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

(11) PI 0318805-1 B1

(22) Data do Depósito: 18/09/2003

(45) Data de Concessão: 12/03/2019

(54) Título: VETOR DE EXPRESSÃO E PROCESSO DE PRODUÇÃO DE PLANTA TRANSGÊNICA

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

(30) Prioridade Unionista: 17/12/2002 US 60/434,166; 18/09/2002 US 60/411,837; 24/04/2006 US 60/465,809.

(73) Titular(es): MENDEL BIOTECHNOLOGY, INC..

(72) Inventor(es): CAI-ZHONG JIANG; JAQUELINE E. HEARD; OLIVER RATCLIFFE; ROBERT A. CREELMAN; LUC J. ADAM; T. LYNNE REUBER; JOSE LUIS RIECHMANN; VOLKER HAAKE; ARNOLD N. DUBELL; JAMES S. KEDDIE; BRADLEY K. SHERMAN.

(86) Pedido PCT: PCT US2003030292 de 18/09/2003

(87) Publicação PCT: WO 2004/031349 de 15/04/2004

(85) Data do Início da Fase Nacional: 11/03/2009

(62) Pedido Original do Dividido: PI0314389-9 - 18/09/2003

(57) Resumo: POLINUCLEOTÍDEO RECOMBINANTE, VETOR DE EXPRESSÃO, PROCESSO DE PRODUÇÃO DE PLANTA TRANSGÊNICA, PLANTAS E SEMENTES ASSIM PRODUZIDAS E CONSTRUTO DE EXPRSSÃO. A Invenção refere-se a polipeptídeos de fator de transcrição de plantas, aos polinucleotídeos que codificam os mesmos, aos homólogos de uma variedade de espécie de planta e aos processos de utilização dos polinucleotídeos e dos polipeptídeos para a produção de plantas transgênicas que possuem propriedades vantajosas comparadas a uma planta de referência. A informação das sequências relacionadas a estes polinucleotídeos e polipeptídeos também pode ser utilizada em processos de busca por bioinformática e é também divulgada.

Relatório Descritivo da Patente de Invenção para **"VETOR DE EXPRESSÃO E PROCESSO DE PRODUÇÃO DE PLANTA TRANSGÊNICA".**

Pedido dividido do PI 0314389-9 de 18.09.2003.

Campo Técnico

[0001] A presente invenção refere-se ao campo da biologia vegetal e às composições e aos métodos para a modificação do fenótipo de uma planta.

Antecedentes da Invenção

[0002] As características de uma planta, tais como suas características bioquímicas, de desenvolvimento ou fenotípicas, podem ser controladas através de vários processos celulares. Uma forma importante de manipular tal controle é através de fatores de transcrição - proteínas que influenciam a expressão de um gene ou de conjuntos de genes particulares. As plantas transformadas e transgênicas compreendem células que possuem níveis alterados de pelo menos um fator de transcrição selecionado e podem possuir características vantajosas ou desejáveis. Estratégias para a manipulação das características através da alteração de um teor de fator de transcrição de uma célula vegetal podem, portanto, resultar em plantas e plantas de cultivo com propriedades comercialmente valiosas novas e/ou melhoradas.

[0003] Os fatores de transcrição podem modular a expressão gênica, aumentando ou diminuindo (induzindo ou reprimindo) a taxa de transcrição. Esta modulação resulta em níveis diferenciais de expressão gênica em vários estágios do desenvolvimento, em tecidos e células vegetais diferentes e em resposta a estímulos exógenos (por exemplo, ambientais) e endógenos diferentes ao longo de todo o ciclo

de vida do organismo.

[0004] Devido ao fato de que os fatores de transcrição são elementos controladores importantes das vias biológicas, a alteração dos níveis de expressão de um ou mais fatores de transcrição pode alterar todas as vias biológicas em um organismo. Por exemplo, a manipulação dos níveis de fatores de transcrição selecionados pode resultar na maior expressão de proteínas ou biomoléculas economicamente úteis em plantas ou na melhoria de outras características relevantes para a agricultura. De forma inversa, a expressão bloqueada ou reduzida de um fator de transcrição pode reduzir a biossíntese de compostos indesejáveis ou remover uma característica indesejável. Portanto, a manipulação dos níveis dos fatores de transcrição em uma planta oferece um potencial enorme na biotecnologia da agricultura para a modificação das características de uma planta. Um número das características relevantes para a agricultura de plantas e de características desejáveis que podem ser imbuídas através da expressão gênica do fator de transcrição modificado, é listado abaixo.

Tolerância ao Resfriamento

[0005] O termo "sensibilidade ao resfriamento" tem sido utilizado para descrever muitos tipos de danos fisiológicos produzidos a temperaturas baixas, mas acima das de congelamento. A maior parte das plantas de cultivo de origens tropicais, tais como a soja, o arroz, o milho e o algodão, é facilmente danificada pelo resfriamento. Os danos típicos causados pelo resfriamento incluem o murchamento, a necrose, a clorose ou o vazamento de íons

das membranas celulares. Os mecanismos básicos da sensibilidade ao resfriamento ainda não são completamente entendidos, mas provavelmente envolvem o nível de saturação das membranas e outras deficiências fisiológicas. Por exemplo, a fotoinibição da fotossíntese (interrupção da fotossíntese por causa de altas intensidades de luz) ocorre frequentemente sob condições atmosféricas claras subsequentes a noites frias tardias do verão/outono. Através de algumas estimativas, o resfriamento contribui para perdas monetárias nos Estados Unidos (EUA) em segundo lugar perdendo somente para a seca e inundação. Por exemplo, o resfriamento pode levar a perdas de rendimento e à menor qualidade do produto através do amadurecimento retardado do milho. Uma outra consequência do crescimento fraco é a cobertura de crescimento bastante fraca na primavera, resultando frequentemente na erosão do solo, na maior ocorrência de plantas daninhas e menor captação de nutrientes. Uma captação retardada de nitrogênio mineral também poderia levar a maiores perdas de nitrato na água do solo.

Tolerância ao congelamento.

[0006] O congelamento é um estresse ambiental principal que limita onde as plantas de cultivo podem ser cultivadas e que reduz consideravelmente os rendimentos, dependendo do tempo em uma estação particular de cultivo. Em adição aos anos excepcionalmente estressantes que causam perdas mensuráveis de bilhões de dólares, um estresse menos extremo causa quase que certamente reduções menores nos rendimentos ao longo de áreas grandes para produzir reduções no rendimento de um valor similar em dólares a

cada ano. Por exemplo, nos EUA, estima-se que os congelamentos precoces no outono de 1995 tenham causado perdas de mais de um bilhão de dólares no milho e na soja. A primavera de 1998 viu danos estimados de $ 200 M apenas na Geórgia nas indústrias do pêssego, do vacínio e do morango. Os congelamentos ocasionais na Flórida alteraram o cinturão de frutas cítricas mais ao sul por causa de perdas de $ 100 M ou maiores. A Califórnia sustentou danos de $ 650 M em 1998 nos plantios de plantas cítricas por causa de um congelamento no inverno. Em adição, certas plantas de cultivo, tal como, o *Eucalyptus*, que possui propriedades muito favoráveis de crescimento rápido e de boa qualidade de maderia para produção de pasta, não são capazes de crescer em estados do sudeste por causa dos congelamentos ocasionais.

[0007] A resistência ao inverno inerente à planta de cultivo determina em quais áreas agricultura esta pode sobreviver ao inverno. Por exemplo, para o trigo, a região central norte dos EUA possui invernos que são muito frios para boas plantações de trigo no inverno. Aproximadamente 20% do cultivo de trigo dos EUA correspondem ao trigo da primavera, com um valor de mercado de $ 2 bilhões. Áreas de cultivo do trigo da primavera poderiam se beneficiar através do cultivo de trigo do inverno que tivesse maior resistência ao inverno. Assumindo um aumento de rendimento de 25% quando se cultiva o trigo do inverno, isto criaria $500 M de valor aumentado. Adicionalmente, o trigo do inverno existente é gravemente estressado pelas condições de congelamento e deve possuir maiores rendimentos com uma tolerância maior a estes estresses. Uma estimativa do

benefício do rendimento destas características é de 10% dos $ 4,4 bilhões do cultivo de trigo do inverno nos EUA ou um aumento no rendimento de $ 444 M, assim como uma melhor sobrevivência em condições extremas de congelamento que ocorrem periodicamente.

[0008] Assim, plantas mais resistentes ao congelamento, tanto congelamentos no meio do inverno quanto em congelamentos repentinos, protegeriam o investimento dos fazendeiros, aumentariam os rendimentos e a qualidade e permitiriam que agricultores em algumas regiões geográficas cultivassem plantas de cultivo mais vantajosas e produtivas. Adicionalmente, as plantas de cultivo de inverno, tais como, a canola, o trigo e a cevada possuem aumentos nos rendimentos de 25% até 50% em relação às variedades plantadas na primavera das mesmas plantas de cultivo. Este aumento no rendimento é devido ao "head start" que as plantas de cultivo plantadas no outono possuem em relação às plantas de cultivo plantadas na primavera e de atingirem a maturidade mais cedo embora as temperaturas, a umidade do solo e a falta de agentes patogênicos forneçam condições mais favoráveis.

Tolerância ao sal.

[0009] Um em cinco hectares de terra irrigada é danificado pelo sal, um fator histórico importante no declínio de sociedades agrárias antigas. Espera-se que esta condição apenas piore, reduzindo adicionalmente a disponibilidade da terra que pode ser arada e da produção das plantas de cultivo, uma vez que nenhuma das cinco plantas principais de cultivo para alimentação - trigo, milho, arroz, batatas e soja - pode tolerar sal em excesso.

[0010] Os efeitos prejudiciais do sal sobre as plantas são uma consequência tanto do déficit hídrico resultante no estresse osmótico (similar ao estresse à seca) quanto aos efeitos dos íons de sódio em excesso sobre processos bioquímicos críticos. Assim como o congelamento e a seca, a alta quantidade de sais causa déficit hídrico; a presença de altos teores de sais dificulta que as raízes das plantas extraiam água de seu ambiente (Buchanan e outros (2000) em Biochemistry and Molecular Biology of Plants, American Society of Plant Physiologists, Rockville, MD). A salinidade do solo é assim uma das variáveis mais importantes que determina onde uma planta pode se desenvolver. Em muitas partes do mundo, áreas de terras de tamanho considerável não podem ser cultivadas por causa da salinidade naturalmente alta do solo. Para compactuar com o problema, a salinização de solos que são utilizados para a produção agrícola é um problema significativo e crescente nas regiões que se baseiam enormemente na agricultura. O último é compactuado através da superutilização, da superfertilização e da restrição de água, tipicamente causadas pela alteração climática e pelas demandas da população em crescimento. A tolerância aos sais tem importância particular precocemente no ciclo de vida de uma planta, uma vez que a evaporação da superfície do solo causa um movimento da água para cima e o sal se acumula na camada superior do solo onde as sementes são colocadas. Assim, a germinação ocorre normalmente a uma concentração de sais muito maior que o nível médio de sais no perfil de solo total.

Tolerância à seca.

[0011] Embora a maior parte do clima que sofremos seja rápida e de vida curta, a seca é um fenômeno mais gradual, tomando conta lentamente de uma área e reforçando sua contenção com o tempo. Em casos graves, a seca pode durar por muitos anos e pode ter efeitos devastadores sobre a agricultura e os fornecimentos de água. Com a população em crescimento e a redução crônica da água doce disponível, a seca não é somente o problema relacionado ao clima de número um na agricultura, esta também é classificada como um dos maiores desastres naturais de todos os tempos, causando não somente danos econômicos, mas também perda de vidas humanas. Por exemplo, as perdas da seca dos EUA de 1988 excederam $ 40 bilhões, excedendo as perdas causadas pelo Furacão Andrew em 1992, as enchentes do Rio Mississipi de 1993 e o terremoto de São Francisco em 1989. Em algumas áreas do mundo, os efeitos da seca podem ser bem mais graves. No Horn da África, a seca de 1984-1985 levou a uma fome que matou 750.000 pessoas.

[0012] Os problemas para as plantas causados pela baixa disponibilidade de água incluem estresses mecânicos causados pela eliminação da água celular. A seca também faz com que as plantas fiquem mais susceptíveis a várias doenças (Simpson (1981) "The Value of Physiological Knowledge of Water Stress in Plants", Em Water Stress on Plants, (Simpson, G. M., Ed), Praeger, NY, pp. 235-265).

[0013] Em adição as muitas regiões de terra do mundo que são tão áridas para a maioria, se não para todas as plantas de cultivo, o superuso ou a superutilização da água disponível é resultante em uma maior perda de terra que pode ser utilizada para a agricultura, um processo que,

ao extremo, resulta na desertificação. O problema é ainda combinado pelo maior acúmulo de sais nos solos, como descrito anteriormente, que se adiciona à perda da água disponível nos solos.

[0014] O déficit hídrico é um componente comum de muitos estresses de plantas. O déficit hídrico ocorre em células vegetais quando a taxa total de respiração da planta excede a captação de água. Em adição à seca, outros estresses, tais como a salinidade e a temperatura baixa, produzem desidratação celular (McCue e Hanson (1990) *Trends Biotechnol.* 8: 358-362).

[0015] A transdução de sinal de estresses salino e hídrico consiste em vias de sinalização da homeostase iônica e osmótica. O aspecto iônico do estresse salino é sinalizado através da via SOS em que um complexo da proteína quinase SOS3-SOS2 que responde ao cálcio controla a expressão e a atividade dos transportadores de íons, tal como, o SOS1. A via que regula a homeostase iônica em resposta ao estresse salino foi revisada recentemente por Xiong e Zhu (2002) *Plant Cell Environ.* 25: 131-139.

[0016] O componente osmótico do estresse salino envolve reações complexas vegetais que se sobrepõem às respostas ao estresse hídrico e/ou ao frio.

[0017] Os aspectos comuns da resposta aos estresses a seca, ao frio e salino foram revisados recentemente por Xiong e Zhu (2002) *supra*). Estes incluem:

[0018] (a) alterações transitórias nos níveis citoplasmáticos de cálcio muito precocemente no evento de sinalização (Knight, (2000) *Int. Rev. Cytol.* 195: 269-324; Sanders e outros (1999) *Plant Cell* 11: 691-706);

[0019] (b) transdução de sinal através de proteínas quinases ativadas por mitógenos e/ou dependentes de cálcio (CDPKs; ver Xiong e Zhu (2002) *supra*) e proteínas fosfatases (Merlot e outros (2001) *Plant J.* 25: 295-303; Tähtiharju e Palva (2001) *Plant J.* 26: 461-470);

[0020] (c) aumentos nos níveis do ácido abscísico em resposta ao estresse ativando um subconjunto de respostas (Xiong e Zhu (2002) *supra* e referências contidas no mesmo);

[0021] (d) inositol fosfatos como moléculas sinais (pelo menos para um subconjunto das alterações transcricionais em resposta ao estresse (Xiong e outros (2001) *Genes Dev.* 15: 1971-1984));

[0022] (e) ativação de fosfolipases que por sua vez geram um arranjo distinto de moléculas de segundo mensageiro, algumas das quais poderiam regular a atividade de quinases que respondem ao estresse (a fosfolipase D funciona de uma forma independente ao ABA, Frank e outros (2000) *Plant Cell* 12: 111-124);

[0023] (f) indução de tipos de genes abundantes na embriogênese tardia (LEA) incluindo os genes COR/RD contendo CRT/DRE (Xiong e Zhu (2002) *supra*);

[0024] (g) níveis maiores de antioxidantes e osmólitos compatíveis, tais como a prolina e açúcares solúveis (Hasegawa e outros (2000) *Annu. Rev. Plant Mol. Plant Physiol.* 51: 463-499);

[0025] (h) acúmulo da espécie reativa do oxigênio tais como o superóxido, o peróxido de hidrogênio e radicais de hidroxila (Hasegawa e outros (2000) *supra*).

[0026] A biossíntese do ácido abscísico é regulada

através do estresse osmótico em várias etapas. A sinalização ao estresse osmótico tanto dependente do ABA quanto independente do ABA modifica primeiramente os fatores de transcrição expressos de forma constitutiva, levando à expressão de ativadores da transcrição de resposta inicial, que então ativam os genes efetores da tolerância ao estresse a jusante.

[0027] Com base nas características comuns de muitos aspectos das respostas ao estresse ao frio, a seca e salino, pode ser concluído que os genes que aumentam a tolerância ao estresse ao frio ou salino podem aumentar a proteção ao estresse a seca. Na verdade isto realmente foi demonstrado para os fatores de transcrição (no caso de AtCBF/DREB1) e para outros genes, tal como, OsCDPK7 (Saijo e outros (2000) *Plant J.* 23: 319-327) ou AVP1 (uma bomba de prótons da pirofosfatase vacuolar; Gaxiola e outros (2001) *Proc. Natl. Acad. Sci.* USA 98: 11444-11449).

Tolerância ao calor.

[0028] A germinação de muitas plantas de cultivo é muito sensível à temperatura. Um fator de transcrição que aumentaria a germinação em condições quentes seria útil para as plantas de cultivo que são plantadas tardiamente na estação ou em climas quentes. As plantas jovens e as plantas maduras que são expostas ao calor excessivo podem sofrer choque térmico, que pode ocorrer em vários órgãos, inclusive nas folhas e particularmente no fruto, quando a transpiração é insuficiente para vencer o estresse térmico. O calor também danifica as estruturas celulares, incluindo as organelas e o citoesqueleto e prejudica a função das membranas (Buchanan, *supra*).

[0029] O choque térmico pode resultar de um decréscimo na síntese global das proteínas, acompanhado pela expressão de proteínas do choque térmico. As proteínas do choque térmico funcionam como acompanhantes e estão envolvidas no redobramento das proteínas desnaturadas pelo calor.

Tolerância a baixos níveis de nitrogênio e de fósforo.

[0030] A capacidade de todas as plantas de remover nutrientes de seu ambiente é essencial para a sobrevivência. Assim, a identificação de genes que codificam polipeptídeos com atividade de fator de transcrição pode permitir a geração de plantas transgênicas que são mais capazes de fazer uso de nutrientes disponíveis em ambientes pobres em nutrientes.

[0031] Dentre os macronutrientes mais importantes para o cultivo de plantas que possuem o maior impacto sobre o rendimento das plantas de cultivo estão os compostos que contêm nitrogênio e fósforo. Os fertilizantes que contêm nitrogênio e fósforo são utilizados de forma intensiva nas práticas agrícolas atualmente. Um aumento nos rendimentos de plantas de cultivo de grãos de 0,5 até 1,0 tonelada métrica por hectare até 7 toneladas métricas por hectare acompanhou o uso de fertilizante comercial de nitrogênio fixado na produção agrícola (Vance (2001) *Plant Physiol* 127: 390-397). Dadas as práticas atuais, com a finalidade de satisfazerem as demandas de produção de alimentos nos anos que virão, serão necessários aumentos consideráveis na quantidade de fertilizantes que contêm nitrogênio e fósforo (Vance, *supra*).

[0032] O nitrogênio (N) é o elemento mais abundante

na terra e ainda é um dos elementos mais limitantes para o cultivo de plantas por causa de sua falta de disponibilidade no solo. As plantas obtêm o N do solo partindo de várias fontes incluindo fertilizantes comerciais, adubo e mineralização da matéria orgânica. O uso intensivo de fertilizantes com N nas presentes práticas agrícolas é problemático, o processo de Haber-Bosch de energia intensiva produz fertilizante com N e estima-se que os EUA utilizem anualmente entre 3-5% do gás natural da nação para este processo. Em adição ao custo da produção de fertilizantes com N e a eliminação de fontes não-renováveis, o uso de fertilizantes com N levou à eutroficação de ecossistemas de água doce e à contaminação da água potável por causa do escoamento do fertilizante em excesso nos suprimentos de águas profundas.

