente 96%, pelo menos aproximadamente 97%, pelo menos aproximadamente 98%, pelo menos aproximadamente 99%, ou mais, digamos 100% homóloga à sequência de aminoácidos selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 138-153, 1334-1350, 1352-1364, 1458, 1460, 2523-2532.

[00106] De acordo com algumas configurações da invenção, o polinucleotídeo exógeno codifica um polipeptídeo que consiste na sequência de aminoácidos estabelecida pela SEQ ID N°: 138-153, 1334-1350, 1352-1364, 1458, 1460, 2523-2531 ou 2532.

[00107] Sequências de ácido nucléico que codificam os polipeptídeos da presente invenção podem ser otimizadas para expressão. Exemplos não limitadores de sequências de ácido nucléico otimizadas são providos na SEQ ID N°: 2415, 2420, 2428, 2430, 2431, 2436, 2437, 2441, 2444, 2445, 2446, 2451, 2456, 2468, 2471, 2478, 2481, 2484, 2520 e 2522 (Tabela 23). Exemplos de tais modificações de sequências incluem, entre outros, um teor de G/C alterado para abordar mais de perto aquele normalmente encontrado na espécie de planta de interesse e a remoção de códons atipicamente encontrados na espécie de planta comumente denominada otimização de códon.

[00108] A frase "otimização de códon" refere-se à seleção de nucleotídeos de DNA apropriados para uso dentro de um gene estrutural ou de um fragmento seu que aborda a utilização do códon dentro da planta de interesse. Então, um gene ou uma sequência de ácido nucléico otimizada refere-se ao gene no qual a sequência de nucleotídeos de um gene nativo ou de ocorrência natural tenha sido modificada para utilizar códons preferidos ou favorecidos estatisticamente dentro da planta. A sequência de nucleotídeos é normalmente examinada no nível do DNA e a região de codificação é otimizada para expressão na espécie de planta determinada utilizando

qualquer procedimento adequado, por exemplo, conforme descrito em Sardana et al. (1996, Plant Cell Reports 15:677-681). Nesse método, o desvio padrão da utilização do códon, uma medida da tendência de utilização do códon, pode ser calculado encontrando primeiro o desvio proporcional ao quadrado de utilização de cada códon do gene nativo em relação àquele de genes de planta de alta expressão, seguido de um cálculo desvio médio ao quadrado. A fórmula utilizada é: $1 \text{ SDCU} = n = 1N[(X_n - Y_n)/Y_n]^2/N$, onde X_n refere-se à frequência de utilização do códon n em genes de planta de alta expressão, onde Y_n refere-se à frequência de utilização do códon n no gene de interesse e N refere-se ao número total de códons no gene de interesse. Foi compilada uma tabela da utilização de códons de genes de alta expressão de plantas dicotiledôneas utilizando os dados de Murray et al. (1989, Nuc Acids Res. 17:477-498).

[00109] Um método de otimizar a sequência de ácido nucléico de acordo com a utilização preferida do códon para um tipo específico de célula vegetal é baseado no uso direto, sem a realização de nenhum cálculo estatístico extra, de tabelas otimização de códon tais como aquelas oferecidas online no Banco de Dados de Utilização de Códons através do banco de DNA do NIAS (National Institute of Agrobiological Sciences) no Japão (<http://www.kazusa.or.jp/codon/>). O Banco de Dados de Utilização de Códons contém tabelas de utilização de códons para uma série de diferentes espécies, com cada tabela de utilização de códons tendo sido estatisticamente determinada com base nos dados presentes no Genbank.

[00110] Utilizando as tabelas acima para determinar os códons mais preferidos ou mais favorecidos para cada aminoácido em uma espécie específica (por exemplo, arroz), uma sequência de nucleotídeos de ocorrência natural codificando uma proteína de interesse pode ser otimizada para códon para aquela espécie de planta em especial. Isso é realizado substituindo códons que possam ter uma baixa incidência estatística no genoma da espécie

em particular com códons correspondentes, com relação a um aminoácido, que são estatisticamente mais favorecidos. No entanto, um ou mais códons menos favorecidos podem ser selecionados para apagar locais de restrição existentes, para criar novos em junções potencialmente úteis (extremidades de 5' e 3' para adicionar peptídeo sinal ou cassetes de terminação, locais internos que poderiam ser usados para cortar e juntar segmentos para produzir uma sequência inteira correta), ou para eliminar sequências de nucleotídeos que podem afetar negativamente a estabilidade ou expressão do mRNA.

[00111] A sequência de nucleotídeos de codificação de ocorrência natural pode já, antes de qualquer modificação, conter uma série de códons que correspondem a um códon estatisticamente favorecido em uma espécie de planta específica. Então, a otimização do códon da sequência de nucleotídeos nativa pode compreender a determinação de quais códons, dentro da sequência de nucleotídeos nativa, não são estatisticamente favorecidos com relação a uma planta em especial, e a modificação desses códons de acordo com a tabela de utilização de códons da planta em particular para produzir um derivado de códon otimizado. Uma sequência de nucleotídeos modificada pode ser total ou parcialmente otimizada para utilização de códon da planta contanto que a proteína codificada pela sequência de nucleotídeos modificada seja produzida em um nível maior do que a proteína codificada pelo gene nativo ou de ocorrência natural correspondente. A construção de genes sintéticos alterando a utilização do códon é descrita, por exemplo, no Pedido de Patente PCT 93/07278.

[00112] De acordo com algumas configurações da invenção, o polinucleotídeo exógeno é um RNA não codificador.

[00113] Conforme utilizada no presente documento, a frase “RNA não codificador” refere-se a uma molécula de RNA que não codifica uma sequência de aminoácidos (um polipeptídeo). Exemplos de tais moléculas de RNA não codificador incluem, entre outros, um RNA antissentido, um pré-

miRNA (precursor de um microRNA) ou um precursor de um RNA de interação com Piwi (piRNA).

[00114] De acordo com uma configuração específica, o polinucleotídeo não codificador compreende a sequência de ácido nucléico da SEQ ID N°: 64 ou 2459 (NUE512).

[00115] Assim, a invenção abrange sequências de ácido nucléico descritas anteriormente no presente documento; seus fragmentos, sequências hibridizáveis com elas, sequências homólogas a elas, sequências que codificam polipeptídeos similares com diferente utilização de códons, sequências alteradas caracterizadas por mutações tais como deleção, inserção ou substituição de um ou mais nucleotídeos, sejam por ocorrência natural ou induzidas pelo homem, sejam aleatoriamente ou de maneira dirigida.

[00116] A invenção provê um polinucleotídeo isolado compreendendo uma sequência de ácido nucléico pelo menos aproximadamente 80%, pelo menos aproximadamente 81%, pelo menos aproximadamente 82%, pelo menos aproximadamente 83%, pelo menos aproximadamente 84%, pelo menos aproximadamente 85%, pelo menos aproximadamente 86%, pelo menos aproximadamente 87%, pelo menos aproximadamente 88%, pelo menos aproximadamente 89%, pelo menos aproximadamente 90%, pelo menos aproximadamente 91%, pelo menos aproximadamente 92%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 94%, pelo menos aproximadamente 95%, pelo menos aproximadamente 96%, pelo menos aproximadamente 97%, pelo menos aproximadamente 98%, pelo menos aproximadamente 99%, ex., 100% idêntica ao polinucleotídeo selecionado a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293 , 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333 , 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2522.

[00117] De acordo com algumas configurações da invenção, a sequência de ácido nucléico é capaz de aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência de uso de água de uma planta.

[00118] De acordo com algumas configurações da invenção o polinucleotídeo isolado compreendendo a sequência de ácido nucléico selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2522, 3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 20, 61, 62, 129, 288, 294, 307, 363, 667, 668, 669, 670, 672, 2398-2413, 2456 e 2457.

[00119] De acordo com algumas configurações da invenção o polinucleotídeo isolado é estabelecido pela SEQ ID N°: 2506, 2512, 2442, 2496, 2446, 1, 2, 4, 7, 8, 11, 12, 13, 16-19, 21-60, 63-128, 130-137, 270-287, 289-293, 295-306, 308-362, 364-666, 671, 673-1333, 2414-2441, 2443-2445, 2447-2455, 2458-2495, 2497-2505, 2507-2511, 2513-2522, 3, 10 5, 6, 9, 10, 14, 15, 20, 61, 62, 129, 288, 294, 307, 363, 667, 668, 669, 670, 672, 2398-2413, 2456 ou 2457.

[00120] A invenção provê um polinucleotídeo isolado compreendendo uma sequência de ácido nucléico codificando um polipeptídeo que compreende uma sequência de aminoácidos pelo menos aproximadamente 80%, pelo menos aproximadamente 81%, pelo menos aproximadamente 82%, pelo menos aproximadamente 83%, pelo menos aproximadamente 84%, pelo menos aproximadamente 85%, pelo menos aproximadamente 86%, pelo menos aproximadamente 87%, pelo menos aproximadamente 88%, pelo menos aproximadamente 89%, pelo menos aproximadamente 90%, pelo menos aproximadamente 91%, pelo menos aproximadamente 92%, pelo

menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 94%, pelo menos aproximadamente 95%, pelo menos aproximadamente 96%, pelo menos aproximadamente 97%, pelo menos aproximadamente 98%, pelo menos aproximadamente 99%, ou mais, digamos 100% homóloga à sequência de aminoácidos selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2563.

[00121] De acordo com algumas configurações da invenção a sequência de aminoácidos é capaz de aumentar a eficiência de uso do nitrogênio, a eficiência de uso de fertilizantes, produção, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência de uso de água de uma planta.

[00122] A invenção provê um polinucleotídeo isolado compreendendo uma sequência de ácido nucléico codificando um polipeptídeo que compreende a sequência de aminoácidos selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2563, 138-143, 146, 148, 150-152, 157, 162, 198, 265, 1334-1350, 1352-1364, 1426-1428, 1458, 1460, 1732-1734, 1737-1738, 2523-2532, 2542 e 2543.

[00123] A invenção provê um polipeptídeo isolado compreendendo uma sequência de aminoácidos pelo menos aproximadamente 80%, pelo menos aproximadamente 81%, pelo menos aproximadamente 82%, pelo menos aproximadamente 83%, pelo menos aproximadamente 84%, pelo menos aproximadamente 85%, pelo menos aproximadamente 86%, pelo menos aproximadamente 87%, pelo menos aproximadamente 88%, pelo

menos aproximadamente 89%, pelo menos aproximadamente 90%, pelo menos aproximadamente 91%, pelo menos aproximadamente 92%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 93%, pelo menos aproximadamente 94%, pelo menos aproximadamente 95%, pelo menos aproximadamente 96%, pelo menos aproximadamente 97%, pelo menos aproximadamente 98%, pelo menos aproximadamente 99%, ou mais, digamos 100% homóloga a uma sequência de aminoácidos selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2563.

[00124] De acordo com algumas configurações da invenção, o polipeptídeo compreendendo uma sequência de aminoácidos selecionada a partir do grupo que consiste na SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2563, 138-143, 146, 148, 150-152, 157, 162, 198, 265, 1334-1350, 1352-1364, 1426-1428, 1458, 1460, 1732-1734, 1737-1738, 2523-2532, 2542 e 2543.

[00125] De acordo com algumas configurações da invenção, o polipeptídeo é estabelecido pela SEQ ID N°: 2557, 2560, 184, 238, 188, 154-156, 158-161, 163-183, 185-187, 189-197, 200-237, 239-264, 266-269, 1351, 1365-1425, 1429-1457, 1459, 1461-1730, 1735, 1739-2397, 2533-2541, 2544-2556, 2558, 2559, 2561-2563, 138-143, 146, 148, 150-152, 157, 162, 198, 265, 1334-1350, 1352-1364, 1426-1428, 1458, 1460, 1732-1734, 1737-1738, 2523-2532, 2542 ou 2543.

[00126] A invenção também abrange fragmentos dos polipeptídeos e polipeptídeos descritos acima contendo mutações, tais como deleções, inserções ou substituições de um ou mais aminoácidos, sejam por ocorrência

natural ou induzidas pelo homem, sejam aleatoriamente ou de maneira dirigida.

[00127] O termo "planta" conforme utilizado no presente documento abrange plantas inteiras, ancestrais e progênie das plantas e partes das plantas, incluindo sementes, brotos, tronco, raízes (incluindo bulbos) e células vegetais, tecidos e órgãos. A planta pode ter qualquer forma incluindo culturas de suspensão, embriões, regiões meristemáticas, tecido de calo, folhas, gametófitos, esporófitos, pólen e microesporos. Plantas que são particularmente úteis nos métodos da invenção incluem todas as plantas que pertencem à superfamília Viridiplantae, em especial plantas monocotiledôneas e dicotiledôneas incluindo uma forragem ou legume de forragem, planta ornamental, cultura agrícola, árvore ou arbusto selecionado a partir da lista que compreende *Acacia* spp., *Acer* spp., *Actinidia* spp., *Aesculus* spp., *Agathis australis*, *Albizia amara*, *Alsophila tricolor*, *Andropogon* spp., *Arachis* spp., *Areca catechu*, *Astelia fragrans*, *Astragalus cicer*, *Baikiaea plurijuga*, *Betula* spp., *Brassica* spp., *Bruguiera gymnorrhiza*, *Burkea africana*, *Butea frondosa*, *Cadaba farinosa*, *Calliandra* spp., *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Capsicum* spp., *Cassia* spp., *Centroema pubescens*, *Chacoomeles* spp., *Cinnamomum cassia*, *Coffea arabica*, *Colophospermum mopane*, *Coronillia varia*, *Cotoneaster serotina*, *Crataegus* spp., *Cucumis* spp., *Cupressus* spp., *Cyathea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Cryptomeria japonica*, *Cymbopogon* spp., *Cynthea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Dalbergia monetaria*, *Davallia divaricata*, *Desmodium* spp., *Dicksonia squarosa*, *Dibeteropogon amplexans*, *Dioclea* spp., *Dolichos* spp., *Dorycnium rectum*, *Echinochloa pyramidalis*, *Ehrafia* spp., *Eleusine coracana*, *Eragrestis* spp., *Erythrina* spp., *Eucalyptus* spp., *Euclea schimperi*, *Eulalia villosa*, *Pagopyrum* spp., *Feijoa sellowiana*, *Fragaria* spp., *Flemingia* spp., *Freycinetia banksii*, *Geranium thunbergii*, *GinAgo biloba*, *Glycine javanica*, *Gliricidia* spp., *Gossypium hirsutum*, *Grevillea* spp., *Guibourtia coleosperma*, *Hedysarum* spp.,

Hemaffhia altissima, Heteropogon contoffus, Hordeum vulgare, Hyparrhenia rufa, Hypericum erectum, Hypeffhelia dissolute, Indigo incamata, Iris spp., Leptarrhena pyrolifolia, Lespediza spp., Lettuca spp., Leucaena leucocephala, Loudetia simplex, Lotonus bainesli, Lotus spp., Macrotyloma axillare, Malus spp., Manihot esculenta, Medicago saliva, Metasequoia glyptostroboides, Musa sapientum, Nicotianum spp., Onobrychis spp., Ornithopus spp., Oryza spp., Peltophorum africanum, Pennisetum spp., Persea gratissima, Petunia spp., Phaseolus spp., Phoenix canariensis, Phormium cookianum, Photinia spp., Picea glauca, Pinus spp., Pisum sativum, Podocarpus totara, Pogonarthria fleckii, Pogonaffhria squarrosa, Populus spp., Prosopis cineraria, Pseudotsuga menziesii, Pterolobium stellatum, Pyrus communis, Quercus spp., Raphiolepis umbellata, Rhopalostylis sapida, Rhus natalensis, Ribes grossularia, Ribes spp., Robinia pseudoacacia, Rosa spp., Rubus spp., Salix spp., Schyzachyrium sanguineum, Sciadopitys veficillata, Sequoia sempervirens, Sequoiadendron giganteum, Sorgho bicolor, Spinacia spp., Sporobolus fimbriatus, Stiburus alopecuroides, Stylosanthos humilis, Tadehagi spp, Taxodium distichum, Themeda triandra, Trifolium spp., Triticum spp., Tsuga heterophylla, Vaccinium spp., Vicia spp., Vitis vinifera, Watsonia pyramidata, Zantedeschia aethiopica, Zea mays, amaranto, alcachofra, aspargo, brócolis, couve de Bruxelas, repolho, canola, cenoura, couve-flor, aipo, couve-manteiga, linheiro, couve, lentilha, colza, quiabo, cebola, batata, arroz, soja, palha, beterraba, cana-de-açúcar, girassol, tomate, chá de abóbora, milho, trigo, cevada, centeio, aveia, amendoim, ervilha, lentilha e alfafa, algodão, semente de colza, canola, pimenta, girassol, tabaco, berinjela, eucalipto, uma árvore, uma planta ornamental, grama perene e cultura de forragem. De maneira alternativa, algas e outras não Viridiplantae podem ser usadas para os métodos da presente invenção.

[00128] De acordo com algumas configurações da invenção, a planta utilizada pelo método da invenção é uma planta de cultura agrícola tal como

arroz, milho, trigo, cevada, amendoim, batata, gergelim, oliveira, óleo de palma, banana, soja, girassol, canola, cana-de-açúcar, alfafa, painço, leguminosas (feijão, ervilha), linheiro, lupino, semente de colza, tabaco, álamo e algodão.

[00129] De acordo com algumas configurações da invenção, é provida uma célula vegetal que expressa exogenamente o polinucleotídeo de algumas configurações da invenção, a combinação de ácido nucléico de algumas configurações da invenção e/ou o polipeptídeo de algumas configurações da invenção.

[00130] De acordo com algumas configurações da invenção, a expressão do polinucleotídeo exógeno da invenção dentro da planta é executada transformando uma ou mais células da planta com o polinucleotídeo exógeno, seguida pela geração de uma planta madura a partir das células transformadas e o cultivo da planta madura em condições adequadas para expressar o polinucleotídeo exógeno dentro da planta madura.

[00131] De acordo com algumas configurações da invenção, a transformação é executada introduzindo na célula vegetal uma combinação de ácido nucléico que inclui o polinucleotídeo exógeno de algumas configurações da invenção e pelo menos um promotor para direcionar a transcrição do polinucleotídeo exógeno em uma célula hospedeira (uma célula vegetal). Maiores detalhes sobre abordagens de transformação apropriadas são fornecidas abaixo no presente documento.

[00132] De acordo com algumas configurações da invenção, é provida uma combinação de ácido nucléico compreendendo o polinucleotídeo isolado da invenção, e um promotor para direcionar a transcrição da sequência de ácido nucléico do polinucleotídeo isolado em uma célula hospedeira.

[00133] De acordo com algumas configurações da invenção, o polinucleotídeo isolado é operavelmente ligado à sequência do promotor.

[00134] Uma sequência de ácido nucléico codificadora é

"operavelmente ligada" a uma sequência reguladora (ex., promotor) se a sequência reguladora for capaz de exercer um efeito regulatório sobre a sequência codificadora ligada a ela.

[00135] Conforme utilizado no presente documento, o termo "promotor" refere-se a uma região do DNA que está situada a montante do local de iniciação transcricional de um gene ao qual a RNA polimerase obriga a iniciação da transcrição de RNA. O promotor controla onde (ex., qual parte de uma planta) e/ou quando (ex., em que etapa ou condição no tempo de vida de um organismo) o gene é expresso.

[00136] Qualquer sequência de promotor adequada pode ser usada pela combinação de ácido nucléico da presente invenção. De preferência, o promotor é um promotor constitutivo, específico de tecido ou um promotor induzível por estresse abiótico.

[00137] Promoters constitutivos adequados incluem, por exemplo, o promotor CaMV 35S (SEQ ID N°:3063; Odell et al, Nature 313:810-812, 1985); promotor Arabidopsis At6669 (SEQ ID N°:3064; ver Publicação PCT N° WO04081173A2); maize Ubi 1 (Christensen et al, Plant Sol. Biol. 18:675-689, 1992); rice actin (McElroy et al, Plant Cell 2:163-171, 1990); pEMU (Last et al, Theor. Appl. Genet. 81:581-588, 1991); CaMV 19S (Nilsson et al, Physiol. Plant 100:456-462, 1997); GOS2 (de Pater et al, Plant J Nov;2(6):837-44, 1992); ubiquitin (Christensen et al, Plant Mol. Biol. 18: 675-689, 1992); Rice cyclophilin (Bucholz et al, Plant Mol Biol. 25(5):837-43, 1994); Maize H3 histone (Lepetit et al, Mol. Gen. Genet. 231: 276-285, 1992); Actin 2 (An et al, Plant J. 10(1); 107-121, 1996) e Synthetic Super MAS (Ni et al, The Plant Journal 7: 661-76, 1995). Outros promotores constitutivos incluem aqueles na patente americana N°. 5.659.026, 5.608.149; 5.608.144; 5.604.121; 5.569.597; 5.466.785; 5.399.680; 5.268.463; e 5.608.142.

[00138] Promotores adequados específicos de tecido incluem, entre

outros, promotores específicos de folhas [tais como os descritos, por exemplo, por Yamamoto et al, *Plant J.* 12:255-265, 1997; Kwon et al, *Plant Physiol.* 105:357-67, 1994; Yamamoto et al, *Plant Cell Physiol.* 35:773-778, 1994; Gotor et al, *Plant J.* 3:509-18, 1993; Orozco et al, *Plant Mol. Biol.* 23:1129-1138, 1993; e Matsuoka et al, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 90:9586-9590, 1993], promotores preferidos por sementes [ex., de genes específicos de sementes (Simon, et al, *Plant Mol. Biol.* 5: 191, 1985; Scofield, et al, *J. Biol. Chem.* 262: 12202, 1987; Baszczynski, et al., *Plant Mol. Biol.* 14: 633, 1990), Brazil Nut albumin (Pearson' et al., 5 *Plant Mol. Biol.* 18: 235- 245, 1992), legumin (Ellis, et al. *Plant Mol. Biol.* 10: 203-214, 1988), Glutelin (arroz) (Takaiwa, et al, *Mol. Gen. Genet.* 208: 15-22, 1986; Takaiwa, et al, *FEBS Letts.* 221: 43-47, 1987), Zein (Matzke et al *Plant Mol Biol*, 143).323-32 1990), napA (Stalberg, et al, *Planta* 199: 515-519, 1996), Wheat SPA (Albanietal, *Plant Cell*, 9: 171- 184, 1997), oleosina do girassol (Cummins, etal, *Plant Mol. Biol.* 19: 873-10 876, 1992)], promotores específicos do endosperma [ex., trigo LMW e HMW, glutenin-1 (*Mol Gen Genet* 216:81-90, 1989; *NAR* 17:461-2), trigo a, b e g gliadinas (EMB03:1409-15, 1984), promotor ltr1 de cevada, cevada B1, C, D hordeína (*Theor Appl Gen* 98:1253-62, 1999; *Plant J* 4:343-55, 1993; *Mol Gen Genet* 250:750- 60, 1996), Barley DOF (Mena et al, *The Plant Journal*, 116(1): 53- 62, 1998), Biz2 (EP99106056.7), promotor sintético (Vicente-Carbajosa et al, *Plant J.* 13: 629-640, 1998), prolamina do arroz NRP33, arroz -globulina Glb-1 (Wu et al, *Plant Cell Physiology* 39(8) 885- 889, 1998), arroz alfa-globulina REB/OHP-1 (Nakase et al. *Plant Mol. Biol.* 33: 513-S22, 1997), arroz ADP-glicose PP (*Trans Res* 6:157-68, 1997), família de genes ESR do milho (*Plant J* 12:235-46, 1997), sorgo gama- kafirina (*PMB* 32:1029-35, 1996)], promoters específicos de embriões [ex., arroz OSH1 (Sato et al, *Proc. Nati. Acad. Sci. USA*, 93: 8117-8122), KNOX (Postma-Haarsma ef al, *Plant Mol. Biol.* 39:257-71, 1999), oleosina de arroz (Wu et at, *J. Biochem.*, 123:386, 1998)], e

promotores específicos de flores [ex., AtPRP4, chalcone synthase (chsA) (Van der Meer, et al, Plant Mol. Biol. 15, 95-109, 1990), LAT52 (Twell et al Mol. Gen Genet. 217:240-245; 1989), apetala- 3].

[00139] Promotores induzíveis por estresse abiótico incluem, entre outros, promotores induzíveis por sais tais como RD29A (Yamaguchi-Shinozaki et al., Mol. Gen. Genet. 236:331-340, 1993); promotores induzíveis por seca tais como o promotor do gene *rab17* do milho (Pla et. al, Plant Mol. Biol. 21:259-266, 1993), promotor do gene *rab28* do milho (Busk et. al., Plant J. 11:1285-1295, 1997) e promotor do gene *Ivr2* do milho (Pelleschi et. al, Plant Mol. Biol. 39:373-380, 1999); promotores induzíveis por calor tais como o promotor *hsp80* de calor do tomate (patente americana Nº 5.187.267).

[00140] A combinação de ácido nucléico de algumas configurações da invenção pode incluir ainda um marcador selecionável apropriado e/ou uma origem de replicação. De acordo com algumas configurações da invenção, a combinação de ácido nucléico utilizada é um vetor de transporte, que pode se propagar em *E. coli* (onde a combinação compreende um marcador selecionável apropriado e a origem da replicação) e ser compatível com a propagação nas células. A combinação de acordo com a presente invenção pode ser, por exemplo, um plasmídeo, um bacmídeo, um fagemídeo, um cosmídeo, um fago, um vírus ou um cromossomo artificial.

[00141] A combinação de ácido nucléico de algumas configurações da invenção pode ser utilizada para transformar de maneira estável ou temporária células vegetais. Na transformação estável, o polinucleotídeo exógeno é integrado no genoma da planta e, como tal, representa um traço estável e herdado. Na transformação temporária, o polinucleotídeo exógeno é expresso pela célula transformada, mas não é integrado no genoma e, como tal, representa um traço temporário.

[00142] Há diversos métodos de se introduzir genes estranhos em

plantas monocotiledôneas e dicotiledôneas (Potrykus, I., *Annu. Rev. Plant. Physiol, Plant. Mol. Biol.* (1991) 42:205-225; Shimamoto et al, *Nature* (1989) 338:274-276).

[00143] Os principais métodos de se causar uma integração estável do DNA exógeno no DNA genômico da planta incluem duas abordagens principais:

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

[00144] (ii) Absorção direta de DNA: Paszkowski et al., in *Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants*, Vol. 6, *Molecular Biology of Plant Nuclear Genes* eds. Schell, J., and Vasil, L. K., Academic Publishers, San Diego, Calif. (1989) p. 52-68; including methods for direct uptake of DNA into protoplasts, Toriyama, K. et al. (1988) *Bio/Technology* 6:1072-1074. DNA uptake induced by brief electric shock of plant cells: Zhang et al. *Plant Cell Rep.* (1988) 7:379-384. Fromm et al. *Nature* (1986) 319:791-793. DNA injection into plant cells or tissues by particle bombardment, Klein et al. *Bio/Technology* (1988) 6:559-563; McCabe et al. *Bio/Technology* (1988) 6:923-926; Sanford, *Physiol. Plant.* (1990) 79:206-209; by the use of micropipette systems: Neuhaus et al, *Theor. Appl. Genet.* (1987) 75:30-36; Neuhaus and Spangenberg, *Physiol. Plant.* (1990) 79:213-217; transformação de whisker de carboneto de silício ou fibras de vidro de culturas de células, embriões ou tecido de calo, patente americana N° 5.464.765 ou pela incubação direta do DNA com o pólen em germinação, DeWet et al. in *Experimental Manipulation of Ovule Tissue*, eds. Chapman, G. P. and

Mantell, S. H. and Daniels, W. Longman, London, (1985) p. 197-209; and Ohta, Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1986) 83:715-719.

[00145] O sistema *Agrobacterium* inclui a utilização de vetores plasmídeos que contêm segmentos de DNA definidos que se integram ao DNA genômico da planta. Métodos de inoculação do tecido da planta variam dependendo da espécie de planta e do sistema de distribuição *Agrobacterium*. Uma abordagem amplamente usada é o procedimento de disco de folha que pode ser realizado com qualquer explante de tecido que forneça uma boa fonte para a iniciação da diferenciação da planta inteira. Ver, ex., Horsch et al. in *Plant Molecular Biology Manual A5*, Kluwer Academic Publishers, Dordrecht (1988) p. 1-9. Uma abordagem complementar emprega o sistema de distribuição *Agrobacterium* juntamente com a infiltração a vácuo. O sistema *Agrobacterium* é especialmente viável na criação de plantas dicotiledôneas transgênicas.

[00146] Há diversos métodos de transferência direta de DNA para células vegetais. Na eletroporação, os protoplastos são brevemente expostos a um forte campo elétrico. Na microinjeção, o DNA é mecanicamente injetado diretamente nas células utilizando pequenas micropipetas. No bombardeio de micropartículas, o DNA é adsorvido em microprojéteis tais como cristais de sulfato de magnésio ou partículas de tungstênio e os microprojéteis são fisicamente acelerados em células ou tecidos de plantas.

[00147] Após a transformação estável é realizada a propagação da planta. O método mais comum de propagação da planta é pela semente. A regeneração por propagação da semente, no entanto, tem a deficiência de que devido à heterozigosidade há uma falta de uniformidade na safra, uma vez que as sementes são produzidas por plantas de acordo com as variações genéticas governadas pelas regras de Mendel. Basicamente, cada semente é geneticamente diferente e cada uma irá crescer com seus próprios traços específicos. Então é preferível que a planta transformada seja produzida de tal

forma que a planta regenerada tenha traços e características idênticos aos da planta transgênica reprodutora. Portanto, é preferível que a planta transformada seja regenerada por micropropagação o que proporciona uma reprodução rápida e consistente das plantas transformadas.

[00148] A micropropagação é um processo de cultivar plantas de uma nova geração a partir de uma única peça de tecido que foi removida de uma planta reprodutora ou cultivada selecionada. Esse processo permite a reprodução em massa de plantas contendo o tecido preferido expressando a proteína da fusão. As plantas da nova geração que forem produzidas são geneticamente idênticas e têm todas as características da planta original. A micropropagação permite a produção em massa de material vegetal de qualidade em um curto período de tempo e oferece uma rápida multiplicação das plantas cultivadas selecionadas na preservação das características da planta original transgênica ou transformada. As vantagens de clonar plantas são a velocidade de multiplicação da planta e a qualidade e uniformidade das plantas produzidas.

[00149] A micropropagação é um procedimento de múltiplas etapas que requer a alteração do meio de cultura ou das condições de crescimento entre etapas. Dessa forma, o processo de micropropagação envolve quatro etapas básicas: etapa um, cultura inicial do tecido; etapa dois, multiplicação da cultura do tecido; etapa três, diferenciação e formação da planta; e etapa quatro, cultura em estufa e enrijecimento. Durante a etapa um, cultura inicial do tecido, a cultura do tecido é estabelecida e obtém a certificação de isenção de contaminantes. Durante a etapa dois, a cultura inicial do tecido é multiplicada até que um número suficiente de amostras de tecido seja produzido para satisfazer as metas de produção. Durante a etapa três, as amostras de tecido cultivadas na etapa dois são divididas e cultivadas em plântulas individuais. Na etapa quatro, as plântulas transformadas são transferidas para uma estufa para enrijecimento quando a tolerância das

plantas à luz é gradativamente aumentada para que possam ser cultivadas no ambiente natural.

[00150] De acordo com algumas configurações da invenção, as plantas transgênicas são geradas pela transformação temporária de células de folhas, células meristemáticas ou da planta inteira.

[00151] A transformação temporária pode ser executada por qualquer um dos métodos de transferência direta de DNA descritos acima ou por infecção viral utilizando vírus de plantas modificados.

[00152] Vírus que se mostraram úteis para a transformação de hospedeiros de plantas incluem CaMV, Vírus do mosaico do tabaco (TMV), vírus do mosaico do bromo (BMV) e vírus do mosaico comum do feijoeiro (BV or BCMV). A transformação de plantas utilizando vírus de plantas é descrita na patente americana Nº 4.855.237 (vírus do mosaico dourado do feijoeiro; BGV), EP-A 67,553 (TMV), Pedido japonês Publicado Nº 63-14693 (TMV), EPA 194,809 (BV), EPA 278,667 (BV); and Gluzman, Y. et al., Communications in Molecular Biology: Viral Vectors, Cold Spring Harbor Laboratory, New York, pp. 172-189 (1988). Partículas de pseudovírus para uso na expressão de DNA estranho em muitos hospedeiros, incluindo plantas são descritas na WO 87/06261.

[00153] De acordo com algumas configurações da invenção, o vírus utilizado para transformações temporárias é avirulento e assim é incapaz de causar sintomas graves tais como taxa de crescimento reduzida, mosaico, manchas anelares, enrolamento das folhas, amarelamento, riscos, formação de inchaço, formação de tumores e furos. Um vírus avirulento adequado pode ser um vírus avirulento de ocorrência natural ou um vírus atenuado artificialmente. A atenuação do vírus pode ser realizada utilizando métodos bem conhecidos na técnica incluindo, entre outros, aquecimento subletal, tratamento químico ou por técnicas de mutagênese direcionada tais como as descritas, por exemplo, por Kurihara e Watanabe (Molecular Plant Pathology

4:259-269, 2003), Galon et al. (1992), Atreya et al. (1992) e Huet et al. (1994).

[00154] Variedades de vírus adequados podem ser obtidas a partir de fontes disponíveis tais como, por exemplo, a American Type Culture Collection (ATCC) ou por isolamento de plantas infectadas. O isolamento de vírus de tecidos de plantas infectadas pode ser realizado por técnicas bem conhecidas na técnica tais como as descritas, por exemplo, por Foster e Tatlor, Eds. "Plant Virology Protocols: From Vírus Isolation to Transgenic Resistance (Methods in Molecular Biology (Humana Pr), Vol 81)", Human Press, 1998. Em resumo, tecidos de uma planta infectada dos quais se acredita que contenham uma alta concentração de um vírus adequado, de preferência folhas jovens e pétalas de flores, são colocados em uma solução tampão (ex., solução tampão de fosfato) para produzir uma seiva do vírus infectado que pode ser usada em inoculações subsequentes.

[00155] A construção de vírus de RNA de plantas para a introdução e expressão de sequências de polinucleotídeos exógenos não virais em plantas é demonstrada pelas referências acima e também por Dawson, W. O. et al, Virology (1989) 172:285-292; Takamatsu et al. EMBO J. (1987) 6:307-311; French et al. Science (1986) 231:1294-1297; Takamatsu et al. FEBS Letters (1990) 269:73-76; e pela patente americana Nº 5.316.931.

[00156] Quando o vírus é um vírus de DNA, podem ser feitas modificações adequadas ao vírus em si. De maneira alternativa, o vírus pode primeiro ser clonado em um plasmídeo bacteriano para facilitar a construção do vetor viral desejado com o DNA estranho. O vírus pode então ser removido do plasmídeo. Se o vírus for um vírus de DNA, uma origem bacteriana de replicação pode ser anexada ao DNA viral, que é então replicado pela bactéria. A transcrição e a tradução desse DNA produzirão uma proteína de revestimento que irá encapsidar o DNA viral. Se o vírus for um vírus de RNA, o vírus é geralmente clonado como um cDNA e inserido em

um plasmídeo. O plasmídeo é então utilizado para fazer todas as construções. O vírus RNA é então produzido transcrevendo a sequência viral do plasmídeo e a tradução dos genes virais para produzir a(s) proteína(s) de revestimento que encapsidam RNA viral.

[00157] Em uma configuração, é provido um polinucleotídeo viral de uma planta no qual sequência de codificação de uma proteína de revestimento nativa foi apagada de um polinucleotídeo viral, uma sequência de codificação de uma proteína de revestimento nativa viral de uma planta não nativa e um promotor não nativo, de preferência, foi inserido o promotor subgenômico da sequência de codificação de uma proteína de revestimento não nativa, capaz de expressão no hospedeiro da planta, empacotamento do polinucleotídeo viral recombinante da planta, e de garantir uma infecção sistêmica do hospedeiro pelo polinucleotídeo viral recombinante da planta. De maneira alternativa, o gene da proteína de revestimento pode ser inativado pela inserção da sequência do polinucleotídeo não nativa dentro dele de tal forma que é produzida uma proteína. O polinucleotídeo viral recombinante da planta pode conter um ou mais promotores subgenômicos não nativos. Cada promotor subgenômico não nativo é capaz de transcrever ou expressar sequências de polinucleotídeo ou genes adjacentes no hospedeiro da planta e incapaz de recombinação um com o outro e com promotores subgenômicos nativos. Sequências de polinucleotídeo não nativas (estranhas) podem ser inseridas adjacentes ao promotor subgenômico viral da planta nativa ou aos promotores subgenômicos virais de plantas nativas ou não nativas se for incluída mais de uma sequência de polinucleotídeo. As sequências de polinucleotídeo não nativas são transcritas ou expressas na planta hospedeira sob o controle do promotor subgenômico para produzir os produtos desejados.

[00158] Em uma segunda configuração, é provido um polinucleotídeo viral recombinante da planta como na primeira configuração com exceção de que a sequência de codificação da proteína de revestimento nativa é disposta

adjacente a um dos promotores subgenômicos da proteína de revestimento não nativa ao invés de uma sequência de codificação da proteína de revestimento não nativa.

[00159] Em uma terceira configuração, é provido um polinucleotídeo viral recombinante da planta no qual o gene da proteína de revestimento nativa é adjacente a seu promotor subgenômico e um ou mais promotores subgenômicos não nativos foram inseridos no polinucleotídeo viral. Os promotores subgenômicos não nativos inseridos são capazes de transcrever ou expressar genes adjacentes em um hospedeiro da planta e são incapazes de recombinação um com o outro e com promotores subgenômicos nativos. Sequências de polinucleotídeo não nativas podem ser inseridas adjacentes aos promotores subgenômicos virais de plantas não nativos de tal forma que as sequências são transcritas ou expressas na planta hospedeira sob controle dos promotores subgenômicos para produzir o produto desejado.

[00160] Em uma quarta configuração, um polinucleotídeo viral recombinante da planta é provido como na terceira configuração com exceção de que a sequência de codificação da proteína de revestimento nativa é substituída por uma sequência de codificação da proteína de revestimento não nativa.

[00161] Os vetores virais são encapsidados pelas proteínas de revestimento codificadas pelo polinucleotídeo viral recombinante da planta para produzir um vírus de planta recombinante. O polinucleotídeo viral recombinante da planta ou o vírus de planta recombinante é usado para infectar plantas hospedeiras apropriadas. O polinucleotídeo viral recombinante da planta é capaz de replicação no hospedeiro, dispersão sistêmica no hospedeiro e transcrição ou expressão de gene(s) estranho(s) (polinucleotídeo exógeno) no hospedeiro para produzir a proteína desejada.

[00162] Técnicas para inoculação de vírus em plantas podem ser encontradas em Foster and Taylor, eds. "Plant Virology Protocols: From

Vírus Isolation to Transgenic Resistance (Methods in Molecular Biology (Humana Pr), Vol 81)", Human Press, 1998; Maramorosh and Koprowski, eds. "Methods in Virology" 7 vols, Academic Press, New York 1967-1984; Hill, S.A. "Methods in Plant Virology", Blackwell, Oxford, 1984; Walkey, D.G.A. "Applied Plant Virology", Wiley, New York, 1985; e Kado and Agrawa, eds. "Principles and Techniques in Plant Virology", Van Nostrand-Reinhold, New York.

[00163] Além do que foi mencionado anteriormente, o polinucleotídeo da presente invenção também pode ser introduzido em um genoma de cloroplasto com isso possibilitando a expressão do cloroplasto.

[00164] Uma técnica para introduzir sequências de polinucleotídeo exógeno no genoma dos cloroplastos é conhecida. Essa técnica envolve os seguintes procedimentos: primeiro, células vegetais são tratadas quimicamente de maneira a reduzir o número de cloroplastos por célula a aproximadamente um. Depois, o polinucleotídeo exógeno é introduzido através de bombardeio de partículas nas células com o objetivo de introduzir pelo menos uma molécula de polinucleotídeo exógeno nos cloroplastos. Os polinucleotídeos exógenos foram selecionados de tal maneira que possam ser integrados no genoma do cloroplasto por meio da recombinação homóloga que é imediatamente realizada por enzimas inerentes ao cloroplasto. Para essa finalidade, o polinucleotídeo exógeno inclui, além de um gene de interesse, pelo menos uma extensão de polinucleotídeo que é derivada do genoma do cloroplasto. Além disso, o polinucleotídeo exógeno inclui um marcador selecionável, que atua por procedimentos de seleção sequencial para verificar se todas ou substancialmente todas as cópias dos genomas de cloroplasto que seguem tal seleção irão incluir o polinucleotídeo exógeno. Maiores detalhes com relação a essa técnica são encontrados na patente americana N°. 4.945.050; e 5.693.507 que são incorporadas por referência ao presente documento. Um polipeptídeo pode assim ser produzido pelo sistema de

expressão de proteínas do cloroplasto e se tornar integrado à membrana interna do cloroplasto.

[00165] Uma vez que processos que aumentam o teor de óleo, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor e/ou tolerância ao estresse abiótico de uma planta podem envolver múltiplos genes atuando de maneira cumulativa ou em sinergia (ver, por exemplo, em Quesda et al, Plant Physiol. 130:951-063, 2002), a presente invenção também contempla a expressão de uma pluralidade de polinucleotídeos exógenos em uma única planta hospedeira para com isso obter um efeito superior no teor de óleo, produção, taxa de crescimento, biomassa, vigor e/ou tolerância ao estresse abiótico.

[00166] A expressão de uma pluralidade de polinucleotídeos exógenos em uma única planta hospedeira pode ser realizada cointroduzindo múltiplas combinações de ácido nucléico, cada uma incluindo um polinucleotídeo exógeno diferente, em uma única célula vegetal. A célula transformada pode então ser regenerada e se tornar uma planta madura utilizando os métodos descritos anteriormente no presente documento.

[00167] De maneira alternativa, a expressão de uma pluralidade de polinucleotídeos exógenos em uma única planta hospedeira pode ser realizada cointroduzindo em uma única célula vegetal uma única combinação de ácido nucléico incluindo uma pluralidade de polinucleotídeos exógenos diferentes. Tal combinação pode ser concebida com uma única sequência de promotor que pode transcrever um RNA mensageiro policistrônico incluindo todas as sequências de polinucleotídeo exógeno diferentes. Para permitir a cotradução dos diferentes polipeptídeos codificados pelo RNA mensageiro policistrônico, as sequências de polinucleotídeo podem ser interligadas através de uma sequência de local de entrada interno do ribossomo (IRES) que facilita a tradução das sequências de polinucleotídeo posicionadas a jusante da sequência de IRES. Nesse caso, uma molécula de RNA policistrônica transcrita que codifica os diferentes polipeptídeos descritos acima será

traduzida da extremidade 5' do cap e as duas sequências internas IRES da molécula de RNA policistrônica para com isso produzir na célula todos os polipeptídeos diferentes. De maneira alternativa, a combinação pode incluir várias sequências de promotor cada uma a uma sequência de polinucleotídeo exógeno diferente.

[00168] A célula vegetal transformada com a combinação incluindo uma pluralidade de polinucleotídeos exógenos pode ser regenerada tornando-se uma planta madura, utilizando os métodos descritos anteriormente no presente documento.

[00169] De maneira alternativa, a expressão de uma pluralidade de polinucleotídeos exógenos em uma única planta hospedeira pode ser realizada introduzindo diferentes combinações de ácido nucléico, incluindo diferentes polinucleotídeos exógenos, em uma pluralidade de plantas. As plantas transformadas regeneradas podem então ser cruzadas e a progênie resultante selecionada para alcançar uma tolerância superior ao estresse abiótico, eficiência de uso de água, eficiência de uso de fertilizantes, crescimento, biomassa, produção e/ou traços de vigor, utilizando técnicas convencionais de cultura de plantas.

[00170] De acordo com algumas configurações da invenção, o método ainda compreende o cultivo da planta expressando o polinucleotídeo exógeno sob o estresse abiótico.

[00171] Exemplos não limitadores de condições de estresse abiótico incluem salinidade, seca, privação de água, excesso de água (ex. inundação, alagamento), estiolamento, baixa temperatura, alta temperatura, toxicidade de metais pesados, anaerobiose, deficiência de nutrientes, excesso de nutrientes, poluição atmosférica e irradiação UV.

[00172] Dessa forma, a invenção abrange plantas que expressam exogenamente o(s) polinucleotídeo(s), as combinações de ácido nucléico e/ou polipeptídeo(s) da invenção. Uma vez expresso dentro da célula da planta ou

da planta inteira, o nível do polipeptídeo codificado pelo polinucleotídeo exógeno pode ser determinado por métodos bastante conhecidos na técnica tais como, ensaios de atividade, Western blots utilizando anticorpos capazes de ligar especificamente o polipeptídeo, Ensaio Imunossorvente Ligado à Enzima (ELISA), ensaios radioimunológicos (RIA), imunohistoquímica, imunocitoquímica, imunofluorescência e similares.

[00173] Métodos para determinar, na planta, o nível do RNA transcrito a partir do polinucleotídeo exógeno são bastante conhecidos na técnica e incluem, por exemplo, análise de Northern blot, análise de reação em cadeia da polimerase via transcrição reversa (RT-PCR) (incluindo RT-PCR quantitativa, semiquantitativa ou em tempo real) e hibridização de RNA in situ.

[00174] Além disso, o homólogo endógeno do polinucleotídeo exógeno ou polipeptídeo da invenção, ou um fragmento do homólogo endógeno (ex. íntrons ou regiões não traduzidas) na planta podem ser usadas como um marcador para uma seleção auxiliada por marcador (MAS), na qual é usado um marcador para seleção indireta de um determinante ou determinantes genéticos de um traço de interesse (ex., biomassa, taxa de crescimento, teor de óleo, produção, tolerância ao estresse abiótico). Esses genes (sequência de DNA ou RNA) podem conter locais polimórficos ou marcadores genéticos no genoma tais como polimorfismo do tamanho do fragmento de restrição (RFLP), microsátélites e polimorfismo de nucleotídeo único (SNP), impressão digital do DNA (DFP), polimorfismo do tamanho de fragmentos amplificados (AFLP), polimorfismo do nível de expressão, polimorfismo do polipeptídeo codificado ou podem ser ligados a estes e a qualquer outro polimorfismo na sequência de DNA ou RNA.

[00175] Exemplos de seleções auxiliadas por marcadores incluem, entre outros, a seleção de um traço morfológico (ex., um gene que afeta a forma, coloração, esterilidade masculina ou resistência tais como a presença

ou ausência de estrepes, coloração do revestimento das folhas, altura, cor dos grãos, aroma do arroz); a seleção de um traço bioquímico (ex., um gene que codifica uma proteína que pode ser extraída e observada; por exemplo, isozimas e proteínas de armazenamento); a seleção de um traço biológico (ex., raças patogênicas ou biótipos de insetos com base em patógeno hospedeiro ou relação entre parasita e hospedeiro podem ser usados como marcador uma vez que a constituição genética de um organismo pode afetar sua susceptibilidade a patógenos ou parasitas).

[00176] Os polinucleotídeos e polipeptídeos descritos anteriormente no presente documento podem ser usados em uma ampla variedade de plantas econômicas, de maneira segura e de boa relação custo-benefício.

[00177] Linhas de plantas que expressam exogenamente o polinucleotídeo ou o polipeptídeo da invenção são filtradas para identificar aquelas que apresentam o maior aumento do traço desejado da planta.

[00178] Abaixo segue uma descrição não limitadora de ensaios que podem ser usados para determinar o efeito do transgene (o polinucleotídeo exógeno de algumas configurações da invenção) ou que é um polipeptídeo no traço de interesse em uma planta.

[00179] Os parâmetros principais de eficiência utilizados para definir o metabolismo de Nitrogênio (N) da planta incluem eficiência de absorção do nitrogênio, eficiência de utilização do nitrogênio e eficiência de uso do nitrogênio.

[00180] A eficiência de absorção do nitrogênio [a quantia de N em biomassa acima do solo (gramas de nitrogênio) / N aplicada (gramas/hectare)] é a quantia total de nitrogênio incorporada pela planta e é uma função da "absorção" (a capacidade de transporte da planta), a eficiência metabólica do processo de assimilação e a taxa de desenvolvimento do tamanho da planta, uma vez que a massa do caule e das folhas criada durante o crescimento são os reais órgãos de armazenamento de nitrogênio. A fração do nitrogênio

assimilado encontrada em um broto que é por fim transferida ao grão (produção) é controlada enzimaticamente, e, dessa forma, pode ser afetada por manipulação transgênica. Esse parâmetro é, na prática, igual à eficiência de uso do nitrogênio (EUN). Um melhor particionamento N entre grão e broto muito provavelmente irá melhorar a produção e o teor de proteína do grão.

[00181] De forma similar, os mesmos cálculos de eficiências de uso e utilização podem ser feitos para outros macronutrientes tais como Fósforo (P) e Potássio (K), que têm uma correlação direta com a produção e a tolerância geral da planta.

[00182] Eficiência de uso de fertilizantes – Para verificar se as plantas transgênicas são mais responsivas aos fertilizantes, as plantas são cultivadas em placas de ágar ou potes com uma quantidade limitada de fertilizante, conforme descrito, por exemplo, nos Exemplos 5-7 da seção de Exemplo a seguir e em Yanagisawa et al (Proc Natl Acad Sci USA. 2004; 101:7833-8). As plantas são analisadas quanto ao seu tamanho total, tempo de florescência, produção, teor de proteína do broto e/ou grão. Os parâmetros verificados são o tamanho total da planta madura, sua umidade e peso seco, o peso das sementes produzidas, o tamanho médio da semente e o número de sementes produzidas por planta. Outros parâmetros que podem ser testados são: o teor de clorofila das folhas (como o status de nitrogênio da planta e o grau de verdor da folha são altamente co-relacionados), aminoácido e o teor total de proteína das sementes ou de outras partes da planta tais como as folhas ou brotos, teor de óleo, etc.. De forma similar, ao invés de fornecer nitrogênio em quantidades limite, o fosfato ou o potássio podem ser adicionados em concentrações cada vez maiores. Novamente, os mesmos parâmetros medidos são os mesmos listados acima. Desta forma, a eficiência de uso de nitrogênio (EUN), a eficiência de uso de fosfato (EUF) e a eficiência de uso de potássio (EUP) são avaliadas, verificando a capacidade das plantas transgênicas de florescer sob as condições de restrição dos nutrientes.

[00183] Eficiência de uso do nitrogênio – Para verificar se as plantas transgênicas *Arabidopsis* são mais responsivas ao nitrogênio, as plantas são cultivadas em 0,75-1,5 mM (condições de deficiência de nitrogênio) ou 6-15 mM (condições ideais de nitrogênio). É permitido que as plantas cresçam por mais 20 a 40 dias ou até da produção de sementes. As plantas são então analisadas por seu tamanho total, tempo de florescência, produção, teor de proteína do broto e/ou grão/ produção de semente. Os parâmetros verificados podem ser o tamanho total da planta, umidade e peso seco, o peso das sementes produzidas, o tamanho médio da semente e o número de sementes produzidas por planta. Outros parâmetros que podem ser testados são: o teor de clorofila das folhas (como o status de nitrogênio da planta e o grau de verdor da folha são altamente co-relacionados), aminoácido e o teor total de proteína das sementes ou de outras partes da planta tais como as folhas ou brotos e o teor de óleo. Plantas transformadas não apresentam efeitos fisiológicos e/ou morfológicos substanciais, ou apresentam níveis maiores de parâmetros medidos do que de plantas silvestres, são identificadas como plantas de eficiência de uso do nitrogênio.

[00184] Determinação de nitrogênio – O procedimento para determinação de concentração de N (nitrogênio) nas partes estruturais das plantas envolvem o método de digestão de persulfato de potássio para converter N orgânico para NO₃ (Purcell and King 1996 *Argon. J.* 10 88:111-113, a redução mediada de Cd” modificada de NO₃ para NO₂ (Vodovotz 1996 *Biotechniques* 20:390-394) e a medição de nitrito através do ensaio de Griess (Vodovotz 1996, *supra*). Os valores e absorção são medidos em 550nm em relação a uma curva padrão de NaNO₂. O procedimento é descrito em detalhes em Samonte et.al. 2006 *Agron. J.* 98:168-176.

[00185] Testes de germinação – Os testes de germinação comparam a porcentagem de sementes de plantas transgênicas que poderiam completar o processo de germinação à porcentagem de sementes do controle de plantas

que são tratadas da mesma forma. Condições normais são consideradas, por exemplo, incubação a 22 °C sob ciclos diários de 22 horas com luz e 2 horas no escuro. A avaliação de germinação e vigor da muda é conduzida entre 4 e 14 dias após o plantio. A média basal é meio MS de 50% (Murashige and Skoog, 1962 Plant Physiology 15, 473-497).

[00186] A germinação é verificada também em condições não favoráveis tais como frio (incubação em temperaturas menores que 10 °C ao invés de 22 °C) ou usando soluções de inibição de sementes que contem altas concentrações de um osmolito tal como sorbitol (em concentrações de 50 mM, 100 mM, 200 mM, 300 mM, 500 mM, e até 1000 mM) ou aplicando concentrações crescentes de sal (de 50 mM, 100 mM, 200 mM, 300 mM, 500 mM de NaCl).

[00187] O efeito da transgene no vigor, taxa de crescimento, biomassa, produção e/ou teor de óleo pode ser determinada usando métodos conhecidos.

[00188] Vigor da planta – O vigor da planta pode ser calculado pelo aumento nos parâmetros de crescimentos tais como a área da folha, comprimento da fibra, diâmetro de roseta, peso fresco da planta e similares por tempo.

[00189] Taxa de crescimento - A taxa de crescimento pode ser medida usando a análise digital de cultivo de plantas. Por exemplo, imagens de cultivo de plantas em estufas com base em diagramas podem ser capturadas a cada 3 dias e a área de roseta pode ser calculada por análise digital. O crescimento da área de roseta é calculado usando a diferença da área de roseta entre dias de amostragem dividido pela diferença em dias entre amostras.

[00190] A avaliação da taxa de crescimento pode ser feita medindo a biomassa da planta produzida, a área da roseta, o tamanho da folha ou o comprimento da raiz por tempo (pode ser medido em cm² por dia de área de folha).

[00191] A área de crescimento relativo pode ser calculada usando a

Fórmula I.

Fórmula I:

$$\text{Taxa de área de crescimento relativo} = (\Delta \text{Área} / \Delta t) * (1 / \text{Área } t_0)$$

Δt é o dia da imagem atual analisada subtraído do dia inicial (t_0). Dessa forma, taxa de área de crescimento relativo é em unidades de 1/dia e a taxa de crescimento de comprimento é em unidades de 1/dia.

[00192] De maneira alternativa, a taxa de crescimento relativo da área pode ser calculada como o coeficiente de regressão no decorrer do curso de tempo.

[00193] Produção de sementes – A avaliação da produção de sementes por planta pode ser feita medindo a quantia (peso ou tamanho) ou quantidade (i.e., número) de sementes secas produzidas e colhidas de 8 a 16 plantas e dividido pelo número de plantas.

[00194] Por exemplo, as sementes totais de 8 a 16 plantas podem ser colhidas, pesadas usando ex., um balanço analítico e o peso total pode ser dividido pelo número de plantas. A produção de sementes por área de cultivo pode ser calculada da mesma forma ao levar em conta uma determinada área de cultivo para uma única planta. O aumento da produção de semente por área de cultivo seria obtido pelo aumento da produção de semente por planta, e/ou pelo aumento do número de plantas capazes de produzir em uma determinada área.

[00195] Além disso, a produção de sementes pode ser determinada via peso of 1000 sementes. O peso de 1000 sementes pode ser determinado conforme segue: as sementes são espalhadas em uma bandeja de vidro e é uma foto tirada. Cada amostra é pesada e então usando a análise digital, é calculado o número de sementes.

[00196] O peso de 1000 sementes pode ser calculado usando a fórmula II:

Fórmula II:

$$\text{Peso de 1000 Sementes} = \text{número de sementes em amostra} / \text{peso}$$

da amostra X 1000

[00197] O Índice de Colheita pode ser calculado usando a Fórmula III
Fórmula III:

Índice de colheita = Produção média de sementes por planta/ Peso seco médio

[00198] Concentração de proteína dos grãos – O conteúdo de proteína dos grãos (gramas de proteína dos grãos m⁻²) é estimado como o produto da massa de grão N (nitrogênio) [gramas de Nitrogênio dos grãos m⁻²] multiplicado pela taxa de conversão de proteína/N de k-5,13 (Mosse 1990, supra). A concentração de proteína dos grãos é estimada como a taxa de teor de proteína dos grãos por massa de unidade do grão (gramas de proteína dos grãos kg⁻¹ de grão).

[00199] Comprimento das fibras – O comprimento das fibras pode ser medido usando um fibrógrafo. O sistema fibrógrafo foi usado para computar o comprimento em termos de comprimento “Médio da Metade Superior”. A média da metade superior (UHM) é o comprimento médio da metade mais longa da distribuição da fibra. O comprimento das medidas do fibrógrafo em comprimentos de vão de um determinado ponto de porcentagem (<http://www.cottonine.com/ClassificationofCotton/?Pg=4#Length>).

[00200] Teor de óleo - O teor de óleo de uma planta pode ser determinada pela extração do óleo da semente ou da porção vegetativa da planta. Em resumo, os lipídios (óleo) pode ser removido da planta (ex., semente) triturando o tecido da planta na presença de solventes específicos (ex., hexano ou éter de petróleo) e extraíndo o óleo em um extrator contínuo. A análise do teor de óleo indireto pode ser realizado usando vários métodos de conhecimento tais como Espectroscópio de Ressonância Magnética Nuclear (NMR), que mede a energia de ressonância absorvida pelos átomos de hidrogênio no estado líquido da amostra [Ver por exemplo, Conway TF. and Earle FR., 1963, Journal of the American Oil Chemists' Society; Springer Berlin / Heidelberg, ISSN: 0003-021X (Print) 1558-9331 (Online)]; o

Espectroscópio de Quase Infravermelho (NI), que usa a absorção de energia quase infravermelha (1100-2500 nm) pela amostra; e o método descrito em WO/2001/023884, que é baseado em extrair óleo um solvente, evaporar o solvente em um fluxo de gás que forma partículas de óleo, e direcionam luz no fluxo de gás e nas partículas de óleo que formam uma luz refletida detectável.

[00201] O efeito da transgene ou seu polipeptídeo codificado em tolerância ao estresse abiótico pode ser determinado usando métodos conhecidos.

[00202] Tolerância ao estresse abiótico – Plantas transformadas (i.e., expressando a transgenese) e não transformadas (tipo silvestre) são expostas a condições de estresse abiótico, tais como privação de água, temperatura abaixo do ideal, (temperatura baixa, alta temperatura), deficiência de nutrientes, excesso de nutrientes, condição de estresse salino, estresse osmótico, toxicidade de metais pesados, anaerobiose, poluição atmosférica e irradiação UV.

[00203] Ensaio de tolerância de salinidade – Espera-se que as plantas transgênicas com tolerância a altas concentrações de sal demonstrem melhor germinação, vigor da muda ou crescimento em alta salinidade. O estresse salino pode ser efetuado de várias formas tais como, por exemplo, irrigando as plantas com uma solução hiperosmótica, cultivando as plantas de forma hidropônica em uma solução de crescimento hiperosmótico (ex., solução de Hoagland), ou cultivando as plantas em um meio de crescimento hiperosmótico [ex., 50 % do meio Murashige-Skoog (meio MS)]. Desde que plantas diferentes variam consideravelmente em sua tolerância à salinidade, a concentração de sal na irrigação de água, solução de crescimento, ou meio de crescimento podem ser ajustadas de acordo com as características específicas ou cultivo de planta específico ou variedade, de modo a infligir um efeito suave ou moderado na fisiologia e/ou morfologia das plantas (para diretrizes

referentes a concentração apropriada ver, Bernstein and Kafkafi, Root Crescimento Under Salinidade Stress In: Plant Roots, The Hidden Half 3rd ed. Waisel Y, Eshel A and Kafkafi U. (editores) Marcel Dekker Inc., New York, 2002, e suas referências).

[00204] Por exemplo, o teste de tolerância de salinidade pode ser executado irrigando as plantas em estágios de desenvolvimento com aumento de concentrações de cloreto de sódio (por exemplo, 50 mM, 100 mM, 200 mM, 400 mM de NaCl) aplicado no fundo e por cima para garantir a dispersão uniforme do sal. Seguindo a exposição à condição de estresse as plantas são monitoradas frequentemente até que os efeitos fisiológicos e/ou morfológicos substanciais apareçam em plantas tipo silvestre. Dessa forma, a aparência fenotípica externa, o grau de secagem e o sucesso total para alcançar a maturidade e a progênie de produção são comparados entre plantas transgênicas e de controle. Os parâmetros quantitativos de tolerância medidos incluem, entre outros, o peso molhado e seco médios, o peso das sementes produzidas, o tamanho médio das sementes e o número de sementes produzidas por planta. As plantas transformadas não apresentam efeitos fisiológicos e/ou morfológicos substanciais, ou apresentam maior biomassa que as plantas tipo silvestre, são identificadas como plantas tolerantes ao estresse abiótico.

[00205] Teste de tolerância osmótica – Os ensaios de estresse osmótico (incluindo ensaios de cloreto de sódio e manitol) são conduzidos para determinar se um fenótipo de estresse osmótico foi específico de cloreto de sódio ou se este foi um fenótipo relacionado ao estresse osmótico geral. Plantas que são tolerantes ao estresse osmótico podem ter mais tolerância ao seco e/ou congelamento. Para experimentos de germinação por estresse de salino e osmótico, o meio suplementado, por exemplo, com 50 mM, 100 mM, 200 mM de NaCl ou 100 mM, 200 mM de NaCl, 400 mM de manitol, 500 mM de sorbitol ou 15 g (gramas) de PEG [Polietileno glicol 8000].

[00206] Ensaio de tolerância seca/ Ensaio de osmoticum – A tolerância ao seco é apresentada para identificar os genes que concedem melhor sobrevivência da planta após privação de água aguda. Para analisar se as plantas transgênicas são mais tolerantes à seca, um estresse osmótico produzido pelo sorbitol osmólito não iônico no meio pode ser realizado. As plantas transgênicas e de controle são germinadas e cultivadas em placas de ágar de plantas por 4 dias, depois de serem transferidas para placas contendo 500 mM de sorbitol. O tratamento causa retardamento no crescimento, então ambas as plantas transgênicas e de controle são comparadas, pelo peso da planta (molhada e seca), produção e pela taxa de crescimentos medidos como tempo para florescência.

[00207] De modo oposto, as classificações de seca por solo são realizadas com plantas que expressam excessivamente os detalhes de polinucleotídeos acima. As sementes de controle das plantas *Arabidopsis*, ou outras plantas transgênicas que expressam excessivamente o polipeptídeo da invenção são germinadas e transferidas para potes. O estresse por seca é obtido após a irrigação ser cessada, acompanhada por colocar os potes em papel absorvente para aumentar a taxa de secagem do solo. As plantas transgênicas e de controle são comparadas umas as outras quando a maioria das plantas de controle desenvolvem secagem severa. As plantas são regadas novamente após obter uma fração significativa das plantas de controle mostrando uma secagem severa. As plantas são classificadas comparando controles para cada um dos dois critérios: tolerância às condições de seca e recuperação (sobrevivência) após serem regadas novamente.

[00208] Tolerância de estresse por frio – Para analisar o estresse por frio, as plantas maduras (25 dias de vida) são transferidas para câmaras a 4 °C por 1 ou 2 semanas, com luz constitutiva. Mais tarde as plantas são movidas de volta para a estufa. Duas semanas mais tarde os danos do período de resfriamento, resultando em retardamento do crescimento e outros fenótipos,

são comparados entre ambas as plantas transgênicas e de controle, pelo peso da planta (molhada e seca) e comparando a taxa de crescimentos medidos como tempo para florescência, tamanho da planta, produção e similares.

[00209] Tolerância de estresse por calor – A tolerância de estresse por calor alcançada pela exposição das plantas a temperaturas acima de 34 °C por um determinado período. A tolerância da planta é examinada após a transferência das plantas de volta aos 22 °C para recuperação e avaliação após 5 dias relativo aos controles internos (plantas não transgênicas) ou plantas não expostas nem ao estresse por frio nem por calor.

[00210] Eficiência do uso de água - pode ser determinada como a biomassa produzida por transpiração de unidade. Para analisar EUA, o teor de água relativo da folha pode ser medido nas plantas transgênicas e de controle. O peso fresco (PF) é registrado imediatamente; então as folhas são enxarcadas por 8 horas em água destilada em temperatura ambiente no escuro, e o peso túrgido (PT) é registrado. O peso seco total (PS) é registrado após a secagem das folhas a 60 °C para um peso constante. O teor de água relativo (TAR) é calculado de acordo com a Fórmula IV a seguir:

Fórmula IV

$$\text{TAR} = [(\text{PF} - \text{PS}) / (\text{PT} - \text{PS})] \times 100$$

[00211] Dessa forma, a invenção é de alto valor para agricultura para promover a produção das safras desejadas pelo comércio (ex., biomassa de órgão vegetativo tais como madeira de álamo, ou órgãos reprodutivos tais como número de sementes ou biomassa de sementes) sob condições normais ou de limitação de crescimento (ex., condições de deficiência de nitrogênio, estresse abiótico).

[00212] Quaisquer das plantas transgênicas descritas acima ou partes destas podem ser processadas para produzirem preparação de alimento, proteína ou óleo, tais como para animais ruminantes.

[00213] As plantas transgênicas descritas acima, que exibem um teor

de óleo aumentado podem ser usadas para produzir óleo vegetal (pela extração de óleo da planta).

[00214] O óleo vegetal (incluindo o óleo de semente e/ou óleo da parte vegetativa) produzido, de acordo com o método da invenção, pode ser combinado com uma variedade de outros ingredientes. Os ingredientes específicos incluídos em uma produção são determinados de acordo com o uso pretendido. Os produtos exemplares incluem alimentação animal, matéria prima para modificações químicas, plástico biodegradável, produto de comida misturada, óleo comestível, biocombustível, óleo de cozinha, lubrificante, biodiesel, lanches, cosméticos e matéria prima de processo de fermentação. Produtos exemplares a serem incorporados ao óleo vegetal incluem alimentos de animais, produtos de alimentação humana tais como lanches extrusados, pães, como um agente obrigatório do alimento, alimentação de aquicultura, misturas fermentáveis, suplementos alimentares, bebidas energéticas, barras nutricionais, suplementos multi-vitamínicos, bebidas dietéticas e cereais. De acordo com algumas configurações da invenção, o óleo compreende óleo de semente oil e/ou óleo de parte vegetativa.

[00215] De acordo com algumas configurações da invenção, a célula da planta forma uma parte de uma planta.

[00216] Conforme utilizado no presente documento o termo "aproximadamente" refere-se $\pm 10\%$.

[00217] O termos "compreende", "compreendendo", "incluir", "incluindo", "contendo" e suas conjugações significam "incluindo entre outros".

[00218] O termo "consistindo de meios" incluindo e limitado a".

[00219] O termo "consistindo essencialmente de" meios que a composição, método ou estrutura podem incluir ingredientes adicionais, etapas e/ou partes, mas somente se os ingredientes adicionais, etapas e/ou partes não alterarem de forma material as características básicas e originais da

composição reivindicada, método ou estrutura.

[00220] Conforme utilizada no presente documento a forma única "um/uma" e "o/a" incluem referências de plural a menos que o contexto ditar claramente de outra forma. Por exemplo, o termo "um composto" ou "pelo menos um composto" pode incluir uma pluralidade de compostos, incluindo misturas.

[00221] Durante este pedido, várias configurações desta invenção podem apresentar em um formato de faixa. Isso pode ser entendido que a descrição em formato de faixa é meramente por conveniência e brevidade e não pode ser construída como uma limitação inflexível no escopo da invenção. Conseqüentemente, a descrição da faixa não pode ser considerada por ter revelado especificamente todas as subfaixas possíveis assim como valores numéricos individuais dentro desta faixa. Por exemplo, a descrição da faixa tal como de 1 a 6 deve ser considerada por ter revelado especificamente todas as subfaixas tais como de 1 a 3, de 1 a 4, de 1 a 5, de 2 a 4, de 2 a 6, de 3 a 6, etc., assim como números individuais dentro da faixa, por exemplo, 1, 2, 3, 4, 5 e 6. Isto se aplica no que diz respeito a largura da faixa.

[00222] Sempre que uma faixa numérica é indicada no presente documento, cujo propósito é incluir qualquer número citado (fracional ou inteiro) dentro da faixa indicada. As frases “variando/varia entre” um primeiro número indicado e um segundo número indicado e “variando/varia de” um primeiro número indicado “até” um segundo número indicado são usados no presente documento alternadamente e cujo propósito é incluir o primeiro e o segundo números indicados e todos os números fracionais ou inteiros entre eles.

[00223] Conforme usado no presente documento o termo “método” refere-se a maneiras, meios, técnicas e procedimentos para cumprir uma determinada tarefa incluindo, entre outros, essas maneiras, meios, técnicas e procedimentos sejam de conhecimento de praticantes das técnicas químicas,

farmacológicas, biológicas, bioquímicas e médicas ou imediatamente desenvolvidos a partir de maneiras, meios, técnicas e procedimentos conhecidos.

[00224] É reconhecido que determinadas características da invenção, as quais são, para fins de esclarecimento, descritas no contexto de configurações separadas, também podem ser providas em conjunto em uma única configuração. Por outro lado, diversas características da invenção, que são, por brevidade, descritas no contexto de uma única configuração, também podem ser providas separadamente ou em qualquer subcombinação adequada ou como adequada em qualquer outra configuração da invenção descrita. Determinadas características descritas no contexto de várias configurações não são consideradas características essenciais dessas configurações, a menos que a configuração seja inoperante sem esses elementos.

[00225] Várias configurações e aspectos da presente invenção conforme descritas acima e conforme reivindicado na seção de reivindicações abaixo encontram suporte experimental nos exemplos a seguir.

EXEMPLOS

[00226] Agora é feita referência aos exemplos a seguir, que juntos com as descrições acima ilustram algumas configurações da invenção de maneira não limitadora.

[00227] Geralmente, a nomenclatura utilizada no presente documento e os procedimentos laboratoriais utilizados na presente invenção incluem técnicas moleculares, bioquímicas, microbiológicas e de DNA recombinante. Tais técnicas são detalhadamente explicadas na documentação. Veja, por exemplo, "Molecular Cloning: A laboratory Manual" Sambrook et al, (1989); "Current Protocols in Molecular Biology" Volumes I-III Ausubel, R. M., ed. (1994); Ausubel et al, "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley and Sons, 25 Baltimore, Maryland (1989); Perbal, "A Practical Guide to Molecular Cloning", John Wiley & Sons, New York (1988); Watson et al,

"Recombinant DNA", Scientific American Books, New York; Birren et al. (eds) "Genome Analysis: A Laboratory Manual Series", Vols. 1-4, Frio Spring Harbor Laboratory Press, New York (1998); metodologias conforme estabelecidas nas patentes americanas Nº 4.666.828; 4.683.202; 4.801.531; 5.192.659 e 5.272.057; "Cell Biology: A Laboratory Handbook", Volumes I-III Cellis, J. E., ed. (1994); "Current Protocols in Immunology" Volumes I-III Coligan J. E., ed. (1994); Stites et al. (eds), "Basic and Clinical Immunology" (8th Edition), Appleton & Lange, Norwalk, CT (1994); Mishell and Shiigi (eds), "Selected Methods in Cellular Immunology", W. H. Freeman and Co., New York (1980); imunoensaios disponíveis são amplamente descritos na patente e na documentação científica, veja, por exemplo, as patentes americanas Nº 3.791.932; 3.839.153; 3.850.752; 3.850.578; 3.853.987; 3.867.517; 3.879.262; 3.901.654; 3.935.074; 3.984.533; 3.996.345; 4.034.074; 4.098.876; 4.879.219; 5.011.771 e 5.281.521; "Oligonucleotide Synthesis" Gait, M. J., ed. (1984); "Nucleic Acid Hybridization" Hames, B. D., and Higgins S. J., eds. (1985); "Transcription and Translation" Hames, B. D., and Higgins S. J., Eds. (1984); "Animal Cell Culture" Freshney, R. I., ed. (1986); "Immobilized Cells and Enzymes" IRL Press, (1986); "A Practical Guide to Molecular Cloning" Perbal, B., (1984) and "Methods in Enzymology" Vol. 1-317, Academic Press; "PCR Protocols: A Guide To Methods And Applications", Academic Press, San Diego, CA (1990); Marshak et al, "Strategies for Protein Purification and Characterization - A Laboratory Course Manual" CSHL Press (1996); todos os quais são incorporados por referência como se plenamente estabelecidos no presente documento. Outras referências gerais são fornecidas ao longo do presente documento. Acredita-se que os procedimentos nelas contidos sejam bastante conhecidos na técnica e sejam fornecidos para maior comodidade do leitor. Todas as informações nelas contidas são incorporadas por referência ao presente documento.

EXEMPLO 1

IDENTIFICAÇÃO DE GENES QUE AUMENTAM A EFICIÊNCIA DE USO DO NITROGÊNIO, A EFICIÊNCIA DE USO DE FERTILIZANTES, PRODUÇÃO, TEOR DE ÓLEO, BIOMASSA E/OU TOLERÂNCIA AO ESTRESSE ABIÓTICO

[00228] Genes que podem aumentar a eficiência de uso do nitrogênio (EUN), a eficiência de uso de fertilizantes (EUF), produção, teor de óleo, biomassa e/ou tolerância ao estresse abiótico (ABST) foram identificados utilizando várias ferramentas de bioinformática e mineração de dados.

[00229] Todos os conjuntos de dados de sequências de nucleotídeo aqui utilizados foram originados de bancos de dados disponíveis para o público em geral. Dados de sequências de 76 diferentes espécies de plantas foram introduzidos em um único e amplo banco de dados. Outras informações acerca de expressão de genes, observações sobre proteínas, enzimas e vias também foram incorporados. Os principais bancos de dados utilizados incluem:

- Genomas
 - o Genoma de Arabidopsis [TAIR genome version 6 (<http://www.arabidopsis.org/>)]
 - o Genoma do Arroz [IRGSP build 4.0 (<http://rgp.dna.affix.go.jp/IRGSP/>)].
 - o Álamo [Populus trichocarpa release 1.1 from JGI (assembly v1.0) (<http://www.genome.jgi-psf.org/>)]
 - o Brachypodium [JGI 4x assembly, <http://www.brachypodium.org/>)]
 - o Soja [DOE-JGI SCP, version Glyma0 (<http://www.phytozome.net/>)]
 - o Uva [French-Italian Public Consortium for Grapevine Genome Characterization grapevine genome]

- (<http://www.genoscope.ens.fr/>)]
- o Mamona [TIGR/J Craig Venter Institute 4x assembly
[<http://msc.jevi.org/rcommunis>]
- o Sorgo [DOE-JGI SCP, version Sbil
[<http://www.phytozome.net/>)],
- o Genoma do milho parcialmente montado
[<http://maizesequence.org/>]
- As sequências expressadas de EST e mRNA foram extraídas dos seguintes bancos de dados:
 - o GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/>).
 - o RefSeq (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/RefSeq/>).
 - o TAIR (<http://www.arabidopsis.org/>).
- Bancos de dados de vias e proteínas
 - o Uniprot (<http://www.expasy.uniprot.org/>).
 - o AraCyc (<http://www.arabidopsis.org/biocyc/index.jsp>).
 - o ENZYME (<http://expasy.org/enzyme/>).
- Conjuntos de dados de microarranjo foram baixados de:
 - o GEO (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>)
 - o TAIR (<http://www.arabidopsis.org/>).
 - o Dados exclusivos de microarranjos de fibra de algodão (Publicação PCT N° WO2008/075364)
 - o Dados exclusivos de microarranjos sobre ecotipos de Arabidopsis (Publicação PCT N° WO2008/122980).
- Informações de OTL (quantitative trait Locus)
 - o Gramene (<http://www.gramene.org/ql/>).

[00230] A montagem do banco de dados foi realizada para permitir a construção de um banco de dados amplo, rico, com observações confiáveis e fácil de analisar composto de sequências genômicas de DNA mRNA e ESTs disponíveis para o público em geral, dados de diversas safras bem como

expressão de genes, observações de proteínas e QTLs de dados de vias e outras informações relevantes.

[00231] A montagem do banco de dados é composta de uma caixa de ferramentas de refinamento, estruturação e observação de genes e ferramentas de análise que permitem combinar um banco de dados adaptado para cada projeto de descoberta de genes. As ferramentas de refinamento e estruturação de genes permitem detectar de maneira confiável variantes de recomposição e transcrições antissentido, gerando a compreensão de diversos resultados fenotípicos potenciais de um único gene. As capacidades da plataforma "LEADS" da Compugen LTD para analisar o genoma humano foram confirmadas e aceitas pela comunidade científica [ver por ex., "Widespread Antisense Transcription", Yelin, et al. (2003) *Nature Biotechnology* 21, 379-85; "Splicing of Alu Sequences", Lev-Maor, et al. (2003) *Science* 300 (5623), 1288-91; "Computational analysis of alternative splicing using EST tissue information", Xie H et al. *Genomics* 2002], e foi comprovado que têm maior eficiência na genômica de plantas também.

[00232] Agrupamento (Clustering) EST e montagem de genes - Para agrupamento e montagem de genes de *Arabidopsis*, arroz, uva, sorgo, *brachypodium* e soja os presentes inventores utilizaram a versão "genomic LEADS". Essa ferramenta permite o mais preciso agrupamento de sequências de ESTs e mPvNA no genoma e prevê a estrutura do gene e eventos de recomposição alternativos e transcrição antissentido.

[00233] Observação de genes – Genes e proteínas previstos foram observados conforme segue:

Foi realizada busca de sequências por blast [<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>] em relação a todas as plantas UniProt [<http://www.uniprot.org/>]. Quadros de leitura aberta de cada suposta transcrição foram analisados e o mais longo ORF com o maior número de homólogos foi selecionado como a proteína prevista da transcrição. As

proteínas previstas foram analisadas pelo InterPro [<http://www.ebi.ac.uk/interpro/>].

[00234] A comparação por Blast de proteínas dos bancos de dados AraCyc e ENZYME foi usada para mapear as transcrições previstas para vias do AraCyc.

[00235] Proteínas previstas de diferentes espécies foram comparadas utilizando o algoritmo blast [<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>] para validar a precisão da sequência da proteína prevista e para a detecção eficiente de orthologs.

[00236] Definição do perfil de expressão dos genes – Poucas fontes de dados foram exploradas em busca de definição do perfil de expressão dos genes, a saber, dados de microarranjo e perfil de expressão digital (conforme mencionado acima). De acordo com o perfil de expressão do gene, foi realizada uma análise de correlação para identificar genes que são corregulados em etapas de desenvolvimento e condições ambientais diferentes.

[00237] Conjuntos de dados de microarranjos disponíveis para o público em geral nos sites NCBI GEO foram baixados, renormalizados e integrados ao banco de dados. O perfil de expressão foi um dos mais importantes dados de recursos para identificar genes importantes para a EUN, ABST, produção, aumento de biomassa e/ou EUF. Além do mais, quando foi descoberto que genes homólogos de diferentes safras estavam associados ao aumento de EUN, ABST, EUF, biomassa, produção or teor de óleo, os genes foram marcados como "altamente previsíveis" para aperfeiçoar o traço.

[00238] Um resumo do perfil de expressão digital foi compilado para cada cluster de acordo com todas as palavras-chave incluídas nos registros de sequências que compreendem o cluster. A expressão digital, também conhecida como Northern Blot eletrônico, é uma ferramenta que exibe o perfil de expressão virtual baseado nas sequências de EST que formam o cluster do

gene. A ferramenta pode fornecer o perfil de expressão de um cluster em termos de anatomia da planta (ex. tecidos/órgãos nos quais o gene é expresso), etapa de desenvolvimento (as etapas de desenvolvimento nas quais um gene pode ser encontrado) e perfil de tratamento (provê as condições fisiológicas nas quais um gene é expresso tais como seca, frio, infecção patogênica, etc). Dada uma distribuição aleatória de ESTs nos diferentes clusters, a expressão digital fornece um valor de probabilidade que descreve a probabilidade de um cluster ter um total de N ESTs para conter X ESTs de uma determinada coleção de bibliotecas. Para os cálculos de probabilidade foram levados em consideração os parâmetros a seguir: a) o número de ESTs no cluster; b) o número de ESTs das bibliotecas implicadas e relacionadas; e c) o número total de ESTs disponíveis, que representam as espécies. Com isso clusters com valores de baixa probabilidade são altamente enriquecidos com ESTs do grupo de bibliotecas de interesse que indicam uma expressão especializada.

[00239] Os resultados dos dados de expressão digital e de microarranjo dos genes são fornecidos nas Tabelas 1-19 abaixo no presente documento.

[00240] São resumidos abaixo os critérios fundamentais utilizados para selecionar os genes cuja expressão em uma planta pode ser usada para aumentar a EUN, a EUF, biomassa, produção, teor de óleo e ABST. A prega de excesso de expressão ("Prega") é calculada como a razão entre o número de ESTs encontradas em um gene ou um grupo ortólogo para uma determinada categoria ("Palavra-chave") e o número de ESTs esperado de acordo com a distribuição normal. Um valor probalístico (P-value) foi estimado para as pregas de excesso de expressão calculadas. Genes foram selecionados com base nos resultados apresentados nas Tabelas 1-19 abaixo e outros filtros computacionais combinados com curação manual conforme detalhado abaixo.

[00241] NUE242, NUE244, NUE234, NUE239, NUE240, NUE514,

NUE523, NUE533, NUE538, NUE548, NUE549, NUE241, NUE235, NUE251, NUE587 e NUE582 foram selecionados já que são altamente expressos em raízes e em condições de deficiência de nutrientes (conforme mostrado nas Tabelas 1 e 2, abaixo no presente documento).

Tabela 1

Expressão digital de NUE242, NUE244, NUE234, NUE239, NUE240, NUE514, NUE523, NUE533, NUE538, NUE548, NUE549, NUE241, NUE235, NUE251, NUE587 e NUE582 em diferentes tecidos.

Genes	Anatomia							
	semente germinando		raiz		mudas		tentativa	
	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p
NUE242			10,57	2,68E-12			1,00	5,47E-01
NUE244	1,00	4,48E-02	3,00	1,06E-03	1,40	1,67E-01	2,00	2,03E-01
NUE234			6,89	1,80E-24				
NUE239			7,26	1,87E-21				
NUE240			12,70	4,65E-40				
NUE514	1,97	2,69E-01	2,95	7,95E-60	0,78	1	0,39	9,99E-01
NUE523			2,15	1,17E-05	1,11	4,45E-01	1,33	1,31E-01
NUE533			2,96	5,39E-04	0,76	8,43E-01		
NUE538			3,47	1,05E-06	0,96	6,20E-01		
NUE548			1,72	1,06E-02	0,65	8,48E-01	0,60	9,41E-01
NUE549			1,51	7,86E-06	2,52	7,38E-13	0,19	1
NUE241			3,32	7,66E-03	1,00	4,05E-01	0,88	6,88E-01
NUE235	1,00	2,95E-02	4,94	1,12E-06	0,48	9,46E-01		
NUE251			2,72	3,33E-05				
NUE587			2,39	2,20E-02	2,56	1,10E-01		
NUE582			2,00	6,00E-08	1,19	2,80E-01	1,89	7,60E-06

[00242] Tabela 1. Expressão digital dos genes indicados da semente em germinação, raiz, muda e brotos. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

Tabela 2

Expressão digital de NUE242, NUE244, NUE234, NUE239, NUE240, NUE514, NUE523, NUE533, NUE538, NUE548, NUE549, NUE241, NUE235, NUE251, NUE587 e NUE582 em diferentes condições de crescimento

Genes	Tratamento				
	seco	etiolação	tensão de calor	deficiências de nutrientes	irrigação

	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p
NUE242					1,00	4,69E-02	5,00	8,06E-06		
NUE244			4,00	1,40E-02			7,00	2,93E-06	1,00	1,50E-01
NUE234	3,00	2,51E-03					2,93	1,71E-02		
NUE239	8,00	5,17E-11					17,36	2,11E-27		
NUE240	4,00	1,44E-05					26,09	6,02E-35		
NUE514	0,14	1	0,49	9,96E-01	1,16	5,14E-01	5,75	1,26E-38	3,54	1,95E-04
NUE523	1,53	1,07E-01					4,35	5,73E-04	1,94	2,76E-01
NUE533	1,00	6,19E-01					4,00	3,57E-03		
NUE538	1,69	2,10E-01					7,00	2,32E-06	5,00	2,30E-05
NUE548	0,76	7,80E-01					9,60	1,24E-09		
NUE549	1,91	8,07E-07					4,08	6,20E-12	9,58	8,54E-30
NUE241							3,00	8,97E-03		
NUE235	2,00	1,50E-01					6,00	2,61E-06		
NUE251	1,89	9,79E-02					3,00	4,85E-02	8,00	2,04E-08
NUE587	4,50	ÚSEOS					3,00	4,71E-03		
NUE582	0,63	9,51E-01					3,20	4,00E-02	0,97	6,10E-01

[00243] Tabela 2. Expressão digital dos genes indicados sob seca, estiolamento estresse por calor, deficiências de nutrientes e alagamento. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

[00244] NUE229, NUE248, NUE254, NUE542, NUE562, NUE237, NUE221, NUE585 and NUE588 foram selecionados por causa de sua alta expressão nas raízes e em condições de estresse por seca (conforme mostrado nas tabelas 3 e 4 abaixo).

