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

(11) PI 0907786-3 B1

(22) Data do Depósito: 20/02/2009

(45) Data de Concessão: 01/06/2021

(54) Título: MÉTODO DE PRODUÇÃO DE UMA PLANTA E MÉTODO DE AUMENTAR O NÍVEL DE TOLERÂNCIA A BAIXO TEOR DE NITROGÊNIO EM UMA PLANTA

(51) Int.Cl.: C12N 15/29; C12N 5/10; C12N 5/04; A01H 1/00.

(30) Prioridade Unionista: 20/02/2008 US 61/030,152.

(73) Titular(es): CERES, INC..

(72) Inventor(es): GREGORY NADZAN; RICHARD SCHNEEBERGER; HAN SUK KIM; DAVID VAN-DINH DANG; KENNETH A. FELDMANN.

(86) Pedido PCT: PCT US2009034638 de 20/02/2009

(87) Publicação PCT: WO 2009/105612 de 27/08/2009

(85) Data do Início da Fase Nacional: 18/08/2010

(57) Resumo: SEQUÊNCIAS DE NUCLEOTÍDEO E POLIPEPTÍDEOS CORRESPONDENTES QUE CONFEREM CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA APRIMORADA DE USO DE NITROGÊNIO EM PLANTAS. A invenção refere-se a métodos e materiais para modulação dos baixos níveis de tolerância ao nitrogênio em plantas. Por exemplo, ácidos nucleicos que codificam polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio são divulgados, bem como métodos para uso de tais ácidos nucleicos para transformar células de planta. Também divulgadas são plantas tendo níveis aumentados de tolerância a baixo teor de nitrogênio e produtos de planta produzidos a partir de plantas tendo níveis aumentados de tolerância a baixo teor de nitrogênio.

MÉTODO DE PRODUÇÃO DE UMA PLANTA E MÉTODO DE AUMENTAR O NÍVEL DE TOLERÂNCIA A BAIXO TEOR DE NITROGÊNIO EM UMA PLANTA

INCORPORÇÃO POR REFERÊNCIA DE LISTAGEM DE SEQUÊNCIA OU TABELA

[0001] O material na listagem de sequência em anexo é aqui incorporado por referência em sua totalidade ao presente pedido. O arquivo em anexo, denominado 2009_02_12_SequenceListing_2750_1699WO1.txt, foi criado em 12 de fevereiro de 2009 e tem 6,27 MB. O arquivo pode ser acessado usando o Microsoft Word em um computador que usa Windows OS.

CAMPO TÉCNICO

[0002] A presente invenção refere-se a métodos e materiais envolvidos em tolerância de uma planta a fontes de nitrogênio exógeno limitadas. Por exemplo, esse documento proporciona plantas tendo níveis aumentados de tolerância a baixo teor de nitrogênio, bem como materiais e métodos para produzir plantas e produtos de planta tendo níveis aumentados de tolerância a baixo teor de nitrogênio.

ANTECEDENTES

[0003] O nitrogênio é, frequentemente, um elemento que limita a progressão no crescimento de uma planta e todas as safras de campo têm uma dependência fundamental de fontes de nitrogênio exógeno.

[0004] De acordo com um estudo recente publicado em Field Crops Research (Volume 100, Edições 2-3, 1 de Fevereiro de 2007, Páginas 210-217), fertilizante nitrogenoso, o qual é

usualmente fornecido como nitrato de amônio, nitrato de potássio ou ureia responde, tipicamente, por 40% dos custos associados a safras, tais como milho e trigo, em agricultura intensiva.

[0005] O aprimoramento da eficiência de uso de nitrogênio de plantas de safra é uma meta importante que objetiva reduzir os custos de insumo e reduzir as consequências ambientais de fertilização intensa com nitrogênio sobre o ambiente. A eficiência aumentada de uso de nitrogênio pelas plantas permitiria a produção de maiores rendimentos com as fontes de fertilizante existentes e/ou permitiria que os rendimentos existentes das safras fossem obtidos com menor insumo de nitrogênio ou melhores rendimentos sobre solos de qualidade mais pobre. Também, maiores quantidades de proteínas nas safras poderiam ser produzidas com um custo mais eficaz.

[0006] Plantas têm uma série de meios para se adaptar a deficiências de nutrientes, tal como pobre disponibilidade de nitrogênio. Um mecanismo importante capta a disponibilidade de nitrogênio no solo e responde, consequentemente, através de modulação de expressão gênica, enquanto que um segundo mecanismo é capturar ou armazenar nitrogênio em momentos de abundância a ser usado depois. O mecanismo de captação de nitrogênio conta com expressão gênica regulada e permite respostas fisiológicas e metabólicas rápidas a mudanças no suprimento de nitrogênio inorgânico no solo através de ajuste da captação, redução, divisão, remobilização e transporte de nitrogênio em resposta a alterações nas condições ambientais. O nitrato atua como um sinal para iniciar uma série de respostas que serem para reprogramar o metabolismo, fisiologia e desenvolvimento

da planta (Redinbaugh *et al*. (1991) *Physiol. Plant*. 82, 640-650; Forde (2002) *Annual Review of Plant Biology* 53, 203-224). Expressão gênica nitrogênio-induzível foi caracterizada por uma série de genes em alguns detalhes. Esses incluem reductase de nitrato, reductase de nitrito, desidrogenase de 6-fosfogluconato e transportadores de nitrato e amônio (Redinbaugh *et al*. (1991) *Physiol. Plant*. 82, 640–650; Huber *et al*. (1994) Plant Physiol 106, 1667-1674; Hwang *et al*. (1997) *Plant Physiol*. 113, 853-862; Redinbaugh *et al*. (1998) *Plant Science* 134, 129-140; Gazzarrini *et al*. (1999) *Plant Cell* 11, 937-948; Glass *et al*. (2002) *J. Exp. Bot*. 53, 855-864; Okamoto *et al*. (2003) *Plant Cell Physiol*. 44, 304-317).

[0007] Nos campos de agricultura e floresta, esforços são feitos constantemente para produzir plantas com potencial de crescimento aumentado de forma a alimentar a população mundial cada vez maior e assegurar o fornecimento de matérias-primas reproduzíveis. Há uma necessidade por métodos de aumento da eficiência do uso de nitrogênio em plantas, o qual leva a um melhor potencial de crescimento e mais biomassa. Isso é feito, convencionalmente, através de melhoramento de planta. O processo de melhoramento, contudo, algumas vezes, é trabalhoso e consome tempo. Além disso, programas de melhoramento devem ser realizados para cada espécie relevante de planta. Além disso, não obstante o grande progresso que foi feito sobre a utilização de nitrogênio e os componentes envolvidos na eficiência de uso de nitrogênio, tais como captação de nitrogênio, assimilação de nitrogênio e divisão ou remobilização de nitrogênio, muito ainda é desconhecido sobre várias dessas interações complexas. Portanto, há uma necessidade contínua por processos

aplicáveis de modo geral que aprimoram o crescimento de plantas agrícolas ou florestais para se adequar às necessidades particulares, dependendo das condições ambientais específicas. Por exemplo, genes que conferem tolerância ao crescimento sobre baixo suprimento de nitrogênio são protótipos de produto valiosos para manipulação da eficiência de uso de nitrogênio em plantas (Good *et al*., 2004). Uma estratégia para obter tais traços desejáveis envolve manipulação genética de características de plantas através da introdução de ácidos nucleicos exógenos que conferem eficiência aumentada de uso de nitrogênio pelas plantas o que, por sua vez, permitiria a produção de maiores rendimentos com insumos de fertilizante existentes e/ou permitiria que os níveis existentes de safras fossem obtidos com menor insumo de fertilizante ou melhores rendimentos sobre solos de qualidade mais pobre. Tais abordagens têm a vantagem de, usualmente, não estarem limitadas a uma espécie de planta, mas antes, serem transferíveis entre espécies de planta. A presente invenção refere-se a um método para aumento do potencial de crescimento e/ou aumento dos níveis de eficiência de uso de nitrogênio em plantas, caracterizado por expressão de moléculas de DNA recombinante estavelmente integradas no genoma da planta.

SUMÁRIO

[0008] A presente invenção proporciona métodos e materiais relacionados a plantas tendo níveis modulados de tolerância a baixo teor de nitrogênio. Por exemplo, a presente invenção proporciona plantas e células de plantas transgênicas tendo níveis aumentados de tolerância a baixo teor de nitrogênio, ácidos nucleicos (isto é, polinucleotídeos isolados),

polipeptídeos codificados pelos mesmos usados para gerar plantas e células de plantas transgênicas tendo níveis aumentados de tolerância a baixo teor de nitrogênio e métodos para produção de plantas e células de planta tendo níveis aumentados de tolerância a baixo teor de nitrogênio. Tais plantas e células de planta podem ser crescidas sob nitrogênio exógeno limitado sem crescimento atrofiado e rendimentos diminuídos. Plantas tendo níveis aumentados de tolerância a baixo teor de nitrogênio podem ser úteis para produzir biomassa a qual pode ser convertida a um combustível líquido e/ou outros produtos químicos e/ou produzir alimento e ração em terra que, atualmente, é marginalmente produtiva, resultando em uma expansão global de terras aráveis.

[0009] Métodos de produção de um tecido de planta são proporcionados aqui. Em um aspecto, um método compreende crescimento de uma célula de planta compreendendo um ácido nucleico exógeno. O ácido nucleico exógeno compreende uma região regulatória operavelmente ligada a uma sequência de nucleotídeo que codifica um polipeptídeo. O escore de bit pelo Modelo de Markov Oculto (Hidden Markov Model - HMM) da sequência de aminoácido do polipeptídeo é maior do que cerca de 20, usando um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido representadas em uma das figuras 1-57. O tecido tem uma diferença no nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio quando comparado com o nível correspondente em tecido de uma planta de controle que não compreende o ácido nucleico exógeno.

[0010] Em outro aspecto, um método compreende crescimento de uma célula de planta compreendendo um ácido nucleico exó-

geno. O ácido nucleico exógeno compreende uma região regulatória operavelmente ligada a uma sequência de nucleotídeo que codifica um polipeptídeo tendo 80 porcento ou mais de identidade de sequência a uma sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 166, SEQ ID NO: 186, SEQ ID NO: 208, SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 234, SEQ ID NO: 246, SEQ ID NO: 300, SEQ ID NO: 332, SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 510, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 646, SEQ ID NO: 687, SEQ ID NO: 730, SEQ ID NO: 746, SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 792, SEQ ID NO: 824, SEQ ID NO: 828, SEQ ID NO: 853, SEQ ID NO: 855, SEQ ID NO: 891, SEQ ID NO: 917, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 976, SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1054, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1116, SEQ ID NO: 1157, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1166, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1194, SEQ ID NO: 1210, SEQ ID NO: 1274, SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1342, SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1409, SEQ ID NO: 1428, SEQ ID NO: 1437, SEQ ID NO: 1463, SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1525, SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1554 ou SEQ ID NO: 1577. Uma planta e/ou tecidos de planta produzidos a partir da célula de planta tem uma diferença no nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio quando comparado com o nível correspondente de tolerância a baixo teor de nitrogênio de uma planta de controle que não compreende o ácido nucleico exógeno.

[0011] Em outro aspecto, um método compreende crescimento de uma célula de planta compreendendo um ácido nucleico exógeno. O ácido nucleico exógeno compreende uma região regulatória operavelmente ligada a uma sequência de nucleotídeo tendo

80 porcento ou mais de identidade de sequência a uma sequência de nucleotídeo, ou um fragmento da mesma, apresentada em SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 151, SEQ ID NO: 165, SEQ ID NO: 175, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 217, SEQ ID NO: 233, SEQ ID NO: 245, SEQ ID NO: 299, SEQ ID NO: 331, SEQ ID NO: 367, SEQ ID NO: 509, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 555, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 645, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 729, SEQ ID NO: 745, SEQ ID NO: 768, SEQ ID NO: 791, SEQ ID NO: 823, SEQ ID NO: 827, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 890, SEQ ID NO: 916, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 975, SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 1053, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1115, SEQ ID NO: 1156, SEQ ID NO: 1158, SEQ ID NO: 1165, SEQ ID NO: 1184, SEQ ID NO: 1193, SEQ ID NO: 1209, SEQ ID NO: 1273, SEQ ID NO: 1301, SEQ ID NO: 1341, SEQ ID NO: 1384, SEQ ID NO: 1408, SEQ ID NO: 1427, SEQ ID NO: 1462, SEQ ID NO: 1490, SEQ ID NO: 1509, SEQ ID NO: 1524, SEQ ID NO: 1536, SEQ ID NO: 1553 ou SEQ ID NO: 1576. Uma planta e/ou tecidos de planta produzidos a partir da célula de planta tem uma diferença no nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio quando comparado com o nível correspondente de tolerância a baixo teor de nitrogênio de uma planta de controle que não compreende o ácido nucleico exógeno.

[0012] Em outro aspecto, a invenção proporciona um método de produção de uma planta, o método compreendendo crescimento de uma célula de planta compreendendo um ácido nucleico exógeno que é eficaz para sub-regulação de um ácido nucleico endógeno na célula de planta, em que o ácido nucleico endógeno codifica um polipeptídeo e em que o escore de bit HMM da sequência de

aminoácido do polipeptídeo é maior do que cerca de 20, o referido HMM baseado nas sequências de aminoácido representadas em uma das figuras 1-57.

[0013] Métodos de modulação do nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio em uma planta são proporcionados aqui. Em um aspecto, um método compreende introdução, em uma célula de planta, de um ácido nucleico exógeno que compreende uma região regulatória operavelmente ligada a uma sequência de nucleotídeo que codifica um polipeptídeo. O escore de bit HMM da sequência de aminoácido do polipeptídeo é maior do que cerca de 20, usando um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido em uma das figuras 1-57. Uma planta ou célula de planta produzida a partir da célula de planta tem uma diferença no nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio quando comparado com o nível correspondente de tolerância a baixo teor de nitrogênio de uma planta de controle que não compreende o ácido nucleico exógeno.

[0014] Em determinadas modalidades, o escore de bit HMM da sequência de aminoácido do polipeptídeo é maior do que cerca de 40, usando um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido representadas em uma das figuras 1-57, em que o polipeptídeo compreende um domínio Pfam tendo 70 porcento ou mais de identidade de sequência a um domínio Pfam de qualquer um dos polipeptídeos na listagem de sequência.

[0015] Em outro aspecto, um método compreende modulação do nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio em uma planta através de introdução, em uma célula de planta, de um ácido

nucleico exógeno que compreende uma região regulatória operavelmente ligada a uma sequência de nucleotídeo que codifica um polipeptídeo tendo 80 porcento ou mais de identidade de sequência a uma sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 166, SEQ ID NO: 186, SEQ ID NO: 208, SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 234, SEQ ID NO: 246, SEQ ID NO: 300, SEQ ID NO: 332, SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 510, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 646, SEQ ID NO: 687, SEQ ID NO: 730, SEQ ID NO: 746, SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 792, SEQ ID NO: 824, SEQ ID NO: 828, SEQ ID NO: 853, SEQ ID NO: 855, SEQ ID NO: 891, SEQ ID NO: 917, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 976, SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1054, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1116, SEQ ID NO: 1157, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1166, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1194, SEQ ID NO: 1210, SEQ ID NO: 1274, SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1342, SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1409, SEQ ID NO: 1428, SEQ ID NO: 1437, SEQ ID NO: 1463, SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1525, SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1554 ou SEQ ID NO: 1577 ou um fragmento das mesmas. Uma planta e/ou tecido de planta produzido a partir da célula de planta tem uma diferença no nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio quando comparado com o nível correspondente de tolerância a baixo teor de nitrogênio de uma planta de controle que não compreende o ácido nucleico exógeno.

[0016] Em outro aspecto, um método compreende modulação do nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio em uma planta através de introdução, em uma planta, de um ácido nucleico

exógeno, que compreende uma região regulatória operavelmente ligada a uma sequência de nucleotídeo tendo 80 porcento ou mais de identidade de sequência a uma sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 151, SEQ ID NO: 165, SEQ ID NO: 175, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 217, SEQ ID NO: 233, SEQ ID NO: 245, SEQ ID NO: 299, SEQ ID NO: 331, SEQ ID NO: 367, SEQ ID NO: 509, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 555, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 645, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 729, SEQ ID NO: 745, SEQ ID NO: 768, SEQ ID NO: 791, SEQ ID NO: 823, SEQ ID NO: 827, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 890, SEQ ID NO: 916, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 975, SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 1053, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1115, SEQ ID NO: 1156, SEQ ID NO: 1158, SEQ ID NO: 1165, SEQ ID NO: 1184, SEQ ID NO: 1193, SEQ ID NO: 1209, SEQ ID NO: 1273, SEQ ID NO: 1301, SEQ ID NO: 1341, SEQ ID NO: 1384, SEQ ID NO: 1408, SEQ ID NO: 1427, SEQ ID NO: 1462, SEQ ID NO: 1490, SEQ ID NO: 1509, SEQ ID NO: 1524, SEQ ID NO: 1536, SEQ ID NO: 1553 ou SEQ ID NO: 1576 ou um fragmento das mesmas. Uma planta e/ou tecido de planta produzido a partir da célula de planta tem uma diferença no nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio quando comparado com o nível correspondente de tolerância a baixo teor de nitrogênio de uma planta de controle que não compreende o ácido nucleico exógeno.

[0017] Células de planta compreendendo um ácido nucleico exógeno são proporcionadas aqui. Em um aspecto, o ácido nucleico exógeno compreende uma região regulatória operavelmente ligado a uma sequência de nucleotídeo que codifica um

polipeptídeo. O escore de bit HMM da sequência de aminoácido do polipeptídeo é maior do que cerca de 20, usando um HMM baseado nas sequências de aminoácido representadas em uma das sequências de aminoácido representadas em uma das figuras 1-57. A planta tem uma diferença no nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio quando comparado com o nível correspondente de tolerância a baixo teor de nitrogênio de uma planta de controle que não compreende o ácido nucleico exógeno. Em outro aspecto, o ácido nucleico exógeno compreende uma região regulatória operavelmente ligada a uma sequência de nucleotídeo que codifica um polipeptídeo tendo 80 porcento ou mais de identidade de sequência a uma sequência de aminoácido selecionada do grupo consistindo em SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 166, SEQ ID NO: 186, SEQ ID NO: 208, SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 234, SEQ ID NO: 246, SEQ ID NO: 300, SEQ ID NO: 332, SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 510, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 646, SEQ ID NO: 687, SEQ ID NO: 730, SEQ ID NO: 746, SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 792, SEQ ID NO: 824, SEQ ID NO: 828, SEQ ID NO: 853, SEQ ID NO: 855, SEQ ID NO: 891, SEQ ID NO: 917, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 976, SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1054, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1116, SEQ ID NO: 1157, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1166, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1194, SEQ ID NO: 1210, SEQ ID NO: 1274, SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1342, SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1409, SEQ ID NO: 1428, SEQ ID NO: 1437, SEQ ID NO: 1463, SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1525, SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1554 e SEQ ID NO: 1577. Uma planta e/ou tecido de planta produzido a partir da célula de planta tem uma diferença no

nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio quando comparado com o nível correspondente de tolerância a baixo teor de nitrogênio de uma planta de controle que não compreende o ácido nucleico exógeno. Em outro aspecto, o ácido nucleico exógeno compreende uma região regulatória operavelmente ligada a uma sequência de nucleotídeo tendo 80 porcento ou mais de identidade de sequência a uma sequência de nucleotídeo selecionada do grupo consistindo em SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 151, SEQ ID NO: 165, SEQ ID NO: 175, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 217, SEQ ID NO: 233, SEQ ID NO: 245, SEQ ID NO: 299, SEQ ID NO: 331, SEQ ID NO: 367, SEQ ID NO: 509, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 555, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 645, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 729, SEQ ID NO: 745, SEQ ID NO: 768, SEQ ID NO: 791, SEQ ID NO: 823, SEQ ID NO: 827, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 890, SEQ ID NO: 916, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 975, SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 1053, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1115, SEQ ID NO: 1156, SEQ ID NO: 1158, SEQ ID NO: 1165, SEQ ID NO: 1184, SEQ ID NO: 1193, SEQ ID NO: 1209, SEQ ID NO: 1273, SEQ ID NO: 1301, SEQ ID NO: 1341, SEQ ID NO: 1384, SEQ ID NO: 1408, SEQ ID NO: 1427, SEQ ID NO: 1462, SEQ ID NO: 1490, SEQ ID NO: 1509, SEQ ID NO: 1524, SEQ ID NO: 1536, SEQ ID NO: 1553 e SEQ ID NO: 1576 ou um fragmento das mesmas. Uma planta e/ou tecido de planta produzido a partir da célula de planta tem uma diferença no nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio quando comparado com o nível correspondente de tolerância a baixo teor de nitrogênio de uma planta de controle que não compreende o ácido nucleico exógeno. Uma planta trans-

gênica compreendendo tal célula de planta é também proporcionada.

[0018] Ácidos nucleicos isolados são também proporcionados. Em um aspecto, um ácido nucleico isolado compreende uma sequência de nucleotídeo tendo 80% ou mais de identidade de sequência à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 151, SEQ ID NO: 165, SEQ ID NO: 175, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 217, SEQ ID NO: 233, SEQ ID NO: 245, SEQ ID NO: 299, SEQ ID NO: 331, SEQ ID NO: 367, SEQ ID NO: 509, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 555, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 645, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 729, SEQ ID NO: 745, SEQ ID NO: 768, SEQ ID NO: 791, SEQ ID NO: 823, SEQ ID NO: 827, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 890, SEQ ID NO: 916, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 975, SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 1053, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1115, SEQ ID NO: 1156, SEQ ID NO: 1158, SEQ ID NO: 1165, SEQ ID NO: 1184, SEQ ID NO: 1193, SEQ ID NO: 1209, SEQ ID NO: 1273, SEQ ID NO: 1301, SEQ ID NO: 1341, SEQ ID NO: 1384, SEQ ID NO: 1408, SEQ ID NO: 1427, SEQ ID NO: 1462, SEQ ID NO: 1490, SEQ ID NO: 1509, SEQ ID NO: 1524, SEQ ID NO: 1536, SEQ ID NO: 1553 ou SEQ ID NO: 1576. Em outro aspecto, um ácido nucleico isolado compreende uma sequência de nucleotídeo que codifica um polipeptídeo tendo 80% ou mais de identidade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 166, SEQ ID NO: 186, SEQ ID NO: 208, SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 234, SEQ ID NO: 246, SEQ ID NO: 300, SEQ ID NO: 332, SEQ ID NO: 368, SEQ

ID NO: 510, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 646, SEQ ID NO: 687, SEQ ID NO: 730, SEQ ID NO: 746, SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 792, SEQ ID NO: 824, SEQ ID NO: 828, SEQ ID NO: 853, SEQ ID NO: 855, SEQ ID NO: 891, SEQ ID NO: 917, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 976, SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1054, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1116, SEQ ID NO: 1157, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1166, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1194, SEQ ID NO: 1210, SEQ ID NO: 1274, SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1342, SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1409, SEQ ID NO: 1428, SEQ ID NO: 1437, SEQ ID NO: 1463, SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1525, SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1554 ou SEQ ID NO: 1577.

[0019] Em outro aspecto, métodos de identificação de um polimorfismo genético associado à variação no nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio são proporcionados. Os métodos incluem fornecimento de uma população de plantas e determinação se um ou mais polimorfismos genéticos na população estão geneticamente relacionados ao *locus* para um polipeptídeo selecionado do grupo consistindo nos polipeptídeos representados nas figuras 1-57, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 853, SEQ ID NO: 1157 e homólogos funcionais dos mesmos, tais como aqueles na Listagem de sequência. A correlação entre variação no nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio em um tecido em plantas da população e a ausência do um ou mais polimorfismos genéticos em plantas da população é medida, desse modo, permitindo identificar se um ou mais polimorfismos genéticos estão ou não associados a tal variação.

[0020] Em outro aspecto, a invenção proporciona um método

de produção de uma linhagem de planta, o referido método compreendendo:

a) determinação se um ou mais polimorfismos genéticos em uma população de plantas está associada ao *locus* para um polipeptídeo selecionado do grupo consistindo nos polipeptídeos representados nas figuras 1-57, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 853 e SEQ ID NO: 1157 e homólogos funcionais dos mesmos;

b) identificação de uma ou mais plantas na referida população nas quais a presença de pelo menos um alelo nos referidos um ou mais polimorfismos genéticos está associada à variação em um traço;

c) cruzamento de cada uma ou mais plantas identificadas consigo mesmas ou uma planta diferente para produzir uma semente;

d) cruzamento de pelo menos uma planta de prole crescida a partir da referida semente consigo mesma ou uma planta diferente; e

e) repetição das etapas c) e d) durante mais 0-5 gerações para produzir a referida linhagem de invenção, em que o referido pelo menos um alelo está presente na referida linhagem de planta.

[0021] A menos que de outro modo definido, todos os termos técnicos e científicos usados aqui têm o mesmo significado conforme comumente entendido por aqueles versados no campo ao qual a presente invenção pertence. Embora métodos e materiais similares ou equivalentes àqueles descritos aqui possam ser usados para praticar a invenção, métodos e materiais adequados

são descritos abaixo. Todas as publicações, pedidos de patente, patentes e outras referências mencionadas aqui são incorporadas por referência em sua totalidade. No caso de conflito, o presente relatório descritivo, incluindo definições, controlarão. Além disso, os materiais, métodos e exemplos são ilustrativos apenas e não se destinam a ser limitativos.

[0022] Os detalhes de uma ou mais modalidades da invenção são apresentados nos desenhos em anexo e na descrição abaixo. Outras características, objetos e vantagens da invenção serão evidentes a partir da descrição e desenhos e das reivindicações.

DESCRIÇÃO DOS DESENHOS

[0023] A figura 1 é um alinhamento de Ceres SEEDLINE No. ME00919 (SEQ ID NO: 3) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 5921925 (SEQ ID NO: 4), CloneCeres: 1929222 (SEQ ID NO: 6), CeresAnnot: 1471370 (SEQ ID NO: 10), GI No. 84380741 (SEQ ID NO: 21), GI No. 5921926 (SEQ ID NO: 22), GI No. 84514161 (SEQ ID NO: 25), CloneCeres: 779234 (SEQ ID NO: 27), CloneCeres: 1600726 (SEQ ID NO: 29), GI No. 78183420 (SEQ ID NO: 36), CloneCeres: 1877346 (SEQ ID NO: 38), GI No. 125562440 (SEQ ID NO: 39), GI No. 115477665 (SEQ ID NO: 40), GI No. 1173624 (SEQ ID NO: 46) e GI No. 84468276 (SEQ ID NO: 47). Em todas as figuras de alinhamento mostradas aqui, um traço em uma sequência alinhada representa um intervalo (“gap”), isto é, uma falta de um aminoácido nessa posição. Aminoácidos idênticos ou substituições de aminoácido conservadas entre as sequências alinhadas são identificadas por cai-

xas. A figura 1 e as outras figuras de alinhamento proporcionadas aqui foram geradas usando o programa MUSCLE versão 3.52.

[0024] A figura 2 é um alinhamento de ME01312 (SEQ ID NO: 49) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1869410 (SEQ ID NO: 51), CeresAnnot: 1540549 (SEQ ID NO: 53), CloneCeres: 978708 (SEQ ID NO: 58), CloneCeres: 1623097 (SEQ ID NO: 60), GI No. 92873064 (SEQ ID NO: 63), GI No. 37051131 (SEQ ID NO: 64), GI No. 3341468 (SEQ ID NO: 65), CloneCeres: 937560 (SEQ ID NO: 67), CloneCeres: 456844 (SEQ ID NO: 69), GI No. 125564100 (SEQ ID NO: 70), GI No. 52077334 (SEQ ID NO: 71), GI No. 113205234 (SEQ ID NO: 73) e CeresAnnot: 6100272 (SEQ ID NO: 75).

[0025] A figura 3 é um alinhamento de ME01463 (SEQ ID NO: 77) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 2811029 (SEQ ID NO: 78), CloneCeres: 1853284 (SEQ ID NO: 80), CeresAnnot: 1476446 (SEQ ID NO: 82), CloneCeres: 527024 (SEQ ID NO: 87), GI No. 27527063 (SEQ ID NO: 88), CloneCeres: 913632 (SEQ ID NO: 90), CloneCeres: 1386710 (SEQ ID NO: 92), GI No. 115461885 (SEQ ID NO: 93) e CeresAnnot: 6054519 (SEQ ID NO: 95)

[0026] A figura 4 é um alinhamento de ME01910 (SEQ ID NO: 100) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 585238 (SEQ ID NO: 101), GI No. 90704789 (SEQ ID NO: 102), CloneCeres: 1895729 (SEQ ID NO: 104), CeresAnnot: 1442808 (SEQ ID NO: 108), CloneCeres: 1104700 (SEQ ID NO: 113), GI No. 32966575 (SEQ ID NO: 116), GI No. 4996567 (SEQ ID NO: 117), GI No. 62286644 (SEQ ID NO: 118), GI No. 2623960 (SEQ ID NO: 119), GI No. 585241 (SEQ ID NO: 120), GI No. 790929 (SEQ ID NO: 122),

CloneCeres: 579112 (SEQ ID NO: 125), CloneCeres: 244199 (SEQ ID NO: 137), CloneCeres: 1725848 (SEQ ID NO: 144), GI No. 6474950 (SEQ ID NO: 145), GI No. 125546057 (SEQ ID NO: 146), GI No. 115455945 (SEQ ID NO: 147), GI No. 2641211 (SEQ ID NO: 149) e GI No. 30024108 (SEQ ID NO: 150).

[0027] A figura 5 é um alinhamento de ME02538 (SEQ ID NO: 152) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1843642 (SEQ ID NO: 154), CeresAnnot: 1459112 (SEQ ID NO: 158), CloneCeres: 953633 (SEQ ID NO: 162) e CloneCeres: 587957 (SEQ ID NO: 164).

[0028] A figura 6 é um alinhamento de ME02603 (SEQ ID NO: 166) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1857256 (SEQ ID NO: 168), CeresAnnot: 1442042 (SEQ ID NO: 170), GI No. 89257469 (SEQ ID NO: 174), CloneCeres: 389818 (SEQ ID NO: 177), CloneCeres: 2019147 (SEQ ID NO: 181), GI No. 125537720 (SEQ ID NO: 182), GI No. 115443697 (SEQ ID NO: 183) e GI No. 20340241 (SEQ ID NO: 184).

[0029] A figura 7 é um alinhamento de ME02613 (SEQ ID NO: 186) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1490274 (SEQ ID NO: 188), CloneCeres: 873093 (SEQ ID NO: 193), GI No. 6635384 (SEQ ID NO: 194), CloneCeres: 663726 (SEQ ID NO: 196), GI No. 92881411 (SEQ ID NO: 197), CloneCeres: 686525 (SEQ ID NO: 199), CloneCeres: 1524364 (SEQ ID NO: 201), CloneCeres: 1742159 (SEQ ID NO: 203) e GI No. 125543535 (SEQ ID NO: 204).

[0030] A figura 8 é um alinhamento de ME02801 (SEQ ID NO: 208) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 981621 (SEQ ID NO: 214) e CloneCeres: 564714 (SEQ

ID NO: 216).

[0031] A figura 9 é um alinhamento de ME03123 (SEQ ID NO: 218) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1899168 (SEQ ID NO: 220), CeresAnnot: 1494669 (SEQ ID NO: 222), CloneCeres: 1017441 (SEQ ID NO: 225), CloneCeres: 1065937 (SEQ ID NO: 227), CloneCeres: 1822919 (SEQ ID NO: 229), GI No. 125553329 (SEQ ID NO: 230), GI No. 115439053 (SEQ ID NO: 231) e CeresAnnot: 6040744 (SEQ ID NO: 1052).

[0032] A figura 10 é um alinhamento de ME04204 (SEQ ID NO: 234) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1519952 (SEQ ID NO: 236), CloneCeres: 234768 (SEQ ID NO: 241), GI No. 108707052 (SEQ ID NO: 242) e GI No. 55978030 (SEQ ID NO: 244).

[0033] A figura 11 é um alinhamento de ME04477 (SEQ ID NO: 246) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1620215 (SEQ ID NO: 248), GI No. 38016527 (SEQ ID NO: 249), CloneCeres: 1798756 (SEQ ID NO: 251), CeresAnnot: 1460527 (SEQ ID NO: 255), GI No. 119720772 (SEQ ID NO: 260), CloneCeres: 708446 (SEQ ID NO: 262), GI No. 92896423 (SEQ ID NO: 265), GI No. 113196593 (SEQ ID NO: 267), GI No. 75133829 (SEQ ID NO: 268), CloneCeres: 1030374 (SEQ ID NO: 270), CloneCeres: 1387149 (SEQ ID NO: 274), GI No. 5031281 (SEQ ID NO: 277), CloneCeres: 1775820 (SEQ ID NO: 279), GI No. 35187687 (SEQ ID NO: 286), GI No. 115468934 (SEQ ID NO: 290), GI No. 118424243 (SEQ ID NO: 296) e CeresAnnot: 6063957 (SEQ ID NO: 298).

[0034] A figura 12 é um alinhamento de ME04507 (SEQ ID NO: 300) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas

CeresAnnot: 1513514 (SEQ ID NO: 302), CloneCeres: 923483 (SEQ ID NO: 310), CloneCeres: 304357 (SEQ ID NO: 312), CloneCeres: 1902716 (SEQ ID NO: 316), GI No. 116309713 (SEQ ID NO: 319), GI No. 38345408 (SEQ ID NO: 321) e CeresAnnot: 6017635 (SEQ ID NO: 325).

[0035] A figura 13 é um alinhamento de ME04587 (SEQ ID NO: 332) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas Ceres ANNOT ID no. 1474882 (SEQ ID NO: 334), Ceres ANNOT ID no. 553243 (SEQ ID NO: 338), ID de GI Público No. 5514645 (SEQ ID NO: 339), CLONE Ceres ID no. 464376 (SEQ ID NO: 341), ID de GI Público No.1345643 (SEQ ID NO: 346), ID de GI Público No. 5832707 (SEQ ID NO: 347), ID de GI Público No.81157968 (SEQ ID NO: 348), ID de GI Público No.6118407 (SEQ ID NO: 349), ID de GI Público No. 5081817 (SEQ ID NO: 351), ID de GI Público No.125556057 (SEQ ID NO: 353), ID de GI Público No.115468946 (SEQ ID NO: 354), ID de GI Público No. 5915860 (SEQ ID NO: 356), ID de GI Público No.6979544 (SEQ ID NO: 358), ID de GI Público No. 5832709 (SEQ ID NO: 359), ID de GI Público No.6979542 (SEQ ID NO: 360), ID de GI Público No.14278923 (SEQ ID NO: 364), ID de GI Público No.81157970 (SEQ ID NO: 365), ID de GI Público No.81157972 (SEQ ID NO: 366), ID de GI Público No.169793907 (SEQ ID NO: 2541), ID de GI Público No.84514153 (SEQ ID NO: 2543), ID de GI Público No.184202209 (SEQ ID NO: 2544), Ceres ANNOT ID no. 8459850 (SEQ ID NO: 2546), Ceres ANNOT ID no. 8743452 (SEQ ID NO: 2548), ID de GI Público No.157327290 (SEQ ID NO: 2549), ID de GI Público No.148839039 (SEQ ID NO: 2550), ID de GI Público No.197209782 (SEQ ID NO: 2551), ID de GI Público No.171906244 (SEQ ID NO: 2553).

[0036] A figura 14 é um alinhamento de ME04753 (SEQ ID NO:

368) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 21388658 (SEQ ID NO: 369), GI No. 4704605 (SEQ ID NO: 371), GI No. 90704785 (SEQ ID NO: 372), GI No. 115529229 (SEQ ID NO: 373), GI No. 20152613 (SEQ ID NO: 374), CloneCeres: 1916226 (SEQ ID NO: 376), CeresAnnot: 1460836 (SEQ ID NO: 392), GI No. 83032218 (SEQ ID NO: 420), GI No. 1346180 (SEQ ID NO: 422), CloneCeres: 621487 (SEQ ID NO: 425), GI No. 6273331 (SEQ ID NO: 433), GI No. 92874469 (SEQ ID NO: 434), GI No. 1778374 (SEQ ID NO: 436), GI No. 18076086 (SEQ ID NO: 437), GI No. 2674201 (SEQ ID NO: 438), GI No. 2267567 (SEQ ID NO: 440), GI No. 544426 (SEQ ID NO: 441), GI No. 6911144 (SEQ ID NO: 444), GI No. 469071 (SEQ ID NO: 447), GI No. 1934994 (SEQ ID NO: 450), GI No. 82623423 (SEQ ID NO: 451), GI No. 90265701 (SEQ ID NO: 454), GI No. 544423 (SEQ ID NO: 455), CloneCeres: 1320097 (SEQ ID NO: 458), CloneCeres: 1469740 (SEQ ID NO: 465), CloneCeres: 1740834 (SEQ ID NO: 473), GI No. 2226370 (SEQ ID NO: 474), GI No. 27527723 (SEQ ID NO: 475), CloneCeres: 1762613 (SEQ ID NO: 477), GI No. 125545195 (SEQ ID NO: 488), GI No. 108710322 (SEQ ID NO: 494), GI No. 34851124 (SEQ ID NO: 504), GI No. 111162637 (SEQ ID NO: 505), GI No. 7024451 (SEQ ID NO: 506) e GI No. 1229138 (SEQ ID NO: 507).

[0037] A figura 15 é um alinhamento de ME04772 (SEQ ID NO: 510) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 38016521 (SEQ ID NO: 511), CloneCeres: 1895044 (SEQ ID NO: 513), CeresAnnot: 1512198 (SEQ ID NO: 517), CloneCeres: 682503 (SEQ ID NO: 521), CloneCeres: 685324 (SEQ ID NO: 523), Clone-Ceres: 1384414 (SEQ ID NO: 525), CloneCeres: 1739919 (SEQ ID NO: 527), CloneCeres: 2002832 (SEQ ID NO: 529), GI No. 125531563 (SEQ ID NO: 530) e GI No. 115478344 (SEQ ID NO: 531).

[0038] A figura 16 é um alinhamento de ME04909 (SEQ ID NO: 533) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1839156 (SEQ ID NO: 535), GI No. 56605378 (SEQ ID NO: 536), CeresAnnot: 1467946 (SEQ ID NO: 538), GI No. 110931704 (SEQ ID NO: 539), GI No. 92869601 (SEQ ID NO: 542), GI No. 12005328 (SEQ ID NO: 543), GI No. 119331596 (SEQ ID NO: 546), GI No. 7705206 (SEQ ID NO: 547), GI No. 18874263 (SEQ ID NO: 548), CloneCeres: 753605 (SEQ ID NO: 550), CloneCeres: 291733 (SEQ ID NO: 552) e GI No. 21902114 (SEQ ID NO: 553).

[0039] A figura 17 é um alinhamento de ME05194 (SEQ ID NO: 558) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 400972 (SEQ ID NO: 559), GI No. 81158002 (SEQ ID NO: 560), CloneCeres: 1834135 (SEQ ID NO: 569), CeresAnnot: 1467218 (SEQ ID NO: 571), CloneCeres: 1104143 (SEQ ID NO: 575), GI No. 87240745 (SEQ ID NO: 576), GI No. 13161397 (SEQ ID NO: 577), GI No. 18652400 (SEQ ID NO: 578), GI No. 18652398 (SEQ ID NO: 579), CloneCeres: 778892 (SEQ ID NO: 581), CloneCeres: 222523 (SEQ ID NO: 583), GI No. 82492267 (SEQ ID NO: 584), GI No. 41393750 (SEQ ID NO: 585), GI No. 4335857 (SEQ ID NO: 586), CloneCeres: 1776394 (SEQ ID NO: 588), GI No. 125555681 (SEQ ID NO: 589), GI No. 115468460 (SEQ ID NO: 590) e GI No. 51980210 (SEQ ID NO: 591).

[0040] A figura 18 é um alinhamento de ME05267 (SEQ ID NO: 593) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1511954 (SEQ ID NO: 595), CloneCeres: 560687 (SEQ ID NO: 599), CloneCeres: 579724 (SEQ ID NO: 603), CloneCeres: 286197 (SEQ ID NO: 605) e GI No. 115489090 (SEQ ID NO: 610).

[0041] A figura 19 é um alinhamento de ME05300 (SEQ ID NO:

613) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 6431448 (SEQ ID NO: 615), CloneCeres: 969084 (SEQ ID NO: 620), CloneCeres: 471052 (SEQ ID NO: 622), CloneCeres: 733048 (SEQ ID NO: 624), CloneCeres: 1062332 (SEQ ID NO: 626), CloneCeres: 1743166 (SEQ ID NO: 634), CloneCeres: 1778589 (SEQ ID NO: 638), GI No. 125548354 (SEQ ID NO: 643) e GI No. 115458464 (SEQ ID NO: 644).

[0042] A figura 20 é um alinhamento de ME05341 (SEQ ID NO: 646) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1808421 (SEQ ID NO: 648), CeresAnnot: 1452653 (SEQ ID NO: 656), CloneCeres: 1660955 (SEQ ID NO: 660), CloneCeres: 1287179 (SEQ ID NO: 668), CloneCeres: 1770929 (SEQ ID NO: 676), GI No. 125542421 (SEQ ID NO: 679), GI No. 115450741 (SEQ ID NO: 681) e CeresAnnot: 6063505 (SEQ ID NO: 685).

[0043] A figura 21 é um alinhamento de ME05392 (SEQ ID NO: 687) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1841531 (SEQ ID NO: 689), CeresAnnot: 1507382 (SEQ ID NO: 691), CloneCeres: 978410 (SEQ ID NO: 699), CloneCeres: 527314 (SEQ ID NO: 703), GI No. 92893019 (SEQ ID NO: 706), CloneCeres: 638935 (SEQ ID NO: 708), CloneCeres: 1437744 (SEQ ID NO: 712), CloneCeres: 1728293 (SEQ ID NO: 718), GI No. 125526460 (SEQ ID NO: 721), GI No. 115463325 (SEQ ID NO: 724) e GI No. 40642817 (SEQ ID NO: 728).

[0044] A figura 22 é um alinhamento de ME05429 (SEQ ID NO: 730) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1539629 (SEQ ID NO: 732), CloneCeres: 682471 (SEQ ID NO: 735), CloneCeres: 729869 (SEQ ID NO: 737), GI No. 115459766 (SEQ ID NO: 738) e CeresAnnot: 6026765 (SEQ ID NO:

742).

[0045] A figura 23 é um alinhamento de ME05493 (SEQ ID NO: 746) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1455092 (SEQ ID NO: 748), GI No. 15229284 (SEQ ID NO: 751), CloneCeres: 961796 (SEQ ID NO: 753), CloneCeres: 706956 (SEQ ID NO: 755), GI No. 87162911 (SEQ ID NO: 758), CloneCeres: 1061446 (SEQ ID NO: 760), GI No. 125540686 (SEQ ID NO: 761), GI No. 115447931 (SEQ ID NO: 762), GI No. 20152976 (SEQ ID NO: 763) e CeresAnnot: 6007280 (SEQ ID NO: 765).

[0046] A figura 24 é um alinhamento de ME05885 (SEQ ID NO: 769) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1808741 (SEQ ID NO: 771), CeresAnnot: 1437729 (SEQ ID NO: 773), CloneCeres: 952789 (SEQ ID NO: 777), CloneCeres: 724313 (SEQ ID NO: 779), CloneCeres: 791239 (SEQ ID NO: 783), CloneCeres: 208975 (SEQ ID NO: 785), CloneCeres: 1727075 (SEQ ID NO: 789) e GI No. 115475611 (SEQ ID NO: 790).

[0047] A figura 25 é um alinhamento de ME07344 (SEQ ID NO: 792) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1843695 (SEQ ID NO: 794), GI No. 56605376 (SEQ ID NO: 799), CeresAnnot: 1508502 (SEQ ID NO: 801), CloneCeres: 1239229 (SEQ ID NO: 805), GI No. 92893962 (SEQ ID NO: 808), CloneCeres: 327364 (SEQ ID NO: 810), CloneCeres: 1820378 (SEQ ID NO: 816), GI No. 125524748 (SEQ ID NO: 819) e GI No. 115435036 (SEQ ID NO: 821).

[0048] A figura 26 é um alinhamento de ME07859 (SEQ ID NO: 824) com a sequência de aminoácido homóloga Fragmento_de_Ceres ANNOT ID no. 6007357 (SEQ ID NO: 826), Fragmento_de_CLONE Ceres ID no. 771707 (SEQ ID NO: 1708) e Fragmento_de_CLONE Ceres ID

no. 1790436 (SEQ ID NO: 1713).

[0049] A figura 27 é um alinhamento de ME08464 (SEQ ID NO: 828) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1499777 (SEQ ID NO: 832), GI No. 22328730 (SEQ ID NO: 837), GI No. 92886131 (SEQ ID NO: 839), GI No. 559921 (SEQ ID NO: 840), CloneCeres: 910787 (SEQ ID NO: 842), CloneCeres: 1797432 (SEQ ID NO: 844), GI No. 116310135 (SEQ ID NO: 845), GI No. 38345464 (SEQ ID NO: 847) e GI No. 90657544 (SEQ ID NO: 850).

[0050] A figura 28 é um alinhamento de ME11735 (SEQ ID NO: 855) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 35187445 (SEQ ID NO: 856), CloneCeres: 1798230 (SEQ ID NO: 858), CeresAnnot: 1500963 (SEQ ID NO: 862), CloneCeres: 567542 (SEQ ID NO: 868), CloneCeres: 702251 (SEQ ID NO: 870), Clone-Ceres: 1606777 (SEQ ID NO: 876), CloneCeres: 1789146 (SEQ ID NO: 878), GI No. 116309500 (SEQ ID NO: 885) e GI No. 115446281 (SEQ ID NO: 886).

[0051] A figura 29 é um alinhamento de ME12910 (SEQ ID NO: 891) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1466353 (SEQ ID NO: 893), CloneCeres: 519143 (SEQ ID NO: 898), GI No. 2501497 (SEQ ID NO: 901), GI No. 119394507 (SEQ ID NO: 904), GI No. 62857206 (SEQ ID NO: 905), CloneCeres: 766529 (SEQ ID NO: 907), GI No. 62857204 (SEQ ID NO: 908), GI No. 125534279 (SEQ ID NO: 911), GI No. 115485437 (SEQ ID NO: 912), GI No. 23955910 (SEQ ID NO: 913) e GI No. 22759895 (SEQ ID NO: 915).

[0052] A figura 30 é um alinhamento de ME12927 (SEQ ID NO: 917) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas

CeresAnnot: 1503548 (SEQ ID NO: 919), CloneCeres: 37778 (SEQ ID NO: 921), CloneCeres: 681297 (SEQ ID NO: 923), CloneCeres: 575835 (SEQ ID NO: 925), CloneCeres: 1714750 (SEQ ID NO: 935), CloneCeres: 1721907 (SEQ ID NO: 937) e GI No. 115451923 (SEQ ID NO: 940).

[0053] A figura 31 é um alinhamento de ME12929 (SEQ ID NO: 944) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1447562 (SEQ ID NO: 946), GI No. 98962139 (SEQ ID NO: 947), CloneCeres: 641607 (SEQ ID NO: 950), CloneCeres: 1715150 (SEQ ID NO: 962), CloneCeres: 1873767 (SEQ ID NO: 964), GI No. 115468306 (SEQ ID NO: 967) e CeresAnnot: 6059980 (SEQ ID NO: 972).

[0054] A figura 32 é um alinhamento de ME12954 (SEQ ID NO: 976) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 957229 (SEQ ID NO: 978) e CeresAnnot: 1496202 (SEQ ID NO: 980).

[0055] A figura 33 é um alinhamento de ME12970 (SEQ ID NO: 982) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1935438 (SEQ ID NO: 984), GI No. 117573664 (SEQ ID NO: 985), GI No. 68349002 (SEQ ID NO: 991), GI No. 68348998 (SEQ ID NO: 992), CeresAnnot: 1497170 (SEQ ID NO: 995), GI No. 15221718 (SEQ ID NO: 996), GI No. 3860331 (SEQ ID NO: 1001), CloneCeres: 1075911 (SEQ ID NO: 1003), GI No. 2920839 (SEQ ID NO: 1008), CloneCeres: 698452 (SEQ ID NO: 1011), CloneCeres: 2019456 (SEQ ID NO: 1023), GI No. 90399071 (SEQ ID NO: 1026), GI No. 115459588 (SEQ ID NO: 1028) e GI No. 68349016 (SEQ ID NO: 1032).

[0056] A figura 34 é um alinhamento de ME13021 (SEQ ID NO:

1054) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 2493647 (SEQ ID NO: 1055), CloneCeres: 1924252 (SEQ ID NO: 1057), GI No. 461736 (SEQ ID NO: 1058), CeresAnnot: 1542060 (SEQ ID NO: 1061), GI No. 15226314 (SEQ ID NO: 1068), GI No. 464727 (SEQ ID NO: 1072), CloneCeres: 480644 (SEQ ID NO: 1074), GI No. 124301264 (SEQ ID NO: 1075), GI No. 1710807 (SEQ ID NO: 1076), GI No. 110349923 (SEQ ID NO: 1077), GI No. 1762130 (SEQ ID NO: 1078), CloneCeres: 706098 (SEQ ID NO: 1080), GI No. 3790441 (SEQ ID NO: 1083), CloneCeres: 1795282 (SEQ ID NO: 1085), GI No. 125546535 (SEQ ID NO: 1086), GI No. 115488160 (SEQ ID NO: 1088), GI No. 84468456 (SEQ ID NO: 1092), GI No. 116060917 (SEQ ID NO: 1095) e CeresAnnot: 6039555 (SEQ ID NO: 1097).

[0057] A figura 35 é um alinhamento de ME13064 (SEQ ID NO: 1099) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1528508 (SEQ ID NO: 1101), CloneCeres: 9248 (SEQ ID NO: 1103), GI No. 87240560 (SEQ ID NO: 1105), GI No. 19453 (SEQ ID NO: 1106), CloneCeres: 1795329 (SEQ ID NO: 1108) e GI No. 108862979 (SEQ ID NO: 1109).

[0058] A figura 36 é um alinhamento de ME13071 (SEQ ID NO: 1112) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 125541485 (SEQ ID NO: 1113) e GI No. 115449245 (SEQ ID NO: 1114).

[0059] A figura 37 é um alinhamento de ME13087 (SEQ ID NO: 1116) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 100062822 (SEQ ID NO: 1118), CeresAnnot: 1440025 (SEQ ID NO: 1120), GI No. 15238538 (SEQ ID NO: 1123), GI No. 69111473 (SEQ ID NO: 1129), GI No. 92873711 (SEQ ID NO: 1132),

GI No. 55734106 (SEQ ID NO: 1133), GI No. 2346974 (SEQ ID NO: 1134), CloneCeres: 569852 (SEQ ID NO: 1136), CloneCeres: 1715326 (SEQ ID NO: 1138), CloneCeres: 1608104 (SEQ ID NO: 1140), GI No. 115456237 (SEQ ID NO: 1141), GI No. 68655289 (SEQ ID NO: 1143), GI No. 81022807 (SEQ ID NO: 1144), GI No. 75706704 (SEQ ID NO: 1145) e CeresAnnot: 6016055 (SEQ ID NO: 1147).

[0060] A figura 38 é um alinhamento de ME13107 (SEQ ID NO: 1159) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1371824 (SEQ ID NO: 1161), GI No. 22585 (SEQ ID NO: 1162), GI No. 22208482 (SEQ ID NO: 1163) e GI No. 16073 (SEQ ID NO: 1164).

[0061] A figura 39 é um alinhamento de ME13108 (SEQ ID NO: 1166) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 99109436 (SEQ ID NO: 1167), CloneCeres: 1627939 (SEQ ID NO: 1169), CloneCeres: 1840433 (SEQ ID NO: 1171), CeresAnnot: 1524198 (SEQ ID NO: 1173), CloneCeres: 1650 (SEQ ID NO: 1175), CloneCeres: 691979 (SEQ ID NO: 1177), GI No. 92876897 (SEQ ID NO: 1180), CloneCeres: 1774130 (SEQ ID NO: 1182) e GI No. 115450018 (SEQ ID NO: 1183).

[0062] A figura 40 é um alinhamento de ME13110 (SEQ ID NO: 1185) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 737317 (SEQ ID NO: 1187), CloneCeres: 1880853 (SEQ ID NO: 1189), GI No. 125558381 (SEQ ID NO: 1190) e GI No. 115472157 (SEQ ID NO: 1191).

[0063] A figura 41 é um alinhamento de ME13125 (SEQ ID NO: 1194) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1938817 (SEQ ID NO: 1196), CeresAnnot: 1457245

(SEQ ID NO: 1200), CloneCeres: 577910 (SEQ ID NO: 1202), ID Público PUBLICCLONE no. 100736184 (SEQ ID NO: 1203), GI No. 125553355 (SEQ ID NO: 1204) e GI No. 5091600 (SEQ ID NO: 1205).

[0064] A figura 42 é um alinhamento de ME13149 (SEQ ID NO: 1210) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 1703374 (SEQ ID NO: 1211), CloneCeres: 1846330 (SEQ ID NO: 1213), GI No. 29124979 (SEQ ID NO: 1216), CeresAnnot: 1531725 (SEQ ID NO: 1218), GI No. 3334321 (SEQ ID NO: 1229), CloneCeres: 571410 (SEQ ID NO: 1232), GI No. 39653273 (SEQ ID NO: 1233), GI No. 92875403 (SEQ ID NO: 1234), GI No. 11131026 (SEQ ID NO: 1235), GI No. 77812440 (SEQ ID NO: 1236), GI No. 89475524 (SEQ ID NO: 1238), GI No. 3182919 (SEQ ID NO: 1239), GI No. 7643794 (SEQ ID NO: 1240), GI No. 1710851 (SEQ ID NO: 1241), GI No. 115501471 (SEQ ID NO: 1242), GI No. 77999251 (SEQ ID NO: 1243), GI No. 3450893 (SEQ ID NO: 1249), CloneCeres: 704589 (SEQ ID NO: 1251), CloneCeres: 1384151 (SEQ ID NO: 1253), CloneCeres: 1713894 (SEQ ID NO: 1259), GI No. 125560752 (SEQ ID NO: 1264), GI No. 115475543 (SEQ ID NO: 1265), GI No. 3182922 (SEQ ID NO: 1267), GI No. 145353078 (SEQ ID NO: 1268), GI No. 11131023 (SEQ ID NO: 1269), GI No. 47026845 (SEQ ID NO: 1270) e GI No. 38353642 (SEQ ID NO: 1272).

[0065] A figura 43 é um alinhamento de ME13151 (SEQ ID NO: 1274) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1884601 (SEQ ID NO: 1276), CeresAnnot: 1445717 (SEQ ID NO: 1280), CloneCeres: 527903 (SEQ ID NO: 1284), GI No. 92891722 (SEQ ID NO: 1285), CloneCeres: 790881 (SEQ ID NO: 1287), CloneCeres: 299417 (SEQ ID NO: 1289), CloneCeres: 1993894 (SEQ ID NO: 1291), GI No. 125539547 (SEQ ID NO: 1294), GI No. 48716424 (SEQ ID NO: 1295), GI No. 84468278 (SEQ ID NO:

1297) e CeresAnnot: 6036303 (SEQ ID NO: 1300).

[0066] A figura 44 é um alinhamento de ME13153 (SEQ ID NO: 1302) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 70609690 (SEQ ID NO: 1303), CloneCeres: 1927524 (SEQ ID NO: 1305), CeresAnnot: 1467310 (SEQ ID NO: 1311), GI No. 45935270 (SEQ ID NO: 1313), CloneCeres: 718446 (SEQ ID NO: 1317), GI No. 92875133 (SEQ ID NO: 1318), GI No. 1706318 (SEQ ID NO: 1319), GI No. 3252856 (SEQ ID NO: 1320), GI No. 1169238 (SEQ ID NO: 1326), GI No. 31296711 (SEQ ID NO: 1327), CloneCeres: 1468893 (SEQ ID NO: 1330), GI No. 51587340 (SEQ ID NO: 1331), CloneCeres: 1796201 (SEQ ID NO: 1333), GI No. 125543034 (SEQ ID NO: 1334), GI No. 115476804 (SEQ ID NO: 1336), GI No. 75268060 (SEQ ID NO: 1339) e GI No. 75268007 (SEQ ID NO: 1340).

[0067] A figura 45 é um alinhamento de ME13177 (SEQ ID NO: 1342) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1443786 (SEQ ID NO: 1346), GI No. 15239172 (SEQ ID NO: 1355), GI No. 562190 (SEQ ID NO: 1363), GI No. 83032266 (SEQ ID NO: 1364), CloneCeres: 602910 (SEQ ID NO: 1366), GI No. 7242793 (SEQ ID NO: 1370), GI No. 116167 (SEQ ID NO: 1371), GI No. 2190259 (SEQ ID NO: 1372), GI No. 5420278 (SEQ ID NO: 1373), GI No. 1064931 (SEQ ID NO: 1374), GI No. 6093215 (SEQ ID NO: 1377), GI No. 461726 (SEQ ID NO: 1378), GI No. 89111295 (SEQ ID NO: 1379), GI No. 82949283 (SEQ ID NO: 1380), GI No. 125537180 (SEQ ID NO: 1381), GI No. 115489300 (SEQ ID NO: 1382) e GI No. 55978000 (SEQ ID NO: 1383).

[0068] A figura 46 é um alinhamento de ME13200 (SEQ ID NO: 1385) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1503394 (SEQ ID NO: 1387), GI No. 4914437 (SEQ ID

NO: 1390), CloneCeres: 638126 (SEQ ID NO: 1393), GI No. 124360540 (SEQ ID NO: 1394), GI No. 7981380 (SEQ ID NO: 1395), GI No. 118137433 (SEQ ID NO: 1396), CloneCeres: 1723374 (SEQ ID NO: 1398), CloneCeres: 1785379 (SEQ ID NO: 1400), GI No. 125553354 (SEQ ID NO: 1401), GI No. 115471859 (SEQ ID NO: 1404) e CeresAnnot: 6040771 (SEQ ID NO: 1407).

[0069] A figura 47 é um alinhamento de ME13204 (SEQ ID NO: 1409) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1939206 (SEQ ID NO: 1413), CeresAnnot: 1453316 (SEQ ID NO: 1415), GI No. 79319075 (SEQ ID NO: 1418), GI No. 124359953 (SEQ ID NO: 1419), CloneCeres: 891431 (SEQ ID NO: 1421), GI No. 125536578 (SEQ ID NO: 1424) e GI No. 20270065 (SEQ ID NO: 1425).

[0070] A figura 48 é um alinhamento de ME14649 (SEQ ID NO: 1428) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1978733 (SEQ ID NO: 1430), CeresAnnot: 1476165 (SEQ ID NO: 1432), CloneCeres: 871529 (SEQ ID NO: 1436), CloneCeres: 1043344 (SEQ ID NO: 1439), CloneCeres: 786542 (SEQ ID NO: 1442), CloneCeres: 346115 (SEQ ID NO: 1444), CloneCeres: 1821683 (SEQ ID NO: 1452), GI No. 125533171 (SEQ ID NO: 1453) e GI No. 77553492 (SEQ ID NO: 1457)

[0071] A figura 49 é um alinhamento de ME16546 (SEQ ID NO: 1463) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1444102 (SEQ ID NO: 1465), CloneCeres: 582439 (SEQ ID NO: 1471), CloneCeres: 579953 (SEQ ID NO: 1473), GI No. 125539335 (SEQ ID NO: 1474) e GI No. 115445987 (SEQ ID NO: 1476).

[0072] A figura 50 é um alinhamento de ME17567 (SEQ ID NO:

1491) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1895876 (SEQ ID NO: 1493), CeresAnnot: 1464522 (SEQ ID NO: 1495), CloneCeres: 968434 (SEQ ID NO: 1499), CloneCeres: 686479 (SEQ ID NO: 1501), CloneCeres: 1564962 (SEQ ID NO: 1503), GI No. 125549699 (SEQ ID NO: 1504), GI No. 125591612 (SEQ ID NO: 1505) e CeresAnnot: 6006969 (SEQ ID NO: 1508).

[0073] A figura 51 é um alinhamento de ME17932 (SEQ ID NO: 1510) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CloneCeres: 1842178 (SEQ ID NO: 1512), CeresAnnot: 1475265 (SEQ ID NO: 1516) e CloneCeres: 1044646 (SEQ ID NO: 1520).

[0074] A figura 52 é um alinhamento de ME17936 (SEQ ID NO: 1525) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1454324 (SEQ ID NO: 1527), CloneCeres: 1652842 (SEQ ID NO: 1534) e GI No. 75214620 (SEQ ID NO: 1535).

[0075] A figura 53 é um alinhamento de ME18275 (SEQ ID NO: 1537) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas CeresAnnot: 1514086 (SEQ ID NO: 1539), CloneCeres: 1087909 (SEQ ID NO: 1543), CloneCeres: 1359070 (SEQ ID NO: 1545), GI No. 92880913 (SEQ ID NO: 1548), CloneCeres: 932449 (SEQ ID NO: 1550) e CloneCeres: 1788695 (SEQ ID NO: 1552).

[0076] A figura 54 é um alinhamento de ME18924 (SEQ ID NO: 1554) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 82469976 (SEQ ID NO: 1555), CeresAnnot: 1533704 (SEQ ID NO: 1563), CloneCeres: 524404 (SEQ ID NO: 1565), CloneCeres: 846541 (SEQ ID NO: 1567), CloneCeres: 1769321 (SEQ ID NO: 1571), GI No. 125528559 (SEQ ID NO: 1572), GI No. 125572823 (SEQ ID NO: 1574) e GI No. 84453208 (SEQ ID NO: 1575).

[0077] A figura 55 é um alinhamento de ME19182 (SEQ ID NO: 1577) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 4033417 (SEQ ID NO: 1040), GI No. 5669924 (SEQ ID NO: 1041), GI No. 40642617 (SEQ ID NO: 1440), GI No. 90399018 (SEQ ID NO: 1485), GI No. 115464117 (SEQ ID NO: 1487), GI No. 75164812 (SEQ ID NO: 1578), CloneCeres: 1794223 (SEQ ID NO: 1580), CeresAnnot: 1471422 (SEQ ID NO: 1590), CloneCeres: 968096 (SEQ ID NO: 1607), GI No. 6752884 (SEQ ID NO: 1608), GI No. 47775656 (SEQ ID NO: 1609), CloneCeres: 1020799 (SEQ ID NO: 1611), GI No. 87240865 (SEQ ID NO: 1622), GI No. 2500047 (SEQ ID NO: 1623), CloneCeres: 705340 (SEQ ID NO: 1627), CloneCeres: 1430456 (SEQ ID NO: 1637), GI No. 84619270 (SEQ ID NO: 1648) e CloneCeres: 1821143 (SEQ ID NO: 1651).

[0078] A figura 56 é um alinhamento de ME20628 (SEQ ID NO: 1437) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas GI No. 113367236 (SEQ ID NO: 173), GI No. 115477615 (SEQ ID NO: 212), GI No. 125542223 (SEQ ID NO: 361), GI No. 1838976 (SEQ ID NO: 421), CloneCeres: 1547185 (SEQ ID NO: 443), CeresAnnot: 1450452 (SEQ ID NO: 740) e GI No. 92870675 (SEQ ID NO: 1461).

[0079] A figura 57 é um alinhamento de ME01821 (SEQ ID NO: 97) com sequências de aminoácido homólogas e/ou ortólogas ID de GI Público No.167480754 (SEQ ID NO: 2013) e ID de GI Público No.83830869 (SEQ ID NO: 2015).

DESCRIÇÃO DETALHADA

[0080] A invenção proporciona métodos e materiais relacionados à modulação dos níveis de tolerância a baixo teor de nitrogênio em plantas. Em algumas modalidades, as plantas podem também ter níveis modulados de tolerância a baixo teor de

nitrogênio. Os métodos podem incluir transformação de uma célula de planta com um ácido nucleico que codifica um polipeptídeo de modulação de tolerância a baixo teor de nitrogênio, em que expressão do polipeptídeo resulta em um nível moderado de tolerância a baixo teor de nitrogênio. Células de planta produzidas usando tais métodos podem ser crescidas para produzir plantas tendo uma tolerância aumentada a condições com fontes limitadas de nitrogênio exógeno. Tais plantas podem ser usadas para a produção de maiores rendimentos e biomassas com insumos de fertilizante existentes e/ou permitir que os rendimentos e biomassa existentes de safras sejam obtidos com menor insumo de fertilizante ou melhores rendimentos e biomassas sobre solos de qualidade mais pobre.

I. Definições

[0081] "Aminoácido" refere-se a um dois vinte aminoácidos que ocorrem biologicamente e aminoácidos sintéticos, incluindo isômeros ópticos D/L.

[0082] "Promotor tipo de célula-preferencial" ou "promotor tecido-preferencial" refere-se a um promotor que aciona expressão preferencialmente em um tipo de célula ou tecido-alvo, respectivamente, mas também pode levar a alguma transcrição em outros tipos de células ou tecidos também.

[0083] "Planta de controle" refere-se a uma planta que não contém o ácido nucleico exógeno presente em uma planta transgênica de interesse mas, de outro modo, tem a mesma ou uma base genética similar a tal planta transgênica. Uma planta de controle adequada pode ser uma planta do tipo silvestre não-transgênica, um segregante não-transgênico de um experimento

de transformação ou uma planta transgênica que contém um outro ácido nucleico exógeno que não o ácido nucleico de interesse.

[0084] "Domínios" são grupos de aminoácidos substancialmente contíguos em um polipeptídeo que pode ser usado para caracterizar famílias de proteína e/ou partes de proteínas. Tais domínios têm uma "impressão digital" ou "assinatura" que pode compreender a sequência primária conservada, estrutura secundária e/ou conformação tridimensional. Geralmente, domínios estão correlacionados com atividades específicas *in vitro* e/ou *in vivo*. Um domínio pode ter um comprimento de 10 aminoácidos a 400 aminoácidos, por exemplo, 10 a 50 aminoácidos ou 25 a 100 aminoácidos ou 35 a 65 aminoácidos ou 35 a 55 aminoácidos ou 45 a 60 aminoácidos ou 200 a 300 aminoácidos ou 300 a 400 aminoácidos.

[0085] "Sub-regulação" refere-se à regulação que diminuiu a produção de produtos de expressão (mRNA, polipeptídeo ou ambos) com relação aos estados basais ou nativos.

[0086] "Exógeno", com relação a um ácido nucleico, indica que o ácido nucleico é parte de um construto de ácido nucleico recombinante ou não está em seu ambiente natural. Por exemplo, um ácido nucleico exógeno pode ser uma tolerância a baixo teor de nitrogênio de uma espécie introduzida em outra espécie, isto é, um ácido nucleico heterólogo. Tipicamente, tal ácido nucleico exógeno é introduzido na outra espécie via um construto de ácido nucleico recombinante. Um ácido nucleico exógeno pode também ser uma sequência que é nativa a um organismo e que tenha sido introduzido em células desse organismo. Um ácido nucleico exógeno que inclui uma sequência nativa pode,

frequentemente, ser distinguido da sequência que ocorre naturalmente pela presença de sequências não naturais ligadas ao ácido nucleico exógeno, por exemplo, sequências regulatórias não nativas que flanqueiam uma sequência nativa em um construto de ácido nucleico recombinante. Além disso, ácidos nucleicos exógenos estavelmente transformados são, tipicamente, integrados em outras posições que não a posição onde a sequência nativa é encontrada. Será apreciado que um ácido nucleico exógeno pode ter sido introduzido em um progenitor e não na célula sob consideração. Por exemplo, uma planta transgênica contendo um ácido nucleico exógeno pode ser a prole de um cruzamento entre uma planta estavelmente transformada e uma planta não transgênica. Tal prole é considerada como contendo o ácido nucleico exógeno.

[0087] "Expressão" refere-se ao processo de conversão da informação genética de um polinucleotídeo em RNA através de transcrição, a qual é catalisada por uma enzima, RNA polimerase, e em proteína, através de tradução de mRNA sobre ribossomos.

[0088] "Polipeptídeo heterólogo", conforme usado aqui, refere-se a um polipeptídeo que não é um polipeptídeo que ocorre naturalmente em uma célula de planta, por exemplo, uma planta *Panicum virgatum* transgênica transformada com e expressando a sequência de codificação para um polipeptídeo transportador de nitrogênio a partir de uma planta *Zea mays*.

[0089] "Ácido nucleico isolado", conforme usado aqui, inclui um ácido nucleico que ocorre naturalmente, contanto que uma ou ambas as sequências que flanqueiam imediatamente esse

ácido nucleico em seu genoma natural seja removida ou esteja ausente. Assim, um ácido nucleico isolado inclui, sem limitação, um ácido nucleico que existe como uma molécula purificada ou uma molécula de ácido nucleico que é incorporada em um vetor ou um vírus. Um ácido nucleico existente entre centenas a milhões de outros ácidos nucleicos dentro, por exemplo, de bibliotecas de cDNA, bibliotecas genômicas ou cortes de sílica contendo uma digestão por restrição de DNA genômico, não deve ser considerado um ácido nucleico isolado.

[0090] "Condições de baixo teor de nitrogênio", conforme usado aqui, refere-se a concentrações de nitrogênio as quais levam a sintomas de deficiência de nitrogênio, tais como cor verde clara das folhas, clorose e crescimento e vigor reduzidos. Tipicamente, condições de baixo nível de nitrogênio levam a uma redução de pelo menos 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% no crescimento e/ou vigor.

[0091] "Modulação" do nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio refere-se à mudança no nível de tolerância de uma planta a fontes limitadas de nitrogênio exógeno que é observada como um resultado de expressão de uma transcrição a partir de um ácido nucleico exógeno em uma célula de planta. A mudança no nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio é medida por alterações no tamanho e verdor, bem como maior eficiência de fotossíntese, com relação ao nível correspondente em plantas de controle em um ambiente com suprimento limitado de nitrogênio.

[0092] "Ácido nucleico" e "polinucleotídeo" são usados permutavelmente aqui e referem-se a RNA e DNA, incluindo cDNA,

DNA genômico, DNA sintético e DNA ou RNA contendo análogos de ácido nucleico. Polinucleotídeos podem ter qualquer estrutura tridimensional. Um ácido nucleico pode ser fita simples ou fita simples (isto é, uma fita senso ou uma fita antissenso). Exemplos não limitativos de polinucleotídeos incluem genes, fragmentos gênicos, éxons, íntrons, RNA mensageiro (mRNA), RNA de transferência, RNA ribossômico, siRNA, micro-RNA, ribozimas, cDNA, polinucleotídeos recombinantes, polinucleotídeos ramificados, sondas de ácido nucleico e iniciadores de ácido nucleico. Um polinucleotídeo pode conter nucleotídeos não convencionais ou modificados.

[0093] "Operavelmente ligado" refere-se ao posicionamento de uma região regulatória e uma sequência a ser transcrita em um ácido nucleico, de modo que a região regulatória é eficaz para transcrição de regulação ou tradução da sequência. Por exemplo, para ligar operavelmente uma sequência de codificação e uma região regulatória, o sítio de início de tradução do quadro de leitura aberta da sequência de codificação é, tipicamente, posicionado entre um e cerca de cinquenta nucleotídeos a jusante da região regulatória. Uma região regulatória pode, contudo, ser posicionada tanto quanto cerca de 5.000 nucleotídeos a montante do sítio de início de tradução ou cerca de 2.000 nucleotídeos a montante do sítio de início de transcrição.

[0094] "Polipeptídeo", conforme usado aqui, refere-se a um composto de duas ou mais subunidades de aminoácido, análogos de aminoácido ou outros peptidomiméticos, a despeito de modificação pós-traducional, por exemplo, fosforilação ou glicosilação. As subunidades podem ser ligadas através de ligações

peptídicas ou outras ligações tais como, por exemplo, ligações de éster e éter. Polipeptídeos de comprimento total, polipeptídeos truncados, mutantes de ponto, mutantes com inserção, variantes com junção (“*splicing*”), proteínas quiméricas e fragmentos dos mesmos são abrangidos por essa definição.

[0095] "Prole" inclui descendentes de uma planta ou linhagem de planta em particular . Prole de uma planta em questão inclui sementes formadas sobre F_1, F_2, F_3, F_4, F_5, F_6 e subsequentes gerações de plantas ou sementes formadas sobre BC_1, BC_2, BC_3 e subsequentes gerações de plantas ou sementes formadas sobre F_1BC_1, F_1BC_2, F_1BC_3 e subsequentes gerações de plantas. A designação F_1 refere-se à prole de um cruzamento entre dois parentais que são geneticamente distintos. As designações F_2, F_3, F_4, F_5 e F_6 referem-se a subsequentes gerações de prole auto- ou subpolinizadas de uma planta F_1.

[0096] "Região regulatória" refere-se a um ácido nucleico tendo sequências de nucleotídeo que influem a taxa e início de transcrição ou tradução e estabilidade e/ou mobilidade de um produto da transcrição ou tradução. Regiões regulatórias incluem, sem limitação, sequências promotoras, sequências intensificadoras, elementos de resposta, sítios de reconhecimento de proteína, elementos induzíveis, sequências de ligação à proteína, regiões não traduzidas 5' e 3' (Untranslated Regions - UTRs), sítios de início de transcrição, sequências de término, sequências de poliadenilação, íntrons e combinações dos mesmos. Uma região regulatória compreende, tipicamente, pelo menos um promotor central (basal). Uma região regulatória também pode incluir pelo menos um elemento de controle, tal como uma sequência intensificadora, um elemento a montante ou uma

região de ativação a montante (Upstream Activation Region - UAR). Por exemplo, um intensificador adequado é um elemento cis-regulatório (-212 a -154) a partir da região a montante do gene de sintase de octopina (ocs). Fromm *et al*. (1989) *The Plant Cell*, 1: 977-984.

[0097] "Super-regulação" refere-se à regulação que aumenta o nível de um produto de expressão (mRNA, polipeptídeo ou ambos) com relação a estados basais ou nativos.

[0098] "Vetor" refere-se a um replicon, tal como um plasmídeo, fago ou cosmídeo, no qual outro segmento de DNA pode ser inserido de modo a manter a replicação do segmento inserido. Geralmente, um vetor é capaz de replicação quando associado aos elementos de controle apropriados. O termo "vetor" inclui vetores de clonagem e expressão, bem como vetores virais e vetores de integração. Um "vetor de expressão" é um vetor que inclui uma região regulatória.

II. Polipeptídeos

[0099] Os polipeptídeos descritos aqui incluem polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio. Polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio podem ser eficazes para modular os níveis de tolerância a baixo teor de nitrogênio quando expressos em uma planta ou célula de planta. Tais polipeptídeos contêm, tipicamente, pelo menos um domínio indicativo de polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio, conforme descrito em maiores detalhes aqui. Polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio têm, tipicamente, um escore de bit HMM que é maior do que 20, conforme descrito em

maiores detalhes aqui. Em algumas modalidades, polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio têm mais de 80% de identidade à SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 166, SEQ ID NO: 186, SEQ ID NO: 208, SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 234, SEQ ID NO: 246, SEQ ID NO: 300, SEQ ID NO: 332, SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 510, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 646, SEQ ID NO: 687, SEQ ID NO: 730, SEQ ID NO: 746, SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 792, SEQ ID NO: 824, SEQ ID NO: 828, SEQ ID NO: 853, SEQ ID NO: 855, SEQ ID NO: 891, SEQ ID NO: 917, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 976, SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1054, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1116, SEQ ID NO: 1157, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1166, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1194, SEQ ID NO: 1210, SEQ ID NO: 1274, SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1342, SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1409, SEQ ID NO: 1428, SEQ ID NO: 1437, SEQ ID NO: 1463, SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1525, SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1554 ou SEQ ID NO: 1577, conforme descrito em maiores detalhes aqui.

A. Domínios Indicativos de Polipeptídeos que Modulam a Tolerância a Baixo Teor de Nitrogênio

[0100] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio P450, o qual é característico de polipeptídeos que pertencem à superfamília do Citocroma P450. Citocromas P450 são proteínas de haem-tiolato envolvidas na degradação oxidativa de vários compostos. Eles são particularmente bem-conhecidos por seu papel na degradação de toxinas e agentes mutagênicos ambientais. Em plantas, essas

proteínas são importantes para a biossíntese de vários compostos, tais como hormônios, compostos defensivos e ácidos graxos. A conservação de sequência é relativamente baixa dentro da família - existem apenas 3 resíduos absolutamente conservados - mas sua topografia geral e enrolamento estrutural são altamente conservados. O núcleo conservado é composto de uma alça denominada o 'meander', um feixe de quatro hélices, hélices J e K e dois conjuntos de beta-folhas. Essas constituem o loop de haem-ligação, a ranhura de transferência de prótons e o motivo EXXR conservado na hélice K. Embora P450's procariotas sejam proteínas solúveis, a maioria dos P450's eucariotas estão associados às membranas microssômicas. Sua função enzimática geral é catalisar a oxidação regioespecífica e estereoespecífica de hidrocarbonetos não ativados em temperaturas fisiológicas. SEQ ID NO: 3 e SEQ ID NO: 332 apresentam a sequência de aminoácido de clones de *Arabidopsis*, identificadas aqui como ME00919 (SEQ ID NO: 3) e ME04587 (SEQ ID NO: 332), respectivamente, que são previstas de codificar polipeptídeos contendo um domínio de Citocroma P450.

[0101] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio zf-Dof, o qual é conservado em várias proteínas de ligação a DNA de plantas superiores. O domínio Dof é um domínio de ligação a DNA de dedo de zinco que mostra semelhança ao dedo de zinco Cys2, embora ele tenha um loop putativo mais longo, onde um resíduo Cys extra é, tipicamente, conservado. O motivo também está presente em SEQ ID NO: 49, a qual apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis,* identificado aqui como Ceres ME01312 (SEQ ID NO: 49), que é previsto como codificando um

polipeptídeo contendo um domínio zf-Dof.

[0102] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio Aminotran_3 característico de polipeptídeos que pertencem à família de aminotransferase da Classe III. Aminotransferases compartilham determinadas características mecanísticas com outras enzimas piridoxalfosfato-dependentes, tal como a ligação covalente do grupo piridoxalfosfato a um resíduo de lisina. Aminotransferases da Classe III incluem aminotransferase de acetilornitina, a qual catalisa a transferência de um grupo amino de acetilornitina para alfa-cetoglutarato, proporcionando 5-semialdeído N-acetil-glutâmico e ácido glutâmico; aminotransferase de ornitina, a qual catalisa a transferência de um grupo amino de ornitina para alfa-cetoglutarato, proporcionando 5-semi-aldeído N-acetil-glutâmico e ácido glutâmico; aminotransferase de ômega aminoácido-piruvato, a qual catalisa a transaminação entre uma variedade de ômega-aminoácidos, mono- e di-aminas e piruvato; aminotransferase de 4-aminobutirato; GABA transaminase, a qual catalisa a transferência de um grupo amino de GABA para alfa-cetoglutarato, proporcionando semialdeído de succinato e ácido glutâmico; DAPA aminotransferase, uma enzima bacteriana (bioA), a qual catalisa uma etapa intermediária na biossíntese de biotina, a transaminação de ácido 7-ceto-8-aminopelargônico para formar ácido 7,8-diaminopelargônico; decarboxilase de 2,2-dialquilglicina, uma enzima de Burkholderia cepacia (Pseudomonas cepacia) (dgdA) que catalisa a transferência de amino decarboxilação de 2,2-dialquilglicina e piruvato em dialquil cetona, alanina e dióxido de carbono; aminotransferase de glutamato-1-semialdeído (GSA); aminotransferases yhxA e yodT de

Bacillus subtilis; aminotransferase HI0949 de *Haemophilus influenzae*; e aminotransferase de *Caenorhabditis elegans*. Com base na similaridade de sequência, essas várias enzimas podem ser agrupadas em subfamílias. O domínio aminotran_3 também está presente em SEQ ID NO: 77, a qual apresenta as sequências de aminoácido do clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME01463 (SEQ ID NO: 77), que é previsto como codificando polipeptídeos contendo um domínio aminotran_3.

[0103] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio de histona ligante característico de polipeptídeos que pertencem à família de histonas ligantes H1 e H5. A histona ligante H1 é um componente essencial da estrutura da cromatina. A H1 liga nucleossomos em estruturas de ordem superior. A histona H5 desempenha a mesma função que a histona H1 e substitui a H1 em determinadas células. A estrutura de GH5, o domínio globular da dobra de histona ligante H5, é similar ao domínio de ligação a DNA da proteína ativadora de gene de catabólito, CAP, assim, proporcionando um possível modelo para a ligação de GH5 ao DNA. O domínio também está presente em SEQ ID NO: 100, a qual apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME01910 (SEQ ID NO: 100), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio de histona ligante.

[0104] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio zf-C3HC4, o qual é previsto como sendo característico de proteínas pertencendo à família de proteínas do dedo de zinco do tipo C3HC4 (dedo RING). O dedo de zinco do tipo C3HC4 (dedo RING) é um domínio

rico em cisteína de aproximadamente 40 a 60 resíduos que coordena dois íons de zinco e provavelmente está envolvido em mediação de interações proteína-proteína. Membros da família de proteínas do dedo de zinco do tipo C3HC4 (dedo RING) contêm a sequência livremente conservada: C-X2-C-X(9-39)-C-X(1-3)-H-X(2-3)-C-X2-C-X(4-48)-C-X2-C, onde X é qualquer aminoácido. O domínio também está presente em SEQ ID NOs: 166, 746, 976, 1428, as quais apresentam as sequências de aminoácido de clones de *Arabidopsis*, identificados aqui como Ceres ME02603 (SEQ ID NO: 166), ME05493 (SEQ ID NO: 746), ME12954 (SEQ ID NO: 976), ME14649 (SEQ ID NO: 1428) respectivamente, que são previstas como codificando polipeptídeos contendo um domínio zf-C3HC4.

[0105] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio Gal_Lectina característico de uma proteína com domínio de lectina de ligação à galactose. SEQ ID NO: 208 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME02801 (SEQ ID NO: 208), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio de lectina de ligação à galactose.

[0106] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio TPR_1 característico de uma proteína com domínio de repetição tetratricopeptídica (TPR). A repetição tetratricopeptídica é um motivo estrutural presente em uma ampla faixa de proteínas identificadas em vários organismos diferentes, oscilando de bactérias a seres humanos. Ela media interações proteína-proteína e a montagem de complexos de múltiplas proteínas. Proteínas contendo TPRs estão envolvidas em uma variedade de processos biológicos,

tais como regulação do ciclo celular, controle transcricional, transporte de proteína mitocondrial ou peroxissomal, neurogênese e enrolamento de proteína. A estrutura de raios X de um domínio contendo três TPRs da proteína fosfatase 5 revelou que a TPR adota uma configuração de hélice-giro-hélice, com motivos TPR adjacentes engolfando de modo paralelo, resultando em uma espiral de alfa-hélices antiparalelas repetidas. As duas hélices são denotadas hélice A e hélice B. O ângulo de engolfamento entre a hélice A e a hélice B é de ~24° dentro de uma única TPR e gera um formato super-helicoidal do lado direito. A hélice A interage com a hélice B e com a hélice A' da próxima TPR. Duas superfícies de proteína são geradas: a superfície côncava interna contribui principalmente pelo resíduo sobre as hélices A e a outra superfície apresenta resíduos de ambas as hélices A e B. Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio de repetição tetratricopeptídica TPR_2, o qual é previsto como sendo característico de proteínas "andaime" em complexos de múltiplas proteínas. O domínio TPR_2 consiste em um motivo de aproximadamente 34 aminoácidos com um consenso frouxo e está presente, usualmente em múltiplas repetições aleatórias, em proteínas com muitas funções celulares, incluindo mitose, transcrição, transporte e desenvolvimento de proteína. Análise estrutural do domínio TPR-2 demonstra que ele forma duas regiões α-helicoidais separadas por um giro, de modo que cadeias laterais volumosas e pequenas apostas formam uma estrutura de "saliência e furo". Em geral, a superfície hidrofóbica dessa estrutura media interações proteína-proteína entre proteínas contendo TPR e não contendo TPR.

[0107] SEQ ID NO: 234 apresenta a sequência de aminoácido de clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME04204 (SEQ ID NO: 234), que é prevista como codificando um polipeptídeo contendo um domínio de repetição tetratricopeptídica TPR_1 e um domínio de repetição tetratricopeptídica TPR_2. SEQ ID NO: 1510 apresenta a sequência de aminoácido do clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME17932 (SEQ ID NO: 1510), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio de repetição tetratricopeptídica TPR_2.

[0108] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio zf-AN1 característico de polipeptídeos pertencendo à família de proteína do dedo de zinco AN1-like. O domínio de dedo de zinco AN1-like foi primeiro identificado como dedo de zinco no C-término de uma proteína An1 semelhante à ubiquitina em *Xenopus laevis*. O padrão a seguir descreve o dedo de zinco: C-X2-C-X(9-12)-C-X(1-2)-C-X4-C-X2-H-X5-H-X-C, onde X pode ser qualquer aminoácido e os números entre parênteses indicam o número de resíduos.

[0109] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio zf-A20, o qual é característico de dedos de zinco A20- (um inibidor de morte celular)-like. Em animais, acredita-se que dedos de zinco A20-like mediem a autoassociação em A20. Esses dedos também mediam a ativação de NF-kappa B IL-1-induzida. SEQ ID NO: 246 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME04477 (SEQ ID NO: 246), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio de dedo de zinco AN1-like e um domínio zf-A20.

[0110] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio Aa_trans ou domínio de transportador de aminoácido transmembrana, o qual é previsto como sendo característico de transportadores de aminoácido e permeases de aminoácido. O domínio também está presente em SEQ ID NO: 300, a qual apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME04507 (SEQ ID NO: 300), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio transportador de aminoácido transmembrana.

[0111] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um motivo de reconhecimento de RNA (conforme mostrado como domínio RRM_1, RRM, RBD ou RNP), o qual é característico de polipeptídeos pertencendo à superfamília da proteína de ligação a RNA fita simples. Proteínas RRM têm uma variedade de preferências e funções de ligação a RNA e incluem ribonucleoproteínas nucleares heterogêneas (hnRNPs), proteínas envolvidas em regulação de junção (“*splicing”)* alternativo, componentes de proteína de pequenas ribonucleoproteínas nucleares e proteínas que regulam a estabilidade e tradução de RNA. A RRM, no fator de junção (“*splicing”)* heterodimérico U2, fator auxiliar snRNP (U2AF), parece ter dos domínios RRM-like com características especializadas para reconhecimento de proteína. O motivo também aparece em umas poucas proteínas de ligação a DNA fita simples. A RRM típica consiste em quatro beta-fitas antiparalelas e duas alfa-hélices dispostas em uma dobra beta-alfa-beta-beta-alfa-beta com cadeias laterais que se empilham com bases de RNA. A especificidade de

ligação a RNA é determinada por múltiplos contatos com aminoácidos circundantes. Uma terceira hélice está presente durante ligação a RNA em alguns casos. O motivo também está presente em SEQ ID NO: 368 e SEQ ID NO: 1274, as quais apresentam as sequências de aminoácido de clones de *Arabidopsis*, identificados aqui como Ceres ME04753 (SEQ ID NO: 368) e ME13151 (SEQ ID NO: 1274), respectivamente, que são previstos como codificando polipeptídeos contendo um motivo de reconhecimento de RNA.

[0112] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio NTF2 característico de um polipeptídeo de fator de transporte nuclear 2 (NTF2). O NTF2 é um homodímero de subunidades de aproximadamente 14kDa, o qual estimula a importação nuclear eficiente de uma proteína cargo. O NTF2 se liga a nucleoporinas contendo repetições RanGDP e FxFG. O NTF2 se liga à RanGDP de modo suficientemente forte para que o complexo permaneça intacto durante transporte através de complexos de nucleoporos (NPCs), mas a interação entre as nucleoporinas NTF2 e FxFG é muito mais transitória, o que permitiria que o NTF2 se mova através dos NPC pulando de uma repetição para outra. O NTF2 se dobra em um cone com uma cavidade hidrofóbica profunda, a abertura da qual é circundada por vários resíduos negativamente carregados. A RanGDP se liga ao NTF2 através de inserção de um resíduo de fenilalanina conservado na bolsa hidrofóbica do NTF2 e fazendo interações eletrostáticas com os resíduos negativamente carregados conservados que circundam a cavidade. Um domínio estruturalmente similar aparece em outras proteínas de importação. SEQ ID NO: 1274, a qual apresenta a sequência de aminoácido de um clone

de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME13151 (SEQ ID NO: 1274), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio NTF2.

[0113] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio DUF1218. SEQ ID NO: 1274, a qual apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME04772 (SEQ ID NO: 510), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio DUF1218.

[0114] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio de ligação a DNA Myb-like característico de polipeptídeos pertencendo a uma família de proteínas cujos membros contêm os domínios de ligação a DNA de proteínas Myb, bem como a família do domínio SANT. SEQ ID NO: 533, a qual apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME04909 (SEQ ID NO: 533), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio de ligação a DNA Myb-like.

[0115] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio FAD_binding_4. Esse domínio é previsto como sendo característico de polipeptídeos pertencendo a uma família de enzimas que usa FAD (dinucleotídeo de flavina adenina) como um cofator, a maioria das enzimas são similares à oxidorreductase de oxigênio, contendo um grupo FAD covalentemente ligado, o qual é preso a uma histidina via uma ligação 8-alfa-(N3-histidil)-riboflavina.

[0116] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio BBE, o qual é previsto

como sendo característico de uma ponte de berberina e enzima de ponte de berberina-like. Enzimas BBE estão, tipicamente, envolvidas na biossíntese de numerosos alcaloides de isoquinolina. Elas catalisam a transformação do grupo N-metila de (S)-reticulina no carbono C-8 da ponte de berberina de (S)-escoulerina. SEQ ID NO: 558 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME05194 (SEQ ID NO: 558), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio FAD_binding_4 e um domínio BBE.

[0117] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio de pré-foldina (PFD) característico de polipeptídeos pertencendo à família da subunidades de pré-foldina. A pré-foldina (PFD) é uma chaperona que, tipicamente, interage com chaperoninas do tipo II, hetero-oligômeros carecendo de uma cochaperonina oblíqua que são encontrados em eucariotas (polipeptídeo-1 do T-complexo contendo chaperonina (CCT)) e archaea. A PFD eucariota pode, tipicamente, se ligar à actina e tubulina co-traducionalmente. A chaperona pode, então, distribuir a proteína-alvo ao CCT, interagindo com a chaperonina através das pontas das alças enroladas. SEQ ID NO: 593 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME05267 (SEQ ID NO: 593), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio de pré-foldina.

[0118] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio de HR-lesão característico de polipeptídeos pertencendo a uma família de proteínas

de planta que podem estar associadas à via de resposta hipersensível (Hypersensitive Response - HR) de defesa contra patógenos de planta. O domínio também está presente em SEQ ID NO: 646, a qual apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME05341 (SEQ ID NO: 646), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio de HR-lesão.

[0119] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio DUF538. SEQ ID NO: 687 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME05392 (SEQ ID NO: 687), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio DUF538.

[0120] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio de dedo de zinco do tipo C-x8-C-x5-C-x3-H (zf-CCCH), o qual é característico de polipeptídeos pertencendo à superfamília de proteínas do dedo de zinco. Acredita-se que membros de domínios de dedo de zinco estão envolvidos em ligação a DNA e existem como diferentes tipos. Proteínas contendo domínios de dedo de zinco do tipo C-x8-C-x5-C-x3-H incluem proteínas de dedo de zinco de eucariotas envolvidos em ciclo celular ou regulação fase de crescimento-relacionada. Foi mostrado que diferentes proteínas de dedo de zinco CCCH interagem com a região não traduzida 3' de vários mRNA's. SEQ ID NO: 792 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME07344 (SEQ ID NO: 792), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio zf-CCCH.

[0121] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio DUF246. SEQ ID NO: 828 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME08464 (SEQ ID NO: 828), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio DUF246.

[0122] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio C2. O domínio C2 é um módulo de objetivação de membrana Ca2+-dependente encontrado em muitas proteínas celulares envolvidas em transdução de sinal ou tráfego na membrana. Domínios C2 são únicos entre domínios de objetivação da membrana pelo fato de que, tipicamente, eles mostram uma ampla faixa de seletividade lipídica para os principais componentes de membranas celulares, incluindo fosfatidil serina e fosfatidil colina. SEQ ID NO: 982 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME12970 (SEQ ID NO: 982), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio C2.

[0123] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio Cpn60_TCP1 característico de polipeptídeos pertencendo à família de chaperonina TCP-1/cpn60. Essa família inclui membros da família da chaperona HSP60 e da família TCP-1 (proteína do T-complexo). Chaperoninas, uma subfamília de chaperonas moleculares são, tipicamente, essenciais para o enrolamento e montagem corretas de polipeptídeos em estruturas oligoméricas. Chaperoninas são, tipicamente, encontradas em abundância em procariotas, cloroplastos e mitocôndrias. Elas são, tipicamente, requeridas para

crescimento normal de células e induzidas por estresse, atuando para estabilizar ou proteger polipeptídeos desmontados sob condições de choque térmico. SEQ ID NO: 1054 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME13021 (SEQ ID NO: 1054), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio Cpn60_TCP1.

[0124] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio zf-C2H2 característico de um polipeptídeo com domínio de dedo de zinco C2H2. Domínios de dedo de zinco são estruturas de proteína que se ligam a ácido nucleico compostas de 25 a 30 resíduos de aminoácido, incluindo 2 resíduos de Cys conservados e 2 resíduos de His conservados em um motivo do tipo C-2-C-12-H-3-H. Os 12 resíduos que separam a segunda Cys e a primeira His são principalmente polares e básicos, envolvendo essa região em particular na ligação a ácido nucleico. Eles têm a capacidade de se ligar a RNA e DNA e foi sugerido que o dedo de zinco pode, assim, representar a proteína de ligação a ácido nucleico original. Foi também sugerido que um domínio centralizado de Zn poderia ser usado em uma interação de proteína, por exemplo, em quinase de proteína C. Muitas classes de dedos de zinco são caracterizad~~o~~as de acordo com o número e posições dos resíduos de histidina e cisteína envolvidos na coordenação de átomos de zinco. Na classe de dedo de zinco C2H2, o primeiro par de resíduos de coordenação de zinco são cisteínas, enquanto que o segundo par são histidinas. O motivo também está presente em SEQ ID NO: 1116, a qual apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME13087 (SEQ ID

NO: 1116), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio zf-C2H2.

[0125] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio de zeína característico de polipeptídeos pertencendo à família de proteínas de armazenamento em semente, zeína. SEQ ID NO: 1159, a qual apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME13107 (SEQ ID NO: 1159), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio de zeína.

[0126] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio snf7 característico de polipeptídeos pertencendo a uma família de proteínas eucariotas relacionadas à SNF7 de levedo. SEQ ID NO: 1185 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME13110 (SEQ ID NO: 1185), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio snf7.

[0127] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio HhH-GPD característico de polipeptídeos pertencendo à superfamília da proteína de reparo de DNA por excisão de base HhH-GPD. Membros da superfamília de proteína de reparo de DNA por excisão de base HhH-GPD contêm uma hélice-grampo de cabelo-hélice e loop rico em Gly/Pro, seguido por um aspartato conservado. Esse domínio é encontrado em uma diversa faixa de proteínas de reparo de DNA estruturalmente relacionadas. O domínio também está presente em SEQ ID NO: 1194, a qual apresenta a sequência de aminoácido de um

clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME13125 (SEQ ID NO: 1194), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio HhH-GPD.

[0128] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio Arf característico de polipeptídeos pertencendo à família do fator de ADP-ribosilação. As proteínas de ligação a GTP ao pequeno fator de ribosilação de ADP (ADP ribosylation factor - Arf) são os principais reguladores de biogênese vesicular em tráfego intracelular. Elas são os membros de base de uma família em crescimento que inclui Arl (Arf-like), Arp (proteínas Arf-relacionadas) e as proteínas Sar (Secreção-associada e Ras-relacionada) remotamente relacionadas. Proteínas Arf comutam entre as formas GDP-ligada inativa e GTP-ligada ativa que se ligam seletivamente a efetuadores. A comutação estrutural clássica GDP/GTP é caracterizada por alterações conformacionais nas assim denominadas regiões de comutação 1 e comutação 2, as quais se ligam hermeticamente ao gama-fosfato de GTP, mas pobremente ou nem se ligam ao nucleotídeo GDP. Estudos estruturais de Arf1 e Arf6 revelaram que, embora essas proteínas se caracterizem por alterações conformacionais nas regiões de comutação 1 e 2, elas divergem de outras pequenas proteínas de ligação a GTP pelo fato de que elas usam uma comutação única, adicional, para propagar informação estrutural de um lado da proteína para o outro. Os ciclos estruturais GDP/GTP da Arf1 e Arf6 humanas se caracterizam por uma alteração conformacional única que afeta as fitas beta2beta3 que conectam a comutação 1 e comutação 2 (intercomutação) e também o N-término helicoidal anfifático. SEQ ID NO: 1210 apresenta a sequência de aminoácido

de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME13149 (SEQ ID NO: 1210), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio Arf.

[0129] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio de Piridoxal_deC característico do polipeptídeo de decarboxilase piridoxal-dependente. Decarboxilases piridoxal-dependentes, tipicamente, compartilham regiões de similaridade de sequência, particularmente na proximidade de um resíduo de lisina conservado, o qual proporciona o sítio de fixação para o grupo piridoxal-fosfato (PLP). Piridoxal fosfato é a forma ativa de vitamina B6 (piridoxina ou piridoxal). PLP é um catalisador versátil, que atua como uma coenzima em uma variedade de reações, incluindo decarboxilação, deaminação e transaminação. Enzimas PLP-dependentes, incluindo decarboxilases piridoxal-dependentes, estão envolvidas na biossíntese de aminoácidos e metabólitos derivados de aminoácido, mas elas também são encontradas nas vias biossintéticas de amino açúcares e na síntese ou catabolismo de neurotransmissor. SEQ ID NO: 1302 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME13153 (SEQ ID NO: 1302), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio de Piridoxal_deC.

[0130] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio de Ciclina_C, o qual é característico do domínio C-terminal de polipeptídeos pertencendo à família de ciclina. Ciclinas são proteínas eucariotas que exercem um papel ativo no controle de ciclos de divisão celular nucleares e regulam quinases dependentes de ciclina

(CDKs). As ciclinas, junto com as quinases p34 (cdc2) ou cdk2, formam o Fator de Promoção de Maturação (Maturation Promoting Factor - MPF). Existem dois grupos principais de ciclinas, ciclinas G1/S, as quais exercem um papel no controle do ciclo celular na transição G1/S (início) e ciclinas G2/M, as quais exercem um papel no controle do ciclo celular na transição G2/M (mitose). Ciclinas G2/M se acumulam constantemente durante G2 e são abruptamente destruídas à medida que as células saem da mitose (no final da fase M). Ciclinas contêm, tipicamente, dois domínios de dobra all-alfa similares, dos quais essa família corresponde ao domínio C-terminal.

[0131] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio Ciclina_N, o qual define o domínio N-terminal de polipeptídeos pertencendo à família de ciclina. SEQ ID NO: 1342 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME13177 (SEQ ID NO: 1342), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio de Ciclina_C e um domínio de Ciclina_N.

[0132] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio DUF1442. SEQ ID NO: 1463, a qual apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME16546 (SEQ ID NO: 1463), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio DUF1442.

[0133] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio HLH característico de polipeptídeos pertencendo à superfamília do domínio de ligação

a DNA de hélice-loop-hélice. Proteínas de hélice-loop-hélice básicas (bHLH) são um grupo de fatores de transcrição eucariotas que podem exercer uma influência determinante em uma variedade de vias de desenvolvimento. Esses fatores de transcrição são caracterizados por um domínio bHLH conservado que media dimerização específica. Eles podem facilitar a conversão de monômeros inativos em dímeros de transativação em estágios apropriados de desenvolvimento. Membros dessa superfamília podem ser classificados em categorias distintas de acordo com as características de dimerização, ligação a DNA e expressão. SEQ ID NO: 1537 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME18275 (SEQ ID NO: 1537), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio HLH.

[0134] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio CRAL_TRIO característico da família de proteína de ligação a retinaldeído/retinal C-terminal. Em animais, proteínas de ligação a retinaldeído/retinal podem ser componentes funcionais do ciclo visual. A proteína de ligação a retinaldeído celular (CRALBP) pode funcionar como uma proteína veículo de substrato que modula a interação desses retinoides com enzimas de ciclo visual. A proteína com múltiplos domínios Trio pode se ligar à fosfatase de tirosina LAR da transmembrana, contém um domínio de quinase de proteína e tem domínios de fator de troca de nucleotídeo rac-específico e rho-específico distintos. Trio é uma proteína multifuncional que pode integrar e amplificar sinais envolvidos em coordenação de remodelamento de actina, o qual é necessário para migração e desenvolvimento celular. Outros membros

da família são proteínas de transferência que incluem o fator de troca de nucleotídeo de guanina que pode funcionar como um efetuador de RAC1, proteína de transferência de fosfatidil inositol/fosfatidil colina que é requerida para o transporte de proteínas secretórias do complexo de Golgi e proteína de transferência de alfa-tocoferol, que intensifica a transferência do ligante entre membranas distintas.

[0135] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio CRAL_TRIO_N, o qual define o N-término da família de proteína de ligação a retinaldeído/retinal.

[0136] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio EMP24_GP25L característico de polipeptídeos pertencendo à família 24/gp25L/família p24/família de gene GOLD. Membros dessa família estão envolvidos na cargo ligação em ponte ao ER e ligação a proteínas do envoltório através de seus domínios citoplásmicos. Esse domínio corresponde intimamente ao domínio GOLD rico em beta-folha. O domínio GOLD é, frequentemente, encontrado combinado com domínios de associação à membrana ou lipídio. Proteínas p24 são os principais componentes da membrana de vesículas revestidas de COPI e COPII e estão envolvidas em cargo seletividade de transporte do ER para Golgi. Múltiplos membros da família p24 são encontrados em todos os eucariotas, de levedos a mamíferos. Membros da família p24 são proteínas da membrana do tipo I com um peptídeo sinalizador no aminotérmino, um domínio de alças enroladas lumenais (extracitosólico), um único domínio transmembrana com aminoácidos conservados e uma cauda citoplásmica curta. Eles podem ser agrupados em pelo

menos três subfamílias baseado na sequência primária. Uma subfamília compreende Emp24p de levedo e p24A de mamífero. Outra subfamília compreende Erv25p de levedo e Tmp21 de mamífero e a terceira subfamília compreende proteínas gp25L de mamífero. SEQ ID NO: 1554 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME18924 (SEQ ID NO: 1554), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio CRAL_TRIO, um domínio CRAL_TRIO_N e um domínio EMP24_GP25L.

[0137] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio de Pirofosfatase, o qual é previsto como sendo característico de uma pirofosfatase inorgânica (PPase). A PPase é a enzima responsável pela hidrólise de pirofosfatase (PPi), a qual é formada principalmente como o produto de muitas reações biossintéticas que utilizam ATP. PPases podem requerer a presença de cátions de metal divalentes, com magnésio conferindo a maior atividade. Dentre outros resíduos, foi postulado que uma lisina é parte ou está próxima do sítio ativo. As sequências de PPases compartilham algumas regiões de similaridades, dentre as quais está uma região que contém três aspartatos conservados que estão envolvidos na ligação de cátions. SEQ ID NO: 1577 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME19182 (SEQ ID NO: 1577), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio de Pirofosfatase.

[0138] Um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode conter um domínio bZIP_1 característico de polipeptídeos pertencendo à superfamília de fatores de trans-

crição ZIP básicos. Membros da superfamília do fator de transcrição bZIP eucariotas contêm uma região básica que media a ligação a DNA sequência-específica seguido por uma região de zíper de leucina requerida para dimerização. SEQ ID NO: 1437 apresenta a sequência de aminoácido de um clone de *Arabidopsis*, identificado aqui como Ceres ME20628 (SEQ ID NO: 1437), que é previsto como codificando um polipeptídeo contendo um domínio bZIP_1.

B. Homólogos Funcionais Identificados através de BLAST Recíproco

[0139] Em algumas modalidades, um ou mais homólogos funcionais de um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio de referência definido por uma ou mais das descrições Pfam indicadas acima são adequados para uso como polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio. Um homólogo funcional é um polipeptídeo que tem uma similaridade de sequência a um polipeptídeo de referência e que traz uma ou mais das funções bioquímicas ou fisiológicas do polipeptídeo de referência. Um homólogo funcional e polipeptídeo de referência podem ser polipeptídeos que ocorrem naturalmente e a similaridade de sequência pode ser em virtude de eventos evolucionários convergentes ou divergentes. Como tal, homólogos funcionais são, algumas vezes, designados na literatura como homólogos ou ortólogos ou parálogos. Variantes de um homólogo funcional que ocorre naturalmente, tais como polipeptídeos codificados por mutantes de uma sequência de codificação do tipo silvestre podem, em si, ser homólogos funcionais. Homólogos funcionais também podem ser criados via mutagênese sítio-dirigida da sequência de codificação para um

polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio ou combinando domínios das sequências de codificação para diferentes polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio que ocorrem naturalmente ("swapping de domínio"). O termo "homólogo funcional" é, algumas vezes, aplicado ao ácido nucleico que codifica um polipeptídeo funcionalmente homólogo.

[0140] Homólogos funcionais podem ser identificados através de análise de alinhamentos de sequência de nucleotídeo e polipeptídeo. Por exemplo, realizando uma consulta em um banco de dados de sequências de nucleotídeo ou polipeptídeo pode-se identificar homólogos de polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio. Análise de sequência pode envolver análise BLAST, BLAST Recíproco ou PSI-BLAST de bancos de dados não redundantes usando uma sequência de aminoácido de polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio como a sequência de referência. A sequência de aminoácido é, em alguns casos, deduzida da sequência de nucleotídeo. Aqueles polipeptídeos no banco de dados que têm mais de 20% de identidade de sequência são candidatos para avaliação adicional quanto à adequabilidade como um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio. Similaridade de sequência de aminoácido permite substituições de aminoácido conservativas, tal como substituição de um resíduo hidrofóbico por outro ou substituição de um resíduo polar por outro. Se desejado, inspeção manual de tais candidatos pode ser realizada de forma a limitar o número de candidatos a serem avaliados. Inspeção manual pode ser realizada mediante seleção daqueles candidatos

que parecem ter domínios presentes em polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio, por exemplo, domínios funcionais conservados.

[0141] Regiões conservadas podem ser identificadas localizando uma região dentro da sequência de aminoácido primária de um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio que é uma sequência repetida, forma alguma estrutura secundária (por exemplo, hélices e beta-folhas), estabelece domínios positiva ou negativamente carregados e representa um motivo ou domínio de proteína. Veja, por exemplo, o website Pfam que descreve sequências de consenso para uma variedade de motivos e domínios de proteína na World Wide Web em sanger.ac.uk/Software/Pfam/ e pfam.janelia.org/. Uma descrição da informação incluída no banco de dados Pfam é descrita em Sonnhammer *et al*. (1998) *Nucl*. *Acids Res*., 26: 320-322; Sonnhammer *et al*. (1997) *Proteins*, 28: 405-420; e Bateman *et al*. (1999) *Nucl*. *Acids Res*., 27: 260-262. Regiões conservadas também podem ser determinadas mediante alinhamento de sequências dos mesmos ou de polipeptídeos relacionados de espécies intimamente relacionadas. Espécies intimamente relacionadas são, de preferência, da mesma família. Em algumas modalidades, alinhamento de sequências de duas espécies diferentes é adequado.

[0142] Tipicamente, polipeptídeos que exibem pelo menos cerca de 40% de identidade de sequência de aminoácido são úteis para identificar regiões conservadas. Regiões conservadas de polipeptídeos relacionados exibem pelo menos 20% de identidade de sequência de aminoácido (por exemplo, pelo menos 50%, pelo menos 60%, pelo menos 70%, pelo menos 80% ou pelo menos 90% de

identidade de sequência de aminoácido). Em algumas modalidades, uma região conservada exibe pelo menos 92%, 94%, 96%, 98% ou 99% de identidade de sequência de aminoácido.

[0143] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 3 são fornecidos na figura 1 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 46 e SEQ ID NO: 47. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 3 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 3.

[0144] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 49 são fornecidos na figura 2 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 56, SEQ ID NO: 58, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 73 e SEQ ID NO: 75. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 49 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por

exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 49.

[0145] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 77 são fornecidos na figura 3 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95 e CeresAnnot: 839064 (SEQ ID NO: 1479). Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 77 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 77.

[0146] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 100 são fornecidos na figura 4 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123, SEQ ID NO: 125, SEQ ID NO: 126, SEQ ID NO: 128, SEQ ID NO: 129, SEQ ID NO: 130, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137, SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 141, SEQ ID NO: 142, SEQ ID NO: 144, SEQ ID NO: 145, SEQ ID NO: 146, SEQ ID NO: 147, SEQ ID NO: 148, SEQ ID NO: 149 e SEQ ID NO: 150. Em alguns casos, um homólogo

funcional de SEQ ID NO: 100 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 100.

[0147] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 152 são fornecidos na figura 5 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 154, SEQ ID NO: 156, SEQ ID NO: 158, SEQ ID NO: 160, SEQ ID NO: 162 e SEQ ID NO: 164. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 152 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 152.

[0148] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 166 são fornecidos na figura 6 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 168, SEQ ID NO: 170, SEQ ID NO: 172, SEQ ID NO: 174, SEQ ID NO: 177, SEQ ID NO: 179, SEQ ID NO: 181, SEQ ID NO: 182, SEQ ID NO: 183 e SEQ ID NO: 184. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 166 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 166.

[0149] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 186 são fornecidos na figura 7 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 188, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 191, SEQ ID NO: 193, SEQ ID NO: 194, SEQ ID NO: 196, SEQ ID NO: 197, SEQ ID NO: 199, SEQ ID NO: 201, SEQ ID NO: 203, SEQ ID NO: 204, SEQ ID NO: 205 e SEQ ID NO: 206. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 186 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 186.