[0033] O fósforo (P) é o segundo somente em relação ao N em sua importância como um macronutriente para o cultivo de plantas e para seu impacto sobre o rendimento das plantas de cultivo. O fósforo é extremamente imóvel e não fica facilmente disponível para as raízes no solo e é, portanto, frequentemente limitante do crescimento das plantas. O fosfato inorgânico (Pi) é um constituinte de várias moléculas importantes necessárias para a transferência de energia, para a regulação metabólica e para a ativação de proteínas (Marschner (1995) Mineral Nutrition of Higher Plants, 2ª ed., Academic Press, São Diego, CA). As plantas evoluíram várias estratégias para auxiliar a lidar com a falta de P e N que incluem adaptações metabólicas assim como do desenvolvimento. A maior parte, se não todas, destas estratégias possuem

componentes que são regulados no nível da transcrição e, portanto, são tratáveis à manipulação através dos fatores de transcrição. As adaptações metabólicas incluem o aumento da disponibilidade de P e de N através do aumento da captação do solo através da indução de transportadores de alta afinidade e de baixa afinidade e/ou do aumento da mobilização de P e de N na planta. As adaptações do desenvolvimento incluem aumentos nas raízes primárias e secundárias, aumentos no número e no comprimento dos pelos das raízes e associações com fungos micorrizais (Bates e Lynch (1996) *Plant Cell Environ.* 19: 529-538; Harrison (1999) *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 50: 361-389).

Resistência a doenças.

[0034] O controle de doenças é um custo significativo na produção de plantas de cultivo por todo o mundo. De acordo com os relatórios da EPA para 1996 e 1997, os fazendeiros dos EUA gastam aproximadamente $ 6 bilhões em fungicidas anualmente. Apesar deste gasto, de acordo com uma inspeção realizada pela organização de alimentos e agricultura, as doenças de plantas ainda reduzem a produtividade das plantas de cultivo por todo o mundo em 12% e somente nos EUA, as perdas econômicas causadas pelos agentes patogênicos vegetais chegam a 9,1 bilhões de dólares (FAO, 1993). Os dados destes relatórios e de outros demonstram que apesar da disponibilidade do controle químico, somente uma pequena proporção das perdas causadas por doenças pode ser prevenida. Não somente os tratamentos fungicidas e antibacterianos são caros para os fazendeiros, mas sua aplicação espalhada impõe riscos tanto ambientais

quanto para a saúde. O uso da biotecnologia vegetal para engenheirar plantas de cultivo resistentes tem o potencial de produzir um impacto econômico significativo sobre a agricultura e as indústrias florestais de duas formas: reduzindo os custos monetários e ambientais da aplicação de fungicidas e reduzindo tanto as perdas pré-colheita quanto pós-colheita das plantas de cultivo que ocorrem atualmente apesar do uso de práticas de controle de doenças caras.

[0035] As doenças causadas por fungos, bactérias, oomicetos, vírus e nematóides de plantas são problemas ubíquos e importantes e frequentemente têm impacto grave sobre o rendimento e a qualidade da planta de cultivo e de outras plantas. Alguns poucos exemplos de doenças de plantas incluem:

[0036] O míldio em pó, causado pelos fungos *Erysiphe, Sphaerotheca, Phyllactinia, Microsphaera, Podosphaera* ou *Uncinula*, por exemplo, no trigo, no feijão, nas cucurbitáceas, na alface, na ervilha, da uva, nas plantas de cultivo de árvores frutíferas, assim como. rosas, flox, lilás, gramíneas e *Euonymus*;

[0037] As doenças causadas por *Fusarium*, tais como, o murchamento por *Fusarium* em cucurbitáceas, bolha principal de *Fusarium* na cevada e no trigo, murchamento e apodrecimento das raízes no tomate;

[0038] Morte súbita do carvalho, causada pelo oomiceto *Phytophthora ramorum*; esta doença foi detectada primeiro em 1995 em carvalhos castanhos da Califórnia. A doença, desde então, matou mais de 100.000 carvalhos castanhos, carvalhos que vivem na costa, carvalhos negros e carvalhos de Shreve nas regiões costais do norte da

Califórnia e mais recentemente no sudoeste do Oregon (Roach (2001) National Geographic News, 6 de dezembro de 2001);

[0039] Sigatoka Negra, uma doença fúngica causada pelas espécies de *Mycosphaerella* que ataca a folhagem da banana, está se espalhando ao longo de todas as regiões do mundo que são responsáveis pela produção da maior parte do plantio de banana;

[0040] O dessecamento progressivo por *Eutypa*, causada por *Eutypa lata*, afeta um número de plantas de cultivo, inclusive a uva de vinícola. O dessecamento progressivo por *Eutypa* retarda o surgimento de brotos e causa a clorose, interrupção do crescimento e esfarrapamento das folhas;

[0041] A doença de Pierce, causada pela bactéria *Xylella fastidiosa*, interrompe o crescimento de uvas no sudeste dos Estados Unidos e ameaça a indústria vinícola rentável no norte da Califórnia. A bactéria obstrui o sistema vascular das uvas vinícolas, resultando na secagem folhar seguida pela morte lenta das vinhas. Não há tratamento conhecido para a doença de Pierce;

[0042] Manchas Bacterianas causadas pela bactéria *Xanthomonas campestris* causa problemas de doenças graves nos tomates e nas pimentas. É um problema significativo na indústria de tomates da Flórida porque se espalha rapidamente, especialmente em períodos quentes quando há chuva com vento. Sob estas condições, não há medidas de controle adequadas;

[0043] As doenças causadas por vírus da família Geminiviridae constituem um problema agrícola crescente por todo o mundo. Os geminivírus causaram perdas graves no

cultivo do tomate, mandioca e algodão. Por exemplo, na estação de cultivo de 1991-1992 na Flórida, os geminivírus causaram $ 140 milhões em danos no plantio do tomate (Moffat (1991) *Science* 286: 1835). Os geminivírus possuem a capacidade de se recombinar entre cepas para produzir novas variedades virulentas rapidamente. Portanto, há uma necessidade urgente de um controle para geminivírus de amplo espectro;

[0044] O nematóide encistado da soja, *Heterodera glycines*, causa interrupção do crescimento e clorose das plantas de soja, que resultam em perdas no rendimento ou na morte da planta causada pela infestação grave. As perdas anuais nos Estados Unidos foram estimadas em $ 1,5 bilhões (University of Minnesota Extension Service).

[0045] Os agentes patogênicos mencionados anteriormente representam uma fração muito pequena de espécies diversas que afetam gravemente a saúde e o rendimento das plantas. Para uma descrição mais completa de várias doenças vegetais, ver, por exemplo, Vidhyasekaran (1997, Fungal Pathogenesis in Plants and Crops: Molecular Biology and Host Defense Mechanisms, Marcel Dekker, Monticello, NY) ou Agrios (1997, Plant Pathology, Academic Press, Nova York, NY). As plantas que são capazes de resistir à doença podem produzir rendimentos significativamente maiores e melhor qualidade dos alimentos. É assim de importância considerável encontrar genes que reduzem ou previnem doenças.

Impedimento reduzido à sombra.

[0046] O impedimento à sombra descreve o processo em que as plantas que crescem em proximidade íntima tentam

competir uma com as outras através do aumento do comprimento dos caules às custas do desenvolvimento folhar, de frutos e de órgãos de armazenamento. Isto é causada pela resposta da planta à radiação far infravermelha refletida pelas folhas de plantas vizinhas, que é mediada pelos fotorreceptores para o fitocromo. A proximidade íntima com outras plantas, como é produzida em plantações de plantas de cultivo de alta densidade, aumenta a proporção relativa da irradiação de far infravermelho e, portanto, induz a resposta de impedimento da sombra. O impedimento à sombra afeta adversamente a biomassa e o rendimento, particularmente quando folhas, frutos ou outros órgãos de armazenamento constituem a planta de cultivo desejada (ver, por exemplo, Smith (1982) *Annu. Rev. Plant Physiol.* 33: 481-518; Ballare e outros (1990) *Science* 247: 329-332; Smith (1995) *Annu. Dev. Plant Physiol. Mol. Biol.*, 46: 289-315; e Schmitt e outros (1995), *American Naturalist*, 146: 937-953). Foi mostrado que a alteração da resposta de impedimento da sombra no tabaco através da alteração de níveis de fitocromos produz um aumento no índice de colheita (biomassa folhar/biomassa total) a uma alta densidade de plantação, que resultaria em um maior rendimento (Robson e outros (1996) *Nature Biotechnol.* 14: 995-998).

Tempo alterado de florescência e controle da florescência.

[0047] A sincronia da florescência possui um impacto significativo sobre a produção de produtos agrícolas. Por exemplo, variedades com respostas diferentes de florescência às informações ambientais são necessárias para adaptar as plantas de cultivo a regiões ou sistemas de

produção diferentes. Tal faixa de variedades foi desenvolvida para muitas plantas de cultivo, incluindo o trigo, o milho, a soja e o morango. Métodos melhorados para a alteração do tempo de florescência facilitarão o desenvolvimento de variedades novas adaptadas geograficamente.

[0048] Os programas de reprodução para o desenvolvimento de novas variedades podem ser limitados pelo ciclo semente-a-semente. Assim, as novas variedades de reprodução de plantas com ciclos de vários anos (tais como, bienais, por exemplo, a cenoura ou as árvores frutíferas, tais como as de frutas cítricas) podem ser muito lentas. Em relação aos programas de reprodução, haveria uma vantagem significativa em se ter plantas comercialmente valiosas que exibem períodos que podem ser controlados e modificados para a florescência ("tempos de florescência"). Por exemplo, a florescência acelerada encurtaria os programas de reprodução de plantas de cultivo e de árvores.

[0049] O controle melhorado da florescência permite que mais de uma plantação e uma colheita de uma planta de cultivo sejam feitas dentro de uma única estação. A florescência precoce também melhoraria o tempo para colher as plantas em que a parte floral da planta constitui o produto (por exemplo, brócolis, couve-flor e outras flores comestíveis). Em adição, o controle químico da florescência através da indução ou da inibição da florescência nas plantas poderia oferecer uma vantagem significativa para os agricultores que poderiam fornecer uma produção mais uniforme de frutos (por exemplo, no morango).

[0050] Um número bastante grande de plantas para as

quais a parte vegetativa da planta forma o cultivo valioso, tende a "florescer de forma precoce" drasticamente (por exemplo, espinafre, cebola, alface), após o que a produção da biomassa declina e a qualidade do produto diminui (por exemplo, através da senescência ativada pela florescência de partes vegetativas). O retardo ou a prevenção da florescência também pode reduzir ou evitar a disseminação de pólen de plantas transgênicas.

Maior tamanho e biomassa.

[0051] A capacidade de aumentar a biomassa ou o tamanho de uma planta possui várias aplicações comerciais importantes. Podem ser geradas espécies de plantas de cultivo que produzem rendimentos mais altos em cultivares maiores, particularmente aqueles em que a parte vegetativa da planta é comestível. Por exemplo, o aumento da biomassa folhar das plantas pode aumentar o rendimento dos vegetais de folhas para consumo humano ou animal. Adicionalmente, o aumento da biomassa folhar pode ser utilizado para aumentar a obtenção de produtos farmacêuticos ou industriais derivados de plantas. Aumentando a biomassa da planta, podem ser obtidos níveis de produção maiores dos produtos partindo das plantas. As folhas do tabaco, em particular, foram empregadas como "fábricas" vegetais para gerar tais produtos. Além disso, pode ser desejável aumentar os rendimentos do plantio de plantas através do aumento da fotossíntese total da planta. Um aumento na fotossíntese total da planta é tipicamente conseguido através do aumento da área folhar da planta. A capacidade fotossintética adicional pode ser utilizada para aumentar o rendimento derivado de um tecido vegetal particular, incluindo as

folhas, as raízes, os frutos ou a semente. Em adição, a capacidade de modificar a biomassa das folhas pode ser útil para permitir o crescimento de uma planta sob intensidade reduzida da luz ou sob intensidade alta da luz. A modificação da biomassa de um outro tecido, tal como, das raízes, pode ser útil para aumentar a capacidade da planta de crescer sob condições ambientais rigorosas, incluindo a seca ou a falta de nutrientes, porque as raízes podem crescer mais profundamente no solo. A maior biomassa pode também ser uma consequência de algumas estratégias para a maior tolerância aos estresses, tal como, o estresse, a seca. O início de um crescimento vegetal em resposta a um estresse (por exemplo, expansão de órgãos laterais, aumento na circunferência do caule etc.) pode ser retardado para possibilitar que a planta ative respostas adaptativas. A taxa de crescimento que é menos sensível ao controle induzido pelo estresse pode resultar em um maior tamanho de planta, particularmente na fase tardia do desenvolvimento.

[0052] Para algumas plantas ornamentais, a capacidade de produzir variedades maiores seria altamente desejável. Para muitas plantas, incluindo árvores que carregam frutos, árvores que são utilizadas para a produção de madeiras para construção ou árvores e arbustos que servem como visor ou proteção contra o vento, a maior estatura fornece melhores benefícios nas formas de rendimento maior ou melhor seleção.

[0053] Devido ao fato de que o maior rendimento pode ser bastante valioso para os cultivadores, acredita-se que haja uma oportunidade comercial significativa para a engenharia da tolerância ou da resistência a agentes

patogênicos utilizando plantas transgênicas com expressão alterada dos presentes fatores de transcrição vegetais. As plantas de cultivo engenheiradas dessa maneira fornecerão maiores rendimentos e podem ser utilizadas para melhorar a aparência de plantas ornamentais. A presente invenção satisfaz uma necessidade na técnica através do fornecimento de novas composições que são úteis para a engenharia de plantas com maior biomassa ou tamanho e que possuem o potencial de aumentar o rendimento.

Taxa de crescimento modificada.

[0054] Para quase todas as plantas de cultivo comerciais, é desejável utilizar plantas que se estabeleçam mais rapidamente, uma vez que as plantas novas partindo de sementes e as plantas jovens são particularmente susceptíveis às condições de estresse, tal como, a salinidade ou doença. Uma vez que muitas ervas daninhas podem crescer mais que as plantas de cultivo jovens ou competir com as mesmas por nutrientes, seria também desejável determinar meios para permitir que plantas de cultivo jovens competissem com as espécies daninhas. O aumento da taxa de crescimento das plantas jovens partindo de sementes (emergência) contribui para o vigor da planta jovem partindo de sementes e permite que as plantas de cultivo sejam plantadas mais cedo na estação com menor preocupação em relação a perdas causadas pelos fatores ambientais. O plantio mais cedo auxilia a adicionar dias ao período crítico de preenchimento dos grãos e aumenta o rendimento.

[0055] O fornecimento de meios para acelerar ou para retardar o crescimento vegetal seria também desejado

para a horticultura ornamental. Se tais meios forem fornecidos, as plantas de crescimento lento podem exibir uma produção de pólen ou um período de frutificação prolongado, aumentando assim a fertilização ou estendendo a estação de colheita.

Senescência e morte celular modificadas.

[0056] A senescência prematura, ativada por vários estresses de plantas, pode limitar a produção tanto da biomassa de folhas quanto do rendimento de sementes. Os genes dos fatores de transcrição que suprimem a senescência ou a morte celular prematura em resposta aos estresses podem fornecer meios para aumentar o rendimento, particularmente para as plantas para as quais a parte vegetativa da planta representa o produto comercial (por exemplo, espinafre, alface).

[0057] Embora se acredite que a senescência folhar seja uma adaptação evolutiva para reciclar os nutrientes, a capacidade de controlar a senescência em uma unidade agrícola possui valor significativo. Por exemplo, um retardo na senescência folhar em alguns híbridos do milho está associado com um aumento significativo nos rendimentos e um retardo de alguns dias na senescência de plantas de soja pode ter um grande impacto sobre o rendimento. Em uma unidade experimental, as plantas de tabaco engenheiradas para inibir a senescência folhar possuíam um tempo de vida fotossintético mais longo e produziam um aumento de 50% no peso seco e no rendimento de sementes (Gan e Amasino (1995) *Science* 270: 1986-1988). A senescência floral retardada pode gerar plantas que mantêm suas florescências mais tempo e isto pode ter interesse potencial para a indústria da

horticultura ornamental e a senescência retardada folhar e de frutos poderia aumentar a meia-vida pós-colheita do produto.

[0058] Ainda, a morte celular programada desempenha uma função em outras respostas da planta, incluindo a resposta de resistência a doença e alguns sintomas de doenças, por exemplo, que são causados por agentes patogênicos necrotróficos, tais como, *Botrytis cinerea* e *Sclerotinia sclerotiorum* (Dickman e outros *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 98: 6957-6962). A senescência localizada e/ou a morte celular podem ser utilizadas pelas plantas para conter o espalhamento de microorganismos prejudiciais. Uma resposta à morte celular localizada específica, a "resposta hipersensível" é um componente de resistência à doença específica ao tipo mediada por genes de resistência da planta. Acredita-se que a resposta hipersensível é auxilia a limitar o crescimento de agentes patogênicos e a iniciar uma via de transdução de sinal que leva à indução de defesas sistêmicas da planta. A senescência acelerada pode ser uma defesa contra agentes patogênicos obrigatórios, tal como, o míldio em pó que conta com o tecido vegetal saudável para nutrientes. Em relação ao míldio em pó, *Botrytis cinerea*, *Sclerotinia sclerotiorum* e outros agentes patogênicos, os fatores de transcrição que melhoram a morte celular e/ou os danos podem reduzir as perdas econômicas significativas encontradas, tal como, por exemplo, *Botrytis cinerea* no morango e na uva.

Sensibilidade alterada aos açúcares

[0059] Os açúcares são moléculas reguladoras importantes que afetam processos diversos nas plantas

superiores incluindo a germinação, o crescimento, a florescência, a senescência, o metabolismo dos açúcares e a fotossíntese. A sacarose, por exemplo, é a forma de transporte principal do produto da fotossíntese e foi mostrado que seu fluxo através das células afetam a expressão gênica e altera o acúmulo de compostos de armazenamento nas sementes (relações fonte-sumidouro). A sensibilidade a hexose específica à glicose também foi descrita em plantas e está implicada na divisão celular e na repressão de genes de "inanição" (fotossintéticos ou ciclos do glioxilato).

Morfologia alterada

[0060] Os tricomas são crescimentos epidérmicos ramificados ou não-ramificados ou estruturas de pelos em uma planta. Os tricomas produzem uma variedade de produtos bioquímicos secundários, tais como, os diterpenos e as ceras, os primeiros sendo importantes, por exemplo, como feromônios para insetos e as últimas como protetoras contra a dessecação e pragas herbívoras. Uma vez que os diterpenos também possuem valor comercial como sabores, aromas, pesticidas e produtos cosméticos e valor potencial como agentes antitumor e substâncias mediadoras da inflamação, têm sido tanto produtos quanto o alvo de pesquisa considerável. Na maior parte dos casos em que as vias metabólicas são impossíveis de serem engenheiradas, o aumento da densidade ou do tamanho dos tricomas nas folhas pode ser a única forma de aumentar a produtividade da planta. Assim, seria vantajoso descobrir os genes dos fatores de transcrição que afetam os tricomas com a finalidade de aumentar a densidade, o tamanho ou o tipo dos

tricomas para produzir plantas que são mais bem protegidas de insetos ou que produzem maiores quantidades de metabólitos secundários.

[0061] A capacidade de manipular a composição, a quantidade ou a distribuição das ceras poderia modificar a tolerância da planta à seca e à baixa umidade ou a resistência a insetos, assim como, a aparência da planta. Em particular, uma aplicação possível para um gene de fator de transcrição que reduz a produção de cera nos revestimentos de sementes de girassol seria reduzir o acúmulo de resíduos durante o processamento do óleo das sementes. O anti-sentido ou a co-supressão de fatores de transcrição envolvidos na biossíntese da cera de uma maneira específica ao tecido pode ser utilizada para alterar especificamente a composição, a quantidade ou a distribuição da cera nas plantas e plantios dos quais a cera é um atributo ou um produto valioso ou um constituinte indesejável das plantas.

[0062] Em muitos exemplos, as sementes de uma planta constituem uma planta de cultivo valiosa. Estas incluem, por exemplo, as sementes de muitos legumes, nozes e grãos. A descoberta de meios para a produção de uma semente maior forneceria um valor significativo através da realização de um aumento no rendimento do plantio.