Tabela 3

Expressão digital of NUE229, NUE248, NUE254, NUE542, NUE562, NUE237, NUE221, NUE585 e NUE588 em diferentes tecidos.

Genes	Anatomia									
	folha		semente		raiz		mudas		tentativa	
	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p
NUE229					4,64	2,79E-04				
NUE248	1,19	5,06E-01			3,56	6,36E-03				
NUE254	2,26	1,35E-02			7,90	5,32E-22	0,33	9,53E-01	1,55	1,46E-01
NUE542					4,22	9,75E-04				
NUE562	2,75	2,40E-02			3,32	3,79E-08	0,71	9,32E-01	0,62	9,66E-01
NUE237	0,50	9,00E-01			5,35	5,22E-11	1,21	2,97E-01	0,50	9,67E-01
NUE221					4,15	2,33E-04	0,63	8,74E-01	1,41	2,48E-01
NUE585	2,00	1,20E-01			6,00	1,34E-04				
NUE588	0,99	6,00E-01			2,56	7,16E-05	0,65	9,64E-01	1,30	1,29E-01

[00245] Tabela 3. Expressão digital dos genes indicados na folha,

semente, raiz, muda e brotos. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

Tabela 4

Expressão digital de NUE252, MAB106, NUE265, NUE553, NUE513, NUE579, NUE580, NUE256, NUE227 e NUE223 em diferentes condições de crescimento.

Genes	Tratamento							
	frio		seco		etiolação		salinidade	
	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p
NUE229			4,00	6,53E-03				
NUE248			4,00	6,02E-03				
NUE254			3,13	1,29E-02			1,00	3,67E-01
NUE542			3,00	3,50E-02			6,00	1,61E-10
NUE562	0,70	0,760127	2,75	3,66E-02	0,98	0,57666	4,35	2,80E-03
NUE237			6,00	3,30E-04				
NUE221			4,00	1,38E-03	1,60	0,28739		
NUE585			2,00	5,13E-02				
NUE588	2,10	0,173185	2,73	3,76E-02	1,39	0,185271	0,72	7,53E-01

[00246] Tabela 4. Expressão digital dos genes indicados sob resfriamento, aridez, estiolamento e salinidade. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

[00247] NUE252 e MAB106, NUE265, NUE553, NUE513, NUE579, NUE580, NUE256, NUE227 and NUE223 foram selecionados por causa de sua alta expressão sob condições de crescimento de estiolamento (como mostra a Tabela 5).

Tabela 5

Expressão digital de NUE252, MAB106, NUE265, NUE553, NUE513, NUE579, NUE580, NUE256, NUE227 e NUE223 em diferentes condições de crescimento.

Genes	Tratamento							
	seco		etiolação		calor		metal pesado	
	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p
NUE252	1.28	4.2E-01	5.67	2.0E-11				
MAB 106	0.49	8.7E-01	10.17	5.2E-71				
NUE265			1.90	4.9E-02	4.00	2.6E-03	2.26	7.2E-02
NUE553			1.92	4.4E-02				
NUE513	1.05	5.7E-01	3.75	1.5E-04				
NUE579	0.27	9.8E-01	3.18	1.9E-05				
NUE580	1.00	5.6E-01	3.16	3.8E-02				
NUE256	1.84	5.9E-02	2.03	9.9E-03	3.43	4.7E-03		
NUE227			4.74	3.4E-03				
NUE223	1.40	4.19E-01	4.17	5.6E-09				

[00248] Tabela 5. Expressão digital dos genes indicados sob aridez, estiolamento, calor e metais pesados. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

Tabela 6

Expressão digital de NUE252, MAB106, NUE265, NUE553, NUE513, NUE579, NUE580, NUE256, NUE227 e NUE223 em diferentes condições de crescimento.

Genes	Tratamento					
	salinidade		tensão de oxidação		irrigação	
	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p
NUE252						
MAB106						
NUE265	3,00	6,3E-02				
NUE553						
NUE513						
NUE579						
NUE580						
NUE256	2,96	8,2E-02				
NUE227						
NUE223	2,85	8,91E-02			2,00	2,31E-02

[00249] Tabela 6. Expressão digital dos genes indicados sob salinidade, estresse oxidativo e inundações. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

[00250] NUE224, NUE230, NUE255, NUE245, NUE237, NUE233,

NUE231, NUE228, NUE225 e NUE249 foram selecionados devido a sua alta expressão em raízes e expressão quando foram tratados com hormônios intrinsecamente relacionados ao crescimento e desenvolvimento de plantas (como mostra as Tabelas 7, 8 e 9).

Tabela 7

Expressão digital de NUE224, NUE230, NUE255, NUE245, NUE237, NUE233, NUE231, NUE228, NUE225 e NUE249 em diferentes tecidos.

Genes	Anatomia									
	folha		caule		raiz		mudas		tentativa	
	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p
NUE224	1,20	4,0E-01	0,49	9,9E-01	7,26	4,1E-30	1,64	8,4E-03	1,04	5,0E-01
NUE230	0,71	8,3E-01	1,35	1,4E-02	2,76	7,1E-09	0,59	1,0E+00	1,16	2,1E-01
NUE255					4,00	3,3E-03				
NUE245	1,48	2,5E-01	0,32	1,0E+00	2,14	4,4E-03	1,03	4,8E-01	1,53	3,2E-02
NUE237	0,47	8,8E-01	1,39	1,0E-01	5,12	1,3E-10	1,14	3,7E-01	0,47	9,8E-01
NUE233			1,73	4,4E-02	4,19	9,9E-05	0,95	6,2E-01	1,28	3,3E-01
NUE231			0,75	7,8E-01	8,66	4,6E-10	0,30	9,7E-01		
NUE228	0,17	1,0E+00	2,29	2,4E-12	4,75	3,2E-23			0,13	1,0E+00
NUE225					11,25	0	2,41	1,0E-14	0,10	1,0E+00
NUE249					5,78	4,17E-05				

[00251] Tabela 7. Expressão digital dos genes indicados na folha, calo, raiz, muda e brotos. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

Tabela 8

Expressão digital de NUE224, NUE230, NUE255, NUE245, NUE237, NUE233, NUE231, NUE228, NUE225 and NUE249 em diferentes condições de crescimento e tratamento.

Genes	Tratamento					
	hormônios de desenvolvimento herbal		seco		etiolação	
	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p
NUE224	4,75	1,7E-06			1,51	1,4E-01
NUE230	2,74	2,1E-04	0,31	9,6E-01		
NUE255	4,00	1,4E-04				
NUE245	2,67	1,1E-02	1,28	4,6E-01		
NUE237	4,26	5,9E-04	6,00	4,2E-04		
NUE233	11,74	2,5E-10				
NUE231	10,00	3,4E-10				
NUE228	4,48	3,0E-09				
NUE225	3,45	3,6E-07				

Genes	Tratamento					
	hormônios de desenvolvimento herbal		seco		etiolação	
	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p
NUE249	2,00	3,0E-02				

[00252] Tabela 8. Expressão digital dos genes indicados hormônios de crescimento de plantas, aridez e estiolamento. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

Tabela 9

Expressão digital de NUE224, NUE230, NUE255, NUE245, NUE237, NUE233, NUE231, NUE228, NUE225 e NUE249 em diferentes tratamentos de crescimento.

Genes	Tratamento					
	irrigação		resposta a período de luz		salinidade	
	dobra	valor p	dobra	valor p	dobra	valor p
NUE224						
NUE230					1,26	4,3E-01
NUE255						
NUE245	2,00	2,7E-02			0,87	6,9E-01
NUE237						
NUE233						
NUE231						
NUE228						
NUE225	21,00	3,4E-26			28,53	5,6E-82
NUE249			2,00	4,0E-03		

[00253] Tabela 9. Expressão digital dos genes indicados sob alagamento, resposta ao fotoperíodo e salinidade. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

[00254] NUE268, NUE574 e NUE575 foram selecionados devido a sua alta expressão em calos (um tecido com grande taxa de divisão celular) e induzidos, quando tratados com hormônios relacionados ao desenvolvimento e ao crescimento de plantas (como mostra a tabela 10, abaixo).

Tabela 10

Expressão digital de NUE268, NUE574 e NUE575 em diversos tecidos e sob diferentes condições e tratamentos.

			NUE268	NUE574	NUE575
Anatomia	folha	dobra	0,84	1,24	
		valor p	0,8	4,8E-01	
	caule	dobra	2,37	2,28	2,47
		valor p	6,0E-19	2,0E-04	2,5E-07
	raiz	dobra	0,41	0,31	1,20
		valor p	1	9,7E-01	3,8E-01
	mudas	dobra	0,34	1,23	0,45
		valor p	1	3,1E-01	9,9E-01
	tentativa	dobra	0,59	0,16	0,91
		valor p	9,9E-01	1,0E+00	6,6E-01
Tratamento	plant development hormones	dobra	4,46	2,80	1,84
		valor p	1,4E-12	5,5E-02	1,7E-01
	seco	dobra		2,00	
		valor p		1,7E-01	
	etiolação	dobra	0,20	0,35	0,23
		valor p	1,0E+00	9,5E-01	9,9E-01
	irrigação	dobra			
		valor p			
	resposta a período de luz	dobra	3,32		
		valor p	3,4E-02		
	salinidade	dobra		1,00	
		valor p		4,3E-01	

[00255] Tabela 10. Expressão digital dos genes indicados em diversos tecidos (folha, calo, raiz, muda e brotos) e sob diversos tratamentos ou condições (hormônios de desenvolvimento de plantas, aridez, estiolamento, inundações, resposta ao fotoperíodo e salinidade). São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Nota-se uma expressão de pregas significante no calo e sob hormônios de desenvolvimento de plantas.

[00256] CT75, CT7, CT76, CT71, CT74, CT11, CT20, CT81, CT22, CT82, CT3, CT40, CT1, CT6, CT27, CT2, NUE269, NUE545 e NUE544, foram selecionados devido ao sua alta expressão em fibras de algodão, em que a formação é fortemente relacionada a alongamento de células (Tabelas 11 e 12 abaixo) e, portanto, deverão ter um efeito positivo no desenvolvimento da raiz em condições normais, condições em que há

deficiência de nitrogênio, escassez de fertilizantes e/ou deficiências hídricas, bem como para o aumento do teor de óleo.

Tabela 11

Expressão digital de CT75, CT7, CT76, CT71, CT74, CT11, CT20, CT81, CT22, CT82, CT3, CT40, CT1, CT6, CT27, CT2, NUE269, NUE545 e NUE544 em diferentes tecidos.

Nome do Gene	Anatomia							
	Fibra de Algodão		Fruta		semente		raiz	
	dobra	Valor p	fold	Valor p	dobra	Valor p	fold	Valor p
CT75	1,63	9,3E-13						
CT7	1,65	6,3E-16						
CT76	1,21	1,9E-01						
CT71	1,6	1,3E-28						
CT74	1,68	2,4E-89						
CT11	1,49	4,4E-04						
CT20	1,68	1,1E-14					0,6	8,1E-01
CT81	1,37	9,8E-04						
CT22	0,92	7,4E-01						
CT82	1,31	3,6E-01						
CT3	1,87	1,4E-14						
CT40	1,27	1,9E-03					0,59	8,2E-01
CT1	1,53	2,4E-09						
CT6	1,46	6,3E-09						
CT27	0,65	9,0E-01						
CT2	1,43	1,7E-03						
NUE269	1,50	2,5E-02						
NUE545	1,39	4,6E-03					1	4,5E-01
NUE544	1,73	1,5E-03						

[00257] Tabela 11. Expressão digital dos genes indicados em fibras de algodão, frutas, sementes e raízes. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Nota-se uma expressão de pregas significativa nas fibras de algodão. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

Tabela 12

Expressão digital de CT75, CT7, CT76, CT71, CT74, CT11, CT20, CT81, CT22, CT82, CT3, CT40, CT1, CT6, CT27, CT2, NUE269, NUE545 e NUE544

Nome do Gene	Anatomia					
	plântula		haste		folha	
	dobra	Valor-p	fold	Valor-p	fold	Valor-p
CT75						

CT7	0,08	1			0,44	9,0E-01
CT76						
CT71	0,17	1				
CT74	0,17	1				
CT11						
CT20	0,55	0,97				
CT81	1,6	0,08				
CT22						
CT82						
CT3						
CT40					0,52	0,86
CT1	0,54	0,97				
CT6			0,17	0,99		
CT27						
CT2	0,21	0,99				
NUE269						
NUE545			0,63	8,0E-01		
NUE544	0,6	8,3E-01				

[00258] Tabela 12. Expressão digital dos genes indicados em mudas, caule e folha. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

[00259] Plantas crescendo sob condições baixas de nitrogênio ou condições de aridez severa sofrem de senescência foliar severa. NUE525, NUE535, NUE565, NUE578, NUE515 e NUE591 foram selecionados como genes fortemente induzidos em folhas e sob deficiências de nutrientes em condições de estresse hídrico (como mostras as Tabelas 13 e 14 abaixo). Além disso, NUE578 demonstra uma forte indução em plantas afetadas pelo estresse calórico.

Tabela 13

Expressão digital de NUE525, NUE535, NUE565, NUE578, NUE515 e NUE591 em diferentes tecidos

Genes	Anatomy							
	Folha		Raiz		Flor		Caule	
	dobra	valor-p	fold	valor-p	fold	valor-p	fold	valor-p
NUE525	2,54	4,4E-06	0,93	6,6E-01	0,28	1,0E+00		
NUE535	8,10	1,4E-11						
NUE565	4,78	3,3E-03						
NUE578	2,41	9,1E-04			0,20	1,0E+00		
NUE515	3,67	2,2E-02	1,36	4,4E-01	1,00	3,7E-01		
NUE591	3,41	1,3E-02	1,40	3,6E-01	1,59	2,9E-01		

[00260] Tabela 13. Expressão digital dos genes indicados em folha, raiz, flor e calo. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Nota-se expressão de pregas na folha. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

Tabela 14

Expressão digital de NUE525, NUE535, NUE565, NUE578, NUE515 e NUE591 em diferentes condições

Genes	Tratamento							
	Deficiência de Nutrientes		Seca		Salinidade		Calor	
	dobra	valor-p	fold	valor-p	fold	valor-p	fold	valor-p
NUE525	3,19	1,2E-02	0,54	9,4E-01	1,29	4,6E-01		
NUE535			4,06	6,7E-03				
NUE565			3,00	2,3E-02				
NUE578			4,25	2,7E-05	1,00	4,0E-01	8,05	3,8E-08
NUE515			3,00	2,6E-02				
NUE591			7,00	2,7E-05				

[00261] Tabela 14. Expressão digital dos genes indicados sob deficiência nutricional, aridez, salinidade e calor. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Nota-se expressão de pregas sob deficiência nutricional e aridez. Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

[00262] NUE520, NUE521, NUE560, NUE563 e NUE573 foram selecionados como genes que podem aprimorar o vigor de mudas sob condições de estresse de nitrogênio. NUE520, NUE521, NUE560 foram selecionados como genes que são fortemente expressados em plantas inteiras e são fortemente duzidos sob estresse hídrico. NUE563 foi selecionado como um gene que é fortemente induzido em folhas de mudas e é induzido sob estresse salino. NUE573 é induzido em raízes de mudas e sob estresse salino.

Tabela 15

Expressão digital de NUE520, NUE521, NUE560, NUE563 e NUE573 em

diferentes tecidos

Genes	Anatomia							
	Folha		raiz		Flor		Mudas	
	dobra	valor-p	dobra	valor-p	dobra	valor-p	dobra	valor-p
NUE520	1,80	8,0E-02	0,88	6,9E-01	1,34	1,4E-02	1,87	9,1E-05
NUE521			1,43	2,7E-01	1,06	4,4E-01	1,78	2,1E-02
NUE560	2,68	6,2E-02	0,66	8,2E-01	0,57	9,8E-01	3,67	1,2E-09
NUE563	5,07	6,7E-05	0,28	9,8E-01	0,14	1,0E+00	5,30	4,7E-24
NUE573	0,17	1,0E+00	8,59	3,2E-47			2,00	3,0E-03

[00263] Tabela 15. Expressão digital dos genes indicados em folha, raiz, flor e muda. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Nota-se expressão de pregas em folha (NUE563), raiz (NUE573) e muda (NUE520, NUE521, NUE560, NUE563 and NUE573). Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

Tabela 16

Expressão digital de NUE520, NUE521, NUE560, NUE563 e NUE573 em diferentes condições.

Genes	Tratamento							
	Deficiencia de Nutrientes		Seca		Calor		Salinidade	
	dobra	valor-p	dobra	valor-p	dobra	valor-p	dobra	valor-p
NUE520			3,96	1,1E-03	8,00	5,5E-06	2,60	6,9E-02
NUE521			6,00	1,3E-04			1,00	4,5E-01
NUE560			5,00	5,9E-04				
NUE563							3,00	2,4E-02
NUE573			1,73	1,3E-01			2,00	5,4E-02

[00264] Tabela 16. Expressão digital dos genes indicados sob deficiência nutricional, aridez e salinidade. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Nota-se expressão de pregas em aridez (NUE520, NUE521, NUE560) e salinidade (NUE563 e NUE573). Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

[00265] Mudanças e culturas de células são tecidos de crescimento rápido. Além disso, raízes de mudas emergentes alongam-se muito rápido para alcançar a água disponível e o nitrogênio em solos mais profundos. NUE520,

NUE211, NUE564 e NUE567 foram selecionados devido a sua forte expressão em raízes de mudas e/ou mudas inteiras, enquanto NUE519 foi selecionado por sua alta expressão em raízes de mudas e culturas de células (ver Tabela 17).

Tabela 17

Expressão digital de NUE520, NUE211, NUE564, NUE567, e NUE519 em diferentes tecidos.

			NUE211	NUE564	NUE567	NUE519
Anatomia	Folha	dobra	1,76	3,39		
		valor-p	2,0E-01	2,5E-03		
		dobra	0,24			8,00
		valor-p	9,9E-01			8,4E-12
	Raiz	dobra	1,91	3,50	6,11	3,21
		valor-p	4,6E-02	1,1E-03	6,9E-06	5,1E-05
	Mudas	dobra	2,01	3,687807		
		valor-p	1,2E-03	5,9E-03		
	Shoot	dobra	1,29	0,21		
		valor-p	2,0E-01	1,0E+00		

[00266] Tabela 17. Expressão digital dos genes indicados em folha, suspensão celular, raiz, muda e broto. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Nota-se expressão de pregas em raiz (NUE211, NUE564, NUE567 e NUE519) e mudas (NUE211 e NUE564). Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

[00267] NUE528, NUE571, NUE531 e NUE590 são induzidos a estresse por resfriamento. O estresse por resfriamento reduz a fotossíntese da planta e produz efeitos similares aos observados em plantas crescendo sob deficiência de nitrogênio (ver Tabela 18).

Tabela 18

Expressão digital de NUE528, NUE571, NUE531 e NUE590 em diferentes condições.

Genes	Tratamento									
	Deficiências de Nutriente		Frio		Quente		Salinidade		Seca	
	dobra	valor-p	dobra	valor-p	dobra	valor-p	dobra	valor-p	dobra	valor-p
NUE528	2,47	0,08	3,00	5,2E-04						
NUE571			7,24	5,8E-09						

Genes	Tratamento									
	Deficiências de Nutriente		Frio		Quente		Salinidade		Seca	
	dobra	valor-p	dobra	valor-p	dobra	valor-p	dobra	valor-p	dobra	valor-p
NUE531			6,00	4,5E-04						
NUE590			1,00	3,9E-04			1	2,9E-01	1	2,9E-01

[00268] Tabela 18. Expressão digital dos genes indicados sob deficiências nutricionais, resfriamento, aquecimento, salinidade e aridez. São fornecidos o aumento de pregas e os valores p calculados. Os resultados foram considerados estatisticamente significativos se o valor p tiver sido inferior a 0,05. Nota-se expressão de pregas sob deficiências nutricionais (NUE528) e resfriamento (NUE528, 571, 531 e 590). Células em branco indicam que o gene não está expresso ou que não há dados disponíveis.

[00269] NUE206 foi selecionado com base em sua análise de expressão digital. Ela demonstrou que NUE206 é altamente expressada em raízes (2,4 pregas $p < 0,05$) e há indicações de ser incluída pelo resfriamento (2,2 pregas $p < 0,08$). NUE208 e NUE210 são genes do tomate que são expressos em frutas e durante o amadurecimento de frutas, respectivamente. Estes estágios são considerados importantes para a manutenção de intenso turgor celular. NUE209 é uma proteína homeodomínio HB2 putativa fortemente expressada em botões de flores. Foi selecionado como um gene que pertence a um grupo ortólogo de genes que são altamente induzidos pelos hormônios de desenvolvimento das plantas como as auxinas (5 pregas $p < 0,002$), e em tecidos que mantêm intenso turgor celular como a polpa das frutas (3 pregas $p < 0,00098$) e calo (2 pregas $p < 0,0003$). NUE246 foi selecionado devido a sua forte expressão no pericarpo dos frutos (3,7 pregas $p < 0,01$) e por ser fortemente induzido sob aridez (4 pregas, $p < 0,0013$). NUE516 é uma Pto kinase interactor putativa selecionada para sua indução sob condições de aridez (3,2 pregas, $p < 0,03$) e primeiramente para o estágio de inundação (2,0 pregas $p < 0,02$). NUE527 foi escolhido devido a sua expressão em diferentes deficiências nutricionais (3,7 pregas $p < 0,002$) sendo expressa principalmente sob deficiência de fosfato (4 pregas, $p < 0,006$). NUE547, a qual é uma nucleasse dependente de Ca^{2+} - Putativo, foi

selecionada como um gene induzido em flores durante a fase de pré-antese (2,0 pregas $p < 0,04$). NUE551 é uma proteína não caracterizada que foi classificada e escolhida como um gene que é induzido em flores (2,6 pregas $p < 0,007$) e é envolvido no metabolismo do carbono das plantas (G0:0005975 metabolismo de carboidratos). NUE554 foi caracterizada como uma proteína de ligação TBT que é induzida em brotos (1,8 pregas $p < 8e-09$) durante a bolha e/ou extração na fase de enchimento dos grãos (3,4 pregas $p < 1e-08$). NUE583 é uma proteína não caracterizada fortemente expressada em flores (2,5 pregas $p < 0,006$) e induzida de forma significativa por citocininas (4,0 pregas $p < 2e-05$). NUE584 é uma proteína fortemente induzida em brotos e raízes (6,0 pregas $p < 8e-07$) e super-representada sob condições de deficiência de nutrientes (6,0 pregas $p < 1e-08$) e aridez (3,0 pregas $p < 0,03$). NUE592 é uma proteína induzida por deficiência de fosfato (2,0 pregas $p < 0,05$) e por estresse por hormônios relacionados (6,1 pregas $p < 2E-05$).

[00270] Outros genes NUE e MAB foram selecionados com base em suas expressões em diferentes experimentos de Microarrays. Os experimentos selecionados do Gene Expression Omnibus (Protocolo de Transferência de Hipertexto://World Wide Web (dot) ncbi (dot) nlm (dot) nih (dot) gov/geo/) foram estresse abiótico (aridez, salinidade) GSE6901, deficiência de nitrogênio GSE4409, resfriamento GSE3326, rice atlas GSE6893, e auxin GSE3350. Foram escolhidos de TAIR (Protocolo de Transferência de Hipertexto: //World Wide Web (dot) arabidopsis (dot) org/servlets/Search?type=expr&search_action=new_search) os experimentos em salinidade 1007966888, osmoticum 1007966835, resfriamento 1007966553 e aplicação ABA 1007964750, e de Nascarrays (Protocolo de Transferência de Hipertexto://affymetrix (dot) arabidopsis (dot) info/narrays/experimentbrowse (dot) pi) foi escolhido um experimento em deficiência de nitrogênio NASCARRAYS-136. Além destes, dados microarray sobre Propriedades da fibra de algodão foram utilizados para

detector a expressão dos genes em fibras de algodão ou raízes especificamente (PCT Publication No: WO 2008/075364).

[00271] Baseando-se na análise dos experimentos microarray descritos assim, NUE222 foi selecionada devido a sua forte expressão sob deficiência de nitrogênio, salinidade e por sua forte indução por ABA(ver Tabela 19, logo abaixo). NUE267 e NUE206 foram selecionados como os genes que são fortemente induzidos pela salinidade, resfriamento e ABA. NUE212 é um gene do algodão expressado especificamente em raízes. MAB52 foi selecionado devido a sua indução pela aridez. MAB53 foi selecionado devido a sua indução por deficiência de nitrogênio e seu ortólogo funcional de MAB 106. NUE566 e NUE568 foram selecionados devido a sua alta expressão em folhas, quando comparadas com expressões em raízes. NUE570 foi selecionado devido a sua super-representação na literatura sobre folhas da EST (5 pregas $p < 0,001$) e sua indução por salinidade em experimentos microarray. NUE540 é expressado em raízes e é relacionado a diferenciação das células das raízes capilares (G0:0048765). NUE539, NUE543, NUE576 e NUE577 foram selecionados por serem fortemente induzidos sob deficiência de nitrogênio. NUE577 também foi selecionado por estar incluído em salinidade e estresse por resfriamento. NUE569 foi selecionado por estar induzido a condições de salinidade e osmoticum. NUE586 foi selecionado por estar induzido quando tratado com o hormônio de crescimento auxina. NUE253 foi selecionada como um gene fortemente expressado sob deficiência de nitrogênio e salinidade e NUE593 foi selecionado como um gene fortemente expressado sob condições de salinidade.

Tabela 19

Análise de expressão por Microarray de NUE222, NUE267, NUE206, NUE212, MAB52, MAB53, NUE539, NUE543, NUE576, NUE566, NUE568, NUE569, NUE570, NUE572, NUE581, NUE540, NUE586, NUE577, NUE253 e NUE593

Genes	Dobra salinidade	Dobra Seco	Dobra Osmoticum	Dobra Deficiência de Nitrogênio	Dobra Frio	Dobra ABA	Dobra Roots	Dobra Shoot	Dobra Auxin
NUE222	5,0			2,0		3,0			
NUE267	3,0				4,4	3,5			
NUE206	4,0				10,0	6,0			
NUE212							12,0		
MAB52		1,6							
MAB53				1,9					
NUE539				4,4					
NUE543				2,1					
NUE576				3,3					
NUE566								2,3	
NUE568								22,0	
NUE569	1,5		1,6						
NUE570	6,2								
NUE572	1,2				2,1				
NUE581	20,9					7,0			
NUE540							2,0		
NUE586									3,1
NUE577	2,1			1,9	4,4				
NUE253	1,8			1,6					
NUE593	2,0								

[00272] Tabela 19: Análise de expressão por Microarray de genes indicados sob condições de salinidade, aridez, osmoticum, deficiência de nitrogênio, resfriamento, ABA(ácido abscísico) e raízes, brotos e auxina. Células em branco indicam que o gene não está expresso.

[00273] NUE49, NUE50 e NUE102 são variants de genes previamente descritos que foram selecionados originalmente para produtividade e melhora no NUE (PCT Publication No. W02007/049275).

[00274] No geral, 137 genes foram identificados como tendo um maior impacto na eficiência do uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, produtividade (ex: produção de sementes, produção de óleo, quantidade e/ou qualidade de grãos), taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor do óleo, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso da água quando sua expressão é, então, aumentada em plantas. Os genes identificados, suas sequências expostas de polinucleotídeo e polipeptídeo, bem como suas sequências atualizadas de acordo com o banco de dados BenBank estão sumarizadas na Tabela 20, logo abaixo.

Tabela 20

Genes que afetam a eficiência do uso do nitrogênio, eficiência do uso de

fertilizantes, produtividade, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso da água.

Nome do Gene	Nome do Grupo	Organismo	Polyn, SEQIDNO:	Polyp, SEQIDNO:
CT1	algodão gb 64 AI725990	algodão	1	138
CT11	algodão gb 64 AI725968	algodão	2	139
CT2	algodão gb 64 AI727334	algodão	3	140
CT20	algodão gb 64 AI726497	algodão	4	141
CT22	algodão gb 64 BG440027	algodão	5	142
CT27	algodão gb 64 AF336280	algodão	6	143
CT3	algodão gb 64 AI725456	algodão	7	144
CT40	algodão gb 64 BE052317	algodão	8	145
CT6	algodão gb 64 AI726479	algodão	9	146
CT7	algodão gb 64 AI727027	algodão	10	147
CT71	algodão gb 64 AI725508	algodão	11	148
CT74	algodão gb 64 AI725950	algodão	12	149
CT75	algodão gb 64 AI726599	algodão	13	150
CT76	algodão gb 64 AI726155	algodão	14	151
CT81	algodão gb 64 AI726693	algodão	15	152
CT82	algodão gb 64 BQ402794	algodão	16	153
MAB106	cevada gb 57,2 AL450627	cevada	17	154
MAB52	arroz gb 57,2 AU070543	arroz	18	155
MAB53	arroz gb 57,2 BI805919	arroz	19	156
NUE102	milho gb 70 AI974922	milho	20	157
NUE206	arabidopsis gb 65 AT4G24960	arabidopsis	21	158
NUE208	tomate gb 64 BG124666	tomate	22	159
NUE209	tomate gb 64 BG134403	tomate	23	160
NUE210	tomate gb 57 TOMTRALTAB	tomate	24	161
NUE211	arroz gb 57,2 AU174544	arroz	25	162
NUE212	algodão gb 64 CO081293	algodão	26	163
NUE221	arroz gb 57,2 BI305241	arroz	27	164
NUE222	arabidopsis gb 65 ATIG31820	arabidopsis	28	165
NUE223	arroz gb 57,2 AW069985	arroz	29	166
NUE224	arroz gb 57,2 AW155063	arroz	30	167
NUE225	arroz gb 57,2 BE039221	arroz	31	168
NUE227	arroz gb 57,2 AU056888	arroz	32	169
NUE228	arroz gb 57,2 AA753730	arroz	33	170
NUE229	milho gb 64 AW455682	milho	34	171
NUE230	arroz gb 57,2 AA749861	arroz	35	172
NUE231	arroz gb 57,2 AK108994	arroz	36	173
NUE233	arroz gb 57,2 CB640732	arroz	37	174
NUE234	alamo gb 57,2 BU868634	alamo	38	175
NUE235	soja gb 62 CA852963	soja	39	176
NUE237	arroz gb 57,2 BI811377	arroz	40	177
NUE239	alamo gb 57,2 BU880014	alamo	41	178
NUE240	alamo gb 57,2 AJ407707	alamo	42	179
NUE241	tomate gb 64 BG129806	tomate	43	180
NUE242	tomate gb 64 BG791300	tomate	44	181
NUE244	soja gb 62 CF808561	soja	45	182
NUE245	arroz gb 57,2 AT003383	arroz	46	183
NUE246	uva gb 60 CF207859	uva	47	184
NUE248	milho gb 57 BG354535	milho	48	185
NUE249	arroz gb 57,2 AU029933	arroz	49	186
NUE250	arroz gb 57,2 AK102239	arroz	50	187
NUE251	sorgo gb 161,xenol AI947781	sorgo	51	188
NUE252	arabidopsis gb 65 ATIG58030	arabidopsis	52	189

Nome do Gene	Nome do Grupo	Organismo	Polyn, SEQIDNO:	Polyp, SEQIDNO:
NUE253	arrozlgb157,2lAF145730	arroz	53	190
NUE254	milholgb164lAI600563	milho	54	191
NUE255	arrozlgb157,2lCB000630	arroz	55	192
NUE256	trigolgb154lTG BE216912	trigo	56	193
NUE265	arrozlgb157,2lBE039218	arroz	57	194
NUE267	arabidopsislgb165lAT5G60680	arabidopsis	58	195
NUE268	arrozlgb157,2lAA750934	arroz	59	196
NUE269	algodãolgb164lAI730085	algodão	60	197
NUE49	milholgb154lAW037179	milho	61	198
NUE50	milholgb164lAW287760	milho	62	199
NUE511	milholgb157lAW360667	milho	63	200
NUE512	arabidopsislgb157,2lAT5G23460	arabidopsis	64	201
NUE513	arabidopsislgb157,2lAT3G26100	arabidopsis	65	202
NUE514	sojalgb162lSOYHPR	soja	66	203
NUE515	arabidopsislgb165lATIG44920	arabidopsis	67	204
NUE515	arabidopsislgb157,2lATIG44920 Pl	arabidopsis	67	266
NUE516	arabidopsislgb157,2lATIG48210	arabidopsis	68	205
NUE519	trigolgb164lBE445396	trigo	69	206
NUE520	arrozlgb157,2lBI305493	arroz	70	207
NUE521	arrozlgb157,2lAU077950	arroz	71	208
NUE523	sorgolgb 161 ,xenol AI901439	sorgo	72	209
NUE525	sorgolgb 161 ,xenol AW052978	sorgo	73	210
NUE527	sorgolgb 161 ,xenol AW055409	sorgo	74	211
NUE528	sorgolgb 161 ,xenol AI372194	sorgo	75	212
NUE531	arrozlgb157,2lBI805136	arroz	76	213
NUE532	milholgb164lAW054475	milho	77	214
NUE533	sojalgb166lAW350050	soja	78	215
NUE535	sorgolgb 161 ,crplBE599042	sorgo	79	216
NUE536	milholgb164lBQ279657	milho	80	217
NUE537	cevadalgb157,2lAJ234408	cevada	81	218
NUE538	sorgolgb 161 ,xenol AW923 729	sorgo	82	219
NUE539	arrozlgb157,2lAW155216	arroz	83	220
NUE540	arabidopsislgb157,2lATIG13980	arabidopsis	84	221
NUE542	arabidopsislgb157,2lAT3G46280	arabidopsis	85	222
NUE543	arrozlgb157,2lAK063415	arroz	86	223
NUE544	algodãolgb164lBQ412384	algodão	87	224
NUE545	algodãolgb164lAI055737	algodão	88	225
NUE547	sorgolgb161,xenolBI139559	sorgo	89	226
NUE548	sorgolgb 161 ,xenolBQ279657	sorgo	90	227
NUE549	sorgolgb161,xenolAF019147	sorgo	91	228
NUE550	canolalgb161IEE559843	cañóla	92	229
NUE551	cevadalgb157,3lBE420701	cevada	93	230
NUE553	cevadalgb157,3lBE421829	cevada	94	231
NUE554	sorgolgb 161,xenol AA011880	sorgo	95	232
NUE560	arrozlgb157,2lBE229552	arroz	96	233
NUE562	arrozlgb157,2lBE039784	arroz	97	234
NUE563	arrozlgb157,2lAU057884	arroz	98	235
NUE564	milholgb164lAI619269	milho	99	236
NUE565	arabidopsislgb157,2lAT5G15080	arabidopsis	100	237
NUE566	arabidopsislgb165lAT2G43700	arabidopsis	101	238
NUE567	arabidopsislgb165lATIG60680	arabidopsis	102	239
NUE568	arabidopsislgb165lATIG78450	arabidopsis	103	240
NUE569	arabidopsislgb165lAT2G03890	arabidopsis	104	241
NUE570	arabidopsislgb165lATIG43910	arabidopsis	105	242
NUE571	arabidopsislgb157,2lATIG47530	arabidopsis	106	243
NUE572	arabidopsislgb157,2lAT2G24240	arabidopsis	107	244

Nome do Gene	Nome do Grupo	Organismo	Polyn, SEQIDNO:	Polyp, SEQIDNO:
NUE573	arabidopsis gbl65 AT4G15390	arabidopsis	108	245
NUE574	arroz gbl57,2 IBI807603	arroz	109	246
NUE575	arroz gbl57,2 AU068829	arroz	110	247
NUE576	arroz gbl57,2 AA752451	arroz	111	248
NUE577	arabidopsis gbl65 ATIG67800	arabidopsis	112	249
NUE578	trigo gbl64 BE401454	trigo	113	250
NUE579	arabidopsis gbl65 ATIG70850	arabidopsis	114	251
NUE580	arabidopsis gbl65 AT2G35880	arabidopsis	115	252
NUE581	arabidopsis gbl65 ATIG12845	arabidopsis	116	253
NUE582	sorgo gbl61,xenol T18303	sorgo	117	254
NUE583	arroz gbl57,2 AU172665	arroz	118	255
NUE584	sorgo gbl61,crpl AW923545	sorgo	119	256
NUE585	arabidopsis gbl65 ATIG71900	arabidopsis	120	257
NUE586	arabidopsis gbl65 ATIG72320	arabidopsis	121	258
NUE587	sorgo gbl61,xenol AW672541	sorgo	122	259
NUE588	arroz gbl57,2 AA750816	arroz	123	260
NUE590	sorgo gbl 61 ,xenol AI622209	sorgo	124	261
NUE591	sorgo gbl61,xenol BE123399	sorgo	125	262
NUE592	sorgo gbl 61 ,xenol AI901557	sorgo	126	263
NUE593	arabidopsis gbl65 AT2G04066	arabidopsis	127	264
CT82	algodão gbl64 BQ402794 TI	algodão	128	153
NUE102	milho gbl64 AI974922 TI	milho	129	265
NUE211	arroz gbl57,2 AU174544 TI	arroz	130	162
NUE212	algodão gbl64 CO081293 TI	algodão	131	163
NUE269	algodão gbl64 AI730085 TI	algodão	132	197
NUE519	trigo gbl64 BE445396 TI	trigo	133	206
NUE535	sorgo gbl61,xenol BE599042 TI	sorgo	134	267
NUE537	cevada gbl57,2 AJ234408 TI	cevada	135	218
NUE544	algodão gbl64 BQ412384 TI	algodão	136	268
NUE584	sorgo gbl61,xenol AW923465 TI	sorgo	137	269

[00275] Tabela 20. São fornecidos polinucleotídeo (polyn.) e polipeptídeo (polyp.) que afetam a eficiência do uso de nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, produtividade, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor do óleo, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso da água de uma planta.

EXEMPLO 2

IDENTIFICAÇÃO DE HOMÓLOGOS QUE AFETAM NUE, FUE, PRODUTIVIDADE, TAXA DE CRESCIMENTO, VIGOR, BIOMASSA, TEOR DE ÓLEO, ABST E WUE.

[00276] Os conceitos de ortologia e paralogia foram aplicados a caracterizações e classificações funcionais na escala de comparações de todo o genoma. Ortólogos e parálogos constituem dois tipos principais de homólogos: O primeiro evoluiu de um ancestral comum por meio de

especialização, sendo o último está relacionado a eventos de duplicação. Supõe-se que parálogos decorrentes de antigos eventos de duplicação são susceptíveis de ter divergências na função, enquanto ortólogos verdadeiros são mais propensos a reter a função idêntica ao longo do tempo evolutivo.

[00277] Para investigar profundamente o ortólogo putativo do gene e identifica-lo genes que afetam a eficiência do uso do nitrogênio, eficiência no uso de fertilizantes, produtividade (ex: produção de sementes, produção de óleo, quantidade e/ou qualidade de grãos), taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor do óleo, tolerância ao estresse abiótico e/ou eficiência no uso da água (presentes acima, na Tabela 20) todas as sequencias foram alinhadas utilizando-se o the BLAST (/Basic Local Alignment Search Tool/). Sequências suficientemente semelhantes foram tentativamente agrupadas. Estes ortólogos putativos foram posteriormente organizados em um Filograma, um diagrama de ramificações (árvore) que representaria as relações evolutivas entre os táxons biológicos. Grupos de ortólogos putativos foram analisados de acordo com o filograma e em casos de desentendimentos, estes ortólogos foram adequadamente fracionados. Dados de expressão foram analisados e a literatura de EST foram classificadas usando um vocabulário fixo de termos personalizados, de acordo com seu estágio de desenvolvimento (ex: genes demonstrando perfil de expressão similar através do desenvolvimento com aumento da regulação em fase específica, como na fase de enchimento de grãos) e/ou órgãos da planta (ex: genes demonstrando perfil de expressão similar através de seus órgãos com aumento da regulação em órgãos específicos com a raiz). As anotações feitas de EST foram agrupadas a um gene o qual foi analisado estatisticamente, comparando sua frequência no conjunto versus sua abundância no banco de dados, possibilitando a construção de um perfil de expressão numérico e gráfico do gene, que é chamado de “expressão digital”. A razão de se utilizar estes dois tipos de métodos complementares, com métodos de estudos de associação fenotípica

de QTLs, e correlação de expressão fenotípica está baseada na suposição de que ortólogos verdadeiros devem manter a função idêntica durante o tempo evolucionário. Esses métodos fornecem diferentes conjuntos de indicações sobre as semelhanças de função entre dois genes homólogos, semelhanças no nível de sequência - aminoácidos idênticos nos domínios da proteína e similaridade nos perfis de expressão.

[00278] A pesquisa e identificação de genes homólogos envolve a análise da sequência de informações envolvidas, por exemplo, em banco de dados públicos que incluem, mas não são limitados ao Banco de Dados de DNA do Japão (DDBJ), Genbank, e o banco de dados sobre a sequência do ácido nucleico do Laboratório Europeu de Biologia Molecular (EMBL) ou versões do mesmo ou o banco de dados do MIPS. Um número de diferentes algoritmos de pesquisa está sendo desenvolvido, incluindo, mas não limitados ao suíte de programas relacionados aos programas BLAST.

[00279] Existem cinco implementações do BLAST, três desenvolvidas para questões de sequência de nucleotídeos (BLASTN, BLASTX, e TBLASTX) e duas desenvolvidas para questões sobre a sequência de proteínas (BLASTP e TBLASTN) (Coulson, Trends in Biotechnology: 76-80, 1994; Birren et al., Genome Analysis, I: 543, 1997). Tais métodos envolvem o alinhamento e a comparação das sequências. O algoritmo BLAST calcula a porcentagem de identidade da sequência e realiza uma análise estatística de semelhança entre as duas sequências. O programa para realização da análise BLAST está disponível para o público através do Centro Nacional de Informação em Biotecnologia. Outros programas ou algoritmos são GAP, BESTFIT, FASTA e TFASTA. GAP que utilizam os algoritmos de Needleman e Wunsch (J. Mol. Biol. 48: 443-453, 1970) para determinar o alinhamento de duas sequências completas que maximize o número de equivalentes e minimize o número de lacunas. Os genes homólogos podem pertencer à família de um mesmo gene. A análise de uma família de genes

pode ser realizada através de análise de similaridade de sequência. Para executar esta análise pode-se usar os programas padrão para alinhamentos múltiplos, por exemplo Clustal W. Uma árvore de junção de proteínas homólogas semelhantes aos genes de algumas modalidades da invenção pode ser usada para fornecer uma visão geral das relações estruturais e ancestrais. A sequência de identidade pode ser calculada utilizando um programa de alinhamento como descrito acima. Espera-se que outras plantas irão carregar um gene funcional semelhante (ortólogo) ou uma família de genes similares e os genes fornecerão o mesmo fenótipo preferencial como os genes aqui apresentados.

[00280] Vantajosamente, estes membros da família podem ser úteis nos métodos de algumas modalidades da invenção. Exemplos de outras plantas incluem, mas não se limitam a, cevada (*Hordeum vulgare*), *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), milho (*Zea mays*), algodão (*Gossypium*), óleo de colza (*Brassica napus*), arroz (*Oryza sativa*), cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum*), sorgo (*Sorgo bicolor*), soja (*Glycine max*), girassol (*Helianthus annuus*), tomate (*Lycopersicon esculentum*) e trigo (*Triticum aestivum*).

[00281] As análises acima mencionadas para sequencia de homólogos é realizada preferencialmente em uma sequência inteira, mas também pode ser baseada em uma comparação de determinadas regiões, tais como domínios conservados. A identificação de tais domínios seria boa também dentro do domínio de pessoas hábeis neste tipo de área e que envolveria, por exemplo, um formato legível em computador dos ácidos nucléicos de algumas modalidades da invenção, o uso de programas de alinhamento e a utilização disponíveis a acesso público sobre os domínios da proteína, motivo conservado e caixas. Esta informação está disponível nos bancos de dados PRODOM (Protocolo de Transferência de Hipertexto:// World Wide Web (dot) biochem (dot) ucl (dot) ac (dot) uk/bsm/dbbrowser/protocol/prodomqry (dot) html), PIR (Protocolo de Transferência de Hipertexto:// pir (dot)

Georgetown (dot) edu/) ou Pfam (Protocolo de Transferência de Hipertexto://World Wide Web (dot) Sanger (dot) ac (dot) uk/Software/Pfam/) database. Programas de análise de sequência projetados para pesquisar o motivo podem ser usados para identificação de fragmentos, regiões e domínios conservados como mencionado acima. Programas de computador apresentados incluem, mas não limitado a, MEME, SIGNALSCAN e GENESCAN.

[00282] Uma pessoa hábil na área pode utilizar as sequências de homólogos aqui fornecidas para encontrar sequências similares em outras espécies e outros organismos. Homólogos de uma proteína englobam peptídeos, oligopeptídeos, polipeptídeos, proteínas e enzimas com substituições de aminoácidos, exclusões e / ou inserções em relação à proteína inalterada em questão, possuindo atividade biológica e funcional semelhantes à proteína não modificada a partir das quais são derivadas. Para produzir tais homólogos, aminoácidos da proteína podem ser substituídos por outro aminoácido com propriedades semelhantes (mudanças moderadas, como a hidrofobicidade semelhante, hidrofiliabilidade, antigenicidade propensão para formar ou quebrar estruturas α -helicoidais ou estruturas de 3 sheets). Tabelas de substituição moderada são bem conhecidas na área [ver, por exemplo, Proteínas Creighton (1984). W.H. Freeman and Company], Homólogos de um ácido nucleico abrangem ácidos nucléicos com substituições de nucleotídeos, exclusões e/ou inserções em relação ao ácido nucleico não modificado em questão e com atividade biológicas e funcionais semelhantes, como o ácido nucléico não modificado a partir dos quais são derivados.

[00283] A Tabela 21, logo abaixo, lista um índice de sequências ortólogas e homólogas das sequências de polinucleotídeos (SEQ ID NOs: 1-137) e as sequências de polipeptídeos (SEQ ID NOs: 138-269) apresentados na Tabela 20, que foram identificados utilizando BLAST (programas TBLASTN e BlastP) obtendo pelo menos 80% de identidade aos

polipeptídeos selecionados e que devem possuir o mesmo papel em NUE, ABST, FUE, QUE, incremento da biomassa, incremento na taxa de crescimento, produtividade, vigor e/ou teor de óleo de plantas

Tabela 21

Homólogos dos polinucleotídeos e polipeptídeos identificados que afetam a eficiência de uso de nitrogênio, eficiência de uso de fertilizantes, produtividade, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, tolerância a estresse abiótico e/ou eficiência do uso da água de uma planta.

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
270	cacaulgb167 CU4848 98	cacau	1334	138	algodãolgb164 AI725990	88,2	blastp
271	algodãolgb164 AI7267 05	algodão	1335	138	algodãolgb164 AI725990	86,9	blastp
272	amêndolgb157,2 AY9 47462	amêndoa	1336	139	algodãolgb164 AI725968	85,7	blastp
273	maçãlgb157,3 C0415932	maçã	1337	139	algodãolgb164 AI725968	83,5	blastp
274	feijãolgb167 CA9024 63	feijão	1338	139	algodãolgb164 AI725968	87,9	blastp
275	cacaulgb167 CU5192 00	cacau	1339	139	algodãolgb164 AI725968	95,5	blastp
276	citricolgb166 CK9360 45	citrico	1340	139	algodãolgb164 AI725968	92,4	blastp
277	algodãolgb164 AI7285 19	algodão	1341	139	algodãolgb164 AI725968	90,7	blastp
278	uvalgb160 AF373604	uva	1342	139	algodãolgb164 AI725968	86,2	blastp
279	lótuslgb157,2 AY770 405	lótus	1343	139	algodãolgb164 AI725968	85,7	blastp
280	medicagolgb157,2 BI 311053	medicago	1344	139	algodãolgb164 AI725968	87,4	blastp
281	mamãolgb165 GFXEU141966X1	mamão	1345	139	algodãolgb164 AI725968	90,1	blastp
282	álamolgb170 BU882889	álamo	1346	139	algodãolgb164 AI725968	87,6	blastp
283	álamolgb170 CV256507	álamo	1347	139	algodãolgb164 AI725968	83,9	blastp
284	prunuslgb167 AJ825116	prunus	1348	139	algodãolgb164 AI725968	85,2	blastp
285	sojalgb168 BE659913	soja	1349	139	algodãolgb164 AI725968	87,4	blastp
286	sojalgb168 BE659915	soja	1350	139	algodãolgb164 AI725968	85,2	blastp
287	Euphorbialgb161 DV143720	Euphorbia	1351	139	algodãolgb164 AI725968	84,75	tblast n
288	algodãolgb164 AI7264 82	algodão	1352	140	algodãolgb164 AI727334	98,1	blastp
289	cacaulgb167 CU4732 57	cacau	1353	141	algodãolgb164 AI726497	87,4	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
290	algodão gb 64 BF2723 26	algodão	1354	141	algodão gb 64 AI726497	83,3	blastp
291	algodão gb 64 AI7296 72	algodão	1355	144	algodão gb 64 AI725456	83,7	blastp
292	algodão gb 64 CB350 460	algodão	1356	145	algodão gb 64 BE052317	87,8	blastp
293	algodão gb 64 DV437 946	algodão	1357	145	algodão gb 64 BE052317	87,8	blastp
294	algodão gb 64 AI7264 35	algodão	1358	146	algodão gb 64 AI726479	95,1	blastp
295	caca gb 67 CF972823	cacau	1359	148	algodão gb 64 AI725508	81,4	blastp
296	algodão gb 64 AI7255 20	algodão	1360	148	algodão gb 64 AI725508	81,8	blastp
297	algodão gb 64 BE054 381	algodão	1361	148	algodão gb 64 AI725508	85,4	blastp
298	algodão gb 64 AI7266 10	algodão	1362	149	algodão gb 64 AI725950	86,8	blastp
299	algodão gb 64 AI7315 67	algodão	1363	149	algodão gb 64 AI725950	96,4	blastp
300	algodão gb 64 AI7266 27	algodão	1364	150	algodão gb 64 AI726599	96,4	blastp
301	brachypodium gb 169 BE425417	brachypodium	1365	154	cevada gb 57,2 AL450627	84,7	blastp
302	leymus gb 66 EG388 830	leymus	1366	154	cevada gb 57,2 AL450627	86,4	blastp
303	pseudoroegneria gb 1 67 FF340314	pseudoroegneria	1367	154	cevada gb 57,2 AL450627	89,4	blastp
304	trigo gb 64 BE429931	trigo	1368	154	cevada gb 57,2 AL450627	89,4	blastp
305	Panicum virgatum gb 67 ID N142225	Panicum virgatum	1369	156	arroz gb 57,2 BI805919	82,5	blastp
306	brachypodium gb 169 BE425715	brachypodium	1370	157	milho gb 70 AI974922	85,2	blastp
306	brachypodium gb 169 BE425715	brachypodium	1370	265	milho gb 64 AI974922	81	blastp
307	milho gb 70 BG320615	milho	1371	157	milho gb 70 AI974922	92,1	blastp
307	milho gb 70 BG320615	milho	1371	265	milho gb 64 AI974922	86	blastp
308	milho gb 70 CF023721	milho	1372	157	milho gb 70 AI974922	89,1	blastp
308	milho gb 70 CF023721	milho	1372	265	milho gb 64 AI974922	87,5	blastp
309	milho gb 70 CF059393	milho	1373	157	milho gb 70 AI974922	87,6	blastp
309	milho gb 70 CF059393	milho	1373	265	milho gb 64 AI974922	86	blastp
310	milho gb 70 SRR014551S0286097	milho	1374	265	milho gb 64 AI974922	88,1	blastp
310	milho gb 70 SRR014551S0286097	milho	1374	157	milho gb 70 AI974922	85,1	blastp
311	arroz gb 70 OSHG09 020	arroz	1375	265	milho gb 64 AI974922	83,56	tblast n
311	arroz gb 70 OSHG09 020	arroz	1375	157	milho gb 70 AI974922	80,1	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
312	arroz gb 70 OS12G08 090	arroz	1376	157	milho gb 70 AI974922	86	blastp
312	arroz gb 70 OS12G08 090	arroz	1376	265	milho gb 64 AI974922	81,3	blastp
313	arroz gb 70 OS12G08 130	arroz	1377	157	milho gb 70 AI974922	86,2	blastp
313	arroz gb 70 OS12G08 130	arroz	1377	265	milho gb 64 AI974922	81,5	blastp
314	sorgo gb 161 ,crp B E358811	sorgo	1378	157	milho gb 70 AI974922	95,6	blastp
314	sorgo gb 161 ,crp B E358811	sorgo	1378	265	milho gb 64 AI974922	89,8	blastp
315	sorgo gb 161 ,crp B G052599	sorgo	1379	157	milho gb 70 AI974922	89,1	blastp
315	sorgo gb 161 ,crp B G052599	sorgo	1379	265	milho gb 64 AI974922	87,5	blastp
316	sorgo gb 161 ,crp B G464355	sorgo	1380	157	milho gb 70 AI974922	91	blastp
316	sorgo gb 161 ,crp B G464355	sorgo	1380	265	milho gb 64 AI974922	85,6	blastp
317	sorgo gb 161 ,crp B G488442	sorgo	1381	157	milho gb 70 AI974922	89,1	blastp
317	sorgo gb 161 ,crp B G488442	sorgo	1381	265	milho gb 64 AI974922	87,7	blastp
318	sorgo gb 161, crp S BGWP027891	sorgo	1382	157	milho gb 70 AI974922	87,6	blastp
318	sorgo gb 161, crp S BGWP027891	sorgo	1382	265	milho gb 64 AI974922	86	blastp
319	trigo gb 64 BI479031	trigo	1383	265	milho gb 64 AI974922	81,74	tblast n
319	trigo gb 64 BI479031	trigo	1383	157	milho gb 70 AI974922	80,33	tblast n
320	b rapa gb 62 BG544047	b_rapa	1384	158	arabidopsis gb 62 5 AT4G24960	87,5	blastp
321	b rapa gb 62 EX087649	b_rapa	1385	158	arabidopsis gb 62 5 AT4G24960	82,2	blastp
322	canola gb 61 IDY02042	cañóla	1386	158	arabidopsis gb 62 5 AT4G24960	86,8	blastp
323	rabanete gb 64 EV538 867	rabanete	1387	158	arabidopsis gb 62 5 AT4G24960	84,4	blastp
324	rabanete gb 64 EV544 902	rabanete	1388	158	arabidopsis gb 62 5 AT4G24960	85,1	blastp
325	rabanete gb 64 EX746 928	rabanete	1389	158	arabidopsis gb 62 5 AT4G24960	84,4	blastp
326	rabanete gb 64 EX748 244	rabanete	1390	158	arabidopsis gb 62 5 AT4G24960	83,9	blastp
327	thellungiella gb 67 B Y812778	thellungiella	1391	158	arabidopsis gb 62 5 AT4G24960	84,3	blastp
328	maçã gb 157,3 CN876940	maçã	1392	159	tomate gb 64 B G124666	81,7	blastp
329	maçã gb 157,3 CN94710	maçã	1393	159	tomate gb 64 B G124666	81,7	blastp
330	apricot gb 157,2 CB819340	apricot	1394	159	tomate gb 64 B G124666	82,3	blastp
331	b oleracea gb 61 A M057864	b_oleracea	1395	159	tomate gb 64 B G124666	80,6	blastp
332	b rapa gb 62 EE527690	b_rapa	1396	159	tomate gb 64 B G124666	80,6	blastp
333	cacau gb 67 ICU4938 76	cacau	1397	159	tomate gb 64 B G124666	80,3	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
334	canolagbl61 CD830518	cañóla	1398	159	tomatagbl64 BG124666	80	blastp
335	canolagbl61 CX279110	cañóla	1399	159	tomatagbl64 BG124666	80,6	blastp
336	mandiocalgbl64 DV45 4217	mandioca	1400	159	tomatagbl64 BG124666	82,3	blastp
337	catharanthusgbl66 E G557732	catharanthus	1401	159	tomatagbl64 BG124666	81,1	blastp
338	citricolgbl66 CB2902 40	citrico	1402	159	tomatagbl64 BG124666	83,4	blastp
339	coffealgb157,2 DV69 4449	coffea	1403	159	tomatagbl64 BG124666	83,4	blastp
340	algodãolgb164 AI7271 00	algodão	1404	159	tomatagbl64 BG124666	83,7	blastp
341	cynaralgb167 GE589728	cynara	1405	159	tomatagbl64 BG124666	80	blastp
342	ipomoea gbl157,2 EE875432	ipomoea	1406	159	tomatagbl64 BG124666	81,7	blastp
343	kiwilgb166 FG405906	kiwi	1407	159	tomatagbl64 BG124666	81,6	blastp
344	pêssegolgb157,2 BU04 4342	pêssego	1408	159	tomatagbl64 BG124666	84	blastp
345	pimentalgb157,2 CA5 14905	pimenta	1409	159	tomatagbl64 BG124666	93,1	blastp
346	mirtalgb164 EG557732	mirta	1410	159	tomatagbl64 BG124666	81,1	blastp
347	petunialgb166 CV294973	petunia	1411	159	tomatagbl64 BG124666	88,7	tblast n
348	álamolgb170 BU867493	álamo	1412	159	tomatagbl64 BG124666	85,2	blastp
349	prunuslgb167 BU044342	prunus	1413	159	tomatagbl64 BG124666	84	blastp
350	safflowerlgb162 EL3 99778	safflower	1414	159	tomatagbl64 BG124666	81,71	tblast n
351	sojalgb168 AL371264	soja	1415	159	tomatagbl64 BG124666	81,1	blastp
352	sojalgb168 BE661867	soja	1416	159	tomatagbl64 BG124666	80,6	blastp
353	Euphorbialgb161 DV121 886	Euphorbia	1417	159	tomatagbl64 BG124666	80,6	blastp
354	morango l gbl64 DY 670203	morango	1418	159	tomatagbl64 BG124666	82,4	blastp
355	girassol gb 162 EL460579	girassol	1419	159	tomatagbl64 BG124666	80	tblast n
356	thellungiellalgb167 D N773683	thellungiella	1420	159	tomatagbl64 BG124666	80,6	blastp
357	tabacolgb162 EB445785	tobáceo	1421	159	tomatagbl64 BG124666	90,9	blastp
358	batatalgb157,2 BG098579	batata	1422	160	tomatagbl64 BG134403	97,1	blastp
359	batatalgb157,2 CK246251	batata	1423	160	tomatagbl64 BG134403	96,7	blastp
360	batatalgb157,2 CK246610	batata	1424	160	tomatagbl64 BG134403	96	blastp
361	brachypodium gbl169 BF260689	brachypodium	1425	162	arrozlgb157,2 AU174544	88,6	tblast n
362	milholgb170 AI676864	milho	1426	162	arrozlgb157,2 AU174544	86,9	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
363	arrozglb170 OS02G44 980	arroz	1427	162	arrozglb157,2 AU174544	80,6	blastp
364	sorgo gb 161 ,crp B F704932	sorgo	1428	162	arrozglb157,2 AU174544	89	blastp
365	arrozglb170 OS12G38 010	arroz	1429	168	arrozglb157,2 BE039221	91,14	tblast n
366	arrozglb170 OS12G38 270	arroz	1430	168	arrozglb157,2 BE039221	81,2	blastp
367	arrozglb170 OS10G38 040	arroz	1431	169	arrozglb157,2 AU056888	98,1	blastp
368	milholgb170 BQ528487	milho	1432	170	arrozglb157,2 AA753730	89,1	blastp
369	sorgo gb 161 ,crp C D221960	sorgo	1433	170	arrozglb157,2 AA753730	87,1	blastp
370	Panicum virgatum gb167 ID N149767	Panicum virgatum	1434	170	arrozglb157,2 AA753730	86,7	blastp
371	sorgo gb 161, crp S BGWP095487	sorgo	1435	171	milholgb164 AW455682	89,3	blastp
372	cana de açúcar gb157,3 C AI 72410	cana de açúcar	1436	171	milholgb164 AW455682	89	blastp
373	Panicum virgatum gb167 ID N144560	Panicum virgatum	1437	171	milholgb164 AW455682	85,2	blastp
374	brachypodium gb 169 BE404970	brachypodium	1438	172	arrozglb157,2 AA749861	88,7	blastp
375	cenchrus gb166 EB654111	cenchrus	1439	172	arrozglb157,2 AA749861	87	blastp
376	leymus gb166 EG400 906	leymus	1440	172	arrozglb157,2 AA749861	83,6	blastp
377	milholgb170 AW018173	milho	1441	172	arrozglb157,2 AA749861	90	blastp
378	milholgb170 LLAI637139	milho	1442	172	arrozglb157,2 AA749861	88,9	blastp
379	sorgo gb 161 ,crp AI783434	sorgo	1443	172	arrozglb157,2 AA749861	90,5	blastp
380	cana de açúcar gb157,3 B U925706	cana de açúcar	1444	172	arrozglb157,2 AA749861	91,2	blastp
381	Panicum virgatum gb167 ID N142209	Panicum virgatum	1445	172	arrozglb157,2 AA749861	91	blastp
382	Panicum virgatum gb167 ID N142636	Panicum virgatum	1446	172	arrozglb157,2 AA749861	90,7	blastp
383	trigolgb164 BE398863	trigo	1447	172	arrozglb157,2 AA749861	80,9	blastp
384	trigolgb164 BE404970	trigo	1448	172	arrozglb157,2 AA749861	81,7	blastp
385	trigolgb164 BE418290	trigo	1449	172	arrozglb157,2 AA749861	82	blastp
386	milholgb170 BM895695	milho	1450	173	arrozglb157,2 AK108994	84,5	blastp
387	arrozglb170 OS04G55 740	arroz	1451	173	arrozglb157,2 AK108994	94,7	blastp
388	sorgo gb 161 ,crp B M895695	sorgo	1452	173	arrozglb157,2 AK108994	82,2	blastp
389	brachypodium gb 169 CA684980	brachypodium	1453	174	arrozglb157,2 CB640732	87,2	blastp
390	milholgb170 AW562805	milho	1454	174	arrozglb157,2 CB640732	87,1	blastp
391	sorgo gb 161 ,crp C D219694	sorgo	1455	174	arrozglb157,2 CB640732	87,7	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
392	soja gbl68AL366192	soja	1456	174	arrozglbl57,2ICB640732	80,38	tblast n
393	álamolgbl70IAI166596	álamo	1457	175	álamolgbl57,2IBU868634	88,2	blastp
394	mamonalgbl60IAJ605572	mamona	1458	176	soja gb 162 CA852963	81	blastp
395	castanhalgbl70ISRR006296S0014660	castanha	1459	176	soja gb 162 CA852963	80,08	tblast n
396	citricolgbl66ICK740163	citrico	1460	176	soja gb 162 CA852963	80,08	tblast n
397	cowpealgbl66IFF394551	cowpea	1461	176	soja gb 162 CA852963	90,7	blastp
398	medicago gbl 57,2A A660751	medicago	1462	176	soja gb 162 CA852963	87,9	blastp
399	amendoimlgbl67IEH042453	amendoim	1463	176	soja gb 162 CA852963	88,66	tblast n
400	sojalgbl68IBU547671	soja	1464	176	soja gb 162 CA852963	97,2	blastp
401	cevadalgbl57,3IBE194421	cevada	1465	177	arrozglbl57,2IBI811377	81,5	blastp
402	brachypodium gbl169IBE424330	brachypodium	1466	177	arrozglbl57,2IBI811377	82,4	blastp
403	leymus gb 166 EG376396	leymus	1467	177	arrozglbl57,2IBI811377	81,8	blastp
404	pseudoroegneria gbl167IFF349876	pseudoroegneria	1468	177	arrozglbl57,2IBI811377	82,1	blastp
405	cana de açúcar gbl57,3 CA099115	cana de açúcar	1469	177	arrozglbl57,2IBI811377	81	blastp
406	trigolgbl64IBE424330	trigo	1470	177	arrozglbl57,2IBI811377	81,82	tblast n
407	trigolgbl64IBE516775	trigo	1471	177	arrozglbl57,2IBI811377	82,1	blastp
408	antirrhinumlgb166IAJ560033	antirrhinum	1472	180	tomatlgbl64IBG129806	82,9	blastp
409	antirrhinumlgb166IAJ801252	antirrhinum	1473	180	tomatlgbl64IBG129806	83,3	blastp
410	maçãlgbl57,3IAU301287	maçã	1474	180	tomatlgbl64IBG129806	86,9	blastp
411	maçãlgbl57,3ICN488989	maçã	1475	180	tomatlgbl64IBG129806	84,7	blastp
412	maçãlgbl57,3ICN864173	maçã	1476	180	tomatlgbl64IBG129806	84,7	blastp
413	maçãlgbl57,3ICN869339	maçã	1477	180	tomatlgbl64IBG129806	87,4	blastp
414	aquilegia gbl57,3 DR939874	aquilegia	1478	180	tomatlgbl64IBG129806	81,5	blastp
415	arabidopsis gbl65 AT1G04750	arabidopsis	1479	180	tomatlgbl64IBG129806	81,5	blastp
416	arabidopsis gbl65 AT2G33120	arabidopsis	1480	180	tomatlgbl64IBG129806	82	blastp
417	artemisialgbl64IEY060063	artemisia	1481	180	tomatlgbl64IBG129806	84,7	blastp
418	artemisialgbl64IEY073689	artemisia	1482	180	tomatlgbl64IBG129806	84,7	blastp
419	abacatelgbl64ICK762777	abacate	1483	180	tomatlgbl64IBG129806	82,9	blastp
420	abacatelgbl64ICV461025	abacate	1484	180	tomatlgbl64IBG129806	80,6	blastp
421	b oleracealgbl61IAM386735	b olerácea	1485	180	tomatlgbl64IBG129806	80,6	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
422	b oleracealgb161ICB617574	b olerácea	1486	180	tomatelgb164IB G129806	81,6	blastp
423	b rapalgb162ICA992099	b rapa	1487	180	tomatelgb164IB G129806	80,2	blastp
424	b rapalgb162ICV544695	b rapa	1488	180	tomatelgb164IB G129806	82,4	blastp
425	b rapalgb162IDN961220	b rapa	1489	180	tomatelgb164IB G129806	82,1	blastp
426	b rapalgb162IDY008890	b rapa	1490	180	tomatelgb164IB G129806	82,4	blastp
427	b rapalgb162IEX034829	b rapa	1491	180	tomatelgb164IB G129806	80,6	blastp
428	bananalgb167IFF558354	banana	1492	180	tomatelgb164IB G129806	80,4	blastp
429	bananalgb167IFL658702	banana	1493	180	tomatelgb164IB G129806	82	blastp
430	cevadalgb157,3IBE413339	cevada	1494	180	tomatelgb164IB G129806	80,8	blastp
431	basilicumgb157,3DY343103	basilicum	1495	180	tomatelgb164IB G129806	84,1	blastp
432	feijãolgb167ICA898578	feijão	1496	180	tomatelgb164IB G129806	83,8	blastp
433	feijãolgb167ICA899486	feijão	1497	180	tomatelgb164IB G129806	87,2	blastp
434	feijãolgb167ICA907867	feijão	1498	180	tomatelgb164IB G129806	87,4	blastp
435	brachypodium gb169 IBE417694	brachypodium	1499	180	tomatelgb164IB G129806	80,2	blastp
436	cacaulgb167ICA798042	cacau	1500	180	tomatelgb164IB G129806	83,3	blastp
437	cacaulgb167ICU474349	cacau	1501	180	tomatelgb164IB G129806	90,5	blastp
438	cacaulgb167ICU478046	cacau	1502	180	tomatelgb164IB G129806	85,1	blastp
439	canolalgb161ICD816574	cañóla	1503	180	tomatelgb164IB G129806	82,4	blastp
440	canolalgb161ICD818619	cañóla	1504	180	tomatelgb164IB G129806	80,2	blastp
441	canolalgb161ICD826636	cañóla	1505	180	tomatelgb164IB G129806	82,9	blastp
442	canolalgb161ICD841484	cañóla	1506	180	tomatelgb164IB G129806	82,4	blastp
443	canolalgb161ICN734885	cañóla	1507	180	tomatelgb164IB G129806	81,5	blastp
444	canolalgb161IDW998530	cañóla	1508	180	tomatelgb164IB G129806	82,1	blastp
445	canolalgb161IDY028580	cañóla	1509	180	tomatelgb164IB G129806	82,5	blastp
446	canolalgb161IEE483345	cañóla	1510	180	tomatelgb164IB G129806	80,2	blastp
447	mandiocalgb164IBM259789	mandioca	1511	180	tomatelgb164IB G129806	84,2	blastp
448	mandiocalgb164ICK645968	mandioca	1512	180	tomatelgb164IB G129806	84,7	blastp
449	mandiocalgb164IDV446794	mandioca	1513	180	tomatelgb164IB G129806	82,4	blastp
450	mamonalgb160IEE255473	mamona	1514	180	tomatelgb164IB G129806	82,9	blastp
451	mamonalgb160IEE255572	mamona	1515	180	tomatelgb164IB G129806	85,1	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
452	mamonalgb160IEE 259993	mamona	1516	180	tomatglb164IB G129806	86	blastp
453	centaurealgb166IEH 7 28993	centaurea	1517	180	tomatglb164IB G129806	84,3	blastp
454	centaurealgb166IEH 7 37653	centaurea	1518	180	tomatglb164IB G129806	83,33	tblast n
455	centaurealgb166IEH 7 43515	centaurea	1519	180	tomatglb164IB G129806	84,7	blastp
456	centaurealgb166IEH 7 47496	centaurea	1520	180	tomatglb164IB G129806	82	blastp
457	castanhalgb170ISRR 0 06295S0000799	castanha	1521	180	tomatglb164IB G129806	84,7	blastp
458	castanhalgb170ISRR 0 06295S0000895	castanha	1522	180	tomatglb164IB G129806	85,7	blastp
459	cichoriumlgb166IDT 212405	cichorium	1523	180	tomatglb164IB G129806	83,33	tblast n
460	cichoriumlgb166IDT 212482	cichorium	1524	180	tomatglb164IB G129806	84,7	blastp
461	cichoriumlgb166IEH 686887	cichorium	1525	180	tomatglb164IB G129806	82,88	tblast n
462	citricolgb166IBE205 6 77	citrico	1526	180	tomatglb164IB G129806	88,3	blastp
463	citricolgb166ICB290 7 04	citrico	1527	180	tomatglb164IB G129806	83,3	blastp
464	citricolgb166ICF830 6 98	citrico	1528	180	tomatglb164IB G129806	83,8	blastp
465	coffealgb157,2ICF58 8660	coffea	1529	180	tomatglb164IB G129806	82,9	blastp
466	coffealgb157,2IDV6 6 5256	coffea	1530	180	tomatglb164IB G129806	80,5	blastp
467	algodãolgb164IAI05 51 43	algodão	1531	180	tomatglb164IB G129806	82,4	blastp
468	algodãolgb164IAI72 65 38	algodão	1532	180	tomatglb164IB G129806	82,43	tblast n
469	algodãolgb164IBF26 82 81	algodão	1533	180	tomatglb164IB G129806	88,3	blastp
470	algodãolgb164IBF27 08 00	algodão	1534	180	tomatglb164IB G129806	85,1	blastp
471	algodãolgb164IBF27 43 09	algodão	1535	180	tomatglb164IB G129806	88,8	blastp
472	cowpea gbl 66 FF3 82 703	cowpea	1536	180	tomatglb164IB G129806	84,2	blastp
473	cowpea gbl66 FF385 500	cowpea	1537	180	tomatglb164IB G129806	87,4	blastp
474	cowpealgb166IFF38 8 694	cowpea	1538	180	tomatglb164IB G129806	88	blastp
475	cycasglb166ICB0900 84	cycas	1539	180	tomatglb164IB G129806	80,6	blastp
476	cynaralgb167IGE583 641	cynara	1540	180	tomatglb164IB G129806	81,98	tblast n
477	cynaralgb167IGE586 008	cynara	1541	180	tomatglb164IB G129806	80,18	tblast n
478	dente de leãolgb161IDY 820375	dente de leão	1542	180	tomatglb164IB G129806	84,23	tblast n
479	dente de leãolgb161IDY 822153	dente de leão	1543	180	tomatglb164IB G129806	85,1	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
480	galholgbl61IDT686 644	galho	1544	180	tomatlgbl64IB G129806	82,9	blastp
481	gengibrelgbl64IDY3 54 490	gengibre	1545	180	tomatlgbl64IB G129806	82,9	blastp
482	gengibrelgbl64IDY3 57 009	gengibre	1546	180	tomatlgbl64IB G129806	81,53	tblast n
483	uvalgbl60IBQ7972 49	uva	1547	180	tomatlgbl64IB G129806	84,2	blastp
484	uvalgbl60ICA8148 78	uva	1548	180	tomatlgbl64IB G129806	83,4	blastp
485	uvalgbl60ICB0093 59	uva	1549	180	tomatlgbl64IB G129806	83,8	blastp
486	ipomoea gbl 57,2 BJ 554498	ipomoea	1550	180	tomatlgbl64IB G129806	90,1	blastp
487	ipomoea gbl 57,2 BJ 555833	ipomoea	1551	180	tomatlgbl64IB G129806	89,6	blastp
488	ipomoea gbl 57,2 BJ 565525	ipomoea	1552	180	tomatlgbl64IB G129806	89,6	blastp
489	ipomoea gbl 57,2 DQ 016990	ipomoea	1553	180	tomatlgbl64IB G129806	82	blastp
490	kiwilgbl66IFG42882 4	kiwi	1554	180	tomatlgbl64IB G129806	81,5	blastp
491	alfacelgbl57,2IDW0 46480	alface	1555	180	tomatlgbl64IB G129806	85,1	blastp
492	alfacelgbl57,2IDW0 51770	alface	1556	180	tomatlgbl64IB G129806	80,6	blastp
493	alfacelgbl57,2IDW0 54433	alface	1557	180	tomatlgbl64IB G129806	84,7	blastp
494	alfacelgbl57,2IDW1 04005	alface	1558	180	tomatlgbl64IB G129806	83,8	blastp
495	alfacelgbl57,2IDW1 48893	alface	1559	180	tomatlgbl64IB G129806	84,7	blastp
496	liriodendron gb 166 C K761427	liriodendron	1560	180	tomatlgbl64IB G129806	81,1	blastp
497	lovegrass gb 167 EH1 89433	lovegrass	1561	180	tomatlgbl64IB G129806	81,5	blastp
498	milholgbl70IAI6214 44	milho	1562	180	tomatlgbl64IB G129806	83	blastp
499	milholgbl70IAI9016 72	milho	1563	180	tomatlgbl64IB G129806	81,5	blastp
500	medicago gbl 57,2 A L371369	medicago	1564	180	tomatlgbl64IB G129806	81,3	blastp
501	medicago gbl57,2 A W127543	medicago	1565	180	tomatlgbl64IB G129806	85,3	blastp
502	medicago gbl57,2 A W329342	medicago	1566	180	tomatlgbl64IB G129806	81,5	blastp
503	melãolgbl65IAM743 036	melón	1567	180	tomatlgbl64IB G129806	82,9	blastp
504	melãolgbl65IDV633 620	melón	1568	180	tomatlgbl64IB G129806	80,6	blastp
505	nupharlgbl66IES730 054	nuphar	1569	180	tomatlgbl64IB G129806	81,2	blastp
506	carvalholgbl70ICU6 3950 8	carvalho	1570	180	tomatlgbl64IB G129806	85,7	blastp
507	carvalholgbl70ISRR 0063 07S0008904	carvalho	1571	180	tomatlgbl64IB G129806	84,7	blastp
508	carvalholgbl66ICN5 99846	carvalho	1572	180	tomatlgbl64IB G129806	82	blastp
509	cebola lgbl62ICF440 0 03	cebola	1573	180	tomatlgbl64IB G129806	82,43	tblast n