[0150] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 208 são fornecidos na figura 8 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 209, SEQ ID NO: 210, SEQ ID NO: 214 e SEQ ID NO: 216. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 208 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 208.

[0151] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 218 são fornecidos na figura 9 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 220, SEQ ID NO: 222, SEQ ID NO: 223, SEQ ID NO: 225, SEQ ID NO: 227, SEQ ID NO: 229, SEQ ID NO: 230, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 1039, SEQ ID NO: 1049 e SEQ ID NO: 1052. Em alguns casos, um

homólogo funcional de SEQ ID NO: 218 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 218.

[0152] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 234 são fornecidos na figura 10 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 236, SEQ ID NO: 238, SEQ ID NO: 239, SEQ ID NO: 241, SEQ ID NO: 242, SEQ ID NO: 243 e SEQ ID NO: 244. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 234 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 234.

[0153] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 246 são fornecidos na figura 11 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 251, SEQ ID NO: 253, SEQ ID NO: 255, SEQ ID NO: 257, SEQ ID NO: 259, SEQ ID NO: 260, SEQ ID NO: 262, SEQ ID NO: 264, SEQ ID NO: 265, SEQ ID NO: 267, SEQ ID NO: 268, SEQ ID NO: 270, SEQ ID NO: 272, SEQ ID NO: 274, SEQ ID NO: 276, SEQ ID NO: 277, SEQ ID NO: 279, SEQ ID NO: 281, SEQ ID NO: 283, SEQ ID NO: 285, SEQ ID NO: 286, SEQ ID NO: 287, SEQ ID NO: 288, SEQ ID NO: 290, SEQ ID NO: 291, SEQ ID NO: 292, SEQ ID NO: 293, SEQ ID NO: 296 e SEQ ID NO: 298. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 246 tem uma sequência de

aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 246.

[0154] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 300 são fornecidos na figura 12 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 302, SEQ ID NO: 304, SEQ ID NO: 306, SEQ ID NO: 308, SEQ ID NO: 310, SEQ ID NO: 312, SEQ ID NO: 314, SEQ ID NO: 316, SEQ ID NO: 318, SEQ ID NO: 319, SEQ ID NO: 320, SEQ ID NO: 321, SEQ ID NO: 322, SEQ ID NO: 323, SEQ ID NO: 325, SEQ ID NO: 327 e SEQ ID NO: 329. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 300 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 300.

[0155] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 332 são fornecidos na figura 13 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 332, SEQ ID NO: 334, SEQ ID NO: 335, SEQ ID NO: 336, SEQ ID NO: 338, SEQ ID NO: 339, SEQ ID NO: 341, SEQ ID NO: 342, SEQ ID NO: 343, SEQ ID NO: 344, SEQ ID NO: 345, SEQ ID NO: 346, SEQ ID NO: 347, SEQ ID NO: 348, SEQ ID NO: 349, SEQ ID NO: 351, SEQ ID NO: 352, SEQ ID NO: 353, SEQ ID NO: 354, SEQ ID NO: 355, SEQ ID NO: 356, SEQ ID NO: 357, SEQ ID NO: 358, SEQ ID NO: 359, SEQ ID NO: 360, SEQ ID NO: 362, SEQ ID NO: 363, SEQ ID NO: 364, SEQ ID

NO: 365, SEQ ID NO: 366, SEQ ID NO: 2541, SEQ ID NO: 2542, SEQ ID NO: 2543, SEQ ID NO: 2544, SEQ ID NO: 2546, SEQ ID NO: 2548, SEQ ID NO: 2549, SEQ ID NO: 2550, SEQ ID NO: 2551, SEQ ID NO: 2552 e SEQ ID NO: 2553. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 332 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 332.

[0156] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 368 são fornecidos na figura 14 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 369, SEQ ID NO: 370, SEQ ID NO: 371, SEQ ID NO: 372, SEQ ID NO: 373, SEQ ID NO: 374, SEQ ID NO: 376, SEQ ID NO: 378, SEQ ID NO: 380, SEQ ID NO: 382, SEQ ID NO: 384, SEQ ID NO: 386, SEQ ID NO: 388, SEQ ID NO: 390, SEQ ID NO: 392, SEQ ID NO: 394, SEQ ID NO: 396, SEQ ID NO: 398, SEQ ID NO: 399, SEQ ID NO: 401, SEQ ID NO: 403, SEQ ID NO: 404, SEQ ID NO: 406, SEQ ID NO: 408, SEQ ID NO: 410, SEQ ID NO: 412, SEQ ID NO: 414, SEQ ID NO: 416, SEQ ID NO: 418, SEQ ID NO: 419, SEQ ID NO: 420, SEQ ID NO: 422, SEQ ID NO: 423, SEQ ID NO: 425, SEQ ID NO: 427, SEQ ID NO: 428, SEQ ID NO: 430, SEQ ID NO: 432, SEQ ID NO: 433, SEQ ID NO: 434, SEQ ID NO: 435, SEQ ID NO: 436, SEQ ID NO: 437, SEQ ID NO: 438, SEQ ID NO: 439, SEQ ID NO: 440, SEQ ID NO: 441, SEQ ID NO: 444, SEQ ID NO: 445, SEQ ID NO: 446, SEQ ID NO: 447, SEQ ID NO: 448, SEQ ID NO: 449, SEQ ID NO: 450, SEQ ID NO: 451, SEQ ID NO: 452, SEQ ID NO: 453, SEQ ID NO: 454, SEQ ID NO: 455, SEQ ID NO: 456, SEQ ID NO: 458, SEQ ID NO: 459, SEQ

ID NO: 461, SEQ ID NO: 463, SEQ ID NO: 465, SEQ ID NO: 467, SEQ ID NO: 469, SEQ ID NO: 471, SEQ ID NO: 473, SEQ ID NO: 474, SEQ ID NO: 475, SEQ ID NO: 477, SEQ ID NO: 479, SEQ ID NO: 481, SEQ ID NO: 483, SEQ ID NO: 485, SEQ ID NO: 487, SEQ ID NO: 488, SEQ ID NO: 489, SEQ ID NO: 490, SEQ ID NO: 491, SEQ ID NO: 492, SEQ ID NO: 494, SEQ ID NO: 495, SEQ ID NO: 496, SEQ ID NO: 497, SEQ ID NO: 498, SEQ ID NO: 499, SEQ ID NO: 500, SEQ ID NO: 501, SEQ ID NO: 502, SEQ ID NO: 504, SEQ ID NO: 505, SEQ ID NO: 506, SEQ ID NO: 507 e SEQ ID NO: 508. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 368 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 368.

[0157] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 510 são fornecidos na figura 15 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 511, SEQ ID NO: 513, SEQ ID NO: 515, SEQ ID NO: 517, SEQ ID NO: 521, SEQ ID NO: 523, SEQ ID NO: 525, SEQ ID NO: 527, SEQ ID NO: 529, SEQ ID NO: 530 e SEQ ID NO: 531. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 510 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 510.

[0158] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 533 são

fornecidos na figura 16 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 535, SEQ ID NO: 536, SEQ ID NO: 538, SEQ ID NO: 539, SEQ ID NO: 541, SEQ ID NO: 542, SEQ ID NO: 543, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 546, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 548, SEQ ID NO: 550, SEQ ID NO: 552, SEQ ID NO: 553 e SEQ ID NO: 554. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 533 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 533.

[0159] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 558 são fornecidos na figura 17 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 559, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 561, SEQ ID NO: 562, SEQ ID NO: 563, SEQ ID NO: 564, SEQ ID NO: 565, SEQ ID NO: 566, SEQ ID NO: 567, SEQ ID NO: 569, SEQ ID NO: 571, SEQ ID NO: 572, SEQ ID NO: 573, SEQ ID NO: 575, SEQ ID NO: 576, SEQ ID NO: 577, SEQ ID NO: 578, SEQ ID NO: 579, SEQ ID NO: 581, SEQ ID NO: 583, SEQ ID NO: 584, SEQ ID NO: 585, SEQ ID NO: 586, SEQ ID NO: 588, SEQ ID NO: 589, SEQ ID NO: 590 e SEQ ID NO: 591. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 558 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 558.

[0160] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 593 são

fornecidos na figura 18 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 595, SEQ ID NO: 597, SEQ ID NO: 599, SEQ ID NO: 601, SEQ ID NO: 603, SEQ ID NO: 605, SEQ ID NO: 607, SEQ ID NO: 609, SEQ ID NO: 610 e SEQ ID NO: 611. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 593 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 593.

[0161] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 613 são fornecidos na figura 19 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 615, SEQ ID NO: 617, SEQ ID NO: 618, SEQ ID NO: 620, SEQ ID NO: 622, SEQ ID NO: 624, SEQ ID NO: 626, SEQ ID NO: 628, SEQ ID NO: 630, SEQ ID NO: 632, SEQ ID NO: 634, SEQ ID NO: 636, SEQ ID NO: 638, SEQ ID NO: 640, SEQ ID NO: 642, SEQ ID NO: 643 e SEQ ID NO: 644. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 613 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 613.

[0162] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 646 são fornecidos na figura 20 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 648, SEQ ID NO: 650, SEQ ID NO: 652, SEQ ID NO: 654, SEQ ID NO: 656, SEQ ID NO: 658,

SEQ ID NO: 660, SEQ ID NO: 662, SEQ ID NO: 664, SEQ ID NO: 666, SEQ ID NO: 668, SEQ ID NO: 670, SEQ ID NO: 672, SEQ ID NO: 674, SEQ ID NO: 676, SEQ ID NO: 678, SEQ ID NO: 679, SEQ ID NO: 680, SEQ ID NO: 681, SEQ ID NO: 682, SEQ ID NO: 683 e SEQ ID NO: 685. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 646 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 646.

[0163] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 687 são fornecidos na figura 21 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 689, SEQ ID NO: 691, SEQ ID NO: 693, SEQ ID NO: 694, SEQ ID NO: 696, SEQ ID NO: 697, SEQ ID NO: 699, SEQ ID NO: 701, SEQ ID NO: 703, SEQ ID NO: 705, SEQ ID NO: 706, SEQ ID NO: 708, SEQ ID NO: 710, SEQ ID NO: 712, SEQ ID NO: 714, SEQ ID NO: 716, SEQ ID NO: 718, SEQ ID NO: 720, SEQ ID NO: 721, SEQ ID NO: 722, SEQ ID NO: 723, SEQ ID NO: 724, SEQ ID NO: 725, SEQ ID NO: 726, SEQ ID NO: 727 e SEQ ID NO: 728. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 687 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 687.

[0164] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 730 são

fornecidos na figura 22 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 732, SEQ ID NO: 733, SEQ ID NO: 735, SEQ ID NO: 737, SEQ ID NO: 738 e SEQ ID NO: 742. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 730 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 730.

[0165] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 746 são fornecidos na figura 23 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 748, SEQ ID NO: 750, SEQ ID NO: 751, SEQ ID NO: 753, SEQ ID NO: 755, SEQ ID NO: 757, SEQ ID NO: 758, SEQ ID NO: 760, SEQ ID NO: 761, SEQ ID NO: 762, SEQ ID NO: 763, SEQ ID NO: 765 e SEQ ID NO: 767. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 746 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 746.

[0166] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 769 são fornecidos na figura 24 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 773, SEQ ID NO: 775, SEQ ID NO: 777, SEQ ID NO: 779, SEQ ID NO: 781, SEQ ID NO: 783, SEQ ID NO: 785, SEQ ID NO: 787, SEQ ID NO: 789 e SEQ ID NO: 790. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 769 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos

20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 769.

[0167] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 792 são fornecidos na figura 25 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 794, SEQ ID NO: 796, SEQ ID NO: 798, SEQ ID NO: 799, SEQ ID NO: 801, SEQ ID NO: 803, SEQ ID NO: 805, SEQ ID NO: 807, SEQ ID NO: 808, SEQ ID NO: 810, SEQ ID NO: 812, SEQ ID NO: 814, SEQ ID NO: 816, SEQ ID NO: 818, SEQ ID NO: 819, SEQ ID NO: 820, SEQ ID NO: 821 e SEQ ID NO: 822. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 792 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 792.

[0168] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 824 são fornecidos na figura 26 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem, mas não estão limitados a, SEQ ID NO: 826, SEQ ID NO: 1696, SEQ ID NO: 1698, SEQ ID NO: 1700, SEQ ID NO: 1702, SEQ ID NO: 1704, SEQ ID NO: 1706, SEQ ID NO: 1708, SEQ ID NO: 1710, SEQ ID NO: 1711, SEQ ID NO: 1713, SEQ ID NO: 1714, SEQ ID NO: 1715 e SEQ ID NO: 1716. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 824 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%,

85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 824.

[0169] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 828 são fornecidos na figura 27 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 830, SEQ ID NO: 832, SEQ ID NO: 834, SEQ ID NO: 836, SEQ ID NO: 837, SEQ ID NO: 838, SEQ ID NO: 839, SEQ ID NO: 840, SEQ ID NO: 842, SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 845, SEQ ID NO: 846, SEQ ID NO: 847, SEQ ID NO: 848, SEQ ID NO: 849, SEQ ID NO: 850 e SEQ ID NO: 851. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 828 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 828.

[0170] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 855 são fornecidos na figura 28 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 856, SEQ ID NO: 858, SEQ ID NO: 860, SEQ ID NO: 862, SEQ ID NO: 864, SEQ ID NO: 866, SEQ ID NO: 868, SEQ ID NO: 870, SEQ ID NO: 872, SEQ ID NO: 874, SEQ ID NO: 876, SEQ ID NO: 878, SEQ ID NO: 880, SEQ ID NO: 882, SEQ ID NO: 884, SEQ ID NO: 885, SEQ ID NO: 886, SEQ ID NO: 887, SEQ ID NO: 888 e SEQ ID NO: 889. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 855 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%,

90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 855.

[0171] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 891 são fornecidos na figura 29 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 893, SEQ ID NO: 894, SEQ ID NO: 895, SEQ ID NO: 896, SEQ ID NO: 898, SEQ ID NO: 900, SEQ ID NO: 901, SEQ ID NO: 902, SEQ ID NO: 903, SEQ ID NO: 904, SEQ ID NO: 905, SEQ ID NO: 907, SEQ ID NO: 908, SEQ ID NO: 909, SEQ ID NO: 910, SEQ ID NO: 911, SEQ ID NO: 912, SEQ ID NO: 913, SEQ ID NO: 914 e SEQ ID NO: 915. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 891 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 891.

[0172] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 917 são fornecidos na figura 30 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 919, SEQ ID NO: 921, SEQ ID NO: 923, SEQ ID NO: 925, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 929, SEQ ID NO: 931, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 937, SEQ ID NO: 939 e SEQ ID NO: 940. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 917 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 917.

[0173] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 944 são fornecidos na figura 31 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 946, SEQ ID NO: 947, SEQ ID NO: 948, SEQ ID NO: 950, SEQ ID NO: 952, SEQ ID NO: 954, SEQ ID NO: 956, SEQ ID NO: 958, SEQ ID NO: 960, SEQ ID NO: 962, SEQ ID NO: 964, SEQ ID NO: 966, SEQ ID NO: 967, SEQ ID NO: 968, SEQ ID NO: 969, SEQ ID NO: 970, SEQ ID NO: 972 e SEQ ID NO: 974. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 944 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 944.

[0174] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 976 são fornecidos na figura 32 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem, mas não estão limitados a, SEQ ID NO: 978 e SEQ ID NO: 980. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 976 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 976.

[0175] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 982 são fornecidos na figura 33 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 984, SEQ ID NO: 985, SEQ ID NO: 986, SEQ ID NO: 987, SEQ ID NO: 988, SEQ ID NO: 989,

SEQ ID NO: 990, SEQ ID NO: 991, SEQ ID NO: 992, SEQ ID NO: 993, SEQ ID NO: 995, SEQ ID NO: 996, SEQ ID NO: 998, SEQ ID NO: 1000, SEQ ID NO: 1001, SEQ ID NO: 1003, SEQ ID NO: 1005, SEQ ID NO: 1007, SEQ ID NO: 1008, SEQ ID NO: 1009, SEQ ID NO: 1011, SEQ ID NO: 1013, SEQ ID NO: 1015, SEQ ID NO: 1016, SEQ ID NO: 1018, SEQ ID NO: 1019, SEQ ID NO: 1021, SEQ ID NO: 1023, SEQ ID NO: 1025, SEQ ID NO: 1026, SEQ ID NO: 1027, SEQ ID NO: 1028, SEQ ID NO: 1029, SEQ ID NO: 1030, SEQ ID NO: 1031, SEQ ID NO: 1032 e SEQ ID NO: 1033. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 982 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 982.

[0176] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1054 são fornecidos na figura 34 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1055, SEQ ID NO: 1057, SEQ ID NO: 1058, SEQ ID NO: 1059, SEQ ID NO: 1061, SEQ ID NO: 1063, SEQ ID NO: 1065, SEQ ID NO: 1067, SEQ ID NO: 1068, SEQ ID NO: 1070, SEQ ID NO: 1071, SEQ ID NO: 1072, SEQ ID NO: 1074, SEQ ID NO: 1075, SEQ ID NO: 1076, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1078, SEQ ID NO: 1080, SEQ ID NO: 1082, SEQ ID NO: 1083, SEQ ID NO: 1085, SEQ ID NO: 1086, SEQ ID NO: 1087, SEQ ID NO: 1088, SEQ ID NO: 1089, SEQ ID NO: 1090, SEQ ID NO: 1091, SEQ ID NO: 1092, SEQ ID NO: 1093, SEQ ID NO: 1094, SEQ ID NO: 1095 e SEQ ID NO: 1097. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1054 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%,

65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1054.

[0177] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1099 são fornecidos na figura 35 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1101, SEQ ID NO: 1103, SEQ ID NO: 1104, SEQ ID NO: 1105, SEQ ID NO: 1106, SEQ ID NO: 1108, SEQ ID NO: 1109 e SEQ ID NO: 1110. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1099 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1099.

[0178] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1112 são fornecidos na figura 36 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1113 e SEQ ID NO: 1114. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1112 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1112.

[0179] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1116 são fornecidos na figura 37 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1118, SEQ ID NO: 1120,

SEQ ID NO: 1122, SEQ ID NO: 1123, SEQ ID NO: 1125, SEQ ID NO: 1126, SEQ ID NO: 1128, SEQ ID NO: 1129, SEQ ID NO: 1131, SEQ ID NO: 1132, SEQ ID NO: 1133, SEQ ID NO: 1134, SEQ ID NO: 1136, SEQ ID NO: 1138, SEQ ID NO: 1140, SEQ ID NO: 1141, SEQ ID NO: 1142, SEQ ID NO: 1143, SEQ ID NO: 1144, SEQ ID NO: 1145, SEQ ID NO: 1147, SEQ ID NO: 1149, SEQ ID NO: 1151, SEQ ID NO: 1153 e SEQ ID NO: 1155. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1116 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1116.

[0180] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1159 são fornecidos na figura 38 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1161, SEQ ID NO: 1162, SEQ ID NO: 1163 e SEQ ID NO: 1164. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1159 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1159.

[0181] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1166 são fornecidos na figura 39 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1167, SEQ ID NO: 1169, SEQ ID NO: 1171, SEQ ID NO: 1173, SEQ ID NO: 1175, SEQ ID NO: 1177, SEQ ID NO: 1179, SEQ ID NO: 1180, SEQ ID NO: 1182 e SEQ ID NO: 1183. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID

NO: 1166 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1166.

[0182] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1185 são fornecidos na figura 40 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1187, SEQ ID NO: 1189, SEQ ID NO: 1190, SEQ ID NO: 1191 e SEQ ID NO: 1192. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1185 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1185.

[0183] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1194 são fornecidos na figura 41 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1196, SEQ ID NO: 1198, SEQ ID NO: 1200, SEQ ID NO: 1202, SEQ ID NO: 1203, SEQ ID NO: 1204, SEQ ID NO: 1205, SEQ ID NO: 1206, SEQ ID NO: 1207 e SEQ ID NO: 1208. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1194 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1194.

[0184] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1210 são fornecidos na figura 42 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1211, SEQ ID NO: 1213, SEQ ID NO: 1215, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1218, SEQ ID NO: 1220, SEQ ID NO: 1222, SEQ ID NO: 1224, SEQ ID NO: 1226, SEQ ID NO: 1228, SEQ ID NO: 1229, SEQ ID NO: 1230, SEQ ID NO: 1232, SEQ ID NO: 1233, SEQ ID NO: 1234, SEQ ID NO: 1235, SEQ ID NO: 1236, SEQ ID NO: 1237, SEQ ID NO: 1238, SEQ ID NO: 1239, SEQ ID NO: 1240, SEQ ID NO: 1241, SEQ ID NO: 1242, SEQ ID NO: 1243, SEQ ID NO: 1244, SEQ ID NO: 1245, SEQ ID NO: 1246, SEQ ID NO: 1247, SEQ ID NO: 1248, SEQ ID NO: 1249, SEQ ID NO: 1251, SEQ ID NO: 1253, SEQ ID NO: 1255, SEQ ID NO: 1257, SEQ ID NO: 1259, SEQ ID NO: 1261, SEQ ID NO: 1263, SEQ ID NO: 1264, SEQ ID NO: 1265, SEQ ID NO: 1266, SEQ ID NO: 1267, SEQ ID NO: 1268, SEQ ID NO: 1269, SEQ ID NO: 1270, SEQ ID NO: 1271 e SEQ ID NO: 1272. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1210 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1210.

[0185] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1274 são fornecidos na figura 43 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1276, SEQ ID NO: 1278, SEQ ID NO: 1280, SEQ ID NO: 1281, SEQ ID NO: 1282, SEQ ID NO: 1284, SEQ ID NO: 1285, SEQ ID NO: 1287, SEQ ID NO: 1289, SEQ ID NO: 1291, SEQ ID NO: 1293, SEQ ID NO: 1294, SEQ ID NO: 1295,

SEQ ID NO: 1296, SEQ ID NO: 1297, SEQ ID NO: 1298 e SEQ ID NO: 1300. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1274 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1274.

[0186] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1302 são fornecidos na figura 44 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1303, SEQ ID NO: 1305, SEQ ID NO: 1307, SEQ ID NO: 1309, SEQ ID NO: 1311, SEQ ID NO: 1312, SEQ ID NO: 1313, SEQ ID NO: 1314, SEQ ID NO: 1315, SEQ ID NO: 1317, SEQ ID NO: 1318, SEQ ID NO: 1319, SEQ ID NO: 1320, SEQ ID NO: 1321, SEQ ID NO: 1322, SEQ ID NO: 1323, SEQ ID NO: 1324, SEQ ID NO: 1325, SEQ ID NO: 1326, SEQ ID NO: 1327, SEQ ID NO: 1328, SEQ ID NO: 1330, SEQ ID NO: 1331, SEQ ID NO: 1333, SEQ ID NO: 1334, SEQ ID NO: 1335, SEQ ID NO: 1336, SEQ ID NO: 1337, SEQ ID NO: 1338, SEQ ID NO: 1339 e SEQ ID NO: 1340. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1302 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1302.

[0187] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1342 são fornecidos na figura 45 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1344, SEQ ID NO: 1346,

SEQ ID NO: 1348, SEQ ID NO: 1350, SEQ ID NO: 1352, SEQ ID NO: 1354, SEQ ID NO: 1355, SEQ ID NO: 1357, SEQ ID NO: 1358, SEQ ID NO: 1360, SEQ ID NO: 1361, SEQ ID NO: 1362, SEQ ID NO: 1363, SEQ ID NO: 1364, SEQ ID NO: 1366, SEQ ID NO: 1367, SEQ ID NO: 1369, SEQ ID NO: 1370, SEQ ID NO: 1371, SEQ ID NO: 1372, SEQ ID NO: 1373, SEQ ID NO: 1374, SEQ ID NO: 1375, SEQ ID NO: 1376, SEQ ID NO: 1377, SEQ ID NO: 1378, SEQ ID NO: 1379, SEQ ID NO: 1380, SEQ ID NO: 1381, SEQ ID NO: 1382 e SEQ ID NO: 1383. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1342 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1342.

[0188] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1385 são fornecidos na figura 46 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1387, SEQ ID NO: 1389, SEQ ID NO: 1390, SEQ ID NO: 1391, SEQ ID NO: 1393, SEQ ID NO: 1394, SEQ ID NO: 1395, SEQ ID NO: 1396, SEQ ID NO: 1398, SEQ ID NO: 1400, SEQ ID NO: 1401, SEQ ID NO: 1402, SEQ ID NO: 1403, SEQ ID NO: 1404, SEQ ID NO: 1405 e SEQ ID NO: 1407. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1385 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1385.

[0189] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos

funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1409 são fornecidos na figura 47 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1411, SEQ ID NO: 1413, SEQ ID NO: 1415, SEQ ID NO: 1417, SEQ ID NO: 1418, SEQ ID NO: 1419, SEQ ID NO: 1421, SEQ ID NO: 1423, SEQ ID NO: 1424, SEQ ID NO: 1425 e SEQ ID NO: 1426. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1409 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1409.

[0190] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1428 são fornecidos na figura 48 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1430, SEQ ID NO: 1432, SEQ ID NO: 1434, SEQ ID NO: 1436, SEQ ID NO: 1439, SEQ ID NO: 1442, SEQ ID NO: 1444, SEQ ID NO: 1446, SEQ ID NO: 1448, SEQ ID NO: 1450, SEQ ID NO: 1452, SEQ ID NO: 1453, SEQ ID NO: 1454, SEQ ID NO: 1455, SEQ ID NO: 1456, SEQ ID NO: 1457, SEQ ID NO: 1458 e SEQ ID NO: 1459. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1428 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1428.

[0191] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1463 são fornecidos na figura 49 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1465, SEQ ID NO: 1467,

SEQ ID NO: 1469, SEQ ID NO: 1471, SEQ ID NO: 1473, SEQ ID NO: 1474, SEQ ID NO: 1475, SEQ ID NO: 1476 e SEQ ID NO: 1477. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1463 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1463.

[0192] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1491 são fornecidos na figura 50 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1493, SEQ ID NO: 1495, SEQ ID NO: 1497, SEQ ID NO: 1499, SEQ ID NO: 1501, SEQ ID NO: 1503, SEQ ID NO: 1504, SEQ ID NO: 1505, SEQ ID NO: 1506 e SEQ ID NO: 1508. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1491 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1491.

[0193] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1510 são fornecidos na figura 51 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1512, SEQ ID NO: 1514, SEQ ID NO: 1516, SEQ ID NO: 1518, SEQ ID NO: 1520, SEQ ID NO: 1522 e SEQ ID NO: 1523. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1510 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou

99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1510.

[0194] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1525 são fornecidos na figura 52 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1527, SEQ ID NO: 1529, SEQ ID NO: 1530, SEQ ID NO: 1532, SEQ ID NO: 1534 e SEQ ID NO: 1535. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1525 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1525.

[0195] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1537 são fornecidos na figura 53 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1539, SEQ ID NO: 1540, SEQ ID NO: 1541, SEQ ID NO: 1543, SEQ ID NO: 1545, SEQ ID NO: 1547, SEQ ID NO: 1548, SEQ ID NO: 1550, SEQ ID NO: 1552, SEQ ID NO: 2386, SEQ ID NO: 2388, SEQ ID NO: 2390, SEQ ID NO: 2391 e SEQ ID NO: 2392. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1537 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1537.

[0196] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1554 são

fornecidos na figura 54 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1555, SEQ ID NO: 1557, SEQ ID NO: 1559, SEQ ID NO: 1561, SEQ ID NO: 1563, SEQ ID NO: 1565, SEQ ID NO: 1567, SEQ ID NO: 1569, SEQ ID NO: 1571, SEQ ID NO: 1572, SEQ ID NO: 1573, SEQ ID NO: 1574 e SEQ ID NO: 1575. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1554 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1554.

[0197] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1577 são fornecidos na figura 55 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 1035, SEQ ID NO: 1036, SEQ ID NO: 1037, SEQ ID NO: 1040, SEQ ID NO: 1041, SEQ ID NO: 1043, SEQ ID NO: 1044, SEQ ID NO: 1046, SEQ ID NO: 1047, SEQ ID NO: 1048, SEQ ID NO: 1050, SEQ ID NO: 1440, SEQ ID NO: 1480, SEQ ID NO: 1481, SEQ ID NO: 1482, SEQ ID NO: 1483, SEQ ID NO: 1484, SEQ ID NO: 1485, SEQ ID NO: 1486, SEQ ID NO: 1487, SEQ ID NO: 1488, SEQ ID NO: 1578, SEQ ID NO: 1580, SEQ ID NO: 1582, SEQ ID NO: 1584, SEQ ID NO: 1586, SEQ ID NO: 1588, SEQ ID NO: 1590, SEQ ID NO: 1592, SEQ ID NO: 1594, SEQ ID NO: 1596, SEQ ID NO: 1598, SEQ ID NO: 1599, SEQ ID NO: 1601, SEQ ID NO: 1602, SEQ ID NO: 1605, SEQ ID NO: 1607, SEQ ID NO: 1608, SEQ ID NO: 1609, SEQ ID NO: 1611, SEQ ID NO: 1613, SEQ ID NO: 1615, SEQ ID NO: 1617, SEQ ID NO: 1619, SEQ ID NO: 1621, SEQ ID NO: 1622, SEQ ID NO: 1623, SEQ ID NO: 1624, SEQ ID NO: 1625, SEQ ID NO: 1627, SEQ ID NO: 1629, SEQ ID NO: 1631, SEQ ID NO: 1633, SEQ

ID NO: 1635, SEQ ID NO: 1637, SEQ ID NO: 1639, SEQ ID NO: 1643, SEQ ID NO: 1645, SEQ ID NO: 1648, SEQ ID NO: 1649, SEQ ID NO: 1651 e SEQ ID NO: 1653. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1577 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1577.

[0198] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1437 são fornecidos na figura 56 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 173, SEQ ID NO: 212, SEQ ID NO: 361, SEQ ID NO: 421, SEQ ID NO: 443, SEQ ID NO: 740, SEQ ID NO: 744, SEQ ID NO: 942 e SEQ ID NO: 1461. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 1437 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1437.

[0199] Exemplos de sequências de aminoácido de homólogos funcionais do polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 97 são fornecidos na figura 57 e na Listagem de Sequência. Tais homólogos funcionais incluem SEQ ID NO: 2010, SEQ ID NO: 2011, SEQ ID NO: 2013, SEQ ID NO: 2015, SEQ ID NO: 2017. Em alguns casos, um homólogo funcional de SEQ ID NO: 97 tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%,

90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 97.

[0200] A identificação de regiões conservadas em um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio facilita a produção de variantes de polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio. Variantes de polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio têm, tipicamente, 10 ou menos substituições de aminoácido conservativas dentro da sequência de aminoácido primária, por exemplo, 7 ou menos substituições de aminoácido conservativas, 5 ou menos substituições de aminoácido conservativas ou entre 1 e 5 substituições conservativas. Um polipeptídeo variante útil pode ser construído baseado em um dos alinhamentos apresentados nas figuras 1-57 e/ou homólogos identificados na Listagem de sequência. Tal polipeptídeo inclui as regiões conservadas, dispostas na ordem representada na figura a partir da extremidade aminoterminal para a extremidade carboxiterminal. Tal polipeptídeo pode também incluir zero, um ou mais de um aminoácido em posições marcadas por traços. Quando nenhum aminoácido está presente em posições marcadas pelos traços, o comprimento de tal polipeptídeo é a soma dos resíduos de aminoácido em todas as regiões conservadas. Quando aminoácidos estão presentes em todas as posições marcadas por traços, tal polipeptídeo tem um comprimento que é a soma dos resíduos de aminoácido em todas as regiões conservadas e todos os traços.

C. Homólogos Funcionais Identificados através de HMMER

[0201] Em algumas modalidades, polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio úteis incluem aqueles

que se adaptam a um Modelo de Markov Oculto baseado nos polipeptídeos apresentados em qualquer uma das figuras 1-57. Um Modelo de Markov Oculto (Hidden Markov Model - HMM) é um modelo estatístico de uma sequência de consenso para um grupo de homólogos funcionais. Veja Durbin *et al*. (1998) *Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids,* Cambridge University Press, Cambridge, Reino Unido. Um HMM é gerado pelo programa HMMER 2.3.2 com os parâmetros de default do programa, usando as sequências do grupo de homólogos funcionais como entrada. O alinhamento múltiplo de sequência é gerado pelo ProbCons (Do *et al*. (2005) Genome Res., 15(2): 330-40) versão 1.11 usando um conjunto de parâmetros de default: -c, --consistência REPS de 2; -ir, refino --iterativo- REPS de 100; -pre, --pré-treinamento REPS de 0. ProbCons é um programa de software de domínio público fornecido pela Stanford University.

[0202] Os parâmetros de default para construção de um HMM (hmmbuild) são como segue: a "arquitetura anterior" de default (archpri) usada pela construção de arquitetura MAP é de 0,85 e o limiar de corte de default (idlevel) usado para determinar o número eficaz de sequência é de 0,62. HMMER 2.3.2 foi liberado em 3 de Outubro de 2003 sob uma licença pública geral GNU e está disponível de várias fontes na World Wide Web, tal como hmmer.janelia.org; hmmer.wustl.edu; e fr.com/hmmer232/. Os resultados do modelo hmmbuild são como um arquivo de texto.

[0203] O HMM para um grupo de homólogos funcionais pode ser usado para determinar a probabilidade de que uma sequência polipeptídica que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio candidata é uma melhor adaptação a esse HMM

particular do que um HMM nulo gerado usando um grupo de sequências que não são estrutural ou funcionalmente relacionadas. A probabilidade de que uma sequência polipeptídica candidata é uma melhor adaptação a um HMM do que um HMM nulo é indicada pelo escore de bit HMM, um número gerado quando a sequência candidata é adaptada ao perfil HMM usando o programa HMMER hmmsearch. Os parâmetros de default a seguir são usados quando de execução do hmmsearch: o corte de E-valor de default (E) é 10,0, o corte de escore de bit (T) é infinito negativo, o número de default de sequências em um banco de dados (Z) é o número real de sequências no banco de dados, o corte de E-valor de default para a lista de hits classificados por domínio (domE) é o infinito e o corte de escore de bit de default para a lista de hits classificados por domínio (domT) é infinito negativo. Um alto escore de bit HMM indica uma maior probabilidade de que a sequência candidata traz uma ou mais das funções bioquímicas ou fisiológicas dos polipeptídeos usados para gerar o HMM. Um alto escore de bit HMM é de pelo menos 20 e, frequentemente, é maior. Ligeiras variações no escore de bit HMM de uma sequência particular podem ocorrer em virtude de fatores tal como a ordem na qual as sequências são processadas para alinhamento através de algoritmos de múltiplos alinhamentos de sequência, tal como o programa ProbCons. Todavia, tal variação de escore de bit HMM é mínima.

[0204] Os polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio discutidos abaixo se adaptam ao HMM indicado com um escore de bit HMM maior do que 20 (por exemplo, maior do que 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 200, 300, 400 ou 500). Em algumas modalidades, o escore de bit HMM de um polipeptídeo

que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio discutido abaixo é cerca de 50%, 60%, 70%, 80%, 90% ou 95% do escore de bit HMM de um homólogo funcional fornecido na Listagem de Sequência do presente pedido. Em algumas modalidades, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio discutido abaixo se adapta ao HMM indicado com um escore de bit HMM maior do que 20 e tem um domínio indicativo de um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio. Em algumas modalidades, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio discutido abaixo se adapta ao HMM indicado com um escore de bit HMM maior do que 2 0 e tem 70% ou mais de identidade de sequência (por exemplo, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou 100% de identidade de sequência) a uma sequência de aminoácido mostrada em qualquer uma das figuras 1-57.

[0205] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 800 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 1 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 46 e SEQ ID NO: 47.

[0206] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem

de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 150 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 2 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 56, SEQ ID NO: 58, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 73 e SEQ ID NO: 75.

[0207] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 540 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 3 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95 e SEQ ID NO: 1479.

[0208] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 210 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 4 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123, SEQ ID NO: 125, SEQ ID NO: 126, SEQ ID NO: 128, SEQ ID NO: 129, SEQ

ID NO: 130, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137, SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 141, SEQ ID NO: 142, SEQ ID NO: 144, SEQ ID NO: 145, SEQ ID NO: 146, SEQ ID NO: 147, SEQ ID NO: 148, SEQ ID NO: 149 e SEQ ID NO: 150.

[0209] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 90 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 5 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 154, SEQ ID NO: 156, SEQ ID NO: 158, SEQ ID NO: 160, SEQ ID NO: 162 e SEQ ID NO: 164.

[0210] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 230 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 6 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 166, SEQ ID NO: 168, SEQ ID NO: 170, SEQ ID NO: 172, SEQ ID NO: 174, SEQ ID NO: 177, SEQ ID NO: 179, SEQ ID NO: 181, SEQ ID NO: 182, SEQ ID NO: 183 e SEQ ID NO: 184.

[0211] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 90 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 7 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 186, SEQ ID NO: 188, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 191, SEQ ID NO: 193, SEQ ID NO: 194, SEQ ID NO: 196, SEQ ID NO: 197, SEQ ID NO: 199, SEQ ID NO: 201, SEQ ID NO: 203,

SEQ ID NO: 204, SEQ ID NO: 205 e SEQ ID NO: 206.

[0212] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 380 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 8 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 208, SEQ ID NO: 209, SEQ ID NO: 210, SEQ ID NO: 214 e SEQ ID NO: 216.

[0213] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 110 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 9 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 220, SEQ ID NO: 222, SEQ ID NO: 223, SEQ ID NO: 225, SEQ ID NO: 227, SEQ ID NO: 229, SEQ ID NO: 230, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 1039, SEQ ID NO: 1049 e SEQ ID NO: 1052.

[0214] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 220 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 10 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 234, SEQ ID NO: 236, SEQ ID NO: 238, SEQ ID NO: 239, SEQ ID NO: 241, SEQ ID NO: 242, SEQ ID NO: 243 e SEQ ID NO: 244.

[0215] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 150 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de

aminoácido apresentadas na figura 11 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 246, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 251, SEQ ID NO: 253, SEQ ID NO: 255, SEQ ID NO: 257, SEQ ID NO: 259, SEQ ID NO: 260, SEQ ID NO: 262, SEQ ID NO: 264, SEQ ID NO: 265, SEQ ID NO: 267, SEQ ID NO: 268, SEQ ID NO: 270, SEQ ID NO: 272, SEQ ID NO: 274, SEQ ID NO: 276, SEQ ID NO: 277, SEQ ID NO: 279, SEQ ID NO: 281, SEQ ID NO: 283, SEQ ID NO: 285, SEQ ID NO: 286, SEQ ID NO: 287, SEQ ID NO: 288, SEQ ID NO: 290, SEQ ID NO: 291, SEQ ID NO: 292, SEQ ID NO: 293, SEQ ID NO: 296 e SEQ ID NO: 298.

[0216] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 950 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 12 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 300, SEQ ID NO: 302, SEQ ID NO: 304, SEQ ID NO: 306, SEQ ID NO: 308, SEQ ID NO: 310, SEQ ID NO: 312, SEQ ID NO: 314, SEQ ID NO: 316, SEQ ID NO: 318, SEQ ID NO: 319, SEQ ID NO: 320, SEQ ID NO: 321, SEQ ID NO: 322, SEQ ID NO: 323, SEQ ID NO: 325, SEQ ID NO: 327 e SEQ ID NO: 329.

[0217] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 460 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 13 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 332, SEQ ID NO: 334, SEQ ID NO: 335, SEQ ID NO: 336, SEQ ID NO: 338, SEQ ID NO: 339, SEQ ID NO: 341, SEQ ID NO: 342, SEQ ID NO: 343, SEQ ID NO: 344, SEQ ID NO: 345,

SEQ ID NO: 346, SEQ ID NO: 347, SEQ ID NO: 348, SEQ ID NO: 349, SEQ ID NO: 351, SEQ ID NO: 352, SEQ ID NO: 353, SEQ ID NO: 354, SEQ ID NO: 355, SEQ ID NO: 356, SEQ ID NO: 357, SEQ ID NO: 358, SEQ ID NO: 359, SEQ ID NO: 360, SEQ ID NO: 362, SEQ ID NO: 363, SEQ ID NO: 364, SEQ ID NO: 365, SEQ ID NO: 366, SEQ ID NO: 2541, SEQ ID NO: 2542, SEQ ID NO: 2543, SEQ ID NO: 2544, SEQ ID NO: 2546, SEQ ID NO: 2548, SEQ ID NO: 2549, SEQ ID NO: 2550, SEQ ID NO: 2551, SEQ ID NO: 2552 e SEQ ID NO: 2553.

[0218] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 150 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 14 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 369, SEQ ID NO: 370, SEQ ID NO: 371, SEQ ID NO: 372, SEQ ID NO: 373, SEQ ID NO: 374, SEQ ID NO: 376, SEQ ID NO: 378, SEQ ID NO: 380, SEQ ID NO: 382, SEQ ID NO: 384, SEQ ID NO: 386, SEQ ID NO: 388, SEQ ID NO: 390, SEQ ID NO: 392, SEQ ID NO: 394, SEQ ID NO: 396, SEQ ID NO: 398, SEQ ID NO: 399, SEQ ID NO: 401, SEQ ID NO: 403, SEQ ID NO: 404, SEQ ID NO: 406, SEQ ID NO: 408, SEQ ID NO: 410, SEQ ID NO: 412, SEQ ID NO: 414, SEQ ID NO: 416, SEQ ID NO: 418, SEQ ID NO: 419, SEQ ID NO: 420, SEQ ID NO: 422, SEQ ID NO: 423, SEQ ID NO: 425, SEQ ID NO: 427, SEQ ID NO: 428, SEQ ID NO: 430, SEQ ID NO: 432, SEQ ID NO: 433, SEQ ID NO: 434, SEQ ID NO: 435, SEQ ID NO: 436, SEQ ID NO: 437, SEQ ID NO: 438, SEQ ID NO: 439, SEQ ID NO: 440, SEQ ID NO: 441, SEQ ID NO: 444, SEQ ID NO: 445, SEQ ID NO: 446, SEQ ID NO: 447, SEQ ID NO: 448, SEQ ID NO: 449, SEQ ID NO: 450, SEQ ID NO: 451,

SEQ ID NO: 452, SEQ ID NO: 453, SEQ ID NO: 454, SEQ ID NO: 455, SEQ ID NO: 456, SEQ ID NO: 458, SEQ ID NO: 459, SEQ ID NO: 461, SEQ ID NO: 463, SEQ ID NO: 465, SEQ ID NO: 467, SEQ ID NO: 469, SEQ ID NO: 471, SEQ ID NO: 473, SEQ ID NO: 474, SEQ ID NO: 475, SEQ ID NO: 477, SEQ ID NO: 479, SEQ ID NO: 481, SEQ ID NO: 483, SEQ ID NO: 485, SEQ ID NO: 487, SEQ ID NO: 488, SEQ ID NO: 489, SEQ ID NO: 490, SEQ ID NO: 491, SEQ ID NO: 492, SEQ ID NO: 494, SEQ ID NO: 495, SEQ ID NO: 496, SEQ ID NO: 497, SEQ ID NO: 498, SEQ ID NO: 499, SEQ ID NO: 500, SEQ ID NO: 501, SEQ ID NO: 502, SEQ ID NO: 504, SEQ ID NO: 505, SEQ ID NO: 506, SEQ ID NO: 507 e SEQ ID NO: 508.

[0219] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 410 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 15 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 510, SEQ ID NO: 511, SEQ ID NO: 513, SEQ ID NO: 515, SEQ ID NO: 517, SEQ ID NO: 521, SEQ ID NO: 523, SEQ ID NO: 525, SEQ ID NO: 527, SEQ ID NO: 529, SEQ ID NO: 530 e SEQ ID NO: 531.

[0220] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 520 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 16 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 535, SEQ ID NO: 536, SEQ ID NO: 538, SEQ ID NO: 539, SEQ ID NO: 541, SEQ ID NO: 542, SEQ ID NO: 543, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 546, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 548, SEQ ID NO: 550, SEQ ID NO:

552, SEQ ID NO: 553 e SEQ ID NO: 554.

[0221] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 1150 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 17 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 559, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 561, SEQ ID NO: 562, SEQ ID NO: 563, SEQ ID NO: 564, SEQ ID NO: 565, SEQ ID NO: 566, SEQ ID NO: 567, SEQ ID NO: 569, SEQ ID NO: 571, SEQ ID NO: 572, SEQ ID NO: 573, SEQ ID NO: 575, SEQ ID NO: 576, SEQ ID NO: 577, SEQ ID NO: 578, SEQ ID NO: 579, SEQ ID NO: 581, SEQ ID NO: 583, SEQ ID NO: 584, SEQ ID NO: 585, SEQ ID NO: 586, SEQ ID NO: 588, SEQ ID NO: 589, SEQ ID NO: 590 e SEQ ID NO: 591.

[0222] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 340 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 18 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 595, SEQ ID NO: 597, SEQ ID NO: 599, SEQ ID NO: 601, SEQ ID NO: 603, SEQ ID NO: 605, SEQ ID NO: 607, SEQ ID NO: 609, SEQ ID NO: 610 e SEQ ID NO: 611.

[0223] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 140 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 19 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 615, SEQ ID NO: 617, SEQ ID

NO: 618, SEQ ID NO: 620, SEQ ID NO: 622, SEQ ID NO: 624, SEQ ID NO: 626, SEQ ID NO: 628, SEQ ID NO: 630, SEQ ID NO: 632, SEQ ID NO: 634, SEQ ID NO: 636, SEQ ID NO: 638, SEQ ID NO: 640, SEQ ID NO: 642, SEQ ID NO: 643 e SEQ ID NO: 644.

[0224] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 250 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 20 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 646, SEQ ID NO: 648, SEQ ID NO: 650, SEQ ID NO: 652, SEQ ID NO: 654, SEQ ID NO: 656, SEQ ID NO: 658, SEQ ID NO: 660, SEQ ID NO: 662, SEQ ID NO: 664, SEQ ID NO: 666, SEQ ID NO: 668, SEQ ID NO: 670, SEQ ID NO: 672, SEQ ID NO: 674, SEQ ID NO: 676, SEQ ID NO: 678, SEQ ID NO: 679, SEQ ID NO: 680, SEQ ID NO: 681, SEQ ID NO: 682, SEQ ID NO: 683 e SEQ ID NO: 685.

[0225] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 170 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 21 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 687, SEQ ID NO: 689, SEQ ID NO: 691, SEQ ID NO: 693, SEQ ID NO: 694, SEQ ID NO: 696, SEQ ID NO: 697, SEQ ID NO: 699, SEQ ID NO: 701, SEQ ID NO: 703, SEQ ID NO: 705, SEQ ID NO: 706, SEQ ID NO: 708, SEQ ID NO: 710, SEQ ID NO: 712, SEQ ID NO: 714, SEQ ID NO: 716, SEQ ID NO: 718, SEQ ID NO: 720, SEQ ID NO: 721, SEQ ID NO: 722, SEQ ID NO: 723, SEQ ID NO: 724, SEQ ID NO: 725, SEQ ID NO: 726, SEQ ID NO: 727 e SEQ ID NO: 728.

[0226] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 210 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 22 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 730, SEQ ID NO: 732, SEQ ID NO: 733, SEQ ID NO: 735, SEQ ID NO: 737, SEQ ID NO: 738 e SEQ ID NO: 742.

[0227] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 230 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 23 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 746, SEQ ID NO: 748, SEQ ID NO: 750, SEQ ID NO: 751, SEQ ID NO: 753, SEQ ID NO: 755, SEQ ID NO: 757, SEQ ID NO: 758, SEQ ID NO: 760, SEQ ID NO: 761, SEQ ID NO: 762, SEQ ID NO: 763, SEQ ID NO: 765 e SEQ ID NO: 767.

[0228] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 180 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 24 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 773, SEQ ID NO: 775, SEQ ID NO: 777, SEQ ID NO: 779, SEQ ID NO: 781, SEQ ID NO: 783, SEQ ID NO: 785, SEQ ID NO: 787, SEQ ID NO: 789 e SEQ ID NO: 790.

[0229] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 300 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de

aminoácido apresentadas na figura 25 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 792, SEQ ID NO: 794, SEQ ID NO: 796, SEQ ID NO: 798, SEQ ID NO: 799, SEQ ID NO: 801, SEQ ID NO: 803, SEQ ID NO: 805, SEQ ID NO: 807, SEQ ID NO: 808, SEQ ID NO: 810, SEQ ID NO: 812, SEQ ID NO: 814, SEQ ID NO: 816, SEQ ID NO: 818, SEQ ID NO: 819, SEQ ID NO: 820, SEQ ID NO: 821 e SEQ ID NO: 822.

[0230] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 190 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 26 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 824, SEQ ID NO: 826, SEQ ID NO: 1696, SEQ ID NO: 1698, SEQ ID NO: 1700, SEQ ID NO: 1702, SEQ ID NO: 1704, SEQ ID NO: 1706, SEQ ID NO: 1708, SEQ ID NO: 1710, SEQ ID NO: 1711, SEQ ID NO: 1713, SEQ ID NO: 1714, SEQ ID NO: 1715 e SEQ ID NO: 1716.

[0231] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 630 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 27 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 828, SEQ ID NO: 830, SEQ ID NO: 832, SEQ ID NO: 834, SEQ ID NO: 836, SEQ ID NO: 837, SEQ ID NO: 838, SEQ ID NO: 839, SEQ ID NO: 840, SEQ ID NO: 842, SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 845, SEQ ID NO: 846, SEQ ID NO: 847, SEQ ID NO: 848, SEQ ID NO: 849, SEQ ID NO: 850 e SEQ ID NO: 851.

[0232] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 95 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 28 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 855, SEQ ID NO: 856, SEQ ID NO: 858, SEQ ID NO: 860, SEQ ID NO: 862, SEQ ID NO: 864, SEQ ID NO: 866, SEQ ID NO: 868, SEQ ID NO: 870, SEQ ID NO: 872, SEQ ID NO: 874, SEQ ID NO: 876, SEQ ID NO: 878, SEQ ID NO: 880, SEQ ID NO: 882, SEQ ID NO: 884, SEQ ID NO: 885, SEQ ID NO: 886, SEQ ID NO: 887, SEQ ID NO: 888 e SEQ ID NO: 889.

[0233] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 850 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 29 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 891, SEQ ID NO: 893, SEQ ID NO: 894, SEQ ID NO: 895, SEQ ID NO: 896, SEQ ID NO: 898, SEQ ID NO: 900, SEQ ID NO: 901, SEQ ID NO: 902, SEQ ID NO: 903, SEQ ID NO: 904, SEQ ID NO: 905, SEQ ID NO: 907, SEQ ID NO: 908, SEQ ID NO: 909, SEQ ID NO: 910, SEQ ID NO: 911, SEQ ID NO: 912, SEQ ID NO: 913, SEQ ID NO: 914 e SEQ ID NO: 915.

[0234] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 300 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 30 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 917, SEQ ID NO: 919, SEQ ID NO: 921, SEQ ID NO: 923, SEQ ID NO: 925, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 929, SEQ

ID NO: 931, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 937, SEQ ID NO: 939 e SEQ ID NO: 940.

[0235] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 60 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 31 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 946, SEQ ID NO: 947, SEQ ID NO: 948, SEQ ID NO: 950, SEQ ID NO: 952, SEQ ID NO: 954, SEQ ID NO: 956, SEQ ID NO: 958, SEQ ID NO: 960, SEQ ID NO: 962, SEQ ID NO: 964, SEQ ID NO: 966, SEQ ID NO: 967, SEQ ID NO: 968, SEQ ID NO: 969, SEQ ID NO: 970, SEQ ID NO: 972 e SEQ ID NO: 974.

[0236] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 340 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 32 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 976, SEQ ID NO: 978 e SEQ ID NO: 980.

[0237] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 180 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 33 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 984, SEQ ID NO: 985, SEQ ID NO: 986, SEQ ID NO: 987, SEQ ID NO: 988, SEQ ID NO: 989, SEQ ID NO: 990, SEQ ID NO: 991, SEQ ID NO: 992, SEQ ID NO: 993, SEQ ID NO: 995, SEQ ID NO: 996, SEQ ID NO: 998, SEQ ID NO:

1000, SEQ ID NO: 1001, SEQ ID NO: 1003, SEQ ID NO: 1005, SEQ ID NO: 1007, SEQ ID NO: 1008, SEQ ID NO: 1009, SEQ ID NO: 1011, SEQ ID NO: 1013, SEQ ID NO: 1015, SEQ ID NO: 1016, SEQ ID NO: 1018, SEQ ID NO: 1019, SEQ ID NO: 1021, SEQ ID NO: 1023, SEQ ID NO: 1025, SEQ ID NO: 1026, SEQ ID NO: 1027, SEQ ID NO: 1028, SEQ ID NO: 1029, SEQ ID NO: 1030, SEQ ID NO: 1031, SEQ ID NO: 1032 e SEQ ID NO: 1033.

[0238] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 1060 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 34 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1054, SEQ ID NO: 1055, SEQ ID NO: 1057, SEQ ID NO: 1058, SEQ ID NO: 1059, SEQ ID NO: 1061, SEQ ID NO: 1063, SEQ ID NO: 1065, SEQ ID NO: 1065, SEQ ID NO: 1067, SEQ ID NO: 1068, SEQ ID NO: 1070, SEQ ID NO: 1071, SEQ ID NO: 1072, SEQ ID NO: 1074, SEQ ID NO: 1075, SEQ ID NO: 1076, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1078, SEQ ID NO: 1080, SEQ ID NO: 1082, SEQ ID NO: 1083, SEQ ID NO: 1085, SEQ ID NO: 1086, SEQ ID NO: 1087, SEQ ID NO: 1088, SEQ ID NO: 1089, SEQ ID NO: 1089, SEQ ID NO: 1090, SEQ ID NO: 1091, SEQ ID NO: 1092, SEQ ID NO: 1093, SEQ ID NO: 1094, SEQ ID NO: 1095 e SEQ ID NO: 1097.

[0239] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 260 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 35 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1101, SEQ ID NO: 1103, SEQ ID NO: 1104, SEQ ID NO: 1105, SEQ ID NO: 1106, SEQ ID NO: 1108,

SEQ ID NO: 1109 e SEQ ID NO: 1110.

[0240] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 150 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 36 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1113 e SEQ ID NO: 1114.

[0241] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 40 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 37 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1116, SEQ ID NO: 1118, SEQ ID NO: 1120, SEQ ID NO: 1122, SEQ ID NO: 1123, SEQ ID NO: 1125, SEQ ID NO: 1126, SEQ ID NO: 1128, SEQ ID NO: 1129, SEQ ID NO: 1131, SEQ ID NO: 1132, SEQ ID NO: 1133, SEQ ID NO: 1134, SEQ ID NO: 1136, SEQ ID NO: 1138, SEQ ID NO: 1140, SEQ ID NO: 1141, SEQ ID NO: 1142, SEQ ID NO: 1143, SEQ ID NO: 1144, SEQ ID NO: 1145, SEQ ID NO: 1147, SEQ ID NO: 1149, SEQ ID NO: 1151, SEQ ID NO: 1153 e SEQ ID NO: 1155.

[0242] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 450 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 38 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1161, SEQ ID NO: 1162, SEQ ID NO: 1163 e SEQ ID NO: 1164.

[0243] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem

de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 160 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 39 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1166, SEQ ID NO: 1167, SEQ ID NO: 1169, SEQ ID NO: 1171, SEQ ID NO: 1173, SEQ ID NO: 1175, SEQ ID NO: 1177, SEQ ID NO: 1179, SEQ ID NO: 1180, SEQ ID NO: 1182 e SEQ ID NO: 1183.

[0244] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 180 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 40 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1187, SEQ ID NO: 1189, SEQ ID NO: 1190, SEQ ID NO: 1191 e SEQ ID NO: 1192.

[0245] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 670 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 41 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1194, SEQ ID NO: 1196, SEQ ID NO: 1198, SEQ ID NO: 1200, SEQ ID NO: 1202, SEQ ID NO: 1203, SEQ ID NO: 1204, SEQ ID NO: 1205, SEQ ID NO: 1206, SEQ ID NO: 1207 e SEQ ID NO: 1208.

[0246] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 280 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de

aminoácido apresentadas na figura 42 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1210, SEQ ID NO: 1211, SEQ ID NO: 1213, SEQ ID NO: 1215, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1218, SEQ ID NO: 1220, SEQ ID NO: 1222, SEQ ID NO: 1224, SEQ ID NO: 1226, SEQ ID NO: 1228, SEQ ID NO: 1229, SEQ ID NO: 1230, SEQ ID NO: 1232, SEQ ID NO: 1233, SEQ ID NO: 1234, SEQ ID NO: 1235, SEQ ID NO: 1236, SEQ ID NO: 1237, SEQ ID NO: 1238, SEQ ID NO: 1239, SEQ ID NO: 1240, SEQ ID NO: 1241, SEQ ID NO: 1242, SEQ ID NO: 1243, SEQ ID NO: 1244, SEQ ID NO: 1245, SEQ ID NO: 1246, SEQ ID NO: 1247, SEQ ID NO: 1248, SEQ ID NO: 1249, SEQ ID NO: 1251, SEQ ID NO: 1253, SEQ ID NO: 1255, SEQ ID NO: 1257, SEQ ID NO: 1259, SEQ ID NO: 1261, SEQ ID NO: 1263, SEQ ID NO: 1264, SEQ ID NO: 1265, SEQ ID NO: 1266, SEQ ID NO: 1267, SEQ ID NO: 1268, SEQ ID NO: 1269, SEQ ID NO: 1270, SEQ ID NO: 1271 e SEQ ID NO: 1272.

[0247] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 700 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 43 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1274, SEQ ID NO: 1276, SEQ ID NO: 1278, SEQ ID NO: 1280, SEQ ID NO: 1281, SEQ ID NO: 1282, SEQ ID NO: 1284, SEQ ID NO: 1285, SEQ ID NO: 1287, SEQ ID NO: 1289, SEQ ID NO: 1291, SEQ ID NO: 1293, SEQ ID NO: 1294, SEQ ID NO: 1295, SEQ ID NO: 1296, SEQ ID NO: 1297, SEQ ID NO: 1298 e SEQ ID NO: 1300.

[0248] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 920 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de

aminoácido apresentadas na figura 44 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1303, SEQ ID NO: 1305, SEQ ID NO: 1307, SEQ ID NO: 1309, SEQ ID NO: 1311, SEQ ID NO: 1312, SEQ ID NO: 1313, SEQ ID NO: 1314, SEQ ID NO: 1315, SEQ ID NO: 1317, SEQ ID NO: 1318, SEQ ID NO: 1319, SEQ ID NO: 1320, SEQ ID NO: 1321, SEQ ID NO: 1322, SEQ ID NO: 1323, SEQ ID NO: 1324, SEQ ID NO: 1325, SEQ ID NO: 1326, SEQ ID NO: 1327, SEQ ID NO: 1328, SEQ ID NO: 1330, SEQ ID NO: 1331, SEQ ID NO: 1333, SEQ ID NO: 1334, SEQ ID NO: 1335, SEQ ID NO: 1336, SEQ ID NO: 1337, SEQ ID NO: 1338, SEQ ID NO: 1339 e SEQ ID NO: 1340.

[0249] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 510 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 45 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1342, SEQ ID NO: 1344, SEQ ID NO: 1346, SEQ ID NO: 1348, SEQ ID NO: 1350, SEQ ID NO: 1352, SEQ ID NO: 1354, SEQ ID NO: 1355, SEQ ID NO: 1357, SEQ ID NO: 1358, SEQ ID NO: 1360, SEQ ID NO: 1361, SEQ ID NO: 1362, SEQ ID NO: 1363, SEQ ID NO: 1364, SEQ ID NO: 1366, SEQ ID NO: 1367, SEQ ID NO: 1369, SEQ ID NO: 1370, SEQ ID NO: 1371, SEQ ID NO: 1372, SEQ ID NO: 1373, SEQ ID NO: 1374, SEQ ID NO: 1375, SEQ ID NO: 1376, SEQ ID NO: 1377, SEQ ID NO: 1378, SEQ ID NO: 1379, SEQ ID NO: 1380, SEQ ID NO: 1381, SEQ ID NO: 1382 e SEQ ID NO: 1383.

[0250] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 140 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de

aminoácido apresentadas na figura 46 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1387, SEQ ID NO: 1389, SEQ ID NO: 1390, SEQ ID NO: 1391, SEQ ID NO: 1393, SEQ ID NO: 1394, SEQ ID NO: 1395, SEQ ID NO: 1396, SEQ ID NO: 1398, SEQ ID NO: 1400, SEQ ID NO: 1401, SEQ ID NO: 1402, SEQ ID NO: 1403, SEQ ID NO: 1404, SEQ ID NO: 1405 e SEQ ID NO: 1407.

[0251] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 150 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 47 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1409, SEQ ID NO: 1411, SEQ ID NO: 1413, SEQ ID NO: 1415, SEQ ID NO: 1417, SEQ ID NO: 1418, SEQ ID NO: 1419, SEQ ID NO: 1421, SEQ ID NO: 1423, SEQ ID NO: 1424, SEQ ID NO: 1425, SEQ ID NO: 1426.

[0252] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 190 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 48 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1428, SEQ ID NO: 1430, SEQ ID NO: 1432, SEQ ID NO: 1434, SEQ ID NO: 1436, SEQ ID NO: 1439, SEQ ID NO: 1442, SEQ ID NO: 1444, SEQ ID NO: 1446, SEQ ID NO: 1448, SEQ ID NO: 1450, SEQ ID NO: 1452, SEQ ID NO: 1453, SEQ ID NO: 1454, SEQ ID NO: 1455, SEQ ID NO: 1456, SEQ ID NO: 1457, SEQ ID NO: 1458 e SEQ ID NO: 1459.

[0253] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem

de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 450 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 49 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1463, SEQ ID NO: 1465, SEQ ID NO: 1467, SEQ ID NO: 1469, SEQ ID NO: 1471, SEQ ID NO: 1473, SEQ ID NO: 1474, SEQ ID NO: 1475, SEQ ID NO: 1476 e SEQ ID NO: 1477.

[0254] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 580 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 50 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1493, SEQ ID NO: 1495, SEQ ID NO: 1497, SEQ ID NO: 1499, SEQ ID NO: 1501, SEQ ID NO: 1503, SEQ ID NO: 1504, SEQ ID NO: 1505, SEQ ID NO: 1506 e SEQ ID NO: 1508.

[0255] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 100 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 51 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1512, SEQ ID NO: 1514, SEQ ID NO: 1516, SEQ ID NO: 1518, SEQ ID NO: 1520, SEQ ID NO: 1522 e SEQ ID NO: 1523.

[0256] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 800 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de

aminoácido apresentadas na figura 52 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1525, SEQ ID NO: 1527, SEQ ID NO: 1529, SEQ ID NO: 1530, SEQ ID NO: 1532, SEQ ID NO: 1534 e SEQ ID NO: 1535.

[0257] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 490 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 53 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1539, SEQ ID NO: 1540, SEQ ID NO: 1541, SEQ ID NO: 1543, SEQ ID NO: 1545, SEQ ID NO: 1547, SEQ ID NO: 1548, SEQ ID NO: 1550, SEQ ID NO: 1552, SEQ ID NO: 2386, SEQ ID NO: 2388, SEQ ID NO: 2390, SEQ ID NO: 2391, e SEQ ID NO: 2392.

[0258] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 690 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 54 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1554, SEQ ID NO: 1555, SEQ ID NO: 1557, SEQ ID NO: 1559, SEQ ID NO: 1561, SEQ ID NO: 1563, SEQ ID NO: 1565, SEQ ID NO: 1567, SEQ ID NO: 1569, SEQ ID NO: 1571, SEQ ID NO: 1572, SEQ ID NO: 1573, SEQ ID NO: 1574 e SEQ ID NO: 1575.

[0259] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 380 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de

aminoácido apresentadas na figura 55 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1035, SEQ ID NO: 1036, SEQ ID NO: 1037, SEQ ID NO: 1040, SEQ ID NO: 1041, SEQ ID NO: 1043, SEQ ID NO: 1044, SEQ ID NO: 1046, SEQ ID NO: 1047, SEQ ID NO: 1048, SEQ ID NO: 1050, SEQ ID NO: 1440, SEQ ID NO: 1480, SEQ ID NO: 1481, SEQ ID NO: 1482, SEQ ID NO: 1483, SEQ ID NO: 1484, SEQ ID NO: 1485, SEQ ID NO: 1486, SEQ ID NO: 1487, SEQ ID NO: 1488, SEQ ID NO: 1577, SEQ ID NO: 1578, SEQ ID NO: 1580, SEQ ID NO: 1582, SEQ ID NO: 1584, SEQ ID NO: 1586, SEQ ID NO: 1588, SEQ ID NO: 1590, SEQ ID NO: 1592, SEQ ID NO: 1594, SEQ ID NO: 1596, SEQ ID NO: 1598, SEQ ID NO: 1599, SEQ ID NO: 1601, SEQ ID NO: 1602, SEQ ID NO: 1605, SEQ ID NO: 1607, SEQ ID NO: 1608, SEQ ID NO: 1609, SEQ ID NO: 1611, SEQ ID NO: 1613, SEQ ID NO: 1615, SEQ ID NO: 1617, SEQ ID NO: 1619, SEQ ID NO: 1621, SEQ ID NO: 1622, SEQ ID NO: 1623, SEQ ID NO: 1624, SEQ ID NO: 1625, SEQ ID NO: 1627, SEQ ID NO: 1629, SEQ ID NO: 1631, SEQ ID NO: 1633, SEQ ID NO: 1635, SEQ ID NO: 1637, SEQ ID NO: 1639, SEQ ID NO: 1643, SEQ ID NO: 1645, SEQ ID NO: 1648, SEQ ID NO: 1649, SEQ ID NO: 1651 e SEQ ID NO: 1653.

[0260] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 870 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 56 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 173, SEQ ID NO: 212, SEQ ID NO: 361, SEQ ID NO: 421, SEQ ID NO: 443, SEQ ID NO: 740, SEQ ID NO: 744, SEQ ID NO: 942, SEQ ID NO: 1437 e SEQ ID NO: 1461.

[0261] Exemplos de polipeptídeos são mostrados na listagem

de sequência que têm escores de bit HMM maiores do que 140 quando adaptados a um HMM gerado a partir das sequências de aminoácido apresentadas na figura 57 são identificados na Listagem de Sequência do presente pedido. Tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 2010, SEQ ID NO: 2011, SEQ ID NO: 2013, SEQ ID NO: 2015 e SEQ ID NO: 2017.

D. Identidade Percentual

[0262] Em algumas modalidades, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, pelo menos 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência a uma das sequências de aminoácido apresentadas em SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 166, SEQ ID NO: 186, SEQ ID NO: 208, SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 234, SEQ ID NO: 246, SEQ ID NO: 300, SEQ ID NO: 332, SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 510, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 646, SEQ ID NO: 687, SEQ ID NO: 730, SEQ ID NO: 746, SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 792, SEQ ID NO: 824, SEQ ID NO: 828, SEQ ID NO: 853, SEQ ID NO: 855, SEQ ID NO: 891, SEQ ID NO: 917, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 976, SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1054, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1116, SEQ ID NO: 1157, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1166, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1194, SEQ ID NO: 1210, SEQ ID NO: 1274, SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1342, SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1409, SEQ ID NO: 1428, SEQ ID NO: 1437, SEQ ID NO: 1463, SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1525, SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1554 e SEQ ID NO: 1577.

Polipeptídeos tendo tal identidade de sequência percentual têm, frequentemente, um domínio indicativo de um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio e/ou têm um escore de bit HMM que é maior do que 20, conforme discutido acima. Sequências de aminoácido de polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio tendo pelo menos 20% de identidade de sequência a uma das sequências de aminoácido apresentadas em SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 166, SEQ ID NO: 186, SEQ ID NO: 208, SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 234, SEQ ID NO: 246, SEQ ID NO: 300, SEQ ID NO: 332, SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 510, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 646, SEQ ID NO: 687, SEQ ID NO: 730, SEQ ID NO: 746, SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 792, SEQ ID NO: 824, SEQ ID NO: 828, SEQ ID NO: 853, SEQ ID NO: 855, SEQ ID NO: 891, SEQ ID NO: 917, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 976, SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1054, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1116, SEQ ID NO: 1157, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1166, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1194, SEQ ID NO: 1210, SEQ ID NO: 1274, SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1342, SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1409, SEQ ID NO: 1428, SEQ ID NO: 1437, SEQ ID NO: 1463, SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1525, SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1554 e SEQ ID NO: 1577 são fornecidos nas figuras 1-57 e na Listagem de Sequência.

[0263] "Identidade de sequência percentual" refere-se ao grau de identidade de sequência entre qualquer dada sequência de referência, por exemplo, SEQ ID NO: 3 e uma sequência que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio candidata. Uma

sequência candidata tem, tipicamente, um comprimento que é de 80 porcento a 200 porcento do comprimento da sequência de referência, por exemplo, 82, 85, 87, 89, 90, 93, 95, 97, 99, 100, 105, 110, 115, 120, 130, 140, 150, 160, 170, 180, 190 ou 200 porcento do comprimento da sequência de referência. Uma identidade percentual para qualquer ácido nucleico ou polipeptídeo candidato com relação a um ácido nucleico ou polipeptídeo de referência pode ser determinada como segue. Uma sequência de referência (por exemplo, uma sequência de ácido nucleico ou uma sequência de aminoácido) é alinhada com uma ou mais sequências candidatas usando o programa de computador ClustalW (versão 1.83, parâmetros de default), o qual permite alinhamentos de sequências de ácido nucleico ou polipeptídeo sejam realizados através de todo seu comprimento (alinhamento global). Chenna *et al*. (2003) *Nucleic Acids Res*., 31(13): 3497-500.

[0264] O ClustalW calcula a melhor combinação entre uma ou mais sequências de referência e candidatas e alinha as mesmas de modo que as identidades, similaridades e diferenças podem ser determinadas. Intervalos de um ou mais resíduos podem ser inseridos em uma sequência de referência, uma sequência candidata ou ambas, para maximizar alinhamentos de sequência. Para alinhamento aos pares rápido de sequências de ácido nucleico, os parâmetros de default a seguir são usados: tamanho de palavra: 2; tamanho de janela: 4; método de escore: percentual; número de diagonais superiores: 4; e penalidade por intervalo: 5. Para múltiplos alinhamentos de sequências de ácido nucleico, os parâmetros a seguir são usados: penalidade por

abertura de intervalo: 10,0; penalidade por extensão de intervalo: 5,0; e transições de peso: sim. Para alinhamento aos pares rápido de sequências de proteína, os parâmetros a seguir são usados: tamanho de palavra: 1; tamanho de janela: 5; método de escore: percentual; número de diagonais superiores: 5; penalidade por intervalo: 3. Para múltiplos alinhamentos de sequências de proteína, os parâmetros a seguir são usados: matriz de peso: blosum; penalidade por abertura de intervalo: 10,0; penalidade por extensão de intervalo: 0,05; intervalos hidrofílicos: ligados; resíduos hidrofílicos: Gly, Pro, Ser, Asn, Asp, Gln, Glu, Arg e Lys; penalidades por intervalo resíduo-específicas: ligados. O resultado do ClustalW é um alinhamento de sequência que reflete a relação entre as sequências. O ClustalW pode ser executado, por exemplo, no site Baylor College of Medicine Search Launcher (searchlauncher.bcm.tmc.edu/multi-align/multi-align.html) e no site European Bioinformatics Institute na World Wide Web (ebi.ac.uk/clustalw).

[0265] Para determinar a identidade percentual de uma sequência de aminoácido ou ácido nucleico candidata com relação a uma sequência de referência, as sequências são alinhadas usando o ClustalW, o número de combinações idênticas no alinhamento é dividido pelo comprimento da sequência de referência e o resultado é multiplicado por 100. Deve ser notado que o valor de identidade percentual pode ser arredondado para o décimo mais próximo. Por exemplo, 78,11, 78,12, 78,13 e 78,14 são arredondados para 78,1, enquanto que 78,15, 78,16, 78,17, 78,18 e 78,19 são arredondados para 78,2.

[0266] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 3 e, de preferência, tem pelo menos 20% de identidade de sequência, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 3. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 3 são fornecidas na figura 1 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 46 e SEQ ID NO: 47.

[0267] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 49 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 49. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 49 são fornecidas na figura 2 e na Listagem de Sequência.

Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 56, SEQ ID NO: 58, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 73 e SEQ ID NO: 75.

[0268] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 77 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 77. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 77 são fornecidas na figura 3 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 1479.

[0269] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 100 e, de preferência, tem pelo menos 20%, *por exemplo,* 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 100. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 100 são fornecidas na figura 4 e na Listagem de Sequência.

Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123, SEQ ID NO: 125, SEQ ID NO: 126, SEQ ID NO: 128, SEQ ID NO: 129, SEQ ID NO: 130, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137, SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 141, SEQ ID NO: 142, SEQ ID NO: 144, SEQ ID NO: 145, SEQ ID NO: 146, SEQ ID NO: 147, SEQ ID NO: 148, SEQ ID NO: 149 e SEQ ID NO: 150.

[0270] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 152 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 152. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 152 são fornecidas na figura 5 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 154, SEQ ID NO: 156, SEQ ID NO: 158, SEQ ID NO: 160, SEQ ID NO: 162 e SEQ ID NO: 164.

[0271] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 166 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%,

85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 166. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 166 são fornecidas na figura 6 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 166, SEQ ID NO: 168, SEQ ID NO: 170, SEQ ID NO: 172, SEQ ID NO: 174, SEQ ID NO: 177, SEQ ID NO: 179, SEQ ID NO: 181, SEQ ID NO: 182, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 184.

[0272] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 186 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 186. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 186 são fornecidas na figura 7 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 188, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 191, SEQ ID NO: 193, SEQ ID NO: 194, SEQ ID NO: 196, SEQ ID NO: 197, SEQ ID NO: 199, SEQ ID NO: 201, SEQ ID NO: 203, SEQ ID NO: 204, SEQ ID NO: 205 e SEQ ID NO: 206.

[0273] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 208 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%,

85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 208. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 208 são fornecidas na figura 8 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 209, SEQ ID NO: 210, SEQ ID NO: 214 e SEQ ID NO: 216.

[0274] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 218 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 218. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 218 são fornecidas na figura 9 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 220, SEQ ID NO: 222, SEQ ID NO: 223, SEQ ID NO: 225, SEQ ID NO: 227, SEQ ID NO: 229, SEQ ID NO: 230, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 1039, SEQ ID NO: 1049 e SEQ ID NO: 1052.

[0275] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 234 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à

sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 234. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 234 são fornecidas na figura 10 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 236, SEQ ID NO: 238, SEQ ID NO: 239, SEQ ID NO: 241, SEQ ID NO: 242, SEQ ID NO: 243 e SEQ ID NO: 244.

[0276] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 246 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 246. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 246 são fornecidas na figura 11 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 251, SEQ ID NO: 253, SEQ ID NO: 255, SEQ ID NO: 257, SEQ ID NO: 259, SEQ ID NO: 260, SEQ ID NO: 262, SEQ ID NO: 264, SEQ ID NO: 265, SEQ ID NO: 267, SEQ ID NO: 268, SEQ ID NO: 270, SEQ ID NO: 272, SEQ ID NO: 274, SEQ ID NO: 276, SEQ ID NO: 277, SEQ ID NO: 279, SEQ ID NO: 281, SEQ ID NO: 283, SEQ ID NO: 285, SEQ ID NO: 286, SEQ ID NO: 287, SEQ ID NO: 288, SEQ ID NO: 290, SEQ ID NO: 291, SEQ ID NO: 292, SEQ ID NO: 293, SEQ ID NO: 296 e SEQ ID NO: 298.

[0277] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido

apresentada em SEQ ID NO: 300 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 300. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 300 são fornecidas na figura 12 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 302, SEQ ID NO: 304, SEQ ID NO: 306, SEQ ID NO: 308, SEQ ID NO: 310, SEQ ID NO: 312, SEQ ID NO: 314, SEQ ID NO: 316, SEQ ID NO: 318, SEQ ID NO: 319, SEQ ID NO: 320, SEQ ID NO: 321, SEQ ID NO: 322, SEQ ID NO: 323, SEQ ID NO: 325, SEQ ID NO: 327 e SEQ ID NO: 329.

[0278] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 332 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 332. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 332 são fornecidas na figura 13 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 332, SEQ ID NO: 334, SEQ ID NO: 335, SEQ ID NO: 336, SEQ ID NO: 338, SEQ ID NO: 339, SEQ ID NO: 341, SEQ ID NO: 342, SEQ ID NO: 343, SEQ ID NO: 344, SEQ ID NO: 345, SEQ ID NO: 346, SEQ ID NO: 347, SEQ ID NO: 348, SEQ ID NO: 349, SEQ ID NO: 351, SEQ ID NO: 352, SEQ ID NO: 353, SEQ ID NO: 354, SEQ ID NO: 355, SEQ

ID NO: 356, SEQ ID NO: 357, SEQ ID NO: 358, SEQ ID NO: 359, SEQ ID NO: 360, SEQ ID NO: 362, SEQ ID NO: 363, SEQ ID NO: 364, SEQ ID NO: 365, SEQ ID NO: 366, SEQ ID NO: 2541, SEQ ID NO: 2542, SEQ ID NO: 2543, SEQ ID NO: 2544, SEQ ID NO: 2546, SEQ ID NO: 2548, SEQ ID NO: 2549, SEQ ID NO: 2550, SEQ ID NO: 2551, SEQ ID NO: 2552 e SEQ ID NO: 2553.

[0279] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 368 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 368. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 368 são fornecidas na figura 14 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 369, SEQ ID NO: 370, SEQ ID NO: 371, SEQ ID NO: 372, SEQ ID NO: 373, SEQ ID NO: 374, SEQ ID NO: 376, SEQ ID NO: 378, SEQ ID NO: 380, SEQ ID NO: 382, SEQ ID NO: 384, SEQ ID NO: 386, SEQ ID NO: 388, SEQ ID NO: 390, SEQ ID NO: 392, SEQ ID NO: 394, SEQ ID NO: 396, SEQ ID NO: 398, SEQ ID NO: 399, SEQ ID NO: 401, SEQ ID NO: 403, SEQ ID NO: 404, SEQ ID NO: 406, SEQ ID NO: 408, SEQ ID NO: 410, SEQ ID NO: 412, SEQ ID NO: 414, SEQ ID NO: 416, SEQ ID NO: 418, SEQ ID NO: 419, SEQ ID NO: 420, SEQ ID NO: 422, SEQ ID NO: 423, SEQ ID NO: 425, SEQ ID NO: 427, SEQ ID NO: 428, SEQ ID NO: 430, SEQ ID NO: 432, SEQ ID NO: 433, SEQ ID NO: 434, SEQ ID NO: 435, SEQ ID NO: 436, SEQ ID NO: 437, SEQ ID NO: 438, SEQ ID NO: 439, SEQ ID NO: 440, SEQ ID

NO: 441, SEQ ID NO: 444, SEQ ID NO: 445, SEQ ID NO: 446, SEQ ID NO: 447, SEQ ID NO: 448, SEQ ID NO: 449, SEQ ID NO: 450, SEQ ID NO: 451, SEQ ID NO: 452, SEQ ID NO: 453, SEQ ID NO: 454, SEQ ID NO: 455, SEQ ID NO: 456, SEQ ID NO: 458, SEQ ID NO: 459, SEQ ID NO: 461, SEQ ID NO: 463, SEQ ID NO: 465, SEQ ID NO: 467, SEQ ID NO: 469, SEQ ID NO: 471, SEQ ID NO: 473, SEQ ID NO: 474, SEQ ID NO: 475, SEQ ID NO: 477, SEQ ID NO: 479, SEQ ID NO: 481, SEQ ID NO: 483, SEQ ID NO: 485, SEQ ID NO: 487, SEQ ID NO: 488, SEQ ID NO: 489, SEQ ID NO: 490, SEQ ID NO: 491, SEQ ID NO: 492, SEQ ID NO: 494, SEQ ID NO: 495, SEQ ID NO: 496, SEQ ID NO: 497, SEQ ID NO: 498, SEQ ID NO: 499, SEQ ID NO: 500, SEQ ID NO: 501, SEQ ID NO: 502, SEQ ID NO: 504, SEQ ID NO: 505, SEQ ID NO: 506, SEQ ID NO: 507 e SEQ ID NO: 508.

[0280] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 510 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 510. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 510 são fornecidas na figura 15 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 511, SEQ ID NO: 513, SEQ ID NO: 515, SEQ ID NO: 517, SEQ ID NO: 521, SEQ ID NO: 523, SEQ ID NO: 525, SEQ ID NO: 527, SEQ ID NO: 529, SEQ ID NO: 530 e SEQ ID NO: 531.

[0281] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 533 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 533. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 533 são fornecidas na figura 16 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 535, SEQ ID NO: 536, SEQ ID NO: 538, SEQ ID NO: 539, SEQ ID NO: 541, SEQ ID NO: 542, SEQ ID NO: 543, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 546, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 548, SEQ ID NO: 550, SEQ ID NO: 552, SEQ ID NO: 553 e SEQ ID NO: 554.

[0282] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 558 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 558. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 558 são fornecidas na figura 17 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 559, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 561, SEQ ID NO: 562, SEQ ID NO: 563, SEQ ID NO: 564, SEQ ID NO: 565, SEQ ID NO: 566, SEQ ID NO: 567, SEQ ID NO: 569, SEQ ID NO: 571, SEQ ID NO: 572, SEQ ID NO:

573, SEQ ID NO: 575, SEQ ID NO: 576, SEQ ID NO: 577, SEQ ID NO: 578, SEQ ID NO: 579, SEQ ID NO: 581, SEQ ID NO: 583, SEQ ID NO: 584, SEQ ID NO: 585, SEQ ID NO: 586, SEQ ID NO: 588, SEQ ID NO: 589, SEQ ID NO: 590 e SEQ ID NO: 591.

[0283] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 593 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 593. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 593 são fornecidas na figura 18 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 595, SEQ ID NO: 597, SEQ ID NO: 599, SEQ ID NO: 601, SEQ ID NO: 603, SEQ ID NO: 605, SEQ ID NO: 607, SEQ ID NO: 609, SEQ ID NO: 610 e SEQ ID NO: 611.

[0284] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 613 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 613. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 613 são fornecidas na figura 19 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 615, SEQ ID

NO: 617, SEQ ID NO: 618, SEQ ID NO: 620, SEQ ID NO: 622, SEQ ID NO: 624, SEQ ID NO: 626, SEQ ID NO: 628, SEQ ID NO: 630, SEQ ID NO: 632, SEQ ID NO: 634, SEQ ID NO: 636, SEQ ID NO: 638, SEQ ID NO: 640, SEQ ID NO: 642, SEQ ID NO: 643 e SEQ ID NO: 644.

[0285] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 646 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 646. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 646 são fornecidas na figura 20 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 648, SEQ ID NO: 650, SEQ ID NO: 652, SEQ ID NO: 654, SEQ ID NO: 656, SEQ ID NO: 658, SEQ ID NO: 660, SEQ ID NO: 662, SEQ ID NO: 664, SEQ ID NO: 666, SEQ ID NO: 668, SEQ ID NO: 670, SEQ ID NO: 672, SEQ ID NO: 674, SEQ ID NO: 676, SEQ ID NO: 678, SEQ ID NO: 679, SEQ ID NO: 680, SEQ ID NO: 681, SEQ ID NO: 682, SEQ ID NO: 683 e SEQ ID NO: 685.

[0286] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 687 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à

sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 687. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 687 são fornecidas na figura 21 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 689, SEQ ID NO: 691, SEQ ID NO: 693, SEQ ID NO: 694, SEQ ID NO: 696, SEQ ID NO: 697, SEQ ID NO: 699, SEQ ID NO: 701, SEQ ID NO: 703, SEQ ID NO: 705, SEQ ID NO: 706, SEQ ID NO: 708, SEQ ID NO: 710, SEQ ID NO: 712, SEQ ID NO: 714, SEQ ID NO: 716, SEQ ID NO: 718, SEQ ID NO: 720, SEQ ID NO: 721, SEQ ID NO: 722, SEQ ID NO: 723, SEQ ID NO: 724, SEQ ID NO: 725, SEQ ID NO: 726, SEQ ID NO: 727 e SEQ ID NO: 728.

[0287] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 730 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 730. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 730 são fornecidas na figura 22 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 732, SEQ ID NO: 733, SEQ ID NO: 735, SEQ ID NO: 737, SEQ ID NO: 738 e SEQ ID NO: 742.

[0288] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 746 e, de preferência, tem pelo menos

20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 746. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 746 são fornecidas na figura 23 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 748, SEQ ID NO: 750, SEQ ID NO: 751, SEQ ID NO: 753, SEQ ID NO: 755, SEQ ID NO: 757, SEQ ID NO: 758, SEQ ID NO: 760, SEQ ID NO: 761, SEQ ID NO: 762, SEQ ID NO: 763, SEQ ID NO: 765 e SEQ ID NO: 767.

[0289] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 769 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 769. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 769 são fornecidas na figura 24 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 773, SEQ ID NO: 775, SEQ ID NO: 777, SEQ ID NO: 779, SEQ ID NO: 781, SEQ ID NO: 783, SEQ ID NO: 785, SEQ ID NO: 787, SEQ ID NO: 789 e SEQ ID NO: 790.

[0290] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 792 e, de preferência, tem pelo menos

20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 792. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 792 são fornecidas na figura 25 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 794, SEQ ID NO: 796, SEQ ID NO: 798, SEQ ID NO: 799, SEQ ID NO: 801, SEQ ID NO: 803, SEQ ID NO: 805, SEQ ID NO: 807, SEQ ID NO: 808, SEQ ID NO: 810, SEQ ID NO: 812, SEQ ID NO: 814, SEQ ID NO: 816, SEQ ID NO: 818, SEQ ID NO: 819, SEQ ID NO: 820, SEQ ID NO: 821 e SEQ ID NO: 822.

[0291] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 824 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 824. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 824 são fornecidas na figura 26 e na Listagem de Sequência. Tais polipeptídeos incluem, mas não estão limitados a, SEQ ID NO: 826, SEQ ID NO: 1696, SEQ ID NO: 1698, SEQ ID NO: 1700, SEQ ID NO: 1702, SEQ ID NO: 1704, SEQ ID NO: 1706, SEQ ID NO: 1708, SEQ ID NO: 1710, SEQ ID NO: 1711, SEQ ID NO: 1713, SEQ ID NO: 1714, SEQ ID NO: 1715 e SEQ ID NO: 1716.

[0292] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tole-

rância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 828 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 828. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 828 são fornecidas na figura 27 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 830, SEQ ID NO: 832, SEQ ID NO: 834, SEQ ID NO: 836, SEQ ID NO: 837, SEQ ID NO: 838, SEQ ID NO: 839, SEQ ID NO: 840, SEQ ID NO: 842, SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 845, SEQ ID NO: 846, SEQ ID NO: 847, SEQ ID NO: 848, SEQ ID NO: 849, SEQ ID NO: 850 e SEQ ID NO: 851.

[0293] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 855 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 855. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 855 são fornecidas na figura 28 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 856, SEQ ID NO: 858, SEQ ID NO: 860, SEQ ID NO: 862, SEQ ID NO: 864, SEQ ID NO: 866, SEQ ID NO: 868, SEQ ID NO: 870, SEQ ID NO: 872, SEQ ID NO: 874, SEQ ID NO: 876, SEQ ID NO: 878, SEQ ID NO:

880, SEQ ID NO: 882, SEQ ID NO: 884, SEQ ID NO: 885, SEQ ID NO: 886, SEQ ID NO: 887, SEQ ID NO: 888 e SEQ ID NO: 889.

[0294] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 891 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 891. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 891 são fornecidas na figura 29 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 893, SEQ ID NO: 894, SEQ ID NO: 895, SEQ ID NO: 896, SEQ ID NO: 898, SEQ ID NO: 900, SEQ ID NO: 901, SEQ ID NO: 902, SEQ ID NO: 903, SEQ ID NO: 904, SEQ ID NO: 905, SEQ ID NO: 907, SEQ ID NO: 908, SEQ ID NO: 909, SEQ ID NO: 910, SEQ ID NO: 911, SEQ ID NO: 912, SEQ ID NO: 913, SEQ ID NO: 914 e SEQ ID NO: 915.

[0295] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 917 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 917. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 917 são fornecidas na figura 30 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 919, SEQ ID

NO: 921, SEQ ID NO: 923, SEQ ID NO: 925, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 929, SEQ ID NO: 931, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 937, SEQ ID NO: 939 e SEQ ID NO: 940.

[0296] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 944 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 944. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 944 são fornecidas na figura 31 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 946, SEQ ID NO: 947, SEQ ID NO: 948, SEQ ID NO: 950, SEQ ID NO: 952, SEQ ID NO: 954, SEQ ID NO: 956, SEQ ID NO: 958, SEQ ID NO: 960, SEQ ID NO: 962, SEQ ID NO: 964, SEQ ID NO: 966, SEQ ID NO: 967, SEQ ID NO: 968, SEQ ID NO: 969, SEQ ID NO: 970, SEQ ID NO: 972 e SEQ ID NO: 974.

[0297] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 976 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 976. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 45% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 976 são fornecidas na figura 32 e na Listagem de Sequência.

Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 978 e SEQ ID NO: 980.

[0298] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 982 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 982. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 982 são fornecidas na figura 33 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 984, SEQ ID NO: 985, SEQ ID NO: 986, SEQ ID NO: 987, SEQ ID NO: 988, SEQ ID NO: 989, SEQ ID NO: 990, SEQ ID NO: 991, SEQ ID NO: 992, SEQ ID NO: 993, SEQ ID NO: 995, SEQ ID NO: 996, SEQ ID NO: 998, SEQ ID NO: 1000, SEQ ID NO: 1001, SEQ ID NO: 1003, SEQ ID NO: 1005, SEQ ID NO: 1007, SEQ ID NO: 1008, SEQ ID NO: 1009, SEQ ID NO: 1011, SEQ ID NO: 1013, SEQ ID NO: 1015, SEQ ID NO: 1016, SEQ ID NO: 1018, SEQ ID NO: 1019, SEQ ID NO: 1021, SEQ ID NO: 1023, SEQ ID NO: 1025, SEQ ID NO: 1026, SEQ ID NO: 1027, SEQ ID NO: 1028, SEQ ID NO: 1029, SEQ ID NO: 1030, SEQ ID NO: 1031, SEQ ID NO: 1032 e SEQ ID NO: 1033.

[0299] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1054 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de

sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1054. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1054 são fornecidas na figura 34 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1055, SEQ ID NO: 1057, SEQ ID NO: 1058, SEQ ID NO: 1059, SEQ ID NO: 1061, SEQ ID NO: 1063, SEQ ID NO: 1065, SEQ ID NO: 1065, SEQ ID NO: 1067, SEQ ID NO: 1068, SEQ ID NO: 1070, SEQ ID NO: 1071, SEQ ID NO: 1072, SEQ ID NO: 1074, SEQ ID NO: 1075, SEQ ID NO: 1076, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1078, SEQ ID NO: 1080, SEQ ID NO: 1082, SEQ ID NO: 1083, SEQ ID NO: 1085, SEQ ID NO: 1086, SEQ ID NO: 1087, SEQ ID NO: 1088, SEQ ID NO: 1089, SEQ ID NO: 1089, SEQ ID NO: 1090, SEQ ID NO: 1091, SEQ ID NO: 1092, SEQ ID NO: 1093, SEQ ID NO: 1094, SEQ ID NO: 1095 e SEQ ID NO: 1097.

[0300] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1099 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1099. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1099 são fornecidas na figura 35 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1101, SEQ ID NO: 1103, SEQ ID NO: 1104, SEQ ID NO: 1105, SEQ ID NO: 1106, SEQ ID NO: 1108, SEQ ID NO: 1109 e SEQ ID NO: 1110.

[0301] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1112 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1112. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1112 são fornecidas na figura 36 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1113 e SEQ ID NO: 1114.

[0302] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1116 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1116. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1116 são fornecidas na figura 37 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1118, SEQ ID NO: 1120, SEQ ID NO: 1122, SEQ ID NO: 1123, SEQ ID NO: 1125, SEQ ID NO: 1126, SEQ ID NO: 1128, SEQ ID NO: 1129, SEQ ID NO: 1131, SEQ ID NO: 1132, SEQ ID NO: 1133, SEQ ID NO: 1134, SEQ ID NO: 1136, SEQ ID NO: 1138, SEQ ID NO: 1140, SEQ ID NO: 1141, SEQ ID NO: 1142, SEQ ID NO: 1143, SEQ ID NO: 1144, SEQ ID NO: 1145, SEQ ID NO: 1147, SEQ ID NO: 1149, SEQ ID NO:

1151, SEQ ID NO: 1153 e SEQ ID NO: 1155.

[0303] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1159 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1159. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1159 são fornecidas na figura 38 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1161, SEQ ID NO: 1162, SEQ ID NO: 1163 e SEQ ID NO: 1164.

[0304] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1166 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1166. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1166 são fornecidas na figura 39 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1167, SEQ ID NO: 1169, SEQ ID NO: 1171, SEQ ID NO: 1173, SEQ ID NO: 1175, SEQ ID NO: 1177, SEQ ID NO: 1179, SEQ ID NO: 1180, SEQ ID NO: 1182 e SEQ ID NO: 1183.

[0305] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1185 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1185. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1185 são fornecidas na figura 40 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1187, SEQ ID NO: 1189, SEQ ID NO: 1190, SEQ ID NO: 1191 e SEQ ID NO: 1192.

[0306] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1194 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1194. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1194 são fornecidas na figura 41 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1196, SEQ ID NO: 1198, SEQ ID NO: 1200, SEQ ID NO: 1202, SEQ ID NO: 1203, SEQ ID NO: 1204, SEQ ID NO: 1205, SEQ ID NO: 1206, SEQ ID NO: 1207 e SEQ ID NO: 1208.

[0307] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tole-

rância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1210 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1210. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1210 são fornecidas na figura 42 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1211, SEQ ID NO: 1213, SEQ ID NO: 1215, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1218, SEQ ID NO: 1220, SEQ ID NO: 1222, SEQ ID NO: 1224, SEQ ID NO: 1226, SEQ ID NO: 1228, SEQ ID NO: 1229, SEQ ID NO: 1230, SEQ ID NO: 1232, SEQ ID NO: 1233, SEQ ID NO: 1234, SEQ ID NO: 1235, SEQ ID NO: 1236, SEQ ID NO: 1237, SEQ ID NO: 1238, SEQ ID NO: 1239, SEQ ID NO: 1240, SEQ ID NO: 1241, SEQ ID NO: 1242, SEQ ID NO: 1243, SEQ ID NO: 1244, SEQ ID NO: 1245, SEQ ID NO: 1246, SEQ ID NO: 1247, SEQ ID NO: 1248, SEQ ID NO: 1249, SEQ ID NO: 1251, SEQ ID NO: 1253, SEQ ID NO: 1255, SEQ ID NO: 1257, SEQ ID NO: 1259, SEQ ID NO: 1261, SEQ ID NO: 1263, SEQ ID NO: 1264, SEQ ID NO: 1265, SEQ ID NO: 1266, SEQ ID NO: 1267, SEQ ID NO: 1268, SEQ ID NO: 1269, SEQ ID NO: 1270, SEQ ID NO: 1271 e SEQ ID NO: 1272.

[0308] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1274 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de

sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1274. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1274 são fornecidas na figura 43 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1276, SEQ ID NO: 1278, SEQ ID NO: 1280, SEQ ID NO: 1281, SEQ ID NO: 1282, SEQ ID NO: 1284, SEQ ID NO: 1285, SEQ ID NO: 1287, SEQ ID NO: 1289, SEQ ID NO: 1291, SEQ ID NO: 1293, SEQ ID NO: 1294, SEQ ID NO: 1295, SEQ ID NO: 1296, SEQ ID NO: 1297, SEQ ID NO: 1298 e SEQ ID NO: 1300.

[0309] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1302 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1302. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1302 são fornecidas na figura 44 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1303, SEQ ID NO: 1305, SEQ ID NO: 1307, SEQ ID NO: 1309, SEQ ID NO: 1311, SEQ ID NO: 1312, SEQ ID NO: 1313, SEQ ID NO: 1314, SEQ ID NO: 1315, SEQ ID NO: 1317, SEQ ID NO: 1318, SEQ ID NO: 1319, SEQ ID NO: 1320, SEQ ID NO: 1321, SEQ ID NO: 1322, SEQ ID NO: 1323, SEQ ID NO: 1324, SEQ ID NO: 1325, SEQ ID NO: 1326, SEQ ID NO: 1327, SEQ ID NO: 1328, SEQ ID NO: 1330, SEQ ID NO: 1331, SEQ ID NO: 1333, SEQ ID NO: 1334, SEQ ID NO: 1335, SEQ ID NO: 1336, SEQ ID NO: 1337, SEQ ID NO: 1338, SEQ ID NO: 1339

e SEQ ID NO: 1340.

[0310] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1342 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1342. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1342 são fornecidas na figura 45 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1344, SEQ ID NO: 1346, SEQ ID NO: 1348, SEQ ID NO: 1350, SEQ ID NO: 1352, SEQ ID NO: 1354, SEQ ID NO: 1355, SEQ ID NO: 1357, SEQ ID NO: 1358, SEQ ID NO: 1360, SEQ ID NO: 1361, SEQ ID NO: 1362, SEQ ID NO: 1363, SEQ ID NO: 1364, SEQ ID NO: 1366, SEQ ID NO: 1367, SEQ ID NO: 1369, SEQ ID NO: 1370, SEQ ID NO: 1371, SEQ ID NO: 1372, SEQ ID NO: 1373, SEQ ID NO: 1374, SEQ ID NO: 1375, SEQ ID NO: 1376, SEQ ID NO: 1377, SEQ ID NO: 1378, SEQ ID NO: 1379, SEQ ID NO: 1380, SEQ ID NO: 1381, SEQ ID NO: 1382 e SEQ ID NO: 1383.

[0311] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1385 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1385. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de

20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1385 são fornecidas na figura 46 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1387, SEQ ID NO: 1389, SEQ ID NO: 1390, SEQ ID NO: 1391, SEQ ID NO: 1393, SEQ ID NO: 1394, SEQ ID NO: 1395, SEQ ID NO: 1396, SEQ ID NO: 1398, SEQ ID NO: 1400, SEQ ID NO: 1401, SEQ ID NO: 1402, SEQ ID NO: 1403, SEQ ID NO: 1404, SEQ ID NO: 1405 e SEQ ID NO: 1407.

[0312] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1409 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1409. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1409 são fornecidas na figura 47 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1411, SEQ ID NO: 1413, SEQ ID NO: 1415, SEQ ID NO: 1417, SEQ ID NO: 1418, SEQ ID NO: 1419, SEQ ID NO: 1421, SEQ ID NO: 1423, SEQ ID NO: 1424, SEQ ID NO: 1425 e SEQ ID NO: 1426.

[0313] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1428 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO:

1428. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1428 são fornecidas na figura 48 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1430, SEQ ID NO: 1432, SEQ ID NO: 1434, SEQ ID NO: 1436, SEQ ID NO: 1439, SEQ ID NO: 1442, SEQ ID NO: 1444, SEQ ID NO: 1446, SEQ ID NO: 1448, SEQ ID NO: 1450, SEQ ID NO: 1452, SEQ ID NO: 1453, SEQ ID NO: 1454, SEQ ID NO: 1455, SEQ ID NO: 1456, SEQ ID NO: 1457, SEQ ID NO: 1458 e SEQ ID NO: 1459.

[0314] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1463 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1463. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1463 são fornecidas na figura 49 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1465, SEQ ID NO: 1467, SEQ ID NO: 1469, SEQ ID NO: 1471, SEQ ID NO: 1473, SEQ ID NO: 1474, SEQ ID NO: 1475, SEQ ID NO: 1476 e SEQ ID NO: 1477.

[0315] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1491 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de

sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1491. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1491 são fornecidas na figura 50 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1493, SEQ ID NO: 1495, SEQ ID NO: 1497, SEQ ID NO: 1499, SEQ ID NO: 1501, SEQ ID NO: 1503, SEQ ID NO: 1504, SEQ ID NO: 1505, SEQ ID NO: 1506 e SEQ ID NO: 1508.

[0316] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1510 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1510. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1510 são fornecidas na figura 51 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1512, SEQ ID NO: 1514, SEQ ID NO: 1516, SEQ ID NO: 1518, SEQ ID NO: 1520, SEQ ID NO: 1522 e SEQ ID NO: 1523.

[0317] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1525 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1525. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de

20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1525 são fornecidas na figura 52 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1527, SEQ ID NO: 1529, SEQ ID NO: 1530, SEQ ID NO: 1532, SEQ ID NO: 1534 e SEQ ID NO: 1535.

[0318] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1537 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1537. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1537 são fornecidas na figura 53 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1539, SEQ ID NO: 1540, SEQ ID NO: 1541, SEQ ID NO: 1543, SEQ ID NO: 1545, SEQ ID NO: 1547, SEQ ID NO: 1548, SEQ ID NO: 1550, SEQ ID NO: 1552, SEQ ID NO: 2386, SEQ ID NO: 2388, SEQ ID NO: 2390, SEQ ID NO: 2391, e SEQ ID NO: 2392.

[0319] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1554 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1554. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em

SEQ ID NO: 1554 são fornecidas na figura 54 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1555, SEQ ID NO: 1557, SEQ ID NO: 1559, SEQ ID NO: 1561, SEQ ID NO: 1563, SEQ ID NO: 1565, SEQ ID NO: 1567, SEQ ID NO: 1569, SEQ ID NO: 1571, SEQ ID NO: 1572, SEQ ID NO: 1573, SEQ ID NO: 1574 e SEQ ID NO: 1575.

[0320] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1577 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1577. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1577 são fornecidas na figura 55 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 1035, SEQ ID NO: 1036, SEQ ID NO: 1037, SEQ ID NO: 1040, SEQ ID NO: 1041, SEQ ID NO: 1043, SEQ ID NO: 1044, SEQ ID NO: 1046, SEQ ID NO: 1047, SEQ ID NO: 1048, SEQ ID NO: 1050, SEQ ID NO: 1440, SEQ ID NO: 1480, SEQ ID NO: 1481, SEQ ID NO: 1482, SEQ ID NO: 1483, SEQ ID NO: 1484, SEQ ID NO: 1485, SEQ ID NO: 1486, SEQ ID NO: 1487, SEQ ID NO: 1488, SEQ ID NO: 1578, SEQ ID NO: 1580, SEQ ID NO: 1582, SEQ ID NO: 1584, SEQ ID NO: 1586, SEQ ID NO: 1588, SEQ ID NO: 1590, SEQ ID NO: 1592, SEQ ID NO: 1594, SEQ ID NO: 1596, SEQ ID NO: 1598, SEQ ID NO: 1599, SEQ ID NO: 1601, SEQ ID NO: 1602, SEQ ID NO: 1605, SEQ ID NO: 1607, SEQ ID NO: 1608, SEQ ID NO: 1609, SEQ ID NO: 1611, SEQ ID NO: 1613, SEQ ID NO: 1615, SEQ ID NO: 1617, SEQ ID NO: 1619, SEQ ID NO:

1621, SEQ ID NO: 1622, SEQ ID NO: 1623, SEQ ID NO: 1624, SEQ ID NO: 1625, SEQ ID NO: 1627, SEQ ID NO: 1629, SEQ ID NO: 1631, SEQ ID NO: 1633, SEQ ID NO: 1635, SEQ ID NO: 1637, SEQ ID NO: 1639, SEQ ID NO: 1643, SEQ ID NO: 1645, SEQ ID NO: 1648, SEQ ID NO: 1649, SEQ ID NO: 1651, SEQ ID NO: 1653.

[0321] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1437 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 1437. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1437 são fornecidas na figura 56 e na Listagem de Sequência. Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 173, SEQ ID NO: 212, SEQ ID NO: 361, SEQ ID NO: 421, SEQ ID NO: 443, SEQ ID NO: 740, SEQ ID NO: 744, SEQ ID NO: 942, SEQ ID NO: 1461.

[0322] Em alguns casos, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio tem uma sequência de aminoácido com similaridade de sequência à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 97 e, de preferência, tem pelo menos 20%, por exemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de aminoácido apresentada em SEQ ID NO: 97. Sequências de aminoácido de polipeptídeos tendo mais de 20% de identidade de sequência ao polipeptídeo apresentado em SEQ ID NO: 1437 são fornecidas na figura 57 e na Listagem de Sequência.

Exemplos de tais polipeptídeos incluem SEQ ID NO: 2010, SEQ ID NO: 2011, SEQ ID NO: 2013, SEQ ID NO: 2015 e SEQ ID NO: 2017.

E. Outras Sequências

[0323] Será apreciado que um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode incluir aminoácidos adicionais que não estão envolvidos em modulação de tolerância a baixo teor de nitrogênio e, assim, tal polipeptídeo pode ser mais longo do que seria, de outro modo, o caso. Por exemplo, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode incluir um marcador de purificação, um peptídeo de trânsito em cloroplasto, um peptídeo de trânsito mitocondrial ou uma sequência líder adicionada ao amino ou carboxitérmino. Em algumas modalidades, um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio inclui uma sequência de aminoácido que funciona como um repórter, por exemplo, uma proteína fluorescente verde ou uma proteína fluorescente amarela.

II. Ácidos Nucleicos

[0324] Os ácidos nucleicos descritos aqui incluem ácidos nucleicos que são eficazes para modular baixos níveis de tolerância ao nitrogênio quando transcritos em uma planta ou célula de planta. Tais ácidos nucleicos incluem, sem limitação, aqueles que codificam um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio e aqueles que podem ser usados para inibir a expressão de um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio via um método baseado em ácido nucleico.

A. Ácidos nucleicos que codificam polipeptídeos que modulam

tolerância a baixo teor de nitrogênio

[0325] Ácidos nucleicos que codificam polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio são descritos aqui. Exemplos de tais ácidos nucleicos incluem SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 151, SEQ ID NO: 165, SEQ ID NO: 175, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 217, SEQ ID NO: 233, SEQ ID NO: 245, SEQ ID NO: 299, SEQ ID NO: 331, SEQ ID NO: 367, SEQ ID NO: 509, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 555, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 645, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 729, SEQ ID NO: 745, SEQ ID NO: 768, SEQ ID NO: 791, SEQ ID NO: 823, SEQ ID NO: 827, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 890, SEQ ID NO: 916, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 975, SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 1053, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1115, SEQ ID NO: 1156, SEQ ID NO: 1158, SEQ ID NO: 1165, SEQ ID NO: 1184, SEQ ID NO: 1193, SEQ ID NO: 1209, SEQ ID NO: 1273, SEQ ID NO: 1301, SEQ ID NO: 1341, SEQ ID NO: 1384, SEQ ID NO: 1408, SEQ ID NO: 1427, SEQ ID NO: 1462, SEQ ID NO: 1490, SEQ ID NO: 1509, SEQ ID NO: 1524, SEQ ID NO: 1536, SEQ ID NO: 1553 e SEQ ID NO: 1576, conforme descrito em maiores detalhes abaixo. Um ácido nucleico pode também ser um fragmento que tem pelo menos 40% (por exemplo, pelo menos 45, 50, 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95 ou 99%) do comprimento do ácido nucleico de comprimento total apresentado em SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 151, SEQ ID NO: 165, SEQ ID NO: 175, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 217, SEQ ID NO: 233, SEQ ID NO: 245, SEQ ID NO: 299, SEQ ID NO: 331, SEQ ID NO: 367, SEQ ID NO: 509, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 555,

SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 645, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 729, SEQ ID NO: 745, SEQ ID NO: 768, SEQ ID NO: 791, SEQ ID NO: 823, SEQ ID NO: 827, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 890, SEQ ID NO: 916, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 975, SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 1053, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1115, SEQ ID NO: 1156, SEQ ID NO: 1158, SEQ ID NO: 1165, SEQ ID NO: 1184, SEQ ID NO: 1193, SEQ ID NO: 1209, SEQ ID NO: 1273, SEQ ID NO: 1301, SEQ ID NO: 1341, SEQ ID NO: 1384, SEQ ID NO: 1408, SEQ ID NO: 1427, SEQ ID NO: 1462, SEQ ID NO: 1490, SEQ ID NO: 1509, SEQ ID NO: 1524, SEQ ID NO: 1536, SEQ ID NO: 1553 e SEQ ID NO: 1576.

[0326] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 2. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 2.

[0327] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 48. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 48. Por exemplo, um ácido

nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 48.

[0328] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 76. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 76. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 76.

[0329] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 96. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 96. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 96.

[0330] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo

teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 99. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 99. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 99.

[0331] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 151. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 151. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 151.

[0332] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 165. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 165. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de

identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 165.

[0333] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 175. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 175. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 175.

[0334] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 185. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 185. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 185.

[0335] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo

apresentada em SEQ ID NO: 207. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 207. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 207.

[0336] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 217. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 217. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 217.

[0337] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 233. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 233. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%,

98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 233.

[0338] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 245. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 245. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 245.

[0339] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 299. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 299. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 299.

[0340] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 331. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode

ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 331. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 331.

[0341] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 367. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 367. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 367.

[0342] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 509. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 509. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 509.

[0343] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 532. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 532. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 532.

[0344] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 555. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 555. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 555.

[0345] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 557. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 557. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio

pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 557.

[0346] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 592. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 592. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 592.

[0347] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 612. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 612. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 612.

[0348] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo

apresentada em SEQ ID NO: 645. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 645. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 645.

[0349] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 686. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 686. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 686.

[0350] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 729. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 729. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%,

98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 729.

[0351] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 745. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 745. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 745.

[0352] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 768. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 768. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 768.

[0353] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 791. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode

ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 791. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 791.

[0354] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 823. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 823. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 823.

[0355] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 827. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 827. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 827.

[0356] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 852. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 852. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 852.

[0357] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 854. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 854. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 854.

[0358] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 890. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 890. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio

pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 890.

[0359] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 916. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 916. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 916.

[0360] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 943. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 943. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 943.

[0361] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo

apresentada em SEQ ID NO: 975. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 975. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 975.

[0362] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 981. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 981. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 981.