[0063] As modificações na estrutura das flores podem ter efeitos vantajosos ou deletérios sobre a fertilidade e poderiam ser utilizadas, por exemplo, para aumentar a fertilidade através da ausência, da redução ou da seleção de componentes reprodutivos. Isto poderia ser uma característica desejável, uma vez que poderia ser

explorada para prevenir ou para minimizar a fuga de pólen de organismos modificados geneticamente no ambiente.

[0064] A manipulação dos padrões de ramificação da inflorescência também pode ser utilizada para influenciar no rendimento e oferecer o potencial para técnicas de colheita mais eficientes. Por exemplo, uma mutação "autopoda" do tomate resulta em um padrão de crescimento determinado e facilita a colheita mecânica (Pnueli e outros (2001) *Plant Cell* 13(12): 2687-2702).

[0065] Outras características morfológicas que podem ser desejáveis em plantas incluem as de uma natureza ornamental. Estas incluem alterações na coloração das sementes, na coloração total, da forma das folhas e das flores, na coloração das folhas, no tamanho das folhas ou no brilho das folhas. As alterações na coloração da planta ou de partes da planta, causadas através da modificação, por exemplo, dos níveis de antocianina, forneceriam novas características morfológicas.

[0066] As plantas que produzem folhas escuras podem ter benefícios para a saúde humana; os flavonóides, por exemplo, têm sido utilizados para inibir o crescimento de tumores, prevenir a perda óssea e para a prevenção da oxidação de lipídeos em animais e seres humanos. As plantas em que o tamanho das folhas é maior, forneceriam provavelmente maior biomassa, que seria particularmente valioso para as plantas de cultivo em que a parte vegetativa da planta constitui o produto. As plantas com folhas brilhosas produzem geralmente mais cera epidérmica que, se pudesse ser aumentada, resultaria em uma aparência prazerosa para muitas plantas ornamentais, auxiliaria na

prevenção da dessecação e resistiria a insetos herbívoros e agentes causadores de doenças. As plantas com a inflorescência alterada, incluindo, por exemplo, flores maiores ou configurações florais distintas, podem ter alto valor na indústria da horticultura ornamental.

[0067] As alterações da dominância apical ou da arquitetura da planta criariam novas variedades de plantas. Plantas anãs podem ter interesse potencial para a indústria da horticultura ornamental e plantas menores mais na forma de arbustos podem também ter maior resistência à acomodação.

Óleo alterado das sementes

[0068] A composição de sementes, particularmente em relação à quantidade e/ou à composição do óleo das sementes, é muito importante para o valor nutricional e para a produção de vários alimentos e produtos alimentícios. As melhorias desejáveis aos óleos incluem maior estabilidade ao calor, maior qualidade nutricional, por exemplo, através da redução do número de calorias na semente, aumento do número de calorias em produtos alimentícios para animais ou alteração da proporção de lipídeos saturados até insaturados que compreendem os óleos.

Proteína alterada das sementes

[0069] Assim como com os óleos das sementes, o teor e a composição das proteínas das sementes é muito importante para o valor nutricional e para a produção de vários alimentos e produtos alimentícios. O teor ou a concentração alterada de proteínas nas sementes pode ser utilizada para fornecer vantagens nutricionais e podem

ainda prolongar a capacidade de armazenamento, aumentar a resistência a pragas ou a doenças da semente ou modificar as taxas de germinação. A composição alterada de aminoácidos das sementes, através da composição alterada de proteínas, é também um objetivo desejado para a melhoria nutricional.

Prenil lipídeos alterados.

[0070] Os prenil lipídeos, incluindo os tocoferóis, desempenham uma função na ancoragem das proteínas nas membranas ou nas organelas membranosas. Os tocoferóis possuem tanto atividade antioxidante quanto de vitamina E. A composição modificada dos tocoferóis das plantas pode assim ser útil para melhorar a integridade e a função das membranas, que podem atenuar os estresses abióticos, tal como, o estresse térmico. O aumento do teor de antioxidante e de vitamina de plantas através do teor aumentado de tocoferóis pode fornecer benefícios úteis para a saúde humana.

Níveis alterados de glicosinolato

[0071] Os aumentos ou os decréscimos no teor de glicosinolatos específicos ou de glicosinolatos totais podem ser desejáveis dependendo da aplicação particular. Por exemplo: (i) os glicosinolatos são componentes indesejáveis de sementes oleosas utilizadas na alimentação animal, uma vez que produzem efeitos tóxicos; variedades de canola com baixo teor de glicosinolatos foram desenvolvidas para combater este problema; (ii) alguns glicosinolatos possuem atividade anticâncer; assim, o aumento dos níveis ou a composição destes compostos pode ser utilizada na produção de produtos nutracêuticos; e (iii) os

glicosinolatos fazem parte da defesa natural de uma planta contra insetos; uma modificação da composição ou da quantidade de glicosinolatos poderia, portanto, fornecer uma maior proteção dos herbívoros. Além disso, promotores específicos ao tecido podem ser utilizados em plantas de cultivo comestíveis para garantir que estes compostos se acumulem especificamente nos tecidos particulares, tal como, a epiderme, que não é utilizada para o consumo humano.

[0072] Foram identificados polinucleotídeos que codificam fatores de transcrição, desenvolvidas várias plantas transgênicas utilizando estes polinucleotídeos e as plantas foram analisadas em relação a uma variedade de características importantes. Fazendo isso, foram identificadas sequências importantes de polinucleotídeos e de polipeptídeos para a produção de plantas e plantios comercialmente valiosos assim como métodos para a produção dos mesmos utilizando os mesmos. Outros aspectos e modalidades da invenção são descritos abaixo e podem ser derivados dos ensinamentos desta divulgação como um todo.

Sumário da Invenção

[0073] A presente invenção está direcionada a novos polinucleotídeos recombinantes, às plantas transgênicas que compreende os polinucleotídeos e aos processos para a produção das plantas transgênicas.

[0074] Os polinucleotídeos recombinantes podem incluir qualquer uma das sequências a seguir:

[0075] as sequências de nucleotídeos encontradas na listagem de sequência;

[0076] sequências de nucleotídeos que codificam

polipeptídeos encontrados na listagem de sequências;

[0077] variações de sequências que têm pelo menos 70% de identidade de sequência a qualquer uma das sequências de nucleotídeos de (a) ou (b);

[0078] sequências de nucleotídeos ortólogas e parálogas que têm pelo menos 70% de identidade de sequência a qualquer uma das sequências de nucleotídeos de (a) ou (b);

[0079] sequência de nucleotídeos que se hibridizam com qualquer uma das sequências de nucleotídeos de (a) ou (b) sob condições rigorosas, que pode incluir, por exemplo, a hibridização com etapas de lavagem de 6x SSC e 65°C durante dez até trinta minutos por etapa; e

[0080] sequências de nucleotídeos que codificam um polipeptídeo que possui um domínio conservado necessário para a função de regulação da transcrição e para a alteração de uma característica em uma planta transgênica, o domínio conservado sendo pelo menos 70% idêntico a um domínio conservado de um polipeptídeo da invenção (isto é, um polipeptídeo listado na listagem de sequências ou codificado por qualquer uma das sequências de nucleotídeos anteriores).

[0081] A invenção se refere ainda a plantas transgênicas que podem ser produzidas através da transformação de plantas com qualquer polinucleotídeo recombinante da invenção. Devido à função destes polinucleotídeos, a planta transgênica ficará alterada fenotipicamente quando comparada com uma planta do tipo selvagem. As características que podem ser alteradas através da transformação de uma planta com um dos

polinucleotídeos presentes são numerosas e variadas e podem incluir, por exemplo:

[0082] maior tolerância a vários estresses abióticos, incluindo os estresses ao frio, ao calor, ao congelamento, a condições de baixo teor de nitrogênio e de fósforo, osmótico tal como, a seca e com altas concentrações de sais;

[0083] maior tolerância à doença, incluindo doença fúngica e particularmente *Erysiphe*, *Fusarium* e *Botrytis*; os presentes polinucleotídeos podem ser utilizados para conferir maior tolerância a vários agentes patogênicos em plantas transformadas;

[0084] sensibilidade ou resistência alterada a tratamentos que incluem o glifosato, o ABA e o ACC,

[0085] sensibilidade alterada ao carbono/nitrogênio (C/N);

[0086] tempo de florescência avançado ou retardado;

[0087] características florais alteradas, tais como, estrutura da flor, perda da determinação da flor ou fertilidade reduzida;

[0088] desenvolvimento alterado do meristema do broto, morfologia alterada do caule e estrutura do tecido vascular e padrões alterados de ramificação;

[0089] dominância apical reduzida;

[0090] densidade, desenvolvimento ou estrutura alterada do tricoma;

[0091] desenvolvimento alterado da raiz, incluindo a massa, a ramificação da raiz e os pêlos radiculares;

[0092] impedimento alterado à sombra;

[0093] características alteradas da semente, tal

como, tamanho, teor de óleos, teor de proteínas, desenvolvimento, amadurecimento, germinação ou teor de prenil lipídeo;

[0094] características alteradas da folha, incluindo tamanho, massa, forma, cor, brilho, teor de prenil lipídeo e outras modificações químicas;

[0095] crescimento mais lento ou mais rápido que o tipo selvagem;

[0096] diferenciação celular alterada

[0097] diferenciação, proliferação e expansão celular alteradas;

[0098] modificação alterada de fase;

[0099] senescência, morte celular programada e necrose alteradas;

[0100] maior tamanho e/ou biomassa da planta, incluindo plantas novas partindo de semente maiores que os controles; plantas anãs; e níveis alterados de pigmentos, incluindo a antocianina, em vários tecidos de plantas.

[0101] Os métodos para a produção de plantas transgênicas que possuem características alteradas também são abrangidos pela invenção. Estas etapas dos métodos incluem, em primeiro lugar, o fornecimento de um vetor de expressão que possui um polinucleotídeo recombinante da invenção e pelo menos um elemento regulador que flanqueia a sequência de polinucleotídeo. De forma geral, o(s) elemento(s) regulador(es) controlam a expressão do polinucleotídeo recombinante em uma planta alvo. O vetor de expressão é então introduzido nas células vegetais. As células vegetais são cultivadas em plantas, que são permitidas superexpressar um polipeptídeo codificado pelo

polinucleotídeo recombinante. Esta superexpressão resulta na alteração de características, na planta. As plantas que possuem características alteradas são identificadas e selecionadas com base no desejo e no grau da característica alterada.

Breve Descrição da Listagem de Sequências e das Figuras

[0102] A Listagem de Sequências fornece exemplos de sequências de polinucleotídeos e de polipeptídeos da invenção. As características associadas com o uso das sequências estão incluídas nos Exemplos.

[0103] A figura 1 mostra uma estimativa conservativa das relações filogenéticas entre as ordens de plantas com florescência (modificada de Angiosperm Phylogeny Group (1998) *Ann. Missouri Bot. Gard.* 84: 1-49). As plantas com um único cotilédone (monocotiledôneas) são um clado monofilético inserido dentro de pelo menos duas linhagens principais de dicotiledôneas; as eucotiledôneas são ainda divididas em rosidas e asteridas. *Arabidopsis* é uma eucotiledônea rosida classificada dentro da ordem Brassicales; o arroz é um membro da ordem Poales de monocotiledôneas. A figura 1 foi adaptada de Daly e outros ((2001) *Plant Physiol.* 127: 1328-1333).

[0104] A figura 2 mostra um dendograma filogenético que representa as relações filogenéticas da taxa de plantas superiores, incluindo os clados que contêm o tomate e a *Arabidopsis*; adaptado de Ku e outros (2000) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 97: 9121-9126; e Chase e outros (1993) *Ann. Missouri Bot. Gard.* 80: 528-580.

[0105] A figura 3A ilustra um exemplo de um ensaio de estresse osmótico. O meio utilizado neste ensaio de

crescimento de raiz continha polietileno glicol (PEG). Após a germinação, as plantas jovens partindo de semente de uma linhagem de superexpressão 35S::G47 (as oito plantas jovens marcadas à esquerda como "OE.G47—22") pareciam maiores e possuíam um crescimento de raiz maior que as quatro plantas jovens partindo de semente do tipo selvagem à direita. Como seria previsto através do ensaio de estresse osmótico, as plantas G47 exibiam maior sobrevivência e tolerância à seca em um ensaio hídrico com base no solo, como tinha G2133, uma paráloga da G47 (ver as figuras 10A e 10B). A figura 3B demonstra ainda um efeito interessante da superexpressão da G47; as plantas 35S::G47 à esquerda e no centro desta fotografia possuíam inflorescências curtas, espessas e carnudas com dominância apical reduzida.

[0106] A figura 4 demonstra um exemplo dos efeitos de uma resposta alterada à luz. Em um ensaio de germinação realizado no meio MS na escuridão, a superexpressão da G354 resultou em cotilédones mais abertos e esverdeados e hipocotilédones espessos comparados com os do tipo selvagem (G354 que superexpressam são marcadas como "G354-29" e do tipo selvagem "WT" nesta figura). As G354 que superexpressam também possuem um fenótipo de tolerância à seca, como indicado no Exemplo VIII, abaixo. Os parálogos intimamente relacionados deste gene, G353 e G2839, exibiam um fenótipo de tolerância ao estresse osmótico em um ensaio de germinação em meios contendo alto teor de glicose. Uma linhagem de plantas jovens partindo de semente 35S::G2839 era mais verde e possuía taxas de germinação maiores que as dos controles. Isto sugere que G354 e seus parálogos G353 e G2839 influenciam nas respostas ao estresse osmótico.

[0107] A figura 5A é uma fotografia de plantas jovens partindo de sementes 35S::G1274 de *Arabidopsis* cultivadas em meios com baixo teor de nitrogênio suplementados com sacarose mais glutamina. As plantas jovens partindo de semente de duas linhagens com superexpressão estão presentes nesta placa (não distinguidas) e ambas as linhagens continham menos antocianina que as plantas jovens partindo de semente do tipo selvagem observadas na figura 5B. A falta de produção de antocianina indicava que estas linhagens estavam menos estressadas que as plantas jovens partindo de semente de controle sob as mesmas condições, um fato confirmado posteriormente em ensaios de seca com base no solo mostrando maior tolerância à seca pelas linhagens que superexpressam G1274. A germinação com a superexpressão de G1274 (figura 5C) e com o tipo selvagem (figura 5D) também foi comparada em um ensaio de germinação no frio, em que foi descoberto que as que superexpressavam eram maiores e mais verdes que as de controle.

[0108] As figuras 6A - 6D comparam os ensaios de seca com base no solo para as plantas que superexpressam G1274 e as do tipo selvagem de controle, o que confirma os resultados previstos após o desempenho dos ensaios de estresse osmótico com base em placas. As linhagens 35S::G1274 duraram muito mais após o período de falta de água (figura 6A) que as plantas de controle (figura 6B). Esta distinção era particularmente evidente nas plantas que superexpressavam após receberem água, as ditas plantas se recuperando até um estado saudável e vigoroso, como mostrado na figura 6C. De forma inversa, nenhuma das

plantas do tipo selvagem observadas na figura 6D se recuperou após a reidratação.

[0109] As figuras 7A e 7B comparam o cultivo da planta jovem partindo de semente de *Arabidopsis* que superexpressa G1792 em uma única placa (dois setores da mesma placa) com meio contendo meio com 3% de sacarose isento de nitrogênio, cinco dias após o plantio. As linhagens 35S::G1792 observadas na figura 7A exibia geralmente maior expansão de cotilédones e crescimento da raiz que as plantas jovens partindo de semente do tipo selvagem na figura 7B. A figura 7C é uma fotografia de uma única placa que mostra uma linhagem de superexpressão de G1792 (marcada com G1792-12; à esquerda) e plantas do tipo selvagem (à direita) cinco dias após a inoculação com *Botrytis cinerea*, mostrando a clorose e o crescimento de hifas nas últimas plantas de controle, mas não primeiras que superexpressam. Resultados similares foram obtidos cinco dias após a inoculação com *Erysiphe orontii* (não-mostrado) e com *Fusarium oxysporum*, como é observado na figura 7D, com as plantas de controle à direita exibindo a clorose e as que superexpressam G1792 à esquerda parecendo estar livres dos efeitos adversos da infecção.

[0110] A figura 8A ilustra os resultados de ensaios de crescimento de raiz com plantas jovens partindo de semente superexpressando G2999 e controles em um meio com alto teor de cloreto de sódio. As oito plantas jovens partindo de semente de *Arabidopsis* 35S::G2999 à esquerda eram maiores, mais verdes e possuíam maior crescimento de raiz que as quatro plantas jovens partindo de semente de controle à direita. Um outro membro do clado G2999, G2998,

também mostrava um fenótipo de tolerância ao sal e teve um desempenho similar no ensaio de estresse salino com base em placas observado na figura 8B. No último ensaio, as plantas jovens partindo de semente 35S::G2998 pareciam grandes e verdes, enquanto que as plantas jovens partindo de semente do tipo selvagem na placa de ensaio de controle mostradas na figura 8C eram pequenas e ainda não tinham aberto seus cotilédones. Como citado abaixo, os ensaios com alto teor de cloreto de sódio frequentemente são utilizados para indicar tolerância ao estresse osmótico, tal como, a tolerância à seca, que foi subsequentemente confirmada com ensaios com base no solo realizados com plantas superexpressando G2999.

[0111] A figura 9A mostra os efeitos de um ensaio térmico em plantas de *Arabidopsis* do tipo selvagem e superexpressando G3086. Geralmente, as que superexpressavam à esquerda eram maiores, mais pálidas e floresceram mais cedo que as plantas do tipo selvagem observadas à esquerda desta placa. Foi também observado que as mesmas linhagens que superexpressavam G3086, que são exemplificadas pelas oito plantas jovens partindo de semente à esquerda da figura 9B, eram maiores, mais verdes e possuíam maior crescimento de raiz em um ensaio de crescimento de raiz em alto teor de sal que as plantas de controle, incluindo as quatro à direita na figura 9B.

[0112] As figuras 10A e 10B comparam a recuperação de um tratamento de seca em duas linhagens de plantas *Arabidopsis* que superexpressam G2133 e em controles do tipo selvagem. A figura 10A mostra plantas da linhagem 5 de 35S::G2133 (esquerda) e plantas de controle (direita). A

figura 10B mostra plantas da linhagem 3 de 35S::G2133 (esquerda) e plantas de controle (direita). Cada vaso continha várias plantas cultivadas sob 24 horas de luz. Todas foram privadas de água durante oito dias e são mostradas após a reidratação. Todas as plantas das linhagens que superexpressavam G2133 se recuperaram e todas as plantas de controle morreram ou ficaram gravemente e adversamente afetadas pelo tratamento de seca.

Descrição Detalhada dos Exemplos de Modalidades

[0113] Em um aspecto importante, a presente invenção se refere a polinucleotídeos e a polipeptídeos, por exemplo, para a modificação de fenótipos de plantas. Ao longo de toda esta divulgação, são referidas várias fontes de informação e/ou são especificamente incorporadas. As fontes de informação incluem artigos de periódicos científicos, documentos de patentes, livros texto e endereços de páginas inativas do browser da World Wide Web, por exemplo. Embora a referência a estas fontes de informação indique claramente que podem ser utilizadas por um versado na técnica, cada um das fontes de informação citadas aqui, é especificamente incorporada em sua totalidade, seja ou não citada uma menção específica de "incorporação como referência". O conteúdo e os ensinamentos de cada uma das fontes de informação pode se basear e ser utilizada para produzir e utilizar as modalidades da invenção.

[0114] Tem que ser observado que, como utilizado aqui e nas reivindicações em anexo, as formas singulares de "um", "uma", "a" e "o" incluem a referência no plural a não ser que o contexto indique claramente o contrário. Assim,

por exemplo, uma referência a "uma planta" inclui um grande número de tais plantas e uma referência a "um estresse" é uma referência a um ou mais estresses e equivalentes dos mesmos conhecidos pelos versados na técnica e assim por diante.