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
510	mamãolgb165IAM904122	mamão	1574	180	tomatlgbl64IBG129806	84,2	blastp
511	mamãolgb165IEX245134	mamão	1575	180	tomatlgbl64IBG129806	83,8	blastp
512	pêssegolgb157,2IBU040787	pêssego	1576	180	tomatlgbl64IBG129806	88,7	blastp
513	pêssegolgb157,2IBU0408627	pêssego	1577	180	tomatlgbl64IBG129806	81,53	tblast n
514	amendoimlgb167IEH042957	amendoim	1578	180	tomatlgbl64IBG129806	88,4	blastp
515	amendoimlgb167IEH044861	amendoim	1579	180	tomatlgbl64IBG129806	83	blastp
516	pimentalgb157,2ICA520584	pimenta	1580	180	tomatlgbl64IBG129806	82,4	blastp
517	petunialgb166ICV296853	petunia	1581	180	tomatlgbl64IBG129806	82,9	blastp
518	abacaxí gb 157,2 DT337519	pinheiromaçã	1582	180	tomatlgbl64IBG129806	83,3	blastp
519	álamolgb170IAI166018	álamo	1583	180	tomatlgbl64IBG129806	86,9	blastp
520	álamolgb170IBI120322	álamo	1584	180	tomatlgbl64IBG129806	82,9	blastp
521	álamolgb170IBI128184	álamo	1585	180	tomatlgbl64IBG129806	81,1	blastp
522	álamolgb170IBU818354	álamo	1586	180	tomatlgbl64IBG129806	87,8	blastp
523	álamolgb170ICB240411	álamo	1587	180	tomatlgbl64IBG129806	81,1	blastp
524	batatalgb157,2IBG590329	batata	1588	180	tomatlgbl64IBG129806	80,3	blastp
525	batatalgb157,2IBG886984	batata	1589	180	tomatlgbl64IBG129806	82,9	blastp
526	batatalgb157,2IBI406651	batata	1590	180	tomatlgbl64IBG129806	100	blastp
527	prunuslgb167IBU040787	prunus	1591	180	tomatlgbl64IBG129806	88,7	blastp
528	prunuslgb167IBU048627	prunus	1592	180	tomatlgbl64IBG129806	85,6	blastp
529	pseudoroegneria gb167IFF341379	pseudoroegneria	1593	180	tomatlgbl64IBG129806	81,2	blastp
530	rabanetelgb164IEV527352	rabanete	1594	180	tomatlgbl64IBG129806	82,5	blastp
531	rabanetelgb164IEV528724	rabanete	1595	180	tomatlgbl64IBG129806	82	blastp
532	rabanetelgb164IEV532638	rabanete	1596	180	tomatlgbl64IBG129806	82	blastp
533	rabanetelgb164IEV535212	rabanete	1597	180	tomatlgbl64IBG129806	82,5	blastp
534	rabanetelgb164IEV544241	rabanete	1598	180	tomatlgbl64IBG129806	82	blastp
535	rabanetelgb164IEV549527	rabanete	1599	180	tomatlgbl64IBG129806	81,98	tblast n
536	rabanetelgb164IEV567707	rabanete	1600	180	tomatlgbl64IBG129806	82	blastp
537	rabanetelgb164IEW724564	rabanete	1601	180	tomatlgbl64IBG129806	82	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
538	rabanetelgb164IEX755 021	rabanete	1602	180	tomatelgb164IB G129806	80,7	blastp
539	arrozlgb170IOS03G58 840	arroz	1603	180	tomatelgb164IB G129806	82,9	blastp
540	arrozlgb170IOS07G09 600	arroz	1604	180	tomatelgb164IB G129806	82,9	blastp
541	safflowerlgb1621EL3 73980	safflower	1605	180	tomatelgb164IB G129806	84,7	blastp
542	safflowerlgb1621EL3 81462	safflower	1606	180	tomatelgb164IB G129806	83,8	blastp
543	safflowerlgb1621EL3 89501	safflower	1607	180	tomatelgb164IB G129806	81,5	blastp
544	safflowerlgb1621EL4 04279	safflower	1608	180	tomatelgb164IB G129806	84,7	blastp
545	seneciolgb170IDY663178	senecio	1609	180	tomatelgb164IB G129806	81,08	tblast n
546	sorgo gb 161 ,crp AW282206	sorgo	1610	180	tomatelgb164IB G129806	81,5	blastp
547	sorgo gb 161 ,crp AW565015	sorgo	1611	180	tomatelgb164IB G129806	83	blastp
548	sojalgbl68IAL371369	soja	1612	180	tomatelgb164IB G129806	87,8	blastp
549	sojalgbl68IAL371370	soja	1613	180	tomatelgb164IB G129806	87,6	blastp
550	sojalgbl68IAL374552	soja	1614	180	tomatelgb164IB G129806	87,4	blastp
551	sojalgbl68IAL384290	soja	1615	180	tomatelgb164IB G129806	86,7	blastp
552	sojalgbl68IBE658783	soja	1616	180	tomatelgb164IB G129806	84,7	blastp
553	sojalgbl68IBE660085	soja	1617	180	tomatelgb164IB G129806	85,1	blastp
554	Euphorbialgb161IDV113 185	Euphorbia	1618	180	tomatelgb164IB G129806	83,8	blastp
555	Euphorbialgb161IDV115 533	Euphorbia	1619	180	tomatelgb164IB G129806	86,5	blastp
556	Euphorbialgb161IDV129 528	Euphorbia	1620	180	tomatelgb164IB G129806	82,4	blastp
557	morango gb 164 CO380944	morango	1621	180	tomatelgb164IB G129806	87,4	blastp
558	morango l gbl64IDY 667942	morango	1622	180	tomatelgb164IB G129806	83,8	blastp
559	cana de açucarcana de gbl57,3 C A066679	açucar	1623	180	tomatelgb164IB G129806	81,53	tblast n
560	cana de açucarcana de gbl57,3 C A070863	açucar	1624	180	tomatelgb164IB G129806	83	blastp
561	cana de açucarcana de gbl57,3 C A073069	açucar	1625	180	tomatelgb164IB G129806	82,5	blastp
562	cana de açucarcana de gbl57,3 C A098212	açucar	1626	180	tomatelgb164IB G129806	81,1	blastp
563	cana de açucarcana de gbl57,3 C A105955	açucar	1627	180	tomatelgb164IB G129806	83	blastp
564	cana de açucarcana de gbl57,3 C A125341	açucar	1628	180	tomatelgb164IB G129806	83	blastp
565	girassol gb 162 CD848438	girassol	1629	180	tomatelgb164IB G129806	83,8	blastp
566	girassol gb 162 CD855829	girassol	1630	180	tomatelgb164IB G129806	84,7	blastp
567	girassol gb 162 DY909391	girassol	1631	180	tomatelgb164IB G129806	84,7	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
568	girassol gb 162 EL4 23569	girassol	1632	180	tomatoglobl64IB G129806	83,3	blastp
569	girassol gb 162 EL4 29220	girassol	1633	180	tomatoglobl64IB G129806	85,1	blastp
570	Panicum virgatum gbl67D N143573	Panicum virgatum	1634	180	tomatoglobl64IB G129806	82,4	blastp
571	Panicum virgatum gbl 67D N151435	Panicum virgatum	1635	180	tomatoglobl64IB G129806	82,9	blastp
572	Panicum virgatum gb 167 F E607763	Panicum virgatum	1636	180	tomatoglobl64IB G129806	83	blastp
573	Panicum virgatum gbl67 F E624609	Panicum virgatum	1637	180	tomatoglobl64IB G129806	84,2	blastp
574	thellungiella gbl67I B Y802757	thellungiella	1638	180	tomatoglobl64IB G129806	81,5	blastp
575	tabacoglobl62IDV15 7924	tobáceo	1639	180	tomatoglobl64IB G129806	82,4	blastp
576	tabacoglobl62IEB42 6444	tobáceo	1640	180	tomatoglobl64IB G129806	96,4	tblast n
577	tabacoglobl62IEB42 6574	tobáceo	1641	180	tomatoglobl64IB G129806	84,7	blastp
578	tabacoglobl62IEB67 7916	tobáceo	1642	180	tomatoglobl64IB G129806	94,1	blastp
579	tomatoglobl64IBG135 003	tomate	1643	180	tomatoglobl64IB G129806	84,2	blastp
580	tomatoglobl64IBG629 456	tomate	1644	180	tomatoglobl64IB G129806	82,9	blastp
581	triphysaria gbl 64IDR 172719	triphysaria	1645	180	tomatoglobl64IB G129806	82,3	blastp
582	triphysaria gb 164IEY 126667	triphysaria	1646	180	tomatoglobl64IB G129806	83,8	blastp
583	triphysaria gb 164IEY 128979	triphysaria	1647	180	tomatoglobl64IB G129806	83,8	blastp
584	nozes gbl66ICV19 8306	nozes	1648	180	tomatoglobl64IB G129806	85,7	blastp
585	trigo gbl64IBE4004 99	trigo	1649	180	tomatoglobl64IB G129806	80,8	blastp
586	trigo gbl64IBE4176 94	trigo	1650	180	tomatoglobl64IB G129806	81,2	blastp
587	trigo gbl64ICA595 472	trigo	1651	180	tomatoglobl64IB G129806	81,2	blastp
588	zamia gbl66IFD768 4 87	zamia	1652	180	tomatoglobl64IB G129806	80,2	blastp
589	cevada gbl57,3IAL4 5 0674	cevada	1653	183	arroz gbl57,2IAT 003383	85,7	blastp
590	brachypodium gb 169 IBE424284	brachypodi um	1654	183	arroz gbl57,2IAT 003383	83,4	blastp
591	galho gbl61IDT675 288	galho	1655	183	arroz gbl57,2IAT 003383	85,4	blastp
592	leymus gbl66ICN46 6264	leymus	1656	183	arroz gbl57,2IAT 003383	84,6	blastp
593	milho gbl70IAI4388 09	milho	1657	183	arroz gbl57,2IAT 003383	84,4	blastp
594	milho gbl70IAI9778 70	milho	1658	183	arroz gbl57,2IAT 003383	82,8	blastp
595	milho gbl70ILLDQ2 45361	milho	1659	183	arroz gbl57,2IAT 003383	85,7	blastp
596	pseudoroegneria gb 1 67IFF341007	pseudoroeg neria	1660	183	arroz gbl57,2IAT 003383	85,7	blastp
597	centeio gbl64IBE58 6725	centeio	1661	183	arroz gbl57,2IAT 003383	85,7	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
598	sorgo gb 161 ,crp AW565030	sorgo	1662	183	arrozglbl57,2 AT 003383	82,9	blastp
599	cana de açúcar gbl57,3 C A084082	cana de açúcar	1663	183	arrozglbl57,2 AT 003383	83,1	blastp
600	Panicum virgatum gbl67 ID N142592	Panicum virgatum	1664	183	arrozglbl57,2 AT 003383	86,4	blastp
601	Panicum virgatum gbl67 ID N145453	Panicum virgatum	1665	183	arrozglbl57,2 AT 003383	85	blastp
602	trigolgbl64 BE4242 84	trigo	1666	183	arrozglbl57,2 AT 003383	85,7	blastp
603	trigolgbl64 BE4981 39	trigo	1667	183	arrozglbl57,2 AT 003383	85,3	blastp
604	trigolgbl64 BF2008 80	trigo	1668	183	arrozglbl57,2 AT 003383	85,1	blastp
605	trigolgbl64 CA620 728	trigo	1669	183	arrozglbl57,2 AT 003383	81,67	tblast n
606	brachypodium gb 169 AJ476542	brachypodi um	1670	185	milholgbl57 BG 354535	91	blastp
607	leymusgbl66 EG38 8 555	leymus	1671	185	milholgbl57 BG 354535	88,3	blastp
608	pseudoroegneria gb 1 67 FF346414	pseudoroeg neria	1672	185	milholgbl57 BG 354535	88,9	blastp
609	arrozglbl70 OS01G5 1 190	arroz	1673	185	milholgbl57 BG 354535	91,57	tblast n
610	sorgo gb 161 ,crp AW283867	sorgo	1674	185	milholgbl57 BG 354535	98,8	blastp
611	trigolgbl64 AL8209 71	trigo	1675	185	milholgbl57 BG 354535	88,3	blastp
612	milholgbl70 BI3888 11	milho	1676	186	arrozglbl57,2 AU 029933	82,8	blastp
613	sorgo gb 161 ,crp DR807282	sorgo	1677	186	arrozglbl57,2 AU 029933	82	blastp
614	arrozglbl70 OS01G6 5 169	arroz	1678	187	arrozglbl57,2 AK 102239	82,5	blastp
615	brachypodium gb 169 BE421953	brachypodi um	1679	188	sorgo gb 161,x enolAI947781	81,97	tblast n
616	milholgbl70 AI9477 81	milho	1680	188	sorgo gb 161,x enolAI947781	95,8	blastp
617	arrozglbl70 OS01G6 5 100	arroz	1681	188	sorgo gb 161,x enolAI947781	87	blastp
618	Panicum virgatum gbl67 ID N144961	Panicum virgatum	1682	188	sorgo gb 161,x enolAI947781	90,2	tblast n
619	canola gbl61 EE417 585	cañóla	1683	189	arabidopsisgbló 5 AT1G58030	89	blastp
620	rabanetelgbl64 EV5 66 943	rabanete	1684	189	arabidopsisgbló 5 AT1G58030	89,47	tblast n
621	cevadalgbl57,3 BE4 1 2663	cevada	1685	191	milho gbl 64 AI6 00563	84,2	blastp
622	brachypodium gb 169 BE407009	brachypodi um	1686	191	milho gbl64 AI6 00563	88,6	blastp
623	arrozglbl70 OS04G5 6 290	arroz	1687	191	milho gbl64 AI6 00563	88,1	blastp
624	sorgo gb 161 ,crp AI622153	sorgo	1688	191	milho gbl64 AI6 00563	95,3	blastp
625	cana de açúcar gbl57,3 C A067412	cana de açúcar	1689	191	milho gbl64 AI6 00563	95	blastp
626	Panicum virgatum gbl67 ID N150103	Panicum virgatum	1690	191	milho gbl64 AI6 00563	93,5	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
627	trigolgb164 BE407009	trigo	1691	191	milho gbl64 AI600563	87,5	blastp
628	arrozglb170 OS01G03 530	arroz	1692	192	arrozglb157,2 CB000630	99,8	blastp
629	cevadalgb157,3 BF06 6082	cevada	1693	193	trigolgb154 TG BE216912	88,03	tblast n
630	cevadalgb157,3 HVU 08135	cevada	1694	193	trigolgb154 TG BE216912	81,7	blastp
631	brachypodium gbl169 HVU08135	brachypodium	1695	193	trigolgb154 TG BE216912	91,1	blastp
632	galholgb161 DT682842	galho	1696	193	trigolgb154 TG BE216912	86,5	blastp
633	leymusgbl66 CD808858	leymus	1697	193	trigolgb154 TG BE216912	97,4	blastp
634	milholgb170 AI491463	milho	1698	193	trigolgb154 TG BE216912	84,3	blastp
635	milholgb170 AI601031	milho	1699	193	trigolgb154 TG BE216912	84,9	blastp
636	pseudoroegneria gbl167 FF347239	pseudoroegneria	1700	193	trigolgb154 TG BE216912	98,3	blastp
637	arrozglb170 OS03G56 670	arroz	1701	193	trigolgb154 TG BE216912	85	blastp
638	centeiolgb164 BE636806	centeio	1702	193	trigolgb154 TG BE216912	84	blastp
639	sorgo gb 161 ,crp AI861201	sorgo	1703	193	trigolgb154 TG BE216912	85,4	blastp
640	Panicum virgatum gbl67 ID N144671	Panicum virgatum	1704	193	trigolgb154 TG BE216912	84,4	blastp
641	trigolgb164 BE213564	trigo	1705	193	trigolgb154 TG BE216912	91,5	blastp
642	trigolgb164 BE216912	trigo	1706	193	trigolgb154 TG BE216912	89,8	blastp
643	trigolgb164 BE415875	trigo	1707	193	trigolgb154 TG BE216912	93,5	blastp
644	trigolgb164 CK217408	trigo	1708	193	trigolgb154 TG BE216912	83,12	tblast n
645	trigolgb164 DR737269	trigo	1709	193	trigolgb154 TG BE216912	82,25	tblast n
646	leymusgbl66 EG400 892	leymus	1710	194	arrozglb157,2 BE039218	81,9	blastp
647	b_oleraceagbl61 AM059989	b_oleracea	1711	195	arabidopsisgbl65 AT5G60680	80,6	blastp
648	canolagbl61 DW997913	cañóla	1712	195	arabidopsisgbl65 AT5G60680	81,2	blastp
649	feijãogbl67 CA8984 06	feijão	1713	196	arrozglb157,2 AA750934	80,5	blastp
650	cacaugbl67 CU4695 91	cacau	1714	196	arrozglb157,2 AA750934	80,6	blastp
651	mandiocagbl64 CK64 1441	mandioca	1715	196	arrozglb157,2 AA750934	80,9	blastp
652	mamonagbl60 TI5009	mamona	1716	196	arrozglb157,2 AA750934	80,2	blastp
653	cowpea gbl 66 FC457559	cowpea	1717	196	arrozglb157,2 AA750934	80,2	blastp
654	cowpea gbl 66 FC461906	cowpea	1718	196	arrozglb157,2 AA750934	80,3	blastp
655	milholgb170 W21620	milho	1719	196	arrozglb157,2 AA750934	87,6	blastp
656	carvalholgb166 CN601354	carvalho	1720	196	arrozglb157,2 AA750934	81,1	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
657	mamão gb 65 EX264 224	mamão	1721	196	arroz gb 57,2 AA 750934	80	blastp
658	pinheiroapple gb 157,2 C 0730751	pinheiroapple	1722	196	arroz gb 57,2 AA 750934	81,6	blastp
659	sorgo gb 161 ,crp W21620	sorgo	1723	196	arroz gb 57,2 AA 750934	87,4	blastp
660	soja gb 68 AL37 3484	soja	1724	196	arroz gb 57,2 AA 750934	80,9	blastp
661	soja gb 68 AW3 48141	soja	1725	196	arroz gb 57,2 AA 750934	80,4	blastp
662	soja gb 68 AW5 87090	soja	1726	196	arroz gb 57,2 AA 750934	80,4	blastp
663	cana de açúcar gb 57,3 B Q535675	cana de açúcar	1727	196	arroz gb 57,2 AA 750934	86,8	blastp
664	Panicum virgatum gb 67D N140694	Panicum virgatum	1728	196	arroz gb 57,2 AA 750934	86,1	blastp
665	Panicum virgatum gb 67D N141888	Panicum virgatum	1729	196	arroz gb 57,2 AA 750934	85,8	blastp
666	Panicum virgatum gb 67 F E603746	Panicum virgatum	1730	196	arroz gb 57,2 AA 750934	85,3	blastp
667	milho gb 70 BE1295 70	milho	1731	198	milho gb 54 AW 037179	96,1	blastp
668	milho gb 70 BI4788 34	milho	1732	198	milho gb 54 AW 037179	92,9	blastp
669	arroz gb 70 OS02G5 4 730	arroz	1733	198	milho gb 54 AW 037179	81,4	blastp
670	sorgo gb 161 ,crp B E129570	sorgo	1734	198	milho gb 54 AW 037179	91,8	blastp
671	sorgo gb 161 ,crp C D231473	sorgo	1735	199	milho gb 64 AW 287760	81,98	tblast n
672	cana de açúcar gb 57,3 C A089926	cana de açúcar	1736	199	milho gb 64 AW 287760	88,56	tblast n
673	Panicum virgatum gb 67 F L699406	Panicum virgatum	1737	199	milho gb 64 AW 287760	85,3	blastp
674	Panicum virgatum gb 67 F L727557	Panicum virgatum	1738	199	milho gb 64 AW 287760	81,9	blastp
675	sorgo gb 161 ,crp B F480947	sorgo	1739	200	milho gb 57 AW 360667	96,1	blastp
676	cana de açúcar gb 57,3 C A069365	cana de açúcar	1740	200	milho gb 57 AW 360667	97,2	blastp
677	maçã gb 57,3 CN87 3722	maçã	1741	202	arabidopsis gb 5 7,2 AT3G26100	80,26	tblast n
678	castanha gb 70 SRR 0 06295S0001486	castanha	1742	202	arabidopsis gb 5 7,2 AT3G26100	82,2	blastp
679	algodão gb 64 AI72 89 64	algodão	1743	202	arabidopsis gb 5 7,2 AT3G26100	80,3	blastp
680	uva gb 60 CB0045 07	uva	1744	202	arabidopsis gb 5 7,2 AT3G26100	80,3	blastp
681	mamão gb 65 EX24 3 430	mamão	1745	202	arabidopsis gb 5 7,2 AT3G26100	82,8	blastp
682	álamo gb 70 AI1657 88	álamo	1746	202	arabidopsis gb 5 7,2 AT3G26100	80,26	tblast n
683	álamo gb 70 BI0718 04	álamo	1747	202	arabidopsis gb 5 7,2 AT3G26100	80,75	tblast n
684	feijão gb 67 CV538 3 36	feijão	1748	203	soja gb 162 S OYHPR	80,83	tblast n
685	feijão gb 67 IPVU72 7 68	feijão	1749	203	soja gb 162 S OYHPR	85,8	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
686	trevolgb162 BB932705	trevo	1750	203	soja gb 162 S OYHPR	83,3	blastp
687	cowpea gbl 66 FC457443	cowpea	1751	203	soja gb 162 S OYHPR	87,92	tblast n
688	medicago gbl57,2 AL366760	medicago	1752	203	soja gb 162 S OYHPR	84,7	blastp
689	medicago gbl57,2 AW328889	medicago	1753	203	soja gb 162 S OYHPR	80,52	tblast n
690	medicago gbl57,2 AW329415	medicago	1754	203	soja gb 162 S OYHPR	83,67	tblast n
691	medicago gbl57,2 AW329734	medicago	1755	203	soja gb 162 S OYHPR	85,11	tblast n
692	sojalgb168 S442 02	soja	1756	203	soja gb 162 S OYHPR	95,7	blastp
693	b rapalgb162 CV544929	b rapa	1757	266	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G44920	80,38	tblast n
693	b rapalgb162 CV544929	b rapa	1757	204	arabidopsis gbl6 5 AT1G44920	80,15	tblast n
694	rabanetelgb164 EV525 414	rabanete	1758	266	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G44920	81,3	blastp
694	rabanetelgb164 EV525 414	rabanete	1758	204	arabidopsis gbl6 5 AT1G44920	80,7	blastp
695	thellungiellalgb167 DN777579	thellungiell a	1759	266	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G44920	81,7	blastp
695	thellungiellalgb167 DN777579	thellungiell a	1759	204	arabidopsis gbl6 5 AT1G44920	81,1	blastp
696	arabidopsis gbl65 AT3G17410	arabidopsis	1760	205	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G48210	87,1	blastp
697	b oleracealgb161 AM385784	b olerácea	1761	205	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G48210	87,4	blastp
698	b rapalgb162 DN962030	b rapa	1762	205	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G48210	83,52	tblast n
699	b rapalgb162 EX020680	b rapa	1763	205	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G48210	85,4	blastp
700	b rapalgb162 EX025892	b rapa	1764	205	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G48210	85,99	tblast n
701	canolalgb161 CX278279	cañóla	1765	205	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G48210	86,3	blastp
702	canolalgb161 EG021170	cañóla	1766	205	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G48210	83,79	tblast n
703	rabanetelgb164 EV525 080	rabanete	1767	205	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G48210	87,6	blastp
704	rabanetelgb164 EV543 636	rabanete	1768	205	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G48210	85,4	blastp
705	rabanetelgb164 EY895 533	rabanete	1769	205	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G48210	84,7	blastp
706	thellungiellalgb167 DN774052	thellungiell a	1770	205	arabidopsis gbl5 7,2 AT1G48210	87,4	blastp
707	trigolgb164 AL822688	trigo	1771	206	trigolgb164 BE445396	92,9	blastp
708	trigolgb164 CD869154	trigo	1772	206	trigolgb164 BE445396	92,9	blastp
709	bananalgb167 ES432415	banana	1773	208	arrozlgb157,2 AU077950	85,3	blastp
710	cevadalgb157,3 BI948762	cevada	1774	208	arrozlgb157,2 AU077950	81,5	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
711	cevadalgb157,3IBJ453298	cevada	1775	208	arrozglb157,2IAU077950	94,2	blastp
712	citricolgb166ICF419725	citrico	1776	208	arrozglb157,2IAU077950	80,8	blastp
713	algodãolgb164IBF277609	algodão	1777	208	arrozglb157,2IAU077950	81,5	blastp
714	galholgb161ICK801460	galho	1778	208	arrozglb157,2IAU077950	91,1	blastp
715	milholgb170IAI619081	milho	1779	208	arrozglb157,2IAU077950	97,7	blastp
716	milholgb170IAW216176	milho	1780	208	arrozglb157,2IAU077950	87,8	blastp
717	milholgb170IBG841543	milho	1781	208	arrozglb157,2IAU077950	97,7	blastp
718	milholgb170IH89383	milho	1782	208	arrozglb157,2IAU077950	86,9	blastp
719	cebolaalgb162ICF447150	cebola	1783	208	arrozglb157,2IAU077950	80	blastp
720	pseudoroegneria gb167IFF343595	pseudoroegneria	1784	208	arrozglb157,2IAU077950	94,2	blastp
721	arrozglb170IOS05G36110	arroz	1785	208	arrozglb157,2IAU077950	86,2	blastp
722	sorgo gb 161 ,crp AI783327	sorgo	1786	208	arrozglb157,2IAU077950	96,5	blastp
723	sorgo gb 161 ,crp H89383	sorgo	1787	208	arrozglb157,2IAU077950	87,9	blastp
724	cana de açúcar gbl57,3 B Q479039	cana de açúcar	1788	208	arrozglb157,2IAU077950	98,1	blastp
725	Panicum virgatum gbl67ID N144476	Panicum virgatum	1789	208	arrozglb157,2IAU077950	96,9	blastp
726	Panicum virgatum gb 167 F E642599	Panicum virgatum	1790	208	arrozglb157,2IAU077950	87,5	blastp
727	trigolgb164IBG909438	trigo	1791	208	arrozglb157,2IAU077950	93,4	blastp
728	trigolgb164ICA497850	trigo	1792	208	arrozglb157,2IAU077950	81,9	blastp
729	trigolgb164ICA658427	trigo	1793	208	arrozglb157,2IAU077950	94,2	blastp
730	cenchruslgb166IEB654920	cenchrus	1794	209	sorgo gbl61,x enolAI901439	82,2	blastp
731	milholgb170IAI855209	milho	1795	209	sorgo gbl61,x enolAI901439	89,4	blastp
732	cana de açúcar gbl57,3 B U102825	cana de açúcar	1796	209	sorgo gbl61,x enolAI901439	96,2	blastp
733	Panicum virgatum gbl 67D N146789	Panicum virgatum	1797	209	sorgo gbl61,x enolAI901439	81,2	blastp
734	milholgb170IAI944302	milho	1798	210	sorgo gbl61,x enolAW052978	93,5	blastp
735	cana de açúcar gbl57,3 B Q534346	cana de açúcar	1799	210	sorgo gbl61,x enolAW052978	93,5	blastp
736	Panicum virgatum gbl 67 F L722616	Panicum virgatum	1800	210	sorgo gbl61,x enolAW052978	86,1	blastp
737	cevadalgb157,3IBE413281	cevada	1801	211	sorgo gbl61,x enolAW055409	88,3	blastp
738	leymuslgb166IEG382167	leymus	1802	211	sorgo gbl61,x enolAW055409	88,5	blastp
739	milholgb170IAI855325	milho	1803	211	sorgo gbl61,x enolAW055409	93,5	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
740	arroz gb 70 OS01G09 010	arroz	1804	211	sorgo gbl61,x enolAW055409	88,8	blastp
741	Panicum virgatum gbl 67D N145994	Panicum virgatum	1805	211	sorgo gbl61,x enolAW055409	93	blastp
742	trigo gb 64 BE414789	trigo	1806	211	sorgo gbl61,x enolAW055409	88,5	blastp
743	cevada gb 57,3 BE43 7905	cevada	1807	212	sorgo gbl61,x enolAI372194	82,43	tblast n
744	brachypodium gbl 169 IBE437905	brachypodium	1808	212	sorgo gbl61,x enolAI372194	80,2	blastp
745	leymus gb 66 EG394 243	leymus	1809	212	sorgo gbl61,x enolAI372194	80,4	blastp
746	milho gb 70 BG320821	milho	1810	212	sorgo gbl61,x enolAI372194	94,5	blastp
747	milho gb 70 LLT233 30	milho	1811	212	sorgo gbl61,x enolAI372194	96,2	blastp
748	arroz gb 70 OS08G45 240	arroz	1812	212	sorgo gbl61,x enolAI372194	82,2	blastp
749	cana de açúcar gbl57,3 C A073529	cana de açúcar	1813	212	sorgo gbl61,x enolAI372194	97,9	blastp
750	Panicum virgatum gbl 67D N145055	Panicum virgatum	1814	212	sorgo gbl61,x enolAI372194	94,9	blastp
751	trigo gb 64 BE404004	trigo	1815	212	sorgo gbl61,x enolAI372194	81,59	tblast n
752	milho gb 70 AI939746	milho	1816	213	arroz gb 57,2 BI805136	80	blastp
753	arroz gb 70 OS08G44 840	arroz	1817	213	arroz gb 57,2 BI805136	99,8	blastp
754	trigo gb 64 BE400051	trigo	1818	213	arroz gb 57,2 BI805136	80,54	tblast n
755	cevada gb 57,3 AL50 6838	cevada	1819	214	milho gb 64 AW054475	86,9	blastp
756	brachypodium gbl 169 IBE406703	brachypodium	1820	214	milho gb 64 AW054475	90,9	blastp
757	arroz gb 70 OS01G13 730	arroz	1821	214	milho gb 64 AW054475	92,7	blastp
758	sorgo gb 161 ,crp AI739896	sorgo	1822	214	milho gb 64 AW054475	97,8	blastp
759	cana de açúcar gbl57,3 B Q479038	cana de açúcar	1823	214	milho gb 64 AW054475	97,8	blastp
760	Panicum virgatum gbl67 F E622691	Panicum virgatum	1824	214	milho gb 64 AW054475	95,1	blastp
761	trigo gb 64 BE406703	trigo	1825	214	milho gb 64 AW054475	86,7	blastp
762	maçã gb 57,3 AU301405	maçã	1826	215	sojagbl66 W350050	93,1	blastp
763	arabidopsis gb 165 A T2G27600	arabidopsis	1827	215	sojagbl66 W350050	91	blastp
764	b rapa gb 62 CV546524	b rapa	1828	215	sojagbl66 W350050	90,6	blastp
765	b rapa gb 62 EX019335	b rapa	1829	215	sojagbl66 W350050	89,9	blastp
766	cevada gb 57,3 BE43 8944	cevada	1830	215	sojagbl66 W350050	87,5	blastp
767	basilicum gb 57,3 D Y330212	basilicum	1831	215	sojagbl66 W350050	88	blastp
768	feijão gb 67 ICA8968 47	feijão	1832	215	sojagbl66 W350050	98,4	blastp
769	brachypodium gbl 169 IBE405668	brachypodium	1833	215	sojagbl66 W350050	87,9	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
770	cacaulgb167ICA7943 07	cacau	1834	215	sojagbl66 W350050	A 93,1	blastp
771	canolagbl61ICD814779	cañóla	1835	215	sojagbl66 W350050	A 88,7	blastp
772	canolagbl61IDY024749	cañóla	1836	215	sojagbl66 W350050	A 90,8	blastp
773	mamonagbl60IEG661556	mamona	1837	215	sojagbl66 W350050	A 93,1	blastp
774	castanhalgb170ISRR0 06295S0002595	castanha	1838	215	sojagbl66 W350050	A 92,9	blastp
775	citricolgb166ICF8303 44	citrico	1839	215	sojagbl66 W350050	A 93,8	blastp
776	algodãolgb164IAI7263 26	algodão	1840	215	sojagbl66 W350050	A 94	blastp
777	algodãolgb164IAI7296 50	algodão	1841	215	sojagbl66 W350050	A 91,5	blastp
778	algodãolgb164IAI7314 87	algodão	1842	215	sojagbl66 W350050	A 89,5	blastp
779	algodãolgb164IAI7316 57	algodão	1843	215	sojagbl66 W350050	A 92,2	blastp
780	cowpeagbl66 FF395986	cowpea	1844	215	sojagbl66 W350050	A 94,2	blastp
781	iceplantlgb164IAF165422	iceplant	1845	215	sojagbl66 W350050	A 91,3	blastp
782	alfacelgb157,2IDW049083	alface	1846	215	sojagbl66 W350050	A 90,8	blastp
783	alfacelgb157,2IDW059917	alface	1847	215	sojagbl66 W350050	A 83,9	blastp
784	milholgb170IAI615072	milho	1848	215	sojagbl66 W350050	A 89,9	blastp
785	milholgb170IAI714627	milho	1849	215	sojagbl66 W350050	A 89,7	blastp
786	medicago gbl 57,2A W329426	medicago	1850	215	sojagbl66 W350050	A 91,94	blast n
787	pinheirolgb157,2IAL751 019	pinheiro	1851	215	sojagbl66 W350050	A 88,2	blastp
788	pinheirolgb157,2IBE643 751	pinheiro	1852	215	sojagbl66 W350050	A 86,8	blastp
789	álamolgb170IAI166646	álamo	1853	215	soja gbl66 W350050	A 91,7	blastp
790	álamolgb170IBI069748	álamo	1854	215	soja gbl66 W350050	A 90,8	blastp
791	álamolgb170IBI070062	álamo	1855	215	soja gbl66 W350050	A 81,7	blastp
792	álamolgb170ICN549423	álamo	1856	215	soja gbl66 W350050	A 81,6	blastp
793	batatalgb157,2IBG096555	batata	1857	215	soja gbl66 W350050	A 87,4	blastp
794	batatalgb157,2IBI177056	batata	1858	215	soja gbl66 W350050	A 90,8	blastp
795	arrozlgb170IOS01G04 814	arroz	1859	215	soja gbl66 W350050	A 90,8	blastp
796	sorgo gb 161 ,crp B E366383	sorgo	1860	215	soja gbl66 W350050	A 90,6	blastp
797	sojalgb168IAW329426	soja	1861	215	soja gbl66 W350050	A 94	blastp
798	sojalgb168IAW719488	soja	1862	215	soja gbl66 W350050	A 94	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
799	sojalgb168 AW719867	soja	1863	215	soja gbl66 W350050	97,5	blastp
800	spikemoss gbl 65 FE 429017	spikemoss	1864	215	soja gbl66 W350050	85,3	blastp
801	abetolgb162 C0217587	abeto	1865	215	soja gbl66 W350050	88,2	blastp
802	morango gbl 64 CO 816822	morango	1866	215	soja gbl66 W350050	92,4	blastp
803	cana de açúcar gbl57,3 B Q533539	cana de açúcar	1867	215	soja gbl66 W350050	90,6	blastp
804	girassol gb 162 CD 849902	girassol	1868	215	soja gbl66 W350050	90,57	tblast n
805	girassol gbl62 DY 927633	girassol	1869	215	soja gbl66 W350050	82,3	blastp
806	Panicum virgatum gbl67D N142133	Panicum virgatum	1870	215	soja gbl66 W350050	90,3	blastp
807	tomatlgbl64 AI637361	tomate	1871	215	soja gbl66 W350050	90,6	blastp
808	tomatlgbl64 BE459090	tomate	1872	215	soja gbl66 W350050	87,2	blastp
809	triphysarialgbl 64 DR 175699	triphysaria	1873	215	soja gbl66 W350050	90,3	blastp
810	trigolgb164 BE405903	trigo	1874	215	soja gbl66 W350050	87,9	blastp
811	milholgb170 BG316566	milho	1875	267	sorgo gbl61,x enolBE599042	98,87	tblast n
811	milholgb170 BG316566	milho	1875	216	sorgo gbl61,c rplBE599042	96,8	blastp
812	arrozglb170 OSHG10420	arroz	1876	267	sorgo gbl61,x enolBE599042	93,57	tblast n
812	arrozglb170 OSHG10420	arroz	1876	216	sorgo gbl61,c rplBE599042	88	blastp
813	aquilegia gbl57,3 D R921243	aquilegia	1877	217	milholgb164 BQ 279657	80,7	blastp
814	abacate gb164 CK766314	abacate	1878	217	milholgb164 BQ 279657	80,5	blastp
815	brachypodium gbl 169 BE492967	brachypodium	1879	217	milholgb164 BQ 279657	85,7	blastp
815	brachypodium gbl 169 BE492967	brachypodium	1879	227	sorgogbl61,x enolBQ279657	84,7	blastp
816	mamonalgb160 IEE 255906	mamona	1880	217	milholgb164 BQ 279657	81,3	blastp
816	mamonalgb160 IEE 255906	mamona	1880	227	sorgogbl61,x enolBQ279657	81	blastp
817	centaurealgb166 EH 728846	centaurea	1881	217	milholgb164 BQ 279657	80,08	tblast n
818	castanhalgb170 SRR 006295S0011600	castanha	1882	217	milholgb164 BQ 279657	81,3	blastp
818	castanhalgb170 SRR 006295S0011600	castanha	1882	227	sorgogbl61,x enolBQ279657	80,6	blastp
819	citricolgb166 CB305147	citrico	1883	227	sorgogbl61,x enolBQ279657	81,4	blastp
819	citricolgb166 CB305147	citrico	1883	217	milholgb164 BQ 279657	81,3	blastp
820	algodãolgb164 C0121350	algodão	1884	217	milholgb164 BQ 279657	82,4	tblast n
820	algodãolgb164 C0121350	algodão	1884	227	sorgogbl61,x enolBQ279657	81,41	tblast n

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
821	kiwilgb166IFG403767	kiwi	1885	217	milholgb164IBQ279657	80,5	blastp
822	leymus gb 166 EG376 319	leymus	1886	217	milholgb164IBQ279657	90,3	blastp
822	leymus gb 166 EG376 319	leymus	1886	227	sorgogbl61,x enolBQ279657	89,6	blastp
823	mamãolgb165IEX229 221	mamão	1887	217	milholgb164IBQ279657	81,3	blastp
823	mamãolgb165IEX229 221	mamão	1887	227	sorgogbl61,x enolBQ279657	81	blastp
824	batatalgb157,2IBE341318	batata	1888	217	milholgb164IBQ279657	81,3	blastp
824	batatalgb157,2IBE341318	batata	1888	227	sorgogbl61,x enolBQ279657	81,3	blastp
825	pseudoroegneria gb1 67IFF342296	pseudoroegneria	1889	217	milholgb164IBQ279657	89,9	blastp
825	pseudoroegneria gb1 67IFF342296	pseudoroegneria	1889	227	sorgogbl61,x enolBQ279657	89,2	blastp
826	arrozlgb170IOS03G21 914	arroz	1890	217	milholgb164IBQ279657	90,6	blastp
826	arrozlgb170IOS03G21 914	arroz	1890	227	sorgogbl61,x enolBQ279657	89,9	blastp
827	arrozlgb170IOS03G50 620	arroz	1891	217	milholgb164IBQ279657	88,2	blastp
827	arrozlgb170IOS03G50 620	arroz	1891	227	sorgogbl61,x enolBQ279657	87,2	blastp
828	cana de açúcar gbl57,3 B Q536934	cana de açúcar	1892	227	sorgogbl61,x enolBQ279657	99,3	blastp
828	cana de açúcar gbl57,3 B Q536934	cana de açúcar	1892	217	milholgb164IBQ279657	98,1	blastp
829	cana de açúcar gbl57,3 C A096803	cana de açúcar	1893	227	sorgo gbl61,x enolBQ279657	98,9	blastp
829	cana de açúcar gbl57,3 C A096803	cana de açúcar	1893	217	milholgb164IBQ279657	97,8	blastp
830	girassol gb 162 BU018368	girassol	1894	217	milholgb164IBQ279657	80,2	blastp
831	Panicum virgatum gbl 67 F L773351	Panicum virgatum	1895	227	sorgo gbl61,x enolBQ279657	94,8	blastp
831	Panicum virgatum gb 167 F L773351	Panicum virgatum	1895	217	milholgb164IBQ279657	94	blastp
832	tabacolgb162IDV158876	tobáceo	1896	217	milholgb164IBQ279657	80,9	blastp
832	tabacolgb162IDV158876	tobáceo	1896	227	sorgo gbl61,x enolBQ279657	80,2	blastp
833	tomatelgb164IBG124565	tomate	1897	217	milholgb164IBQ279657	80,9	blastp
833	tomatelgb164IBG124565	tomate	1897	227	sorgo gbl61,x enolBQ279657	80,6	blastp
834	trigolgb164IBE492967	trigo	1898	217	milholgb164IBQ279657	89,9	blastp
834	trigolgb164IBE492967	trigo	1898	227	sorgo gbl61,x enolBQ279657	89,2	blastp
835	trigolgb164IBQ168983	trigo	1899	217	milholgb164IBQ279657	90,3	blastp
835	trigolgb164IBQ168983	trigo	1899	227	sorgo gbl61,x enolBQ279657	89,6	blastp
836	galholgb161ICK801026	galho	1900	218	cevadalgb157,2IAJ234408	87	blastp
837	pseudoroegneria gb1 67IFF340368	pseudoroegneria	1901	218	cevadalgb157,2IAJ234408	92,1	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
838	arroz gb 70 OS07G05 360	arroz	1902	218	cevadalgb 57,2 AJ234408	81,2	blastp
839	trigo gb 64 BE213379	trigo	1903	218	cevadalgb 57,2 AJ234408	92,1	blastp
840	trigo gb 64 BE401132	trigo	1904	218	cevadalgb 57,2 AJ234408	90	blastp
841	trigo gb 64 BE401288	trigo	1905	218	cevadalgb 57,2 AJ234408	90,7	blastp
842	trigo gb 64 CA654680	trigo	1906	218	cevadalgb 57,2 AJ234408	84,89	tblast n
843	trigo gb 64 CA695915	trigo	1907	218	cevadalgb 57,2 AJ234408	88,49	tblast n
844	milho gb 70 AW433364	milho	1908	219	sorgo gbl61,x enolAW923729	87,9	blastp
845	sorgo gb 161 ,crp AW922411	sorgo	1909	219	sorgo gbl61,x enolAW923729	81,1	blastp
846	cana de açúcar gb 57,3 C A068925	cana de açúcar	1910	219	sorgo gbl61,x enolAW923729	91,1	blastp
847	Panicum virgatum gb 67D N144528	Panicum virgatum	1911	219	sorgo gbl61,x enolAW923729	86,8	blastp
848	Panicum virgatum gb 67D N144587	Panicum virgatum	1912	219	sorgo gbl61,x enolAW923729	85,8	blastp
849	Panicum virgatum gb 67 F L758275	Panicum virgatum	1913	219	sorgo gbl61,x enolAW923729	80,1	blastp
850	mamona gb 60 M DL29813M001539	mamona	1914	221	arabidopsis gb 57,2 AT1G13980	83,3	blastp
851	álamo gb 70 BU886496	álamo	1915	221	arabidopsis gb 57,2 AT1G13980	82	blastp
852	soja gb 68 BM308552	soja	1916	221	arabidopsis gb 57,2 AT1G13980	81,2	blastp
853	milho gb 70 BM072861	milho	1917	226	sorgo gbl61,x enolBI139559	95,5	blastp
854	arroz gb 70 OS01G07 200	arroz	1918	226	sorgo gbl61,x enolBI139559	83,5	blastp
855	cana de açúcar gb 57,3 C AI 12539	cana de açúcar	1919	226	sorgo gbl61,x enolBI139559	88,25	tblast n
856	cevada gb 57,3 BE41 2997	cevada	1920	228	sorgo gbl61,x enolAF019147	84,1	blastp
857	brachypodium gb 169 BE403874	brachypodium	1921	228	sorgo gbl61,x enolAF019147	83	blastp
858	galho gb 61 DT680716	galho	1922	228	sorgo gbl61,x enolAF019147	81	blastp
859	leymus gb 66 CN466335	leymus	1923	228	sorgo gbl61,x enolAF019147	83,4	blastp
860	milho gb 70 AF019147	milho	1924	228	sorgo gbl61,x enolAF019147	91,7	blastp
861	milho gb 70 AI948311	milho	1925	228	sorgo gbl61,x enolAF019147	90	blastp
862	arroz gb 70 OS04G55 650	arroz	1926	228	sorgo gbl61,x enolAF019147	85,2	blastp
863	cana de açúcar gb 57,3 B Q536348	cana de açúcar	1927	228	sorgo gbl61,x enolAF019147	97,9	blastp
864	Panicum virgatum gb 67D N140659	Panicum virgatum	1928	228	sorgo gbl61,x enolAF019147	91,8	blastp
865	Panicum virgatum gb 67D N141292	Panicum virgatum	1929	228	sorgo gbl61,x enolAF019147	90,8	blastp
866	trigo gb 64 BE403874	trigo	1930	228	sorgo gbl61,x enolAF019147	83,9	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
867	trigolgb164 BE405077	trigo	1931	228	sorgo gbl61,x enolAF019147	84,5	blastp
868	b rapalgb162 EX027120	b_rapa	1932	229	canolalgb161 EE559843	94,1	blastp
869	brachypodium gbl169 BF202681	brachypodium	1933	230	cevadalgb157,3 BE420701	90,9	blastp
870	milholgb170 LLAI629913	milho	1934	230	cevadalgb157,3 BE420701	87	blastp
871	pseudoroegneria gbl167 FF340034	pseudoroegneria	1935	230	cevadalgb157,3 BE420701	96,8	blastp
872	arrozlgb170 OS07G44660	arroz	1936	230	cevadalgb157,3 BE420701	88,6	blastp
873	sorgo gb 161 ,crp AW282627	sorgo	1937	230	cevadalgb157,3 BE420701	88,3	blastp
874	Panicum virgatum gb 167 F E609054	Panicum virgatum	1938	230	cevadalgb157,3 BE420701	88,1	blastp
875	brachypodium gbl169 BE421829	brachypodium	1939	231	cevadalgb157,3 BE421829	90,2	blastp
875	brachypodium gbl169 BE421829	brachypodium	1939	235	arrozlgb157,2 AU057884	82,6	blastp
875	brachypodium gbl169 BE421829	brachypodium	1939	261	sorgogbl61,x enolAI622209	81,1	blastp
876	galholgb161 DT679850	galho	1940	231	cevadalgb157,3 BE421829	95,3	blastp
876	galholgb161 DT679850	galho	1940	235	arrozlgb157,2 AU057884	84,1	blastp
876	galholgb161 DT679850	galho	1940	261	sorgogbl61,x enolAI622209	81,6	blastp
877	leymusgbl66 EG396605	leymus	1941	231	cevadalgb157,3 BE421829	96,3	blastp
877	leymusgbl66 EG396605	leymus	1941	235	arrozlgb157,2 AU057884	83,6	blastp
877	leymusgbl66 EG396605	leymus	1941	261	sorgogbl61,x enolAI622209	83,1	blastp
878	milholgb170 AI622209	milho	1942	261	sorgogbl61,x enolAI622209	94	blastp
878	milholgb170 AI622209	milho	1942	235	arrozlgb157,2 AU057884	82,9	blastp
878	milholgb170 AI622209	milho	1942	231	cevadalgb157,3 BE421829	81,8	blastp
879	cana de açucargbl157,3 C A123704	cana de açucar	1943	261	sorgogbl61,x enolAI622209	93,5	blastp
879	cana de açucargbl157,3 C A123704	cana de açucar	1943	231	cevadalgb157,3 BE421829	86,5	blastp
879	cana de açucargbl157,3 C A123704	cana de açucar	1943	235	arrozlgb157,2 AU057884	84,6	blastp
880	Panicum virgatum gbl67 F E619680	Panicum virgatum	1944	261	sorgogbl61,x enolAI622209	91	blastp
880	Panicum virgatum gb 167 F E619680	Panicum virgatum	1944	235	arrozlgb157,2 AU057884	85,4	blastp
880	Panicum virgatum gb 167 F E619680	Panicum virgatum	1944	231	cevadalgb157,3 BE421829	82,7	blastp
881	Panicum virgatum gbl67 F E630609	Panicum virgatum	1945	261	sorgogbl61,x enolAI622209	89,6	blastp
881	Panicum virgatum gbl67 F E630609	Panicum virgatum	1945	235	arrozlgb157,2 AU057884	84	blastp
881	Panicum virgatum gbl67 F E630609	Panicum virgatum	1945	231	cevadalgb157,3 BE421829	81,9	blastp
882	trigolgb164 BE497607	trigo	1946	231	cevadalgb157,3 BE421829	96,8	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
882	trigolgb164 BE497607	trigo	1946	235	arrozglb157,2 AU057884	84,6	blastp
882	trigolgb164 BE497607	trigo	1946	261	sorgogbl61,x enolAI622209	82,6	blastp
883	trigolgb164 BF428660	trigo	1947	231	cevadalgb157,3 BE421829	96,8	blastp
883	trigolgb164 BF428660	trigo	1947	235	arrozglb157,2 AU057884	85,6	blastp
883	trigolgb164 BF428660	trigo	1947	261	sorgogbl61,x enolAI622209	82,6	blastp
884	cevadalgb157,3 BE411922	cevada	1948	232	sorgogbl61,x enolAA011880	81	blastp
885	brachypodium gbl169 BE398696	brachypodium	1949	232	sorgogbl61,x enolAA011880	82,3	blastp
886	cenchrusgbl66 EB652789	cenchrus	1950	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	92,3	blastp
887	algodãogbl64 DT574337	algodão	1951	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	95,9	blastp
888	leymusgbl66 CN465754	leymus	1952	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	81,1	blastp
889	milholgb170 AA011880	milho	1953	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	95,9	blastp
890	milholgb170 LLCD979368	milho	1954	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	95,9	blastp
891	pseudoroegneria gbl167 FF344484	pseudoroegneria	1955	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	83,3	blastp
892	arrozglb170 OS07G46750	arroz	1956	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	87,9	blastp
893	cana de açúcar gbl157,3 B Q535840	cana de açúcar	1957	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	97,3	blastp
894	cana de açúcar gbl157,3 B Q536355	cana de açúcar	1958	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	94	blastp
895	cana de açúcar gbl157,3 C A065609	cana de açúcar	1959	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	83,94	blast n
896	cana de açúcar gbl157,3 C A075754	cana de açúcar	1960	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	93,3	blastp
897	cana de açúcar gbl157,3 C A078921	cana de açúcar	1961	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	98,6	blastp
898	Panicum virgatum gbl67D N141728	Panicum virgatum	1962	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	91,5	blastp
899	Panicum virgatum gbl67D N145078	Panicum virgatum	1963	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	92,4	blastp
900	trigolgb164 BE398306	trigo	1964	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	82,8	blastp
901	trigolgb164 BE398696	trigo	1965	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	81,4	blastp
902	trigolgb164 BE423010	trigo	1966	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	82,8	blastp
903	trigolgb164 CA484184	trigo	1967	232	sorgo gbl61,x enolAA011880	97,7	blastp
904	cevadalgb157,3 BE413465	cevada	1968	233	arrozglb157,2 BE229552	87,4	blastp
905	brachypodium gbl169 BE413465	brachypodium	1969	233	arrozglb157,2 BE229552	86,5	blastp
906	leymusgbl66 EG379179	leymus	1970	233	arrozglb157,2 BE229552	87,1	blastp
907	milholgb170 T26952	milho	1971	233	arrozglb157,2 BE229552	87,7	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
908	sorgo gb 161 ,crp B G549557	sorgo	1972	233	arrozglb157,2IBE2 29552	87,7	blastp
909	cana de açúcar gb157,3 C A099583	cana de açúcar	1973	233	arrozglb157,2IBE2 29552	88,3	blastp
910	Panicum virgatum gb 167 F E610789	Panicum virgatum	1974	233	arrozglb157,2IBE2 29552	85,6	blastp
911	Panicum virgatum gb167 F L748149	Panicum virgatum	1975	233	arrozglb157,2IBE2 29552	88	blastp
912	trigolgb164IBE4303 30	trigo	1976	233	arrozglb157,2IBE2 29552	86,83	tblast n
913	trigolgb164IBE4901 64	trigo	1977	233	arrozglb157,2IBE2 29552	87,1	blastp
914	trigolgb164IBF2010 86	trigo	1978	233	arrozglb157,2IBE2 29552	87,4	blastp
915	amborellalgb166ICD 484126	amborella	1979	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96	blastp
916	amborellalgb166ICK 760819	amborella	1980	234	arrozglb157,2IBE0 39784	97,4	blastp
917	antirrhinumlgb166IA J558674	antirrhinum	1981	234	arrozglb157,2IBE0 39784	89,4	blastp
918	antirrhinumlgb166IA J559850	antirrhinum	1982	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
919	antirrhinumlgb166IA J787300	antirrhinum	1983	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
920	antirrhinumlgb166IA J789533	antirrhinum	1984	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
921	maçãlgb157,3ICN48 9349	maçã	1985	234	arrozglb157,2IBE0 39784	90,7	blastp
922	maçãlgb157,3ICN49 6576	maçã	1986	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
923	maçãlgb157,3ICN99 5013	maçã	1987	234	arrozglb157,2IBE0 39784	90,7	blastp
924	apricotlgb157,2ICB8 19597	apricot	1988	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
925	apricotlgb157,2ICV0 44080	apricot	1989	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
926	aquilegia gb157,3 D R915026	aquilegia	1990	234	arrozglb157,2IBE0 39784	94,7	blastp
927	arabidopsis gb165 A T2G36160	arabidopsis	1991	234	arrozglb157,2IBE0 39784	90,7	blastp
928	arabidopsis gb165 A T3G11510	arabidopsis	1992	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
929	arabidopsis gb165 A T3G52580	arabidopsis	1993	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
930	artemisialgb164IEY0 33322	artemisia	1994	234	arrozglb157,2IBE0 39784	89,4	blastp
931	artemisialgb164IEY0 38655	artemisia	1995	234	arrozglb157,2IBE0 39784	88,1	blastp
932	artemisialgb164IEY0 50701	artemisia	1996	234	arrozglb157,2IBE0 39784	89,4	blastp
933	abacatelgb164ICK75 3882	abacate	1997	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
934	bJuncea1gb164IEVG N00033609170815	bjuncea	1998	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
935	bJuncea1gb164IEVG N00191625522759	bjuncea	1999	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
936	bJuncea1gb164IEVG N00422623890637	bjuncea	2000	234	arrozglb157,2IBE0 39784	84,8	blastp
937	bJuncea1gb164IEVG N00544912222373	bjuncea	2001	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
938	bJuncealgb164IEVG N00716011751939	bjuncea	2002	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
939	bJuncealgb164IEVG N00888211982122	bjuncea	2003	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
940	bJuncealgb164IEVG N01248609033239	bjuncea	2004	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
941	b_oleracealgb161ID Y026232	b_oleracea	2005	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
942	b_oleracealgb161ID Y026495	b_oleracea	2006	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
943	b_oleracealgb161ID Y026867	b_oleracea	2007	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
944	b_oleracealgb161ID Y027139	b_oleracea	2008	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
945	b_oleracealgb161ID Y028093	b_oleracea	2009	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
946	b_oleracea gbl 6 ÍES 942246	b_oleracea	2010	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
947	b rapalgb162IBG544 390	b_rapa	2011	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
948	b rapalgb162ICA992 255	b_rapa	2012	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
949	b rapalgb162ICV433 769	b_rapa	2013	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
950	b rapalgb162ICV433 783	b_rapa	2014	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
951	b rapalgb162ICX265 694	b_rapa	2015	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
952	b rapalgb162ICX270 276	b_rapa	2016	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
953	b rapalgb162ICX270 426	b_rapa	2017	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
954	b rapalgb162IDY008 989	b_rapa	2018	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
955	b rapalgb162IEE525 926	b_rapa	2019	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
956	b rapalgb162IL3366 1	b_rapa	2020	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
957	bananalgb167IDN24 0239	banana	2021	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96,7	blastp
958	bananalgb167IES433 381	banana	2022	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96,7	blastp
959	bananalgb167IFF558 372	banana	2023	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96,7	blastp
960	bananalgb167IFF558 518	banana	2024	234	arrozglb157,2IBE0 39784	97,4	blastp
961	bananalgb167IFL662 140	banana	2025	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
962	cevadalgb157,3IAL5 0 1882	cevada	2026	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96	blastp
963	cevadalgb157,3IBE4 1 2576	cevada	2027	234	arrozglb157,2IBE0 39784	97,4	blastp
964	cevadalgb157,3IBQ7 6 8399	cevada	2028	234	arrozglb157,2IBE0 39784	82,8	blastp
965	cevadalgb157,3IDN1 8 3050	cevada	2029	234	arrozglb157,2IBE0 39784	80,9	blastp
966	basilicumglb157,3ID Y331402	basilicum	2030	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
967	basilicumglb157,3 D Y344099	basilicum	2031	234	arrozglb157,2IBE0 39784	90,1	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
968	feijãolgb167ICA897 1 10	feijão	2032	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
969	feijãolgb167ICA897 1 13	feijão	2033	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
970	beterrabalgb162IBQ0 6048 7	beterraba	2034	234	arrozglb157,2IBE0 39784	94	blastp
971	brachypodium gbl 169 IBE398957	brachypodi um	2035	234	arrozglb157,2IBE0 39784	94,04	tblast n
972	brachypodium gbl 169 IBE402469	brachypodi um	2036	234	arrozglb157,2IBE0 39784	97,35	tblast n
973	brachypodium gbl 169 IBE403589	brachypodi um	2037	234	arrozglb157,2IBE0 39784	95,4	blastp
974	brachypodium gbl 169 IBE406789	brachypodi um	2038	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96,7	blastp
975	bruguiera gbl 66 BP9 49576	bruguiera	2039	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,39	tblast n
976	cacaulgb167ICA796 5 67	cacau	2040	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
977	cacaulgb167ICU473 3 26	cacau	2041	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
978	canolalgb161IAY196 093	cañóla	2042	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
979	canolalgb161ICD811 632	cañóla	2043	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
980	canolalgb161ICD812 906	cañóla	2044	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
981	canolalgb161ICD820 445	cañóla	2045	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
982	canolalgb161ICD822 523	cañóla	2046	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
983	canolalgb161ICD823 758	cañóla	2047	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
984	canolalgb161ICD827 084	cañóla	2048	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
985	canolalgb161ICD829 044	cañóla	2049	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
986	canolalgb161ICD840 491	cañóla	2050	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
987	canolalgb161ICN730 264	cañóla	2051	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
988	canolalgb161ICN731 838	cañóla	2052	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
989	canolalgb161ICX190 513	cañóla	2053	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
990	canolalgb161ICX280 454	cañóla	2054	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
991	canolalgb161ICX280 565	cañóla	2055	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
992	canolalgb161IH0755 9	cañóla	2056	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
993	mandiocagbl64ICK 64 7007	mandioca	2057	234	arrozglb157,2IBE0 39784	95,4	blastp
994	mandiocagbl64ICK 65 0413	mandioca	2058	234	arrozglb157,2IBE0 39784	95,4	blastp
995	mandiocagbl64ICK 65 2715	mandioca	2059	234	arrozglb157,2IBE0 39784	95,4	blastp
996	mamonalgb160IM DL29693M002016	mamona	2060	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
997	mamonalgb160IT14945	mamona	2061	234	arrozglb157,2IBE039784	93,4	blastp
998	catharanthuslgb166IE G556977	catharanthus	2062	234	arrozglb157,2IBE039784	88,7	blastp
999	catharanthuslgb166IE G557933	catharanthus	2063	234	arrozglb157,2IBE039784	93,4	blastp
1000	cenchrus l gb 16 61EB 6 56767	cenchrus	2064	234	arrozglb157,2IBE039784	94,7	blastp
1001	cenchrus l gb 16 61EB 6 64187	cenchrus	2065	234	arrozglb157,2IBE039784	97,4	blastp
1002	centaurealgb166IEH7 24794	centaurea	2066	234	arrozglb157,2IBE039784	91,4	blastp
1003	centaurealgb166IEH7 39148	centaurea	2067	234	arrozglb157,2IBE039784	91,4	blastp
1004	centaurealgb166IEH7 48001	centaurea	2068	234	arrozglb157,2IBE039784	90,7	blastp
1005	centaurealgb166IEH7 53801	centaurea	2069	234	arrozglb157,2IBE039784	91,4	blastp
1006	centaurealgb166IEH7 80000	centaurea	2070	234	arrozglb157,2IBE039784	91,4	blastp
1007	cerejalgb157,2IEE488074	cereja	2071	234	arrozglb157,2IBE039784	92,05	tblast n
1008	castanhalgb170ISRR0 06295S0002784	castanha	2072	234	arrozglb157,2IBE039784	94	blastp
1009	castanhalgb170ISRR0 06295S0004532	castanha	2073	234	arrozglb157,2IBE039784	93,4	blastp
1010	castanhalgb170ISRR0 06295S0010942	castanha	2074	234	arrozglb157,2IBE039784	94	blastp
1011	chlamydomonaslgb162IAW676072	chlamydomonas	2075	234	arrozglb157,2IBE039784	85,6	blastp
1012	cichoriumlgb166IDT211087	cichorium	2076	234	arrozglb157,2IBE039784	89,4	blastp
1013	cichoriumlgb166IDT214005	cichorium	2077	234	arrozglb157,2IBE039784	91,4	blastp
1014	cichoriumlgb166IEL356717	cichorium	2078	234	arrozglb157,2IBE039784	91,4	blastp
1015	cichoriumlgb166IEL365574	cichorium	2079	234	arrozglb157,2IBE039784	91,4	blastp
1016	citricolgb166IBQ6232 92	citrico	2080	234	arrozglb157,2IBE039784	94,7	blastp
1017	citricolgb166IBQ6241 14	citrico	2081	234	arrozglb157,2IBE039784	93,4	blastp
1018	coffealgb157,2IBQ44 9109	cofea	2082	234	arrozglb157,2IBE039784	93,4	blastp
1019	coffealgb157,2IDV67 3676	cofea	2083	234	arrozglb157,2IBE039784	92,7	blastp
1020	algodãolgb164IAI7268 45	algodão	2084	234	arrozglb157,2IBE039784	92,7	blastp
1021	algodãolgb164IAI7300 68	algodão	2085	234	arrozglb157,2IBE039784	92,1	blastp
1022	algodãolgb164IBE054 711	algodão	2086	234	arrozglb157,2IBE039784	92,7	blastp
1023	algodãolgb164IBF2716 77	algodão	2087	234	arrozglb157,2IBE039784	92,1	blastp
1024	algodãolgb164ICD485 874	algodão	2088	234	arrozglb157,2IBE039784	81,46	tblast n
1025	algodãolgb164IDV849 004	algodão	2089	234	arrozglb157,2IBE039784	92,1	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
1026	algodão gb 64 IES79 29 38	algodão	2090	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	92,1	blastp
1027	cowpea gb 66 FC45 9672	cowpea	2091	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	91,4	blastp
1028	cowpea gb 66 FF38 4 317	cowpea	2092	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	81,6	blastp
1029	cowpea gb 66 FF385 803	cowpea	2093	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	91,4	blastp
1030	cowpea gb 66 FF389 079	cowpea	2094	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	83,4	blastp
1031	cowpea gb 66 FF391 295	cowpea	2095	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	90,7	blastp
1032	cryptomeria gb 66 B P173938	cryptomeria	2096	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	92,7	blastp
1033	cryptomeria gb 66 B W994122	cryptomeria	2097	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	92,7	blastp
1034	cycas gb 66 EX9236 16	cycas	2098	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	92,1	blastp
1035	cycas gb 66 EX9249 38	cycas	2099	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	91,39	tblast n
1036	cynara gb 67 GE586 142	cynara	2100	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	91,4	blastp
1037	cynara gb 67 GE586 173	cynara	2101	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	91,4	blastp
1038	cynara gb 67 GE591 726	cynara	2102	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	90,1	blastp
1039	dente de leão gb 61 DY 804347	dente de leão	2103	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	91,4	blastp
1040	dente de leão gb 61 DY 807877	dente de leão	2104	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	91,4	blastp
1041	eucalipto gb 66 CB 967799	eucalipto	2105	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	94,7	blastp
1042	eucalipto gb 66 CT 980941	eucalipto	2106	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	94,7	blastp
1043	galho gb 61 DT679 829	galho	2107	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	98	blastp
1044	galho gb 61 DT682 674	galho	2108	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	96	blastp
1045	galho gb 61 DT688 310	galho	2109	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	98	blastp
1046	flax gb 57,3 CV478 8 13	flax	2110	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	89,4	tblast n
1047	gengibre gb 64 DY3 72 231	gengibre	2111	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	97,4	blastp
1048	uva gb 60 BQ7960 73	uva	2112	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	94,7	blastp
1049	uva gb 60 BQ7963 30	uva	2113	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	93,4	blastp
1050	uva gb 60 BQ8001 80	uva	2114	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	94	blastp
1051	iceplant gb 64 BE03 4755	iceplant	2115	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	93,4	blastp
1052	iceplant gb 64 CA83 3881	iceplant	2116	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	92,7	blastp
1053	ipomoea gb 57,2 BJ 554031	ipomoea	2117	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	94,7	blastp
1054	ipomoea gb 57,2 BJ 555694	ipomoea	2118	234	arroz gb 57,2 BE0 39784	92,72	tblast n

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
1055	ipomoea gbl 57,2 BJ 557693	ipomoea	2119	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	94,7	blastp
1056	ipomoea gbl 57,2 BU 691365	ipomoea	2120	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	94	blastp
1057	kiwilgbl66lFG40465 8	kiwi	2121	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,7	blastp
1058	kiwilgbl66lFG40474 6	kiwi	2122	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,1	blastp
1059	kiwilgbl66lFG40806 3	kiwi	2123	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	94	blastp
1060	alface gbl57,2IDW0 78606	alface	2124	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	91,4	blastp
1061	leymus gbl66lEG38 8 410	leymus	2125	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	96	blastp
1062	liriodendron gb 166 C K743464	liriodendron	2126	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	94,7	blastp
1063	liriodendron gb 166 C 0998653	liriodendron	2127	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	93,4	blastp
1064	lótus gbl57,2IAI967 817	lótus	2128	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	90,1	blastp
1065	lótus gbl57,2ICB826 697	lótus	2129	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	89,4	blastp
1066	lovegrass gbl67 DN 4 80258	lovegrass	2130	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	99,3	blastp
1067	lovegrass gb 167 EH1 83996	lovegrass	2131	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	98,7	blastp
1068	milholgbl70 AI6123 06	milho	2132	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	97,4	blastp
1069	milholgbl70 AI9670 32	milho	2133	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	98,7	blastp
1070	milholgbl70 AI9796 79	milho	2134	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	85,71	tblast n
1071	milholgbl70 AW054 617	milho	2135	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	97,4	blastp
1072	milholgbl70 AW165 569	milho	2136	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	97,4	blastp
1073	milholgbl70 LLBU0 37867	milho	2137	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	94,7	tblast n
1074	milholgbl70 LLDQ2 44878	milho	2138	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,7	blastp
1075	milholgbl70 LLDQ2 45962	milho	2139	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,1	blastp
1076	milholgbl70 T18275	milho	2140	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	97,4	blastp
1077	marchantialgb 1661B J 841500	marchantia	2141	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	89,4	blastp
1078	marchantialgbl 66lC9 5799	marchantia	2142	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,1	blastp
1079	medicago gbl57,2 A A660312	medicago	2143	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	89,4	blastp
1080	medicago gbl57,2 A A660491	medicago	2144	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	88,7	blastp
1081	melão gbl65 AM713 905	melón	2145	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	94	blastp
1082	melão gbl65 AM719 737	melón	2146	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	84,1	blastp
1083	melão gbl65 AM719 902	melón	2147	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,76	tblast n
1084	melão gbl65 EB714 362	melón	2148	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	94	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
1085	mesostigma gbl66 D N254866	mesostigma	2149	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	86,3	blastp
1086	painçolglbl61ICD724 7 48	painço	2150	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	96	blastp
1087	painçolglbl61ICD725 3 98	painço	2151	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,72	tblast n
1088	nupharlglbl66ICD47 5 044	nuphar	2152	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	94	blastp
1089	nupharlglbl66ICK75 7 845	nuphar	2153	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	94	blastp
1090	nupharlglbl66ICK76 7 949	nuphar	2154	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	93,4	blastp
1091	carvalholglbl70IDB9 9686 5	carvalho	2155	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	93,4	blastp
1092	carvalholglbl70IDB9 9806 8	carvalho	2156	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	94	blastp
1093	carvalholglbl70IDN9 4973 8	carvalho	2157	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	94	blastp
1094	carvalholglbl66IEL6 81750	carvalho	2158	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	96	blastp
1095	carvalholglbl66IEL9 30220	carvalho	2159	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	96	blastp
1096	carvalholglbl66IEL9 30363	carvalho	2160	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	96	blastp
1097	cebola glbl62IBQ580 0 74	cebola	2161	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	96	blastp
1098	mamãolglbl65IEX23 1 620	mamão	2162	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,7	blastp
1099	mamãolglbl65IEX25 2 393	mamão	2163	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,7	blastp
1100	pêssegolglbl57,2IBU 04 0848	pêssego	2164	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	93,4	blastp
1101	amendoimlglbl67ICD 037 918	amendoim	2165	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,1	blastp
1102	amendoimlglbl67ICX 018 155	amendoim	2166	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,1	blastp
1103	pimentalglbl57,2IBM 0 61978	pimenta	2167	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,1	blastp
1104	pimentalglbl57,2IBM 0 62219	pimenta	2168	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,7	blastp
1105	pimentalglbl57,2IBM 0 66627	pimenta	2169	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,7	blastp
1106	mirtalglbl64IEG 556977	mirta	2170	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	88,7	blastp
1107	mirtalglbl64IEG 557933	mirta	2171	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	93,4	blastp
1108	physcomitre lalglb 15 7IAW127039	physcomitre Ha	2172	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	89,4	tblast n
1109	physcomitre lalglb 15 7IBQ827306	physcomitre Ha	2173	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	88,7	blastp
1110	pinheirolglbl57,2IA W010 184	pinheiro	2174	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,7	blastp
1111	pinheirolglbl57,2IBX 248 872	pinheiro	2175	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	93,4	blastp
1112	pinheirolglbl57,2IBX 251 919	pinheiro	2176	234	arrozglbl57,2IBE0 39784	92,7	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
1113	pinheiro gb 57,2 IDR 102 094	pinheiro	2177	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	82,1	blastp
1114	pinheiro gb 57,2 IH7 5266	pinheiro	2178	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp
1115	álamo gb 70 AI1624 68	álamo	2179	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	96	blastp
1116	álamo gb 70 AI1631 54	álamo	2180	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	93,4	blastp
1117	álamo gb 70 AI1646 14	álamo	2181	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	94	blastp
1118	álamo gb 70 AI1647 59	álamo	2182	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	94,7	blastp
1119	papoula gb 66 FE96 45 30	papoula	2183	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,1	blastp
1120	papoula gb 66 FE96 56 52	papoula	2184	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	91,4	blastp
1121	batata gb 57,2 AW9 06248	batata	2185	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp
1122	batata gb 57,2 BF45 9889	batata	2186	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,1	blastp
1123	batata gb 57,2 BG35 0431	batata	2187	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,1	blastp
1124	batata gb 57,2 BG35 1012	batata	2188	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,1	blastp
1125	batata gb 57,2 BG35 1586	batata	2189	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,05	tblast n
1126	prunus gb 67 BQ641 170	prunus	2190	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp
1127	prunus gb 67 BU040 848	prunus	2191	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	93,4	blastp
1128	pseudoroegneria gb 1 67 IFF343278	pseudoroeg neria	2192	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	97,4	blastp
1129	pseudoroegneria gb 1 67 IFF349878	pseudoroeg neria	2193	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	96	blastp
1130	rabanete gb 64 EV5 27 917	rabanete	2194	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp
1131	rabanete gb 64 EV5 28 399	rabanete	2195	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,1	blastp
1132	rabanete gb 64 EV5 35 656	rabanete	2196	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp
1133	rabanete gb 64 EV5 35 984	rabanete	2197	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp
1134	rabanete gb 64 EV5 38 012	rabanete	2198	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp
1135	rabanete gb 64 EV5 43 948	rabanete	2199	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp
1136	rabanete gb 64 EV5 44 942	rabanete	2200	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp
1137	rabanete gb 64 EV5 45 164	rabanete	2201	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp
1138	rabanete gb 64 EV5 65 378	rabanete	2202	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,05	tblast n
1139	rabanete gb 64 EV5 65 564	rabanete	2203	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp
1140	rabanete gb 64 EV5 65 962	rabanete	2204	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp
1141	rabanete gb 64 EV5 69 172	rabanete	2205	234	arro gb 57,2 IBE0 39784	92,7	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
1142	rabanetelgb164IEV5 71 678	rabanete	2206	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
1143	rabanetelgb164IEW7 14 068	rabanete	2207	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
1144	rabanetelgb164IEW7 15 107	rabanete	2208	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
1145	rabanetelgb164IEW7 15 768	rabanete	2209	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
1146	rabanetelgb164IEX7 55 320	rabanete	2210	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
1147	rabanetelgb164IEX7 62 413	rabanete	2211	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
1148	rabanetelgb164IEX7 62 524	rabanete	2212	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
1149	rabanetelgb164IEX7 62 893	rabanete	2213	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
1150	rabanetelgb164IEY9 02 515	rabanete	2214	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
1151	rabanetelgb164IEY9 16 898	rabanete	2215	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
1152	rabanetelgb164IT251 79	rabanete	2216	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
1153	arrozglb170IOS02G0 6 700	arroz	2217	234	arrozglb157,2IBE0 39784	98	blastp
1154	rosalgb157,2IEC586 0 94	rosa	2218	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
1155	centeiolgb164IBE49 4213	centeio	2219	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96,69	tblast n
1156	safflowerlgb162IEL4 01182	safflower	2220	234	arrozglb157,2IBE0 39784	90,7	blastp
1157	safflowerlgb162IEL4 03588	safflower	2221	234	arrozglb157,2IBE0 39784	90,1	blastp
1158	safflowerlgb162IEL4 08982	safflower	2222	234	arrozglb157,2IBE0 39784	86,09	tblast n
1159	seneciolgb170IDY66 3041	senecio	2223	234	arrozglb157,2IBE0 39784	88,7	blastp
1160	sorgo gb 161 ,crp AW120027	sorgo	2224	234	arrozglb157,2IBE0 39784	98,7	blastp
1161	sorgo gb 161 ,crp B E238630	sorgo	2225	234	arrozglb157,2IBE0 39784	98,7	blastp
1162	sorgo gb 161 ,crp B E367365	sorgo	2226	234	arrozglb157,2IBE0 39784	98,7	blastp
1163	sojalgb168IAI96 7817	soja	2227	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
1164	sojalgb168IAJ38 8676	soja	2228	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
1165	sojalgb168IAW3 49445	soja	2229	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
1166	spikemoss lgb165IDN 837720	spikemoss	2230	234	arrozglb157,2IBE0 39784	87,4	blastp
1167	spikemoss gbl65 FE 450939	spikemoss	2231	234	arrozglb157,2IBE0 39784	87,4	blastp
1168	abetolgb162IC0216 116	abeto	2232	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
1169	abetolgb162IC0227 952	abeto	2233	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
1170	abetolgb162IDR449 297	abeto	2234	234	arrozglb157,2IBE0 39784	84,8	blastp
1171	abetolgb162IDR449 808	abeto	2235	234	arrozglb157,2IBE0 39784	82,1	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
1172	abetolgb162IDR474 303	abeto	2236	234	arrozglb157,2IBE0 39784	80,8	blastp
1173	abetolgb162IDR534 167	abeto	2237	234	arrozglb157,2IBE0 39784	82,1	blastp
1174	abetolgb162IDR579 185	abeto	2238	234	arrozglb157,2IBE0 39784	80,8	blastp
1175	Euphorbialgb161IBE 095 303	Euphorbia	2239	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,72	tblast n
1176	Euphorbialgb161IDV 124 297	Euphorbia	2240	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
1177	morango gbl 64 CO 380977	morango	2241	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
1178	morango gbl64 CO 817246	morango	2242	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
1179	morangolgb 164 EX 670929	morango	2243	234	arrozglb157,2IBE0 39784	85,5	blastp
1180	cana de açúcar gbl57,3 B Q529920	cana de açúcar	2244	234	arrozglb157,2IBE0 39784	97,35	tblast n
1181	cana de açúcar gbl57,3 B Q533000	cana de açúcar	2245	234	arrozglb157,2IBE0 39784	98,7	blastp
1182	cana de açúcar gbl57,3 C A076561	cana de açúcar	2246	234	arrozglb157,2IBE0 39784	97,4	blastp
1183	cana de açúcar gbl57,3 C A102375	cana de açúcar	2247	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96,03	tblast n
1184	cana de açúcar gbl57,3 C A123229	cana de açúcar	2248	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96	blastp
1185	cana de açúcar gbl57,3 C A137141	cana de açúcar	2249	234	arrozglb157,2IBE0 39784	98,7	blastp
1186	cana de açúcar gbl57,3 C A230074	cana de açúcar	2250	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,72	tblast n
1187	girassol gb 162 AJ3 18263	girassol	2251	234	arrozglb157,2IBE0 39784	90,1	Blastp
1188	girassol gb 162 CD 848093	girassol	2252	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
1189	girassol gb 162 CD 848805	girassol	2253	234	arrozglb157,2IBE0 39784	90,1	blastp
1190	girassol gb 162 EL4 30967	girassol	2254	234	arrozglb157,2IBE0 39784	82,8	blastp
1191	Panicum virgatum gbl67D N149917	Panicum virgatum	2255	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96,7	blastp
1192	Panicum virgatum gbl 67D N150990	Panicum virgatum	2256	234	arrozglb157,2IBE0 39784	98,7	blastp
1193	Panicum virgatum gb 167 F E599497	Panicum virgatum	2257	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96	blastp
1194	Panicum virgatum gbl67 F E608350	Panicum virgatum	2258	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96,7	blastp
1195	Panicum virgatum gbl67 F E625398	Panicum virgatum	2259	234	arrozglb157,2IBE0 39784	80,13	tblast n
1196	Panicum virgatum gbl67 F E627660	Panicum virgatum	2260	234	arrozglb157,2IBE0 39784	98,7	blastp
1197	Panicum virgatum gbl67 F E634044	Panicum virgatum	2261	234	arrozglb157,2IBE0 39784	98	blastp
1198	Panicum virgatum gbl67 F E637032	Panicum virgatum	2262	234	arrozglb157,2IBE0 39784	97,4	blastp
1199	Panicum virgatum gbl67 F L948269	Panicum virgatum	2263	234	arrozglb157,2IBE0 39784	82,12	tblast n
1200	Panicum virgatum gbl67 G D043911	Panicum virgatum	2264	234	arrozglb157,2IBE0 39784	80,13	tblast n
1201	tamarix l gb 16 61EG9 6 6933	tamarix	2265	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
1202	tamarix l gb 16 61EG9 7 2900	tamarix	2266	234	arrozglb157,2IBE0 39784	82,8	blastp
1203	thellungiella gb1671 B Y818453	thellungiella	2267	234	arrozglb157,2IBE0 39784	94	blastp
1204	thellungiella gb1671 D N775374	thellungiella	2268	234	arrozglb157,2IBE0 39784	94	blastp
1205	tabacogl62lAM81 6373	tobáceo	2269	234	arrozglb157,2IBE0 39784	81,5	blastp
1206	tabacogl62lCN49 8843	tobáceo	2270	234	arrozglb157,2IBE0 39784	82,2	blastp
1207	tabacogl62lCV01 9114	tobáceo	2271	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
1208	tabacogl62lCV02 0233	tobáceo	2272	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
1209	tabacogl62lCV02 1807	tobáceo	2273	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
1210	tabacogl62lNTU6 6262	tobáceo	2274	234	arrozglb157,2IBE0 39784	90,7	blastp
1211	tomatogl64lBG123 159	tomate	2275	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
1212	tomatogl64lBG123 562	tomate	2276	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
1213	tomatogl64lU2107 8	tomate	2277	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
1214	triphysariagl64lB M357412	triphysaria	2278	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,7	blastp
1215	triphysariagl64lEX 988766	triphysaria	2279	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
1216	triphysariagl64lEX 990185	triphysaria	2280	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
1217	triphysariagl64lEX 992752	triphysaria	2281	234	arrozglb157,2IBE0 39784	91,4	blastp
1218	volvoxgl62lAW67 6072	volvox	2282	234	arrozglb157,2IBE0 39784	85	blastp
1219	nozesgl66lCV19 7623	nozes	2283	234	arrozglb157,2IBE0 39784	92,1	blastp
1220	nozesgl66lEL89 1118	nozes	2284	234	arrozglb157,2IBE0 39784	94,7	blastp
1221	trigogl64lAL8271 37	trigo	2285	234	arrozglb157,2IBE0 39784	97,4	blastp
1222	trigogl64lBE3986 47	trigo	2286	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96	blastp
1223	trigogl64lBE3989 57	trigo	2287	234	arrozglb157,2IBE0 39784	97,4	blastp
1224	trigogl64lBE4053 21	trigo	2288	234	arrozglb157,2IBE0 39784	96	blastp
1225	trigogl64lBE4067 89	trigo	2289	234	arrozglb157,2IBE0 39784	95,4	blastp
1226	trigogl64lBJ2409 69	trigo	2290	234	arrozglb157,2IBE0 39784	80,79	tblast n
1227	trigogl64lBM135 152	trigo	2291	234	arrozglb157,2IBE0 39784	82,9	blastp
1228	trigogl64lCA616 908	trigo	2292	234	arrozglb157,2IBE0 39784	94,7	tblast n
1229	trigogl64lCJ6525 04	trigo	2293	234	arrozglb157,2IBE0 39784	93,4	blastp
1230	trigogl64lDN829 631	trigo	2294	234	arrozglb157,2IBE0 39784	80,92	tblast n

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
1231	zamialgb166IDY032098	zamia	2295	234	arrozglb157,2IBE039784	91,4	blastp
1232	cevadalgb157,3IBE412461	cevada	2296	236	milhogbl64AI619269	87,9	blastp
1233	brachypodium gbl169 IBE404324	brachypodium	2297	236	milhogbl64AI619269	86,4	blastp
1234	cenchrus l gb 161EB 6 53779	cenchrus	2298	236	milhogbl64AI619269	94,8	blastp
1235	galholgb161IDT696747	galho	2299	236	milhogbl64AI619269	85,6	blastp
1236	leymuslgb166IEG375640	leymus	2300	236	milhogbl64AI619269	88,8	blastp
1237	lovegrass gb 167EH1 89611	lovegrass	2301	236	milholgb164AI619269	92	blastp
1238	milholgb170AI944307	milho	2302	236	milholgb164AI619269	94,4	blastp
1239	oatglb164IBE439172	oat	2303	236	milholgb164AI619269	85,58	tblast n
1240	pseudoroegneria gbl167IFF354244	pseudoroegneria	2304	236	milholgb164AI619269	88,4	blastp
1241	arrozglb170IOS02G53790	arroz	2305	236	milholgb164AI619269	89,3	blastp
1242	arrozglb170IOS07G43170	arroz	2306	236	milholgb164AI619269	90,1	blastp
1243	sorgo gb 161 ,crp AW011679	sorgo	2307	236	milholgb164AI619269	95,8	blastp
1244	sorgo gb 161 ,crp CD231888	sorgo	2308	236	milholgb164AI619269	90,6	blastp
1245	cana de açúcar gbl157,3 C A072943	cana de açúcar	2309	236	milholgb164AI619269	95,3	blastp
1246	cana de açúcar gbl157,3 C A090072	cana de açúcar	2310	236	milholgb164AI619269	95,8	blastp
1247	Panicum virgatum gbl67D N145249	Panicum virgatum	2311	236	milholgb164AI619269	92,5	blastp
1248	Panicum virgatum gb 167 F E626130	Panicum virgatum	2312	236	milholgb164AI619269	93,4	blastp
1249	arabidopsis gbl65 AT3G01300	arabidopsis	2313	237	arabidopsis gbl57,2AT5G15080	83,3	blastp
1250	b rapalgb162ICA992096	b rapa	2314	237	arabidopsis gbl57,2AT5G15080	82,5	blastp
1251	canolalgb161IEE473973	cañóla	2315	237	arabidopsis gbl57,2AT5G15080	82,3	blastp
1252	arabidopsis gbl65 AT1G60690	arabidopsis	2316	239	arabidopsis gbl65AT1G60680	84,1	blastp
1253	arabidopsis gbl65 AT1G60710	arabidopsis	2317	239	arabidopsis gbl65AT1G60680	83,2	blastp
1254	arabidopsis gbl65 AT1G60730	arabidopsis	2318	239	arabidopsis gbl65AT1G60680	84,44	tblast n
1255	b rapalgb162IES935213	b rapa	2319	239	arabidopsis gbl65AT1G60680	82,1	blastp
1256	canolalgb161ICD815566	cañóla	2320	239	arabidopsis gbl65AT1G60680	80,6	blastp
1257	canolalgb161ICD819004	cañóla	2321	239	arabidopsis gbl65AT1G60680	81,5	blastp
1258	canolalgb161IDY003163	cañóla	2322	239	arabidopsis gbl65AT1G60680	81,8	blastp
1259	rabanetelgb164IEV524749	rabanete	2323	239	arabidopsis gbl65AT1G60680	81,6	blastp
1260	rabanetelgb164IEV544729	rabanete	2324	239	arabidopsis gbl65AT1G60680	81,8	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
1261	b rapalgb162 EX018587	b rapa	2325	242	arabidopsis gbl65 AT1G43910	85,3	blastp
1262	canolalgb161 EE452442	cañóla	2326	242	arabidopsis gbl65 AT1G43910	91,5	blastp
1263	rabanetelgb164 EX749 875	rabanete	2327	243	arabidopsis gbl57,2 AT1G47530	91,94	tblast n
1264	arabidopsis gbl65 AT4G30940	arabidopsis	2328	244	arabidopsis gbl57,2 AT2G24240	88,3	blastp
1265	mamonalgb160 EG675736	mamona	2329	244	arabidopsis gbl57,2 AT2G24240	83,6	blastp
1266	algodãolgb164 C0495 384	algodão	2330	244	arabidopsis gbl57,2 AT2G24240	83,3	blastp
1267	nicotiana benthamianalgb162 CK280239	nicotiana benthamiana	2331	244	arabidopsis gbl57,2 AT2G24240	80,1	blastp
1268	álamolgb170 CA822859	álamo	2332	244	arabidopsis gbl57,2 AT2G24240	81,2	blastp
1269	álamolgb170 CV237453	álamo	2333	244	arabidopsis gbl57,2 AT2G24240	81,8	blastp
1270	batatalgb157,2 CK243505	batata	2334	244	arabidopsis gbl57,2 AT2G24240	83,1	blastp
1271	sojalgb168 AW586330	soja	2335	244	arabidopsis gbl57,2 AT2G24240	80,3	blastp
1272	sojalgb168 BP073481	soja	2336	244	arabidopsis gbl57,2 AT2G24240	80,4	blastp
1273	cevadalgb157,3 AL50 2083	cevada	2337	246	arrozlgb157,2 BI807603	89,93	tblast n
1274	brachypodium gbl169 BE471061	brachypodium	2338	246	arrozlgb157,2 BI807603	90,3	blastp
1275	milholgb170 AW066842	milho	2339	246	arrozlgb157,2 BI807603	88,1	blastp
1276	milholgb170 CF021466	milho	2340	246	arrozlgb157,2 BI807603	81	blastp
1277	milholgb170 LLCD975615	milho	2341	246	arrozlgb157,2 BI807603	88,8	blastp
1278	milholgb170 T12700	milho	2342	246	arrozlgb157,2 BI807603	91,8	blastp
1279	sorgo gb 161 ,crp AW066842	sorgo	2343	246	arrozlgb157,2 BI807603	92,9	blastp
1280	sorgo gb 161 ,crp AW747438	sorgo	2344	246	arrozlgb157,2 BI807603	82,1	blastp
1281	cana de açúcar gbl157,3 B U925651	cana de açúcar	2345	246	arrozlgb157,2 BI807603	88,27	tblast n
1282	Panicum virgatum gb 167 F L745129	Panicum virgatum	2346	246	arrozlgb157,2 BI807603	91,8	blastp
1283	trigolgb164 BE471061	trigo	2347	246	arrozlgb157,2 BI807603	89,7	blastp
1284	arrozlgb170 OS01G09 340	arroz	2348	247	arrozlgb157,2 AAU068829	86,29	tblast n
1285	brachypodium gb 169 AV835247	brachypodium	2349	248	arrozlgb157,2 AAU752451	86,7	blastp

Polyn, SEQID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
1286	milholgb170IBG835950	milho	2350	248	arrozglb157,2IAA752451	80,7	blastp
1287	sorgo gb 161 ,crp B E598733	sorgo	2351	248	arrozglb157,2IAA752451	81,4	blastp
1288	cana de açúcar gbl57,3 C A101548	cana de açúcar	2352	248	arrozglb157,2IAA752451	84,5	blastp
1289	Panicum virgatum gb 167 F E639520	Panicum virgatum	2353	248	arrozglb157,2IAA752451	88,9	blastp
1290	cevadalgb157,3IAL51 1842	cevada	2354	250	trigolgb164IBE401454	98,4	blastp
1291	brachypodium gb 169 IBE488258	brachypodium	2355	250	trigolgb164IBE401454	93,4	blastp
1292	galholgb161IDT699211	galho	2356	250	trigolgb164IBE401454	90,2	blastp
1293	leymuslgb166ICD808752	leymus	2357	250	trigolgb164IBE401454	97,6	blastp
1294	pseudoroegneria gb 1 67IFF347865	pseudoroegneria	2358	250	trigolgb164IBE401454	99,2	blastp
1295	arrozglb170IOS08G45 190	arroz	2359	250	trigolgb164IBE401454	81,9	blastp
1296	sorgo gb 161 ,crp AW287236	sorgo	2360	250	trigolgb164IBE401454	83,7	blastp
1297	trigolgb164IBE488191	trigo	2361	250	trigolgb164IBE401454	99,2	blastp
1298	arabidopsis gbl65 A T1G70830	arabidopsis	2362	251	arabidopsis gbl65AT1G70850	85,4	blastp
1299	arabidopsis gb 165 A T1G70830T4	arabidopsis	2363	251	arabidopsis gbl65AT1G70850	88,24	tblast n
1300	cevadalgb157,3IBE42 0890	cevada	2364	254	sorgo gbl61,x enolT18303	81,5	blastp
1301	brachypodium gb 169 IBE401954	brachypodium	2365	254	sorgo gbl61,x enolT18303	83	blastp
1302	cenchrus l gb 16 61EB 6 56949	cenchrus	2366	254	sorgo gbl61,x enolT18303	89,1	blastp
1303	galholgb161IDT686385	galho	2367	254	sorgo gbl61,x enolT18303	80,1	blastp
1304	leymuslgb166ICN466500	leymus	2368	254	sorgo gbl61,x enolT18303	82,2	blastp
1305	milholgb170IAF093538	milho	2369	254	sorgo gbl61,x enolT18303	91,3	blastp
1306	milholgb170IT18303	milho	2370	254	sorgo gbl61,x enolT18303	94,9	blastp
1307	pseudoroegneria gb 1 67IFF348742	pseudoroegneria	2371	254	sorgo gbl61,x enolT18303	81,2	blastp
1308	arrozglb170IOS09G19 734T3	arroz	2372	254	sorgo gbl61,x enolT18303	83,7	blastp
1309	cana de açúcar gbl57,3 B Q533149	cana de açúcar	2373	254	sorgo gbl61,x enolT18303	97,5	blastp
1310	Panicum virgatum gbl67ID N141290	Panicum virgatum	2374	254	sorgo gbl61,x enolT18303	89,1	blastp
1311	Panicum virgatum gbl67ID N141310	Panicum virgatum	2375	254	sorgo gbl61,x enolT18303	89,5	blastp
1312	trigolgb164IBE406144	trigo	2376	254	sorgo gbl61,x enolT18303	81,5	blastp
1313	trigolgb164IBF200548	trigo	2377	254	sorgo gbl61,x enolT18303	81,9	blastp
1314	trigolgb164IX77733	trigo	2378	254	sorgo gbl61,x enolT18303	81,2	blastp
1315	milholgb170ICD936650	milho	2379	269	sorgo gbl61,x enolAW923465	89,12	tblast n

Polyn, SEQ ID NO:	Nome do Grupo	Organismo	Polyp, SEQ ID	Homologia to SEQ ID NO:	Nome do Grupo Central	% identidade global	Algoritmo
1315	milholgbl70ICD936650	milho	2379	256	sorgo gbl61,crpAW923545	88,85	tblast n
1316	aquilegia gbl57,3 DR915439	aquilegia	2380	257	arabidopsis gbl65IAT1G71900	81,1	blastp
1317	arabidopsis gbl65 AT1G34470	arabidopsis	2381	257	arabidopsis gbl65IAT1G71900	80,11	tblast n
1318	mamonalgbl60IEE258327	mamona	2382	257	arabidopsis gbl65IAT1G71900	81	blastp
1319	mamonalgbl60IMDL29728M000834	mamona	2383	257	arabidopsis gbl65IAT1G71900	81,56	tblast n
1320	uvalgbl60ICB035795	uva	2384	257	arabidopsis gbl65IAT1G71900	82,4	blastp
1321	rabanetelgbl64IEW714 634	rabanete	2385	257	arabidopsis gbl65IAT1G71900	89,74	tblast n
1322	milholgbl70ICF021816	milho	2386	259	sorgo gbl61,xenolAW672541	88,3	blastp
1323	milholgbl70ICO527882	milho	2387	259	sorgo gbl61,xenolAW672541	85	blastp
1324	Panicum virgatum gbl 67 F E626524	Panicum virgatum	2388	259	sorgo gbl61,xenolAW672541	85,4	blastp
1325	cana de açúcar gbl57,3 C A069240	cana de açúcar	2389	262	sorgo gbl61,xenolBE123399	89,08	tblast n
1326	cana de açúcar gbl57,3 C A078694	cana de açúcar	2390	262	sorgo gbl61,xenolBE123399	88,4	blastp
1327	milholgbl70IAI901557	milho	2391	263	sorgo gbl61,xenolAI901557	86,2	blastp
1328	sorgo gb 161 ,crpAW286491	sorgo	2392	263	sorgo gbl61,xenolAI901557	98,5	blastp
1329	cana de açúcar gbl57,3 C A068682	cana de açúcar	2393	263	sorgo gbl61,xenolAI901557	93,9	blastp
1330	Panicum virgatum gbl 67D N146139	Panicum virgatum	2394	263	sorgo gbl61,xenolAI901557	83,6	blastp
1331	Panicum virgatum gbl67 F E604486	Panicum virgatum	2395	263	sorgo gbl61,xenolAI901557	82,7	blastp
1332	milholgbl70ICD945482	milho	2396	265	milholgbl64IAI974922	81,53	tblast n
1333	sorgo gb 161 ,crp BE599314	sorgo	2397	265	milholgbl64IAI974922	80,49	tblast n

[00284] Tabela 21: São fornecidos os polipeptídeos (polypep.) e polinucleotídeos (polynucl.) dos genes e polipeptídeos identificados na Tabela 20, que são capazes de aumentar a eficiência do uso de nitrogênio, eficiência de uso de fertilizantes, produtividade, taxa de crescimento, vigor, biomassa, teor de óleo, a tolerância a estresse abiótico e / ou eficiência do uso da água de uma planta. A homologia foi calculada como % de identidade sobre as sequências alinhadas. As sequências de consulta foram sequências de polipeptídeo SEQ ID NOs: 138-269 e as sequências sujeitas são sequências de polipeptídicas ou sequências de nucleotídeos, que foram traduzidos de forma dinâmica em todos os seis quadros de leitura identificados no banco de dados

baseado em mais de 80% de identidade com as sequências de consulta de polipeptídeos.