[0363] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1034. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1034. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%,

97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1034.

[0364] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1053. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1053. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1053.

[0365] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1098. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1098. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1098.

[0366] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1111. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio

pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1111. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1111.

[0367] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1115. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1115. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1115.

[0368] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1156. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1156. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1156.

[0369] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1158. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1158. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1158.

[0370] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1165. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1165. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1165.

[0371] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1184. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1184. Por exemplo, um

ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1184.

[0372] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1193. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1193. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1193.

[0373] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1209. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1209. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1209.

[0374] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo

teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1273. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1273. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1273.

[0375] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1301. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1301. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1301.

[0376] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1341. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1341. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80%

de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1341.

[0377] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1384. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1384. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1384.

[0378] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1408. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1408. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1408.

[0379] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1427. Alternativamente, um ácido

nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1427. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1427.

[0380] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1462. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1462. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1462.

[0381] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1490. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1490. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de

nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1490.

[0382] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1509. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1509. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1509.

[0383] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1524. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1524. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1524.

[0384] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1536. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de

nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1536. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1536.

[0385] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1553. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1553. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1553.

[0386] Um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode compreender a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1576. Alternativamente, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ser uma variante do ácido nucleico tendo a sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1576. Por exemplo, um ácido nucleico que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio pode ter uma sequência de nucleotídeo com pelo menos 80% de identidade de sequência, por exemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% ou 99% de identidade de sequência, à sequência de nucleotídeo apresentada em SEQ ID NO: 1576.

[0387] Moléculas de ácido nucleico podem ser produzidas através de técnicas padrão. Por exemplo, técnicas de reação em cadeia de polimerase (PCR) podem ser usadas para obter um ácido nucleico contendo uma sequência de nucleotídeo descrita aqui. PCR pode ser usada para amplificar sequências específicas a partir de DNA, bem como RNA, incluindo sequências de DNA genômico total ou RNA celular total. Vários métodos de PCR são descritos, por exemplo, em PCR Primer: A Laboratory Manual, Dieffenbach e Dveksler, eds., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1995. De modo geral, a informação de sequência das extremidades da região de interesse ou além é empregada para criar iniciadores de oligonucleotídeo que são idênticos ou similares, quanto à sequência, às fitas opostas do modelo a ser amplificado. Várias estratégias de PCR também estão disponíveis através das quais modificações da sequência de nucleotídeo sítio-específicas podem ser introduzidas em um ácido nucleico modelo. Ácidos nucleicos isolados também podem ser sintetizados quimicamente, seja como uma molécula de ácido nucleico única (por exemplo, usando síntese de DNA automática na direção 3' para 5' usando a tecnologia de fosforamidita) ou como uma série de oligonucleotídeos. Por exemplo, um ou mais pares de oligonucleotídeos longos (por exemplo, >100 nucleotídeos) podem ser sintetizados, os quais contêm a sequência desejada, com cada par contendo um segmento curto de complementaridade (por exemplo, cerca de 15 nucleotídeos), de modo que uma dupla é formada quando o par de oligonucleotídeo é anelado. DNA polimerase é usada para prolongar os oligonucleotídeos, resultando em uma única molécula de ácido nucleico fita dupla por par de oligonucleotídeo a qual, então, pode ser ligada em um vetor. Os ácidos nucleicos isolados da invenção

também podem ser obtidos através de mutagênese, por exemplo, de um DNA que ocorre naturalmente.

B. Uso de ácidos nucleicos para modular a expressão de polipeptídeos

[0388] Expressão de um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio

[0389] Um ácido nucleico que codifica um dos polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio descritos aqui pode ser usado para expressar o polipeptídeo em uma espécie de planta de interesse, tipicamente mediante transformação de uma célula de planta com um ácido nucleico tendo uma sequência de codificação para o polipeptídeo operavelmente ligado na orientação senso a uma ou mais regiões regulatórias. Será apreciado que, em virtude da degenerância do código genético, uma série de ácidos nucleicos específicos pode codificar um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio em particular; isto é, para muitos aminoácidos, há mais de uma tripla de nucleotídeo que serve como o códon para o aminoácido. Assim, códons na sequência de codificação para um determinado polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio podem ser modificados, de modo que expressão ótima em uma espécie de planta em particular seja obtida, usando tabelas de tendência de códon apropriadas para essa espécie.

[0390] Em alguns casos, expressão de um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio inibe uma ou mais funções de um polipeptídeo endógeno. Por exemplo, um ácido nucleico que codifica um polipeptídeo dominante negativo pode

ser usado para inibir a função da proteína. Um polipeptídeo dominante negativo, tipicamente, sofreu mutação ou é truncado com relação a um polipeptídeo do tipo silvestre endógeno e sua presença em uma célula inibe uma ou mais funções do polipeptídeo do tipo silvestre nessa célula, isto é, o polipeptídeo dominante negativo é geneticamente dominante e confere uma perda de função. O mecanismo pelo qual um polipeptídeo dominante negativo confere tal fenótipo pode variar, mas frequentemente envolve uma interação proteína-proteína ou uma interação proteína-DNA. Por exemplo, um polipeptídeo dominante negativo pode ser uma enzima que é truncada com relação a uma enzima do tipo silvestre nativa, de modo que o polipeptídeo truncado retém os domínios envolvidos em ligação a uma primeira proteína, mas carece dos domínios envolvidos na ligação a uma segunda proteína. O polipeptídeo truncado, assim, é incapaz de modular apropriadamente a atividade da segunda proteína. Veja, por exemplo, US 2007/0056058. Como outro exemplo, uma mutação de ponto que resulta em uma substituição de aminoácido não conservativa em um domínio catalítico pode resultar em um polipeptídeo dominante negativo. Veja, por exemplo, US 2005/032221. Como outro exemplo, um polipeptídeo dominante negativo pode ser um fator de transcrição que é truncado com relação a um fator de transcrição nativo do tipo silvestre, de modo que o polipeptídeo truncado retém o(s) domínio(s) de ligação a DNA, mas carece do(s) domínio(s) de ativação. Tal polipeptídeo truncado pode inibir a ligação do fator de transcrição do tipo silvestre ao DNA, desse modo, inibindo a ativação de transcrição.

[0391] Inibição de expressão de um polipeptídeo que modula

a tolerância a baixo teor de nitrogênio

[0392] Polinucleotídeos e construtos recombinantes descritos aqui podem ser usados para inibir a expressão de um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio em uma espécie de planta de interesse. Veja, por exemplo, Matzke e Birchler, Nature Reviews Genetics 6: 24-35 (2005); Akashi *et al.*, Nature Reviews Mol. Cell Biology 6: 413-422 (2005); Mittal, Nature Reviews Genetics 5: 355-365 (2004); Dorsett e Tuschl, Nature Reviews Drug Discovery 3: 318-329 (2004); e Nature Reviews RNA interference collection, Outubro de 2005 em nature.com/reviews/focus/mai. Uma série de métodos baseados em ácido nucleico, incluindo RNA antissenso, clivagem de RNA ribozima-dirigida, silenciamento gênico pós-transcricional (PTGS), por exemplo, interferência de RNA (RNAi) e silenciamento gênico transcricional (TGS) são conhecidos por inibir a expressão gênica em plantas. Polinucleotídeos adequados incluem ácidos nucleicos de comprimento total que codificam polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio ou fragmentos de tais ácidos nucleicos de comprimento total. Em algumas modalidades, um complemento do ácido nucleico de comprimento total ou um fragmento do mesmo pode ser usado. Tipicamente, , um fragmento tem pelo menos 10 nucleotídeos, por exemplo, pelo menos 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 30, 35, 40, 50, 80, 100, 200, 500 nucleotídeos ou mais. Em geral, maior homologia pode ser usada para compensar o uso de uma sequência mais curta.

[0393] Construtos contendo regiões regulatórias operavelmente ligadas a moléculas de ácido nucleico na orientação senso também podem ser usados para inibir a expressão de um gene. O

produto da transcrição pode ser similar ou idêntico à sequência de codificação senso ou um fragmento da mesma de um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio. O produto da transcrição pode ser uma estrutura "cap" não poliadenilada carecendo de 5' ou conter um íntron não passível de junção. Métodos de inibição de expressão gênica usando um cDNA de comprimento total, bem como uma sequência de cDNA parcial são conhecidos no campo. Veja, por exemplo, Patente U.S. No. 5.231.020.

[0394] Em algumas modalidades, um construto contendo um ácido nucleico tendo pelo menos uma fita que é um modelo para as sequências senso e antissenso que são complementares umas às outras é usado para inibir a expressão de um gene. As sequências senso e antissenso podem ser parte de uma molécula de ácido nucleico maior ou podem ser parte de moléculas de ácido nucleico distintas tendo sequências que são não complementares. A sequência senso ou antissenso pode ser uma sequência que é idêntica ou complementar à sequência de um mRNA, a região não traduzida 3' ou 5' de um mRNA ou um íntron em um pré-mRNA que codifica um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio ou um fragmento de tais sequências. Em algumas modalidades, a sequência senso ou antissenso é idêntica ou complementar a uma sequência da região regulatória que aciona a transcrição do gene que codifica um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio. Em cada caso, a sequência senso é a sequência que é complementar à sequência antissenso.

[0395] As sequências senso e antissenso podem ser de qualquer comprimento maior do que cerca de 10 nucleotídeos (por

exemplo, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 ou mais nucleotídeos). Por exemplo, uma sequência antissenso pode ter 21 ou 22 nucleotídeos de comprimento. Tipicamente, as sequências senso e antissenso oscilam, quanto ao comprimento, de cerca de 15 nucleotídeos a cerca de 30 nucleotídeos, por exemplo, de cerca de 18 nucleotídeos a cerca de 28 nucleotídeos ou de cerca de 21 nucleotídeos a cerca de 25 nucleotídeos.

[0396] Em algumas modalidades, uma sequência antissenso é uma sequência complementar a uma sequência de mRNA ou um fragmento da mesma que codifica um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio descrito aqui. A sequência senso complementar à sequência antissenso pode ser uma sequência presente dentro do mRNA do polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio. Tipicamente, , sequências senso e antissenso são criadas para corresponder a uma sequência de 15-30 nucleotídeos de um mRNA-alvo, de modo que o nível desse mRNA-alvo seja reduzido.

[0397] Em algumas modalidades, um construto contendo um ácido nucleico tendo pelo menos uma fita que é um modelo para mais de uma sequência senso (por exemplo, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 ou mais sequências senso) pode ser usado para inibir a expressão de um gene. Da mesma forma, um construto contendo um ácido nucleico tendo pelo menos uma fita que é um modelo para mais de uma sequência antissenso (por exemplo, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 ou mais sequências antissenso) pode ser usado para inibir a expressão de um gene. Por exemplo, um construto pode conter um ácido nucleico tendo pelo menos uma fita que é um modelo para duas sequências senso e duas sequências antissenso.

As sequências senso múltiplas podem ser idênticas ou diferentes e as múltiplas sequências antissenso podem ser idênticas ou diferentes. Por exemplo, um construto pode ter um ácido nucleico tendo uma fita que é um modelo para duas sequências senso idênticas e duas sequências antissenso idênticas que são complementares às duas sequências senso idênticas. Alternativamente, um ácido nucleico isolado pode ter uma fita que é um modelo para (1) duas sequências senso idênticas de 20 nucleotídeos de comprimento, (2) uma sequência antissenso que é complementar às sequências senso idênticas de 20 nucleotídeos de comprimento, (3) uma sequência senso de 30 nucleotídeos de comprimento e (4) três sequências antissenso idênticas que são complementares à sequência senso de 30 nucleotídeos de comprimento. Os construtos fornecidos aqui podem ser criados para ter qualquer configuração de sequências senso e antissenso. Por exemplo, duas sequências senso idênticas podem ser seguidas por duas sequências antissenso idênticas ou podem ser posicionadas entre duas sequências antissenso idênticas.

[0398] Um ácido nucleico tendo pelo menos uma fita que é um modelo para uma ou mais sequências senso e/ou antissenso podem ser operavelmente ligado a uma região regulatória para acionar a transcrição de uma molécula de RNA contendo a(s) sequência(s) senso e/ou antissenso. Além disso, tal ácido nucleico pode ser operavelmente ligado a uma sequência de término de transcrição, tal como o terminador do gene de sintase de nopalina (*nos*). Em alguns casos, duas regiões regulatórias podem dirigir a transcrição de dois transcritos: um da fita superior e um da fita inferior. Veja, por exemplo, Yan *et al.*, *Plant Physiol.*, 141: 1508-1518 (2006). As duas regiões regulatórias

podem ser as mesmas ou diferentes. Os dois transcritos podem formar moléculas de RNA fita dupla que induzem à degradação do RNA-alvo. Em alguns casos, um ácido nucleico pode ser posicionado dentro de um T-DNA ou DNA de transferência derivado de planta (P-DNA), de modo que as sequências de borda de T-DNA esquerda e direita ou as sequências semelhantes à borda direita e esquerda do P-DNA, flanqueiam ou estão sobre qualquer lado do ácido nucleico. Veja US 2006/0265788. A sequência de ácido nucleico entre as duas regiões regulatórias pode ter de cerca de 15 a cerca de 300 nucleotídeos de comprimento. Em algumas modalidades, as sequências de ácido nucleico entre as duas regiões regulatórias têm de cerca de 15 a cerca de 200 nucleotídeos de comprimento, de cerca de 15 a cerca de 100 nucleotídeos de comprimento, de cerca de 15 a cerca de 50 nucleotídeos de comprimento, de cerca de 18 a cerca de 50 nucleotídeos de comprimento, de cerca de 18 a cerca de 40 nucleotídeos de comprimento, de cerca de 18 a cerca de 30 nucleotídeos de comprimento ou de cerca de 18 a cerca de 25 nucleotídeos de comprimento.

[0399] Em alguns métodos baseados em ácido nucleico para inibição de expressão gênica em plantas, um ácido nucleico adequado pode ser um análogo de ácido nucleico. Análogos de ácido nucleico podem ser modificados na porção de base, porção açúcar ou parte principal de fosfato para aprimorar, por exemplo, a estabilidade, hibridização ou solubilidade do ácido nucleico. Modificações na porção de base incluem deoxiuridina para para deoxitimidina e 5-metil-2’-deoxicitidina e 5-bromo-2’-deoxicitidina para deoxicitidina. Modificações da porção açúcar incluem modificação de 2’ hidroxila do açúcar ribose

para formar 2'-O-metil ou 2'-O-alil açúcares. A parte principal de deoxiribose fosfato pode ser modificada para produzir ácidos nucleicos de morfolino, nos quais cada porção de base é ligada a um anel de morfolino de seis elementos ou ácidos nucleicos peptídicos, nos quais a parte principal de deoxifosfato é substituída por uma parte principal pseudopeptídica e as quatro bases são retidas. Veja, por exemplo, Summerton e Weller (1997) *Antisense Nucleic Acid Drug Dev.*, 7: 187-195; Hyrup *et al*. (1996) *Bioorgan. Med. Chem.*, 4: 5-23. Além disso, a parte principal de deoxifosfato pode ser substituída, por exemplo, por uma parte principal de fosforotioato ou uma parte principal de fosforoditioato, uma parte principal de fosforamidita ou uma parte principal de alquil fosfotriéster.

B. Construtos/Vetores

[0400] Construtos recombinantes proporcionados aqui podem ser usados para transformar plantas ou células de planta de forma a modular os níveis de tolerância a baixo teor de nitrogênio. Um construto de ácido nucleico recombinante pode compreender um ácido nucleico que codifica um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio conforme descrito aqui operavelmente ligado a uma região regulatória adequada para expressão do polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio na planta ou célula. Assim, um ácido nucleico pode compreender uma sequência de codificação que codifica qualquer um dos polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio, conforme apresentado em SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 166, SEQ ID NO: 186, SEQ ID NO: 208, SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 234, SEQ ID NO: 246, SEQ

ID NO: 300, SEQ ID NO: 332, SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 510, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 646, SEQ ID NO: 687, SEQ ID NO: 730, SEQ ID NO: 746, SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 792, SEQ ID NO: 824, SEQ ID NO: 828, SEQ ID NO: 853, SEQ ID NO: 855, SEQ ID NO: 891, SEQ ID NO: 917, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 976, SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1054, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1116, SEQ ID NO: 1157, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1166, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1194, SEQ ID NO: 1210, SEQ ID NO: 1274, SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1342, SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1409, SEQ ID NO: 1428, SEQ ID NO: 1437, SEQ ID NO: 1463, SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1525, SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1554 e SEQ ID NO: 1577. Exemplos de ácidos nucleicos que codificam polipeptídeos que modulam a tolerância a baixo teor de nitrogênio são apresentados em SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 151, SEQ ID NO: 165, SEQ ID NO: 175, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 217, SEQ ID NO: 233, SEQ ID NO: 245, SEQ ID NO: 299, SEQ ID NO: 331, SEQ ID NO: 367, SEQ ID NO: 509, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 555, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 645, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 729, SEQ ID NO: 745, SEQ ID NO: 768, SEQ ID NO: 791, SEQ ID NO: 823, SEQ ID NO: 827, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 890, SEQ ID NO: 916, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 975, SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 1053, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1115, SEQ ID NO: 1156, SEQ ID NO: 1158, SEQ ID NO: 1165, SEQ ID NO: 1184, SEQ ID NO: 1193, SEQ ID NO: 1209, SEQ ID NO: 1273, SEQ ID NO: 1301, SEQ ID NO: 1341, SEQ ID NO: 1384, SEQ ID NO: 1408, SEQ ID NO: 1427, SEQ ID NO: 1462, SEQ ID NO: 1490, SEQ ID NO:

1509, SEQ ID NO: 1524, SEQ ID NO: 1536, SEQ ID NO: 1553 e SEQ ID NO: 1576. O polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio codificado por um ácido nucleico recombinante pode ser um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio nativo ou pode ser heterólogo à célula. Em alguns casos, o construto recombinante contém um ácido nucleico que inibe a expressão de um polipeptídeo que modula a tolerância a baixo teor de nitrogênio, operavelmente ligado a uma região regulatória. Exemplos de regiões regulatórias adequadas são descritos na seção intitulada "Regiões Regulatórias".

[0401] Vetores contendo construtos de ácido nucleico recombinantes, tais como aqueles descritos aqui, também são proporcionados. Partes principais de vetor adequadas incluem, por exemplo, aquelas rotineiramente usadas no campo, tais como plasmídeos, vírus, cromossomos artificiais, BACs, YACs ou PACs. Vetores de expressão adequados incluem, sem limitação, plasmídeos e vetores virais derivados, por exemplo, de bacteriófago, baculovírus e retrovírus. Numerosos vetores e sistemas de expressão estão comercialmente disponíveis de corporações tais como Novagen (Madison, WI), Clontech (Palo Alto, CA), Stratagene (La Jolla, CA) e Invitrogen/Life Technologies (Carlsbad, CA).

[0402] Os vetores fornecidos aqui também podem incluir, por exemplo, origens de replicação, regiões de fixação de andaime (Scaffold Attachment Regions - SARs) e/ou marcadores. Um gene marcador pode conferir um fenótipo selecionável a uma célula de planta. Por exemplo, um marcador pode conferir resistência a biocida, tal como resistência a um antibiótico (por exemplo, canamicina, G418, bleomicina ou higromicina) ou um herbicida

(por exemplo, glifosato, chlorsulfuron ou fosfinotricina). Além disso, um vetor de expresso pode incluir uma sequência de marcador criada para facilitar a manipulação ou detecção (por exemplo, purificação ou localização) do polipeptídeo expresso. Sequências de marcador, tais como sequências de marcador de luciferase, β-glucuronidase (GUS), proteína fluorescente verde (GFP), S-transferase de glutationa (GST), poli-histidina, c-myc, hemaglutinina ou Flag™ (Kodak, New Haven, CT) são, tipicamente, expressas como uma fusão com o polipeptídeo codificado. Tais marcadores podem ser inseridas em qualquer parte dentro do polipeptídeo, incluindo no amino ou carboxitérmino.

[0403] Em alguns casos, seleção por outros traços úteis é também realizada, por exemplo, seleção por resistência à doença fúngica ou bacteriana. Seleção por esses outros traços pode ser realizada antes, durante ou após identificação de plantas individuais que possuem o alelo polimórfico desejado.

VI. Artigos de Manufatura

[0404] As plantas transgênicas fornecidas aqui têm vários usos nas indústrias de produção de energia e agrícola. Por exemplo, plantas transgênicas descritas aqui podem ser usadas para produzir produtos alimentícios e ração para animais. Tais plantas, contudo, muitas vezes são particularmente úteis como um estoque de alimentação para a produção de energia.

[0405] As plantas transgênicas descritas aqui, frequentemente, produzem maiores rendimentos de grão e/ou biomassa por hectare com relação a plantas de controle que carecem do ácido nucleico exógeno. Em algumas modalidades, tais plantas transgênicas conferem biomassa e/ou rendimentos equivalentes ou

mesmo aumentados por hectare com relação a plantas de controle quando crescidas sob condições de insumos reduzidos, tais como fertilizantes e/ou água. Assim, tais plantas transgênicas podem ser usadas para conferir estabilidade de rendimento em um menor custo de insumos e/ou sob condições de estresse ambiental, tais como estiagem ou fontes limitadas de nitrogênio. Em algumas modalidades, as plantas descritas aqui têm uma composição que permite processamento mais eficaz em açúcares livres e subsequentemente etanol, para a produção de energia. Em algumas modalidades, tais plantas proporcionam maiores rendimentos de etanol, butanol, dimetil éter, outras moléculas biocombustíveis e/ou coprodutos derivados de açúcar por quilograma de material vegetal com relação a plantas de controle. Acredita-se que tais eficiências de processamento são derivadas da composição nitrogenosa do material vegetal. Proporcionando maiores rendimentos em um custo de produção equivalente ou mesmo diminuído, as plantas transgênicas descritas aqui aprimoram a adequabilidade para fazendeiros e produtores, bem como diminuem os custos para os consumidores.

[0406] Sementes de plantas transgênicas descritas aqui podem ser condicionadas e acondicionadas em material de embalagem através de meios conhecidos no campo para formar um artigo de manufatura. Material de embalagem, tais como papel e tecido, são bem-conhecidos no campo. Uma embalagem de sementes pode ter um rótulo, por exemplo, uma etiqueta ou rótulo preso ao material de embalagem, um rótulo impresso sobre o material de embalagem ou um rótulo inserido dentro da embalagem que descreve a natureza das sementes na mesma.

[0407] A invenção será ainda descrita nos exemplos a seguir,

os quais não limitam o escopo da invenção descrita nas reivindicações.

VII. Exemplos

Exemplo 1 – Plantas transgênicas Arabidopsis

[0408] Os símbolos a seguir são usados nos Exemplos com relação à transformação de *Arabidopsis*: T_1: transformante de primeira geração; T_2: segunda geração, prole de plantas T_1 autopolinizadas; T_3: terceira geração, prole de plantas T_2 autopolinizadas; T_4: quarta geração, prole de plantas T_3 autopolinizadas. Transformações independentes são referidas como eventos.

[0409] O seguinte é uma lista de ácidos nucleicos que foram isolados de plantas *Arabidopsis thaliana*, CeresClone: 29661 (SEQ ID NO: 1), CeresClone: 251343 (SEQ ID NO: 48), CeresClone: 19586 (SEQ ID NO: 76), CeresClone: 25136 (SEQ ID NO: 96), CeresClone: 1820 (SEQ ID NO: 99), CeresClone: 13102 (SEQ ID NO: 151), CeresClone: 15457 (SEQ ID NO: 165), Ceres Annot: 859276 (SEQ ID NO: 175), CeresClone: 17883 (SEQ ID NO: 185), CeresClone: 251590 (SEQ ID NO: 207), CeresClone: 4898 (SEQ ID NO: 217), CeresClone: 148977 (SEQ ID NO: 233), CeresClone: 24255 (SEQ ID NO: 245), CeresClone: 38432 (SEQ ID NO: 299), Ceres Annot: 553243 (SEQ ID NO: 331), CeresClone: 1011900 (SEQ ID NO: 367), CeresClone: 5232 (SEQ ID NO: 509), CeresClone: 29302 (SEQ ID NO: 532), CeresClone: 93971 (SEQ ID NO: 555), Ceres Annot: 12669619_cDNA (SEQ ID NO: 557), CeresClone: 21608 (SEQ ID NO: 592), CeresClone: 2031 (SEQ ID NO: 612), CeresClone: 94503 (SEQ ID NO: 645), CeresClone: 21740 (SEQ ID NO: 686), CeresClone: 5609 (SEQ ID NO: 729), CeresClone: 3137 (SEQ

ID NO: 745), CeresClone: 32430 (SEQ ID NO: 768), CeresClone: 101255 (SEQ ID NO: 791), Ceres Annot: 573161 (SEQ ID NO: 854), Ceres Annot: 552727 (SEQ ID NO: 890), CeresClone: 732 (SEQ ID NO: 1193), CeresClone: 2267 (SEQ ID NO: 1209), CeresClone: 39358 (SEQ ID NO: 1273), CeresClone: 115046 (SEQ ID NO: 1301), Ceres Annot: 850581 (SEQ ID NO: 1427), Ceres Annot: 862321 (SEQ ID NO: 1462), Ceres Annot: 839064 (SEQ ID NO: 1478), Ceres Annot: 864666 (SEQ ID NO: 1490), Ceres Annot: 875012 (SEQ ID NO: 1509), Ceres Annot: 874016 (SEQ ID NO: 1524), Ceres Annot: 827304 (SEQ ID NO: 1536), Ceres Annot: 869192 (SEQ ID NO: 1553) e Ceres Annot: 876419 (SEQ ID NO: 1576). O ácido nucleico designado Clone Ceres: 968180 (SEQ ID NO: 1115) foi isolado da espécie *Brassica napus*. O ácido nucleico designado Clone Ceres: 1017441 (SEQ ID NO: 224) foi isolado da espécie *Triticum aesticum*. O seguinte é uma lista de ácidos nucleicos que foram isolados de plantas *Zea mays*, CeresClone: 1387146 (SEQ ID NO: 981), CeresClone: 1408950 (SEQ ID NO: 1098, CeresClone: 208453 (SEQ ID NO: 1111), CeresClone: 208995 (SEQ ID NO: 943), CeresClone: 225681 (SEQ ID NO: 975), CeresClone: 239806 (SEQ ID NO: 916), CeresClone: 244306 (SEQ ID NO: 1053), CeresClone: 276809 (SEQ ID NO: 823), CeresClone: 324216 (SEQ ID NO: 852), CeresClone: 339439 (SEQ ID NO: 1341), CeresClone: 424522 (SEQ ID NO: 827), CeresClone: 896483 (SEQ ID NO: 1384), CeresClone: 986438 (SEQ ID NO: 1156), CeresClone: 988083 (SEQ ID NO: 1184), CeresClone: 995409 (SEQ ID NO: 1408), CeresClone: 996227 (SEQ ID NO: 1158) e CeresClone: 996263 (SEQ ID NO: 1165).

[0410] Com exceção do Clone Ceres: 29661 (SEQ ID NO: 1), cada ácido nucleico isolado descrito acima foi clonado em um

vetor de plasmídeo Ti, CRS338, contendo um gene de acetil-transferase de fosfinotricina, o qual confere resistência ao FINALE™ às plantas transformadas. Construtos foram feitos usando CRS338 que continha SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 151, SEQ ID NO: 165, SEQ ID NO: 175, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 217, SEQ ID NO: 233, SEQ ID NO: 245, SEQ ID NO: 299, SEQ ID NO: 331, SEQ ID NO: 367, SEQ ID NO: 509, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 555, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 645, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 729, SEQ ID NO: 745, SEQ ID NO: 768, SEQ ID NO: 791, SEQ ID NO: 823, SEQ ID NO: 827, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 890, SEQ ID NO: 916, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 975, SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 1053, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1115, SEQ ID NO: 1156, SEQ ID NO: 1158, SEQ ID NO: 1165, SEQ ID NO: 1184, SEQ ID NO: 1193, SEQ ID NO: 1209, SEQ ID NO: 1273, SEQ ID NO: 1301, SEQ ID NO: 1341, SEQ ID NO: 1384, SEQ ID NO: 1408, SEQ ID NO: 1427, SEQ ID NO: 1462, SEQ ID NO: 1490, SEQ ID NO: 1509, SEQ ID NO: 1524, SEQ ID NO: 1536, SEQ ID NO: 1553 ou SEQ ID NO: 1576, cada um operavelmente ligado a um promotor 35S. Clone Ceres: 29661 (SEQ ID NO: 1) foi clonado em um vetor de plasmídeo Ti, CRS 311, contendo um gene de acetiltransferase de fosfinotricina, o qual confere resistência ao FINALE™ às plantas transformadas. SEQ ID NO: 1 foi operavelmente ligado a um promotor p32449 nos construtos feitos usando o vetor CRS 331. Plantas *Arabidopsis thaliana* do ecotipo Wassilewskija (Ws) do tipo silvestre foram transformadas separadamente com cada construto. As transformações foram realizadas essencialmente conforme descrito em Bechtold *et al*. (1993) *C.R. Acad. Sci. Paris*, 316: 1194-1199.

[0411] Linhagens transgênicas de *Arabidopsis* contendo SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 151, SEQ ID NO: 165, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 217, SEQ ID NO: 233, SEQ ID NO: 245, SEQ ID NO: 299, SEQ ID NO: 331, SEQ ID NO: 367, SEQ ID NO: 509, SEQ ID NO: 532, SEQ ID NO: 555, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 592, SEQ ID NO: 612, SEQ ID NO: 645, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 729, SEQ ID NO: 745, SEQ ID NO: 768, SEQ ID NO: 791, SEQ ID NO: 823, SEQ ID NO: 827, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 890, SEQ ID NO: 916, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 975, SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 224, SEQ ID NO: 1053, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1115, SEQ ID NO: 1156, SEQ ID NO: 1158, SEQ ID NO: 1165, SEQ ID NO: 1184, SEQ ID NO: 1193, SEQ ID NO: 1209, SEQ ID NO: 1273, SEQ ID NO: 1301, SEQ ID NO: 1341, SEQ ID NO: 1384, SEQ ID NO: 1408, SEQ ID NO: 1427, SEQ ID NO: 1462, SEQ ID NO: 1478, SEQ ID NO: 1490, SEQ ID NO: 1509, SEQ ID NO: 1524, SEQ ID NO: 1536, SEQ ID NO: 1553, SEQ ID NO: 1576 ou SEQ ID NO: 175 foram designadas ME00919, ME01312, ME01463, ME01821, ME01910, ME02538, ME02603, ME02613, ME02801, ME03123, ME04204, ME04477, ME04507, ME04587, ME04753, ME04772, ME04909, ME05033, ME05194, ME05267, ME05300, ME05341, ME05392, ME05429, ME05493, ME05885, ME07344, ME07859, ME08464, ME09939, ME11735, ME12910, ME12927, ME12929, ME12954, ME12970, ME13006, ME13021, ME13064, ME13071, ME13087, ME13106, ME13107, ME13108, ME13110, ME13125, ME13149, ME13151, ME13153, ME13177, ME13200, ME13204, ME14649, ME16546, ME17457, ME17567, ME17932, ME17936, ME18275, ME18924, ME19182 ou ME20628, respectivamente. A presença de cada vetor contendo um ácido nucleico descrito acima na respectiva linhagem transgênica de *Arabi-*

dopsis transformada com o vetor foi confirmada pela resistência ao FINALE™, amplificação por PCR a partir de extrato de tecido verde da folha e/ou sequenciamento de produtos de PCR. Como controles, plantas *Arabidopsis* do ecotipo Ws do tipo silvestre foram transformadas com o vetor vazio, seja CRS338 ou CRS311.

Exemplo 2 – Triagem de plantas transgênicas tolerantes a condições de crescimento sob baixo teor de nitrogênio

[0412] Uma triagem quanto à tolerância a baixo teor de nitrogênio foi realizada sobre mudas de forma a identificar linhagens transgênicas que mostram eficiência de fotossíntese ou tamanho de muda ou verdor aumentado sob condições limitativas de nitrogênio com relação a plantas de controle interno. O meio usado para o ensaio de tolerância em baixo teor de nitrogênio continha 0,5% de sacarose, 0,5X MS sem meio de nitrogênio (PhytoTech), hidrato de MES a 0,05% e Phytagar a 0,8%. Além disso, para o ensaio com baixo teor de nitrato de amônio, NH_4NO_3 a 240 μM foi usado como fonte de nitrogênio. Para o ensaio com baixo teor de nitrato, a fonte de nitrogênio foi KNO_3 a 300 μM. O pH do meio foi ajustado para um pH de 5,7 usando KOH a 10N. Sementes esterilizadas foram colocadas sobre lâminas de ágar e estratificadas durante 2 dias no escuro a 4°C para promover uma germinação uniforme. Lâminas de ágar com mudas em germinação foram colocadas horizontalmente em uma câmara de crescimento CONVIRON® ajustada a 22°C, ciclo de claro:escuro de 16:8 horas, umidade de 70% com uma combinação de lâmpadas incandescentes e fluorescentes que emitem uma intensidade de luz de ~100 μEinsteins. As lâminas de controle foram colocadas aleatoriamente dentro da câmara. A triagem das

mudas começou diariamente a 14 dias. Nessa triagem, mudas que eram maiores ou mais verdes com relação aos controles internos sobre meio de crescimento com baixo teor de nitrogênio foram selecionadas. À medida que elas eram encontradas a cada dia, mudas candidatas foram assepticamente transplantadas para lâminas de germinação MS padrões para recuperação. Essa etapa de recuperação intermediária foi necessária antes de transplante para o solo a fim de minimizar a taxa global de mortalidade do candidato. A classificação e transplante dos candidatos foram continuados até que todas as plantas restantes estivessem pequenas e amareladas pelo estresse por nitrogênio. No início do último dia de classificação, cada lâmina foi verificada quanto à eficácia fotossintética (Fv/Fm) sobre o Imager por fluorescência de clorofila (CF) e classificada como candidatos e transplantadas e quaisquer plantas restantes extremas sobre a extremidade superior dos escores de Fv/Fm. A proporção Fv/Fm fornece, tipicamente, uma estimativa da eficiência máxima do fotossistema II (PSII) dentro do material adaptado ao escuro, onde Fv é a fluorescência variável, isto é, a diferença entre o sinal de fluorescência mínimo (Fo) e máximo (Fm) do material adaptado ao escuro. Isso poderia ser feito visualmente olhando na falsa imagem colorida para cada muda usando o software de análise CF Image (plantas com escores Fv/Fm na extremidade superior aparecem em vermelho). Essa etapa foi, tipicamente, feita ~24 dias após germinação. Sete dias após serem transferidos para as lâminas de recuperação MS, os candidatos foram transplantados para o solo (mistura padrão de Sunshine:vermiculita a 3:2; Osmocote; Marathon). Cinco dias após serem transplantados para o solo, os candidatos foram pulverizados com FINALE® [5 mL de FINALE®/48 oz. de água] para eliminar os não-

transgênicos da população. Dois dias após pulverização com FINALE®, tecido de folha caulina de cada candidato foi coletado para extração de DNA genômico, PCR e sequenciamento a fim de determinar a identidade do transgene para cada candidato.

Exemplo 3 – Ensaio de Validação em Lâmina

[0413] Esse ensaio foi criado para validar linhagens transgênicas que mostraram fotossíntese ou tamanho aumentado sob condições limitativas de nitrogênio com relação ao controle interno. O meio usado para o ensaio de tolerância a baixo teor de nitrogênio continha 0,5% de sacarose, 0,5X MS sem meio de nitrogênio (PhytoTech), hidrato de MES a 0,05% e Phytagar a 0,8%. O pH do meio foi ajustado para um pH de 5,7 usando KOH a 10N. Além disso, para o ensaio com baixo teor de nitrato de amônio, NH_4NO_3 a 240 μM foi usado como fonte de nitrogênio. Para o ensaio com baixo teor de nitrato, a fonte de nitrogênio foi KNO_3 a 300 μM. Sementes esterilizadas foram colocadas sobre lâminas de ágar e estratificadas durante 2 dias no escuro a 4°C para promover uma germinação uniforme. Lâminas de ágar com mudas em germinação foram colocadas horizontalmente em uma câmara de crescimento CONVIRON® ajustada a 22°C, ciclo de claro:escuro de 16:8 horas, umidade de 70% com uma combinação de lâmpadas incandescentes e fluorescentes que emitem uma intensidade de luz de ~100 μEinsteins. As lâminas de controle foram colocadas aleatoriamente dentro da câmara. As lâminas foram verificadas dia sim, dia não usando o CF Imager (após 45 minutos de aclimatação ao escuro) e foram desligadas após todas as plantas do tipo silvestre terem amarelado completamente. Após as lâminas serem verificadas no último dia, elas foram pulverizadas com FINALE® (10 mL de FINALE® em 48 oz. De meio

líquido MS de resistência total). Dois dias após pulverização, cada lâmina foi aclimatada ao escuro durante 45 minutos e verificadas quanto ao Fv/Fm sobre o CF Imager e classificadas quanto a cada uma das plantas em cada ponto de tempo. Para cada ponto de tempo distinto, os dados para todas as plantas transgênicas T_2 através de um evento foram agrupados e um t-teste uni-configurado foi usado para comparar as proporções Fv/Fm e áreas de roseta com relação aos dados das plantas não transgênicas agrupadas através da mesma lâmina. Sempre que possível, esse processo foi repetido para as plantas de geração T_3. Um candidato tolerante a baixo teor de nitrogênio foi confirmado quando a proporção Fv/Fm e/ou a área de roseta para a planta transgênica era maior do que os segregantes do tipo silvestre com um p-valor ≤ 0,05 em 2 ou mais eventos em ambas as gerações.

Exemplo 4 -Ensaio de Validação no Solo

[0414] Um experimento com baixo, médio e alto teor de nitrogênio sobre o solo foi realizado para avaliar as características fenotípicas em um ponto maduro no ciclo de vida de *Arabidopsis*, quando comparado com triagens de mudas. As linhagens a serem testadas foram originalmente identificadas através de triagens de superagrupamento quanto à tolerância a baixo teor de nitrato e baixo teor de nitrato de amônio. Essas linhagens foram depois individualmente ensaiadas como mudas sobre ágar com baixo teor de nitrato e baixo teor de nitrato de amônio. Para esse ensaio, solo MetroMix200 foi misturado com vermiculita e Marathon™ (mistura de MetroMix200:vermiculita a 3:2; Osmocote; Marathon) submetido à autoclave e esfriado an-

tes de uso. Plantas experimentais e controles foram aleatoriamente distribuídos através das lâminas. Antes de plantio da semente, cada vaso foi aguado com 3 L de água filtrada. Lâminas com 24 cavidades foram enchidas com o seguinte: proporções a 3:2 de MEtroMix200 a vermiculita Thermorock. No início do experimento, nenhum nitrogênio foi fornecido até 2 semanas após germinação, quando ¼ de Hoaglands suplementado com KNO_3 a 25 ppm, 250 ppm e 1500 ppm foi usado para aguar as lâminas por baixo.

[0415] Sementes foram estratificadas sobre o solo e no escuro a 4°C durante 3 dias. Após o tratamento com o frio, as lâminas foram transferidas para a câmara de crescimento. As plantas foram crescidas durante aproximadamente 5 semanas ou até totalmente crescidas/maduras. As plantas foram, então, aclimatadas ao escuro durante uma hora. Imagens por fluorescência de clorofila foram tomadas usando um CF-Imager (Technologica, Reino Unido) de acordo com o protocolo do fabricante para medir o desempenho e eficiência do fotossistema II: 1) Fv/Fm, eficiência máxima do fotossistema II 2) Fq'/Fm', eficiência de operação e 3) dissipação não-fotoquímica (NPQ).

[0416] Uma semana após aguagem com ¼ de Hoaglands suplementado com várias concentrações de KNO_3, medições da área de roseta da planta foram tomadas usando o software de formação de imagem WhinRhizo (Reagent Instruments, Canadá). As plantas foram, então, coletadas em envelopes de abacá, colocadas em um forno de secagem a 125 °C durante 1-2 dias e pesadas.

Exemplo 5 – Análise de Eventos ME00919

[0417] ME00919 contém Clone Ceres: 29661 (At3g61880, SEQ ID

NO: 1) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de citocroma P450 de 534 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME00919 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito no Exemplo 2. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -03, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME00919 sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio é mostrado na Tabela 1. Os eventos -01 e -03 segregaram 15:1 e 3:1 (R:S), respectivamente, para o FINALE™ na geração T_2. Eventos ME00919 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 1. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME00919	ME00919-01 (T_2)	0,65641304	46	0,595818	11	$2,48 \times 10^{-2}$

ME00919	ME00919-01 (T_3)	0,6634878 0	41	0,595818	11	$1,55 \times 10^{-2}$
ME00919	ME00919-03 (T_2)	0,6721219 5	41	0,634026	38	$3,35 \times 10^{-3}$
ME00919	ME00919-03 (T_3)	0,6927894 7	19	0,634026	38	$2,39 \times 10^{-5}$

[0418] Os eventos -01 e -03 de ME00919 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 6 – Análise de Eventos ME01312

[0419] ME01312 contém Clone Ceres: 251343 (At3g21270, SEQ ID NO: 48) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína do dedo de zinco Dof de 204 aminoácidos. O Clone Ceres: 251343 compartilha aproximadamente 40% de identidade de sequência com o gene Dof1 de milho o qual foi mostrado, quando superexpresso em *Arabidopsis*, que confere tolerância a plantas que recebem estresse por baixo nível de nitrogênio (Yanagisawa

et al., 2004). Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME01312 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -03 e -11, mostraram eficácia fotossintética significativamente intensificada sobre meio contendo baixo teor de nitrato ou baixo teor de nitrato de amônio após 16 e 17 dias, comparado com os controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. O evento -03 tinha um p-valor ligeiramente maior do que 0,05 na geração T_3 para a triagem em baixo teor de nitrato, significativo em $p \leq 0,10$. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME01312 sobre meio contendo baixo teor de nitrato ou baixo teor de nitrato de amônio é mostrado na Tabela 2. Os eventos -03 e -11 segregaram 3:1 (R:S), respectivamente, para o FINALE™ na geração T_2.

Tabela 2A. Comparação por t-teste de eficácia fotossintética entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 16 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME01312	ME01312-03 (T_2)	0,63	38	0,60	58	0,03

ME01312	ME01312-03 (T_3)	0,63	38	0,60	58	0,07
ME01312	ME01312-11 (T_2)	0,64	41	0,60	58	0,019
ME01312	ME01312-11 (T_3)	0,64	47	0,60	58	$9,89 \times 10^{-3}$

Tabela 2B. Comparação por t-teste de eficácia fotossintética entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 17 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME01312	ME01312-03 (T_2)	0,64	36	0,61	88	$2,64 \times 10^{-3}$
ME01312	ME01312-03 (T_3)	0,66	27	0,61	88	$1,87 \times 10^{-5}$
ME01312	ME01312-11 (T_2)	0,65	35	0,61	88	$7,06 \times 10^{-4}$
ME01312	ME01312-11 (T_3)	0,64	37	0,61	88	0,011

[0420] Os eventos -03 -11 de ME01312 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve re-

dução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 7 – Análise de Eventos ME01463

[0421] ME01463 contém Clone Ceres: 19586 (At1g80600, SEQ ID NO: 76) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma aminotransferase de acetilornitina de 457 aminoácidos, um membro da família de aminotransferase da Classe-III. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME01463 em duas gerações foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Três eventos, -02, -06 e -10, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME01463 é mostrado na Tabela 3. Os eventos -02, -06 e -10 segregaram 2:1, 2:1 e 3:1 (R:S), respectivamente, para o FINALE™ na geração T_2. Even-

tos ME01463 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada (dados não mostrados).

Tabela 3. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME01463	ME01463-02 (T_3)	0,6815	26	0,6376	122	$2,47 \times 10^{-4}$
ME01463	ME01463-02 (T_4)	0,6701	41	0,6376	122	$1,57 \times 10^{-3}$
ME01463	ME01463-06 (T_3)	0,6615	31	0,6376	122	$2,37 \times 10^{-2}$
ME01463	ME01463-06 (T_4)	0,6881	35	0,6376	122	$5,85 \times 10^{-6}$
ME01463	ME01463-10 (T_2)	0,6699	33	0,6376	122	$2,25 \times 10^{-3}$
ME01463	ME01463-10 (T_3)	0,6809	18	0,6376	122	$4,60 \times 10^{-4}$

[0422] Os eventos -02, -06 e -10 de ME01463 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta

7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 8 – Análise de Eventos ME01821

[0423] ME01821 contém Clone Ceres: 25136 (At1g65500, SEQ ID NO: 96) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 86 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME01821 na geração T_2 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Três eventos, -01, -04 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos na geração T_2. Dois eventos, -04 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos na geração T_2 a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME01821 é mostrado na Tabela 4.

Tabela 4A. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

	Transgênicas	Não transgênica	t-teste

				agrupadas		
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME01821	ME01821-01 (T_2)	0,6745	15	0,6520	33	$3,76 \times 10^{-2}$
ME01821	ME01821-04 (T_2)	0,6826	17	0,6614	14	$2,76 \times 10^{-2}$
ME01821	ME01821-05 (T_2)	0,6826	20	0,6614	14	$3,74 \times 10^{-2}$

Tabela 4B. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes

não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

				Não transgênica		
		Transgênicas		agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME01821	ME01821-04 (T_2)	0,7422	13	0,7166	21	$5,20 \times 10^{-3}$
ME01821	ME01821-04(T_2)	0,7426	19	0,7166	21	$6,07 \times 10^{-3}$
ME01821	ME01821-05 (T_2)	0,7426	19	0,7166	21	$6,07 \times 10^{-3}$

[0424] Um sumário do crescimento intensificado de eventos ME01812 sobre meio contendo baixo teor de nitrato ou baixo teor de nitrato de amônio é mostrado na Tabela 5. Para dois eventos -01 e -05, descobriu-se que mudas transgênicas eram significativamente maiores do que os segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio contendo

baixo teor de nitrato (Tabela 5A). Descobriu-se que mudas transgênicas de dois eventos -02 e -05 eram significativamente maiores do que os segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio (Tabela 5B). Nesse estudo, a área de muda para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem.

Tabela 5A. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME01821	ME01821-01 (T_2)	0,0608	15	0,0555	33	$3,97 \times 10^{-2}$
ME01821	ME01821-05 (T_2)	0,0666	20	0,0530	14	$3,05 \times 10^{-6}$

Tabela 5B. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agr		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME01821	ME01821-02 (T_2)	0,0750	19	0,0567	21	$8,94 \times 10^{-5}$
ME01821	ME01821-05 (T_2)	0,0680	19	0,0567	21	$7,89 \times 10^{-3}$

Exemplo 9 – Análise de Eventos ME01910

[0425] ME01910 contém Clone Ceres: 1820 (At2g30620, SEQ ID NO: 99) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína da família de histona H1 e H5 de 273 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME01910 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -02, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME01910 é mostrado na Tabela 6. Os eventos -01 e -02 segregaram 3:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME01910 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 6. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME01910	ME01910-01 (T_2)	0,60433	39	0,56396	27	$2,03 \times 10^{-2}$

ME01910	ME01910-01 (T_3)	0,61274	31	0,56396	27	$9,23 \times 10^{-3}$
ME01910	ME01910-02 (T_2)	0,62705	37	0,58083	29	$7,39 \times 10^{-3}$
ME01910	ME01910-02 (T_3)	0,64146	24	0,58083	29	$9,23 \times 10^{-4}$

[0426] Os eventos -01 e -02 de ME01910 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 10 – Análise de Eventos ME02538

[0427] ME02538 contém Clone Ceres: 13102 (At1g67920, SEQ ID NO: 151) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 67 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME02538 na geração T_2 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito no Exemplo 2. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, --04 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada com relação aos controles internos na geração T_2 sobre meio contendo

baixo teor de nitrato e nitrato de amônio a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME01821 é mostrado na Tabela 7.

Tabela 7A. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME02538	ME02538-04 (T_2)	0,6686	15	0,6171	24	$1,92 \times 10^{-4}$
ME02538	ME02538-05 (T_2)	0,6420	20	0,6171	24	$4,84 \times 10^{-2}$

Tabela 7B. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME02538	ME02538-04 (T_2)	0,7345	13	0,7080	22	$4,45 \times 10^{-3}$
ME02538	ME02538-05 (T_2)	0,7356	20	0,7080	22	$5,93 \times 10^{-3}$

[0428] Eventos ME02538 foram também testados quanto ao

crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Um sumário do ensaio de crescimento realizado sobre eventos ME01812 é mostrado na Tabela 8. Descobriu-se que mudas transgênicas de dois eventos -01 e -02 eram significativamente maiores do que os segregantes não-transgênicos agrupados sobre meio contendo baixo teor de nitrato (Tabela 8A) e baixo teor de nitrato de amônio (Tabela 8B).

Tabela 8A. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênica agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME02538	ME02538-01 (T_2)	0,0655	16	0,0558	36	$2,80 \times 10^{-4}$
ME02538	ME02538-02 (T_2)	0,0651	13	0,0601	20	$1,32 \times 10^{-2}$

Tabela 8B. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME02538	ME02538-01 (T_2)	0,0856	15	0,0737	39	$8,60 \times 10^{-3}$

ME02538	ME02538-02 (T_2)	0,0864	14	0,0776	22	$3,13 \times 10^{-2}$

Exemplo 11 – Análise de Eventos ME02603

[0429] ME02603 contém Clone Ceres: 15457 (At5g47610, SEQ ID NO: 165) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de ligação a íons de zinco de 166 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME02603 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME02603 é mostrado na Tabela 9. Os eventos -01 e -04 segregaram 3:1 (R:S) para FI-NALE™ na geração T_2. Plantas transgênicas de dois eventos -01 e -04 - foram também testadas quanto à eficácia fotossintética intensificada sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 9. Comparação por t-teste de eficácia fotossintética entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 17 dias (21 dias para a geração T_2 de ME02603-01) de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

	Transgênicas	Não transgênicas	t-teste

				agrupadas		
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME02603	ME02603-01 (T_2)	0,61	10	0,54	32	$9,00 \times 10^{-4}$
ME02603	ME02603-01 (T_3)	0,67	28	0,65	62	$6,11 \times 10^{-3}$
ME02603	ME02603-04 (T_2)	0,69	25	0,65	62	$4,45 \times 10^{-5}$
ME02603	ME02603-04 (T_3)	0,68	24	0,65	62	$7,53 \times 10^{-3}$

[0430] Os eventos -01 e -04 de ME02603 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 12 – Análise de Eventos ME02613

[0431] ME02613 contém Clone Ceres: 17883 (At3g13910, SEQ ID NO: 185) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 102 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME02613 na geração T_2 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas

dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Na geração T_2, dois eventos, -01 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos na geração T_2 a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Dois eventos, -03 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos na geração T_2 a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME02613 é mostrado na Tabela 10.

Tabela 10A. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME02613	ME02613-01 (T_2)	0,6979	16	0,6630	21	$1,45 \times 10^{-2}$
ME02613	ME02613-04 (T_2)	0,7046	13	0,6630	21	$5,73 \times 10^{-4}$

Tabela 10B. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME02613	ME02613-03 (T_2)	0,7270	9	0,7068	29	$4,34 \times 10^{-2}$
ME02613	ME02613-04 (T_2)	0,7485	15	0,7068	29	$7,09 \times 10^{-5}$

[0432] Um sumário do crescimento intensificado de eventos ME02613sobre meios contendo baixo teor de nitrato ou baixo teor de nitrato de amônio é mostrado na Tabela 11. For dois eventos -01 e -03, descobriu-se que mudas transgênicas eram significativamente maiores do que os segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio contendo baixo teor de nitrato (Tabela 11A). Descobriu-se que mudas transgênicas de dois eventos -02 e -03 eram significativamente maiores do que os segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio (Tabela 11B).

Tabela 11A. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas a padas		t-teste
Linhage	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME02613	ME02613-01 (T_2)	0,05706	16	0,05259	31	4,71 x 1
ME02613	ME02613-03 (T_2)	0,06236	12	0,05789	29	2,39 x 1

Tabela 11B. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME02613	ME02613-02 (T_2)	0,08324	14	0,07018	29	2,72 x 1
ME02613	ME02613-03 (T_2)	0,08273	9	0,07018	29	1,41 x 1

Exemplo 13 – Análise de Eventos ME02801

[0433] ME02801 contém Clone Ceres: 251590 (At3g53080, SEQ ID NO: 207) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 155 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME02801 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito no Exemplo 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -02 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME02801 é mostrado na Tabela 12. Os eventos -02 e -04 segregaram 3:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME02801 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato e eficiência fotossintética e crescimento intensificados sobre

meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 12. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME02801	ME02801-02 (T_2)	0,536385	39	0,465903	113	$5,49 \times 10^{-7}$
ME02801	ME02801-02 (T_3)	0,536465	43	0,465903	113	$5,11 \times 10^{-7}$
ME02801	ME02801-04 (T_2)	0,532419	31	0,465903	113	$1,28 \times 10^{-5}$
ME02801	ME02801-04 (T_3)	0,510406	32	0,465903	113	$1,74 \times 10^{-2}$

[0434] Os eventos -02 e -04 de ME02801 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 14 – Análise de Eventos ME03123

[0435] ME03123 contém Clone Ceres: 4898 (At1g29970, SEQ ID NO: 217) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 158 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME03123 em T_2 e/ou T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME03123 é mostrado na Tabela 13. Dois eventos, -01 e -10, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato ou baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos na geração T_2 ou T_3 a $p \leq 0,05$ usando um t-teste unicaudal configurado admitindo variância igual.

Tabela 13A. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas agrupadas		Não transgênicas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME03123	ME03123-01 (T_2)	0,6282	15	0,5732	26	$6,60 \times 10^{-5}$
ME03123	ME03123-10 (T_3)	0,6069	12	0,5732	26	$1,05 \times 10^{-2}$

Tabela 13B. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas

entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas agrupadas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME03123	ME03123-01 (T_2)	0,6736	17	0,6315	16	$1,74 \times 10^{-2}$
ME03123	ME03123-10 (T_3)	0,6699	20	0,6315	16	$1,60 \times 10^{-2}$

[0436] Eventos ME03123 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nesse ensaio, mudas transgênicas de ME03123-02 e ME03123-04 (T_2) foram eram significativamente maiores do que os segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato (Tabela 14).

Tabela 14. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME03123	ME03123-02	0,07235	19	0,05623	20	$1,41 \times 10^{-6}$

	(T_2)				
ME03123	ME03123-04 (T_3)	0,06571	7	0,05729	41	$7,74 \times 10^{-3}$

Exemplo 15 – Análise de Eventos ME04204

[0437] ME04204 contém Clone Ceres: 148977 (At1g78770, SEQ ID NO: 233) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de subunidade ciclossoma/complexo de promoção de anáfase de 159 aminoácidos. Contudo, também é possível que esse seja transcrito de variante natural produzido pela planta, porque múltiplas anotações para o *locus* At1g78770 foram encontradas em domínio público. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME04204 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME04204 é mostrado na Tabela 15. Os eventos -01 e -05 segregaram 3:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME04204 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 15. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas

entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linha-gem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor	
ME04204	ME04204-01 (T_2)	0,623676	34	0,585504	121	$2,15\ 10^{-4}$	x
ME04204	ME04204-01 (T_3)	0,627706	17	0,585504	121	$8,22\ 10^{-5}$	x
ME04204	ME04204-05 (T_2)	0,615857	35	0,585504	121	$9,41\ 10^{-3}$	x

[0438] Os eventos -01 e -05 de ME04204 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 16 – Análise de Eventos ME04477

[0439] ME04477 contém Clone Ceres: 24255 (At2g36320, SEQ ID

NO: 245) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de ligação a íons de zinco/ligação a DNA de 161 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME04477 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito no Exemplo 2. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada em baixo nitrato- contendo meio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME04477 é mostrado na Tabela 16. Os eventos -01 e -05 segregaram 3:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME04477 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 16. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME0420	ME04204-01	0,623676	34	0,585504	121	2,15 x

4	(T_2)					10^{-4}	
ME0420 4	ME04204-01 (T_3)	0,627706	17	0,585504	121	8,22 10^{-5}	x
ME0420 4	ME04204-05 (T_2)	0,615857	35	0,585504	121	9,41 10^{-3}	x
ME0420 4	ME04204-05 (T_3)	0,611419	43	0,585504	121	1,25 10^{-2}	x

[0440] Os eventos -01 e -05 de ME04477 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 17 – Análise de Eventos ME04507s

[0441] ME04507 contém Clone Ceres: 38432 (At4g38250, SEQ ID NO: 299) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína transportadora de aminoácido transmembrana de 436 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME04507 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito no Exemplo 2. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas

transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -03 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME04507 é mostrado na Tabela 17. Os eventos -03 e -04 segregaram 15:1 e 3:1 (R:S), respectivamente, para o FINALE™ na geração T_2. Eventos ME04507 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 17. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor	
ME04507	ME04507-03 (T_2)	0,57753	40	0,53084	103	$4,90\ 10^{-4}$	x
ME04507	ME04507-03 (T_3)	0,56318	39	0,53084	103	$2,64\ 10^{-2}$	x
ME04507	ME04507-04 (T_2)	0,57708	38	0,53084	103	$6,12\ 10^{-3}$	x

							2,35	x
ME04507	ME04507-04 (T_3)	0,57277	22	0,53084		103	10^{-2}	

[0442] Os eventos -03 e -04 de ME04507 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 18 – Análise de Eventos ME04587

[0443] ME04587 contém Ceres Annot: 553243 (At2g27010, SEQ ID NO: 331) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de citocroma P450 de 516 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME04587 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito no Exemplo 2. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -02, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste

uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME04587 é mostrado na Tabela 18. Na geração T_2, os eventos -01 e -02 segregaram 1:1 e 47:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™. Esses dois eventos segregaram 2:1 e 7:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE® na geração T_3 .

Tabela 18. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME04587	ME04587-01 (T_2)	0,6424	10	0,5437	30	$2,48 \times 10^{-3}$
ME04587	ME04587-01 (T_3)	0,6165	25	0,5437	30	$1,24 \times 10^{-2}$
ME04587	ME04587-02 (T_2)	0,6022	47	0,5437	30	$3,08 \times 10^{-2}$
ME04587	ME04587-02 (T_3)	0,6310	43	0,5437	30	$3,68 \times 10^{-3}$

[0444] Eventos ME04587 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Além disso, esses eventos foram testados sobre meio com baixo teor de nitrato com relação à área de muda e

eficácia fotossintética aumentadas. Nenhuma diferença estatisticamente significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

[0445] Os eventos -01 e –02 de ME04587 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 19 – Análise de Eventos ME04753

[0446] ME04753 contém Clone Ceres: 1011900 (At2g21660, SEQ ID NO: 367) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de ligação a RNA rica em glicina de 130 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME04753 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -02, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando

um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME04753 é mostrado na Tabela 19. Os eventos -01 e -02 segregaram 3:1 e 2:1, respectivamente (R:S), para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME04753 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 19. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor	
ME04753	ME04753-01 (T_2)	0,49323	39	0,45917	66	3,17 10^{-2}	x
ME04753	ME04753-01 (T_3)	0,50942	26	0,45917	66	1,80 10^{-2}	x
ME04753	ME04753-02 (T_2)	0,49856	34	0,45917	66	2,43 10^{-2}	x
ME04753	ME04753-02 (T_3)	0,51274	27	0,45917	66	1,15 10^{-2}	x

[0447] Os eventos -01 e -02 de ME04753 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve

redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 20 – Análise de Eventos ME04772

[0448] ME04772 contém Clone Ceres: 5232 (At1g13380, SEQ ID NO: 509) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 188 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME04772 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito no Exemplo 2. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -02 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME04772 é mostrado na Tabela 20. Os eventos -02 e -04 segregaram 2:1 e 3:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2. Eventos ME04772 foram também testados quanto ao crescimento intensificado so-

bre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 20. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME04772	ME04772-02 (T_2)	0,53708	25	0,46204	53	$3,36 \times 10^{-5}$
ME04772	ME04772-02 (T_3)	0,53121	34	0,46204	53	$1,27 \times 10^{-4}$
ME04772	ME04772-04 (T_2)	0,52921	34	0,46204	53	$3,71 \times 10^{-4}$
ME04772	ME04772-04 (T_3)	0,50272	36	0,46204	53	$2,73 \times 10^{-2}$

[0449] Os eventos -02 e -04 de ME04772 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias

pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 21 – Análise de Eventos ME04772

[0450] ME04909 contém Clone Ceres: 29302 (At1g49010, SEQ ID NO: 532) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína com domínio de ligação a DNA Myb-like de 314 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME04909 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -03, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME04909 é mostrado na Tabela 21. Os eventos -01 e -03 segregaram 15:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME04909 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 21. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME04909	ME04909-01 (T_2)	0,587774	3 1	0,550342	111	$1,36 \times 10^{-2}$
ME04909	ME04909-01 (T_3)	0,607452	3 1	0,550342	111	$1,28 \times 10^{-3}$
ME04909	ME04909-03 (T_2)	0,581537	4 1	0,550342	111	$1,8 \times 10^{-2}$
ME04909	ME04909-03 (T_3)	0,609806	3 1	0,550342	111	$4,3 \times 10^{-5}$

[0451] Os eventos -01 e -03 de ME04909 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 22 – Análise de Eventos ME05033

[0452] ME05033 contém Clone Ceres: 93971 (At4g19095, SEQ ID NO: 555) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína

de 188 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME05033 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito no Exemplo 2. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -03 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME05033 é mostrado na Tabela 22. Os eventos -03 e -05 segregaram 15:1 e 2:1, respectivamente (R:S), para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME05033 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 22. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME05033	ME05033-03 (T_2)	0,65717	46	0,62621	132	$9,20 \times 10^{-5}$

ME05033	ME05033-03 (T_3)	0,64956	39	0,62621	132	$4,52 \times 10^{-3}$
ME05033	ME05033-05 (T_2)	0,64448	29	0,62621	132	$3,46 \times 10^{-2}$
ME05033	ME05033-05 (T_3)	0,65537	30	0,62621	132	$2,38 \times 10^{-4}$

Os eventos -03 e -05 de ME05033 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 23 – Análise de Eventos ME05194

[0453] ME05194 contém Ceres cDNA:12669619 (At1g30710, SEQ ID NO: 557) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína transportadora de elétrons de 531 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME05194 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Dois eventos, -03 e -05, mostraram crescimento significativamente intensificado sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo

variância igual. Nesse estudo, a área de muda a 14 dias para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem. Um sumário do crescimento intensificado sob condições de crescimento com baixo teor de nitrato de mudas ME05194 é mostrado na Tabela 23. Os eventos -03 e -05 segregaram 1:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME05194 foram também testados quanto à eficiência fotossintética aumentada sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 23. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor	
ME05194	ME05194-03 (T_2)	0,051216	38	0,040874	82	$2,54\ 10^{-5}$	x
ME05194	ME05194-03 (T_3)	0,047042	45	0,040874	82	$2,61\ 10^{-2}$	x
ME05194	ME05194-05 (T_2)	0,048746	26	0,040874	82	$6,15\ 10^{-3}$	x
ME05194	ME05194-05 (T_3)	0,048457	14	0,040874	82	$3,03\ 10^{-2}$	x

[0454] Os eventos -03 e -05 de ME05194 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 24 – Análise de Eventos ME05267

[0455] ME05267 contém Clone Ceres: 21608 (At5g49510, SEQ ID NO: 592) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de ligação de von Hippel-Lindau de 195 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME05267 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Dois eventos, -01 e -04, mostraram crescimento significativamente intensificado sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Nesse estudo, a área de muda a 14 dias para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem. Um sumário do crescimento intensificado sob condições de crescimento em baixo teor de nitrato de mudas ME05194 é mostrado na Tabela 24. Os eventos -01 e -04 segregaram 15:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME05267

foram também testados quanto à eficiência fotossintética aumentada sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 24. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor	
ME05267	ME05267-01 (T_2)	0,053263	46	0,0450197	122	$4,4\ 10^{-5}$	x
ME05267	ME05267-01 (T_3)	0,051135	26	0,0450197	122	$5,0\ 10^{-2}$	x
ME05267	ME05267-04 (T_2)	0,049977	44	0,0450197	122	$6,4\ 10^{-3}$	x
ME05267	ME05267-04 (T_3)	0,053084	38	0,0450197	122	$8,4\ 10^{-4}$	x

[0456] Os eventos -01 e -04 de ME05267 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve

diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 25 – Análise de Eventos ME05300

[0457] ME05300 contém Clone Ceres: 2031 (At1g72020, SEQ ID NO: 612) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 97 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME05300 na geração T_2 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME05300 é mostrado na Tabela 25. Dois eventos, -04 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato e baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos na geração T_2 a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Além disso, dois eventos, -01 e -05, mostraram crescimento significativamente intensificado sobre meio contendo baixo teor de nitrato e baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos na geração T_2 a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Nesse estudo, a área de muda para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a

área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem. Um sumário do crescimento intensificado sob condições de crescimento com baixo teor de nitrato e baixo teor de nitrato de amônio de mudas ME05300 é mostrado na Tabela 26.

Tabela 25A. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME05300	ME05300-04 (T_2)	0,6867	7	0,6488	27	$1,65 \times 10^{-2}$
ME05300	ME05300-05 (T_2)	0,6839	16	0,6488	27	$2,50 \times 10^{-3}$

Tabela 25B. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor

ME05300	ME05300-04 (T_2)	0,6767	6	0,6323	32	1,68 x 10^{-2}
ME05300	ME05300-05 (T_2)	0,6934	11	0,6323	32	7,04 x 10^{-4}

Tabela 26A. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME05300	ME05300-01 (T_2)	0,0737	18	0,0588	21	3,80 x 10^{-3}
ME05300	ME05300-05 (T_2)	0,0655	16	0,0570	27	1,59 x 10^{-2}

Tabela 26B. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME05300	ME05300-01 (T_2)	0,0987	17	0,0776	29	3,89 x 10^{-3}

ME05300	ME05300-05 (T_2)	0,1082	11	0,0776	29	1,57 x 10^{-3}	

Exemplo 26 – Análise de ME05341

[0458] ME05341 contém Clone Ceres: 94503 (At4g14420, SEQ ID NO: 645) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína estimulante-like de 158 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME05341 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Dois eventos, -01 e -02, mostraram crescimento significativamente intensificado sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Nesse estudo, a área de muda a 14 dias para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME05341 é mostrado na Tabela 27. Os eventos -01 e -02 segregaram 15:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME05341 foram também testados quanto à eficiência fotossintética aumentada sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 27. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste

Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME05341	ME05341-01 (T_2)	0,06253	46	0,04988	143	$4,17 \times 10^{-10}$
ME05341	ME05341-01 (T_3)	0,05876	38	0,04988	143	$4,13 \times 10^{-4}$
ME05341	ME05341-02 (T_2)	0,06152	46	0,04988	143	$2,91 \times 10^{-7}$
ME05341	ME05341-02 (T_3)	0,05572	48	0,04988	143	$2,90 \times 10^{-3}$

[0459] Os eventos -01 e -02 de ME05341 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 27 – Análise de Eventos ME05392

[0460] ME05392 contém Clone Ceres: 21740 (At5g01610, SEQ ID NO: 686) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 170 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME05392 em T_2 e T_3 foi

conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -03, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME05392 é mostrado na Tabela 20. Os eventos -01 e -03 segregaram 2:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME05392 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 28. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME05392	ME05392-01 (T_2)	0,61759	32	0,60093	107	$3,70 \times 10^{-2}$
ME05392	ME05392-01 (T_3)	0,63388	40	0,60093	107	$5,05 \times 10^{-5}$
ME05392	ME05392-03 (T_2)	0,64335	23	0,60093	107	$5,81 \times$

						10^{-5}	
ME05392	ME05392-03 (T_3)	0,63397	36	0,60093	107	4,30 10^{-5}	x

[0461] Os eventos -01 e -03 de ME05392 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 28 – Análise de Eventos ME05429

[0462] ME05429 contém Clone Ceres: 5609 (At3g60480, SEQ ID NO: 729) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 188 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME05429 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -06 e -08, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um

t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME05429 é mostrado na Tabela 29. Os eventos -06 e -08 segregaram 3:1 e 2:1, respectivamente (R:S), para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME05429 foram testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Além disso, esses eventos foram também testados quanto ao crescimento intensificado e eficácia fotossintética sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 29. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME05429	ME05429-06 (T_2)	0,62521	28	0,59991	78	$2,85 \times 10^{-2}$
ME05429	ME05429-06 (T_3)	0,63031	39	0,59991	78	$8,49 \times 10^{-3}$
ME05429	ME05429-08 (T_2)	0,64526	23	0,59991	78	$1,67 \times 10^{-3}$
ME05429	ME05429-08 (T_3)	0,65076	17	0,59991	78	$2,76 \times 10^{-4}$

[0463] Os eventos -06 e -08 de ME05429 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 29 – Análise de Eventos ME05493

[0464] ME05493 contém Clone Ceres: 3137 (At3g43430, SEQ ID NO: 745) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína da família do dedo de zinco de 169 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME05493 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME05493 é mostrado na Tabela 30. Os eventos -01 e -05 segregaram 15:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME05493 foram também testados quanto ao

crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 30. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor	
ME05493	ME05493-01 (T_2)	0,64121	32	0,61097	92	$1,13\ 10^{-3}$	x
ME05493	ME05493-01 (T_3)	0,64250	46	0,61097	92	$3,03\ 10^{-4}$	x
ME05493	ME05493-05 (T_2)	0,62865	43	0,61097	92	$1,75\ 10^{-2}$	x
ME05493	ME05493-05 (T_3)	0,63936	42	0,61097	92	$1,21\ 10^{-4}$	x

[0465] Os eventos -01 e -05 de ME05493 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias

pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 30 – Análise de Eventos ME05885

[0466] ME05885 contém Clone Ceres: 32430 (At1g16170, SEQ ID NO: 768) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 92 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME05885 na geração T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME05885 é mostrado na Tabela 31. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato e baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos na geração T_3 a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual.

Tabela 31A. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor

ME05885	ME05885-01 (T_3)	0,6759	12	0,6533	28	$4,32x10^{-2}$
ME05885	ME05885-05 (T_3)	0,6831	7	0,6530	52	$3,68x10^{-6}$

Tabela 31B. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME05885	ME05885-01 (T_3)	0,6490	13	0,6135	30	$3,06 \times 10^{-2}$
ME05885	ME05885-05 (T_3)	0,6810	9	0,6133	43	$6,77 \times 10^{-5}$

[0467] Eventos ME05885 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato e baixo teor de nitrato de amônio. Um sumário do crescimento intensificado sob condições de crescimento sob baixo teor de nitrato e baixo teor de nitrato de amônio de mudas ME05885 na geração T_3 é mostrado na Tabela 32. Dois eventos, -03 e -05, mostraram crescimento significativamente intensificado sobre meio contendo baixo teor de nitrato. Dois eventos, -02 e -05, mostraram crescimento significativamente intensificado sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Nesse estudo, a área de muda para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem.

Tabela 32A. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME05885	ME05885-03 (T_3)	0,06245	6	0,05286	14	$1,42 \times 10^{-2}$
ME05885	ME05885-05 (T_3)	0,05893	7	0,04725	12	$5,61 \times 10^{-3}$

Tabela 32B. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME05885	ME05885-02 (T_3)	0,0744	14	0,05595	6	$3,28 \times 10^{-5}$
ME05885	ME05885-05 (T_3)	0,0753	9	0,06179	11	$5,08 \times 10^{-3}$

Exemplo 31 – Análise de Eventos ME07344

[0468] ME07344 contém Clone Ceres: 101255 (At2g19810, SEQ ID NO: 791) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína do dedo de zinco do tipo CCCH de 359 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME07344 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito no Exemplo 4. Nesse estudo, a 4ª folha verdadeira de

cada planta foi coletada no dia 38 e analisada sobre o CF Imager quanto a seu valor de Fv/Fm. Plantas transgênicas dentro de um evento foram comparadas com todas as plantas transgênicas, incluindo os segregantes não-transgênicos e controles externos. Dois eventos, -02 e -03, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME07344 é mostrado na Tabela 33. Os eventos -02 e -03 segregaram 3:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME07344 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 33. Comparação por t-teste de eficácia fotossintética entre plantas transgênicas e controles não transgênicos após 38 dias de crescimento sobre solo pobre de nitrogênio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME07344	ME07344-02 (T_2)	0,752	17	0,729	50	$2,86 \times 10^{-4}$
ME07344	ME07344-02 (T_3)	0,750	16	0,729	50	$1,11 \times 10^{-4}$
ME07344	ME07344-03 (T_2)	0,741	13	0,729	50	0,018
ME07344	ME07344-03 (T_3)	0,754	17	0,729	50	$4,62 \times 10^{-6}$

[0469] Os eventos -02 e -03 de ME07344 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 32 – Análise de Eventos ME07859

[0470] ME07859 contém Clone Ceres: 276809 (SEQ ID NO: 823) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína desaturase de esterol de 135 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME07859 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -02 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME07859 é mostrado na Tabela 34. Os eventos -02 e -04 segregaram 1:1 e 2:1, respectivamente (R:S), para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME07859 foram também testados quanto ao

crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato, bem como quanto ao crescimento e eficiência fotossintética intensificados sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 34. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME07859	ME07859-02 (T_2)	0,6598	24	0,6378	127	0,03
ME07859	ME07859-02 (T_3)	0,6825	14	0,6378	127	$1,3 \times 10^{-3}$
ME07859	ME07859-04 (T_2)	0,6539	33	0,6378	127	0,05
ME07859	ME07859-04 (T_3)	0,6601	17	0,6378	127	0,05

[0471] Os eventos -02 e -04 de ME07859 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles

quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 33 – Análise de Eventos ME08464

[0472] ME08464 contém Clone Ceres: 424522 (SEQ ID NO: 827) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína de 500 aminoácidos desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME08464 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -02 e -03, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME07859 é mostrado na Tabela 35. Os eventos -02 e -03 segregaram 3:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2. Eventos ME08464 foram também testados quanto à eficiência fotossintética aumentada sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 35. Comparação por t-teste de eficácia fotossintética entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 15 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

	Transgênicas	Controles não transgênicos	t-teste

Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME08464	ME08464-02 (T_2)	0,65	41	0,62	40	0,015
ME08464	ME08464-02 (T_3)	0,67	32	0,62	40	$2,32 \times 10^{-4}$
ME08464	ME08464-03 (T_2)	0,65	43	0,62	40	0,013
ME08464	ME08464-03 (T_3)	0,65	42	0,62	40	$6,85 \times 10^{-3}$

[0473] Os eventos -02 e -03 de ME08464 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 34 – Análise de Eventos ME09939

[0474] ME09939 contém Clone Ceres: 324216 (SEQ ID NO: 852) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína de 38 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME09939 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com

segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -04 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME09939 é mostrado na Tabela 36.

[0475] Os eventos -04 e -05 segregaram 15:1 e 3:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0476] Eventos ME09939 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 36. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME09939	ME09939-04 (T_2)	0,49285	40	0,38571	72	0,05
ME09939	ME09939-04 (T_3)	0,50697	34	0,38571	72	$3,50 \times 10^{-2}$
ME09939	ME09939-05 (T_2)	0,53487	39	0,47492	24	$1,19 \times 10^{-2}$
ME09939	ME09939-05 (T_3)	0,55341	32	0,47492	24	$1,82 \times 10^{-3}$

4

[0477] Os eventos -04 e -05 de ME09939 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 35 – Análise de Eventos ME11735

[0478] ME11735 contém Ceres Annot: 573161 (At5g43260, SEQ ID NO: 854) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína chaperona DnaJ-relacionada de 97 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME11735 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Um sumário do crescimento intensificado de eventos ME11735 sobre meio contendo baixo teor de nitrato é mostrado na Tabela 37. Nesse estudo, a área de muda para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem. Descobriu-se que dois eventos, -04 e -05, eram significativamente maiores do que os segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em

ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Eventos ME11735 foram também testados quanto à eficiência fotossintética aumentada sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada. Os eventos -04 e -05 segregaram 40:1 e 4:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

Tabela 37. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME11735	ME11735-04 (T_2)	0,05820	41	0,04994	127	$5,91 \times 10^{-5}$
ME11735	ME11735-04 (T_3)	0,05553	42	0,04994	127	$1,26 \times 10^{-2}$
ME11735	ME11735-05 (T_2)	0,05788	37	0,04994	127	$1,59 \times 10^{-3}$
ME11735	ME11735-05 (T_3)	0,06011	13	0,04994	127	$1,64 \times 10^{-2}$

[0479] Os eventos -04 e -05 de ME11735 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve

diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 36 – Análise de Eventos ME12910

[0480] ME12910 contém Ceres Annot: 552727 (At2g22930, SEQ ID NO: 890) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína da família de UDP-glucoronosil e UDP-glucosil transferase de 442 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME12910 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -03 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME12910 é mostrado na Tabela 38. Eventos ME12910 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 38. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME12910	ME12910-03 (T_2)	0,5851	39	0,5191	29	$1,54 \times 10^{-3}$
ME12910	ME12910-03 (T_3)	0,5861	22	0,5191	29	$2,17 \times 10^{-3}$
ME12910	ME12910-05 (T_2)	0,5523	44	0,4251	7	$1,23 \times 10^{-2}$
ME12910	ME12910-05 (T_3)	0,5600	42	0,4251	7	$9,62 \times 10^{-3}$

[0481] Os eventos -03 e -05 segregaram 3:1 e 15:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0482] Os eventos -03 e -05 de ME12910 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 37 – Análise de Eventos ME12927

[0483] ME12927 contém Clone Ceres: 239806 (SEQ ID NO: 916) de *Zea mays*, o qual codifica uma região aminoterminal de lipoproteína de 201 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME12927 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Três eventos, -02, -03 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$, usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME12927 é mostrado na Tabela 39.

Tabela 39. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME12927	ME12927-02 (T_2)	0,60843	44	0,47813	8	$4,88 \times 10^{-3}$
ME12927	ME12927-02 (T_3)	0,60867	36	0,47813	8	$5,23 \times 10^{-3}$
ME12927	ME12927-03 (T_2)	0,61906	32	0,57929	38	$8,96 \times 10^{-3}$
ME12927	ME12927-03 (T_3)	0,63437	19	0,57929	38	$5,35 \times 10^{-4}$

ME12927	ME12927-05 (T_2)	0,60581	43	0,53982	22	7,26 x 10^{-3}
ME12927	ME12927-05 (T_3)	0,63145	29	0,53982	22	5,83 x 10^{-4}

[0484] Os eventos ME12927 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Um sumário do crescimento intensificado de eventos ME11735 sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio é mostrado na Tabela 40. Nesse estudo, a área de muda para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem. Descobriu-se que três eventos, -02, -03 e -05, eram significativamente maiores do que os segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$, usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual.

Tabela 40. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME12927	ME12927-02 (T_2)	0,066920	44	0,056585	117	1,65 x 10^{-4}
ME12927	ME12927-02 (T_3)	0,062119	36	0,056585	117	3,51 x 10^{-2}

ME12927	ME12927-03 (T_2)	0,068972	32	0,056585	117	1,18 10^{-5}	x
ME12927	ME12927-03 (T_3)	0,063716	19	0,056585	117	1,98 10^{-2}	x
ME12927	ME12927-05 (T_2)	0,069972	43	0,056585	117	4,25 10^{-6}	x
ME12927	ME12927-05 (T_3)	0,064014	29	0,056585	117	8,49 10^{-3}	x

[0485] Os eventos 02, -03 e -05 segregaram 15:1, 2:1 e 15:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0486] Os eventos 02, -03 e -05 de ME12927 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente) na geração T_1.

Exemplo 38 – Análise de Eventos ME12929

[0487] ME12929 contém Clone Ceres: 208995 (SEQ ID NO: 943) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína de 94 aminoácidos de

função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME12929 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -03 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME12929 é mostrado na Tabela 41. Eventos ME12929 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

[0488] Os eventos -03 e -04 segregaram 1:1 e 3:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

Tabela 41. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME12929	ME12929-03 (T_2)	0,6410	33	0,5736	24	$9,44 \times 10^{-4}$
ME12929	ME12929-03 (T_3)	0,6610	41	0,5736	24	$4,38 \times 10^{-5}$

ME12929	ME12929-04 (T_2)	0,6544	47	0,5790	9	$3,68 \times 10^{-2}$
ME12929	ME12929-04 (T_3)	0,6663	43	0,5790	9	$2,15 \times 10^{-2}$

[0489] Os eventos -03 e -04 de ME12929 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 39 – Análise de Eventos ME12954

[0490] ME12954 contém Clone Ceres: 225681 (SEQ ID NO: 975) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína de 286 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME12954 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Dois eventos, -04 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgê-

nicos agrupados através da mesma lâmina. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME12954 é mostrado na Tabela 42.

Tabela 42. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor	
ME12954	ME12954-04 (T_2)	0,6236	40	0,5973	152	$6,61\ 10^{-3}$	x
ME12954	ME12954-04 (T_3)	0,6200	39	0,5973	152	$1,97\ 10^{-2}$	x
ME12954	ME12954-05 (T_2)	0,6280	45	0,5973	152	$1,79\ 10^{-2}$	x
ME12954	ME12954-05 (T_3)	0,6315	35	0,5973	152	$2,85\ 10^{-2}$	x

[0491] Eventos ME12954 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Um sumário do crescimento intensificado de eventos ME12954 sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio é mostrado na Tabela 43. Nesse estudo, a área de muda para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem. Descobriu-se que dois eventos, -02 e -04, eram significativamente maiores do que os segregantes

não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$, usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual.

Tabela 43. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor	
ME12954	ME12954-02 (T_2)	0,06883	31	0,05579	152	$1,86\ 10^{-5}$	x
ME12954	ME12954-02 (T_3)	0,06604	26	0,05579	152	$1,48\ 10^{-3}$	x
ME12954	ME12954-04 (T_2)	0,06469	40	0,05579	152	$1,95\ 10^{-4}$	x
ME12954	ME12954-04 (T_3)	0,06301	39	0,05579	152	$3,32\ 10^{-3}$	x

[0492] Os eventos -02, -04 e -05 segregaram 2:1, 3:1 e 15:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0493] Os eventos -02, -04 e -05 de ME12954 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não

houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 40 – Análise de Eventos ME12970

[0494] ME12970 contém Clone Ceres: 1387146 (SEQ ID NO: 981) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína contendo domínio C2 de 147 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME12970 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Dois eventos, -02 e -03, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME12970 é mostrado na Tabela 44. Eventos ME12970 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 44. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas

entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fm/Fv	n	Fm/Fv	n	p-valor
ME12970	ME12970-02 (T_2)	0,55136	44	0,52401	108	$3,78 \times 10^{-2}$
ME12970	ME12970-02 (T_3)	0,58305	43	0,52401	108	$1,89 \times 10^{-5}$
ME12970	ME12970-03 (T_2)	0,58759	37	0,52401	108	$2,14 \times 10^{-6}$
ME12970	ME12970-03 (T_3)	0,59131	29	0,52401	108	$3,05 \times 10^{-6}$

[0495] Os eventos -02 e -03 segregaram 15:1 e 3:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0496] Os eventos -02 e -03 de ME12970 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles

quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 41 – Análise de Eventos ME13006

[0497] ME13006 contém Clone Ceres: 1017441 (SEQ ID NO: 224) de *Triticum aestivum*, o qual codifica um polipeptídeo de 143 aminoácidos, previsto como sendo um homólogo do Clone Ceres: 4898 (ME03123, SEQ ID NO: 217). Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13006 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -03, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13006 é mostrado na Tabela 45. Eventos ME13006 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 45. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Não transgênicas	
	Transgênicas	agrupadas	t-teste

Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME13006	ME13006-01 (T_2)	0,0777	42	0,0648	7	$3,29 \times 10^{-2}$
ME13006	ME13006-01 (T_3)	0,0660	28	0,0540	19	$1,49 \times 10^{-3}$
ME13006	ME13006-03 (T_2)	0,0706	21	0,0601	29	$4,83 \times 10^{-3}$
ME13006	ME13006-03 (T_3)	0,0758	14	0,0617	33	$2,60 \times 10^{-3}$

[0498] Os eventos -01 e -03 segregaram 3:1 e 1:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0499] Os eventos -01 e -03 de ME13006 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 42 – Análise de Eventos ME13021

[0500] ME13021 contém Clone Ceres: 244306 (SEQ ID NO: 1053)

de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína da família de chaperonina TCP-1/cpn60 de 572 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13021 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -04 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13021 é mostrado na Tabela 46. Eventos ME13021 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 46. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor	
ME13021	ME13021-04 (T_2)	0,56697	39	0,49440	10	$2,47\ 10^{-2}$	x
ME13021	ME13021-04 (T_3)	0,59916	37	0,48685	13	1,54	x

						10^{-3}	
ME13021	ME13021-05 (T_2)	0,60575	32	0,50344	18	6,05 10^{-4}	x
ME13021	ME13021-05 (T_3)	0,64400	23	0,55638	26	3,86 10^{-6}	x

[0501] Os eventos -04 e -05 segregaram 3:1 e 2:1, respectivamente (R:S), para FINALE™ na geração T2.

[0502] Os eventos -04 e -05 de ME13021 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente) na geração T1.

Exemplo 43 – Análise de Eventos ME13064

[0503] ME13064 contém Clone Ceres: 1408950 (SEQ ID NO: 1098) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína de 152 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13064 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento

com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -03 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13064 é mostrado na Tabela 47. Eventos ME13064 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 47. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME13064	ME13064-03 (T_2)	0,59444	27	0,54793	28	$5,84 \times 10^{-3}$
ME13064	ME13064-03 (T_3)	0,59676	29	0,54793	28	$1,25 \times 10^{-2}$
ME13064	ME13064-04 (T_2)	0,58577	31	0,51053	40	$2,05 \times 10^{-3}$
ME13064	ME13064-04 (T_3)	0,59128	25	0,51053	40	$8,93 \times 10^{-4}$

[0504] Os eventos -03 e -04 segregaram 2:1 (R:S) para o FINALE™ na geração T2.

[0505] Os eventos -03 e -04 de ME13064 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente) na geração T1.

Exemplo 44 – Análise de Eventos ME13071

[0506] ME13071 contém Clone Ceres: 208453 (SEQ ID NO: 1111) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína de 74 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13071 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Dois eventos, -03 e -05, mostraram crescimento significativamente intensificado sobre meio contendo baixo teor de nitrato e baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos na geração T_2 a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Nesse estudo, a área de muda para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem. Um sumário do crescimento intensificado sob

condições de crescimento em baixo teor de nitrato de amônio de mudas ME13071 é mostrado na Tabela 48. Eventos ME13071 foram também testados quanto à eficiência fotossintética sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 48. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor	
ME13071	ME13071-03 (T_2)	0,06694	26	0,05915	19	$3,55\ 10^{-3}$	x
ME13071	ME13071-03 (T_3)	0,07787	24	0,07040	22	$3,65\ 10^{-2}$	x
ME13071	ME13071-05 (T_2)	0,06232	32	0,05491	16	$2,07\ 10^{-3}$	x
ME13071	ME13071-05 (T_3)	0,06335	22	0,05626	28	$1,09\ 10^{-2}$	x

[0507] Os eventos -03 e -05 segregaram 1:1 e 2:1, respectivamente (R:S), para FINALE™ na geração T2.

[0508] Os eventos -03 e -05 de ME13071 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve

redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 45 – Análise de Eventos ME13087

[0509] ME13087 contém Clone Ceres: 968180 (SEQ ID NO: 1115) de *Brassica napus*, o qual codifica uma proteína de dedo de zinco de 159 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13087 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Quatro eventos, -01, -02, -03 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13087 é mostrado na Tabela 49. Eventos ME13087 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 49. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME13087	ME13087-01 (T_2)	0,59761	23	0,56163	38	$9,61 \times 10^{-3}$
ME13087	ME13087-01 (T_3)	0,61247	15	0,56163	38	$5,99 \times 10^{-4}$
ME13087	ME13087-02 (T_2)	0,63400	39	0,58532	34	$9,30 \times 10^{-3}$
ME13087	ME13087-02 (T_3)	0,63442	26	0,58532	34	$1,22 \times 10^{-2}$
ME13087	ME13087-03 (T_2)	0,61429	38	0,55533	24	$5,04 \times 10^{-3}$
ME13087	ME13087-03 (T_3)	0,62283	35	0,55533	24	$3,31 \times 10^{-3}$
ME13087	ME13087-04 (T_2)	0,62714	28	0,60068	56	$3,02 \times 10^{-2}$
ME13087	ME13087-04 (T_3)	0,64543	7	0,60068	56	$9,04 \times 10^{-3}$

[0510] Os eventos -01, -02, -03 e -04 segregaram 2:1, 3:1, 3:1 e 2:1, respectivamente (R:S), para FINALE™ na geração T2.

[0511] Os eventos -01, -02, -03 e -04 de ME13087 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente) na geração T1.

Exemplo 46 – Análise de Eventos ME13106

[0512] ME13106 contém Clone Ceres: 986438 (SEQ ID NO: 1156) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína de 188 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13106 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -03 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13106 é mostrado na Tabela 50. Eventos ME13106 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de

amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 50. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor	
ME13106	ME13106-03 (T_2)	0,62726	27	0,58600	43	$1,50\ 10^{-2}$	x
ME13106	ME13106-03 (T_3)	0,65163	30	0,58600	43	$1,69\ 10^{-4}$	x
ME13106	ME13106-04 (T_2)	0,60836	36	0,55876	25	$2,62\ 10^{-2}$	x
ME13106	ME13106-04 (T_3)	0,64250	38	0,55876	25	$5,01\ 10^{-4}$	x

[0513] Os eventos -03 e -04 segregaram 1:1 e 3:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0514] Os eventos -03 e -04 de ME13106 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve

diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 47 – Análise de Eventos ME13107

[0515] ME13107 contém Clone Ceres: 996227 (SEQ ID NO: 1158) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína de armazenamento em semente de zeína de 240 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13107 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Três eventos, -02, -04 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13107 é mostrado na Tabela 51.

Tabela 51. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Não transgênicas	
	Transgênicas	agrupadas	t-teste

Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME13107	ME13107-02 (T_2)	0,63122	37	0,56643	21	$1,07 \times 10^{-2}$
ME13107	ME13107-02 (T_3)	0,63848	29	0,56643	21	$6,03 \times 10^{-3}$
ME13107	ME13107-04 (T_2)	0,62948	27	0,55918	50	$2,07 \times 10^{-5}$
ME13107	ME13107-04 (T_3)	0,63019	21	0,55918	50	$6,72 \times 10^{-5}$
ME13107	ME13107-05 (T_2)	0,61952	29	0,54440	48	$7,85 \times 10^{-5}$
ME13107	ME13107-05 (T_3)	0,62185	20	0,54440	48	$4,02 \times 10^{-5}$

[0516] Eventos ME13107 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Dois eventos, -02 e -04, mostraram crescimento significativamente intensificado sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos na geração T_2 a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Nesse estudo, a área de muda para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem. Um sumário de crescimento intensificado sob condições de crescimento em baixo teor de nitrato de amônio de mudas ME13071 é mostrado na Tabela 52.

Tabela 52. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor	
ME13107	ME13107-02 (T_2)	0,07738	37	0,06919	203	$3,63\ 10^{-2}$	x
ME13107	ME13107-02 (T_3)	0,07688	29	0,06919	203	$4,60\ 10^{-2}$	x
ME13107	ME13107-04 (T_2)	0,07514	27	0,06919	203	$3,18\ 10^{-2}$	x
ME13107	ME13107-04 (T_3)	0,07585	21	0,06919	203	$2,27\ 10^{-2}$	x

[0517] Os eventos -02, -04 e -05 segregaram 3:1, 1:1 e 2:1, respectivamente (R:S), para FINALE™ na geração T_2.

[0518] Os eventos -02, -04 e -05 de ME13107 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças

estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 48 – Análise de Eventos ME13108

[0519] ME13108 contém Clone Ceres: 996263 (SEQ ID NO: 1165) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína BRICK1 de 84 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13108 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Três eventos, -01, -04 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13108 é mostrado na Tabela 53. Eventos ME13108 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 53. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Não transgênicas	
	Transgênicas	agrupadas	t-teste

Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME13108	ME13108-01 (T_2)	0,56703	36	0,53932	195	$1,97 \times 10^{-2}$
ME13108	ME13108-01 (T_3)	0,59250	26	0,53932	195	$3,64 \times 10^{-4}$
ME13108	ME13108-04 (T_2)	0,60032	37	0,53932	195	$3,37 \times 10^{-7}$
ME13108	ME13108-04 (T_3)	0,60463	30	0,53932	195	$4,10 \times 10^{-5}$
ME13108	ME13108-05 (T_2)	0,60727	30	0,53932	195	$4,97 \times 10^{-9}$
ME13108	ME13108-05 (T_3)	0,61850	32	0,53932	195	$2,35 \times 10^{-9}$

[0520] Os eventos -01, -04 e -05 segregaram 3:1 (R:S) para FINALE™ na geração T_2.

[0521] Os eventos -01, -04 e -05 de ME13108 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento

de semente).

Exemplo 49 – Análise de Eventos ME13110

[0522] ME13110 contém Clone Ceres: 988083 (SEQ ID NO: 1184) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína de 188 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13110 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Três eventos, -03, -04 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13110 é mostrado na Tabela 54. Eventos ME13110 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 54. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor

ME13110	ME13110-03 (T_2)	0,5721	34	0,3948	16	$8,92 \times 10^{-3}$
ME13110	ME13110-03 (T_3)	0,5773	24	0,4583	26	$4,58 \times 10^{-4}$
ME13110	ME13110-04 (T_2)	0,5651	35	0,4243	15	$4,34 \times 10^{-2}$
ME13110	ME13110-04 (T_3)	0,6000	10	0,4594	40	$3,29 \times 10^{-3}$
ME13110	ME13110-05 (T_2)	0,5143	28	0,3809	22	$2,24 \times 10^{-2}$
ME13110	ME13110-05 (T_3)	0,5278	28	0,3688	21	$1,28 \times 10^{-2}$

[0523] Os eventos -03, -04 e -05 segregaram 3:1, 1:1 e 3:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0524] Os eventos -03, -04 e -05 de ME13110 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento

de semente).

Exemplo 50 – Análise de Eventos ME13125

[0525] ME13125 contém Clone Ceres: 732 (At3g50880, SEQ ID NO: 1193) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 188 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13125 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Três eventos, -01, -03 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13125 é mostrado na Tabela 55. Eventos ME13125 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 55. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor

ME13125	ME13125-01 (T_2)	0,61129	42	0,53829	125	4,82 x 10^{-7}
ME13125	ME13125-01 (T_3)	0,61929	38	0,53829	125	1,96 x 10^{-7}
ME13125	ME13125-03 (T_2)	0,63360	45	0,53829	125	3,05 x 10^{-13}
ME13125	ME13125-03 (T_3)	0,62218	44	0,53829	125	3,81 x 10^{-9}
ME13125	ME13125-05 (T_2)	0,61565	31	0,53829	125	4,12 x 10^{-8}
ME13125	ME13125-05 (T_3)	0,58469	16	0,53829	125	0,05

[0526] Os eventos -01, -03 e -05 segregaram 3:1, 15:1 e 2:1, respectivamente (R:S), para FINALE™ na geração T_2.

[0527] Os eventos -01, -03 e -05 de ME13125 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 51 – Análise de Eventos ME13149

[0528] ME13149 contém Clone Ceres: 2267 (At2g24765, SEQ ID NO: 1209) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de fator 3 de ADP-ribosilação de 182 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13149 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -02 e -03, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13149 é mostrado na Tabela 56. Eventos ME13149 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 56. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME13149	ME13149-02 (T_2)	0,55623	30	0,51138	55	$2,29 \times 10^{-2}$

ME13149	ME13149-02 (T_3)	0,54818	17	0,51138	55	4,56 10^{-2}	x
ME13149	ME13149-03 (T_2)	0,55998	42	0,51138	55	5,11 10^{-3}	x
ME13149	ME13149-03 (T_3)	0,58450	24	0,51138	55	2,77 10^{-4}	x

[0529] Os eventos -02 e -03 segregaram 2:1 e 15:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0530] Os eventos -02 e -03 de ME13149 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 52 – Análise de Eventos ME13151

[0531] ME13151 contém Clone Ceres: 39358 (At3g25150, SEQ ID NO: 1273) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína com domínio de fator 2 de transporte nuclear (NTF2) de 488 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13151 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a

eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -02, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13151 é mostrado na Tabela 57. Eventos ME13151 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 57. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME13151	ME13151-01 (T_2)	0,62593	44	0,53141	17	$8,58 \times 10^{-4}$
ME13151	ME13151-01 (T_3)	0,59936	33	0,53141	17	$1,21 \times 10^{-2}$
ME13151	ME13151-02 (T_2)	0,59879	39	0,46956	16	$3,08 \times 10^{-5}$

ME13151	ME13151-02 (T_3)	0,59566	32	0,46956	16	4,28 10^{-5}	x

[0532] Os eventos -01 e -02 segregaram 9:1 e 6:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T2.

[0533] Os eventos -01 e -02 de ME13151 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 53 – Análise de Eventos ME13153

[0534] ME13153 contém Clone Ceres: 115046 (At3g17760, SEQ ID NO: 1301) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma decarboxilase de glutamato de 494 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13153 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -03 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos

controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13153 é mostrado na Tabela 58. Eventos ME13153 foram também testados quanto à eficiência fotossintética aumentada sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 58. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME13153	ME13153-03 (T_2)	0,62	34	0,56	16	$3,0 \times 10^{-2}$
ME13153	ME13153-03 (T_3)	0,60	19	0,54	22	$2,9 \times 10^{-2}$
ME13153	ME13153-04 (T_2)	0,57	32	0,50	18	$4,3 \times 10^{-2}$
ME13153	ME13153-04 (T_3)	0,61	24	0,55	24	$2,1 \times 10^{-2}$

[0535] Os eventos -03 e -04 segregaram 3:1 (R:S) para o FINALE™ na geração T_2.

[0536] Os eventos -03 e -04 de ME13153 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve

diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro. Os eventos -03 e -04 proporcionaram ligeiramente menos sementes por planta, comparado com os controles, mas essas diferenças não são significativas a $p \leq 0,10$.

Exemplo 54 – Análise de Eventos ME13177

[0537] ME13177 contém Clone Ceres: 339439 (SEQ ID NO: 1341) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína com domínio C-terminal de ciclina de 345 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13177 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -02, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13177 é mostrado na Tabela 59. Eventos ME13177 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 59. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após

18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.						
		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME13177	ME13177-01 (T_2)	0,6315	32	0,6112	175	$2,43 \times 10^{-2}$
ME13177	ME13177-01 (T_3)	0,6407	29	0,6112	175	$7,33 \times 10^{-3}$
ME13177	ME13177-02 (T_2)	0,6400	41	0,6112	175	$1,23 \times 10^{-3}$
ME13177	ME13177-02 (T_3)	0,6499	20	0,6112	175	$6,47 \times 10^{-3}$

[0538] Os eventos -01 e -02 segregaram 2:1 e 3:1 respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0539] Os eventos -01 e -02 de ME13177 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 55 – Análise de Eventos ME13200

[0540] ME13200 contém Clone Ceres: 896483 (SEQ ID NO: 1384) de *Zea mays*, o qual codifica um fator de transcrição da família myb de 85 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13200 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Um sumário do crescimento intensificado de eventos ME13200 sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio é mostrado na Tabela 60. Nesse estudo, a área de muda para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem. Descobriu-se que dois eventos, -03 e -04, eram significativamente maiores do que os segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Eventos ME13200 foram também testados quanto à eficiência fotossintética aumentada sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio, bem como fotossíntese e crescimento intensificados sobre meio com baixo teor de nitrato. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 60. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

	Transgênicas	Não transgênicas agrupadas	t-teste

Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME13200	ME13200-03 (T_2)	0,07366	43	0,06342	35	$4,09 \times 10^{-4}$
ME13200	ME13200-03 (T_3)	0,08193	34	0,06342	35	$2,37 \times 10^{-5}$
ME13200	ME13200-04 (T_2)	0,07377	48	0,06342	35	$4,87 \times 10^{-4}$
ME13200	ME13200-04 (T_3)	0,07530	47	0,06342	35	$1,88 \times 10^{-4}$

[0541] Os eventos -03 e -04 segregaram 3:1 e 15:1 respectivamente (R:S) para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0542] Os eventos -03 e -04 de ME13200 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 56 – Análise de Eventos ME13204

[0543] ME13204 contém Clone Ceres: 995409 (SEQ ID NO: 1408) de *Zea mays*, o qual codifica uma proteína de 178 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME13204 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como

Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME13204 é mostrado na Tabela 61. Eventos ME13204 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato, bem como quanto ao crescimento e eficiência fotossintética intensificados sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 61. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meios com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME13204	ME13204-01 (T_2)	0,5874	45	0,5354	46	$1,41 \times 10^{-2}$
ME13204	ME13204-01 (T_3)	0,5932	36	0,5354	46	$9,85 \times 10^{-3}$
ME13204	ME13204-05 (T_2)	0,5855	34	0,5354	46	$2,00 \times 10^{-2}$
ME13204	ME13204-05 (T_3)	0,5998	20	0,5354	46	$5,58 \times 10^{-3}$

[0544] Os eventos -01 e -05 segregaram 9:1 e 3:1 respectivamente (R:S) para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0545] Os eventos -01 e -05 de ME13204 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 57 – Análise de Eventos ME14649

[0546] ME14649 contém Ceres Annot: 850581 (At5g01880, SEQ ID NO: 1427) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de dedo de zinco de 159 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME14649 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -02 e -03, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário

da eficiência fotossintética de mudas ME14649 é mostrado na Tabela 62. Eventos ME14649 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 62. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME14649	ME14649-02 (T_2)	0,59789	35	0,54533	30	$1,54 \times 10^{-4}$
ME14649	ME14649-02 (T_3)	0,58154	26	0,54533	30	$3,42 \times 10^{-2}$
ME14649	ME14649-03 (T_2)	0,61875	28	0,56539	33	$2,03 \times 10^{-3}$
ME14649	ME14649-03 (T_3)	0,62630	27	0,56539	33	$9,18 \times 10^{-4}$

[0547] Os eventos -02 e -03 segregaram 3:1 e 2:1, respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0548] Os eventos -02 e -03 de ME14649 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias

pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente) na geração T_1.

Exemplo 58 – Análise de Eventos ME16546

[0549] ME16546 contém Ceres Annot: 862321 (At2g45360, SEQ ID NO: 1462) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 215 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME16546 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -04 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME16546 é mostrado na Tabela 63. Eventos ME16546 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 63. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

	Transgênicas	Não transgênicas	t-teste

				agrupadas		
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME16546	ME16546-04 (T_2)	0,59891	33	0,56124	130	$2,21 \times 10^{-4}$
ME16546	ME16546-04 (T_3)	0,57924	41	0,56124	130	$3,77 \times 10^{-2}$
ME16546	ME16546-05 (T_2)	0,58861	36	0,56124	130	$7,17 \times 10^{-3}$
ME16546	ME16546-05 (T_3)	0,61763	27	0,56124	130	$3,25 \times 10^{-6}$

[0550] Os eventos -04 e -05 segregaram 2:1 e 3:1 respectivamente (R:S) para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0551] Os eventos -04 e -05 de ME16546 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 59 – Análise de Eventos ME17457

[0552] ME17457 contém Ceres Annot: 839064 (At1g80600, SEQ ID NO: 1478) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma aminotransferase de acetilornitina de 457 aminoácidos, um membro da família de aminotransferases da Classe-III. Esse é um homólogo do Clone Ceres: 19586 (ME01463, SEQ ID NO: 76). Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME17457 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Quatro eventos, -02, -03, -05 e -06, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME17457 é mostrado na Tabela 64. Eventos ME17457 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 64. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor

ME17457	ME17457-02 (T_2)	0,60800	21	0,50878	46	$6,99 \times 10^{-4}$
ME17457	ME17457-02 (T_3)	0,59539	18	0,50878	46	$9,02 \times 10^{-3}$
ME17457	ME17457-03 (T_2)	0,55164	11	0,49673	45	$3,45 \times 10^{-2}$
ME17457	ME17457-03 (T_3)	0,57356	18	0,49673	45	$2,49 \times 10^{-3}$
ME17457	ME17457-05 (T_2)	0,52928	18	0,42672	32	$2,23 \times 10^{-3}$
ME17457	ME17457-05 (T_3)	0,56660	25	0,42672	32	$5,97 \times 10^{-5}$
ME17457	ME17457-06 (T_2)	0,54088	33	0,47350	30	$3,59 \times 10^{-4}$
ME17457	ME17457-06 (T_3)	0,52210	21	0,47350	30	$2,03 \times 10^{-2}$

[0553] Os eventos -02, -03 e -05 segregaram 1:1 e o evento -06 segregou 3:1 (R:S) para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0554] Os eventos -02, -03, -05 e -06 de ME17457 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 60 – Análise de Eventos ME17567

[0555] ME17567 contém Ceres Annot: 864666 (At1g16320, SEQ ID NO: 1490) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 273 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME17567 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME17567 é mostrado na Tabela 65. Eventos ME17567 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato, bem como eficiência fotossintética e crescimento intensificados sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 65. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste	
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor	
ME17567	ME17567-01 (T_2)	0,605455	33	0,474791	67	9,69	x

						10^{-10}
ME17567	ME17567-01 (T_3)	0,6244	20	0,474791	67	6,79 x 10^{-13}
ME17567	ME17567-04 (T_2)	0,57727	37	0,474791	67	1,22 x 10^{-7}
ME17567	ME17567-04 (T_3)	0,615143	35	0,474791	67	5,95 x 10^{-13}

[0556] Os eventos -01 e -04 segregaram 2:1 e 3:1, respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0557] Os eventos -01 e -04 de ME17567 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 61 – Análise de Eventos ME17932

[0558] ME17932 contém Ceres Annot: 875012 (At3g53560, SEQ ID NO: 1509) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína da família comum de lúmen de cloroplasto de 340 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio

para ME17932 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Quatro eventos, -01, -02, -03 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME17932 é mostrado na Tabela 66. Eventos ME17932 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 66. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME17932	ME17932-01 (T_2)	0,6292	36	0,6094	194	0,050
ME17932	ME17932-01 (T_3)	0,6640	22	0,6094	194	$2,82 \times 10^{-6}$
ME17932	ME17932-02 (T_2)	0,6351	32	0,6094	194	$1,05 \times 10^{-2}$

ME17932	ME17932-02 (T_3)	0,6373	20	0,6094	194	2,82 x 10^{-2}
ME17932	ME17932-03 (T_2)	0,6504	45	0,6094	194	1,80 x 10^{-5}
ME17932	ME17932-03 (T_3)	0,6708	20	0,6094	194	8,38 x 10^{-4}
ME17932	ME17932-05 (T_2)	0,6349	24	0,6094	194	3,23 x 10^{-2}
ME17932	ME17932-05 (T_3)	0,6615	11	0,6094	194	1,16 x 10^{-3}

[0559] Os eventos -01, -02, -03 e -05 segregaram 3:1, 2:1, 15:1 e 1:1, respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0560] Os eventos -01, -02, -03 e -05 of ME17932 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 62 – Análise de Eventos ME17936

[0561] ME17936 contém Ceres Annot: 874016 (At3g42800, SEQ ID NO: 1524) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de função desconhecida de 341 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME17936 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME17936 é mostrado na Tabela 67. Eventos ME17936 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato, bem como quanto à eficiência fotossintética aumentada e crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 67. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME17936	ME17936-01 (T_2)	0,64778	36	0,61762	39	$4,68 \times 10^{-3}$

ME17936	ME17936-01 (T_3)	0,66081	21	0,61762	39	$4,33 \times 10^{-5}$
ME17936	ME17936-05 (T_2)	0,63189	35	0,61444	50	$2,73 \times 10^{-2}$
ME17936	ME17936-05 (T_3)	0,64257	14	0,61444	50	$2,56 \times 10^{-2}$

[0562] Os eventos -01 e -05 segregaram 3:1 (R:S) para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0563] Os eventos -01 e -05 de ME17936 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 63 – Análise de Eventos ME18275

[0564] ME18275 contém Ceres Annot: 827304 (At2g18300, SEQ ID NO: 1536) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica um domínio de ligação a DNA de hélice-loop-hélice de 335 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME18275 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Um sumário do crescimento intensificado de eventos ME18275 sobre meio contendo baixo teor de nitrato é mostrado na Tabela 68. Nesse estudo, a área de muda para plantas transgênicas dentro de um evento foi

comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem. Descobriu-se que três eventos, -01, -02 e -03, eram significativamente maiores do que os segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$, usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Eventos ME18275 foram também testados quanto à eficiência fotossintética sobre o meio com baixo teor de nitrato, bem como quanto à eficiência fotossintética aumentada e crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 68. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME18275	ME18275-01 (T_2)	0,09574	40	0,05961	10	$3,24 \times 10^{-10}$
ME18275	ME18275-01 (T_3)	0,07807	32	0,05142	15	$3,71 \times 10^{-4}$
ME18275	ME18275-02 (T_2)	0,11903	33	0,05884	16	$6,21 \times 10^{-14}$
ME18275	ME18275-02 (T_3)	0,08552	22	0,04208	24	$2,82 \times 10^{-5}$

ME18275	ME18275-03 (T_2)	0,10281	39	0,06789	9	$9,48 \times 10^{-8}$
ME18275	ME18275-03 (T_3)	0,09136	20	0,05646	26	$9,46 \times 10^{-4}$

[0565] Os eventos -01, -02 e -03 segregaram 3:1 (R:S) para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0566] Os eventos -01, -02 e -03 de ME18275 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 64 – Análise do Evento ME18924

[0567] ME18924 contém Ceres Annot: 869192 (At1g72160, SEQ ID NO: 1553) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína da família emp24/gp25L/p24 de 490 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME18924 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME18924 é mostrado na Tabela 69. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma

lâmina. Três eventos, -02, -04 e -05, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$, usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual.