[0115] As sequências de polinucleotídeos da invenção codificam polipeptídeos que são membros de famílias de fatores de transcrição bem-conhecidos, incluindo famílias de fatores de transcrição vegetais, que são divulgadas nas Tabelas 4 - 9. De forma geral, os fatores de transcrição codificados pelas presentes sequências estão envolvidos na diferenciação e na proliferação de células e na regulação do crescimento. Consequentemente, um versado na técnica reconheceria que através da expressão das presentes sequências em uma planta, pode-se alterar a expressão de genes autólogos ou induzir a expressão de genes introduzidos. Afetando a expressão de sequências autólogas similares em uma planta que possui a atividade biológica das presentes sequências ou introduzindo as presentes sequências em uma planta, pode-se alterar o fenótipo de uma planta para um com características melhoradas. As sequências da invenção também podem ser utilizadas para transformar uma planta e introduzir características desejáveis não encontradas no cultivar ou na linhagem do tipo selvagem. As plantas podem então ser selecionadas em relação àquelas que produzem o grau mais desejável de super ou subexpressão de genes alvo de interesse e melhoria coincidente das características.

[0116] As sequências da presente invenção podem ser provenientes de qualquer espécie, particularmente, espécies

vegetais, em uma forma que ocorre naturalmente ou de qualquer fonte, seja natural, sintética, semi-sintética ou recombinante. As sequências da invenção também podem incluir fragmentos das presentes sequências de aminoácidos. Neste contexto, um "fragmento" se refere a um fragmento de uma sequência de polipeptídeo que possui pelo menos 5 até aproximadamente 15 aminoácidos de comprimento, mais preferencialmente pelo menos 14 aminoácidos e que mantém alguma atividade biológica de um fator de transcrição. Quando a "sequência de aminoácidos" é citada para se referir a uma sequência de aminoácidos de uma molécula de proteína que ocorre naturalmente, não significa que "sequência de aminoácidos" e termos similares limitam a sequência de aminoácidos à sequência de aminoácidos nativa completa associada com a molécula de proteína citada.

[0117] Como um versado comum na técnica reconhece, os fatores de transcrição podem ser identificados através da presença de uma região ou de um domínio de similaridade ou identidade estrutural com uma sequência consenso específica ou pela presença de um sítio de ligação ao DNA ou de um motivo de sítio de ligação ao DNA consenso específico (ver, por exemplo, Riechmann e outros (2000) *Science* 290: 2105-2110). Os fatores de transcrição vegetais podem pertencer a uma das famílias de fatores de transcrição a seguir: família do fator de transcrição do domínio AP2 (APETALA2) (Riechmann e Meyerowitz (1998) *Biol. Chem.* 379: 633-646); família do fator de transcrição MYB (ENBib; Martin e Paz-Ares (1997) *Trends Genet.* 13: 67-73); família do fator de transcrição do domínio MADS (Riechmann e Meyerowitz (1997) *Biol. Chem.* 378: 1079-1101); a família

da proteína WRKY (Ishiguro e Nakamura (1994) *Mol. Gen. Genet.* 244: 563-571); a família da proteína de repetição da anquirina (Zhang e outros (1992) *Plant Cell* 4: 1575-1588); a família da proteína de dedos de zinco (Z) (Klug e Schwabe (1995) *FASEB J.* 9: 597-604); Takatsuji (1998) *Cell. Mol. Life Sci.* 54:582-596); a família de proteína homeobox (HB) (Buerglin (1994) em Guidebook to the Homeobox Genes, Duboule (ed.) Oxford University Press); as proteínas de ligação ao elemento CAAT (Forsburg e Guarente (1989) *Genes Dev.* 3: 1166-1178); as proteínas de ligação do promotor escamoso (SPB) (Klein e outros (1996) *Mol. Gen. Genet.* 1996 250: 7-16); a família de proteínas NAM (Souer e outros (1996) *Cell* 85: 159-170); as proteínas IAA/AUX (Abel e outros (1995) *J. Mol. Biol.* 251: 533-549); a família de proteínas HLH/MYC (Littlewood e outros (1994) *Prot. Profile* 1: 639-709); a proteína de ligação ao DNA (DBP) (Tucker e outros (1994) *EMBO J.* 13: 2994-3002); a família bZIP de fatores de transcrição (Foster e outros (1994) *FASEB J.* 8: 192-200); a proteína de ligação P Box (a BPF-1) (da Costa e Silva e outros (1993) *Plant J.* 4: 125-135); a família do grupo de alta mobilidade (HMG) (Bustin e Reeves (1996) *Prog. Nucl. Acids Res. Mol. Biol.* 54: 35-100); a família scarecrow (SCR) (Di Laurenzio e outros (1996) *Cell* 86: 423-433); a família GF14 (Wu e outros (1997) *Plant Physiol.* 114: 1421-1431); a família polycomb (PCOMB) (Goodrich e outros (1997) *Nature* 386: 44-51); a família do teosinto ramificado (TEO) (Luo e outros (1996) *Nature* 383: 794-799); a família ABI3 (Giraudat e outros (1992) *Plant Cell* 4: 1251-1261); a família da tripla hélice (TH) (Dehesh e outros (1990) *Science* 250: 1397-1399); a família EIL (Chao

e outros (1997) *Cell* 89: 1133-44); a família AT-HOOK (Reeves e Nissen (1990) *J. Biol. Chem.* 265: 8573-8582); a família S1FA (Zhou e outros (1995) *Nucleic Acids Res.* 23: 1165-1169); a família bZIPT2 (Lu e Ferl (1995) *Plant Physiol.* 109: 723); a família YABBY (Bowman e outros (1999) *Development* 126: 2387-96); a família PAZ (Bohmert e outros (1998) *EMBO J.* 17: 170-80); uma família de fatores de transcrição em miscelânea (MISC) incluindo a família DPBF (Kim e outros (1997) *Plant J.* 11: 1237-1251) e a família SPF1 (Ishiguro e Nakamura (1994) *Mol. Gen. Genet.* 244: 563-571); a família GARP (Hall e outros (1998) *Plant Cell* 10: 925-936), a família TUBBY (Boggin e outros (1999) *Science* 286: 2119-2125), a família de choque térmico (Wu (1995) *Annu. Rev. Cell Dev. Biol.* 11: 441-469), a família ENBP (Christiansen e outros (1996) *Plant Mol. Biol.* 32: 809-821), a família RING-zinco (Jensen e outros (1998) *FEBS Letters* 436: 283-287), a família PDBP (Janik e outros (1989) *Virology* 168: 320-329), a família PCF (Cubas e outros *Plant J.* (1999) 18: 215-22), a família SRS (relacionada com SHI) (Fridborg e outros (1999) *Plant Cell* 11: 1019-1032), a família CPP (similar ao polycomb rico em cisteína) (Cvitanich e outros (2000) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 97: 8163-8168), a família ARF (fator de resposta à auxina) (Ulmasov e outros (1999) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 96: 5844-5849), a família SWI/SNF (Collingwood e outros (1999) *J. Mol. Endocrinol.* 23: 255-275), a família ACBF (Seguin e outros (1997) *Plant Mol. Biol.* 35: 281-291), a família PCGL (similar a CG-1) (da Costa e Silva e outros (1994) *Plant Mol. Biol.* 25: 921-924) a família ARID (Vazquez e outros (1999) *Development* 126: 733-742), a família Jumonji

(Balciunas e outros (2000), *Trends Biochem. Sci*. 25: 274-276), a família bZIP-NIN (Schauser e outros (1999) *Nature* 402: 191-195), a família E2F (Kaelin e outros (1992) *Cell* 70: 351-364) e a família similar a GRF (Knaap e outros (2000) *Plant Physiol*. 122: 695-704). Como indicado por qualquer parte da lista anterior e como conhecido na técnica, os fatores de transcrição foram algumas vezes categorizados em classes, família e subfamília de acordo com seu conteúdo estrutural e motivo consenso de sítio de ligação consenso, por exemplo. Muitas das classes e muitas das famílias e subfamílias estão listadas aqui. Entretanto, a inclusão de uma subfamília e não de uma outra ou a inclusão de uma família e não de uma outra, não significa que a invenção não abranja os polinucleotídeos ou os polipeptídeos de uma certa família ou subfamília. A lista fornecida aqui é meramente um exemplo dos tipos de fatores de transcrição e do conhecimento disponível em relação às sequências consenso e aos motivos consensos de sítios de ligação ao DNA que auxiliam a defini-los como conhecidos pelos versados na técnica (cada uma das referências citadas anteriormente é especificamente incorporada aqui como referência). Um fator de transcrição pode incluir, mas não está limitado a qualquer polipeptídeo que possa ativar ou reprimir a transcrição de um único gene ou de um número de genes. Este grupo de polipeptídeos inclui, mas não está limitado às proteínas de ligação ao DNA, às proteínas de ligação à proteína de ligação ao DNA, às proteínas quinases, às proteínas fosfatases, às proteínas metiltransferases, às proteínas de ligação ao GTP e aos receptores e similares.

[0118] Em adição aos métodos para a modificação de um fenótipo de planta empregando um ou mais polinucleotídeos e polipeptídeos da invenção descritos aqui, os polinucleotídeos e os polipeptídeos da invenção possuem uma variedade de usos adicionais. Estes usos incluem seu uso na produção recombinante (isto é, expressão) de proteínas; como reguladores da expressão gênica da planta, como sondas para diagnóstico em relação à presença de ácidos nucléicos complementares ou parcialmente complementares (incluindo para a detecção de ácidos nucléicos codificadores naturais); como substratos para reações adicionais, por exemplo, reações de mutação, reações da PCR ou similares; como substratos para clonagem, por exemplo, incluindo reações de digestão ou de ligação; e para a identificação de moduladores exógenos ou endógenos dos fatores de transcrição.

Definições

[0119] "Molécula de ácido nucléico" se refere a um oligonucleotídeo, um polinucleotídeo ou qualquer fragmento do mesmo. Esta pode ser DNA ou RNA de origem genômica ou sintética, de filamento duplo ou de filamento simples e combinada com carboidratos, lipídeos, proteína ou outros materiais para realizar uma atividade particular, tal como, a transformação ou formar uma composição útil, tal como, um ácido nucléico peptídico (PNA).

[0120] "Polinucleotídeo" é uma molécula de ácido nucléico que compreende um grande número de nucleotídeos polimerizados, por exemplo, pelo menos aproximadamente 15 nucleotídeos polimerizados consecutivos, opcionalmente pelo menos aproximadamente 30 nucleotídeos consecutivos, pelo

menos aproximadamente 50 nucleotídeos consecutivos. Um polinucleotídeo pode ser um ácido nucléico, um oligonucleotídeo, um nucleotídeo ou qualquer fragmento dos mesmos. Em muitos exemplos, um polinucleotídeo compreende uma sequência de nucleotídeos que codifica um polipeptídeo (ou proteína) ou um domínio ou fragmento do mesmo. Adicionalmente, o polinucleotídeo pode compreender um promotor, um íntron, uma região intensificadora, um sítio de poliadenilação, um sítio de início da tradução, regiões não-traduzidas a 5' ou a 3', um gene repórter, um marcador selecionável ou similares. O polinucleotídeo pode ser um DNA ou um RNA de filamento simples ou de filamento duplo. O polinucleotídeo compreende opcionalmente bases modificadas ou uma cadeia principal modificada. O polinucleotídeo pode ser, por exemplo, DNA ou RNA genômico, um produto da transcrição (tal como, um mRNA), um cDNA, um produto da PCR, um DNA clonado, um DNA ou um RNA sintético ou similares. O polinucleotídeo pode ser combinado com carboidratos, lipídeos, proteína ou outros materiais para realizar uma atividade particular, tal como, a transformação ou formar uma composição útil tal como, um ácido nucléico peptídico (PNA). O polinucleotídeo pode compreender uma sequência na orientação senso ou anti-sentido. "Oligonucleotídeo" é substancialmente equivalente aos termos amplímero, iniciador, oligômero, elemento, alvo e sonda e preferencialmente possui filamento simples.

[0121] "Gene" ou "sequência gênica" se refere à sequência codificadora parcial ou completa de um gene, seu complemento e suas regiões não-traduzidas a 5' ou a 3'. Um gene é também uma unidade funcional de herança e em termos

físicos é um segmento ou sequência particular de nucleotídeos junto com uma molécula de DNA (ou RNA, no caso de vírus de RNA) envolvida na produção de uma cadeia polipeptídica. A última pode ser submetida ao processamento subsequente, tal como, o processamento e o dobramento para a obtenção de uma proteína ou um polipeptídeo funcional. Um gene pode ser isolado, parcialmente isolado ou encontrado com o genoma de um organismo. Com a finalidade de exemplo, um gene de fator de transcrição codifica um polipeptídeo do fator de transcrição, que pode ser funcional ou requerer processamento para funcionar como um iniciador da transcrição.

[0122] De forma operacional, os genes podem ser definidos através do teste de cis-trans, um teste genético que determina se duas mutações ocorreram no mesmo gene e que podem ser utilizadas para determinar os limites da unidade geneticamente ativa (Rieger e outros (1976) Glossary of Genetics and Cytogenetics: Classical and Molecular, 4ª ed., Springer Verlag. Berlim). Um gene inclui geralmente regiões que os precedem ("líderes"; a montante) e que os sucedem ("trailers"; a jusante) da região codificadora. Um gene também pode incluir sequências não codificadoras intermediárias, referidas como "íntrons", localizadas entre os segmentos codificadores individuais, referidos como "exons". A maior parte dos genes possuem uma região promotora associada, uma sequência reguladora 5' do códon de início da transcrição (há alguns genes que não possuem um promotor que pode identificado). A função de um gene também pode ser regulada por intensificadores, operadores e outros elementos reguladores.

[0123] Um "polinucleotídeo recombinante" é um polinucleotídeo que não está em seu estado nativo, por exemplo, o polinucleotídeo compreende uma sequência de nucleotídeos não encontrada na natureza ou o polinucleotídeo está em um contexto sem ser aquele em que é naturalmente encontrado, por exemplo, separado das sequências de nucleotídeos com as quais fica tipicamente em proximidade na natureza ou adjacente (ou contíguo com) sequências de nucleotídeos com as quais não fica tipicamente em proximidade. Por exemplo, a sequência em questão pode ser clonada em um vetor ou recombinada de outra maneira com um ou mais ácidos nucléicos adicionais.

[0124] Um "polinucleotídeo isolado" é um polinucleotídeo, seja que ocorre naturalmente ou recombinante, que está presente fora da célula em que é tipicamente encontrado na natureza, seja purificado ou não. Opcionalmente, um polinucleotídeo isolado é submetido a um ou mais procedimentos de enriquecimento ou de purificação, por exemplo, lise celular, extração, centrifugação, precipitação ou similares.

[0125] Um "polipeptídeo" é uma sequência de aminoácidos que compreende um grande número de resíduos de aminoácidos polimerizados, por exemplo, pelo menos aproximadamente 15 resíduos de aminoácidos polimerizados consecutivos, opcionalmente pelo menos aproximadamente 30 resíduos de aminoácidos polimerizados consecutivos, pelo menos aproximadamente 50 resíduos de aminoácidos polimerizados consecutivos. Em muitos exemplos, um polipeptídeo compreende uma sequência de resíduos de aminoácidos polimerizados que é um fator de transcrição ou

um domínio ou uma parte ou um fragmento do mesmo. Adicionalmente, o polipeptídeo pode compreender 1) um domínio de localização, 2) um domínio de ativação, 3) um domínio de repressão, 4) um domínio de oligomerização ou 5) um domínio de ligação ao DNA ou similar. O polipeptídeo compreende opcionalmente resíduos de aminoácidos modificados, resíduos de aminoácidos que ocorrem naturalmente não codificados por um códon, resíduos de aminoácidos que não ocorrem naturalmente.

[0126] "Proteína" se refere a uma sequência de aminoácidos, a um oligopeptídeo, um peptídeo, um polipeptídeo ou partes dos mesmos sejam que ocorrem naturalmente ou sintéticas.

[0127] "Parte", como utilizado aqui, se refere a qualquer parte de uma proteína utilizada para qualquer finalidade, mas especialmente para a seleção de uma biblioteca de moléculas que se ligam especificamente a tal parte ou para a produção de anticorpos.

[0128] Um "polipeptídeo recombinante" é um polipeptídeo produzido através da tradução de um polinucleotídeo recombinante. Um "polipeptídeo sintético" é um polipeptídeo criado pela polimerização consecutiva de resíduos de aminoácidos isolados utilizando métodos bem-conhecidos na técnica. Um "polipeptídeo isolado", seja que ocorre naturalmente ou um polipeptídeo recombinante, é mais enriquecido dentro (ou fora) de uma célula do que o polipeptídeo em seu estado natural em uma célula do tipo selvagem, por exemplo, mais que aproximadamente 5% enriquecido, mais que aproximadamente 10% enriquecido ou mais que aproximadamente 20% enriquecido ou mais que

aproximadamente 50% ou mais enriquecido, isto é, alternativamente indicado: 105%, 110%, 120%, 150% ou mais, enriquecido em relação ao tipo selvagem padronizado em 100%. Tal enriquecimento não é o resultado de uma resposta natural de uma planta do tipo selvagem. Alternativamente ou adicionalmente, o polipeptídeo isolado é separado dos outros componentes celulares com os quais está tipicamente associado, por exemplo, através de qualquer um dos vários métodos de purificação contidos aqui.

[0129] "Homologia" se refere à similaridade de sequência entre uma sequência de referência e pelo menos um fragmento de um inserto de clone recentemente sequenciado ou sua sequência de aminoácidos codificada.

[0130] "Complexo de hibridização" se refere a um complexo entre duas moléculas de ácido nucléico por causa da formação de pontes de hidrogênio entre as purinas e as pirimidinas.

[0131] "Identidade" ou "similaridade" se refere à similaridade entre duas sequências de polinucleotídeos ou entre duas sequências de polipeptídeos, com a identidade sendo uma comparação mais estrita. As expressões "identidade percentual" e "% de identidade" se referem à porcentagem da similaridade de sequências encontradas em uma comparação de duas ou mais sequências de polinucleotídeos ou duas ou mais sequências de polipeptídeos. "Similaridade de sequência" se refere à similaridade percentual na sequência de pares de bases (que é determinada através de qualquer método adequado) entre duas ou mais sequências de polinucleotídeos. Duas ou mais sequências podem ter qualquer uma de 0-100% de similaridade

ou qualquer valor inteiro entre essa faixa. A identidade ou a similaridade pode ser determinada através da comparação de uma posição em cada sequência que pode ser alinhada com a finalidade de comparação. Quando uma posição na sequência comparada for ocupada pela mesma base de nucleotídeo ou aminoácido, então as moléculas são idênticas em tal posição. Um grau de similaridade ou de identidade entre as sequências de polinucleotídeos é uma função do número de nucleotídeos idênticos ou que combinam nas posições compartilhadas pelas sequências de polipeptídeos. Um grau de homologia ou similaridade das sequências de polipeptídeos é uma função do número de aminoácidos nas posições compartilhadas pelas sequências de polipeptídeos.

[0132] O termo "motivo consenso de aminoácidos" se refere à posição ou à subsequência de uma sequência de polipeptídeos que é substancialmente conservada entre os fatores de transcrição de polipeptídeos listados na Listagem de Sequências.

[0133] "Alinhamento" se refere a um número de sequências de DNA ou de aminoácidos alinhadas através da comparação do comprimento de forma que os componentes em comum (isto é, bases de nucleotídeos ou resíduos de aminoácidos) possam ser facilmente e graficamente identificados. O número de componentes em comum está relacionado com a homologia ou a identidade entre as sequências. Os alinhamentos podem ser utilizados para identificar "domínios conservados" e relações dentro destes domínios. Um alinhamento pode ser adequadamente determinado através de programas de computador conhecidos na técnica, tal como, MacVector (1999) (Accelrys, Inc., São Diego, CA).

[0134] Um "domínio conservado" ou uma "região conservada", como utilizado aqui, se refere a uma região nas sequências de polinucleotídeos ou de polipeptídeos heterólogos em que haja um grau relativamente alto de identidade de sequência entre as sequências distintas.