EXEMPLO 3

GERAÇÃO E CLONAGEM DE GENES DE VETORES BINÁRIOS PARA EXPRESSÃO EM PLANTAS

Estratégia de clonagem

[00285] Os genes apresentados nos exemplos 1 e 2 acima foram clonados em vetores binários para a geração de plantas transgênicas. Para a clonagem, a fase de leitura aberta inteira (ORF) foi identificada pela primeira vez. Grupos de ESTs, e em alguns casos, sequências de mRNA foram analisados para identificar a fase de leitura aberta toda de cada gene, comparando os resultados dos diversos algoritmos de tradução para proteínas conhecidas de outras espécies de plantas.

[00286] A fim de clonar a totalidade de cDNA's, uma Transcrição Reversa seguida de PCR (RT-PCR) foi realizada no total de RNA extraído de folhas, fibras ou outros tecidos da planta, crescendo em condições normais, com deficiência de nutrientes ou outras condições de estresse abiótico. A extração total de RNA, produção de cDNA e amplificação de PCR foram realizados utilizando protocolos padrões descritos em outros lugares (Sambrook J., E.F. Fritsch, e T. Maniatis. 1989. Molecular Cloning. A Laboratory Manual., 2nd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.), que são bem conhecidos por aqueles especialistas na arte. Os produtos PCR foram purificados utilizando um kit de purificação PCR (Qiagen) e o sequenciamento dos produtos PCR amplificados foi realizado, utilizando o sequenciador ABI 377 (Applied Biosystems). Em caso em que nenhuma faixa ou faixas de produtos PCR fracas foram visíveis no Brometo de Etídio – gel de agarose 1% corados, 0,1 – 1 µL do produto PCR foi utilizado como uma amostra de DNA e a amplificação de PCR foi efetuada utilizando o mesmo ou novos conjuntos de iniciadores, projetados internamente para o primeiro

conjuntos de iniciadores. Em tais casos, o conjunto de iniciadores do qual se espera produzir os produtos PCR mais longos é designado Conjunto de iniciadores externos (EF e ER para Externo-Avançado e Externo-Reverso, respectivamente) e o conjunto de iniciadores do qual se espera produzir os produtos PCR mais curtos é designado Conjunto de iniciadores agrupados (NF e NR para Agrupado-Avançado e Agrupado-Reverso, respectivamente, conforme ilustrado na Tabela 22 abaixo. A clonagem de genes de algodão CT75, CT7, CT76, CT71, CT74, CT11, CT20, CT81, CT22, CT82, CT3, CT40, CT1, CT6, CT27 e CT2 foi realizada utilizando apenas um conjunto de iniciadores, conforme detalhado na Publicação WO N°: W02005/121364.

[00287] Para facilitar a clonagem de cDNA's, uma extensão bp 7-12 foi adicionada aos 5' primeiros finais da maioria dos iniciadores. A extensão do iniciador inclui um local de restrição de endonuclease (Tabela 22). Os locais de restrição foram selecionados utilizando dois parâmetros: (a). O local não existe na sequência de cDNA; e (b). Os locais de restrição nos iniciadores avançados e reversos são projetados de tal modo que o cDNA digerido é inserido na formação de sentido no vetor binário utilizado na transformação. A tabela 22, abaixo, fornece a designação dos iniciadores, os locais de restrição da endonuclease adicionados à clonagem subsequente e as sequências de cada iniciador utilizado na amplificação dos genes das mesmas configurações da invenção.

Tabela 22

Iniciadores PCR utilizados na clonagem e na seleção dos clones positivos

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
NUE227	Sall.	NUE22 7 EF S all	TTAGTCGACAG AGAAGAGGCAA GAACAACCTAG	2564	101-F	GCTATGACCAT GATTACGCC	2860	pGXN
	Xbal	NUE22 7 ER Xbal	TATCTAGACGAT CGGTGTCCACTG TACAG	2565				
		NUE22 7 NF S all	TTAGTCGACACT AGCTGCATGGC AATGG	2566				

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
		NUE22 7 NR Xbal	TTAGTCGACACT AGCTGCATGGC AATGG	2567	NUE22 7 NR Xbal	TATCTAGATTA ACGCGTTGATC GATCAGC	2861	
NUE233	Sall.	NUE23 3 EF S all	TTAGTCGACCTC GAAATCCTTCCC AAGAC	2568				pKsJ or Topo
	Xbal	NUE23 3 ER Xbal	TATCTAGAGTCA CAGAATAGTAC ACGTACACAAC	2569				
		NUE23 3 NF S all	TTAGTCGACCGC ACGCTTCTCCAT TTC	2570				
		NUE23 3 NR Xbal	TATCTAGATCAA ACTAAGTACTCC AGTAACAAC	2571				
NUE237	Sall.	NUE23 7 EF S all	AAAGTCGACCC TCTCTCTCGTTT CGATTCC	2572	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2862	pGXN
	Xbal	NUE23 7 ER Xbal	ATTCTAGATCAA CCACATAGCCT AGAGCAC	2573	NUE23 7 NR Xbal	ACTCTAGAACT CTATTAACAAT GCACGGAG	2863	
		NUE23 7 NF S all	AAAGTCGACAG ATTGATCCAAC CAAACC	2574				
		NUE23 7 NR Xbal	ACTCTAGAACTC TATTAACAATGC ACGGAG	2575				
NUE241	Sall.	NUE24 1 EF S all	AAAGTCGACAA TTCTTCTTTGTT TGCTTGC	2576	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2864	pGXN
	Xbal	NUE24 1 ER Xbal	ATTCTAGATAA ATGCTGATATA GGACAAAGC	2577	NUE24 1 NR Xbal	ATTCTAGATCA CAATAGAAAC ATCCTCCCTC	2865	
		NUE24 1 NF S all	AAAGTCGACGA AGAAAACCCAC AAAACCAG	2578				
		NUE24 1 NR Xbal	ATTCTAGATCAC AATAGAAACAT CCTCCCTC	2579				
NUE242	Xbal.	NUE24 2 EF X bal	TATCTAGAGAG AAGAGAGAGAC TTTGAAGATG	2580	p35S F 2	GGACAGGCTT CTTGAGATCCT	2866	pGXN
	SacI	NUE24 2ERS acl	TGAGCTCTTAAG AGTAGACACAA CTCCTGCG	2581	NUE24 2_NR_S acl	TGAGCTCTTAT TAGGAAGCAA CTTCAAGAAAT G	2867	
	Sall.	NUE24 2 NF S all	TTAGTCGACTGA AGATGGAAGCA AACTCTAAC	2582				
	SacI	NUE24 2_NR_S acl	TGAGCTCTTATT AGGAAGCAACT TCAAGAAATG	2583				
NUE255	EcoR V	NUE25 5 EF E coRV	ATGATATCCCTC CAACCTCTCTCC CAAC	2584	p35S F 2	GGACAGGCTT CTTGAGATCCT	2868	Topo
		NUE25 5 ER E coRV	TAGATATCGATT GCTTCTTGTA CTGATCATC	2585	NUE25 5 NR EcoRV	TAGATATCTCA TCATTTGATCA GCTTTAGCG	2869	

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
		NUE25 5 NF E coRV	ATGATATCCAA GAATTAAGGTG TAGCAACC	2586				
		NUE25 5 NR EcoRV	TAGATATCTCAT CATTTGATCAGC TTTAGCG	2587				
NUE269	SalI.	NUE26 9 NF S all	TATGTCTGACAC AAGGAAATGAT GGCTATTG	2588	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2870	pGXN
	XbaI	NUE26 9 NR XbaI	TATCTAGACACC ACAACATGATA GCTTTTG	2589	NUE26 9 NR XbaI	TATCTAGACAC CACAACATGA TAGCTTTTG	2871	
NUE521	Sal.	NUE52 INF Sal	AAGGTCGACCT GGGAGCTAGCT TTGGAG	2590	p35S F 2	GGACAGGCTT CTTGAGATCCT	2872	pGXN
	Xba	NUE52 1ER Xba	ACTCTAGATCAC ACCGATTCCAC ACATAAC	2591	NUE52 1NR Xba	CGTCTAGATCA GATCGTGTTGA GCACTTGAGC	2873	
		NUE52 INF Sal	AAGGTCGACCT GGGAGCTAGCT TTGGAG	2592				
		NUE52 1NR Xba	CGTCTAGATCA GATCGTGTTGA GCACTTGAGC	2593				
NUE554	SmaI.	NUE55 4_EF_S mal	TCCCGGGCTCCG TCTCTAGGGTTT GAG	2594	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2874	pGXN
	SacI	NUE55 4ERS acl	TGAGCTCTCAGT GATTGGAACCT AGATCTTG	2595	NUE55 4ERS acl	TGAGCTCTCAG TGATTGGAACCT CTAGATCTTG	2875	
NUE562	XbaI.	NUE56 2 EF X bal	TATCTAGACTTG AGCTAGGGTTTT ATCGC	2596	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2876	pGXN
	SacI	NUE56 2ERS acl	TGAGCTCTTAAT GCAGACGGTAA CATCTAGG	2597	NUE56 2_NR_S acl	TGAGCTCTTAT GAAGATTACA GCCTCCTACC	2877	
		NUE56 2 NF XbaI	TATCTAGAAAC AATGTCCGGGA GGAAGAAGAC	2598				
		NUE56 2_NR_S acl	TGAGCTCTTATG AAGATTACAGC CTCCTACC	2599				
NUE567	Sal.	NUE56 7 EF S al	AGAGTCGACGT GACATAAAATC CATGGCTG	2600	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2878	pGXN
	Xba	NUE56 7 ER Xba	TATCTAGATCAG CTTACACAAGC CCTTAGCA	2601	NUE56 7NR Xba	ACCTCTAGATC ATTAAGTGGCT TTCCAGGAAG	2879	
		NUE56 7 NF Sal	GAGGTCGACAA TCCATGGCTGA AGCTTG	2602				
		NUE56 7NR Xba	ACCTCTAGATCA TTAAGTGGCTTT CCAGGAAG	2603				
NUE568	Sal.	NUE56 8 EF Sal	AGAGTCGACCG CAACGGAAC AAATC	2604	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2880	pGXN

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
	Xba	NUE56 8ER Xba	TATCTAGAAGA TAGGCTTATCTC AATGGCT	2605	NUE56 8NR Xba	TATCTAGATCA TGTTCACTGAG TAACGATACTA ACAG	2881	
		NUE56 8NF Sal	TAGGTCGACAC AAATCCGCCAA TGGAAG	2606				
		NUE56 8NR Xba	TATCTAGATCAT GTTCACTGAGTA ACGATACTAAC AG	2607				
NUE573	Sal.	NUE 573 EF Sal	TAGGTCGACGA GAGAAATCCAT GGAGACG	2608	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2882	pKsJ
	Sac	NUE57 3ER Sac	CGAGCTCAATTT CAGTACAGGAT TTAAACC	2609	NUE57 3NR Sac	CGAGCTCTCAG TACAGGATTTA AACCAAGACA	2883	
	Sma.	NUE57 3_NF Sma	ACCCGGGAGAC GATGACGATGA AGGTTG	2610				
	Sac	NUE57 3NR Sac	CGAGCTCTCAGT ACAGGATTTAA ACCAAGACA	2611				
NUE575	EcoR V	NUE57 5 NF E coRV	AAGATATCCCA AACACCAAACC CTCG	2612	NUE57 5 NF E coRV	AAGATATCCC AAACACCAAA CCCTCG	2884	pKsJ
		NUE57 5 NR EcoRV	TAGATATCTCAT CATATTCCTAGC TTATCAACCTC	2613	101R	AAGTTGGGTA ACGCCAGGGT	2885	
NUE585	SalI.	NUE58 5 EF S all	AAAGTCGACCG ATTTCTGCTTCG ATCTCTAC	2614	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2886	pGXN
	Xbal	NUE58 5 ER Xbal	ATTCTAGACCTT CTTCGATCTTCT TGAACC	2615	NUE58 5 NR Xbal	ATTCTAGATTA GTTTGCAGTTA TCGCAGTGG	2887	
		NUE58 5 NF S all	AAAGTCGACGT CTGGGTCGAAG TTAAATAGG	2616				
		NUE58 5 NR Xbal	ATTCTAGATTAG TTTGCAGTTATC GCAGTGG	2617				
NUE587	SalI.	NUE58 7 EF S all	AAAGTCGACGT TCCATTGGAGG AGAATCG	2618	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2888	pGXN
	Xbal	NUE58 7 ER Xbal	ATTCTAGATTCA AAAGGAAAATG GAGAGG	2619	NUE58 7 NR Xbal	ATTCTAGATTA TTTCAAACATG AAATGAGTTG C	2889	
		NUE58 7 NF S all	AAAGTCGACAA AGGCTTGGAAG GGAAGG	2620				
		NUE58 7 NR Xbal	ATTCTAGATTAT TTCAAACATGA AATGAGTTGC	2621				
NUE528	Sac	NUE52 8_EF_S ac	AGAGCTCAACC CTAACGTTTCGA TCG	2622	101F	GCTATGACCAT GATTACGCC	2890	pGXN

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
	SalI.	NUE52 8ERS ac	TGAGCTCTTCCA GAAGTAGCATC TTTCG	2623	NUE52 8_NR_S ac	TGAGCTCTGGC CTTCACCCTCT ATATCTC	2891	
		NUE52 8 NF S all	AATGTCGACGA AGCGTCTGAGC CAGTCC	2624				
		NUE52 8_NR_S ac	TGAGCTCTGGCC TTCACCCTCTAT ATCTC	2625				
NUE535	Sal.	NUE53 5 NF S al	ATTGTCGACGA GTATGCTTTCCG ATGGG	2626	101F	GCTATGACCAT GATTACGCC	2892	pGXN
	XbaI	NUE53 5 NR XbaI	TTTCTAGACTAT GAATGAATCCG TGACTCTTG	2627	NUE53 5 NR XbaI	TTTCTAGACTA TGAATGAATCC GTGACTCTTG	2893	
NUE538	Sal.	NUE53 8 EF S al	ATTGTCGACCAC GACCATTCTTCA TTTTCC	2628	NUE53 8 EF S al	ATTGTCGACCA CGACCATTCTT CATTTCC	2894	pKSJ
	Sma	NUE53 8ERS ma	TCCCGGGTTAG AACTGAGTCTG AAAGGATGG	2629	NOSR	GCGGGACTCT AATCATAAAA ACC	2895	
NUE548	Sal	NUE54 8 NF S al	AATGTCGACGT CCTAATACTATA CTCGCAATCC	2630	101F	GCTATGACCAT GATTACGCC	2896	pGXN
	Xba	NUE54 8 NR Xba	AATCTAGATCA ACCAACTAGTTT GCAGCTCCT	2631	NUE54 8 NR Xba	AATCTAGATCA ACCAACTAGTT TGCAGCTCCT	2897	
NUE537	Sal.	NUE53 7 NF S al	TAAGTCGACCA AACAACATGTC TGCCTGTG	2632	101ER	GAAACACCAT CTTCGTTCTTG	2898	pGXN
	Xba	NUE53 7 NR Xba	ATTCTAGATTAA CACATCGTTTGG TGCATAGC	2633	NUE53 7 NF S al	TAAGTCGACC AAACAACATG TCTGCCTGTG	2899	
NUE551	Sal.	NUE55 1 NF S al	AATGTCGACGTT GATCAGTCAGC CCACTTC	2634	NUE55 1_seqF	GTCAAGCTGTG CTGTCTTCC	2900	pGXN
	Xba	NUE55 1 ER Xba	TATCTAGAGAC ATAATCCATCA ACGGTTG	2635	101ER	GAAACACCAT CTTCGTTCTTG	2901	
NUE553	Xba.	NUE55 3EFX ba	AATCTAGACTC ACGAATCCACC GATCAG	2636	NUE55 3 NF Xba	AATCTAGAGA CACGGACCGA ACAGCTAG	2902	pGXN
	Sma	NUE55 3ERS ma	TCCCGGGACAC ACATCATGGCT GTTACAG	2637	NOS_R	GCGGGACTCT AATCATAAAA ACC	2903	
		NUE55 3 NF Xba	AATCTAGAGAC ACGGACCGAAC AGCTAG	2638				
		NUE55 3NRS ma	TCCCGGGCGAC TTCATATACAGA CGGATG	2639				
NUE511	Xba.	NUE51 1EFX ba	AATCTAGAGAT TAGGAGCAGGG ACCAATC	2640	NUE51 1EFX ba	AATCTAGAGA TTAGGAGCAG GGACCAATC	2904	pGXN
	Sac	NUE51 1_NR_S ac	TGAGCTCTTAGG TACATGATGAC ATTTACAGCA	2641	101ER	GAAACACCAT CTTCGTTCTTG	2905	

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
NUE512	Xba.	NUE51 2 NF Xba	AATCTAGACCT ATTGCTCATGAT GTTTGA	2642	NUE51 2 NF Xba	AATCTAGACCT ATTGCTCATGA TGTTTGA	2906	pGXN
	Sac	NUE51 2_NR_S ac	TGAGCTCTTACA AAGGCAGGAAA TACAGAAG	2643	NosR	GCGGGACTCT AATCATAAAA ACC	2907	
NUE542	Xbal.	NUE54 2 EF X bal	TATCTAGAAATT TAGCTCGTTGAT GATGG	2644	NUE54 2_seqF	GTACGTCTCCG TCCGACAAC	2908	pGXN
	SacI	NUE54 2_ER_s acl	TGAGCTCCTAGT GTCCATGTCAAT GATGTC	2645	101ER	GAAACACCAT CTTCGTTCTTG	2909	
		NUE54 2 NF Xbal	TATCTAGATAGC TCGTTGATGATG GAGG	2646				
		NUE54 2_NR_S acl	TGAGCTCTTATC CATGTCAATGAT GTCCATC	2647				
NUE569	SalI	NUE56 9 NF S all	AAAGTCGACGC TACTGCTTCTTC TGTTCCACC	2648	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2910	pGXN
	SacI	NUE56 9_NR_S acl	TGAGCTCTACTA CCATAGAACTG AAGAAGAAGTC	2649	NUE56 9_seqR	GAGATGGAGC CTTGTCATGA	2911	
NUE244	SalI.	NUE24 4 NF S all	TTAGTCGACTAG ACTGATGGGAA GTGTTCC	2650	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2912	pGXN
	Xbal	NUE24 4 NR Xbal	TATCTAGACTAC TACACGGATTG CCCAAAC	2651	NUE24 4 NR Xbal	TATCTAGACTA CTACACGGATT GCCCAAAC	2913	
NUE577		NUE57 7 NF Xbal	AATCTAGAGTTT ATCTTGTTTTGG GTTTGG	2652	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2914	TopoB
		NUE57 7_NR_S mal	TCCCGGGGTGA AAGATCTCAGA CCACCTC	2653	NUE57 7_NR_S mal	TCCCGGGGTG AAAGATCTCA GACCACCTC	2915	
NUE253	Xbal.	NUE25 3 EF X bal	TATCTAGACTTC TTCCTCCATATC ACACG	2654	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2916	pKSJ
	Smal	NUE25 3ERS mal	TCCCGGGTCAC GTGGCATGCAT GATCTG	2655				
		NUE25 3 NF Xbal	TATCTAGAAAC AATGGATGGGG AGGAGGAC	2656	NUE25 3NRS mal	TCCCGGGTCAT CACTCGCTCTC GAATTCC	2917	
		NUE25 3NRS mal	TCCCGGGTCATC ACTCGCTCTCGA ATTCC	2657				
NUE583	Xbal.	NUE58 3 EF X bal	TATCTAGACAC GAATCAACCCA CCAGAG	2658	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2918	pGXN
	SacI	NUE58 3ERS acl	TGAGCTCTCAAT GCCGATCATCA GTGCTAAG	2659	NUE58 3NRS acl	TGAGCTCTCAT CAGAACCGGA AGAAGTTGG	2919	
		NUE58 3 NF Xbal	TATCTAGAAAC AATGCCTTGGGT TTATCATCC	2660				

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
		NUE58 3NRS acl	TGAGCTCTCATC AGAACCGGAAG AAGTTGG	2661				
NUE235	Xbal.	NUE23 5 EF X bal	TATCTAGAATTG AGCAGAGGAGC CATG	2662	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2920	pGXN
	SacI	NUE23 5ERS acl	TGAGCTCCTACA CAGGGTGCCAG ATCTC	2663	NUE23 5NRS acl	TGAGCTCTTAA GTGCAAGTTGT CAATCCTATTG	2921	
		NUE23 5 NF Xbal	TATCTAGAGGA GCCATGGCCAA AATC	2664				
		NUE23 5NRS acl	TGAGCTCTTAAG TGCAAGTTGTCA ATCCTATTG	2665				
NUE231					35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2922	
GA					NUE23 1 GA R	CCTGAGAGGG CGATCATATC	2923	
NUE513	Xbal.	NUE51 3 NF Xbal	AATCTAGAGAT GATGGTTTGATG CAGATG	2666	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2924	pKSJ
	SmaI	NUE51 3NRS mal	TCCCGGGCTAA CGTAGTTTCTTA CCAACCAAAC	2667	NUE51 3_seqR	CTGCTTTGACA TGGCTTAGAC	2925	
NUE516	SaII.	NUE51 6 NF S all	AATGTCGACGA GAGAAGGGTGT AATGAGCTG	2668	p35S F 2	GGACAGGCTT CTTGAGATCCT	2926	pGXN
	Xbal	NUE51 6 NR Xbal	TATCTAGATCAT CAGTAGGGGTT CCTATGTGG	2669	NUE51 6 NR Xbal	TATCTAGATCA TCAGTAGGGG TTCCTATGTGG	2927	
NUE223	SaII.	NUE22 3 NF S all	AAAGTCGACCA AGAGGTAGCAC ATCCTCTCC	2670	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2928	pGXN
	Xbal	NUE22 3 NR Xbal	ATTCTAGACCG GATTGAACATA TTAACGAC	2671	NUE22 3 NR Xbal	ATTCTAGACCG GATTGAACATA TTAACGAC	2929	
NUE540	SaII.	NUE54 0 NF S all	AAAGTCGACAG GAAGATTGTGA GCATTGAAG	2672	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2930	pGXN
	Xbal	NUE54 0 NR Xbal	ATTCTAGACACC TAATGATCTCAC TTGTAAGG	2673	NUE54 0 ER NdeI	CATACCAACAT GTTTCGACCAC	2931	
NUE544	SaII.	NUE54 4 EF S all	TTAGTCGACAG CCTTGCCTTGTT TCTTC	2674	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2932	pKSJ
	SmaI	NUE54 4ERS mal	TCCCGGGCAAC TTATACACTCAA CCAAAGC	2675	NUE54 4_NR_S mal	TCCCGGGCTTT CATCCATGTGT GCAGTG	2933	
		NUE54 4 NF S all	TTAGTCGACCAT ACACACACAGT GAGAGGTAGG	2676				
		NUE54 4_NR_S mal	TCCCGGGCTTTC ATCCATGTGTGC AGTG	2677				

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
NUE560	Xbal.	NUE56 0 EF X bal	AATCTAGAAGA AACCCAGAGGA GCAGC	2678	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2934	pGXN
	SacI	NUE56 OERS acl	CGAGCTCAAGG GATTATTATTGC AGGTTG	2679	NUE56 ONRS acl	TGAGCTCCTAC TTCTAGGCCTT GTTGCTGC	2935	
		NUE56 0 NF Xbal	AATCTAGAGAA GCAGGAAGGAA GCAGAG	2680				
		NUE56 ONRS acl	TGAGCTCCTACT TCTAGGCCTTGT TGCTGC	2681				
NUE563	Xbal.	NUE56 3 EF X bal	AATCTAGAGAT AACATCAGTAG TTCGCAGC	2682	NUE56 3 NF Xbal	ATTCTAGATCA CAGCAACACA ATCACCAC	2936	pGXN
	SacI	NUE56 3ERS acl	CGAGCTCAACA CACTCACACCA AAAGTCC	2683	101R	AAGTTGGGTA ACGCCAGGGT	2937	
		NUE56 3 NF Xbal	ATTCTAGATCAC AGCAACACAAT CACCAC	2684				
		NUE56 3NRS acl	TGAGCTCCACTG CTACTGAAGGC AAATTC	2685				
NUE565	Xbal	NUE56 5 EF X bal	ATTCTAGATTTT CCTGGATTTTGT TTTCTC	2686	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2938	pGXN
	SacI	NUE56 5ERS acl	TGAGCTCTCAAT TAAAGAGTTAC CCTAACG	2687	NUE56 5NRS acl	TGAGCTCCTAC TTGAGCCTTCT AGCTCTGTTC	2939	
		NUE56 5 NF Xbal	ATTCTAGAGATT TGGGGAAAAGC TATGG	2688				
		NUE56 5NRS acl	TGAGCTCCTACT TGAGCCTTCTAG CTCTGTTC	2689				
NUE566	SalI	NUE56 6 EF S all	TACGTCGACTTC ACATGTCTTGAC TAGTTCATATG	2690	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2940	Topo
		NUE56 6 ER S all	TAAGTCGACAC GATACATTCAAT ACAATCACC	2691	NUE56 6_R	CGAAGGCATA GACGTCTGTC	2941	
		NUE56 6 NF S all	TTAGTCGACCTT CCATCATGCTCC CAAAG	2692				
		NUE56 6 NR S all	TAAGTCGACTC AACTCAGCATC ACGTCTCAGC	2693				
NUE586	SalI.	NUE58 6 EF S all	AATGTCGACTC GTTTCTCCTCTA ACGTCAAC	2694	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2942	pKSJ
	Smal	NUE58 6ERS mal	TCCCGGGTCAG CAGCTCTCTGTC TGTTAC	2695	NUE58 6_R	CATCGAAGCA CTTCTCAACTG	2943	
		NUE58 6 NF S all	ATAGTCGACGTT TAACATAGTTG GGGCTAGG	2696				

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
		NUE58 6NRS mal	CCCCGGGATAA GCCAGGAGATG AAAGGAG	2697				
NUE588	SalI.	NUE58 8 NF S all	AAAGTCGACGA TCGAAAAGAGA AGAGGAGC	2698	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2944	pGXN
	XbaI	NUE58 8 NR XbaI	ATTCTAGACTAA TCTCTCTCCCTC CCTCC	2699	NUE58 8 NR XbaI	ATTCTAGACTA ATCTCTCTCCC TCCCTCC	2945	
NUE591					35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2946	
GA					NUE59 1 GA R	CTCTTGACAGCT CTTGATCTTC	2947	
NUE206	XbaI.	NUE20 6 EF X bal	ATTCTAGAATTT ACACAGACTTG TCGCTCTC	2700	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2948	pGN
	SalI	NUE20 6 ER XbaI	TATCTAGACTTC TGATTCACTGAC TGTGAGC	2701	NUE20 6 NR XbaI	TATCTAGATCA TCAGTGACTGT GAGCCTCGT	2949	
		NUE20 6 NF S all	ATAGTCGACAA CAATGGACAAA TTTTGGAC	2702				
		NUE20 6 NR XbaI	TATCTAGATCAT CAGTGACTGTG AGCCTCGT	2703				
NUE208	XbaI.	NUE20 8 EF X bal	AATCTAGACTG AAAGAGAGAGA GGTATGGC	2704	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2950	pGN
	SacI	NUE20 8ERS acl	TGAGCTCTGAAT TAGTCATCTATT GGGTCC	2705	NUE20 8_NR_S acl	TGAGCTCTTAT TAGTCATCTAT TGGGTCCTGAG	2951	
		NUE20 8 NF XbaI	TATCTAGAAAC AATGGCAGGTG AGGCAACTC	2706				
		NUE20 8_NR_S acl	TGAGCTCTTATT AGTCATCTATTG GGTCCTGAG	2707				
NUE209	SalI.	NUE20 9 EF S all	AATGTCGACTTT GTGATGACCCTT TTAAGG	2708	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2952	pGN
	XbaI	NUE20 9 ER XbaI	ATTCTAGAGGT AGTTAGCCGGT CATGTTG	2709	NUE20 9 NR XbaI	ATTCTAGATTA TTAGCCGGTCA TGTTGTAGTC	2953	
		NUE20 9 NF S all	AATGTCGACAA CAATGGATTGG GAAAAACAGC	2710				
		NUE20 9 NR XbaI	ATTCTAGATTAT TAGCCGGTCAT GTTGTAGTC	2711				
NUE210	SalI	NUE21 0 EF S all	TGAGTCGACGT CTTGAAATGTTT GGTGGGT	2712	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2954	pGN
	XbaI	NUE21 0 ER XbaI	TATCTAGACTTA CTTGCCCTTTGC TTATGA	2713	NUE21 0 NR XbaI	TGTCTAGACTA TGCTATGAGG AAAAGAACT AAGC	2955	

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
		NUE210 NF Sall	AATGTCGACAA CAATGTTTGGTG GGTTCAATGTG	2714				
		NUE210 NR Xbal	TGTCTAGACTAT GCTATGAGGAA AAGAACTAAGC	2715				
NUE211					35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2956	
GeneArt					NOS_R	GCGGGACTCT AATCATAAAA ACC	2957	
NUE212	Xbal	NUE212 EF Xbal	ATTCTAGAATAT CATAATGAAAG GGATTTCG	2716	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2958	pGN
	SacI	NUE212ERS acI	TGAGCTCCCAT AGAACCGAGAC TGAAG	2717	NUE212 NEW NR SaI	TGAGCTCTTAT TAGAACCGAG ACTGAAGATA CTTA	2959	
		NUE212 NF Xbal	TATCTAGAAAC AATGAAAGGGA TTCGCTCC	2718				
		NUE212_NR_S acI	TGAGCTCTTATT AGAACCGAGAC TGAAGATACTTA	2719				
NUE221	EcoR V	NUE221 EF EcoRV	AAGATATCAAT GACTTTCCCCAT CTATCC	2720	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2960	pKSJ
		NUE221 ER EcoRV	ACGATATCAAT CGACCAACAAC TAACATTAC	2721	NUE221 NR EcoRV	ATGATATCCAT TACATGTGTGT ATCCGACG	2961	
		NUE221 NF EcoRV	AAGATATCCTTC TAATAATCAAC CGACAGG	2722				
		NUE221 NR EcoRV	ATGATATCCATT ACATGTGTGTAT CCGACG	2723				
NUE222	SaII.	NUE222 EF Sall	ATAGTCGACGG GAAGTATCATT AGTTCATTACC	2724	NUE222 seq_F1	AGTTGCATCGA TCTTGATCTTG	2962	pGN
	Xbal	NUE222 ER Xbal	TATCTAGACTAG TATCCCTAACGT AACAAAGACTC	2725	101ER	CTGCAAGGCG ATTAAGTTGG	2963	
		NUE222 NF Sall	AATGTCGACTTA CCATGGGAGAC TATAACATG	2726				
		NUE222 NR Xbal	TATCTAGACTAC TAACGTAACAA AGACTCTTCACA	2727				
NUE229	Xbal	NUE229 EF Xbal	TATCTAGACTGT CTGTTTGCCTGT CGAG	2728	NUE229 seq_F1	GCAAGGTTAG CTTCATGACG	2964	pGN
	SmaI	NUE229_ER_Smal	TCCCGGGATACT CAAATCAAATG AAAGTCCG	2729	101ER	GAAACACCAT CTTCGTTCTTG	2965	

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
		NUE22 9 NF Xbal	CATCTAGACAA CAATGGCGAGG ATGATC	2730				
		NUE22 9_NR_S mal	TCCCGGGTTAG ATAGAAGTTTAT CCCATCAGGG	2731				
NUE254	SalI	NUE25 4 EF S all	AATGTCGACAG TCTGCACTGGA AGGACAG	2732	NUE25 4 NF S all	AATGTCGACCT GGAAGGACAG CATGTCTG	2966	pGN
	Xbal	NUE25 4 ER Xbal	TATCTAGACTTG TTGCCAGCATCT CTTATG	2733	101R	AAGTTGGGTA ACGCCAGGGT	2967	
		NUE25 4 NF S all	AATGTCGACCT GGAAGGACAGC ATGTCTG	2734				
		NUE25 4 NR Xbal	TATCTAGACTAT GACTAGCTGAT GGAGTCCTCC	2735				
NUE267		NUE26 7 F	CTTCTTCAATGG CGACGG	2736	NUE26 7 F	CTTCTTCAATG GCGACGG	2968	Topo
		NUE26 7_R	TAGTCATGCAA ATATTTAATCTT GGAACCC	2737	101ER	GAAACACCAT CTTCGTTCTTG	2969	
NUE519	SalI.	NUE51 9 NF S all	TTAGTCGACTTA AGATGGCCAAG GTTAACG	2738	NUE51 9 NF S all	TTAGTCGACTT AAGATGGCCA AGGTTAACG	2970	pGN
	Xbal	NUE51 9 NR Xbal	TATCTAGACTAA TGCCGTTGCTTC TAGTAATAG	2739	101ER	CTGCAAGGCG ATTAAGTTGG	2971	
NUE549	Xbal.	NUE54 9 EF X bal	TATCTAGATCCT CTCCCTAGCTAG CAAG	2740	NUE54 9 seq_F 3	CAGCTGTGGA AGGCATCAAC	2972	pGN
	SacI	NUE54 9_ER_S acl	TGAGCTCCTAAT CACCTGGCTGT TGAC	2741	101R	AAGTTGGGTA ACGCCAGGGT	2973	
		NUE54 9 NF Xbal	TATCTAGATCCC TAGCTAGCAAG CTCTAG	2742				
		NUE54 9_NR_S acl	TGAGCTCCCTTA ATGCCATGCTGC G	2743				
NUE572	Xbal.	NUE57 2 NF Xbal	ATTCTAGATACA TCGTCTTCACCT AATTTTC	2744	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2974	pGN
	SacI	NUE57 2_NR_S acl	CGAGCTCAACA AGCAAATAAA CGTGAAC	2745	NUE57 2_NR_S acl	CGAGCTCAAC AAGCAAATA AACGTGAAC	2975	
NUE592	EcoR V	NUE59 2 EF E coRV	ATGATATCAAA TCCGGTGGAC	2746	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2976	pKSJ
		NUE59 2 ER E coRV	TAGATATCCAA CACTCACTAGG GAGCACAG	2747	NUE59 2 NR EcoRV	TAGATATCGTT GAACGCTCCA CATCATG	2977	
		NUE59 2 NF E coRV	TAGATATCAGA ATTCGCAGGGA TGCC	2748				

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
		NUE59 2 NR EcoRV	TAGATATCGTTG AACGCTCCACA TCATG	2749				
NUE248	Xbal.	NUE24 8 NF Xbal	GCTCTAGAAGG CGAGATGTGGG AGTC	2750	NUE24 8 NF Xbal	GCTCTAGAAG GCGAGATGTG GGAGTC	2978	pGN
	SacI	NUE24 8_NF_S acI	TGAGCTCCTACT AGGCCTTCTCCT TTGTTG	2751	NOS_R	GCGGGACTCT AATCATAAAA ACC	2979	
NUE590	SacI	NUE59 0 EF X bal	AATCTAGACAA CTGCAACTGCA ACTAGC	2752	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2980	TopoB
		NUE59 OERS acI	CGAGCTCACAG CTAAACATCAA TCCTCTTC	2753				
		NUE59 0_NF_S acI	TGAGCTCTGCA AGCAATCACCA GTTTG	2754	NUE59 ONRS acI	TGAGCTCCTCA TTTTATTTGCT GCGTG	2981	
		NUE59 ONRS acI	TGAGCTCCTCAT TTTATTTGCTGC GTG	2755				
NUE245					35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2982	
GA					NUE24 5 GA RI	CTCGGTGTTCT TGATGGTCAC	2983	
NUE520					35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2984	
GA					NUE52 0 GA R2	TTCTTGACCTT GGTGAGCTTG	2985	
NUE574	SmaI	NUE57 4_EF_S mal	AGATTAGTCCCA AAGATTA TTCG	2756	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2986	Topo
		NUE57 4ERS mal	GACATTGTGGGG AAGCTA CT	2757	NUE57 4_NF_S mal	GCATGTAATTG TAGCTTTC TTTT	2987	
		NUE57 4_NF_S mal	GATACAAAGAAT TCGCTT GE	2758				
		NUE57 4_NF_S mal	GCATGTAATTGT AGCTTCTT TT	2759				
NUE224	Xbal.	NUE22 4 EF Xbal	TATCTAGAGTTT GCTTGCTTACCA GGAG	2760	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2988	pGXN
	SmaI	NUE22 4_ER_S mal	TCCCGGGTTAGC AGCATCGATCG TACACTAG	2761	NUE22 4ERS mal	TCCCGGGTTAG CAGCATCGATC GTACACTAG	2989	
NUE225	SalI	NUE22 5 NF SalI	AATGTCGACGA GTTTACAAGAG ACCCAGACG	2762	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2990	pGXN
	Xbal	NUE22 5 NR Xbal	ACTCTAGAATTC AGTCATAGATC GCCTTG	2763	NUE22 5 NR Xbal	ACTCTAGAATT CAGTCATAGAT CGCCTTG	2991	
NUE230					p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2992	

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
GA					NUE230 GA RI	GGATCTTGATG TACACGTTTGG	2993	
NUE234					p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2994	
GA					NUE234 GA RI	CGATGTTGCAC CTCTTTTGG	2995	
NUE239					p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2996	
GA					NUE239 GA RI	CGAAATCCTCT GGGAATGAC	2997	
NUE240					p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	2998	
GA					NUE240 GA RI	CCTCAGTAGA GAGAGACTCG TCG	2999	
NUE246					p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3000	
GA					NUE246 GA RI	CAACACTTGCA TCACCCTAGTC	3001	
NUE249					p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3002	
GA					NUE249 GA RI	CCACCTCAAG AACAGTAACG AG	3003	
NUE250					p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3004	
GA					NUE250 GA RI	GAAGGTAGAG TGCAGCATGG	3005	
NUE252	XbaI.	NUE252 EF XbaI	TATCTAGATTGG TCACAGGGGAT AGGC	2764	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3006	pGXN
	SacI	NUE252 ER SacI	TGAGCTCCTAA GATGCTGCTTTC TCAGACTATG	2765	NUE252_NR_	SacI TGAGCTCCTAC TATGCCAAAG AACCTTCATG	3007	
		NUE252 NF XbaI	TATCTAGAGAA ATTGTGTTTGT TGATGGG	2766				
		NUE252 NR SacI	TGAGCTCCTACT ATGCCAAAGAA CCTTCATG	2767				
NUE265	XbaI.	NUE265 NF XbaI	TATCTAGAGAG AAATGACAAGT GTCTGGAAG	2768	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3008	pGXN
	SacI	NUE265 NR SacI	TGAGCTCGGAG TGATCACTACTG CTTCTCC	2769	NUE265NR SacI	TGAGCTCGGA GTGATCACTAC TGCTTCTCC	3009	
NUE268	SaII	NUE268 NF SaII	AATGTCGACTG AAGATGGCTGA CGATTTG	2770	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3010	pGXN
	XbaI	NUE268 NR XbaI	TATCTAGACTAG TCTTAGCCACCA CCAGAAC	2771	NUE268 NR XbaI	TATCTAGACTA GTCTTAGCCAC CACCAGAAC	3011	

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
NUE514	Xbal.	NUE51 4 EF Xbal	AATCTAGAGGA TTGAGACATGC ACTTAACAG	2772	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3012	pGXN
	SacI	NUE51 4 ER SacI	TGAGCTCTTTTG AGCACCTCTTAT TTAGC	2773	NUE51 4_NR_S acI	TGAGCTCCTAC AATACACCTCT TGACATCCTTC	3013	
		NUE51 4 NF Xbal	AATCTAGAACT CATCAGCAACT ACAACGTG	2774				
		NUE51 4 NR SacI	TGAGCTCCTACA ATACACCTCTTG ACATCCTTC	2775				
NUE515	SalI.	NUE51 5 NF SalI	TAAGTCGACGA TACAATGAGAA TGTTAGTTCTTC G	2776	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3014	pGXN
	Xbal	NUE51 5 NR Xbal	TATCTAGATCAT CACCATCGTCTT ATCAATGAAG	2777	NUE51 5 NR Xbal	TATCTAGATCA TCACCATCGTC TTATCAATGAA G	3015	
NUE523	SmaI.	NUE52 3_EF_SmaI	ACCCGGGTCGT CTCATCAATTCA AGATCC	2778	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3016	Topo
	SacI	NUE52 3 ER SacI	TGAGCTCCCCTT CAAACATAATCA ATCTTG	2779	NUE52 3ERS acI	TGAGCTCCCCT TCAAACATAATC AATCTTG	3017	
NUE525					p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3018	pQXY N
GA					NUE52 5 GA R	GTACTGAAGCT CGTCCTGGAC	3019	
NUE527	Xbal	NUE52 7EF Xbal	AATCTAGAAAG AGCACCACCAG AGCAG	2780	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3020	pKSJ
	EcoR V	NUE52 7 ER EcoRV	TTGATATCCTTT ATGTCACCATT ATCTCAG	2781	NUE52 7 ER E coRV	TTGATATCCTT TATGTCACCAT TCATCTCAG	3021	
NUE532	Xbal.	NUE53 2 EF Xbal	AATCTAGACTG GTTTAGGAGAC GAAAAGG	2782	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3022	pGXN
	SacI	NUE53 2 ER SacI	AGAGCTCCTATC TCAACTCCATCG CCTCAG	2783	NUE53 2_NR_S acI	AGAGCTCCTAC TACTCAACTTC TCTGATGATTC TC	3023	
		NUE53 2 NF Xbal	AATCTAGAAGT GCTCTCCGTTT GAGG	2784				
		NUE53 2 NR SacI	AGAGCTCCTACT ACTCAACTTCTC TGATGATTCTC	2785				
NUE533					p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3024	pQXY N
GA					NUE53 3 GA R	GGTTAGACAC GAGCTTCTCAG AC	3025	
NUE536	Xbal.	NUE53 6 EF Xbal	ATTCTAGAGCCT TCTGATTCCCAC TCC	2786	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3026	pGXN

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
	SacI	NUE53 6 ER SacI	TGAGCTCTGGA GTATCTGGTTTA GTTCGTC	2787	NUE53 6NRS acl	CGAGCTCAAA GTCTCACTCCG CACTACAC	3027	
		NUE53 6 NF XbaI	AATCTAGACCT ACTATACTTGCA ACCTCTCC	2788				
		NUE53 6 NR SacI	CGAGCTCAAAAG TCTCACTCCGCA CTACAC	2789				
NUE547					p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3028	pQXY N
GA					NUE54 7 GA R	GTGTGCAGCTC GAACTTGG	3029	
NUE550	SmaI	NUE55 0_EF_ SmaI	ACCCGGGGTAA CACTATCAAGA GACGATGAAG	2790	p35S F 2	GGACAGGCTT CTTGAGATCCT	3030	pKSJ
		NUE55 0_ER_ SmaI	TCCCGGGGTTTA CATTGTTCTCGT TTCAAATC	2791	NUE55 0NRS mal	TCCCGGGAATC TTTATTAACGA AACAGCAG	3031	
		NUE55 0_NF_ SmaI	ACCCGGGCTAT CAAGAGACGAT GAAGGTTG	2792				
		NUE55 0_NR_ SmaI	TCCCGGGAATCT TTATTAACGAA ACAGCAG	2793				
NUE564	XbaI	NUE56 4 EF XbaI	AATCTAGACTTC AAGCAGGCAGC ACAC	2794	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3032	pGXN
	SacI	NUE56 4 ER SacI	CGAGCTCAAAAG GGTCCATCATA ATCACAG	2795	NUE56 4_NR_ Sacl	TGAGCTCCTAC ATGTCCCTTAG ATTGCTCTATT C	3033	
		NUE56 4 NF XbaI	TATCTAGAGGA AACCTTGAGCC ATGG	2796				
		NUE56 4 NR SacI	TGAGCTCCTACA TGTCCTTAGAT TGCTCTATTC	2797				
NUE576	SalI	NUE57 6 EF SalI	AAAGTCGACAG GAACAGCAACA AAAGTAAGC	2798	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3034	pGXN
	SmaI	NUE57 6_ER_ SmaI	TCCCGGGCTAA ACTGTCCCATT TGCGTG	2799	NUE57 6NRS mal	TCCCGGGCTAA GTAGCATGAG TCTAGAGCTTG G	3035	
		NUE57 6 NF S all	AAAGTCGACCA ACAACCACACA CACTCACAG	2800				
		NUE57 6_NR_ SmaI	TCCCGGGCTAA GTAGCATGAGT CTAGAGCTTG	2801				
NUE579	SalI	NUE57 9 NF SalI	AATGTCGACTCT CAAAACCTTAA CTGTTTCC	2802	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3036	pGXN

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
	XbaI	NUE57 9 NR XbaI	ATTCTAGACAG GATAATAGATA GTCACACGAGG	2803	NUE57 9 NR XbaI	ATTCTAGACAG GATAATAGAT AGTCACACGA GG	3037	
NUE581	SalI	NUE58 1 EF SalI	AAAGTCGACCA AAAGAATCTGT CTTCTTCTCTG	2804	p35S F 1	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3038	pGXN
	XbaI	NUE58 1 ER XbaI	ATTCTAGACTAT CCAAGAAGGAA CAATGAGG	2805	NUE58 1 NR XbaI	ACTCTAGATTA GAACCACAAA AGATTACAAC ATC	3039	
		NUE58 1 NF SalI	AAAGTCGACGG TAAAATATCTTT CTTGTGCAG	2806				
		NUE58 1 NR XbaI	ACTCTAGATTAG AACCACAAAAG ATTACAACATC	2807				
MAB52					6669F	TCAGCCACCCA AACCATGAC	3040	pGN
GA					MAB52 _R_Seq	GAAGTCCTGA GACCGTTGATA G	3041	
MAB10 6		MAB10 6 EF	GTTCCAGTTGAG CGAGCAG	2808	T7_1	TACGACTCACT ATAGGGCGA	3042	pGN
	EcoRV	MABIO 6 ER EcoRV	TTGATATCCCAG TCTGTTTATTGC ATCATC	2809	MABIO 6 NR EcoRV	AAGATATCGT GCTAAACTATA CATCAAACGT G	3043	
	PstI	MABIO 6 NF Ps ti	AACTGCAGGAT CATCCTCACATT GCGAG	2810				
		MABIO 6 NR EcoRV	AAGATATCGTG CTAAACTATAC ATCAAACGTG	2811				
NUE251					35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3044	
GA					NUE25 1 GA R	GAAGTACCAC CAGTTGAAGA AGC	3045	
NUE545	SalI	NUE54 5 NF S all	TATGTCGACAG GTTATGGGGAA GAAGCTAG	2812	NUE54 5_F	GCAACAATTGT GGAGTCAACA C	3046	pGXN
	XbaI	NUE54 5 NR XbaI	TATCTAGATCAT CAGTAGCCACG AACTTGTCTAG	2813	101R	AAGTTGGGTA ACGCCAGGGT	3047	
NUE570	SalI	NUE57 0 NF SalI	TTCGTCGACTAA GCACAAATGGC GACTC	2814	NUE57 OSeqF	CTTTGAGACGT TAGCTGTTGAG	3048	pKSJ
	SmaI	NUE57 ONR SmaI	ACCCGGGTCAA GGAGCTGAAAC ACTAGAGTTACT	2815	101R	AAGTTGGGTA ACGCCAGGGT	3049	
NUE571	SalI	NUE57 1 NF S al	GTAGTCGACTTC ACATGGGAAAG GATAAGAC	2816	NUE57 1 NF S al	GTAGTCGACTT CACATGGGAA AGGATAAGAC	3050	pGXN
	XbaI	NUE57 1NR XbaI	AATCTAGATCA CTGATATAGTCC ACGTCCTAAGG	2817	101R	AAGTTGGGTA ACGCCAGGGT	3051	

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
NUE578	Xbal.	NUE578 EF Xbal	AATCTAGAATA TCCTCCCATTCT CATTCTG	2818	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3052	pGXN
	Smal	NUE578ERSmal	TCCCGGGCTAAT GCAATCTCCAA CTCCAAG	2819	NUE578_NR_Smal	TCCCGGGCTAA GAAAAGGTAG GAGAAGGAAG G	3053	
		NUE578 NF Xbal	AATCTAGAAGC GGAGAAGAGGA AGGAG	2820				
		NUE578_NR_Smal	TCCCGGGCTAA GAAAAGGTAGG AGAAGGAAGG	2821				
NUE580	Xbal.	NUE580 NF Xbal	AATCTAGACGG AATATACATTG CTTTGTG	2822	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3054	pGXN
	Smal	NUE580NRSmal	TCCCGGGCTACT GCTGAATGCTCT CTTTGC	2823	NUE580NRSmal	TCCCGGGCTAC TGCTGAATGCT CTCTTTGC	3055	
NUE582	Xbal	NUE582 NF Xbal	AATCTAGAAAT CATCCTTCCCCA ACCTC	2824	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3056	pGXN
	Smal	NUE582_NR_Smal	CCCCGGGACCC AAACAGTCATG CTAGG	2825	NUE582_NR_Smal	CCCCGGGACC CAAACAGTCA TGCTAGG	3057	
NUE584	SaII.	NUE584 NF Sall	AAAGTCGACAA GGTTGGAGATT GTGAAATTG	2826	35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3058	pGXN
	SacI	NUE584_NR_Sacl	CGAGCTCATACT CTACGTTCCCGT GTGG	2827	NUE584_NR_Sacl	CGAGCTCATAC TCTACGTTCCC GTGTGG	3059	
NUE593					35S_1F	GGAGAGGACA GGCTTCTTGAG	3060	
GA					NUE593 GA R	GTAGCCTGAA CAGCAGAACC	3061	
CT1	Smal	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2828				pKS
	SacI	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2829				
CT11	Smal	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2830				pKS
	SacI	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2831				
CT2	Xbal	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2832				pKS
		Forward	ATGGGGCAACA TCACTTGGG	2833				
CT20	Smal	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2834				pKS
	SacI	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2835				
CT22	Smal	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2836				pKS
	SacI	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2837				
CT27	Smal	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2838				pKS

Identificação dos Genes	Enz.	Iniciadores de Clonagem		SEQ ID NO:	Iniciadores de Seleção		SEQ ID NO:	Pfás.
	EcoR V	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2839				
CT3	SmaI	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2840				pKS
	SacI	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2841				
CT40	SmaI	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2842				pKS
	SacI	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2843				
CT6	SmaI	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2844				pKS
	SacI	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2845				
CT7	SmaI	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2846				pKS
	EcoR V	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2847				
CT71	XbaI	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2848				pKS
	SacI	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2849				
CT74	SmaI	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2850				pKS
	SacI	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2851				
CT75	SmaI	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2852				pKS
	EcoR V	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2853				
CT76	SmaI	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2854				pKS
	SacI	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2855				
CT81	SmaI	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2856				pKS
	SacI	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2857				
CT82	SmaI	Reverse	AAGTTGGGTAA CGCCAGGGT	2858				pKS
	SacI	Forward	GGTGGCTCCTAC AAATGCCATC	2859				

[00288] Tabela 22. São fornecidas as sequências dos iniciadores utilizados na clonagem dos genes indicados e na seleção de plasmídeos binários clonados. Iniciadores são fornecidos de 5' → 3'. “EF” = iniciador avançado externo; “ER” = iniciador reverso externo; “NF” = iniciador avançado agrupado; “NR” = iniciador reverso agrupado. A menos que de outra forma indicado, todos os genes foram clonados de moléculas de RNA. “GA” = GeneArt, genes preparados sinteticamente; “Enz.” = Enzima; “Plas.”

= Plasmídeo.

[00289] Cada produto PCR digerido foi inserido em um vetor de cópia elevada originado do vetor de plasmídeo pBlue-script KS (vetor de plasmídeo pBlue-script KS, Protocolo de Transferência de Hipertexto://www (ponto) stratagene (ponto) com/manuals/212205 (ponto) pdf). No caso do vetor de cópia elevada originado do vetor de plasmídeo pBlue-script KS (pGN), o produto PCR foi inserido no plasmídeo de cópia elevada anterior ao terminador NOS (SEQ ID N0:3064) originado do vetor binário pBI 101,3 (GenBank Acesso Nº. U12640, nucleotídeos 4417 a 4693). Em outros casos, o produto PCR foi inserido no vetor de cópia elevada pCR®-BluntII-TOPO® (ZeroBlunt® TOPO ® PCR Kit de clonagem, Invitrogene). Alguns destes genes foram encomendados sinteticamente sintetizados de um fornecedor comercial (GeneArt, GmbH), estes genes foram postos nos vetores de cópia elevada pQXYN, pGXN, obtidos dos fornecedores.

[00290] O sequenciamento dos genes inseridos foi realizado utilizando o sequenciador ABI 377 (Applied Biosystems). Em alguns casos, após a confirmação das sequências dos genes clonados, o cDNA clonado acompanhado com o terminador NOS foi introduzido nos vetores binários pGI, contendo o promotor 35S via digestão com restrição de endonucleases adequadas. Em outros casos, o cDNA clonado acompanhado com o promotor 35S foi introduzido no vetor pGI. Em nenhum caso, a inserção foi seguida por cópia única do terminador NOS (SEQ ID NO: 3064). Os produtos digeridos e o vetor plasmídeo linearizado foram ligados utilizando a enzima ligase T4 DNA (Roche, Suíça).

[00291] Para alguns dos polinucleotídeos clonados, ao invés de amplificar a sequência a partir do cDNA, as sequências sintéticas foram encomendadas de um fornecedor comercial GeneArt, GmbH). Dessa forma, nenhum iniciador foi utilizado para a amplificação dos genes sintéticos. Para otimizar as sequências de codificação dos genes sintéticos, Tabelas de uso de

códon, calculadas a partir dos transcritores de plantas, foram utilizadas (exemplos de tais Tabelas podem ser encontrados no Banco de Dados de Uso de Códon, disponível on-line em Protocolo de Transferência de Hipertexto://www (ponto) kazusa (ponto) or (ponto) jp/codon/). A sequência de codificação otimizada é projetada de tal forma que mudanças não são introduzidas na sequência do ácido amino codificado, enquanto se utiliza códons selecionados para expressão em plantas dicotiledôneas, principalmente tomates e *Arabidopsis*; e plantas monocotiledôneas, tais como o milho. Estas sequências utilizadas promovem uma melhor taxa de tradução e, portanto, níveis de expressão de proteínas mais elevados. Para as sequências otimizadas, divisões adicionais de locais de enzimas de restrição únicas foram adicionadas – para facilitar a clonagem dos genes nos vetores binários.

[00292] Os vetores binários de plasmídeos pPI e pGI foram utilizados para introduzir as construções de gene em plantas. O plasmídeo pPI foi construído inserindo uma sequência de sinal poli-(A) sintético, originado a partir do vetor de plasmídeo básico pGL3 (Promega, Ac. No. U47295; bp 4658-4811) no local de restrição HindIII do vetor binário pBI101.3 (Clontech, Acc. No. U12640). Em alguns casos, o plasmídeo binário da espinha dorsal utilizado foi pGI que é similar ao pPI, mas o gene GUS foi substituído pelo gene GUS-Intron (Vancanneyt. G, et al MGG 220, 245-50, 1990). O plasmídeo pPI ou pGI foi utilizado para clonar as sequências de polinucleotídeos, inicialmente sob o controle do promotor 35S [Odell, JT, et al. Nature 313, 810 - 812 (28 February 1985); SEQ ID NO: 3063] ou o promotor *Arabidopsis thaliana* At6669 (SEQ ID NO:3064, PCT Publicação No. W02004/104162).

[00293] A sequência do promotor At6669 ou CaMV 35S (estabelecido em SEQ ID NO: 3063) é inserido no vetor binário pPI ou pGI anterior aos genes clonados utilizando as enzimas de restrição HindIII e Sail ou BamRI (Roche, Suíça). Os produtos PCR digeridos e o vetor de plasmídeo

linearizado foram ligados utilizando a enzima ligase de DNA T4 (Roche, Suíça), conforme descrito acima.

[00294] 60 µL de E. coli, da linhagem de células competentes DH5-a (cerca de 10⁹ células/mL) foram transformadas utilizando 1 µL de mistura de reação de ligação por eletroporação, utilizando um eletroporador MicroPulser (Biorad), 0,2 cm cadinho (Biorad) e programa de eletroporação EC-2 (Biorad). As células de E. coli foram cultivadas em 0,8 mL de líquido médio a 37°C por 1 hora e 0,2 mL de suspensão de células foram colocadas em placas de LB-agar suplementadas com 50 mg/L de antibiótico canamicina (Sigma). As placas foram, então, incubadas a 37°C por 16 horas. Colônias de bactérias foram cultivadas e a expressão foi confirmada por amplificação de PCR utilizando os conjuntos de iniciadores detalhados na Tabela 22, acima, que foram projetados para espalhar a sequência no vetor binário.

[00295] Os produtos PCR foram separados em gel agarose 1,5% e os tamanhos dos produtos foram estimados por comparação por escala de DNA (MBI Fermentas).

Tabela 23 Sequências clonadas

Tabela 23. São fornecidos os genes produzidos sinteticamente ou clonados e seus polipeptídeos codificados, juntamente com os identificadores de sequências, organismos a partir dos quais os genes foram clonados.

SEQ ID NO: do clonado ou do Gene ID	Nome do Gene	SEQ ID NO: do Polipeptídeo Codificado	Cluster	Método de Clonagem
2398	CT1	2523	algodão gb 64 AI725990 TI	clonado
2399	CT11	2524	algodão gb 64 AI725968 TI	clonado
2400	CT2	2525	algodão gb 64 AI727334 TI	clonado
2401	CT20	2526	algodão gb 64 AI726497 TI	clonado
2402	CT22	2527	algodão gb 64 BG440027 TI	clonado
2403	CT27	2528	algodão gb 64 AF336280 TI	clonado
2404	CT3	144	algodão gb 64 AI725456 TI	clonado
2405	CT40	145	algodão gb 64 BE052317 TI	clonado
2406	CT6	2529	algodão gb 64 AI726479 TI	clonado
2407	CT7	147	algodão gb 64 AI727027 TI	clonado
2408	CT71	148	algodão gb 64 AI725508 TI	clonado
2409	CT74	149	algodão gb 64 AI725950 TI	clonado
2410	CT75	2530	algodão gb 64 AI726599 TI	clonado
2411	CT76	2531	algodão gb 64 AI726155 TI	clonado
2412	CT81	2532	algodão gb 64 AI726693 TI	clonado
2413	CT82	153	algodão gb 64 BQ402794 TI	clonado

SEQ ID NO: do clonado ou do Gene ID	Nome do Gene	SEQ ID NO: do Polipetídeo Codificado	Cluster	Método de Clonagem
2414	MAB10 6	154	cevadalgb157.2IAL450627 T 1	clonado
2415	MAB52	155	arrozlgb157.2IAU070543_T1	synthesized_opti mized
2416	NUE206	158	arabidopsislgb165IAT4G2496 0 TI	clonado
2417	NUE208	2533	tomatelgb164IBG124666 TI	clonado
2418	NUE209	160	tomatelgb164IBG134403 TI	clonado
2419	NUE210	2534	tomatelgb157ITOMTRALTA B TI	clonado
2420	NUE211	162	arrozlgb157.2IAU174544_T1	synthesized_opti mized
2421	NUE212	163	algodãolgb164ICO081293 TI	clonado
2422	NUE221	164	arrozlgb157.2IBI305241 TI	clonado
2423	NUE222	165	arabidopsislgb165IATIG3182 0 TI	clonado
2424	NUE223	166	arrozlgb157.2IAW069985 TI	clonado
2425	NUE224	167	arrozlgb157.2IAW155063 TI	clonado
2426	NUE225	168	arrozlgb157.2IBE039221 TI	clonado
2427	NUE227	169	arrozlgb157.2IAU056888 TI	clonado
2428	NUE228	170	arrozlgb157.2IAA753730_T1	Sintetizado otimizado
2429	NUE229	2535	milholgb164IAW455682 TI	clonado
2430	NUE230	172	arrozlgb157.2IAA749861_T1	Sintetizado otimizado
2431	NUE231	173	arrozlgb157.2IAK108994_T1	Sintetizado otimizado
2432	NUE233	174	arrozlgb157.2ICB640732 TI	Sintetizado otimizado
2433	NUE234	175	álamolgb157.2IBU868634 T 1	Sintetizado otimizado
2434	NUE235	176	sojalgb162ICA852963 T 1	Sintetizado otimizado
2435	NUE237	177	arrozlgb157.2IBI811377 TI	Sintetizado otimizado
2436	NUE239	178	álamolgb157.2IBU880014 T 1	Sintetizado otimizado
2437	NUE240	179	álamolgb157.2IAJ407707_T1	Sintetizado otimizado
2438	NUE241	180	tomatelgb164IBG129806 TI	clonado
2439	NUE242	2536	tomatelgb164IBG791300 TI	clonado
2440	NUE244	182	sojalgb162ICF808561 TI	clonado
2441	NUE245	2537	arrozlgb157.2IAT003383_T1	Sintetizado otimizado
2442	NUE246	184	uvalgb160ICF207859 TI	Sintetizado otimizado
2443	NUE248	2538	milholgb157IBG354535 TI	Sintetizado otimizado
2444	NUE249	186	arrozlgb157.2IAU029933_T1	Sintetizado otimizado
2445	NUE250	187	arrozlgb157.2IAK102239_T1	Sintetizado otimizado
2446	NUE251	188	sorghum gb 161 .xeno AI9477 81 TI	Sintetizado otimizado
2447	NUE252	189	arabidopsislgb165IATIG5803 0 TI	clonado
2448	NUE253	190	arrozlgb157.2IAF145730 TI	clonado
2449	NUE254	2539	milholgb164IAI600563 TI	clonado
2450	NUE255	2540	arrozlgb157.2ICB000630 TI	clonado
2451	NUE256	193	trigolgb164IBE415875_T1	Sintetizado otimizado
2452	NUE265	194	arrozlgb157.2IBE039218 TI	clonado
2453	NUE267	195	arabidopsislgb165IAT5G6068 0 TI	clonado
2454	NUE268	196	arrozlgb157.2IAA750934 TI	clonado
2455	NUE269	2541	algodãolgb164IAI730085 TI	clonado
2456	NUE49	2542	milholgb154IAW037179_T1	Sintetizado otimizado
2457	NUE50	2543	milholgb164IAW287760 TI	clonado
2458	NUE511	2544	milholgb157IAW360667 TI	clonado
2459	NUE512	201	arabidopsislgb157.2IAT5G23 460 TI	clonado
2460	NUE513	2545	arabidopsislgb157.2IAT3G26 100 TI	clonado

SEQ ID NO: do clonado ou do Gene ID	Nome do Gene	SEQ ID NO: do Polipetídeo Codificado	Cluster	Método de Clonagem
2461	NUE514	2546	sojalgb162 SOYHPR TI	clonado
2462	NUE515	2547	arabidopsis gb165 ATIG4492 0 TI	clonado
2463	NUE516	205	arabidopsis gb157.2 ATIG48 210 TI	clonado
2464	NUE519	2548	trigolgb164 BE445396 TI	clonado
2465	NUE520	207	arroz gb157.2 BI305493 TI	Sintetizado
2466	NUE521	208	arroz gb157.2 AU077950 TI	clonado
2467	NUE523	209	sorghum gb 161.xeno AI9014 39 TI	clonado
2468	NUE525	210	sorghum gb 161 .xeno AW052 978 TI	Sintetizado otimizado
2469	NUE527	211	sorghum gb 161 .xeno AW055 409 TI	clonado
2470	NUE528	212	sorghum gb 161 .xeno AI3 721 94 TI	clonado
2471	NUE531	213	arroz gb157.2 BI805136_ TI	Sintetizado otimizado
2472	NUE532	214	milho gb164 AW054475 TI	clonado
2473	NUE533	215	soja gb166 AW350050 T 1	clonado
2474	NUE535	2549	sorghum gb 161 .crp BE59904 2 TI	clonado
2475	NUE536	217	milho gb164 BQ279657 TI	clonado
2476	NUE537	218	cevada gb157.2 AJ234408 TI	clonado
2477	NUE538	219	sorghum gb 161 .xeno AW923 729 TI	clonado
2478	NUE539	220	arroz gb157.2 AW155216_ TI	Sintetizado otimizado
2479	NUE540	2550	arabidopsis gb157.2 ATIG13 980 TI	clonado
2480	NUE542	2551	arabidopsis gb157.2 AT3G46 280 TI	clonado
2481	NUE543	223	arroz gb157.2 AK063415_ TI	Sintetizado otimizado
2482	NUE544	2552	algodão gb164 BQ412384 TI	clonado
2483	NUE545	2553	algodão gb164 AI055737 TI	clonado
2484	NUE547	226	sorghum gb 161.xeno BU 395 59 TI	Sintetizado otimizado
2485	NUE548	227	sorghum gb 161.xeno BQ2796 57 TI	clonado
2486	NUE549	228	sorghum gb 161 .xeno AFO191 47 TI	clonado
2487	NUE550	229	canola gb161 EE559843 TI	clonado
2488	NUE551	2554	cevada gb157.3 BE420701 TI	clonado
2489	NUE553	231	cevada gb157.3 BE421829 TI	clonado
2490	NUE554	232	sorghum gb 161.xeno AA0118 80 TI	clonado
2491	NUE560	233	arroz gb157.2 BE229552 TI	clonado
2492	NUE562	2555	arroz gb157.2 BE039784 TI	clonado
2493	NUE563	235	arroz gb157.2 AU057884 TI	clonado
2494	NUE564	236	milho gb164 AI619269 TI	clonado
2495	NUE565	237	arabidopsis gbl 57.2 AT5G15 080 TI	clonado
2496	NUE566	238	arabidopsis gb165 AT2G4370 0 TI	clonado
2497	NUE567	239	arabidopsis gb165 ATIG6068 0 TI	clonado
2498	NUE568	240	arabidopsis gb165 ATIG7845 0 TI	clonado

SEQ ID NO: do clonado ou do Gene ID	Nome do Gene	SEQ ID NO: do Polipetídeo Codificado	Cluster	Método de Clonagem
2499	NUE569	241	arabidopsis gb 65 AT2G0389 0 TI	clonado
2500	NUE570	242	arabidopsis gb 65 ATIG4391 0 TI	clonado
2501	NUE571	243	arabidopsis gb 57.2 ATIG47 530 TI	clonado
2502	NUE572	244	arabidopsis gb 57.2 AT2G24 240 TI	clonado
2503	NUE573	245	arabidopsis gb 65 AT4G1539 0 TI	clonado
2504	NUE574	2556	arroz gb 57.2 BI807603 TI	clonado
2505	NUE575	247	arroz gb 57.2 AU068829 TI	clonado
2506	NUE576	2557	arroz gb 57.2 AA752451 TI	clonado
2507	NUE577	249	arabidopsis gb 65 ATIG6780 0 TI	clonado
2508	NUE578	250	trigo gb 64 BE401454 TI	clonado
2509	NUE579	2558	arabidopsis gb 65 ATIG7085 0 TI	clonado
2510	NUE580	2559	arabidopsis gb 65 AT2G3588 0 TI	clonado
2511	NUE581	253	arabidopsis gb 65 ATIG1284 5 TI	clonado
2512	NUE582	2560	sorghum gb 61.xenolT18303 TI	clonado
2513	NUE583	255	arroz gb 57.2 AU172665 TI	clonado
2514	NUE584	2561	sorghum gb 161 .crp AW9235 45 TI	clonado
2515	NUE585	257	arabidopsis gb 65 ATIG7190 0 TI	clonado
2516	NUE586	2562	arabidopsis gb 65 AW672 541_ TI	clonado
2517	NUE586	259	sorghum gb 61.xenolT18303 TI	clonado
2518	NUE586	260	arroz gb 57.2 AA70816_ TI	clonado
2519	NUE586	2563	sorghum gb 61.xenolAI622209_ TI	clonado
2520	NUE586	262	sorghum gb 61.xenolBE123399_ TI	Sintetizado otimizado
2521	NUE586	263	sorghum gb 61.xenolAI901557_ TI	clonado
2522	NUE586	264	arabidopsis gb 65 AT2G04066_ TI	Sintetizado otimizado

EXEMPLO 4

GERAÇÃO DE PLANTAS TRANSGÊNICAS EXPRESSANDO OS POLINUCLEOTÍDEOS DE ALGUMAS CONFIGURAÇÕES DA INVENÇÃO

[00296] A transformação do Arabidopsis foi realizada conforme Clough SJ, Bent AF. (1998) Floral dip: a simplified method for Agrobacterium-mediated transformation of Arabidopsis thaliana. Plant J.

16(6): 735-43; e Desfeux C, Clough SJ, Bent AF. (2000) Female reproductive tissues are the primary targets of *Agrobacterium*-mediated transformation by the *Arabidopsis* floral-dip method. *Plant Physiol.* 123(3): 895-904.). Briefly-As *Arabidopsis thaliana* var *Columbia* (T_0 plants) foram transformadas utilizando o procedimento Floral Dip descrito por Clough SJ e Bent AF (10) e por Desfeux C et al. (11), com pequenas modificações. A *Arabidopsis thaliana* *Columbia* (Col_0) T_0 Plants foram semeadas em vasos de 250 ml preenchido com uma mistura de crescimento com base em material fóssil umedecido. Os vasos foram cobertos com folha de alumínio e cúpula de plástico, mantidos à temperatura de 4°C por 3-4 dias, então descobertas e incubadas em uma câmara de crescimento à temperatura de 18-24°C sob 16/8 ciclos de luz/escuridão. As plantas T_0 estavam prontas para transformação seis dias antes da florescência. Colônias individuais de *Agrobacterium* contendo vetores binários hospedagem de poli nucleotídeos de algumas configurações da invenção foram cultivadas em LB médio suplementado com kanamicina (50 mg/L) e gentamicina (50 mg/L). As culturas foram incubadas à 28°C por 48 horas sob agitação vigorosa e centrifugadas a 4000 rpm por 5 minutos. Os paletes compreendendo células de *Agrobacterium* foram resuspendidos em uma transformação média que continha meia potência (2,15 g/L) Murashige-Skoog (MS) médio (Duchefa); 0,044 µM de benzilamino purina (Sigma); 112 µg/L B5 de vitaminas Gambourg (Sigma); 5% de sacarose e 0,2 ml/L Silwet L-77 (OSI Specialists, CT) em água duplamente destilada, a pH of 5,7.

[00297] A transformação de plantas T_0 foi realizada invertendo-se cada planta em uma suspensão de *Agrobacterium* de forma que o talo de floração seja submergido por 3-5 segundos. Cada planta T_0 foi imediatamente colocada em uma bandeja de plástico, então coberta com domo de plástico transparente para manter a umidade e mantida no escuro em temperatura ambiente por 18 horas para facilitar a infecção e transformação. Plantas

transformadas (transgênica) foram então descobertas e transferidas para uma estufa para plantas para recuperação e maturação. As plantas T₀ transgênicas se desenvolverem em uma estufa para plantas por 3-5 semanas até a maturação siliqua, e então as sementes foram colhidas e mantidas em temperatura ambiente até a semeadura.

[00298] Para gerar florações de plantas transgênicas T₁ e T₂, os polinucleotídeos de algumas configurações das invenções, sementes coletadas das plantas transgênicas T₀ foram esterilizadas por superfície por encharcamento em 70 % de etanol por 1 minuto, seguido por encharcamento em 5 % de hipoclorito de sódio e 0,05 % de Triton X-100 por 5 minutos. As sementes de superfície esterilizada foram completamente molhadas em água destilada estéril e então colocadas em placas de cultura contendo meia potência de Murashige-Skoog (Duchefa); 2 % de sacarose; 0,8 % de ágar para planta; 50 mM de kanamicina e 200 mM de carbenicilina (Duchefa). As placas de cultura foram incubadas a 4°C por 48 horas e então transferidas para incubadora a 25°C por uma semana adicional de incubação. Plantas *Arabidopsis* Vital T₁ foram transferidas para placas de cultura novas para um outro período de incubação. Após a incubação, as plantas T₁ foram removidas para placas de cultura e plantadas em uma mistura para crescimento contida em vasos de 250 ml. As plantas transgênicas foram então deixadas para crescimento em uma estufa para plantas para amadurecerem. Sementes colhidas das plantas T₁ foram cultivadas e até o crescimento para amadurecimento, assim como as plantas T₂ sob as mesmas condições utilizadas para cultura e crescimento das plantas T₁. Pelo menos 10 transformações independentes foram criadas a partir de cada construção para as quais os lotes de sementes T₂ foram coletadas.

[00299] Os genes NUE584 (SEQ ID N°: 2514), NUE253 (SEQ ID N°: 2448), NUE533 (SEQ ID N°: 2473), NUE577 (SEQ ID N°: 2507), NUE590 (SEQ ID N°: 2519) e NUE562 (SEQ ID N°: 2492) foram clonados,

introduzidos na *Arabidopsis* e sementes T₂ foram produzidas.

[00300] NUE540 (SEQ ID N°: 2479), NUE549 (SEQ ID N°: 2486), e NUE533 (SEQ ID N°: 2473) desenvolveram plantas saudáveis de coloração púrpura, sugerindo o vigor aumentado das plantas transgênicas.

[00301] NUE591 (SEQ ID N°: 2520) produziu plantas de coloração verde clara. Este fenótipo está relacionado ao gene da capacidade fotossintética da planta em diferentes níveis de fertilização de nitrogênio.

EXEMPLO 5

ENSAIO 1: EFICIÊNCIA MELHORADA DO USO DE NITROGÊNIO IN VITRO (ENSAIO DE CULTURA DE TECIDO)

[00302] Sementes de superfície esterilizada foram semeadas em média basal [50% de Murashige-Skoog médio (MS) suplementado com 0,8 % de ágar de planta como agente solidificante] na presença de Kanamicina (utilizado como um agente de seleção). Após a semeadura, as placas foram transferidas por 2-3 dias para estratificação a 4°C e então germinadas a 25°C sob ciclos diários de 12 horas na luz e 12 horas no escuro, por 7 a 10 dias. Neste ponto de tempo, mudas escolhidas randomicamente foram cuidadosamente transferidas para placas contendo ½ de MS médio (15 mM N) para o tratamento normal de concentração de nitrogênio e 0,75 mM de nitrogênio para os tratamento de baixa concentração de nitrogênio. Cada placa continha 5 mudas do mesmo evento transgênico e 3-4 placas diferentes (replicatas) para cada evento. Para cada polinucleotídeo da invenção pelo menos quatro eventos independentes de transformações foram analisados para cada construção. Plantas expressando os poli nucleotídeos da invenção foram comparadas às medições médias das plantas de controle (vetor vazio ou gene de relato GUS sob o mesmo promotor) utilizados no mesmo experimento.

[00303] Imagem digital – Um sistema de aquisição de imagem laboratorial, que consiste de uma câmera de reflexo digital (Canon EOS 300D) acoplada com uma lente de comprimento focal de 55 mm (série Canon

EF-S), montada sobre um dispositivo de reprodução (Kaiser RS), que inclui 4 unidades de luz (lâmpadas de 4 x 150 Watts) e localizadas em um quarto escuro, foi utilizado para capturar imagens das platinhas semeadas nas placas de ágar.

[00304] O processo de captura de imagem foi repetido a cada 3-4 dias, iniciando no dia 1 até o dia 10 (vide, por exemplo, as imagens nas Figuras 3 A-B). Um sistema de análise de imagem foi utilizado, o qual consiste de um computador desktop pessoal (Intel P4 processador de 3.0 GHz) e um programa de domínio público - ImageJ 1.39 [programa de processamento baseado em Java que foi desenvolvido no U.S. National Institutes of Health e disponibilizado para uso livre na internet no protocolo de transferência de hipertexto://rsbweb (dot) nih (dot) gov/]. As imagens foram capturadas em resolução de 10 Mega Pixels (3888 x 2592 pixels) e armazenadas em formato JPEG (Joint Photographic Experts Group standard) de baixa compressão. A seguir, dados analisados foram salvos em arquivos texto e processados utilizando-se um software de análise estatística JMP (SAS institute).

[00305] Análise da muda – Utilizando a análise digital, os dados da muda foram calculados, incluindo a área de folhagem, cobertura da raiz e comprimento da raiz.

[00306] A área de crescimento relativo para os diversos parâmetros da muda foi calculada de acordo com a fórmulas V, VI e VII, a seguir.

Fórmula V:

Taxa de crescimento relativo da área de folhagem = Coeficiente de regressão da área de folhagem ao longo do tempo de curso.

Fórmula VI:

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

Fórmula VII:

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

[00307] Ao final do experimento, platinhas foram removidas do meio e pesadas para a determinação do peso da planta nova. Platinhas foram então secadas por 24 horas a 60°C, e pesadas novamente para medir o peso da planta seca para análises estatísticas posteriores. A taxa de crescimento foi determinada comparando-se a cobertura da área de folhagem, cobertura da raiz e comprimento da raiz, entre cada par de fotografias sequenciais, e os resultados foram utilizados para resolver o efeito do gene introduzido no vigor da planta sob condições ideais. Similarmente, o efeito do gene introduzido no acúmulo de biomassa, sob condições ideais, foi determinado comparando-se as plantas novas e peso seco àqueles das plantas de controle (contendo um vetor vazio e um gene de relato GUS sob o mesmo promotor). A partir de cada construção criada, 3-5 eventos independentes de transformação foram examinados em replicatas.

[00308] Análises estatísticas – Para identificar genes conferindo vigor de planta significativamente melhorado ou arquitetura de raiz alargada, os resultados obtidos das plantas transgênicas foram comparados com aqueles obtidos das plantas de controle. Para identificar genes e construções de melhor qualidade, resultados dos eventos independentes de transformação testados foram analisados separadamente. Para avaliar o efeito de um evento de gene sobre um controle, o dado foi analisado por teste T de Estudante e o valor p foi calculado. Os resultados foram considerados significativos se $p \leq 0,1$. O pacote de software estatístico JMP foi utilizado (Versão 5.2.1, SAS Institute Inc., Cary, NC, EUA).

Resultados experimentais

[00309] Os genes apresentados nas Tabela 24-25, abaixo, mostraram melhoria na eficiência de uso do nitrogênio (NUE), produzindo biomassa de

plantas maiores quando germinadas sob condições limitadoras de germinação de nitrogênio, comparados a plantas de controle.