Tabela 69. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME18924	ME18924-02 (T_2)	0,6515	46	0,6223	138	$6,43 \times 10^{-3}$
ME18924	ME18924-02 (T_3)	0,6639	45	0,6223	138	$1,52 \times 10^{-4}$
ME18924	ME18924-04 (T_2)	0,6489	33	0,6223	138	$2,72 \times 10^{-3}$
ME18924	ME18924-04 (T_3)	0,6517	21	0,6223	138	$1,58 \times 10^{-2}$
ME18924	ME18924-05 (T_2)	0,6602	35	0,6223	138	$5,55 \times 10^{-5}$
ME18924	ME18924-05 (T_3)	0,6488	31	0,6223	138	$4,25 \times 10^{-2}$

[0568] Eventos ME18924 foram também testados quanto ao

crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Um sumário do crescimento intensificado de eventos ME18924 sobre meio contendo baixo teor de nitrato é mostrado na Tabela 70. Nesse estudo, a área de muda para plantas transgênicas dentro de um evento foi comparada com a área de muda para segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma linhagem. Descobriu-se que dois eventos, -01 e -04, eram significativamente maiores do que os segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$, usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual.

Tabela 70. Comparação por t-teste de área de muda entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Área	n	Área	n	p-valor
ME18924	ME18924-01 (T_2)	0,06881	37	0,06311	138	$1,31 \times 10^{-2}$
ME18924	ME18924-01 (T_3)	0,07164	34	0,06311	138	$7,43 \times 10^{-3}$
ME18924	ME18924-04 (T_2)	0,08401	33	0,06311	138	$5,64 \times 10^{-8}$
ME18924	ME18924-04	0,07365	21	0,06311	138	$3,82 \times 10^{-2}$

(T_3)

[0569] Os eventos -01, -02, -04 e -05 segregaram 3:1, 15:1, 2:1 e 2:1, respectivamente (R:S), para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0570] Os eventos -01, -02, -04 e -05 de ME18924 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 65 – Análise de Eventos ME19182

[0571] ME19182 contém Ceres Annot: 876419 (At4g01480, SEQ ID NO: 1576) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína pirofosfatase inorgânica de 216 aminoácidos. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME19182 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -01 e -03, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato de amônio com

relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME19182 é mostrado na Tabela 71. Eventos ME19182 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 71. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 18 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME19182	ME19182-01 (T_2)	0,64938	24	0,61988	154	$2,47 \times 10^{-2}$
ME19182	ME19182-01 (T_3)	0,65546	13	0,61988	154	$1,08 \times 10^{-2}$
ME19182	ME19182-03 (T_2)	0,64797	37	0,61988	154	$3,84 \times 10^{-3}$
ME19182	ME19182-03 (T_3)	0,65388	26	0,61988	154	$3,15 \times 10^{-3}$

[0572] Os eventos -01 e -03 segregaram 2:1 e 3:1, respectivamente, (R:S) para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0573] Os eventos -01 e -03 of ME19182 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 66 – Análise de Eventos ME20628

[0574] ME20628 contém Ceres Annot: 859276 (At2g21230, SEQ ID NO: 175) de *Arabidopsis thaliana*, o qual codifica uma proteína de 188 aminoácidos de função desconhecida. Avaliação de tolerância a baixo teor de nitrogênio para ME20628 em T_2 e T_3 foi conduzida sob as mesmas condições conforme descrito nos Exemplos 2 e 3. Nesse estudo, a eficiência fotossintética da muda foi medida como Fv/Fm, comparando as plantas transgênicas dentro de um evento com segregantes não-transgênicos agrupados através da mesma lâmina. Dois eventos, -03 e -04, mostraram eficiência fotossintética significativamente aumentada sobre meio contendo baixo teor de nitrato com relação aos controles internos em ambas as gerações a $p \leq 0,05$ usando um t-teste uni-configurado admitindo variância igual. Um sumário da eficiência fotossintética de mudas ME20628 é mostrado na Tabela 72. Eventos ME20628 foram também testados quanto ao crescimento intensificado sobre o meio com baixo teor de nitrato,

bem como quanto à eficiência fotossintética aumentada e crescimento intensificado sobre meio com baixo teor de nitrato de amônio. Nenhuma diferença significativa entre as mudas transgênicas e os controles foi observada.

Tabela 72. Comparação por t-teste de eficiência fotossintética de mudas entre mudas transgênicas e segregantes não-transgênicos agrupados após 14 dias de crescimento sobre meio com baixo teor de nitrato.

		Transgênicas		Não transgênicas agrupadas		t-teste
Linhagem	Eventos	Fv/Fm	n	Fv/Fm	n	p-valor
ME20628	ME20628-03 (T_2)	0,62771	42	0,58957	7	$9,94 \times 10^{-3}$
ME20628	ME20628-03 (T_3)	0,64375	20	0,61914	28	$2,97 \times 10^{-2}$
ME20628	ME20628-04 (T_2)	0,62439	38	0,59667	12	$4,78 \times 10^{-2}$
ME20628	ME20628-04 (T_3)	0,64768	22	0,61360	25	$9,93 \times 10^{-4}$

[0575] Os eventos -03 e -04 segregaram 3:1 (R:S) para resistência ao FINALE™ na geração T_2.

[0576] Os eventos -03 e -04 de ME20628 não exibiram fenótipos negativos estatisticamente relevantes. Isto é, não houve redução detectável na taxa de germinação, as plantas transgênicas pareciam o tipo silvestre em todos os casos; não houve

diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto aos dias até floração; não houve diferenças estatísticas ou observáveis entre as mudas transgênicas e controles quanto ao tamanho da área de roseta 7 dias pós-florescimento prematuro; e não houve diferenças estatísticas ou observáveis as mudas transgênicas e controles quanto à fertilidade (número de silíquas e enchimento de semente).

Exemplo 67 – Determinação de homólogos funcionais através de BLAST Recíproco

[0577] Uma sequência candidata era considerada um homólogo funcional de uma sequência de referência se as sequências candidata e de referência codificavam proteínas tendo uma função e/ou atividade similar. Um processo conhecido como BLAST Recíproco (Rivera *et al*. (1998) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 95: 6239-6244) foi usado para identificar sequências homólogas funcionais potenciais a partir de bancos de dados consistindo em todas as sequências peptídicas públicas e privadas disponíveis, incluindo NR do NCBI e traduções de peptídeo dos clones Ceres.

[0578] Antes de iniciar um processo de BLAST Recíproco, um polipeptídeo de referência específico foi pesquisado contra todos os peptídeos a partir de sua espécie fonte usando o BLAST de forma a identificar polipeptídeos tendo identidade de sequência, pelo BLAST, de 80% ou mais com o polipeptídeo de referência e uma extensão de alinhamento de 85% ou mais ao longo da sequência mais curta no alinhamento. O polipeptídeo de referência e qualquer um dos polipeptídeos identificados antes mencionados foram designados como um agrupamento.

[0579] O programa BLASTP versão 2.0 da Washington University em Saint Louis, Missouri, EUA foi usado para determinar a identidade de sequência pelo BLAST e o E-valor. O programa BLASTP versão 2.0 inclui os seguintes parâmetros: 1) um corte de E-valor de 1,0e-5; 2) um tamanho de palavra de 5; e 3) a opção -postsw. A identidade de sequência pelo BLAST foi calculada baseado no alinhamento dos primeiros Pares de Segmento de Alto Escore (High-scoring Segment Pairs - HSP) pelo BLAST da sequência homóloga funcional identificada com um polipeptídeo de referência específico. O número de resíduos identicamente combinados no alinhamento HSP pelo BLAST foi dividido pela extensão do HSP e, então, multiplicado por 100 para proporcionar a identidade de sequência pelo BLAST. A extensão do HSP incluía, tipicamente, intervalos no alinhamento mas, em alguns casos, intervalos foram excluídos.

[0580] O principal processo de BLAST Recíproco consiste em dois ciclos de buscas pelo BLAST; busca progressiva e busca reversa. Na etapa de busca progressiva, uma sequência polipeptídica de referência, “polipeptídeo A,” da espécie fonte SA foi submetida ao BLAST contra todas as sequências de proteína de uma espécie de interesse. Hits superiores foram determinados usando um corte de E-valor de 10^{-5} e um corte de identidade de sequência de 35%. Dentre os hits superiores, a sequência tendo o menor E-valor foi designada como o melhor hit e considerada um homólogo ou ortólogo potencial. Qualquer outro hit superior que tinha uma identidade de sequência de 80% ou mais com o melhor hit ou o polipeptídeo de referência original foi considerado um homólogo ou ortólogo funcional potencial também. Esse processo foi repetido para todas as

espécies de interesse.

[0581] No ciclo de busca reversa, os hits superiores identificados na busca progressiva de todas as espécies foram submetidos ao BLAST contra todas as sequências de proteína da espécie fonte SA. Um hit superior da busca progressiva que retornou um polipeptídeo do agrupamento antes mencionado como seu melhor hit também foi considerado como um homólogo funcional potencial.

[0582] Homólogos funcionais foram identificados através de inspeção manual de sequências homólogas funcionais potenciais. Homólogos funcionais representativos para SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 166, SEQ ID NO: 186, SEQ ID NO: 208, SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 234, SEQ ID NO: 246, SEQ ID NO: 300, SEQ ID NO: 332, SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 510, SEQ ID NO: 533, SEQ ID NO: 558, SEQ ID NO: 593, SEQ ID NO: 613, SEQ ID NO: 646, SEQ ID NO: 687, SEQ ID NO: 730, SEQ ID NO: 746, SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 792, SEQ ID NO: 824, SEQ ID NO: 828, SEQ ID NO: 855, SEQ ID NO: 891, SEQ ID NO: 917, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 976, SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1054, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1116, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1166, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1194, SEQ ID NO: 1210, SEQ ID NO: 1274, SEQ ID NO: 1302, SEQ ID NO: 1342, SEQ ID NO: 1385, SEQ ID NO: 1409, SEQ ID NO: 1428, SEQ ID NO: 1463, SEQ ID NO: 1491, SEQ ID NO: 1510, SEQ ID NO: 1525, SEQ ID NO: 1537, SEQ ID NO: 1554, SEQ ID NO: 1577 e SEQ ID NO: 1437 são mostrados nas figuras 1-57, respectivamente. Homólogos exemplificativos adicionais estão correlacionados a determinadas figuras na Listagem de Sequência.

Exemplo 68 – Determinação de homólogos funcionais através de Modelos Ocultos de Markov

[0583] Modelos Ocultos de Markov (Hidden Markov Models - HMMs) foram gerados pelo programa HMMER 2.3.2. Para gerar cada HMM, os parâmetros de default do programa HMMER 2.3.2, configurado para alinhamentos globais, foram usados.

[0584] Um HMM foi gerado usando as sequências mostradas na figura 1 como entrada. Essas sequências foram adaptadas ao modelo e um escore de bit HMM representativo para cada sequência é mostrado na Listagem de Sequência. Sequências adicionais foram adaptadas ao modelo e escores de bit HMM representativos para qualquer uma de tais sequências adicionais são mostrados na Listagem de Sequência. Os resultados indicam que essas sequências adicionais são homólogos funcionais de SEQ ID NO: 3.

[0585] O procedimento acima foi repetido e um HMM foi gerado para cada grupo de sequências mostradas nas figuras 2-57, usando as sequências mostradas em cada figura como entrada para esse HMM. Um escore de bit representativo para cada sequência é mostrado na Listagem de Sequência. Sequências adicionais foram adaptadas a determinados HMMs e escores de bit HMM representativos são mostrados na Listagem de Sequência. Os resultados indicam que essas sequências adicionais são homólogos funcionais das sequências das sequências usadas para gerar esse HMM.

VIII. Outras Modalidades

[0586] Deve ser entendido que, embora a invenção tenha sido descrita em conjunto com a descrição detalhada da mesma, a

descrição precedente se destina a ilustrar e não limitar o escopo da invenção, o qual é definido pelo escopo das reivindicações em anexo. Outros aspectos, vantagens e modificações estão dentro do escopo das reivindicações a seguir.

REIVINDICAÇÕES

1. Método de produção de uma planta **caracterizado** pelo fato de que o referido método compreende:

crescimento de uma célula de planta compreendendo um ácido nucleico exógeno, o referido ácido nucleico exógeno compreendendo uma região regulatória operavelmente ligada a uma sequência de nucleotídeo que codifica um polipeptídeo, em que a referida sequência de nucleotídeo compreende a sequência de polinucleotídeo de SEQ ID NO: 1184, 1186 ou 1188;

crescimento de uma planta a partir da referida célula de planta; e

seleção da planta que tem um nível aumentado de tolerância a baixo teor de nitrogênio quando comparado com o nível correspondente de tolerância a baixo teor de nitrogênio de uma planta de controle que não compreende o referido ácido nucleico.

2. Método de aumentar o nível de tolerância a baixo teor de nitrogênio em uma planta **caracterizado** pelo fato de que o referido método compreende a introdução, em uma célula de planta, de um ácido nucleico exógeno, o referido ácido nucleico exógeno compreendendo uma região regulatória operavelmente ligada a uma sequência de nucleotídeo que codifica um polipeptídeo, em que a referida sequência de nucleotídeo compreende a sequência de polinucleotídeo de SEQ ID NO: 1184, 1186 ou 1188.

3. Método, de acordo com a reivindicação 2, **caracterizado** pelo fato de que a referida sequência de nucleotídeo compreende a sequência de polinucleotídeo de SEQ ID NO: 1186 ou 1188.

FIG. 1

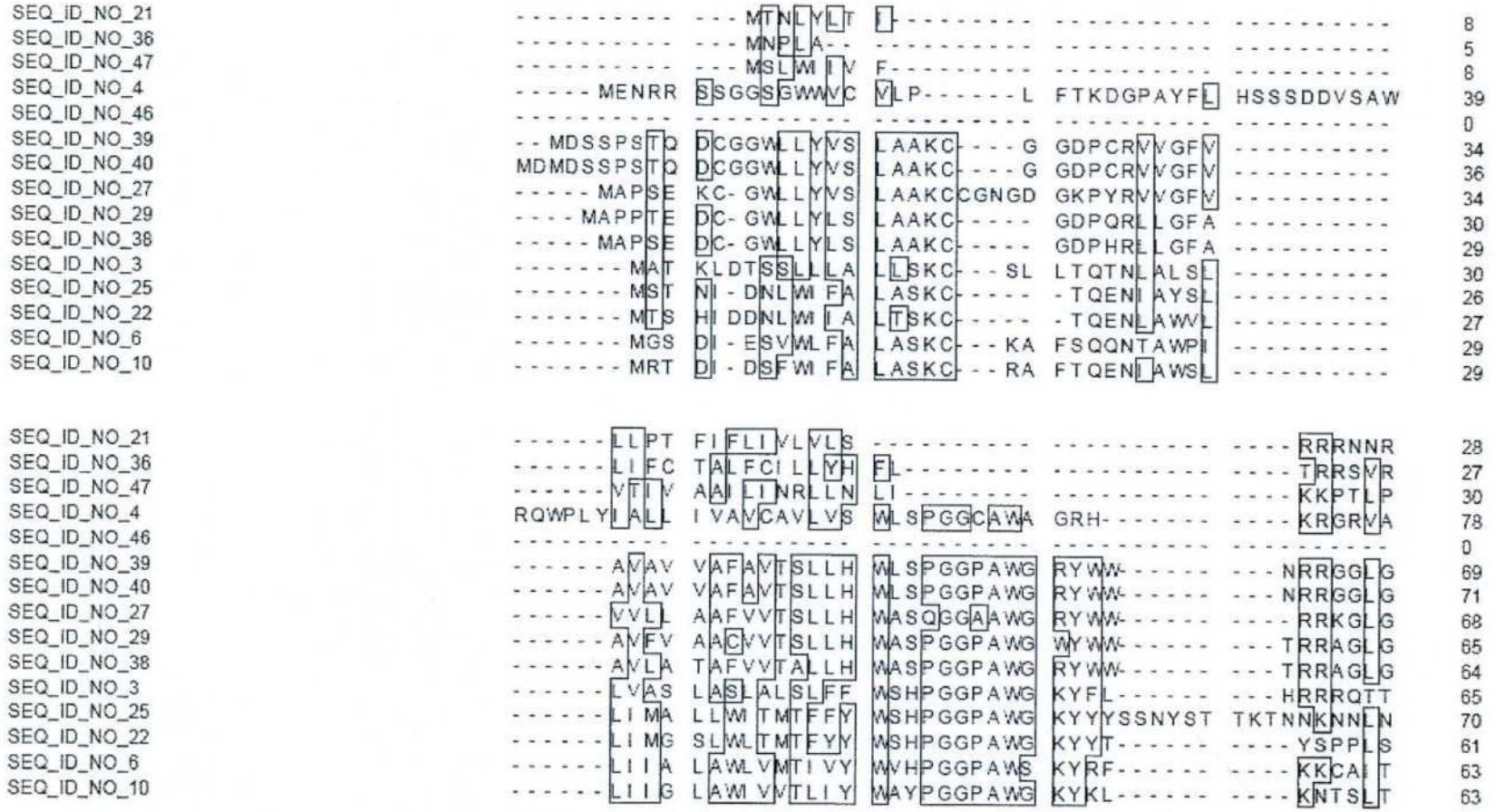

SEQ_ID_NO_21
SEQ_ID_NO_36
SEQ_ID_NO_47
SEQ_ID_NO_4
SEQ_ID_NO_46
SEQ_ID_NO_39
SEQ_ID_NO_40
SEQ_ID_NO_27
SEQ_ID_NO_29
SEQ_ID_NO_38
SEQ_ID_NO_3
SEQ_ID_NO_25
SEQ_ID_NO_22
SEQ_ID_NO_6
SEQ_ID_NO_10
SEQ_ID_NO_21
SEQ_ID_NO_36
SEQ_ID_NO_47
SEQ_ID_NO_4
SEQ_ID_NO_46
SEQ_ID_NO_39
SEQ_ID_NO_40
SEQ_ID_NO_27
SEQ_ID_NO_29
SEQ_ID_NO_38
SEQ_ID_NO_3
SEQ_ID_NO_25
SEQ_ID_NO_22
SEQ_ID_NO_6
SEQ_ID_NO_10

FIG. 1 (CONTINUAÇÃO)

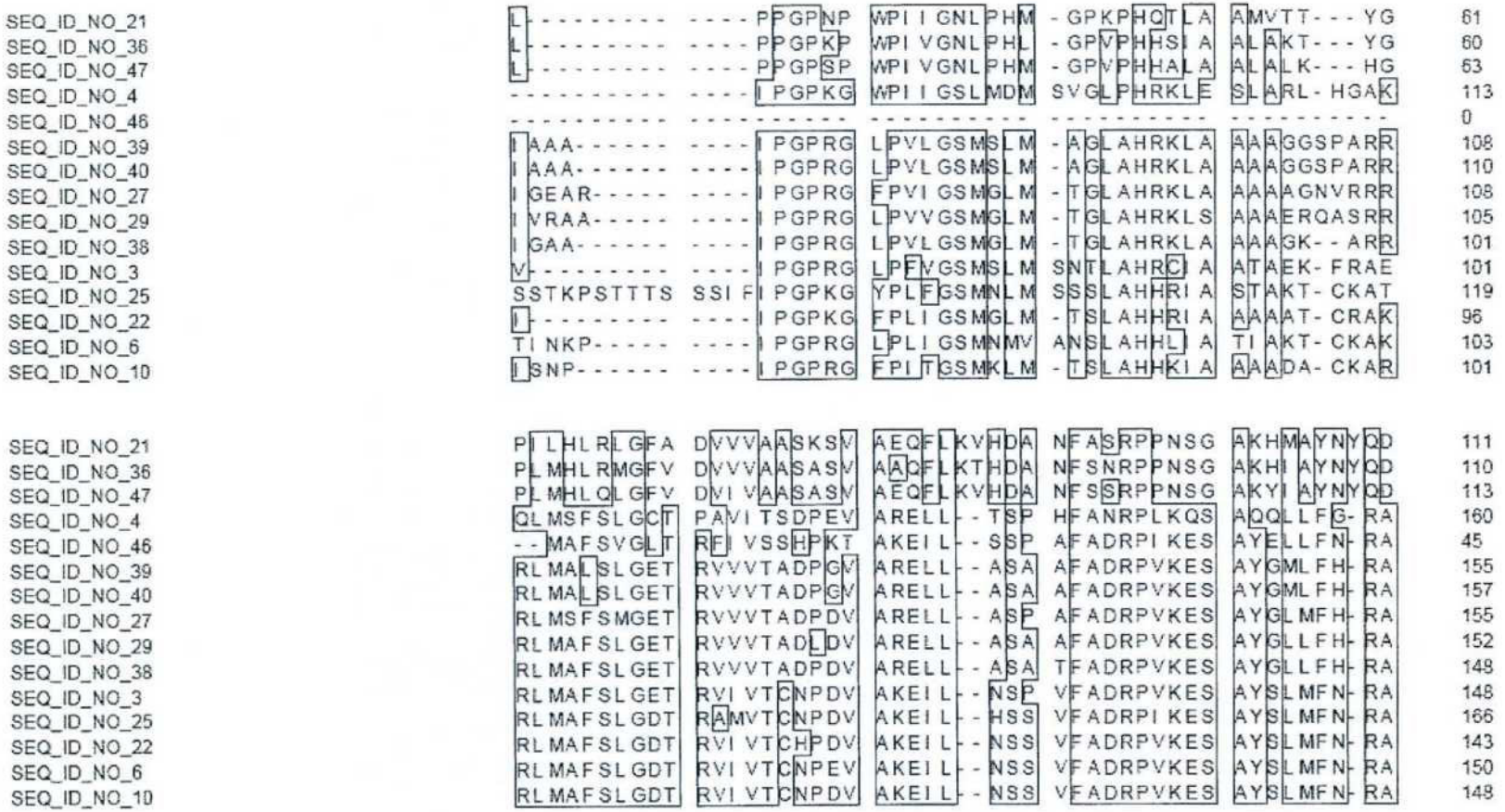


FIG. 1 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 1 (CONTINUAÇÃO)

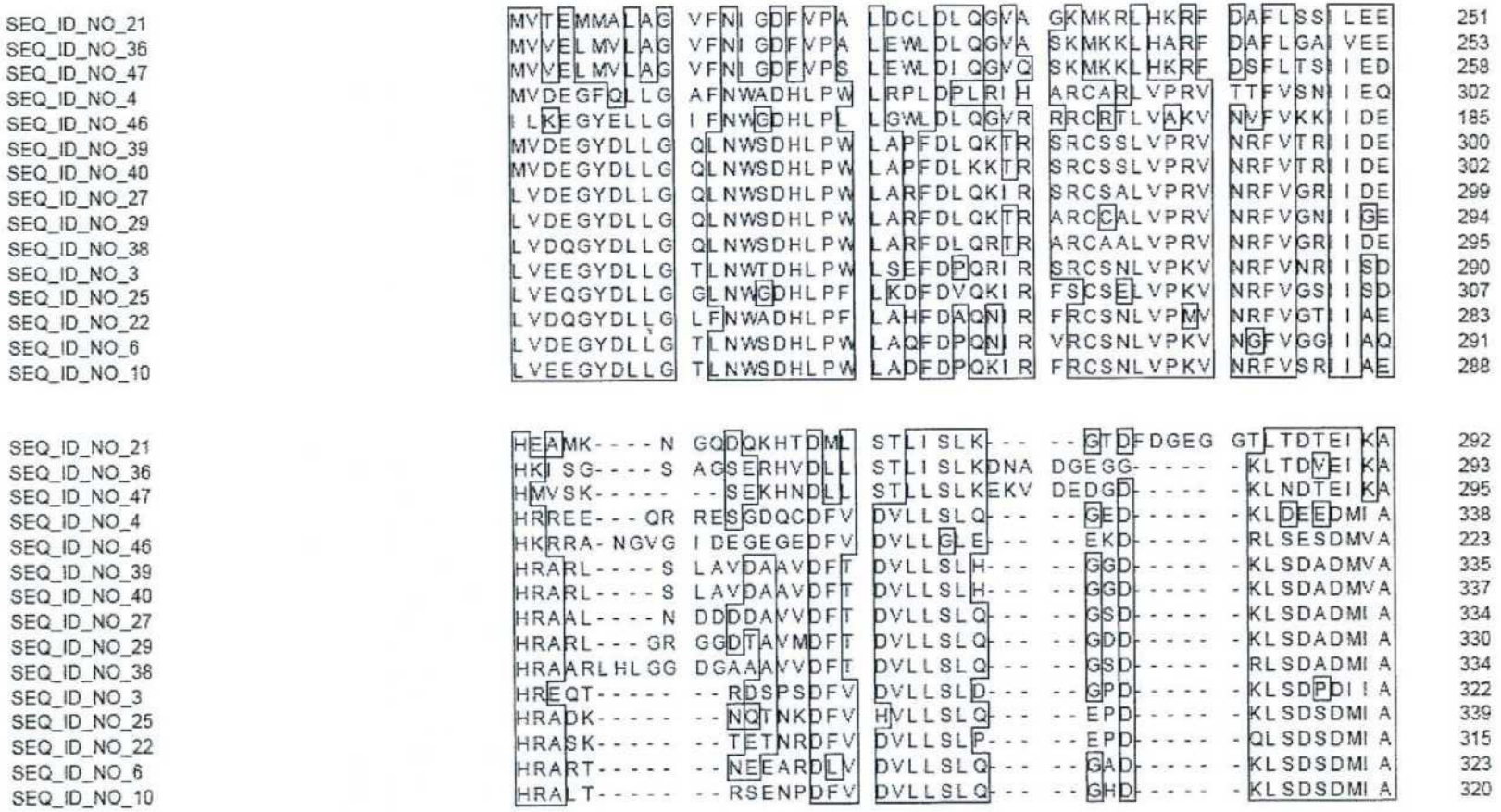


FIG. 1 (CONTINUAÇÃO)

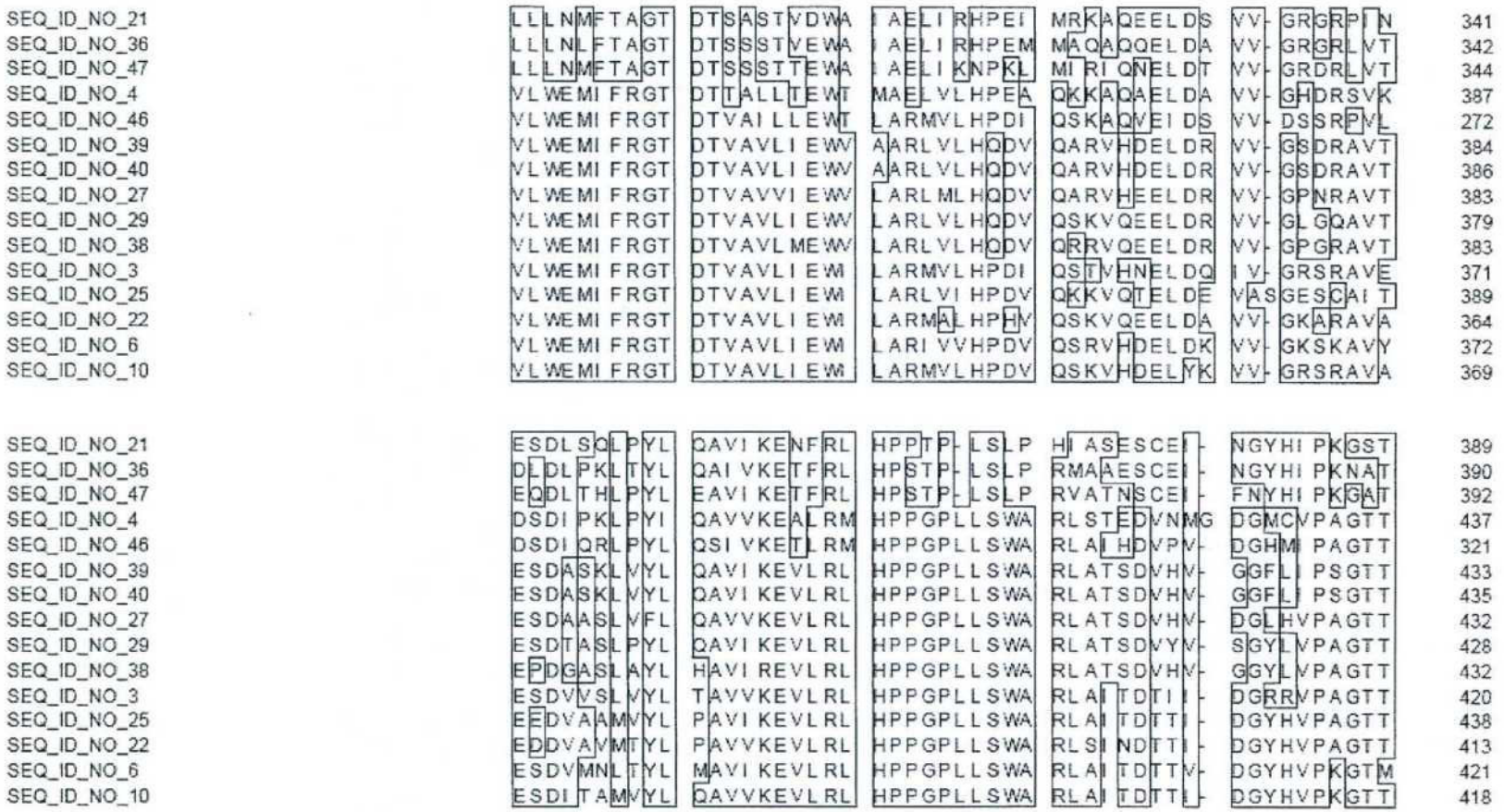


FIG. 1 (CONTINUAÇÃO)

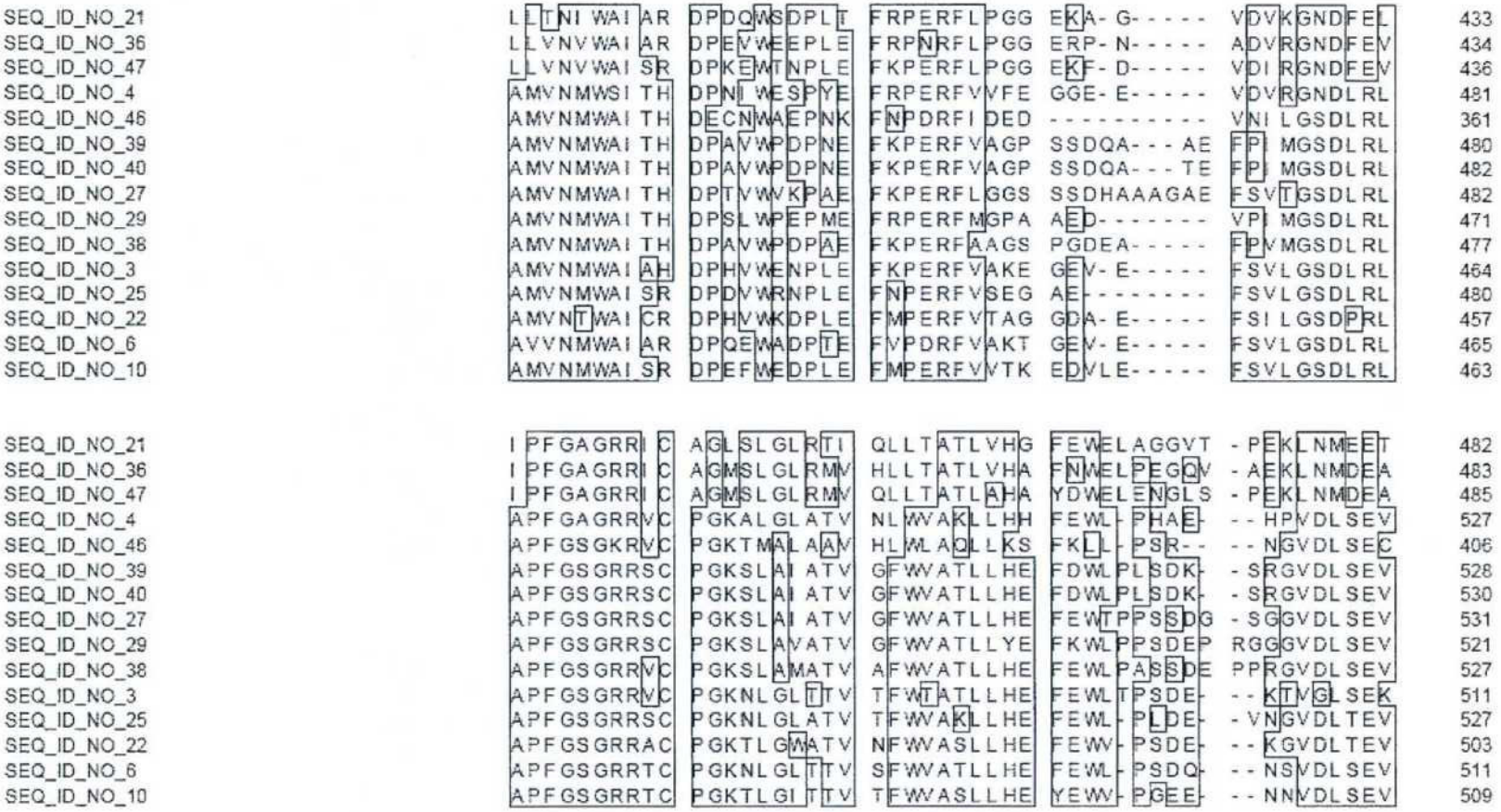


FIG. 1 (CONTINUAÇÃO)

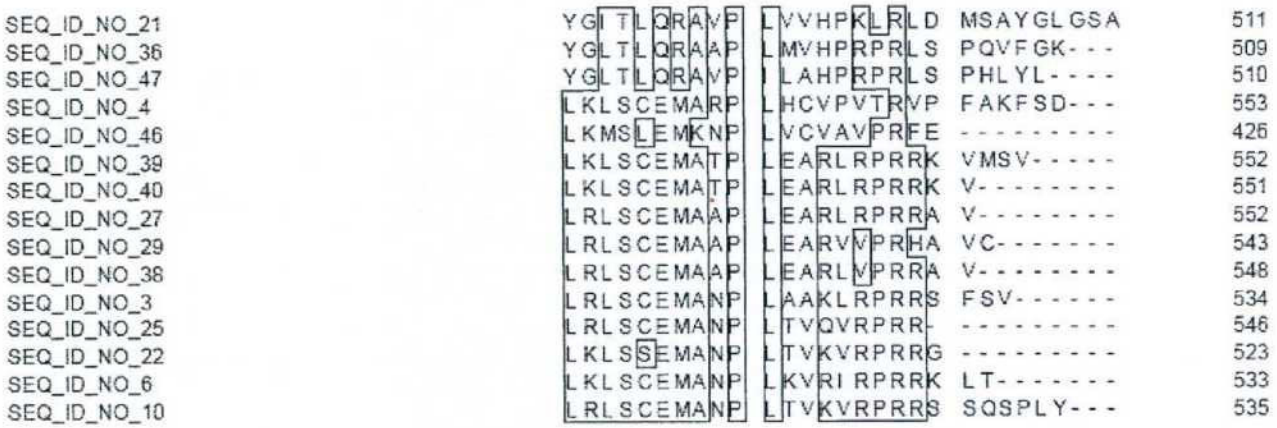


FIG. 2


SEQ_ID_NO_67
SEQ_ID_NO_65
SEQ_ID_NO_63
SEQ_ID_NO_73
SEQ_ID_NO_69
SEQ_ID_NO_70
SEQ_ID_NO_71
SEQ_ID_NO_64
SEQ_ID_NO_75
SEQ_ID_NO_51
SEQ_ID_NO_53
SEQ_ID_NO_60
SEQ_ID_NO_58
SEQ_ID_NO_49

FIG. 2 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 2 (CONTINUAÇÃO)

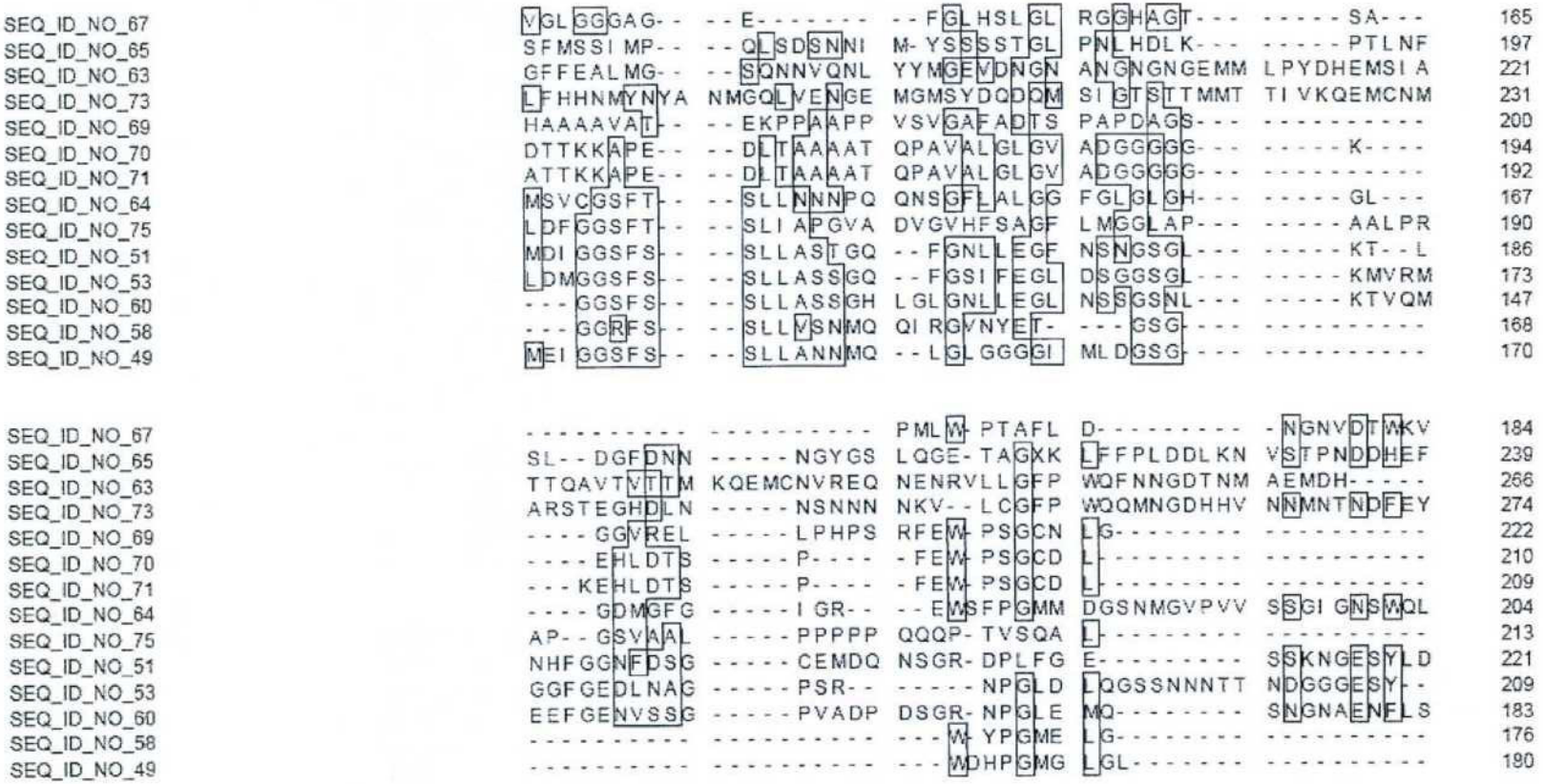


FIG. 2 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 3

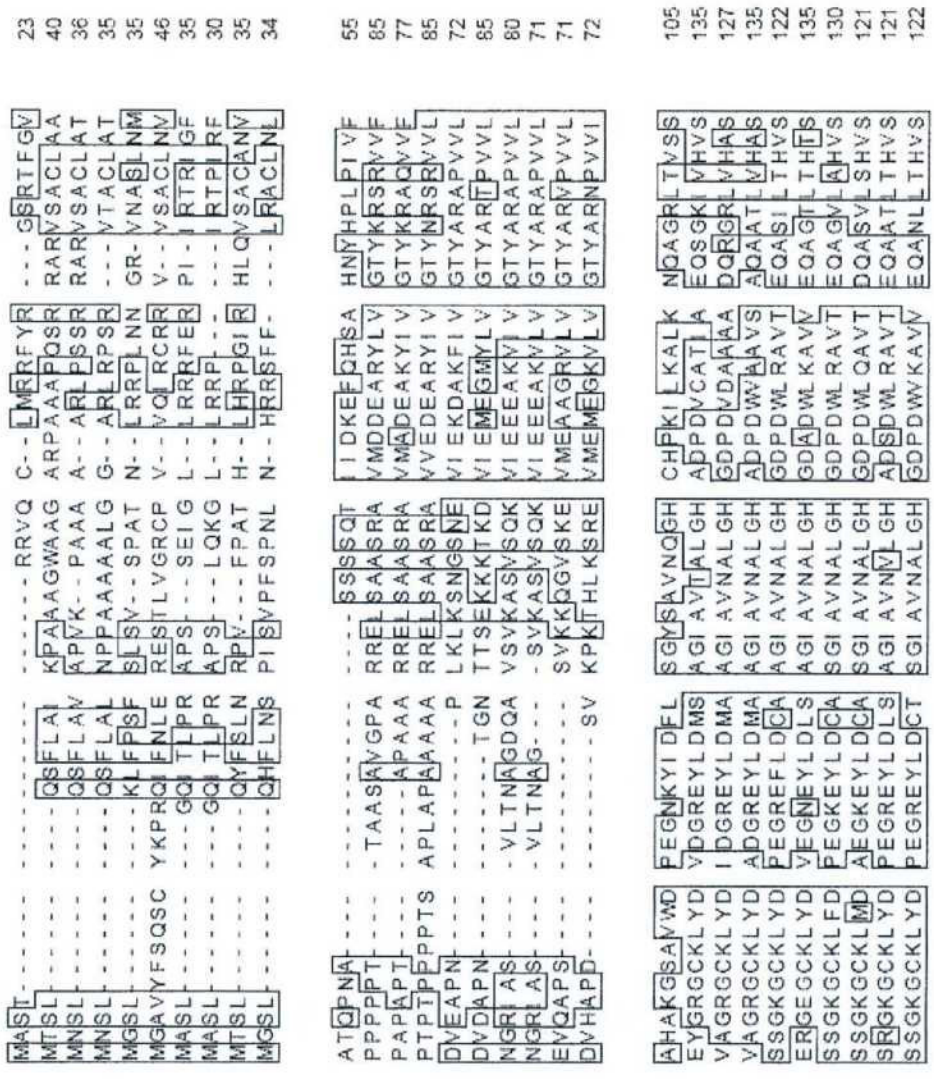

SEQ_ID_NO_88
SEQ_ID_NO_95
SEQ_ID_NO_90
SEQ_ID_NO_93
SEQ_ID_NO_80
SEQ_ID_NO_87
SEQ_ID_NO_77
SEQ_ID_NO_92
SEQ_ID_NO_78
SEQ_ID_NO_82
SEQ_ID_NO_88
SEQ_ID_NO_95
SEQ_ID_NO_90
SEQ_ID_NO_93
SEQ_ID_NO_80
SEQ_ID_NO_87
SEQ_ID_NO_77
SEQ_ID_NO_92
SEQ_ID_NO_76
SEQ_ID_NO_82
SEQ_ID_NO_88
SEQ_ID_NO_95
SEQ_ID_NO_90
SEQ_ID_NO_93
SEQ_ID_NO_80
SEQ_ID_NO_87
SEQ_ID_NO_77
SEQ_ID_NO_92
SEQ_ID_NO_78
SEQ_ID_NO_82

FIG. 3 (CONTINUAÇÃO)

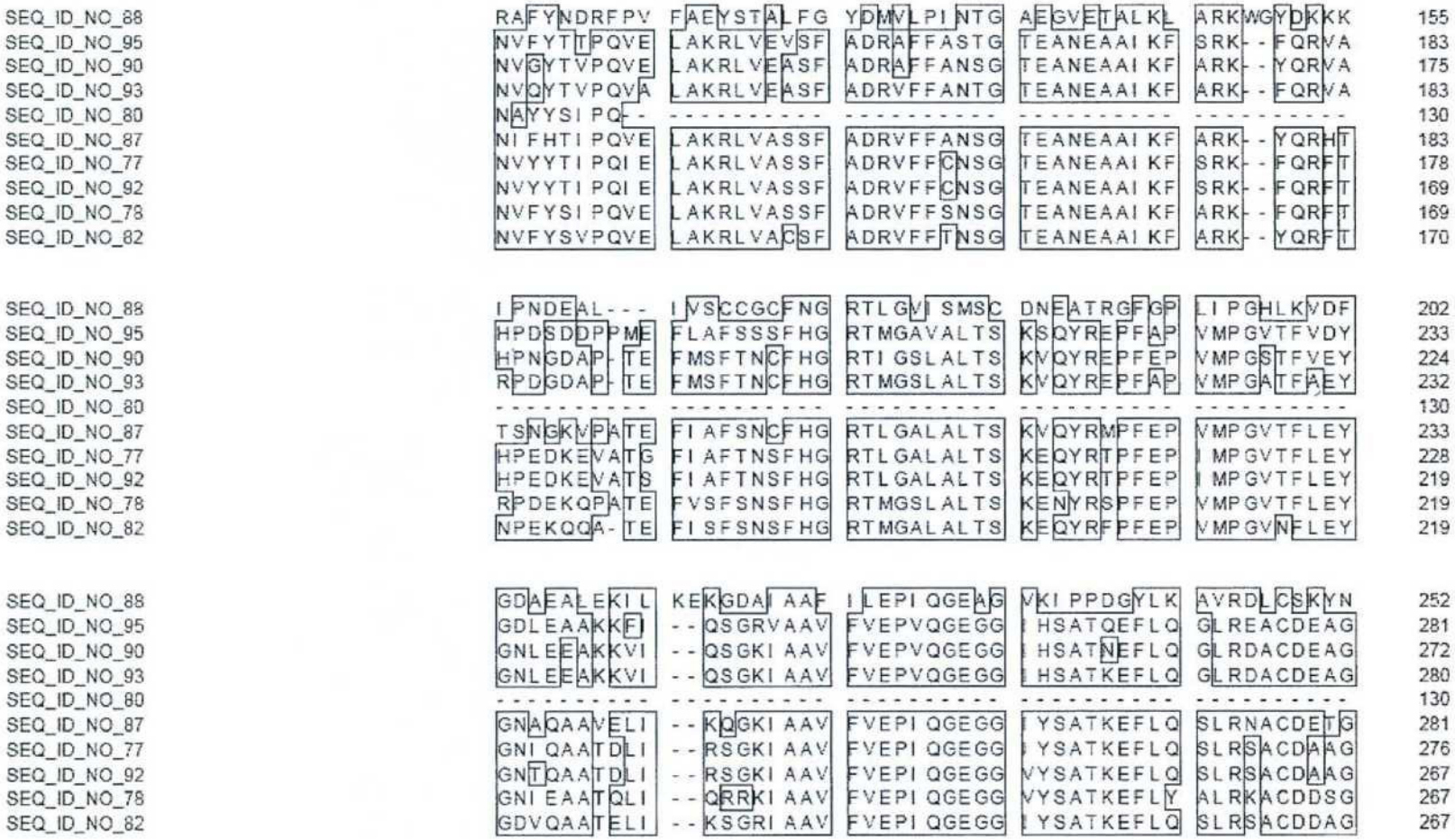


FIG. 3 (CONTINUAÇÃO)

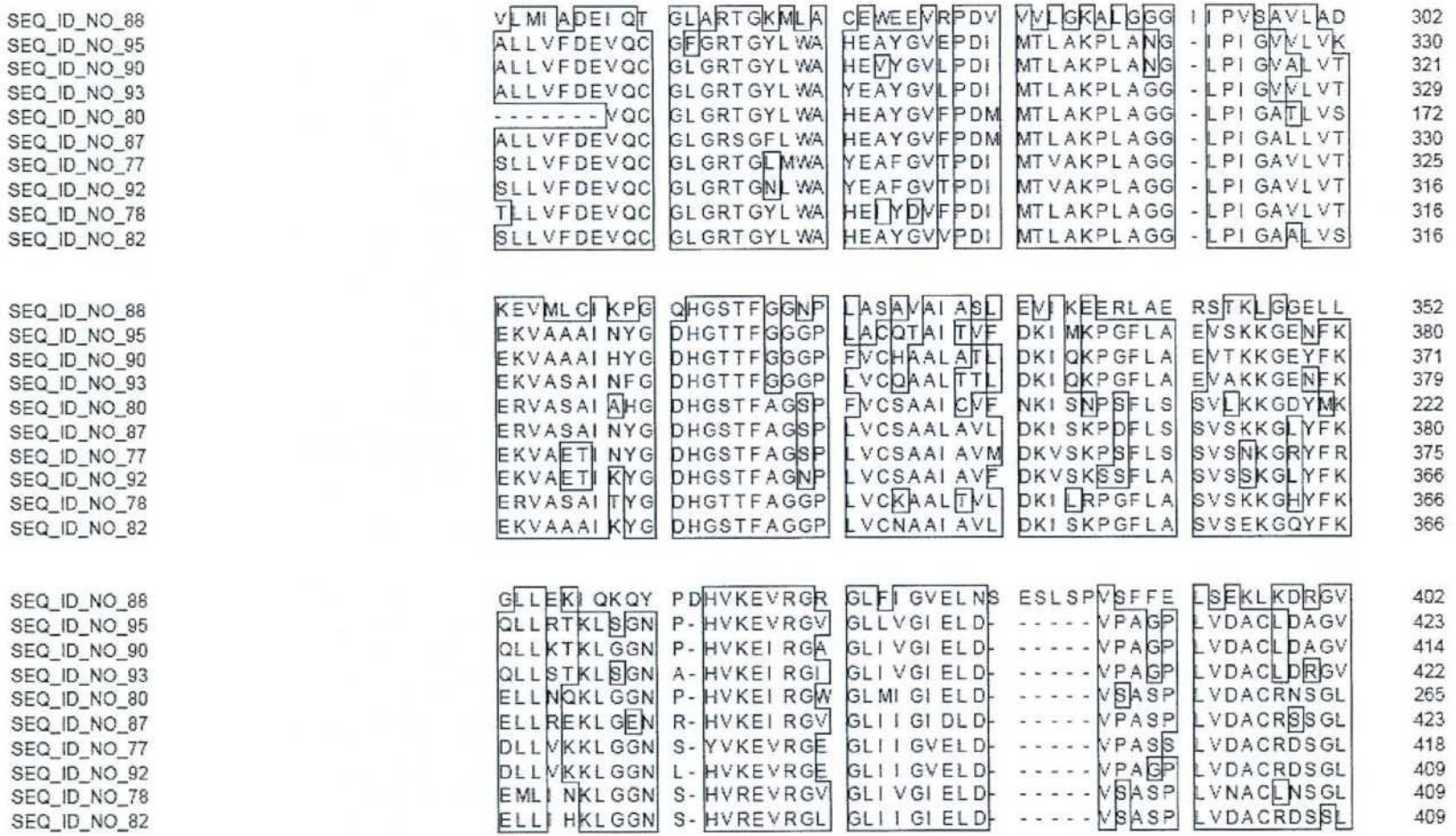


FIG. 3 (CONTINUAÇÃO)

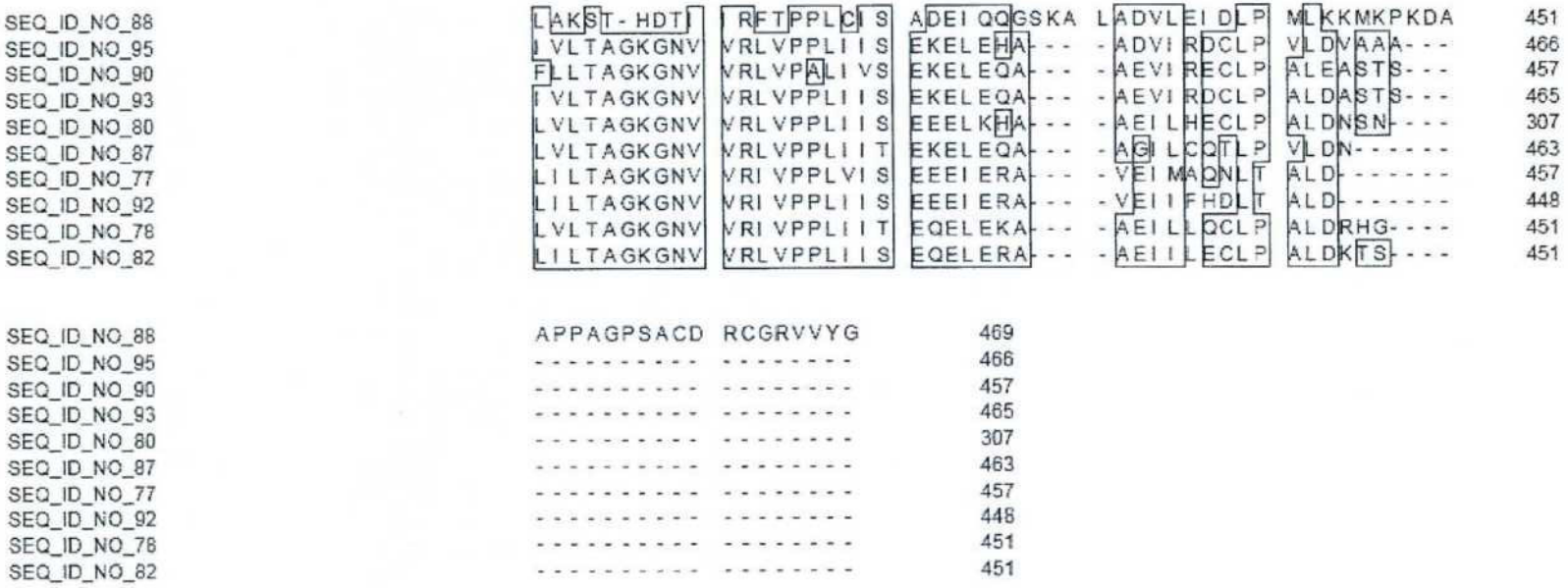


FIG. 4


SEQ_ID_NO_101
SEQ_ID_NO_102
SEQ_ID_NO_150
SEQ_ID_NO_118
SEQ_ID_NO_145
SEQ_ID_NO_149
SEQ_ID_NO_144
SEQ_ID_NO_125
SEQ_ID_NO_137
SEQ_ID_NO_146
SEQ_ID_NO_147
SEQ_ID_NO_119
SEQ_ID_NO_100
SEQ_ID_NO_113
SEQ_ID_NO_104
SEQ_ID_NO_108
SEQ_ID_NO_116
SEQ_ID_NO_117
SEQ_ID_NO_122
SEQ_ID_NO_120
- MSETEAAPV VA- - - - - - - - - - - - - - PAAEA APAAEAPK- - AKAPKAKAPK 34
- - MATTEAVE EP- - - - - - - - - - - - - VPVEAT ANEDAKPTE- EKPAKEKKPK 35
- - MASTDPPA DT- - - - - - - V PAEPVANEDV KAAEEKP- - - VKAPKEKKVK 38
- - MAEDTPVS AP- - - - - - - - - - - - - VVPEV TERKSKRG- - TKAAAVKVPK 32
- - MATTVAIE TP- - - - - - - - - - - - - - - - AFT PVAVDPPA- - AKPAKAKKAK 31
- - MSAAVAIE TP- - - - - - - - - - - - - AFAPV PVARDEPV- - AKPGKVTKAK 33
- - MATDETTD PR- PV- - AKSKKAKAPK 22
- - MSTDVAAD VP- - - - APEV EVAADPVVET TAEAAAGD- - AKPAKETKAK 42
- - MATEVAET PA- - - - - - - - - - - - PLAEAVP ETPAEAPA- - APAAEANST- 34
- - MATDVAAT EP- - - - - - - - - - - - - EVAAE EAAAAAPETT ATAGDSKPAK 35
- - MATDVAAT EP- - - - - - - - - - - - - EVAAE EAAAAAPETT ATAGDSKPAK 35
- MAAVEDPIV PM- - - - - EGV EEEVPVTVTE APEEAAPP- - AEDPAPKKGK 42
- - MSIEEENV PT- - - - - - - T VDSGAADTTV KSPEKKPA- - AKGGKSKKTT 39
- - MSTEEETK VV- - - - - - - - - - VESGDAEA TVTEKKPA- - AKGGAKAKKT 36
- - MATEEPAV VA- - - - - - - - - DPAPETEED KTAETKAT- - SKSGRAKKTK 37
- - MSSDEPTV AV- - - - - - - - - DGSTEPTSA EPADDKPA- - AKPSRAKKTK 37
MTSSVEEPTV SAVEQTIVEE PAAVDPLPPV VNESDEPT- - AAKPK- - - - - 43
- - MASEEPTT VAVEQPIVEE PEAVDTFPPV VNESEEPT- - AKPKKAPK- - 44
- - MATEEPLV VT- - - - - EIV TEAVVVEAEP AKEENSPA- - AEPDEPKKEK 41
- - MATEEPVI VN- - - - - - - E VVEEQAAPET VKDEANPP- - AKSGKAKKET 39
QPKAPKAPKE PKAPKEKKPK AAPTHPPYIE MVKDAITTLK ERNGSSLPAL 84
TP- - - - KEKK PRAAKGS- - K PPAAHPPYVQ MIAEAITALK ERGGSSPYAI 79
TP- - - - KEKK PKAAKGS- - K PPPAHPPYFQ MISEAIVALK ERGGSSPYAI 82
- - - - - - EKKK VIAAKKPKSK GTSSHPSFFE MISDAISTLK ERTGSSQYAI 76
VP- - - - KEKK ASVAKL- - - - - PALHPTYLE MISEAIASLK ERTGSSQIAI 71
AP- - - - KEKK ASVAKKP- - - - ALHPTYLE MISEAIASLK ERTGSSQYAI 74
EA- - - - RAKK AAAPRKP- - - - SAHPPYAE MIKEAITTLK ERTGSSPYAI 63
AA- - - - KAKK PSAPRKP- - R ATPAHPTYAE MVSEAITALK ERTGSSQYAI 86
- - - - - - KAKK ASAPKK- - - R ANPTHPPYAE MISEAVTSLK ERTGSSQYAI 75
EA- - - - KAKK AAAPRKA- - R STATHPPYAE MISEAIATLK ERTGSSQYAI 79
EA- - - - KAKK AAAPRKA- - R STATHPPYAE MISEAIATLK ERTGSSQYAI 79
EL- - - - KPKK AAAPRKP- - R SAPAHPPYLE MITDAITSLK ERTGSSQQAI 86
TAKATKKPVK AAAPTKK- - K TTSSHPTYEE MIKDAIVTLK ERTGSSQYAI 87
PA- - - - KKKP AAAPRK- - - R TTSSHPPYEE MIKDAIVTLK ERTGSSQYAI 79
EP- - - - KTKK AAAPRKP- - R AAPTHPPYEE MIKDAIVTLK ERTGSSQYAI 81
EP- - - - KAKK APAPKKPRHR TPSSHPPYEE MIKDAIVTLK EKTGSSQYAI 83
- - - - - - KAPK EPKPRKPASK NTRTHPTYEE MVTDAIVTLK EKNGSSQYAL 87
- - - - - - EPKA KKAPAKP- - - - RTHPTYEE MVKEAIVALK ERNGSSQYAI 83
EI- - - - EAKK PAAPRK- - - R NPPTHPSYFE MIKDAIVTLK DKTGSSQHAI 84
- - - - - - KAKK PAAPRKR- - S ATPTHPPYFE MIKDAIVTLK ERTGSSQHAI 81

FIG. 4 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 4 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 4 (CONTINUAÇÃO)

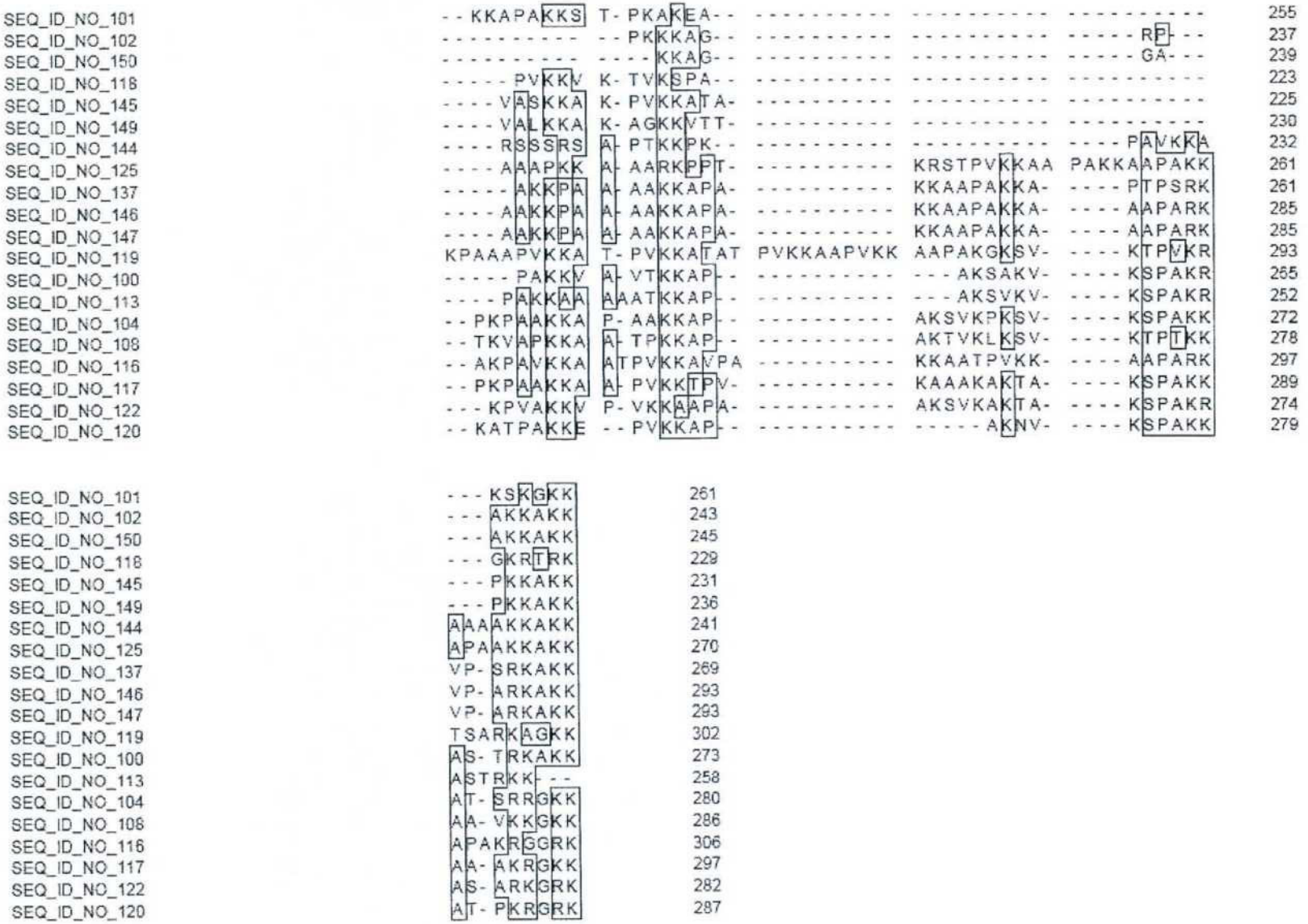


FIG. 5

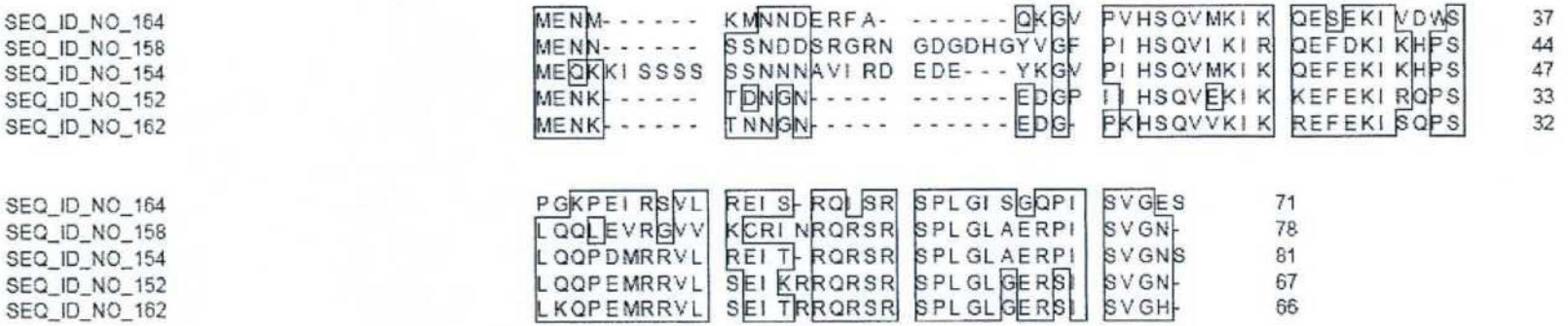

SEQ_ID_NO_164 MENM------ KMNNDERFA- ------QKGV PVHSQVMKIK QESEKIVDWS 37
SEQ_ID_NO_158 MENN------ SSNDDSRGRN GDGDHGYVGF PIHSQVIKIR QEFDKIKHPS 44
SEQ_ID_NO_154 MEQKKISSSS SSNNNAVIRD EDE---YKGV PIHSQVMKIK QEFEKIKHPS 47
SEQ_ID_NO_152 MENK------ TDNGN----- ------EDGP IIHSQVEKIK KEFEKIRQPS 33
SEQ_ID_NO_162 MENK------ TNNGN----- ------EDG- PKHSQVVKIK REFEKISQPS 32
SEQ_ID_NO_164 PGKPEIRSVL REIS-RQLSR SPLGISGQPI SVGES 71
SEQ_ID_NO_158 LQQLEVRGVV KCRINRQRSR SPLGLAERPI SVGN- 78
SEQ_ID_NO_154 LQQPDMRRVL REIT-RQRSR SPLGLAERPI SVGNS 81
SEQ_ID_NO_152 LQQPEMRRVL SEIKRRQRSR SPLGLGERSI SVGN- 67
SEQ_ID_NO_162 LKQPEMRRVL SEITRRQRSR SPLGLGERSI SVGH- 66

FIG. 6


SEQ_ID_NO_184
SEQ_ID_NO_168
SEQ_ID_NO_177
SEQ_ID_NO_181
SEQ_ID_NO_182
SEQ_ID_NO_183
SEQ_ID_NO_170
SEQ_ID_NO_166
SEQ_ID_NO_174

FIG. 6 (CONTINUAÇÃO)

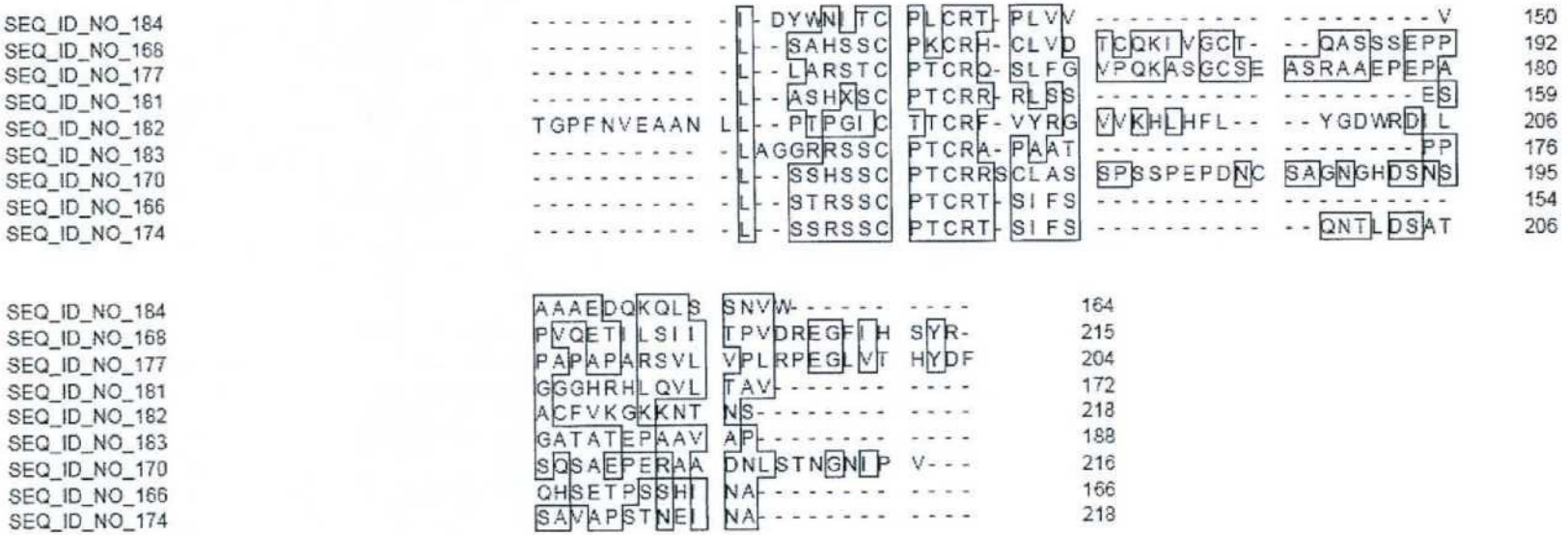


FIG. 7


SEQ_ID_NO_194
SEQ_ID_NO_199
SEQ_ID_NO_204
SEQ_ID_NO_186
SEQ_ID_NO_201
SEQ_ID_NO_203
SEQ_ID_NO_188
SEQ_ID_NO_196
SEQ_ID_NO_197
SEQ_ID_NO_193
ML KS KS CREE MRSSS I AYK- YHCLTNGGTP EAVAAPSPTN PQLPVML RSY 49
- MAAADYDRA YRPYAPSSAA DYDRPYRNE- - - - - - - - - - - - - - - - - - I VPY 32
- MAAADADYE YRAYG- APA- DHDRPYHG- - - - - - - - - - - - - - - - - RE- - - - VVPY 31
- - - MANYYE- - PPAS- GNRR DAVKGYNS- - - G- - - - - - - - - - - - - - - - - - - SF 25
- - - MD- - RS- - KSYA- GGR- MQI EPYYD- - - G- - - - GGAR PD- - - - FRSY 30
- - - MDDFRS- - RSFN- DGK- MQLEVYGGRR SGAVPAPPVL HD- - - - YRSY 39
- - - MEHFRS- - KSCR- EGR- I EMEGYDEDK AA- - - - PTNM QD- - - - LRSY 35
- - - MEEFRS- - KSYG- DGR- MQI EAYRG- - - - - - - - - ANI QD- - - - LRCY 30
- - - MEDYNKQ I RPYG- NSQM MQMEGYYG- - - A- - - - TNPN YD- - - - I RSY 35
- - - MEDYNRQ - RAYG- DTG- MQI QPYHG- - - G- - - - GPGT GD- - - - FRKY 33
S- - - - - - - - - TSTYS- - - - - - - - - - - - - - - - PHKNPT TVRDNPNS- K 70
G- - - - - - - - - DRRI DLVVKP PPP- - - - - - - - - - - - TRSPPP PLPVTKSG- - 60
G- - - - - - - - - DRRI DVVVKP PGTTTTTT- - - - - - - - - TRSPPP PLPVTKVG- G 65
D- - - - - - - - - DSSGDQSQ- - - - - - - - - - - - - - - - TNDYQL KI KKSKSVPN 50
SYSAGGSGMG TSSYAYQYEY S- - - - - - - - - - - - - - - - GAGAGE EMKRSKS- - - 64
S- - - - - - - - - - ASYFYTYD- - - - - - - - - - - - - - - - GSGVGY GDFKGKPDHG 64
S- - - - - - - - - - VSYAVSVQP N- - - - - - - - - - - - - - - - QSGKEG KMKKGKSN- - 60
S- - - - - - - - - - ASYASSVHP TTTTTTTTQT QMGGNNNNEA KFKKGKST- - 68
S- - - - - - - - - DFSYAQTQRG - - - - - - - - - - - - - - - - PNNKDL KLKKGKSI - S 61
S- - - - - - - - - - TSYA- - - - - - - - - - - - - - - - TENNI X NI KKEKSI - - 52
SNGKVKKGL- - - KEAEI QRK KRVAAYNVYG VEGKVKGSI R KNFKWFKETC 117
GGGGI GSAWC F- SDPEVKRR RRVASYKAYS VEGKVKASFR RGFRWI KDKC 109
GGGGMGSAWC F- SDPEMKRR RRVASYKAYS VEGKVKSSLR RGFRWI KAKC 114
ADRAASRSWS F- SDPESRRK RRVAGYKVYS VEQKMKGSI R KSFKWFKDL- 97
- - - - - KRRWL ALADPDMERK RRVAAYKAYG VEGKMKGSFR KSFKWI KDRY 109
SSASNKGGRV F- KDPEFQRK RRVASYKAYA VEGKVKGSLR RSLRWFKDKY 113
- LESSSKSWS F- NDPELQRK RRVANYKVYA I EGKMKGSLR KSFRWI KDTC 108
- NGSTSKSWS F- SDPELQRK KRVASYKVYA VEGKLKGSLR KSFKWLKDRC 116
SRSSI SKSWS FGDDPEFQRK KRVASYKMYS VEGKVKGSFR KSFKWLKNRY 111
- - - ARSKSWG I - TDPELQRK KRVASYKMYS VEGKVKGSFR KSFRWLKQRY 98

FIG. 7 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 8

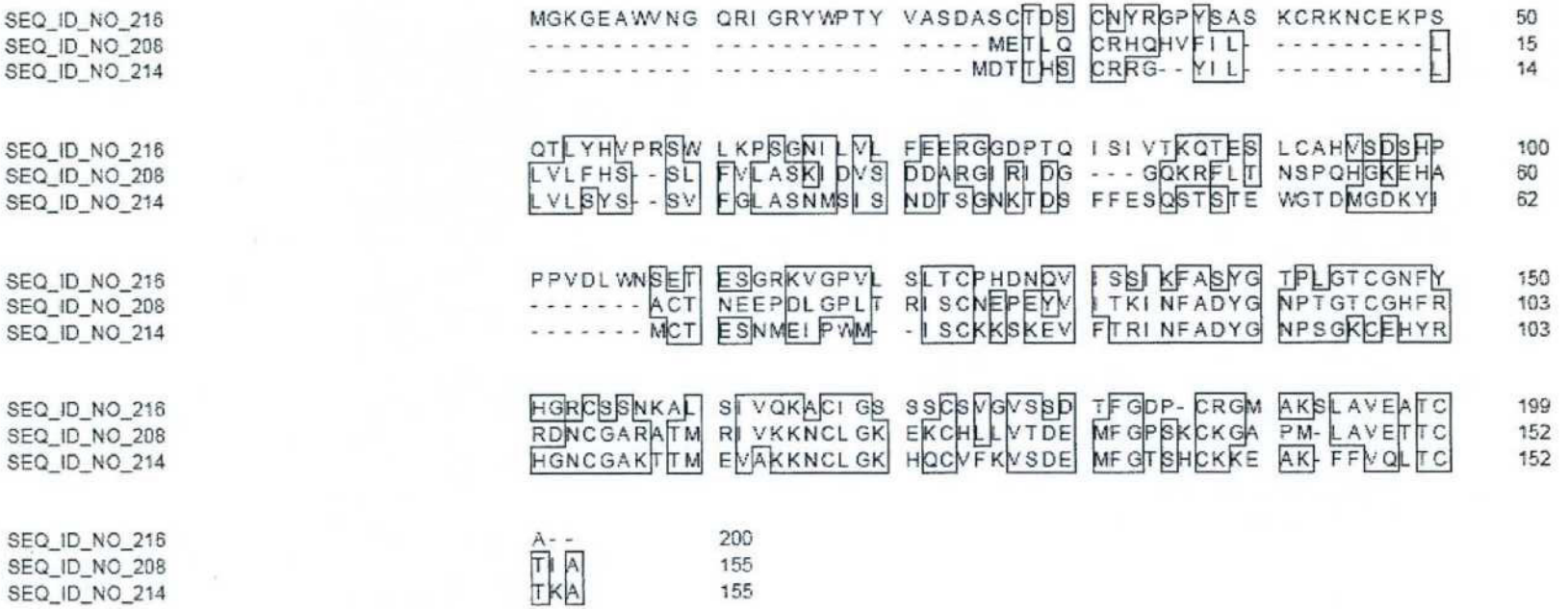

SEQ_ID_NO_216 MGKGEAWVNG QRIGRYWPTY VASDASCTDS CNYRGPYSAS KCRKNCEKPS 50
SEQ_ID_NO_208 ---------- ---------- -----METLQ CRHQHVFIL- ---------L 15
SEQ_ID_NO_214 ---------- ---------- ----MDTTHS CRRG--YIL- ---------L 14
SEQ_ID_NO_216 QTLYHVPRSW LKPSGNILVL FEERGGDPTQ ISIVTKQTES LCAHVSDSHP 100
SEQ_ID_NO_208 LVLFHS--SL FVLASKIDVS DDARGIRIDG ---GQKRFLT NSPQHGKEHA 60
SEQ_ID_NO_214 LVLSYS--SV FGLASNMSIS NDTSGNKTDS FFESQSTSTE WGTDMGDKYI 62
SEQ_ID_NO_216 PPVDLWNSET ESGRKVGPVL SLTCPHDNQV ISSIKFASYG TPLGTCGNFY 150
SEQ_ID_NO_208 -------ACT NEEPDLGPLT RISCNEPEYV LTKINFADYG NPTGTCGHFR 103
SEQ_ID_NO_214 -------MCT ESNMEIPWM- -ISCKKSKEV FTRINFADYG NPSGKCEHYR 103
SEQ_ID_NO_216 HGRCSSNKAL SIVQKACIGS SSCSVGVSSD TFGDP-CRGM AKSLAVEATC 199
SEQ_ID_NO_208 RDNCGARATM RIVKKNCLGK EKCHLLVTDE MFGPSKCKGA PM-LAVETTC 152
SEQ_ID_NO_214 HGNCGAKTTM EVAKKNCLGK HQCVFKVSDE MFGTSHCKKE AK-FFVQLTC 152
SEQ_ID_NO_216 A-- 200
SEQ_ID_NO_208 TIA 155
SEQ_ID_NO_214 TKA 155

FIG. 9

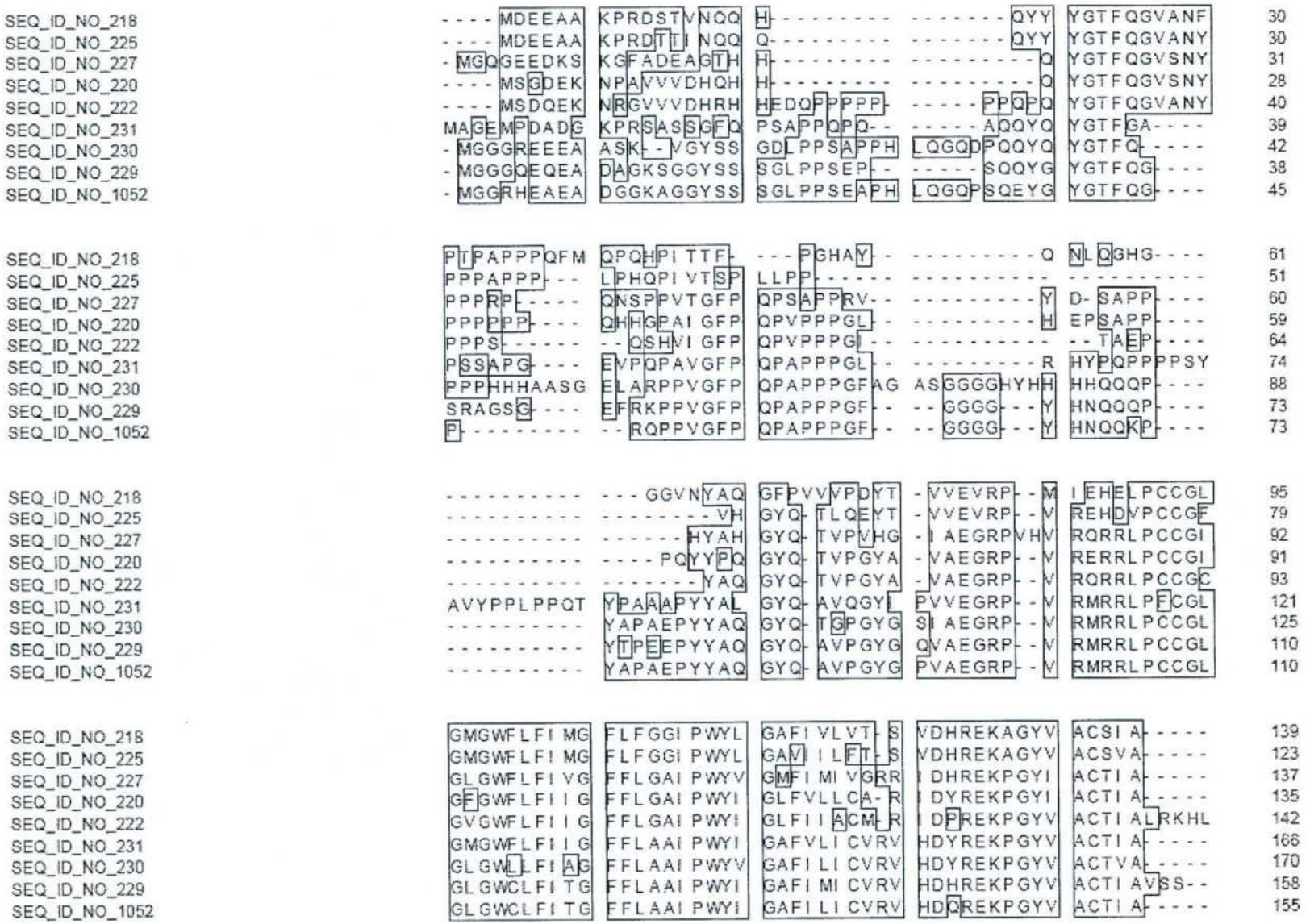

SEQ_ID_NO_218
SEQ_ID_NO_225
SEQ_ID_NO_227
SEQ_ID_NO_220
SEQ_ID_NO_222
SEQ_ID_NO_231
SEQ_ID_NO_230
SEQ_ID_NO_229
SEQ_ID_NO_1052

FIG. 9 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 10

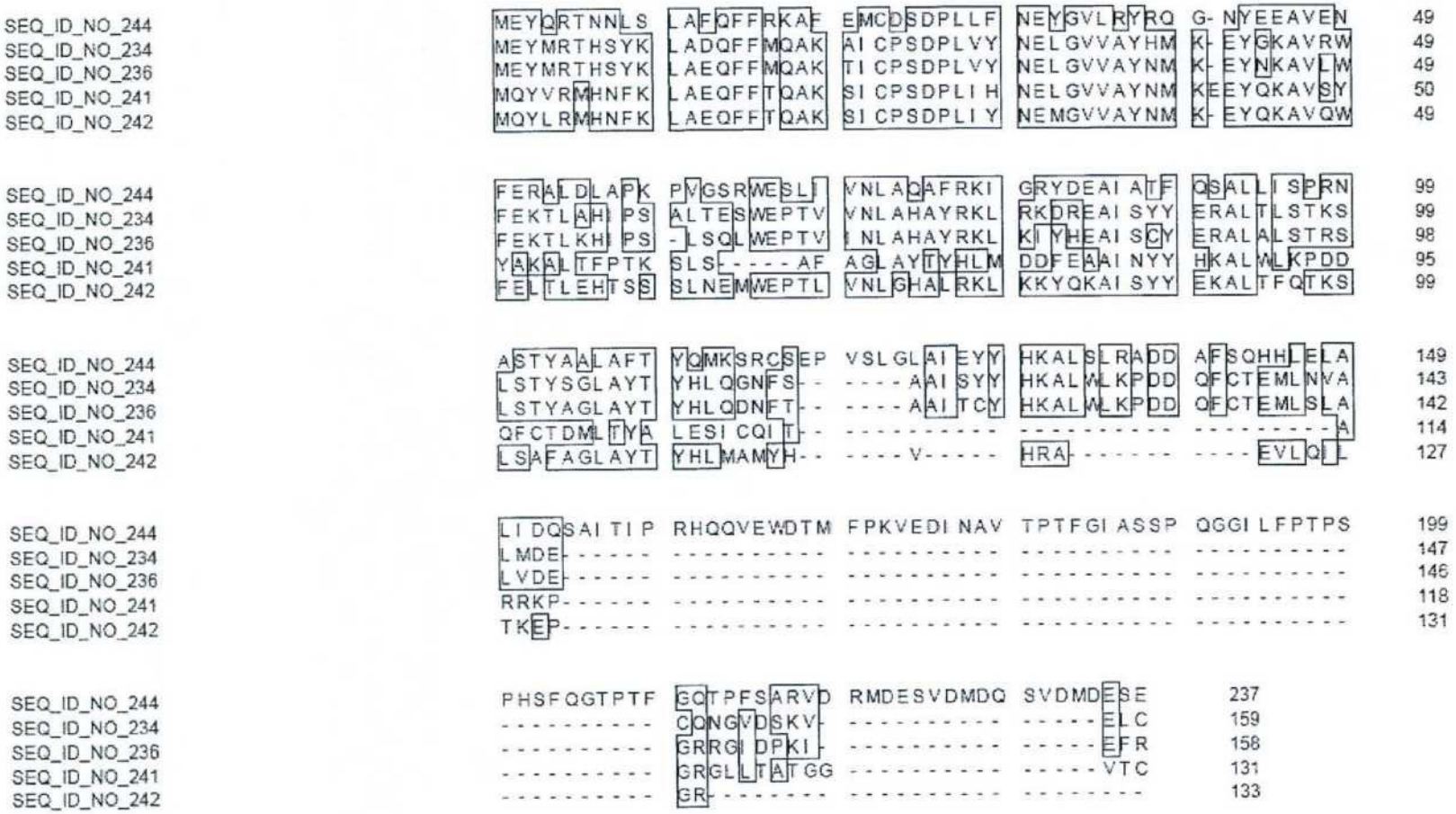

SEQ_ID_NO_244
SEQ_ID_NO_234
SEQ_ID_NO_236
SEQ_ID_NO_241
SEQ_ID_NO_242
MEYQRTNNLS LAFQQFFRKAF EMCDSDPLLF NEYGVLRYRQ G- NYEEAVEN 49
MEYMRTHSYK LADQFFMQAK AICPSDPLVY NELGVVAYHM K- EYGKAVRW 49
MEYMRTHSYK LAEQFFMQAK TICPSDPLVY NELGVVAYNM K- EYNKAVLW 49
MQYVRMHNFK LAEQFFTQAK SICPSDPLIH NELGVVAYNM KEEYQKAVSY 50
MQYLRMHNFK LAEQFFTQAK SICPSDPLIY NEMGVVAYNM K- EYQKAVQW 49
SEQ_ID_NO_244
SEQ_ID_NO_234
SEQ_ID_NO_236
SEQ_ID_NO_241
SEQ_ID_NO_242
FERALDLAPK PVGSRWESLI VNLAQAFRKI GRYDEAIATF QSALLISPRN 99
FEKTLAHIPS ALTESWEPTV VNLAHAYRKL RKDREAISYY ERALTLSTKS 99
FEKTLKHIPS -LSQLWEPTV INLAHAYRKL KIYHEAISCY ERALALSTRS 98
YAKALTFPTK SLS----AF AGLAYTYHLM DDFEAAINYY HKALWLKPDD 95
FELTLEHTSS SLNEMWEPTL VNLGHALRKL KKYQKAISYY EKALTFQTKS 99
SEQ_ID_NO_244
SEQ_ID_NO_234
SEQ_ID_NO_236
SEQ_ID_NO_241
SEQ_ID_NO_242
ASTYAALAFT YQMKSRCSEP VSLGLAIEYY HKALSLRADD AFSQHHLELA 149
LSTYSGLAYT YHLQGNFS-- ----AAISYY HKALWLKPDD QFCTEMLNVA 143
LSTYAGLAYT YHLQDNFT-- ----AAITCY HKALWLKPDD QFCTEMLSLA 142
QFCTDMLTYA LESICQIT-- ---------- ---------- ----------A 114
LSAFAGLAYT YHLMAMYH-- ----V----- HRA------- ----EVLQIL 127
SEQ_ID_NO_244
SEQ_ID_NO_234
SEQ_ID_NO_236
SEQ_ID_NO_241
SEQ_ID_NO_242
LIDQSAITIP RHQQVEWDTM FPKVEDINAV TPTFGIASSP QGGILFPTPS 199
LMDE------ ---------- ---------- ---------- ---------- 147
LVDE------ ---------- ---------- ---------- ---------- 146
RRKP------ ---------- ---------- ---------- ---------- 118
TKEP------ ---------- ---------- ---------- ---------- 131
SEQ_ID_NO_244
SEQ_ID_NO_234
SEQ_ID_NO_236
SEQ_ID_NO_241
SEQ_ID_NO_242
PHSFQGTPTF GQTPFSARVD RMDESVDMDQ SVDMDESE 237
---------- CQNGVDSKV- ---------- -----ELC 159
---------- GRRGIDPKI- ---------- -----EFR 158
---------- GRGLLTATGG ---------- -----VTC 131
---------- GR-------- ---------- -------- 133

FIG. 11


SEQ_ID_NO_268
SEQ_ID_NO_298
SEQ_ID_NO_260
SEQ_ID_NO_249
SEQ_ID_NO_255
SEQ_ID_NO_265
SEQ_ID_NO_262
SEQ_ID_NO_251
SEQ_ID_NO_246
SEQ_ID_NO_274
SEQ_ID_NO_248
SEQ_ID_NO_279
SEQ_ID_NO_296
SEQ_ID_NO_270
SEQ_ID_NO_267
SEQ_ID_NO_277
SEQ_ID_NO_286
SEQ_ID_NO_290

FIG. 11 (CONTINUAÇÃO)

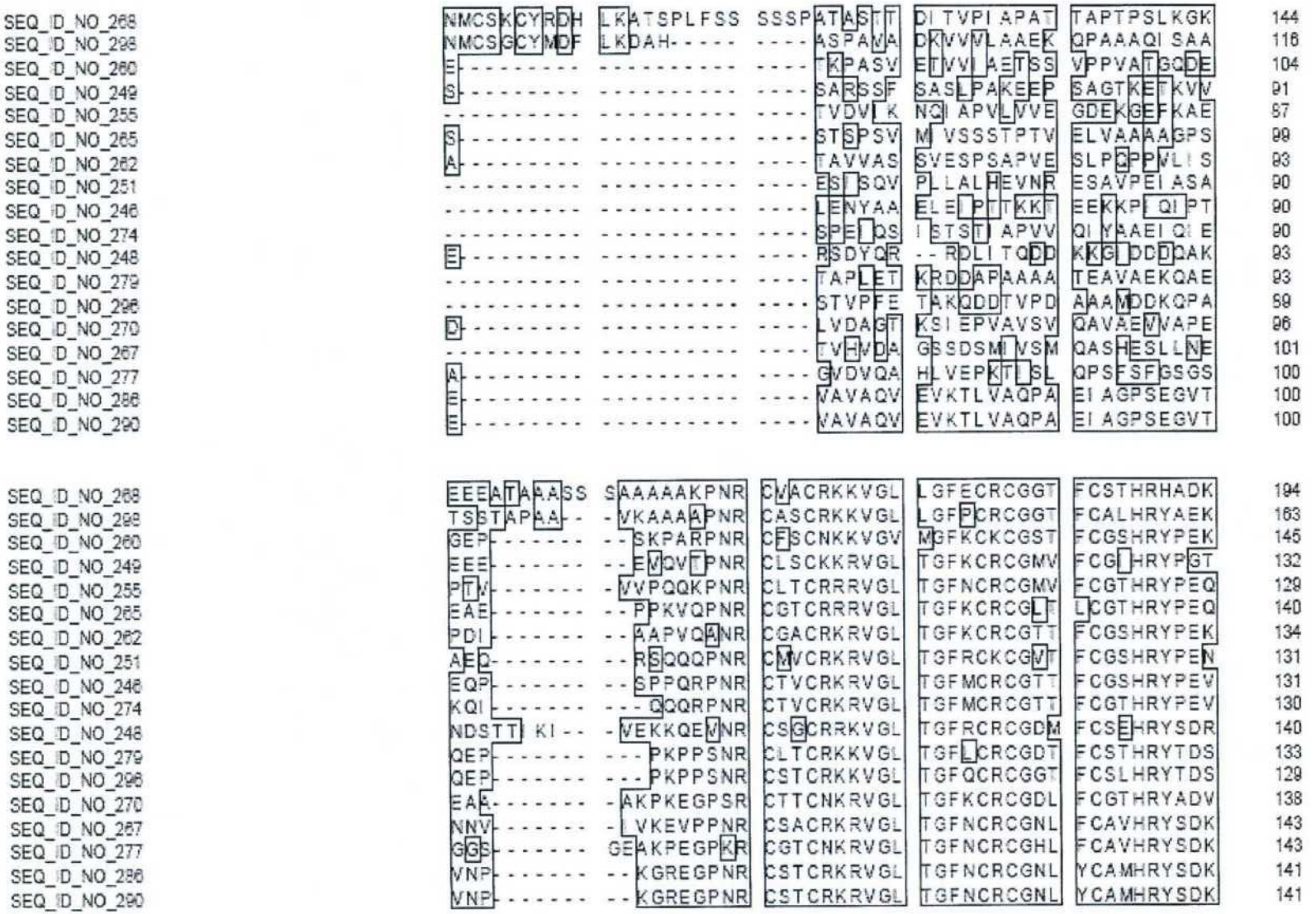


FIG. 11 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 12

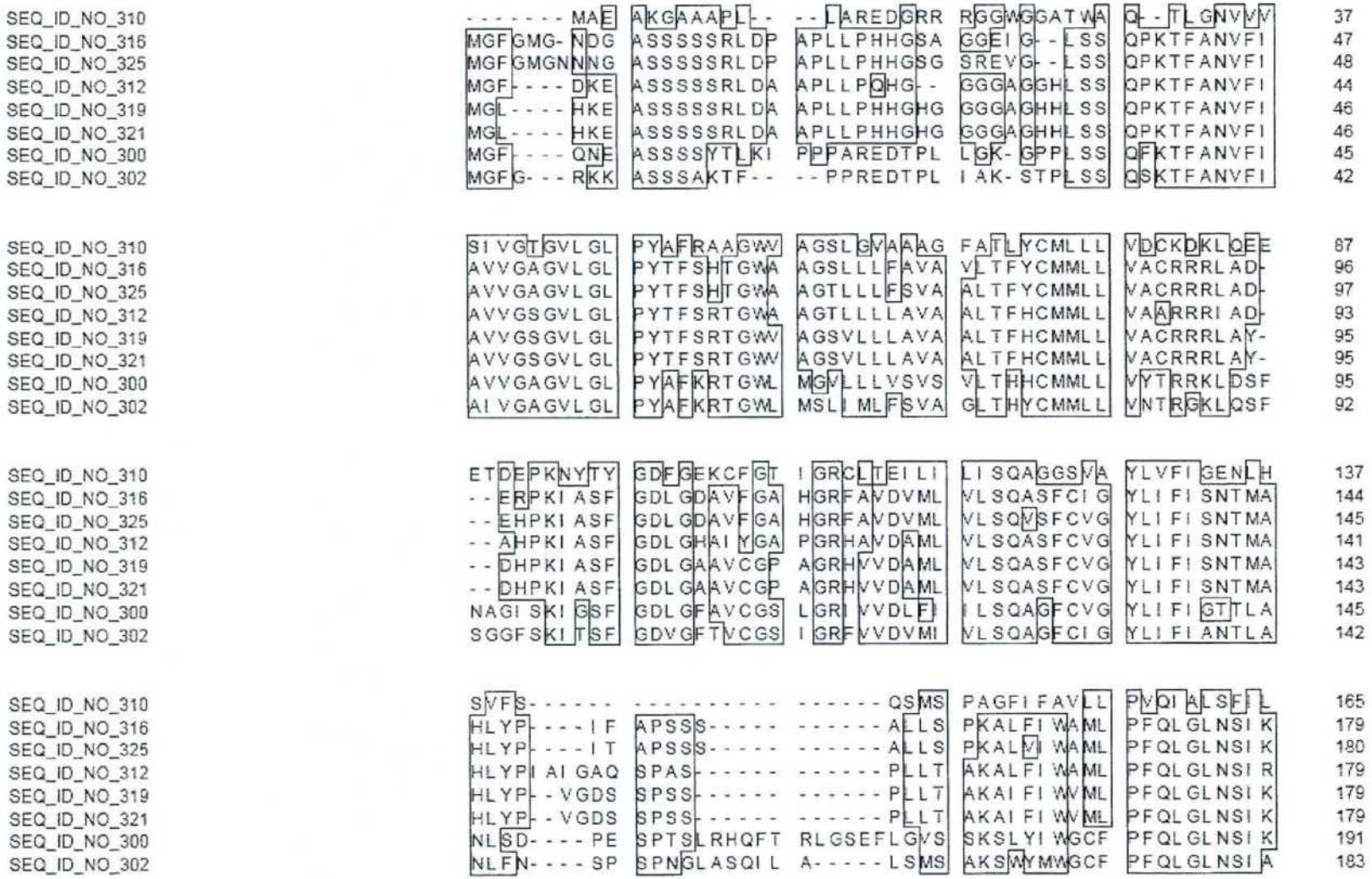

SEQ_ID_NO_310
SEQ_ID_NO_316
SEQ_ID_NO_325
SEQ_ID_NO_312
SEQ_ID_NO_319
SEQ_ID_NO_321
SEQ_ID_NO_300
SEQ_ID_NO_302

FIG. 12 (CONTINUAÇÃO)

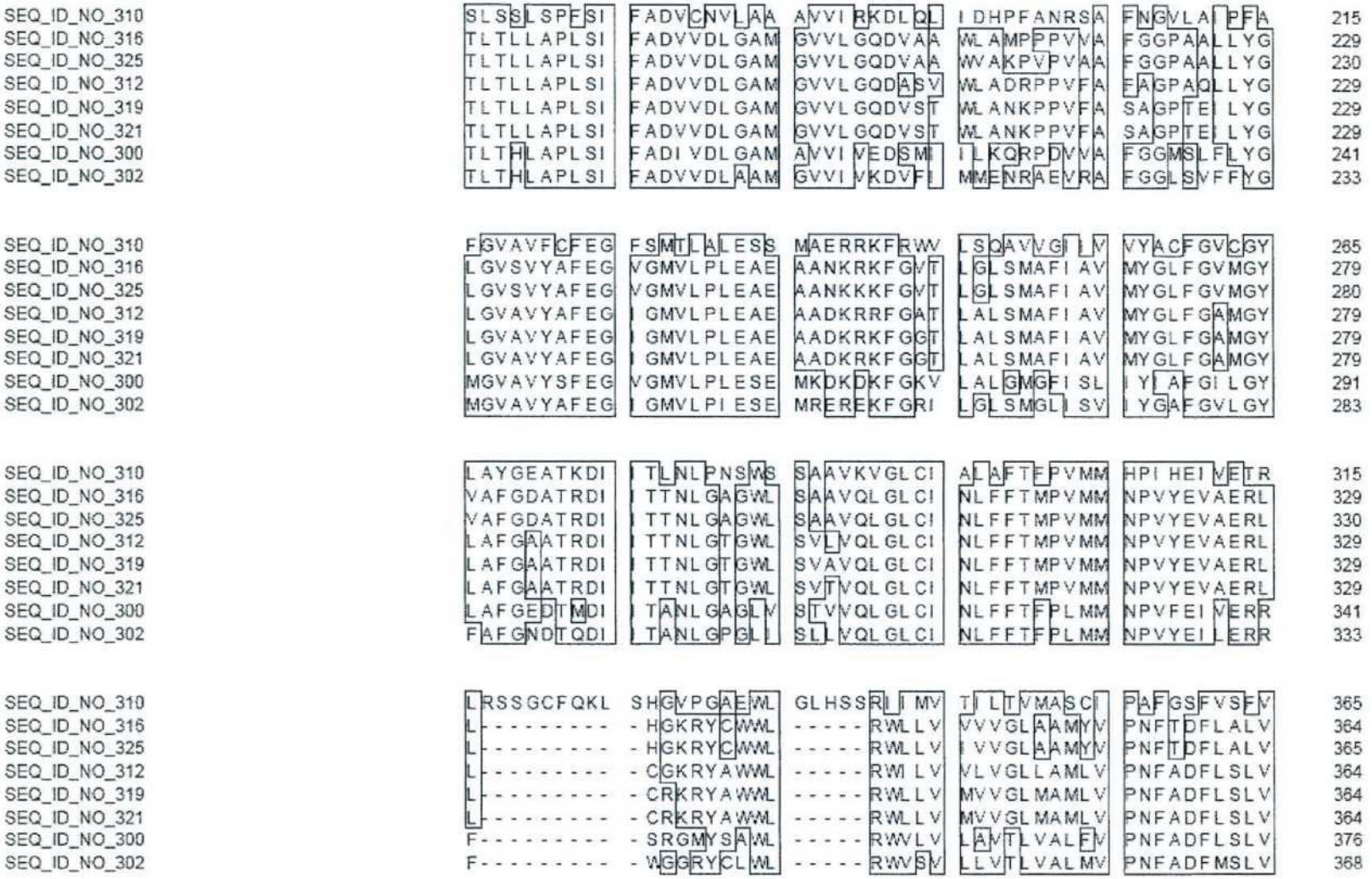


FIG. 12 (CONTINUAÇÃO)

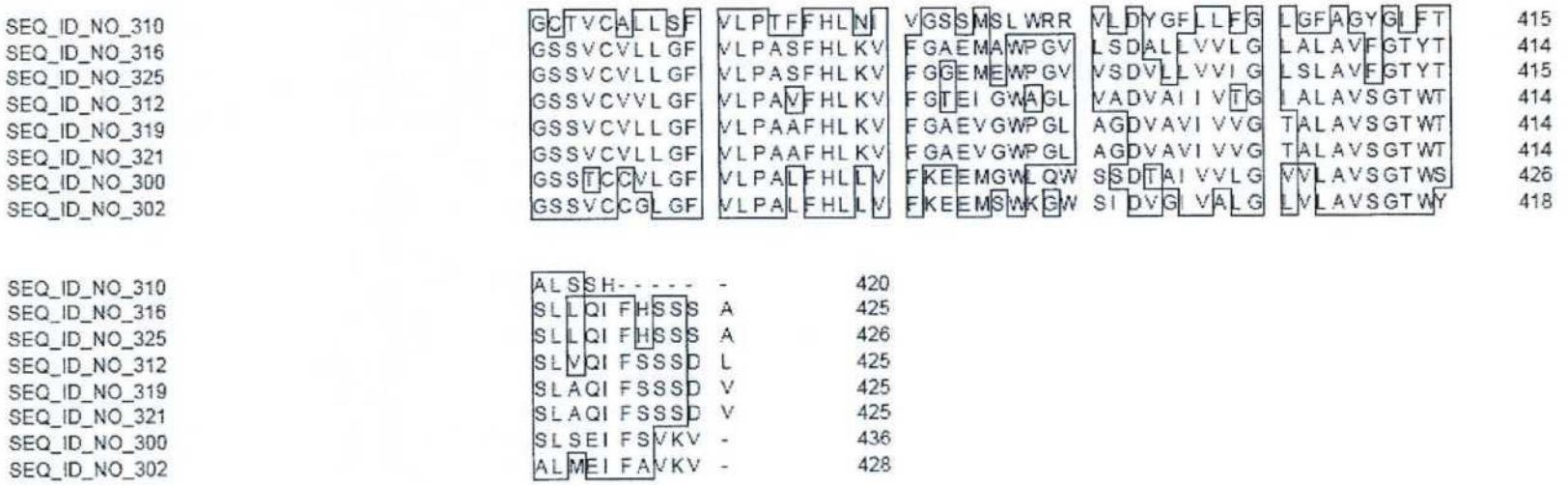


FIG. 13

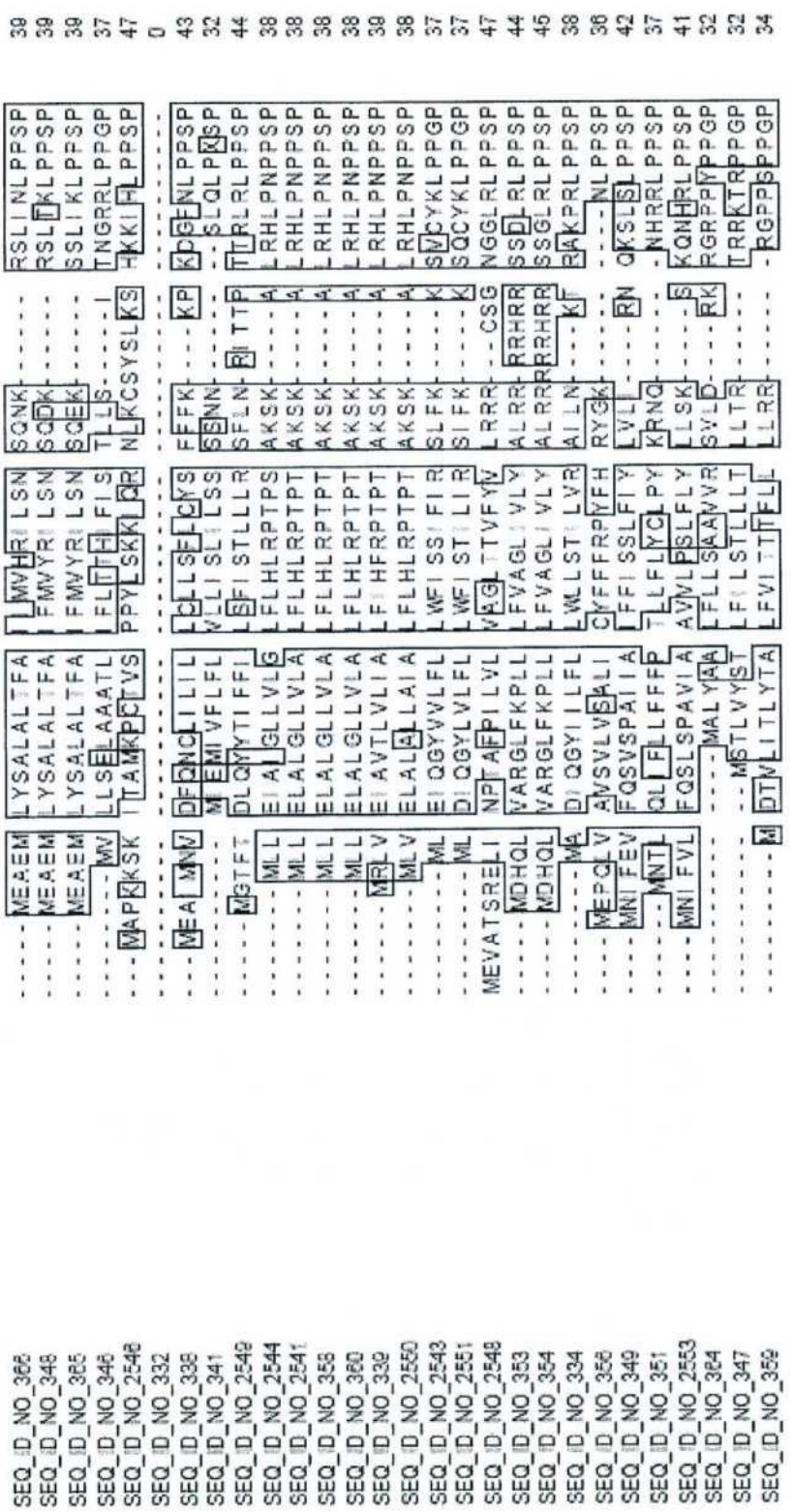


FIG. 13 (CONTINUAÇÃO)