[0135] Em relação aos polinucleotídeos que codifica os fatores de transcrição divulgados atualmente, uma região conservada possui preferencialmente pelo menos 10 pares de bases (pb) de comprimento.

[0136] Um "domínio conservado", em relação aos polipeptídeos divulgados atualmente se refere a um domínio dentro de uma família de fatores de transcrição que exibe um grau maior de homologia de sequência, tal como, pelo menos 26% de similaridade de sequência, pelo menos 16% de identidade de sequência, preferencialmente pelo menos 40% de identidade de sequência, preferencialmente pelo menos 65% de identidade de sequência incluindo substituições conservativas e mais preferencialmente pelo menos 80% de identidade de sequência e ainda mais preferencialmente pelo menos 85% ou pelo menos aproximadamente 86% ou pelo menos aproximadamente 87% ou pelo menos aproximadamente 88% ou pelo menos aproximadamente 90% ou pelo menos aproximadamente 95% ou pelo menos aproximadamente 98% de identidade de sequência de resíduos de aminoácidos de um polipeptídeo de resíduos de aminoácidos consecutivos. Um fragmento ou um domínio pode ser referido como fora do domínio conservado, fora de uma sequência consenso ou fora de um sítio consenso de ligação ao DNA que se sabe que existe ou que existe para uma classe, família ou subfamília particular de fatores de transcrição. Neste caso, o

fragmento ou o domínio não incluirá os aminoácidos exatos de uma sequência consenso ou de um sítio consenso de ligação de DNA consenso de uma classe, família ou subfamília de fatores de transcrição ou os aminoácidos exatos de uma sequência particular de fator de transcrição ou de um sítio consenso de ligação ao DNA. Além disso, um fragmento, uma região ou um domínio particular de um polipeptídeo ou de um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo, pode estar "fora de um domínio conservado" se todos os aminoácidos do fragmento, região ou domínio ficarem fora de um (ou mais) domínio(s) conservado(s) definido(s) para um polipeptídeo ou uma proteína. As sequências que possuem graus menores de identidade, mas atividade biológica comparável, são consideradas como sendo equivalentes.

[0137] Como um versado comum na técnica reconhece, os domínios conservados podem ser identificados como regiões ou domínios de identidade com uma sequência consenso específica (ver, por exemplo, Riechmann e outros (2000) *supra*). Assim, utilizando métodos de alinhamento bem-conhecidos na técnica, os domínios conservados dos fatores de transcrição vegetais para cada um dos seguintes podem ser determinados: a família do domínio do fator de transcrição (APETALA2) (Riechmann e Meyerowitz (1998) *supra*; a família do fator de transcrição MYB (ENBib; Martin e Paz-Ares (1997) *supra*); a família do domínio do fator de transcrição MADS (Riechmann e Meyerowitz (1997) *supra*; Immink e outros (2003) *supra*); a família de proteínas WRKY (Ishiguro e Nakamura (1994) *supra*); a família de proteínas de repetição da anquirina (Zhang e outros (1992) *supra*); a

família da proteína de dedos de zinco (Z) (Klug e Schwabe (1995) *supra*; Takatsuji (1998) *supra*); a família de proteínas homeobox (HB) (Buerglin (1994) *supra*); as proteínas de ligação ao elemento CAAT (Forsburg e Guarente (1989) *supra*); as proteínas de ligação ao promotor escamoso (SPB) (Klein e outros (1996) *supra*); a família de proteínas NAM (Souer e outros (1996) *supra*); as proteínas IAA/AUX (Abel e outros (1995) *supra*); a família de proteínas HLH/MYC (Littlewood e outros (1994) *supra*); a família de proteínas de ligação ao DNA (DBP) (Tucker e outros (1994) *supra*); a família dos fatores de transcrição bZIP (Foster e outros (1994) *supra*); a família das proteínas de ligação ao Box P (the BPF-1) (da Costa e Silva e outros (1993) *supra*); a família do grupo de alta mobilidade (HMG) (Bustin e Reeves (1996) *supra*); a família scarecrow (SCR) (Di Laurenzio e outros (1996) *supra*); a família GF14 (Wu e outros (1997) *supra*); a família polycomb (PCOMB) (Goodrich e outros (1997) *supra*); a família do teosinto ramificado (TEO) (Luo e outros (1996) *supra*); a família ABI3 (Giraudat e outros (1992) *supra*); a família da tripla hélice (TH) (Dehesh e outros (1990) *supra*); a família EIL (Chao e outros (1997) *Cell supra*); a família AT-HOOK (Reeves e Nissen (1990 *supra*); a família S1FA (Zhou e outros (1995) *supra*); a família bZIPT2 (Lu e Ferl (1995) *supra*); a família YABBY (Bowman e outros (1999) *supra*); a família PAZ (Bohmert e outros (1998) *supra*); uma família de fatores de transcrição de miscelânea (MISC) incluindo a família DPBF (Kim e outros (1997) *supra*) e a família SPF1 (Ishiguro e Nakamura (1994) *supra*); a família GARP (Hall e outros (1998) *supra*), a família TUBBY (Boggin e outros (1999)

supra), a família de choque térmico (Wu (1995 *supra*), a família ENBP (Christiansen e outros (1996) *supra*), a família RING-zinco (Jensen e outros (1998) *supra*), a família PDBP (Janik e outros (1989) *supra*), a família PCF (Cubas e outros (1999) *supra*), a família SRS (relacionada a SHI) (Fridborg e outros (1999) *supra*), a família CPP (similar a polycomb rico em cisteína) (Cvitanich e outros (2000) *supra*), a família ARF (fator de resposta à auxina) (Ulmasov e outros (1999) *supra*), a família SWI/SNF (Collingwood e outros (1999) *supra*), a família ACBF (Seguin e outros (1997) *supra*), a família PCGL (similar a CG-1) (da Costa e Silva e outros (1994) *supra*) a família ARID (Vazquez e outros (1999) *supra*), a família Jumonji (Balciunas e outros (2000) *supra*), a família bZIP-NIN (Schauser e outros (1999) *supra*), a família E2F (Kaelin e outros (1992) *supra*) e a família similar a GRF (Knaap e outros (2000) *supra*).

[0138] Os domínios conservados para cada um dos polipeptídeos da SEQ ID Nº: 2N, em que N = 1-335 (que é, SEQ ID Nº ímpar: 1, 3 5, 7 ... 759) estão listados na Tabela 5. Ainda, muitos dos polipeptídeos da Tabela 5 possuem domínios conservados indicados especificamente pelos sítios de início e de término. Uma comparação das regiões dos polipeptídeos na SEQ ID Nº: 2N, em que N = 1-335 (que é, SEQ ID Nº: 2, 4, 6, 8 ...760) ou as da Tabela 5, permite que um versado na técnica identifique domínio(s) conservado(s) para qualquer um dos polipeptídeos listados ou referidos nesta divulgação, incluindo aqueles nas Tabelas 4 - 9.

[0139] "Complementar" se refere à ponte de

hidrogênio natural através do pareamento de bases entre purinas e pirimidinas. Por exemplo, a sequência A-C-G-T (5' -> 3') forma pontes de hidrogênio com seus complementos A-C-G-T (5' -> 3') ou A-C-G-U (5' -> 3'). Duas moléculas de filamento duplo podem ser consideradas parcialmente complementares, se somente parte dos nucleotídeos se ligarem ou "completamente complementares" se todos os nucleotídeos se ligarem. O grau de complementaridade entre os filamentos de ácidos nucléicos afeta a eficiência e a resistência da hibridização e as reações de amplificação. "Completamente complementar" se refere ao caso em que a ligação ocorre entre cada par de bases e seu complemento em um par de sequências e as duas sequências possuem o mesmo número de nucleotídeos.

[0140] Os termos "altamente rigorosa" ou "condição altamente rigorosa" se referem às condições que permitem a hibridização de filamentos de DNA cujas sequências são altamente complementares, em que as mesmas condições excluem a hibridização de DNAs com pareamento significativamente errado. As sequências de polinucleotídeos capazes de se hibridizarem sob condições rigorosas com os polinucleotídeos da presente invenção podem ser, por exemplo, variações das sequências de polinucleotídeos divulgadas, incluindo variações alélicas ou de processamento ou sequências que codificam ortólogos ou parálogos dos polipeptídeos divulgados atualmente. Os métodos de hibridização de ácidos nucléicos são divulgados em detalhes por Kashima e outros (1985) *Nature* 313:402-404 e Sambrook e outros (1989) Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2ª Ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring

Harbor, N.Y ("Sambrook"); e por Haymes e outros, "Nucleic Acid Hybridization: A Practical Approach", IRL Press, Washington, D.C. (1985), cujas referências são incorporadas aqui como referência.

[0141] Em geral, o rigor é determinado pela temperatura, pela força iônica e pela concentração dos agentes desnaturantes (por exemplo, formamida) utilizados em um procedimento de hibridização e de lavagem (para uma descrição mais detalhada do estabelecimento e da determinação do rigor, ver abaixo). O grau até o qual dois ácidos nucléicos se hibridizam sob várias condições de rigor está correlacionado com a extensão de sua similaridade. Assim, as sequências de ácidos nucléicos de uma variedade de fontes, tal como, de dentro do genoma de uma planta (como no caso dos parálogos) ou de uma outra planta (como no caso dos ortólogos) que podem realizar funções similares, podem ser isoladas com base em sua capacidade de se hibridizar com as sequências conhecidas do fator de transcrição. Inúmeras variações são possíveis nas condições e nos meios através dos quais a hibridização de ácidos nucléicos pode ser realizada para isolar sequências de fatores de transcrição que possuem similaridade com as sequências de fatores de transcrição conhecidas na técnica e não estão limitadas às explicitamente divulgadas aqui. Tal abordagem pode ser utilizada para isolar sequências de polinucleotídeos que possuem vários graus de similaridade com as sequências de fatores de transcrição divulgadas, tais como, por exemplo, fatores de transcrição que possuem 60% de identidade ou mais preferencialmente mais de aproximadamente 70% de identidade, mais preferencialmente

72% de identidade ou uma identidade maior com os fatores de transcrição divulgados.

[0142] O termo "equivalente" descreve membros de um grupo de proteínas homólogas que são conservadas em relação à função por causa de seu último progenitor comum. As proteínas relacionadas são agrupadas em famílias de equivalentes e de outra maneira em famílias de proteínas com outros tipos de homólogos definidos hierarquicamente. Esta definição é fornecida no Institute for Genomic Research (TIGR) world wide web (www) website, "tigr.org" com o título de "Terms associated with TIGRFAMs".

[0143] O termo "variação", como utilizado aqui, pode se referir a polinucleotídeos ou a polipeptídeos, que diferem dos polinucleotídeos ou dos polipeptídeos divulgados atualmente, respectivamente, em sequência um dos outros e como apresentado abaixo.

[0144] Em relação às variações de polinucleotídeos, as diferenças entre as variações dos polinucleotídeos e dos polipeptídeos divulgadas atualmente são limitadas de forma que as sequências de nucleotídeo dos primeiros e dos últimos são intimamente similares de forma global e, em muitas regiões, idênticas. Por causa da degeneração do código genético, as diferenças entre as primeiras e as últimas sequências de nucleotídeos podem ser silenciosas (isto é, os aminoácidos codificados pelo polinucleotídeo são os mesmos e a variação da sequência de polinucleotídeo codifica a mesma sequência de aminoácidos que o polinucleotídeos divulgado atualmente). As variações de sequências de nucleotídeos podem codificar sequências de aminoácidos diferentes, em cujo caso tais diferenças de

nucleotídeos resultarão em substituições, adições, deleções, inserções, truncamentos ou fusões em relação às sequências de polinucleotídeos similares divulgadas. Estas variações resultam em variações de polinucleotídeos que compartilham pelo menos uma característica funcional. A degeneração do código genético também determina que muitas variações diferentes de polinucleotídeos podem codificar polipeptídeos idênticos e/ou substancialmente similares em adição às sequências ilustradas na Listagem de Sequências.

[0145] Ainda dentro do âmbito da invenção há uma variação de um ácido nucléico de fator de transcrição listado na Listagem de Sequências, ou seja, uma que possui uma sequência que difere de uma das sequências de polinucleotídeos na Listagem de Sequências ou uma sequência complementar, que codifica um polipeptídeo funcionalmente equivalente (isto é, um polipeptídeo que possui algum grau de atividade equivalente ou biológica similar), mas difere em sequência da sequência na Listagem de Sequências, por causa da degeneração do código genético. Estão incluídos nesta definição os polimorfismos que podem ou não ser facilmente detectados utilizando uma sonda de oligonucleotídeo particular do polinucleotídeo que codifica o polipeptídeo e a hibridização imprópria ou inesperada com variações alélicas, com um lócus sem ser o lócus cromossômico normal para a sequência de polinucleotídeo que codifica o polipeptídeo.

[0146] "Variação alélica" ou "variação alélica de polinucleotídeo" se refere a qualquer uma de duas ou mais formas alternativas de um gene que ocupa o mesmo lócus cromossômico. As variações alélicas surgem naturalmente

através de mutação e podem resultar no polimorfismo fenotípico dentro das populações. As mutações gênicas podem ser "silenciosas" ou podem codificar polipeptídeos que possuem uma sequência de aminoácidos alterada. "Variação alélica" e "variação alélica de polipeptídeos" também podem ser utilizados em relação a polipeptídeos e neste caso o termo se refere a um polipeptídeo codificado por uma variação alélica de um gene.

[0147] "Variação de processamento" ou "variação de processamento de polinucleotídeos" como utilizado aqui se refere a formas alternativas do RNA transcrito partindo de um gene. A variação de processamento ocorre naturalmente como um resultado de sítios alternativos que são processados dentro de uma molécula de RNA isolada ou entre moléculas de RNA transcritas separadamente e pode resultar em várias formas diferentes de mRNA transcritos partindo do mesmo gene. Estas variações de processamento podem codificar polipeptídeos que possuem sequências de aminoácidos diferentes, que podem ou não ter funções similares no organismo. "Variação de processamento" ou "variação de processamento de polipeptídeos" pode também se referir a um polipeptídeo codificado por uma variação de processamento de um mRNA transcrito.

[0148] Como utilizado aqui, "variações de polinucleotídeos" também pode se referir a sequências de polinucleotídeos que codificam parálogos e ortólogos das sequências de polipeptídeos divulgadas atualmente. "Variações de polipeptídeos" pode se referir a sequências de polipeptídeos que são parálogas e ortólogas das sequências de polipeptídeos divulgadas atualmente.

[0149] As diferenças entre os polipeptídeos e as variações de polipeptídeos divulgados aqui são limitadas de forma que as sequências dos primeiros e dos últimos são intimamente similares de forma global e, em algumas regiões, idênticas.As sequências de polipeptídeos e as variações similares de polipeptídeos divulgadas aqui podem diferir na sequência de aminoácidos em uma ou mais substituições, adições, deleções, fusões e truncamentos, que podem estar presentes em qualquer combinação. Estas diferenças podem produzir alterações silenciosas e resultar em um fator de transcrição funcionalmente equivalente. Assim, será facilmente considerado pelos versados na técnica, que qualquer uma de uma variedade de sequências de polinucleotídeos é capaz de codificar os fatores de transcrição e polipeptídeos homólogos aos fatores de transcrição da invenção. Uma variação de sequência de polipeptídeos pode ter alterações "conservativas", em que um possui propriedades estruturais ou químicas similares. Podem assim ser feitas substituições deliberadas de aminoácidos com base na similaridade na polaridade, na carga, na solubilidade, na hidrofobicidade, na hidrofilicidade e/ou na natureza anfipática dos resíduos, contanto que a atividade funcional ou biológica do fator de transcrição seja mantida. Por exemplo, aminoácidos carregados negativamente podem incluir o ácido aspártico e o ácido glutâmico, aminoácidos carregados positivamente podem incluir a lisina e a arginina e aminoácidos com grupos de extremidade polar não carregada que possuem valores de hidrofilicidade similares podem incluir a leucina, a isoleucina e a valina; a glicina e a alanina; a

asparagina e a glutamina; a serina e a treonina; e a fenilalanina e a tirosina (para maiores detalhes sobre as substituições conservativas, ver a Tabela 2). Mais raramente, uma variação pode possuir alterações "não-conservativas", por exemplo, a substituição de uma glicina por um triptofano. As variações similares de menor importância também podem incluir deleções ou inserções de aminoácidos ou ambas. Os polipeptídeos relacionados podem compreender, por exemplo, adições e/ou deleções de um ou mais sítios de glicosilação ligados ao N ou ligados ao O ou uma adição e/ou uma deleção de um ou mais resíduos de cisteína. O guia na determinação de quais e quantos resíduos de aminoácidos podem ser substituídos, inseridos ou deletados sem abolir a atividade funcional ou biológica pode ser encontrado utilizando programas de computador bem-conhecidos na técnica, por exemplo, o software DNASTAR (ver USPN 5.840.544).

[0150] "Ligante" se refere a qualquer molécula, agente ou composto que se ligará especificamente a um sítio complementar em uma molécula de ácido nucléico ou uma proteína. Tais ligantes estabilizam ou modulam a atividade de moléculas de ácidos nucléicos ou de proteínas da invenção e podem ser compostos de pelo menos um dos seguintes: substâncias inorgânicas e orgânicas incluindo ácidos nucléicos, proteínas, carboidratos, gorduras e lipídeos.

[0151] "Modular" se refere a uma alteração na atividade (biológica, química ou imunológica) do tempo de vida resultante da ligação específica entre uma molécula e uma molécula de ácido nucléico ou uma proteína.

[0152] O termo "planta" inclui plantas inteiras, órgãos/estruturas vegetativas de brotos (por exemplo, folhas, caules e tubérculos), raízes, flores e órgãos/estruturas florais (por exemplo, brácteas, sépalas, pétalas, estames, carpelos, anteras e óvulos), semente (incluindo embrião, endosperma e revestimento da semente) e fruto (o ovário maduro), tecido vegetal (por exemplo, tecido vascular, tecido enterrado e similares) e células (por exemplo, células guardas, células ovo e similares) e a progênie das mesmas. A classe de plantas que pode ser utilizada no método da invenção, é geralmente tão ampla quanto a classe de plantas superiores e inferiores tratáveis com técnicas de transformação, incluindo as angiospermas (plantas monocotiledôneas e dicotiledôneas), gimnospermas, samambaias, cavalinhas, psilófitas, licófitas, briófitas e algas pluricelulares. (Ver, por exemplo, a figura 1, adaptada de Daly e outros (2001) *Plant Physiol.* 127: 1328-1333; a figura 2, adaptada de Ku e outros (2000) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 97: 9121-9126; e ver também Tudge em The Variety of Life, Oxford University Press, Nova York, NY (2000) pp. 547-606).

[0153] Uma "planta transgênica" se refere a uma planta que contém material genético não encontrado em uma planta do tipo selvagem da mesma espécie, variedade ou cultivar. O material genético pode incluir um transgene, um evento de mutagênese de inserção (tal como, através da mutagênese de inserção por transposon ou de um T-DNA), uma sequência marcadora de ativação, uma sequência mutada, um evento de recombinação homóloga ou uma sequência modificada por quimeraplastia.

[0154] Tipicamente, o material genético estranho foi introduzido na planta através da manipulação humana, mas qualquer método pode ser utilizado como um versado na técnica pode reconhecer.

[0155] Uma planta transgênica pode conter um vetor ou um cassete de expressão. O cassete de expressão compreende tipicamente uma sequência, que codifica um polipeptídeo, ligada de forma operacional (isto é, sob o controle regulador de) a sequências reguladoras que podem ser induzidas ou constitutivas apropriadas que permitem a expressão do polipeptídeo. O cassete de expressão pode ser introduzido em uma planta através de transformação ou através de reprodução após a transformação de uma planta parental. Uma planta se refere a uma planta inteira assim como a uma parte da planta, tal como, semente, fruto, folha ou raiz, tecido vegetal, células vegetais ou qualquer outro material vegetal, por exemplo, um explante vegetal, assim como uma progênie da mesma e a sistemas *in vitro* que imitam componentes ou processos bioquímicos ou celulares em uma célula.