[00310] A Tabelas 24 e 25 representam análises de biomassa das plantas planta fresca e peso seco e área de folhagem) quando germinadas sob condições limitadoras de nitrogênio [condições de baixo nitrogênio ou deficiência de nitrogênio (0,75 mM N)] em plantas sobre-expressando os poli nucleotídeos de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi realizada testando-se o desempenho de diversos eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais que um ensaio de cultura de tecido e o segundo experimento confirmou o aumento significativo na biomassa das plantas. Evento com valor $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 24

Plantas transgênicas exógenas expressando os poli nucleotídeos de algumas configurações da invenção, exibindo biomassa de planta melhorada (fresca e peso seco) sob condições deficientes de nitrogênio

		Peso de Biomassa Fresco da Planta [mg]					Peso de Biomassa Seco da Planta [mg]		
Nome do gene	Evento#	Média	valor-p	% incr,	Nome do gene	Evento#	Média	valor-p	% incr,
CT11	4892,1	204,50	6,3E-02	16,5	CT11	4894,3	7,80	7,7E-02	39,29
Controle		175,55			CT11	4892,3	8,85	1,3E-01	58,04
CT22	5023,1	184,08	2,6E-04	43,5	CT11	4892,2	7,85	4,5E-02	40,18
Controle		128,24			CT11	4893,2	5,98	6,8E-01	6,70
CT27	5033,7	195,00	3,2E-02	55,4	CT11	4892,1	9,20	3,7E-02	64,29
CT27	5031,4	150,93	3,2E-01	20,3	Controle		5,60		
CT27	5035,2	233,40	2,7E-02	86,0	CT27	5033,7	7,68	1,2E-01	37,05
CT27	5033,6	150,63	4,2E-01	20,0	CT27	5031,4	6,73	2,2E-01	20,09
CT27	5033,4	179,95	1,8E-01	43,4	CT27	5035,2	9,68	4,3E-02	72,77
CT27	5033,8	189,30	2,0E-02	50,9	CT27	5033,6	6,40	3,1E-01	14,29
CT27	5033,5	146,98	3,6E-01	17,1	CT27	5033,4	8,03	1,4E-01	43,30
Controle		125,47			CT27	5033,8	7,60	7,7E-02	35,71
CT6	4943,1	184,30	8,3E-02	46,9	CT27	5033,5	6,40	9,6E-02	14,29
CT6	4941,4	188,38	3,0E-02	50,1	Controle		5,60		
Controle		125,47			CT6	4943,1	7,78	1,9E-01	38,84
CT76	5044,6	213,08	1,8E-01	21,4	CT6	4941,4	9,60	1,3E-03	71,43
CT76	5041,5	250,50	1,6E-01	42,7	Controle		5,60		
CT76	5043,5	207,00	2,5E-01	17,9	CT76	5044,6	7,83	1,1E-01	22,21
CT76	5041,7	204,53	1,6E-01	16,5	CT76	5041,5	9,10	2,0E-01	42,12
CT76	5041,9	209,00	8,4E-02	19,1	CT76	5043,5	11,05	1,7E-02	72,57
CT76	5041,6	256,10	9,0E-02	45,9	CT76	5041,7	7,35	1,9E-01	14,79
Controle		175,55			CT76	5041,9	7,33	2,0E-01	14,40
CT81	4992,1	223,50	1,8E-02	27,3	CT76	5041,6	9,28	9,6E-02	44,85
Controle		175,55			Controle		6,40		

Peso de Biomassa Fresco da Planta [mg]					Peso de Biomassa Seco da Planta [mg]				
Nome do gene	Evento#	Média	valor-p	% incr,	Nome do gene	Evento#	Média	valor-p	% incr,
NUE208	8354,8	118,28	9,1E-02	17,3	CT81	4992,1	9,60	7,2E-04	49,93
NUE208	8351,3	138,15	8,5E-02	37,0	CT81	4993,5	6,60	8,0E-01	3,07
NUE208	8355,3	128,53	4,9E-02	27,5	Controle		6,40		
NUE208	8351,5	112,93	3,5E-01	12,0	NUE206	6731,2	7,65	8,4E-01	4,97
Controle		100,81			NUE206	6732,9	10,70	7,4E-02	46,83
NUE209	8191,2	135,83	4,0E-01	34,7	NUE206	6732,5	7,98	7,0E-01	9,43
NUE209	8192,1 3	118,85	2,3E-01	17,9	Controle		7,2875		
NUE209	8192,1 4	160,40	1,7E-01	59,1	NUE208	8354,8	6,05	1,0E-01	55,63
NUE209	8191,5	119,28	1,9E-01	18,3	NUE208	8351,3	7,95	4,3E-02	104,50
NUE209	8192,1	134,45	4,5E-01	33,4	NIK20S	8355,3	6,63	9,8E-03	70,42
Controle		100,81			NIK20S	8351,5	6,33	1,0E-02	62,70
NUE211	8265,1	118,48	6,7E-02	47,0	Controle		3,89		
Controle		80,58			NUE209	8191,2	6,20	2,2E-01	59,49
NUE212	8331,1	115,18	4,7E-01	14,2	NUE209	8192,13	5,80	4,4E-02	49,20
NUE212	8335,2	182,98	6,6E-03	81,5	NUE209	8192,14	7,58	6,3E-02	94,86
NUE212	8334,1	121,25	2,6E-01	20,3	NUE209	8191,5	7,85	5,2E-02	101,93
NUE212	8331,4	177,68	1,1E-01	76,2	NUE209	8192,1	5,85	9,5E-02	50,48
Controle		100,81			Controle		3,89		
NUE221	9802,8	134,30	1,6E-01	18,0	NIK210	8202,1	4,83	4,9E-01	24,12
NUE221	9806,1	138,60	9,0E-02	21,8	NUE210	8202,2	6,35	6,3E-03	63,34
Controle		113,81			NUE210	8201,3	5,50	4,7E-02	41,48
NUE222	8851,4	131,68	5,8E-03	44,1	Controle		3,89		
NUE222	8854,1	108,37	6,9E-02	18,6	NUE212	8334,1	5,18	2,2E-01	42,76
NUE222	8853,2	119,23	1,9E-02	30,4	NUE212	8332,1	3,83	7,5E-01	5,52
NUE222	8851,3	161,75	2,1E-02	77,0	NUE212	8331,4	4,75	6,6E-02	31,03
Controle		91,40			Controle		3,63		
NUE227	9851,2	102,75	1,2E-01	26,1	NUE221	9806,1	6,025	1,9E-01	18,7
NUE227	9854,2	84,70	8,3E-01	4,0	Controle		5,075		
NUE227	9853,4	102,83	2,9E-01	26,2	NUE222	8851,4	4,03	7,9E-01	3,54
NUE227	9853,1	103,23	1,3E-01	26,7	NUE222	8853,2	4,65	2,2E-01	19,61
NUE227	9852,3	101,98	1,4E-01	25,2	NUE222	8851,3	6,45	3,3E-03	65,92
Controle		81,48			Controle		3,89		
NUE230	9154,2	181,58	2,3E-02	48,8	NUE224	9002,2	6,93	2,1E-02	39,55
NUE230	9151,2	125,18	8,8E-01	2,6	NUE224	9001,3	6,83	2,8E-01	37,70
Controle		122,05			Controle		4,96		
NUE231	10633, 3	138,98	8,5E-02	22,1	NUE227	9851,2	4,90	3,6E-01	24,05
Controle		113,81			NUE227	9854,2	4,60	4,8E-01	16,46
NUE233	10174, 3	156,40	3,7E-02	60,8	NUE227	9853,4	4,55	5,3E-01	15,19
NUE233	10174, 1	176,20	4,0E-03	81,2	NUE227	9853,1	4,83	1,4E-01	22,15
NUE233	10173,7	103,68	7,4E-01	6,6	NUE227	9852,3	5,18	7,7E-02	31,01
Controle		97,24			Controle		3,95		
NUE233	10174, 1	117,95	8,1E-03	37,2	NUE228	10092,2	6,75	2,8E-02	35,34
NUE233	10173,7	95,40	4,6E-01	10,9	Controle		4,99		
Controle		86,00			NUE230	9154,2	7,83	2,2E-02	57,68
NUE235	9691,1	175,50	3,2E-01	43,8	NUE230	9151,2	5,40	5,4E-01	8,82
NUE235	9693,3	178,60	3,1E-03	46,3	NUE230	9153,3	5,28	6,9E-01	6,30
NUE235	9694,3	156,28	2,1E-01	28,0	NUE230	9153,1	5,48	3,3E-01	10,33
Controle		122,05			Controle		4,96		
NUE237	9651,1	159,43	1,6E-01	30,6	NUE231	10633,3	8,425	1,0E-05	66,0
NUE237	9654,4	170,70	4,1E-02	39,9	Controle		5,075		
NUE237	9654,1	128,70	7,1E-01	5,4	NUE233	10174,3	6,05	5,1E-02	44,05
NUE237	9653,3	133,33	6,1E-01	9,2	NUE233	10174,1	8,15	2,7E-03	94,05
Controle		122,05			NUE233	10173,7	4,45	7,3E-01	5,95
NUE239	9192,3	168,58	5,1E-02	27,4	Controle		4,20		
NUE239	9192,1	142,68	1,7E-01	7,8	NUE235	9694,2	5,25	7,9E-01	5,79
NUE239	9191,2	136,75	5,8E-01	3,3	NUE235	9691,1	7,28	1,6E-01	46,60
Controle		132,34			NUE235	9694,4	5,83	4,1E-01	17,38

Nome do gene	Evento#	Peso de Biomassa Fresco da Planta [mg]			Nome do gene	Evento#	Peso de Biomassa Seco da Planta [mg]		
		Média	valor-p	% incr,			Média	valor-p	% incr,
NUE240	9172,1	157,53	5,3E-03	19,0	NUE235	9693,3	7,28	6,0E-02	46,60
NUE240	9174,3	143,65	1,7E-01	8,5	NUE235	9694,3	7,88	1,5E-02	58,69
Controle		132,34			Controle		4,96		
NUE241	9632,5	133,63	1,4E-01	64,0	NUE237	9651,1	7,03	3,2E-01	41,56
NUE241	9631,3	148,18	3,8E-03	81,9	NUE237	9654,4	8,88	2,0E-02	78,84
NUE241	9632,3	137,60	8,0E-03	68,9	NUE237	9654,1	6,23	6,5E-02	25,44
NUE241	9632,4	131,93	1,9E-02	61,9	NUE237	9653,3	7,08	8,5E-02	42,57
Controle		81,48			Controle		4,96		
NUE242	9212,1	124,50	2,7E-02	48,7	NUE239	9191,1	9,00	5,3E-02	60,71
NUE242	9214,1	89,98	7,5E-01	7,4	NUE239	9191,2	6,13	5,2E-01	9,38
NUE242	9211,2	95,30	4,3E-01	13,8	Controle		5,60		
NUE242	9213,4	125,50	2,8E-02	49,9	NUE240	9172,4	7,35	3,5E-02	18,55
Controle		83,75			NUE240	9174,3	6,53	6,1E-01	5,24
NUE244	9061,1	119,60	2,8E-03	30,9	Controle		6,20		
NUE244	9061,5	148,80	1,4E-01	62,8	NUE241	9633,4	5,68	6,1E-02	43,67
Controle		91,40			NUE241	9632,3	6,55	1,3E-02	65,82
NUE246	9033,6	140,75	1,4E-01	41,2	NUE241	9632,2	6,20	4,4E-02	56,96
NUE246	9033,8	111,20	4,8E-01	11,6	NUE241	9632,4	5,68	7,9E-04	43,67
NUE246	9033,4	148,63	2,7E-03	49,1	Controle		3,95		
NUE246	9034,1	138,50	6,0E-03	39,0	NUE246	9033,6	4,40	3,2E-01	19,32
NUE246	9031,1	131,63	3,5E-01	32,1	NUE246	9033,8	5,13	1,8E-01	38,98
Controle		99,68			NUE246	9033,4	4,73	8,2E-02	28,14
NUE248	8981,5	197,35	1,3E-02	30,1	NUE246	9034,1	6,43	1,7E-02	74,46
Controle		151,66			NUE246	9031,1	4,80	2,5E-01	30,17
NUE249	9124,2	82,68	9,2E-01	3,4	Controle		3,69		
NUE249	9121,4	125,13	2,0E-03	56,5	NUE248	8981,5	7,98	6,0E-02	23,17
NUE249	9123,3	89,55	2,3E-01	12,0	NUE248	8984,1	6,75	7,1E-01	4,25
Controle		79,94			NUE248	8981,2	7,35	3,3E-01	13,51
NUE250	9132,1	149,53	4,6E-02	22,5	Controle		6,48		
NUE250	9133,2	193,20	1,3E-02	58,3	NUE249	9124,2	5,05	7,6E-01	11,60
NUE250	9132,2	152,38	1,8E-01	24,8	NUE249	9121,4	5,50	2,3E-02	21,55
NUE250	9134,1	205,50	5,0E-02	68,4	Controle		4,53		
Controle		122,05			NUE250	9132,1	7,38	4,8E-02	48,61
NUE251	10181, 3	175,35	4,7E-03	80,3	NUE250	9133,2	7,95	2,5E-03	60,20
NUE251	10183,2	127,58	1,7E-01	31,2	NUE250	9132,2	7,23	1,0E-01	45,59
NUE251	10183, 1	118,03	3,6E-01	21,4	NUE250	9134,1	8,03	1,1E-02	61,71
Controle		97,24			Controle		4,96		
NUE252	9011,3	252,23	1,3E-02	40,9	NUE251	10181,3	7,03	2,9E-02	67,26
NUE252	9012,2	201,53	3,1E-01	12,5	NUE251	10183,2	5,35	2,6E-01	27,38
Controle		179,06			NUE251	10183,1	4,93	4,6E-01	17,26
NUE256	10063,4	127,55	1,7E-01	31,2	Controle		4,2		
NUE256	10064, 1	155,88	3,1E-02	60,3	NUE256	10063,4	5,78	1,0E-01	37,50
NUE256	10061,2	158,93	1,1E-02	63,4	NUE256	10064,1	7,40	1,0E-02	76,19
NUE256	10062, 4	147,40	1,4E-01	51,6	NUE256	10061,2	6,35	1,8E-02	51,19
NUE256	10063,2	134,18	1,9E-01	38,0	NUE256	10062,4	7,43	1,4E-01	76,79
NUE256	10061, 1	101,35	8,3E-01	4,2	NUE256	10063,2	5,73	1,4E-01	36,31
Controle		97,24			NUE256	10061,1	4,40	8,0E-01	4,76
NUE256	10061,2	104,20	5,5E-01	21,2	Controle		4,20		
NUE256	10061,4	127,68	1,8E-01	48,5	NUE512	9284,3	4,65	6,8E-01	5,38
NUE256	10063,2	88,28	8,5E-01	2,6	NUE512	9282,3	7,78	1,3E-02	76,20
Controle		86,00			NUE512	9284,4	6,70	2,6E-02	51,84
NUE268	8992,1	108,25	4,3E-01	10,4	Controle		4,41		
NUE268	8996,3	118,68	5,5E-01	21,0	NUE515	9713,6	6,725	2,4E-02	32,5
NUE268	8996,5	177,25	8,4E-02	80,8	Controle		5,075		
NUE268	8996,2	112,10	3,7E-01	14,3	NUE516	9291,1	5,78	2,4E-01	16,37
Controle		98,05			NUE516	9291,4	7,43	2,7E-02	49,62
NUE269	9104,1	93,80	3,0E-01	23,1	NUE516	9293,2	5,78	4,3E-01	16,37

Nome do gene	Evento#	Peso de Biomassa Fresco da Planta [mg]			Nome do gene	Evento#	Peso de Biomassa Seco da Planta [mg]		
		Média	valor-p	% incr,			Média	valor-p	% incr,
NUE269	9101,3	94,65	6,2E-03	24,2	Controle		4,96		
Controle		76,20			NUE519	9371,2	11,75	4,8E-02	89,52
NUE512	9284,2	166,53	6,1E-05	73,7	NUE519	9371,1	8,50	1,5E-02	37,10
NUE512	9284,3	112,35	2,1E-01	17,2	NUE519	9372,2	6,60	6,7E-01	6,45
NUE512	9282,3	181,10	1,3E-02	88,9	Controle		6,20		
NUE512	9284,4	171,70	7,6E-02	79,1	NUE525	9531,2	5,25	3,6E-01	-10,45
Controle		95,88			NUE525	9534,1	5,40	4,4E-01	-7,89
NUE515	9712,5	116,43	8,6E-01	2,3	NUE525	9531,3	6,73	4,4E-01	14,71
NUE515	9713,6	148,18	2,0E-02	30,2	NUE525	9533,1	7,43	1,2E-02	26,65
Controle		113,81			NUE525	9531,1	7,20	9,9E-02	22,81
NUE514	9404,1	113,98	8,5E-02	36,1	Controle		5,86		
NUE514	9403,2	94,58	1,2E-01	12,9	NUE531	10083,1	6,58	4,2E-02	31,83
NUE514	9402,5	99,38	3,5E-01	18,7	NUE531	10082,2	6,25	1,6E-01	25,31
Controle		83,75			NUE531	10081,4	8,50	2,4E-02	70,43
NUE516	9291,1	128,58	6,7E-01	5,3	NUE531	10081,5	8,03	2,5E-02	60,90
NUE516	9291,4	165,93	1,5E-01	35,9	Controle		4,99		
NUE516	9293,2	139,73	5,7E-01	14,5	NUE532	9222,4	6,15	3,5E-05	44,71
Controle		122,05			NUE532	9222,1	6,98	1,3E-02	64,12
NUE519	9371,2	182,10	1,5E-02	37,6	NUE532	9223,3	5,53	1,4E-01	30,00
Controle		132,34			NUE532	9224,4	4,43	4,4E-01	4,12
NUE521	9363,1	107,40	3,1E-01	28,2	Controle		4,25		
NUE521	9362,2	119,80	2,6E-02	43,0	NUE536	9233,3	6,03	4,8E-03	63,39
NUE521	9361,2	136,10	3,5E-04	62,5	NUE536	9234,1	4,55	3,3E-01	23,39
NUE521	9361,3	104,15	3,8E-01	24,4	NUE536	9231,3	4,08	5,7E-01	10,51
NUE521	9363,4	132,95	5,8E-03	58,7	NUE536	9232,4	3,98	6,1E-01	7,80
Controle		83,75			Controle		3,69		
NUE523	9412,5	190,08	2,4E-01	25,3	NUE537	9391,1	5,08	3,5E-01	15,01
NUE523	9414,2	192,23	1,9E-01	26,7	NUE537	9393,2	4,53	9,2E-01	2,55
NUE523	9412,1	187,50	2,8E-02	23,6	NUE537	9394,4	5,90	2,8E-01	33,71
Controle		151,66			NUE537	9391,2	5,53	2,2E-01	25,21
NUE527	9201,1	111,28	3,2E-03	273,7	NUE537	9393,3	5,63	2,7E-02	27,48
NUE527	9202,6	51,70	2,1E-02	73,6	Controle		4,41		
NUE527	9203,2	49,77	4,3E-02	67,1	NUE539	10101,5	6,78	4,4E-03	61,31
NUE527	9204,1	45,83	3,0E-01	53,9	NUE539	10103,5	5,63	1,7E-01	33,93
Controle		29,78			NUE539	10101,2	7,43	4,4E-02	76,79
NUE531	10083, 1	159,05	9,2E-02	38,1	NUE539	10101,7	7,05	2,3E-02	67,86
NUE531	10082,2	154,43	1,6E-02	34,1	NUE539	10103,4	4,88	3,6E-01	16,07
NUE531	10081, 4	173,70	5,9E-02	50,8	Controle		4,20		
NUE531	10081,5	154,38	1,9E-02	34,0	NUE542	9333,2	8,35	2,6E-02	89,24
Controle		115,16			NUE542	9334,1	4,80	5,2E-01	8,78
NUE531	10081, 4	128,20	3,4E-02	49,1	NUE542	9331,3	4,83	6,9E-01	9,35
NUE531	10083,2	91,95	6,4E-01	6,9	NUE542	9334,3	4,65	8,1E-01	5,38
NUE531	10081,5	165,43	5,5E-02	92,4	Controle		4,41		
Controle		86,00			NUE548	9095,2	8,05	2,6E-01	44,07
NUE532	9222,4	143,08	9,9E-02	70,8	NUE548	9095,4	8,60	4,7E-02	53,91
NUE532	9222,1	106,98	2,3E-01	27,7	NUE548	9091,1	6,43	3,0E-01	14,99
NUE532	9223,3	100,20	1,3E-01	19,6	Controle		5,59		
Controle		83,75			NUE549	9343,7	7,67	2,2E-02	54,88
NUE532	9222,4	118,33	7,6E-02	41,3	Controle		4,95		
NUE532	9222,1	170,88	1,1E-01	104,0	NUE550	9143,1	5,75	3,9E-04	35,29
NUE532	9223,3	115,80	3,1E-01	38,3	NUE550	9143,4	6,85	7,3E-03	61,18
NUE532	9223,5	104,90	7,7E-01	25,3	NUE550	9142,2	6,45	1,6E-02	51,76
NUE532	9224,4	110,48	6,3E-01	31,9	Controle		4,25		
Controle		98,05			NUE553	9181,5	5,55	7,6E-02	30,59
NUE535	9082,2	32,95	4,7E-01	10,7	NUE553	9184,3	4,58	6,3E-01	7,65
NUE535	9086,2	73,97	3,2E-02	148,4	NUE553	9182,2	4,70	2,4E-01	10,59
NUE535	9086,3	51,43	6,0E-02	72,7	Controle		4,25		

Nome do gene	Evento#	Peso de Biomassa Fresco da Planta [mg]			Nome do gene	Evento#	Peso de Biomassa Seco da Planta [mg]		
		Média	valor-p	% incr,			Média	valor-p	% incr,
NUE535	9081,1	61,90	1,9E-01	107,9	NUE554	9114,1	4,33	9,4E-01	1,76
NUE535	9084,4	57,00	9,3E-03	91,4	NUE554	9115,2	6,88	1,3E-02	61,76
Controle		29,78			NUE554	9114,2	5,35	1,8E-02	25,88
NUE537	9391,1	131,75	2,2E-01	37,4	NUE554	9115,3	4,45	5,9E-01	4,71
NUE537	9393,2	110,88	3,9E-01	15,6	Controle		4,25		
NUE537	9394,4	214,60	6,4E-02	123,8	NUE564	9242,3	4,55	6,7E-05	114,12
NUE537	9391,2	141,33	3,2E-02	47,4	NUE564	9243,2	4,03	7,8E-02	89,41
NUE537	9393,3	136,40	2,1E-04	42,3	NUE564	9242,4	3,28	3,6E-02	54,12
Controle		95,88			NUE564	9242,2	3,90	7,6E-02	83,53
NUE538	9782,4	108,85	2,7E-01	33,6	NUE564	9243,4	4,35	2,2E-06	104,71
NUE538	9781,4	95,73	4,5E-01	17,5	Controle		2,13		
NUE538	9781,1	94,65	2,6E-01	16,2	NUE567	9263,2	3,15	2,1E-01	48,24
NUE538	9782,1	145,73	8,8E-02	78,9	NUE567	9261,3	3,05	1,8E-02	43,53
Controle		81,48			NUE567	9263,3	3,28	8,5E-03	54,12
NUE539	10101,5	163,80	2,4E-02	68,5	NUE567	9261,4	3,28	5,9E-03	54,12
NUE539	10103,5	124,98	2,8E-01	28,5	Controle		2,13		
NUE539	10101,2	177,98	2,7E-02	83,0	NUE569	9384,4	2,63	3,0E-01	23,53
NUE539	10101,7	162,73	2,5E-02	67,3	NUE569	9381,2	5,20	1,8E-02	144,71
NUE539	10103, 4	105,13	7,6E-01	8,1	NUE569	9381,5	2,90	5,3E-01	36,47
Controle		97,24			NUE569	9381,3	4,53	1,3E-01	112,94
NUE542	9333,2	165,80	6,0E-02	72,9	NUE569	9384,2	3,58	4,5E-01	68,24
NUE542	9331,3	150,08	9,7E-02	56,5	Controle		2,13		
NUE542	9334,3	153,73	2,9E-03	60,3	NUE570	9311,4	4,23	1,6E-01	98,82
NUE542	9332,1	167,08	1,0E-01	74,3	NUE570	9313,3	3,85	5,1E-02	81,18
Controle		95,88			NUE570	9314,4	3,58	8,1E-01	68,24
NUE542	9333,2	169,30	1,0E-01	38,7	NUE570	9314,1	4,25	4,3E-02	100,00
NUE542	9332,1	165,13	3,6E-02	35,3	NUE570	9312,3	4,33	4,8E-01	103,53
Controle		122,05			Controle		2,13		
NUE543	10051,2	99,90	1,4E-01	22,6	NUE571	9304,2	4,28	1,1E-02	101,18
NUE543	10051, 6	113,23	1,8E-01	39,0	NUE571	9304,3	4,15	1,7E-02	95,29
NUE543	10053, 1	97,10	3,1E-01	19,2	NUE571	9303,2	5,13	6,8E-05	141,18
NUE543	10054,2	121,08	9,3E-03	48,6	NUE571	9302,3	3,63	7,7E-02	70,59
Controle		81,48			NUE571	9301,4	3,90	1,9E-02	83,53
NUE544	9764,1	143,68	3,0E-02	33,9	Controle		2,13		
NUE544	9763,4	115,60	4,9E-01	7,7	NUE572	9321,3	3,35	2,6E-02	57,65
NUE544	9764,2	127,50	1,6E-01	18,8	NUE572	9321,1	4,50	2,2E-02	111,76
NUE544	9763,3	123,08	3,5E-02	14,7	NUE572	9322,1	3,03	1,2E-01	42,35
Controle		107,29			NUE572	9324,3	4,10	1,5E-02	92,94
NUE549	9343,7	142,03	1,9E-02	19,6	NUE572	9322,2	3,63	1,2E-02	70,59
Controle		118,75			Controle		2,13		
NUE550	9141,3	109,05	5,0E-01	11,2	NUE573	9491,4	5,65	3,2E-01	14,14
NUE550	9143,1	136,53	1,7E-01	39,2	NUE573	9491,1	6,18	1,2E-01	24,75
NUE550	9143,4	161,73	1,3E-02	64,9	NUE573	9493,2	5,53	3,2E-01	11,78
NUE550	9142,2	131,30	5,7E-02	33,9	Controle		4,95		
Controle		98,05			NUE574	10364,2	5,73	2,9E-01	11,98
NUE553	9181,5	52,48	2,2E-04	76,2	NUE574	10366,2	7,08	5,3E-02	38,39
NUE553	9184,1	57,30	3,2E-03	92,4	Controle		5,11		
NUE553	9184,3	82,23	1,3E-05	176,2	NUE576	9791,3	6,70	8,6E-04	69,62
NUE553	9185,2	56,35	8,3E-04	89,3	NUE576	9792,4	5,18	6,6E-02	31,01
NUE553	9182,2	68,93	8,8E-03	131,5	NUE576	9794,1	4,78	4,0E-01	20,89
Controle		29,78			NUE576	9793,3	5,65	8,4E-04	43,04
NUE554	9115,2	215,73	3,9E-02	120,0	Controle		3,95		
NUE554	9114,2	116,98	1,9E-01	19,3	NUE581	9723,6	5,875	2,7E-01	15,8
Controle		98,05			NUE581	9724,9	5,425	6,3E-01	6,9
NUE564	9242,3	120,53	8,6E-03	25,7	Controle		5,075		
NUE564	9243,2	130,18	2,3E-02	35,8	NUE582	9564,2	5,28	5,6E-01	6,30
NUE564	9242,2	221,87	6,4E-02	131,4	NUE582	9562,4	6,45	1,8E-01	29,97

Peso de Biomassa Fresco da Planta [mg]					Peso de Biomassa Seco da Planta [mg]				
Nome do gene	Evento#	Média	valor-p	% incr,	Nome do gene	Evento#	Média	valor-p	% incr,
NUE564	9243,4	121,85	1,0E-01	27,1	NUE582	9561,2	6,95	1,4E-03	40,05
Controle		95,88			Controle		4,96		
NUE567	9263,2	133,50	8,5E-02	39,2	NUE583	9673,1	5,80	1,1E-01	46,84
NUE567	9261,2	133,75	2,6E-01	39,5	NUE583	9673,2	4,33	2,7E-01	9,49
Controle		95,88			NUE583	9671,2	5,28	2,1E-01	33,54
NUE568	9461,2	164,90	7,0E-02	38,9	NUE583	9671,1	4,88	3,7E-01	23,42
Controle		118,75			Controle		3,95		
NUE569	9381,2	97,40	1,5E-01	20,5	NUE585	9662,4	4,65	3,3E-01	26,10
NUE569	9381,3	108,85	7,3E-02	34,7	NUE585	9661,5	4,78	5,4E-02	29,49
NUE569	9384,2	93,95	9,3E-02	16,2	NUE585	9661,3	3,90	6,6E-01	5,76
Controle		80,83			NUE585	9662,1	4,00	6,9E-01	8,47
NUE570	9311,4	127,53	1,3E-01	33,0	NUE585	9661,1	4,43	2,5E-01	20,00
NUE570	9314,1	135,55	3,8E-01	41,4	Controle		3,69		
NUE570	9312,3	143,83	3,5E-02	50,0	NUE586	9751,1	5,38	1,9E-01	22,86
Controle		95,88			NUE586	9751,7	6,43	1,4E-01	46,86
NUE573	9491,1	135,18	6,0E-02	13,8	NUE586	9752,1	8,15	3,7E-04	86,29
Controle		118,75			Controle		4,38		
NUE574	10364,2	110,48	2,1E-02	28,5	NUE587	9643,2	7,45	8,6E-03	70,29
NUE574	10362,2	89,95	7,8E-01	4,6	NUE587	9643,1	5,58	9,3E-02	27,43
NUE574	10366,2	153,38	8,1E-02	78,3	NUE587	9642,2	4,50	8,7E-01	2,86
Controle		86,00			NUE587	9641,3	6,88	4,2E-02	57,14
NUE576	9791,3	164,75	1,6E-02	102,2	Controle		4,38		
NUE576	9792,3	90,20	4,8E-01	10,7	NUE588	9591,3	5,03	5,9E-02	36,27
NUE576	9792,4	106,40	1,0E-01	30,6	NUE588	9591,4	3,75	9,4E-01	1,69
NUE576	9794,1	108,43	1,9E-01	33,1	NUE588	9592,2	4,68	3,7E-01	26,78
NUE576	9793,3	136,93	6,6E-02	68,1	NUE588	9592,4	4,98	1,7E-01	34,92
Controle		81,48			NUE588	9592,1	3,98	7,2E-01	7,80
NUE583	9673,4	171,65	5,2E-03	99,6	Controle		3,69		
NUE583	9673,2	117,30	3,2E-03	36,4	NUE592	9744,5	9,000	3,7E-07	77,3
Controle		86,00			NUE592	9747,5	7,900	2,1E-05	55,7
NUE585	9662,4	135,60	1,7E-01	36,0	Controle		5,075		
NUE585	9661,5	122,20	6,2E-02	22,6					
Controle		99,68							
NUE586	9751,1	153,83	2,1E-01	88,8					
NUE586	9752,1	194,23	2,2E-02	138,4					
Controle		129,73							
NUE587	9643,2	156,78	2,0E-01	92,4					
NUE587	9641,3	180,28	6,6E-02	121,3					
Controle		129,73							
NUE592	9744,5	187,48	1,8E-06	64,7					
NUE592	9747,5	155,45	5,0E-03	36,6					
Controle		113,81							

[00311] Tabela 24: Análises de biomassa da planta (planta fresco e peso seco) de plantas transgênicas sobre-expressando o poli nucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (utilizando genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob condições de regulação de um promotor constitutivo (35S) quando germinadas sob condições limitadoras de nitrogênio [condições de baixo nitrogênio ou deficiência de nitrogênio (0,75 mM N)], como comparado à plantas de controle. "Aum." = aumento.

Tabela 25

Plantas transgênicas exógenas expressando os poli nucleotídeos de algumas configurações da invenção, exibindo biomassa de planta melhorada (área de folhagem) sob condições deficientes de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Area Foliar [cm ²]		
		Média	valor-p	% crescimento
CT11	4894,3	0,70	4,9E-02	43,10
CT11	4892,3	0,77	4,0E-02	57,27
CT11	4892,2	0,65	7,4E-02	33,68
CT11	4893,2	0,51	6,3E-01	4,12
CT11	4892,1	0,93	1,2E-02	91,25
Controle		0,49		
CT27	5033,7	0,40	8,2E-01	3,15
CT27	5031,4	0,59	7,3E-04	50,88
CT27	5035,2	0,52	9,6E-03	33,43
CT27	5033,4	0,45	5,2E-01	14,02
Controle		0,39		
CT6	4943,1	0,58	1,1E-01	47,28
CT6	4941,4	0,56	6,0E-02	43,93
Controle		0,39		
CT76	5044,6	0,58	2,9E-01	19,76
CT76	5041,5	0,74	1,1E-01	50,86
CT76	5043,5	0,81	2,8E-04	66,21
CT76	5041,9	0,79	5,4E-02	61,76
CT76	5041,6	0,80	7,2E-03	64,90
Controle		0,49		
CT81	4992,1	0,70	3,0E-04	44,35
CT81	4993,6	0,50	8,2E-01	3,08
CT81	4993,5	0,59	3,2E-01	20,36
CT81	4992,2	0,69	8,9E-02	41,46
Controle		0,49		
NUE206	6731,2	0,34	1,4E-02	30,90
NUE206	6732,7	0,30	1,9E-01	15,55
Controle		0,26		
NUE208	8354,8	0,33	4,7E-01	8,19
NUE208	8351,3	0,43	5,8E-02	44,03
NUE208	8355,3	0,37	7,4E-02	22,98
NUE208	8351,5	0,31	7,3E-01	3,72
Controle		0,30		
NUE209	8192,13	0,39	1,6E-01	30,67
NUE209	8192,14	0,47	5,9E-02	56,92
NUE209	8191,5	0,32	6,9E-01	4,74
Controle		0,30		
NUE209	8192,13	0,45	4,7E-03	34,55
NUE209	8191,5	0,51	2,8E-02	53,15
NUE209	8192,14	0,40	1,5E-01	20,45
Controle		0,33		
NUE211	8265,1	0,35	7,9E-02	17,46
Controle		0,30		
NUE212	8335,2	0,43	1,7E-03	43,62
NUE212	8334,1	0,33	5,3E-01	10,76
NUE212	8331,4	0,44	3,5E-02	44,45
Controle		0,30		
NUE221	9801,1	0,500	1,0E-01	20,5

Nome do Gene	Evento #	Area Foliar [cm ²]		
		Média	valor-p	% crescimento
NUE221	9802,8	0,505	8,2E-02	21,8
NUE221	9806,1	0,666	4,2E-06	60,5
Controle		0,415		
NUE224	9001,3	0,62	1,7E-03	38,99
Controle		0,44		
NUE225	9732,8	0,445	5,6E-01	7,2
NUE225	9734,5	0,484	1,8E-01	16,6
NUE225	9734,9	0,439	6,4E-01	5,7
Controle		0,415		
NUE230	9154,2	0,52	7,3E-02	17,73
NUE230	9151,2	0,50	1,2E-01	12,59
Controle		0,44		
NUE231	10633,3	0,573	2,8E-04	38,1
Controle		0,415		
NUE233	10174,3	0,47	8,4E-03	54,39
NUE233	10174,1	0,75	2,8E-04	146,46
NUE233	10172,5	0,32	6,6E-01	6,03
NUE233	10173,7	0,39	3,5E-02	26,43
Controle		0,31		
NUE237	9651,1	0,52	4,4E-01	17,13
NUE237	9654,4	0,57	1,1E-01	29,19
NUE237	9654,1	0,54	2,2E-02	21,91
Controle		0,44		
NUE239	9191,1	0,66	4,6E-02	57,34
Controle		0,42		
NUE240	9172,2	0,68	1,4E-03	63,63
NUE240	9174,3	0,55	7,7E-02	32,26
Controle		0,42		
NUE240	9174,2	0,54	7,7E-01	4,29
NUE240	9172,1	0,71	7,8E-03	35,86
NUE240	9174,3	0,57	4,2E-01	9,74
Controle		0,52		
NUE241	9633,4	0,56	2,1E-05	47,36
NUE241	9632,2	0,44	1,4E-01	15,74
NUE241	9632,4	0,49	2,4E-01	28,11
Controle		0,38		
NUE241	9631,3	0,53	3,9E-03	36,03
NUE241	9632,3	0,54	7,5E-02	40,72
NUE241	9632,4	0,49	1,1E-01	26,49
Controle		0,39		
NUE242	9212,1	0,56	2,9E-02	50,18
NUE242	9213,4	0,43	1,3E-01	14,72
Controle		0,37		
NUE246	9033,6	0,44	8,7E-01	3,16
NUE246	9033,8	0,51	1,8E-01	21,26
NUE246	9033,4	0,50	2,6E-01	18,30
NUE246	9034,1	0,64	2,1E-02	52,45
NUE246	9031,1	0,49	4,7E-01	15,11
Controle		0,42		
NUE248	8981,5	0,58	4,6E-02	38,97
NUE248	8981,2	0,51	3,1E-02	22,19
Controle		0,42		
NUE251	10181,3	0,54	7,6E-06	75,63
NUE251	10183,2	0,42	2,3E-02	38,78
NUE251	10183,1	0,42	5,4E-03	38,58
Controle		0,31		

Nome do Gene	Evento #	Area Foliar [cm ²]		
		Média	valor-p	% crescimento
NUE251	10183,2	0,84	1,0E-02	72,56
NUE251	10182,1	0,57	1,2E-01	18,26
Controle		0,49		
NUE256	10063,4	0,43	6,3E-01	5,53
NUE256	10064,1	0,54	1,3E-02	30,76
NUE256	10061,1	0,45	5,2E-01	10,87
Controle		0,41		
NUE256	10063,4	0,58	6,6E-02	90,27
NUE256	10064,1	0,59	1,1E-02	94,09
NUE256	10061,2	0,68	9,5E-06	122,00
NUE256	10062,4	0,64	8,2E-03	108,97
NUE256	10063,2	0,52	9,2E-03	68,33
Controle		0,31		
NUE256	10061,2	0,75	5,3E-05	53,75
NUE256	10061,4	0,71	1,4E-02	46,02
NUE256	10063,2	0,52	4,1E-01	6,83
Controle		0,49		
NUE268	8996,5	0,65	4,3E-02	21,87
Controle		0,53		
NUE511	9273,1	0,47	4,7E-01	13,04
NUE511	9271,2	0,54	2,2E-02	28,41
Controle		0,42		
NUE512	9282,3	0,72	2,1E-02	68,37
NUE512	9284,4	0,60	7,8E-03	39,86
Controle		0,43		
NUE514	9404,1	0,49	1,1E-02	30,78
NUE514	9402,2	0,41	5,1E-01	10,03
NUE514	9403,2	0,42	1,5E-01	12,66
NUE514	9402,5	0,42	5,1E-01	13,45
Controle		0,37		
NUE515	9712,5	0,454	4,5E-01	9,4
NUE515	9713,6	0,648	1,7E-05	56,1
Controle		0,415		
NUE520	9771,4	0,40	3,1E-03	31,70
Controle		0,31		
NUE521	9362,2	0,50	7,5E-02	33,38
NUE521	9361,2	0,43	1,6E-01	14,92
NUE521	9363,4	0,57	1,3E-03	54,08
Controle		0,37		
NUE521	9363,4	0,63	8,6E-02	31,31
Controle		0,48		
NUE523	9412,5	0,59	1,9E-01	40,65
NUE523	9414,2	0,48	1,6E-01	16,08
NUE523	9412,1	0,65	7,4E-03	55,07
Controle		0,42		
NUE525	9531,2	0,44	2,9E-01	15,42
NUE525	9534,1	0,45	3,8E-01	17,35
NUE525	9531,3	0,51	6,2E-02	34,94
NUE525	9533,1	0,54	6,9E-02	42,25
NUE525	9531,1	0,49	2,7E-03	29,15
Controle		0,38		
NUE527	9201,1	0,44	6,7E-02	22,51
Controle		0,36		
NUE528	9072,1	0,48	4,5E-02	17,39
NUE528	9073,1	0,42	7,8E-01	3,17
Controle		0,41		

Nome do Gene	Evento #	Area Foliar [cm ²]		
		Média	valor-p	% crescimento
NUE531	10083,1	0,74	2,0E-02	31,74
NUE531	10082,2	0,69	3,0E-02	22,95
NUE531	10081,4	0,75	8,8E-02	32,91
NUE531	10081,5	0,75	1,3E-01	33,71
Controle		0,56		
NUE535	9082,2	0,37	4,1E-01	22,10
NUE535	9084,2	0,37	4,6E-02	22,19
NUE535	9081,1	0,43	1,7E-01	41,23
NUE535	9083,1	0,63	2,8E-03	105,40
NUE535	9084,4	0,46	8,7E-03	50,93
Controle		0,31		
NUE537	9391,2	0,65	1,6E-02	51,35
NUE537	9393,3	0,76	3,4E-03	76,76
Controle		0,43		
NUE539	10101,5	0,53	1,2E-02	74,32
NUE539	10103,5	0,50	6,6E-05	63,28
NUE539	10101,2	0,60	7,3E-05	96,27
NUE539	10101,7	0,68	3,9E-03	121,77
NUE539	10103,4	0,32	8,9E-01	4,57
Controle		0,31		
NUE542	9333,2	0,56	2,0E-02	25,55
Controle		0,44		
NUE543	10051,2	0,43	4,6E-01	11,78
NUE543	10051,6	0,52	1,7E-02	33,53
Controle		0,39		
NUE544	9764,2	0,49	9,7E-02	19,20
Controle		0,41		
NUE548	9095,2	0,59	3,4E-03	41,28
NUE548	9095,3	0,47	3,1E-01	13,55
NUE548	9092,2	0,55	1,8E-01	32,59
Controle		0,42		
NUE548	9095,2	0,67	3,3E-01	10,81
NUE548	9095,4	0,82	5,7E-02	36,33
NUE548	9091,1	0,71	2,4E-02	17,16
Controle		0,60		
NUE568	9471,3	0,54	3,5E-02	18,92
NUE568	9472,2	0,64	3,6E-04	41,93
Controle		0,45		
NUE573	9491,4	0,59	6,8E-02	29,98
NUE573	9491,1	0,51	6,1E-01	13,35
NUE573	9494,3	0,52	2,8E-01	14,77
Controle		0,45		
NUE574	10364,2	0,63	8,1E-04	28,96
NUE574	10366,2	0,81	4,0E-03	66,05
Controle		0,49		
NUE576	9791,3	0,47	8,9E-02	21,80
NUE576	9792,3	0,39	9,8E-01	0,42
NUE576	9792,4	0,48	1,5E-01	24,25
NUE576	9794,1	0,46	1,3E-01	19,07
NUE576	9793,3	0,49	6,6E-02	25,95
Controle		0,39		
NUE581	9723,6	0,449	5,0E-01	8,3
NUE581	9724,9	0,583	1,5E-03	40,6
Controle		0,415		
NUE582	9562,4	0,54	7,0E-02	21,31
NUE582	9561,2	0,51	6,2E-02	14,15

Nome do Gene	Evento #	Area Foliar [cm ²]		
		Média	valor-p	% crescimento
Controle		0,44		
NUE583	9673,1	0,56	6,5E-02	46,13
Controle		0,39		
NUE583	9673,4	0,91	2,1E-02	88,22
NUE583	9673,2	0,65	8,8E-02	34,45
Controle		0,49		
NUE586	9751,7	0,52	3,8E-01	11,42
NUE586	9752,1	0,62	1,1E-02	31,98
Controle		0,47		
NUE586	9751,7	0,50	2,3E-01	23,80
NUE586	9751,3	0,42	6,9E-01	3,28
NUE586	9752,4	0,53	3,2E-02	30,20
NUE586	9752,1	0,53	2,9E-01	30,75
Controle		0,41		
NUE587	9643,2	0,58	1,5E-02	24,86
Controle		0,47		
NUE592	9741,7	0,462	3,7E-01	11,3
NUE592	9744,5	0,721	4,3E-08	73,7
NUE592	9747,4	0,472	2,7E-01	13,8
NUE592	9747,5	0,711	1,0E-07	71,4
Controle				

[00312] Tabela 25: Análises de biomassa da planta (área de folhagem) de plantas transgênicas sobre-expressando o poli nucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (utilizando genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob condições de regulação de um promotor constitutivo (35S) quando germinadas sob condições limitadoras de nitrogênio [condições de baixo nitrogênio ou deficiência de nitrogênio (0,75 mM N)], como comparado à plantas de controle. "Aum." = aumento.

[00313] Os genes apresentados na Tabela 26, abaixo, melhoraram o NUE da plante, uma vez que eles produziram biomassa de raiz maiores quando germinadas sob condições limitadoras de germinação de nitrogênio, comparado à plantas de controle. Plantas produzindo biomassa de raiz maiores têm mais possibilidades de absorver quantidades maiores de nitrogênio a partir do solo.

[00314] A Tabela 26 representa análises de biomassa da raiz (comprimento e cobertura da raiz) quando germinadas sob condições limitadores de nitrogênio [condições de baixo nitrogênio ou deficiência de nitrogênio (0,75 mM N)] em plantas sobre-expressando os poli nucleotídeos

de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi realizada pelo teste de desempenho de diversos eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecido e o segundo experimento confirmou o aumento significativo no desempenho da raiz. Evento com valor $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 26

Plantas transgênicas exógenas expressando os poli nucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem desempenho melhorado da raiz sob condições de deficiência de nitrogênio

Comprimento de Raiz [cm]					Cobertura de Raiz [cm ²]				
Nome do Gene	Evento #	Média,	valor-p	% aumento	Nome do Gene	Evento#	Média	valor-p	% aumento
CT1	4844, 5	3,445	1,1E-01	19,68	CT11	4894,3	8,833	4,1E-01	16,49
CT1	4841, 2	3,580	2,6E-01	24,3 8	CT11	4892,2	8,345	6,3E-01	10,06
Controle		2,879			CT11	4892,1	9,792	8,1E-02	29,14
CT27	5035,2	4,246	1,7E-03	47,5 0	Controle		7,582		
Controle		2,879			CT22	5023,1	4,110	2,1E-01	49,46
CT27	5033, 4	4,384	2,4E-02	29,17	Controle		2,750		
Controle		3,394			CT27	50314	5,380	5,8E-01	10,31
CT75	4873, 4	4,829	3,9E-01	9,29	CT27	5033,4	6,993	1,0E-01	43,38
CT75	4873, 3	6,119	2,2E-03	38,5 1	Controle		4,877		
Controle		4,418			CT27	5035,2	5,220	3,8E-02	89,83
CT76	5044, 6	3,723	1,9E-01	9,70	Controle		2,750		
CT76	5041, 5	4,025	3,1E-02	18,5 9	CT6	4943,1	7,564	2,3E-01	55,08
CT76	5043, 5	3,614	6,2E-01	6,49	CT6	4941,4	126Q	1,8E-01	48,86
CT76	5041, 6	3,651	2,9E-01	7,58	Controle		4,877		
CT76	5041, 9	3,970	5,6E-02	16,98	CT75	4873,4	5,384	6,2E-01	10,40
Controle		3,394			CT75	4873,3	6,378	1,6E-01	30,78
NUE206	6731,2	4,717	1,4E-03	36,19	Controle		4,877		
NUE206	6732, 9	3,952	1,7E-01	14,1 1	CT76	5044,6	4,762	2,6E-02	39,62
NUE206	6732, 5	3,624	7,7E-01	4,64	CT76	5041,5	4,729	6,0E-02	38,66
Controle		3,463			CT76	5043, 5	5,470	1,3E-01	60,38
NUE208	8355, 3	4,721	7,5E-02	36,3 0	CT76	5041,9	5,282	1,3E-02	54,87
Controle		3,463			Controle		3,410		
NUE209	8192, 14	4,584	5,7E-02	32,3 4	NUE206	6731,2	7,467	1,3E-01	95,14
Controle		3,463			NUE206	6732,7	4,706	3,7E-01	22,98
NUE212	8331, 1	5,110	2,1E-01	9,85	Controle		3,826		
NUE212	8332,2	5,868	9,1E-02	26,1 4	NUE206	673 1,2	6,249	2,8E-02	92,41
NUE212	8331, 4	4,910	5,8E-01	5,55	NUE206	6732,5	4,433	4,0E-01	36,49
Controle		4,652			Controle		3,248		
NUE221	9801, 1	4,34	1,6E-01	13,5	NUE208	8354,8	4,799	5,0E-01	17,29
NUE221	9801,7	3,84	9,0E-01	0,4	NUE208	8351,3	5,763	7,7E-02	40,86
NUE221	9802,8	4,68	2,1E-02	22,5	Controle		4,091		
Controle		3,82			NUE209	8192,13	5,110	7,0E-02	24,91
NUE222	8854, 1	4,997	7,0E-02	7,48	NUE209	8192,14	5,450	1,7E-01	33,21
Controle		4,649			Controle		4,091		
NUE223	9613, 1	4,236	5,0E-01	10,3 8	NUE209	8192,14	5,624	5,5E-02	73,16

Comprimento de Raiz [cm]					Cobertura de Raiz [cm ²]				
Nome do Gene	Evento #	Média,	valor-p	% aumento	Nome do Gene	Evento#	Média	valor-p	% aumento
NUE223	9611,5	5,091	6,8E-03	32,67	Controle		3,248		
NUE223	9612, 3	4,868	1,6E-01	26,8 6	NUE210	8202,2	5,208	1,0E-01	27,29
Controle		3,837			Controle		4,091		
NUE225	9731,7	4,58	4,0E-02	20,0	NUE212	8335,2	6,338	2,8E-02	54,92
NUE225	9731, 8	4,30	2,0E-01	12,5	NUE212	833 4,1	4,541	3,4E-01	10,99
NUE225	9732, 8	4,09	4,7E-01	6,9	NUE212	833 1,4	6,188	1,3E-01	51,26
NUE225	9734, 5	4,07	4,9E-01	6,5	Controle		4,091		
NUE225	9734, 9	4,26	2,3E-01	11,5	NUE212	8332,2	8,847	2,5E-01	56,56
Controle		3,82			NUE212	8331,4	6,998	2,5E-01	23,84
NUE228	10092,2	4,242	1,4E-01	13,8 9	Controle		5,651		
NUE228	10093,1	4,106	2,5E-01	10,2 3	NUE221	9801,1	5,06	1,4E-01	29,7
Controle		3,725			NUE221	9802,8	5,89	1,2E-03	50,9
NUE231	10631,3	4,27	2,3E-01	11,6	NUE221	9806,1	4,39	5,4E-01	12,3
NUE231	10631,4	4,08	4,8E-01	6,8	Controle				
NUE231	10633,3	4,34	1,6E-01	13,5	NUE223	9613,1	5,411	2,9E-01	16,86
Controle		3,82			NUE223	9612,3	5,162	2,9E-01	11,49
NUE233	10174,3	3,942	4,0E-01	7,65	Controle		4,630		
NUE233	10174,1	4,973	2,8E-02	35,8 3	NUE223	9611,5	8,701	1,9E-02	67,39
NUE233	10173,5	4,903	2,0E-02	33,8 9	NUE223	9612,3	6,493	2,6E-01	24,90
NUE233	10172,5	4,240	1,3E-01	15,7 8	Controle		5,198		
NUE233	10173,7	4,289	1,7E-01	17,1 4	NUE225	9731,7	4,77	2,7E-01	22,1
Controle		3,662			Controle		3,90		
NUE233	10174,1	4,253	1,5E-02	16,8 6	NUE228	10092,2	5,763	7,2E-02	34,52
NUE233	1017 3,5	4,101	3,7E-01	12,6 6	NUE228	10093,3	5,099	1,5E-01	19,02
NUE233	10172,5	3,911	1,0E-01	7,44	NUE228	10093,1	5,468	1,2E-01	27,63
NUE233	10173,7	4,544	1,3E-01	24,8 4	Controle		4,284		
Controle		3,640			NUE231	10631,3	4,31	5,9E-01	10,5
NUE234	9162,1	4,574	9,8E-02	23,62	NUE231	10631,4	4,87	2,1E-01	24,8
Controle		3,700			NUE231	10633,3	6,21	3,6E-03	59,1
NUE235	9693, 4	4,908	6,4E-02	22,3 2	Controle				
NUE235	9691,1	4,310	4,9E-01	7,43	NUE233	10174,3	4,340	2,8E-01	24,27
NUE235	9694,4	4,347	4,0E-01	8,36	NUE233	10174,1	7,195	2,6E-04	106,04
NUE235	9694,3	5,377	3,4E-02	34,0 3	NUE233	10173,5	4,086	3,5E-01	17,00
Controle		4,012			NUE233	10173,7	4,955	5,4E-02	41,90
NUE239	9192,3	5,241	4,4E-04	36,5 9	Controle		3,492		
NUE239	9192,1	4,041	5,6E-01	5,31	NUE235	9693,4	6,311	7,2E-03	44,37
NUE239	9191,2	4,081	4,2E-01	6,35	NUE235	9691,1	5,246	3,3E-02	20,00
Controle		3,837			NUE235	9694,4	5,145	1,4E-01	17,69
NUE240	9172,1	4,624	1,3E-02	20,4 9	NUE235	9694,3	6,927	4,8E-02	58,46
Controle		3,837			Controle		4,371		
NUE241	9633,4	6,137	3,4E-06	52,97	NUE237	9654,4	7,760	1,1E-01	38,68
NUE241	9632,3	4,772	2,4E-01	18,9 4	NUE237	9654,1	7,127	3,0E-01	27,37
NUE241	9632,2	5,157	3,2E-04	28,5 4	Controle		5,596		
NUE241	9632,4	5,016	2,0E-01	25,02	NUE239	9192,3	8,844	6,5E-05	70,14
Controle		4,012			NUE239	9191,2	5,903	2,8E-01	13,55
NUE242	9212,1	4,373	4,9E-01	6,96	Controle		5,198		
NUE242	9211,2	4,328	5,2E-01	5,86	NUE240	9172,2	5,902	5,7E-02	27,47
NUE242	9213,4	5,474	1,3E-03	33,8 9	NUE240	9174,3	5,530	1,2E-01	19,43
Controle		4,088			Controle		4,630		
NUE242	9212,1	4,552	1,0E-01	29,0 6	NUE240	9172,1	7,568	1,8E-02	45,59
Controle		3,527			Controle		5,198		
NUE245	10641,7	4,388	9,4E-02	20,5 6	NUE241	9633,4	9,643	7,2E-07	120,61

Comprimento de Raiz [cm]					Cobertura de Raiz [cm ²]				
Nome do Gene	Evento #	Média,	valor-p	% aumento	Nome do Gene	Evento#	Média	valor-p	% aumento
NUE245	10641,8	4,657	7,4E-03	27,9 5	NUE241	9632,3	5,344	3,9E-01	22,26
NUE245	10643,4	3,906	2,1E-01	7,31	NUE241	9632,2	6,559	3,6E-02	50,05
Controle		3,640			NUE241	9632,4	6,451	1,3E-01	47,58
NUE246	9033,4	4,695	4,8E-01	7,49	Controle		4,371		
NUE246	9031,1	5,062	8,4E-02	15,9 0	NUE241	9632,5	5,170	5,1E-01	15,54
Controle		4,368			NUE241	9632,3	6,198	8,3E-02	38,51
NUE250	9134,1	4,593	1,6E-01	5,15	NUE241	9632,4	5,754	1,6E-01	28,58
NUE250	9132,2	4,590	3,3E-01	5,09	Controle		4,475		
Controle		4,088			NUE242	9212,1	5,873	4,1E-01	11,59
NUE251	10181,3	3,907	2,6E-01	734	NUE242	9213,4	8,125	1,6E-02	54,40
NUE251	10183,2	4,763	7,9E-02	30,87	Controle		5,262		
Controle		3,640			NUE242	9212,1	5,679	1,2E-01	67,87
NUE256	10063,4	5,259	1,4E-02	43,6 3	NUE242	9213,4	4,572	2,4E-01	35,15
NUE256	1006 4,1	4,734	2,3E-02	29,2 8	Controle		3,383		
NUE256	10061,2	4,281	1,3E-01	16,92	NUE245	10641,8	4,795	1,3E-01	22,01
NUE256	10062,4	3,855	7,0E-01	5,28	Controle		3,930		
NUE256	10063,2	5,276	5,5E-03	44,1 0	NUE246	9033,8	6,003	2,5E-01	20,21
Controle		3,662			NUE246	9033,4	5,693	4,7E-01	14,00
NUE512	9284,3	4,875	1,0E-01	17,4 8	NUE246	9034,1	6,292	1,7E-01	25,99
NUE512	9282,3	4,442	4,4E-01	7,05	NUE246	9031,1	7,329	6,6E-03	46,77
NUE512	9284,4	6,172	3,9E-04	48,73	Controle		4,994		
Controle		4,150			NUE250	9134,1	5,762	4,8E-01	9,49
NUE513	9681,6	5,009	1,7E-03	30,52	NUE250	9132,2	7,281	2,7E-01	38,35
NUE513	9683,2	4,506	8,6E-02	17,42	Controle		5,262		
Controle		3,837			NUE251	10181,3	4,289	1,9E-01	22,81
NUE514	9404,1	4,333	5,3E-01	5,99	NUE251	10183,2	4,689	1,4E-01	34,27
NUE514	9404,5	4,906	4,1E-02	20,0 0	NUE251	10183,1	4,709	1,9E-01	34,86
NUE514	9403,2	4,451	6,9E-02	8,87	Controle		3,492		
NUE514	9402, 5	4,644	2,1E-01	13,5 9	NUE251	10183,2	6,691	3,8E-02	70,25
Controle		4,088			NUE251	10181,1	4,687	4,8E-01	19,25
NUE514	9403,2	4,874	2,1E-02	38,20	Controle		3,930		
NUE514	9402, 5	4,044	2,9E-01	14,65	NUE256	10063,4	7,393	2,9E-02	111,70
Controle		3,527			NUE256	10064,1	7,214	2,6E-02	106,5 9
NUE515	9712, 5	4,43	1,0E-01	15,9	NUE256	10061,2	6,139	2,2E-03	75,81
NUE515	9712, 6	4,05	5,0E-01	5,8	NUE256	10062,4	6,337	7,9E-02	81,46
NUE515	9713 6	5,34	1,0E-04	39,7	NUE256	10063,2	6,594	1,7E-02	88,81
Controle		3,82			Controle		3,492		
NUE520	9771,4	4,327	6,9E-02	16,16	NUE256	10061,3	4,798	3,9E-02	22,09
NUE520	9771,7	4,332	1,7E-01	16,28	NUE256	10061,2	5,141	1,9E-02	30,82
NUE520	9771,2	4,303	1,2E-01	15,52	NUE256	10061,4	5,617	9,8E-02	42,92
NUE520	9771, 3	4,345	1,6E-01	16,6 6	NUE256	10063,2	5,303	1,5E-02	34,95
Controle		3,725			Controle		3,930		
NUE520	9771, 4	4,377	1,4E-01	19,5 4	NUE268	899 6,5	7,789	1,6E-02	40,04
NUE520	9771,2	4,684	3,1E-02	27,9 3	Controle		5,562		
NUE520	9771, 3	3,878	5,2E-01	5,90	NUE512	928 4,3	4,930	1,1E-01	21,84
Controle		3,662			NUE512	9282,3	5,873	1,4E-01	45,13
NUE523	9412,5	4,031	3,9E-01	14,2 8	NUE512	9284,4	7,912	1,6E-03	95,53
NUE523	9414,2	5,032	1,5E-03	42,6 8	Controle		4,047		
NUE523	9413,4	3,766	2,8E-01	6,78	NUE513	9681,6	6,591	3,6E-02	26,79
Controle		3,527			Controle		5,198		
NUE523	9412,5	5,066	6,2E-01	7,98	NUE514	9404,5	6,570	9,0E-02	24,84
NUE523	9414,2	5,879	2,1E-04	25,30	Controle		5,262		
Controle		4,692			NUE514	9403,2	5,579	1,2E-02	64,94
NUE525	9531,2	5,029	1,0E-03	25,34	NUE514	9402,5	4,299	3,2E-01	27,09
NUE525	9534, 1	5,116	4,0E-02	27,51	Controle		3,383		

Comprimento de Raiz [cm]					Cobertura de Raiz [cm ²]				
Nome do Gene	Evento #	Média,	valor-p	% aumento	Nome do Gene	Evento#	Média	valor-p	% aumento
NUE525	9533, 1	4,471	2,8E-01	11,4 3	NUE515	9712,5	4,93	26,3	1,9E-01
NUE525	9531,1	5,184	1,9E-01	29,21	NUE515	9712,6	4,09	4,7	8,1E-01
Controle		4,012			NUE515	9713,6	7,39	89,4	1,9E-05
NUE531	10081,5	5,029	9,2E-02	35,00	Controle		3,90		
Controle		3,725			NUE519	9371,2	7,868	4,7E-01	51,36
NUE531	10083,3	4,502	2,7E-03	23,69	NUE519	937 1,1	7,813	1,7E-01	50,30
NUE531	10081,4	3,894	1,4E-01	6,98	Controle		5,198		
NUE531	10083,2	4,655	3,2E-02	27,89	NUE520	9771,4	4,820	3,0E-01	12,51
NUE531	10081,5	5,026	2,1E-02	38,08	NUE520	9771,7	5,879	1,4E-02	37,23
Controle		3,640			NUE520	9111,2	6,392	3,3E-02	49,20
NUE536	9233, 3	5,416	1,2E-02	24,0 0	NUE520	9771,3	7,265	1,4E-02	69,57
Controle		4,368			Controle		4,284		
NUE539	10101,5	4,107	4,7E-01	12,17	NUE520	9771,4	6,158	1,8E-02	76,34
NUE539	1010 3,5	4,561	5,0E-02	24,5 7	NUE520	9771,2	6,839	1,7E-02	95,84
NUE539	10101,7	4,953	2,0E-02	35,2 7	NUE520	9771,3	5,440	5,3E-03	55,77
Controle		3,662			NUE520	9773,1	4,655	9,8E-02	33,29
NUE539	10101,7	4,344	8,5E-02	19,3 6	Controle		3,492		
Controle		3,640			NUE521	9362,2	4,458	3,1E-01	31,79
NUE543	10051,1	4,030	3,5E-01	8,20	NUE521	9363,4	5,071	5,6E-02	49,90
NUE543	10052,3	4,347	8,1E-02	16,7 0	Controle		3,383		
NUE543	10053,1	4,034	4,0E-01	8,29	NUE523	9412,5	4,834	3,0E-01	42,92
Controle		3,725			NUE523	9414,2	5,371	1,7E-04	58,79
NUE563	9452, 3	5,668	7,3E-02	41,2 7	Controle		3,383		
NUE563	9451,2	4,348	2,6E-01	8,38	NUE523	941 3,3	6,532	5,1E-01	20,78
NUE563	9452, 1	4,415	3,9E-01	10,04	NUE523	9414,2	8,479	4,6E-02	56,78
Controle		4,012			Controle		5,408		
NUE566	9513, 1	4,306	4,5E-01	7,32	NUE525	9531,2	6,497	1,7E-04	48,62
NUE566	9512,2	4,118	6,3E-01	2,63	NUE525	9534,1	6,805	6,9E-02	55,67
NUE566	9512, 4	4,411	3,9E-01	9,95	NUE525	9531,3	4,928	6,1E-01	12,73
NUE566	9512, 1	5,392	9,6E-02	34,3 9	NUE525	9533,1	7,002	3,6E-02	60,17
NUE566	9514, 1	5,583	1,8E-05	39,15	NUE525	9531,1	8,063	1,5E-01	84,46
Controle		4,012			Controle		4,371		
NUE574	10363,4	4,132	3,5E-01	13,52	NUE531	10083,3	4,905	2,4E-02	24,81
NUE574	10366,2	4,697	7,2E-02	29,04	NUE531	100 81,4	6,308	1,3E-02	60,52
NUE574	10366,1	4,264	6,0E-03	17,1 5	NUE531	10083,2	5,480	8,6E-02	39,45
Controle		3,640			NUE531	10081,5	7,516	4,3E-02	91,25
NUE581	9724, 9	4,35	1,5E-01	13,8	Controle		3,930		
Controle		3,82			NUE536	9233,3	7,107	3,3E-02	42,30
NUE583	9673, 4	5,145	8,6E-02	41,3 5	Controle		4,994		
NUE583	9673,2	4,621	1,6E-02	26,95	NUE537	9393,3	7,508	5,7E-02	85,53
NUE583	9671,2	4,181	1,0E-01	14,8 8	Controle		4,047		
NUE583	9671, 1	3,903	3,2E-01	7,24	NUE539	10101,5	5,026	1,1E-01	43,93
Controle		3,640			NUE539	10103,5	5,622	7,6E-03	60,99
NUE586	9751, 1	4,510	4,7E-01	7,36	NUE539	10101,7	6,622	4,1E-03	89,62
NUE586	9751,7	5,845	3,0E-03	39,1 3	Controle		3,492		
NUE586	9751, 3	5,259	7,3E-02	25,2 0	NUE543	10051,1	5,204	9,1E-02	21,47
NUE586	9752,2	4,903	1,1E-01	16,7 1	NUE543	10052,3	4,978	2,0E-01	16,20
NUE586	9752,1	6,626	1,3E-05	57,7 3	NUE543	10051,2	5,086	3,6E-01	18,73
Controle		4,201			Controle		4,284		
NUE586	9751,1	5,290	3,0E-01	13,7 1	NUE544	9764,2	8,303	9,5E-02	46,92
NUE586	9751,6	6,090	1,6E-03	30,92	NUE544	9763,3	6,821	1,1E-01	20,71
NUE586	9751,3	5,181	3,1E-01	11,3 8	Controle		5,651		
NUE586	9752,4	5,952	2,9E-03	27,9 6	NUE548	9095,2	7,731	2,2E-01	46,90
NUE586	9752,1	6,660	2,1E-04	43,17	NUE548	9095,4	7,888	1,3E-01	49,89

Comprimento de Raiz [cm]					Cobertura de Raiz [cm ²]				
Nome do Gene	Evento #	Média,	valor-p	% aumento	Nome do Gene	Evento#	Média	valor-p	% aumento
Controle		4,652			NUE548	9091,1	6,011	2,7E-01	14,23
NUE593	10391,2	4,849	8,9E-03	30,1 8	Controle		5,262		
NUE593	10394,1	4,390	2,4E-01	17,8 5	NUE554	9115,2	7,603	3,2E-02	36,68
NUE593	10394,2	4,698	3,3E-02	26,1 3	Controle		5,562		
Controle		3,725			NUE563	9452,3	9,266	1,7E-01	111,97
NUE592	9741,7	4,08	4,8E-01	6,8	NUE563	9451,2	6,068	1,3E-01	38,82
NUE592	9747,4	4,00	6,2E-01	4,8	NUE563	9452,1	5,145	1,2E-01	17,70
NUE592	9747, 5	4,70	1,8E-02	23,0	Controle		4,371		
Controle		3,82			NUE566	9513,1	5,537	2,0E-01	26,67
					NUE566	9512,2	5,086	1,3E-01	16,36
					NUE566	9512,1	7,608	1,0E-01	74,05
					NUE566	9514,1	7,752	2,2E-03	77,33
					Controle		4,371		
					NUE569	9381,2	5,147	2,8E-02	21,78
					Controle		4,226		
					NUE570	9311,4	4,965	5,6E-01	22,69
					NUE570	9314,4	5,327	8,0E-02	31,63
					NUE570	9314,1	5,093	3,3E-01	25,85
					Controle		4,047		
					NUE574	10364,2	4,318	1,9E-01	9,88
					NUE574	10366,2	7,430	5,1E-02	89,06
					NUE574	10366,1	5,260	5,6E-02	33,83
					Controle		3,930		
					NUE581	9723,6	4,16	7,4E	6,5
					NUE581	9724,9	4,93	1,9E	26,3
					Controle		3,90		
					NUE583	9673,4	8,986	1,7E-02	128,6 4
					NUE583	9673,2	6,359	5,0E-02	61,80
					NUE583	9671,2	4,956	1,0E-01	26,11
					Controle		3,930		
					NUE586	9751,1	5,324	5,1E-01	14,00
					NUE586	9751,7	8,938	2,6E-02	91,38
					NUE586	975 1,3	6,250	8,3E-02	33,83
					NUE586	9752,2	5,566	3,7E-01	19,18
					NUE586	9752,1	10,320	9,6E-04	120,9 9
					Controle		4,670		
					NUE586	9751,1	7,261	2,8E-01	28,49
					NUE586	975 1,6	7,902	4,2E-02	39,83
					NUE586	9751,7	6,250	6,0E-01	10,60
					NUE586	9751,3	7,274	9,2E-02	28,71
					NUE586	9752,4	8,572	6,8E-03	51,70
					NUE586	9752,1	9,922	5,6E-02	75,58
					Controle		5,651		
					NUE587	9643,2	7,007	7,6E-02	50,03
					Controle		4,670		
					NUE592	9741,7	4,20	7,0E	7,7
					NUE592	9747,5	5,31	7,3E	36,0
					Controle		3,90		
					NUE593	10391,2	5,167	2,6E-01	20,60
					NUE593	10394,2	6,009	9,4E-02	40,25
					Controle		4,284		

[00315] Tabela 26: Análises do desempenho da raiz (comprimento e cobertura da raiz) de plantas transgênicas sobre-expressando o poli

nucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (utilizando genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob regulação de um promotor constitutivo (35S) quando o germinada sob condições limitadoras de nitrogênio [condições de baixo nitrogênio ou deficiência de nitrogênio (0,75 mM N)] como comparado às plantas de controle. "Méd." = Média; "Aum." = aumento.

[00316] Os genes apresentados nas Tabelas 27 e 28, abaixo, melhoraram a taxa de crescimento das plantas quando germinadas sob condições de germinação de nitrogênio, comparadas às plantas de controle. Plantas mostrando taxa de crescimento rápido confirma um melhor estabelecimento da planta no solo sob condições de deficiência de nitrogênio. Crescimento mais rápido foi observado quando a taxa de crescimento da área de folhagem, bem como o comprimento e cobertura da raiz foram medidos.

[00317] As Tabelas 27 e 28 representam análises da taxa de crescimento da planta da área de folhagem, cobertura da raiz e comprimento da raiz quando germinadas sob condições limitadoras de nitrogênio [condições de baixo nitrogênio ou deficiência de nitrogênio (0,75 mM N)] em plantas transgênicas sobre-expressando o poli nucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção sob regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi realizada pelo teste de desempenho de diversos eventos. Alguns dos genes foram avalizados em mais de um ensaio de cultura de tecido e o segundo experimento confirmou o aumento significativo na taxa de crescimento. Eventos com valor $p < 0.1$ foram considerados estatisticamente significativos.

Tabela 27

Plantas transgênicas exógenas expressando os poli nucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem taxa de crescimento da planta melhorada (taxa de crescimento relativo da área de folhagem e cobertura da raiz) sob

condições de deficiência de nitrogênio

RGR da Area de folhagem					RGR de Cobertura da Raiz				
Nome do Gene	Evento #	Média	Valor-p	% aumento	Nome do Gene	Evento #	Média	Valor-p	% aumento
CT11	4892,3	0,043	3,1E-01	14,75	CT11	4894,3	1,07	2,6E-01	18,78
CT11	4893,2	0,054	7,0E-02	43,87	CT11	4892,2	1,02	4,7E-01	12,68
Controle		0,038			CT11	4892,1	1,17	4,9E-02	29,43
CT11	4894,3	0,071	3,2E-02	37,85	Controle		0,90		
CT11	4892,3	0,077	6,5E-03	47,95	CT22	5023,1	0,49	6,6E-02	51,49
CT11	4892,2	0,066	8,1E-02	27,89	Controle		0,32		
Controle		0,052			CT27	5033,7	0,51	5,1E-01	59,31
CT27	5031,4	0,059	2,1E-03	56,19	CT27	5031,4	0,66	4,4E-01	106,25
CT27	5035,2	0,050	3,7E-02	31,33	CT27	5035,2	0,48	3,3E-01	50,35
Controle		0,038			CT27	5033,6	0,46	1,9E-01	41,98
CT27	5035,2	0,052	1,4E-02	47,58	CT27	5033,4	0,81	5,0E-02	152,27
Controle		0,035			CT27	5033,8	0,36	4,5E-02	12,91
CT27	5033,4	0,047	1,9E-01	28,65	Controle		0,32		
CT27	5033,8	0,062	1,7E-04	66,84	CT6	4943,1	0,93	4,7E-02	60,75
Controle		0,037			CT6	4941,4	0,88	3,3E-02	52,53
CT6	4943,1	0,058	1,9E-02	54,43	Controle		0,58		
CT6	4941,4	0,058	1,2E-02	52,74	CT75	4873,3	0,75	1,1E-01	30,24
Controle		0,038			Controle		0,58		
CT76	5044,6	0,059	3,8E-01	13,49	CT76	5041,5	1,29	5,2E-02	43,20
CT76	5041,5	0,075	2,9E-02	44,40	CT76	5043,5	1,24	5,2E-02	37,15
CT76	5043,5	0,082	2,8E-04	58,85	CT76	5041,6	1,01	4,7E-01	11,99
CT76	5041,9	0,084	4,2E-03	62,25	Controle		0,90		
CT76	5041,6	0,086	5,5E-04	65,56	CT76	5044,6	0,59	3,6E-02	49,62
Controle		0,052			CT76	5043,5	0,67	1,9E-02	71,45
CT76	5044,6	0,044	2,9E-01	18,54	CT76	5041,6	0,46	4,1E-01	17,98
CT76	5041,5	0,050	5,8E-02	36,83	CT76	5041,9	0,64	8,3E-03	64,17
CT76	5043,5	0,075	1,6E-07	103,60	Controle		0,39		
CT76	5041,6	0,053	9,2E-03	43,71	NUE206	6731,2	0,88	6,1E-03	107,33
CT76	5041,9	0,055	7,7E-03	48,95	NUE206	6732,7	0,54	2,5E-01	28,14
Controle		0,037			Controle		0,42		
CT81	4992,1	0,074	1,9E-03	43,33	NUE206	6731,2	0,73	3,0E-04	103,93
CT81	4993,5	0,061	2,8E-01	17,47	NUE206	6732,9	0,46	1,5E-01	29,09
CT81	4992,2	0,072	2,3E-02	38,79	NUE206	6732,5	0,51	1,5E-01	42,93
Controle		0,052			Controle		0,36		
NUE206	6731,2	0,035	2,0E-02	39,25	NUE208	8354,8	0,58	3,9E-01	18,43
NUE206	6732,7	0,032	6,4E-02	28,96	NUE208	8351,3	0,71	3,7E-02	44,72
Controle		0,025			Controle		0,49		
NUE208	8351,3	0,046	1,0E-02	54,30	NUE208	8355,3	0,72	9,1E-03	100,13
NUE208	8355,3	0,038	9,5E-02	28,29	Controle		0,36		
Controle		0,030			NUE209	8192,13	0,63	1,3E-01	28,43
NUE208	8355,3	0,073	2,0E-02	55,84	NUE209	8192,14	0,65	1,1E-01	32,34
Controle		0,047			Controle		0,49		
NUE209	8192,13	0,043	3,2E-02	44,12	NUE209	8192,14	0,65	4,0E-03	79,86
NUE209	8192,14	0,047	6,9E-03	60,54	Controle		0,36		
Controle		0,030			NUE212	8332,2	0,64	2,2E-02	70,92
NUE209	8192,13	0,047	2,2E-02	38,99	NUE212	8334,1	0,61	1,5E-01	63,17
NUE209	8191,5	0,055	4,8E-04	64,77	Controle		0,37		
NUE209	8192,14	0,041	1,2E-01	22,52	NUE212	8335,2	0,75	1,1E-02	52,25
Controle		0,033			NUE212	8331,4	0,76	2,4E-02	54,17
NUE209	8192,14	0,071	2,5E-03	52,94	Controle		0,49		
NUE209	8191,3	0,057	2,2E-01	22,44	NUE212	8332,2	1,08	2,7E-02	58,34
Controle		0,047			NUE212	8331,4	0,87	1,6E-01	27,37
NUE212	8335,2	0,041	1,9E-02	40,11	Controle		0,68		

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area de folhagem			Nome do Gene	Evento #	RGR de Cobertura da Raiz		
		Média	Valor-p	% aumento			Média	Valor-p	% aumento
NUE212	8331,4	0,046	8,8E-03	54,77	NUE223	9611,5	1,06	8,9E-04	67,16
Controle		0,030			NUE223	9612,3	0,77	2,3E-01	21,00
NUE212	8332,1	0,062	4,8E-03	50,03	Controle		0,63		
Controle		0,041			NUE228	10092,2	0,70	2,0E-02	41,76
NUE224	9001,3	0,064	5,9E-04	41,00	NUE228	10093,3	0,61	1,5E-01	23,30
Controle		0,045			NUE228	10093,1	0,66	5,5E-02	33,53
NUE230	9154,2	0,054	8,1E-02	19,70	Controle		0,49		
NUE230	9151,2	0,052	1,5E-01	14,88	NUE233	10174,3	0,52	2,2E-01	27,38
Controle		0,045			NUE233	10174,1	0,86	1,1E-05	111,13
NUE230	9153,3	0,046	3,5E-02	23,46	NUE233	10173,7	0,59	4,2E-02	45,30
Controle		0,038			Controle		0,41		
NUE233	10174,3	0,047	2,8E-03	52,81	NUE233	10174,1	0,56	8,1E-02	22,89
NUE233	10174,1	0,075	5,3E-09	141,80	NUE233	10173,7	0,72	2,7E-03	57,48
NUE233	10173,7	0,040	4,3E-02	28,55	Controle		0,46		
Controle		0,031			NUE234	9162,1	0,51	5,1E-02	39,40
NUE237	9651,1	0,051	4,5E-01	12,77	Controle		0,37		
NUE237	9654,4	0,059	2,5E-02	31,14	NUE235	9693,4	0,68	2,5E-03	44,45
NUE237	9654,1	0,056	2,6E-02	24,39	NUE235	9691,1	0,56	2,0E-01	18,18
Controle		0,045			NUE235	9694,4	0,55	2,3E-01	15,87
NUE239	9191,1	0,063	1,3E-02	58,77	NUE235	9694,3	0,76	1,1E-03	60,48
Controle		0,040			Controle		0,47		
NUE239	9192,3	0,061	5,3E-02	25,48	NUE237	9654,4	0,93	7,8E-02	39,79
Controle		0,048			NUE237	9654,1	0,84	2,4E-01	26,90
NUE240	9172,2	0,067	1,5E-03	68,99	Controle		0,66		
NUE240	9174,3	0,052	1,4E-01	29,40	NUE239	9191,1	0,75	6,5E-02	36,48
Controle		0,040			Controle		0,55		
NUE240	9172,1	0,068	4,1E-03	41,05	NUE239	9192,3	1,08	7,2E-05	71,00
Controle		0,048			NUE239	9191,2	0,73	3,5E-01	14,79
NUE241	9633,4	0,053	4,5E-04	58,65	Controle		0,63		
NUE241	9632,2	0,042	7,6E-02	26,55	NUE240	9172,2	0,73	5,1E-02	33,21
NUE241	9632,4	0,045	6,8E-02	35,24	NUE240	9174,3	0,68	1,4E-01	23,94
Controle		0,033			Controle		0,55		
NUE241	9632,3	0,056	2,2E-02	43,54	NUE240	9172,1	0,93	8,4E-03	46,95
Controle		0,039			Controle		0,63		
NUE242	9212,1	0,053	4,2E-03	49,38	NUE241	9633,4	1,05	5,1E-09	121,17
NUE242	9213,4	0,041	2,2E-01	15,83	NUE241	9632,3	0,56	3,0E-01	17,76
Controle		0,036			NUE241	9632,2	0,70	4,2E-03	47,48
NUE245	10641,7	0,064	3,3E-02	39,30	NUE241	9632,4	0,68	2,6E-02	42,78
Controle		0,046			Controle		0,47		
NUE246	9033,8	0,047	5,0E-01	13,54	NUE241	9632,3	0,73	8,7E-02	37,63
NUE246	9033,4	0,053	1,8E-01	27,65	NUE241	9632,4	0,68	1,8E-01	28,48
NUE246	9034,1	0,067	1,3E-02	63,07	Controle		0,53		
Controle		0,041			NUE242	9214,1	0,82	5,3E-01	34,65
NUE248	8981,5	0,059	1,8E-02	42,38	NUE242	9213,4	0,98	4,4E-04	61,42
Controle		0,041			Controle		0,61		
NUE250	9132,1	0,051	2,9E-01	13,50	NUE242	9212,1	0,69	2,3E-03	76,75
NUE250	9132,2	0,051	4,2E-01	12,43	NUE242	9213,4	0,55	4,3E-02	40,32
NUE250	9134,1	0,055	5,3E-02	21,91	Controle		0,39		
Controle		0,045			NUE245	10641,7	0,67	5,7E-03	46,73
NUE251	10181,3	0,052	3,2E-05	67,47	NUE245	10641,8	0,57	4,6E-02	24,96
NUE251	10183,2	0,044	1,1E-02	41,23	NUE245	10643,4	0,50	4,1E-01	10,90
NUE251	10183,1	0,043	1,1E-02	38,27	Controle		0,46		
Controle		0,031			NUE246	9033,8	0,72	2,4E-01	22,81
NUE251	10183,2	0,084	2,2E-05	83,75	NUE246	9033,4	0,69	3,8E-01	17,06
NUE251	10182,1	0,057	8,1E-02	23,66	NUE246	9034,1	0,78	1,5E-01	32,69

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area de folhagem			Nome do Gene	Evento #	RGR de Cobertura da Raiz		
		Média	Valor-p	% aumento			Média	Valor-p	% aumento
NUE251	10181,1	0,048	7,3E-01	4,28	NUE246	9031,1	0,90	1,2E-02	52,58
Controle		0,046			Controle		0,59		
NUE256	10063,4	0,045	4,9E-01	10,33	NUE248	8981,5	0,70	7,3E-02	30,02
NUE256	10064,1	0,057	1,5E-02	37,35	Controle		0,53		
Controle		0,041			NUE250	9134,1	0,68	3,3E-01	12,73
NUE256	10063,4	0,061	8,1E-04	96,42	NUE250	9132,2	0,89	3,6E-02	46,62
NUE256	10064,1	0,063	1,3E-05	104,87	Controle		0,61		
NUE256	10061,2	0,065	1,0E-07	110,14	NUE251	10183,2	0,81	8,3E-05	77,68
NUE256	10062,4	0,062	2,3E-05	99,98	NUE251	10181,1	0,56	1,8E-01	24,08
NUE256	10063,2	0,054	1,7E-04	74,87	Controle		0,46		
Controle		0,031			NUE254	8972,4	0,74	6,0E-02	38,45
NUE256	10061,2	0,071	6,0E-04	55,03	Controle		0,53		
NUE256	10061,4	0,068	4,1E-03	47,93	NUE256	10063,4	0,88	2,3E-04	115,25
NUE256	10063,2	0,051	3,9E-01	11,43	NUE256	10064,1	0,89	1,6E-04	117,15
Controle		0,046			NUE256	10061,2	0,74	5,9E-04	81,36
NUE511	9271,2	0,056	2,6E-02	50,68	NUE256	10062,4	0,77	4,0E-03	87,01
Controle		0,040			NUE256	10063,2	0,78	7,9E-04	90,93
NUE512	9282,3	0,072	3,6E-04	68,22	Controle		0,41		
NUE512	9284,4	0,059	8,0E-03	38,67	NUE256	10061,3	0,55	7,7E-02	20,48
Controle		0,043			NUE256	10061,2	0,61	1,1E-02	34,76
NUE514	9404,1	0,047	3,4E-02	30,81	NUE256	10061,4	0,67	6,4E-03	46,55
NUE514	9402,2	0,041	3,3E-01	14,01	NUE256	10063,2	0,63	6,6E-03	39,24
NUE514	9403,2	0,042	1,7E-01	17,39	Controle		0,46		
Controle		0,036			NUE268	8996,5	0,95	7,5E-03	46,67
NUE516	9291,1	0,051	3,6E-01	12,83	Controle		0,65		
NUE516	9291,4	0,058	5,2E-02	28,67	NUE512	9284,3	0,59	1,2E-01	24,74
Controle		0,045			NUE512	9282,3	0,72	1,5E-02	51,97
NUE519	9371,2	0,065	7,6E-02	34,99	NUE512	9284,4	0,94	7,5E-06	98,41
NUE519	9371,1	0,059	1,7E-01	22,69	Controle		0,47		
Controle		0,048			NUE513	9681,6	0,77	1,4E-01	21,72
NUE521	9362,2	0,050	7,7E-03	41,00	Controle		0,63		
NUE521	9361,2	0,041	3,1E-01	15,27	NUE514	9404,1	0,72	2,6E-01	17,95
NUE521	9363,4	0,056	1,4E-04	56,51	NUE514	9404,5	0,79	2,9E-02	30,17
Controle		0,036			Controle		0,61		
NUE521	9362,2	0,057	3,4E-01	16,01	NUE514	9403,2	0,67	3,9E-05	71,81
NUE521	9363,4	0,065	6,3E-02	31,54	NUE514	9402,5	0,52	5,8E-02	34,24
Controle		0,049			Controle		0,39		
NUE523	9412,5	0,048	4,9E-02	33,67	NUE519	9371,2	0,97	5,6E-02	52,96
NUE523	9414,2	0,043	9,2E-02	20,21	NUE519	9371,1	0,96	2,5E-02	51,45
Controle		0,036			Controle		0,63		
NUE523	9412,5	0,058	7,6E-02	41,83	NUE520	9771,4	0,59	2,1E-01	20,79
NUE523	9414,2	0,049	2,2E-01	19,88	NUE520	9771,7	0,72	9,4E-03	47,07
NUE523	9412,1	0,062	5,2E-03	49,67	NUE520	9771,2	0,78	4,4E-03	59,79
Controle		0,041			NUE520	9771,3	0,89	5,5E-04	81,39
NUE525	9531,2	0,043	8,9E-02	27,96	Controle		0,49		
NUE525	9534,1	0,042	1,4E-01	27,19	NUE520	9771,4	0,76	1,5E-03	85,18
NUE525	9531,3	0,046	3,9E-02	36,82	NUE520	9771,2	0,83	3,7E-04	102,18
NUE525	9533,1	0,048	1,6E-02	42,76	NUE520	9771,3	0,66	5,4E-03	60,90
NUE525	9531,1	0,045	3,5E-02	36,14	NUE520	9773,1	0,57	1,1E-01	39,32
Controle		0,033			Controle		0,41		
NUE531	10083,1	0,070	5,6E-02	24,91	NUE521	9362,2	0,55	5,4E-02	39,89
NUE531	10082,2	0,067	1,1E-01	20,04	NUE521	9361,3	0,46	2,1E-01	18,65
NUE531	10081,4	0,070	1,2E-01	24,78	NUE521	9363,4	0,63	1,4E-03	61,36
NUE531	10081,5	0,073	8,2E-02	30,25	Controle		0,39		
Controle		0,056			NUE523	9412,5	0,58	5,0E-02	49,67

RGR da Area de folhagem					RGR de Cobertura da Raiz				
Nome do Gene	Evento #	Média	Valor-p	% aumento	Nome do Gene	Evento #	Média	Valor-p	% aumento
NUE531	10081,4	0,051	4,0E-01	11,96	NUE523	9414,2	0,63	9,9E-06	61,62
NUE531	10081,5	0,090	1,3E-05	95,63	Controle		0,39		
Controle		0,046			NUE523	9413,3	0,80	2,6E-01	24,87
NUE532	9222,4	0,050	1,6E-01	40,00	NUE523	9414,2	1,03	3,8E-03	60,15
Controle		0,036			Controle		0,64		
NUE535	9082,2	0,040	1,7E-01	29,19	NUE523	9412,5	1,03	5,0E-02	44,09
NUE535	9084,2	0,037	2,0E-01	17,89	NUE523	9414,2	1,05	7,8E-03	47,15
NUE535	9081,1	0,045	4,7E-02	45,68	Controle		0,71		
NUE535	9083,1	0,059	9,9E-06	91,43	NUE525	9531,2	0,71	1,1E-03	50,16
NUE535	9084,4	0,046	6,1E-03	49,99	NUE525	9534,1	0,76	3,0E-03	59,45
Controle		0,031			NUE525	9531,3	0,55	3,9E-01	15,44
NUE537	9391,2	0,067	8,9E-04	57,56	NUE525	9533,1	0,75	1,1E-03	57,42
NUE537	9393,3	0,078	3,4E-06	83,37	NUE525	9531,1	0,88	9,0E-04	85,07
Controle		0,043			Controle		0,47		
NUE539	10103,5	0,060	7,5E-02	45,45	NUE527	9201,2	0,91	6,0E-02	39,82
Controle		0,041			Controle		0,65		
NUE539	10101,5	0,052	6,3E-04	68,95	NUE528	9073,1	0,91	8,8E-02	33,70
NUE539	10103,5	0,052	2,7E-05	67,92	Controle		0,68		
NUE539	10101,2	0,058	4,6E-06	85,91	NUE531	10081,4	0,65	1,2E-01	33,32
NUE539	10101,7	0,067	1,3E-06	115,49	NUE531	10081,5	0,95	6,1E-03	93,18
Controle		0,031			Controle		0,49		
NUE542	9333,2	0,058	1,7E-02	27,22	NUE531	10083,3	0,56	5,7E-02	22,09
Controle		0,045			NUE531	10081,4	0,76	2,5E-04	67,03
NUE543	10051,2	0,043	4,9E-01	11,08	NUE531	10083,2	0,65	7,4E-03	42,46
NUE543	10051,6	0,052	2,6E-02	32,97	NUE531	10081,5	0,88	5,5E-05	94,20
Controle		0,039			Controle		0,46		
NUE548	9095,2	0,058	1,9E-02	45,78	NUE535	9084,2	0,87	1,1E-01	34,81
NUE548	9092,2	0,054	1,1E-01	34,83	Controle		0,65		
Controle		0,040			NUE536	9233,3	0,85	2,7E-02	45,06
NUE548	9095,2	0,067	2,0E-01	16,93	Controle		0,59		
NUE548	9095,4	0,082	OJEOS	43,33	NUE537	9393,2	0,50	9,3E-02	28,21
NUE548	9091,1	0,070	7,8E-02	21,75	NUE537	9393,3	0,49	8,0E-02	25,71
Controle		0,057			Controle		0,39		
NUE554	9115,2	0,067	8,8E-02	26,21	NUE537	9393,3	0,92	5,4E-04	95,13
Controle		0,053			Controle		0,47		
NUE560	9424,3	0,069	4,8E-02	39,85	NUE539	10101,5	0,62	3,4E-02	50,84
Controle		0,049			NUE539	10103,5	0,66	6,2E-03	61,79
NUE564	9242,2	0,066	8,5E-03	54,86	NUE539	10101,7	0,80	2,0E-04	96,01
Controle		0,043			Controle		0,41		
NUE566	9512,1	0,052	2,2E-02	56,47	NUE544	9764,2	1,00	2,7E-02	46,55
Controle		0,033			NUE544	9763,3	0,80	2,7E-01	17,81
NUE567	9263,3	0,053	1,8E-01	25,10	Controle		0,68		
Controle		0,043			NUE545	9482,4	0,61	7,1E-02	28,80
NUE568	9471,3	0,051	2,9E-01	14,08	Controle		0,47		
NUE568	9472,2	0,062	5,2E-03	40,02	NUE548	9095,2	0,72	1,2E-01	30,12
Controle		0,045			Controle		0,55		
NUE570	9314,1	0,064	6,7E-02	32,94	NUE548	9095,2	0,96	1,5E-02	57,39
Controle		0,048			NUE548	9095,4	0,97	4,3E-03	59,52
NUE573	9491,4	0,058	6,1E-02	30,87	NUE548	9091,1	0,74	1,1E-01	22,28
NUE573	9494,3	0,055	1,4E-01	23,73	Controle		0,61		
Controle		0,045			NUE550	9141,3	0,83	1,4E-01	28,42
NUE574	10364,2	0,062	1,0E-02	34,44	Controle		0,65		
Continuação da Tabela 27									
NUE574	10362,2	0,048	6,7E-01	5,59	NUE554	9115,2	0,93	1,7E-02	43,12
NUE574	10366,2	0,079	6,5E-05	72,54	Controle		0,65		

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area de folhagem			Nome do Gene	Evento #	RGR de Cobertura da Raiz		
		Média	Valor-p	% aumento			Média	Valor-p	% aumento
Controle		0,046			NUE563	9452,3	1,02	3,8E-03	114,90
NUE576	9791,3	0,046	2,5E-01	17,12	NUE563	9451,2	0,65	3,0E-02	36,75
NUE576	9792,4	0,050	9,0E-02	27,76	Controle		0,47		
NUE576	9794,1	0,048	9,8E-02	24,04	NUE564	9242,3	0,58	2,0E-01	21,75
NUE576	9793,3	0,048	1,4E-01	22,67	NUE564	9242,2	0,71	3,1E-02	49,74
Controle		0,039			NUE564	9243,4	0,65	9,3E-02	37,10
NUE582	9562,4	0,056	4,1E-02	24,61	Controle		0,47		
Controle		0,045			NUE566	9513,1	0,58	1,3E-01	23,35
NUE583	9673,1	0,056	3,2E-02	43,43	NUE566	9512,2	0,56	1,7E-01	17,73
Controle		0,039			NUE566	9512,1	0,79	5,1E-03	67,15
NUE583	9673,4	0,092	3,5E-05	100,45	NUE566	9514,1	0,86	2,8E-05	80,42
NUE583	9673,2	0,063	2,5E-02	38,28	Controle		0,47		
Controle		0,046			NUE567	9263,3	0,66	7,7E-02	39,99
NUE586	9751,6	0,047	4,2E-01	12,92	Controle		0,47		
NUE586	9751,7	0,049	3,1E-01	19,09	NUE567	9263,3	0,97	5,0E-02	42,53
NUE586	9752,4	0,057	2,6E-02	36,93	Controle		0,68		
NUE586	9752,1	0,058	1,0E-01	39,90	NUE569	9381,2	0,60	8,8E-02	20,49
Controle		0,041			NUE569	9381,5	0,59	2,1E-01	19,31
					Controle		0,50		
					NUE570	9311,4	0,60	2,9E-01	27,17
					NUE570	9314,4	0,64	4,5E-02	35,92
					NUE570	9314,1	0,61	1,6E-01	29,32
					Controle		0,47		
					NUE570	9314,4	0,63	2,6E-01	26,50
					NUE570	9314,1	0,81	1,1E-02	64,12
					Controle		0,50		
					NUE571	9304,2	0,84	1,4E-01	30,16
					Controle		0,64		
					NUE574	10364,2	0,51	2,5E-01	12,29
					NUE574	10366,2	0,91	7,6E-05	99,71
					NUE574	10366,1	0,63	6,2E-03	38,15
					Controle		0,46		
					NUE583	9673,4	1,08	7,4E-07	136,31
					NUE583	9673,2	0,76	3,4E-04	67,32
					NUE583	9671,2	0,58	3,4E-02	27,94
					Controle		0,46		
					NUE586	9751,7	1,08	4,4E-04	90,56
					NUE586	9751,3	0,73	1,3E-01	28,69
					NUE586	9752,1	1,23	1,1E-06	117,25
					Controle		0,57		
					NUE586	9751,1	0,86	1,9E-01	26,09
					NUE586	9751,6	0,93	5,1E-02	35,91
					NUE586	9751,3	0,89	9,6E-02	30,27
					NUE586	9752,4	1,02	9,5E-03	49,17
					NUE586	9752,1	1,16	6,5E-03	69,78
					Controle		0,68		
					NUE587	9643,2	0,85	2,3E-02	50,29
					Controle		0,57		
					NUE593	10394,2	0,72	1,5E-02	46,89
					Controle		0,49		

[00318] Tabela 27: Análises da taxa de crescimento da planta (crescimento relativo da área de folhagem e cobertura da raiz) de plantas

transgênicas sobre-expressando o poli nucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (utilizando genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob regulação de um promotor constitutivo (35S) quando o germinada sob condições limitadoras de nitrogênio [condições de baixo nitrogênio ou deficiência de nitrogênio (0,75 mM N)] como comparado às plantas de controle. "Aum." = Aumento; "RGR" = taxa de crescimento relativo.