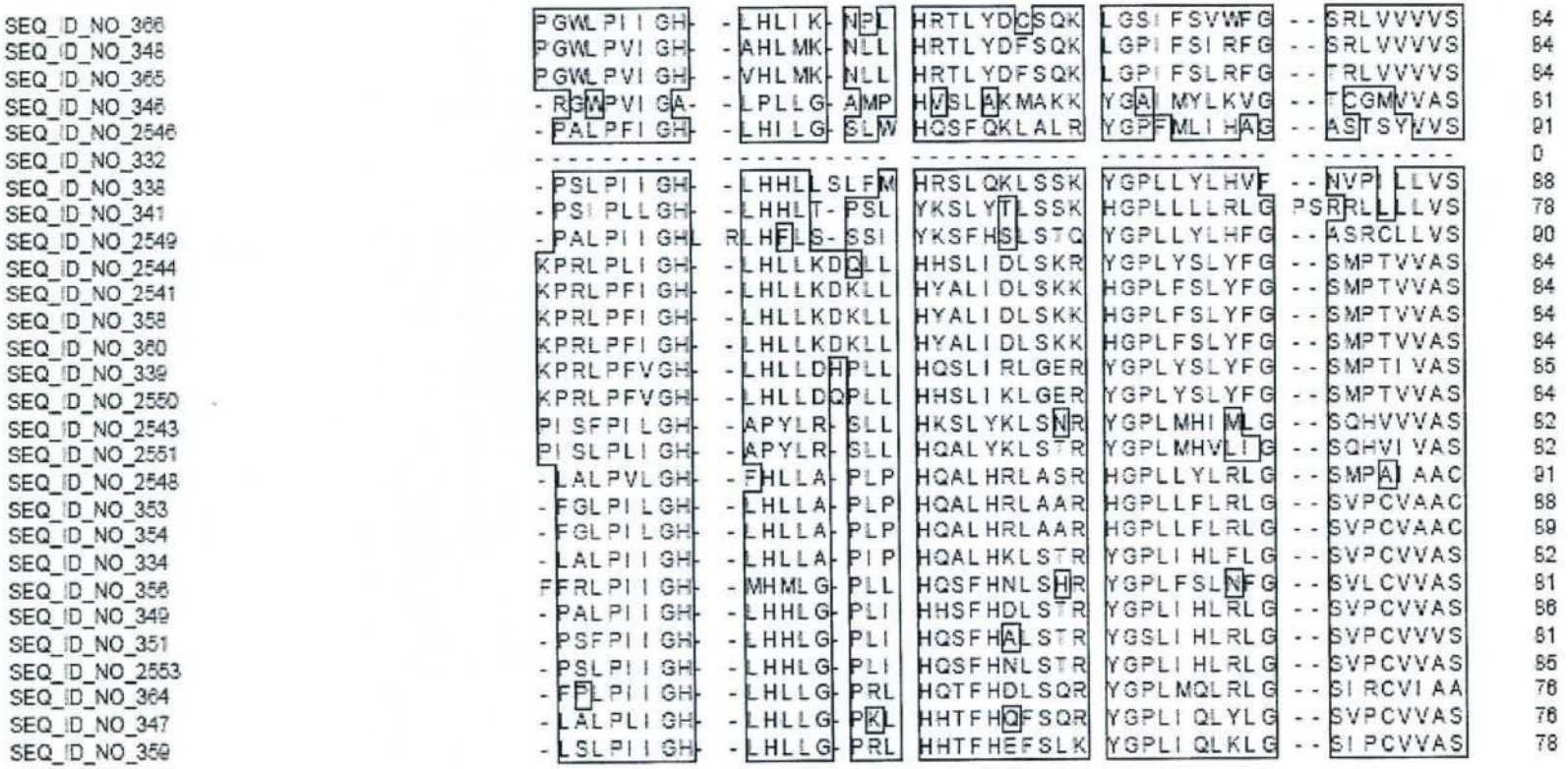


FIG. 13 (CONTINUAÇÃO)

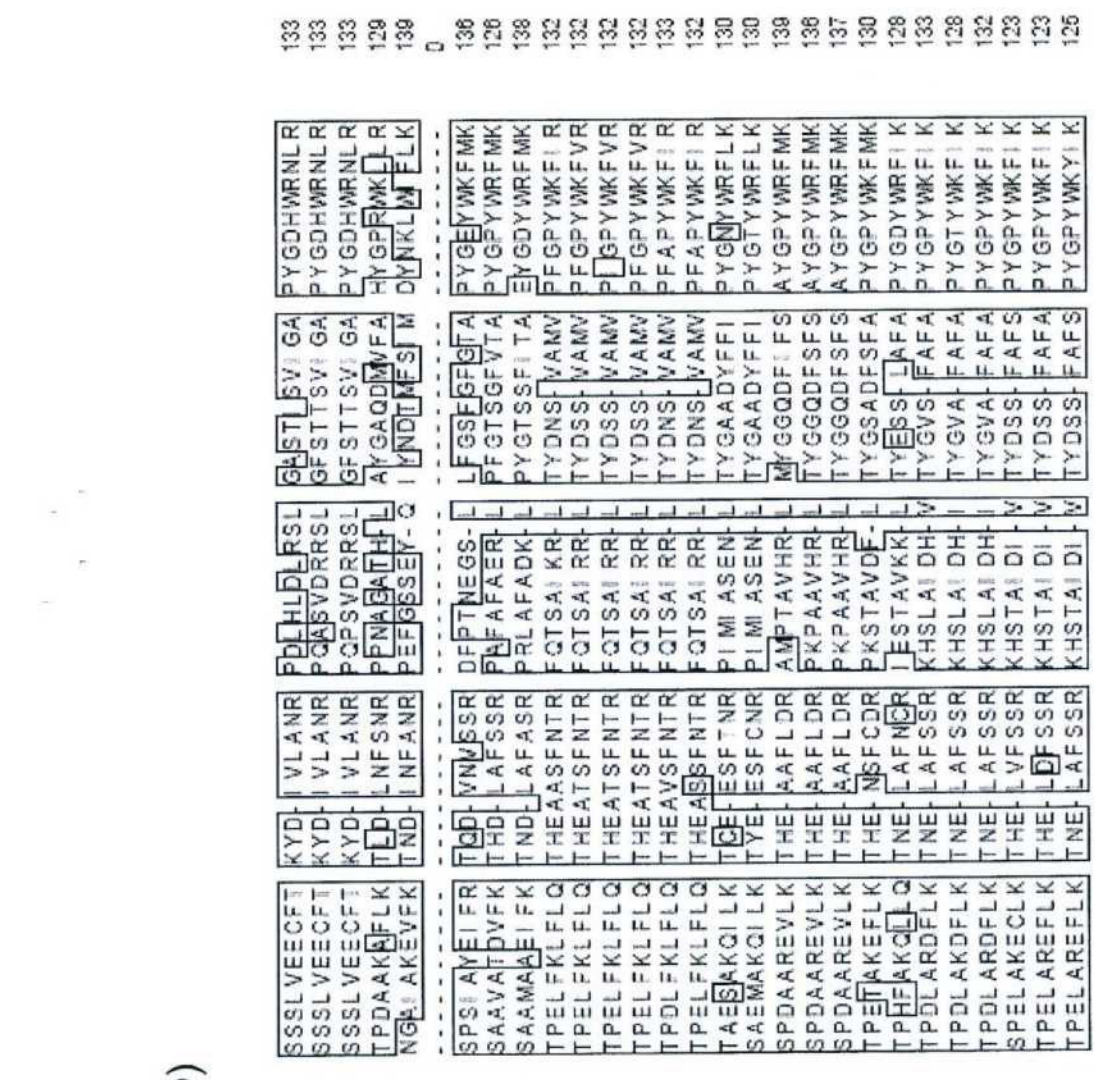


FIG. 13 (CONTINUAÇÃO)

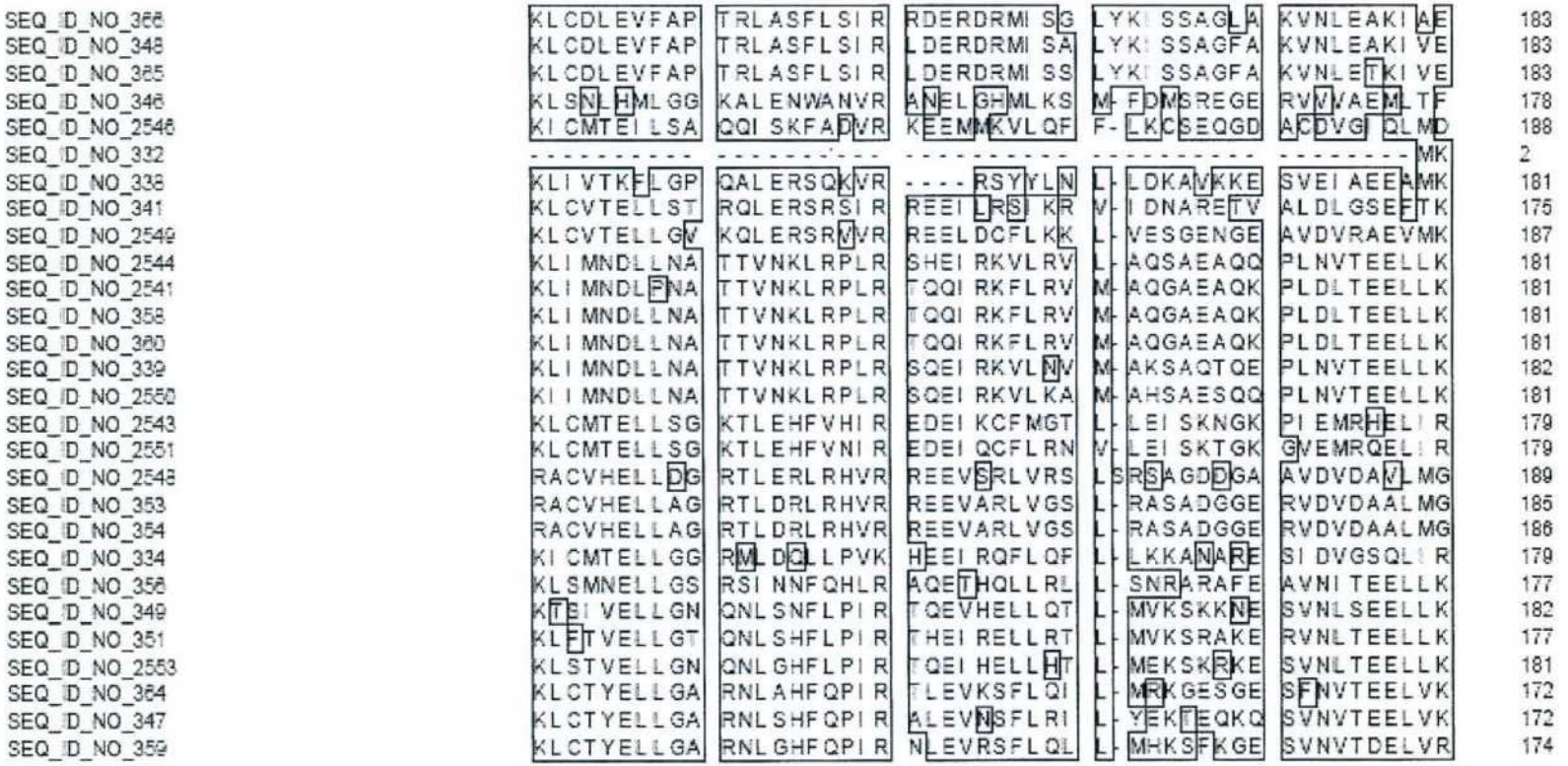


FIG. 13 (CONTINUAÇÃO)

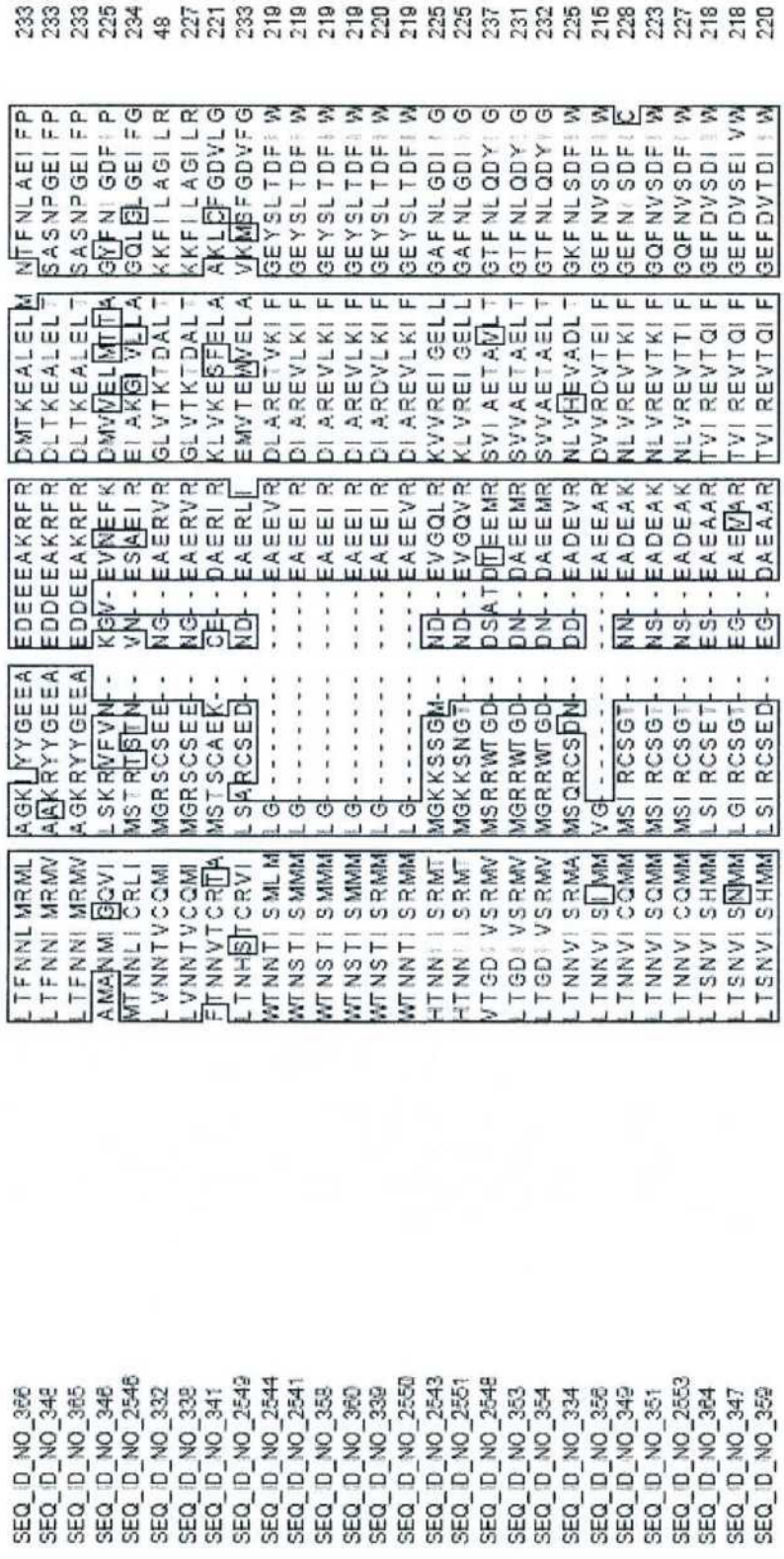


FIG. 13 (CONTINUAÇÃO)

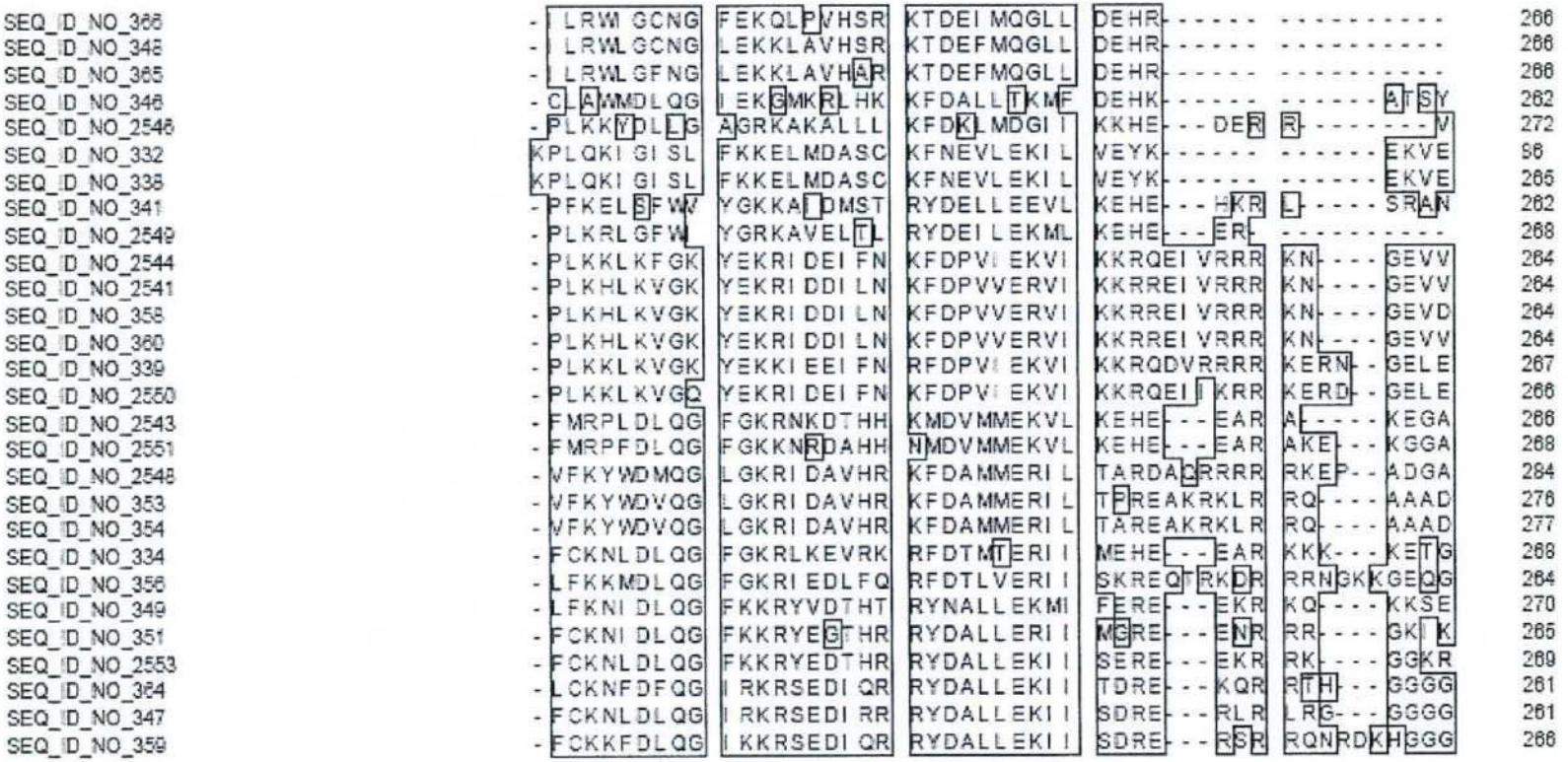


FIG. 13 (CONTINUAÇÃO)

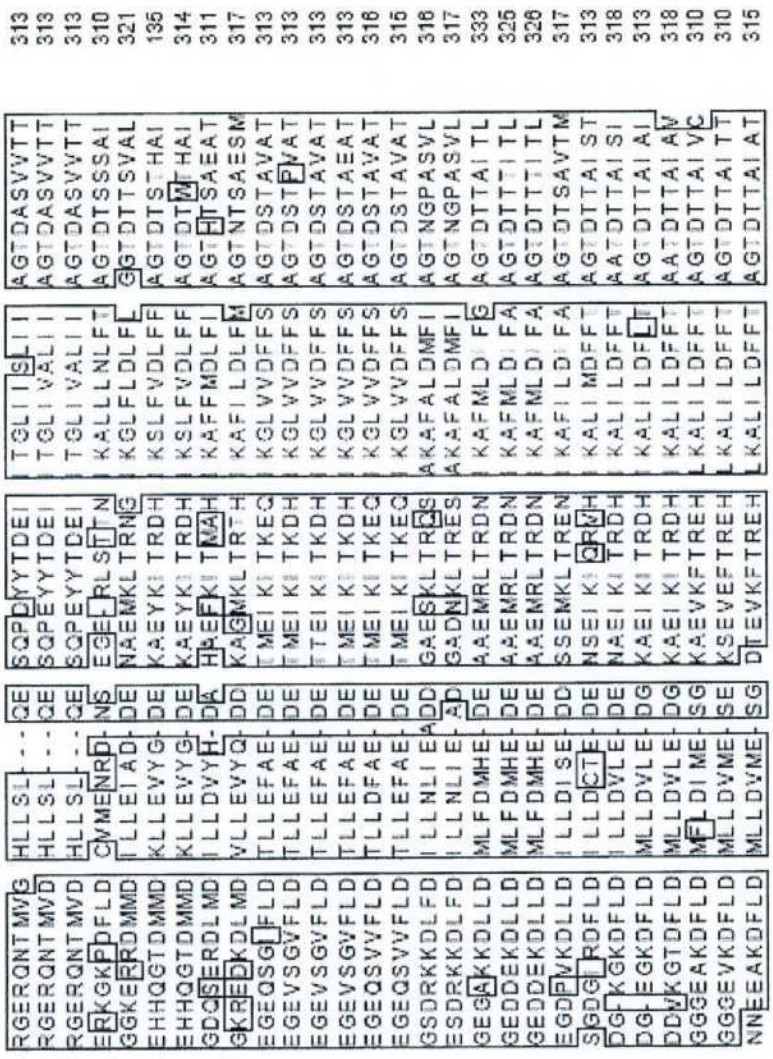


FIG. 13 (CONTINUAÇÃO)

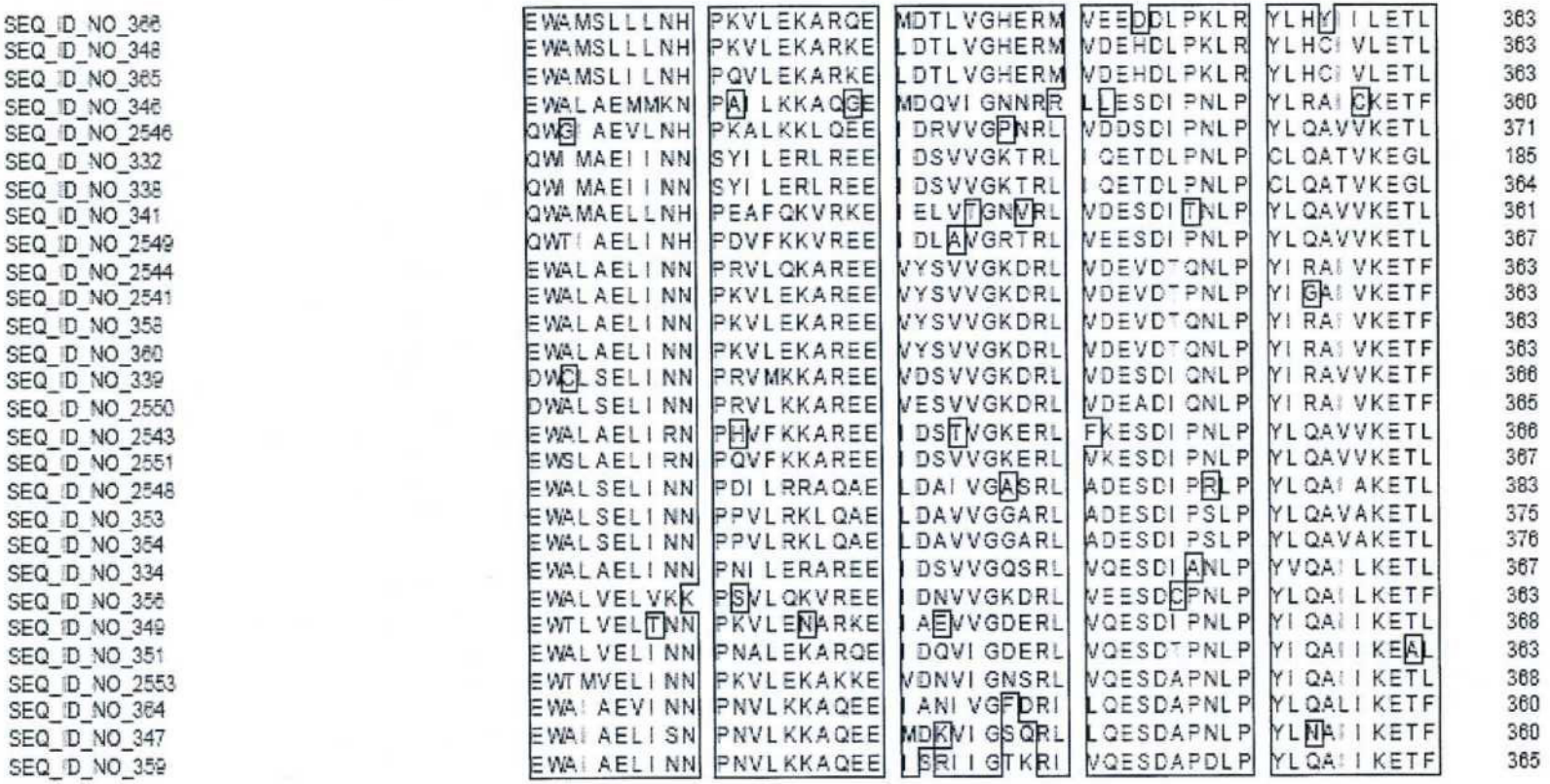


FIG. 13 (CONTINUAÇÃO)

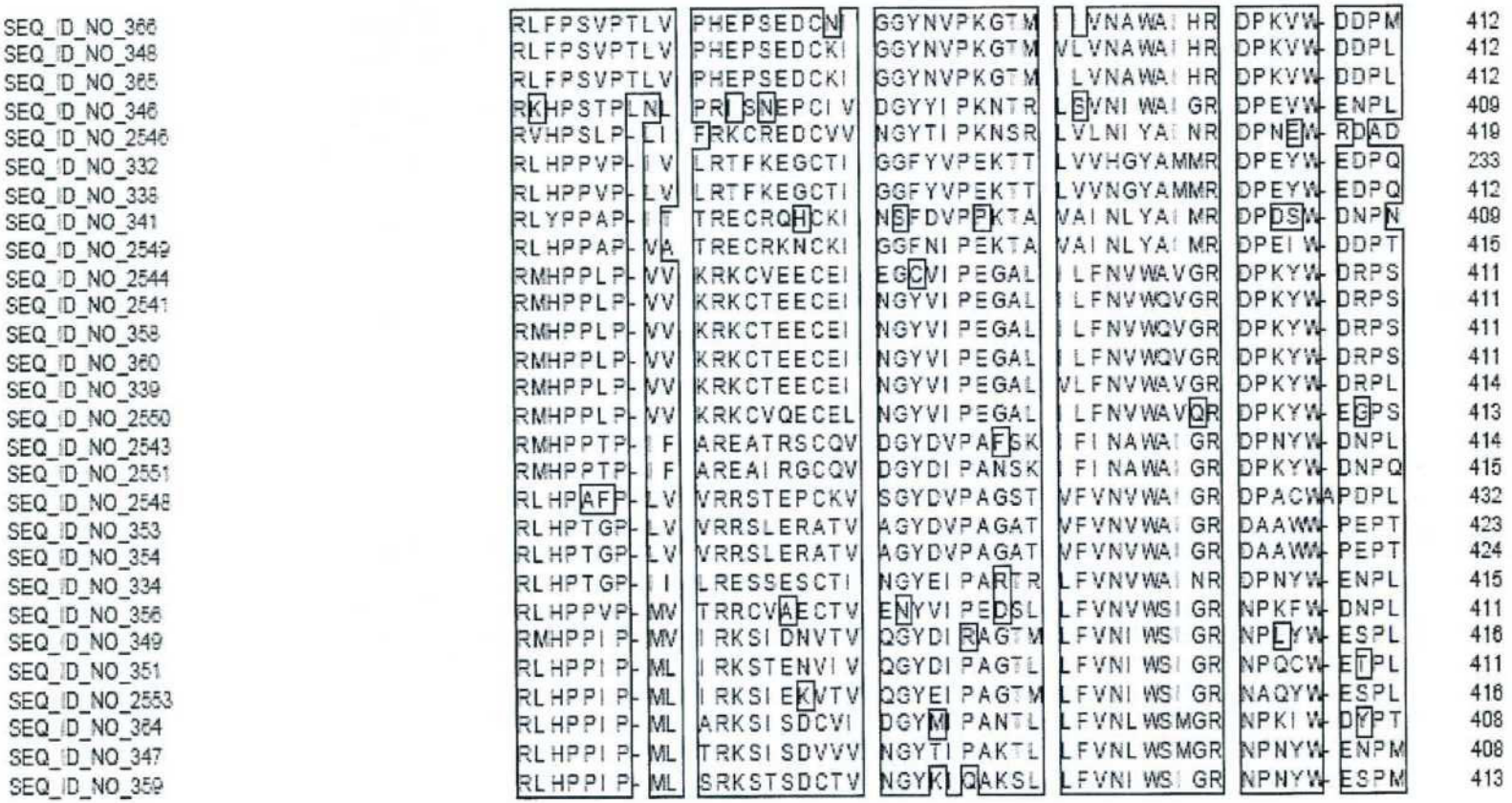


FIG. 13 (CONTINUAÇÃO)

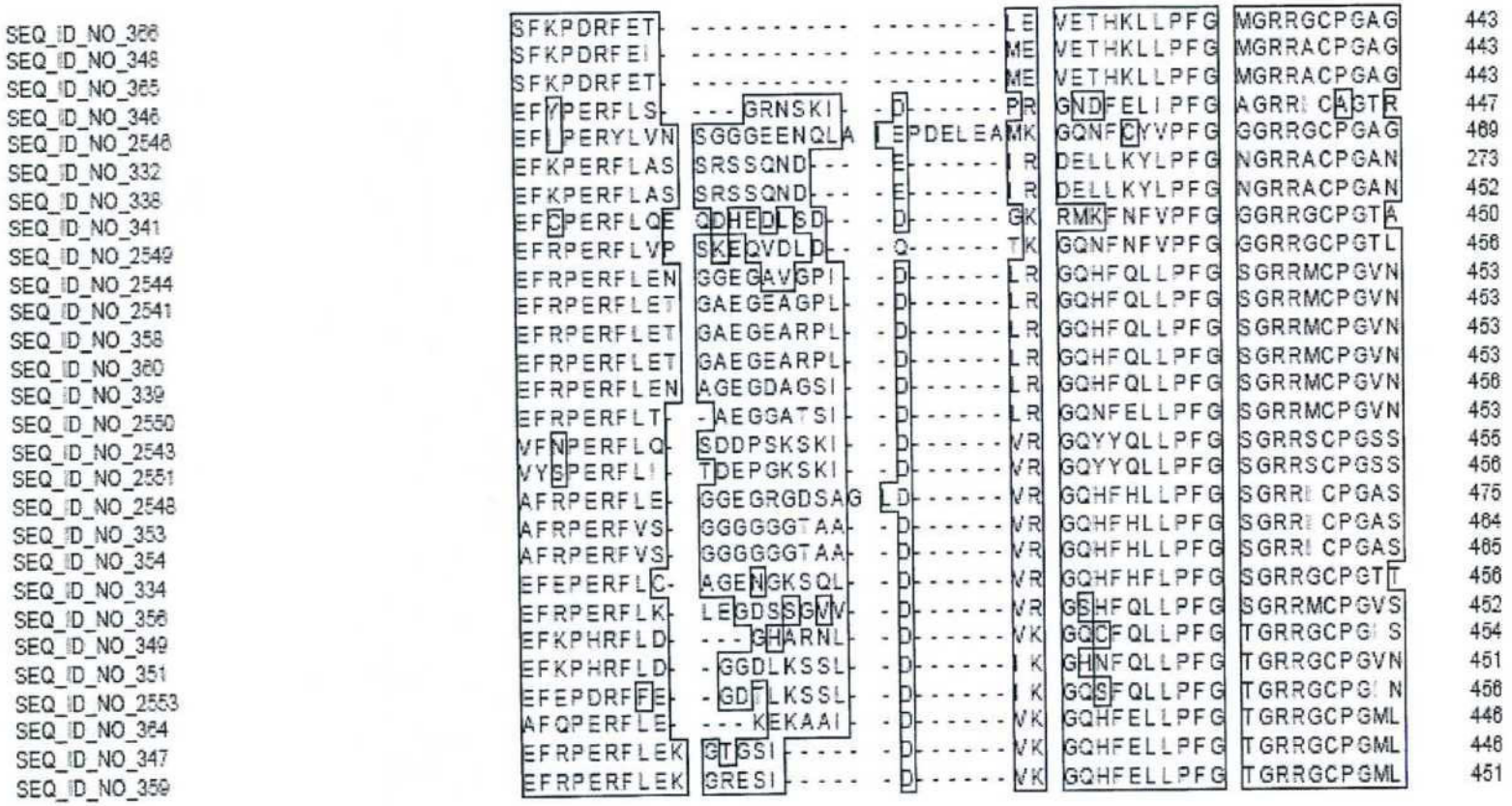


FIG. 13 (CONTINUAÇÃO)

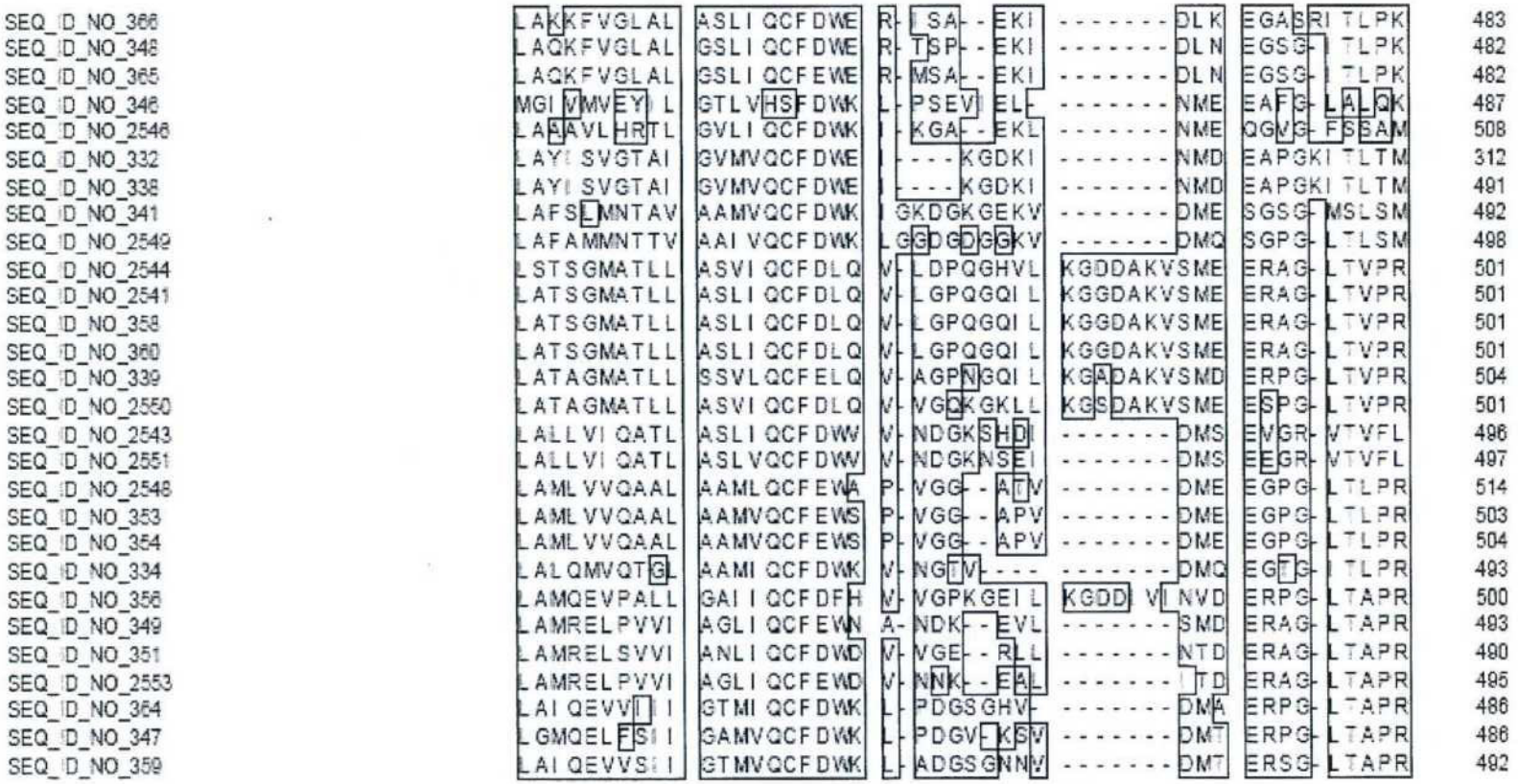


FIG. 13 (CONTINUAÇÃO)

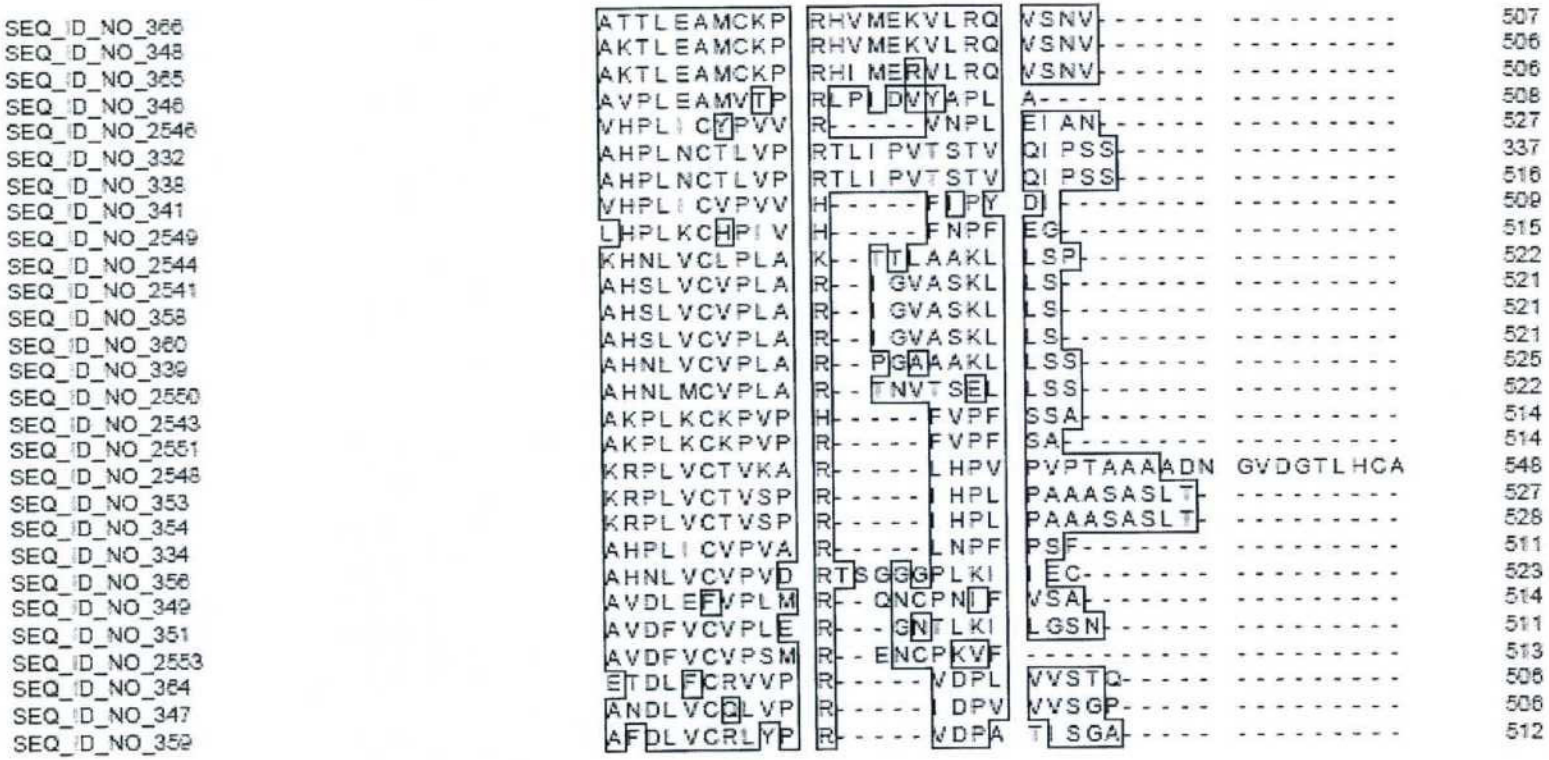


FIG. 14

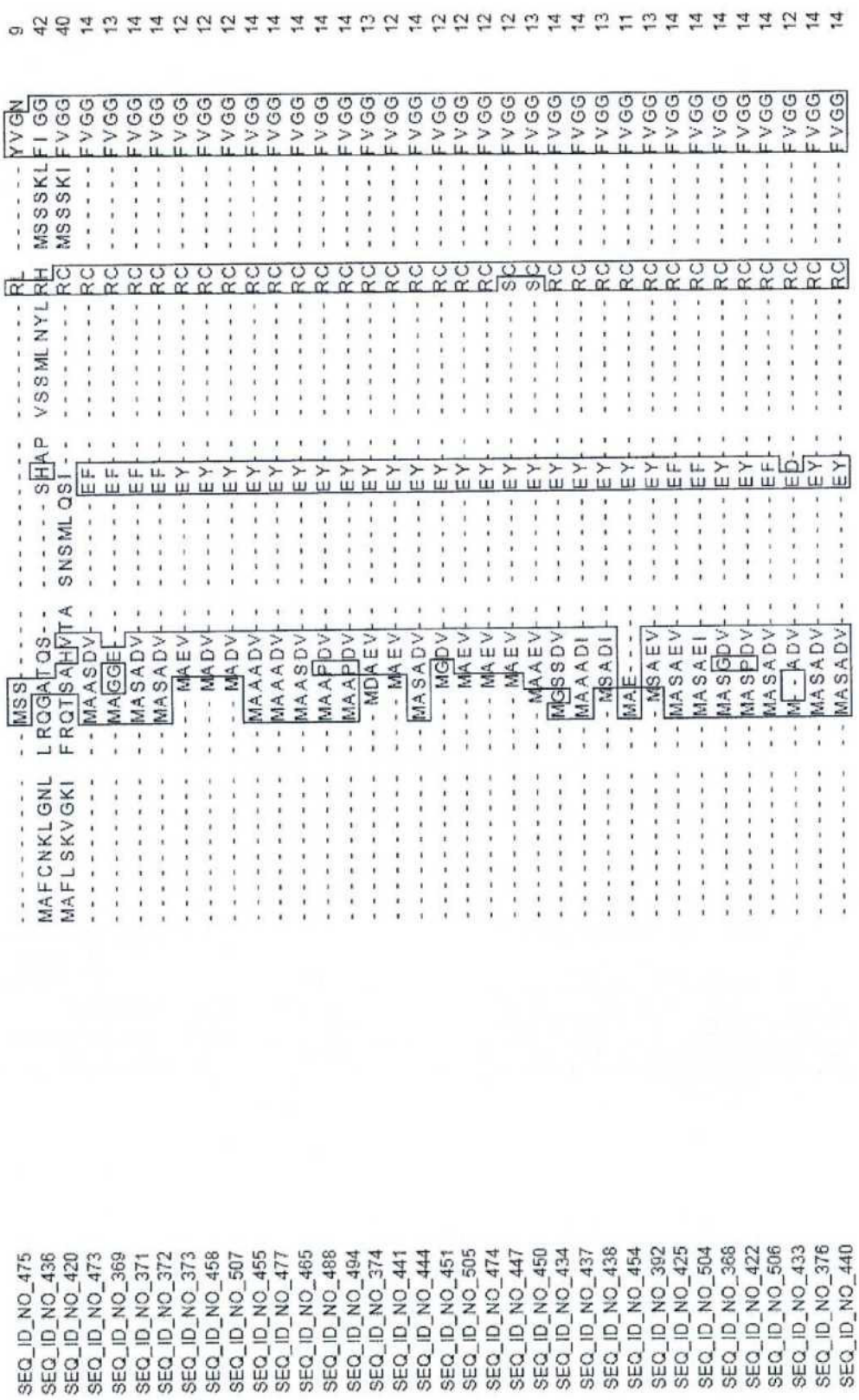

SEQ_ID_NO_475
SEQ_ID_NO_436
SEQ_ID_NO_420
SEQ_ID_NO_473
SEQ_ID_NO_369
SEQ_ID_NO_371
SEQ_ID_NO_372
SEQ_ID_NO_373
SEQ_ID_NO_458
SEQ_ID_NO_507
SEQ_ID_NO_455
SEQ_ID_NO_477
SEQ_ID_NO_465
SEQ_ID_NO_488
SEQ_ID_NO_494
SEQ_ID_NO_374
SEQ_ID_NO_441
SEQ_ID_NO_444
SEQ_ID_NO_451
SEQ_ID_NO_505
SEQ_ID_NO_474
SEQ_ID_NO_447
SEQ_ID_NO_450
SEQ_ID_NO_434
SEQ_ID_NO_437
SEQ_ID_NO_438
SEQ_ID_NO_454
SEQ_ID_NO_392
SEQ_ID_NO_425
SEQ_ID_NO_504
SEQ_ID_NO_366
SEQ_ID_NO_422
SEQ_ID_NO_506
SEQ_ID_NO_433
SEQ_ID_NO_376
SEQ_ID_NO_440

FIG. 14 (CONTINUAÇÃO)

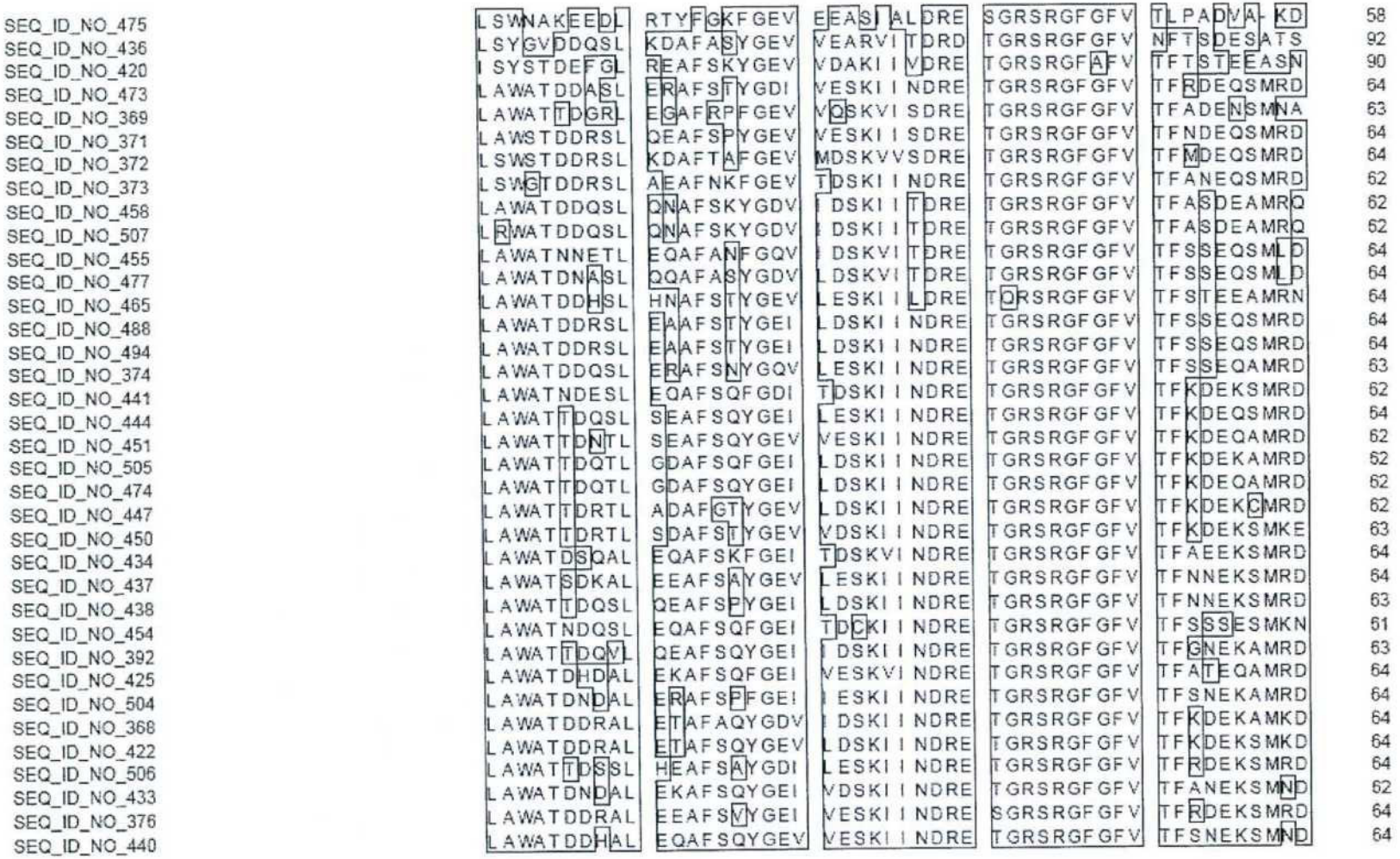


FIG. 14 (CONTINUAÇÃO)

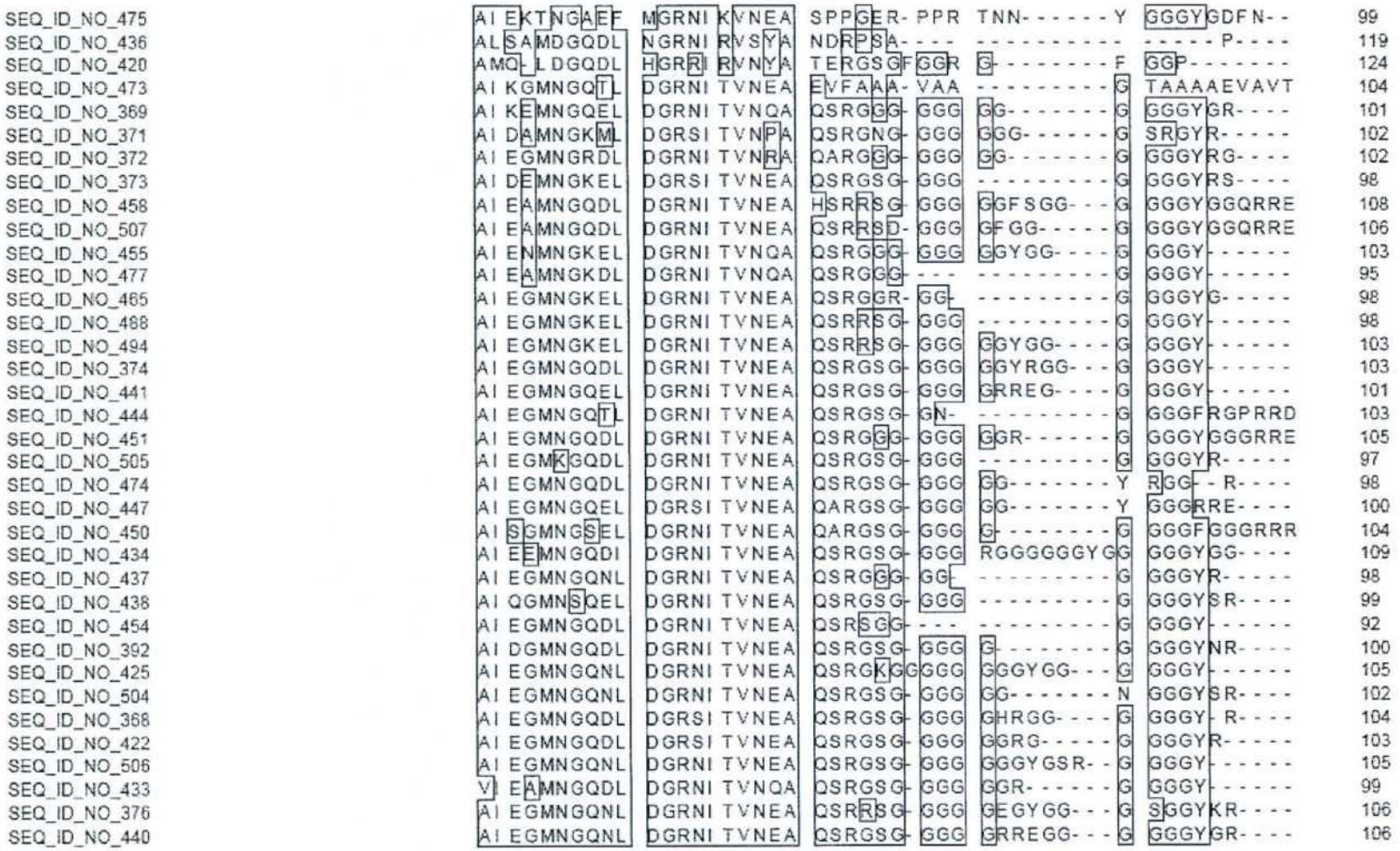


FIG. 14 (CONTINUAÇÃO)

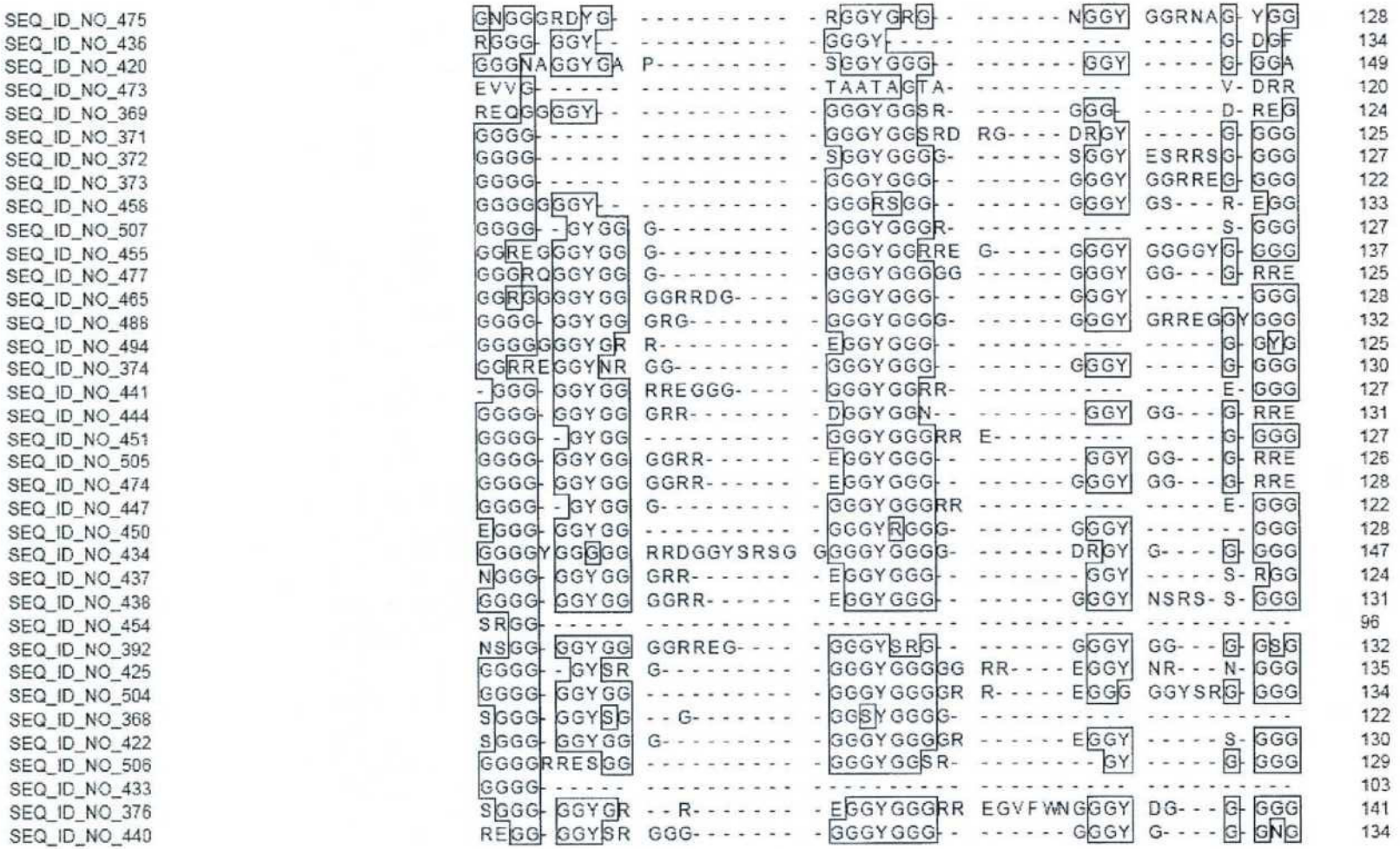


FIG. 14 (CONTINUAÇÃO)

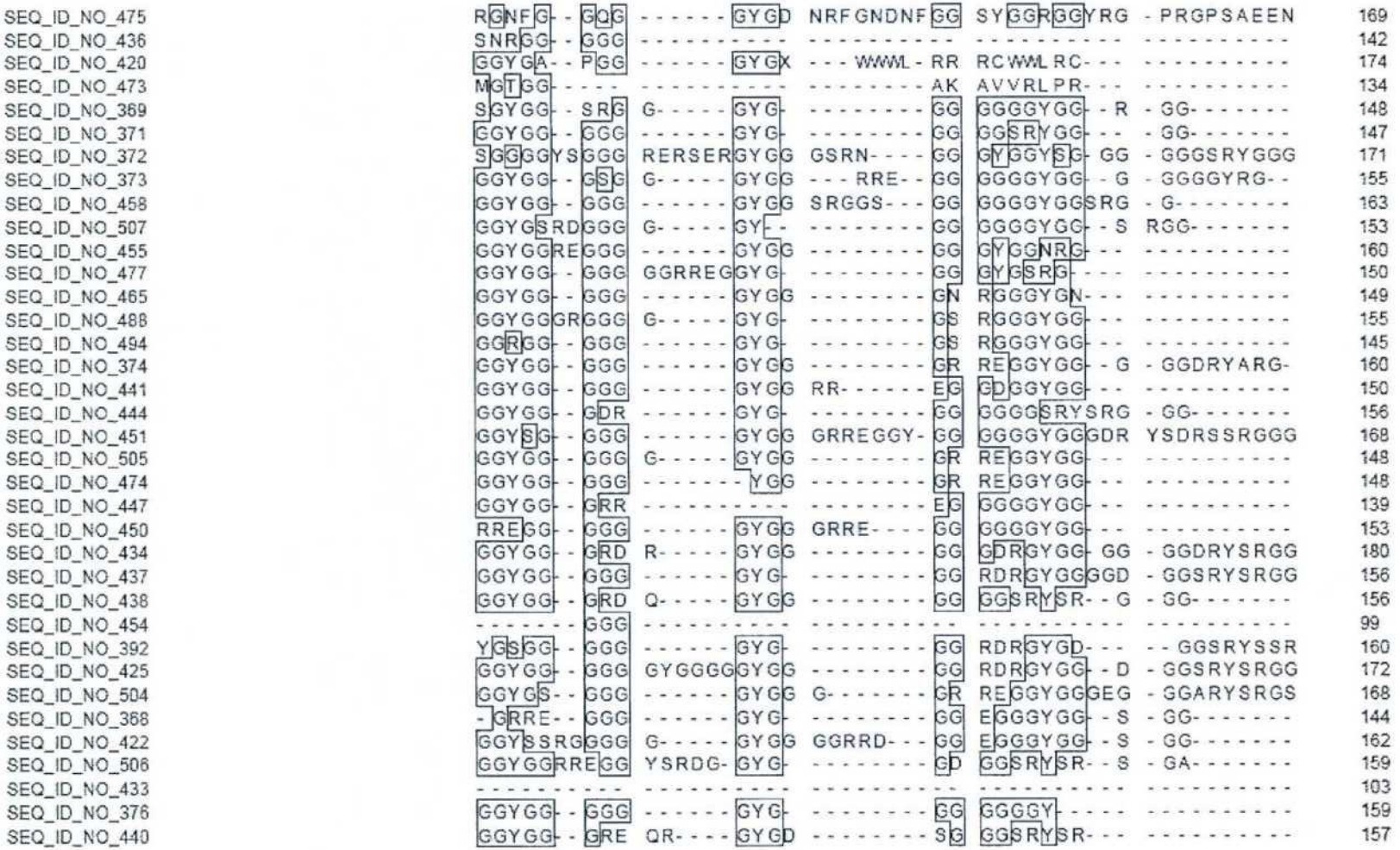


FIG. 14 (CONTINUAÇÃO)

SEQ_ID_NO_475	NSNNYGGY--	----------	----------	------	177
SEQ_ID_NO_436	----GGGW--	----------	----------	------	146
SEQ_ID_NO_420	--SSWWLWRR	WLQCSRWWLR	RWLILWWKCC	WWRLWR	208
SEQ_ID_NO_473	----SEGWAS	----------	----------	------	140
SEQ_ID_NO_369	--PSSGNWRN	DRQPEY----	----------	------	162
SEQ_ID_NO_371	--SEGGSWRR	----------	----------	------	155
SEQ_ID_NO_372	GVSDDGGWRS	----------	----------	------	181
SEQ_ID_NO_373	--NSDGNWRN	----------	----------	------	163
SEQ_ID_NO_458	--SGGGNWRE	----------	----------	------	171
SEQ_ID_NO_507	--SGGGNWRE	----------	----------	------	161
SEQ_ID_NO_455	--DSGGNWRN	----------	----------	------	168
SEQ_ID_NO_477	--DSGGNWRN	----------	----------	------	158
SEQ_ID_NO_465	---SDGNWRN	----------	----------	------	156
SEQ_ID_NO_488	--DSGGNWRN	----------	----------	------	163
SEQ_ID_NO_494	--DSGGNWRN	----------	----------	------	153
SEQ_ID_NO_374	--NSDSDWRN	----------	----------	------	168
SEQ_ID_NO_441	----GGGGSR	W---------	----------	------	157
SEQ_ID_NO_444	--ASDGNWRN	----------	----------	------	164
SEQ_ID_NO_451	GGSSDGNWRN	----------	----------	------	178
SEQ_ID_NO_505	--GSEG----	----------	----------	------	152
SEQ_ID_NO_474	--GSEGNWRN	----------	----------	------	156
SEQ_ID_NO_447	--GGYGGGGR	Y---------	----------	------	148
SEQ_ID_NO_450	--GGYGGGDR	Y---------	----------	------	162
SEQ_ID_NO_434	GADSGGNWRD	----------	----------	------	190
SEQ_ID_NO_437	G-ASEGNWRS	----------	----------	------	165
SEQ_ID_NO_438	--ESDGNWKN	----------	----------	------	164
SEQ_ID_NO_454	--DSGGNWRN	----------	----------	------	107
SEQ_ID_NO_392	GESEGGSWRS	----------	----------	------	170
SEQ_ID_NO_425	GGSDGGSWRN	----------	----------	------	182
SEQ_ID_NO_504	GGSEGGSWRS	----------	----------	------	178
SEQ_ID_NO_368	----GGGW--	----------	----------	------	148
SEQ_ID_NO_422	----GGGW--	----------	----------	------	166
SEQ_ID_NO_506	--SDGGSWRN	----------	----------	------	167
SEQ_ID_NO_433	----GG----	----------	----------	------	105
SEQ_ID_NO_376	----GG----	----------	----------	------	161
SEQ_ID_NO_440	-DSDGGNWRS	----------	----------	------	166

FIG. 15

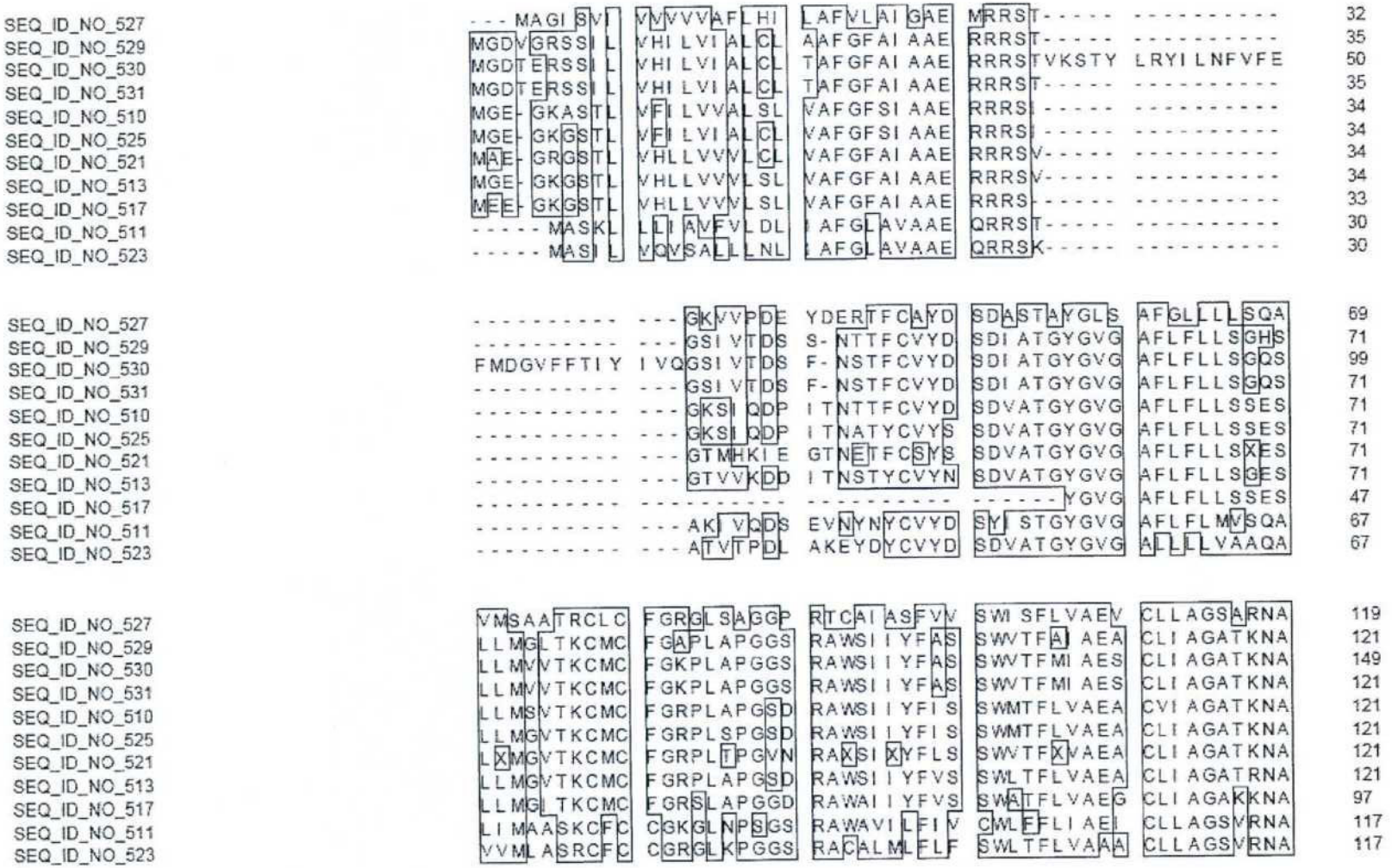

SEQ_ID_NO_527
SEQ_ID_NO_529
SEQ_ID_NO_530
SEQ_ID_NO_531
SEQ_ID_NO_510
SEQ_ID_NO_525
SEQ_ID_NO_521
SEQ_ID_NO_513
SEQ_ID_NO_517
SEQ_ID_NO_511
SEQ_ID_NO_523

FIG. 15 (CONTINUAÇÃO)

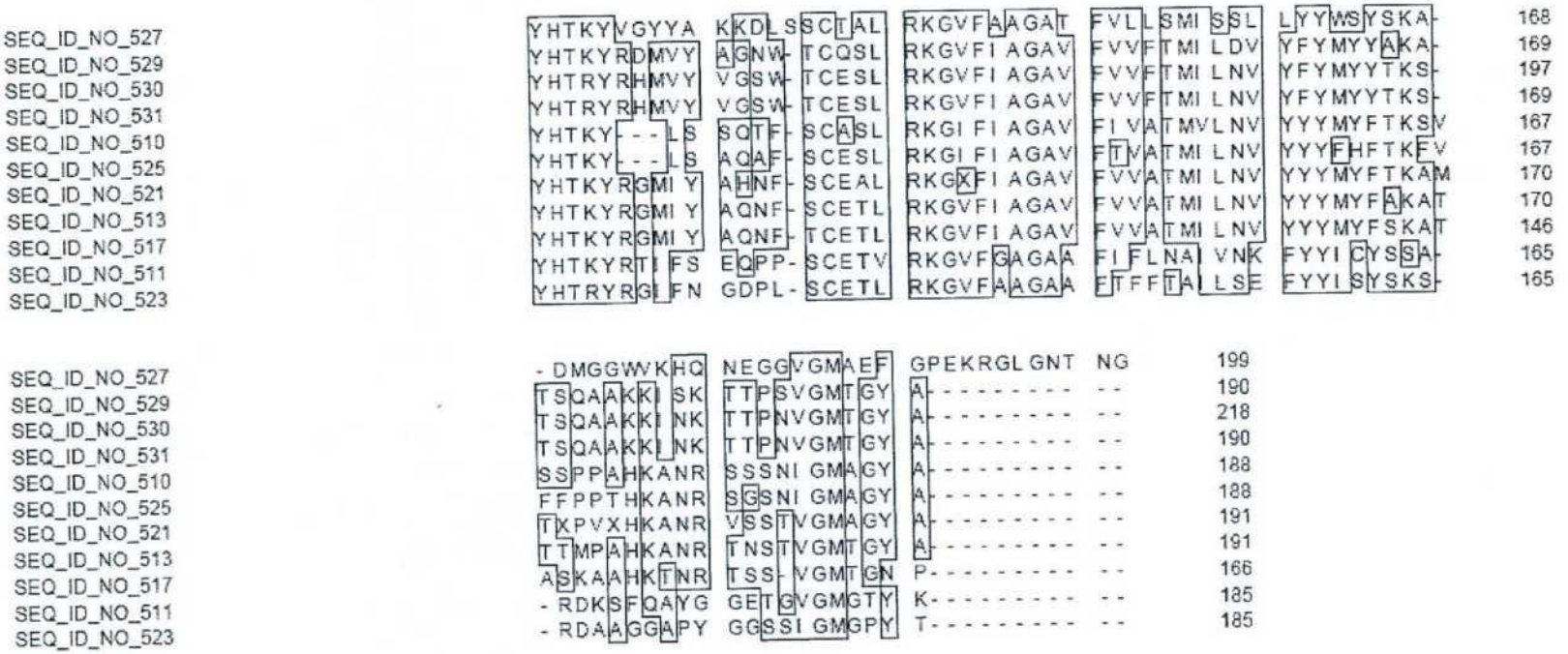


FIG. 16

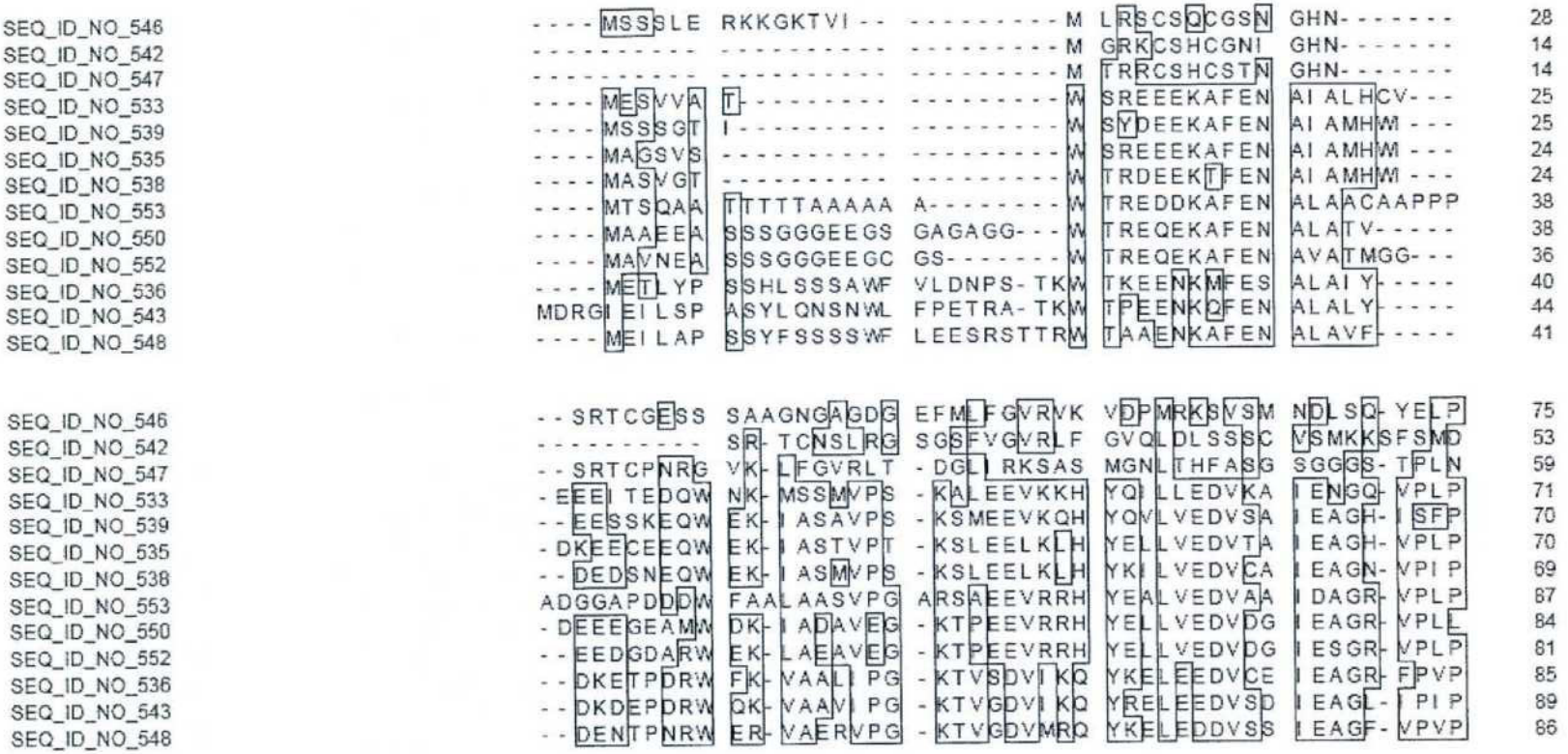

SEQ_ID_NO_546
SEQ_ID_NO_542
SEQ_ID_NO_547
SEQ_ID_NO_533
SEQ_ID_NO_539
SEQ_ID_NO_535
SEQ_ID_NO_538
SEQ_ID_NO_553
SEQ_ID_NO_550
SEQ_ID_NO_552
SEQ_ID_NO_536
SEQ_ID_NO_543
SEQ_ID_NO_548

FIG. 16 (CONTINUAÇÃO)

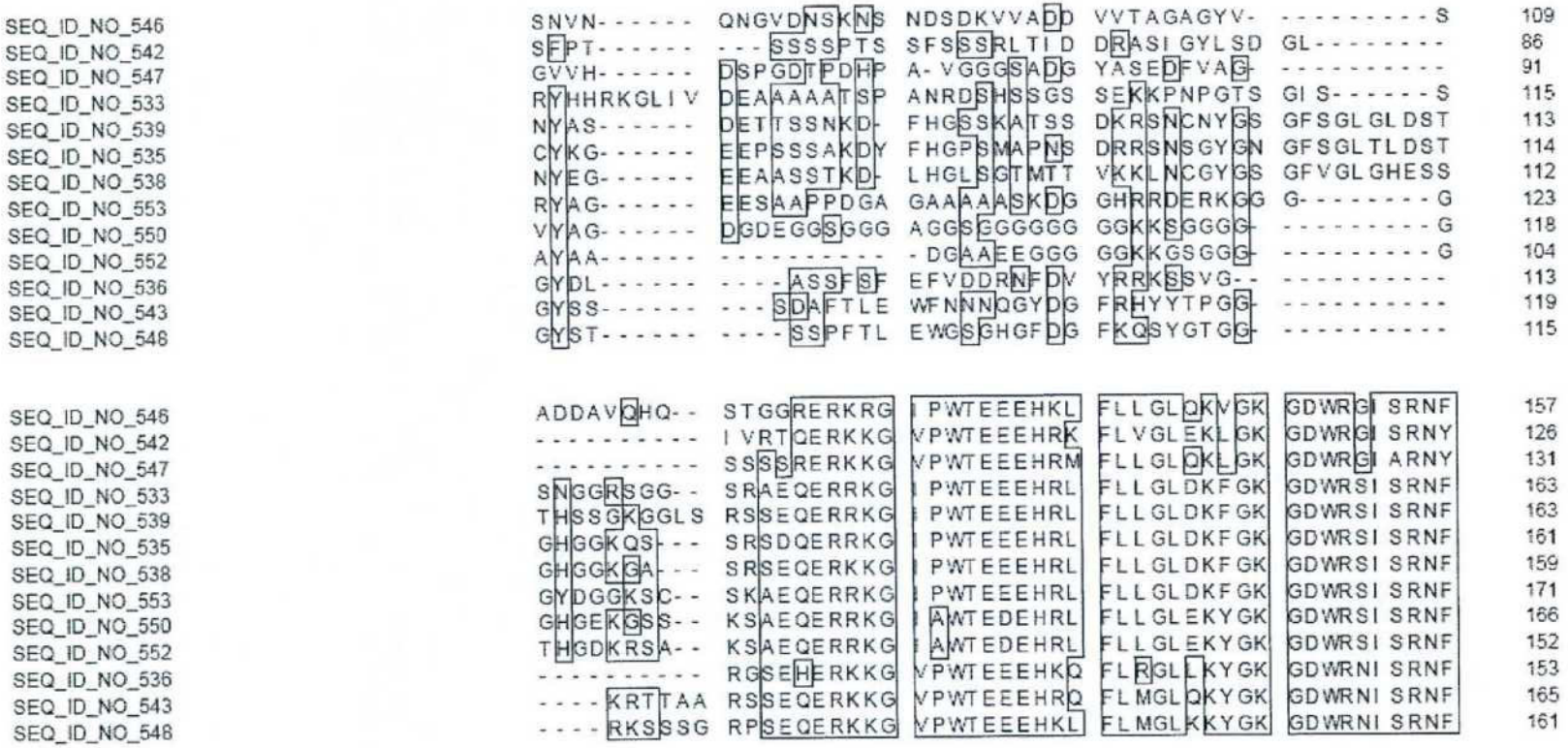


FIG. 16 (CONTINUAÇÃO)

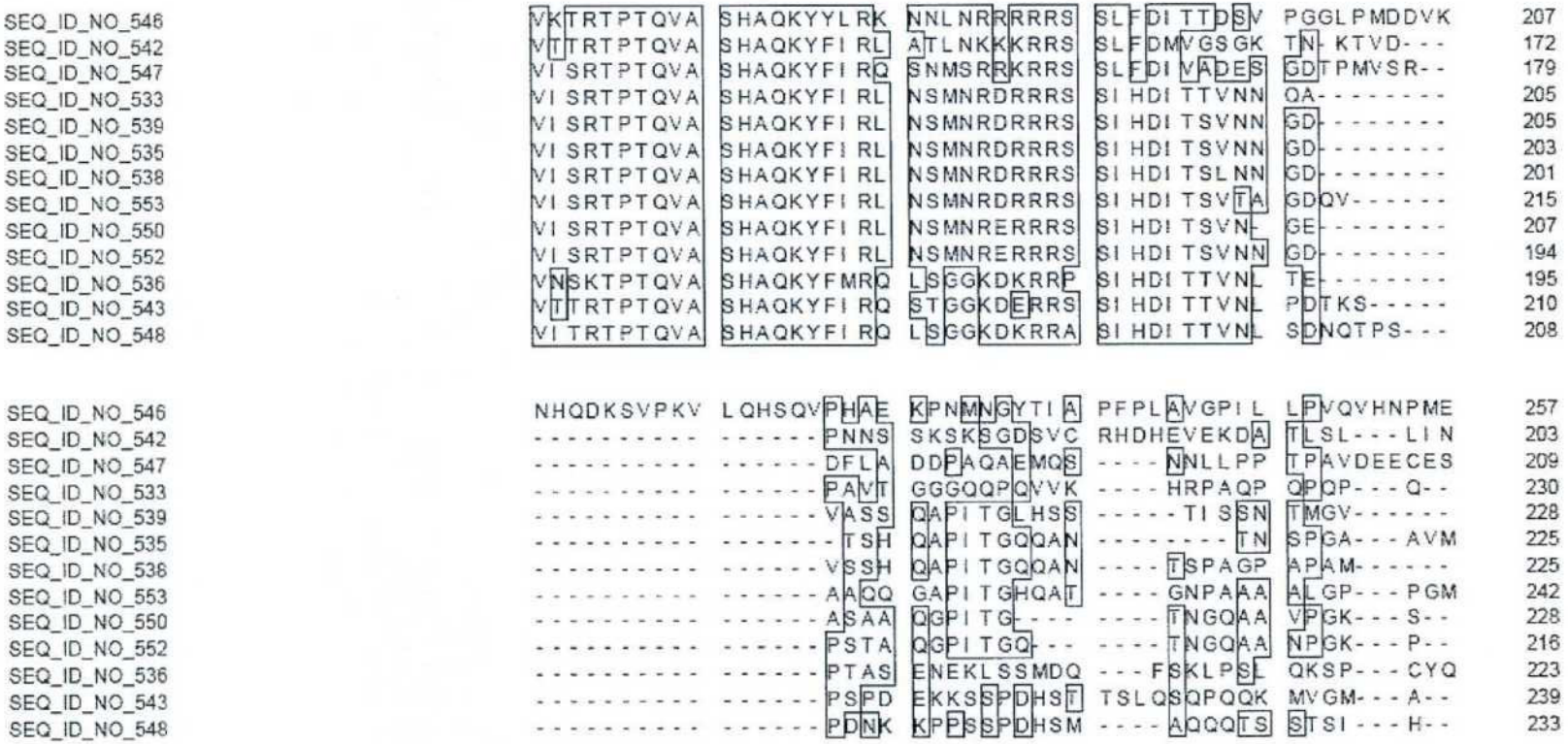


FIG. 16 (CONTINUAÇÃO)

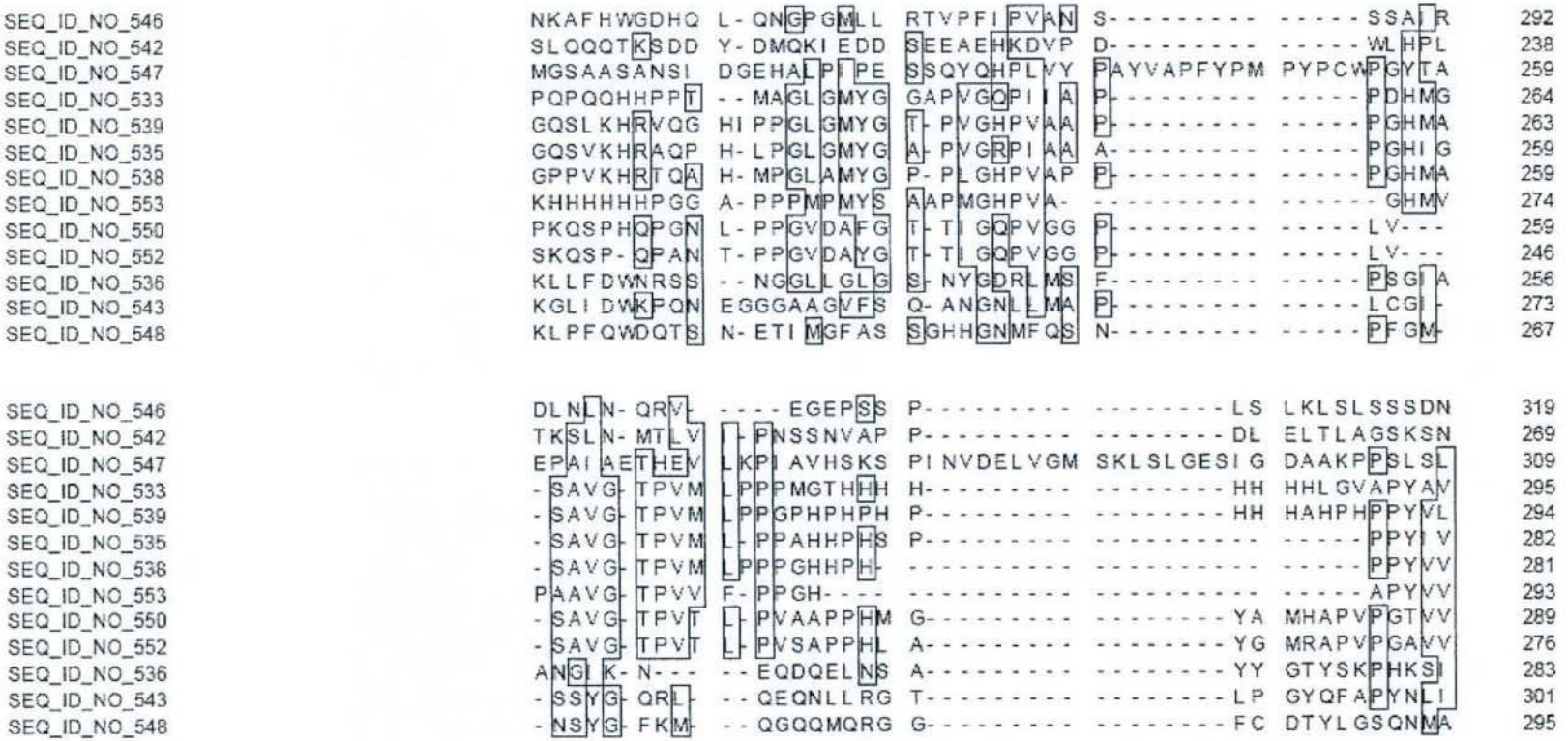


FIG. 16 (CONTINUAÇÃO)

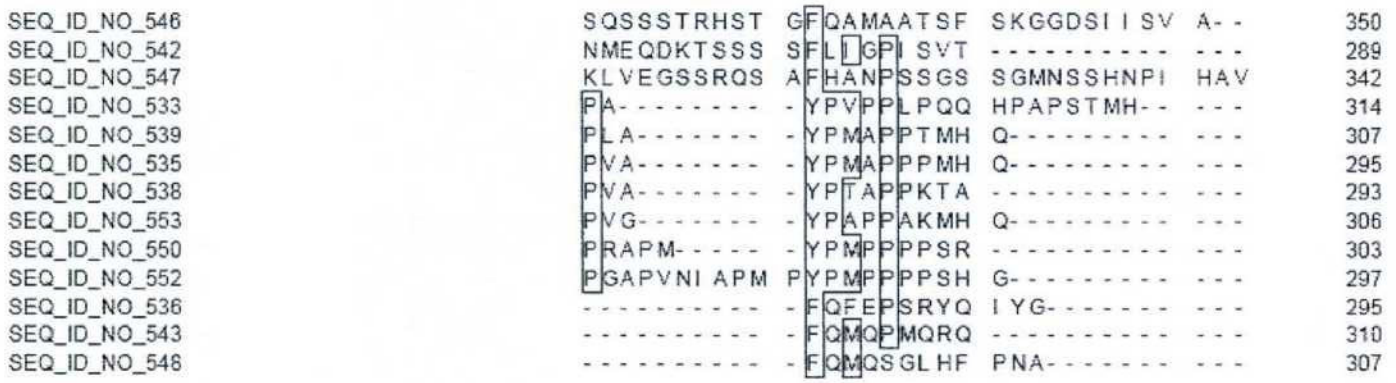


FIG. 17

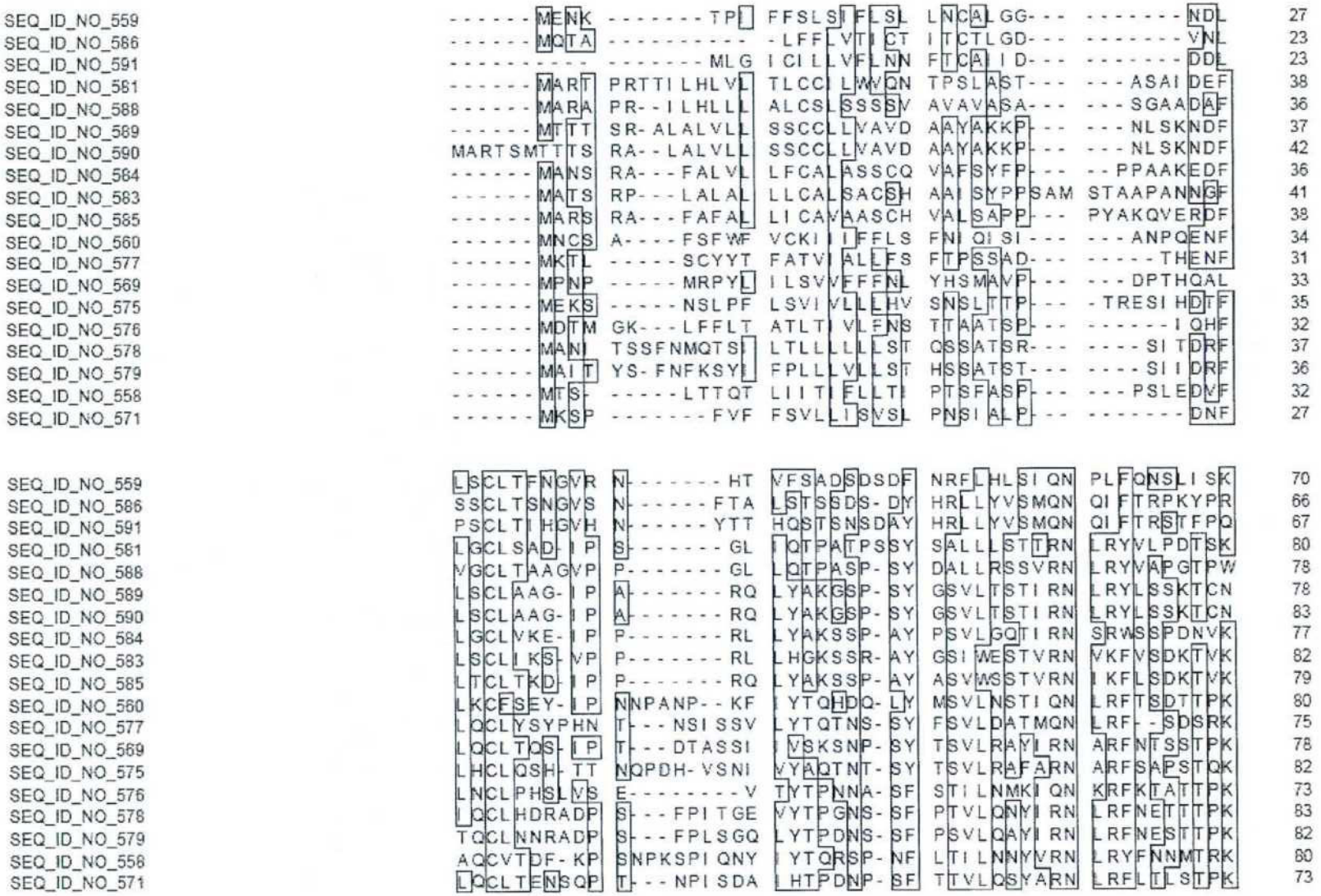

SEQ_ID_NO_559
SEQ_ID_NO_566
SEQ_ID_NO_591
SEQ_ID_NO_561
SEQ_ID_NO_568
SEQ_ID_NO_589
SEQ_ID_NO_590
SEQ_ID_NO_564
SEQ_ID_NO_563
SEQ_ID_NO_565
SEQ_ID_NO_560
SEQ_ID_NO_577
SEQ_ID_NO_569
SEQ_ID_NO_575
SEQ_ID_NO_576
SEQ_ID_NO_578
SEQ_ID_NO_579
SEQ_ID_NO_558
SEQ_ID_NO_571

FIG. 17 (CONTINUAÇÃO)

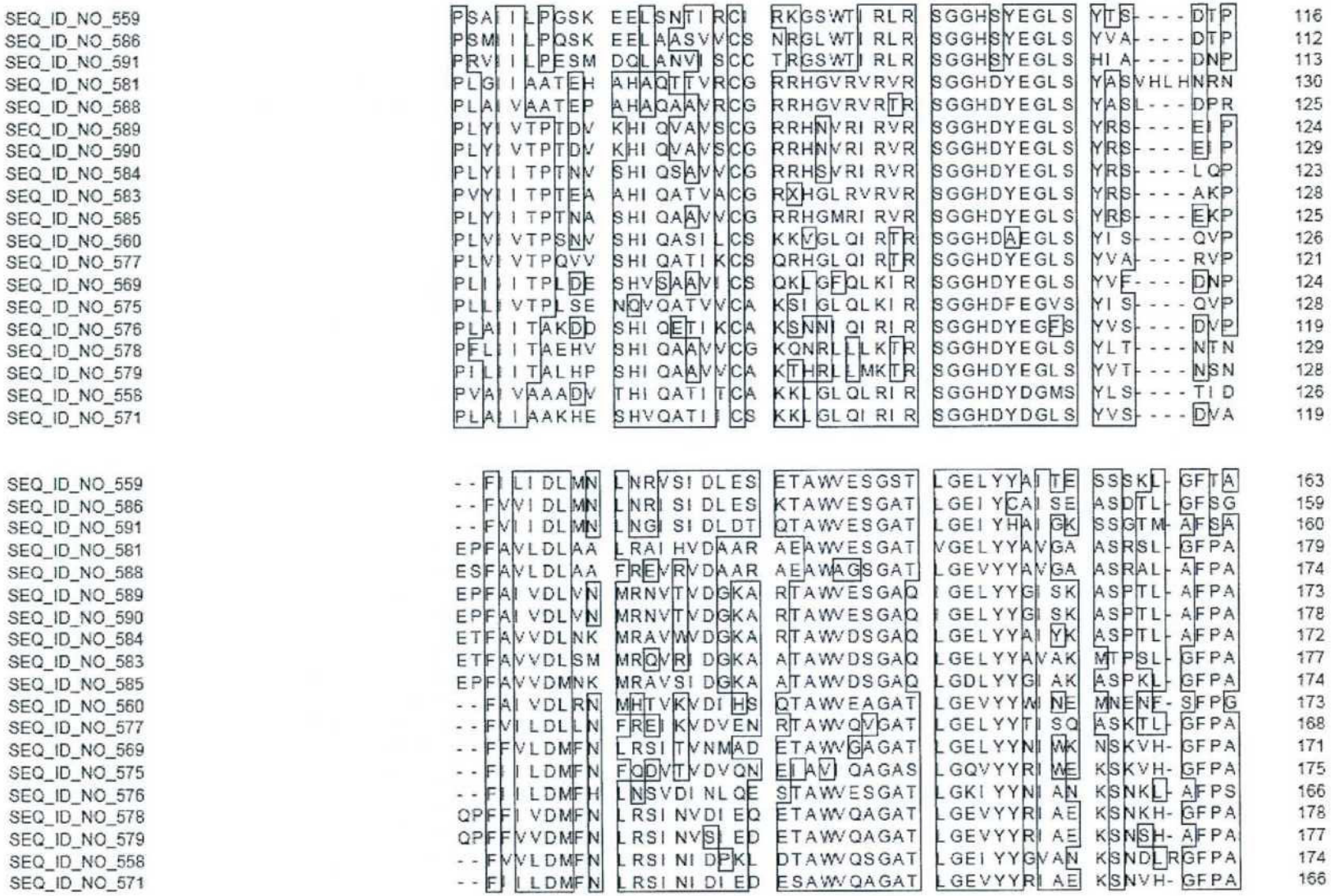


FIG. 17 (CONTINUAÇÃO)

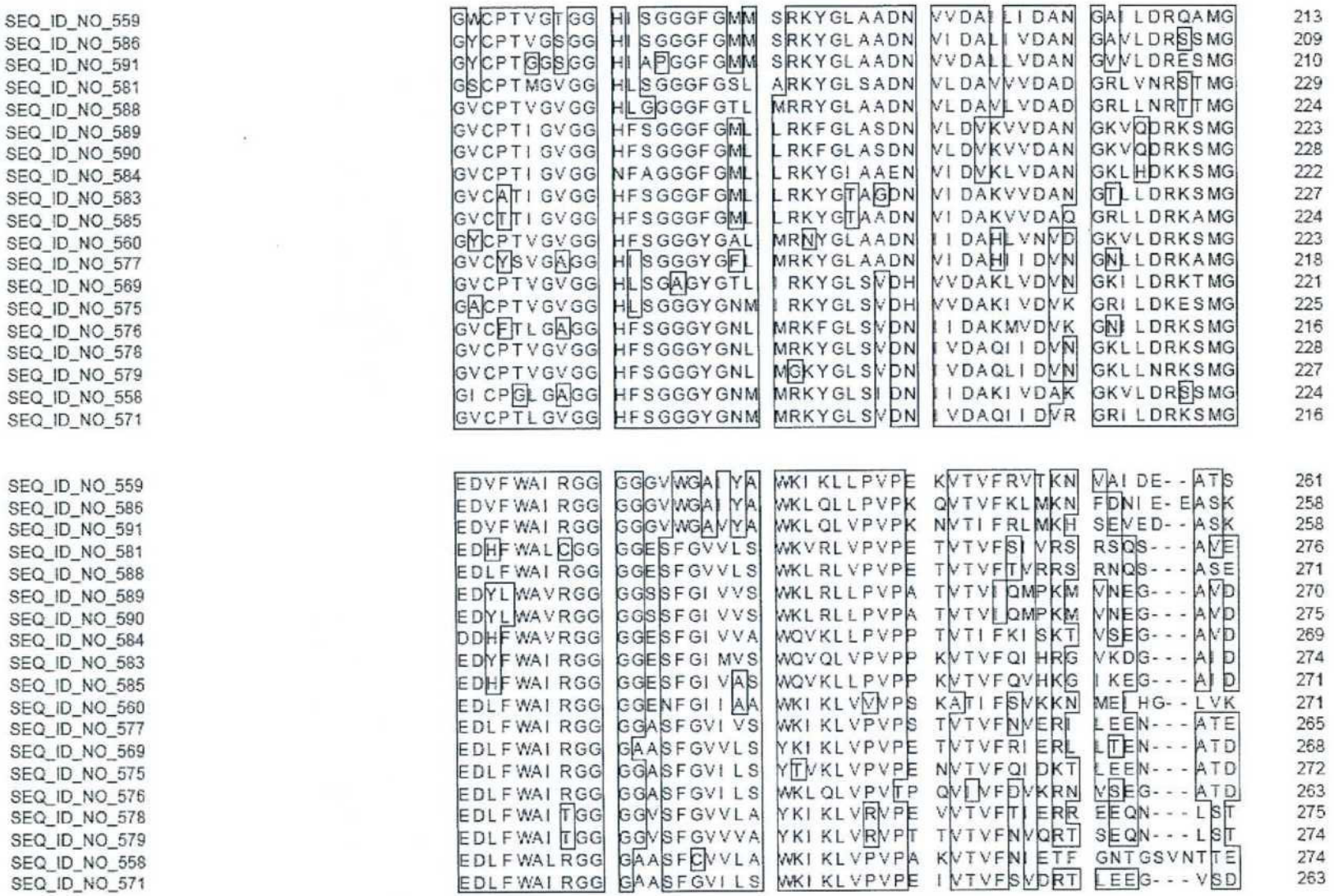


FIG. 17 (CONTINUAÇÃO)

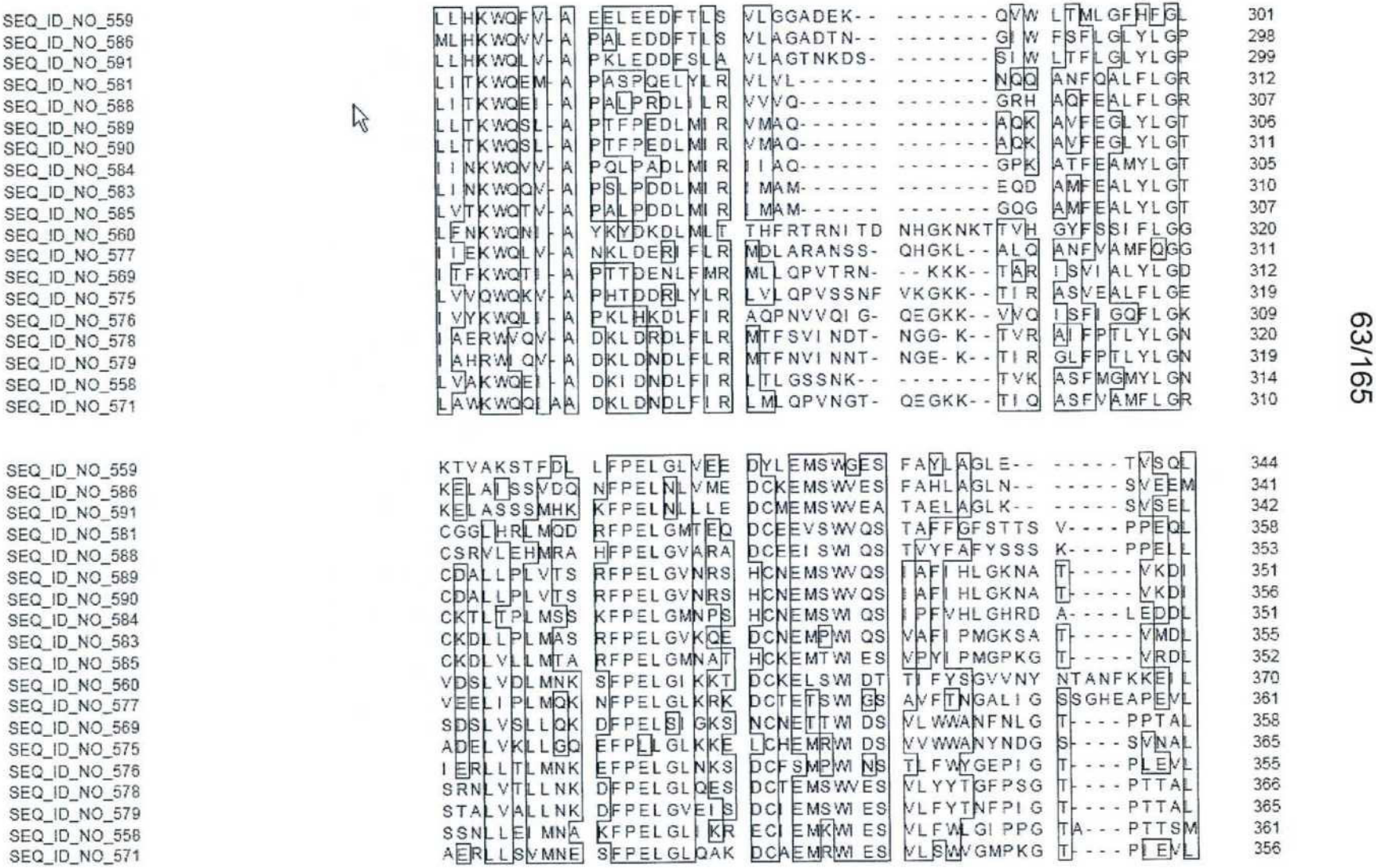


FIG. 17 (CONTINUAÇÃO)

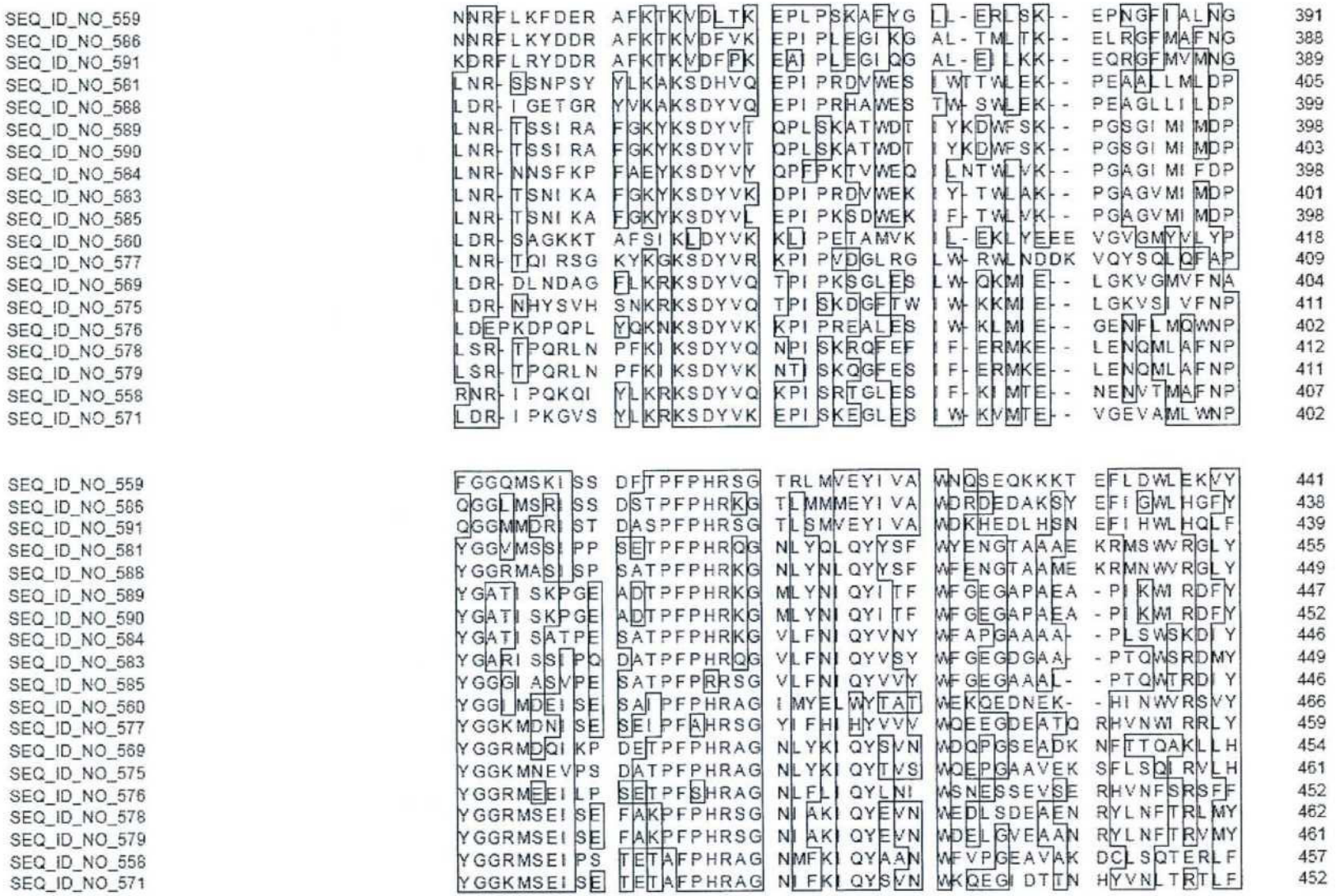


FIG. 17 (CONTINUAÇÃO)

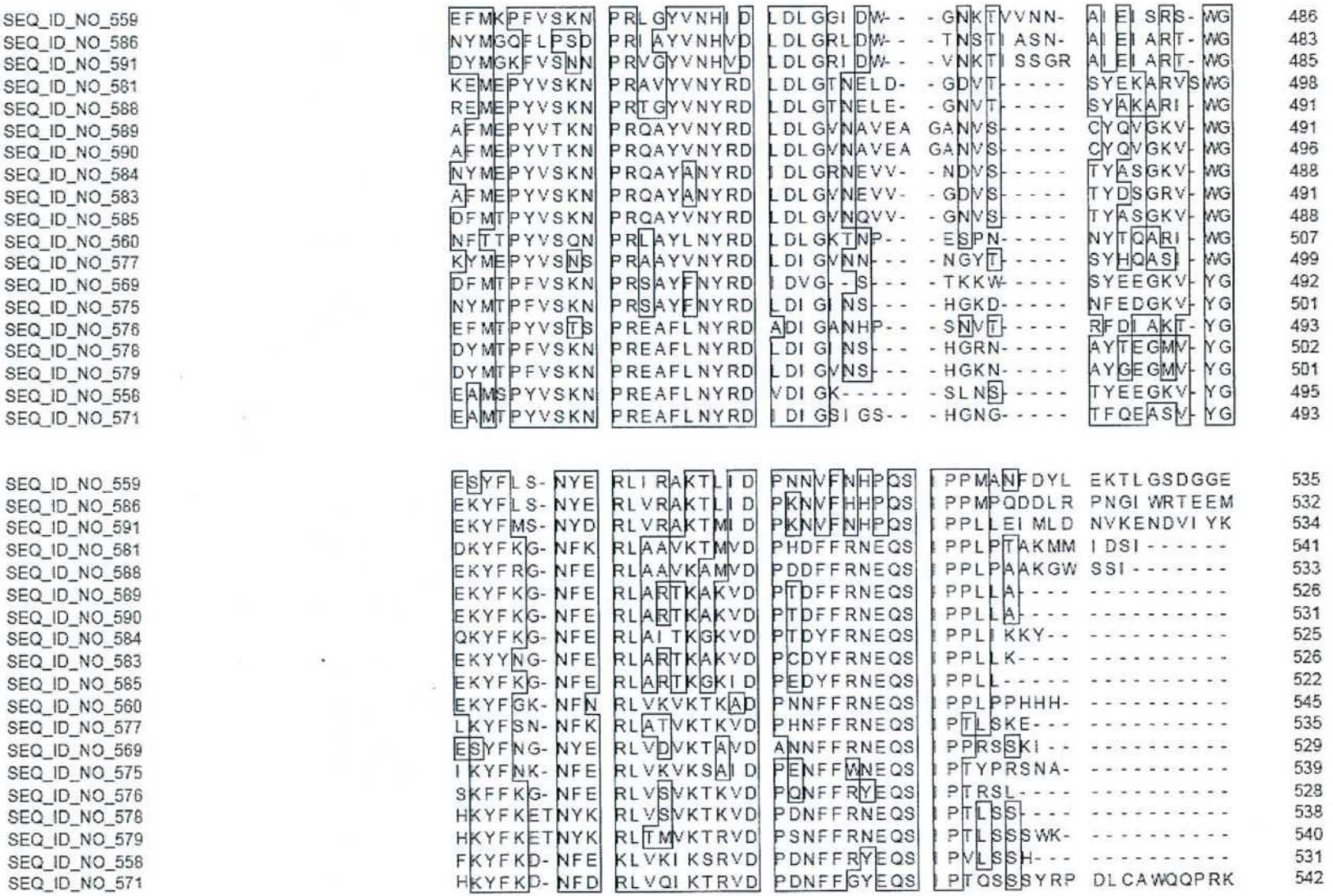


FIG. 17 (CONTINUAÇÃO)

```
SEQ_ID_NO_559  VVI-------  ----------  ----------  ----------  ----------  538
SEQ_ID_NO_586  FFLE------  ----------  ----------  ----------  ----------  536
SEQ_ID_NO_591  L---------  ----------  ----------  ----------  ----------  535
SEQ_ID_NO_581  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  541
SEQ_ID_NO_588  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  533
SEQ_ID_NO_589  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  526
SEQ_ID_NO_590  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  531
SEQ_ID_NO_584  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  525
SEQ_ID_NO_583  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  526
SEQ_ID_NO_585  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  522
SEQ_ID_NO_560  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  545
SEQ_ID_NO_577  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  535
SEQ_ID_NO_569  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  529
SEQ_ID_NO_575  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  539
SEQ_ID_NO_576  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  528
SEQ_ID_NO_578  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  538
SEQ_ID_NO_579  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  540
SEQ_ID_NO_558  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  531
SEQ_ID_NO_571  RTLGARTSER  AWQQHQAADT  WRRAVMPYGL  GKLARLAKHP  KRRFTGPPAW  592

SEQ_ID_NO_559  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  538
SEQ_ID_NO_586  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  536
SEQ_ID_NO_591  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  535
SEQ_ID_NO_581  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  541
SEQ_ID_NO_588  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  533
SEQ_ID_NO_589  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  526
SEQ_ID_NO_590  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  531
SEQ_ID_NO_584  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  525
SEQ_ID_NO_583  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  526
SEQ_ID_NO_585  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  522
SEQ_ID_NO_560  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  545
SEQ_ID_NO_577  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  535
SEQ_ID_NO_569  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  529
SEQ_ID_NO_575  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  539
SEQ_ID_NO_576  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  528
SEQ_ID_NO_578  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  538
SEQ_ID_NO_579  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  540
SEQ_ID_NO_558  ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  531
SEQ_ID_NO_571  VCRHVLWVQT  PTSGSAATRA  WGMCPALLTL  QTWALGADSH  ARVNCDPHLS  642
```