[0156] "Planta de controle" se refere a uma planta que serve como um padrão de comparação para testar os resultados de um tratamento ou de uma alteração genética ou o grau da expressão alterada de um gene ou produto gênico. Os exemplos de plantas de controle incluem plantas que não são tratadas ou inalteradas geneticamente (isto é, do tipo selvagem).

[0157] "Tipo selvagem", como utilizado aqui, se refere a uma célula, um tecido ou uma planta que não foi geneticamente modificada para nocautear ou superexpressar

um ou mais dos fatores de transcrição divulgados aqui. As células, os tecidos ou as plantas do tipo selvagem podem ser utilizadas como controles para comparar níveis de expressão e a extensão e a natureza da modificação das características de células, tecidos ou plantas em que a expressão do fator de transcrição é alterada ou expressa de forma ectópica, por exemplo, naquele que foi nocauteado ou superexpresso.

[0158] "Fragmento", em relação a um polinucleotídeo, se refere a um clone ou a qualquer parte de uma molécula de polinucleotídeo que mantém uma característica funcional que pode ser utilizada. Os fragmentos úteis incluem oligonucleotídeos e polinucleotídeos que podem ser utilizados nas tecnologias de hibridização ou de amplificação ou na regulação da replicação, da transcrição ou da tradução. Um "fragmento de polinucleotídeo" se refere a qualquer subsequência de um polinucleotídeo, tipicamente de pelo menos aproximadamente 9 nucleotídeos consecutivos, preferencialmente pelo menos aproximadamente 30 nucleotídeos, mais preferencialmente pelo menos aproximadamente 50 nucleotídeos de qualquer uma das sequências fornecidas aqui. Os exemplos de fragmentos de polinucleotídeo são os primeiros sessenta nucleotídeos consecutivos dos polinucleotídeos dos fatores de transcrição listados na Listagem de Sequências. Os exemplos de fragmentos também incluem fragmentos que compreendem uma região que codifica um domínio conservado de um fator de transcrição.

[0159] Os fragmentos também podem incluir subsequências de polipeptídeos de moléculas de proteínas ou

uma subsequência do polipeptídeo. Os fragmentos podem ter usos pelo fato de que podem possuir potencial antigênico. Em alguns casos, o fragmento ou o domínio é uma subsequência do polipeptídeo que realiza pelo menos uma função biológica do polipeptídeo intacto substancialmente da mesma maneira ou até uma extensão similar, como faz o polipeptídeo intacto. Por exemplo, um fragmento de polipeptídeo pode compreender um motivo estrutural ou um domínio funcional que pode ser reconhecido, tal como, um sítio de ligação ao DNA ou um domínio que se liga a uma região promotora do DNA, um domínio de ativação ou um domínio para interações proteína-proteína e pode iniciar a transcrição. Os fragmentos podem variar em tamanho desde tão poucos quanto 3 aminoácidos até o comprimento completo do polipeptídeo intacto, mas possuem preferencialmente pelo menos aproximadamente 30 aminoácidos de comprimento e mais preferencialmente pelo menos aproximadamente 60 aminoácidos de comprimento. Os exemplos de fragmentos de polipeptídeos são os primeiros vinte aminoácidos consecutivos de uma proteína de mamífero codificada pelos primeiros vinte aminoácidos consecutivos dos polipeptídeos do fator de transcrição listados na Listagem de Sequências. Os exemplos de fragmentos incluem ainda fragmentos que compreendem um domínio conservado de um fator de transcrição, por exemplo, os resíduos de aminoácidos 11-80 de G47 (SEQ ID Nº: 12), como citado na Tabela 5.

[0160] A invenção abrange ainda a produção de sequências de DNA que codificam fatores de transcrição e derivados de fatores de transcrição ou fragmentos dos mesmos, totalmente através da química sintética. Após a

produção, a sequência sintética pode ser inserida em qualquer um dos muitos vetores de expressão disponíveis e sistemas celulares utilizando reagentes bem-conhecidos na técnica. Além disso, a química sintética pode ser utilizada para introduzir mutações em uma sequência que codifica fatores de transcrição ou qualquer fragmento da mesma.

[0161] "Derivado" se refere à modificação química de uma molécula de ácido nucléico ou de uma sequência de aminoácidos. As modificações químicas podem incluir a substituição do hidrogênio por um grupo alquila, acila ou amino ou pela glicosilação, peguilação ou qualquer processo similar que mantenha ou aumente a atividade biológica ou o tempo de vida da molécula ou da sequência.

[0162] Uma "característica" se refere a uma característica fisiológica, morfológica, bioquímica ou física de uma planta ou de um material ou uma célula vegetal particular. Em alguns casos, esta característica é visível ao olho humano, tal como, o tamanho da semente ou da planta ou pode ser medida através de técnicas bioquímicas, tal como, a detecção do teor de proteínas, de amido ou de óleos de sementes ou folhas ou através da observação de um processo metabólico ou fisiológico, por exemplo, através da medida da captação de dióxido de carbono ou através da observação do nível de expressão de um gene ou genes, por exemplo, empregando a análise de Northern, a RT-PCR, os ensaios de expressão gênica em microarranjos ou os sistemas de expressão de genes repórteres ou através de observações agrícolas, tal como, tolerância a estresses, rendimento ou tolerância a agentes patogênicos. Entretanto, qualquer técnica pode ser

utilizada para medir a quantidade, o nível comparativo ou a diferença em qualquer composto ou macromolécula química nas plantas transgênicas.

[0163] "Modificação das características" se refere a uma diferença detectável em uma característica em uma planta que expressa de forma ectópica um polinucleotídeo ou um polipeptídeo da presente invenção em relação a uma planta que não faz isso, tal como, uma planta do tipo selvagem. Em alguns casos, a modificação das características pode ser avaliada de forma quantitativa. Por exemplo, a modificação de características pode impor pelo um aumento ou um decréscimo de menos aproximadamente 2% em uma característica observada (diferença), pelo menos uma diferença de 5%, pelo menos aproximadamente uma diferença de 10%, pelo menos uma diferença de aproximadamente 20%, pelo menos de aproximadamente 30%, pelo menos de aproximadamente 50%, pelo menos aproximadamente 70% ou pelo menos aproximadamente uma diferença de 100% ou ainda maior comparada com uma planta do tipo selvagem. É sabido que pode haver uma variação natural em uma característica modificada. Portanto, a modificação da característica observada impõe uma alteração da distribuição normal da característica nas plantas comparadas com a distribuição observada nas plantas do tipo selvagem.

[0164] O termo "perfil do produto da transcrição" se refere aos níveis de expressão de um conjunto de genes em uma célula em um estado particular, particularmente através da comparação com os níveis de expressão do mesmo conjunto de genes em uma célula do mesmo tipo em um estado

de referência. Por exemplo, o perfil do produto da transcrição de um fator de transcrição particular em uma célula em suspensão é constituído pelos níveis de expressão de um conjunto de genes em uma célula que superexpressa o fator de transcrição comparados com os níveis de expressão do mesmo conjunto de genes em uma célula em suspensão que possui níveis normais de tal fator de transcrição. O perfil do produto da transcrição pode ser apresentado na forma de uma lista dos genes cujo nível de expressão é significativamente diferente entre os dois tratamentos e as proporções de diferenças. As diferenças e as similaridades entre os níveis de expressão podem também ser avaliadas e calculadas utilizando métodos estatísticos e de agrupamento.

[0165] "Expressão ectópica ou expressão alterada" em referência a um polinucleotídeos indica que o padrão de expressão, por exemplo, em uma planta ou tecido vegetal transgênico, é diferente do padrão de expressão em uma planta do tipo selvagem ou uma planta de referência da mesma espécie. O padrão de expressão pode ser também comparado com um padrão de expressão de referência em uma planta do tipo selvagem da mesma espécie. Por exemplo, o polinucleotídeo ou o polipeptídeo é expresso em um tipo de célula ou de tecido sem ser um tipo de célula ou de tecido em que a sequência é expressa na planta do tipo selvagem ou através da expressão em um momento sem ser no momento em que a sequência é expressa na planta do tipo selvagem ou através de uma resposta a agentes indutores diferentes, tais como hormônios ou sinais ambientais ou em níveis de expressão diferentes (maiores ou menores) comparados com os

encontrados em uma planta do tipo selvagem. O termo também se refere a padrões de expressão alterados que são produzidos através da diminuição dos níveis de expressão até abaixo do nível de detecção ou da interrupção completa da expressão. O padrão de expressão resultante pode ser transitório ou estável, constitutivo ou pode ser induzido. Em referência a um polipeptídeo, o termo "expressão ectópica ou expressão alterada" pode ainda se referir a níveis alterados de atividade resultantes das interações dos polipeptídeos com moduladores exógenos ou endógenos ou de interações com fatores ou como um resultado da modificação química dos polipeptídeos.

[0166] O termo "superexpressão" como utilizado aqui, se refere a um maior nível de expressão de um gene em uma planta, célula vegetal ou tecido vegetal, comparado à expressão em uma planta, célula ou tecido do tipo selvagem, em qualquer estágio do desenvolvimento ou temporal para o gene. A superexpressão pode ocorrer quando, por exemplo, os genes que codificam um ou mais fatores de transcrição estão sob o controle de um sinal de expressão forte, tal como, um dos promotores descritos aqui (por exemplo, a região de início da transcrição 35S do vírus mosaico da couve-flor). A superexpressão pode ocorrer ao longo de toda uma planta ou em tecidos específicos da planta, dependendo do promotor utilizado, como descrito abaixo.

[0167] A superexpressão pode ocorrer em células vegetais que normalmente não possuem expressão de polipeptídeos funcionalmente equivalentes ou idênticos aos presentes fatores de transcrição. A superexpressão também pode ocorrer em células vegetais em que a expressão

endógena dos presentes fatores de transcrição ou de moléculas funcionalmente equivalentes ocorre, mas tal expressão normal ocorre em um nível inferior. A superexpressão resulta assim em uma produção maior que a normal ou "superprodução" do fator de transcrição na planta, célula ou tecido.

[0168] O termo "alteração de fase" se refere a uma progressão da planta do embrião para o adulto e, através de algumas definições, à transição em que as plantas que florescem adquirem competência reprodutiva. Acredita-se que a alteração de fase ocorra após um certo número de divisões celulares no cume de uma planta em desenvolvimento ou quando o cume do broto atinge uma distância particular das raízes. Assim, a alteração da sincronia das alterações de fase pode afetar o tamanho de uma planta, que, por sua vez, pode afetar o rendimento e a biomassa.

[0169] "Tolerância" resulta de características específicas que podem ser herdadas de uma planta hospedeira que permite que um agente patogênico se desenvolva e se multiplique no hospedeiro enquanto que o hospedeiro, através da falta de sítios receptores ou através da inativação ou da compensação para as secreções irritantes do agente patogênico, ainda consegue se desenvolver ou, no caso das plantas de cultivo, produz ainda um bom plantio. As plantas tolerantes são susceptíveis ao agente patogênico, mas não são mortas pelo mesmo e exibem geralmente poucos danos causados pelo agente patogênico (Agrios (1988) Plant Pathology, 3ª ed. Academic Press, N.Y., p. 129).

[0170] "Resistência", também referido como

"resistência verdadeira" resulta quando uma planta contém um ou mais genes que tornam a plante e um agente patogênico potencial mais ou menos incompatíveis um com o outro, seja por causa de uma falta de reconhecimento químico entre o hospedeiro e o agente patogênico ou porque a planta hospedeira pode se defender contra o agente patogênico através de mecanismos de defesa já presentes ou ativados em resposta à infecção (Agrios (1988)) Plant Pathology, 3ª ed. Academic Press, N.Y., p. 125).

[0171] Uma "amostra" em relação a um material que contém moléculas de ácidos nucléicos pode compreender um fluido corporal; um extrato de uma célula, um cromossomo, uma organela ou uma membrana isolada de um substrato; uma célula; um tecido; uma impressão de tecido; uma amostra forense; e similares. Neste contexto "substrato" se refere a qualquer suporte rígido ou semi-rígido ao qual moléculas de ácidos nucléicos ou proteínas ficam ligadas e inclui membranas, filtros, chips, lâminas, placas finas, fibras, esferas magnéticas ou não-magnéticas, géis, capilares ou outros tubos, placas, polímeros e micropartículas com uma variedade de formas de superfície incluindo poços, trincheiras, pinos, canais e poros. Um substrato pode também se referir a um reagente em uma reação química ou biológica ou uma substância sobre a qual há reação (por exemplo, por uma enzima).

[0172] "Substancialmente purificado" se refere a moléculas de ácido nucléico ou proteínas que são removidas de seu ambiente natural e são isoladas ou separadas e são pelo menos aproximadamente 60% isentas, preferencialmente aproximadamente 75% isentas e mais preferencialmente

aproximadamente 90% isentas de outros componentes com os quais estão naturalmente associadas.

Características Que Podem ser Modificadas em Plantas com Superexpressão ou Nocauteadas

[0173] As modificações de interesse particular incluem aquelas nas sementes (tal como, embrião ou endosperma), no fruto, na raiz, na flor, na folha, do caule, no broto na planta jovem partindo de semente ou similares, incluindo: maior tolerância a condições ambientais incluindo o frio, o congelamento, o calor, a seca, a saturação de água, a radiação e o ozônio; maior tolerância a microorganismos, doenças fúngicas ou virais; maior tolerância a infestações por pragas, incluindo insetos, nematóides, molicutes, plantas superiores parasitas ou similares; menor sensibilidade a herbicidas; maior tolerância a metais pesados ou maior capacidade de captação de metais pesados; maior crescimento sob fotocondições fracas (por exemplo, pouca luz e/ou período curto de dia) ou alterações nos níveis de expressão de genes de interesse. Outro fenótipo que pode ser modificado se refere à produção de metabólitos de plantas, tais como variações na produção de taxol, de tocoferol, de tocotrieno, de esteróis, de fitoesteróis, de vitaminas, de monômeros de cera, de antioxidantes, de aminoácidos, de ligninas, de celulose, de taninos, de prenil lipídeos (tais como clorofilas e carotenóides), de glicosinolatos e de terpenóides, proteína ou produção de óleos melhorada com a composição alterada (especialmente nas sementes) ou açúcar (insolúvel ou solúvel) e/ou composição de amido modificados. As características físicas da planta que podem

ser modificadas incluem o desenvolvimento celular (tal como, o número de tricomas), o tamanho e o número de frutos e de folhas, os rendimentos de partes vegetais, tais como caules, folhas, inflorescências e raízes, a estabilidade das sementes durante o armazenamento, características de vagem das sementes (por exemplo, susceptibilidade a fraturas), o comprimento e a quantidade dos pelos da raiz, a distância entre nós ou a qualidade do revestimento das sementes. As características de crescimento da planta que podem ser modificadas incluem a taxa de crescimento, a taxa de germinação das sementes, o vigor das plantas e das plantas jovens partindo de semente, a senescência de folhas e flores, a esterilidade dos machos, a apomixia, o tempo de florescência, a abscisão da florescência, a taxa de captação de nitrogênio, a sensibilidade osmótica a concentrações de açucares solúveis, as características de biomassa ou de transpiração, assim como as características de arquitetura tais como a dominância apical, os padrões de ramificação, o número de órgãos, a identidade dos órgãos, a forma ou o tamanho dos órgãos.

Fatores de Transcrição Modificam a Expressão de Genes Endógenos

[0174] A expressão de genes que codificam fatores de transcrição que modificam a expressão de genes, polinucleotídeos e proteínas endógenos é bem-conhecida na técnica. Em adição, as plantas transgênicas que compreendem polinucleotídeos isolados que codificam fatores de transcrição também podem modificar a expressão de genes, polinucleotídeos e proteínas endógenos. Os exemplos incluem Peng e outros (1997, *Genes Development* 11: 3194-3205) e

Peng e outros (1999, *Nature*, 400: 256-261). Em adição, muitos outros mostraram que um fator de transcrição de *Arabidopsis* expresso em uma espécie de planta exógena ativa a mesma resposta fenotípica ou muito similar. Ver, por exemplo, Fu e outros (2001, *Plant Cell* 13: 1791-1802); Nandi e outros (2000, *Curr. Biol.* 10: 215-218); Coupland (1995, *Nature* 377: 482-483); e Weigel e Nilsson (1995, *Nature* 377: 482-500).

[0175] Em um outro exemplo, Mandel e outros (1992, *Cell* 71-133-143) e Suzuki e outros (2001, *Plant J.* 28: 409-418) ensinam que um fator de transcrição expresso em uma outra espécie de planta ativa a mesma resposta fenotípica ou muito similar da sequência endógena, como frequentemente previsto nos estudos iniciais de fatores de transcrição de *Arabidopsis* em *Arabidopsis* (ver Mandel e outros 1992, *supra*; Suzuki e outros 2001, *supra*).

[0176] Outros exemplos incluem Muller e outros (2001, *Plant J.* 28: 169-179); Kim e outros (2001, *Plant J.* 25: 247-259); Kyozuka e Shimamoto (2002, *Plant Cell Physiol.* 43: 130-135); Boss e Thomas (2002, *Nature*, 416: 847-850); He e outros (2000, *Transgenic Res.* 9: 223-227); e Robson e outros (2001, *Plant J.* 28: 619-631).

[0177] Ainda em um outro exemplo, Gilmour e outros (1998, *Plant J.* 16: 433-442) ensinam um fator de transcrição AP2 de *Arabidopsis*, CBF1 (SEQ ID Nº: 2239), que quando superexpresso em plantas transgênicas, aumenta a tolerância ao congelamento da planta. Jaglo e outros (2001, *Plant Physiol.* 127: 910-917) identificaram ainda sequências em *Brassica napus* que codificam genes similares ao CBF e que os produtos da transcrição para estes genes se

acumulavam rapidamente em resposta a baixas temperaturas. Foi também descoberto que os produtos da transcrição que codificam proteínas similares a CBF se acumulam rapidamente em resposta a baixas temperaturas no trigo, assim como no tomate. Um alinhamento das proteínas CBF de *Arabidopsis*, *B. napus*, trigo, centeio e tomate revelou a presença de resíduos de aminoácidos consecutivos conservados, PKK/RPAGRxKFxETRHP e DSAWR, que agrupa os domínios de ligação ao DNA AP2/EREBP das proteínas e os distinguem de outros membros da família da proteína AP2/EREBP. (Ver Jaglo e outros *supra*.)

[0178] Os fatores de transcrição medeiam respostas celulares e controlam características através da expressão alterada de genes que contam sequências de nucleotídeos que atuam em cis que são alvos do fator de transcrição introduzido. É bem considerado na Técnica que o efeito de um fator de transcrição sobre as respostas celulares ou uma característica celular é determinado através de genes particulares cuja expressão é diretamente ou indiretamente (por exemplo, através de uma cascata de eventos de ligação ao fator de transcrição e alterações transcricionais) alterada pela ligação do fator de transcrição. Em uma análise global da transcrição comparando uma condição padronizada com uma em que um fator de transcrição é superexpresso, o perfil do produto da transcrição resultante associado com a superexpressão do fator de transcrição está relacionado à característica ou ao processo celular controlado por tal fator de transcrição. Por exemplo, foi mostrado que o gene PAP2 (e outros genes na família MYB) controlam a biossíntese da antocianina

através da regulação da expressão de genes conhecidos por estarem envolvidos na via biossintética da antocianina (Bruce e outros (2000) *Plant Cell* 12: 65-79; e Borevitz e outros (2000) *Plant Cell* 12: 2383-2393). Ainda, os perfis globais dos produtos de transcrição foram utilizados de forma bem-sucedida como ferramentas para diagnósticos para estados celulares específicos (por exemplo, canceroso vs. não-canceroso; Bhattacharjee e outros (2001) *Proc. Natl. Acad. Sci*. USA 98: 13790-13795; e Xu e outros (2001) *Proc Natl Acad Sci*, USA 98: 15089-15094). Consequentemente, é evidente para um versado na técnica que a similaridade do perfil do produto de transcrição após a superexpressão de fatores de transcrição diferentes indicariam similaridade da função dos fatores de transcrição.