Tabela 28

Plantas transgênicas exógenas expressando os poli nucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem taxa de crescimento da planta melhorada (taxa de crescimento relativo da área de folhagem e comprimento da raiz) sob condições de deficiência de nitrogênio

Tabela 28

Nome do Gene	Evento #	RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	valor-p	% aumento
CT1	4841,1	0,325	4,6E-01	14,92
CT1	4844,5	0,386	3,9E-02	36,53
CT1	4841,2	0,399	5,1E-02	41,25
Controle		0,282		
CT11	4892,1	0,612	9,8E-02	15,48
Controle		0,530		
CT22	5023,1	0,373	9,6E-02	32,01
Controle		0,282		
CT27	5033,4	0,394	5,2E-02	29,10
CT27	5033,8	0,350	2,6E-01	14,96
Controle		0,305		
CT6	4945,8	0,460	2,1E-01	17,91
CT6	4943,1	0,548	2,0E-02	40,56
Controle		0,390		
CT75	4873,4	0,473	1,5E-01	21,17
CT75	4873,3	0,532	1,3E-02	36,39
Controle		0,390		
CT76	5044,6	0,408	1,1E-02	33,88
CT76	5043,5	0,389	7,9E-02	27,59
CT76	5041,9	0,381	6,4E-02	25,11
Controle		0,305		
NUE206	6731,2	0,496	5,5E-03	49,81
NUE206	6732,7	0,395	1,8E-01	19,18
Controle		0,331		
NUE206	6731,2	0,501	1,2E-05	64,61
NUE206	6732,9	0,417	8,6E-03	37,13
Controle		0,304		
NUE208	8351,3	0,477	7,4E-02	22,59
Controle		0,389		
NUE208	8355,3	0,500	7,9E-04	64,40

Nome do Gene	Evento #	RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	valor-p	% aumento
Controle		0,304		
NUE209	8192,13	0,506	1,6E-02	30,23
NUE209	8192,14	0,475	9,5E-02	22,29
Controle		0,389		
NUE209	8191,2	0,421	5,1E-02	36,60
NUE209	8192,13	0,394	7,1E-02	27,85
NUE209	8191,5	0,410	3,0E-02	32,93
Controle		0,308		
NUE209	8192,14	0,452	5,1E-03	48,66
Controle		0,304		
NUE210	8202,2	0,462	9,4E-02	18,92
Controle		0,389		
NUE210	6755,3	0,421	3,2E-02	36,49
Controle		0,308		
NUE212	8332,2	0,455	1,7E-02	47,71
NUE212	8334,1	0,426	1,6E-01	38,40
Controle		0,308		
NUE212	8331,4	0,504	2,3E-02	29,68
Controle		0,389		
NUE212	8331,1	0,584	6,4E-02	24,96
NUE212	8332,2	0,597	8,7E-02	27,76
NUE212	8331,4	0,567	1,3E-01	21,20
Controle		0,468		
NUE223	9611,5	0,537	4,1E-03	35,20
NUE223	9612,3	0,466	2,5E-01	17,18
Controle		0,397		
NUE228	10092,2	0,426	5,6E-02	29,90
NUE228	10093,3	0,422	8,2E-02	28,77
NUE228	10093,1	0,408	1,1E-01	24,40
Controle		0,328		
NUE233	10174,3	0,391	3,9E-01	14,35
NUE233	10174,1	0,471	4,7E-02	37,60
NUE233	10173,5	0,461	5,6E-02	34,78
NUE233	10172,5	0,412	2,3E-01	20,55
NUE233	10173,7	0,407	2,8E-01	19,07
Controle		0,342		
NUE233	10174,1	0,404	1,2E-03	29,24
NUE233	10173,5	0,362	2,5E-01	15,71
NUE233	10172,5	0,362	6,0E-02	15,79
NUE233	10173,7	0,436	3,6E-03	39,35
Controle		0,313		
NUE234	9162,1	0,426	5,9E-02	25,45
Controle		0,340		
NUE235	9693,4	0,451	1,4E-02	25,62
NUE235	9694,3	0,517	4,3E-04	43,98
Controle		0,359		
NUE239	9191,1	0,435	3,5E-01	10,73
NUE239	9194,3	0,482	4,7E-02	22,75
Controle		0,393		
NUE239	9192,3	0,565	2,7E-04	42,18
NUE239	9192,1	0,447	2,6E-01	12,34
NUE239	9191,2	0,449	2,2E-01	13,06
Controle		0,397		
NUE240	9172,2	0,490	1,2E-02	24,73
Controle		0,393		
NUE240	9172,1	0,507	1,4E-02	27,47

Nome do Gene	Evento #	RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	valor-p	% aumento
Controle		0,397		
NUE241	9633,4	0,554	8,4E-07	54,27
NUE241	9632,3	0,407	2,8E-01	13,32
NUE241	9632,2	0,466	1,7E-03	29,87
NUE241	9632,4	0,432	1,5E-01	20,52
Controle		0,359		
NUE242	9212,1	0,429	2,2E-01	13,68
NUE242	9213,4	0,544	4,7E-05	44,09
Controle		0,377		
NUE242	9212,1	0,462	1,1E-03	54,42
NUE242	9211,2	0,403	7,9E-02	34,60
NUE242	9213,4	0,347	2,6E-01	16,09
Controle		0,299		
NUE245	10643,1	0,351	2,1E-01	12,20
NUE245	10641,7	0,414	3,8E-03	32,32
NUE245	10641,8	0,434	2,5E-04	38,90
NUE245	10643,4	0,377	2,2E-02	20,56
Controle		0,313		
NUE246	9033,4	0,504	1,2E-01	21,54
NUE246	9034,1	0,510	1,4E-01	22,94
NUE246	9031,1	0,524	5,4E-02	26,35
Controle		0,414		
NUE250	9134,1	0,433	1,4E-01	14,91
NUE250	9132,2	0,482	2,4E-02	27,68
Controle		0,377		
NUE251	10183,1	0,460	6,6E-02	34,46
Controle		0,342		
NUE251	10181,3	0,337	3,8E-01	7,88
NUE251	10183,2	0,485	1,4E-04	55,27
NUE251	10182,1	0,391	3,4E-02	25,13
NUE251	10183,1	0,323	6,8E-01	3,24
NUE251	10181,1	0,361	2,5E-01	15,54
Controle		0,313		
NUE252	9011,3	0,468	6,8E-03	24,03
NUE252	9012,2	0,438	1,2E-01	16,22
NUE252	9013,2	0,458	8,4E-02	21,40
Controle		0,377		
NUE254	8972,4	0,508	2,7E-03	27,22
Controle		0,399		
NUE256	10063,4	0,507	1,5E-02	48,06
NUE256	10064,1	0,525	4,0E-03	53,43
NUE256	10061,2	0,431	1,4E-01	26,08
NUE256	10063,2	0,518	6,8E-03	51,45
Controle		0,342		
NUE256	10061,3	0,383	6,3E-02	22,55
NUE256	10061,2	0,368	6,1E-02	17,75
NUE256	10061,4	0,432	3,7E-04	38,10
NUE256	10063,2	0,434	3,8E-05	38,83
Controle		0,313		
NUE512	9282,3	0,479	5,0E-02	22,43
NUE512	9284,4	0,525	3,4E-03	34,40
Controle		0,391		
NUE513	9681,4	0,489	1,7E-01	18,01
NUE513	9683,5	0,518	8,4E-02	24,96
Controle		0,414		
NUE513	9681,6	0,475	6,5E-02	19,62

Nome do Gene	Evento #	RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	valor-p	% aumento
Controle		0,397		
NUE513	9683,5	0,515	8,4E-02	16,54
Controle		0,442		
NUE514	9404,1	0,471	2,5E-02	24,98
NUE514	9402,2	0,445	9,9E-02	17,92
NUE514	9404,5	0,493	4,6E-03	30,81
NUE514	9403,2	0,443	4,8E-02	17,37
NUE514	9402,5	0,503	3,8E-03	33,24
Controle		0,377		
NUE514	9404,1	0,371	3,0E-02	23,82
NUE514	9403,2	0,471	4,9E-05	57,43
NUE514	9402,5	0,442	9,5E-04	47,79
Controle		0,299		
NUE519	9371,2	0,513	1,3E-01	29,00
NUE519	9371,1	0,555	1,8E-02	39,76
Controle		0,397		
NUE520	9771,4	0,486	2,5E-03	48,07
NUE520	9771,7	0,471	1,1E-02	43,62
NUE520	9771,2	0,463	9,8E-03	41,14
NUE520	9771,3	0,463	2,4E-02	41,09
Controle		0,328		
NUE520	9771,4	0,476	3,4E-02	39,14
NUE520	9771,2	0,478	3,0E-02	39,79
Controle		0,342		
NUE521	9362,2	0,414	1,2E-02	38,49
NUE521	9361,3	0,383	8,8E-03	27,99
NUE521	9363,4	0,456	1,0E-04	52,49
Controle		0,299		
NUE523	9412,5	0,410	2,6E-02	36,99
NUE523	9414,2	0,495	1,1E-06	65,32
NUE523	9412,1	0,364	7,6E-02	21,51
NUE523	9413,4	0,372	3,3E-02	24,28
Controle		0,299		
NUE523	9412,5	0,525	1,7E-01	18,63
NUE523	9414,2	0,552	6,9E-03	24,85
Controle		0,442		
NUE525	9531,2	0,465	3,5E-03	29,55
NUE525	9534,1	0,506	5,7E-04	40,93
NUE525	9531,1	0,494	4,1E-03	37,67
Controle		0,359		
NUE531	10082,2	0,413	1,1E-01	25,96
NUE531	10081,5	0,451	5,6E-02	37,34
Controle		0,328		
NUE531	10083,3	0,387	8,0E-03	23,90
NUE531	10082,2	0,359	2,2E-01	14,68
NUE531	10081,4	0,366	5,7E-02	17,00
NUE531	10083,2	0,445	5,0E-04	42,20
NUE531	10081,5	0,478	2,9E-05	52,87
Controle		0,313		
NUE536	9233,3	0,511	8,2E-02	23,25
Controle		0,414		
NUE537	9393,2	0,409	2,5E-03	36,75
NUE537	9393,3	0,415	1,8E-03	38,64
Controle		0,299		
NUE537	9393,3	0,496	1,4E-02	26,83
Controle		0,391		

Nome do Gene	Evento #	RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	valor-p	% aumento
NUE539	10101,5	0,454	9,5E-02	32,65
NUE539	10103,5	0,436	1,2E-01	27,43
NUE539	10101,7	0,527	4,4E-03	53,99
Controle		0,342		
NUE539	10101,7	0,420	2,4E-03	34,28
Controle		0,313		
NUE544	9764,2	0,581	9,7E-02	24,20
Controle		0,468		
NUE548	9095,2	0,495	3,1E-02	31,12
NUE548	9095,4	0,541	1,3E-03	43,44
NUE548	9091,1	0,436	8,2E-02	15,49
Controle		0,377		
NUE550	9141,3	0,469	9,2E-02	27,80
Controle		0,367		
NUE563	9452,3	0,513	4,5E-03	42,86
Controle		0,359		
NUE566	9512,1	0,448	7,9E-02	24,77
NUE566	9514,1	0,530	1,3E-05	47,65
Controle		0,359		
NUE570	9314,4	0,477	6,1E-02	22,12
NUE570	9314,1	0,436	3,3E-01	11,56
Controle		0,391		
NUE570	9314,1	0,522	5,4E-02	26,80
Controle		0,411		
NUE574	10363,4	0,384	9,0E-02	22,79
NUE574	10364,2	0,369	3,4E-02	18,18
NUE574	10362,2	0,372	4,0E-02	19,10
NUE574	10366,2	0,505	1,3E-05	61,62
NUE574	10366,1	0,403	1,8E-03	28,75
Controle		0,313		
NUE583	9673,1	0,337	3,3E-01	7,83
NUE583	9673,4	0,511	4,9E-04	63,57
NUE583	9673,2	0,445	1,3E-04	42,20
NUE583	9671,2	0,373	5,7E-02	19,44
NUE583	9671,1	0,356	1,3E-01	13,96
Controle		0,313		
NUE586	9751,1	0,466	3,8E-01	12,01
NUE586	9751,7	0,561	1,4E-02	34,87
NUE586	9752,1	0,616	6,6E-04	48,10
Controle		0,416		
NUE586	9751,6	0,578	9,9E-02	23,61
NUE586	9751,3	0,544	2,5E-01	16,32
NUE586	9752,4	0,585	6,0E-02	25,16
NUE586	9752,1	0,611	3,8E-02	30,58
Controle		0,468		
NUE593	10394,2	0,446	2,9E-02	35,91
Controle		0,328		

[00319] Tabela 28: Análises da taxa de crescimento da planta (crescimento relativo da área de folhagem e comprimento da raiz) de plantas transgênicas sobre-expressando o poli nucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (utilizando genes clonados ou sintéticos listados na

Tabela 23 acima) sob regulação de um promotor constitutivo (35S) quando o germinada sob condições limitadoras de nitrogênio [condições de baixo nitrogênio ou deficiência de nitrogênio (0,75 mM N)] como comparado às plantas de controle. "Aum." = Aumento; "RGR" = taxa de crescimento relativo.

Tabela 29

Plantas transgênicas exógenas expressando os poli nucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem biomassa da planta melhorada (planta fresca e seca) sob condições padrões de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta fresca			Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta seca		
		Média	Valor-p	% aumento			Média	Valor-p	% aumento
CT1	4841,1	224,68	5,7E-03	44,54	CT11	4894,3	10,93	1,0E-01	57,88
CT1	4844,3	220,28	1,3E-01	41,71	CT11	4892,2	11,00	2,3E-02	58,84
Controle		155,44			CT11	4892,3	9,35	1,6E-01	35,02
CT11	4892,2	327,13	1,2E-02	41,78	CT11	4893,2	7,20	7,0E-01	3,97
CT11	4892,3	321,38	4,4E-02	39,29	CT11	4892,1	12,40	1,0E-01	79,06
Controle		230,73			Controle		6,93		
CT11	4893,2	293,83	1,8E-02	70,30	CT11	4894,2	6,70	5,8E-01	8,06
Controle		172,54			CT11	4893,2	12,73	5,8E-03	105,24
CT22	5023,1	249,48	1,3E-02	60,50	Controle		6,20		
Controle		155,44			CT27	5033,6	7,40	1,9E-01	79,39
CT27	5033,6	234,13	1,1E-01	148,18	CT27	5033,8	7,50	9,2E-02	81,82
CT27	5033,8	192,50	8,4E-03	104,05	CT27	5033,5	5,55	1,9E-01	34,55
CT27	5033,5	143,73	3,1E-01	52,35	Controle		4,13		
Controle		94,34			CT27	5033,7	8,23	1,5E-01	32,66
CT27	5033,7	224,58	1,2E-01	30,16	CT27	5035,2	13,10	2,1E-04	111,29
CT27	5035,2	343,65	2,2E-02	99,17	CT27	5031,4	9,28	8,2E-03	49,60
CT27	5031,4	255,88	3,0E-03	48,30	CT27	5033,6	8,15	2,7E-01	31,45
Controle		172,54			CT27	5033,4	7,95	4,7E-02	28,23
CT76	5041,7	292,55	5,6E-02	26,80	CT27	5033,8	8,90	2,5E-02	43,55
CT76	5043,5	415,05	1,4E-03	79,89	CT27	5033,5	7,63	2,1E-01	22,98
Controle		230,73			Controle		6,20		
CT76	5044,6	239,08	2,1E-03	153,43	CT6	4943,1	7,83	3,2E-01	26,21
CT76	5041,5	209,10	1,6E-03	121,65	CT6	4945,9	7,63	1,8E-01	22,98
CT76	5043,5	272,60	2,7E-02	188,96	CT6	4941,4	9,28	2,9E-02	49,60
CT76	5041,6	124,75	3,9E-02	32,24	Controle		6,20		
CT76	5041,9	245,20	7,1E-02	159,92	CT75	4874,4	9,35	1,2E-02	50,81
Controle		94,34			Controle		6,20		
CT81	4992,1	381,73	3,3E-04	65,45	CT76	5044,6	9,40	1,6E-01	35,74
CT81	4992,2	305,85	2,8E-01	32,56	CT76	5043,5	17,23	7,8E-06	148,74
Controle		230,73			CT76	5041,6	10,03	9,7E-02	44,89
NUE209	8192,14	217,23	3,8E-02	86,30	Controle		6,93		
Controle		116,60			CT76	5044,6	7,43	5,8E-02	80,00
NUE210	8202,1	279,53	1,1E-01	139,73	CT76	5041,5	9,70	1,0E-04	135,15
NUE210	8201,3	250,90	4,8E-02	115,18	CT76	5041,7	5,03	4,5E-01	21,82
Controle		116,60			CT76	5043,5	10,88	1,3E-02	163,64
NUE211	8263,5	162,35	5,0E-02	31,43	CT76	5041,9	8,95	1,1E-02	116,97
Controle		123,53			Controle		4,13		

Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta fresca			Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta seca		
		Média	Valor-p	% aumento			Média	Valor-p	% aumento
NUE212	8332,1	253,75	1,0E-01	105,42	CT81	4992,1	11,20	4,1E-02	61,73
NUE212	8335,2	169,28	4,9E-02	37,03	CT81	4993,5	8,60	3,6E-01	24,19
Controle		123,53			CT81	4992,2	8,63	3,4E-01	24,55
NUE212	8335,2	221,83	2,0E-02	90,24	CT81	4995,5	7,90	3,8E-01	14,08
NUE212	8331,4	163,88	2,7E-01	40,54	Controle		6,93		
Controle		116,60			NUE206	6732,9	13,68	7,9E-03	43,38
NUE212	8332,1	116,43	1,8E-01	29,34	NUE206	6731,2	14,13	4,3E-01	48,19
NUE212	8334,1	128,33	8,1E-02	42,56	NUE206	6732,5	12,98	1,8E-02	36,04
NUE212	8331,4	143,63	3,0E-02	59,56	NUE206	6732,2	10,98	3,6E-01	15,07
Controle		90,01			Controle		9,54		
NUE221	9802,8	149,35	3,9E-03	58,7	NUE208	8354,8	8,20	2,7E-02	78,75
NUE221	9806,1	209,18	1,7E-08	122,3	NUE208	8355,3	5,78	3,3E-01	25,89
Controle		94,09			Controle		4,59		
NUE222	8851,3	240,70	6,1E-02	106,43	NUE208	8354,8	6,15	3,1E-02	14,42
NUE222	8852,4	138,15	3,1E-01	18,48	Controle		5,38		
Controle		116,60			NUE208	8354,8	16,45	1,9E-03	72,48
NUE224	9002,4	279,08	6,1E-02	32,66	NUE208	8354,5	15,58	2,4E-03	63,30
Controle		210,36			NUE208	8355,3	12,40	9,6E-02	30,01
NUE224	9002,4	159,13	2,6E-01	14,58	Controle		9,54		
NUE224	9002,2	268,95	3,8E-03	93,66	NUE209	8192,1	7,73	1,5E-01	68,39
NUE224	9001,3	181,65	3,2E-02	30,80	NUE209	8191,5	7,13	7,1E-02	55,31
Controle		138,88			Controle		4,59		
NUE225	9732,8	117,00	2,2E-01	24,4	NUE209	8191,5	10,83	6,2E-01	162,42
Controle		94,09			NUE209	8191,3	15,40	6,3E-03	
NUE227	9853,1	197,68	9,4E-02	55,51	Controle		9,54		
Controle		127,11			NUE210	8202,1	10,95	1,0E-02	138,69
NUE229	8862,2	75,00	1,2E-02	26,32	NUE210	8201,3	8,98	5,5E-02	95,64
NUE229	8862,5	74,03	1,3E-01	24,67	Controle		4,59		
NUE229	8864,2	84,93	3,9E-02	43,03	NUE210	8202,1	4,28	2,4E-02	41,91
Controle		59,38			NUE210	8751,4	4,33	1,1E-01	43,57
NUE230	9154,2	171,38	4,4E-01	23,40	NUE210	6755,3	3,85	2,4E-01	27,80
NUE230	9151,2	203,78	3,1E-02	46,73	NUE210	8201,2	3,93	2,1E-01	30,29
Controle		138,88			Controle		3,01		
NUE231	10633,3	199,70	1,6E-07	112,2	NUE211	8265,1	7,38	8,8E-02	60,76
Controle		94,09			Controle		4,59		
NUE233	10174,3	139,08	9,0E-02	44,46	NUE212	8335,2	9,53	7,3E-02	107,63
NUE233	10174,1	190,05	5,5E-04	97,40	Controle		4,59		
NUE233	10173,7	143,98	3,5E-03	49,55	NUE212	8334,1	4,20	7,4E-02	39,42
Controle		96,28			NUE212	8331,4	5,08	5,7E-02	68,46
NUE235	9694,2	171,15	1,0E-01	23,24	Controle		3,01		
NUE235	9691,1	172,20	7,8E-02	24,00	NUE221	9802,8	7,50	2,5E-03	56,3
NUE235	9693,3	194,48	5,4E-02	40,04	NUE221	9806,1	9,08	3,5E-06	89,1
Controle		138,88			Controle		4,80		
NUE237	9651,1	293,05	3,8E-02	111,02	NUE222	8851,3	11,60	4,2E-02	152,86
NUE237	9652,3	167,10	1,1E-01	20,32	Controle		4,59		
NUE237	9654,4	195,80	1,4E-01	40,99	NUE224	9002,2	10,13	5,4E-02	83,67
Controle		138,88			NUE224	9001,3	7,03	1,1E-01	27,44
NUE237	9651,1	191,70	1,8E-02	26,32	Controle		5,51		
Controle		151,76			NUE227	9851,2	5,88	1,4E-01	24,34
NUE239	9192,1	245,53	3,6E-02	56,82	NUE227	9853,1	8,88	4,0E-02	87,83
Controle		156,56			Controle		4,73		
NUE240	9172,1	212,68	7,3E-02	35,84	NUE228	10092	7,90	2,0E-01	45,29
NUE240	9174,3	255,50	2,6E-01		NUE228	10093	7,98	8,6E-02	46,67
Controle		156,56			NUE228	10093	6,68	5,3E-03	22,76
NUE241	9631,3	166,03	6,6E-02	30,61	Controle		5,44		

Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta fresca			Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta seca		
		Média	Valor-p	% aumento			Média	Valor-p	% aumento
NUE241	9632,5	185,58	1,4E-02	45,99	NUE229	8862,2	3,90	4,1E-02	30,54
NUE241	9632,4	219,43	8,4E-03	72,62	NUE229	8862,5	3,80	2,7E-01	27,20
Controle		127,11			NUE229	8864,2	4,45	2,9E-02	48,95
NUE242	9212,1	140,78	3,9E-02	59,41	Controle		2,99		
NUE242	9214,1	129,18	1,5E-01	46,27	NUE230	9154,2	7,38	1,0E-01	33,79
NUE242	9213,2	101,43	3,7E-01	14,85	NUE230	9151,2	7,48	5,8E-02	35,60
NUE242	9213,4	146,30	3,0E-02	65,66	Controle		5,51		
Controle		88,31			NUE231	10632,2	5,53	4,1E-01	15,1
NUE244	9061,1	164,20	8,9E-04	45,23	NUE231	10633,3	11,43	2,0E-11	138,0
NUE244	9061,5	143,40	4,8E-01	26,83	Controle		4,80		
Controle		113,06			NUE233	10174	6,13	1,2E-02	58,58
NUE246	9033,6	273,05	8,9E-03	43,57	NUE233	10174	8,63	2,1E-04	123,30
NUE246	9033,4	241,48	4,8E-01	26,97	NUE233	10174	5,10	8,2E-02	32,04
NUE246	9034,1	224,08	2,5E-01	17,82	Controle		3,86		
NUE246	9031,1	232,65	3,3E-01	22,33	NUE234	9163,5	4,28	8,7E-02	43,10
Controle		190,19			NUE234	9162,1	4,60	1,3E-01	53,97
NUE246	9034,1	160,45	1,8E-02	41,91	Controle		2,99		
Controle		113,06			NUE235	9694,2	7,35	2,2E-01	33,33
NUE246	9033,4	185,78	4,3E-01	16,45	NUE235	9691,1	7,90	1,4E-01	43,31
NUE246	9033,8	205,95	1,8E-01	29,09	NUE235	9693,3	6,98	6,2E-02	26,53
NUE246	9034,1	228,95	2,4E-03	43,51	Controle		5,51		
Controle		159,54			NUE237	9651,1	10,20	2,9E-02	85,03
NUE248	8982,4	275,80	2,2E-02	45,01	NUE237	9652,3	6,68	6,3E-02	21,09
NUE248	8981,5	343,28	1,1E-02	80,49	NUE237	9654,4	8,25	1,1E-02	49,66
NUE248	8984,1	294,45	1,5E-01	54,82	Controle		5,51		
NUE248	8981,2	245,25	1,1E-01	28,95	NUE237	9651,1	6,98	4,0E-02	26,53
Controle		190,19			Controle		5,51		
NUE248	8982,4	118,75	1,6E-01	37,56	NUE239	9191,2	8,80	7,6E-02	19,32
NUE248	8984,1	124,38	2,5E-02	44,08	Controle		7,38		
NUE248	8981,5	140,05	4,8E-02	62,24	NUE241	9631,3	6,43	8,5E-02	35,98
NUE248	8983,1	114,05	3,2E-01	32,12	NUE241	9632,5	8,33	2,8E-04	76,19
Controle		86,33			NUE241	9632,3	6,55	1,6E-02	38,62
NUE249	9122,5	145,73	4,6E-02	68,82	NUE241	9632,4	8,03	1,0E-04	70,02
NUE249	9121,4	112,83	3,6E-01	30,71	Controle		4,73		
NUE249	9123,3	107,98	2,1E-01	25,08	NUE244	9061,1	5,65	6,3E-02	34,52
Controle		86,33			NUE244	9061,5	5,88	6,7E-02	39,88
NUE250	9133,2	182,70	4,3E-02	31,56	Controle		4,20		
NUE250	9134,1	216,85	2,5E-02	56,15	NUE246	9033,6	8,98	2,9E-02	28,90
Controle		138,88			NUE246	9033,4	8,28	3,1E-01	18,85
NUE251	10181,3	143,00	4,0E-02	48,53	Controle		6,96		
NUE251	10183,2	146,38	2,4E-02	52,04	NUE246	9034,1	5,60	7,3E-02	33,33
NUE251	10183,1	128,05	3,6E-01	33,00	Controle		4,20		
Controle		96,28			NUE246	9033,4	6,28	1,7E-01	18,40
NUE254	8972,2	173,28	8,8E-02	100,72	NUE246	9033,8	8,63	5,2E-04	62,74
NUE254	8974,1	130,38	4,1E-02	51,03	NUE246	9034,1	8,35	2,5E-04	57,55
Controle		86,33			Controle		5,30		
NUE256	10063,4	132,65	1,4E-02	37,78	NUE248	8982,4	9,88	2,2E-02	41,83
NUE256	10064,1	212,63	1,5E-04	120,85	NUE248	8981,5	11,78	1,3E-01	69,12
NUE256	10061,2	151,98	1,2E-01	57,86	NUE248	8984,1	10,25	1,4E-01	47,22
NUE256	10062,4	152,75	1,5E-01	58,66	NUE248	8981,2	7,55	6,5E-01	8,44
NUE256	10063,2	162,50	2,1E-01	68,79	Controle		6,96		
Controle		96,28			NUE248	8984,1	7,15	1,2E-01	43,00
NUE267	8962,1	185,23	1,6E-02	63,83	NUE248	8981,5	8,65	1,9E-02	73,00
Controle		113,06			Controle		5,00		
NUE268	8994,5	228,80	8,7E-02	64,46	NUE250	9134,3	8,48	1,3E-02	49,67

Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta fresca			Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta seca		
		Média	Valor-p	% aumento			Média	Valor-p	% aumento
NUE268	8992,1	204,08	2,2E-01	46,69	Controle		5,66		
NUE268	8996,5	146,34	7,6E-02	5,19	NUE250	9132,1	11,18	1,5E-01	102,72
Controle		139,13			NUE250	9133,2	7,88	2,6E-02	42,86
NUE269	9101,1	95,83	1,4E-02	79,28	NUE250	9132,2	8,55	3,2E-02	55,10
NUE269	9102,2	89,05	7,7E-05	66,60	NUE250	9134,1	8,88	4,5E-02	61,00
NUE269	9102,3	117,90	6,5E-02	120,58	Controle		5,51		
NUE269	9103,1	83,60	7,0E-02	56,41	NUE250	9134,1	3,53	1,8E-01	17,99
NUE269	9103,3	82,45	1,6E-02	54,26	NUE250	9131,2	4,38	7,2E-02	46,44
Controle		53,45			Controle		2,99		
NUE512	9284,2	94,55	9,0E-02	20,60	NUE251	10181	5,98	4,9E-02	54,69
NUE512	9284,3	92,98	4,2E-01	18,59	NUE251	10183	6,63	3,6E-03	71,52
NUE512	9283,1	91,30	8,6E-02	16,45	Controle		3,86		
NUE512	9282,3	92,85	5,7E-02	18,43	NUE254	8972,2	6,43	2,1E-02	52,98
NUE512	9281,3	105,50	2,1E-01	34,57	Controle		4,20		
Controle		78,40			NUE254	8972,2	9,28	3,3E-02	85,50
NUE514	9404,1	158,73	3,8E-02	79,73	Controle		5,00		
Controle		88,31			NUE256	10063	6,10	1,7E-03	57,93
NUE515	9712,5	104,98	5,6E-01	11,6	NUE256	10064	9,55	2,9E-07	147,25
NUE515	9713,6	185,55	4,0E-06	97,2	NUE256	10061	6,30	5,2E-02	63,11
Controle		94,09			NUE256	10062	7,65	1,1E-01	98,06
NUE516	9291,1	230,00	8,3E-02	65,62	NUE256	10063	6,33	4,9E-03	63,75
NUE516	9291,4	227,13	5,7E-02	63,55	Controle		3,86		
Controle		138,88			NUE267	8962,1	6,43	5,0E-03	52,98
NUE520	9771,4	137,73	5,8E-02	43,05	Controle		4,20		
NUE520	9771,7	160,25	3,5E-03	66,45	NUE268	8994,5	7,18	8,4E-02	59,44
NUE520	9771,2	158,98	1,3E-02	65,13	NUE268	8996,3	6,85	1,9E-02	52,22
NUE520	9771,3	148,40	6,5E-02	54,14	NUE268	8996,5	7,00	2,8E-03	55,56
Controle		96,28			Controle		4,50		
NUE521	9361,2	167,53	7,3E-05	89,70	NUE512	9284,2	4,20	1,6E-02	46,72
NUE521	9363,4	180,95	7,6E-03	104,90	NUE512	9284,3	3,58	1,7E-01	24,89
Controle		88,31			NUE512	9283,1	4,35	1,8E-02	51,97
NUE523	9412,1	271,35	1,0E-01	42,67	NUE512	9282,3	4,18	2,6E-02	45,85
Controle		190,19			NUE512	9281,3	4,93	1,9E-02	72,05
NUE523	9413,3	184,25	7,3E-02	28,51	Controle		2,86		
NUE523	9413,4	180,55	2,2E-01	25,93	NUE512	9284,2	6,00	2,3E-03	53,35
Controle		143,37			Controle		3,91		
NUE527	9202,6	152,18	6,1E-01	9,38	NUE514	9404,1	7,90	6,3E-02	61,64
NUE527	9203,2	249,95	7,5E-02	79,66	Controle		4,89		
NUE527	9201,2	273,53	4,2E-04	96,60	NUE515	9713,6	8,38	1,0E-04	74,5
Controle		139,13			Controle		4,80		
NUE527	9204,2	101,70	1,3E-02	90,27	NUE519	9371,1	12,15	1,4E-01	64,75
NUE527	9202,6	82,40	3,4E-02	54,16	NUE519	9371,2	14,15	3,5E-01	91,86
NUE527	9201,1	120,30	3,6E-03	125,07	NUE519	9373,1	9,20	2,4E-01	24,75
NUE527	9203,2	84,63	2,6E-03	58,33	Controle		7,38		
NUE527	9204,1	68,55	1,2E-01	28,25	NUE520	9771,4	5,73	1,5E-01	48,22
Controle		53,45			NUE520	9771,7	6,60	5,4E-02	70,87
NUE532	9222,4	210,65	3,5E-01	51,41	NUE520	9771,2	8,05	7,6E-03	108,41
NUE532	9222,1	168,45	8,4E-02	21,08	NUE520	9771,3	5,73	2,9E-02	48,22
NUE532	9223,5	210,15	7,6E-02	51,05	Controle		3,86		
Controle		139,13			NUE523	9412,1	9,03	6,0E-02	29,62
NUE535	9081,1	117,15	3,0E-01	21,68	Controle		6,96		
NUE535	9083,1	235,35	7,7E-02	144,46	NUE527	9201,2	8,78	7,7E-02	95,00
NUE535	9084,4	128,88	5,4E-02	33,86	Controle		4,50		
NUE535	9082,1	114,83	3,1E-01	19,27	NUE531	10083	7,05	1,2E-01	29,66
Controle		96,28			NUE531	10082	8,90	7,5E-02	63,68

Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta fresca			Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta seca		
		Média	Valor-p	% aumento			Média	Valor-p	% aumento
NUE535	9082,2	85,55	5,9E-03	60,06	NUE531	10081	8,60	2,4E-01	58,16
NUE535	9086,2	120,63	1,3E-02	125,68	NUE531	10082	9,43	1,6E-02	73,33
NUE535	9086,3	86,67	1,2E-01	62,15	Controle		5,44		
NUE535	9081,1	90,65	4,3E-03	69,60	NUE531	10081	8,48	4,2E-02	32,13
NUE535	9084,4	69,83	2,2E-02	30,64	NUE531	10082	8,95	1,2E-01	39,53
Controle		53,45			Controle		6,41		
NUE537	9393,3	207,43	6,7E-02	30,28	NUE532	9222,4	8,28	1,4E-01	83,89
Controle		159,21			NUE532	9222,1	6,53	8,4E-02	45,00
NUE538	9782,1	203,68	4,0E-02	60,23	NUE532	9223,3	6,08	7,5E-02	35,00
Controle		127,11			NUE532	9223,5	6,70	1,8E-01	48,89
NUE539	10101,5	146,60	3,7E-03	52,27	Controle		4,50		
NUE539	10103,5	126,33	7,8E-02	31,21	NUE535	9083,1	10,90	5,6E-02	182,20
NUE539	10101,2	190,80	5,0E-03	98,18	Controle		3,86		
NUE539	10101,7	173,78	2,0E-04	80,50	NUE537	9391,1	6,48	9,9E-02	65,50
Controle		96,28			NUE537	9393,3	5,53	2,9E-01	41,21
NUE542	9332,1	196,48	3,3E-02	41,48	Controle		3,91		
Controle		138,88			NUE538	9782,1	8,30	2,8E-05	75,66
NUE544	9763,3	169,78	8,8E-02	26,31	Controle		4,73		
Controle		134,41			NUE539	10102	6,83	1,4E-03	76,70
NUE549	9343,6	200,95	9,7E-02	32,41	NUE539	10101	9,15	2,0E-02	136,89
NUE549	9343,7	205,95	2,8E-01	35,71	NUE539	10102	7,80	1,6E-02	101,94
Controle		151,76			Controle		3,86		
NUE550	9144,4	128,13	5,6E-03	139,71	NUE543	10052	5,90	7,1E-02	24,87
NUE550	9141,3	116,60	5,0E-07	118,15	Controle		4,73		
NUE550	9143,1	124,23	1,9E-02	132,41	NUE544	9764,2	8,25	1,1E-01	53,49
NUE550	9143,4	98,70	5,2E-02	84,66	NUE544	9763,3	8,25	2,7E-02	53,49
Controle		53,45			Controle		5,38		
NUE550	9143,1	197,68	2,6E-01	42,08	NUE548	9095,2	7,50	7,6E-02	32,45
NUE550	9143,4	174,85	1,4E-01	25,68	NUE548	9095,4	8,18	1,7E-01	44,37
NUE550	9142,2	240,83	7,2E-05	73,10	NUE548	9091,1	7,68	2,1E-01	35,54
Controle		139,13			Controle		5,66		
NUE553	9181,5	76,85	1,9E-03	43,78	NUE548	9095,2	10,17	2,7E-02	71,23
NUE553	9185,2	74,85	2,4E-01	40,04	NUE548	9092,2	8,15	8,9E-02	37,26
NUE553	9184,3	61,65	5,6E-01	15,34	Controle		5,94		
NUE553	9182,2	72,28	1,3E-01	35,22	NUE549	9343,7	7,25	6,9E-02	31,52
Controle		53,45			Controle		5,51		
NUE554	9111,4	135,30	6,7E-02	153,13	NUE550	9141,3	5,80	3,0E-01	28,89
Controle		53,45			NUE550	9143,4	5,73	8,3E-03	27,22
NUE563	9453,2	270,58	1,2E-01	53,26	NUE550	9142,2	8,08	1,6E-02	79,44
NUE563	9452,3	207,35	4,2E-01	17,45	Controle		4,50		
NUE563	9451,2	273,50	4,7E-02	54,91	NUE554	9115,2	6,40	4,5E-02	42,22
Controle		176,55			Controle		4,50		
NUE564	9242,3	113,35	4,7E-02	44,58	NUE560	9424,3	8,85	1,7E-03	65,64
NUE564	9242,4	90,95	8,5E-02	16,01	NUE560	9422,1	6,88	4,7E-02	28,68
NUE564	9244,1	94,08	1,3E-02	19,99	Controle		5,34		
Controle		78,40			NUE562	9252,8	8,43	3,0E-02	57,69
NUE566	9512,4	257,28	1,4E-02	45,72	Controle		5,34		
Controle		176,55			NUE567	9261,3	4,10	6,3E-02	43,23
NUE567	9263,2	130,00	7,3E-03	65,82	Controle		2,86		
NUE567	9261,3	93,50	8,4E-02	19,26	NUE568	9471,3	7,63	1,8E-02	38,32
NUE567	9261,4	112,75	2,2E-02	43,81	Controle		5,51		
NUE567	9263,3	84,55	5,9E-01	7,84	NUE569	9381,2	4,40	1,7E-02	53,71
Controle		78,40			NUE569	9381,5	4,90	9,0E-02	71,18
NUE568	9471,3	230,43	4,1E-02	51,83	NUE569	9381,3	4,73	2,4E-03	65,07
NUE568	9461,2	186,87	2,5E-01	23,13	Controle		2,86		

Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta fresca			Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta seca		
		Média	Valor-p	% aumento			Média	Valor-p	% aumento
NUE568	9474,4	187,77	2,0E-01	23,72	NUE570	9311,4	3,63	1,4E-01	26,64
NUE568	9472,2	195,70	3,0E-01	28,95	NUE570	9313,3	4,33	4,3E-02	51,09
NUE568	9462,3	172,65	5,1E-01	13,76	NUE570	9314,4	4,78	8,5E-03	66,81
Controle		151,76			NUE570	9314,1	4,33	3,0E-02	51,09
NUE569	9384,4	90,90	2,1E-01	15,94	NUE570	9312,3	5,23	4,2E-04	82,53
NUE569	9381,2	124,28	7,9E-03	58,51	Controle		2,86		
NUE569	9381,5	130,40	4,3E-02	66,33	NUE571	9304,2	8,98	5,6E-02	67,98
NUE569	9381,3	99,18	1,7E-01	26,50	NUE571	9303,2	8,63	2,3E-03	61,43
NUE569	9384,2	99,08	9,4E-02	26,37	NUE571	9301,4	7,13	6,3E-02	33,36
Controle		78,40			Controle		5,34		
NUE570	9313,3	110,70	1,2E-01	41,20	NUE571	9304,3	6,50	2,4E-04	127,07
NUE570	9314,4	119,08	1,2E-02	51,88	NUE571	9304,2	6,05	2,8E-02	111,35
NUE570	9314,1	109,93	8,7E-03	40,21	NUE571	9303,2	4,98	4,2E-03	73,80
NUE570	9312,3	149,30	8,0E-03	90,43	NUE571	9301,4	4,13	4,1E-02	44,10
Controle		78,40			NUE571	9302,3	4,03	3,4E-02	40,61
NUE571	9304,2	212,53	1,1E-01	48,23	Controle		2,86		
NUE571	9303,2	240,93	3,8E-02	68,04	NUE572	9321,3	4,95	9,0E-02	72,93
NUE571	9302,1	177,58	4,0E-01	23,86	NUE572	9324,3	4,55	2,4E-02	58,95
NUE571	9301,4	209,80	1,0E-01	46,33	NUE572	9321,1	4,80	4,7E-03	67,69
NUE571	9302,3	199,13	2,6E-01	38,89	NUE572	9322,2	4,35	1,5E-02	51,97
Controle		143,37			Controle		2,86		
NUE571	9304,3	124,43	1,2E-02	58,71	NUE573	9491,4	7,28	1,8E-03	31,97
NUE571	9304,2	123,90	4,5E-02	58,04	Controle		5,51		
NUE571	9303,2	106,00	1,7E-02	35,20	NUE576	9793,3	8,03	7,1E-04	69,84
Controle		78,40			Controle		4,73		
NUE572	9322,1	124,90	3,5E-02	59,31	NUE581	9723,6	6,28	9,3E-02	30,7
NUE572	9324,3	115,85	2,7E-03	47,77	NUE581	9724,9	8,15	2,0E-04	69,8
NUE572	9321,1	101,00	3,1E-02	28,83	Controle		4,80		
NUE572	9322,2	98,05	1,1E-02	25,06	NUE582	9561,1	6,90	2,6E-01	25,17
Controle		78,40			NUE582	9562,4	7,88	3,3E-02	42,86
NUE573	9491,1	226,63	4,7E-02	49,33	NUE582	9561,2	8,95	3,0E-02	62,36
Controle		151,76			Controle		5,51		
NUE581	9723,6	125,85	9,7E-02	33,8	NUE583	9673,4	11,28	6,2E-02	75,78
NUE581	9724,5	99,23	7,8E-01	5,5	NUE583	9673,2	7,70	4,3E-01	20,04
NUE581	9724,9	165,35	2,0E-04	75,7	Controle		6,41		
Controle		94,09			NUE585	9661,1	6,95	7,5E-02	31,13
NUE582	9564,2	189,45	1,4E-01	36,42	Controle		5,30		
NUE582	9561,1	186,30	1,5E-01	34,15	NUE587	9643,2	10,20	3,2E-02	85,03
NUE582	9562,4	209,48	7,3E-02	50,84	NUE587	9641,3	8,23	1,8E-01	49,21
NUE582	9561,2	244,25	9,8E-02	75,88	Controle		5,51		
Controle		138,88			NUE592	9744,5	9,80	1,0E-07	104,2
NUE583	9673,4	222,13	4,7E-02	54,28	NUE592	9747,5	8,23	2,0E-04	71,4
Controle		143,97			Controle		4,80		
NUE585	9661,5	198,18	6,9E-02	24,22					
NUE585	9661,1	194,93	2,6E-01	22,18					
Controle		159,54							
NUE587	9643,2	242,53	4,2E-02	53,46					
NUE587	9643,1	221,50	1,9E-01	40,16					
NUE587	9642,5	169,73	7,0E-01	7,40					
NUE587	9642,2	192,08	4,1E-01	21,54					
NUE587	9641,3	268,95	3,5E-04	70,18					
Controle		158,04							
NUE592	9741,7	115,18	2,6E-01	22,4					
NUE592	9744,5	197,68	2,6E-07	110,1					
NUE592	9747,4	118,53	1,9E-01	26,0					

Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta fresca			Nome do Gene	Evento #	Peso da Planta seca		
		Média	Valor-p	% aumento			Média	Valor-p	% aumento
NUE592	9747,5	169,38	1,0E-04	80,0					
Controle		94,09							

[00320] Tabela 29: Análises da taxa de biomassa das plantas (planta fresca e seca) de plantas transgênicas sobre-expressando o poli nucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (utilizando genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob regulação de um promotor constitutivo (35S) quando o germinada sob condições limitadoras de nitrogênio [condições de baixo nitrogênio ou deficiência de nitrogênio (15 mM N)] como comparado às plantas de controle. "Aum." = Aumento; "RGR" = taxa de crescimento relativo.

Tabela 30

Plantas transgênicas exógenas expressando os poli nucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem biomassa da planta melhorada (área de folhagem) sob condições padrões de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Area da folhagem cm ²		
		Média	Valor-p	% aumento
CT11	4892,2	0,873	6,4E-03	72,49
CT11	4892,3	0,809	1,6E-03	59,89
CT11	4892,1	0,848	8,2E-02	67,56
Controle		0,506		
CT11	4894,2	0,474	8,2E-02	21,28
CT11	4893,2	0,763	2,7E-02	94,95
Controle		0,391		
CT27	5033,8	0,645	3,8E-02	81,02
CT27	5033,5	0,482	8,8E-02	35,52
Controle		0,356		
CT27	5033,7	0,495	6,9E-02	26,56
CT27	5035,2	0,751	1,2E-02	92,06
CT27	5031,4	0,582	1,3E-05	48,90
CT27	5033,6	0,602	1,6E-02	53,79
CT27	5033,4	0,575	1,3E-02	47,12
CT27	5033,8	0,528	6,0E-03	34,95
CT27	5033,5	0,446	5,8E-02	14,08
Controle		0,391		
CT6	4941,4	0,551	1,5E-04	40,90
Controle		0,391		
CT75	4872,5	0,506	1,0E-01	29,29
CT75	4874,4	0,529	3,1E-02	35,35
Controle		0,391		
CT76	5044,6	0,702	8,6E-03	38,82
CT76	5041,5	0,674	2,0E-01	33,22
CT76	5041,7	0,596	1,4E-01	17,83
CT76	5043,5	1,093	2,1E-05	116,09

Nome do Gene	Evento #	Area da folhagem cm ²		
		Média	Valor-p	% aumento
CT76	5041,6	0,779	4,9E-02	53,91
CT76	5041,9	0,749	4,0E-03	48,14
Controle		0,506		
CT76	5044,6	0,663	1,6E-02	86,32
CT76	5041,5	0,904	2,4E-03	153,77
CT76	5043,5	0,850	1,8E-03	138,87
CT76	5041,6	0,528	2,3E-02	48,40
CT76	5041,9	0,696	6,3E-03	95,60
Controle		0,356		
CT81	4992,1	0,804	7,1E-02	58,98
CT81	4992,2	0,778	3,4E-03	53,73
Controle		0,506		
NUE206	6732,5	0,707	3,6E-02	21,77
Controle		0,580		
NUE208	8354,8	0,765	1,1E-02	31,82
NUE208	8354,5	0,727	1,3E-01	25,27
NUE208	8355,3	0,763	5,7E-02	31,55
Controle		0,580		
NUE209	8192,14	0,458	2,2E-01	43,17
NUE209	8191,5	0,430	7,0E-02	34,44
Controle		0,320		
NUE210	8201,3	0,485	1,1E-02	51,70
Controle		0,320		
NUE210	8202,1	0,414	1,3E-02	30,69
NUE210	6755,3	0,474	5,8E-02	49,68
Controle		0,316		
NUE210	8201,2	0,275	1,5E-02	35,08
Controle		0,204		
NUE211	8265,1	0,253	7,2E-02	24,01
NUE211	8263,5	0,370	4,7E-04	81,74
Controle		0,204		
NUE212	8335,1	0,332	6,3E-02	62,71
NUE212	8334,1	0,277	5,9E-03	36,04
NUE212	8331,4	0,268	1,1E-01	31,45
Controle		0,204		
NUE212	8335,2	0,490	1,2E-02	53,10
Controle		0,320		
NUE212	8332,1	0,390	7,7E-03	23,33
NUE212	8334,1	0,420	2,1E-03	32,80
NUE212	8331,4	0,430	2,3E-03	35,83
Controle		0,316		
NUE221	9801,10	0,47	5,6E-01	8,7
NUE221	9802,8	0,59	1,0E-02	38,4
NUE221	9806,1	0,72	1,0E-05	68,8
Controle		0,43		
NUE224	9002,2	0,525	1,3E-02	19,12
NUE224	9001,3	0,542	9,6E-02	22,97
Controle		0,441		
NUE227	9851,2	0,531	1,9E-01	22,50
NUE227	9853,1	0,628	2,1E-02	44,84
NUE227	9852,3	0,550	6,8E-02	26,84
Controle		0,433		
NUE228	10092,2	0,691	2,5E-01	22,23
NUE228	10093,3	0,759	3,6E-02	34,30
NUE228	10093,1	0,646	1,7E-01	14,35
Controle		0,565		

Nome do Gene	Evento #	Area da folhagem cm ²		
		Média	Valor-p	% aumento
NUE229	8864,2	0,430	2,4E-02	21,48
Controle		0,354		
NUE230	9154,2	0,559	1,3E-01	26,94
NUE230	9151,2	0,519	8,3E-02	17,74
Controle		0,441		
NUE231	10631,3	0,46	5,9E-01	8,0
NUE231	10632,2	0,50	2,7E-01	16,3
NUE231	10633,3	0,74	3,9E-06	72,3
Controle		0,43		
NUE233	10174,3	0,512	7,7E-04	87,53
NUE233	10174,1	0,735	5,1E-06	169,13
NUE233	10173,7	0,398	2,9E-02	45,70
Controle		0,273		
NUE233	10174,1	0,820	1,2E-04	35,44
Controle		0,606		
NUE235	9694,2	0,516	1,0E-01	17,08
NUE235	9694,3	0,578	2,6E-02	31,06
Controle		0,441		
NUE237	9651,1	0,710	3,7E-03	61,05
NUE237	9654,4	0,566	1,9E-02	28,50
NUE237	9654,1	0,634	1,4E-01	43,87
Controle		0,441		
NUE241	9631,3	0,670	6,8E-04	54,67
NUE241	9632,5	0,626	1,2E-01	44,49
NUE241	9632,4	0,601	1,1E-03	38,64
Controle		0,433		
NUE242	9214,1	0,726	5,0E-02	18,36
Controle		0,613		
NUE242	9212,1	0,542	4,1E-02	42,31
NUE242	9213,4	0,518	1,3E-02	35,92
Controle		0,381		
NUE244	9061,5	0,473	4,8E-03	33,52
Controle		0,354		
NUE246	9033,8	0,740	3,2E-03	51,11
NUE246	9034,1	0,582	6,5E-02	18,92
NUE246	9031,1	0,572	6,9E-02	16,87
Controle		0,490		
NUE248	8981,5	0,803	7,2E-02	55,67
Controle		0,516		
NUE250	9132,1	0,744	8,5E-02	68,79
NUE250	9133,2	0,528	2,0E-02	19,79
NUE250	9132,2	0,517	1,8E-01	17,26
NUE250	9134,1	0,525	1,8E-01	19,17
Controle		0,441		
NUE250	9134,1	0,444	4,1E-03	25,38
Controle		0,354		
NUE251	10181,3	0,599	1,1E-02	119,32
NUE251	10183,2	0,467	2,4E-02	71,22
NUE251	10183,1	0,408	2,7E-02	49,61
NUE251	10181,1	0,397	7,3E-03	45,35
Controle		0,273		
NUE251	10181,3	0,600	6,2E-02	22,85
Controle		0,488		
NUE251	10183,2	0,713	2,9E-02	17,75
Controle		0,606		
NUE256	10063,4	0,479	4,6E-03	75,40

Nome do Gene	Evento #	Area da folhagem cm ²		
		Média	Valor-p	% aumento
NUE256	10064,1	0,707	1,5E-04	159,05
NUE256	10061,2	0,601	9,0E-06	120,20
NUE256	10062,4	0,588	1,2E-03	115,54
NUE256	10063,2	0,507	3,2E-03	85,58
Controle		0,273		
NUE268	8996,5	0,730	6,1E-02	39,46
Controle		0,523		
NUE269	9103,3	0,448	8,1E-02	23,13
Controle		0,364		
NUE512	9284,2	0,531	4,8E-02	45,85
NUE512	9282,3	0,748	1,2E-04	105,28
NUE512	9284,4	0,442	5,3E-02	21,37
Controle		0,364		
NUE514	9404,1	0,796	1,2E-04	108,76
NUE514	9402,2	0,449	2,1E-01	17,88
NUE514	9403,2	0,452	2,3E-01	18,65
Controle		0,381		
NUE515	9712,6	0,49	3,5E-01	14,0
NUE515	9713,6	0,66	5,0E-04	53,4
Controle		0,43		
NUE516	9291,1	0,516	2,0E-01	16,98
NUE516	9291,4	0,639	6,0E-04	45,10
Controle		0,441		
NUE520	9771,4	0,465	1,6E-02	70,36
NUE520	9771,7	0,482	1,4E-02	76,62
NUE520	9771,2	0,415	2,7E-03	51,98
NUE520	9771,3	0,360	1,5E-02	32,02
Controle		0,273		
NUE521	9363,4	0,716	4,6E-03	75,12
Controle		0,409		
NUE521	9361,2	0,525	4,8E-02	37,71
NUE521	9363,4	0,582	2,5E-02	52,79
Controle		0,381		
NUE523	9412,1	0,752	2,0E-02	45,74
Controle		0,516		
NUE523	9412,5	0,526	5,2E-02	38,12
NUE523	9414,2	0,487	3,3E-02	27,79
Controle		0,381		
NUE531	10083,1	0,809	7,9E-03	43,12
NUE531	10082,2	0,705	3,0E-01	24,67
NUE531	10081,4	0,900	1,5E-02	59,14
NUE531	10081,5	0,866	3,8E-02	53,10
Controle		0,565		
NUE531	10081,4	0,789	7,0E-02	30,24
NUE531	10081,5	0,816	2,0E-02	34,70
Controle		0,606		
NUE535	9084,2	0,430	1,9E-02	57,65
NUE535	9083,1	0,822	4,7E-03	201,24
NUE535	9084,4	0,436	1,4E-03	59,81
NUE535	9082,1	0,381	1,6E-01	39,64
Controle		0,273		
NUE537	9391,1	0,526	8,2E-02	44,39
NUE537	9393,2	0,459	7,1E-02	26,03
NUE537	9394,4	0,471	3,3E-02	29,36
NUE537	9391,2	0,575	1,1E-02	57,79
NUE537	9393,3	0,733	5,0E-03	101,21

Nome do Gene	Evento #	Area da folhagem cm ²		
		Média	Valor-p	% aumento
Controle		0,364		
NUE539	10101,5	0,510	3,6E-02	86,79
NUE539	10103,5	0,432	1,6E-02	58,38
NUE539	10101,2	0,638	3,5E-04	133,70
NUE539	10101,7	0,641	6,5E-03	134,76
Controle		0,273		
NUE542	9333,2	0,535	4,4E-04	46,83
NUE542	9331,3	0,455	7,7E-02	24,84
NUE542	9332,1	0,411	2,9E-01	12,88
Controle		0,364		
NUE543	10052,3	0,556	2,0E-01	28,45
NUE543	10051,6	0,530	2,6E-02	22,32
Controle		0,433		
NUE543	10051,2	0,759	7,7E-02	34,20
NUE543	10051,6	0,682	1,0E-01	20,71
Controle		0,565		
NUE544	9763,3	0,596	1,8E-03	36,70
Controle		0,436		
NUE548	9091,1	0,783	1,2E-02	27,78
Controle		0,613		
NUE550	9144,3	0,436	4,0E-02	19,74
Controle		0,364		
NUE550	9143,1	0,558	1,4E-02	35,96
Controle		0,410		
NUE550	9141,3	0,622	2,0E-01	18,74
NUE550	9142,2	0,664	5,7E-03	26,77
Controle		0,523		
NUE551	9351,1	0,566	7,6E-02	15,59
Controle		0,490		
NUE560	9424,3	0,537	8,5E-02	31,22
NUE560	9422,1	0,581	2,0E-04	41,90
Controle		0,409		
NUE564	9244,1	0,520	7,9E-02	22,64
Controle		0,424		
NUE564	9242,3	0,415	5,6E-02	13,97
NUE564	9243,2	0,469	7,6E-02	28,83
NUE564	9242,2	0,585	4,5E-04	60,72
Controle		0,364		
NUE567	9263,2	0,510	2,5E-02	40,15
NUE567	9261,3	0,415	3,4E-01	13,94
NUE567	9261,2	0,400	6,0E-01	9,89
NUE567	9263,3	0,453	3,9E-01	24,33
Controle		0,364		
NUE568	9471,3	0,613	4,5E-04	60,34
NUE568	9472,2	0,689	3,5E-03	80,16
Controle		0,382		
NUE569	9381,2	0,576	1,6E-02	35,83
NUE569	9381,3	0,507	1,7E-01	19,49
Controle		0,424		
NUE571	9304,2	0,752	4,6E-03	83,90
NUE571	9301,1	0,623	1,4E-01	52,23
NUE571	9303,2	0,545	6,6E-04	33,32
NUE571	9302,1	0,574	1,3E-04	40,39
NUE571	9302,3	0,524	9,1E-02	28,11
Controle		0,409		
NUE571	9301,4	0,492	6,1E-02	16,00

Nome do Gene	Evento #	Area da folhagem cm ²		
		Média	Valor-p	% aumento
Controle		0,424		
NUE573	9491,1	0,511	1,5E-02	33,50
NUE573	9491,4	0,539	2,3E-01	40,86
Controle		0,382		
NUE576	9794,1	0,503	1,2E-01	16,10
NUE576	9793,3	0,641	9,9E-03	48,00
Controle		0,433		
NUE578	9524,3	0,551	3,2E-04	43,94
NUE578	9524,1	0,477	2,2E-01	24,73
Controle		0,382		
NUE579	9701,3	0,481	8,3E-02	18,67
Controle		0,406		
NUE580	9554,4	0,483	2,0E-02	26,39
Controle		0,382		
NUE581	9723,6	0,53	1,3E-01	22,7
NUE581	9724,9	0,74	2,9E-06	73,4
Controle		0,43		
NUE582	9562,4	0,567	2,6E-02	28,69
NUE582	9561,2	0,649	3,4E-02	47,37
Controle		0,441		
NUE583	9673,4	1,065	4,9E-03	75,90
NUE583	9673,2	0,773	8,5E-02	27,63
Controle		0,606		
NUE586	9751,6	0,551	3,4E-02	26,32
NUE586	9751,7	0,628	2,7E-02	44,06
NUE586	9752,4	0,479	8,0E-02	9,73
NUE586	9752,1	0,609	2,0E-02	39,56
Controle		0,436		
NUE587	9643,2	0,780	4,2E-03	92,27
NUE587	9641,3	0,503	1,9E-01	23,98
Controle		0,406		
NUE592	9744,5	0,89	1,0E-10	106,7
NUE592	9747,5	0,59	1,0E-02	38,7
Controle		0,43		

[00321] Tabela 30: Análises da taxa de biomassa das plantas (área de folhagem) de plantas transgênicas sobre-expressando o poli nucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (utilizando genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob regulação de um promotor constitutivo (35S) quando o germinada sob condições limitadoras de nitrogênio [condições de baixo nitrogênio ou deficiência de nitrogênio (15 mM N)] como comparado às plantas de controle. "Aum." = Aumento; "RGR" = taxa de crescimento relativo.

[00322] Os genes apresentados na Tabela 31, abaixo, tem NUE da planta melhorado uma vez que elas produziram biomassa da raiz maiores quando germinadas sob condições padrões de germinação de nitrogênio,

comparadas às plantas de controle. Plantas produzindo biomassa de raiz maiores tem melhores possibilidades de absorver quantidades maiores de nitrogênio do solo.

[00323] A Tabela 31 representa análises de desempenho da raiz (comprimento e cobertura da raiz) quando germinadas sob condições padrões de nitrogênio [condições de germinação normal ou regular (15 mM N)] em plantas sobre-expressando os poli nucleotídeos de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi realizada pelo teste de desempenho de diversos eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecido e os resultados obtidos foram repetidos. Eventos com valor $p < 0.1$ foram considerados estatisticamente significativos.

Tabela 31

Plantas transgênicas expressando exogenamente polinucleotídeos de algumas modalidades da invenção apresentam melhor desempenho da raiz (comprimento de raízes e cobertura) em condições de nitrogênio padrão

Nome do Gene	Evento #	Comprimento da Raiz [cm]			Cobertura da Raiz [cm ²]		
		Média	Valor p	%aumento	Média	Valor p	% aumento
CT27	5033,6	3,341	1,8E-01	18,64	2,879	1,5E-01	31,17
CT27	5033,4	3,362	1,6E-02	19,36	2,461	5,3E-01	12,11
Controle		2,817			2,195		
CT75	4873,4	4,223	8,1E-02	13,74	3,136	8,5E-01	2,38
CT75	4873,3	5,290	9,1E-03	42,48	4,560	7,9E-02	48,88
Controle		3,713			3,063		
CT76	5043,5	4,908	7,0E-02	23,17	7,927	1,5E-02	101,19
CT76	5041,6	4,286	4,2E-01	7,57	5,216	3,7E-01	32,41
CT76	5041,9	4,051	7,2E-01	1,67	4,809	3,9E-02	22,05
Controle		3,984			3,940		
CT76	5041,5	4,273	5,4E-04	51,72	5,377	2,8E-03	144,94
CT76	5043,5	2,837	9,1E-01	0,73	3,200	5,7E-03	45,76
Controle		2,817			2,195		
NUE206	6731,2	3,619	6,8E-02	28,05	3,376	3,5E-02	60,66
NUE206	6732,7	3,311	6,7E-02	17,14	2,577	1,3E-01	22,63
NUE206	6732,5	3,516	3,1E-02	24,42	2,894	1,3E-01	37,69
NUE206	6732,1	3,347	2,0E-02	18,43	2,575	1,2E-01	22,53
Controle		2,826			2,102		
NUE206	6731,2	4,088	4,8E-02	36,80	5,469	3,2E-02	109,44
NUE206	6732,5	4,106	1,2E-03	37,41	5,064	5,2E-03	93,92
NUE206	6732,15	3,669	9,1E-02	22,78	4,031	2,4E-02	54,36
Controle		2,988			2,611		
NUE208	8351,3	3,930	2,9E-03	39,05	3,339	8,4E-03	58,86
NUE208	8354,4	3,385	1,8E-01	19,76	2,828	1,3E-02	34,57

Nome do Gene	Evento #	Comprimento da Raiz [cm]			Cobertura da Raiz_ [cm ²]		
		Média	Valor p	%aumento	Média	Valor p	% aumento
Controle		2,826			2,102		
NUE208	8355,3	3,393	6,0E-01	8,41	3,528	8,5E-02	48,07
Controle		3,130			2,382		
NUE208	8355,3	3,600	6,6E-02	20,47	3,969	8,6E-02	51,99
Controle		2,988			2,611		
NUE212	8332,2	4,896	6,1E-02	14,16	5,444	2,0E-02	27,45
Controle		4,289			4,272		
NUE221	9802,8				3,72	4,9E-01	12,1
Controle					3,32		
NUE223	9613,1	4,376	9,8E-02	18,05	5,480	4,0E-02	36,61
NUE223	9612,3	4,426	8,7E-02	19,41	5,228	4,5E-02	30,32
Controle		3,707			4,012		
NUE230	9152,4	4,034	9,1E-03	17,77	3,441	1,1E-01	40,34
Controle		3,425			2,452		
NUE231	10631,3				4,45	5,3E-02	34,2
NUE231	10632,2	4,31	7,8E-03	14,7	4,64	2,3E-02	40,0
NUE231	10633,3	4,84	7,0E-04	28,9	6,30	1,2E-06	90,1
Controle		3,76			3,32		
NUE233	10174,3	3,326	1,2E-01	16,40	2,879	3,3E-02	45,78
NUE233	10174,1	4,581	3,9E-04	60,32	5,392	3,2E-04	173,01
NUE233	10173,5	4,414	4,8E-04	54,47	2,865	1,1E-02	45,06
NUE233	10172,5	3,581	3,5E-02	25,30	2,957	4,8E-03	49,73
NUE233	10173,7	3,100	4,5E-01	8,48	2,613	1,9E-01	32,30
Controle		2,858			1,975		
NUE233	10174,1	4,375	1,3E-02	30,08	3,884	1,6E-01	18,86
NUE233	10173,5	4,755	7,1E-04	41,36	4,746	2,3E-02	45,25
Controle		3,363			3,268		
NUE233	10174,1	4,357	5,8E-04	21,63	4,698	6,0E-03	39,12
Controle		3,582			3,377		
NUE237	9654,4	3,928	8,6E-01	-1,32	4,729	1,0E-02	21,38
NUE237	9654,1	4,951	4,0E-02	24,37	6,035	7,3E-02	54,90
Controle		3,981			3,896		
NUE237	9654,1	3,831	1,8E-01	11,85	4,235	2,3E-02	49,30
Controle		3,425			2,837		
NUE239	9191,2	4,379	2,1E-02	27,86	5,300	3,4E-02	86,84
Controle		3,707			4,012		
NUE241	9631,3	4,010	4,1E-01	5,60	3,785	1,4E-01	23,13
NUE241	9632,5	5,084	4,2E-04	33,88	6,207	2,3E-03	101,95
NUE241	9632,3	4,507	1,7E-01	18,69	4,237	2,3E-01	37,86
Controle		3,797			3,074		
NUE242	9213,4	4,696	5,9E-02	20,84	5,038	1,3E-01	28,12
Controle		3,886			3,933		
NUE246	9033,8	4,534	1,2E-01	14,09	5,522	6,1E-02	50,92
Controle		3,974			3,659		
NUE251	10181,3	3,824	2,7E-02	33,82	3,356	9,5E-03	69,93
NUE251	10183,2	3,635	3,7E-02	27,20	3,158	3,6E-02	59,92
NUE251	10183,1	3,726	6,2E-02	30,37	3,075	7,4E-02	55,70
Controle		2,858			1,975		
NUE251	10181,3	4,406	1,5E-03	30,98	4,945	2,9E-02	51,35
Controle		3,363			3,268		
NUE256	10063,4	4,545	1,0E-02	59,03	4,513	1,7E-02	128,53
NUE256	10064,1	3,444	8,2E-02	20,53	3,655	3,0E-04	85,07
NUE256	10061,2	3,398	6,3E-02	18,90	3,772	7,5E-05	91,01
NUE256	10063,2	3,464	2,0E-01	21,21	3,617	7,2E-02	83,13
Controle		2,858			1,975		
NUE256	10061,3	4,011	8,5E-02	11,96	3,500	7,6E-01	3,66

Nome do Gene	Evento #	Comprimento da Raiz [cm]			Cobertura da Raiz_ [cm ²]		
		Média	Valor p	%aumento	Média	Valor p	% aumento
Controle		3,582			3,377		
NUE269	9104,1	4,116	9,0E-02	26,30	3,527	2,2E-01	28,77
Controle		3,259			2,739		
NUE512	9284,3	4,178	3,9E-01	14,99	3,222	6,3E-01	12,38
NUE512	9282,3	3,683	8,6E-01	1,36	4,173	1,7E-02	45,56
NUE512	9284,4	5,110	6,5E-04	40,66	3,987	3,4E-02	39,06
Controle		3,633			2,867		
NUE513	9681,6	4,639	2,5E-02	25,14	5,087	1,9E-01	26,81
Controle		3,707			4,012		
NUE513	9683,5	5,331	3,4E-02	20,24	4,960	9,1E-01	1,26
Controle		4,433			4,898		
NUE513	9683,5	5,216	1,6E-04	31,26	4,402	2,2E-01	20,31
Controle		3,974			3,659		
NUE514	9403,2	5,889	2,1E-04	54,38	6,448	1,4E-03	101,05
Controle		3,815			3,207		
NUE515	9712,6,				3,87	3,4E-01	16,6
NUE515	9713,6,				4,19	1,3E-01	26,3
Controle					3,32		
NUE520	9771,4	3,480	6,1E-02	21,77	3,356	7,8E-02	69,94
NUE520	9771,2	3,487	5,7E-02	22,01	4,241	1,3E-02	114,72
NUE520	9772,1	3,382	2,6E-01	18,35	3,936	4,7E-02	99,31
NUE520	9771,3	3,284	2,0E-01	14,93	3,728	4,4E-03	88,78
Controle		2,858			1,975		
NUE523	9414,2	5,238	9,7E-02	18,15	4,912	9,9E-01	0,28
Controle		4,433			4,898		
NUE523	9412,5	4,589	2,1E-02	24,78	3,820	5,5E-01	11,95
NUE523	9414,2	4,983	3,6E-02	35,48	4,310	1,6E-01	26,28
Controle		3,678			3,413		
NUE523	9412,5	3,997	5,3E-01	4,78	4,391	1,4E-02	36,91
NUE523	9414,2	4,386	7,8E-02	14,98	4,588	1,8E-02	43,04
Controle		3,815			3,207		
NUE531	10083,3	4,413	5,7E-02	33,45	3,781	2,2E-01	24,13
NUE531	10081,4	3,857	3,6E-02	16,65	4,484	3,8E-02	47,23
NUE531	10081,5	4,377	3,6E-02	32,38	4,698	9,9E-02	54,25
Controle		3,306			3,046		
NUE531	10083,2	3,852	7,3E-02	14,51	3,992	6,0E-02	22,18
Controle		3,363			3,268		
NUE531	10083,3	4,256	9,0E-02	18,79	4,023	2,8E-01	19,16
NUE531	10081,4	4,066	5,2E-02	13,49	4,864	3,7E-02	44,06
NUE531	10081,5	4,240	1,7E-02	18,37	4,905	8,1E-02	45,26
Controle		3,582			3,377		
NUE535	9084,2	3,244	2,5E-01	13,51	3,005	9,7E-02	52,16
NUE535	9083,1	3,300	2,3E-01	15,49	3,263	7,1E-02	65,20
Controle		2,858			1,975		
NUE537	9393,3	3,603	8,9E-01	-0,83	4,005	4,8E-02	39,70
Controle		3,633			2,867		
NUE538	9782,1	3,805	9,8E-01	0,22	3,850	7,9E-02	25,26
Controle		3,797			3,074		
NUE538	9784,4	3,674	7,5E-02	16,79	2,729	4,6E-01	12,64
NUE538	9783,4	4,332	6,1E-03	37,70	3,571	4,5E-02	47,38
Controle		3,146			2,423		
NUE539	10103,5	3,228	2,0E-01	12,96	2,727	1,5E-01	38,07
NUE539	10101,7	3,736	1,6E-02	30,72	3,446	8,3E-03	74,48
Controle		2,858			1,975		
NUE543	10052,3	4,801	3,8E-03	26,44	4,373	4,7E-02	42,28
Controle		3,797			3,074		

Nome do Gene	Evento #	Comprimento da Raiz [cm]			Cobertura da Raiz_ [cm ²]		
		Média	Valor p	%aumento	Média	Valor p	% aumento
NUE543	10051,1	4,064	2,9E-02	22,91	4,493	6,0E-02	47,51
NUE543	10052,3	4,003	1,1E-01	21,06	3,953	2,1E-01	29,78
Controle		3,306			3,046		
NUE544	9764,1	3,603	9,6E-02	14,52	3,075	2,3E-02	26,92
NUE544	9763,3	3,953	1,8E-02	25,66	3,096	3,0E-02	27,77
Controle		3,146			2,423		
NUE550	9141,3	4,453	4,6E-01	8,58	5,445	5,9E-02	35,65
Controle		4,101			4,014		
NUE551	9354,3	4,584	9,0E-02	23,66	5,375	1,3E-01	33,99
Controle		3,707			4,012		
NUE566	9512,2	5,004	3,0E-02	18,17	5,741	2,3E-01	27,49
NUE566	9512,1	4,859	1,5E-01	14,75	5,807	3,0E-01	28,96
Controle		4,234			4,503		
NUE568	9471,3	3,796	2,4E-01	10,82	3,883	8,9E-02	36,89
NUE568	9472,2	4,025	1,8E-01	17,50	4,944	9,7E-03	74,30
NUE568	9462,3	4,519	4,8E-02	31,93	4,354	5,0E-02	53,47
Controle		3,425			2,837		
NUE570	9311,4	4,279	3,0E-01	17,77	4,349	5,4E-02	51,70
NUE570	9314,4	3,692	8,1E-01	1,63	4,044	2,8E-02	41,05
Controle		3,633			2,867		
NUE571	9304,2	3,841	7,5E-01	4,43	4,423	3,7E-01	29,60
NUE571	9301,1	4,444	6,6E-02	20,84	5,020	1,1E-01	47,11
Controle		3,678			3,413		
NUE573	9491,1	3,948	7,6E-02	15,26	3,887	4,8E-02	37,01
Controle		3,425			2,837		
NUE574	10363,4	4,080	5,6E-02	13,90	4,326	2,0E-01	28,12
NUE574	10366,1	4,893	3,3E-02	36,58	5,262	4,3E-02	55,84
Controle		3,582			3,377		
NUE576	9792,4	4,284	1,5E-01	12,82	4,322	2,3E-02	40,63
Controle		3,797			3,074		
NUE579	9701,3	3,965	9,9E-02	26,03	3,899	4,7E-02	60,90
NUE579	9703,3	3,542	1,0E-01	12,60	2,797	4,7E-01	15,43
Controle		3,146			2,423		
NUE580	9553,2	4,418	4,7E-03	28,99	3,784	7,3E-02	33,40
NUE580	9551,4	4,239	5,1E-02	23,75	4,282	1,5E-01	50,96
NUE580	9554,4	4,158	8,9E-02	21,41	3,902	7,1E-02	37,54
Controle		3,425			2,837		
NUE582	9562,4	4,115	5,1E-01	3,38	4,951	7,6E-02	27,06
Controle		3,981			3,896		
NUE583	9673,4	4,319	2,2E-03	20,56	5,635	4,1E-03	66,89
NUE583	9673,2	3,739	5,9E-01	4,36	4,595	1,5E-01	36,10
Controle		3,582			3,377		
NUE586	9752,1	6,394	2,6E-05	49,10	7,681	6,9E-05	79,81
Controle		4,289			4,272		
NUE586	9751,1	3,847	9,6E-02	22,28	3,171	2,3E-01	30,87
NUE586	9751,7	4,956	9,5E-03	57,53	4,510	8,1E-02	86,12
NUE586	9752,2	4,538	2,3E-04	44,25	3,478	1,6E-03	43,54
NUE586	9751,3	4,047	2,8E-01	28,62	3,090	3,3E-01	27,54
NUE586	9752,1	4,629	3,9E-02	47,13	4,232	1,4E-01	74,66
Controle		3,146			2,423		
NUE587	9643,2	3,473	3,4E-01	10,38	3,653	4,2E-02	50,77
Controle		3,146			2,423		
NUE593	10394,2	4,033	4,5E-02	21,96	3,941	3,7E-02	29,39
NUE593	10393,2	3,719	6,3E-02	12,48	3,544	1,8E-01	16,38
Controle		3,306			3,046		

[00324] Tabela 31: Análises de desempenho da raiz (comprimento e cobertura) de plantas transgênicas superexpressaram os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção (utilizando genes clonados ou sintéticos, listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S), quando desenvolvidas sob condições padrão de nitrogênio [condições regulares ou normais de crescimento (15 mM N)] conforme comparação para controlar plantas. "Incr." = aumento; "RGR" = taxa de Crescimento Relativo.

[00325] Os genes apresentados na Tabela 32, neste documento adiante, melhoraram o ca taxa de crescimento da planta quando esta se desenvolve sobre condições padrão de nitrogênio, comparadas com o controle de plantas. Um crescimento mais rápido foi observado quando a taxa de crescimento da área da folha, do comprimento e da cobertura da raiz foram mensurados.