FIG. 17 (CONTINUAÇÃO)

```
SEQ_ID_NO_559  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  538
SEQ_ID_NO_586  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  536
SEQ_ID_NO_591  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  535
SEQ_ID_NO_581  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  541
SEQ_ID_NO_588  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  533
SEQ_ID_NO_589  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  526
SEQ_ID_NO_590  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  531
SEQ_ID_NO_584  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  525
SEQ_ID_NO_583  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  526
SEQ_ID_NO_585  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  522
SEQ_ID_NO_560  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  545
SEQ_ID_NO_577  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  535
SEQ_ID_NO_569  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  529
SEQ_ID_NO_575  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  539
SEQ_ID_NO_576  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  528
SEQ_ID_NO_578  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  538
SEQ_ID_NO_579  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  540
SEQ_ID_NO_558  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  531
SEQ_ID_NO_571  RTQEEYIKLG PAQQDPFKLG SALEGPKIAR LDPLALALVA LMGPVLSKTH  692

SEQ_ID_NO_559  ---------- -  538
SEQ_ID_NO_586  ---------- -  536
SEQ_ID_NO_591  ---------- -  535
SEQ_ID_NO_581  ---------- -  541
SEQ_ID_NO_588  ---------- -  533
SEQ_ID_NO_589  ---------- -  526
SEQ_ID_NO_590  ---------- -  531
SEQ_ID_NO_584  ---------- -  525
SEQ_ID_NO_583  ---------- -  526
SEQ_ID_NO_585  ---------- -  522
SEQ_ID_NO_560  ---------- -  545
SEQ_ID_NO_577  ---------- -  535
SEQ_ID_NO_569  ---------- -  529
SEQ_ID_NO_575  ---------- -  539
SEQ_ID_NO_576  ---------- -  528
SEQ_ID_NO_578  ---------- -  538
SEQ_ID_NO_579  ---------- -  540
SEQ_ID_NO_558  ---------- -  531
SEQ_ID_NO_571  QRSLKKKISL M  703
```

FIG. 18

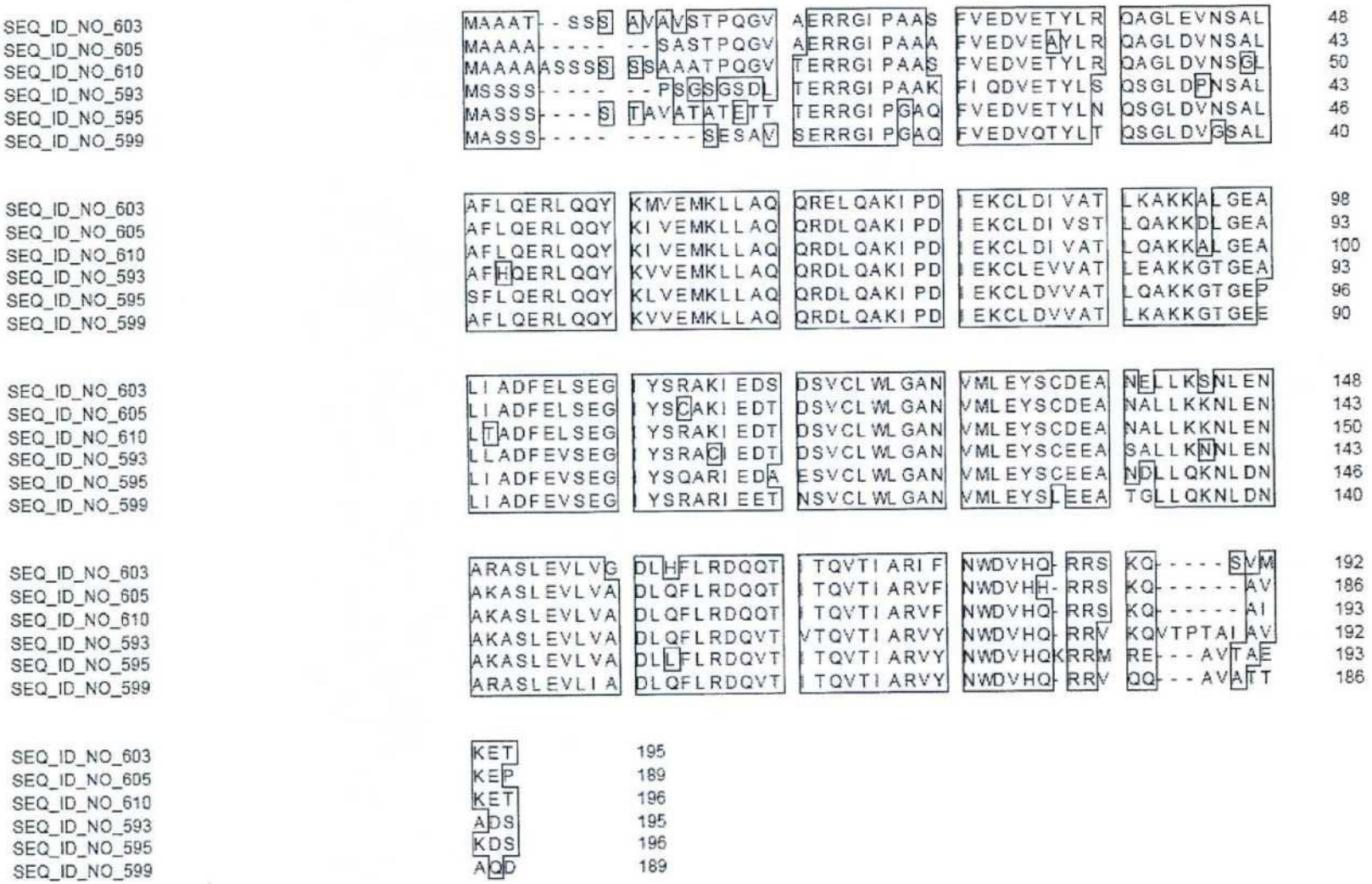

SEQ_ID_NO_603
SEQ_ID_NO_605
SEQ_ID_NO_610
SEQ_ID_NO_593
SEQ_ID_NO_595
SEQ_ID_NO_599
MAAAT--SSS AVAVSTPQGV AERRGIPAAS FVEDVETYLR QAGLEVNSAL 48
MAAAA----- --SASTPQGV AERRGIPAAA FVEDVEAYLR QAGLDVNSAL 43
MAAAAASSSS SSAAATPQGV TERRGIPAAS FVEDVETYLR QAGLDVNSGL 50
MSSSS----- --PSGSGSDL TERRGIPAAK FIQDVETYLS QSGLDPNSAL 43
MASSS---S TAVATATETT TERRGIPGAQ FVEDVETYLN QSGLDVNSAL 46
MASSS----- -----SESAV SERRGIPGAQ FVEDVQTYLT QSGLDVGSAL 40
SEQ_ID_NO_603
SEQ_ID_NO_605
SEQ_ID_NO_610
SEQ_ID_NO_593
SEQ_ID_NO_595
SEQ_ID_NO_599
AFLQERLQQY KMVEMKLLAQ QRELQAKIPD IEKCLDIVAT LKAKKALGEA 98
AFLQERLQQY KIVEMKLLAQ QRDLQAKIPD IEKCLDIVST LQAKKDLGEA 93
AFLQERLQQY KIVEMKLLAQ QRDLQAKIPD IEKCLDIVAT LQAKKALGEA 100
AFHQERLQQY KVVEMKLLAQ QRDLQAKIPD IEKCLEVVAT LEAKKGTGEA 93
SFLQERLQQY KLVEMKLLAQ QRDLQAKIPD IEKCLDVVAT LQAKKGTGEP 96
AFLQERLQQY KVVEMKLLAQ QRDLQAKIPD IEKCLDVVAT LKAKKGTGEE 90
SEQ_ID_NO_603
SEQ_ID_NO_605
SEQ_ID_NO_610
SEQ_ID_NO_593
SEQ_ID_NO_595
SEQ_ID_NO_599
LIADFELSEG IYSRAKIEDS DSVCLWLGAN VMLEYSCDEA NELLKSNLEN 148
LIADFELSEG IYSCAKIEDT DSVCLWLGAN VMLEYSCDEA NALLKKNLEN 143
LTADFELSEG IYSRAKIEDT DSVCLWLGAN VMLEYSCDEA NALLKKNLEN 150
LLADFEVSEG IYSRACIEDT DSVCLWLGAN VMLEYSCEEA SALLKNNLEN 143
LIADFEVSEG IYSQARIEDA ESVCLWLGAN VMLEYSCEEA NDLLQKNLDN 146
LIADFEVSEG IYSRARIEET NSVCLWLGAN VMLEYSLEEA TGLLQKNLDN 140
SEQ_ID_NO_603
SEQ_ID_NO_605
SEQ_ID_NO_610
SEQ_ID_NO_593
SEQ_ID_NO_595
SEQ_ID_NO_599
ARASLEVLVG DLHFLRDQQT ITQVTIARIF NWDVHQ-RRS KQ----SVM 192
AKASLEVLVA DLQFLRDQQT ITQVTIARVF NWDVHH-RRS KQ-----AV 186
AKASLEVLVA DLQFLRDQQT ITQVTIARVF NWDVHQ-RRS KQ-----AI 193
AKASLEVLVA DLQFLRDQVT VTQVTIARVY NWDVHQ-RRV KQVTPTAIAV 192
AKASLEVLVA DLLFLRDQVT ITQVTIARVY NWDVHQKRRM RE--AVTAE 193
ARASLEVLIA DLQFLRDQVT ITQVTIARVY NWDVHQ-RRV QQ--AVATT 186
SEQ_ID_NO_603
SEQ_ID_NO_605
SEQ_ID_NO_610
SEQ_ID_NO_593
SEQ_ID_NO_595
SEQ_ID_NO_599
KET 195
KEP 189
KET 196
ADS 195
KDS 196
AQD 189

FIG. 19

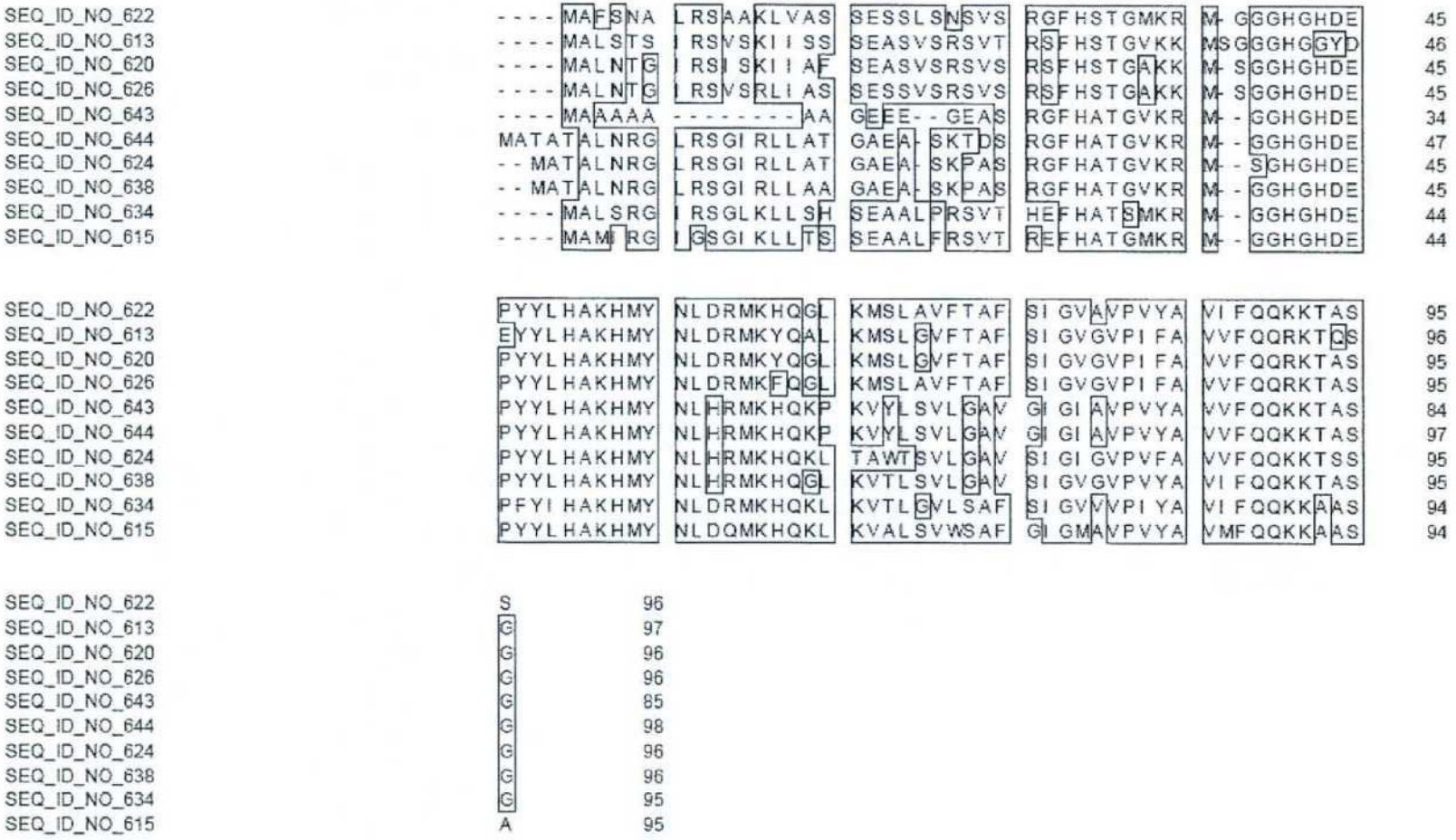

SEQ_ID_NO_622 ----MAFSNA LRSAAKLVAS SESSLSNSVS RGFHSTGMKR M-GGGHGHDE 45
SEQ_ID_NO_613 ----MALSTS IRSVSKIISS SEASVSRSVT RSFHSTGVKK MSGGGHGGYD 46
SEQ_ID_NO_620 ----MALNTG IRSISKIIAF SEASVSRSVS RSFHSTGAKK M-SGGHGHDE 45
SEQ_ID_NO_626 ----MALNTG IRSVSRLIAS SESSVSRSVS RSFHSTGAKK M-SGGHGHDE 45
SEQ_ID_NO_643 ----MAAAAA --------AA GEEE--GEAS RGFHATGVKR M--GGHGHDE 34
SEQ_ID_NO_644 MATATALNRG LRSGIRLLAT GAEA-SKTDS RGFHATGVKR M--GGHGHDE 47
SEQ_ID_NO_624 --MATALNRG LRSGIRLLAT GAEA-SKPAS RGFHATGVKR M--SGHGHDE 45
SEQ_ID_NO_638 --MATALNRG LRSGIRLLAA GAEA-SKPAS RGFHATGVKR M--GGHGHDE 45
SEQ_ID_NO_634 ----MALSRG IRSGLKLLSH SEAALPRSVT HEFHATSMKR M--GGHGHDE 44
SEQ_ID_NO_615 ----MAMIRG IGSGIKLLTS SEAALFRSVT REFHATGMKR M--GGHGHDE 44
SEQ_ID_NO_622 PYYLHAKHMY NLDRMKHQGL KMSLAVFTAF SIGVAVPVYA VIFQQKKTAS 95
SEQ_ID_NO_613 EYYLHAKHMY NLDRMKYQAL KMSLGVFTAF SIGVGVPIFA VVFQQRKTGS 96
SEQ_ID_NO_620 PYYLHAKHMY NLDRMKYQGL KMSLGVFTAF SIGVGVPIFA VVFQQRKTAS 95
SEQ_ID_NO_626 PYYLHAKHMY NLDRMKFQGL KMSLAVFTAF SIGVGVPIFA VVFQQRKTAS 95
SEQ_ID_NO_643 PYYLHAKHMY NLHRMKHQKP KVYLSVLGAV GIGIAVPVYA VVFQQKKTAS 84
SEQ_ID_NO_644 PYYLHAKHMY NLHRMKHQKP KVYLSVLGAV GIGIAVPVYA VVFQQKKTAS 97
SEQ_ID_NO_624 PYYLHAKHMY NLHRMKHQKL TAWTSVLGAV SIGIGVPVFA VVFQQKKTSS 95
SEQ_ID_NO_638 PYYLHAKHMY NLHRMKHQGL KVTLSVLGAV SIGVGVPVYA VIFQQKKTAS 95
SEQ_ID_NO_634 PFYIHAKHMY NLDRMKHQKL KVTLGVLSAF SIGVVVPIYA VIFQQKKAAS 94
SEQ_ID_NO_615 PYYLHAKHMY NLDQMKHQKL KVALSVWSAF GIGMAVPVYA VMFQQKKAAS 94
SEQ_ID_NO_622 S 96
SEQ_ID_NO_613 G 97
SEQ_ID_NO_620 G 96
SEQ_ID_NO_626 G 96
SEQ_ID_NO_643 G 85
SEQ_ID_NO_644 G 98
SEQ_ID_NO_624 G 96
SEQ_ID_NO_638 G 96
SEQ_ID_NO_634 G 95
SEQ_ID_NO_615 A 95

FIG. 20

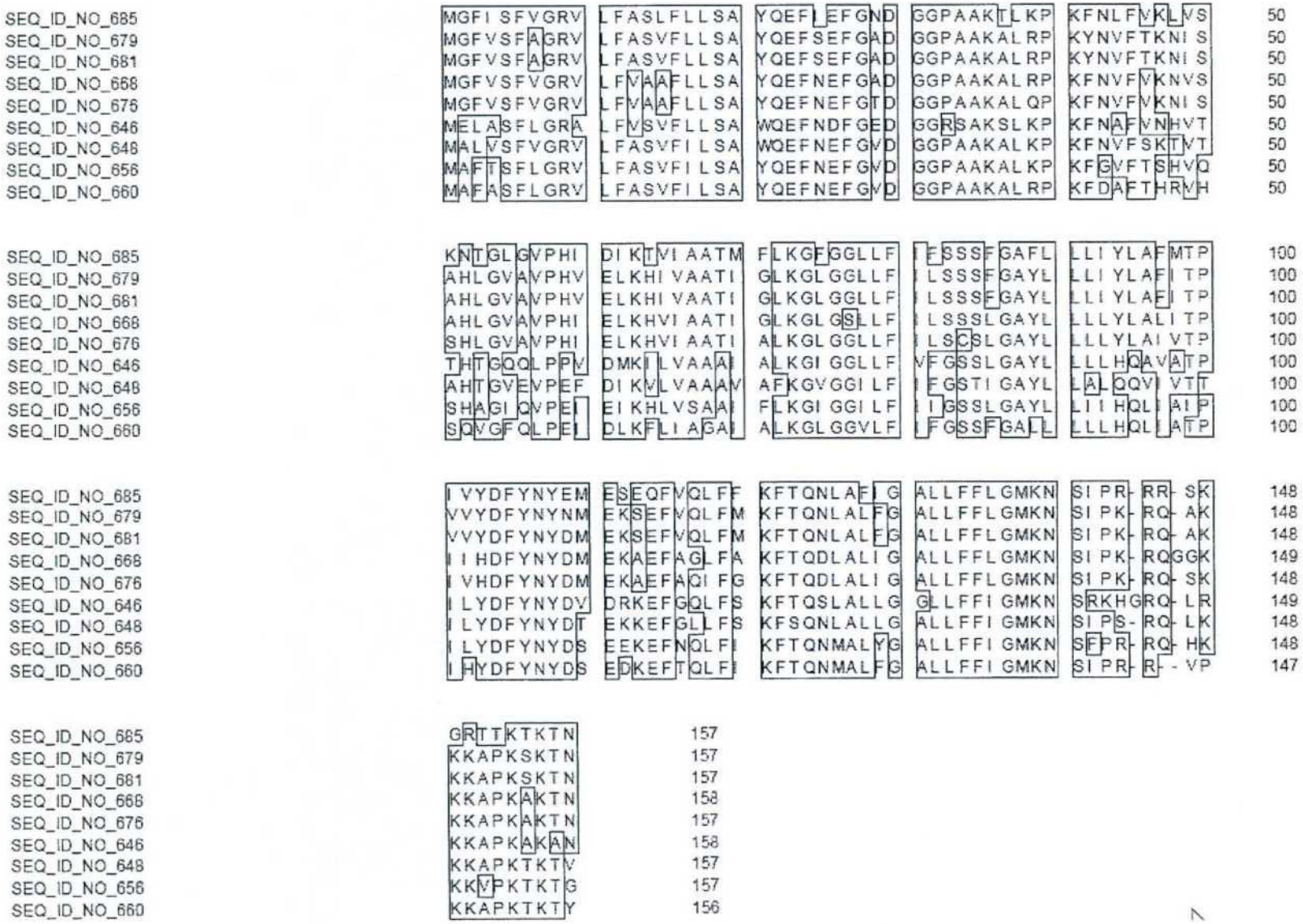

SEQ_ID_NO_685
SEQ_ID_NO_679
SEQ_ID_NO_681
SEQ_ID_NO_668
SEQ_ID_NO_676
SEQ_ID_NO_646
SEQ_ID_NO_648
SEQ_ID_NO_656
SEQ_ID_NO_660
MGFISFVGRVLFASLFLLSAYQEFLEFGNDGGPAAKTLKPKFNLFVKLVS 50
MGFVSFAGRVLFASVFLLSAYQEFSEFGADGGPAAKALRPKYNVFTKNIS 50
MGFVSFAGRVLFASVFLLSAYQEFSEFGADGGPAAKALRPKYNVFTKNIS 50
MGFVSFVGRVLFVAAFLLSAYQEFNEFGADGGPAAKALRPKFNVFVKNVS 50
MGFVSFVGRVLFVAAFLLSAYQEFNEFGTDGGPAAKALQPKFNVFVKNIS 50
MELASFLGRALFVSVFLLSAWQEFNDFGEDGGRSAKSLKPKFNAFVNHVT 50
MALVSFVGRVLFASVFILSAWQEFNEFGVDGGPAAKALKPKFNVFSKTVT 50
MAFTSFLGRVLFASVFILSAYQEFNEFGVDGGPAAKALKPKFGVFTSHVQ 50
MAFASFLGRVLFASVFILSAYQEFNEFGVDGGPAAKALRPKFDAFTHRVH 50
KNTGLGVPHIDIKTVIAATMFLKGFGGLLFIFSSSFGAFLLLIYLAFMTP 100
AHLGVAVPHVELKHIVAATIGLKGLGGLLFILSSSFGAYLLLIYLAFITP 100
AHLGVAVPHVELKHIVAATIGLKGLGGLLFILSSSFGAYLLLIYLAFITP 100
AHLGVAVPHIELKHVIAATIGLKGLGSLLFILSSSLGAYLLLYLALITP 100
SHLGVAVPHIELKHVIAATIALKGLGGLLFILSCSLGAYLLLYLAIVTP 100
THTGQQLPPVDMKILVAAAIALKGIGGLLFVFGSSLGAYLLLHQAVATP 100
AHTGVEVPEFDIKVLVAAAVAFKGVGGILFIFGSTIGAYLLALQQVIVTT 100
SHAGIQVPEIEIKHLVSAAIFLKGIGGILFIIGSSLGAYLLIHQLIAIP 100
SQVGFQLPEIDLKFLIAGAIALKGLGGVLFIFGSSFGALLLLHQLIATP 100
IVYDFYNYEMESEQFVQLFFKFTQNLAFIGALLFFLGMKNSIPR-RR-SK 148
VVYDFYNYNMEKSEFVQLFMKFTQNLALFGALLFFLGMKNSIPK-RQ-AK 148
VVYDFYNYDMEKSEFVQLFMKFTQNLALFGALLFFLGMKNSIPK-RQ-AK 148
IIHDFYNYDMEKAEFAGLFAKFTQDLALIGALLFFLGMKNSIPK-RQGGK 149
IVHDFYNYDMEKAEFAQIFGKFTQDLALIGALLFFLGMKNSIPK-RQ-SK 148
ILYDFYNYDVDRKEFGQLFSKFTQSLALLGGLLFFIGMKNSRKHGRQ-LR 149
ILYDFYNYDTEKKEFGLLFSKFSQNLALLGALLFFIGMKNSIPS-RQ-LK 148
ILYDFYNYDSEEKEFNQLFIKFTQNMALYGALLFFIGMKNSFPR-RQ-HK 148
IHYDFYNYDSEDKEFTQLFIKFTQNMALFGALLFFIGMKNSIPR-R--VP 147
GRTTKTKTN 157
KKAPKSKTN 157
KKAPKSKTN 157
KKAPKAKTN 158
KKAPKAKTN 157
KKAPKAKAN 158
KKAPKTKTV 157
KKVPKTKTG 157
KKAPKTKTY 156

FIG. 21

```
SEQ_ID_NO_708   MDEIMNKMGS YWLGQRANKE MSSAGDDIES LSTSVGDGAK WLVNKLKGKM   50
SEQ_ID_NO_728   MDQIFNKVGS YWLGQKANKE FNSVGDDINS MGSSIGDGTK WLVNKLKGKM   50
SEQ_ID_NO_718   MDQILNKVGS YWINKRANKE ISSVGDDLNS LSSSIEGGAK WLVNKLKGKM   50
SEQ_ID_NO_687   MDQIFNKVGS YWLGQKANKQ FDSVGNDLNS VSTSIEGGTK WLVNKIKGKM   50
SEQ_ID_NO_699   MDQVFXKVGS YWLGQKANKQ FDSVGKDVSS LSTSIEGGTK WLVNKFKGTM   50
SEQ_ID_NO_689   MDQILNKVGS YWLGQKANKE IDSVGDDLNS LSTSIEGGAK WLVNKIKGKM   50
SEQ_ID_NO_691   MDAVLNKVGS YWLGQKASKE FNSVGDDINS LSTSIEGGTK WLVNKLKGKM   50
SEQ_ID_NO_703   MDQIFNKVGS YWFNQKASSQ LNSVGDDINS MTNSIXGGTK WLVNKIKGKM   50
SEQ_ID_NO_706   MDQVFNKVGS YWFNQKASKE LNSVGDEINS LSNSIEGGTK WLVNKVKGKM   50
SEQ_ID_NO_721   MDQIMGKVGG YWFKQNAGKE INNIGDDINS ISSSIGDGAK WMVNKIKGKM   50
SEQ_ID_NO_712   MDQVLNKVGS YWFSKRASKE IDSIGDDLNS VSSSIGGGAK WMVNKIKGKL   50
SEQ_ID_NO_724   MDQVLNKVGS YWFSKRASKE IDSIGDDISS ISTSIGTGAK WMVNKIKGKM   50

SEQ_ID_NO_708   QKPLAELLQE HDLPAGLFPR EATNYEFEPE TRRLTVHIPA VCEVGYRDGS   100
SEQ_ID_NO_728   QKPLPELLKD YDLAVGIFPR DATHYEFDER QGKLTVYVPQ ICEVGYKDSS   100
SEQ_ID_NO_718   QKSLPELLRE YDMPIGLFPQ DATHYEFNEE TGKLTVFIPS ICEVGYRDSS   100
SEQ_ID_NO_687   QKPLPELLKE YDLPIGIFPG DATNYEFDEE TKKLTVLIPS ICEVGYKDSS   100
SEQ_ID_NO_699   QKPLAELLKD YDLPVGIFPR DATNYEFDEQ TKKLTVLIPS VCEVGYKDSS   100
SEQ_ID_NO_689   QKPLPELLRE YNLPIGIFPR DATNYEFNEE TGKLTVFIPA ICEVGYKDSS   100
SEQ_ID_NO_691   QKPLPDLLKE YDLPIGIFPR DATNYEFNEE TRKLTVFIPS ICEVGYKDSS   100
SEQ_ID_NO_703   QKALPELLKE YDLPIGIFPR DATNYEFNEE TGKLVVYIPQ VCEVGYKDSS   100
SEQ_ID_NO_706   QKPLPELLKE YDLPIGIFPR DATNYEFNEE TGKLEVFIPQ VCEVGYKDSS   100
SEQ_ID_NO_721   QKPLPEFLKE YDLPVGLFPQ DATNYEFNEE TKKLTVYISS VCEVGYKDSS   100
SEQ_ID_NO_712   QKALPDLLKE YDMPAGLFPR DTTNYEFNEE TKKLTVYIPS ACDVGYKDSS   100
SEQ_ID_NO_724   QKALPDLLKE YDMPAGLFPR DATNYEFNEE TKKLTVYIPS ACDVGYKDSS   100

SEQ_ID_NO_708   ELRFDTTVTG TLDKGSLTGV EGLKAKVLVW ARVTAVKADA AKVYFAVGIK   150
SEQ_ID_NO_728   VLRFFATVTG YLEKGKLADI EGLKTKIIIW VKVTAITSEG SKLHFTAGVK   150
SEQ_ID_NO_718   VLRFLNIVTG YLEKGKLVDI EGIKTKVLIW SKVTRISTEG SKIHFTTGVK   150
SEQ_ID_NO_687   VLKFTTTVTG HLEKGKLTDV EGIKTKVMIW VKVTSISTDA SKVYFTAGMK   150
SEQ_ID_NO_699   VLKFTTTVTG RLEKGKLGDL EGMKTKVMIW VKVTSISADS SKVYFTAGVK   150
SEQ_ID_NO_689   F-----CASS PL-------- ---------- ---------- ----------   107
SEQ_ID_NO_691   VVRFLTTVTG YLEKGKIADI EGMKTKVMIW VKVTCIASTG SKLNFTAGMK   150
SEQ_ID_NO_703   VLRFXTTVTG YLEKGKLADI EGMKTKVLIW VKVTTILSXG XKXYVTAGXK   150
SEQ_ID_NO_706   VLRFFTTVTG YLEKGKLADI EGMKTKVIIW VKVTTIFSEG SKLYVTAGMK   150
SEQ_ID_NO_721   VLRFSTTVTG YLENGKLSEV EGLKTKILIW TKVTAVRTEA TKVHFAAGMN   150
SEQ_ID_NO_712   VVRFFTCVTG YLEKGKLSDI EGMKTKVLVW TKVTSIKTEG SKVHFTAGMK   150
SEQ_ID_NO_724   VLRFFTCVTG YLEKGKLSDI EGLKTKVLVW TKVTAIKTEG SKVHFTAGVK   150
```

FIG. 21 (CONTINUAÇÃO)

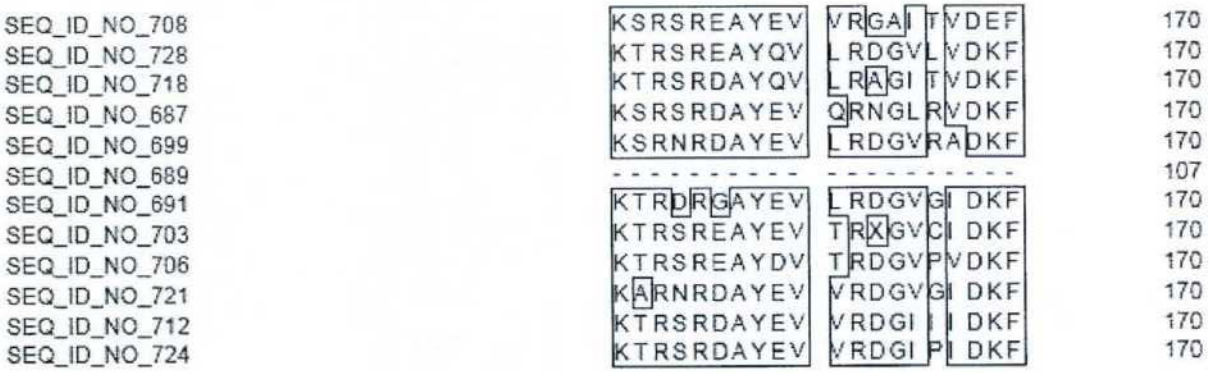


FIG. 22

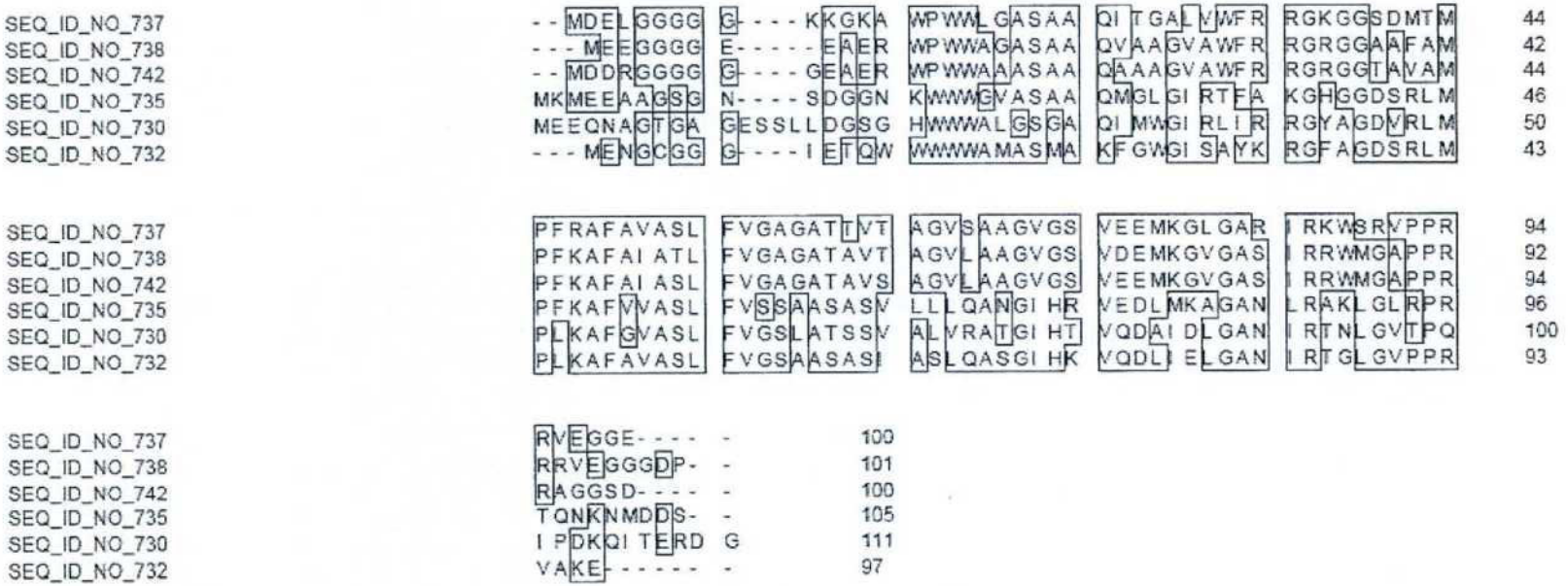

SEQ_ID_NO_737
SEQ_ID_NO_738
SEQ_ID_NO_742
SEQ_ID_NO_735
SEQ_ID_NO_730
SEQ_ID_NO_732
--MDELGGGG G----KKGKA WPWWLGASAA QITGALVWFR RGKGGSDMTM 44
---MEEGGGG E-----EAER WPWWAGASAA QVAAGVAWFR RGRGGAAFAM 42
--MDDRGGGG G----GEAER WPWWAAASAA QAAAGVAWFR RGRGGTAVAM 44
MKMEEAAGSG N----SDGGN KWWWGVASAA QMGLGIRTFA KGHGGDSRLM 46
MEEQNAGTGA GESSLLDGSG HWWWALGSGA QIMWGIRLIR RGYAGDVRLM 50
---MENGCGG G----IETQW WWWWAMASMA KFGWGISAYK RGFAGDSRLM 43
SEQ_ID_NO_737
SEQ_ID_NO_738
SEQ_ID_NO_742
SEQ_ID_NO_735
SEQ_ID_NO_730
SEQ_ID_NO_732
PFRAFAVASL FVGAGATTVT AGVSAAGVGS VEEMKGLGAR IRKWSRVPPR 94
PFKAFAIATL FVGAGATAVT AGVLAAGVGS VDEMKGVGAS IRRWMGAPPR 92
PFKAFAIASL FVGAGATAVS AGVLAAGVGS VEEMKGVGAS IRRWMGAPPR 94
PFKAFVVASL FVSSAAASAS VLLLQANGIH RVEDLMKAGAN LRAKLGLRPR 96
PLKAFGVASL FVGSLATSSV ALVRATGIHT VQDAIDLGAN IRTNLGVTPQ 100
PLKAFAVASL FVGSAAASAS IASLQASGIHK VQDLIELGAN IRTGLGVPPR 93
SEQ_ID_NO_737
SEQ_ID_NO_738
SEQ_ID_NO_742
SEQ_ID_NO_735
SEQ_ID_NO_730
SEQ_ID_NO_732
RVEGGE---- - 100
RRVEGGGDP- - 101
RAGGSD---- - 100
TQNKNMDDS- - 105
IPDKQITERD G 111
VAKE------ - 97

FIG. 23

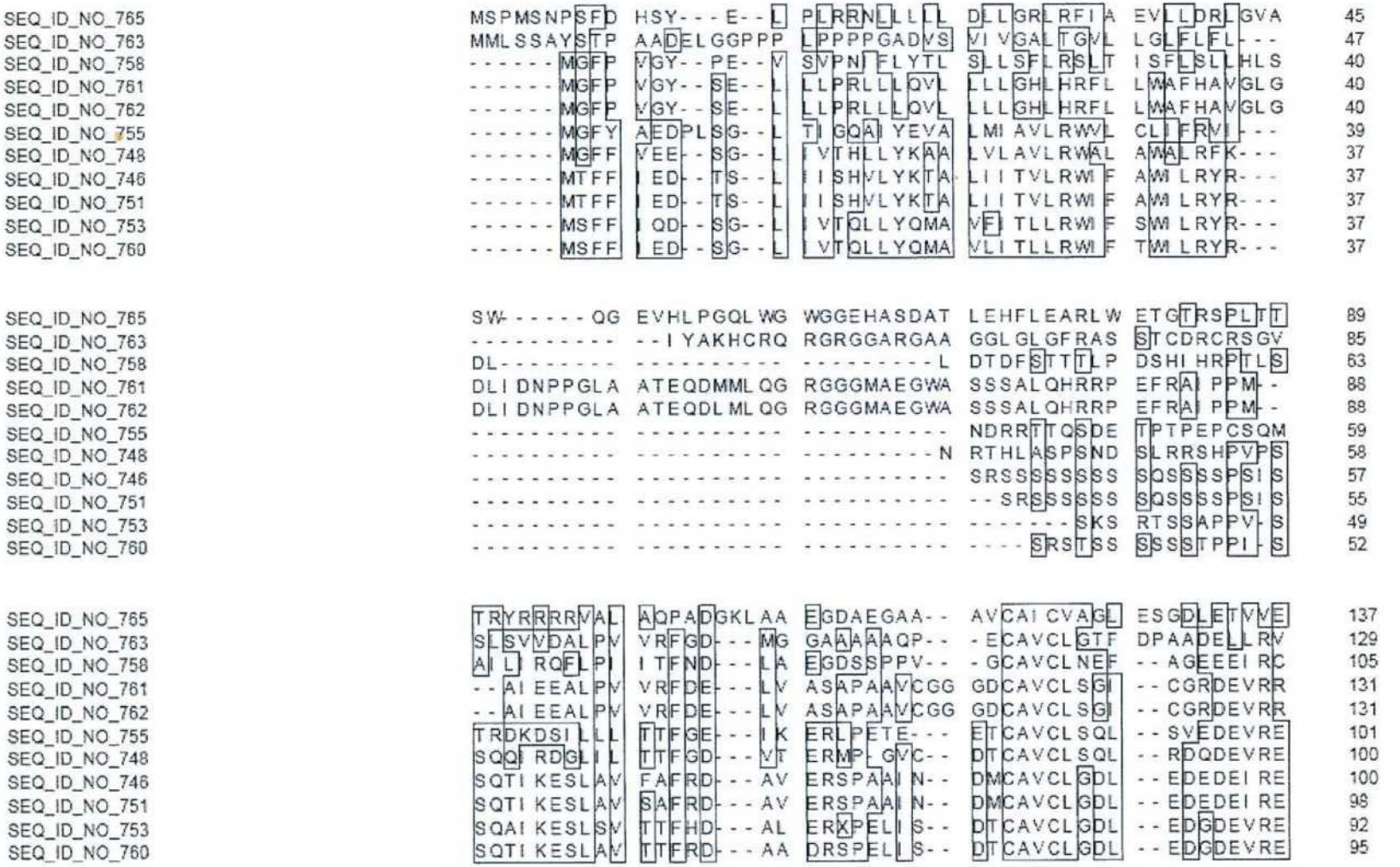

SEQ_ID_NO_765
SEQ_ID_NO_763
SEQ_ID_NO_758
SEQ_ID_NO_761
SEQ_ID_NO_762
SEQ_ID_NO_755
SEQ_ID_NO_748
SEQ_ID_NO_746
SEQ_ID_NO_751
SEQ_ID_NO_753
SEQ_ID_NO_760

FIG. 23 (CONTINUAÇÃO)

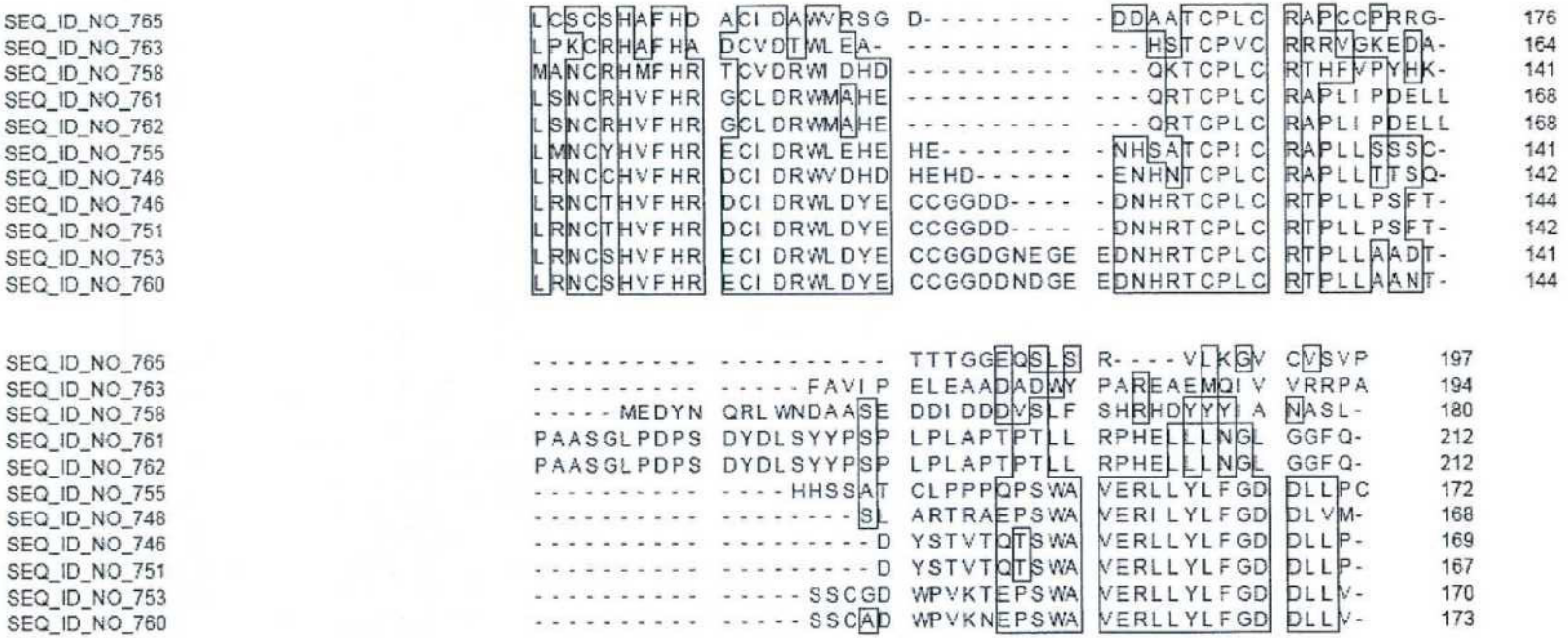


FIG. 24

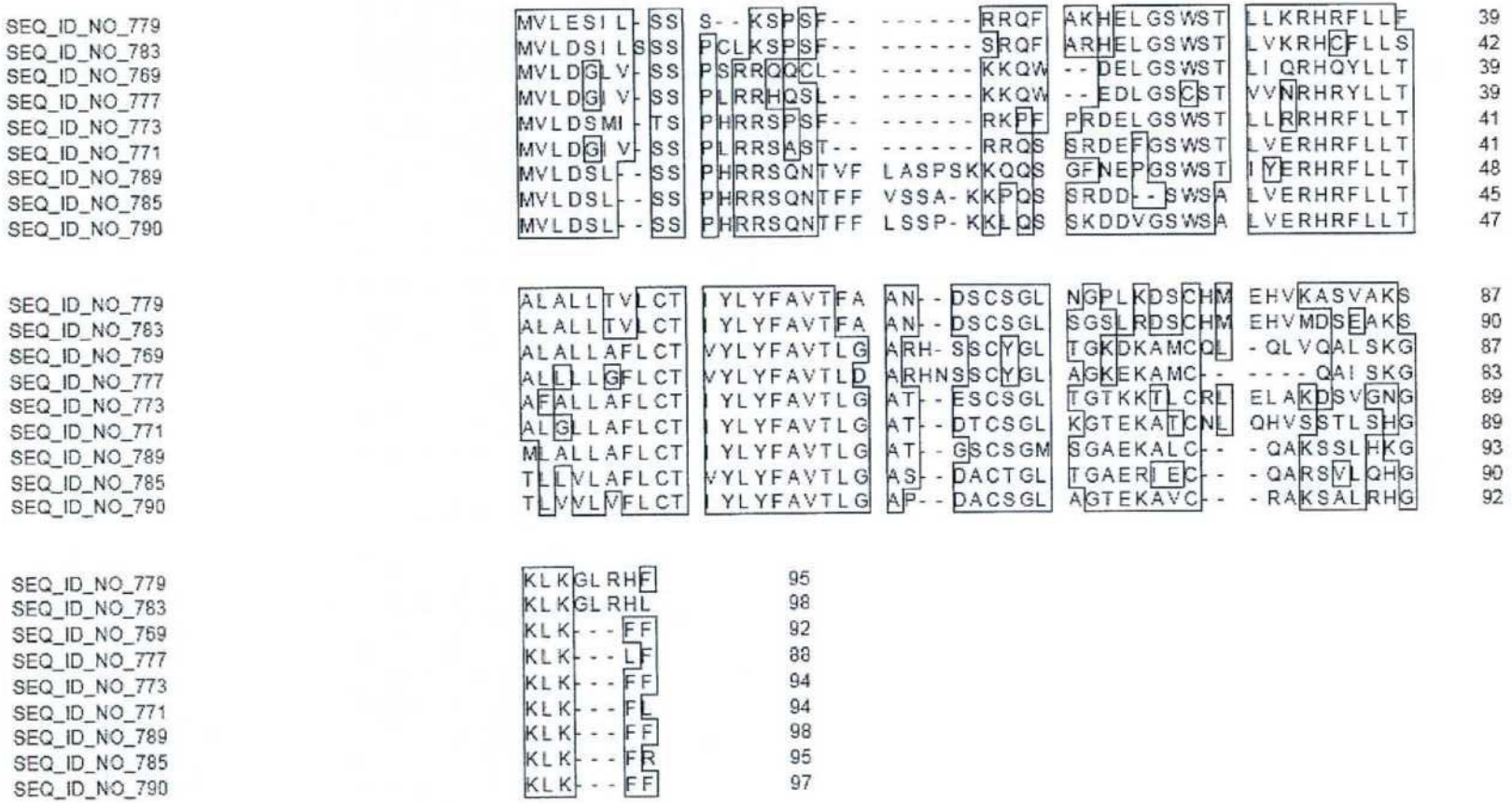

SEQ_ID_NO_779
SEQ_ID_NO_783
SEQ_ID_NO_769
SEQ_ID_NO_777
SEQ_ID_NO_773
SEQ_ID_NO_771
SEQ_ID_NO_789
SEQ_ID_NO_785
SEQ_ID_NO_790
MVLESIL-SS S--KSPSF-- ------RRQF AKHELGSWST LLKRHRFLLF 39
MVLDSILSSS PCLKSPSF-- ------SRQF ARHELGSWST LVKRHCFLLS 42
MVLDGLV-SS PSRRQQCL-- ------KKQW --DELGSWST LIQRHQYLLT 39
MVLDGIV-SS PLRRHQSL-- ------KKQW --EDLGSCST VVNRHRYLLT 39
MVLDSMI-TS PHRRSPSF-- ------RKPF PRDELGSWST LLRRHRFLLT 41
MVLDGIV-SS PLRRSAST-- ------RRQS SRDEFGSWST LVERHRFLLT 41
MVLDSL--SS PHRRSQNTVF LASPSKKQQS GFNEPGSWST IYERHRFLLT 48
MVLDSL--SS PHRRSQNTFF VSSA-KKPQS SRDD--SWSA LVERHRFLLT 45
MVLDSL--SS PHRRSQNTFF LSSP-KKLQS SKDDVGSWSA LVERHRFLLT 47
ALALLTVLCT IYLYFAVTFA AN--DSCSGL NGPLKDSCHM EHVKASVAKS 87
ALALLTVLCT IYLYFAVTFA AN--DSCSGL SGSLRDSCHM EHVMDSEAKS 90
ALALLAFLCT VYLYFAVTLG ARH-SSCYGL TGKDKAMCQL -QLVQALSKG 87
ALLLLGFLCT VYLYFAVTLD ARHNSSCYGL AGKEKAMC-- ----QAISKG 83
AFALLAFLCT IYLYFAVTLG AT--ESCSGL TGTKKTLCRL ELAKDSVGNG 89
ALGLLAFLCT IYLYFAVTLG AT--DTCSGL KGTEKATCNL QHVSSTLSHG 89
MLALLAFLCT IYLYFAVTLG AT--GSCSGM SGAEKALC-- -QAKSSLHKG 93
TLLVLAFLCT VYLYFAVTLG AS--DACTGL TGAERIEC-- -QARSVLQHG 90
TLVVLVFLCT IYLYFAVTLG AP--DACSGL AGTEKAVC-- -RAKSALRHG 92
KLKGLRHF 95
KLKGLRHL 98
KLK---FF 92
KLK---LF 88
KLK---FF 94
KLK---FL 94
KLK---FF 98
KLK---FR 95
KLK---FF 97

FIG. 25

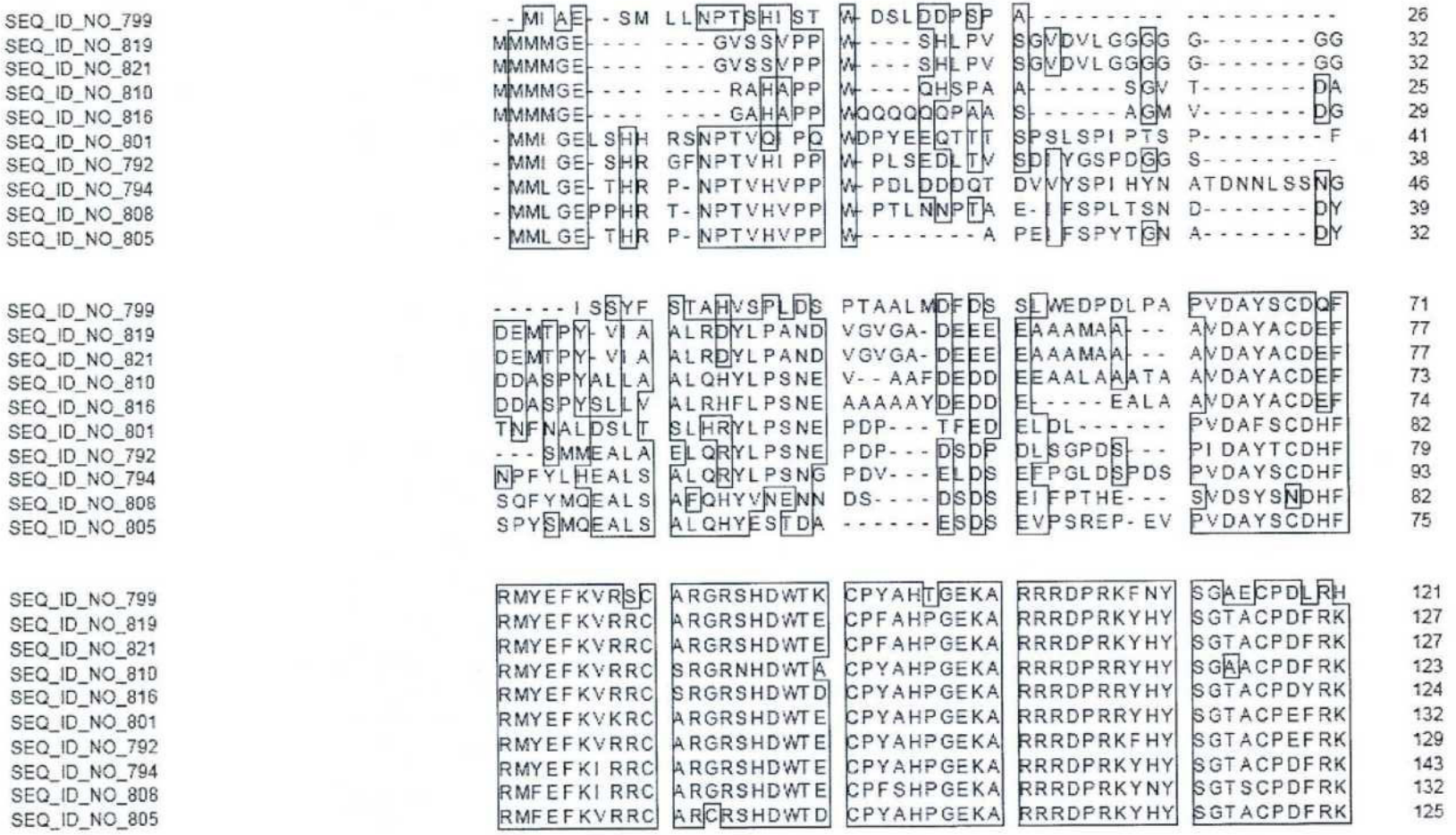

SEQ_ID_NO_799
SEQ_ID_NO_819
SEQ_ID_NO_821
SEQ_ID_NO_810
SEQ_ID_NO_816
SEQ_ID_NO_801
SEQ_ID_NO_792
SEQ_ID_NO_794
SEQ_ID_NO_808
SEQ_ID_NO_805
26
32
32
25
29
41
38
46
39
32
71
77
77
73
74
82
79
93
82
75
121
127
127
123
124
132
129
143
132
125

FIG. 25 (CONTINUAÇÃO)

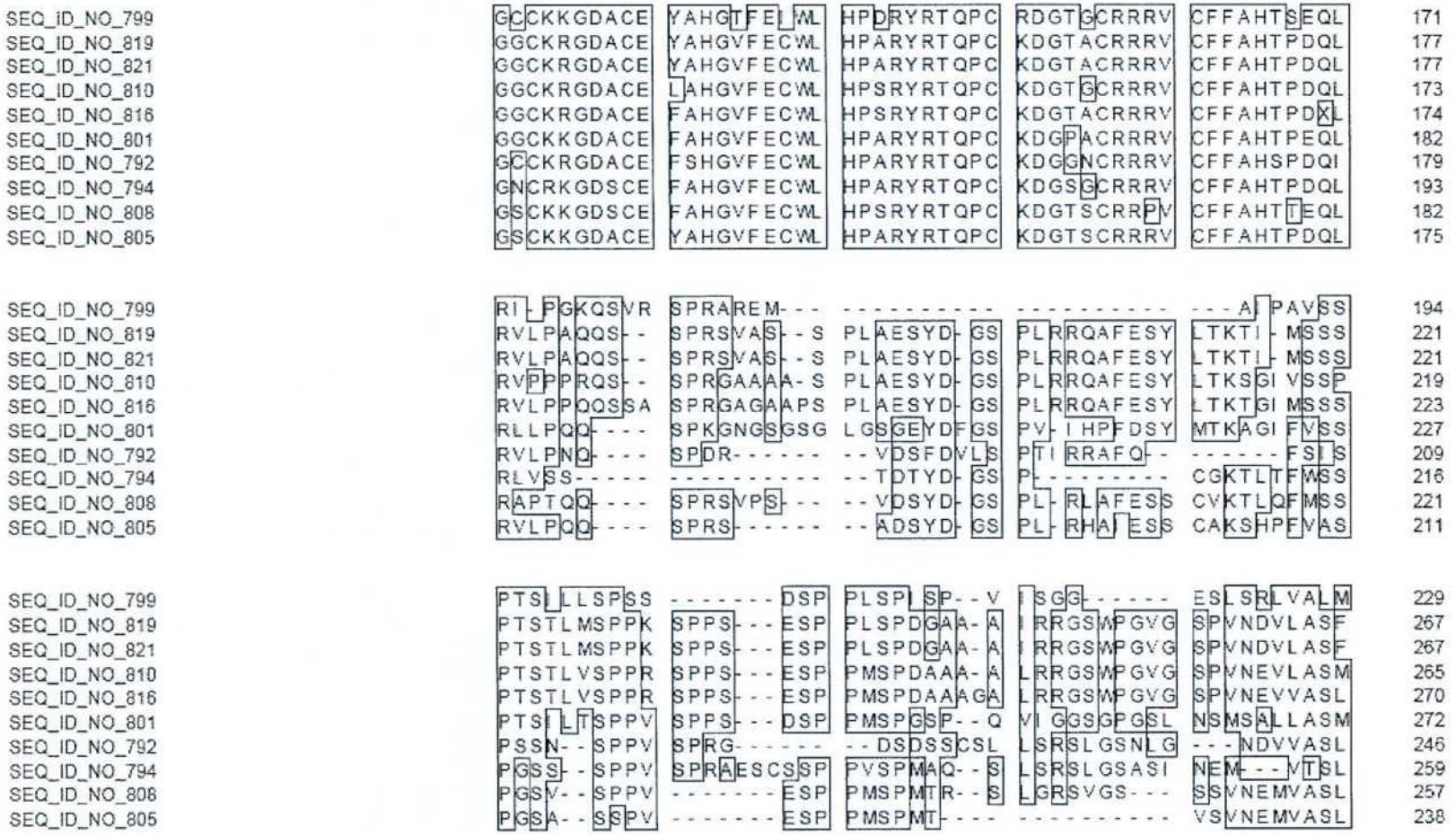


FIG. 25 (CONTINUAÇÃO)

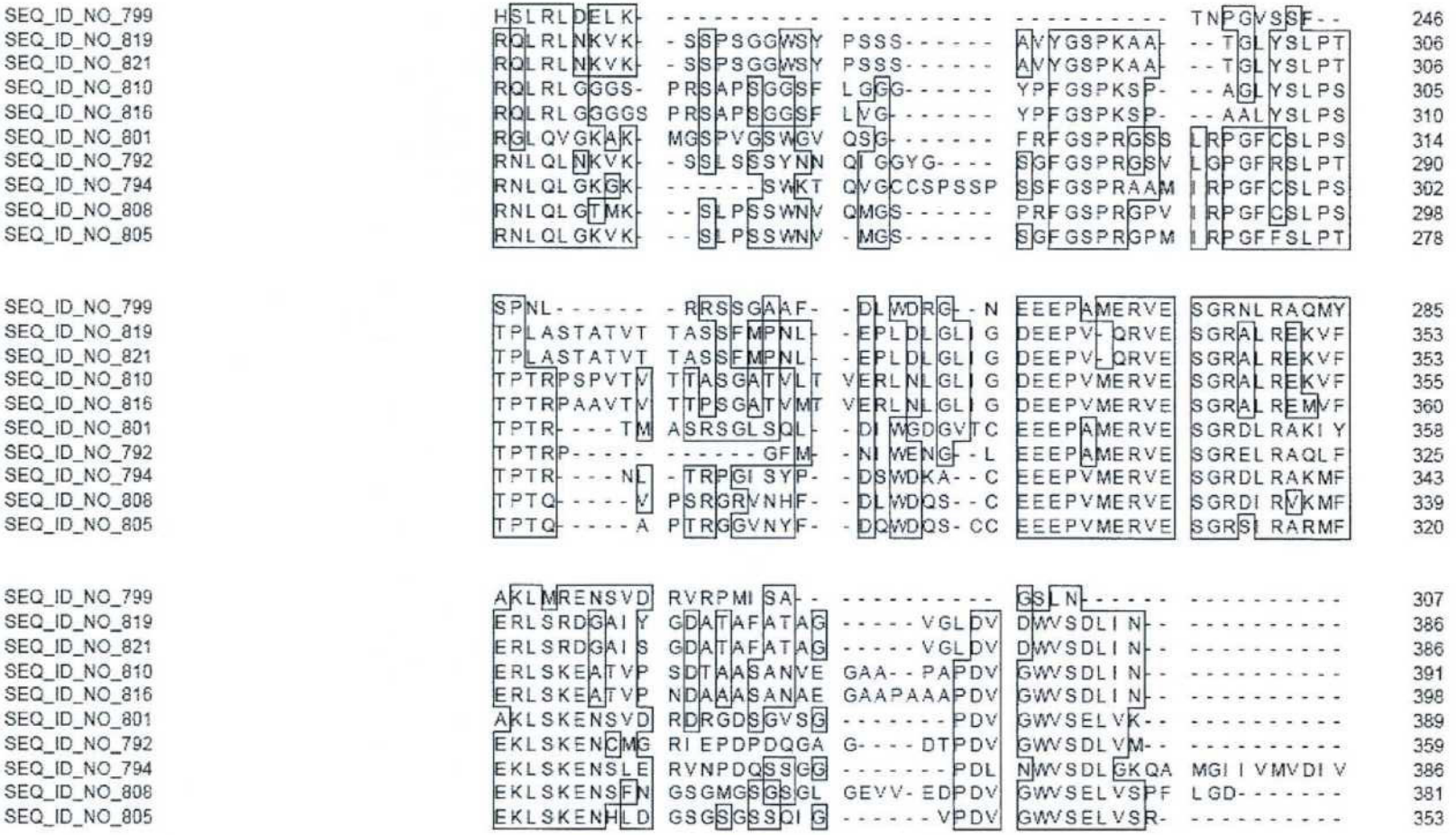


FIG. 25 (CONTINUAÇÃO)

SEQ_ID_NO_799	- - - - - - -	307
SEQ_ID_NO_819	- - - - - - -	386
SEQ_ID_NO_821	- - - - - - -	386
SEQ_ID_NO_810	- - - - - - -	391
SEQ_ID_NO_816	- - - - - - -	398
SEQ_ID_NO_801	- - - - - - -	389
SEQ_ID_NO_792	- - - - - - -	359
SEQ_ID_NO_794	L F I K Y F	392
SEQ_ID_NO_808	- - - - - - -	381
SEQ_ID_NO_805	- - - - - - -	353

FIG. 26

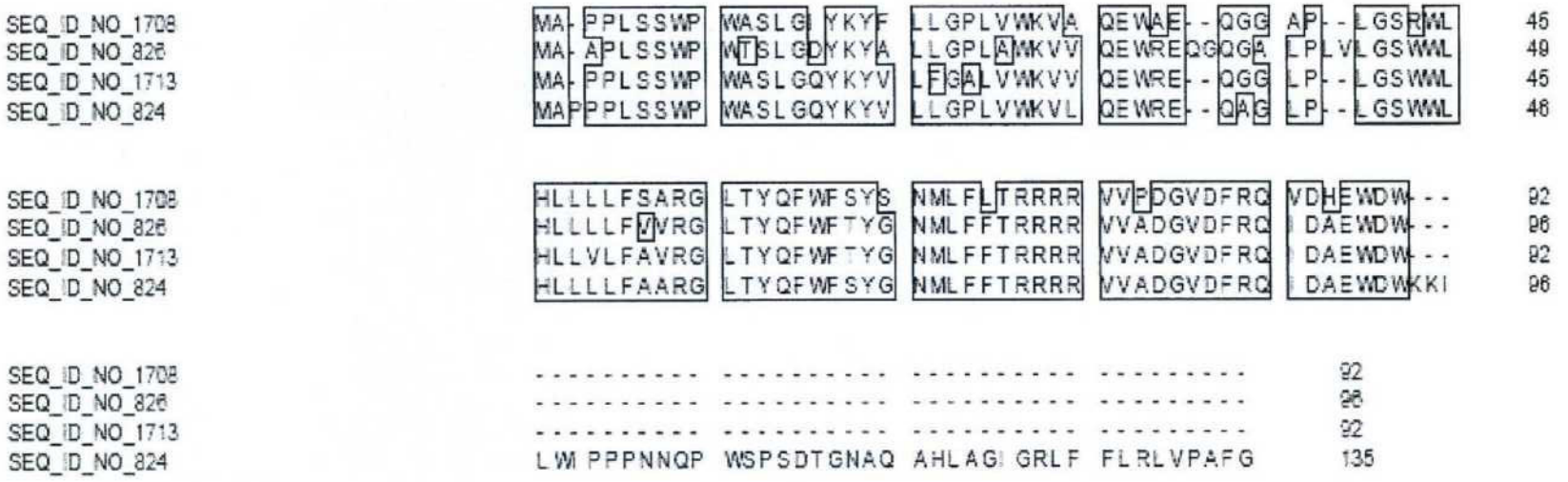

SEQ_ID_NO_1708
SEQ_ID_NO_826
SEQ_ID_NO_1713
SEQ_ID_NO_824
MA-PPLSSWP WASLGIYKYF LLGPLVWKVA QEWAE--QGG AP--LGSRWL 45
MA-APLSSWP WTSLGDYKYA LLGPLAWKVV QEWREQGQGA LPLVLGSWWL 49
MA-PPLSSWP WASLGQYKYV LFGALVWKVV QEWRE--QGG LP--LGSWWL 45
MAPPPLSSWP WASLGQYKYV LLGPLVWKVL QEWRE--QAG LP--LGSWWL 48
HLLLLFSARG LTYQFWFSYS NMLFLLTRRRR VVPDGVDFRQ VDHEWDW--- 92
HLLLLFVVRG LTYQFWFTYG NMLFFTRRRR VVADGVDFRQ IDAEWDW--- 96
HLLVLFAVRG LTYQFWFTYG NMLFFTRRRR VVADGVDFRQ IDAEWDW--- 92
HLLLLFAARG LTYQFWFSYG NMLFFTRRRR VVADGVDFRQ IDAEWDWKKI 96
---------- ---------- ---------- ---------- 92
---------- ---------- ---------- ---------- 96
---------- ---------- ---------- ---------- 92
LWIPPPNNQP WSPSDTGNAQ AHLAGIGRLF FLRLVPAFG 135

FIG. 27

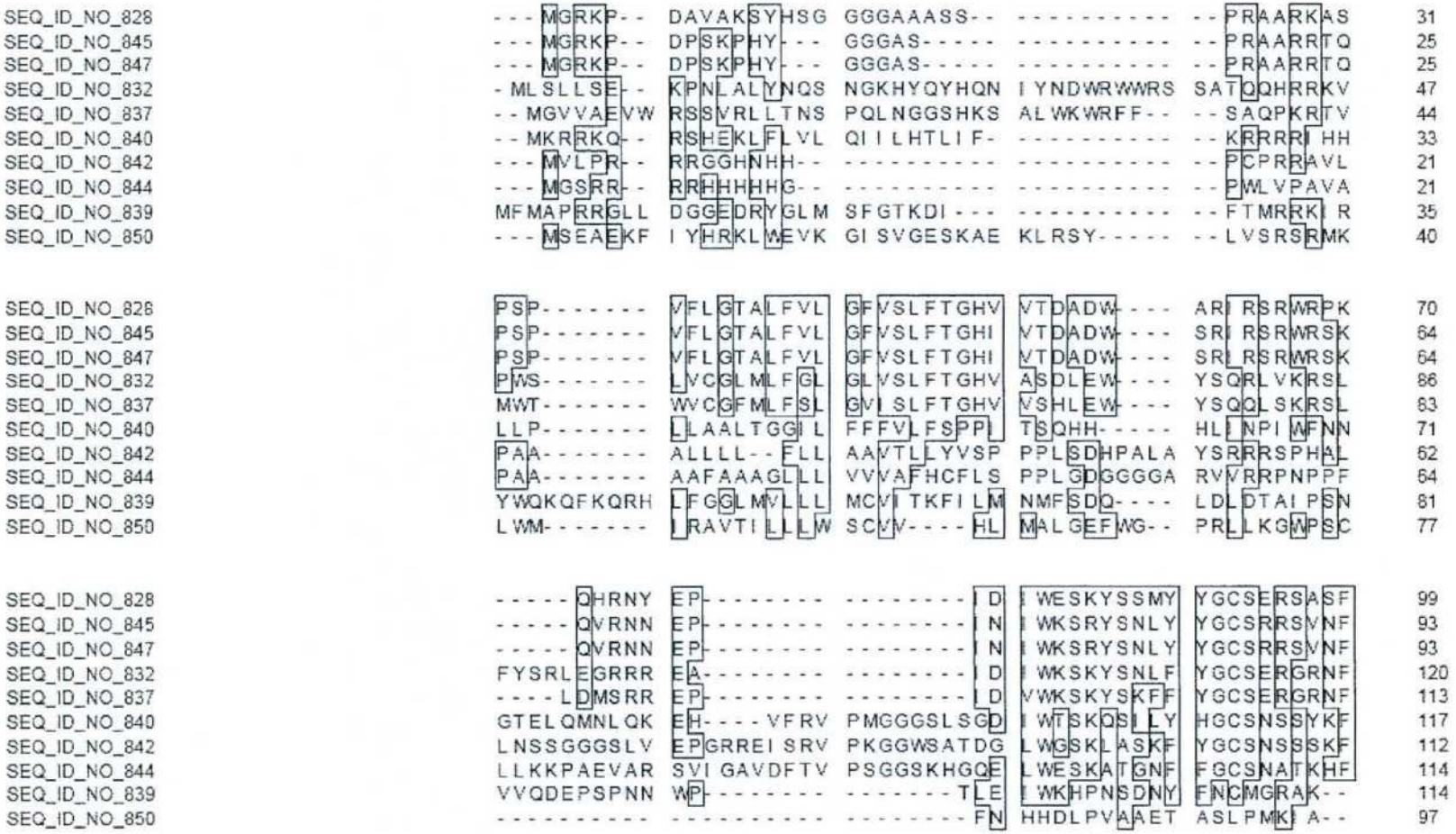

SEQ_ID_NO_828 MGRKP DAVAKSYHSG GGGAAASS PRAARKAS 31
SEQ_ID_NO_845 MGRKP DPSKPHY GGGAS PRAARRTQ 25
SEQ_ID_NO_847 MGRKP DPSKPHY GGGAS PRAARRTQ 25
SEQ_ID_NO_832 MLSLLSE KPNLALYNQS NGKHYQYHQN IYNDWRWWRS SATQQHRRKV 47
SEQ_ID_NO_837 MGVVAEVW RSSVRLLTNS PQLNGGSHKS ALWKWRFF SAQPKRTV 44
SEQ_ID_NO_840 MKRRKQ RSHEKLFLVL QIILHTLIF KRRRRIHH 33
SEQ_ID_NO_842 MVLPR RRGGHNHH PCPRRAVL 21
SEQ_ID_NO_844 MGSRR RRHHHHHG PWLVPAVA 21
SEQ_ID_NO_839 MFMAPRRGLL DGGEDRYGLM SFGTKDI FTMRRKIR 35
SEQ_ID_NO_850 MSEAEKF IYHRKLWEVK GISVGESKAE KLRSY LVSRSRMK 40
SEQ_ID_NO_828 PSP VFLGTALFVL GFVSLFTGHV VTDADW ARIRSRWRPK 70
SEQ_ID_NO_845 PSP VFLGTALFVL GFVSLFTGHI VTDADW SRIRSRWRSK 64
SEQ_ID_NO_847 PSP VFLGTALFVL GFVSLFTGHI VTDADW SRIRSRWRSK 64
SEQ_ID_NO_832 PWS LVCGLMLFGL GLVSLFTGHV ASDLEW YSQRLVKRSL 86
SEQ_ID_NO_837 MWT WVCGFMLFSL GVISLFTGHV VSHLEW YSQQLSKRSL 83
SEQ_ID_NO_840 LLP LLAALTGGIL FFFVLFSPPL TSQHH HLINPIWFNN 71
SEQ_ID_NO_842 PAA ALLLL FLL AAVTLLYVSP PPLSDHPALA YSRRRSPHAL 62
SEQ_ID_NO_844 PAA AAFAAAGLLL VVVAFHCFLS PPLGDGGGGA RVVRRPNPPF 64
SEQ_ID_NO_839 YWQKQFKQRH LFGGLMVLLL MCVITKFILM NMFSDQ LDLDTAIPSN 81
SEQ_ID_NO_850 LWM IRAVTILLLW SCVV HL MALGEFWG PRLLKGWPSC 77
SEQ_ID_NO_828 QHRNY EP ID IWESKYSSMY YGCSERSASF 99
SEQ_ID_NO_845 QVRNN EP IN IWKSRYSNLY YGCSRRSVNF 93
SEQ_ID_NO_847 QVRNN EP IN IWKSRYSNLY YGCSRRSVNF 93
SEQ_ID_NO_832 FYSRLEGRRR EA ID IWKSKYSNLF YGCSERGRNF 120
SEQ_ID_NO_837 LDMSRR EP LD VWKSKYSKFF YGCSERGRNF 113
SEQ_ID_NO_840 GTELQMNLQK EH VFRV PMGGGSLSGD IWTSKQSLLY HGCSNSSYKF 117
SEQ_ID_NO_842 LNSSGGGSLV EPGRREISRV PKGGWSATDG LWGSKLASKF YGCSNSSSKF 112
SEQ_ID_NO_844 LLKKPAEVAR SVIGAVDFTV PSGGSKHGQE LWESKATGNF FGCSNATKHF 114
SEQ_ID_NO_839 VVQDEPSPNN WP TLE IWKHPNSDNY FNCMGRAK 114
SEQ_ID_NO_850 FN HHDLPVAAET ASLPMKIA 97

FIG. 27 (CONTINUAÇÃO)

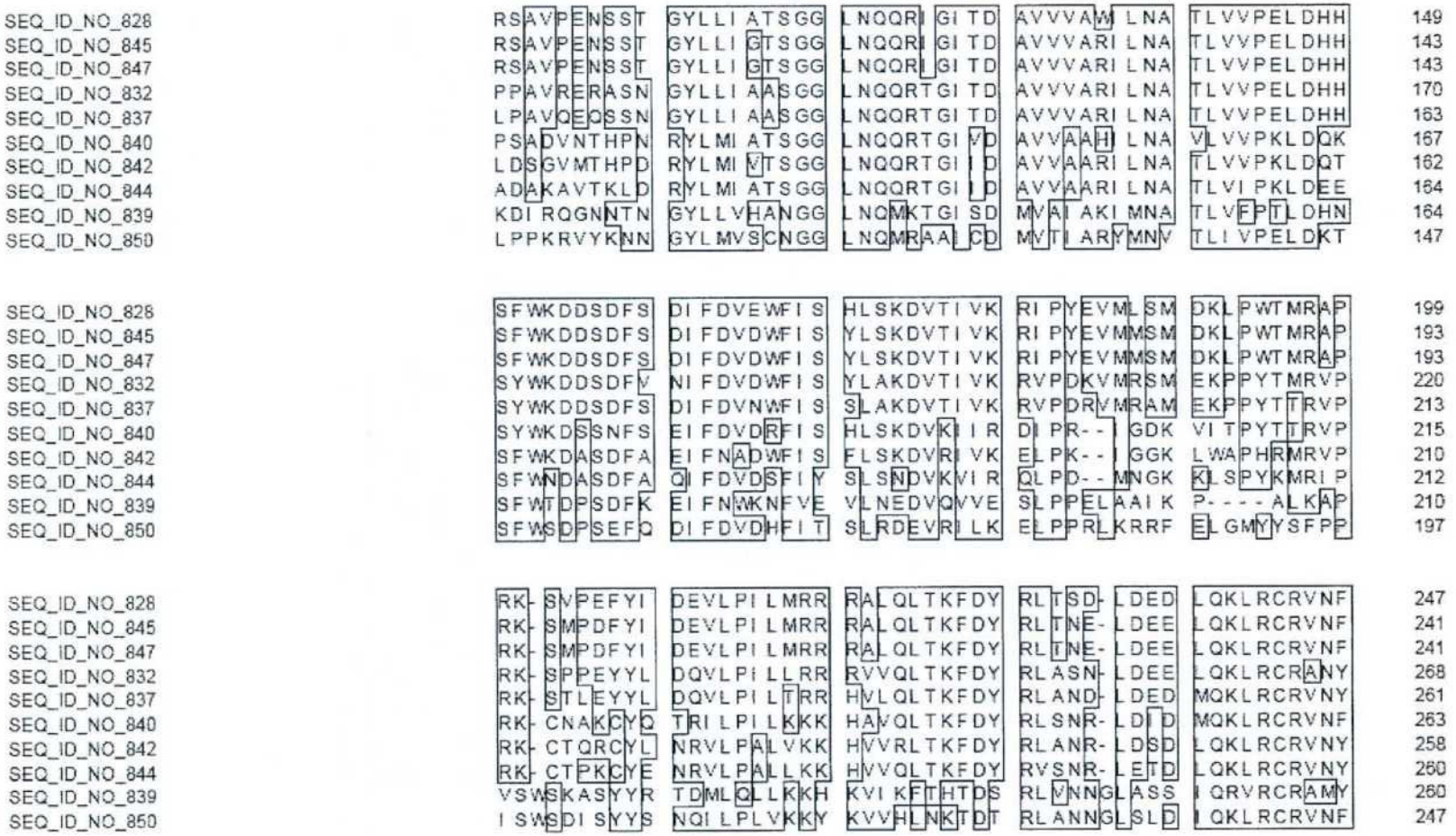


FIG. 27 (CONTINUAÇÃO)

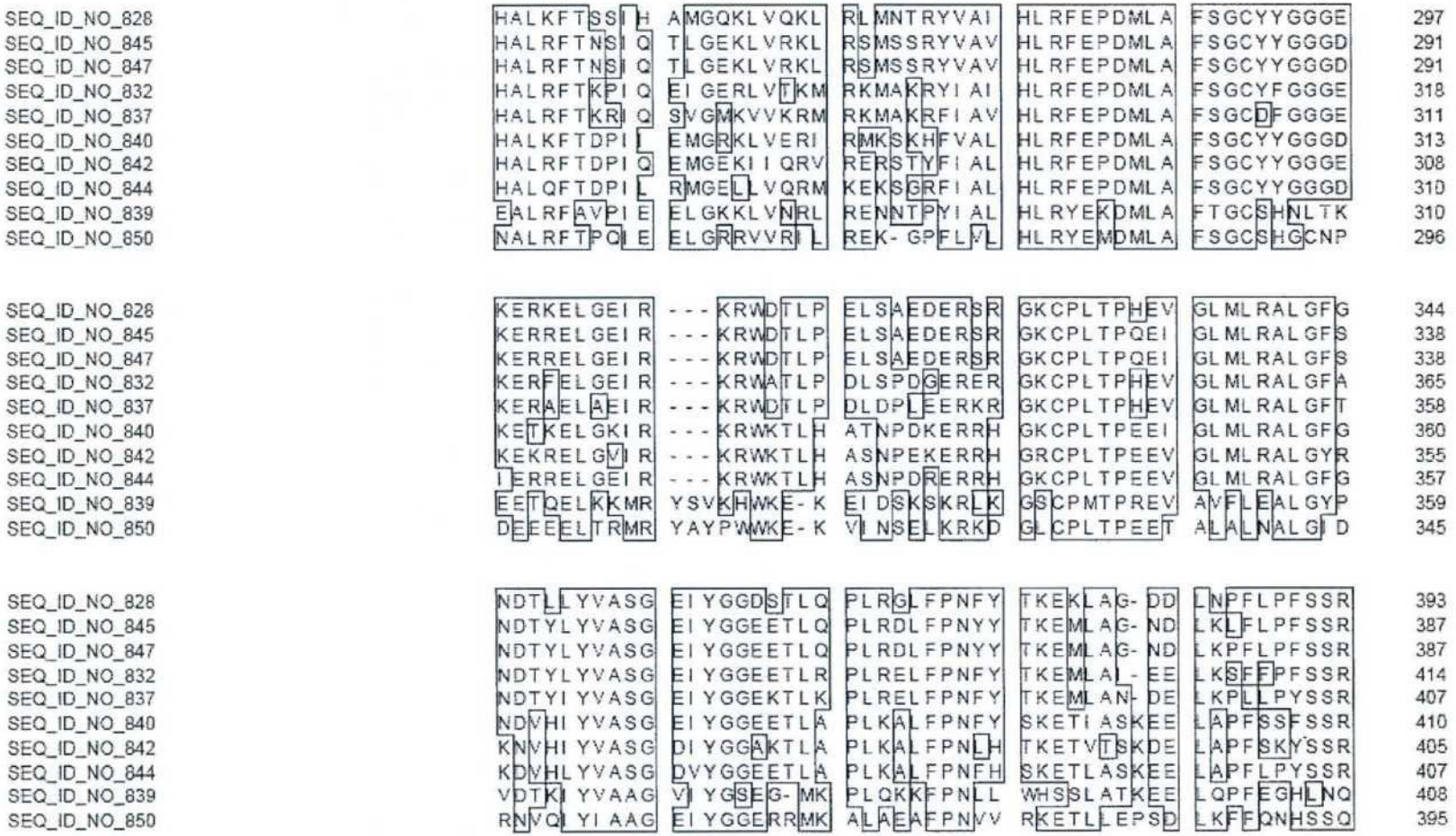


FIG. 27 (CONTINUAÇÃO)

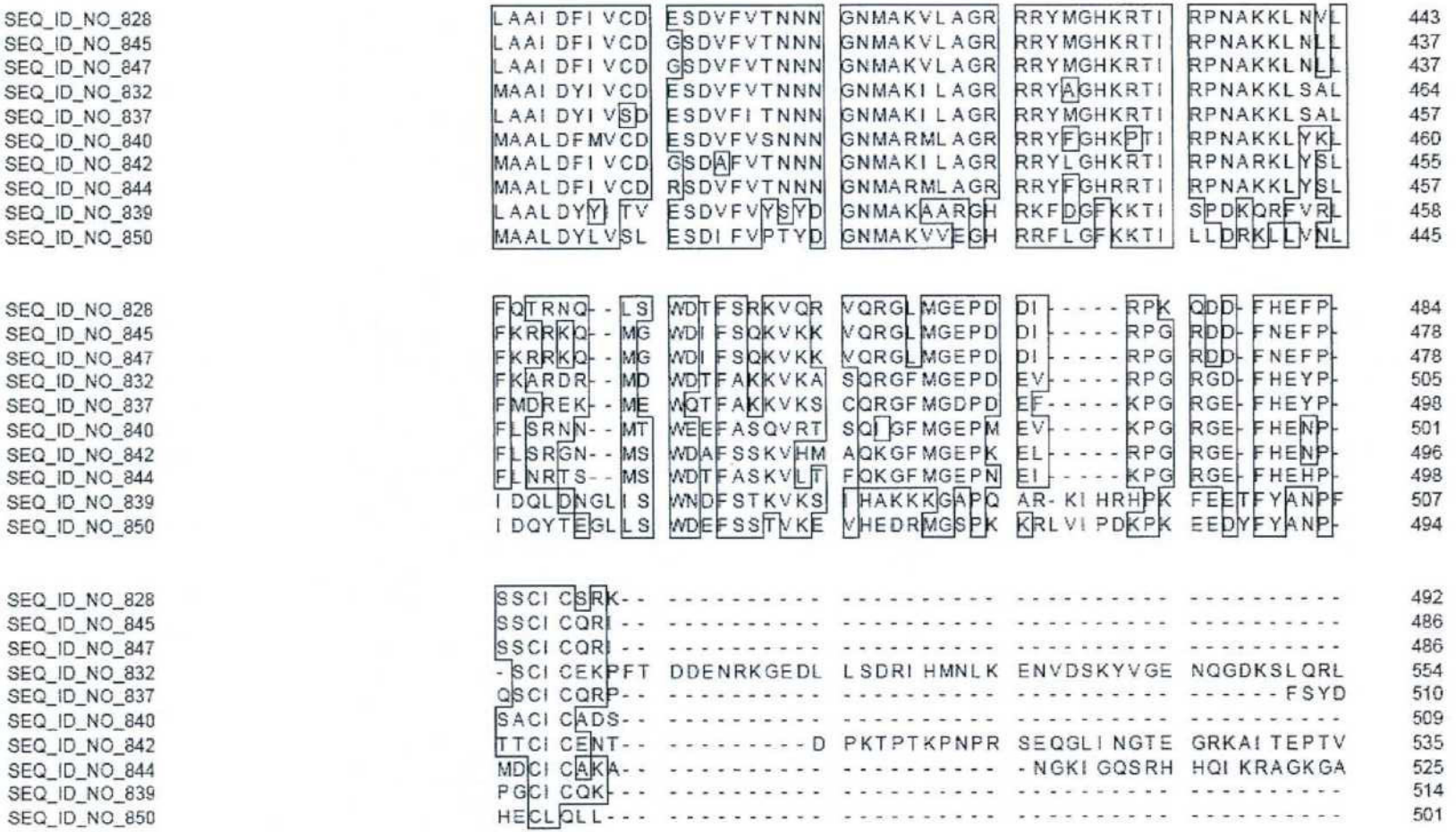


FIG. 27 (CONTINUAÇÃO)

```
SEQ_ID_NO_828  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  492
SEQ_ID_NO_845  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  486
SEQ_ID_NO_847  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  486
SEQ_ID_NO_832  KKRSIEEPIS LRENKDVTVI GSANELGLCT GDRYVKVNGT CLVASTKSDL  604
SEQ_ID_NO_837  KTSTDDEEED MSEENHNSTS PGHVHLSS-- ---------- ----------  538
SEQ_ID_NO_840  DANDREDASL FGTHSIISEI DTGSSTNSAR RDMVEVTDGQ ASEEEQEWS-  558
SEQ_ID_NO_842  ANHTNEELVG SSAEEDDASV EKEDDTSAEK EDDTSEEKEE IADPEAEDDA  585
SEQ_ID_NO_844  ENHSSDGDLD WRDLDYGEHT PLGRDSSNES ESDDIRVGGS ----------  565
SEQ_ID_NO_839  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  514
SEQ_ID_NO_850  ---------- ---------- ---------- ---------- ----------  501

SEQ_ID_NO_828  --------PG NISATT---- -  500
SEQ_ID_NO_845  --------PV NRSVTARAEN L  499
SEQ_ID_NO_847  --------PV NRSVTARAEN L  499
SEQ_ID_NO_832  LCHHVLSFST PFLDETGSGM L  625
SEQ_ID_NO_837  --------AD NERDEVFPD-  -  549
SEQ_ID_NO_840  --------DT EYMETELEI-  -  569
SEQ_ID_NO_842  LVRP----DD PELEEVLSD-  -  600
SEQ_ID_NO_844  --------DI PELEDMMSD-  -  576
SEQ_ID_NO_839  --------PT HLMAETNHES L  527
SEQ_ID_NO_850  --------DE PLRTTRLSMF L  514
```

FIG. 28

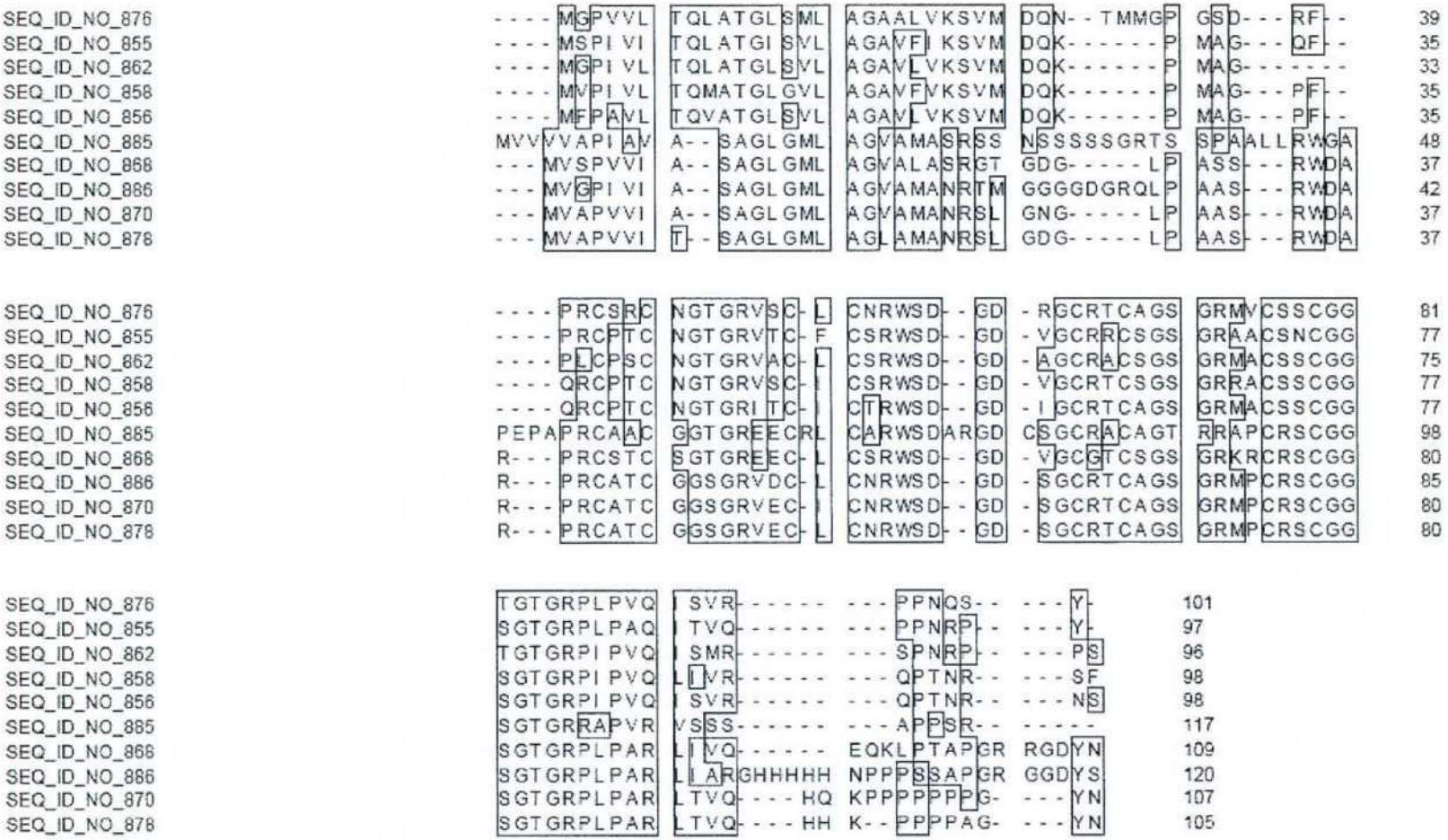

SEQ_ID_NO_876
SEQ_ID_NO_855
SEQ_ID_NO_862
SEQ_ID_NO_858
SEQ_ID_NO_856
SEQ_ID_NO_885
SEQ_ID_NO_868
SEQ_ID_NO_886
SEQ_ID_NO_870
SEQ_ID_NO_878

FIG. 29


SEQ_ID_NO_907
SEQ_ID_NO_912
SEQ_ID_NO_911
SEQ_ID_NO_898
SEQ_ID_NO_913
SEQ_ID_NO_901
SEQ_ID_NO_915
SEQ_ID_NO_904
SEQ_ID_NO_905
SEQ_ID_NO_908
SEQ_ID_NO_891
SEQ_ID_NO_893
SEQ_ID_NO_907 SEQ_ID_NO_912 SEQ_ID_NO_911 SEQ_ID_NO_898 SEQ_ID_NO_913 SEQ_ID_NO_901 SEQ_ID_NO_915 SEQ_ID_NO_904 SEQ_ID_NO_905 SEQ_ID_NO_908 SEQ_ID_NO_891 SEQ_ID_NO_893
SEQ_ID_NO_907 SEQ_ID_NO_912 SEQ_ID_NO_911 SEQ_ID_NO_898 SEQ_ID_NO_913 SEQ_ID_NO_901 SEQ_ID_NO_915 SEQ_ID_NO_904 SEQ_ID_NO_905 SEQ_ID_NO_908 SEQ_ID_NO_891 SEQ_ID_NO_893

FIG. 29 (CONTINUAÇÃO)

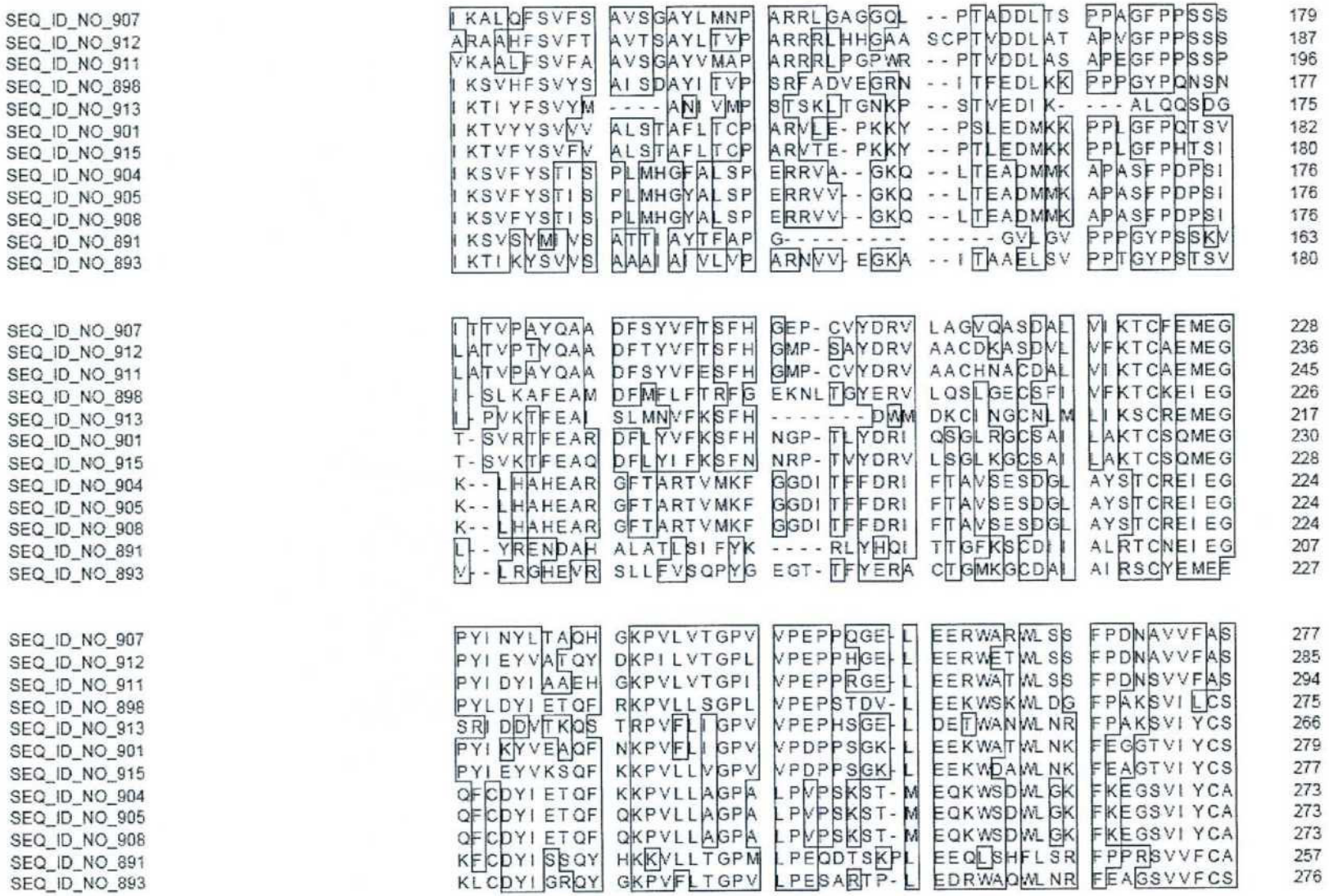


FIG. 29 (CONTINUAÇÃO)

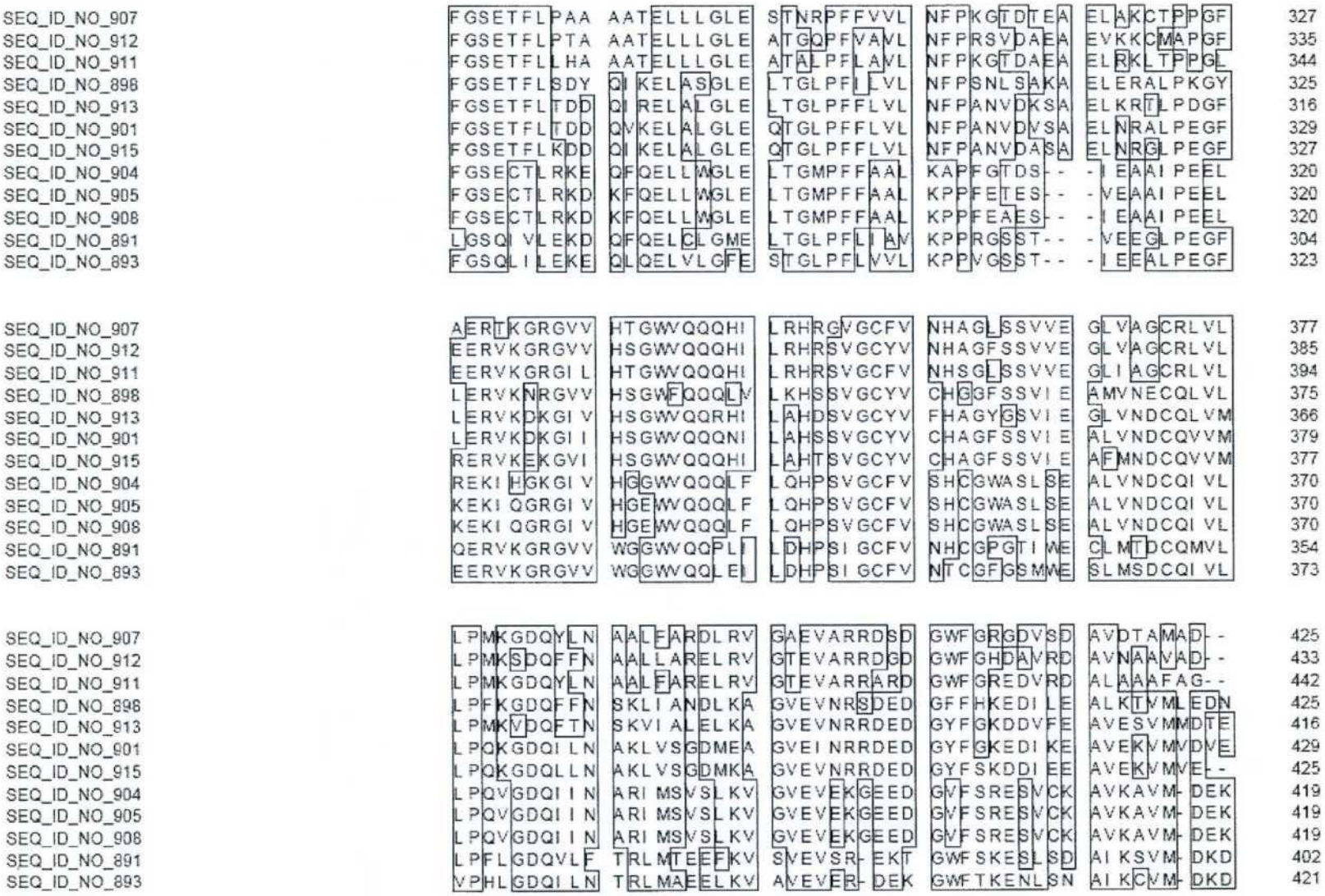


FIG. 29 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 30

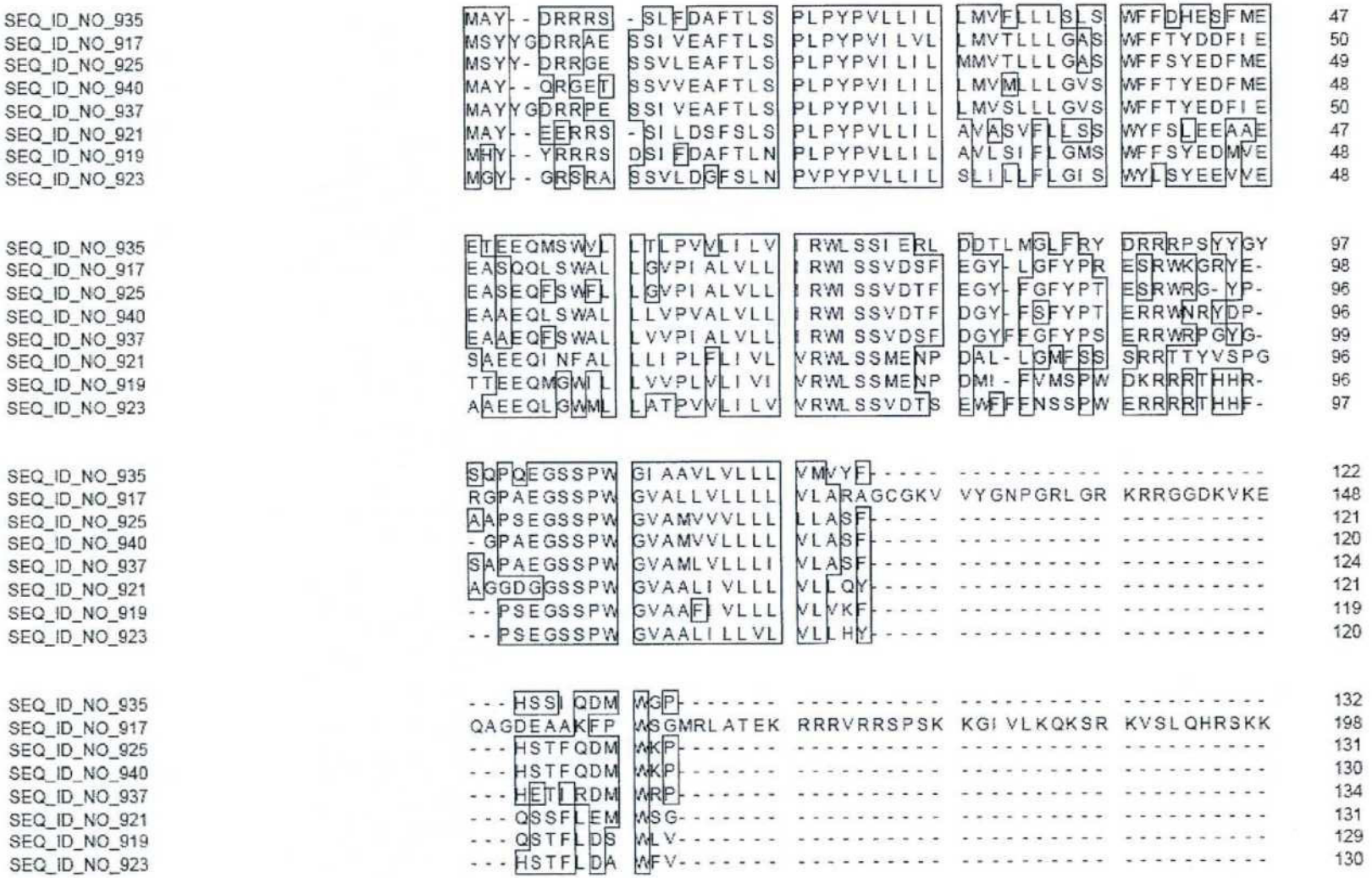

SEQ_ID_NO_935
SEQ_ID_NO_917
SEQ_ID_NO_925
SEQ_ID_NO_940
SEQ_ID_NO_937
SEQ_ID_NO_921
SEQ_ID_NO_919
SEQ_ID_NO_923

FIG. 30 (CONTINUAÇÃO)

SEQ_ID_NO_935	- - -	132
SEQ_ID_NO_917	L K A	201
SEQ_ID_NO_925	- - -	131
SEQ_ID_NO_940	- - -	130
SEQ_ID_NO_937	- - -	134
SEQ_ID_NO_921	- - -	131
SEQ_ID_NO_919	- - -	129
SEQ_ID_NO_923	- - -	130

FIG. 31

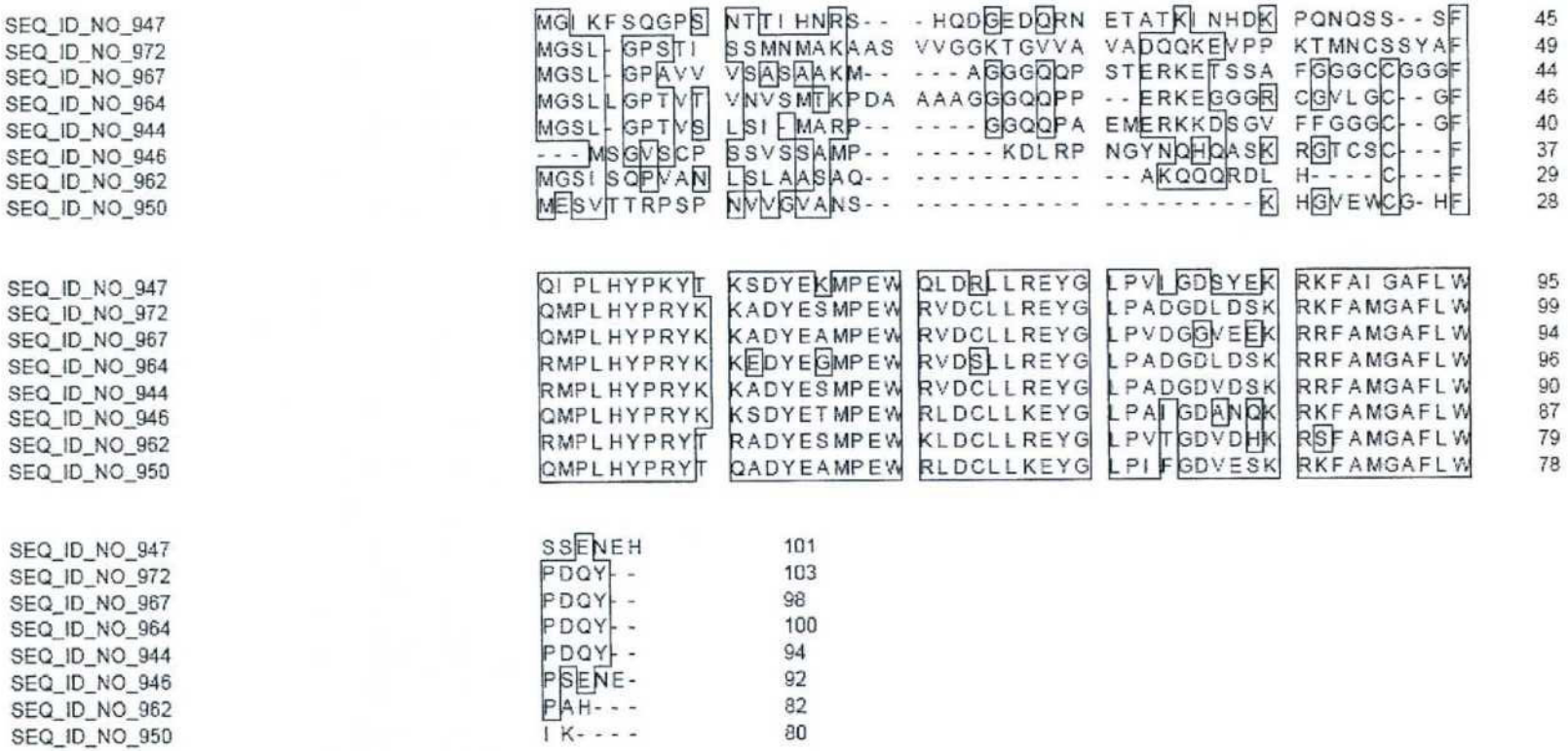

SEQ_ID_NO_947
SEQ_ID_NO_972
SEQ_ID_NO_967
SEQ_ID_NO_964
SEQ_ID_NO_944
SEQ_ID_NO_946
SEQ_ID_NO_962
SEQ_ID_NO_950
MGIKFSQGPS NTTIHNRS-- -HQDGEDQRN ETATKLNHDK PQNQSS--SF 45
MGSL-GPSTI SSMNMAKAAS VVGGKTGVVA VADQQKEVPP KTMNCSSYAF 49
MGSL-GPAVV VSASAAAKM-- ---AGGGQQP STERKETSSA FGGGCCGGGF 44
MGSLLGPTVT VNVSMTKPDA AAAGGGQQPP --ERKEGGGR CGVLGC--GF 46
MGSL-GPTVS LSI-MARP-- ----GGQQPA EMERKKDSGV FFGGGC--GF 40
---MSGVSCP SSVSSAMP-- -----KDLRP NGYNQHQASK RGTCSC---F 37
MGSISQPVAN LSLAASAQ-- ---------- --AKQQQRDL H----C---F 29
MESVTTRPSP NVVGVANS-- ---------- ---------K HGVEWCG-HF 28
QIPLHYPKYT KSDYEKMPEW QLDRLLREYG LPVILGDSYEK RKFAIGAFLW 95
QMPLHYPRYK KADYESMPEW RVDCLLREYG LPADGDLDSK RKFAMGAFLW 99
QMPLHYPRYK KADYEAMPEW RVDCLLREYG LPVDGGVEEK RRFAMGAFLW 94
RMPLHYPRYK KEDYEGMPEW RVDSLLREYG LPADGDLDSK RRFAMGAFLW 96
RMPLHYPRYK KADYESMPEW RVDCLLREYG LPADGDVDSK RRFAMGAFLW 90
QMPLHYPRYK KSDYETMPEW RLDCLLKEYG LPAIGDANQK RKFAMGAFLW 87
RMPLHYPRYT RADYESMPEW KLDCLLREYG LPVTGDVDHK RSFAMGAFLW 79
QMPLHYPRYT QADYEAMPEW RLDCLLKEYG LPIFGDVESK RKFAMGAFLW 78
SSENEH 101
PDQY-- 103
PDQY-- 98
PDQY-- 100
PDQY-- 94
PSENE- 92
PAH--- 82
IK---- 80