Polipeptídeos e Polinucleotídeos da Invenção

[0179] A presente invenção fornece, entre outras coisas, fatores de transcrição (TFs) e polipeptídeos homólogos aos fatores de transcrição e polinucleotídeos isolados ou recombinantes que codificam os polipeptídeo ou novos polipeptídeos ou polinucleotídeos com variação de sequências que codificam novas variações de fatores de transcrição derivadas das sequências específicas fornecidas aqui. Estes polipeptídeos e polinucleotídeos podem ser empregados para modificar características de uma planta.

[0180] Os exemplos de polinucleotídeos que codificam os polipeptídeos da invenção foram identificados no banco de dados GenBank de *Arabidopsis thaliana* utilizando programas e parâmetros de análise de sequências disponíveis publicamente. As sequências inicialmente identificadas foram então adicionalmente caracterizadas

para identificar sequências que compreendem filamentos de sequências especificadas que correspondem a motivos de sequências presentes nas famílias conhecidas dos fatores de transcrição. Em adição, exemplos adicionais de polinucleotídeos que codificam os polipeptídeos da invenção foram identificados no banco de dados GenBank utilizando programas e parâmetros de análise de sequências disponíveis publicamente. As sequências identificadas inicialmente foram então adicionalmente caracterizadas para identificar sequências que compreendem filamentos de sequências especificadas que correspondem a motivos de sequências presentes nas famílias conhecidas de fatores de transcrição. As sequências de polinucleotídeos que satisfazem tais critérios foram confirmadas como fatores de transcrição.

[0181] Polinucleotídeos adicionais da invenção foram identificados através da seleção de bibliotecas de cDNA de *Arabidopsis thaliana* e/ou de outra planta com sondas correspondentes a fatores de transcrição conhecidos sob condições de hibridização de baixo rigor. As sequências adicionais, incluindo sequências codificadoras de comprimento completo foram subsequentemente recuperadas através do procedimento de amplificação rápida das extremidades do cDNA (RACE), utilizando um kit disponível comercialmente de acordo com as instruções do fabricante. Quando necessário, várias rodadas de RACE são realizadas para isolar as extremidades a 5' e a 3'. O cDNA de comprimento completo foi então recuperado através de uma reação em cadeia da polimerase extremidade-à-extremidade de rotina (PCR) utilizando iniciadores específicos para as

extremidades isoladas a 5' e a 3'. Os exemplos de sequências são fornecidos na Listagem de Sequências.

[0182] Os polinucleotídeos da invenção podem ser ou foram expressos de forma ectópica em plantas superexpressoras ou nocauteadas e as alterações na(s) característica(s) ou traço(s) das plantas foram observadas. Portanto, os polinucleotídeos e os polipeptídeos podem ser empregados para melhorar as características das plantas.

[0183] Os polinucleotídeos da invenção podem ser ou foram expressos de forma ectópica em células vegetais que superexpressam e as alterações nos níveis de expressão de um número de genes, polinucleotídeos e/ou proteínas das células vegetais foram observadas.

Produção de Polipeptídeos

[0184] Os polinucleotídeos da invenção incluem sequências que codificam fatores de transcrição e polipeptídeos homólogos dos fatores de transcrição e sequências complementares aos mesmos, assim como fragmentos únicos de sequência codificadora ou de sequência complementar aos mesmos. Tais polinucleotídeos podem ser, por exemplo, DNA ou RNA, por exemplo, mRNA, cRNA, RNA sintético, DNA genômico, cDNA DNA sintético, oligonucleotídeos etc. Os polinucleotídeos possuem filamento duplo ou filamento simples ou tanto sequências senso (isto é, codificadoras) quanto sequências anti-sentido (isto é, não codificadora, complementares). Os polinucleotídeos incluem a sequência codificadora de um fator de transcrição ou de um polipeptídeo homólogo do fator de transcrição, isolado ou em combinação com sequências codificadoras adicionais (por exemplo, uma

marcação para purificação, um sinal de localização, na forma de uma proteína de fusão, na forma de uma pré-proteína ou similar), em combinação com sequências não codificadoras (por exemplo, íntrons ou inteínas, elementos reguladores, tais como promotores, intensificadores, terminadores e similares) e/ou em um vetor ou ambiente hospedeiro em que o polinucleotídeo que codifica um fator de transcrição ou um polipeptídeo homólogo do fator de transcrição é um gene endógeno ou exógeno.

[0185] Há uma variedade de métodos para a produção dos polinucleotídeos da invenção. Os procedimentos para a identificação e para o isolamento de clones de DNA são bem-conhecidos pelos versados na técnica e são descritos, por exemplo, em Berger e Kimmel, Guide to Molecular Cloning Techniques, *Methods in Enzymology,* vol. 152 Academic Press, Inc., São Diego, CA ("Berger"); Sambrook e outros Molecular Cloning - A Laboratory Manual (2ª Ed.), Vol. 1-3, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, Nova York, 1989 ("Sambrook") e Current Protocols in Molecular Biology, Ausubel e outros eds., Current Protocols, a joint venture between Greene Publishing Associates, Inc. and John Wiley & Sons, Inc., (supplemented through 2000) ("Ausubel").

[0186] Alternativamente, os polinucleotídeos da invenção, podem ser produzidos através de uma variedade de métodos de amplificação *in vitro* adaptados para a presente invenção através da seleção apropriada de iniciadores específicos ou degenerados. Os exemplos de protocolos suficientes para direcionar os versado através dos métodos de amplificação *in vitro*, incluindo a reação em cadeia da polimerase (PCR), a reação em cadeia da ligase (LCR), a

amplificação pela Qbeta-replicase e e outras técnicas mediadas pela RNA polimerase (por exemplo, NASBA), por exemplo, para a produção dos ácidos nucléicos homólogos da invenção são encontrados em Berger (supra), Sambrook (supra) e Ausubel (supra), assim como Mullis e outros (1987) PCR Protocols A Guide to Methods and Applications (Innis e outros eds) Academic Press Inc. São Diego, CA (1990) (Innis). Os métodos melhorados para a clonagem *in vitro* de ácidos nucléicos amplificados são descritos em Wallace e outros Patente U.S. Nº 5.426.039. Os métodos melhorados para a amplificação de ácidos nucléicos grandes pela PCR estão resumidos em Cheng e outros (1994) *Nature* 369: 684-685 e nas referências citadas no mesmo, em que amplicons de PCR de até 40 kb são gerados. Um versado considerará que essencialmente qualquer RNA pode ser convertido em um DNA de filamento duplo adequado para a digestão de restrição, para a expansão pela PCR e para o sequenciamento utilizando a transcriptase reversa e uma polimerase. Ver, por exemplo, Ausubel, Sambrook e Berger, todos *supra*.

[0187] Alternativamente, os polinucleotídeos e os oligonucleotídeos da invenção podem ser montados partindo de fragmentos produzidos através de métodos de síntese em fase sólida. Tipicamente, os fragmentos de até aproximadamente 100 bases são sintetizados individualmente e então enzimaticamente ou quimicamente ligados para produzir uma sequência desejada, por exemplo, um polinucleotídeo que codifica todo ou uma parte de um fator de transcrição. Por exemplo, a síntese química utilizando o método da fosforamidita é descrita, por exemplo, por

Beaucage e outros (1981) *Tetrahedron Letters* 22: 1859-1869; e Matthes e outros (1984) *EMBO J.* 3: 801-805. De acordo com tais métodos, os oligonucleotídeos são sintetizados, purificados, anelados com seu filamento complementar, ligados e então clonados opcionalmente em vetores adequados. E se desejado, os polinucleotídeos e os polipeptídeos da invenção podem ser encomendados customizados de qualquer um de um número de fornecedores comerciais.

Sequências Homólogas

[0188] As sequências homólogas, isto é, que compartilham identidade ou similaridade de sequência significativa, com as fornecidas na Listagem de Sequências, derivadas de *Arabidopsis thaliana* ou de outras plantas de escolha, são também um aspecto da invenção. As sequências homólogas podem ser derivadas de qualquer planta incluindo monocotiledôneas e dicotiledôneas e em particular, espécies de plantas importantes para a agricultura, incluindo, mas não limitadas às plantas de cultivo, tais como a soja, o trigo, o milho, a batata, o algodão, o arroz, a colza, a óleo de semente de colza (incluindo a canola), o girassol, a alfafa, o trevo, a cana-de-açúcar e a turfa; ou frutos e vegetais, tais como a banana a amora-preta, o vacínio, o morango e a framboesa, o cantalupo, a cenoura, a couve-flor, o café, o pepino, a berinjela, as uvas, melão, a alface, a manga, o melão, a cebola, a papaia, as ervilhas, as pimentas, o abacaxi, a abóbora, o espinafre, a abóbora, o milho doce, o tabaco, o tomate, o tomate cereja, a melancia, as frutas rosáceas (tais como a maçã, o pêssego, a pêra, a cereja e a ameixa), as brassicas vegetais (tais

como brócolis, repolho, couve-flor, couve de Bruxelas e couve-rábano). Outras plantas de cultivo, incluindo frutas e vegetais, cujos fenótipos podem ser alterados e que compreendem sequências homólogas incluem a cevada a cevada; o centeio; o milhete; o sorgo; a groselha; o abacate; as frutas cítricas tais como laranjas, limões, grapefruit, tangerinas, alcachofra, cerejas; nozes tais como a noz e o amendoim; a endiva; o alho-poró; raízes, tais como, a araruta, a beterraba, a mandioca, o nabo, o rabanete, o inhame e a batata doce; e feijões. A sequências homólogas também podem ser derivadas de espécies madeireiras, tais como o pinheiro, o choupo e o eucalipto ou a menta ou outros labiados. Em adição, as sequências homólogas podem ser derivadas de plantas que são relacionadas de forma evolutiva com plantas de cultivo, mas que podem não ter sido ainda utilizadas como plantas de cultivo. Os exemplos incluem beladona (*Atropa belladona*), relacionada ao tomate; datura (*Datura strommium*), relacionada ao peiote; e o teosinto (*Zea* species), relacionado ao milho.

Ortólogos e Parálogos

[0189] As sequências homólogas que são descritas acima podem compreender sequências ortólogas ou parálogas. Vários métodos diferentes são conhecidos pelos versados na técnica para a identificação e para a definição destas sequências funcionalmente homólogas. Três métodos gerais para a definição de ortólogos e parálogos são descritos; um ortólogo, um parálogo ou um homólogo pode ser identificado por um ou mais dos métodos descritos abaixo.

[0190] Os ortólogos e os parálogos são genes relacionados evolutivamente que possuem sequência similar e

funções similares. Os ortólogos são genes estruturalmente relacionados em espécies diferentes que são derivados de um evento de especiação. Os parálogos são genes estruturalmente derivados dentro de uma única espécie que são derivados de um evento de duplicação.

[0191] Dentro de uma única espécie de planta, a duplicação pode causar duas cópias de um gene particular, dando origem a dois ou mais genes com sequência similar e frequentemente função similar conhecidos como parálogos. Um parálogo é, portanto, um gene similar formado pela duplicação dentro da mesma espécie. Os parálogos tipicamente se agrupam um ao outro ou no mesmo clado (um grupo de genes similares) quando a filogenia da família gênica é analisada utilizando programas, tal como, CLUSTAL (Thompson e outros (1994) *Nucleic Acids Res.* 22: 4673-4680; Higgins e outros (1996) *Methods Enzymol.* 266: 383-402). Os grupos de genes similares também podem ser identificados com a análise de BLAST em pares (Feng e Doolittle (1987) *J. Mol. Evol.* 25: 351-360). Por exemplo, um clado de todos os fatores de transcrição do domínio MADS muito similares de *Arabidopsis* compartilha uma função comum no tempo de florescência (Ratcliffe e outros (2001) *Plant Physiol.* 126: 122-132) e um grupo de fatores de transcrição do domínio AP2 muito similar de *Arabidopsis* está envolvido na tolerância das plantas ao congelamento (Gilmour e outros (1998) *Plant J.* 16: 433-442). A análise dos grupos de genes similares com função similar que se encaixam dentro de um clado pode fornecer subsequências que são particulares ao clado. Estas subsequências, conhecidas como sequências consenso, podem não somente ser utilizadas para definir as

sequências dentro de cada clado, mas definir as funções destes genes; os genes dentro de um clado podem conter sequências parálogas ou sequências ortólogas que compartilham a mesma função (ver ainda, por exemplo, Mount (2001), em Bioinformatics: Sequência and Genome Analysis Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, Nova York, página 543.)

[0192] A especiação, a produção de novas espécies partindo de uma espécie parental, também pode dar origem a dois ou mais genes com sequência similar e função similar. Estes genes, denominados ortólogos, possuem frequentemente uma função idêntica dentro de suas plantas hospedeiras e são frequentemente intercambiáveis entre espécies sem perder a função. Devido ao fato de que as plantas possuem os mesmos ancestrais comuns, muitos genes em qualquer espécie de planta terão um gene ortólogo correspondente em uma outra espécie de planta. Uma vez que uma árvore filogenética para uma família de genes de uma espécie foi construída utilizando um programa tal como, CLUSTAL (Thompson e outros (1994) Nucleic Acids Res. 22: 4673-4680; Higgins e outros (1996) *supra*) as sequências ortólogas potenciais podem ser colocadas na árvore filogenética e sua relação com os genes das espécies de interesse pode ser determinada. As sequências ortólogas também podem ser identificadas através de uma estratégia de BLAST recíproco. Uma vez que uma sequência ortóloga foi identificada, a função do ortólogo pode ser deduzida partindo da função identificada da sequência de referência.

[0193] As sequências dos genes de fatores de transcrição são conservadas ao longo de linhagens de

espécies eucarióticas distintas (Goodrich e outros (1993) *Cell* 75: 519-530; Lin e outros (1991) *Nature* 353: 569-571; Sadowski e outros (1988) *Nature* 335: 563-564). As plantas não são uma exceção para esta observação; espécies de plantas distintas possuem fatores de transcrição que possuem sequências e funções similares.

[0194] Os genes ortólogos de organismos diferentes possuem funções altamente conservadas e muito frequentemente, funções essencialmente idênticas (Lee e outros (2002) *Genome Res.* 12: 493-502; Remm e outros (2001) *J. Mol. Biol.* 314: 1041-1052). Os genes parálogos, que divergiram através da duplicação gênica, podem manter funções similares das proteínas codificadas. Em tais casos, os parálogos podem ser utilizados de forma intercambiável em relação a acertas modalidades da presente invenção (por exemplo, a expressão transgênica de uma sequência codificadora). Um exemplo de tais parálogos altamente relacionados é a família CBF, com três membros bem definidos em *Arabidopsis* e pelo menos um ortólogo em *Brassica napus* (SEQ ID N^{os}: 2238, 2240, 2242 e 2244, respectivamente), das quais todas controlam as vias envolvidas tanto no estresse ao congelamento quanto à seca (Gilmour e outros (1998) *Plant J.* 16: 433-442; Jaglo e outros (1998) *Plant Physiol.* 127: 910-917).

[0195] As referências a seguir representam uma pequena amostragem dos muitos estudos que demonstram que os genes dos fatores de transcrição de várias espécies provavelmente funcionam de forma similar (isto é, regulam sequências alvo similares e controlam as mesmas características) e tais fatores de transcrição podem ser

transformados em várias espécies para conferir ou melhorar as características.

[0196] O gene NPR1 de *Arabidopsis* regula a resistência sistêmica adquirida (SAR); a superexpressão de NPR1 leva a uma maior resistência em *Arabidopsis*. Quando o NPR1 de *Arabidopsis* NPR1 ou o ortólogo de NPR1 do arroz foi superexpresso no arroz (que, como uma monocotiledônea, é distinto de *Arabidopsis*), com o desafio com o agente patogênico causador de ferrugem bacteriano do arroz *Xanthomonas oryzae* pv. Oryzae, as plantas transgênicas exibiram maior resistência (Chern e outros (2001) *Plant J.* 27: 101-113). O NPR1 atua através da ativação da expressão de genes do fator de transcrição, tal como, o TGA2 (Fan e Dong (2002) *Plant Cell* 14: 1377-1389).

[0197] Os genes E2F estão envolvidos na transcrição de genes vegetais para a proliferação de antígeno nuclear celular (PCNA). As plantas E2Fs compartilham um alto grau de similaridade na sequência de aminoácidos entre monocotiledôneas e dicotiledôneas e são ainda similares aos domínios conservados de E2Fs de animais. Tal conservação indica uma similaridade funcional entre E2Fs de plantas e de animais. Os fatores de transcrição do E2F que regulam o desenvolvimento dos meristemas atuam através de elementos comuns em cis e regulam genes relacionados (PCNA) (Kosugi e Ohashi, (2002) *Plant J.* 29: 45-59).

[0198] O gene ABI5 (insensível ao ABA 5) codifica um fator de zíper de leucina básico necessário para a resposta ao ABA na semente e em tecidos vegetativos. Os experimentos de co-transformação com construções de cDNA do ABI5 em protoplastos de arroz resultaram na transativação

específica dos promotores do trigo de *Arabidopsis*, do feijão e da cevada que podem ser induzidos pelo ABA. Estes resultados demonstram que os fatores de transcrição do ABI5 similares em relação à sequência são alvos importantes de uma via de sinalização conservada do ABA em várias plantas. (Gampala e outros (2001) *J. Biol. Chem.* 277: 1689-1694).

[0199] As sequências de três genes similares a GAMYB de *Arabidopsis* foram obtidas com base na similaridade de sequência para os genes GAMYB da cevada, do arroz e de *L. temulentum*. Foi determinado que estes três genes de *Arabadopsis* codificam fatores de transcrição (AtMYB33, AtMYB65 e AtMYB101) e poderiam substituir um GAMYB da cevada e controlar a expressão da alfa-amilase (Gocal e outros (2001) *Plant Physiol.* 127: 1682-1693).

[0200] O gene de controle floral LEAFY de *Arabidopsis* pode acelerar drasticamente a florescência em várias plantas dicotiledôneas. A expressão constitutiva do LEAFY de *Arabidopsis* também causava florescência precoce no arroz transgênico (uma monocotiledônea), com uma data de início que era de 26-34 dias mais cedo que as plantas do tipo selvagem. Estas observações indicam que os genes de regulação floral de *Arabidopsis* são ferramentas úteis para um melhoramento de data de início nas plantas de cultivo de cereais (He e outros (2000) *Transgenic Res.* 9: 223-227).

[0201] As giberelinas bioativas (GAs) são reguladores endógenos essenciais do crescimento vegetal. A sinalização da GA tende a ser conservada ao longo do reino vegetal. A sinalização da GA é mediada através de GAI, um membro nuclear da família GRAS de fatores de transcrição vegetais. Foi mostrado que o GAI de *Arabidopsis* GAI

funciona no arroz para inibir as vias de resposta à giberelina (Fu e outros (2001) *Plant Cell* 13: 1791-1802).

[0202] O gene SUPERMAN de *Arabidopsis* (SUP), codifica um suposto fator de transcrição que mantém o limite entre os estames e os carpelos. Através da superexpressão do SUP de *Arabidopsis* SUP no arroz, foi mostrado que o efeito da presença do gene nos limites do verticilo era conservado. Isto demonstrou que o SUP é um regulador conservado dos limites do verticilo floral e afeta a proliferação celular (Nandi e outros (2000) *Curr. Biol*. 10: 215-218).

[0203] Os fatores de transcrição myb do milho, da petúnia e de *Arabidopsis* que regulam a biossíntese de flavonóides são muito similares geneticamente e afetam a mesma característica em suas espécies nativas, portanto, a sequência e a função destes fatores de transcrição myb se correlacionam uma com a outra nestas espécies diferentes (Borevitz e outros (2000) *Plant Cell* 12: 2383-2394).

[0204] Os genes do trigo de tamanho reduzido 1 (Rht-B1/Rht-D1) e do milho anão 8 (d8) são ortólogos do gene insensível à giberelina de *Arabidopsis* (GAI). Ambos estes genes foram utilizados para produzir variedades anãs de grãos que possuíam maior rendimento de grãos. Estes genes codificam proteínas que se parecem com fatores de transcrição nucleares e contêm um domínio similar a SH2, indicando que a fosfotirosina pode participar na sinalização da giberelina. Foi mostrado que plantas transgênicas de arroz contendo um alelo mutante de GAI de *Arabidopsis* produzem respostas reduzidas à giberelina e são anãs, indicando que os ortólogos mutantes de GAI poderiam

ser utilizados para aumentar o rendimento em uma faixa ampla de espécies de plantas de cultivo (Peng e outros (1999) *Nature* 400: 256-261).