[00326] Tabela 32 detalha análises das taxas de crescimento da área de folha, comprimento e cobertura da raiz quando sob condições padrão de nitrogênio [condições regulares ou normais de crescimento (15 mM N)] em plantas superexpressaram os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi realizada testando o desempenho em uma série de eventos. Algumas A avaliação de cada gene foi realizada por testes de desempenho de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecidos e os resultados obtidos foram repetidos. Evento com valor de $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 32

Plantas transgênicas expressando exogenamente polinucleotídeos de algumas modalidades da invenção apresentam melhor taxa de crescimento em condições de nitrogênio padrão

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area da Folha			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento
CT11	4892,2	0,093	2,4E-04	76,02	0,584	7,8E-02	28,88	0,428	1,0E-01	17,45
CT11	4892,3	0,082	1,3E-03	55,84	0,524	3,6E-01	15,68	0,397	4,0E-01	8,75
CT11	4892,1	0,085	6,5E-03	61,71	0,490	6,8E-01	8,24	0,385	6,7E-01	5,43
Controle		0,053			0,453			0,365		

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area da Folha			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento
CT11	4894,2	0,049	2,0E-02	30,32						
CT11	4893,2	0,078	3,6E-05	107,0 1	0,550	3,4E-02	52,79	0,395	2,0E-01	21,56
Controle		0,037			0,360			0,325		
CT27	5033,6	0,040	1,6E-01	22,17	0,347	4,1E-02	40,85	0,325	1,9E-02	36,08
CT27	5033,4	0,047	3,2E-02	40,54	0,287	3,5E-01	16,49	0,296	5,9E-02	24,30
CT27	5033,8	0,063	5,9E-05	90,98	0,357	1,0E-01	44,71	0,251	7,5E-01	5,19
CT27	5033,5	0,049	3,7E-03	48,72				0,248	7,8E-01	3,85
Controle		0,033			0,247			0,238		
CT27	5033,7	0,049	1,8E-02	31,77						
CT27	5035,2	0,079	8,4E-07	111,02	0,402	5,8E-01	11,56	0,343	7,1E-01	5,73
CT27	5031,4	0,053	1,5E-03	41,85						
CT27	5033,6	0,058	4,6E-04	53,91	0,513	3,1E-02	42,39	0,357	5,4E-01	10,03
CT27	5033,4	0,060	2,2E-05	59,59	0,547	3,2E-02	51,81	0,416	9,9E-02	28,01
CT27	5033,8	0,055	3,8E-04	47,37						
CT27	5033,5	0,047	4,0E-02	25,25						
Controle		0,037			0,360			0,325		
CT6	4943,1	0,048	6,3E-02	27,13	0,378	8,1E-01	4,79			
Controle		0,037			0,360			0,325		
CT75	4872,5	0,055	2,1E-03	47,90						
CT75	4874,4	0,053	3,2E-03	42,55						
CT75	4874,7	0,054	OJEOS	44,21	0,368	9,2E-01	2,17			
CT75	4873,3	0,052	1,3E-02	39,84	0,518	4,3E-02	43,91	0,415	1,1E-01	27,69
Controle		0,037			0,360			0,325		
CT76	5044,6	0,072	2,6E-02	36,36						
CT76	5041,5	0,068		29,56	0,685	2,8E-02	51,34	0,403	4,7E-01	10,41
CT76	5041,7	0,058		9,50						
CT76	5043,5	0,114	1,4E-07	115,1 9	0,961	9,5E-06	112,1 7	0,506	2,2E-03	38,75
CT76	5041,6	0,082	7,3E-03	55,95	0,626	9,8E-02	38,15	0,448	5,4E-02	22,83
CT76	5041,9	0,079	3,8E-03	49,27	0,571	9,6E-02	25,96	0,378	7,0E-01	3,74
Controle		0,053			0,453			0,365		
CT76	5044,6	0,064	2,7E-05	92,67	0,283	4,2E-01	14,80	0,292	1,2E-01	22,42
CT76	5041,5	0,094	9,7E-12	182,4 8	0,635	9,1E-08	157,5 1	0,384	2,8E-05	61,08
CT76	5041,7	0,042	3,4E-02	25,46						
CT76	5043,5	0,091	1,1E-11	174,2 9	0,394	2,7E-03	59,72	0,300	4,2E-02	25,74
CT76	5041,6	0,052	7,3E-05	55,70	0,287	3,9E-01	16,43	0,271	3,6E-01	13,45
CT76	5041,9	0,066	4,5E-07	100,3 1	0,408	1,2E-03	65,59	0,317	9,7E-03	33,04
Controle		0,033			0,247			0,238		
NUE2 06	6731,2				0,396	1,6E-03	78,33	0,369	8,5E-03	44,35
NUE2 06	6732,1				0,297	1,5E-01	33,53	0,333	4,9E-02	30,52
Controle		0,036			0,222			0,256		
NUE2 06	6731,2	0,063	6,3E-01	7,32	0,650	3,1E-05	125,3 9	0,435	4,9E-05	65,80
NUE2 06	6732,5	0,074	9,5E-02	26,57	0,579	4,4E-06	100,85	0,389	8,9E-05	48,32
NUE2 06	6732,2	0,059	9,2E-01	1,58	0,464	1,9E-03	60,76	0,365	4,6E-03	39,21
Controle		0,058			0,288			0,262		
NUE2 08	8351,3	0,033			0,389	1,4E-03	74,92	0,397	1,9E-04	55,33
Controle		0,036			0,222			0,256		
NUE2 08	8354,8	0,041		24,69	0,422	3,7E-02	51,73	0,393	8,2E-02	35,05
NUE2 08	8355,3	0,037		13,69	0,418	3,5E-02	50,07	0,331	4,7E-01	13,65
Controle		0,033			0,278			0,291		
NUE2 08	8354,8	0,076	9,1E-02	30,54						
NUE2 08	8354,5	0,073	1,8E-01	24,95	0,305	7,4E-01	5,73	0,276	6,4E-01	5,23
NUE2 08	8355,3	0,079	5,8E-02	34,69	0,460	7,5E-03	59,54	0,362	3,1E-03	37,83
NUE2 08	8351,5	0,059	9,0E-01	1,94	0,312	6,2E-01	8,27	0,315	9,1E-02	19,92
Controle		0,058			0,288			0,262		

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area da Folha			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento
NUE2 09	8192,1	0,045	1,4E-01	36,98	0,450	1,9E-02	61,65	0,368	1,4E-01	26,60
NUE2 09	8191,5	0,044	7,8E-02	34,71	0,295	7,7E-01	6,00			
Controle		0,033			0,278			0,291		
NUE2 09	8191,2	0,041	4,5E-02	31,45	0,330	4,3E-01	12,88	0,335	4,4E-01	12,06
NUE2 09	8192,1	0,035	3,6E-01	14,35						
NUE2 09	8192,1	0,044	2,3E-02	40,98						
NUE2 09	8191,5	0,040	5,9E-02	30,43						
NUE2 09	8192,1	0,034	5,7E-01	9,26						
Controle		0,031			0,292			0,299		
NUE2 09	8192,1				0,345		19,74	0,365	1,4E-03	39,07
NUE2 09	8192,1				0,487	9,6E-03	68,94	0,377	2,5E-02	43,59
NUE2 09	8191,3	0,083	4,7E-02	41,92						
Controle		0,058			0,288			0,262		
NUE2 10	8202,1	0,049	3,9E-02	48,76						
NUE2 10	8201,3	0,049	9,7E-03	50,64						
Controle		0,033			0,278			0,291		
NUE2 10	8202,1	0,042	3,6E-02	34,98	0,403	4,8E-02	37,90	0,345	3,7E-01	15,40
NUE2 10	6755,3	0,048	4,6E-03	55,18	0,423	1,9E-02	44,72	0,441	1,1E-02	47,78
Controle		0,031			0,292			0,299		
NUE2 11	8263,5	0,038	7,6E-05	89,32	0,191	8,9E-02	58,43	0,215	5,7E-02	53,44
Controle		0,020			0,121			0,140		
NUE2 12	8335,1	0,036	2,7E-03	82,84	0,216	5,8E-02	79,29	0,235	4,4E-02	68,20
NUE2 12	8334,1	0,029	6,2E-03	46,65	0,131	7,9E-01	8,85	0,159	6,3E-01	13,62
NUE2 12	8331,4	0,026	9,1E-02	31,28				0,153	7,1E-01	9,70
Controle		0,020			0,121			0,140		
NUE2 12	8335,2	0,049	1,5E-02	48,76	0,314	5,6E-01	12,68			
Controle		0,033			0,278			0,291		
NUE2 12	8332,2	0,046	8,1E-01	3,53	0,656	4,5E-02	27,59	0,507	1,2E-01	19,17
Controle		0,044			0,514			0,426		
NUE2 12	8332,1	0,039	5,5E-02	26,08						
NUE2 12	8334,1	0,044	5,7E-03	41,96	0,316	6,2E-01	8,13	0,361	2,1E-01	20,73
NUE2 12	8331,4	0,041	3,2E-02	31,53				0,307	8,8E-01	2,62
Controle		0,031			0,292			0,299		
NUE2 22	8851,3	0,046	6,7E-02	41,29	0,365	2,2E-01	31,13	0,291	1,0E+ 00	-0,102
Controle		0,033			0,278			0,291		
NUE2 23	9613,1				0,659	3,7E-02	36,07	0,449	9,4E-02	19,43
Controle		0,068			0,484			0,376		
NUE2 24	9002,2	0,052	5,5E-02	23,49						
NUE2 24	9001,3	0,055	2,7E-02	30,04						
Controle		0,042			0,445			0,370		
NUE2 24	9001,3	0,046	3,2E-02	28,75						
Controle		0,036			0,279			0,316		
NUE2 27	9851,2	0,058	2,8E-02	35,17						
NUE2 27	9853,1	0,064	3,6E-03	49,89						
Controle		0,043			0,349			0,360		
NUE2 28	10093	0,078	2,9E-02	39,70	0,355		3,25	0,328		16,65
NUE2 28	10093	0,067	2,1E-01	20,98				0,301		7,24
Controle		0,056			0,344			0,281		
NUE2 29	8864,2	0,045	3,9E-02	26,44						
Controle		0,036			0,279			0,316		
NUE2 30	9154,2	0,057	2,1E-02	35,25	0,461		3,61			
NUE2 30	9151,2	0,055	1,7E-02	29,70						
Controle		0,042			0,445			0,370		
NUE2 30	9152,4	0,047	1,7E-01	29,87	0,378	7,6E-02	35,74	0,328	7,2E-01	3,71
Controle		0,036			0,279			0,316		

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area da Folha			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento
NUE2 33	1017 4	0,051	4,1E-06	93,04	0,340	1,4E-02	54,67	0,311	1,7E-01	31,25
NUE2 33	1017 4	0,069	5,1E-11	160,3 0	0,624	8,1E-09	183,57	0,399	7,2E-03	68,42
NUE2 33	1017 4	0,030	3,6E-01	13,97	0,314	4,1E-02	42,81	0,344	5,6E-02	45,20
NUE2 33	1017 3	0,032	1,9E-01	19,26	0,342	9,3E-03	55,25	0,324	1,1E-01	36,68
NUE2 33	1017 4	0,039	1,1E-02	45,92	0,299	1,2E-01	35,80	0,262	6,4E-01	10,75
Controle		0,026			0,220			0,237		
NUE2 33	1017 4	0,053	7,8E-01	4,51	0,451	3,0E-01	17,53	0,381	5,1E-02	32,89
NUE2 33	1017 4				0,538	2,8E-02	40,15	0,407	1,2E-02	41,78
Controle		0,051			0,384			0,287		
NUE2 34	9163,5	0,044	9,7E-02	22,24						
NUE2 34	9162,1	0,048	2,8E-02	32,38	0,381	7,4E-02	36,73	0,330	7,6E-01	4,39
Controle		0,036			0,279			0,316		
NUE2 35	9694,2	0,054	3,7E-02	27,26	0,475	6,0E-01	6,64			
NUE2 35	9691,1	0,055	6,9E-02	31,10	0,454	8,9E-01	1,90	0,382	7,4E-01	3,28
NUE2 35	9693,3	0,054	5,5E-02	28,28						
NUE2 35	9694,3	0,062	1,0E-03	46,88	0,583	1,9E-02	30,90	0,470	1,2E-02	27,17
Controle		0,042			0,445			0,370		
NUE2 37	9651,1	0,073	7,6E-06	74,28	0,508	2,1E-01	14,12			
NUE2 37	9654,4	0,057	5,2E-03	36,61	0,553	2,5E-02	24,26	0,384	7,1E-01	3,83
NUE2 37	9654,1	0,065	8,0E-03	53,61	0,680	5,8E-03	52,84	0,445	9,4E-02	20,30
Controle		0,042			0,445			0,370		
NUE2 37	9651,1	0,047	4,6E-02	31,99	0,331	9,7E-01	0,99			
NUE2 37	9654,1	0,056	OJEOS	58,85	0,493	9,9E-02	50,53	0,363	5,2E-01	13,15
Controle		0,036			0,327			0,321		
NUE2 41	9631,3	0,066	4,8E-04	52,60	0,452	5,0E-02	29,57	0,395	3,6E-01	9,92
NUE2 41	9632,5	0,066	9,6E-03	52,36	0,733	8,9E-08	110,05	0,490	2,0E-03	36,33
NUE2 41	9632,3	0,060	4,8E-02	39,27	0,494	5,1E-02	41,65	0,377	7,3E-01	4,72
NUE2 41	9632,4	0,060	5,7E-03	38,59	0,428	1,8E-01	22,84			
Controle		0,043			0,349			0,360		
NUE2 42	9214,1	0,074	7,4E-02	25,97	0,460	8,2E-01	4,07	0,380	3,8E-01	13,95
NUE2 42	9213,4	0,068	2,6E-01	16,65	0,588	8,2E-02	32,97	0,428	7,7E-02	28,57
Controle		0,059			0,442			0,333		
NUE2 42	9212,1	0,050	4,6E-02	43,13	0,374	8,2E-01	2,93			
NUE2 42	9214,1	0,052	4,5E-02	47,68						
NUE2 42	9213,4	0,050	3,3E-02	41,82	0,504	1,6E-02	38,74	0,409	1,8E-01	20,10
Controle		0,035			0,363			0,341		
NUE2 44	9061,5	0,049	2,2E-03	35,40	0,347	1,9E-01	24,39	0,324	8,4E-01	2,40
Controle		0,036			0,279			0,316		
NUE2 45	1064,2	0,080	7,9E-02	33,89	0,622	2,6E-02	60,99	0,397	2,9E-02	26,31
Controle		0,060			0,387			0,315		
NUE2 46	9033,8				0,462	7,1E-02	30,62	0,400	2,0E-01	18,15
Controle		0,049			0,354			0,339		
NUE2 46	9033,6	0,053	5,9E-01	8,27						
NUE2 46	9033,4	0,053	5,4E-01	8,70	0,546	1,5E-01	30,07	0,410	2,1E-01	14,19
NUE2 46	9033,8	0,075	3,8E-03	52,67	0,658	9,3E-03	56,72	0,436	4,3E-02	21,22
NUE2 46	9034,1	0,060	1,3E-01	22,21						
NUE2 46	9031,1	0,057	2,3E-01	16,59	0,505	2,9E-01	20,28	0,424	6,6E-02	17,89
Controle		0,049			0,420			0,359		
NUE2 48	8981,5	0,085	3,9E-03	63,02	0,638	5,3E-01	11,57			
Controle		0,052			0,572			0,423		
NUE2 50	9132,1	0,078	1,3E-03	86,50	0,604	7,4E-02	35,67	0,386		4,46
NUE2 50	9132,2	0,054	4,2E-02	28,86						
NUE2 50	9134,1	0,051	1,3E-01	21,34						
Controle		0,042			0,445			0,370		
NUE2 50	9134,1	0,043	6,6E-02	19,98	0,329	3,0E-01	17,87			

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area da Folha			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento
Controle		0,036			0,279			0,316		
NUE2 51	1018 1	0,059	5,5E-06	122,3 4	0,396	9,1E-04	80,08	0,349	5,2E-02	47,21
NUE2 51	1018 3	0,048	2,3E-04	80,31	0,369	5,8E-03	67,70	0,343	5,7E-02	44,89
NUE2 51	1018 3	0,042	2,5E-03	58,23	0,366	9,1E-03	66,32	0,377	1,9E-02	59,19
NUE2 51	1018 1	0,039	5,8E-03	48,78	0,249	5,2E-01	13,16	0,240	9,5E-01	1,48
Controle		0,026			0,220			0,237		
NUE2 51	1018 1	0,063	1,5E-01	23,79	0,582	8,9E-03	51,43	0,381	3,8E-02	32,80
Controle		0,051			0,384			0,287		
NUE2 51	1018 3	0,072	9,1E-02	19,27				0,324	6,6E-01	3,02
Controle		0,060			0,387			0,315		
NUE2 56	1006 3	0,050	7,6E-06	89,88	0,520	1,9E-05	136,3 5	0,410	OJEOS	72,97
NUE2 56	10064	0,076	2,0E-11	188,6 6	0,442	5,9E-05	100,9 9	0,356	3,4E-02	50,21
NUE2 56	1006 1	0,056	5,0E-08	110,7 3	0,450	1,2E-05	104,3 6	0,330	8,2E-02	39,37
NUE2 56	10062	0,054	2,3E-06	103,9 9	0,327	7,9E-02	48,64	0,272	5,3E-01	14,99
NUE2 56	1006 3	0,051	9,1E-06	93,42	0,424	2,3E-03	92,64	0,335	1,0E-01	41,59
Controle		0,026			0,220			0,237		
NUE2 68	8996,5	0,072	7,2E-03	43,95				0,388	7,2E-01	3,95
Controle		0,050			0,463			0,374		
NUE5 12	9284,2	0,052	3,6E-03	48,09	0,369	3,4E-01	18,49	0,372	9,7E-02	22,41
NUE5 12	9282,3	0,073	4,5E-09	108,17	0,514	2,9E-03	64,80	0,403	2,2E-02	32,41
NUE5 12	9284,4	0,041	1,5E-01	18,26	0,450	2,2E-02	44,50	0,390	5,3E-02	28,25
Controle		0,035			0,312			0,304		
NUE5 13	9683,5							0,511	5,7E-02	20,91
Controle		0,052			0,572			0,423		
NUE5 13	9683,5				0,521		24,10	0,512	1,8E-05	42,60
Controle		0,049			0,420			0,359		
NUE5 14	9404,1	0,082	7,9E-07	133,82	0,426	2,2E-01	17,18	0,377	4,6E-01	10,68
NUE5 14	9402,2	0,044	1,7E-01	26,64	0,389	6,0E-01	7,20	0,356	7,5E-01	4,44
NUE5 14	9403,2	0,046	1,3E-01	31,04	0,776	1,9E-07	113,5 6	0,565	8,5E-05	65,81
Controle		0,035			0,363			0,341		
NUE5 16	9291,1	0,054	4,3E-02	28,22	0,577	4,3E-02	29,59	0,407	3,9E-01	10,04
NUE5 16	9291,4	0,064	8,4E-05	52,81	0,531	7,4E-02	19,37	0,392	5,9E-01	6,00
Controle		0,042			0,445			0,370		
NUE5 20	9771,4	0,049	5,8E-05	87,02	0,408	2,7E-03	85,53	0,370	1,7E-02	56,27
NUE5 20	9771,7	0,050	6,3E-05	88,34	0,404	5,1E-03	83,74	0,372	2,1E-02	57,16
NUE5 20	9771,2	0,042	8,9E-04	59,66	0,491	4,1E-05	122,92	0,330	1,1E-01	39,23
NUE5 20	9772,1				0,462	5,2E-04	109,9 0	0,301	2,6E-01	27,23
NUE5 20	9771,3	0,035	3,8E-02	32,37	0,454	1,3E-04	106,42	0,346	5,1E-02	46,13
NUE5 20	9773,1	0,023	4,8E-01	14,07	0,369	7,7E-02	67,68	0,329	2,3E-01	38,86
Controle		0,026			0,220			0,237		
NUE5 20	9771,4				0,360	7,9E-01	4,93	0,352	6,6E-02	25,41
NUE5 20	9771,7				0,434	1,9E-01	26,37	0,377	2,5E-02	34,19
Controle		0,056			0,344			0,281		
NUE5 21	9362,2	0,051	4,7E-02	29,12	0,430	6,6E-01	9,02	0,375	6,4E-01	6,57
NUE5 21	9363,4	0,073	5,8E-05	84,97	0,407	8,4E-01	3,33	0,349	9,6E-01	-0,67
Controle		0,040			0,394			0,351		
NUE5 21	9361,2	0,051	3,9E-02	44,60	0,370	8,9E-01	1,86	0,349	8,6E-01	2,50
NUE5 21	9363,4	0,059	3,0E-03	69,25	0,313	3,7E-01				
Controle		0,035			0,363			0,341		
NUE5 23	9412,1	0,070	2,7E-02	35,53						
Controle		0,052			0,572			0,423		
NUE5 23	9413,3	0,059	3,1E-02	49,30	0,466	4,2E-01	18,10	0,406	3,4E-01	15,59
NUE5 23	9414,2	0,052	1,4E-01	30,19	0,516	8,7E-02	30,82	0,471	3,2E-02	34,02
Controle		0,040			0,394			0,351		
NUE5 23	9412,5	0,053	1,6E-02	51,59	0,522	3,6E-03	43,78	0,392	2,8E-01	15,04

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area da Folha			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento
NUE5 23	9414,2	0,046	8,0E-02	32,35	0,523	4,2E-03	43,92	0,394	2,6E-01	15,82
Controle		0,035			0,363			0,341		
NUE5 27	9202,6	0,046	1,5E-01	22,86	0,375	2,0E-01	25,97	0,374	2,8E-02	46,88
Controle		0,038			0,297			0,254		
NUE5 31	1008 3	0,078	2,7E-02	40,47				0,305	5,6E-01	8,47
NUE5 31	1008 1	0,090	3,8E-03	62,13	0,535	7,9E-03	55,85	0,359	5,6E-02	27,85
NUE5 31	10082	0,086	1,2E-02	55,40	0,554	1,3E-02	61,37	0,398	1,2E-02	41,80
Controle		0,056			0,344			0,281		
NUE5 31	1008 1	0,080	2,5E-02	32,77	0,578		49,54	0,386		22,62
NUE5 31	10082	0,078	2,4E-02	30,60	0,581	1,5E-02	50,29	0,410	7,9E-04	30,44
Controle		0,060			0,387			0,315		
NUE5 35	9084,2	0,043	1,2E-03	62,38	0,345	2,6E-02	56,73	0,277	4,6E-01	17,08
NUE5 35	9083,1	0,082	3,3E-09	211,1 1	0,388	5,6E-03	76,23	0,325	1,2E-01	37,19
NUE5 35	9084,4	0,042	4,8E-04	59,66	0,246	5,8E-01	11,82	0,306	2,2E-01	29,02
NUE5 35	9082,1	0,039	2,9E-02	46,36						
Controle		0,026			0,220			0,237		
NUE5 37	9391,1	0,053	4,2E-03	51,98	0,444	6,2E-02	42,62	0,388	5,6E-02	27,48
NUE5 37	9394,4	0,046	3,2E-02	31,60						
NUE5 37	9391,2	0,056	2,6E-04	60,43	0,385	2,0E-01	23,46	0,365	1,4E-01	19,94
NUE5 37	9393,3	0,073	8,5E-07	109,6 6	0,481	1,3E-02	54,18	0,366	1,3E-01	20,35
Controle		0,035			0,312			0,304		
NUE5 38	9782,1	0,071	1,0E-03	64,80	0,474	2,4E-02	36,00	0,424	1,3E-01	17,89
Controle		0,043			0,349			0,360		
NUE5 38	9781,4	0,048	3,3E-01	15,40	0,405	5,9E-02	41,28	0,398	2,8E-02	31,83
NUE5 38	9783,4	0,046	5,4E-01	9,73	0,414	9,5E-03	44,32	0,390	2,5E-02	29,10
Controle		0,042			0,287			0,302		
NUE5 39	10102	0,049	1,1E-03	83,56	0,307	1,3E-01	39,36	0,311	2,0E-01	31,26
NUE5 39	1010 4	0,045	3,9E-04	69,52	0,317	6,6E-02	43,97	0,299	2,4E-01	26,34
Continuação da Tabela 32										
NUE5 39	1010 1	0,061	3,2E-08	129,4 8	0,266	3,2E-01	20,90	0,293	3,0E-01	23,62
NUE5 39	10102	0,061	1,1E-06	132,2 8	0,410	5,3E-04	86,11	0,375	1,5E-02	58,30
Controle		0,026			0,220			0,237		
NUE5 39	10102							0,366	8,7E-02	27,65
NUE5 39	10102							0,371	1,0E-01	29,42
Controle		0,051			0,384			0,287		
NUE5 42	9333,2	0,053	2,2E-04	50,87	0,445	3,5E-02	42,68	0,400	1,7E-02	31,61
NUE5 42	9331,3	0,045	6,9E-02	27,12	0,450	6,4E-02	44,47	0,397	8,1E-02	30,56
NUE5 42	9332,1	0,041	2,4E-01	16,04	0,414	8,3E-02	32,84	0,347	2,8E-01	14,05
Controle		0,035			0,312			0,304		
NUE5 43	10052	0,060	2,7E-02	39,61	0,505	8,0E-03	44,88	0,420	1,4E-01	16,75
NUE5 43	10052	0,058	1,6E-02	33,92	0,399	3,4E-01	14,30			
Controle		0,043			0,349			0,360		
NUE5 43	1005 1	0,056	9,8E-01	0,47	0,509	2,1E-02	48,29	0,356	7,1E-02	26,63
NUE5 43	1005 1	0,077	4,3E-02	39,35	0,452	1,5E-01	31,70	0,385	3,3E-02	36,96
Controle		0,056			0,344			0,281		
NUE5 44	9763,3	0,060	2,7E-02	35,77	0,602	2,4E-01	17,04			
Controle		0,044			0,514			0,426		
NUE5 44	9764,1	0,047	3,4E-01	11,45	0,367	7,3E-02	27,87	0,350	1,9E-01	15,92
NUE5 44	9763,3	0,046	4,0E-01	9,93	0,358	1,0E-01	24,63	0,378	4,9E-02	24,94
Controle		0,042			0,287			0,302		
NUE5 48	9091,3	0,058	9,7E-01	-0,55	0,489	5,6E-01	10,49	0,423	9,0E-02	26,90
NUE5 48	9091,1	0,076	3,2E-02	29,54	0,578	1,1E-01	30,72	0,419	1,0E-01	25,87
NUE5 48	9092,2	0,063	6,6E-01	6,64	0,686	2,4E-02	55,14	0,486	2,4E-02	45,86
Controle		0,059			0,442			0,333		
NUE5 49	9343,7	0,055	5,8E-03	53,63	0,362	7,2E-01	10,47			

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area da Folha			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento
NUE5 49	9342,3	0,045	6,6E-02	26,67	0,330	9,7E-01	0,73	0,370	3,2E-01	15,10
Controle		0,036			0,327			0,321		
NUE5 50	9143,1	0,061	6,0E-02	36,03						
Controle		0,045			0,416			0,368		
NUE5 50	9141,3	0,061	1,1E-01	21,68	0,651	1,3E-02	40,71	0,451	8,2E-02	20,82
NUE5 50	9142,2	0,066	1,5E-02	31,25						
Controle		0,050			0,463			0,374		
NUE5 60	9424,3	0,052	1,6E-02	31,56				0,374		6,54
NUE5 60	9422,1	0,058	5,3E-04	46,65						
Controle		0,040						0,351		
NUE5 62	9252,8	0,055	4,1E-02	38,43						
Controle		0,040								
NUE5 64	9243,2	0,049	8,7E-03	38,96	0,477	2,0E-02	53,10	0,356	2,2E-01	17,03
NUE5 64	9242,2	0,060	7,6E-05	70,29	0,471	3,1E-02	51,25	0,452	8,2E-03	48,52
NUE5 64	9243,4	0,045	8,0E-02	27,01	0,356	4,3E-01	14,34	0,349	2,8E-01	14,73
Controle		0,035			0,312			0,304		
NUE5 67	9263,2	0,047	1,8E-02	34,46						
Controle		0,035								
NUE5 68	9471,3	0,059	4,2E-05	65,16	0,458	8,3E-02	40,04	0,358	4,4E-01	11,62
NUE5 68	9461,3	0,062	1,5E-03	73,11	0,424	3,6E-01	29,62	0,347	6,9E-01	8,17
NUE5 68	9474,4	0,056	4,1E-03	57,42	0,353	7,6E-01	7,67	0,331	8,6E-01	3,00
NUE5 68	9472,2	0,071	3,5E-07	99,64	0,567	4,6E-03	73,13	0,364	4,0E-01	13,42
NUE5 68	9462,3	0,047	5,2E-02	32,21	0,478	5,4E-02	45,99	0,369	3,9E-01	14,82
Controle		0,036			0,327			0,321		
NUE5 69	9381,2	0,056	5,3E-03	36,52	0,391	9,1E-01	1,25			
Controle		0,041			0,386			0,353		
NUE5 69	9381,1	0,053	8,1E-03	52,48	0,474	6,6E-02	52,21	0,342	4,9E-01	12,36
Controle		0,035			0,312			0,304		
NUE5 70	9314,1	0,049	1,8E-01	40,41	0,439	2,2E-01	40,98	0,420	7,2E-02	38,13
Controle		0,041			0,386			0,353		
NUE5 70	9311,4	0,047	3,3E-02	32,96	0,530	5,0E-03	70,17	0,456	7,3E-03	49,83
NUE5 70	9311,3	0,040	2,3E-01	15,28	0,426	7,1E-02	36,71	0,397	3,7E-02	30,73
NUE5 70	9314,4	0,035	9,4E-01	0,90	0,479	7,4E-03	53,70	0,368	1,1E-01	21,10
NUE5 70	9314,1				0,418	7,8E-02	34,04	0,374	1,0E-01	22,95
Controle		0,035			0,312			0,304		
NUE5 71	9304,2	0,078	3,4E-06	95,35	0,542	1,3E-01	37,40	0,420	2,1E-01	19,40
NUE5 71	9301,1	0,063	9,9E-03	59,31	0,576	2,9E-02	46,03	0,389	4,4E-01	10,81
NUE5 71	9303,2	0,053	1,1E-03	33,00						
NUE5 71	9302,1	0,062	7,2E-06	56,48						
NUE5 71	9302,3	0,054	2,1E-02	36,15						
Controle		0,040			0,394			0,351		
NUE5 71	9304,3	0,055	6,8E-02	33,34						
NUE5 71	9304,2	0,054	7,6E-02	32,37						
NUE5 71	9303,2	0,050	1,0E-01	22,33						
NUE5 71	9301,4	0,049	9,7E-02	19,07						
Controle		0,041								
NUE5 72	9324,3	0,049	2,7E-02	24,30	0,410	8,0E-01	3,99	0,381	5,3E-01	8,40
Controle		0,040			0,394			0,351		
NUE5 73	9491,1	0,053	1,5E-03	49,67	0,457	7,9E-02	39,55	0,382	1,9E-01	19,03
NUE5 73	9491,4	0,050	8,7E-02	40,83	0,470	8,2E-02	43,44	0,400	1,9E-01	24,64
Controle		0,036			0,327			0,321		
NUE5 74	1036 6	0,063	8,1E-01	4,39	0,610	7,5E-03	57,68	0,473	6,5E-04	50,50
Controle		0,060			0,387			0,315		
NUE5 75	9502,1	0,052	7,9E-03	46,87	0,446	1,1E-01	36,36	0,343	6,5E-01	6,83
Controle		0,036			0,327			0,321		

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area da Folha			RGR da Cobertura da Raiz			RGR do Comprimento da Raiz		
		Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento	Média	Valor -p	% aumento
NUE5 76	9792,4	0,050	2,2E-01	16,55	0,504	3,9E-03	44,47	0,390	4,7E-01	8,39
NUE5 76	9794,1	0,054	5,4E-02	26,15	0,357	8,7E-01	2,30	0,392	4,4E-01	9,02
NUE5 76	9793,3	0,065	1,8E-03	51,97	0,386	4,4E-01	10,78			
Controle		0,043			0,349			0,360		
NUE5 78	9524,3	0,055	1,8E-04	54,47	0,374	5,1E-01	14,35	0,360	4,1E-01	12,25
NUE5 78	9524,1	0,050	2,5E-02	41,80						
Controle		0,036			0,327			0,321		
NUE5 79	9701,3	0,051	8,7E-02	21,86	0,456	3,9E-03	58,84	0,377	8,8E-02	24,61
Controle		0,042			0,287			0,302		
NUE5 80	9551,4	0,040	4,3E-01	13,32	0,479	9,3E-02	46,41	0,361	4,2E-01	12,46
NUE5 80	9554,4	0,049	1,2E-02	36,68	0,462	7,3E-02	41,18	0,382	2,3E-01	18,93
Controle		0,036			0,327			0,321		
NUE5 82	9562,4	0,059	3,4E-03	40,45	0,591	8,2E-03	32,70	0,414	1,9E-01	12,08
NUE5 82	9561,2	0,061	4,1E-03	45,60						
Controle		0,042			0,445			0,370		
NUE5 83	9671,1	0,057	1,3E-01	32,70	0,499	2,2E-02	43,12	0,401	4,5E-01	11,60
Controle		0,043			0,349			0,360		
NUE5 83	9673,4	0,106	1,1E-05	77,51	0,663	2,0E-04	71,43	0,416	4,2E-05	32,10
NUE5 83	9673,2	0,077	4,3E-02	28,35	0,533	5,6E-02	37,79	0,331	5,4E-01	5,30
Controle		0,060			0,387			0,315		
NUE5 86	9751,7	0,067	5,9E-03	49,93	0,548	6,5E-01	6,47			
NUE5 86	9752,1	0,066	4,3E-03	47,72	0,855	4,1E-05	66,23	0,563	1,2E-02	32,27
Controle		0,044			0,514			0,426		
NUE5 86	9751,1	0,052	8,3E-02	24,79	0,379	9,5E-02	32,19	0,393	3,6E-02	30,10
NUE5 86	9751,7	0,067	7,5E-03	60,10	0,529	1,7E-03	84,40	0,452	1,5E-03	49,64
NUE5 86	9752,2				0,394	1,4E-02	37,21	0,390	2,6E-02	29,02
NUE5 86	9752,1	0,055	5,8E-02	32,53	0,472	1,9E-02	64,61	0,400	4,5E-02	32,28
Controle		0,042			0,287			0,302		
NUE5 87	9643,2	0,083	2,5E-06	97,54	0,439	3,8E-03	52,93	0,314	7,6E-01	4,01
Controle		0,042			0,287			0,302		
NUE5 93	1039,4	0,074	1,4E-01	33,10	0,465	9,0E-02	35,46	0,368	6,3E-02	31,07
Controle		0,056			0,344			0,281		

[00327] Análise da taxa de crescimento da planta (área foliar, a cobertura da raiz e comprimento de raízes) de plantas transgênicas que superexpressam a polinucleotídeos exógenos de algumas modalidades da invenção (usando os genes clonados ou sintéticas listadas na Tabela 23 acima), sob a regulação de um constituinte promotor (35S), quando cultivadas sob condições padrão de nitrogênio [condições normais de crescimento ou regular (15 mM N)] em relação ao controle de plantas. "Incr." = Acréscimo; "RGR" = taxa de crescimento relativo, "Ave". = Média.

EXEMPLO 6

ENSAIO 2: USO EFICIENTE DO NITROGÊNIO: PRODUÇÃO E TAXA DE CRESCIMENTO DE PLANTAS EM CONCENTRAÇÃO ÓTIMA DE

NITROGÊNIO E EM ESTUFAS

[00328] Este ensaio segue a produção constitutiva de sementes, formação de biomassa e crescimento da área roseta de plantas cultivadas em estufa, nitrogênio deficiente de nitrogênio condições padrão de fertilização. As sementes foram semeadas em ágar suplementado com meio Vi MS e um agente de seleção (canamicina). As mudas T2 transgênicas foram transplantadas para bandejas 1,7 cheias de turfa e perlite. As bandejas foram irrigadas com uma solução contendo nitrogênio constante condições limitantes, que foram atingidos por irrigar as plantas com uma solução contendo 1,5 mM de nitrogênio inorgânico em forma de KNO_3 , suplementado com 1 mM KH_2PO_4 , 1 mM MgSO_4 , 3,6 mM K_2SO_4 , 2 mM CaCl_2 e microelementos, enquanto os níveis normais de nitrogênio foram obtidos com a aplicação de uma solução de 6 mM de nitrogênio inorgânico também na forma de KNO_3 com 1 mM de KH_2PO_4 , 1 mM $\text{MgSC} > 4,2 \text{ mm CaCl}_2$ e microelementos. Todas as plantas foram cultivadas em estufa até as sementes maduras. As sementes foram colhidas separadamente acima da linha do solo, extraídas e pesadas. A biomassa (a cobertura acima do solo) também foi recolhida e seca durante uma semana a 30°C .

[00329] Cada constructo foi validado na sua geração T₂. Plantas transgênicas transformadas com uma construção em conformidade com um vetor vazio carregando o promotor 35S e o marcador de seleção foram usadas como controle.

[00330] As plantas foram analisadas quanto à sua dimensão global, a taxa de crescimento, rendimento de grãos, 1.000 - peso de grãos, matéria seca e índice de colheita (HI-semente de produção / matéria seca). O desempenho das plantas transgênicas foi comparado com o controle de plantas cultivadas em paralelo, nas mesmas condições.

[00331] O experimento foi planejado em distribuição de lotes aleatórios agrupados. Para cada gene da invenção 3-5 eventos de

transformação independentes foram analisados a partir de cada construto.

[00332] Imagem digital - Um laboratório de sistema de aquisição de imagem, que consiste de um reflexo da câmera digital (Canon EOS 300D) acoplada a uma lente focal de espessura de 55 mm (Canon série EF-S), montados em um dispositivo de reprodução (Kaiser RS), que inclui 4 unidades de luz (4 x 150 Watts lâmpada) foi usado para capturar imagens de amostras de plantas.

[00333] O processo de captação de imagem foi repetido a cada dois dias a partir do dia 1 após o transplântio e até o dia 15. A mesma câmera, colocada em um suporte de ferro feito especialmente para ela, utilizado para capturar imagens em corte de plantas maiores em vasos brancos em uma estufa de ambiente controlado. Durante o processo de captura, as bandejas foram colocadas abaixo do suporte de ferro, evitando a luz direta do sol e o aparecimento de sombras.

[00334] Um sistema de análise de imagem foi utilizado, o qual consiste de um computador tipo PC (Intel P4 3.0 GHz) e um programa de domínio público - Imagem J 1.39 [programa Java de processamento de imagem que foi desenvolvido no National Institutes of Health dos EUA e estão disponíveis gratuitamente na Internet em Hypertext Transfer Protocol:// rsbweb (ponto) nih (ponto) gov/]. As imagens foram capturadas em resolução de 10 megapixels (3888 x 2592 pixels) e armazenadas em uma baixa compressão JPEG (padrão Joint Photographic Experts Group) de formato. Em seguida, os dados analisados foram salvos em arquivos de texto e processados utilizando o software de análise estatística JMP (SAS Institute).

[00335] Análise de Crescimento Foliar - Por meio da análise digital dos dados das folhas foi calculado, incluindo o número de folhas, área roseta, diâmetro da roseta, área de lâmina foliar, cobertura de parcela, comprimento do pecíolo da folha.

[00336] Taxa de crescimento vegetativo: é a taxa de crescimento da

planta, tal como definido por fórmulas VIII, IX, X e XI

Fórmula VIII:

Taxa de crescimento relativo da área de lâmina foliar = coeficiente de regressão da área foliar ao longo do curso do tempo.

Fórmula IX:

Taxa de crescimento relativo da área roseta = coeficiente de regressão da área de roseta ao longo do curso do tempo.

Fórmula X

Taxa de crescimento relativo do diâmetro da roseta de regressão = coeficiente de diâmetro da roseta ao longo do curso do tempo.

Fórmula XI

Taxa de crescimento relativo da cobertura da parcela de regressão: coeficiente de cobertura de parcelas ao longo do curso do tempo.

[00337] Sementes de peso médio (peso de sementes ou peso de 1.000 sementes) - No final do experimento, as sementes foram coletadas. As sementes foram espalhadas em uma bandeja de vidro e uma foto foi tirada. Por meio da análise digital, o número de sementes em cada amostra foi calculada.

[00338] Peso seco da planta e produção de sementes - Em cerca de 80 dias da semeadura, as plantas foram colhidas e deixadas para secar a 30 ° C em uma câmara de secagem. O peso da biomassa e de sementes de cada parcela, foram medidos e divididos pelo número de plantas em cada parcela.

[00339] Peso seco = peso total da parte vegetativa acima do solo (raízes exclusive), após secagem a 30°C em uma câmara de secagem;

[00340] Produção de grãos por planta = peso total de sementes por planta (g).

[00341] O índice de colheita pode ser calculado pela fórmula III (como descrito acima, índice de colheita = rendimento médio em sementes por planta / peso seco).

[00342] Análises estatísticas - Para identificar os genes que conferem eficiência ao uso de nitrogênio e melhorar significativamente o rendimento da produção, os resultados obtidos com as plantas transgênicas foram comparados com aqueles obtidos a partir de plantas de controle. Para identificar genes de alto desempenho e construções, os resultados dos eventos de transformação independentes testados foram analisados separadamente. Os dados foram analisados utilizando t-teste de estudante e os resultados foram considerados significativos se o valor p foi inferior a 0,1. O pacote de software estatístico JMP foi utilizado (Versão 5.2.1, SAS Institute Inc., Cary, NC, EUA).

Os resultados da experiência:

[00343] Os genes apresentados nas Tabelas 33, 34 e 35, neste documento adiante, melhoraram o NUE da planta, quando cultivada em condições limites de concentração de nitrogênio. Estes genes proporcionam maior produtividade de sementes, índice de colheita, peso das sementes (expresso em peso de 1000 sementes) e usina de biomassa [(expressos como planta de massa seca (DW)], quando cultivada em condições de limitantes de nitrogênio para crescimento, em relação ao controle.

[00344] Tabelas 33, 34 e 35 detalham análises da produção das sementes, índice de colheita, tamanho da semente (expresso em peso de 1000 sementes), quando cultivadas sob condições limitantes de nitrogênio em plantas com superexpressão de polinucleotídeos de algumas modalidades da invenção no âmbito da regulamentação de um constitutiva (35S). A avaliação de cada gene foi realizada por meio de testes o desempenho de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecidos e os resultados obtidos foram repetidos. Evento com valor de $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 33

Plantas transgênicas expressando exogenamente polinucleotídeos de algumas

modalidades da invenção apresentam a produção de sementes melhoradas e peso (expresso em peso de 1000 sementes) em condições de nitrogênio deficiente de crescimento.

Nome do Gene	Evento #	Produção de Semente			Nome do Gene Média	Evento #	Peso das sementes		
		Média	valor-p	% aumento			Ave,	p-value	% incr,
NUE241	9631,6	0,169	1,3E-01	12,60	NUE241	9632,3	0,020	2,5E-01	2,46
NUE241	9631,4	0,150	9,7E-01	0,40	NUE241	9631,4	0,020	6,4E-01	1,96
Controle		0,150			Controle		0,020		
NUE248	8982,3	0,144	3,6E-01	7,27	NUE248	8982,4	0,023	4,1E-03	14,08
Controle		0,135			NUE248	8982,3	0,021	4,3E-01	4,59
NUE525	9534,1	0,161	6,7E-01	7,33	NUE248	8981,1	0,021	7,2E-01	7,54
NUE525	9531,3	0,169	5,6E-01	12,83	NUE248	8983,1	0,021	7,3E-01	5,14
NUE525	9533,4	0,162	7,0E-01	8,26	Controle		0,020		
NUE525	9531,1	0,166	1,0E-01	10,90	NUE255	9431,4	0,021	1,0E-01	4,57
Controle		0,150			Controle		0,020		
NUE536	9234,1	0,157	6,1E-01	16,81	NUE525	9533,1	0,022	2,1E-01	10,94
Controle		0,135			NUE525	9531,3	0,020	7,6E-01	2,55
NUE545	9482,4	0,184	1,7E-04	22,72	Controle		0,020		
Controle		0,150			NUE536	9234,1	0,020	6,0E-01	3,02
NUE565	9443,4	0,204	1,8E-01	36,33	NUE536	9231,3	0,021	5,3E-01	4,99
Controle		0,150			Controle		0,020		
NUE566	9514,3	0,163	1,6E-01	9,08	NUE545	9482,4	0,020	7,1E-01	1,36
NUE566	9514,1	0,172	7,0E-01	15,02	Controle		0,020		
Controle		0,150			NUE549	9343,6	0,023	2,7E-01	14,91
NUE568	9471,3	0,160	1,8E-01	6,55	NUE549	9342,3	0,021	5,1E-01	3,66
Controle		0,150			Controle		0,020		
NUE573	9493,4	0,172	3,8E-01	14,54	NUE560	9424,1	0,023	1,3E-04	18,35
NUE573	9491,2	0,181	3,3E-04	20,87	NUE560	9424,3	0,021	8,0E-02	4,76
NUE573	9492,2	0,155	8,9E-01	3,21	NUE560	9422,1	0,020	3,1E-01	3,38
Controle		0,150			Controle		0,020		
NUE578	9524,1	0,147	9,3E-01	-1,70	NUE568	9461,2	0,024	1,3E-05	21,77
Controle		0,150			Controle		0,020		
NUE580	9552,3	0,180	1,9E-01	19,99	NUE573	9491,2	0,023	1,1E-01	14,40
Controle		0,150			NUE573	9492,2	0,021	3,6E-02	5,14
NUE585	9661,1	0,150	1,8E-01	11,29	Controle		0,020		
Controle		0,135			NUE578	9524,1	0,022	8,2E-04	10,87
					Controle		0,020		
					NUE580	9551,3	0,025	7,2E-02	24,52
					NUE580	9554,4	0,023	9,7E-02	14,78
					Controle		0,020		
					NUE585	9662,4	0,021	7,5E-02	6,26
					NUE585	9661,1	0,022	5,2E-03	9,36
					Controle		0,020		

[00345] Tabela 33: Análise da produção de sementes e peso de plantas transgênicas que superexpressam a polinucleotídeos exógenos de algumas modalidades da invenção (usando os genes clonados ou sintéticas listadas na Tabela 23 acima), sob a regulação de um promotor constitutivo (35S), quando cultivadas sob deficiência de nitrogênio condições (1,5 mM KNO₃, 1 mM

KH_2PO_4 , 1 mM MgSO_4 . 3.6 mM K_2SO_4 , 2 mM CaCl_2 e microelementos) em relação ao controle de plantas."Incr." = Acréscimo, "Ave". = Média.

Tabela 34

Plantas transgênicas expressando exogenamente polinucleotídeos de algumas modalidades da invenção apresentam melhor índice de colheita em condições de nitrogênio deficiente de crescimento.

Nome do Gene	Evento #	Índice de Colheita		
		Média	valor-p	% aumento
NUE525	9534,1	0,321	1,9E-01	6,99
NUE525	9533,1	0,319	7,0E-01	6,25
NUE525	9533,4	0,322	4,8E-01	7,18
NUE525	9531,1	0,356	3,5E-02	18,72
Controle		0,300		
NUE536	9234,1	0,344	6,9E-02	20,95
NUE536	9231,3	0,298	3,7E-01	4,68
Controle		0,285		
NUE545	9482,4	0,328	2,0E-01	9,31
Controle		0,300		
NUE549	9341,1	0,337	2,9E-02	12,21
NUE549	9342,3	0,322	6,8E-01	7,19
Controle		0,300		
NUE560	9424,3	0,316	9,5E-02	10,86
NUE560	9422,1	0,318	8,2E-02	11,60
Controle		0,285		
NUE565	9443,4	0,335	3,9E-01	11,59
Controle		0,300		
NUE566	9514,1	0,351	5,8E-01	17,05
Controle		0,300		

[00346] Tabela 34: Análise de índice de colheita de plantas transgênicas que superexpressam a polinucleotídeos exógenos de algumas modalidades da invenção (usando os genes clonados ou sintéticas listadas na Tabela 23 acima), sob a regulação de um promotor constitutivo (35S), quando cultivadas sob condições de deficiência de nitrogênio (1,5 mM, KNO_3 1 mM KH_2PO_4 , 1 mM MgSO_4 . 3,6 mM K_2SO_4 , 2 mM CaCl_2 e microelementos) em relação ao controle de plantas.

Tabela 35

Plantas transgênicas expressando exogenamente polinucleotídeos de algumas modalidades da invenção apresentaram melhor o peso seco sob nitrogênio condições de crescimento deficiente

Nome do gene	Evento #	Peso seco		
		Média	valor-p	% aumento
NUE241	9631,6	0,569	5,2E-01	11,66
NUE241	9632,3	0,613	8,0E-02	20,25
Controle		0,509		
NUE248	8982,3	0,534	2,9E-01	13,35
Controle		0,471		
NUE525	9531,3	0,600	4,3E-01	17,79
Controle		0,509		
NUE545	9482,4	0,561	2,9E-01	10,18
Controle		0,509		
NUE549	9342,2	0,541	7,3E-01	6,13
Controle		0,509		
NUE565	9444,1	0,589	6,5E-01	15,71
NUE565	9443,4	0,609	3,4E-02	19,63
Controle		0,509		
NUE566	9514,3	0,637	5,2E-01	24,96
Controle		0,509		
NUE568	9471,3	0,515	8,9E-01	1,10
NUE568	9462,3	0,639	1,4E-02	25,52
Controle		0,509		
NUE573	9493,4	0,581	2,9E-01	14,15
NUE573	9491,2	0,613	3,4E-02	20,37
NUE573	9492,2	0,683	4,2E-02	33,99
Controle		0,509		
NUE580	9552,3	0,561		10,18
NUE580	9551,3	0,634	2,4E-01	24,42
NUE580	9554,4	0,526	7,0E-01	3,31
Controle		0,509		
NUE585	9661,1	0,519	4,6E-01	10,30
Controle		0,471		

[00347] Tabela 35: Análise do peso seco de plantas transgênicas que superexpressam a polinucleotídeos exógenos de algumas modalidades da invenção (usando os genes clonados ou sintéticas listadas na Tabela 23 acima), sob a regulação de um promotor constitutivo (35S), quando cultivadas sob condições de deficiência de nitrogênio (1,5 mM KNO₃, 1 mM KH₂PO₄, 1 mM MgSO₄. 3,6 mM K₂SO₄, 2 mM CaCl₂ e microelementos) em relação ao controle de plantas.

[00348] Os genes apresentadas nos Quadros 36 e 37, neste documento adiante, melhoraram o NUE das plantas, pois proporcionaram maior produção de sementes, índice de colheita, peso de grãos (expresso em peso de 1000 sementes) e biomassa vegetal [(expressos como peso da planta seca (DW)] quando cultivadas em condições de nitrogênio padrão para o crescimento, comparado ao controle de plantas indicando a alta capacidade da planta para

melhor metabolização do nitrogênio presente no meio.

[00349] As Tabelas 36 e 37 mostram as análises de peso seco, rendimento de grãos, índice de colheita, tamanho da semente (expresso em peso de 1000 sementes), quando cultivadas sob condições padrão de nitrogênio (6 mM de KNO₃, 1 mM KH₂PO₄, 1 mM MgSO₄ 2 MM CaCl₂ e microelementos) nas plantas com superexpressão da polinucleotídeos de algumas modalidades da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi realizada por testes de desempenho de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecidos e os resultados obtidos foram repetidos. Evento com valor de p <0,1 foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 36

Plantas transgênicas expressando exogenamente polinucleotídeos de algumas modalidades da invenção apresentam biomassa vegetal melhorado (peso seco) e produção de sementes em condições de nitrogênio padrão

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco			Nome do Gene	Evento #	Produção da Semente		
		Média	Valor-P	% aumento			Média	Valor-P	% aumento
NUE255	9431,4	1,394	5,6E-01	14,344	NUE234	9162,5	0,523	1,0E-01	16,207
NUE255	9432,1	1,499	5,9E-02	22,894	Controle		0,450		
NUE255	9433,1	1,409	1,0E-01	15,530	NUE241	9631,4	0,364	3,0E-01	12,185
Controle		1,219			Controle		0,414		
NUE525	9531,1	1,635	6,1E-03	34,085	NUE255	9431,4	0,436	7,4E-01	5,346
Controle		1,219			NUE255	9432,1	0,483	3,5E-01	16,593
NUE545	9484,2	1,246	7,0E-01	2,204	NUE255	9433,1	0,444	1,0E-01	7,100
NUE545	9481,3	1,631	3,4E-04	33,726	Controle		0,414		
Controle		1,219			NUE525	9534,1	0,486	2,6E-03	17,328
NUE549	9341,1	1,381	6,7E-02	13,275	NUE525	9531,1	0,504	4,0E-01	21,719
NUE549	9342,3	1,310	2,7E-01	7,432	Controle		0,414		
Controle		1,219			NUE549	9341,1	0,447	6,4E-01	8,031
NUE563	9451,1	1,303	5,6E-01	6,868	Controle		0,414		
NUE563	9452,3	1,473	1,6E-02	20,788	NUE563	9451,1	0,419	8,6E-01	1,237
Controle		1,219			NUE563	9452,3	0,454	6,5E-01	9,572
NUE565	9443,2	1,348	9,3E-02	10,507	Controle		0,414		
NUE565	9444,3	1,376	4,7E-01	12,814	NUE566	9512,4	0,458	1,8E-01	10,657
Controle		1,219			Controle		0,414		
NUE566	9512,4	1,471	5,8E-03	20,605	NUE568	9464,2	0,429	8,6E-01	3,674
Controle		1,219			NUE568	9462,3	0,423	7,7E-01	2,233
NUE568	9461,2	1,571	8,6E-04	28,806	Controle		0,414		
NUE568	9464,2	1,366	4,9E-01	11,994	NUE573	9491,4	0,455	5,1E-01	9,769
NUE568	9462,3	1,288	3,8E-01	5,638	NUE573	9492,1	0,486	4,5E-01	17,465
Controle		1,219			NUE573	9493,4	0,449	7,5E-01	8,482
NUE573	9491,4	1,249	8,9E-01	2,460	Controle		0,414		
NUE573	9492,1	1,668	1,3E-01	36,802	NUE582	9561,2	0,452	4,7E-01	9,239

Nome do Gene	Evento#	Índice de colheita			Nome do Gene	Evento#	Seed Weight		
		Média	Valor-P	% aumento			Média	Valor-P	% aumento
					NUE573	9491,2	0,023	4,0E-01	14,335
					Controle		0,021		
					NUE582	9561,2	0,024	1,6E-03	15,172
					Controle		0,021		

[00351] Tabela 37: Análise de índice de colheita e peso de sementes de plantas transgênicas que superexpressam a polinucleotídeos exógenos de algumas modalidades da invenção (usando os genes clonados ou sintéticas listadas na Tabela 23 acima), sob a regulação de um promotor constitutivo (35S), quando cultivada sob o padrão condições de nitrogênio (6 mM de KNO₃, 1 mM KH₂PO₄, 1 mM MgSO₄, 2 mM CaCl₂ e microelementos) em relação ao controle de plantas. "Incr." = Acréscimo; "RGR" = taxa de crescimento relativo, "Ave". = Média.

[00352] Melhoria da área de roseta, assim como a taxa de crescimento roseta suporta o fato de que plantas podem produzir maior quantidade de biomassa vegetal por meio de um melhor aproveitamento do nitrogênio disponível no solo. Além disso, uma produção de um maior número de folhas, bem como uma parcela maior cobertura quando cultivada em condições de baixo teor de azoto indicar uma maior capacidade fotossintética da planta, quando cultivada em condições de crescimento de nitrogênio

[00353] Os genes apresentadas nos Quadros 38 e 39, neste documento adiante, melhoraram o NUE da planta e produziram maior quantidade de biomassa de plantas quando cultivadas sob condições de limitar o crescimento de nitrogênio, em comparação com plantas controle. Além disso, uma produção de um maior número de folhas, bem como uma maior cobertura de plano, quando cultivada em condições de baixo teor de azoto indicar uma maior capacidade fotossintética da planta, quando cultivada em condições de nitrogênio para baixo crescimento

[00354] Tabelas 38 e 39 mostram as análises da área de roseta e número de folhas (diâmetro da roseta, área de roseta, número de folhas, área de lâmina foliar e cobertura do terreno), quando cultivadas sob condições

limitantes de nitrogênio (1,5 mM KNO₃, 1 mM KH₂PO₄, 1 mM MgSO₄, 3,6 mM MgSO₄, 2 mM CaCl₂ e microelementos) em plantas com superexpressão de polinucleotídeos de algumas modalidades da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi realizada por testes de desempenho de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecidos e os resultados obtidos foram repetidos. Evento com valor de $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 38

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem performance de crescimento de rosácea aprimorada (diâmetro e área da rosácea e cobertura da planta) sob condições de deficiência de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Diâmetro da Rosa [cm]			Área da Rosa [cm ²]			Cobertura do Lote [%]		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE234	9163,4	2,26	1,6E-01	8,49	1,634	2,7E-01	7,24	13,07	2,7E-01	7,24
Controle		2,08			1,523			12,19		
NUE241	9632,3	1,72	4,1E-01	20,77	1,008	5,3E-01	42,18	8,06	5,3E-01	42,18
NUE241	9631,4	1,57	6,4E-02	10,20	0,886	1,7E-03	24,97	7,09	1,7E-03	24,97
Controle		1,42			0,709			5,67		
NUE249	9122,2	2,20	2,3E-01	5,86	1,696	2,6E-01	11,33	13,57	2,6E-01	11,33
Controle		2,08			1,523			12,19		
NUE525	9534,1	1,84	9,3E-02	29,75	1,255	6,6E-02	77,06	9,45	1,9E-01	66,71
NUE525	9531,2	1,83	2,1E-02	29,02	1,191	8,3E-02	68,09	8,98	2,2E-01	58,33
NUE525	9533,1	1,74	7,1E-02	22,38	1,060	1,4E-01	49,54	8,48	1,4E-01	49,54
NUE525	9531,3	1,58	4,3E-01	11,39	0,884	5,3E-01	24,70	7,07	5,3E-01	24,70
NUE525	9533,4	1,71	1,5E-03	20,13	1,048	1,5E-04	47,84	8,38	1,5E-04	47,84
NUE525	9531,1	1,62	8,0E-02	13,70	1,025	2,8E-02	44,64	8,20	2,8E-02	44,64
Controle		1,42			0,709			5,67		
NUE536	9234,1	2,29	2,1E-02	9,74	1,734	3,2E-01	13,79	13,87	3,2E-01	13,79
Controle		2,08			1,523			12,19		
NUE545	9484,2	1,97	1,5E-07	38,83	1,311	4,1E-08	84,91	10,49	4,1E-08	84,91
NUE545	9482,4	1,71	2,1E-01	19,99	0,999	2,1E-01	40,87	7,99	2,1E-01	40,87
NUE545	9481,3	1,79	4,6E-01	26,22	1,025	4,9E-01	44,66	8,20	4,9E-01	44,66
NUE545	9484,4	2,01	1,6E-07	41,45	1,265	2,1E-05	78,42	10,12	2,1E-05	78,42
Controle		1,42			0,709			5,67		
NUE549	9341,1	1,61		13,18	0,956	2,2E-01	34,91	7,65	2,2E-01	34,91
Controle		1,42			0,709			5,67		
NUE563	9454,1	1,61	1,6E-01	13,12	0,930	1,0E-01	31,25	7,44	1,0E-01	31,25
NUE563	9452,3	1,56	4,6E-01	10,02	0,828	5,7E-01	16,76	6,62	5,7E-01	16,76
NUE563	9453,4	1,72	1,7E-01	21,08	1,077	1,9E-01	51,96	8,62	1,9E-01	51,96
NUE563	9452,1	1,48	7,5E-02	4,31	0,720	8,4E-01	1,64	5,76	8,4E-01	1,64
Controle		1,42			0,709			5,67		
NUE565	9444,1	1,72	3,1E-01	20,73	0,889	2,7E-01	25,43	7,11	2,7E-01	25,43
NUE565	9442,4	1,63	8,5E-04	14,54	0,839	9,5E-02	18,42	6,72	9,5E-02	18,42

Nome do Gene	Evento #	Diâmetro da Rosa [cm]			Área da Rosa [cm ²]			Cobertura do Lote [%]		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
Controle		1,42			0,709			5,67		
NUE566	9514,3	1,75	2,1E-01	22,85	1,113	2,3E-01	56,97	8,27	1,2E-01	45,76
NUE566	9513,1	1,63	3,0E-01	14,74	0,915	2,3E-01	29,04	7,32	2,3E-01	29,04
NUE566	9512,4	1,58	5,0E-01	11,26	0,927	4,3E-01	30,79	7,42	4,3E-01	30,79
NUE566	9514,1	1,72	6,9E-02	21,08	1,061	2,3E-01	49,66	8,02	3,7E-01	41,52
Controle		1,42			0,709			5,67		
NUE568	9474,4	1,66	2,3E-01	16,75	0,937	2,9E-02	32,20	7,50	2,9E-02	32,20
NUE568	9461,2	1,79	2,1E-01	26,22	1,216	1,6E-01	71,50	9,72	1,6E-01	71,50
NUE568	9462,4	1,76	3,3E-01	23,46	1,072	2,7E-01	51,17	8,57	2,7E-01	51,17
NUE568	9462,3	1,69	5,8E-02	19,20	1,005	1,8E-01	41,72	8,04	1,8E-01	41,72
NUE568	9463,4	1,78	2,3E-01	25,46	1,018	3,6E-01	43,57	8,14	3,6E-01	43,57
NUE568	9473,3	1,52	3,4E-01	6,95	0,826	1,9E-01	16,55	6,61	1,9E-01	16,55
Controle		1,42			0,709			5,67		
NUE573	9491,4	1,72	2,1E-01	21,02	1,007	2,4E-01	42,03	8,05	2,4E-01	42,03
NUE573	9492,1	2,01	1,1E-05	41,63	1,404	4,1E-03	98,05	11,23	4,1E-03	98,05
NUE573	9493,4	1,77	4,9E-06	24,30	1,106	3,3E-04	56,00	8,31	1,5E-01	46,46
NUE573	9494,3	1,82	1,4E-06	27,69	1,177	6,2E-03	66,10	9,42	6,2E-03	66,10
NUE573	9491,2	1,79	1,2E-01	26,17	1,115	1,8E-01	57,32	8,92	1,8E-01	57,32
NUE573	9492,2	1,75	1,2E-01	22,83	1,016	1,5E-01	43,40	8,13	1,5E-01	43,40
Controle		1,42			0,709			5,67		
NUE575	9501,4	2,04	1,4E-02	43,55	1,338	8,7E-08	88,73	10,70	8,7E-08	88,73
NUE575	9504,1	1,93	1,8E-01	35,73	1,259	2,5E-01	77,60	10,07	2,5E-01	77,60
NUE575	9503,1	1,84	2,2E-01	29,22	1,282	2,0E-01	80,88	10,26	2,0E-01	80,88
NUE575	9502,1	1,73	2,7E-01	21,38	1,097	2,1E-01	54,82	8,78	2,1E-01	54,82
Controle		1,42			0,709			5,67		
NUE578	9524,3	1,92	6,1E-02	34,78	1,274	4,5E-02	79,68	10,19	4,5E-02	79,68
NUE578	9524,1	2,13	1,5E-01	49,88	1,602	1,4E-01	126,00	12,12	2,2E-01	####
NUE578	9523,3	1,97	1,9E-02	38,35	1,400	4,0E-02	97,45	11,20	4,0E-02	97,45
NUE578	9522,3	1,75	4,8E-04	22,83	1,095	6,4E-05	54,54	8,76	6,4E-05	54,54
Controle		1,42			0,709			5,67		
NUE580	9552,3	1,52	1,2E-01	6,68	0,783	3,5E-02	10,46	6,26	3,5E-02	10,46
NUE580	9551,3	1,71	1,7E-01	19,93	1,049	2,0E-01	48,02	8,39	2,0E-01	48,02
NUE580	9553,4	1,73	1,1E-05	21,63	1,058	5,1E-06	49,24	8,46	5,1E-06	49,24
NUE580	9551,4	1,85	6,7E-02	30,17	1,284	6,8E-02	81,21	10,28	6,8E-02	81,21
NUE580	9554,4	1,70	2,7E-01	19,55	1,084	2,8E-01	52,96	8,67	2,8E-01	52,96
Controle		1,42			0,709			5,67		
NUE582	9561,1	1,73	3,0E-01	21,81	1,026	3,3E-01	44,69	7,60	2,5E-01	34,04
NUE582	9562,1	1,60	3,4E-01	12,36	0,985	2,2E-01	38,99	7,88	2,2E-01	38,99
NUE582	9562,4	1,58	4,7E-01	11,39	0,920	4,7E-01	29,79	7,00	6,1E-01	23,36
NUE582	9563,3	1,76	2,1E-01	23,73	1,071	1,4E-01	51,05	8,57	1,4E-01	51,05
NUE582	9561,2	1,92	6,2E-02	34,91	1,328	9,8E-02	87,34	10,02	2,1E-01	76,63
Controle		1,42			0,709			5,67		

[00355] Tabela 38: Análises de diâmetro de rosácea e cobertura da planta de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob condições de deficiência de nitrogênio (1,5 mM KN03, 1 mM KH2P04, 1 mM MgS04. 3,6 mM K2S04, 2 mM CaCl2 e microelementos) em comparação com as plantas de controle.

"Incr." = incremento; "Ave." = média.

Tabela 39

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem performance de crescimento de rosácea aprimorada (número de folhas e lâmina da folha) sob condições de deficiência de nitrogênio.

Nome do Gene	Evento #	Número de folhas			Área de Lâminas foliares [cm ²]		
		Média	Valor-p	% aumento	Média	p-value	% aumento
NUE241	9632,3	8,0	6,4E-01	7,34	0,174	5,3E-01	30,98
NUE241	9631,4	8,3	1,6E-01	10,69	0,156	2,8E-02	17,43
Controle		7,5			0,133		
NUE249	9122,2	9,8	1,1E-01	4,20	0,266	4,7E-02	12,23
Controle		9,4			0,237		
NUE525	9534,1	8,8	5,9E-02	17,88	0,199	1,6E-01	49,90
NUE525	9531,2	8,9	3,6E-05	19,80	0,181	4,1E-02	36,68
NUE525	9533,1	7,8	1,9E-02	4,82	0,175	3,3E-01	31,80
NUE525	9531,3	7,6	8,6E-01	2,31	0,149	6,4E-01	12,26
NUE525	9533,4	8,3	8,0E-02	11,53	0,176	2,0E-02	32,40
NUE525	9531,1	8,4	3,0E-05	12,37	0,161	3,4E-03	21,39
Controle		7,5			0,133		
NUE536	9234,1	9,4	9,7E-01	0,19	0,266	3,0E-01	12,00
Controle		9,4			0,237		
NUE545	9484,2	8,7	4,6E-02	16,56	0,216	2,8E-03	62,69
NUE545	9482,4	8,0	4,7E-01	7,34	0,174	1,6E-01	31,20
NUE545	9481,3	7,8	7,2E-01	3,98	0,188	4,7E-01	41,85
NUE545	9484,4	8,3	1,6E-01	10,69	0,207	2,6E-07	56,09
Controle		7,5			0,133		
NUE549	9341,1	7,9	6,7E-01	5,66	0,160	8,3E-02	20,34
Controle		7,5			0,133		
NUE563	9454,1	8,3	1,6E-01	10,69	0,154	1,7E-01	16,19
NUE563	9452,3	7,4	9,8E-01	-0,21	0,150	6,1E-01	13,28
NUE563	9453,4	8,1	1,9E-01	9,01	0,181	2,2E-01	36,86
NUE563	9452,1				0,141	4,4E-01	6,33
Controle		7,5			0,133		
NUE565	9444,1	7,7	8,6E-02	3,14	0,162	2,2E-01	21,85
NUE565	9442,4	7,8	1,9E-02	4,82	0,148	1,4E-01	11,60
Controle		7,5			0,133		
NUE566	9514,3	7,8	4,5E-01	4,94	0,188	5,6E-02	41,70
NUE566	9513,1	7,8	1,8E-01	3,98	0,162	3,2E-01	22,40
NUE566	9512,4	8,1	5,4E-01	8,18	0,170	3,9E-01	28,31
NUE566	9514,1	8,0	4,2E-01	7,82	0,180	1,9E-01	35,77
Controle		7,5			0,133		
NUE568	9474,4	7,9	3,1E-01	5,66	0,175	4,2E-02	31,80
NUE568	9461,2	8,6	9,9E-03	15,72	0,195	9,6E-02	47,20
NUE568	9462,4	8,1	1,3E-01	8,18	0,193	3,2E-01	45,51
NUE568	9462,3	7,8	5,7E-01	3,98	0,176	5,3E-02	32,52
NUE568	9463,4	7,6	6,1E-01	2,31	0,185	3,7E-01	39,91
NUE568	9473,3	7,9	4,6E-01	6,50	0,148	1,8E-01	11,71
Controle		7,5			0,133		
NUE573	9491,4	7,9	6,7E-01	5,66	0,168	2,6E-01	27,07
NUE573	9492,1	9,1	6,1E-02	22,43	0,234	3,8E-02	76,54
NUE573	9493,4	8,0	3,1E-01	7,94	0,193	9,4E-07	45,94

NUE573	9494,3	8,1	3,6E-02	9,01	0,193	1,3E-05	45,95
NUE573	9491,2	8,7	2,0E-01	16,56	0,181	2,2E-01	36,33
NUE573	9492,2	7,6	6,7E-01	1,47	0,183	5,8E-02	38,25
Controle		7,5			0,133		
NUE575	9501,4	8,5	1,1E-01	14,05	0,216	1,9E-02	62,82
NUE575	9504,1	8,5	2,0E-01	14,05	0,214	2,2E-01	61,54
NUE575	9503,1	8,4	3,8E-01	13,21	0,207	2,1E-01	55,92
NUE575	9502,1	8,4	2,5E-01	13,21	0,182	2,6E-01	37,35
Controle		7,5			0,133		
NUE578	9524,3	8,4	2,3E-01	12,37	0,208	1,5E-07	57,07
NUE578	9524,1	9,1	1,3E-01	22,19	0,242	1,6E-01	82,58
NUE578	9523,3	8,8	3,1E-06	17,40	0,223	7,2E-02	68,19
NUE578	9522,3	8,4	2,3E-01	12,37	0,178	2,4E-04	34,51
Controle		7,5			0,133		
NUE580	9552,3	8,1	1,6E-03	8,18	0,135	6,4E-01	1,85
NUE580	9551,3	8,5	1,3E-05	14,05	0,175	2,4E-01	31,72
NUE580	9553,4	7,9	1,8E-01	6,50	0,185	1,4E-01	39,73
NUE580	9551,4	8,5	2,0E-01	14,05	0,202	2,0E-05	52,26
NUE580	9554,4	7,9	9,4E-02	5,66	0,183	3,4E-01	38,26
Controle		7,5			0,133		
NUE582	9561,1	8,3	2,8E-01	11,29	0,171	3,9E-01	28,94
NUE582	9562,1	8,1	1,9E-01	9,01	0,168	3,4E-01	26,84
NUE582	9562,4	7,7	5,3E-01	2,67	0,164	5,0E-01	24,06
NUE582	9563,3	8,4	1,0E-04	13,21	0,186	1,5E-01	40,09
NUE582	9561,2	8,7	7,5E-02	16,08	0,217	1,5E-01	63,53
Controle		7,5			0,133		

[00356] Tabela 39: As análises de número de folhas e lâmina da folha de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo 35S quando cultivada sob condições de deficiência de nitrogênio (1,5 mM KN03, 1 mM KH2P04, 1 mM MgS04. 3.6 mM K2SO4, 2 mM CaCl2 e microelementos) em comparação com as plantas de controle. "Incr." = incremento; "Ave." = média.

[00357] Os genes apresentados nas Tabelas 40 e 41, mostrados abaixo, aprimoraram a taxa de crescimento da planta quando cultivada em níveis limitados de fertilização com nitrogênio. Esses genes aprimoraram a taxa de crescimento da rosácea e cobriram mais rapidamente o solo quando cultivada em condições limitadas de crescimento de nitrogênio.

[00358] Tabelas 40 e 41 descrevem as análises de taxa de crescimento de diâmetro da rosácea, área da rosácea, área da lâmina da folha, número de folhas e cobertura da planta quando cultivada sob condições limitadas de

nitrogênio (1,5 mM KN03, 1 mM KH2P04, 1 mM MgS04, 3,6 mM K2S04, 2 mM CaCl2 e microelementos) em plantas que superexpressam os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi feita testando-se a performance de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecido e os resultados obtidos foram repetidos. Evento com valor $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 40

Plantas transgênicas que superexpressam de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem taxa de crescimento aprimorada (taxa de crescimento relativo da área da lâmina da folha e taxa de crescimento da rosácea do número de folhas) sob condições de deficiência de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	RGR Of Leaf Blade Área			RGR Of Leaf Number		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE241	9633,4	0,016	8,8E-01	1,45	0,567	0,330	13,34
NUE241	9632,3	0,021	4,2E-02	30,38	0,548	0,538	9,72
NUE241	9631,4	0,019	6,1E-02	17,16	0,536	0,579	7,27
Controle		0,016			0,500		
NUE525	9534,1	0,023	6,7E-05	43,97	0,612	0,105	22,43
NUE525	9531,2	0,020	6,2E-03	25,68	0,661	0,016	32,14
NUE525	9533,1	0,020	2,0E-02	25,03	0,503	0,954	0,71
NUE525	9531,3	0,017	7,1E-01	3,98	0,508	0,918	1,54
NUE525	9533,4	0,020	1,4E-02	22,12	0,560	0,372	11,94
NUE525	9531,1	0,018	1,3E-01	13,01	0,557	0,392	11,36
Controle		0,016			0,500		
NUE545	9484,2	0,026	1,1E-07	60,54			
NUE545	9482,4	0,021	6,0E-03	28,52			
NUE545	9482,2	0,018		9,81			
NUE545	9481,3	0,022	2,1E-02	39,32			
NUE545	9484,4	0,025	1,3E-06	54,25			
Controle		0,016					
NUE549	9341,1	0,018	1,6E-01	12,49			
Controle		0,016					
NUE563	9454,1	0,018	1,4E-01	13,13	0,544	0,509	8,79
NUE563	9452,3	0,018	3,7E-01	9,76			
NUE563	9453,4	0,021	2,7E-03	30,97	0,580	0,223	16,07
Controle		0,016			0,500		
NUE565	9444,1	0,020	3,2E-02	21,06			
Controle		0,016					
NUE566	9514,3	0,022	3,5E-03	34,09	0,558	0,384	11,55
NUE566	9513,1	0,020	3,2E-02	22,23	0,551	0,432	10,19
NUE566	9512,4	0,021	1,2E-02	31,16	0,575	0,285	14,98
NUE566	9514,1	0,021	5,5E-03	29,97	0,515		3,05

Nome do Gene	Evento #	RGR Of Leaf Blade Área			RGR Of Leaf Number		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
Controle		0,016			0,500		
NUE568	9474,4	0,022	6,2E-04	34,41			
NUE568	9461,2	0,024	1,2E-04	46,02	0,567	0,327	13,35
NUE568	9462,4	0,024	5,3E-04	48,85	0,527	0,687	5,52
NUE568	9462,3	0,022	1,2E-03	35,77			
NUE568	9463,4	0,022	2,5E-03	38,12			
Controle		0,016			0,500		
NUE573	9491,4	0,018	1,4E-01	14,16			
NUE573	9492,1	0,029	7,4E-09	77,15	0,606	0,122	21,29
NUE573	9493,4	0,023	9,0E-05	42,33	0,539	0,549	7,79
NUE573	9494,3	0,023	1,3E-04	40,79	0,573	0,271	14,63
NUE573	9491,2	0,020	9,4E-03	26,53	0,565	0,383	13,00
NUE573	9492,2	0,022	4,2E-04	39,19			
Controle		0,016			0,500		
NUE575	9501,4	0,026	2,8E-07	59,00	0,554	0,441	10,78
NUE575	9504,3	0,016	8,9E-01	-1,86	0,517	0,813	3,41
NUE575	9504,1	0,025	1,3E-04	55,64	0,560	0,398	12,06
NUE575	9503,1	0,024	1,4E-04	51,12	0,615	0,126	23,04
NUE575	9502,1	0,021	1,5E-02	28,36	0,513	0,852	2,58
Controle		0,016			0,500		
NUE578	9524,3	0,025	4,9E-06	56,63	0,575	0,268	14,98
NUE578	9524,1	0,029	3,0E-07	77,86	0,630	0,050	25,93
NUE578	9523,3	0,027	6,9E-08	65,64	0,561	0,372	12,29
NUE578	9522,3	0,021	1,6E-03	32,66	0,606	0,119	21,29
Controle		0,016			0,500		
NUE580	9551,3	0,021	6,5E-03	28,15	0,538	0,545	7,62
NUE580	9554,2				0,564	0,339	12,76
NUE580	9553,4	0,023	1,5E-04	40,79	0,526	0,686	5,28
NUE580	9551,4	0,024	1,3E-05	47,33	0,524	0,734	4,82
NUE580	9554,4	0,022	4,0E-03	37,25			
Controle		0,016			0,500		
NUE582	9561,1	0,021	1,3E-02	29,36	0,585	0,225	16,94
NUE582	9562,1	0,020	1,8E-02	26,50	0,560	0,379	11,94
NUE582	9562,4	0,020	3,7E-02	26,29	0,556	0,464	11,24
NUE582	9563,3	0,023	1,7E-04	44,35	0,615	0,113	23,04
NUE582	9561,2	0,026	1,4E-06	61,66	0,605	0,124	21,11
Controle		0,016			0,500		

[00359] Tabela 40: As análises de taxa de crescimento (taxa de crescimento relativo da área da lâmina da folha e taxa de crescimento da rosácea do número de folhas) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob condições de deficiência de nitrogênio (1,5 mM KNO₃, 1 mM KH₂P0₄, 1 mM MgS0₄. 3,6 mM K₂S0₄, 2 mM CaCl₂ e microelementos) em comparação com as plantas de controle.

Tabela 41

Plantas transgênicas que superexpressam de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem taxa de crescimento aprimorada (taxa de crescimento relativo da área e diâmetro da rosácea e da cobertura da planta) sob condições de deficiência de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	RGR OfRosette Área			RGR OfRosette Diameter			RGR OfPlot Coverage		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE241	9633,4	0,102	2,9E-01	13,04	0,130	6,4E-01	-3,23	0,82	2,9E-01	13,04
NUE241	9632,3	0,131	2,2E-02	44,18	0,163	5,3E-02	21,41	1,05	2,2E-02	44,18
NUE241	9631,4	0,114	2,6E-02	25,68	0,151	8,4E-02	12,12	0,91	2,6E-02	25,68
Controle		0,091			0,135			0,72		
NUE525	9534, 1	0,160	3,4E-07	76,36	0,164	3,4E-03	21,78	1,20	2,3E-05	66,06
NUE525	9531,2	0,150	3,9E-06	65,52	0,161	7,7E-03	19,52	1,13	2,0E-04	55,87
NUE525	9533, 1	0,135	3,4E-04	48,53	0,153	5,1E-02	13,37	1,08	3,4E-04	48,53
NUE525	9531, 3	0,111	1,1E-01	22,62	0,135	9,8E-01	0,21	0,89	1,1E-01	22,62
NUE525	9533, 4	0,130	3,6E-04	43,83	0,149	1,1E-01	11,07	1,04	3,6E-04	43,83
NUE525	9531, 1	0,129	6,5E-04	42,14	0,140	5,5E-01	4,10	1,03	6,5E-04	42,14
Controle		0,091			0,135			0,72		
NUE545	9484,2	0,168	4,4E-08	85,85	0,184	4,2E-06	36,37	1,35	4,4E-08	85,85
NUE545	9482, 4	0,127	3,1E-03	40,34	0,154	6,9E-02	14,35	1,02	3,1E-03	40,34
NUE545	9482,2	0,098		8,66	0,135	9,6E-01	0,34	0,79	4,4E-01	8,66
NUE545	9481, 3	0,130	2,3E-02	43,77	0,173	3,3E-02	28,42	1,04	2,3E-02	43,77
NUE545	9484, 4	0,163	2,7E-07	79,91	0,194	4,6E-07	43,83	1,30	2,7E-07	79,91
Controle		0,091			0,135			0,72		
NUE549	9341, 1	0,118	1,4E-02	30,70	0,140	6,0E-01	3,79	0,95	1,4E-02	30,70
Controle		0,091			0,135			0,72		
NUE563	9454, 1	0,119	9,5E-03	31,19	0,148	1,5E-01	9,88	0,95	9,5E-03	31,19
NUE563	9452, 3	0,104	2,4E-01	15,20	0,140	6,0E-01	4,00	0,84	2,4E-01	15,20
NUE563	9453, 4	0,137	2,1E-04	51,54	0,155	3,6E-02	15,50	1,10	2,1E-04	51,54
Controle		0,091			0,135			0,72		
NUE565	9444, 1	0,111	6,2E-02	22,99	0,157	6,4E-02	16,45	0,89	6,2E-02	22,99
Controle		0,091			0,135			0,72		
NUE566	9514, 3	0,143	3,0E-04	58,15	0,162	4,2E-02	20,44	1,07	6,9E-04	47,03
NUE566	9513, 1	0,118	1,7E-02	30,34	0,155	4,8E-02	14,92	0,94	1,7E-02	30,34
NUE566	9512, 4	0,121	2,4E-02	33,06	0,156	7,6E-02	15,84	0,96	2,4E-02	33,06
NUE566	9514, 1	0,134	1,1E-03	48,17	0,160	1,1E-02	18,57	1,02	1,0E-02	40,14
Controle		0,091			0,135			0,72		
NUE568	9474, 4	0,121	7,0E-03	33,08	0,160	1,2E-02	19,19	0,96	7,0E-03	33,08
NUE568	9461,2	0,157	7,6E-06	73,36	0,170	4,1E-03	26,24	1,26	7,6E-06	73,36
NUE568	9462, 4	0,139	5,3E-04	53,79	0,172	5,8E-03	27,76	1,11	5,3E-04	53,79
NUE568	9462, 3	0,131	1,4E-03	44,88	0,167	1,3E-03	23,84	1,05	1,4E-03	44,88
NUE568	9463, 4	0,129	3,7E-03	42,01	0,159	2,5E-02	18,33	1,03	3,7E-03	42,01
Controle		0,091			0,135			0,72		
NUE573	9491,4	0,123	6,0E-03	35,42	0,149	1,7E-01	10,44	0,98	6,0E-03	35,42
NUE573	9492, 1	0,182	5,7E-09	100,76	0,190	1,2E-06	41,04	1,46	5,7E-09	100,76
NUE573	9493, 4	0,141	5,6E-05	55,36	0,166	2,1E-03	23,03	1,06	6,8E-04	45,86
NUE573	9494, 3	0,151	5,3E-06	66,87	0,171	6,6E-04	26,79	1,21	5,3E-06	66,87
NUE573	9491,2	0,139	1,3E-04	53,69	0,164	1,1E-02	21,53	1,11	1,3E-04	53,69
NUE573	9492,2	0,130	1,5E-03	43,69	0,165	4,8E-03	22,63	1,04	1,5E-03	43,69
Controle		0,091			0,135			0,72		
NUE575	9501,4	0,172	9,2E-09	89,99	0,198	1,1E-07	47,36	1,38	9,2E-09	89,99
NUE575	9504, 3	0,095	7,7E-01	4,69	0,135	1,0E+0 0	-0,04	0,76	7,7E-01	4,69
NUE575	9504, 1	0,160	4,5E-05	76,22	0,178	3,5E-03	32,48	1,28	4,5E-05	76,22
NUE575	9503, 1	0,165	4,1E-06	82,22	0,168	1,2E-02	24,58	1,32	4,1E-06	82,22
NUE575	9502, 1	0,136	9,0E-04	50,03	0,151	1,3E-01	12,57	1,09	9,0E-04	50,03

Nome do Gene	Evento #	RGR OfRosette Área			RGR OfRosette Diameter			RGR OfPlot Coverage		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
Controle		0,091			0,135			0,72		
NUE578	9524, 3	0,165	6,9E-07	81,99	0,185	2,5E-04	37,68	1,32	6,9E-07	81,99
NUE578	9524, 1	0,206	3,9E-09	127,63	0,202	1,1E-06	49,79	1,56	4,4E-07	115,41
NUE578	9523, 3	0,181	4,2E-09	99,40	0,179	1,9E-05	33,16	1,45	4,2E-09	99,40
NUE578	9522, 3	0,141	6,5E-05	55,95	0,167	1,6E-03	24,01	1,13	6,5E-05	55,95
Controle		0,091			0,135			0,72		
NUE580	9551, 3	0,135	3,5E-04	48,50	0,157	2,7E-02	16,48	1,08	3,5E-04	48,50
NUE580	9554,2	0,093	8,5E-01		0,130	7,1E-01		0,74	8,5E-01	
NUE580	9553, 4	0,137	1,5E-04	51,17	0,169	8,0E-04	25,59	1,10	1,5E-04	51,17
NUE580	9551, 4	0,165	2,1E-07	82,42	0,170	1,3E-03	26,33	1,32	2,1E-07	82,42
NUE580	9554, 4	0,138	1,0E-03	52,73	0,152	9,4E-02	12,99	1,11	1,0E-03	52,73
Controle		0,091			0,135			0,72		
NUE582	9561, 1	0,133	2,5E-03	47,08	0,167	6,9E-03	24,32	0,99	7,7E-03	36,09
NUE582	9562, 1	0,127	3,4E-03	40,44	0,152	7,7E-02	13,15	1,02	3,4E-03	40,44
NUE582	9562,4	0,120	2,8E-02	32,82	0,153	1,1E-01	13,90	0,91	1,0E-01	26,19
NUE582	9563,3	0,141	2,1E-04	55,33	0,178	4,6E-04	32,62	1,13	2,1E-04	55,33
NUE582	9561,2	0,172	9,3E-08	89,88	0,186	1,1E-05	37,84	1,30	4,6E-06	79,08
Controle		0,091			0,135			0,72		

[00360] Tabela 41: As análises de taxa de crescimento (taxa de crescimento relativo da área e diâmetro da rosácea e taxa de crescimento relativo da cobertura da planta) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob condições de deficiência de nitrogênio (1,5 mM KN03, 1 mM KH2P04, 1 mM MgS04, 3,6 mM K2S04, 2 mM CaCl2 e microelementos) em comparação com as plantas de controle.