FIG. 32

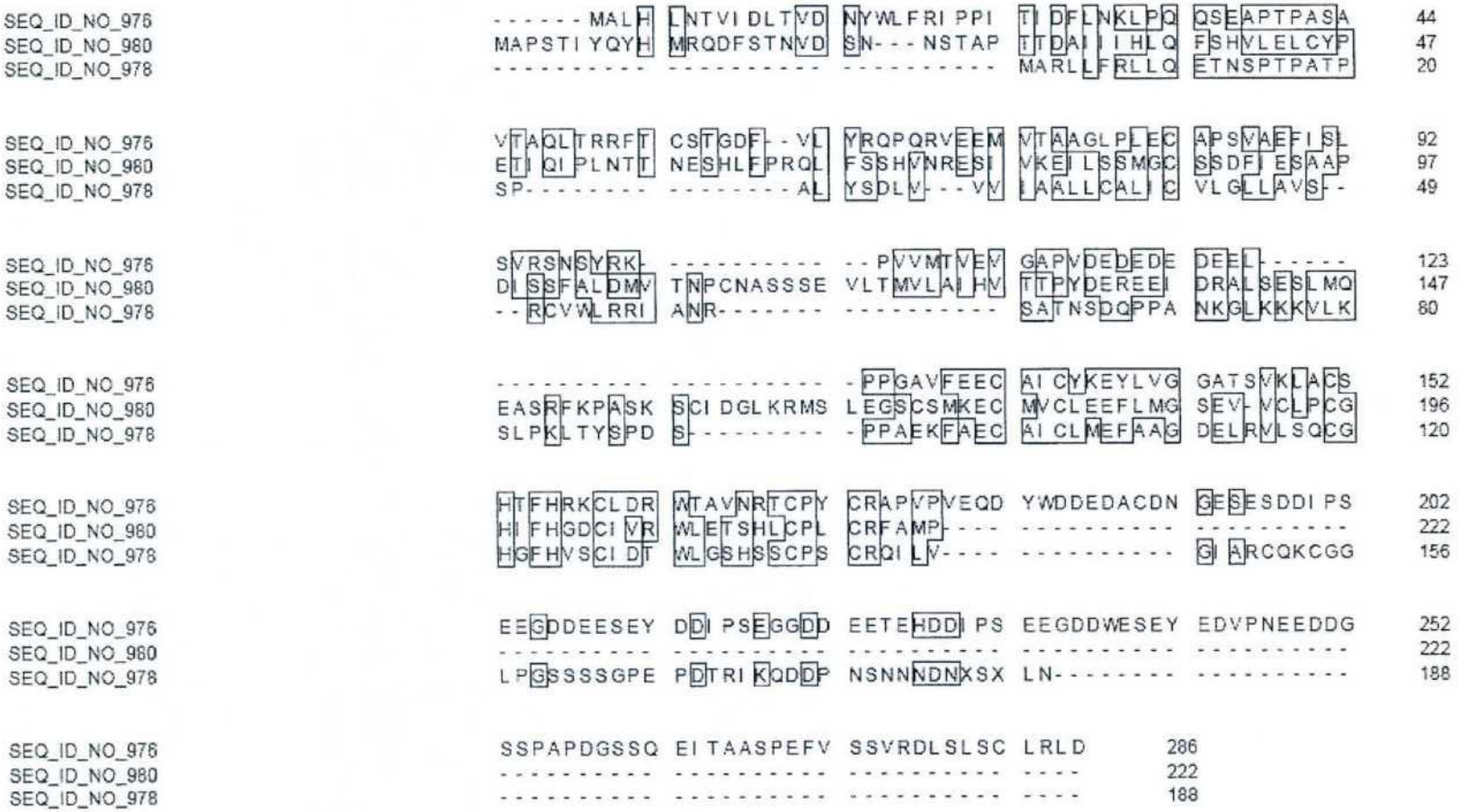


FIG. 33

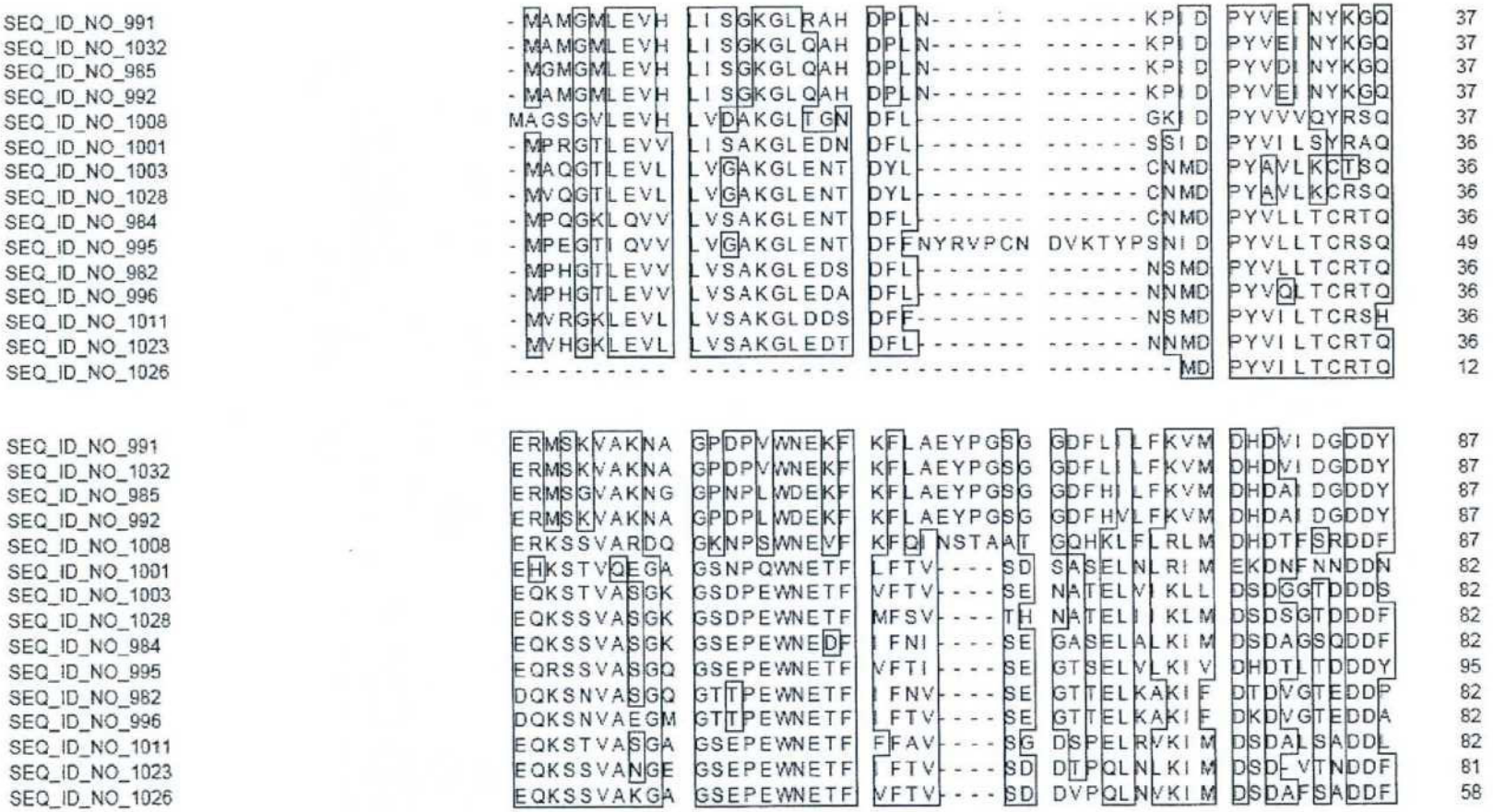

SEQ_ID_NO_991
SEQ_ID_NO_1032
SEQ_ID_NO_985
SEQ_ID_NO_992
SEQ_ID_NO_1008
SEQ_ID_NO_1001
SEQ_ID_NO_1003
SEQ_ID_NO_1028
SEQ_ID_NO_984
SEQ_ID_NO_995
SEQ_ID_NO_982
SEQ_ID_NO_996
SEQ_ID_NO_1011
SEQ_ID_NO_1023
SEQ_ID_NO_1026

FIG. 33 (CONTINUAÇÃO)

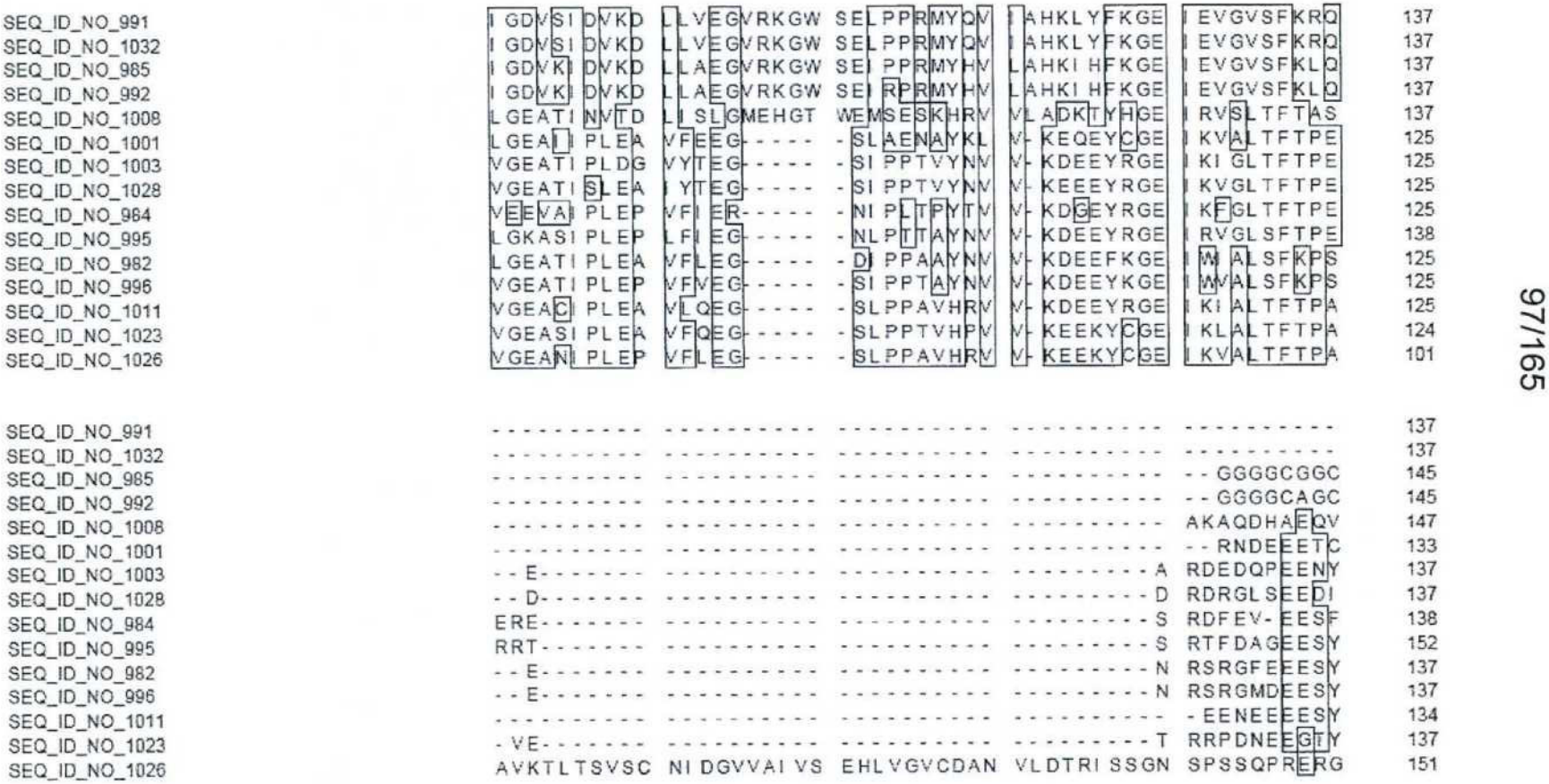


FIG. 33 (CONTINUAÇÃO)

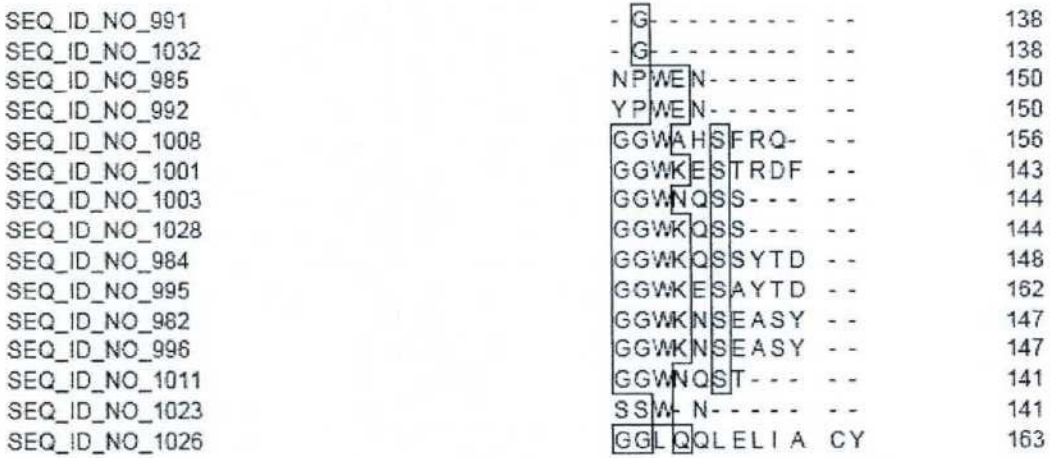


FIG. 34

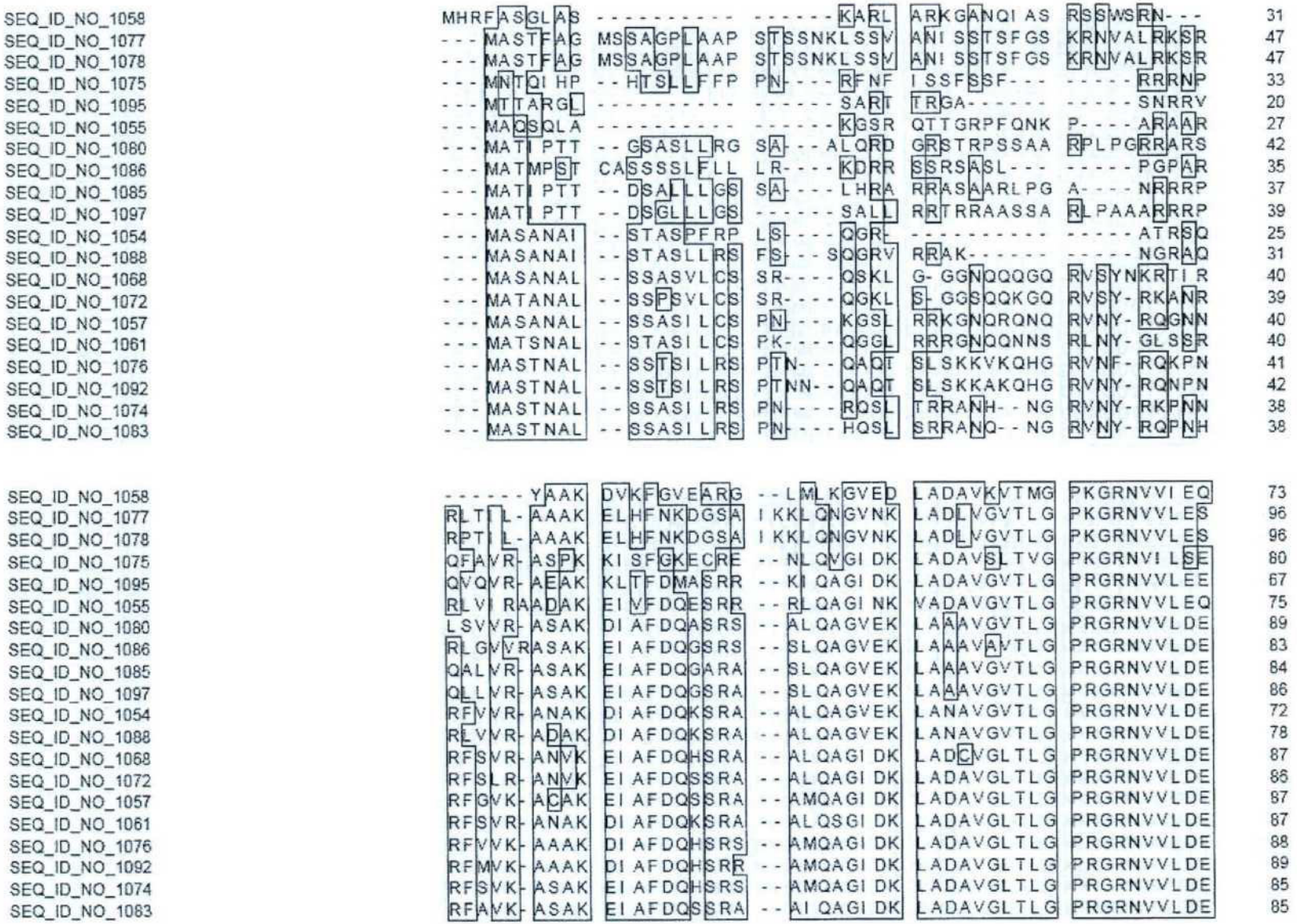

SEQ_ID_NO_1058
SEQ_ID_NO_1077
SEQ_ID_NO_1078
SEQ_ID_NO_1075
SEQ_ID_NO_1095
SEQ_ID_NO_1055
SEQ_ID_NO_1080
SEQ_ID_NO_1086
SEQ_ID_NO_1085
SEQ_ID_NO_1097
SEQ_ID_NO_1054
SEQ_ID_NO_1088
SEQ_ID_NO_1068
SEQ_ID_NO_1072
SEQ_ID_NO_1057
SEQ_ID_NO_1061
SEQ_ID_NO_1076
SEQ_ID_NO_1092
SEQ_ID_NO_1074
SEQ_ID_NO_1063
MHRFASGLAS ---------- ------KARL ARKGANQIAS RSSWSRN--- 31
---MASTFAG MSSAGPLAAP STSSNKLSSV ANISSTSFGS KRNVALRKSR 47
---MASTFAG MSSAGPLAAP STSSNKLSSV ANISSTSFGS KRNVALRKSR 47
---MNTQIHP --HTSLLFFP PN----RFNF ISSFSSF--- -----RRRNP 33
---MTTARGL ---------- ------SART TRGA------ -----SNRRV 20
---MAQSQLA ---------- ------KGSR QTTGRPFQNK P----ARAAR 27
---MATIPTT --GSASLLRG SA---ALQRD GRSTRPSSAA RPLPGRRARS 42
---MATMPST CASSSSLFLL LR----KDRR SSRSASL--- -----PGPAR 35
---MATIPTT --DSALLLGS SA----LHRA RRASAARLPG A----NRRRP 37
---MATIPTT --DSGLLLGS ------SALL RRTRRAASSA RLPAAARRRP 39
---MASANAI --STASPFRP LS----QGRL ---------- -----ATRSQ 25
---MASANAI --STASLLRS FS---SQGRV RRAK------ -----NGRAQ 31
---MASANAL --SSASVLCS SR----QSKL G-GGNQQQGQ RVSYNKRTIR 40
---MATANAL --SSPSVLCS SR----QGKL S-GGSQQKGQ RVSY-RKANR 39
---MASANAL --SSASILCS PN----KGSL RRKGNQRQNQ RVNY-RQGNN 40
---MATSNAL --STASILCS PK----QGGL RRRGNQQNNS RLNY-GLSSR 40
---MASTNAL --SSTSILRS PTN---QAQT SLSKKVKQHG RVNF-RQKPN 41
---MASTNAL --SSTSILRS PTNN--QAQT SLSKKAKQHG RVNY-RQNPN 42
---MASTNAL --SSASILRS PN----RQSL TRRANH--NG RVNY-RKPNN 38
---MASTNAL --SSASILRS PN----HQSL SRRANQ--NG RVNY-RQPNH 38
------YAAK DVKFGVEARG --LMLKGVED LADAVKVTMG PKGRNVVIEQ 73
RLTIL-AAAK ELHFNKDGSA IKKLQNGVNK LADLVGVTLG PKGRNVVLES 96
RPTIL-AAAK ELHFNKDGSA IKKLQNGVNK LADLVGVTLG PKGRNVVLES 96
QFAVR-ASPK KISFGKECRE --NLQVGIDK LADAVSLTVG PKGRNVILSE 80
QVQVR-AEAK KLTFDMASRR --KIQAGIDK LADAVGVTLG PRGRNVVLEE 67
RLVIRAADAK EIVFDQESRR --RLQAGINK VADAVGVTLG PRGRNVVLEQ 75
LSVVR-ASAK DIAFDQASRS --ALQAGVEK LAAAVGVTLG PRGRNVVLDE 89
RLGVVRASAK EIAFDQGSRS --SLQAGVEK LAAAVAVTLG PRGRNVVLDE 83
QALVR-ASAK EIAFDQGARA --SLQAGVEK LAAAVGVTLG PRGRNVVLDE 84
QLLVR-ASAK EIAFDQGSRA --SLQAGVEK LAAAVGVTLG PRGRNVVLDE 86
RFVVR-ANAK DIAFDQKSRA --ALQAGVEK LANAVGVTLG PRGRNVVLDE 72
RLVVR-ADAK DIAFDQKSRA --ALQAGVEK LANAVGVTLG PRGRNVVLDE 78
RFSVR-ANVK EIAFDQHSRA --ALQAGIDK LADCVGLTLG PRGRNVVLDE 87
RFSLR-ANVK EIAFDQSSRA --ALQAGIDK LADAVGLTLG PRGRNVVLDE 86
RFGVK-ACAK EIAFDQSSRA --AMQAGIDK LADAVGLTLG PRGRNVVLDE 87
RFSVR-ANAK DIAFDQKSRA --ALQSGIDK LADAVGLTLG PRGRNVVLDE 87
RFVVK-AAAK DIAFDQHSRS --AMQAGIDK LADAVGLTLG PRGRNVVLDE 88
RFMVK-AAAK DIAFDQHSRR --AMQAGIDK LADAVGLTLG PRGRNVVLDE 89
RFSVK-ASAK EIAFDQHSRS --AMQAGIDK LADAVGLTLG PRGRNVVLDE 85
RFAVK-ASAK EIAFDQSSRA --AIQAGIDK LADAVGLTLG PRGRNVVLDE 85

FIG. 34 (CONTINUAÇÃO)

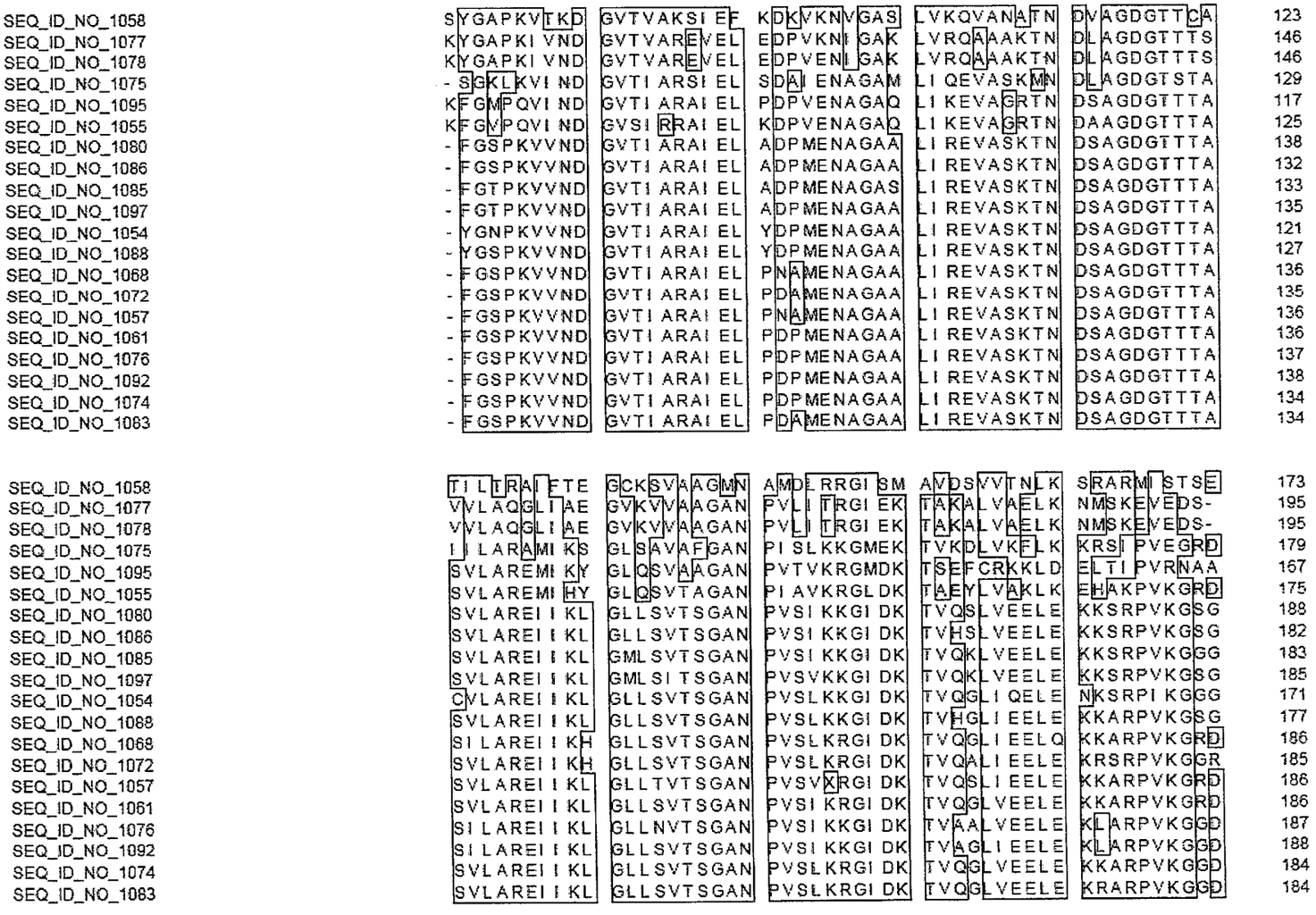


FIG. 34 (CONTINUAÇÃO)

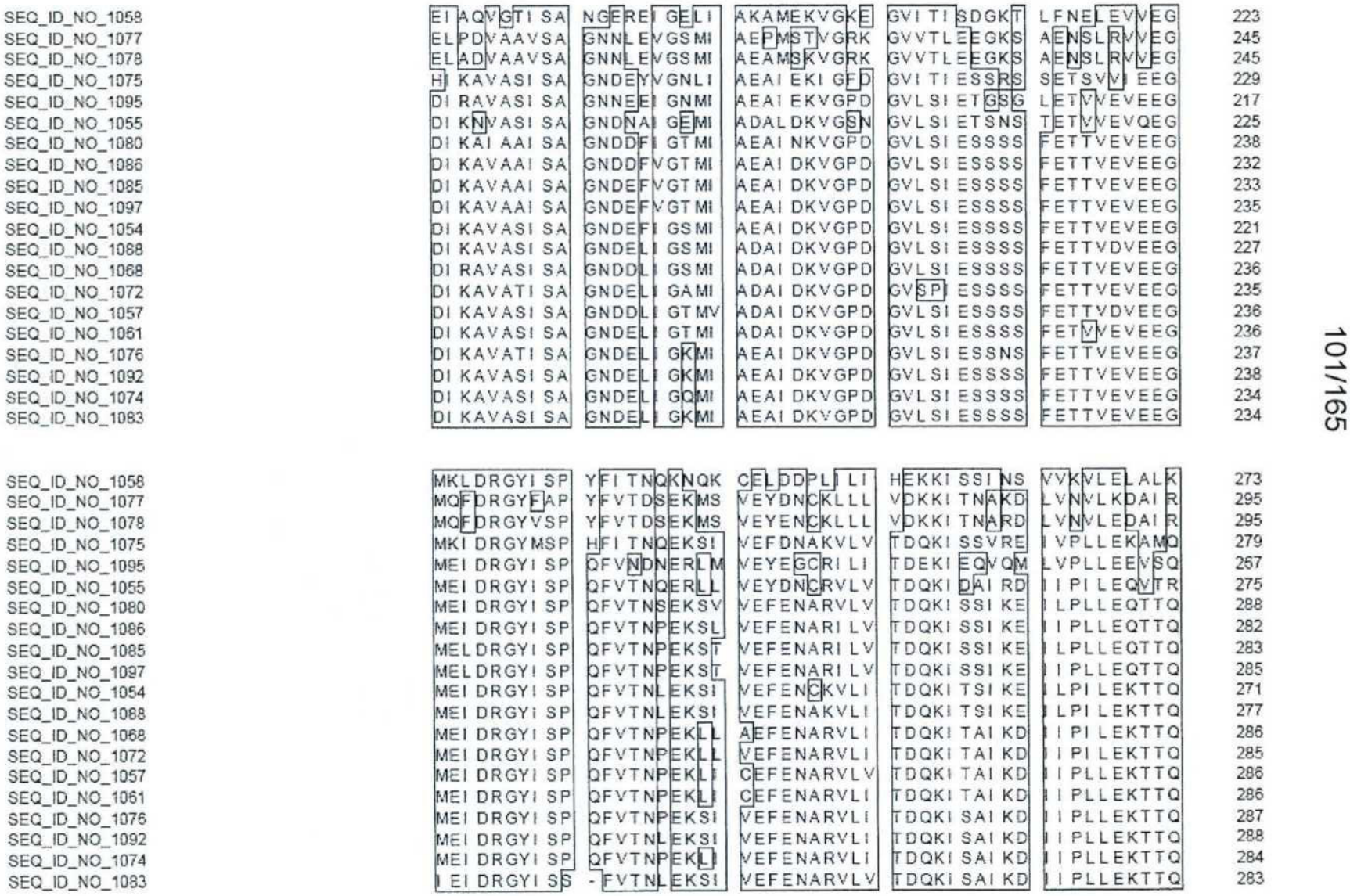


FIG. 34 (CONTINUAÇÃO)

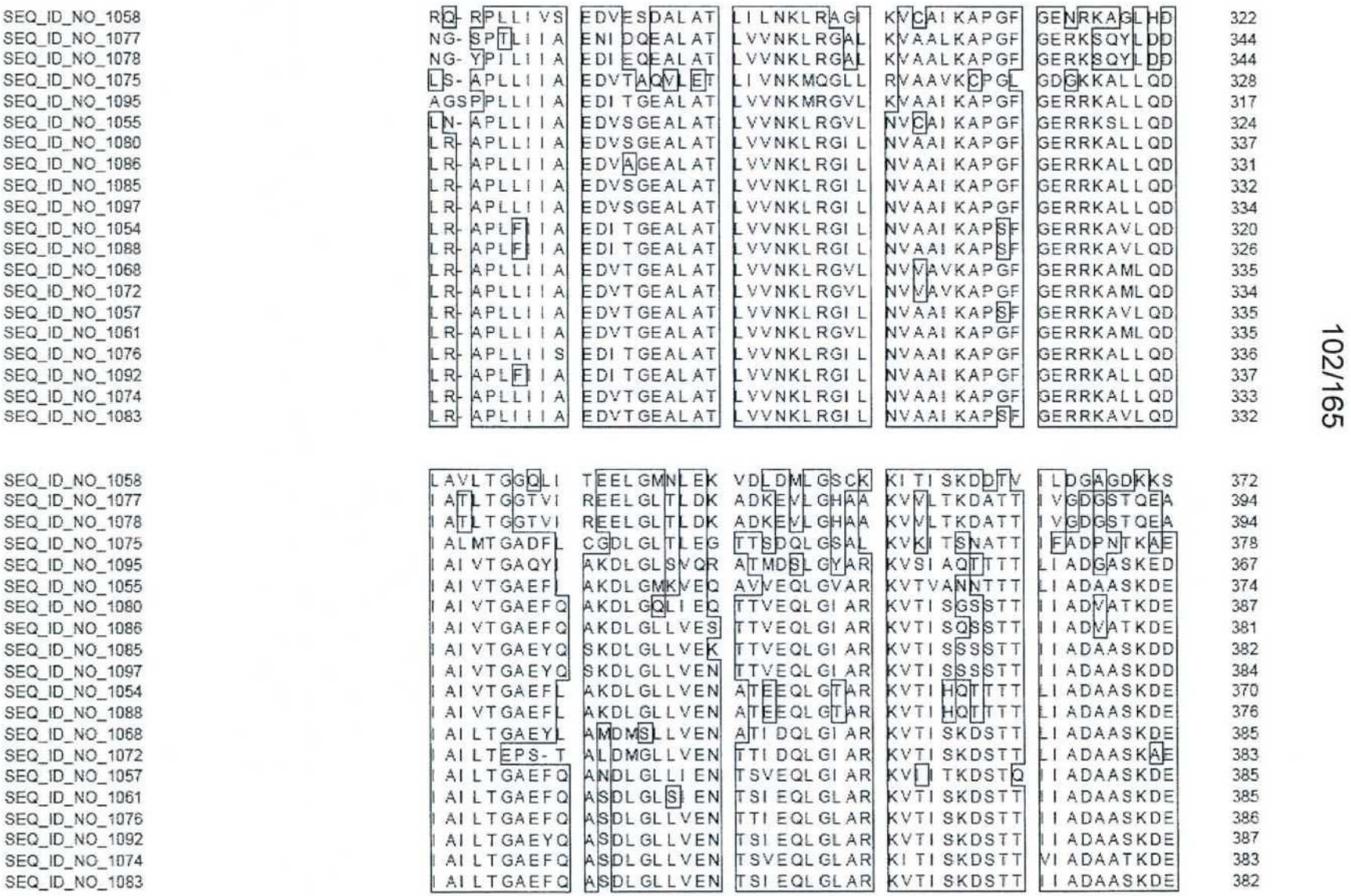


FIG. 34 (CONTINUAÇÃO)

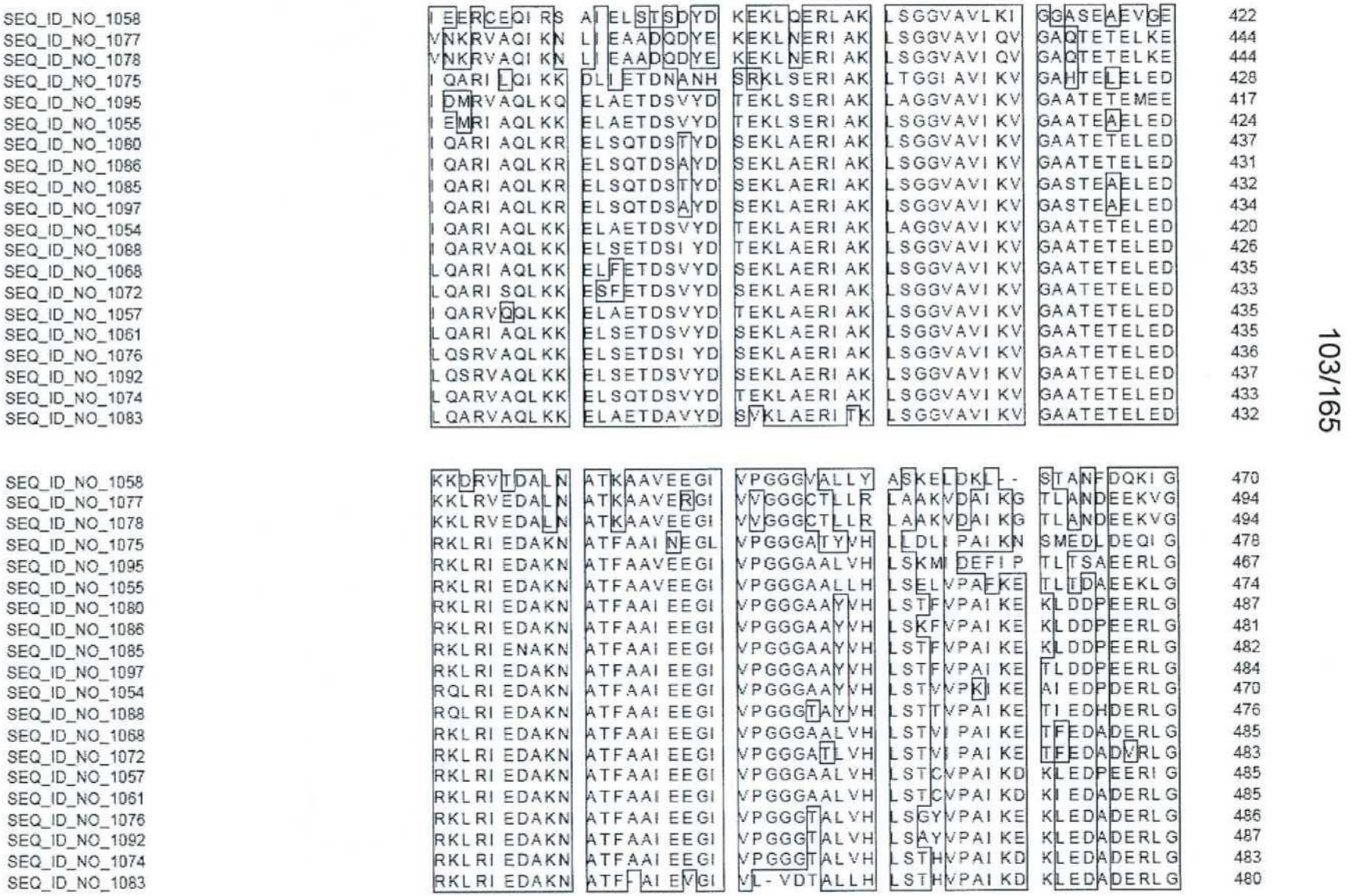


FIG. 34 (CONTINUAÇÃO)

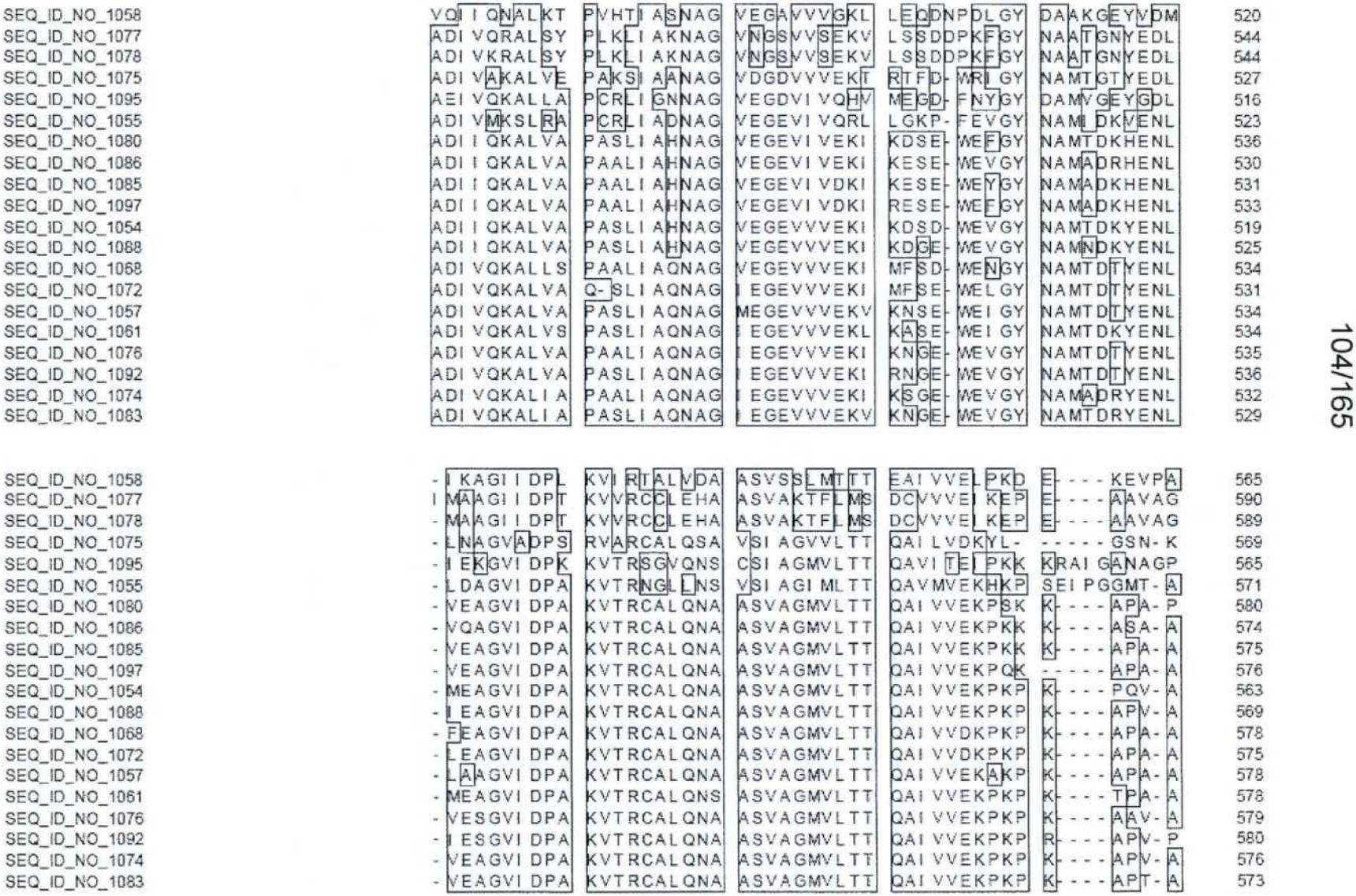


FIG. 34 (CONTINUAÇÃO)

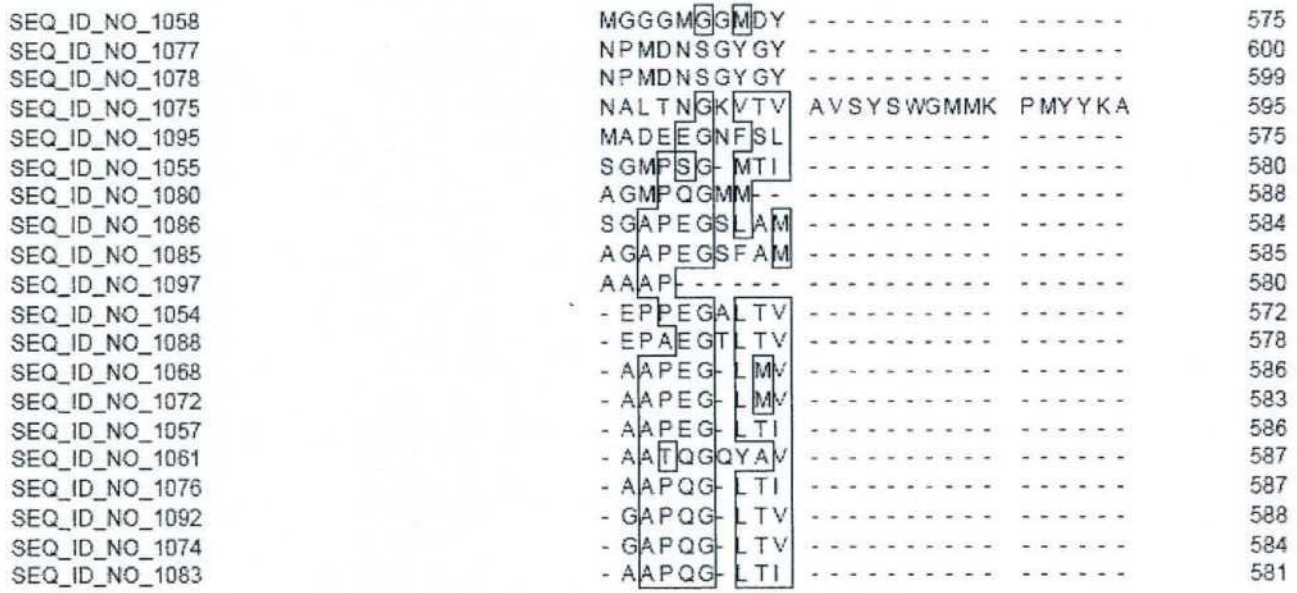


FIG. 35

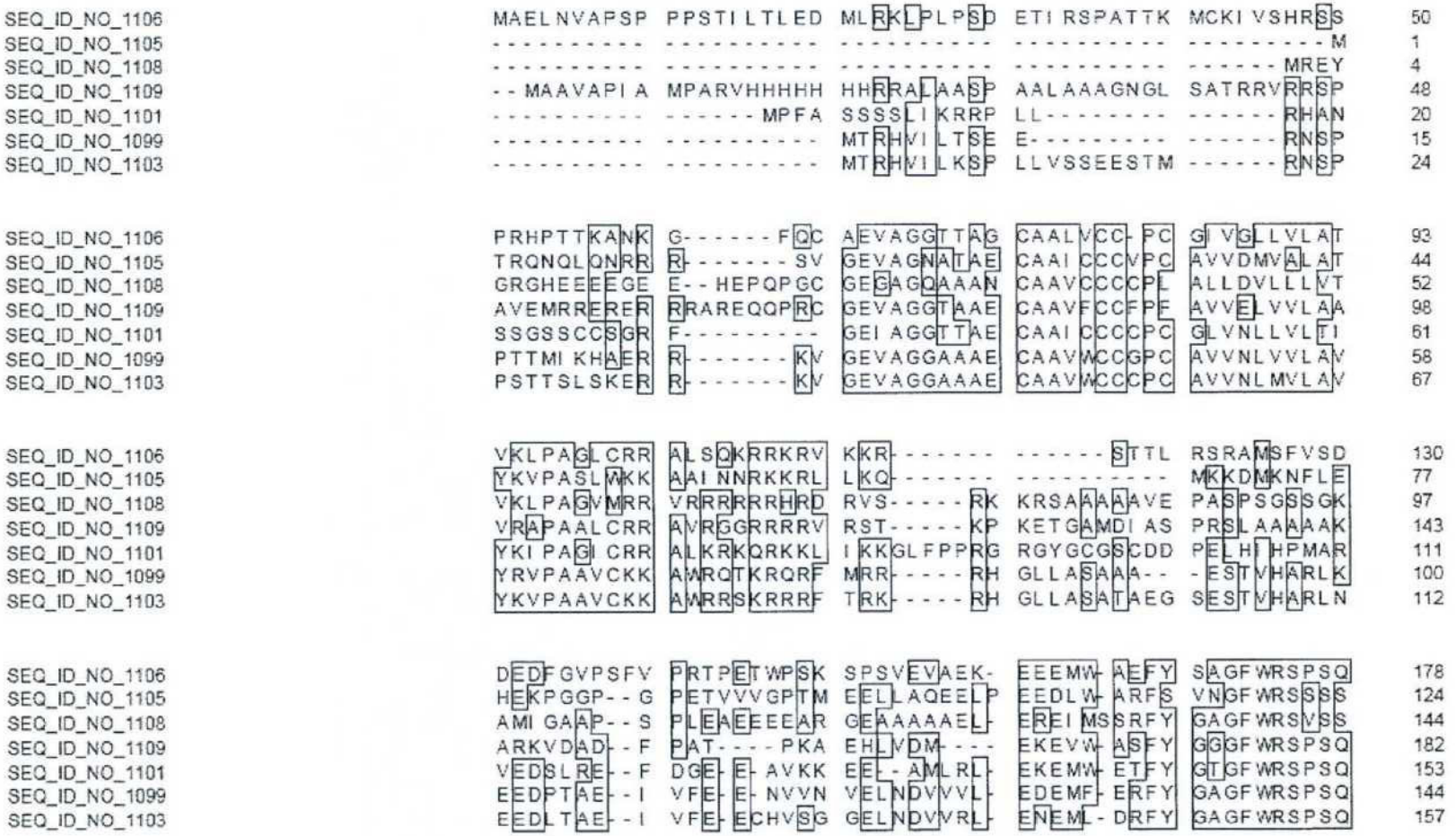

SEQ_ID_NO_1106 MAELNVAPSP PPSTILTLED MLRKLPLPSD ETIRSPATTK MCKIVSHRSS 50
SEQ_ID_NO_1105 ---------- ---------- ---------- ---------- ---------M 1
SEQ_ID_NO_1108 ---------- ---------- ---------- ---------- ------MREY 4
SEQ_ID_NO_1109 --MAAVAPIA MPARVHHHHH HHRRALAASP AALAAAGNGL SATRRVRRSP 48
SEQ_ID_NO_1101 ---------- ------MPFA SSSSLIKRRP LL-------- ------RHAN 20
SEQ_ID_NO_1099 ---------- ---------- MTRHVILTSE E--------- ------RNSP 15
SEQ_ID_NO_1103 ---------- ---------- MTRHVILKSP LLVSSEESTM ------RNSP 24
SEQ_ID_NO_1106 PRHPTTKANK G------FQC AEVAGGTTAG CAALVCC-PC GIVGLLVLAT 93
SEQ_ID_NO_1105 TRQNQLQNRR R-------SV GEVAGNATAE CAAICCCVPC AVVDMVALAT 44
SEQ_ID_NO_1108 GRGHEEEEGE E--HEPQPGC GEGAGQAAAN CAAVCCCCPL ALLDVLLLVT 52
SEQ_ID_NO_1109 AVEMRRERER RRAREQQPRC GEVAGGTAAE CAAVFCCFPF AVVELVVLAA 98
SEQ_ID_NO_1101 SSGSSCCSGR F--------- GEIAGGTTAE CAAICCCCPC GLVNLLVLTI 61
SEQ_ID_NO_1099 PTTMIKHAER R-------KV GEVAGGAAAE CAAVWCCGPC AVVNLVVLAV 58
SEQ_ID_NO_1103 PSTTSLSKER R-------KV GEVAGGAAAE CAAVWCCCPC AVVNLMVLAV 67
SEQ_ID_NO_1106 VKLPAGLCRR ALSQKRRKRV KKR------- -------STTL RSRAMSFVSD 130
SEQ_ID_NO_1105 YKVPASLWKK AAINNRKKRL LKQ------- ---------- MKKDMKNFLE 77
SEQ_ID_NO_1108 VKLPAGVMRR VRRRRRRRHRD RVS-----RK KRSAAAAAAVE PASPSGSSGK 97
SEQ_ID_NO_1109 VRAPAALCRR AVRGGRRRRV RST-----KP KETGAMDIAS PRSLAAAAAK 143
SEQ_ID_NO_1101 YKIPAGICRR ALKRKQRKKL IKKGLFPPRG RGYGCGSCDD PELHIHPMAR 111
SEQ_ID_NO_1099 YRVPAAVCKK AWRQTKRQRF MRR-----RH GLLASAAA-- -ESTVHARLK 100
SEQ_ID_NO_1103 YKVPAAVCKK AWRRSKRRRF TRK-----RH GLLASATAEG SESTVHARLN 112
SEQ_ID_NO_1106 DEDFGVPSFV PRTPETWPSK SPSVEVAEK- EEEMW-AEFY SAGFWRSPSQ 178
SEQ_ID_NO_1105 HEKPGGP--G PETVVVGPTM EELLAQEELP EEDLW-ARFS VNGFWRSSSS 124
SEQ_ID_NO_1108 AMIGAAP--S PLEAEEEEAR GEAAAAAAEL- EREIMSSRFY GAGFWRSVSS 144
SEQ_ID_NO_1109 ARKVDAD--F PAT----PKA EHLVDM---- EKEVW-ASFY GGGFWRSPSQ 182
SEQ_ID_NO_1101 VEDSLRE--F DGE-E-AVKK EEL-AMLRL- EKEMW-ETFY GTGFWRSPSQ 153
SEQ_ID_NO_1099 EEDPTAE--I VFE-E-NVVN VELNDVVVL- EDEMF-ERFY GAGFWRSPSQ 144
SEQ_ID_NO_1103 EEDLTAE--I VFE-ECHVSG GELNDVVRL- ENEML-DRFY GAGFWRSPSQ 157

FIG. 35 (CONTINUAÇÃO)

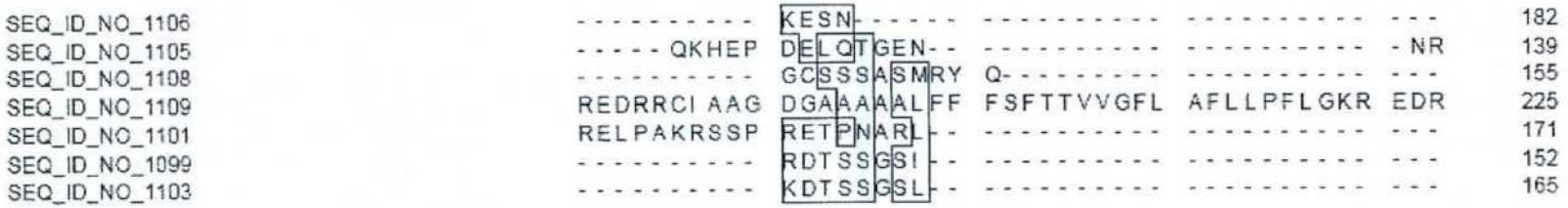


FIG. 36


SEQ_ID_NO_1112
SEQ_ID_NO_1113
SEQ_ID_NO_1114
MAQNKMIVMV LLLSTFLVVA RSLWVPEEPS NADD-IRGAC IEECTKE-NK 48
MAQNKTIAVA LLLATLVAV- ----MGKEPE TLEETLRAGC KEECSEQKKK 45
MAQNKTIAVA LLLATLVAV- ----MGKEPE TLEEAVRAGC KEECSEQKKK 45
APGDKKTCEV LC-------- ---------- ---------- ---------T 61
API DEKQCED FCFIKTKSIF EAHKGVKDLK ADRFIDFCNN ECNAVYKEDP 95
API DEKQCED FCFIKTKSIF EAHKGVKDLK ADRFIDFCNN ECNAVYKEDP 95
KLTKKPSEEG KHDL------ ---------- ---- 74
ATSKKCAESC EADAKEAEVF LDKVVAYMQT MKQA 129
ATSKKCAESC EADAKEAEVF LDKVVAYIQT TKQA 129

FIG. 37

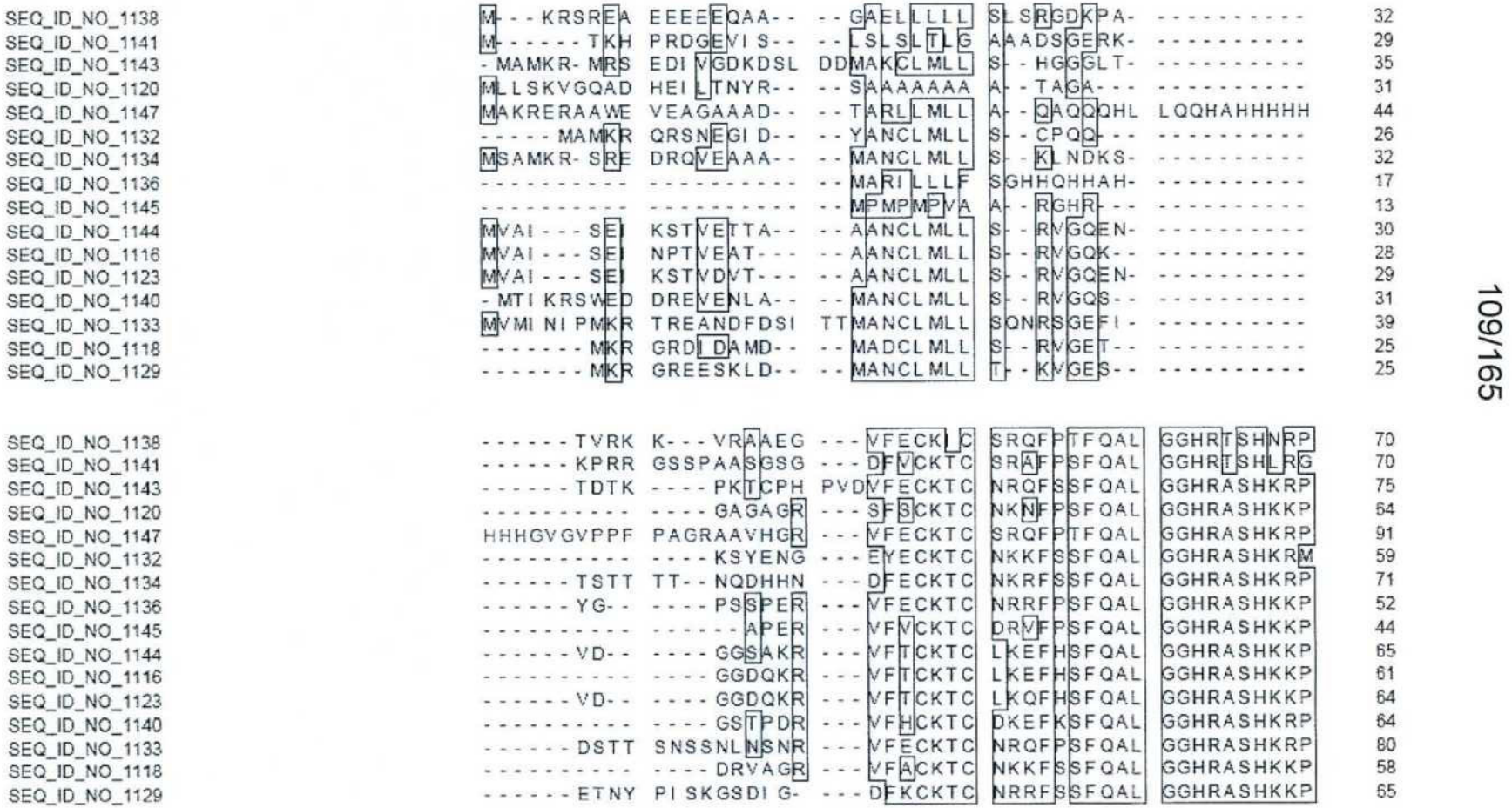

SEQ_ID_NO_1138
SEQ_ID_NO_1141
SEQ_ID_NO_1143
SEQ_ID_NO_1120
SEQ_ID_NO_1147
SEQ_ID_NO_1132
SEQ_ID_NO_1134
SEQ_ID_NO_1136
SEQ_ID_NO_1145
SEQ_ID_NO_1144
SEQ_ID_NO_1116
SEQ_ID_NO_1123
SEQ_ID_NO_1140
SEQ_ID_NO_1133
SEQ_ID_NO_1118
SEQ_ID_NO_1129

FIG. 37 (CONTINUAÇÃO)

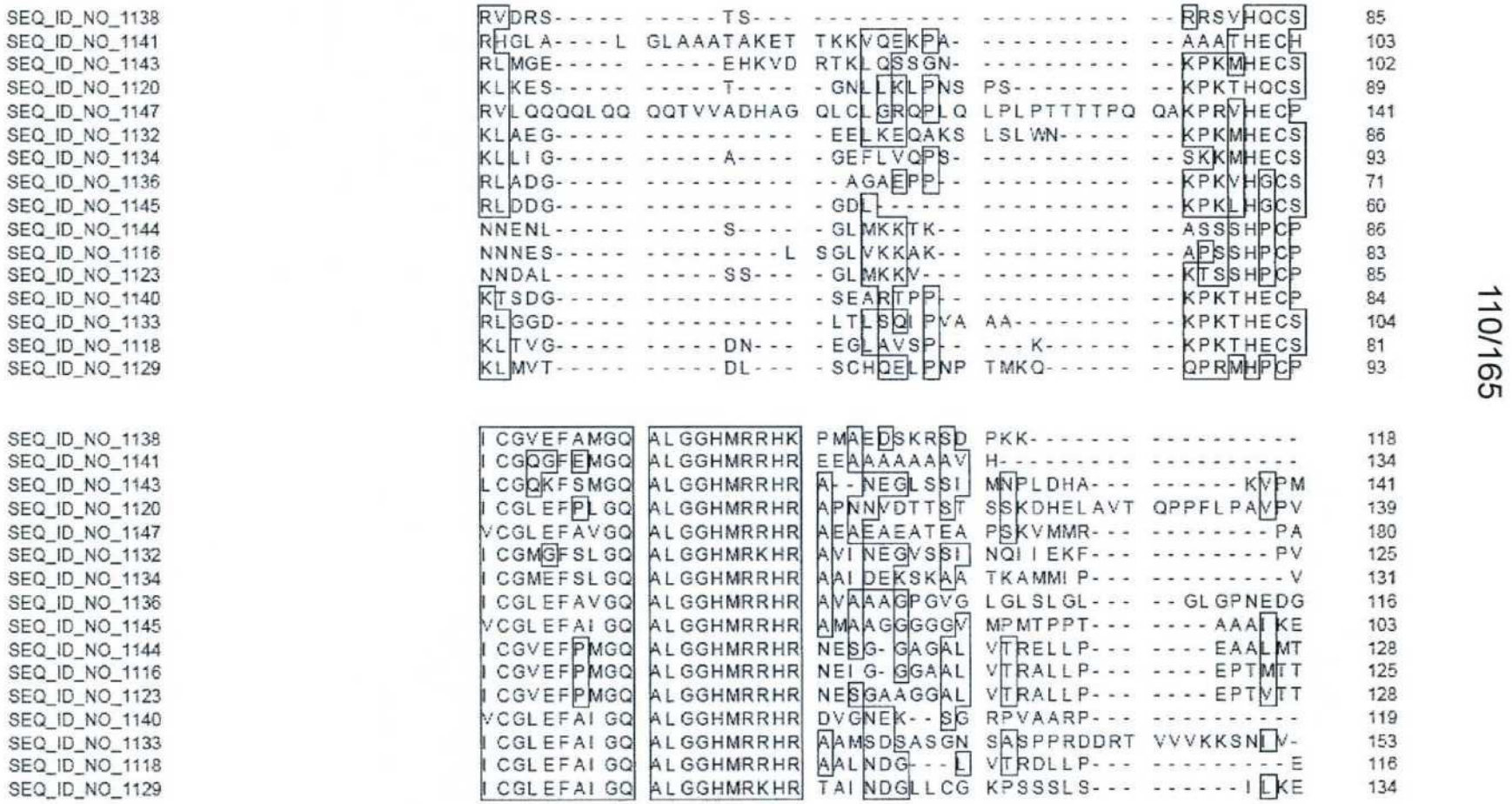


FIG. 37 (CONTINUAÇÃO)

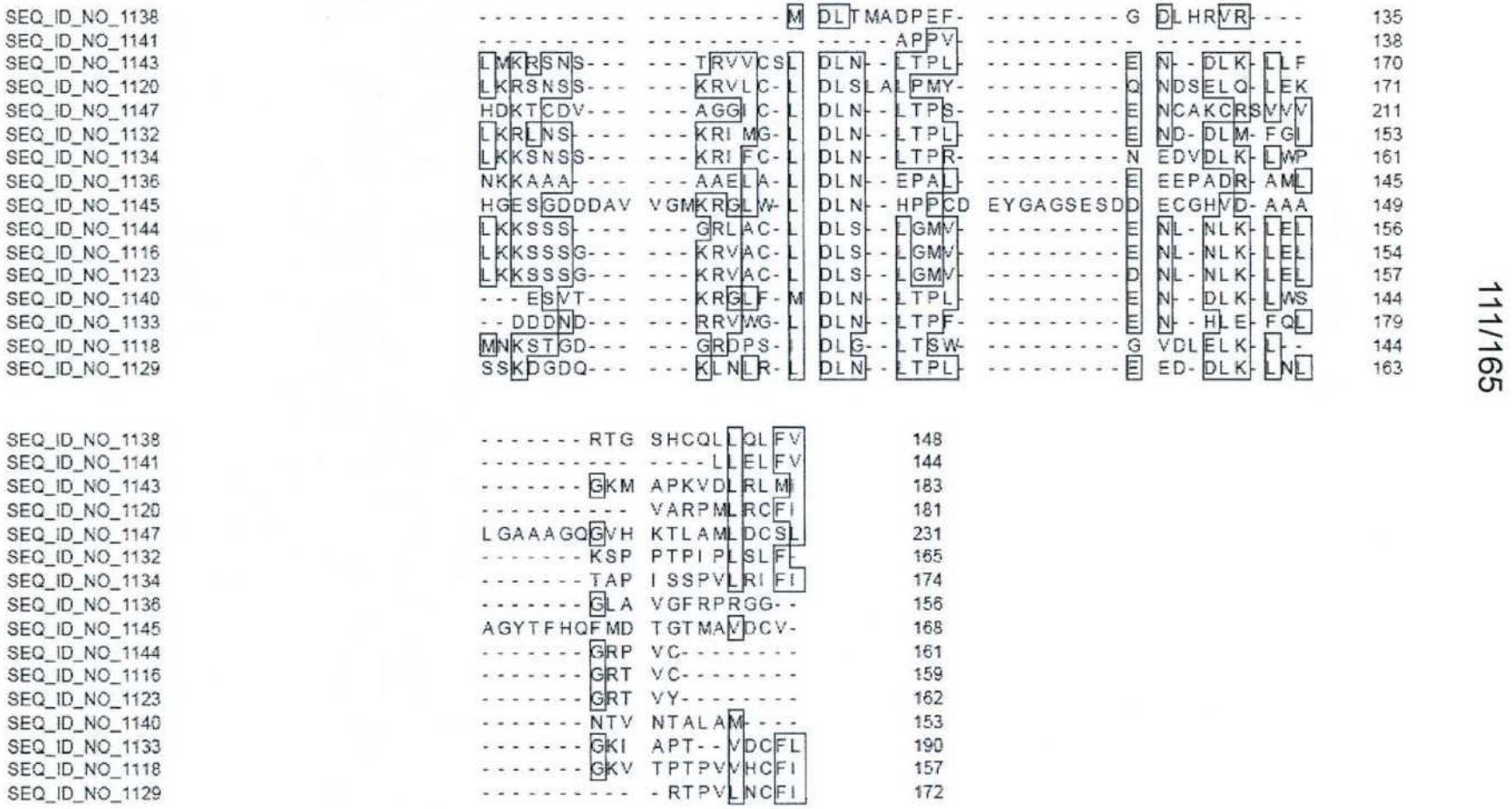


FIG. 38

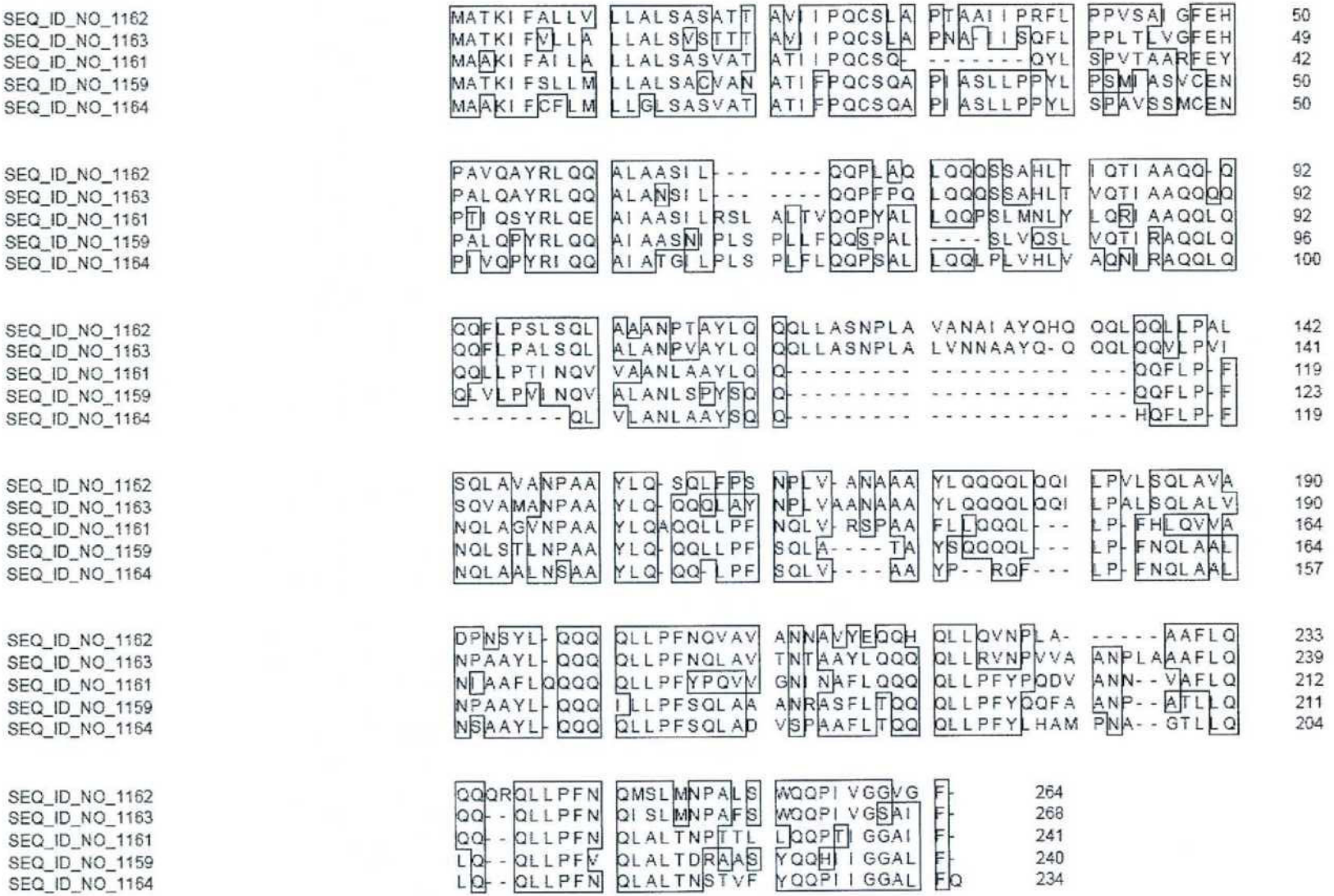
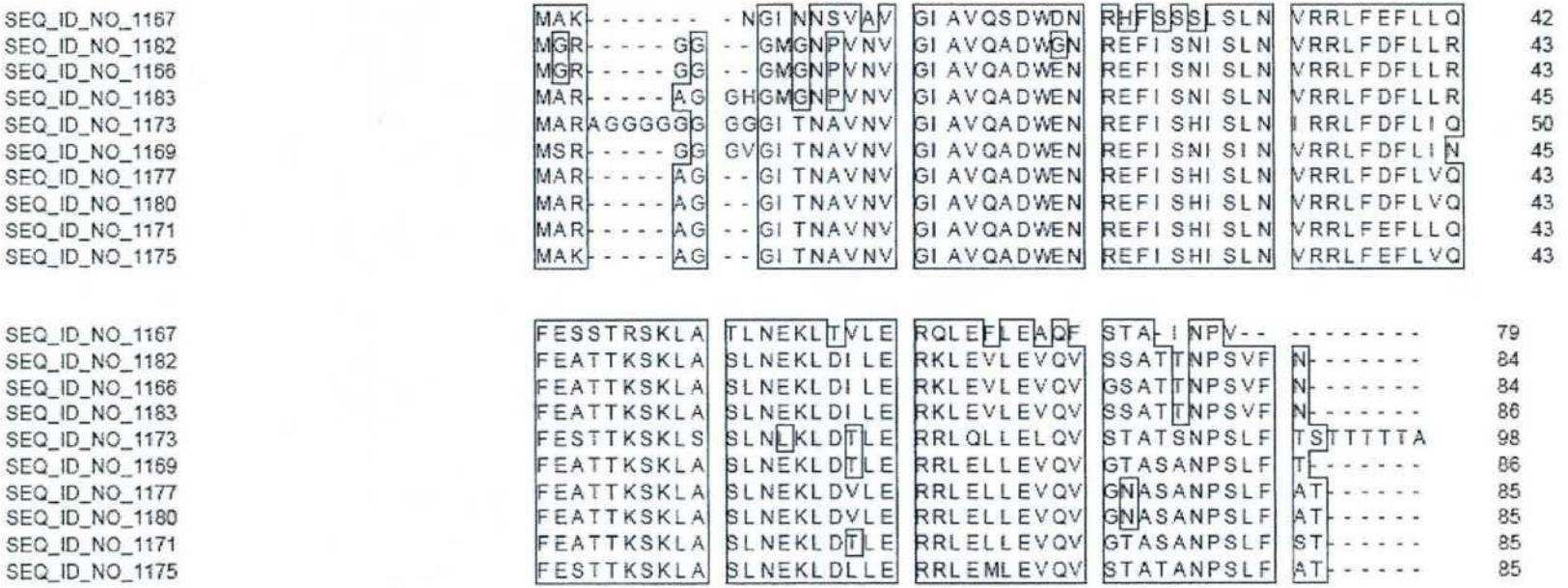

SEQ_ID_NO_1162
SEQ_ID_NO_1163
SEQ_ID_NO_1161
SEQ_ID_NO_1159
SEQ_ID_NO_1164
MATKIFALLVLLALSASATTAVIIPQCSLAPTAAIIPRFLPPVSAIGFEH 50
MATKIFVLLALLALSVSTTTAVIIPQCSLAPNAIIISQFLPPLTLVGFEH 49
MAAKIFAILALLALSASVATATIIPQCSQ-------QYLSPVTAARFEY 42
MATKIFSLLMLLALSACVANATIFPQCSQAPIASLLPPYLPSMIASVCEN 50
MAAKIFCFLMLLGLSASVATATIFPQCSQAPIASLLPPYLSPAVSSMCEN 50
SEQ_ID_NO_1162
SEQ_ID_NO_1163
SEQ_ID_NO_1161
SEQ_ID_NO_1159
SEQ_ID_NO_1164
PAVQAYRLQQALAASIL---QQPLAQLQQQSSAHLTIQTIAAQQ-Q 92
PALQAYRLQQALANSIL---QQPFPQLQQQSSAHLTVQTIAAQQQQQ 92
PTIQSYRLQEAIAASILRSLALTVQQPYALLQQPSLMNLYLQRIAAQQLQ 92
PALQPYRLQQAIAASNIPLSPLLFQQSPAL----SLVQSLVQTIRAQQLQ 96
PIVQPYRIQQAIATGILPLSPLFLQQPSALLQQLPLVHLVAQNIRAQQLQ 100
SEQ_ID_NO_1162
SEQ_ID_NO_1163
SEQ_ID_NO_1161
SEQ_ID_NO_1159
SEQ_ID_NO_1164
QQFLPSLSQLAAANPTAYLQQQLLASNPLAVANAIAYQHQQQLQQLLPAL 142
QQFLPALSQLALANPVAYLQQQLLASNPLALVNNAAYQ-QQQLQQVLPVI 141
QQLLPTINQVVAANLAAYLQQ---------------------QQFLP-F 119
QLVLPVINQVALANLSPYSQQ---------------------QQFLP-F 123
--------QLVLANLAAYSQQ---------------------HQFLP-F 119
SEQ_ID_NO_1162
SEQ_ID_NO_1163
SEQ_ID_NO_1161
SEQ_ID_NO_1159
SEQ_ID_NO_1164
SQLAVANPAAYLQ-SQLFPSNPLV-ANAAAYLQQQQLQQILPVLSQLAVA 190
SQVAMANPAAYLQ-QQQLAYNPLVAANAAAYLQQQQLQQILPALSQLALV 190
NQLAGVNPAAYLQAQQLLPFNQLV-RSPAAFLLQQQL---LP-FHLQVVA 164
NQLSTLNPAAYLQ-QQLLPFSQLA----TAYSQQQQL---LP-FNQLAAL 164
NQLAALNSAAYLQ-QQ-LPFSQLV---AAYP--RQF---LP-FNQLAAL 157
SEQ_ID_NO_1162
SEQ_ID_NO_1163
SEQ_ID_NO_1161
SEQ_ID_NO_1159
SEQ_ID_NO_1164
DPNSYL-QQQQLLPFNQVAVANNAVYEQQHQLLQVNPLA-----AAFLQ 233
NPAAYL-QQQQLLPFNQLAVTNTAAYLQQQQLLRVNPVVAANPLAAAFLQ 239
NIAAFLQQQQQLLPFYPQVVGNINAFLQQQQLLPFYPQDVANN--VAFLQ 212
NPAAYL-QQQQLLPFSQLAAANRASFLTQQQLLPFYQQFAANP--ATLLQ 211
NSAAYL-QQQQLLPFSQLADVSPAAFLTQQQLLPFYLHAMPNA--GTLLQ 204
SEQ_ID_NO_1162
SEQ_ID_NO_1163
SEQ_ID_NO_1161
SEQ_ID_NO_1159
SEQ_ID_NO_1164
QQQRQLLPFNQMSLMNPALSWQQPIVGGVGF- 264
QQ--QLLPFNQISLMNPAFSWQQPIVGSAIF- 268
QQ--QLLPFNQLALTNPTTLLQQPTIGGAIF- 241
LQ--QLLPFVQLALTDRAASYQQHIIGGALF- 240
LQ--QLLPFNQLALTNSTVFYQQPIIGGALFQ 234

FIG. 39


SEQ_ID_NO_1167 MAK------- -NGINNSVAV GIAVQSDWDN RHFSSSLSLN VRRLFEFLLQ 42
SEQ_ID_NO_1182 MGR-----GG --GMGNPVNV GIAVQADWGN REFISNISLN VRRLFDFLLR 43
SEQ_ID_NO_1166 MGR-----GG --GMGNPVNV GIAVQADWEN REFISNISLN VRRLFDFLLR 43
SEQ_ID_NO_1183 MAR-----AG GHGMGNPVNV GIAVQADWEN REFISNISLN VRRLFDFLLR 45
SEQ_ID_NO_1173 MARAGGGGGG GGGITNAVNV GIAVQADWEN REFISHISLN IRRLFDFLIQ 50
SEQ_ID_NO_1169 MSR-----GG GVGITNAVNV GIAVQADWEN REFISNISIN VRRLFDFLIN 45
SEQ_ID_NO_1177 MAR-----AG --GITNAVNV GIAVQADWEN REFISHISLN VRRLFDFLVQ 43
SEQ_ID_NO_1180 MAR-----AG --GITNAVNV GIAVQADWEN REFISHISLN VRRLFDFLVQ 43
SEQ_ID_NO_1171 MAR-----AG --GITNAVNV GIAVQADWEN REFISHISLN VRRLFEFLLQ 43
SEQ_ID_NO_1175 MAK-----AG --GITNAVNV GIAVQADWEN REFISHISLN VRRLFEFLVQ 43

SEQ_ID_NO_1167 FESSTRSKLA TLNEKLTVLE RQLEELEADF STALINPV-- -------- 79
SEQ_ID_NO_1182 FEATTKSKLA SLNEKLDILE RKLEVLEVQV SSATTNPSVF N------- 84
SEQ_ID_NO_1166 FEATTKSKLA SLNEKLDILE RKLEVLEVQV GSATTNPSVF N------- 84
SEQ_ID_NO_1183 FEATTKSKLA SLNEKLDILE RKLEVLEVQV SSATTNPSVF N------- 86
SEQ_ID_NO_1173 FESTTKSKLS SLNLKLDTLE RRLQLLELQV STATSNPSLF TSTTTTTA 98
SEQ_ID_NO_1169 FEATTKSKLA SLNEKLDTLE RRLELLEVQV GTASANPSLF T------- 86
SEQ_ID_NO_1177 FEATTKSKLA SLNEKLDVLE RRLELLEVQV GNASANPSLF AT------ 85
SEQ_ID_NO_1180 FEATTKSKLA SLNEKLDVLE RRLELLEVQV GNASANPSLF AT------ 85
SEQ_ID_NO_1171 FEATTKSKLA SLNEKLDTLE RRLELLEVQV GTASANPSLF ST------ 85
SEQ_ID_NO_1175 FESTTKSKLA SLNEKLDLLE RRLEMLEVQV STATANPSLF AT------ 85

FIG. 40


SEQ_ID_NO_1187
SEQ_ID_NO_1185
SEQ_ID_NO_1189
SEQ_ID_NO_1190
SEQ_ID_NO_1191
MFSWILRGCR DECSATDQLK Q--------- ---------A RDVFVAKEAV 32
MFAWILRGCR DECSASDQLK Q--------- ---------A HDVFKAKEVV 32
MFSWILRGCR DECSASDQLK Q--------- ---------A RDVFMAKEAV 32
MFAWLLRGCR DECSASDQLK QGVVKEKNRC WFWGAFSVNA RDVFVAKEAV 50
MFAWLLRGCR DECSASDQLK Q--------- ---------A RDVFVAKEAV 32
SEQ_ID_NO_1187
SEQ_ID_NO_1185
SEQ_ID_NO_1189
SEQ_ID_NO_1190
SEQ_ID_NO_1191
LQKKISQEME RAKEFKKSGN KQAAMQCLKR KRYYESQMNQ VGSVRLRIDT 82
LQKKISQEVE RAKEFTKSGN KQAAMQCLKR KRYYESQMNQ VGSVQLRINT 82
LQKKISQEME RAKEFTKSGN KQAAMQCLKR KKYYESQMSQ VGSVQLRINT 82
LQKKISQEME RAKEFTKSGN KQAAMQCLKR KKYYESQMNQ VGSVQLRINT 100
LQKKISQEME RAKEFTKSGN KQAAMQCLKR KKYYESQMNQ VGSVQLRINT 82
SEQ_ID_NO_1187
SEQ_ID_NO_1185
SEQ_ID_NO_1189
SEQ_ID_NO_1190
SEQ_ID_NO_1191
KEKMIADNMV N---K 94
KERMIADHTG N---K 94
KEKMIADHMG N---K 94
KEKMIADHSG NKEDK 115
KEKMIADHSG NKEDK 97

FIG. 41

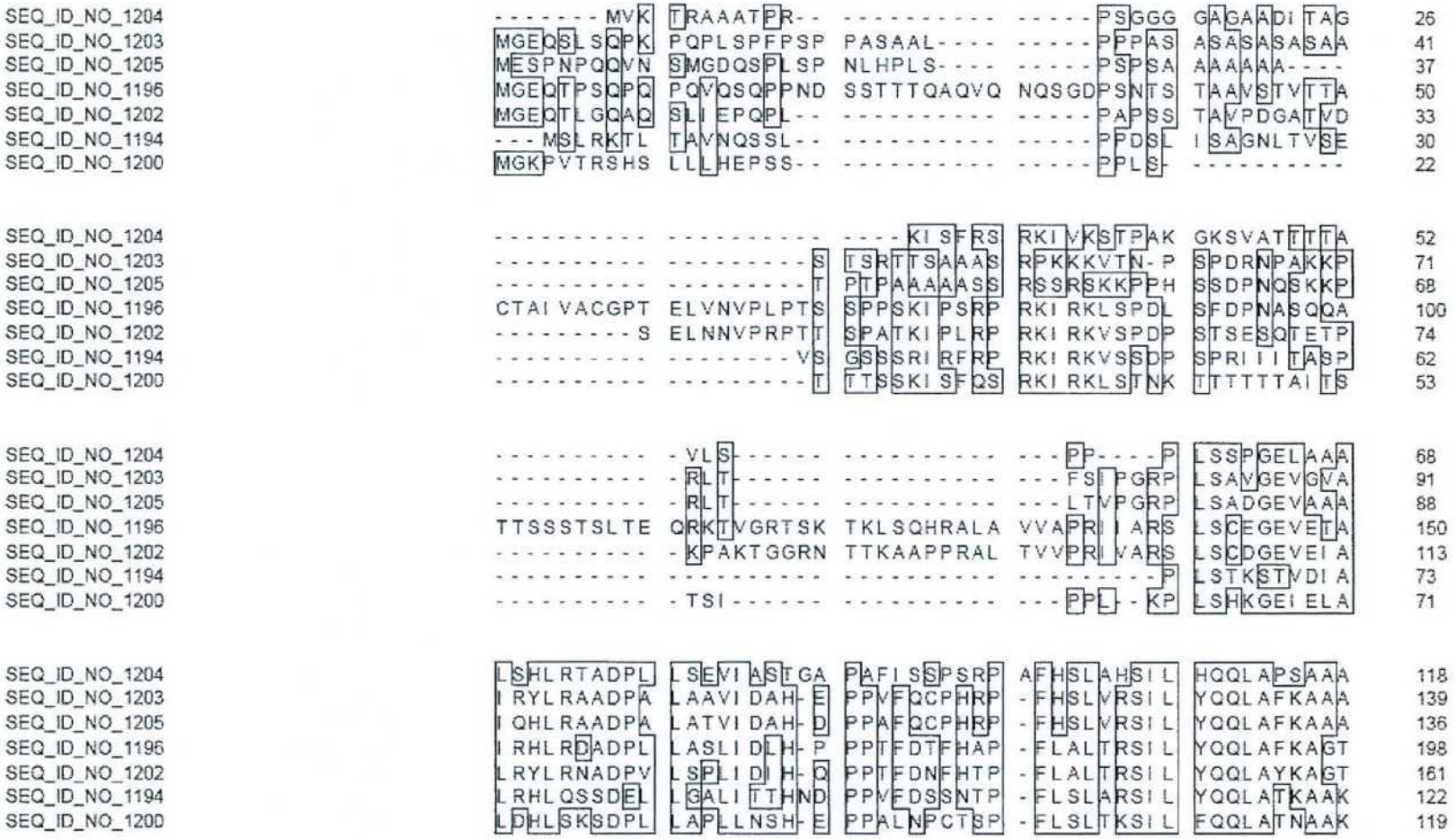

SEQ_ID_NO_1204
SEQ_ID_NO_1203
SEQ_ID_NO_1205
SEQ_ID_NO_1196
SEQ_ID_NO_1202
SEQ_ID_NO_1194
SEQ_ID_NO_1200

FIG. 41 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 41 (CONTINUAÇÃO)

SEQ_ID_NO_1204	---------- ---------	289
SEQ_ID_NO_1203	IDPLQMLPGM G-------	335
SEQ_ID_NO_1205	IDPLQMLPGM G-------	334
SEQ_ID_NO_1196	MDPINSILNL G-ACAWGQ	395
SEQ_ID_NO_1202	LDPINSMFNL GAACAWGQ	374
SEQ_ID_NO_1194	---------- ---------	273
SEQ_ID_NO_1200	---------- ---------	276

FIG. 42

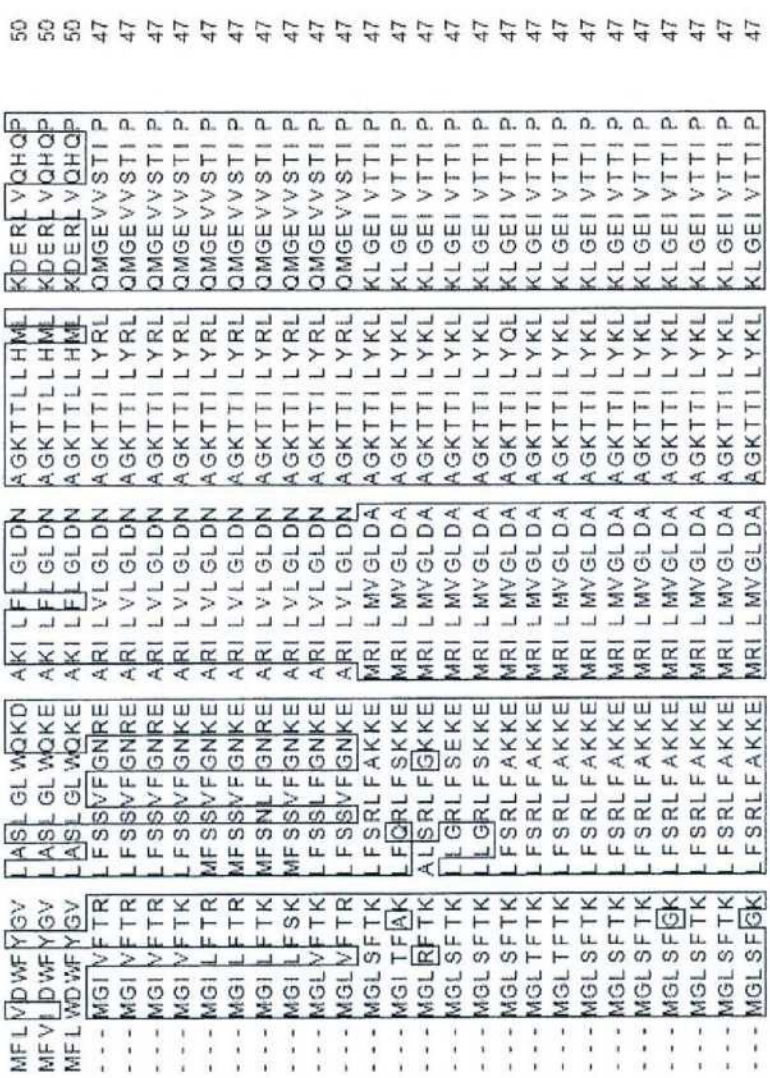

SEQ_ID_NO_1241 MFLVDWFYGV LASLGLWQKD AKILFLGLDN AGKTTLLHML KDERLVQHQP 50
SEQ_ID_NO_1229 MFVLDWFYGV LASLGLWQKE AKILFLGLDN AGKTTLLHML KDERLVQHQP 50
SEQ_ID_NO_1249 MFLWDWFYGV LASLGLWQKE AKILFLGLDN AGKTTLLHML KDERLVQHQP 50
SEQ_ID_NO_1264 ---MGIVFTR LFSSVFGNRE ARLVLGLDN AGKTTILYRL QMGEVVSTIP 47
SEQ_ID_NO_1251 ---MGIVFTR LFSSVFGNRE ARLVLGLDN AGKTTILYRL QMGEVVSTIP 47
SEQ_ID_NO_1265 ---MGIVFTR LFSSVFGNRE ARLVLGLDN AGKTTILYRL QMGEVVSTIP 47
SEQ_ID_NO_1253 ---MGILFTK LFSSVFGNKE ARLVLGLDN AGKTTILYRL QMGEVVSTIP 47
SEQ_ID_NO_1210 ---MGILFTR MFSSVFGNKE ARLVLGLDN AGKTTILYRL QMGEVVSTIP 47
SEQ_ID_NO_1267 ---MGILFTR MFSSVFGNKE ARLVLGLDN AGKTTILYRL QMGEVVSTIP 47
SEQ_ID_NO_1213 ---MGILFTK MFSNLFGNRE ARLVLGLDN AGKTTILYRL QMGEVVSTIP 47
SEQ_ID_NO_1218 ---MGILFSK MFSSVFGNKE ARLVLGLDN AGKTTILYRL QMGEVVSTIP 47
SEQ_ID_NO_1232 ---MGLVFTK LFSSLFGNKE ARLVLGLDN AGKTTILYRL QMGEVVSTIP 47
SEQ_ID_NO_1234 ---MGLVFTR LFSSVFGNKE ARLVLGLDN AGKTTILYRL QMGEVVSTIP 47
SEQ_ID_NO_1272 ---MGLSFTK LFSRLFAKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1268 ---MGITFAK LFQRLFSKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1211 ---MGLRFTK ALSRLFGKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1216 ---MGLSFTK LLGRLFSEKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1269 ---MGLSFTK LLGRLFSKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1239 ---MGLSFTK LFSRLFAKKE MRLMVGLDA AGKTTILYQL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1259 ---MGLTFTK LFSRLFAKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1233 ---MGLTFTK LFSRLFAKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1235 ---MGLSFTK LFSRLFAKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1243 ---MGLSFTK LFSRLFAKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1270 ---MGLSFTK LFSRLFAKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1242 ---MGLSFGK LFSRLFAKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1238 ---MGLSFTK LFSRLFAKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1236 ---MGLSFTK LFSRLFAKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47
SEQ_ID_NO_1240 ---MGLSFGK LFSRLFAKKE MRLMVGLDA AGKTTILYKL KLGEIVTTIP 47

FIG. 42 (CONTINUAÇÃO)

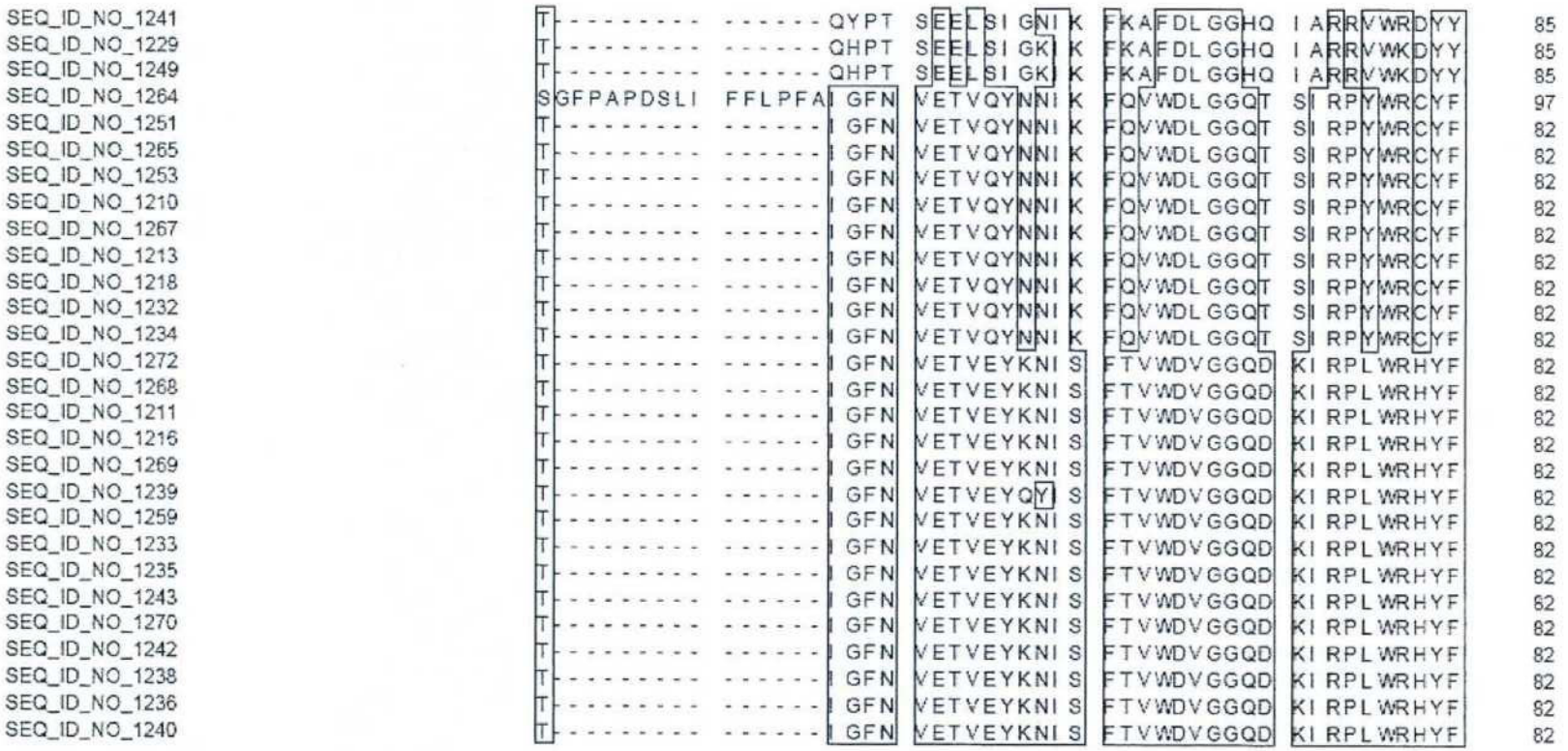


FIG. 42 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 42 (CONTINUAÇÃO)

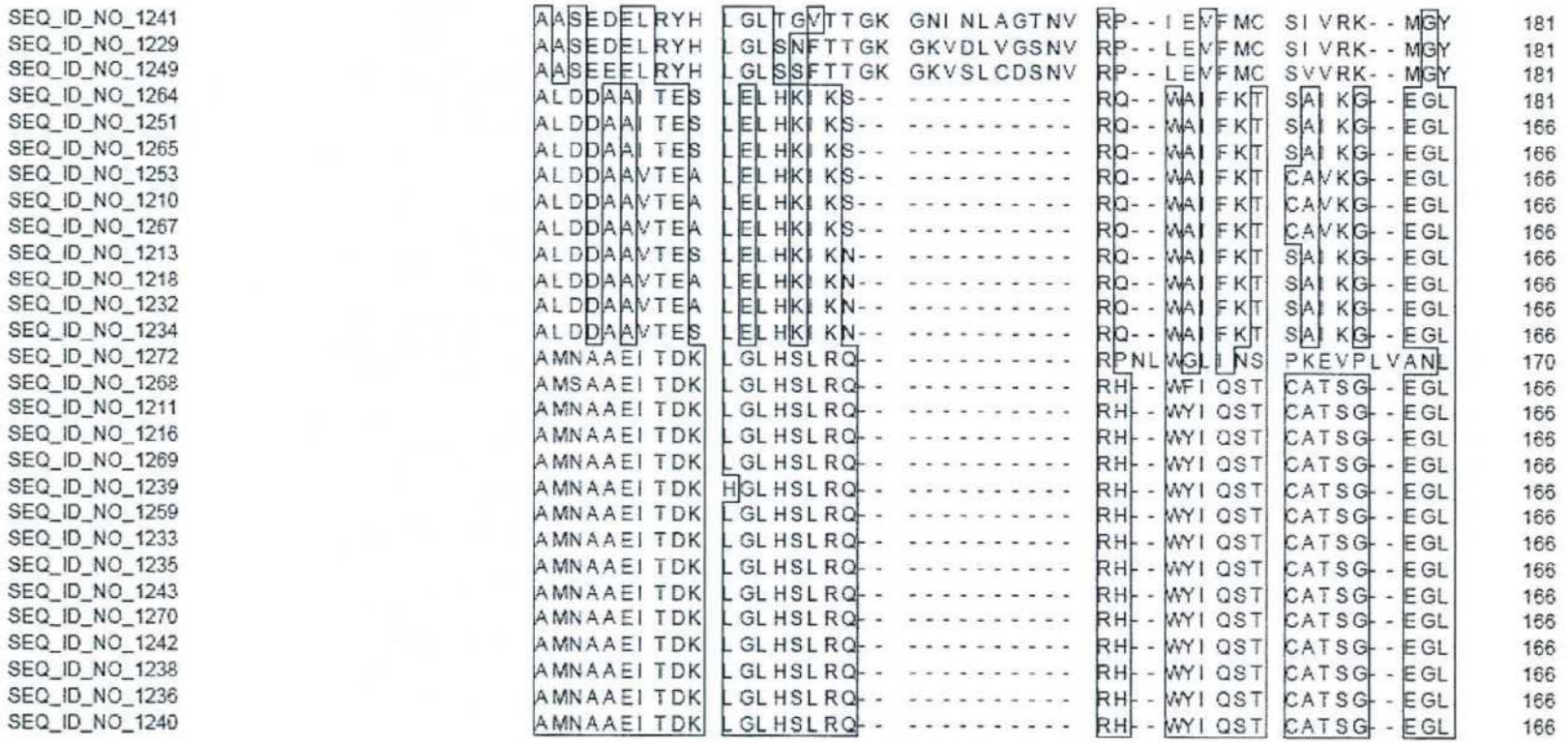


FIG. 42 (CONTINUAÇÃO)

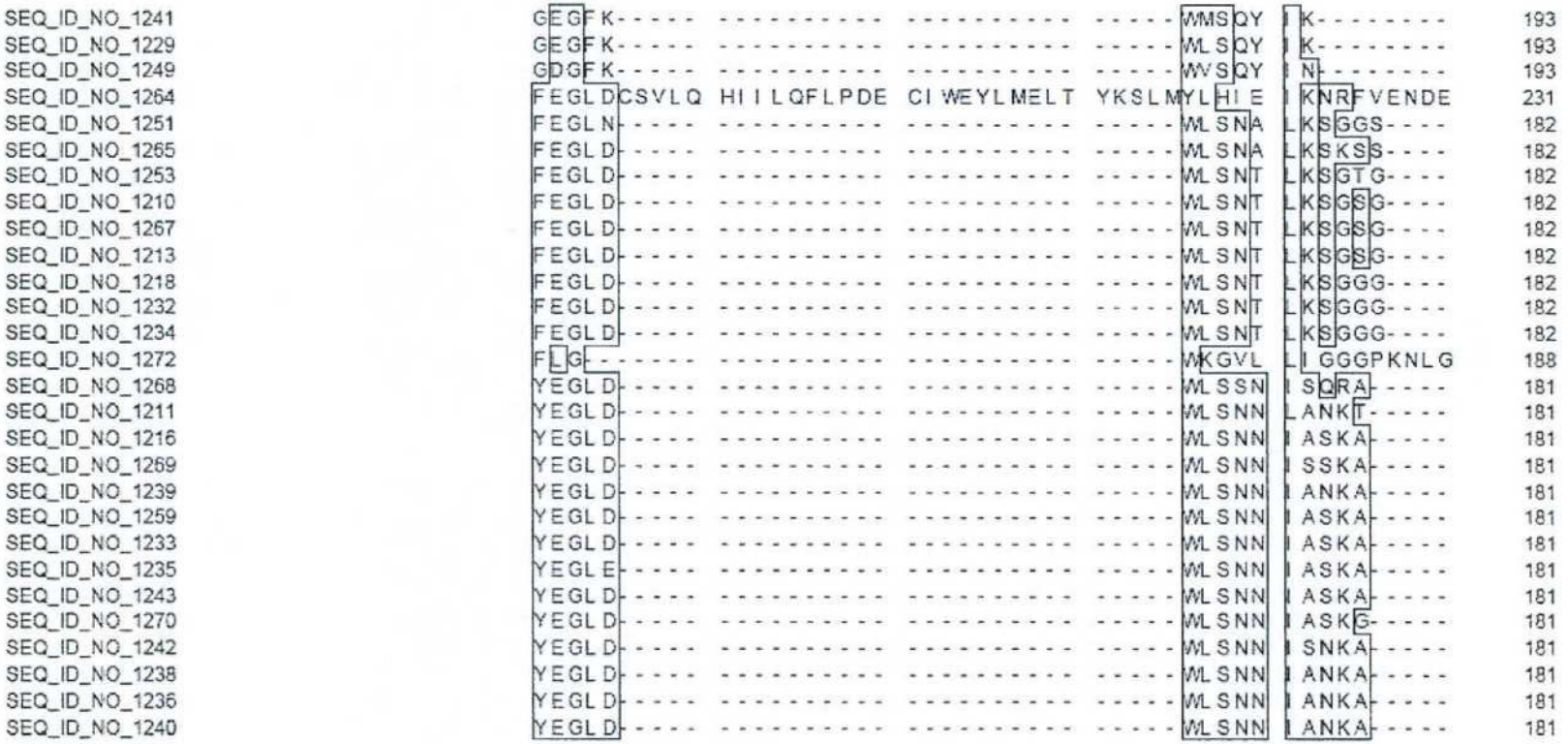


FIG. 42 (CONTINUAÇÃO)

SEQ_ID_NO_1241	---------- ---	193
SEQ_ID_NO_1229	---------- ---	193
SEQ_ID_NO_1249	---------- ---	193
SEQ_ID_NO_1264	QTVRTLGHWW LYP	244
SEQ_ID_NO_1251	---------- ---	182
SEQ_ID_NO_1265	---------- ---	182
SEQ_ID_NO_1253	---------- ---	182
SEQ_ID_NO_1210	---------- ---	182
SEQ_ID_NO_1267	---------- ---	182
SEQ_ID_NO_1213	---------- ---	182
SEQ_ID_NO_1218	---------- ---	182
SEQ_ID_NO_1232	---------- ---	182
SEQ_ID_NO_1234	---------- ---	182
SEQ_ID_NO_1272	LLSPKPK--- ---	195
SEQ_ID_NO_1268	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1211	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1216	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1269	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1239	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1259	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1233	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1235	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1243	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1270	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1242	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1238	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1236	---------- ---	181
SEQ_ID_NO_1240	---------- ---	181

FIG. 43

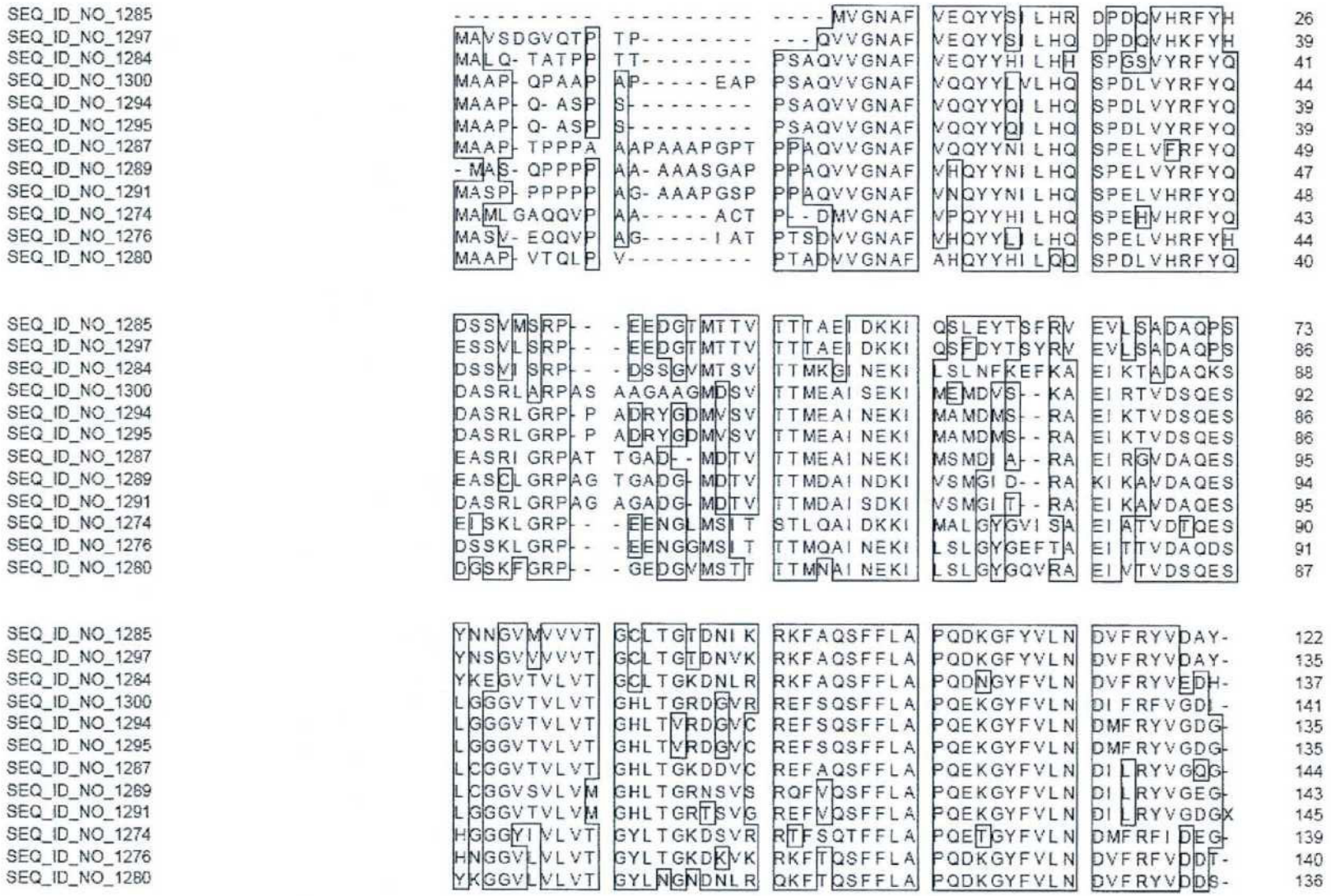

SEQ_ID_NO_1285
SEQ_ID_NO_1297
SEQ_ID_NO_1284
SEQ_ID_NO_1300
SEQ_ID_NO_1294
SEQ_ID_NO_1295
SEQ_ID_NO_1287
SEQ_ID_NO_1289
SEQ_ID_NO_1291
SEQ_ID_NO_1274
SEQ_ID_NO_1276
SEQ_ID_NO_1280

FIG. 43 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 43 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 43 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 44

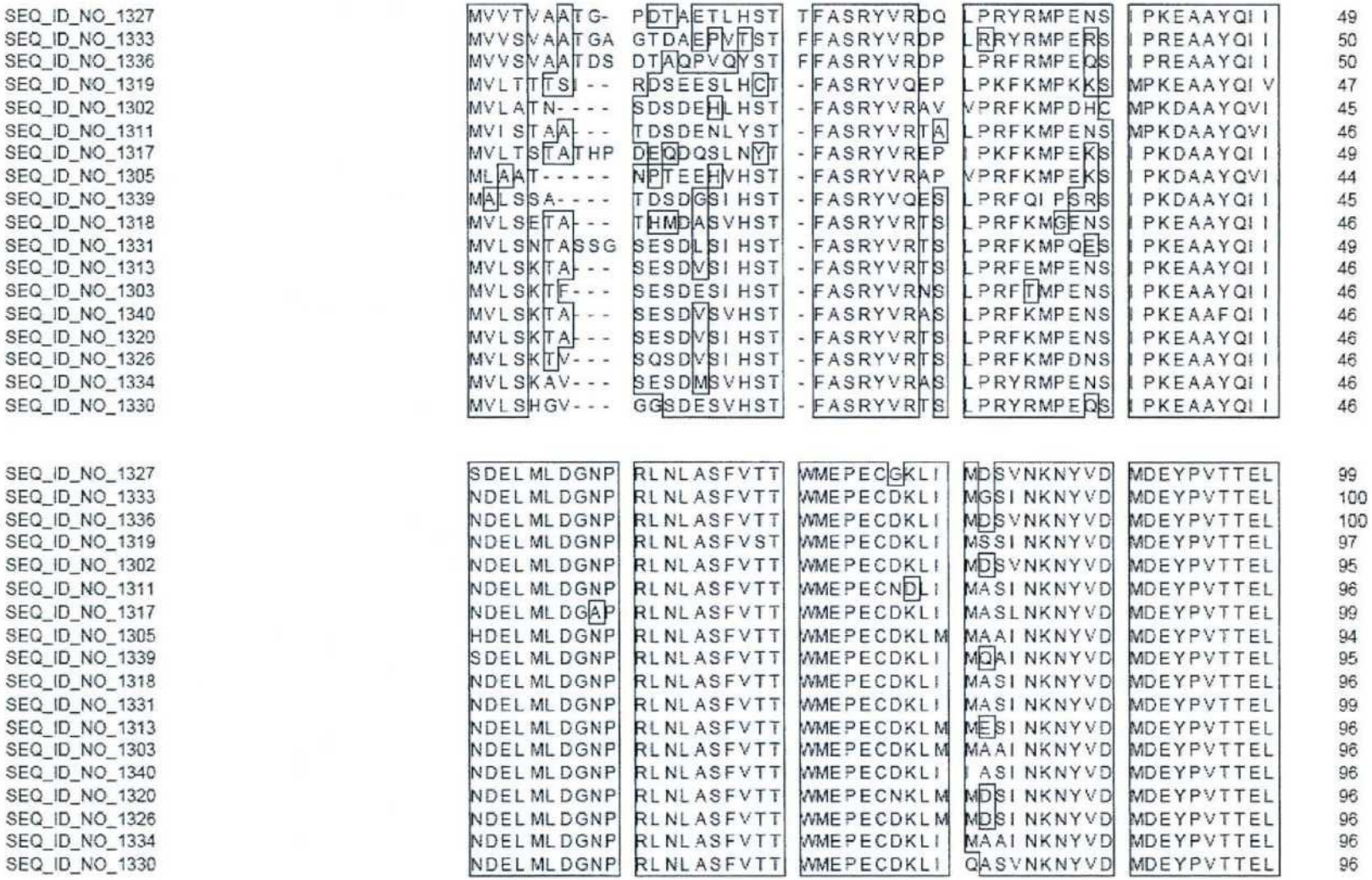

SEQ_ID_NO_1327 MVVTVAATG- PDTAETLHST TFASRYVRDQ LPRYRMPENS IPKEAAYQII 49
SEQ_ID_NO_1333 MVVSVAATGA GTDAEPVTST FFASRYVRDP LRRYRMPERS IPREAAYQII 50
SEQ_ID_NO_1336 MVVSVAATDS DTAQPVQYST FFASRYVRDP LPRFRMPEQS IPREAAYQII 50
SEQ_ID_NO_1319 MVLTTTSI-- RDSEESLHCT -FASRYVQEP LPKFKMPKKS MPKEAAYQIV 47
SEQ_ID_NO_1302 MVLATN---- SDSDEHLHST -FASRYVRAV VPRFKMPDHC MPKDAAYQVI 45
SEQ_ID_NO_1311 MVISTAA--- TDSDENLYST -FASRYVRTA LPRFKMPENS MPKDAAYQVI 46
SEQ_ID_NO_1317 MVLTSTATHP DEQDQSLNYT -FASRYVREP IPKFKMPEKS IPKDAAYQII 49
SEQ_ID_NO_1305 MLAATN---- NPTEEHVHST -FASRYVRAP VPRFKMPEKS IPKDAAYQVI 44
SEQ_ID_NO_1339 MALSSA---- TDSDGSIHST -FASRYVQES LPRFQIPSRS IPKDAAYQII 45
SEQ_ID_NO_1318 MVLSETA--- THMDASVHST -FASRYVRTS LPRFKMGENS IPKEAAYQII 46
SEQ_ID_NO_1331 MVLSNTASSG SESDLSIHST -FASRYVRTS LPRFKMPQES IPKEAAYQII 49
SEQ_ID_NO_1313 MVLSKTA--- SESDVSIHST -FASRYVRTS LPRFEMPENS IPKEAAYQII 46
SEQ_ID_NO_1303 MVLSKTF--- SESDESIHST -FASRYVRNS LPRFTMPENS IPKEAAYQII 46
SEQ_ID_NO_1340 MVLSKTA--- SESDVSVHST -FASRYVRAS LPRFKMPENS IPKEAAFQII 46
SEQ_ID_NO_1320 MVLSKTA--- SESDVSIHST -FASRYVRTS LPRFKMPENS IPKEAAYQII 46
SEQ_ID_NO_1326 MVLSKTV--- SQSDVSIHST -FASRYVRTS LPRFKMPDNS IPKEAAYQII 46
SEQ_ID_NO_1334 MVLSKAV--- SESDMSVHST -FASRYVRAS LPRYRMPENS IPKEAAYQII 46
SEQ_ID_NO_1330 MVLSHGV--- GGSDESVHST -FASRYVRTS LPRYRMPEQS IPKEAAYQII 46
SEQ_ID_NO_1327 SDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECGKLI MDSVNKNYVD MDEYPVTTEL 99
SEQ_ID_NO_1333 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLI MGSINKNYVD MDEYPVTTEL 100
SEQ_ID_NO_1336 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLI MDSVNKNYVD MDEYPVTTEL 100
SEQ_ID_NO_1319 NDELMLDGNP RLNLASFVST WMEPECDKLI MSSINKNYVD MDEYPVTTEL 97
SEQ_ID_NO_1302 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLI MDSVNKNYVD MDEYPVTTEL 95
SEQ_ID_NO_1311 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECNDLI MASINKNYVD MDEYPVTTEL 96
SEQ_ID_NO_1317 NDELMLDGAP RLNLASFVTT WMEPECDKLI MASLNKNYVD MDEYPVTTEL 99
SEQ_ID_NO_1305 HDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLM MAAINKNYVD MDEYPVTTEL 94
SEQ_ID_NO_1339 SDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLI MQAINKNYVD MDEYPVTTEL 95
SEQ_ID_NO_1318 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLI MASINKNYVD MDEYPVTTEL 96
SEQ_ID_NO_1331 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLI MASINKNYVD MDEYPVTTEL 99
SEQ_ID_NO_1313 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLM MESINKNYVD MDEYPVTTEL 96
SEQ_ID_NO_1303 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLM MAAINKNYVD MDEYPVTTEL 96
SEQ_ID_NO_1340 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLI IASINKNYVD MDEYPVTTEL 96
SEQ_ID_NO_1320 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECNKLM MDSINKNYVD MDEYPVTTEL 96
SEQ_ID_NO_1326 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLM MDSINKNYVD MDEYPVTTEL 96
SEQ_ID_NO_1334 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLI MAAINKNYVD MDEYPVTTEL 96
SEQ_ID_NO_1330 NDELMLDGNP RLNLASFVTT WMEPECDKLI QASVNKNYVD MDEYPVTTEL 96

FIG. 44 (CONTINUAÇÃO)

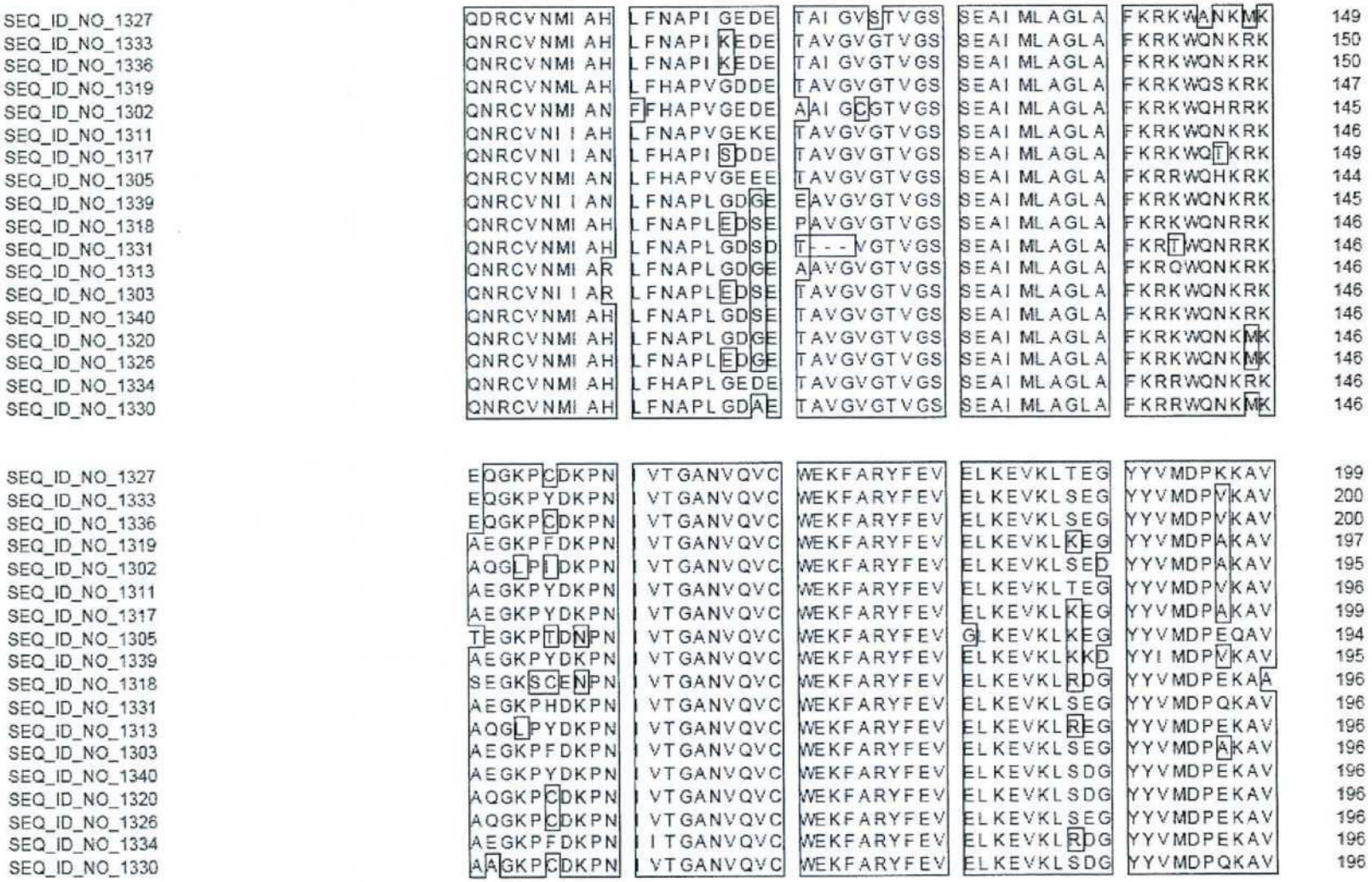


FIG. 44 (CONTINUAÇÃO)

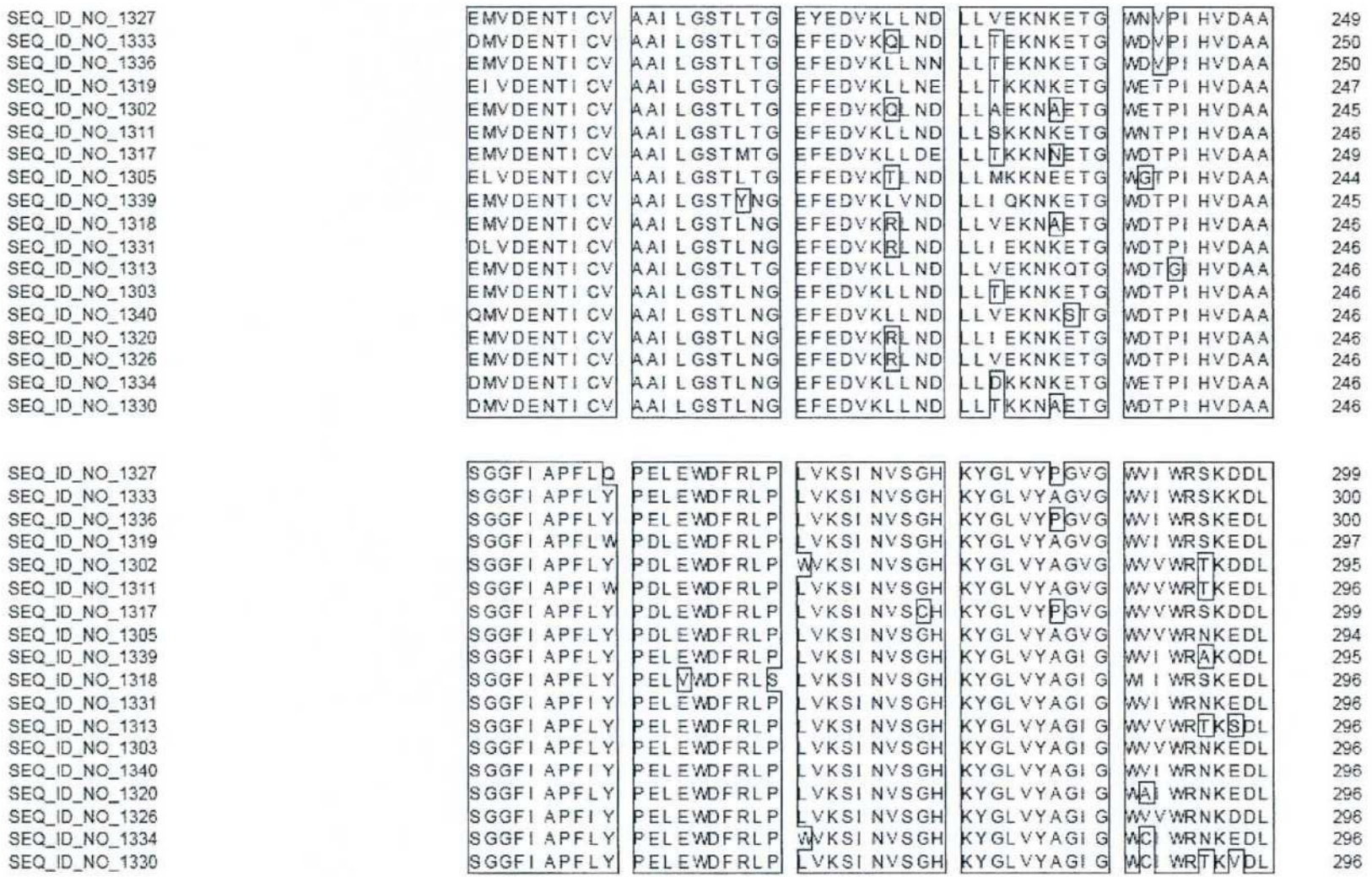


FIG. 44 (CONTINUAÇÃO)

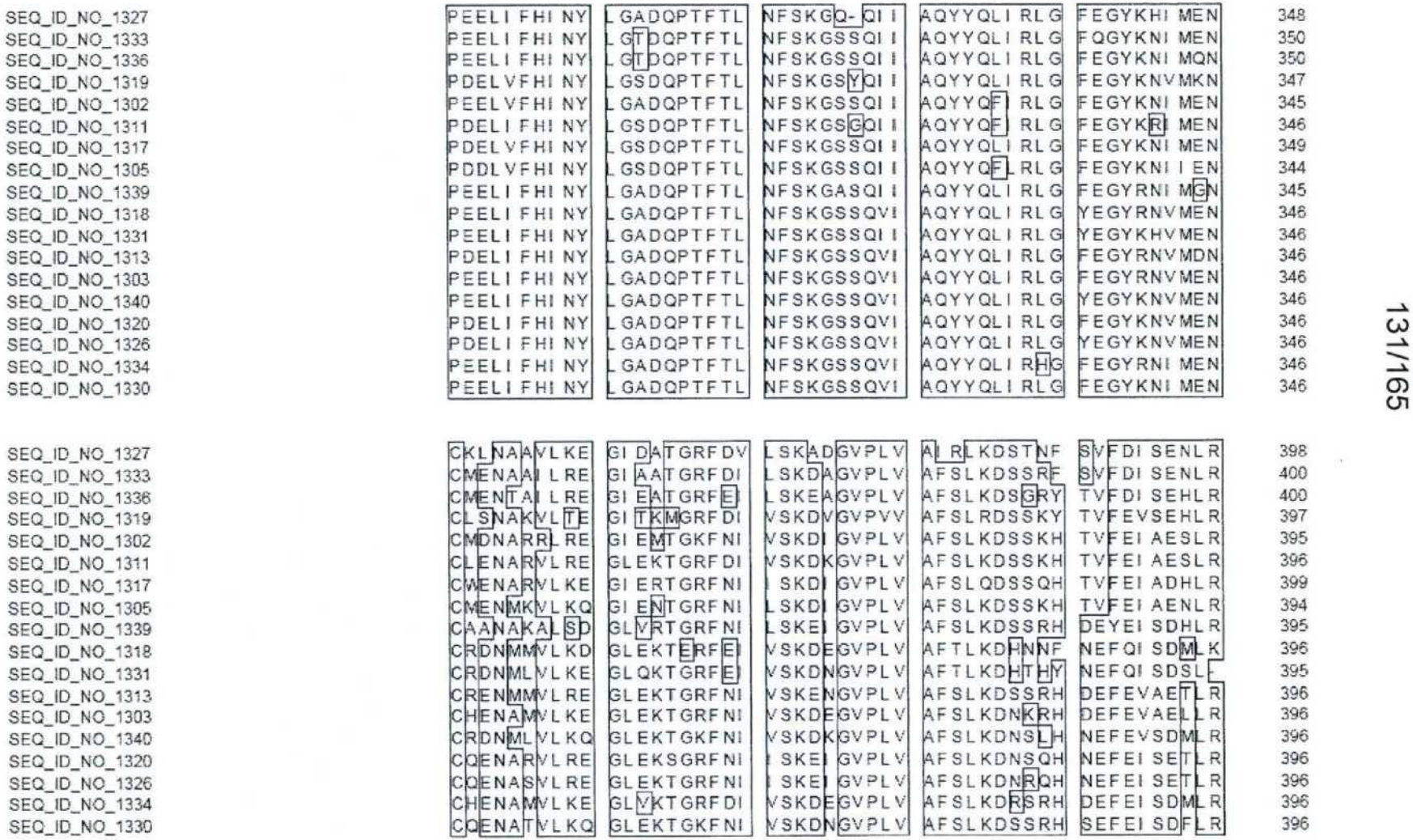


FIG. 44 (CONTINUAÇÃO)

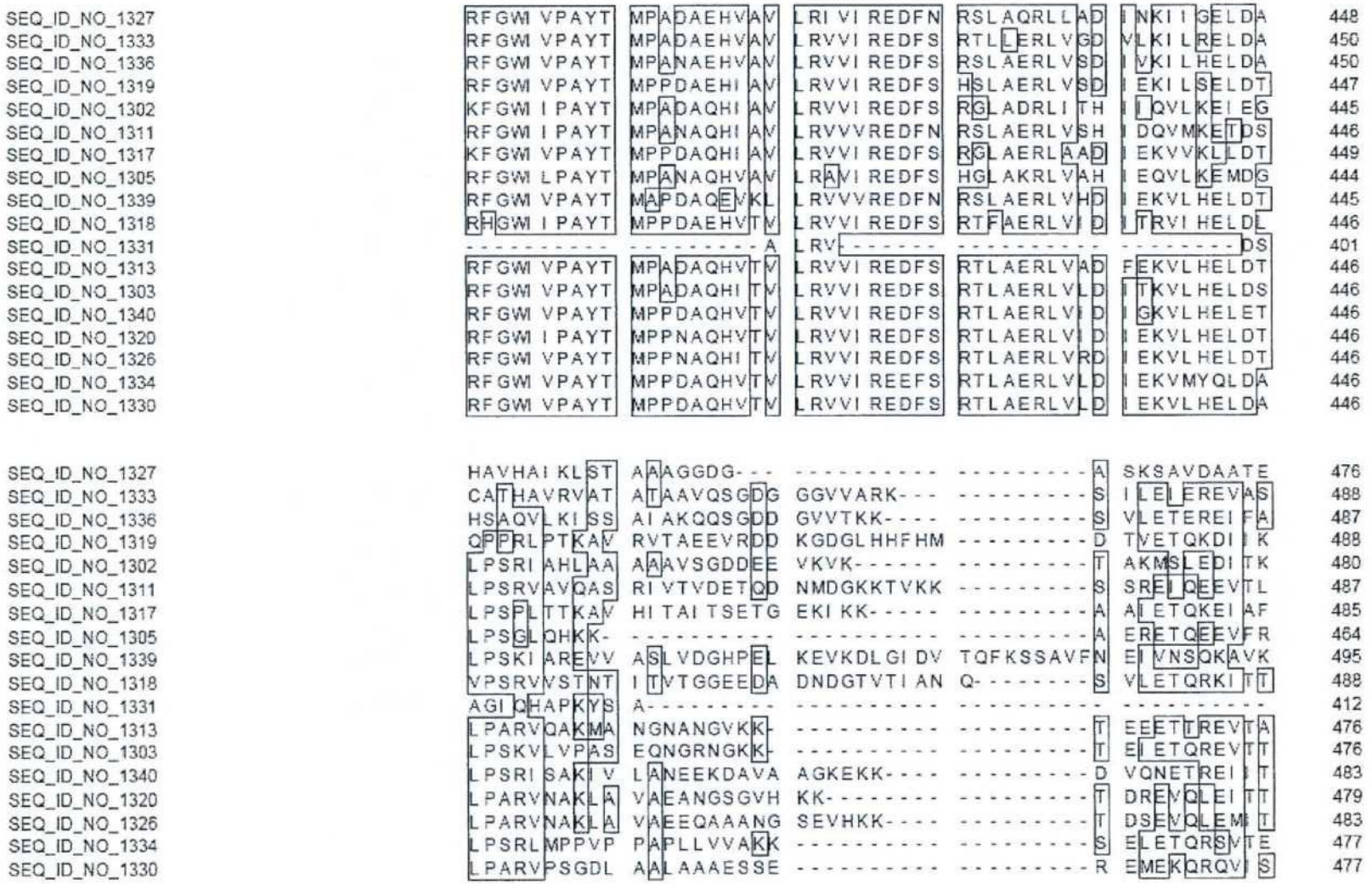


FIG. 44 (CONTINUAÇÃO)

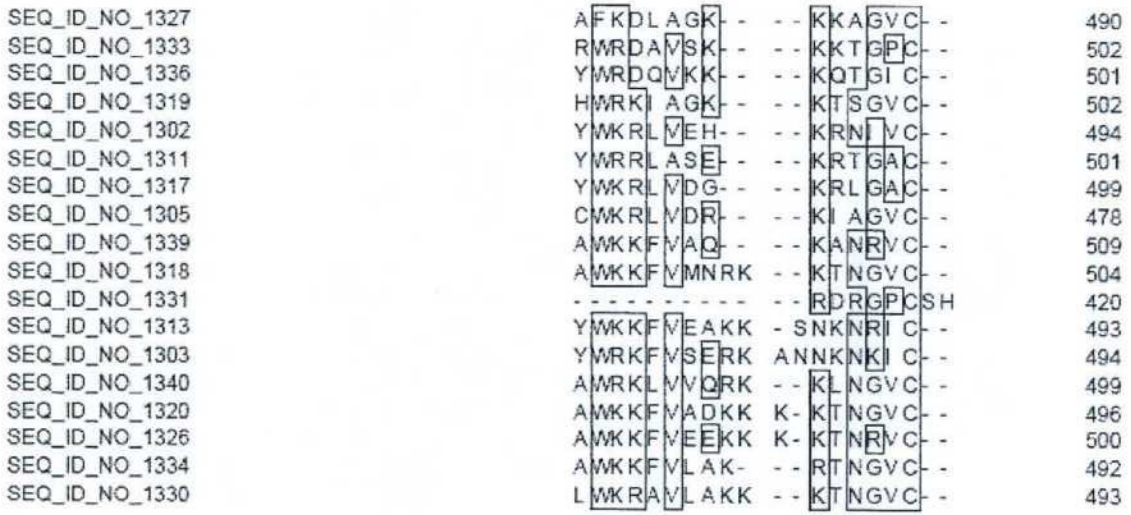


FIG. 45

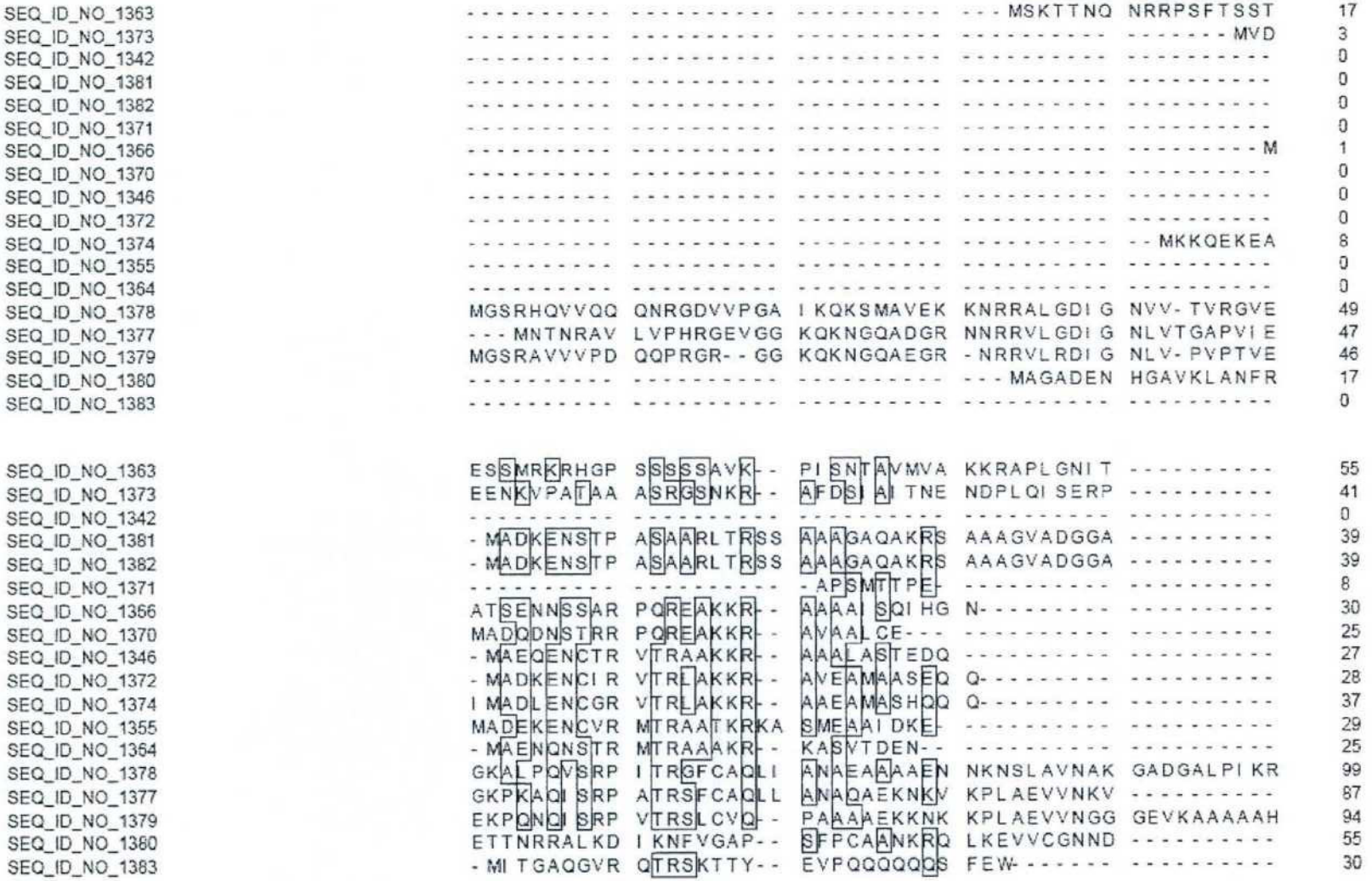

SEQ_ID_NO_1363 ---MSKTTNQ NRRPSFTSST 17
SEQ_ID_NO_1373 -------MVD 3
SEQ_ID_NO_1342 0
SEQ_ID_NO_1381 0
SEQ_ID_NO_1382 0
SEQ_ID_NO_1371 0
SEQ_ID_NO_1366 ---------M 1
SEQ_ID_NO_1370 0
SEQ_ID_NO_1346 0
SEQ_ID_NO_1372 0
SEQ_ID_NO_1374 --MKKQEKEA 8
SEQ_ID_NO_1355 0
SEQ_ID_NO_1364 0
SEQ_ID_NO_1378 MGSRHQVVQQ QNRGDVVPGA IKQKSMAVEK KNRRALGDIG NVV-TVRGVE 49
SEQ_ID_NO_1377 ---MNTNRAV LVPHRGEVGG KQKNGQADGR NNRRVLGDIG NLVTGAPVIE 47
SEQ_ID_NO_1379 MGSRAVVVPD QQPRGR--GG KQKNGQAEGR -NRRVLRDIG NLV-PVPTVE 46
SEQ_ID_NO_1360 ---MAGADEN HGAVKLANFR 17
SEQ_ID_NO_1383 0
SEQ_ID_NO_1363 ESSMRKRHGP SSSSSAVK-- PISNTAVMVA KKRAPLGNIT 55
SEQ_ID_NO_1373 EENKVPATAA ASRGSNKR-- AFDSIAITNE NDPLQISERP 41
SEQ_ID_NO_1342 0
SEQ_ID_NO_1381 -MADKENSTP ASAARLTRSS AAAGAQAKRS AAAGVADGGA 39
SEQ_ID_NO_1382 -MADKENSTP ASAARLTRSS AAAGAQAKRS AAAGVADGGA 39
SEQ_ID_NO_1371 -APSMTTPE- 8
SEQ_ID_NO_1366 ATSENNSSAR PQREAKKR-- AAAAISQIHG N- 30
SEQ_ID_NO_1370 MADQDNSTRR PQREAKKR-- AVAALCE--- 25
SEQ_ID_NO_1346 -MAEQENCTR VTRAAKKR-- AAALASTEDQ 27
SEQ_ID_NO_1372 -MADKENCIR VTRLAKKR-- AVEAMAASEQ Q- 28
SEQ_ID_NO_1374 IMADLENCGR VTRLAKKR-- AAEAMASHQQ Q- 37
SEQ_ID_NO_1355 MADEKENCVR MTRAATKRKA SMEAAIDKE- 29
SEQ_ID_NO_1364 -MAENQNSTR MTRAAAKR-- KASVTDEN-- 25
SEQ_ID_NO_1378 GKALPQVSRP ITRGFCAQLI ANAEAAAAEN NKNSLAVNAK GADGALPIKR 99
SEQ_ID_NO_1377 GKPKAQISRP ATRSFCAQLL ANAQAEKNKV KPLAEVVNKV 87
SEQ_ID_NO_1379 EKPQNQISRP VTRSLCVQ-- PAAAAEKKNK KPLAEVVNGG GEVKAAAAAH 94
SEQ_ID_NO_1360 ETTNRRALKD IKNFVGAP-- SFPCAANKRQ LKEVVCGNND 55
SEQ_ID_NO_1383 -MITGAQGVR QTRSKTTY-- EVPQQQQQQS FEW- 30

FIG. 45 (CONTINUAÇÃO)

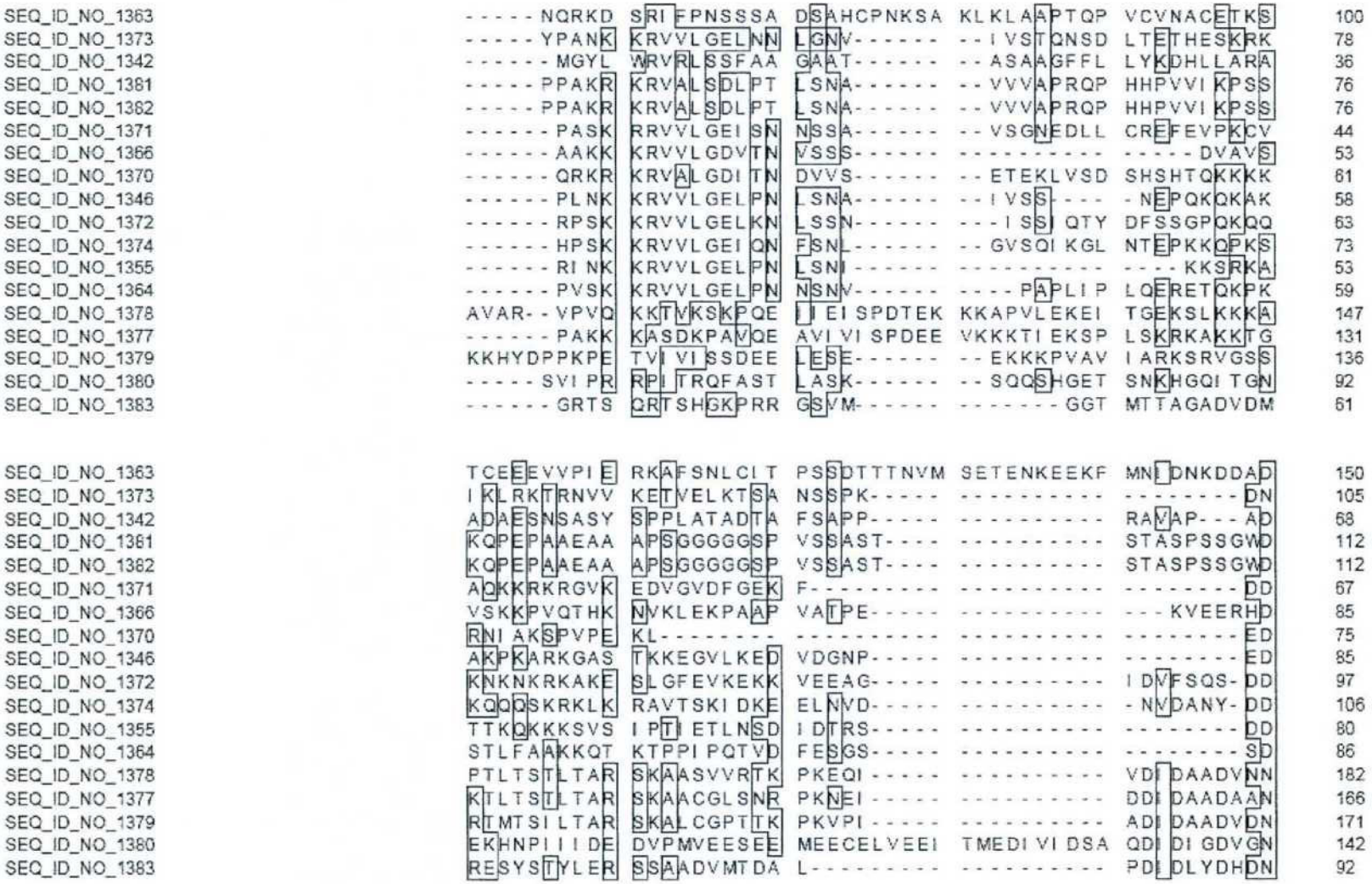


FIG. 45 (CONTINUAÇÃO)

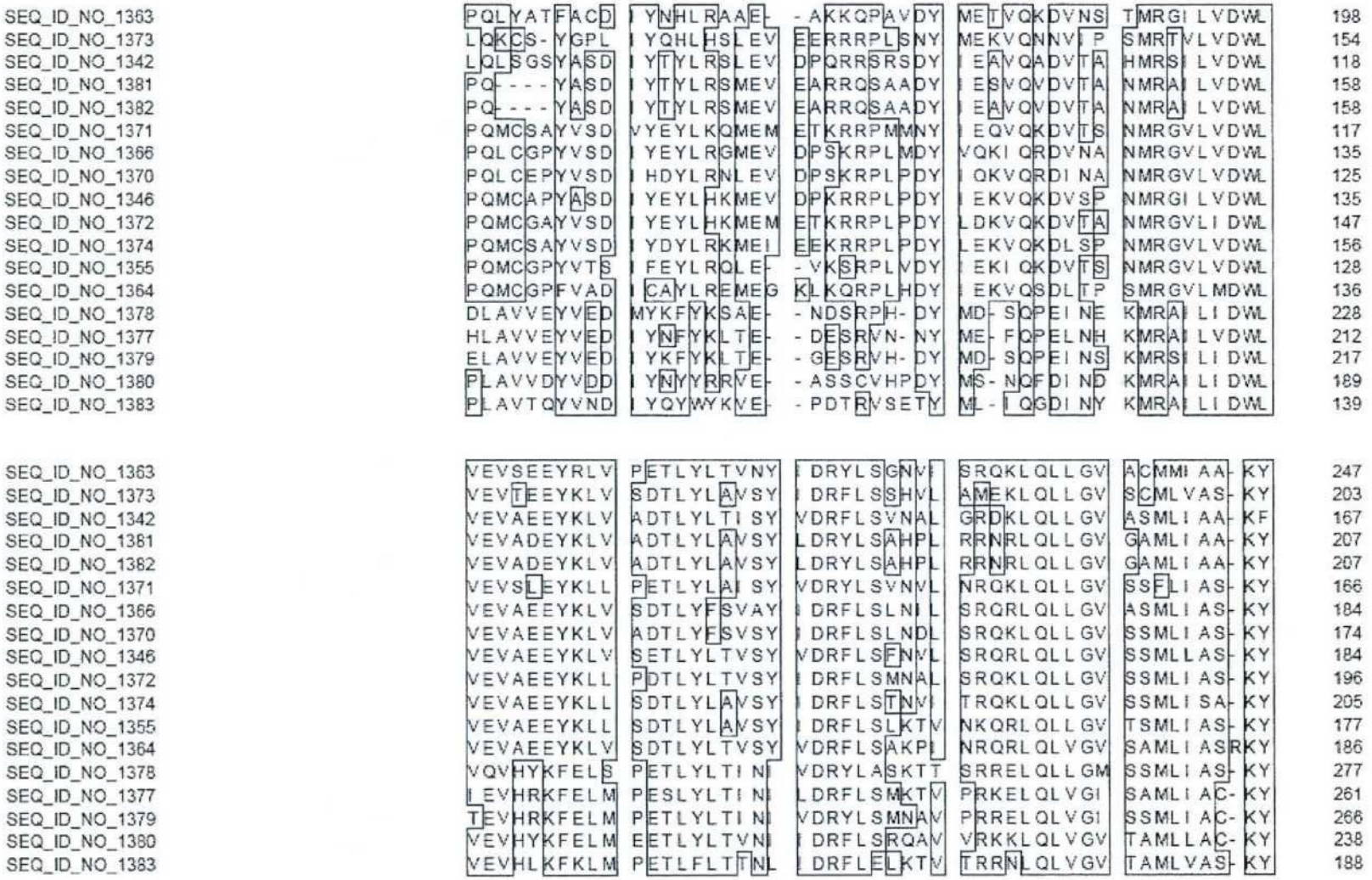


FIG. 45 (CONTINUAÇÃO)

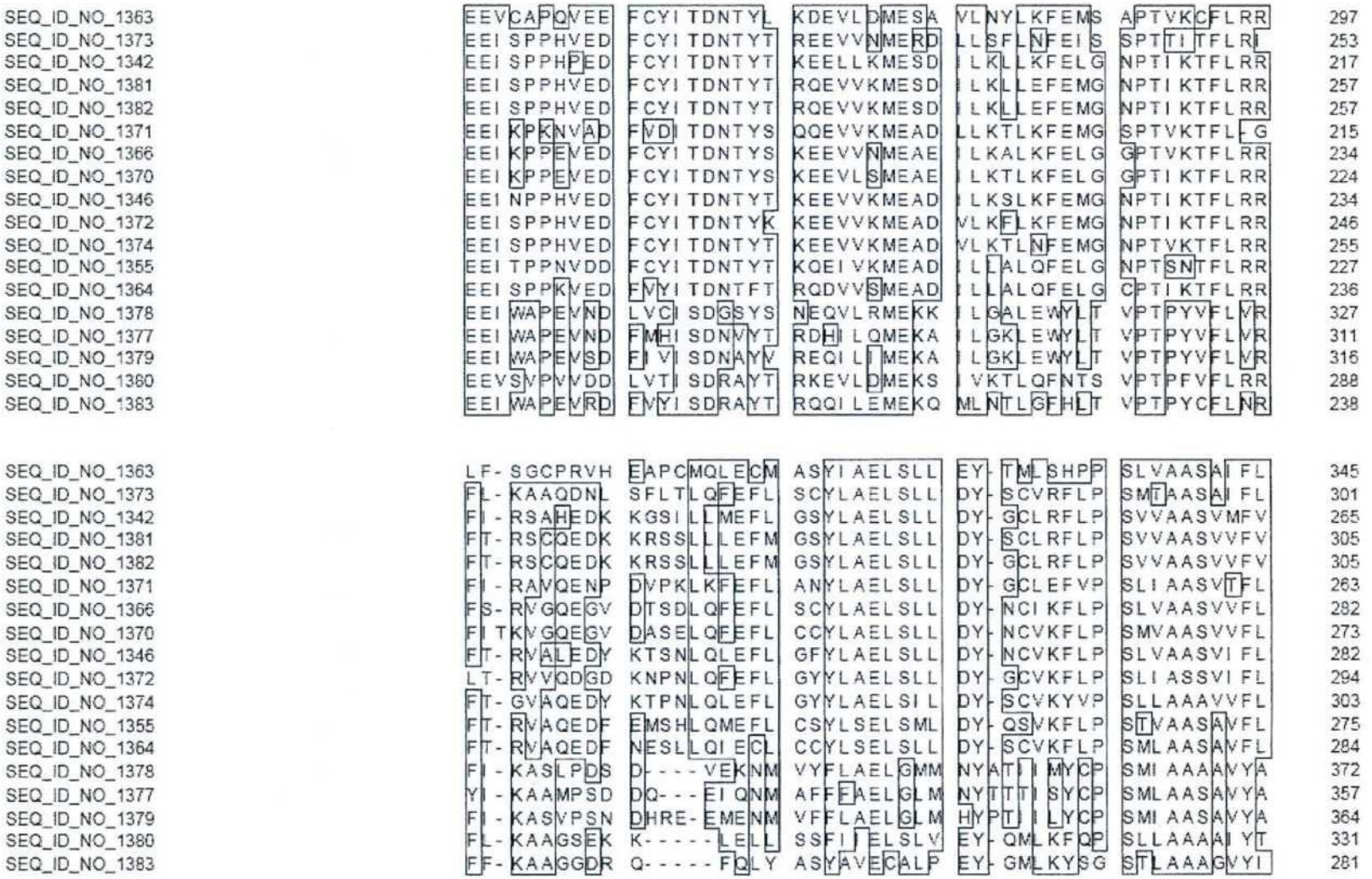


FIG. 45 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 46


SEQ_ID_NO_1404
SEQ_ID_NO_1401
SEQ_ID_NO_1400
SEQ_ID_NO_1385
SEQ_ID_NO_1407
SEQ_ID_NO_1387
SEQ_ID_NO_1393
SEQ_ID_NO_1390
SEQ_ID_NO_1395
SEQ_ID_NO_1398
SEQ_ID_NO_1396
SEQ_ID_NO_1394

FIG. 47

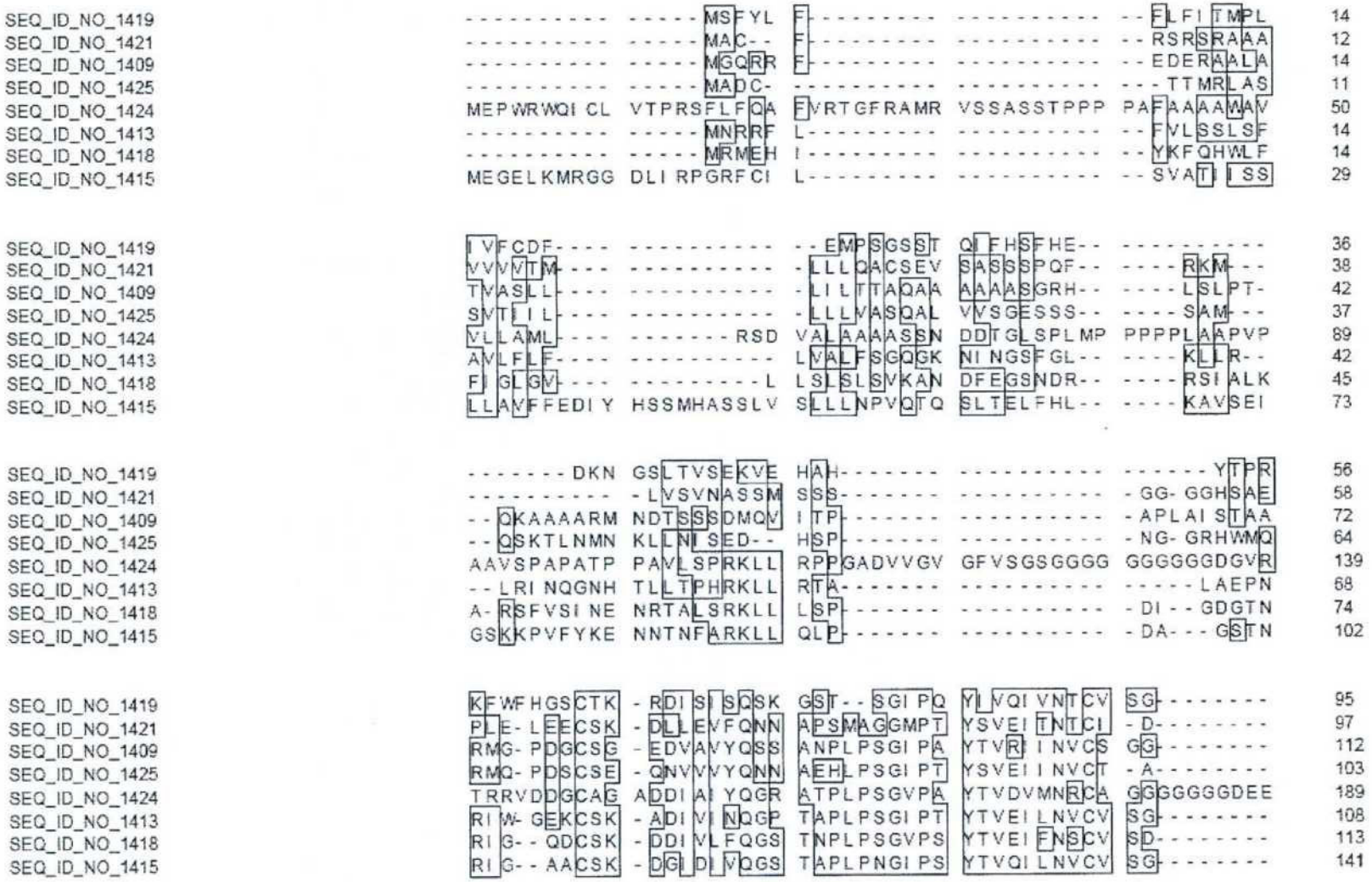

SEQ_ID_NO_1419
SEQ_ID_NO_1421
SEQ_ID_NO_1409
SEQ_ID_NO_1425
SEQ_ID_NO_1424
SEQ_ID_NO_1413
SEQ_ID_NO_1418
SEQ_ID_NO_1415

FIG. 47 (CONTINUAÇÃO)

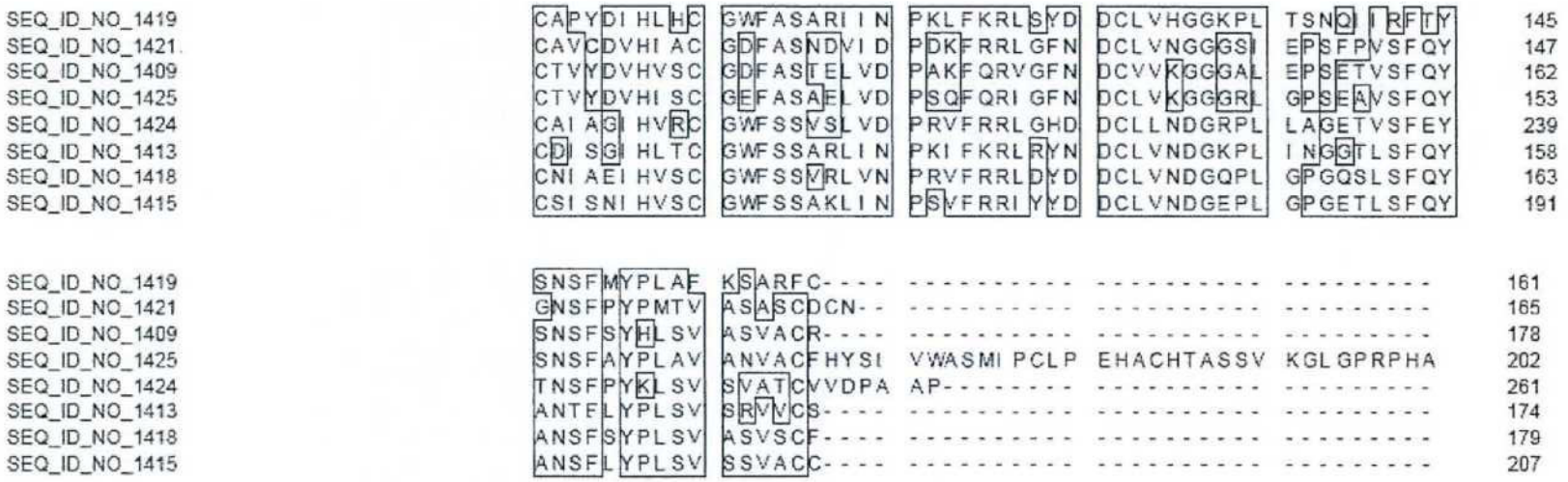


FIG. 48

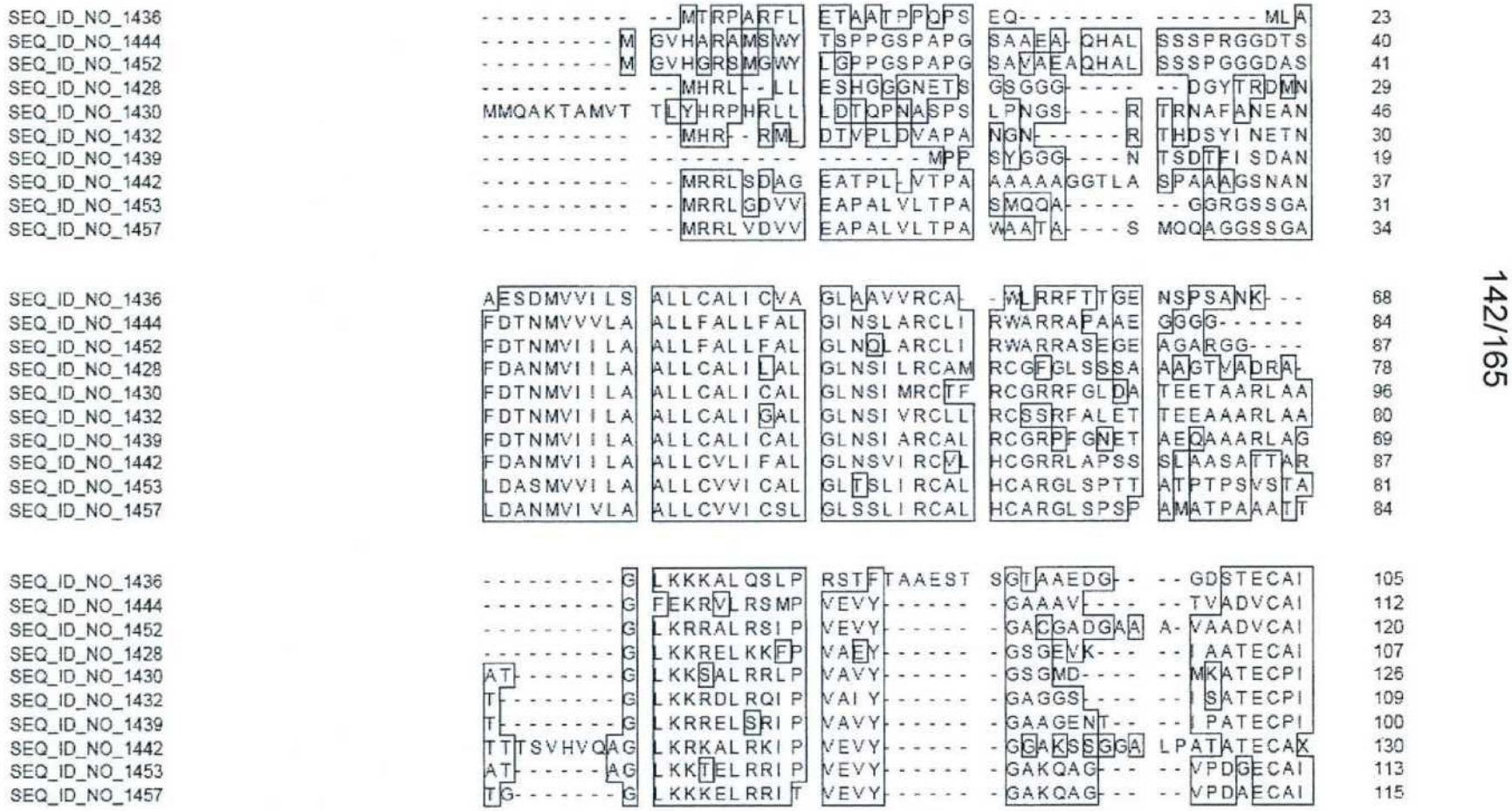

SEQ_ID_NO_1436
SEQ_ID_NO_1444
SEQ_ID_NO_1452
SEQ_ID_NO_1428
SEQ_ID_NO_1430
SEQ_ID_NO_1432
SEQ_ID_NO_1439
SEQ_ID_NO_1442
SEQ_ID_NO_1453
SEQ_ID_NO_1457

FIG. 48 (CONTINUAÇÃO)

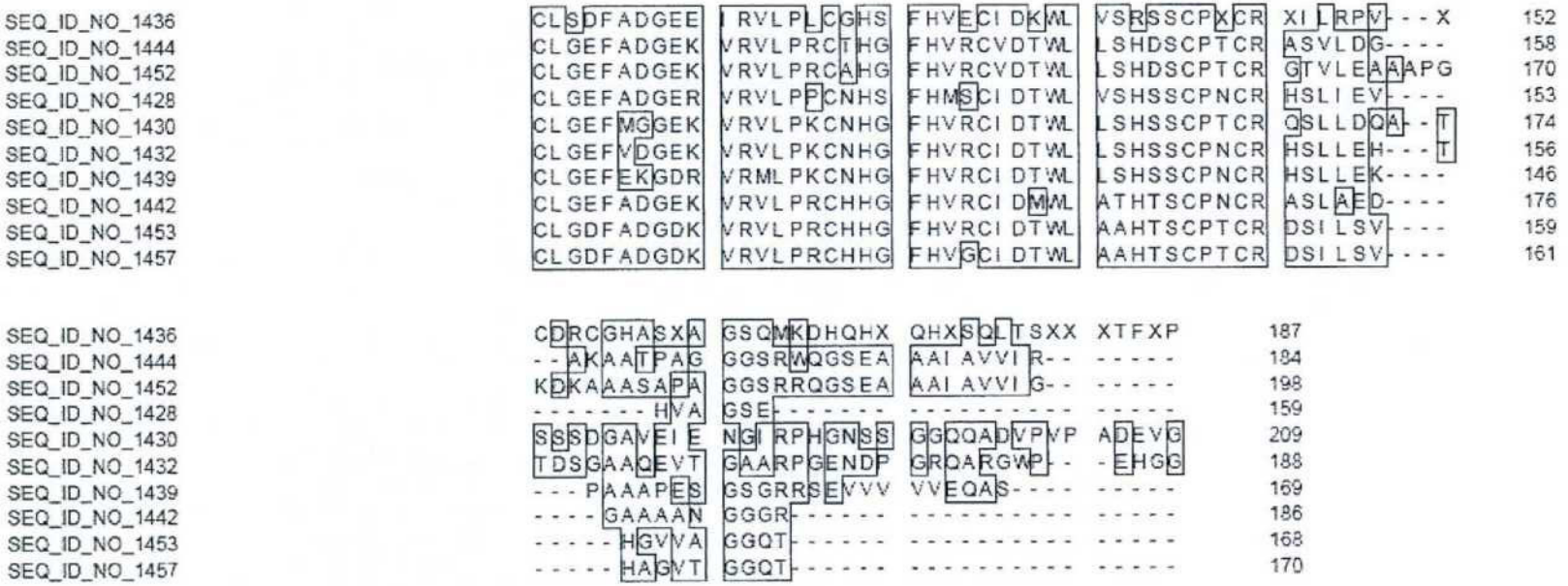


FIG. 49

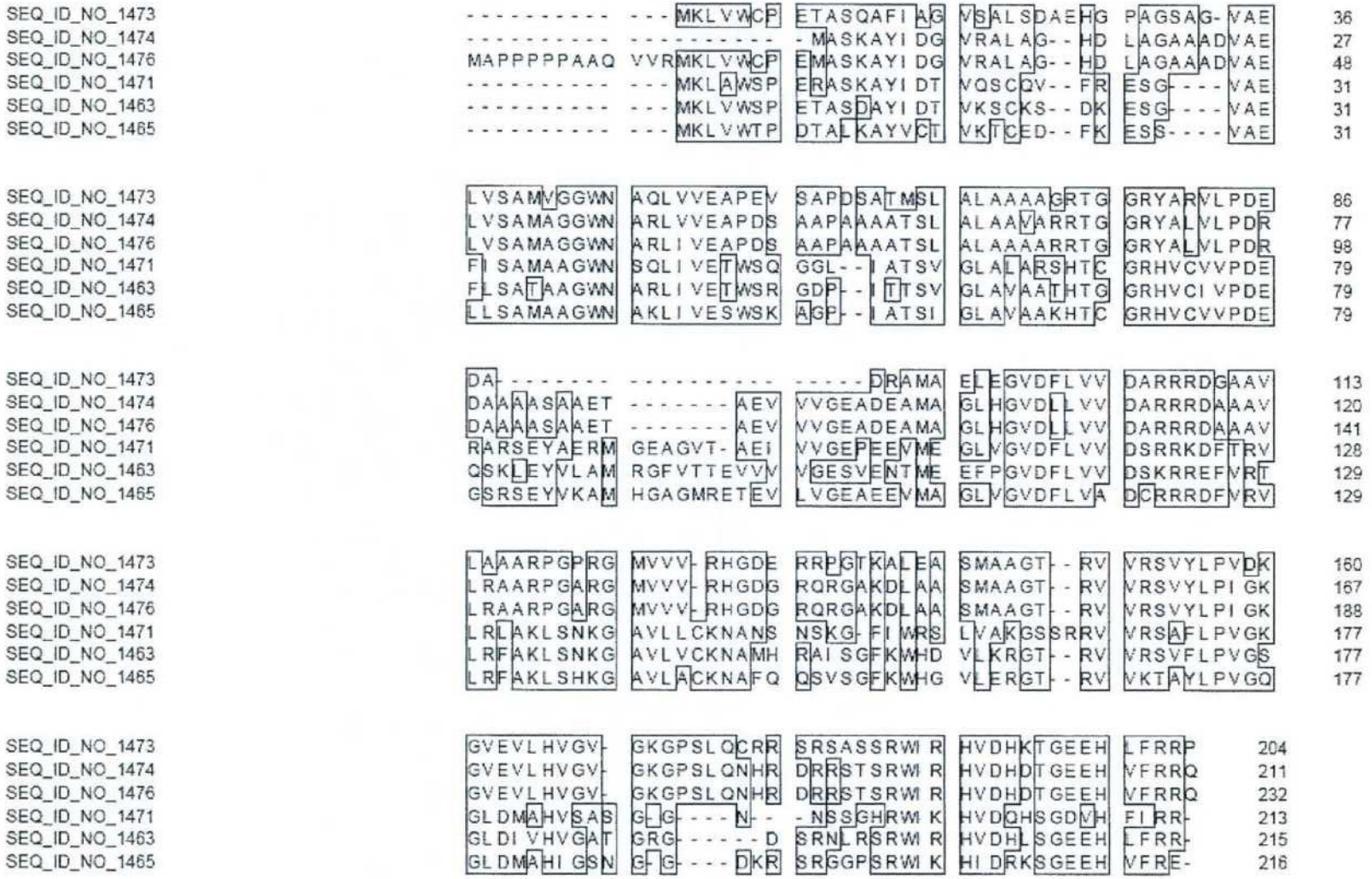

SEQ_ID_NO_1473
SEQ_ID_NO_1474
SEQ_ID_NO_1476
SEQ_ID_NO_1471
SEQ_ID_NO_1463
SEQ_ID_NO_1465

FIG. 50

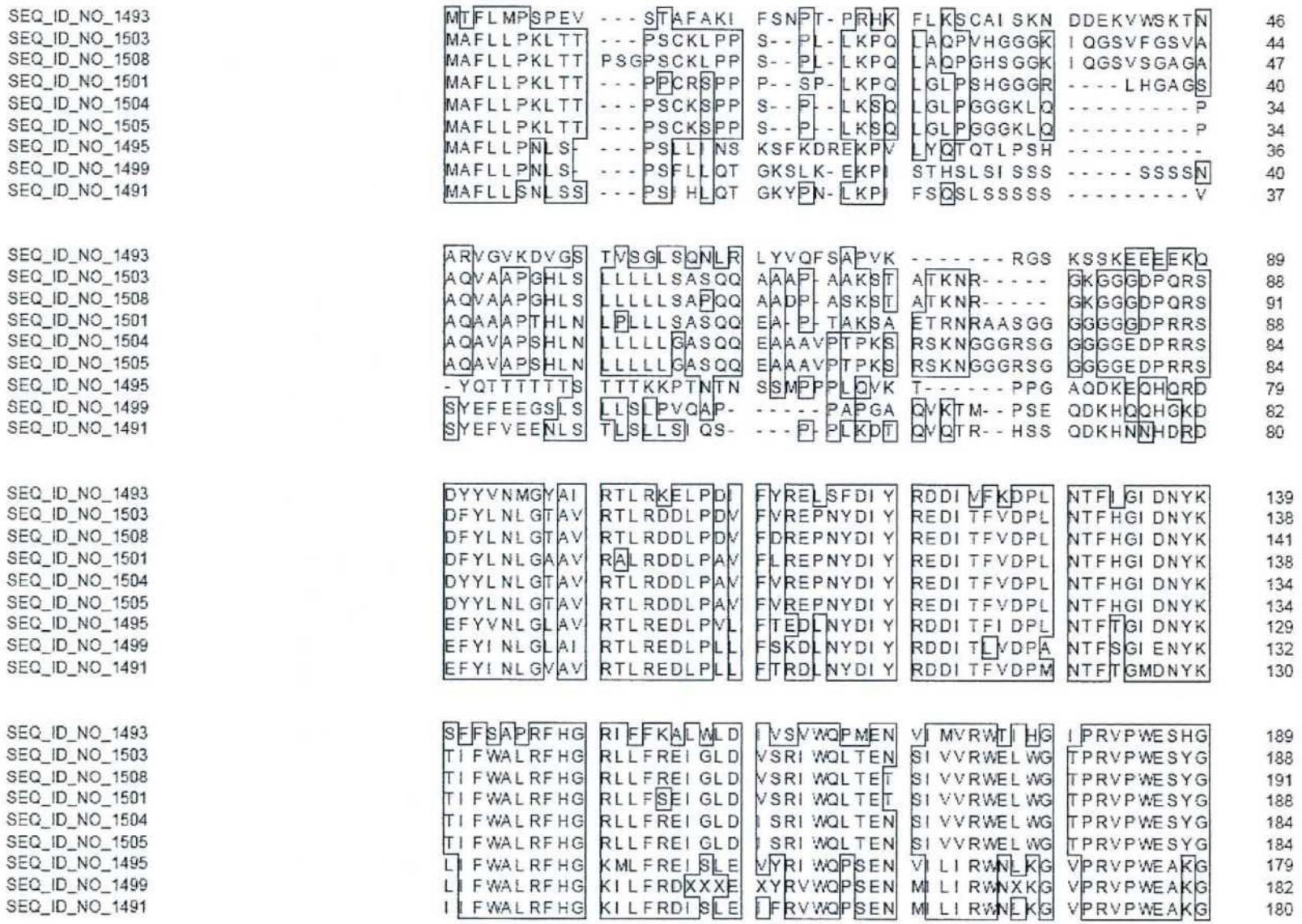

SEQ_ID_NO_1493
SEQ_ID_NO_1503
SEQ_ID_NO_1508
SEQ_ID_NO_1501
SEQ_ID_NO_1504
SEQ_ID_NO_1505
SEQ_ID_NO_1495
SEQ_ID_NO_1499
SEQ_ID_NO_1491

FIG. 50 (CONTINUAÇÃO)

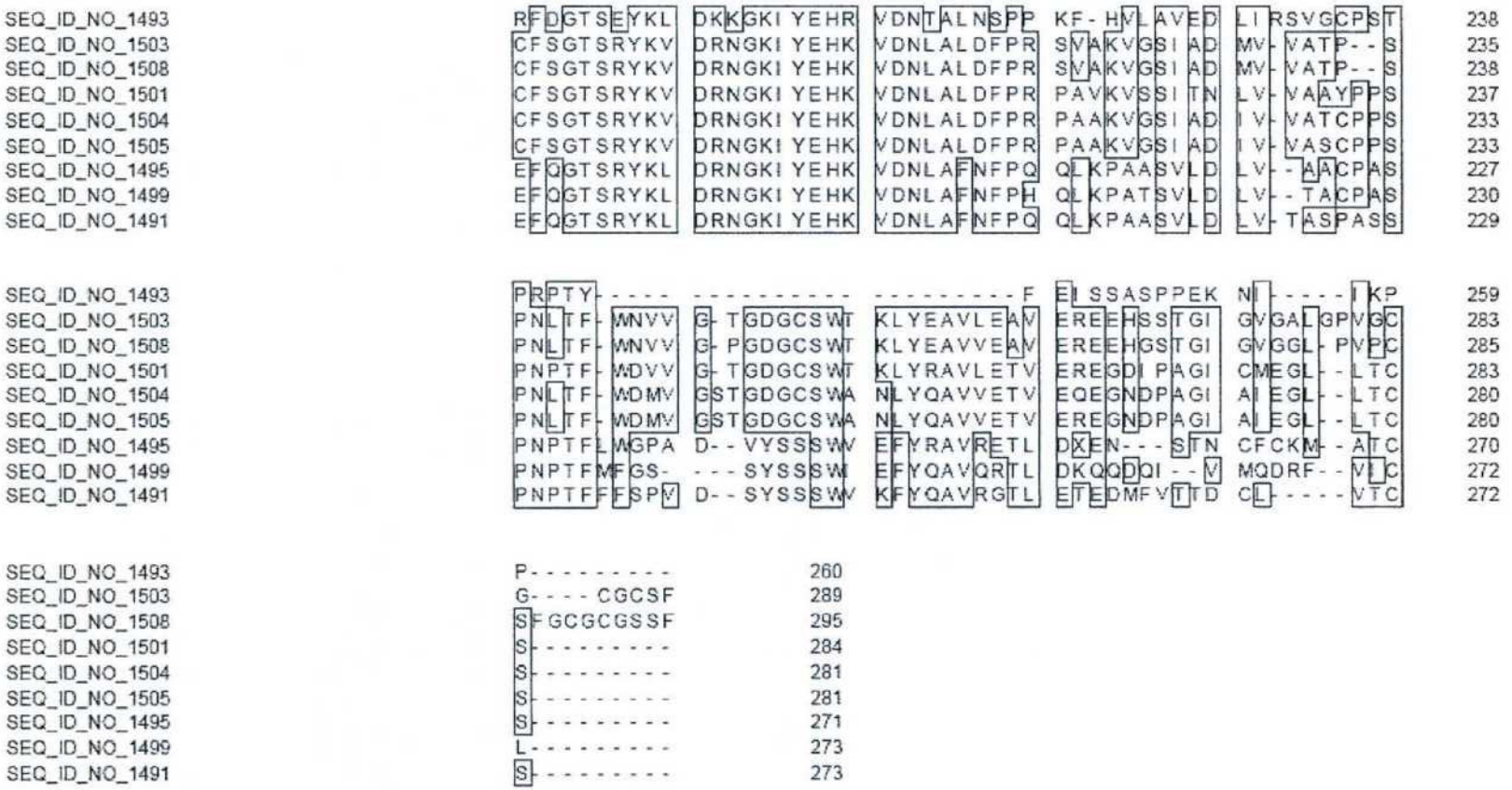


FIG. 51



FIG. 51 (CONTINUAÇÃO)

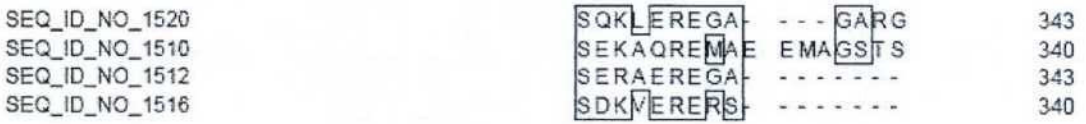


FIG. 52

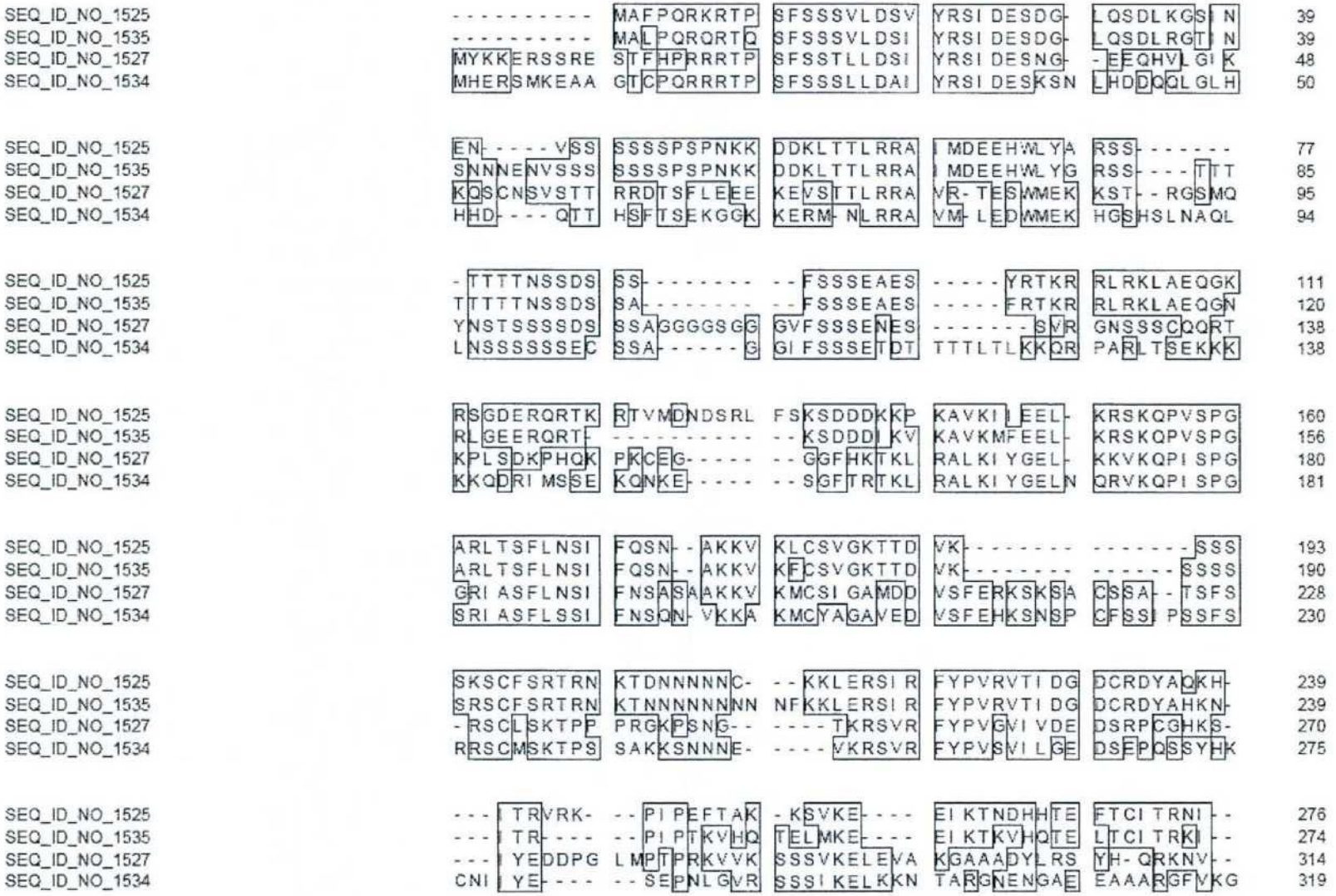


FIG. 52 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 53

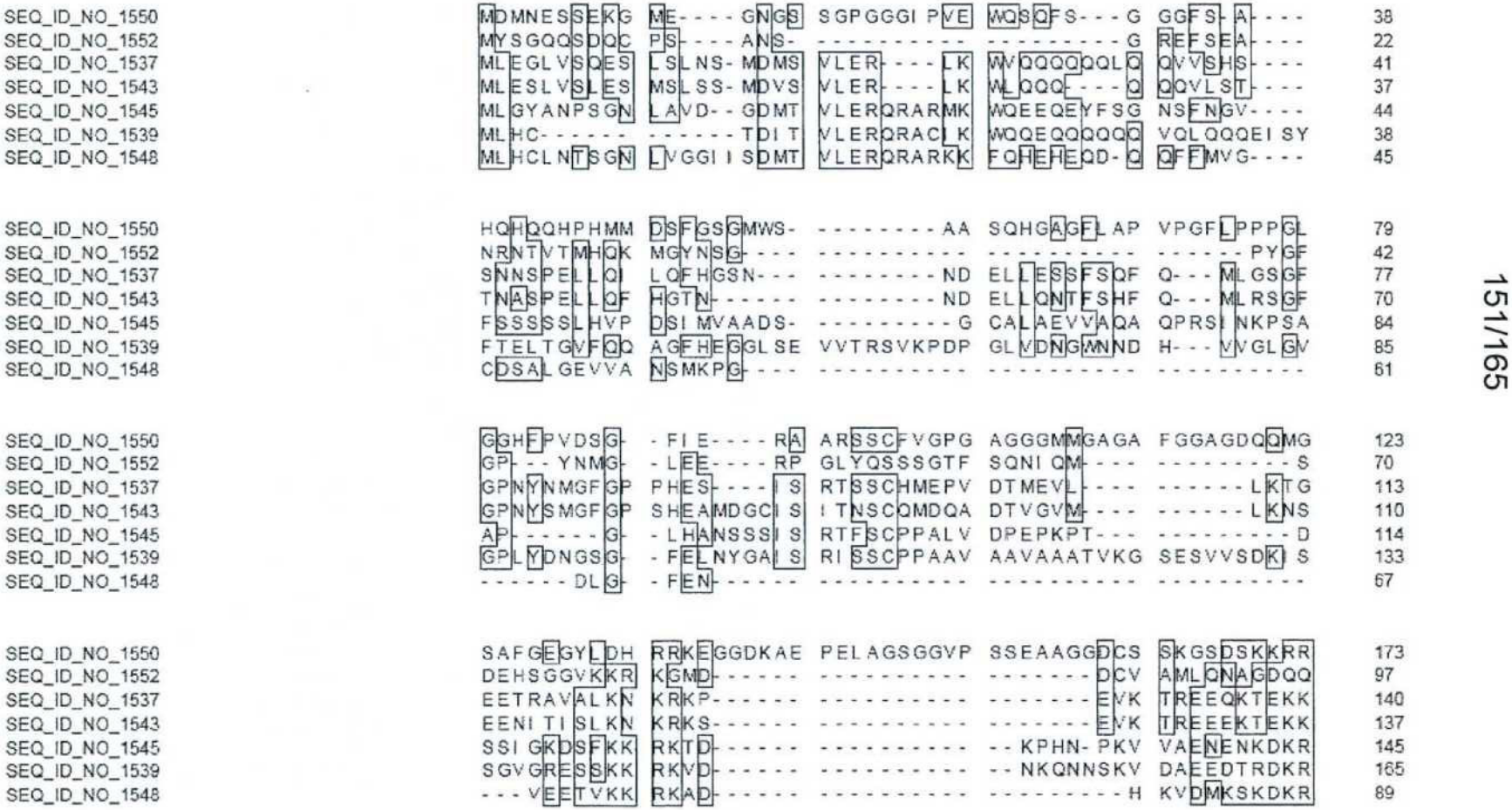

SEQ_ID_NO_1550
SEQ_ID_NO_1552
SEQ_ID_NO_1537
SEQ_ID_NO_1543
SEQ_ID_NO_1545
SEQ_ID_NO_1539
SEQ_ID_NO_1548

FIG. 53 (CONTINUAÇÃO)

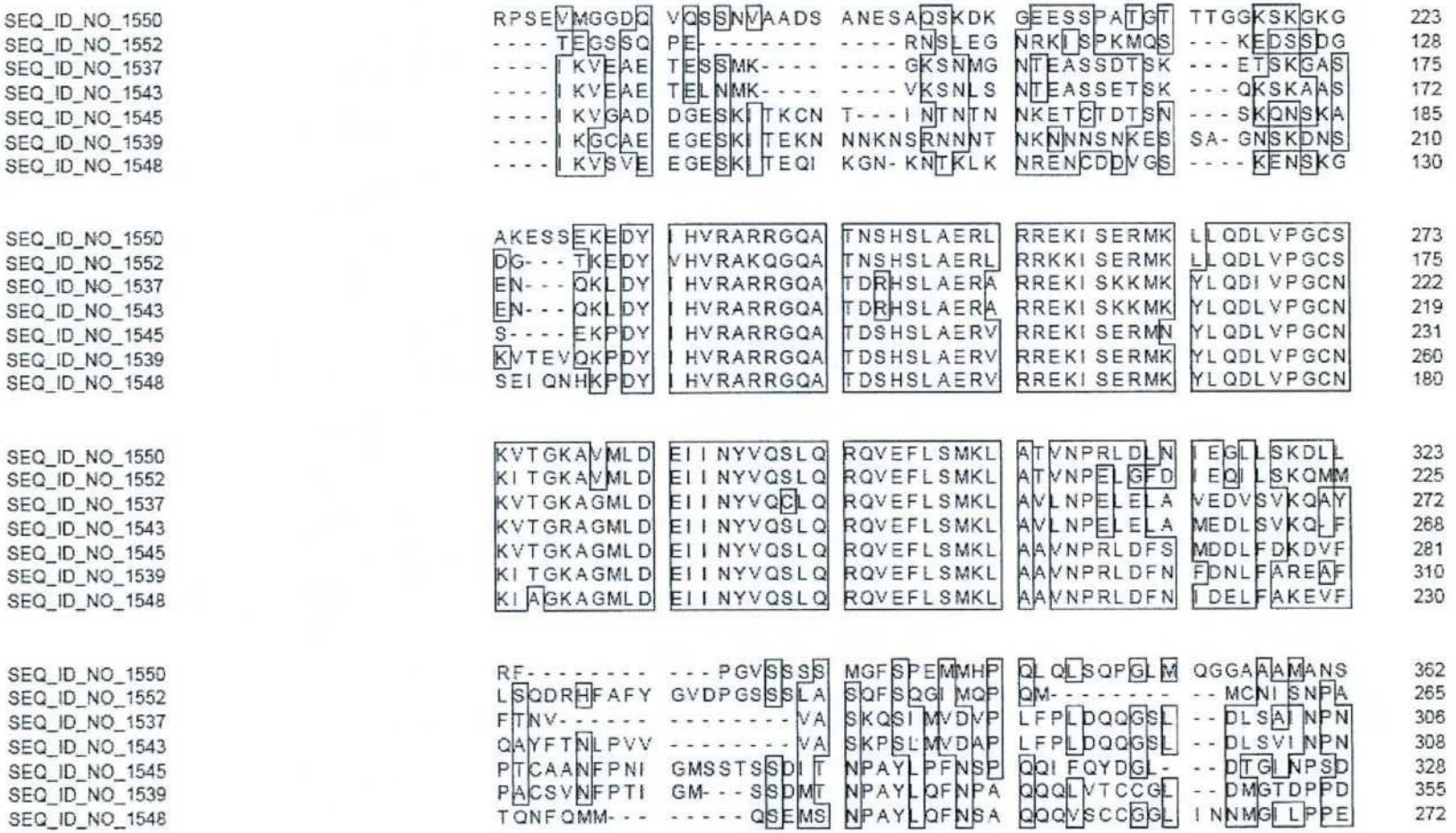


FIG. 53 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 54


SEQ_ID_NO_1571
SEQ_ID_NO_1567
SEQ_ID_NO_1572
SEQ_ID_NO_1574
SEQ_ID_NO_1555
SEQ_ID_NO_1563
SEQ_ID_NO_1575
SEQ_ID_NO_1554
SEQ_ID_NO_1565

FIG. 54 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 54 (CONTINUAÇÃO)



FIG. 54 (CONTINUAÇÃO)

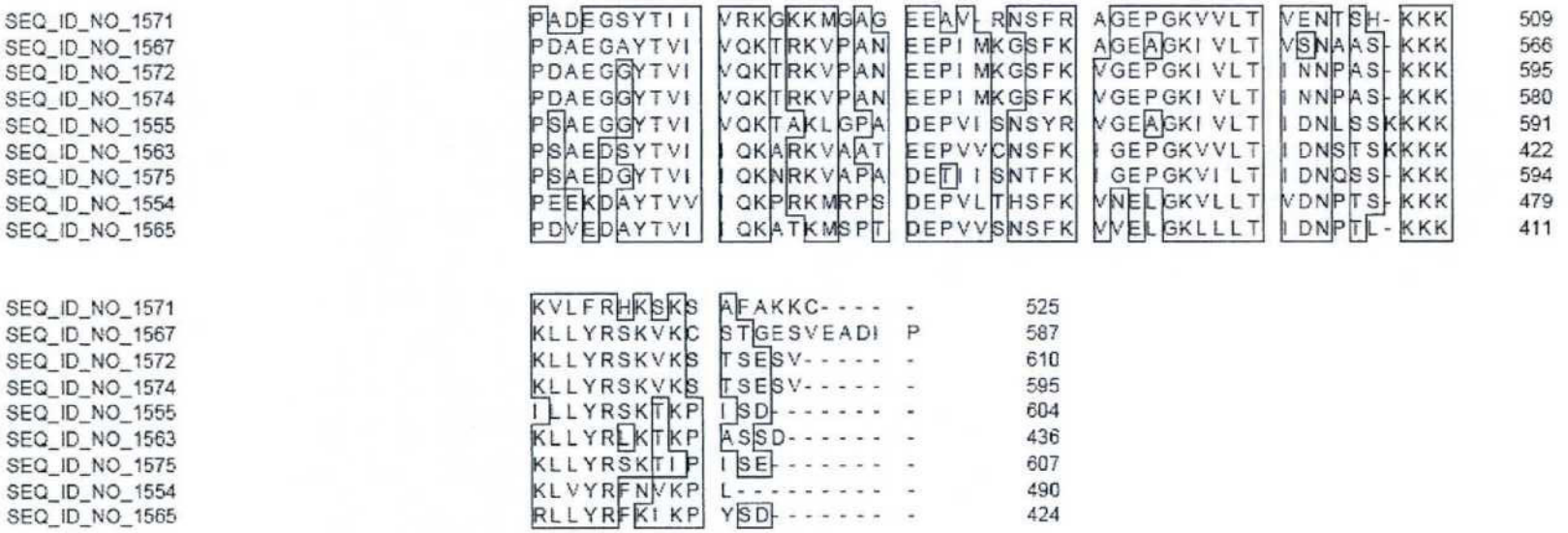


FIG. 55

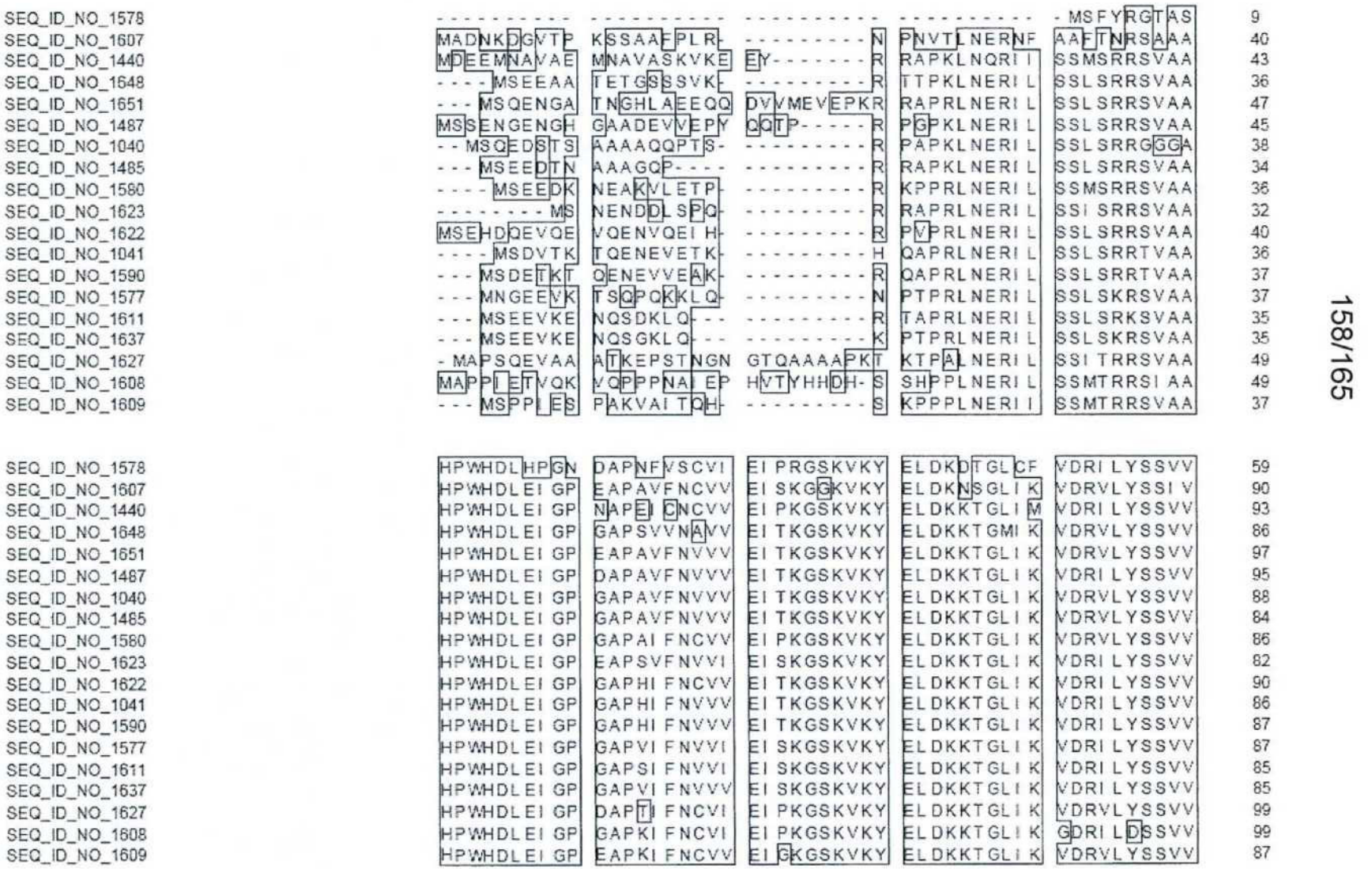

SEQ_ID_NO_1578
SEQ_ID_NO_1607
SEQ_ID_NO_1440
SEQ_ID_NO_1648
SEQ_ID_NO_1651
SEQ_ID_NO_1487
SEQ_ID_NO_1040
SEQ_ID_NO_1485
SEQ_ID_NO_1580
SEQ_ID_NO_1623
SEQ_ID_NO_1622
SEQ_ID_NO_1041
SEQ_ID_NO_1590
SEQ_ID_NO_1577
SEQ_ID_NO_1611
SEQ_ID_NO_1637
SEQ_ID_NO_1627
SEQ_ID_NO_1608
SEQ_ID_NO_1609

FIG. 55 (CONTINUAÇÃO)

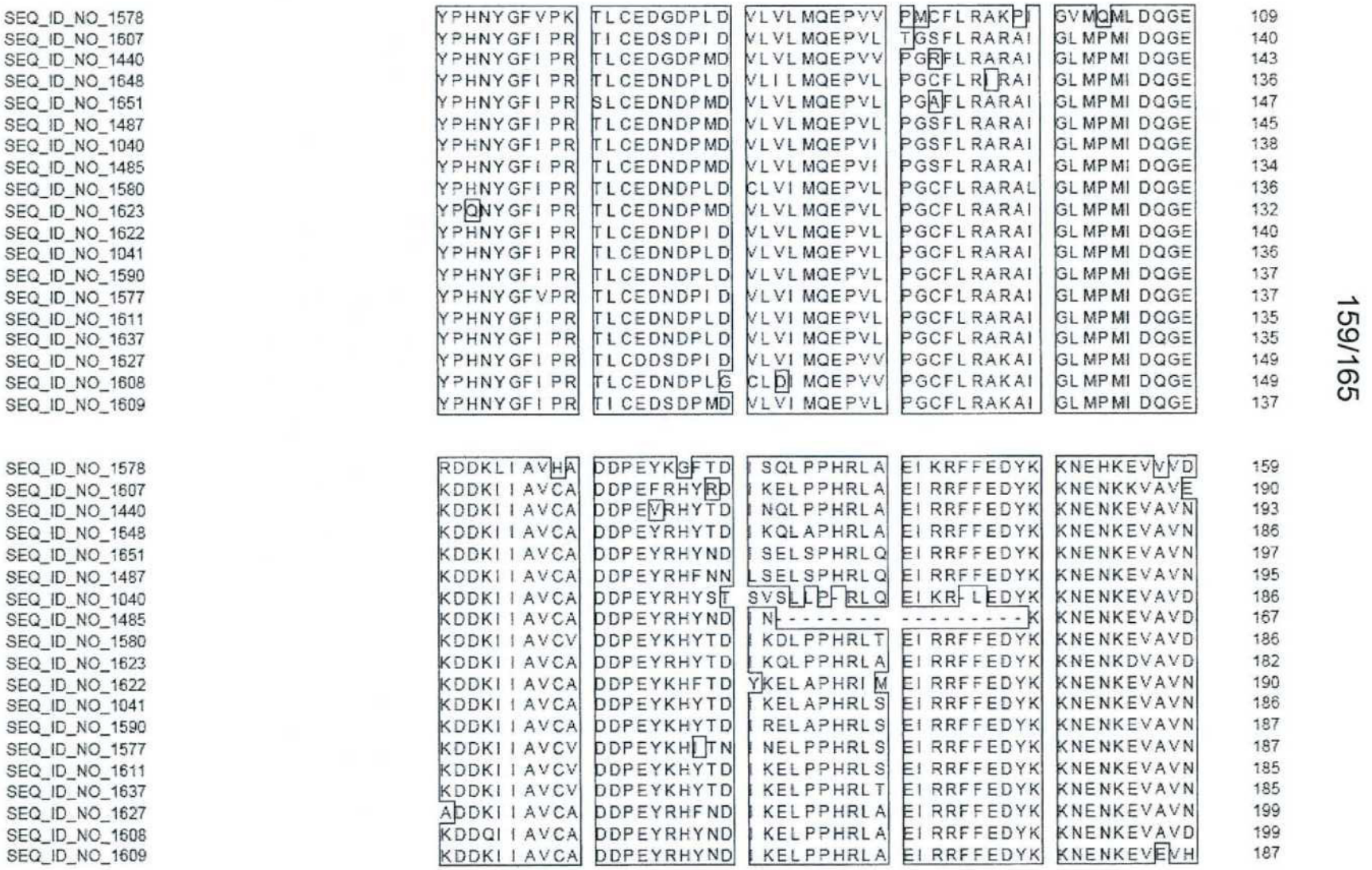


FIG. 55 (CONTINUAÇÃO)

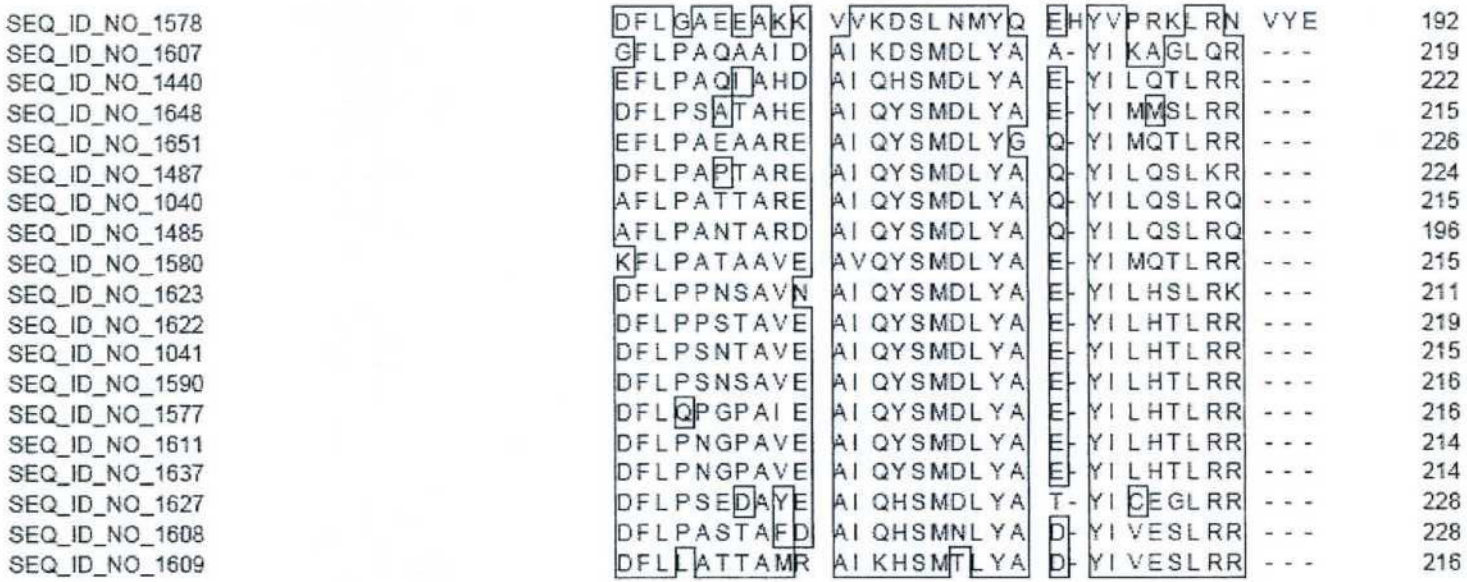


FIG. 56

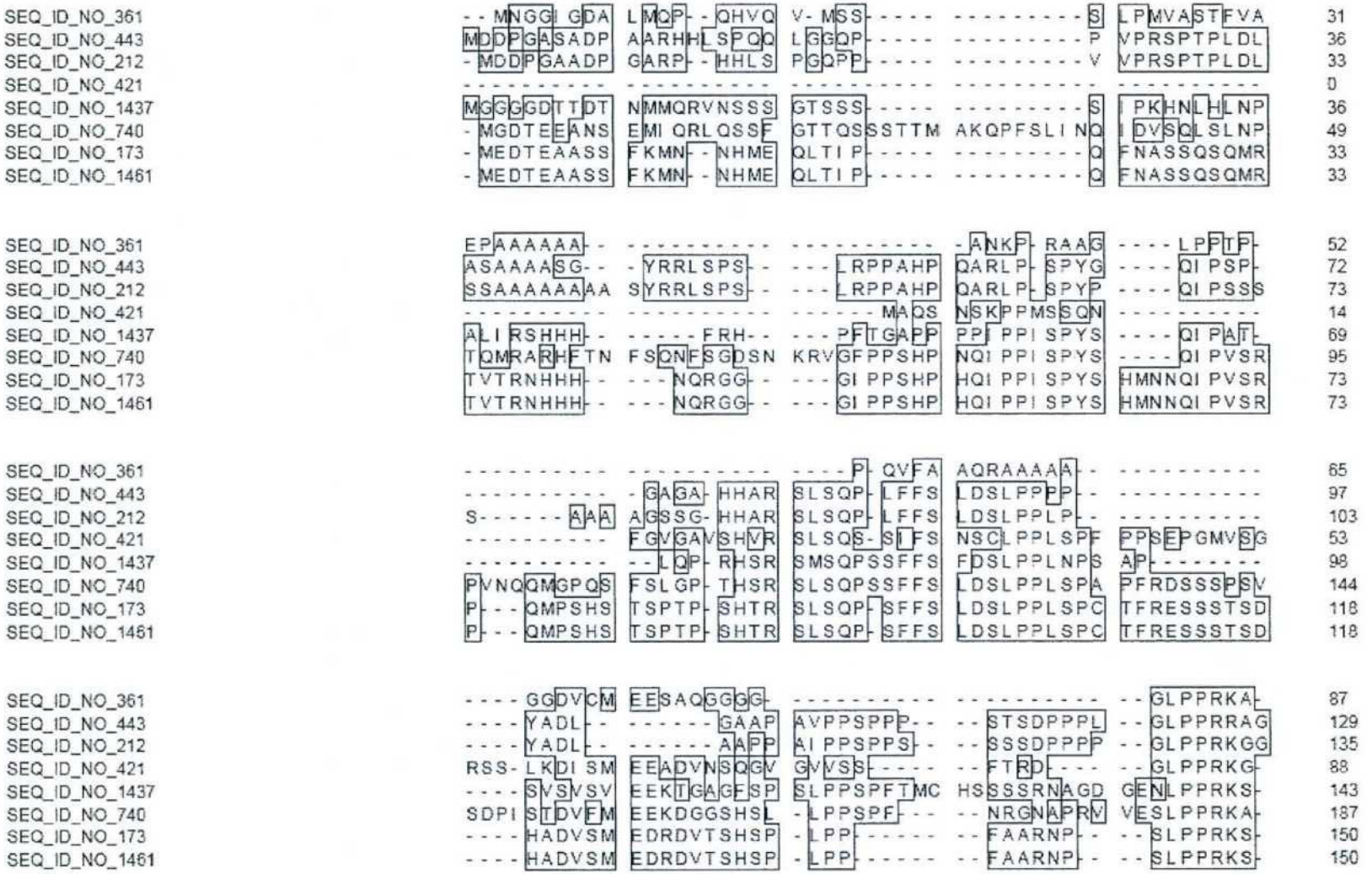

SEQ_ID_NO_361
SEQ_ID_NO_443
SEQ_ID_NO_212
SEQ_ID_NO_421
SEQ_ID_NO_1437
SEQ_ID_NO_740
SEQ_ID_NO_173
SEQ_ID_NO_1461

FIG. 56 (CONTINUAÇÃO)

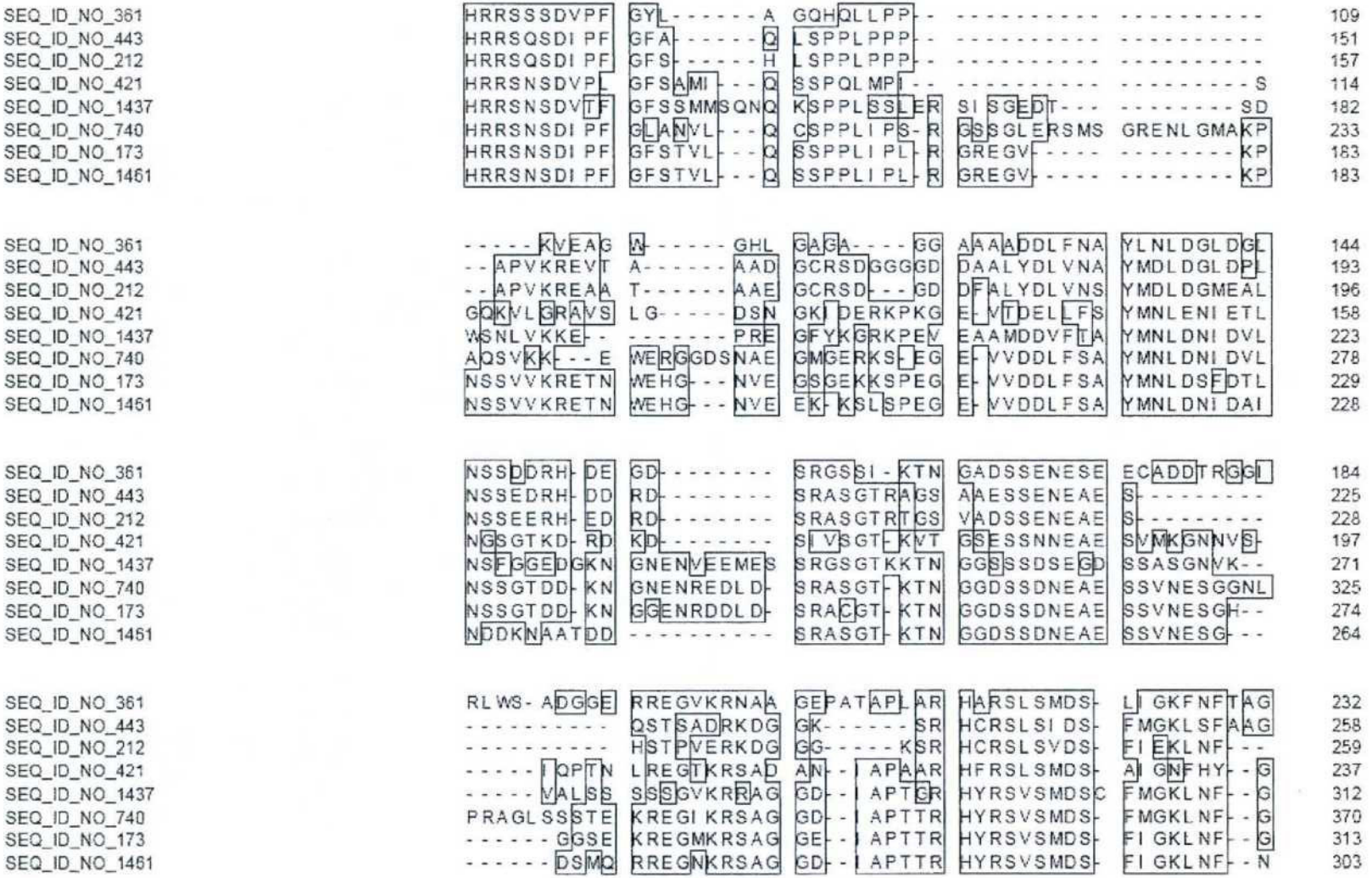


FIG. 56 (CONTINUAÇÃO)

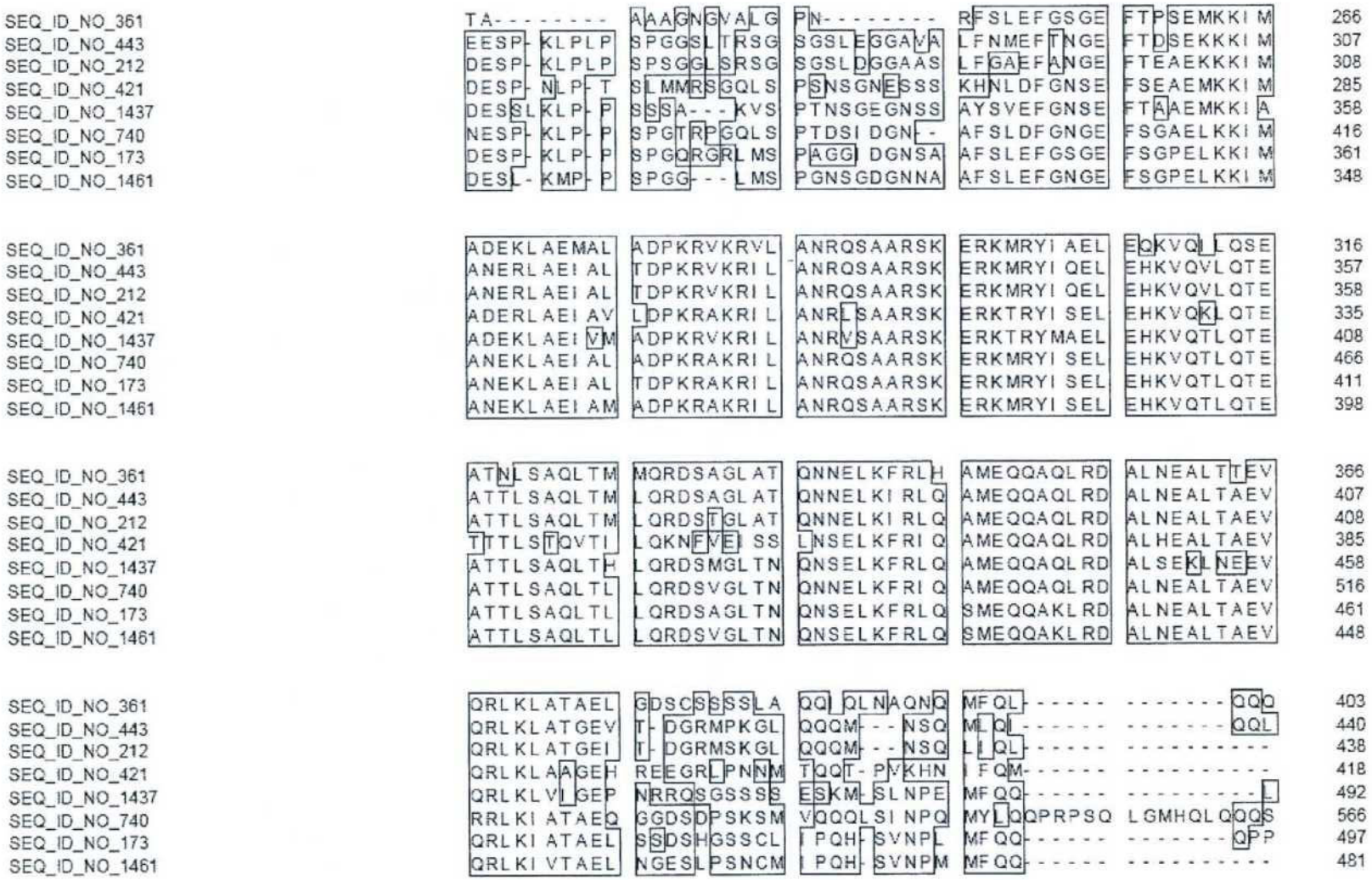


FIG. 56 (CONTINUAÇÃO)

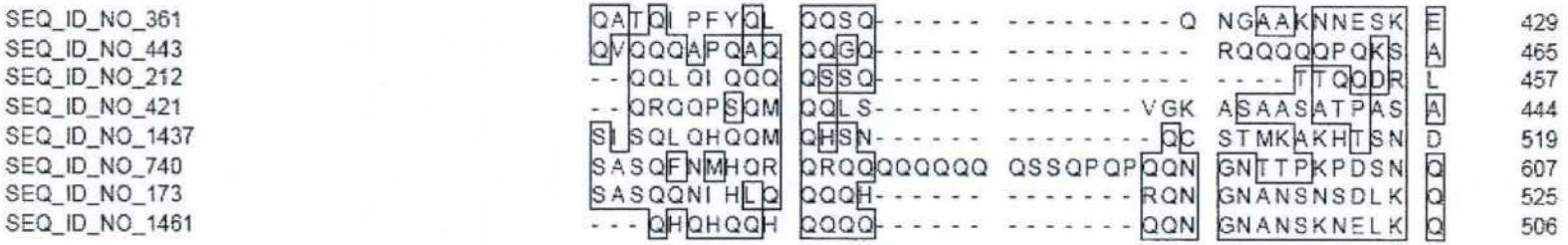
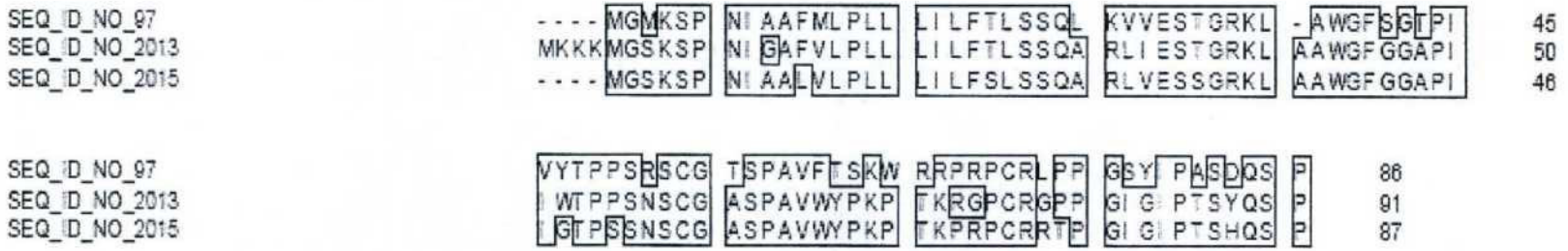


FIG. 57


SEQ_ID_NO_97 ----MGMKSP NIAAFMLPLL LILFTLSSQL KVVESTGRKL -AWGFSGTPI 45
SEQ_ID_NO_2013 MKKKMGSKSP NIGAFVLPLL LILFTLSSQA RLIESTGRKL AAWGFGGAPI 50
SEQ_ID_NO_2015 ----MGSKSP NIAALVLPLL LILFSLSSQA RLVESSGRKL AAWGFGGAPI 46
SEQ_ID_NO_97 VYTPPSRSCG TSPAVFTSKW RRPRPCRLPP GSY PASDQS P 86
SEQ_ID_NO_2013 WTPPSNSCG ASPAVWYPKP TKRGPCRGPP GIG PTSYQS P 91
SEQ_ID_NO_2015 GTPSSNSCG ASPAVWYPKP TKPRPCRRTP GIG PTSHQS P 87