[00361] Os genes apresentados nas Tabelas 42 e 43, mostrados abaixo, aprimoram o uso eficiente de nitrogênio da planta e produziram biomassa de planta maior quando cultivada sob condições de fertilização com nitrogênio padrão em comparação com as plantas de controle. Além disso, uma produção de um número maior de folhas, assim como uma maior cobertura da planta quando cultivada em condições de pouco nitrogênio indica uma capacidade fotossintética maior da planta quando cultivada em condições de crescimento com altos níveis de nitrogênio. As Tabelas 42 e 43 descrevem as análises da área da rosácea e número de folhas (diâmetro de rosácea, área de rosácea, número de folhas, área de lâmina da folha e cobertura da planta) quando

cultivada sob condições padrão de fertilização com nitrogênio (6 mM KNO₃, 1 mM KH₂PO₄, 1 mM MgSO₄. 2 mM CaCl₂ e microelementos) em plantas que superexpressam os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi feita testando-se a performance de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecido e os resultados obtidos foram repetidos. O evento com valor p <0,1 foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 42

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem performance de crescimento de rosácea aprimorada (área e diâmetro da rosácea e cobertura da planta) sob condições padrão de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Diâmetro da Roseta [cm]			Área da Roseta [cm ²]			Cobertura do Diagrama [%]		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE230	9154,2	2,16	1,1E-02	6,87	1,57	4,6E-03	17,45	12,56	4,6E-03	17,45
Controle		2,02			1,34			10,69		
NUE234	9163,4	2,40	2,7E-02	18,64	1,72	1,7E-02	28,84	13,78	1,7E-02	28,84
NUE234	9162,5	2,14	2,1E-02	5,87	1,52	1,6E-02	13,45	12,13	1,6E-02	13,45
Controle		2,02			1,34			10,69		
NUE248	8983,1	2,21	2,2E-03	9,45	1,58	3,5E-03	18,29	12,65	3,5E-03	18,29
Controle		2,02			1,34			10,69		
NUE249	9122,2	2,27	8,3E-02	12,44	1,62	1,8E-03	20,83	12,92	1,8E-03	20,83
Controle		2,02			1,34			10,69		
NUE268	8996,3	2,17	1,2E-02	7,34	1,64	2,2E-03	23,05	13,16	2,2E-03	23,05
Controle		2,02			1,34			10,69		
NUE525	9534,1	1,96	1,0E-01	12,33	1,37	4,5E-02	27,78	10,97	4,5E-02	27,78
NUE525	9531,2	2,17	8,8E-02	24,47	1,65	7,2E-02	53,32	13,17	7,2E-02	53,32
NUE525	9533,1	2,11	3,4E-01	21,09	1,57	3,5E-01	46,56	12,59	3,5E-01	46,56
NUE525	9531,3	2,00	2,9E-02	14,68	1,47	1,9E-02	37,33	11,79	1,9E-02	37,33
NUE525	9533,4	2,08	3,2E-01	19,24	1,47	3,6E-01	36,69	11,74	3,6E-01	36,69
Controle		1,75			1,07			8,59		
NUE536	9233,3	2,28	2,2E-01	12,83	1,71	1,7E-01	27,70	13,66	1,7E-01	27,70
NUE536	9234,1	2,43	6,8E-02	20,35	1,92	2,6E-02	43,88	15,39	2,6E-02	43,88
Controle		2,02			1,34			10,69		
NUE545	9484,2	2,37	1,2E-03	35,50	1,74	8,5E-03	62,13	13,92	8,5E-03	62,13
NUE545	9482,4	1,93	6,8E-01	10,29	1,37	5,9E-01	27,95	10,99	5,9E-01	27,95
NUE545	9481,3	2,09	8,6E-03	19,87	1,51	7,8E-03	40,62	12,08	7,8E-03	40,62
NUE545	9484,4	2,15	8,4E-02	22,97	1,55	1,7E-01	43,98	12,37	1,7E-01	43,98
Controle		1,75			1,07			8,59		
NUE549	9343,6	1,93	4,9E-01	10,73	1,22	6,2E-01	13,86	9,78	6,2E-01	13,86
NUE549	9341,1	1,94	5,1E-01	11,16	1,33	4,3E-01	23,54	10,61	4,3E-01	23,54
NUE549	9342,3	2,01	2,7E-02	15,03	1,38	4,3E-02	28,53	11,04	4,3E-02	28,53
Controle		1,75			1,07			8,59		
NUE560	9423,4	2,23	4,7E-01	10,17	1,66	4,2E-01	24,21	13,28	4,2E-01	24,21

Nome do Gene	Evento #	Diâmetro da Roseta [cm]			Área da Roseta [cm ²]			Cobertura do Diagrama [%]		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
Controle		2,02			1,34			10,69		
NUE568	9461,2	2,35	2,3E-03	34,72	2,01	1,3E-02	87,26	16,08	1,3E-02	87,26
NUE568	9461,3	2,05	9,9E-02	17,54	1,48	7,0E-02	38,17	11,87	7,0E-02	38,17
NUE568	9462,4	1,92	2,1E-01	9,87	1,25	3,4E-01	16,76	9,46	6,7E-01	10,14
NUE568	9463,4	2,01	7,4E-02	14,90	1,41	7,7E-02	31,41	11,29	7,7E-02	31,41
Controle		1,75			1,07			8,59		
NUE573	9491,4	2,10	9,7E-03	20,13	1,48	1,4E-02	37,74	11,83	1,4E-02	37,74
NUE573	9492,1	2,01	1,0E-01	15,05	1,36	7,2E-02	26,45	8,02	8,5E-01	-6,67
NUE573	9493,4	1,99	1,3E-01	14,08	1,38	7,7E-02	28,86	10,42	3,7E-01	21,28
NUE573	9491,2	2,18	1,1E-01	25,09	1,59	1,3E-01	48,09	12,72	1,3E-01	48,09
NUE573	9494,3	1,98	7,0E-02	13,52	1,45	1,0E-01	34,78	11,57	1,0E-01	34,78
NUE573	9492,2	1,94	4,4E-01	11,14	1,46	5,2E-01	35,94	9,79	5,7E-01	14,02
Controle		1,75			1,07			8,59		
NUE575	9501,4	1,96	2,8E-01	12,36	1,31	2,7E-01	22,00	10,48	2,7E-01	22,00
NUE575	9504,1	2,13	4,8E-02	21,96	1,58	7,9E-02	47,31	12,65	7,9E-02	47,31
NUE575	9503,1	1,95	9,7E-02	11,94	1,24	3,4E-01	15,70	9,94	3,4E-01	15,70
NUE575	9502,1	1,99	4,1E-01	14,24	1,44	3,8E-01	34,12	10,35	6,9E-01	20,49
Controle		1,75			1,07			8,59		
NUE578	9524,1	2,15	3,4E-03	23,14	1,64	1,9E-03	52,74	13,12	1,9E-03	52,74
NUE578	9524,3	2,08	6,0E-01	18,89	1,58	5,2E-01	47,61	12,68	5,2E-01	47,61
NUE578	9523,3	2,37	8,6E-02	35,89	1,79	2,9E-02	66,79	13,36	1,4E-03	55,59
NUE578	9522,3	2,07	1,3E-01	18,61	1,63	1,2E-01	51,78	13,03	1,2E-01	51,78
Controle		1,75			1,07			8,59		
NUE580	9552,3	1,92	1,1E-01	10,01	1,24	2,4E-01	15,83	9,95	2,4E-01	15,83
NUE580	9551,3	1,98	4,3E-02	13,26	1,47	1,4E-02	37,05	11,77	1,4E-02	37,05
NUE580	9554,4	2,03	3,7E-01	16,34	1,52	2,0E-01	41,78	12,18	2,0E-01	41,78
Controle		1,75			1,07			8,59		
NUE582	9561,1	2,25	9,2E-02	28,98	1,73	1,6E-01	61,52	13,87	1,6E-01	61,52
NUE582	9561,2	2,10	7,1E-03	20,11	1,56	4,6E-03	45,40	12,49	4,6E-03	45,40
Controle		1,75			1,07			8,59		
NUE585	9661,1	2,46	4,9E-02	21,69	2,02	1,2E-05	50,77	16,12	1,2E-05	50,77
Controle		2,02			1,34			10,69		
NUE588	9591,3	2,14	1,3E-01	5,91	1,50	5,3E-02	12,38	12,02	5,3E-02	12,38
Controle		2,02			1,34			10,69		

[00362] Tabela 42: As análises de performance de crescimento de rosácea (área e diâmetro da rosácea e cobertura da planta) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob nitrogênio padrão (6 mM KN03, 1 mM KH2P04, 1 mM MgS04. 2 mM CaCl2 e microelementos) em comparação com as plantas de controle.

Tabela 43

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem performance de crescimento de rosácea aprimorada (número de folhas e área da lâmina da folha) sob

condições padrão de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Numero de folhas			Area de Lâminas foliares [cm ²]		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE230	9154,2	8,75	1,4E-01	4,03	0,26	7,3E-03	16,16
Controle		8,41			0,23		
NUE234	9163,4	8,88	4,2E-01	5,52	0,28	2,9E-02	23,30
NUE234	9162,5	8,06	5,7E-01	-4,14	0,26	9,0E-02	12,41
Controle		8,41			0,23		
NUE248	8983,1	8,75	1,4E-01	4,03	0,25	1,0E-02	11,97
Controle		8,41			0,23		
NUE249	9122,2	9,25	2,2E-02	9,98	0,27	3,5E-03	17,48
Controle		8,41			0,23		
NUE268	8996,3	8,81	1,4E-02	4,78	0,28	6,2E-04	21,22
Controle		8,41			0,23		
NUE525	9534,1	8,88	3,4E-02	9,44	0,23	6,6E-02	20,64
NUE525	9531,2	9,06	9,5E-03	11,75	0,26	1,3E-01	39,24
NUE525	9533,1	8,63	5,6E-01	6,36	0,24	3,4E-01	29,39
NUE525	9531,3	8,69	4,8E-01	7,13	0,23	2,3E-02	23,65
NUE525	9533,4	8,88	4,8E-01	9,44	0,23	3,5E-01	24,51
Controle		8,11			0,19		
NUE536	9233,3	9,50	1,2E-02	12,95	0,27	2,8E-01	18,94
NUE536	9234,1	9,44	6,1E-02	12,21	0,29	7,6E-02	28,74
Controle		8,41			0,23		
NUE545	9484,2	9,31	1,5E-01	14,84	0,28	2,1E-03	47,68
NUE545	9482,4	8,56	6,3E-01	5,59	0,22	6,6E-01	18,07
NUE545	9481,3	8,06	8,7E-01	-0,58	0,27	1,2E-03	41,88
NUE545	9484,4	8,88	1,1E-01	9,44	0,25	8,3E-02	31,54
Controle		8,11			0,19		
NUE549	9343,6	8,81	7,7E-02	8,67	0,20	6,6E-01	8,33
NUE549	9341,1	8,44	6,7E-01	4,05	0,21	6,0E-01	14,37
NUE549	9342,3	9,06	1,1E-01	11,75	0,21	1,3E-01	13,98
Controle		8,11			0,19		
NUE560	9423,4	8,75	1,3E-02	4,03	0,28	4,4E-01	21,95
Controle		8,41			0,23		
NUE568	9461,2	9,63	1,5E-02	18,69	0,30	2,1E-02	59,80
NUE568	9461,3	8,94	2,6E-01	10,21	0,23	3,2E-02	25,07
NUE568	9462,4	8,48	3,5E-01	4,60	0,21	4,6E-01	13,21
NUE568	9463,4	8,69	7,2E-02	7,13	0,24	7,0E-02	28,16
Controle		8,11			0,19		
NUE573	9491,4	8,63	2,3E-01	6,36	0,23	6,2E-02	22,82
NUE573	9492,1	8,81	7,7E-02	8,67	0,23	3,9E-02	20,79
NUE573	9493,4	8,86	4,2E-02	9,22	0,22	8,1E-02	17,66
NUE573	9491,2	8,63	1,2E-01	6,36	0,25	1,2E-01	33,61
NUE573	9494,3	9,13	1,5E-01	12,52	0,23	9,9E-02	20,47
NUE573	9492,2	8,46	7,1E-01	4,30	0,23	5,5E-01	25,07
Controle		8,11			0,19		
NUE575	9501,4	8,38	3,6E-01	3,28	0,21	3,9E-01	14,56
NUE575	9504,1	9,06	9,5E-03	11,75	0,25	1,1E-01	33,06
NUE575	9503,1	8,06	9,2E-01	-0,58	0,22	3,3E-01	16,13
NUE575	9502,1	8,98	3,9E-01	10,73	0,22	3,0E-01	18,72
Controle		8,11			0,19		
NUE578	9524,1	8,50	1,9E-01	4,82	0,26	7,3E-03	40,77
NUE578	9524,3	8,31	8,7E-01	2,50	0,25	5,4E-01	32,70
NUE578	9523,3	9,48	1,5E-02	16,93	0,28	4,2E-03	51,09
NUE578	9522,3	9,06	1,1E-01	11,75	0,24	1,9E-01	27,90
Controle		8,11			0,19		
NUE580	9552,3	8,56	1,4E-01	5,59	0,20	4,9E-01	7,20

Nome do Gene	Evento #	Numero de folhas			Area de Lâminas foliares [cm ²]		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE580	9551,3	8,69	7,2E-02	7,13	0,23	1,6E-02	25,62
NUE580	9554,4	8,63	4,8E-01	6,36	0,23	3,5E-01	24,90
Controle		8,11			0,19		
NUE582	9561,1	9,44	2,7E-01	16,38	0,27	1,6E-01	43,32
NUE582	9561,2	8,94	1,8E-02	10,21	0,25	5,5E-03	33,79
Controle		8,11			0,19		
NUE585	9661,1	8,94	4,0E-03	6,26	0,33	1,8E-02	43,63
Controle		8,41			0,23		
NUE588	9591,3	9,19	5,6E-04	9,24	0,25	2,6E-02	9,62
Controle		8,41			0,23		

[00363] Tabela 43: As análises de performance de crescimento de rosácea (número de folhas e área da lâmina da folha) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob nitrogênio padrão (6 mM KN03, 1 mM KH2PO4, 1 mM MgSCU. 2 mM CaC[^] e microelementos) em comparação com as plantas de controle.

[00364] Os genes apresentados nas Tabelas 44 e 45, mostrados abaixo, aprimoraram a taxa de crescimento da planta quando cultivada em níveis limitados de fertilização com nitrogênio. Esses genes aprimoraram a taxa de crescimento da rosácea e cobriram o solo mais rápido quando cultivada sob níveis padrão de fertilização com nitrogênio. Esses genes produziram crescimento mais rápido nas plantas, mostrando uma melhor utilização do nitrogênio presente.

[00365] Tabelas 44 e 45 descrevem as análises de taxa de crescimento de diâmetro da rosácea, área da rosácea, área da lâmina da folha, número de folhas e cobertura da planta quando cultivada sob condições padrão de nitrogênio (6 mM KN03, 1 mM KH2P04, 1 mM MgS04, 2 mM CaCl2 e microelementos) em plantas que superexpressam os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi feita testando-se a performance de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecido e os resultados obtidos foram repetidos. O

evento com valor $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 44

Plantas transgênicas que superexpressam de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem taxa de crescimento aprimorada (taxa de crescimento relativo da área da lâmina da folha, número de folhas e área da rosácea) sob condições padrão de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	RGR Of Leaf Blade Área			RGR de Número de folhas			RGR da Area Roseta		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE230	9154,2	0,032	2,5E-01	18,08	0,561	0,862	-1,88	0,20	2,8E-01	18,63
NUE230	9153,3	0,034	1,5E-01	25,07	0,629	0,404	9,96	0,22	9,2E-02	32,65
Controle		0,027			0,572			0,16		
NUE525	9534,1	0,027	3,4E-01	17,00	0,577	0,820	3,62	0,18	2,5E-01	25,20
NUE525	9531,2	0,032	4,9E-02	37,26	0,619	0,479	11,17	0,21	2,0E-02	53,67
NUE525	9533,1	0,029	2,1E-01	23,87	0,570	0,889	2,25	0,20	6,0E-02	45,89
NUE525	9531,3	0,028	2,3E-01	21,75	0,618	0,485	10,96	0,19	9,2E-02	37,52
NUE525	9533,4	0,028	2,4E-01	22,32	0,581	0,783	4,35	0,19	1,2E-01	36,12
Controle		0,023			0,557			0,14		
NUE536	9233,3	0,032	2,0E-01	21,11	0,696	0,053	21,70	0,21	9,8E-02	30,44
NUE536	9234,1	0,035	6,2E-02	31,13	0,719	0,025	25,69	0,24	1,6E-02	46,81
Controle		0,027			0,572			0,16		
NUE545	9484,2	0,034	1,4E-02	47,61	0,666	0,224	19,56	0,23	7,1E-03	63,45
NUE545	9482,4	0,026	5,0E-01	13,65	0,617	0,523	10,85	0,18	2,8E-01	26,57
NUE545	9481,3	0,032	3,8E-02	39,71	0,478			0,19	7,9E-02	38,94
NUE545	9484,4	0,030	1,3E-01	27,62	0,542			0,20	6,8E-02	41,88
Controle		0,023			0,557			0,14		
NUE568	9474,3	0,025	7,0E-01	7,00	0,535			0,15	6,4E-01	10,17
NUE568	9471,3	0,024	7,5E-01	5,65	0,627	0,423	12,49	0,17	3,4E-01	20,52
NUE568	9461,2	0,037	3,1E-03	58,77	0,665	0,208	19,45	0,26	3,9E-04	88,65
NUE568	9474,4	0,026	5,5E-01	10,89	0,526	0,726	-5,61	0,15	6,2E-01	10,72
NUE568	9461,3	0,029	1,9E-01	23,81	0,643	0,342	15,47	0,20	8,0E-02	39,53
Controle		0,023			0,557			0,14		
NUE573	9491,4	0,026	4,3E-01	14,05	0,543	0,872	-2,57	0,19	1,2E-01	34,11
NUE573	9493,4	0,026	4,9E-01	12,34	0,653	0,270	17,18	0,18	2,0E-01	28,04
NUE573	9491,2	0,030	1,0E-01	30,33	0,519	0,657	-6,87	0,21	4,2E-02	46,75
NUE573	9492,2	0,029	2,3E-01	24,31	0,531	0,791	-4,60	0,19	1,6E-01	35,61
Controle		0,023			0,557			0,14		
NUE575	9504,1	0,030	1,1E-01	30,22	0,624	0,428	12,01	0,21	4,0E-02	47,00
NUE575	9503,1	0,027	4,0E-01	15,42	0,516	0,651	-7,29	0,16	4,7E-01	15,58
NUE575	9502,1	0,026	4,7E-01	13,38	0,609	0,566	9,32	0,19	1,7E-01	32,29
Controle		0,023			0,557			0,14		
NUE578	9524,1	0,033	3,3E-02	41,00	0,613	0,511	10,12	0,22	1,8E-02	54,74
NUE578	9524,3	0,031	1,5E-01	31,93	0,608	0,642	9,18	0,21	7,3E-02	49,17
NUE578	9523,3	0,034	1,6E-02	46,45	0,665	0,213	19,44	0,23	5,4E-03	65,74
NUE578	9522,3	0,029	2,1E-01	23,38	0,685	0,143	23,02	0,21	2,4E-02	52,52
Controle		0,023			0,557			0,14		
NUE580	9551,3	0,029	1,4E-01	26,91	0,602	0,608	8,02	0,19	8,4E-02	38,45
NUE580	9554,4	0,027	3,8E-01	16,77	0,543	0,875	-2,57	0,19	9,4E-02	38,64
Controle		0,023			0,557			0,14		
NUE582	9561,1	0,032	4,1E-02	39,34	0,666	0,252	19,56	0,22	1,2E-02	60,37
NUE582	9562,1	0,027	3,5E-01	17,41	0,577	0,833	3,51	0,17	3,0E-01	23,28
NUE582	9562,4	0,027	3,8E-01	15,92	0,568	0,902	1,94	0,16	4,4E-01	16,65
NUE582	9561,2	0,032	7,0E-02	37,29	0,665	0,255	19,42	0,22	3,1E-02	54,06

Nome do Gene	Evento #	RGR Of Leaf Blade Área			RGR de Número de folhas			RGR da Area Roseta		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
Controle		0,023			0,557			0,14		
NUE585	9661,3	0,030	4,5E-01	11,39	0,684	0,145	19,49	0,18	5,3E-01	10,62
NUE585	9661,1	0,039	1,2E-02	43,80	0,658	0,178	14,96	0,25	7,0E-03	52,30
Controle		0,027			0,572			0,16		
NUE588	9591,3	0,031	2,6E-01	17,23	0,713	0,052	24,56	0,19	3,2E-01	17,29
Controle		0,027			0,572			0,16		

[00366] Tabela 44: As análises de taxa de crescimento (taxa de crescimento relativo da área da lâmina da folha, número de folhas e área da rosácea) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob nitrogênio padrão (6 mM KNO₃, 1 mM KH₂PO₄, 1 mM MgSCU. 2 mM CaCl₂ e microelementos) em comparação com as plantas de controle.

Tabela 45

Plantas transgênicas que superexpressam de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem taxa de crescimento aprimorada (taxa de crescimento relativo do diâmetro da rosácea e cobertura da planta) sob condições padrão de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	RGR do Diâmetro da Roseta			RGR da Cobertura do Diagrama		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE230	9154,2	0,20	0,612	5,67	1,56	0,283	18,63
NUE230	9153,3	0,21	0,382	10,99	1,75	0,092	32,65
Controle		0,19			1,32		
NUE525	9534,1	0,18	0,672	6,16	1,40	0,249	25,20
NUE525	9531,2	0,21	0,188	19,78	1,72	0,020	53,67
NUE525	9533,1	0,21	0,239	18,66	1,63	0,060	45,89
NUE525	9531,3	0,20	0,407	12,27	1,54	0,092	37,52
NUE525	9533,4	0,20	0,308	16,23	1,52	0,125	36,12
Controle		0,17			1,12		
NUE536	9233,3	0,22	0,250	13,45	1,72	0,098	30,44
NUE536	9234,1	0,23	0,068	21,81	1,93	0,016	46,81
Controle		0,19			1,32		
NUE545	9484,2	0,23	0,024	34,81	1,83	0,007	63,45
NUE545	9482,4	0,18	0,741	5,45	1,42	0,281	26,57
NUE545	9481,3	0,20	0,304	15,24	1,55	0,079	38,94
NUE545	9484,4	0,21	0,215	18,52	1,59	0,068	41,88
Controle		0,17			1,12		
NUE568	9474,3	0,18	0,868	2,45	1,23	0,641	10,17
NUE568	9471,3	0,17	0,853	-2,69	1,35	0,345	20,52
NUE568	9461,2	0,23	0,039	31,20	2,11	0,000	88,65
NUE568	9474,4	0,18	0,947	0,98	1,24	0,624	10,72
NUE568	9461,3	0,21	0,218	18,40	1,56	0,080	39,53

Nome do Gene	Evento #	RGR do Diâmetro da Roseta			RGR da Cobertura do Diagrama		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
Controle		0,17			1,12		
NUE573	9491,4	0,19	0,582	8,00	1,50	0,121	34,11
NUE573	9493,4	0,19	0,589	7,89	1,35	0,349	20,66
NUE573	9491,2	0,21	0,222	18,90	1,64	0,042	46,75
NUE573	9492,2	0,18	0,821	3,40	1,27	0,542	13,46
Controle		0,17			1,12		
NUE575	9504,1	0,21	0,196	19,39	1,64	0,040	47,00
NUE575	9503,1	0,19	0,644	6,72	1,29	0,472	15,58
NUE575	9502,1	0,19	0,637	7,16	1,33	0,439	19,10
Controle		0,17			1,12		
NUE578	9524,1	0,21	0,154	21,31	1,73	0,018	54,74
NUE578	9524,3	0,21	0,302	19,94	1,67	0,073	49,17
NUE578	9523,3	0,23	0,036	33,14	1,73	0,017	54,56
NUE578	9522,3	0,19	0,472	10,54	1,71	0,024	52,52
Controle		0,17			1,12		
NUE580	9551,3	0,20	0,319	14,57	1,55	0,084	38,45
NUE580	9554,4	0,18	0,764	4,75	1,55	0,094	38,64
Controle		0,17			1,12		
NUE582	9561,1	0,22	0,112	24,58	1,79	0,012	60,37
NUE582	9562,1	0,19	0,548	9,10	1,38	0,300	23,28
NUE582	9562,4	0,19	0,469	10,79	1,31	0,438	16,65
NUE582	9561,2	0,20	0,325	16,03	1,72	0,031	54,06
Controle		0,17			1,12		
NUE585	9661,3	0,20	0,518	7,29	1,46	0,528	10,62
NUE585	9661,1	0,22	0,142	17,93	2,00	0,007	52,30
Controle		0,19			1,32		
NUE588	9591,3	0,21	0,413	9,34	1,54	0,317	17,29
Controle		0,19			1,32		

[00367] Tabela 45: As análises de taxa de crescimento (taxa de crescimento relativo do diâmetro da rosácea e cobertura da planta) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob nitrogênio padrão (6 mM KN03, 1 mM KH2PO4, 1 mM MgSCU. 2 mM CaCl2 e microelementos) em comparação com as plantas de controle.

EXEMPLO 7

ENSAIO 3: EFICIÊNCIA DE USO DO NITROGÊNIO MEDIDA ATÉ O ESTÁGIO DE PENEIRAMENTO: BIOMASSA DA PLANTA E TAXA DE CRESCIMENTO DA PLANTA EM ESTUFA SOB CONCENTRAÇÕES LIMITADAS E PADRÃO DE NITROGÊNIO

[00368] Este ensaio segue a produção de sementes, a formação de

biomassa e o crescimento da área da rosácea das plantas cultivadas na estufa em condições limitadas e não limitadas de crescimento com nitrogênio. Sementes transgênicas de *Arabidopsis* foram cultivadas em meio de ágar suplementado com meio $\frac{1}{2}$ MS e agente de seleção (canamicina). As mudas T2 transgênicas foram então transplantadas para bandejas 1.7 preenchidas com turfa e perlita a uma razão de 1:1. As bandejas foram irrigadas com uma solução em condições limitadas de nitrogênio, obtida irrigando-se as plantas com uma solução contendo 1,5 mM de nitrogênio inorgânico na forma de KNO_3 , suplementada com 1 mM KH_2PO_4 , 1 mM MgSO_4 , 3,6 mM KCl , 2 mM CaCl_2 e microelementos, enquanto os níveis normais de nitrogênio foram obtidos aplicando-se uma solução de 6 mM de nitrogênio inorgânico também na forma de KNO_3 com 1 mM KH_2PO_4 , 1 mM MgSO_4 , 2 mM CaCl_2 e microelementos. Todas as plantas foram cultivadas na estufa até o amadurecimento das sementes. A biomassa da planta (tecido acima do solo) foi pesada imediatamente após colheita da rosácea (peso da planta fresca ou PF). Em seguida, as plantas foram secas em forno a 50°C por 48 horas e pesadas (peso da planta seca ou PS).

[00369] Cada conjunto foi validado em sua geração T2. As plantas transgênicas transformadas com conjunto conformado por um vetor vazio portando o promotor 35S e o marcador selecionável foi usado como controle.

[00370] As plantas foram analisadas em seu tamanho geral, taxa de crescimento, peso fresco e matéria seca. A performance das plantas transgênicas em comparação com as plantas de controle cultivadas em paralelo sob as mesmas condições.

[00371] O experimento foi planejado com distribuição aleatória de plantas. Para cada gene da invenção, três a cinco eventos independentes de transformação foram analisados de cada conjunto.

[00372] Imagem digital – Um sistema de aquisição de imagens laboratoriais consistindo de uma câmera de reflexo digital (Canon EOS 300D)

com uma lente de distância focal de 55 mm (Canon série EF-S), montada sobre dispositivo de reprodução (Kaiser RS) que inclui 4 lâmpadas (4 lâmpadas de 150 Watts cada) foi usada para capturar imagens das amostras das plantas.

[00373] O processo de captura de imagem foi repetido a cada dois dias a partir do dia 1 após o transplante até o dia 15. A mesma câmera, colocada em uma estrutura de ferro feita sob medida, foi usada para capturar imagens de plantas maiores cultivadas em tubos brancos em uma estufa com controle ambiental. Durante o processo de captura, os tubos foram colocados abaixo da estrutura de ferro, ao mesmo tempo em que evitam a luz solar direta e projeção de sombras.

[00374] Foi usado um sistema de análise de imagens que consiste de um computador de mesa (processador Intel P4 3,0 GHz) e um programa gratuito - Imagem J 1.39 [programa de processamento de imagens em Java desenvolvido no National Institutes of Health dos EUA e disponível gratuitamente na internet em <http://rsbweb.nih.gov/>]. As imagens foram capturadas em resolução de 10 megapixels (3888 x 2592 pixels) e armazenadas em formato JPEG (Joint Photographic Experts Group). Em seguida, os dados analisados foram salvos em arquivos de texto e processados com uso do pacote de software de análise estatística JMP (SAS institute).

[00375] Análise das folhas – Com uso da análise digital, os dados das folhas foram calculados, incluindo o número das folhas, área da rosácea, diâmetro da rosácea, área da lâmina da folha, cobertura da planta e área do pecíolo da folha.

[00376] Taxa de crescimento vegetativo: é a taxa de crescimento da planta conforme definido pelas fórmulas VIII, IX, X e XI conforme descrito a seguir:

Fórmula VIII:

Taxa de crescimento relativo da área da lâmina da folha = Coeficiente de regressão da área da folha no decorrer do tempo.

Fórmula IX:

Taxa de crescimento relativo da área da rosácea = Coeficiente de regressão da área da rosácea no decorrer do tempo.

Fórmula X

Taxa de crescimento relativo do diâmetro da rosácea = Coeficiente de regressão do diâmetro da rosácea no decorrer do tempo.

Fórmula XI

Taxa de crescimento relativo da cobertura da planta = Coeficiente de regressão da cobertura da planta no decorrer do tempo.

[00377] Peso da planta fresca e seca – Por volta do dia 40 desde o cultivo, as plantas foram colhidas e pesadas diretamente para determinação do peso da planta fresca (PF) e deixada secando a 50°C em câmara de secagem por cerca de 48 horas antes da pesagem para determinação do peso da planta seca (PS).

[00378] Análises estatísticas – Para identificar genes que conferem melhoria significativa do eficiente de nitrogênio, os resultados obtidos das plantas transgênicas foram comparados com os resultados das plantas de controle. Para identificar genes e conjuntos com melhor performance, os resultados dos eventos independentes de transformação testados foram analisados separadamente. Os dados foram analisados com o teste t Student e os resultados foram considerados significativos se o valor p for menor do que 0,1. Foi usado o software de estatística JMP (Versão 5.2.1, SAS Institute Inc., Cary, Carolina do Norte, EUA).

Resultados experimentais:

[00379] Os genes apresentados nas Tabelas 46 e 47, mostrados abaixo, aprimoraram o eficiente de nitrogênio da planta quando cultivada sob

condições limitadas de crescimento de nitrogênio em comparação com as plantas de controle. Esses genes produziram plantas maiores com capacidade fotossintética maior quando cultivadas sob condições limitadas de nitrogênio.

[00380] Tabelas 46 e 47 descrevem as análises de biomassa da planta e área fotossintética (peso fresco, peso seco, diâmetro da rosácea, área da rosácea e cobertura da planta) quando cultivada sob condições limitadas de nitrogênio (1,5 mM KN03, 1 mM KH2P04, 1 mM MgS04, 3,6 mM KC1, 2 mM CaCb e microelementos) em plantas que superexpressam os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi feita testando-se a performance de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecido e os resultados obtidos foram repetidos. O evento com valor $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 46

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem biomassa de planta aprimorada (peso fresco e peso seco) sob condições limitadas de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco		[g]	Peso Fresco [g]		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE227	9851,4	0,076	0,014	44,26	0,725	0,002	79,65
NUE227	9854,2	0,059	0,202	12,33	0,569	0,000	40,93
NUE227	9853,1	0,069	0,025	31,25	0,581	0,092	44,03
NUE227	9851,1	0,063	0,052	19,43	0,581	0,205	44,03
NUE227	9852,3	0,063	0,063	18,24	0,519	0,469	28,54
Controle		0,053			0,404		
NUE233	10173,5	0,035	0,055	34,48	0,243	0,838	-1,89
Controle		0,026			0,248		
NUE256	10061,4	0,034	0,031	32,08			
NUE256	10061,1	0,044	0,126	70,50	0,325	0,250	31,29
Controle		0,026			0,248		
NUE512	9284,2	0,044	0,417	-17,23	0,419	0,794	3,76
NUE512	9283,1	0,066	0,033	25,34	0,488	0,088	20,80
NUE512	9284,3	0,052	0,900	-1,86	0,469	0,566	16,15
NUE512	9282,3	0,064	0,066	20,61	0,506	0,005	25,44
NUE512	9283,3	0,063	0,247	18,24	0,538	0,002	33,19
NUE512	9281,3	0,079	0,066	49,32	0,538	0,023	33,41
Controle		0,053			0,404		
NUE514	9403,5	0,050	0,581	-5,41	0,388	0,807	-3,98
NUE514	9404,4	0,054	0,964	2,20	0,439	0,759	8,85

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco		[g]	Peso Fresco [g]		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE514	9402,2	0,056	0,468	6,42	0,594	0,000	47,12
NUE514	9402,5	0,057	0,553	7,60	0,488	0,088	20,80
Controle		0,053			0,404		
NUE531	10082,2	0,042	0,001	62,84	0,235	0,976	-5,26
NUE531	10081,5	0,029	0,810	10,46	0,219	0,334	-11,63
Controle		0,026			0,248		
NUE532	9222,4	0,069	0,066	31,25	0,606	0,296	50,22
NUE532	9222,3	0,061	0,773	15,88	0,444	0,148	9,96
NUE532	9222,1	0,064	0,570	20,61	0,525	0,117	30,09
NUE532	9223,3	0,062	0,093	17,06	0,475	0,603	17,70
NUE532	9224,4	0,035	0,007	-32,94	0,467	0,037	15,71
NUE532	9223,5	0,057	0,746	7,60	0,556	0,242	37,83
Controle		0,053			0,404		
NUE535	9086,2	0,056	0,915	5,24	0,550	0,477	36,28
Controle		0,053			0,404		
NUE537	9392,2	0,053	0,988	0,51	0,550	0,021	36,28
NUE537	9393,2	0,055	0,847	3,72	0,589	0,065	46,02
NUE537	9393,1	0,060	0,274	13,51	0,444	0,148	9,96
NUE537	9393,3	0,068	0,033	28,89	0,575	0,014	42,48
Controle		0,053			0,404		
NUE576	9794,1	0,039	0,090	48,89	0,294	0,028	18,67
Controle		0,026			0,248		
NUE576	9791,3				0,431	0,838	6,86
NUE576	9792,4				0,500	0,007	23,89
NUE576	9792,3				0,550	0,159	36,28
Controle					0,404		

[00381] Tabela 46: As análises da biomassa da planta (peso seco e peso fresco) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob nitrogênio limitado (1,5 mM KNO₃, 1 mM KH₂PO₄, 1 mM MgSCU. 3,6 mM KCl, 2 mM CaCl₂ e microelementos) em comparação com as plantas de controle.

Tabela 47

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem biomassa de planta aprimorada (área e diâmetro da rosácea e cobertura da planta) sob condições limitadas de nitrogênio

Nome do gene	Evento #	Rosette Diameter [cm]			Rosette Área [cm ²]			Plot Coverage [%]		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE2 27	9851,4	2,04 0	2,4E-02	48,28	1,477	7,6E-02	115,9 0	11,81 9	7,6E-02	115,9 0
NUE2 27	9854,2	1,77 8	5,9E-02	29,24	1,070	7,0E-03	56,44	8,564	7,0E-03	56,44
NUE2 27	9853,1	1,67 9	9,5E-02	22,03	0,979	1,1E-01	43,09	7,833	1,1E-01	43,09
NUE2 27	9851,1	1,55 5	2,8E-01	13,03	0,915	2,8E-01	33,71	7,320	2,8E-01	33,71

Nome do gene	Evento #	Rosette Diameter [cm]			Rosette Área [cm ²]			Plot Coverage [%]		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE2 27	9852,3	1,88 9	1,7E-01	37,33	1,298	1,8E-01	89,71	10,38 6	1,8E-01	89,71
Contro 1		1,37 6			0,684			5,474		
NUE2 33	10173, 5	1,77 8	1,9E-01	7,66	1,080	3,2E-01	16,76	7,559	7,1E-01	5,15
Contro 1		1,65 1			0,925			7,189		
NUE2 56	10061, 1	1,991	2,6E-03	20,56	1,333	2,7E-02	44,13	10,664	2,0E-02	48,34
Contro 1		1,65 1			0,925			7,189		
NUE5 12	9284,2	1,47 5	7,1E-01	7,21	0,794	7,0E-01	15,97	6,349	7,0E-01	15,97
NUE5 12	9283,1	1,58 1	1,8E-01	14,91	0,916	2,6E-02	33,86	7,328	2,6E-02	33,86
NUE5 12	9284,3	1,395	9,0E-01	1,41	0,719	8,2E-01	5,14	5,755	8,2E-01	5,14
NUE5 12	9282,3	1,58 8	2,6E-01	15,43	0,928	6,3E-02	35,67	7,427	6,3E-02	35,67
NUE5 12	9283,3	1,41 0	8,2E-01	2,50	0,789	3,9E-01	15,37	6,315	3,9E-01	15,37
NUE5 12	9281,3	1,52 6	3,8E-01	10,94	0,824	4,1E-01	20,42	6,236	6,5E-01	13,91
Contro 1		1,37 6			0,684			5,474		
NUE5 14	9403,5	1,58 1	5,6E-01	14,93	0,901	5,4E-01	31,69	7,209	5,4E-01	31,69
NUE5 14	9404,4	1,60 8	2,3E-01	16,92	0,930	2,0E-01	35,86	6,923	2,2E-02	26,47
NUE5 14	9402,2	1,99 6	1,8E-01	45,07	1,395	1,5E-01	103,8 5	11,15 9	1,5E-01	103,8 5
NUE5 14	9402,5	1,86 0	3,2E-01	35,21	1,160	3,2E-01	69,52	9,280	3,2E-01	69,52
NUE5 14	9404,5	1,68 9	2,2E-01	22,77	1,006	4,7E-02	47,02	8,048	4,7E-02	47,02
Contro 1		1,37 6			0,684			5,474		
NUE5 27	9201,1	1,77 3	1,4E-02	28,89	1,109	9,3E-02	62,12	8,875	9,3E-02	62,12
Contro 1		1,37 6			0,684			5,474		
NUE5 31	10081,5	1,75 8	4,5E-01	6,49	1,043	5,1E-01	12,74	8,342	4,3E-01	16,04
Contro 1		1,65 1			0,925			7,189		
NUE5 32	9222,4	1,752	3,9E-01	27,34	1,056	4,4E-01	54,32	8,448	4,4E-01	54,32
NUE5 32	9222,3	1,66 8	4,6E-04	21,24	1,034	8,3E-05	51,08	8,270	8,3E-05	51,08
NUE5 32	9222,1	1,62 3	3,8E-01	17,95	1,016	2,8E-01	48,52	8,130	2,8E-01	48,52
NUE5 32	9223,3	1,58 5	5,5E-03	15,23	0,902	6,2E-03	31,88	7,219	6,2E-03	31,88
NUE5 32	9224,4	1,732	1,4E-04	25,88	1,060	6,5E-05	54,91	7,941	2,3E-02	45,06
NUE5 32	9223,5	1,89 9	7,1E-02	38,02	1,294	3,2E-02	89,11	10,35 3	3,2E-02	89,11
Contro 1		1,37 6			0,684			5,474		
NUE5 35	9086,2	1,69 6	2,2E-01	23,27	0,938	2,2E-01	37,03	7,502	2,2E-01	37,03
NUE5 35	9084,2	1,46 3	6,4E-01	6,35	0,827	4,3E-01	20,92	6,620	4,3E-01	20,92
NUE5 35	9081,1	1,52 1	3,3E-01	10,57	0,823	3,0E-01	20,21	6,581	3,0E-01	20,21
NUE5 35	9082,1	1,432	5,6E-01	4,10	0,742	3,8E-01	8,46	5,938	3,8E-01	8,46
Contro 1		1,37 6			0,684			5,474		
NUE5 37	9391,1	1,50 3	5,2E-01	9,24	0,807	3,8E-01	17,86	6,452	3,8E-01	17,86
NUE5 37	9392,2	1,47 5	4,9E-01	7,21	0,851	3,4E-01	24,32	6,806	3,4E-01	24,32
NUE5 37	9393,2	1,532	8,5E-03	11,34	0,955	4,1E-04	39,59	7,157	4,5E-02	30,73
NUE5 37	9393,1	1,85 6	1,7E-03	34,95	1,225	7,0E-05	78,96	9,797	7,0E-05	78,96
NUE5 37	9392,3	1,42 9	8,3E-01	3,89	0,784	7,3E-01	14,54	6,270	7,3E-01	14,54
NUE5 37	9393,3	1,73 9	5,3E-02	26,42	1,092	1,5E-02	59,52	8,733	1,5E-02	59,52
Contro 1		1,37 6			0,684			5,474		
NUE5 76	9794,1	1,963	1,5E-01	18,86	1,350	2,3E-01	45,96	10,80 0	2,1E-01	50,23
Contro 1		1,65 1			0,925			7,189		
NUE5 76	9791,3	1,41 6	8,6E-01	2,94	0,753	7,4E-01	10,01	6,022	7,4E-01	10,01
NUE5 76	9792,4	1,82 6	2,1E-05	32,75	1,204	2,4E-04	75,90	9,629	2,4E-04	75,90
NUE5 76	9792,3	1,912	5,4E-06	39,03	1,208	1,1E-05	76,46	9,660	1,1E-05	76,46
Contro 1		1,37 6			0,684			5,474		

[00382] Tabela 47: As análises da biomassa da planta (área e diâmetro da rosácea e cobertura da planta) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação

de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob nitrogênio limitado (1,5 mM KN03, 1 mM 5 KH2P04, 1 mM MgS04. 3,6 mM KC1, 2 mM CaCl2 e microelementos) em comparação com as plantas de controle.

[00383] Os genes apresentados na Tabela 48, mostrados abaixo, aprimoraram o eficiente de nitrogênio da planta quando cultivada sob condições limitadas de crescimento de nitrogênio em comparação com as plantas de controle. Esses genes produziram áreas fotossintéticas maiores como pode ser observado pelo número de folhas maior, área da lâmina da folha e área do pecíolo.

[00384] Tabela 48 descreve as análises da área fotossintética da planta (número de folhas, área da lâmina da folha e área do pecíolo) quando cultivada sob condições limitadas de nitrogênio (1,5 mM KNO3, 1 mM KH2PO4, 1 mM MgS04. 3,6 mM KC1, 2 mM CaCl2 e microelementos) em plantas que superexpressam os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi feita testando-se a performance de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecido e os resultados obtidos foram repetidos. O evento com valor p <0,1 foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 48

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem área fotossintética aprimorada (número de folhas, área da lâmina da folha e área do pecíolo) sob condições limitadas de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Numero de folhas			Área de Lâminas Foliaves [cm ²]			Comprimento do Pecíolo da folha [cm]		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE227	9851,4	8,56	1,9E-02	16,38	0,24	4,6E-02	108,4 4	0,38	6,5E-02	69,59
NUE227	9854,2	7,63	1,5E-01	3,64	0,19	5,8E-03	67,63	0,32	1,2E-04	41,44
NUE227	9853,1	7,81	3,5E-02	6,19	0,17	2,2E-01	49,04	0,26	3,8E-02	14,04
NUE227	9851,1	7,69	2,8E-01	4,49	0,16	2,9E-01	35,75	0,24	4,7E-01	5,61
NUE227	9852,3	8,50	2,4E-01	15,53	0,21	1,1E-01	82,96	0,32	4,4E-01	41,85
Controle		7,36			0,11			0,22		
NUE233	10173, 5	7,79	6,0E-01	2,05	0,19	4,0E-01	15,50	0,26	5,8E-01	8,27
Controle		7,63			0,17			0,24		

Nome do Gene	Evento #	Numero de folhas			Área de Lâminas Foliaves [cm ²]			Comprimento do Pecíolo da folha [cm]		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE256	10061, 1	8,13	2,5E-01	6,50	0,23	8,4E-02	39,00	0,31	2,0E-01	30,30
Controle		7,63			0,17			0,24		
NUE512	9283,1	7,63	2,5E-01	3,64	0,16	7,0E-02	42,74	0,24	1,2E-01	8,56
NUE512	9284,3	6,88	5,0E-01	-6,55	0,13	4,9E-01	15,53	0,21	8,3E-01	-5,04
NUE512	9282,3	7,38	9,8E-01	0,24	0,16	3,9E-02	41,04	0,26	5,5E-01	14,40
NUE512	9283,3	7,56	6,3E-01	2,79	0,13	6,1E-01	12,00	0,25	6,2E-02	11,05
NUE512	9281,3	7,08	7,9E-01	-3,76	0,15	3,8E-02	31,49	0,23	9,9E-01	0,30
Controle		7,36			0,11			0,22		
NUE514	9403,5	7,31	8,7E-01	-0,61	0,16	5,0E-01	35,23	0,28	4,7E-01	25,62
NUE514	9404,4	8,04	4,1E-01	9,22	0,14	1,2E-01	25,05	0,26	1,1E-02	17,01
NUE514	9402,2	8,75	2,5E-01	18,93	0,22	1,4E-01	89,22	0,35	3,1E-01	55,03
NUE514	9402,5	8,38	2,7E-01	13,83	0,19	3,3E-01	63,94	0,32	3,1E-01	42,26
NUE514	9404,5	8,56	1,0E-01	16,38	0,16	3,9E-02	37,00	0,30	3,7E-01	31,67
Controle		7,36			0,11			0,22		
NUE527	9201,1	8,19	2,0E-03	11,29	0,17	1,3E-01	49,68	0,33	1,7E-03	45,43
NUE527	9201,2	6,94	6,5E-01	-5,70	0,12	5,8E-01	7,58	0,22	9,3E-01	-1,31
Controle		7,36			0,11			0,22		
NUE531	10082,2	8,24	7,1E-02	7,98	0,15	2,3E-01	12,84	0,27	3,9E-01	13,71
NUE531	10081,5	8,31	4,4E-02	8,95	0,17	9,4E-01	1,15	0,27	3,2E-02	15,99
Controle		7,63			0,17			0,24		
NUE532	9222,4	7,56	8,4E-01	2,79	0,17	4,2E-01	51,79	0,30	4,1E-01	32,08
NUE532	9222,3	8,31	3,5E-02	12,99	0,16	2,5E-05	41,75	0,29	1,5E-03	30,67
NUE532	9222,1	7,94	1,1E-01	7,89	0,16	2,6E-01	40,64	0,27	5,0E-01	21,12
NUE532	9223,3	7,31	9,4E-01	-0,61	0,15	2,6E-01	32,70	0,28	1,5E-03	26,20
NUE532	9224,4	8,27	1,3E-03	12,38	0,16	3,4E-02	41,63	0,32	6,8E-02	43,77
NUE532	9223,5	8,25	9,8E-02	12,14	0,20	1,5E-02	72,88	0,35	1,5E-02	58,06
Controle		7,36			0,11			0,22		
NUE535	9086,2	7,75	5,7E-01	5,34	0,16	2,0E-01	37,02	0,34	2,1E-01	52,44
NUE535	9084,2	6,88	4,0E-01	-6,55	0,15	2,4E-01	28,20	0,23	8,7E-01	2,43
NUE535	9081,1	8,31	1,4E-01	12,99	0,13	4,7E-01	12,91	0,28	2,6E-03	25,65
NUE535	9082,1	7,25	6,2E-01	-1,46	0,13	2,5E-02	12,04	0,26	4,5E-01	14,26
Controle		7,36			0,11			0,22		
NUE537	9391,1	7,81	4,8E-01	6,19	0,14	2,6E-01	23,28	0,25	5,7E-01	11,88
NUE537	9392,2	7,31	9,4E-01	-0,61	0,14	2,9E-01	25,68	0,26	4,1E-01	14,53
NUE537	9393,2	7,56	7,2E-01	2,79	0,15	2,2E-02	33,42	0,24	5,1E-01	4,72
NUE537	9393,1	8,63	1,7E-03	17,23	0,19	4,6E-02	69,46	0,34	4,7E-04	52,73
NUE537	9392,3	7,19	8,5E-01	-2,31	0,13	7,3E-01	10,02	0,25	7,4E-01	11,68
NUE537	9393,3	8,00	4,8E-01	8,74	0,18	2,6E-02	56,70	0,30	3,1E-04	33,39
Controle		7,36			0,11			0,22		
NUE576	9794,1	8,13	5,7E-01	6,50	0,24	1,4E-01	42,20	0,30	5,0E-01	28,80
Controle		7,63			0,17			0,24		
NUE576	9791,3	7,00	6,7E-01	-4,85	0,13	6,3E-01	15,21	0,24	8,0E-01	7,24
NUE576	9792,4	8,75	1,1E-03	18,93	0,18	1,4E-04	55,06	0,35	2,8E-02	56,82
NUE576	9792,3	8,06	2,1E-01	9,59	0,20	2,9E-05	71,82	0,34	9,6E-04	52,50
Controle		7,36			0,11			0,22		

[00385] Tabela 48: As análises da área fotossintética (número de folhas, área da lâmina da folha e área do pecíolo) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada

sob nitrogênio limitado (1,5 mM KNO₃, 1 mM KH₂PO₄, 1 mM MgSO₄. 3,6 mM KCl, 2 mM CaCl₂ e microelementos) em comparação com as plantas de controle.

[00386] Os genes apresentados na Tabela 49, mostrados abaixo, aprimoraram a taxa de crescimento da planta quando cultivada em níveis limitados de fertilização com nitrogênio. Esses genes aprimoraram a taxa de crescimento da rosácea e cobriram mais rapidamente o solo quando cultivada sob condições limitadas de crescimento de nitrogênio em comparação com as plantas de controle. Esses genes produziram um crescimento mais rápido mostrando uma utilização melhor do nitrogênio presente.

[00387] A Tabela 49 descreve análises da taxa de crescimento do diâmetro da rosácea, área da rosácea, área da lâmina da folha, número de folhas e cobertura da planta quando cultivada sob condições padrão de nitrogênio quando cultivada sob condições limitadas de nitrogênio (1,5 mM KNO₃, 1 mM KH₂PO₄, 1 mM MgSO₄, 3,6 mM KCl, 2 mM CaCl₂ e microelementos) em plantas que superexpressam os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi feita testando-se a performance de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecido e os resultados obtidos foram repetidos. O evento com valor $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 49

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem performance de crescimento de rosácea aprimorada (taxa de crescimento relativo da área e diâmetro da rosácea e cobertura da planta) sob condições limitadas de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area da Roseta			RGR do Diâmetro da Roseta			RGR da Cobertura do Diagrama		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE227	9851,4	0,183	2,6E-05	118,89	0,189	2,0E-03	44,11	1,462	2,6E-05	118,89
NUE227	9854,2	0,133	7,4E-03	59,50	0,172	2,0E-02	31,13	1,066	7,4E-03	59,50
NUE227	9853,1	0,120	4,6E-02	43,12	0,157	1,2E-01	19,92	0,956	4,6E-02	43,12
NUE227	9851,1	0,112	1,2E-01	33,76	0,152	2,5E-01	15,45	0,894	1,2E-01	33,76

Nome do Gene	Evento #	RGR da Area da Roseta			RGR do Diâmetro da Roseta			RGR da Cobertura do Diagrama		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE227	9852,3	0,161	5,4E-04	93,37	0,174	2,5E-02	32,77	1,292	5,4E-04	93,37
Controle		0,084			0,131			0,668		
NUE256	10063,4	0,132	5,2E-01	11,42	0,132	7,1E-01	-6,29	0,923	9,8E-01	0,41
NUE256	10061,1	0,167	1,2E-02	40,75	0,160	4,0E-01	13,13	1,332	1,2E-02	44,97
Controle		0,118			0,141			0,919		
NUE512	9284,2	0,100	3,9E-01	19,99	0,142	5,7E-01	8,06	0,802	3,9E-01	19,99
NUE512	9283,1	0,115	7,3E-02	37,78	0,150	2,7E-01	14,31	0,920	7,3E-02	37,78
NUE512	9284,3	0,091	6,8E-01	8,61	0,136	7,8E-01	3,59	0,726	6,8E-01	8,61
NUE512	9282,3	0,116	6,6E-02	38,73	0,151	2,8E-01	14,64	0,927	6,6E-02	38,73
NUE512	9283,3	0,098	4,0E-01	17,73	0,125	6,8E-01	-5,14	0,787	4,0E-01	17,73
NUE512	9281,3	0,103	2,5E-01	23,92	0,140	6,0E-01	6,87	0,783	4,2E-01	17,24
Controle		0,084			0,131			0,668		
NUE514	9403,5	0,108	2,4E-01	28,84	0,137	7,8E-01	4,40	0,861	2,4E-01	28,84
NUE514	9404,4	0,117	6,4E-02	39,59	0,155	1,6E-01	17,67	0,869	1,4E-01	30,04
NUE514	9402,2	0,177	8,9E-05	111,43	0,195	1,5E-03	48,26	1,412	8,9E-05	111,43
NUE514	9403,2	0,105	3,4E-01	26,02	0,140	7,1E-01	6,57	0,842	3,4E-01	26,02
NUE514	9402,5	0,144	8,3E-03	72,44	0,180	2,7E-02	37,10	1,152	8,3E-03	72,44
NUE514	9404,5	0,126	1,8E-02	50,85	0,164	6,6E-02	24,82	1,008	1,8E-02	50,85
Controle		0,084			0,131			0,668		
NUE527	9201,1	0,131	1,5E-02	56,83	0,146	3,8E-01	11,45	1,048	1,5E-02	56,83
Controle		0,084			0,131			0,668		
NUE532	9222,4	0,132	3,4E-02	58,62	0,177	4,2E-02	34,79	1,060	3,4E-02	58,62
NUE532	9222,3	0,124	2,7E-02	48,99	0,148	3,2E-01	12,66	0,995	2,7E-02	48,99
NUE532	9222,1	0,124	3,9E-02	48,48	0,153	2,5E-01	16,37	0,992	3,9E-02	48,48
NUE532	9223,3	0,106	2,0E-01	26,75	0,135	8,3E-01	2,62	0,847	2,0E-01	26,75
NUE532	9224,4	0,132	9,5E-03	58,37	0,159	1,0E-01	21,08	0,991	2,7E-02	48,37
NUE532	9223,5	0,162	1,4E-04	94,31	0,169	3,4E-02	28,67	1,298	1,4E-04	94,31
Controle		0,084			0,131			0,668		
NUE535	9086,2	0,118	6,7E-02	40,98	0,169	3,7E-02	28,72	0,942	6,7E-02	40,98
NUE535	9084,2	0,103	2,6E-01	23,65	0,138	7,0E-01	4,93	0,826	2,6E-01	23,65
NUE535	9081,1	0,101	3,1E-01	20,62	0,137	7,2E-01	4,66	0,806	3,1E-01	20,62
Controle		0,084			0,131			0,668		
NUE537	9391,1	0,101	3,0E-01	20,89	0,143	5,1E-01	8,62	0,808	3,0E-01	20,89
NUE537	9392,2	0,107	1,9E-01	27,77	0,142	5,0E-01	8,29	0,854	1,9E-01	27,77
NUE537	9393,2	0,120	4,4E-02	43,18	0,135	8,3E-01	2,61	0,894	1,1E-01	33,89
NUE537	9393,1	0,156	5,1E-04	86,73	0,198	2,4E-04	50,58	1,247	5,1E-04	86,73
NUE537	9392,3	0,101	3,8E-01	20,36	0,140	6,6E-01	6,28	0,804	3,8E-01	20,36
NUE537	9393,3	0,133	1,0E-02	59,56	0,162	7,9E-02	23,54	1,066	1,0E-02	59,56
Controle		0,084			0,131			0,668		
NUE576	9793,4	0,163	1,1E-01	37,49	0,157	5,5E-01	11,44	1,139	3,0E-01	23,91
NUE576	9792,4	0,139	2,6E-01	17,71	0,167	2,7E-01	18,29	1,047	4,2E-01	13,98
NUE576	9794,1	0,168	1,7E-02	41,95	0,161	4,0E-01	14,09	1,343	1,6E-02	46,20
Controle		0,118			0,141			0,919		
NUE576	9792,4	0,150	8,5E-04	79,96	0,162	6,5E-02	23,36	1,202	8,5E-04	79,96
NUE576	9792,3	0,149	1,2E-03	78,96	0,177	1,3E-02	34,59	1,196	1,2E-03	78,96
NUE576	9794,1	0,095	5,1E-01	14,23	0,145	4,7E-01	10,57	0,763	5,1E-01	14,23
NUE576	9793,3	0,104	2,4E-01	24,59	0,140	6,4E-01	6,33	0,771	4,4E-01	15,45
Controle		0,084			0,131			0,668		

[00388] Tabela 49: As análises de performance de crescimento de rosácea (taxa de crescimento relativo da área e diâmetro da rosácea e cobertura da planta) de plantas transgênicas que superexpressam os

polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob nitrogênio limitado (1,5 mM KN03, 1 mM KH2P04, 1 mM MgS04. 3,6 mM KC1, 2 mM CaCl2 e microelementos) em comparação com as plantas de controle.

[00389] Os genes apresentados nas Tabelas 50 e 51, mostrados abaixo, aprimoraram o eficiente de nitrogênio da planta quando cultivada sob condições padrão de crescimento de nitrogênio em comparação com as plantas de controle. Esses genes produziram plantas grandes com maior área fotossintética quando cultivada sob condições padrão de crescimento de nitrogênio em comparação com as plantas de controle.

[00390] As Tabelas 50 e 51 descrevem as análises de biomassa da planta (peso fresco, peso seco, diâmetro da rosácea, área da rosácea e cobertura da planta) quando cultivada sob condições padrão de nitrogênio (6 mM KN03, 1 mM KH2P04, 1 mM MgS04, 2 mM CaCl2 e microelementos) em plantas que superexpressam os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi feita testando-se a performance de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecido e os resultados obtidos foram repetidos. O evento com valor $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 50

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem biomassa de planta aprimorada (peso seco e peso fresco) sob condições padrão de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco			Peso fresco		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE227	9851,4	0,170	1,8E-01	18,41	1,631	2,1E-01	12,64
NUE227	9854,2	0,163	1,7E-01	13,18	1,744	2,1E-02	20,41
NUE227	9853,1	0,202	2,1E-01	40,61	2,019	1,9E-02	39,40
NUE227	9852,3	0,199	2,6E-01	38,87	1,794	3,7E-01	23,86
Controle		0,144			1,448		
NUE233	10174,3	0,128	1,3E-01	21,58	1,206	1,0E-01	19,80
NUE233	10173,7	0,143	1,4E-02	36,31	1,210	3,8E-01	20,15

Nome do Gene	Evento #	Peso Seco			Peso fresco		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
Controle		0,105			1,007		
NUE256	10063,4	0,139	4,0E-01	32,65	1,363	1,6E-01	35,31
NUE256	10061,3	0,118	5,8E-01	12,64	1,025	9,2E-01	1,80
Controle		0,105			1,007		
NUE512	9282,3	0,177	2,0E-01	23,20	1,881	2,8E-03	29,90
Controle		0,144			1,448		
NUE514	9403,5	0,168	2,3E-02	17,10	1,556	5,9E-01	7,46
NUE514	9402,2	0,161	2,2E-01	11,88	1,769	3,7E-02	22,13
NUE514	9404,5	0,153	5,0E-01	6,65	1,531	3,9E-01	5,73
NUE514	9402,5	0,171	1,7E-01	19,28	1,488	7,3E-01	2,71
Controle		0,144			1,448		
NUE531	10081,5	0,115	5,2E-01	10,00	1,086	5,9E-01	7,83
Controle		0,105			1,007		
NUE532	9222,4	0,175	4,9E-01	21,89	1,750	3,4E-01	20,84
NUE532	9223,3	0,156	2,3E-01	8,83	1,556	2,8E-01	7,46
NUE532	9223,5	0,164	4,4E-01	14,05	1,669	5,3E-02	15,23
Controle		0,144			1,448		
NUE537	9391,1	0,178	1,3E-01	24,07	1,669	4,8E-02	15,23
NUE537	9393,1	0,168	2,4E-01	16,92	1,743	3,2E-02	20,35
Controle		0,144			1,448		

[00391] Tabela 50: As análises de biomassa da planta (peso seco e peso fresco) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob nitrogênio padrão (6 mM KN03, 1 mM KH2P04, 1 mM MgS04. 2 mM CaCl2 e microelementos) em comparação com as plantas de controle. "Ave." = média.

Tabela 51

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem biomassa de planta aprimorada (área e diâmetro da rosácea e cobertura da planta) sob condições padrão de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Diâmetro da Roseta			Área da Roseta			Cobertura do Diagrama		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE227	9851,4	1,82	8,6E-01	-1,70	1,29	3,5E-01	9,98	10,30	3,5E-01	9,98
NUE227	9854,2	2,13	7,6E-02	14,82	1,40	2,1E-01	19,82	11,22	2,1E-01	19,82
NUE227	9853,1	1,96	6,1E-01	5,70	1,45	1,8E-01	23,64	11,58	1,8E-01	23,64
NUE227	9852,3	1,94	5,9E-01	4,72	1,40	5,8E-01	19,24	11,17	5,8E-01	19,24
Controle		1,85			1,17			9,37		
NUE233	10174,3	2,69	2,8E-01	12,27	2,54	3,0E-01	24,73	20,36	2,7E-01	27,64
NUE233	10173,7	2,61	4,7E-01	9,02	2,49	4,0E-01	22,00	18,84	5,9E-01	18,14
Controle		2,40			2,04			15,95		
NUE256	10063,4	3,37	1,5E-03	40,59	3,25	1,4E-01	59,40	24,17	2,9E-02	51,58
NUE256	10061,3	2,89	3,3E-01	20,50	2,38	5,8E-01	16,48	19,01	5,3E-01	19,20

Nome do Gene	Evento #	Diâmetro da Roseta			Area da Roseta			Cobertura do Diagrama		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
Controle		2,40			2,04			15,95		
NUE512	9282,3	2,08	3,8E-02	12,43	1,38	1,3E-01	18,07	11,06	1,3E-01	18,07
Controle		1,85			1,17			9,37		
NUE514	9403,5	2,14	1,9E-02	15,56	1,44	6,0E-02	23,37	11,56	6,0E-02	23,37
NUE514	9402,2	2,03	9,8E-02	9,60	1,46	5,4E-02	24,90	11,70	5,4E-02	24,90
NUE514	9404,5	2,13	2,1E-02	14,76	1,56	1,6E-02	32,88	12,45	1,6E-02	32,88
NUE514	9402,5	2,15	3,9E-02	16,09	1,45	5,6E-02	23,83	11,60	5,6E-02	23,83
Controle		1,85			1,17			9,37		
NUE531	10081,5	2,78	1,5E-01	16,08	2,50	2,5E-01	22,65	18,66	3,0E-01	17,01
NUE531	10083,2	2,99	6,6E-02	24,72	3,18	2,0E-01	56,02	24,12	3,4E-01	51,24
Controle		2,40			2,04			15,95		
NUE532	9222,4	2,04	2,8E-01	10,29	1,43	2,2E-01	22,08	11,44	2,2E-01	22,08
NUE532	9223,3	2,04	9,0E-02	10,28	1,38	1,3E-01	18,26	11,08	1,3E-01	18,26
NUE532	9223,5	2,23	5,3E-03	20,20	1,64	6,4E-03	40,20	13,13	6,4E-03	40,20
Controle		1,85			1,17			9,37		
NUE537	9391,1	1,87	8,6E-01	0,96	1,22	6,7E-01	4,43	9,78	6,7E-01	4,43
NUE537	9393,1	1,90	7,6E-01	2,36	1,34	4,7E-01	14,85	10,17	7,5E-01	8,55
Controle		1,85			1,17			9,37		

[00392] Tabela 51: As análises de biomassa da planta (área e diâmetro da rosácea e cobertura da planta) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivadas sob nitrogênio padrão (6 mM KNO₃, 1 mM KH₂PO₄, 1 mM MgSO₄; 2 mM CaCl₂ e microelementos) em comparação com as plantas de controle. "Incr." = incremento; "Ave." = média.

[00393] Os genes apresentados na Tabela 52, mostrados abaixo, aprimoraram o eficiente de nitrogênio da planta quando cultivada sob condições padrão de crescimento de nitrogênio em comparação com as plantas de controle. Esses genes produziram plantas grandes com maior área fotossintética como pode ser observado pelo número maior de folhas, área da lâmina da folha e área do pecíolo em comparação com as plantas de controle.

[00394] Tabela 52 descreve as análises da área fotossintética da planta (número de folhas e área do pecíolo) quando cultivada sob condições padrão de nitrogênio (6 mM KNO₃, 1 mM KH₂PO₄, 1 mM MgSO₄. 2 mM CaCh e microelementos) em plantas que superexpressam os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor

constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi feita testando-se a performance de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecido e os resultados obtidos foram repetidos. O evento com valor $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 52

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem áreas fotossintéticas aprimoradas (área da lâmina da folha e comprimento do pecíolo) sob condições padrão de crescimento de nitrogênio

Nome do Gene	Evento #	Área da folhagem [cm ²]			Comprimento do Pecíolo da folhagem		
		média	Valor-p	%aumento	média	Valor-p	%aumento
NUE227	9851,4	0,219	1,6E-01	15,14	0,305	7,2E-02	-14,52
NUE227	9854,2	0,249	2,6E-02	30,94	0,373	4,6E-01	4,52
NUE227	9853,1	0,248	6,6E-02	30,68	0,364	7,9E-01	2,16
NUE227	9852,3	0,232	4,4E-01	22,31	0,331	4,7E-01	-7,20
Controle		0,190			0,357		
NUE233	10174	0,437	1,8E-01	28,66	0,424	3,3E-01	15,67
NUE233	10174	0,440	1,8E-01	29,28	0,440	2,3E-01	20,06
Controle		0,340			0,366		
NUE256	10063	0,518	2,3E-01	52,46	0,491	1,9E-01	34,00
NUE256	10061	0,384	4,9E-01	13,04	0,426	4,3E-01	16,39
Controle		0,340			0,366		
NUE512	9282,3	0,244	2,3E-02	28,51	0,370	4,7E-01	3,82
Controle		0,190			0,357		
NUE514	9403,5	0,245	1,2E-01	28,88	0,380	2,4E-01	6,47
NUE514	9402,2	0,225	1,3E-01	18,56	0,373	4,4E-01	4,60
NUE514	9404,5	0,246	5,1E-02	29,57	0,358	9,5E-01	0,42
NUE514	9402,5	0,235	4,4E-02	23,86	0,414	3,7E-02	16,10
Controle		0,190			0,357		
NUE531	10082	0,393	2,5E-01	15,61	0,445	5,6E-02	21,67
NUE531	10083	0,526	4,9E-02	54,72	0,503	4,4E-02	37,48
Controle		0,340			0,366		
NUE532	9222,4	0,238	1,8E-01	25,41	0,380	4,4E-01	6,51
NUE532	9223,3	0,217	3,5E-01	13,98	0,418	3,3E-02	17,17
NUE532	9223,5	0,261	1,1E-02	37,44	0,404	9,7E-02	13,18
Controle		0,190			0,357		
NUE537	9391,1	0,206	4,1E-01	8,34	0,340	4,9E-01	-4,82
NUE537	9393,1	0,204	6,9E-01	7,22	0,369	5,6E-01	3,52
Controle		0,190			0,357		

[00395] Tabela 52: As análises da área fotossintéticas (área da lâmina da folha e comprimento do pecíolo) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada

sob nitrogênio padrão (6 mM KNO₃, 1 mM KH₂PO₄, 1 mM MgSCU. 2 mM CaCl₂ e microelementos) em comparação com as plantas de controle. "Ave." = média.

EXEMPLO 8

AVALIAÇÃO DO CRESCIMENTO DE PLANTAS TRANSGÊNICAS SOB CONDIÇÕES DE ESTRESSE ABIÓTICO

[00396] Uma das consequências da estiagem é a indução de estresse osmótico na área ao redor das raízes; portanto, em muitos estudos científicos, o PEG (por exemplo, 1,5 % PEG8000) é usado para simular as condições de estresse osmótico semelhantes à alta osmolaridade encontrada durante o estresse da estiagem.

[00397] Ensaio 1: Ensaio de tolerância a estresse abiótico sob condições de cultura – O crescimento da planta foi avaliado sob salinidade (150 mM NaCl) ou estresse osmótico [poli (etileno glicol) (PEG)] em condições de cultura de tecido.

[00398] As sementes com superfície esterilizada foram cultivadas em meio basal [50% de meio Murashige-Skoog (MS) suplementado com 0,8 % de ágar de planta como agente solidificante] na presença de canamicina (somente para seleção de plantas transgênicas). Após o cultivo, as placas foram transferidas por 2 a 3 dias para estratificação a 4°C e então cultivadas a 25°C sob ciclos de 12 horas de luz e 12 horas de escuridão durante 7 a 10 dias. Nesse momento, mudas escolhidas aleatoriamente foram cuidadosamente transferidas para pratos contendo 150 mM ou 1,5 % de PEG: 0,5 de meio MS ou condições normais de crescimento (0,5 de meio MS). Cada placa continha 5 mudas do mesmo evento transgênico e 3 a 4 placas diferentes (réplicas) para cada evento. Para cada polinucleotídeo da invenção, no mínimo quatro eventos independentes de transformação foram analisados de cada conjunto. As plantas expressando os polinucleotídeos da invenção foram comparadas com a medição da média das plantas de controle (vetor

vazio ou gene de repórter do GUS sob o mesmo promotor) usadas no mesmo experimento.

[00399] Imagem digital – Um sistema de aquisição de imagens laboratoriais que consiste de uma câmera de reflexo digital (Canon EOS 300D) com uma lente de distância focal de 55 mm (Canon série EF-S), montada sobre dispositivo de reprodução (Kaiser RS) que inclui 4 lâmpadas (4 lâmpadas de 150 Watts cada) e localizada em um quarto escuro, foi usada para capturar imagens das pequenas plantas cultivadas em pratos com ágar.

[00400] Foi usado um sistema de análise de imagens que consiste de um computador de mesa (processador Intel P4 3,0 GHz) e um programa gratuito - Imagem J 1.39 [programa de processamento de imagens em Java desenvolvido no National Institutes of Health dos EUA e disponível gratuitamente na internet em <http://rsbweb.nih.gov/>]. As imagens foram capturadas em resolução de 10 megapixels (3888 x 2592 pixels) e armazenadas em formato JPEG (Joint Photographic Experts Group). Em seguida, os dados analisados foram salvos em arquivos de texto e processados usando o software de análise estatística JMP (SAS institute).

[00401] Análise de mudas – Com uso da análise digital, os dados foram calculados, inclusive a área da folha, a cobertura da raiz e a comprimento da raiz.

[00402] A taxa de crescimento relativo dos vários parâmetros de muda foi calculada de acordo com as seguintes fórmulas V, VI e VII conforme descrito a seguir.

Fórmula V:

Taxa de crescimento relativo da área da folha = Coeficiente de regressão
da área da folha no decorrer do tempo.

Fórmula VI:

Taxa de crescimento relativo da cobertura da raiz = Coeficiente de regressão
da cobertura da raiz no decorrer do tempo.

Fórmula VII:

Taxa de crescimento relativo do comprimento da raiz = Coeficiente de regressão do comprimento da raiz no decorrer do tempo.

[00403] Ao final do experimento, as pequenas plantas foram removidas do meio e pesadas para a determinação do peso da planta fresca. As plantinhas foram então secas por 24 horas a 60°C e pesadas novamente para medição do seu peso seco para análise estatística posterior. A taxa de crescimento foi determinada comparando-se a cobertura da área da folha, a cobertura da raiz e o comprimento da raiz, entre cada par de fotografias sequenciais e os resultados foram usados para resolver o efeito do gene introduzido no vigor da planta, sob estresse osmótico e também sob condições ideais. De forma semelhante, o efeito do gene introduzido no acúmulo de biomassa, sob estresse osmótico e também sob condições ideais, foi determinado comparando-se o peso da planta fresca e da planta seca com o das plantas de controle (que continham o gene do repórter do GUS sob o mesmo promotor). De cada conjunto criado, foram examinados 3 a 5 eventos independentes de transformação nas réplicas.

[00404] Análises estatísticas – Para identificar genes que conferem tolerância significativamente aprimorada a estresses abióticos ou arquitetura de raiz maior, os resultados obtidos das plantas transgênicas foram comparados com os obtidos de plantas de controle. Para identificar genes e conjuntos com melhor performance, os resultados dos eventos independentes de transformação foram analisados separadamente. Para avaliar o efeito de um evento de gene sobre o controle, os dados foram analisados pelo teste t Student e o valor p foi calculado. Os resultados foram considerados significativos se $p < 0,1$. Foi usado o pacote de software de estatística JMP (Versão 5.2.1, SAS Institute Inc., Cary, Carolina do Norte, EUA).

Resultados experimentais:

[00405] Os genes apresentados nas Tabelas 53, 54 e 55, mostrados

abaixo, aprimoraram a ABST (tolerância a estresse abiótico) da planta quando cultivada sob altos níveis de concentração de salinidade em comparação com as plantas de controle. Os resultados mostraram que os genes também aprimoraram a performance da planta sob condições de sem salinidade.

[00406] As Tabelas 53, 54 e 55 descrevem as análises de performance da planta (área de folhas e raiz) sob condições normais (0 mM NaCl) ou de alta salinidade (150 mM NaCl) em plantas que superexpressam os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção sob a regulação de um promotor constitutivo (35S). A avaliação de cada gene foi feita testando-se a performance de vários eventos. Alguns dos genes foram avaliados em mais de um ensaio de cultura de tecido e os resultados obtidos foram repetidos. O evento com valor $p < 0,1$ foi considerado estatisticamente significativo.

Tabela 53

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem performance aprimorada (área de folhas e raízes da planta) sob condições normais (padrão)

Tratamento	Nome do Gene	Evento	Área Foliar [cm ²]			Área da Raiz [cm ²]		
			Média	Estatísticas	% aumento	Média	Estatísticas	% aumento
0 mM NaCl	CT81	4995,1	0,60	A	23,04	0,25	A	57,13
0 mM NaCl	CT81	4991,1	0,53	AB	7,91	0,16	B	0,18
0 mM NaCl	Controle	4543,3	0,49	B		0,16	B	

[00407] Tabela 53: As análises de performance da planta (área de folhas e raízes) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob condições padrão (0 mM NaCl) em comparação com as plantas de controle.

Tabela 54

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem performance aprimorada (área das

folhas) sob estresse de salinidade

Tratamento	Nome do Gene	Evento	Área Foliar [cm ²]		
			Média	Estatísticas	% aumento
150 mM NaCl	CT81	4991,1	0,25	A	27,57
150 mM NaCl	CT81	4995,1	0,21	B	3,74
150 mM NaCl	CT81	4993,1	0,20	B	2,09
150 mM NaCl	Controle	4543,3	0,20	B	

[00408] Tabela 54: As análises de performance da planta (área das folhas) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob condições de salinidade (150 mM NaCl) em comparação com as plantas de controle.

Tabela 55

Plantas transgênicas que expressem de forma exógena os polinucleotídeos de algumas configurações da invenção exibem performance aprimorada (área da raiz) sob condições de salinidade

Tratamento	Nome do Gene	Evento	Area da Raiz [cm ²]		
			Média	Estatísticas	% aumento
150mMNaCl	CT81	4995,1	0,24	A	44,30
150mMNaCl	CT81	4991,1	0,22	A	30,09
150mMNaCl	Controle	4543,3	0,17	B	0,00

[00409] Tabela 55: As análises de performance da planta (roots área) de plantas transgênicas que superexpressam os polinucleotídeos exógenos de algumas configurações da invenção (usando os genes clonados ou sintéticos listados na Tabela 23 acima) sob a regulação de um promotor constitutivo (35S) quando cultivada sob condições de salinidade (150 mM NaCl) em comparação com as plantas de controle.

[00410] Embora a invenção tenha sido descrita em conjunto com configurações específicas da mesma, é evidente que muitas alternativas, modificações e variações possíveis serão evidentes àqueles que possuem perícia na técnica. Da mesma forma, pretende-se aqui abarcar todas as alternativas, modificações e variações que estejam dentro do princípio e do amplo escopo das reivindicações anexadas.

[00411] Todas as publicações, patentes e pedidos de patente

mencionados nesta especificação são a este incorporados em sua totalidade por meio de referência à especificação, como se cada publicação, patente ou pedido de patente individual fosse indicado específica e individualmente para ser a este incorporada por referência. Além disso, a citação ou identificação de qualquer referência neste pedido não deve ser interpretada como uma admissão de que tal referência esteja disponível como técnica anterior à presente invenção. Os cabeçalhos das seções que foram utilizados não devem ser interpretados como delimitação do escopo.

REIVINDICAÇÕES

1. Método para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio e/ou tolerância à deficiência de nitrogênio de uma planta, caracterizado por:

(a) superexpressar dentro da planta um polinucleotídeo exógeno estabelecido pela

(i) SEQ ID NO: 2506, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 2557, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 2557,

(ii) SEQ ID NO: 111, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 248, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 248,

(iii) SEQ ID NO: 1285, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 2349, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 2349, ou

(iv) SEQ ID NO: 1286, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 2350, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 2350, e

(b) selecionar plantas que se super expressam para uma maior eficiência de uso de nitrogênio e/ou para uma maior tolerância à deficiência de nitrogênio em comparação com plantas controle da mesma espécie sob as mesmas condições de crescimento,

aumentando, por meio disto, a eficiência de uso do nitrogênio e/ou tolerância à deficiência de nitrogênio da planta.

2. Método para aumentar a eficiência de uso do nitrogênio e/ou tolerância à deficiência de nitrogênio de uma planta, o método sendo caracterizado por:

(a) superexpressar dentro da planta um polipeptídeo possuindo uma sequência de aminoácido selecionada do grupo consistindo das SEQ ID N°: 2557, 248, 2349 e 2350, e,

(b) selecionar plantas que se super expressam para uma maior eficiência de uso de nitrogênio e/ou para uma maior tolerância à deficiência de nitrogênio em comparação com plantas controle da mesma espécie sob as mesmas condições de crescimento,

aumentando, por meio disto, a eficiência de uso do nitrogênio e/ou tolerância à deficiência de nitrogênio da planta.

3. Método de acordo com a reivindicação 2, caracterizado pelo fato de que o dito polipeptídeo é codificado por um polinucleotídeo exógeno, o qual possui uma sequência de ácido nucleico selecionada do grupo consistindo das SEQ ID N°: 2506, 111, 1285 e 1286.

4. Método, de acordo com a reivindicação 1 ou 2, caracterizado pelo fato de que o referido polinucleotídeo exógeno é estabelecido por:

(i) SEQ ID NO: 2506, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 2557, ou sequências degeneradas das mesmas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 2557, ou

(ii) SEQ ID NO: 111, que codifica o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 248, ou suas sequências degeneradas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 248.

5. Método, de acordo com a reivindicação 1 ou 2, caracterizado pelo fato de o polinucleotídeo exógeno é estabelecido pela SEQ ID NO: 2506 ou 111.

6. Método, de acordo com a reivindicação 1 ou 2, caracterizado pelo fato de que o referido polinucleotídeo exógeno é estabelecido pela SEQ ID NO: 2506, codificando o polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 2557, ou suas sequências degeneradas que codificam o referido polipeptídeo estabelecido pela SEQ ID NO: 2557.

7. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 1 a 6, caracterizado pelo fato de que compreende ainda o crescimento da planta

superexpressando o referido polipeptídeo sob condições de deficiência de nitrogênio.

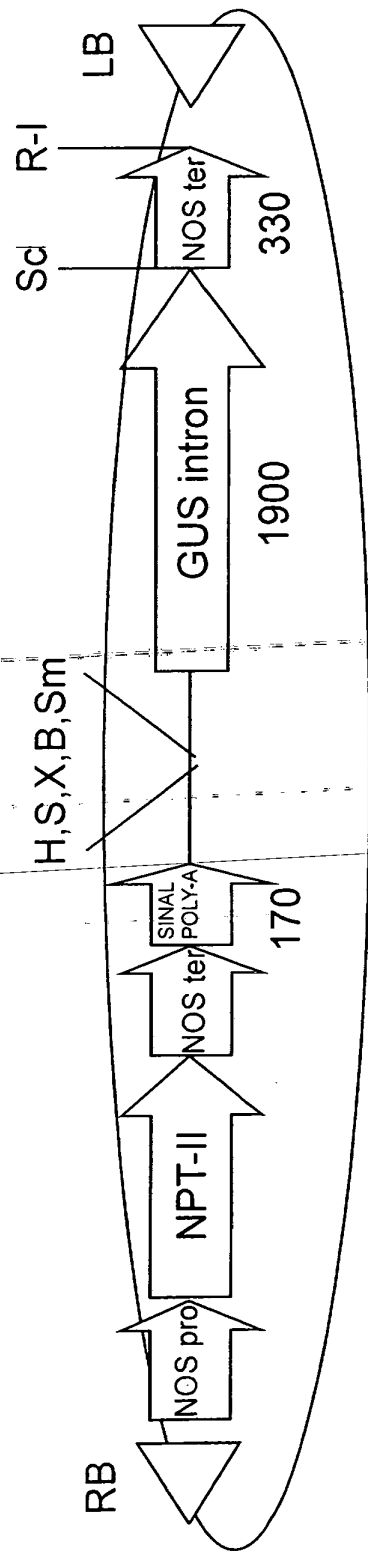


FIG. 1

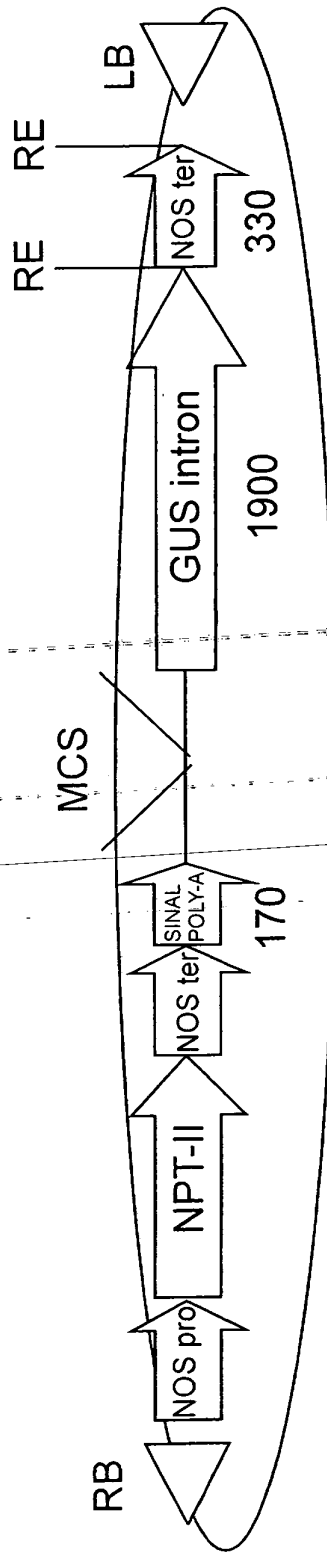


FIG. 2

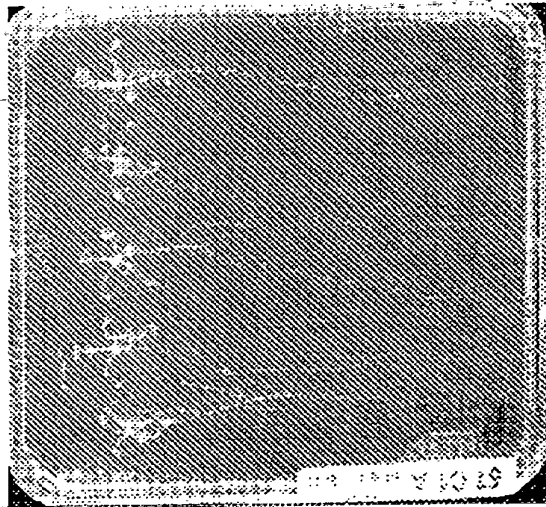


FIG.3A

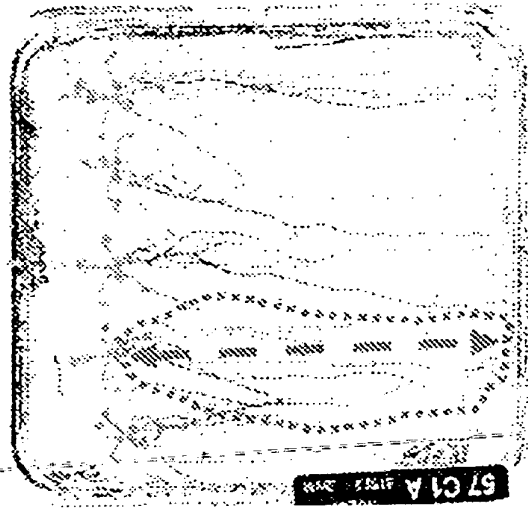


FIG.3B