[0205] Os fatores de transcrição que são homólogos às sequências listadas tipicamente compartilharão, pelo menos em um domínio conservado, de pelo menos aproximadamente 70% de identidade de sequência de aminoácidos e com relação aos fatores de transcrição de dedo de zinco, de pelo menos aproximadamente 50% de identidade de sequência de aminoácidos. Os fatores de transcrição mais intimamente relacionados podem compartilhar pelo menos aproximadamente 70% ou aproximadamente 75% ou aproximadamente 80% ou aproximadamente 90% ou aproximadamente 95% ou aproximadamente 98% ou mais de identidade de sequência com as sequências listadas ou com as sequências listadas, mas excluindo ou fora de uma sequência consenso ou de um sítio consenso de ligação ao DNA conhecido ou com as sequências listadas excluindo um ou todos os domínios conservados. Os fatores que são mais intimamente relacionados às sequências listadas compartilham, por exemplo, pelo menos aproximadamente 85%, aproximadamente 90% ou aproximadamente 95% ou maior% de identidade de sequência com as sequências listadas ou com as sequências listadas, mas excluindo ou fora de uma sequência consenso ou de um sítio consenso de ligação ao DNA conhecido ou fora de um ou de todos os domínios conservados. No nível de nucleotídeos, as sequências tipicamente compartilharão pelo menos aproximadamente 40% de identidade de sequência de nucleotídeos, preferencialmente pelo menos aproximadamente

50%, aproximadamente 60%, aproximadamente 70% ou aproximadamente 80% de identidade de sequência e mais preferencialmente aproximadamente 85%, aproximadamente 90%, aproximadamente 95% ou aproximadamente 97% ou uma maior identidade de sequência com uma ou mais das sequências listadas ou com uma sequência listada, mas excluindo ou fora de uma sequência consenso ou de um sítio consenso de ligação ao DNA conhecido ou fora de um ou de todos os domínios conservados. A degeneração do código genético possibilita maiores variações na sequência de nucleotídeos de um polinucleotídeo enquanto mantém a sequência de aminoácidos da proteína codificada. Os domínios conservados dentro de uma família de fatores de transcrição podem exibir um grau maior de homologia de sequência, tal como, pelo menos 65% de identidade de sequência de aminoácidos incluindo substituições conservativas e preferencialmente pelo menos 80% de identidade de sequência e mais preferencialmente pelo menos 85% ou pelo menos aproximadamente 86% ou pelo menos aproximadamente 87% ou pelo menos aproximadamente 88% ou pelo menos aproximadamente 90% ou pelo menos aproximadamente 95% ou pelo menos aproximadamente 98% de identidade de sequência. Os fatores de transcrição que são homólogos às sequências listadas devem compartilhar pelo menos 30% ou pelo menos aproximadamente 60% ou pelo menos aproximadamente 75% ou pelo menos aproximadamente 80% ou pelo menos aproximadamente 90% ou pelo menos aproximadamente 95% de identidade de sequência de aminoácidos ao longo de todo o comprimento do polipeptídeo ou do homólogo.

[0206] A identidade percentual pode ser determinada

eletronicamente, por exemplo, utilizando o programa MEGALIGN (DNASTAR, Inc. Madison, Wis.). O programa MEGALIGN pode criar alinhamentos entre duas ou mais sequências de acordo com métodos diferentes, por exemplo, o método clustal (Ver, por exemplo, Higgins e Sharp (1988) *Gene* 73: 237-244.). O algoritmo clustal agrupa sequências em clusters através do exame das distâncias entre todos os pares. Os clusters são alinhados em pares e então em grupos. Outros algoritmos ou programas de alinhamento podem ser utilizados, incluindo FASTA, BLAST ou ENTREZ, FASTA e BLAST e que podem ser utilizados para calcular o percentual de similaridade. Estes estão disponíveis como uma parte do pacote para análise de sequências GCG (University of Wisconsin, Madison, Wis.) e podem ser utilizados com ou sem ajustes preestabelecidos. ENTREZ está disponível através do National Center for Biotechnology Information. Em uma modalidade, o percentual de identidade de duas sequências pode ser determinado através do programa GCG com um peso de espaço de 1, por exemplo, cada espaço de aminoácido é pesado como se houvesse uma combinação errada de um único aminoácido ou nucleotídeo entre as duas sequências (ver USPN 6.262.333).

[0207] Outras técnicas para alinhamento são descritas em Methods in Enzymology, vol. 266, Computer Methods for Macromolecular Sequência Analysis (1996), ed. Doolittle, Academic Press, Inc., São Diego, Calif., EUA. Preferencialmente, um programa de alinhamento que permite espaços na sequência é utilizado para alinhar as sequências. O de Smith-Waterman é um tipo de algoritmo que permite espaços nos alinhamentos de sequências (ver Shpaer

(1997) *Methods Mol. Biol.* 70: 173-187). Ainda, o programa GAP utilizando o método de alinhamento de Needleman e Wunsch pode ser utilizado para alinhar sequências. Uma estratégia alternativa de busca utiliza o software MPSRCH, que roda em um computador MASPAR. O MPSRCH utiliza um algoritmo de Smith-Waterman para classificar sequências em um computador masciçamente paralelo. Esta abordagem aumenta a capacidade de captar combinações distantemente relacionadas e é especialmente tolerante a pequenos espaços e erros de sequências de nucleotídeos. As sequências de aminoácidos codificadas por ácidos nucléicos podem ser utilizadas para pesquisar bancos de dados tanto de proteínas quanto de DNA.

[0208] O percentual de similaridade entre duas sequências de polipeptídeos, por exemplo, a sequência A e a sequência B, é calculado através da divisão do comprimento da sequência A, menos o número de resíduos de espaço na sequência B, pela soma das combinações de resíduos entre a sequência A e a sequência B, vezes cem. Os espaços de baixa ou de nenhuma similaridade entre as duas sequências de aminoácidos não são incluídos na determinação do percentual de similaridade. O percentual de identidade entre sequências de polinucleotídeos pode ser contado ou calculado através de outros métodos conhecidos na técnica, por exemplo, o método de Jotun Hein. (Ver, por exemplo, Hein (1990) *Methods Enzymol.* 183: 626-645.). A identidade entre as sequências também pode ser determinada através de outros métodos conhecidos na técnica, por exemplo, através da variação das condições de hibridização (ver o Pedido de Patente U.S. Nº 20010010913).

[0209] O percentual de identidade entre dois domínios conservados de uma sequência consenso de polipeptídeos do domínio de ligação ao DNA do fator de transcrição pode ser tão baixo quanto 16%, como exemplificado no caso da família GATA1 de fatores de transcrição de dedo de zinco de eucarióticos do tipo Cys_2/Cys_2. A sequência consenso do domínio de ligação ao DNA da família GATA1 é $CX_2CX_{17}CX_2C$, em que X é qualquer resíduo de aminoácido. (Ver, por exemplo, Takatsuji, supra). Outros exemplos de tais sequências consenso conservadas de polipeptídeos com baixo percentual global de identidade de sequência sistema imunológico bem-conhecidos pelos versados na técnica.

[0210] Assim, a invenção fornece métodos para a identificação de uma sequência similar ou paráloga ou ortóloga ou homóloga a um ou mais polinucleotídeos que são citados aqui ou um ou mais polipeptídeos alvo codificados pelos polinucleotídeos ou citados de outra maneira aqui e podem incluir a ligação ou a associação de um fenótipo ou uma função gênica de uma certa planta com uma sequência. Nos métodos, é fornecido um banco de dados (localmente ou através da Internet ou da intranet) e é feita uma busca contra o banco de dados de sequências utilizando as sequências relevantes contidas aqui e fenótipos ou funções gênicas de plantas associadas.

[0211] Em adição, uma ou mais sequências de polinucleotídeos ou um ou mais polipeptídeos codificados pelas sequências de polinucleotídeos podem ser utilizados para a busca contra um BLOCKS (Bairoch e outros (1997) *Nucleic Acids Res*. 25: 217-221), PFAM e outros bancos de

dados que contêm motivos, sequências e funções gênicas previamente identificados e anotados. Os métodos que buscam padrões primários de sequências com penalidades de espaço de estruturas secundárias (Smith e outros (1992) *Protein Engineering* 5: 35-51) assim como algoritmos, tais como Basic Local Alignment Search Tool (BLAST; Altschul (1993) *J. Mol. Evol.* 36: 290-300; Altschul e outros (1990) *supra*), BLOCKS (Henikoff e Henikoff (1991) *Nucleic Acids Res.* 19: 6565-6572), Hidden Markov Models (HMM; Eddy (1996) *Curr. Opin. Str. Biol.* 6: 361-365; Sonnhammer e outros (1997) *Proteins* 28: 405-420) e similares, podem ser utilizados para manipular e analisar sequências de polinucleotídeos e de polipeptídeos codificadas pelos polinucleotídeos. Estes bancos de dados, algoritmos e outros métodos são bem-conhecidos na técnica e estão descritos em Ausubel e outros (1997; Short Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, Nova York, NY, unidade 7.7) e em Meyers (1995; Molecular Biology and Biotechnology, Wiley VCH, Nova York, NY, p 856-853).

[0212] Um método adicional para a identificação ou para a confirmação de que as sequências homólogas específicas controlam a mesma função é através da comparação do(s) perfil(is) dos produtos da transcrição obtido(s) da superexpressão ou do nocaute de dois ou mais fatores de transcrição relacionados. Uma vez que os perfis dos produtos da transcrição são diagnósticos para estados celulares específicos, um versado na técnica considerará que genes que possuem um perfil de produto da transcrição altamente similar (por exemplo, com mais de 50% de produtos da transcrição regulados em comum, mais preferencialmente

com mais de 70% de produtos da transcrição regulados em comum, mais preferencialmente com mais de 90% de produtos da transcrição regulados em comum) terão funções altamente similares. Fowler e outros (2002) *Plant Cell* 14: 1675-79) mostraram que três genes parálogos da família AP2 (CBF1, CBF2 e CBF3), dos quais cada um é induzido após tratamento com frio e cada um dos quais pode fornecer maior condição de tolerância ao congelamento, possuem perfis de produtos da transcrição altamente similares. Uma vez que foi mostrado que um fator de transcrição fornece uma função específica, seu perfil de produtos da transcrição se torna uma ferramenta para diagnóstico para determinar se supostos parálogos ou ortólogos possuem a mesma função.

[0213] Além disso, os métodos que utilizam alinhamento manual de sequências similares ou homólogas a uma ou mais sequências de polinucleotídeos ou a um ou mais polipeptídeos codificados pelas sequências de polinucleotídeos podem ser utilizados para identificar regiões de similaridade e domínios conservados. Tais métodos manuais são bem-conhecidos pelos versados na técnica e podem incluir, por exemplo, comparações de estrutura terciária entre uma sequência de polipeptídeo codificada por um polinucleotídeo que compreende uma função conhecida com uma sequência de polipeptídeo codificada por uma sequência de polinucleotídeo que possui uma função ainda indeterminada. Tais exemplos de estrutura terciária podem compreender alfa hélices, folhas beta, hélices anfipáticas, motivos de zíper de leucina, motivos de dedos de zinco, regiões ricas em prolina, motivos de repetição de cisteínas previstos e similares.

[0214] Os ortólogos e os parálogos de fatores de transcrição divulgados aqui podem ser clonados utilizando composições fornecidas pela presente invenção de acordo com métodos bem-conhecidos na técnica. Os cDNAs podem ser clonados utilizando mRNA de uma célula ou tecido vegetal que expressa um dos presentes fatores de transcrição. As fontes apropriadas de mRNA podem ser identificadas através da consulta de Northern blots com sondas planejadas partindo das presentes sequências de fatores de transcrição, após a qual é preparada uma biblioteca partindo do mRNA obtido de uma célula ou tecido positivo. O cDNA que codifica o fator de transcrição é então isolado utilizando, por exemplo, a PCR, utilizando iniciadores planejados partindo de uma sequência gênica de fator de transcrição divulgada aqui ou através do tratamento com sondas com um cDNA parcial ou completo ou com um ou mais conjuntos de sondas degeneradas baseadas nas sequências divulgadas. A biblioteca de cDNA pode ser utilizada para transformar células vegetais. A expressão dos cDNAs de interesse é detectada utilizando, por exemplo, métodos divulgados aqui, tais como microarranjos, Northern blots, PCR quantitativa ou qualquer outra técnica para monitorar alterações na expressão. Os clones genômicos podem ser isolados utilizando técnicas similares a estas.

Identificação de Polinucleotídeos ou de Ácidos Nucléicos através da Hibridização

[0215] Os polinucleotídeos homólogos às sequências ilustradas na Listagem de Sequências e nas tabelas podem ser identificados, por exemplo, através da hibridização um com o outro sob condições rigorosas ou altamente rigorosas.

Os polinucleotídeos de filamento simples se hibridizam quando se associam com base em uma variedade de forças físico-químicas bem caracterizadas, tais como a ponte de hidrogênio, a exclusão de solventes, o empilhamento de bases e similares. O rigor de uma hibridização reflete o grau de identidade de sequência dos ácidos nucléicos envolvidos, de forma que quanto maior o rigor, mais similares são os dois filamentos de polinucleotídeos. O rigor é influenciado por uma variedade de fatores, incluindo a temperatura, a concentração e a composição de sais, aditivos orgânicos e inorgânicos, solventes etc. presentes nas soluções tanto de hibridização quanto de lavagem e incubações (e número das mesmas), que são descritos em maiores detalhes nas referências citadas anteriormente.

[0216] São abrangidas pela invenção as sequências de polinucleotídeos que são capazes de se hibridizarem com as sequências de polinucleotídeos reivindicadas, incluindo qualquer um dos polinucleotídeos dos fatores de transcrição dentro da Listagem de Sequências e fragmentos dos mesmos sob várias condições de rigor (Ver, por exemplo, Wahl e Berger (1987) *Methods Enzymol*. 152: 399-407; e Kimmel (1987) *Methods Enzymol*. 152: 507-511). Em adição às sequências de nucleotídeos listadas nas Tabelas 4 - 9, o cDNA de comprimento completo, os ortólogos e os parálogos das presentes sequências de nucleotídeos podem ser identificados e isolados utilizando métodos bem-conhecidos. As bibliotecas de cDNA, os ortólogos e os parálogos das presentes sequências de nucleotídeos podem ser selecionados utilizando métodos de hibridização para determinar a sua

utilizada como alvo de hibridização ou como sondas para amplificação.

[0217] Em relação à hibridização, as condições que são altamente rigorosas e os meios para conseguí-las, são bem-conhecidos na técnica. Ver, por exemplo, Sambrook e outros (1989) "*Molecular Cloning: A Laboratory Manual*" (2ª ed., Cold Spring Harbor Laboratory); Berger e Kimmel, eds., (1987) "Guide to Molecular Cloning Techniques", Em *Methods in Enzymology*:152: 467-469; e Anderson e Young (1985) "Quantitative Filter Hybridisation." Em: Hames and Higgins, ed., Nucleic Acid Hybridisation, A Practical Approach. Oxford, IRL Press, 73-111.

[0218] A estabilidade dos duplexes de DNA é afetada por fatores tais como a composição de bases, o comprimento e o grau de pareamentos errados de pares de bases. As condições de hibridização podem ser ajustadas para permitir que os DNAs com relação diferente de sequências se hibridizem. A temperatura de fusão (T_m) é definida como a temperatura quando 50% das moléculas do duplex foram dissociadas em seus filamentos simples constituintes. A temperatura de fusão de um duplex perfeitamente combinado, quando o tampão de hibridização contiver formamida como um agente de desnaturação, pode ser estimada através das equações a seguir:

DNA-DNA:

T_m (°C) = 81,5 + 16,6(log [Na+]) + 0,41(% G+C)- 0,62(% formamida) - 500/*L*

(II) DNA-RNA:

T_m (°C) = 79,8 + 18,5(log [Na+]) + 0,58(% G+C) + $0,12(\%G+C)^2$ - 0,5(% formamida) - 820/*L*

(III) RNA-RNA:

T_m (°C) = 79,8 + 18,5(log [Na+]) + 0,58(% G+C) + 0,12(%G+C)^2 - 0,35(% formamida) - 820/*L*

em que *L* é o comprimento do duplex formado, [Na+] é a concentração molar do íon de sódio na solução de hibridização ou de lavagem e% G+C é a porcentagem de bases (guanina + citosina) no híbrido. Para híbridos com combinações imperfeitas, é necessário aproximadamente 1°C para reduzir a temperatura de fusão para cada pareamento errado de 1%.

[0219] Experimentos de hibridização são geralmente realizados em um tampão de pH entre 6,8 até 7,4, embora a taxa de hibridização seja quase independente do pH em forças iônicas que são provavelmente utilizadas no tampão de hibridização (Anderson e outros (1985) *supra*). Em adição, um ou mais dos seguintes podem ser utilizados para reduzir a hibridização inespecífica: DNA de esperma de salmão submetido ao ultra-som ou um outro DNA não complementar, albumina de soro bovino, pirofosfato de sódio, dodecilsulfato de sódio (SDS), polivinil-pirrolidona, ficoll e solução de Denhardt. O sulfato de dextrana e o polietileno glicol 6000 atuam para excluir o DNA da solução ouiginando assim a concentração eficiente do DNA da sonda e o sinal de hibridização dentro de uma certa unidade de tempo. Em alguns casos, condições de rigor até mesmo maior podem ser desejáveis ou necessárias para reduzir a hibridização inespecífica e/ou de fundo. Estas condições podem ser criadas com o uso de temperatura maior, menor força iônica e maior concentração de um agente de desnaturação, tal como, a formamida.

[0220] As condições de rigor podem ser ajustadas para selecionar fragmentos moderadamente similares tais como sequências homólogas de organismos distantemente relacionados ou para fragmentos altamente similares tais como genes que duplicam enzimas funcionais de organismos intimamente relacionados. O rigor pode ser ajustado durante a etapa de hibridização ou nas lavagens pós-hibridização. A concentração de sais, a concentração de formamida, a temperatura da hibridização e os comprimentos das sondas são variáveis que podem ser utilizadas para alterar o rigor (como descrito pelas fórmulas acima). Como uma linha de guia geral, o alto rigor é tipicamente realizado a T_m-5°C até T_m-20°C, o rigor moderado a T_m-20°C até T_m-35°C e o baixo rigor a T_m-35°C até T_m-50°C para um duplex >150 pares de bases. A hibridização pode ser realizada em rigor baixo até moderado (25 - 50°C abaixo da T_m), seguida por lavagens pós-hibridização em rigores crescentes. As taxas máximas de hibridização em solução são determinadas empiricamente para ocorrerem a T_m-25°C para um duplex de DNA-DNA e a T_m-15°C para um duplex de RNA-DNA. Opcionalmente, o grau de dissociação pode ser avaliado após cada etapa de lavagem para determinar a necessidade de etapas de lavagem subsequentes com maior rigor.

[0221] As condições de alto rigor podem ser utilizadas para selecionar sequências de ácidos nucléicos com altos graus de identidade com as sequências divulgadas. Um exemplo de condições rigorosas de hibridização obtidas em um método baseado em filtro, tal como, Southern ou northern blot para a hibridização de ácidos nucléicos complementares que possuem mais de 100 resíduos

complementares é de aproximadamente 5°C até 20°C abaixo do ponto térmico de fusão (T_m) para a sequência específica a uma força iônica e um pH definidos. As condições utilizadas para a hibridização podem incluir aproximadamente 0,02 M até aproximadamente 0,15 M de cloreto de sódio, aproximadamente 0,5% até aproximadamente 5% de caseína, aproximadamente 0,02% de SDS ou aproximadamente 0,1% de N-laurilsarcosina, aproximadamente 0,001 M até aproximadamente 0,03 M de citrato de sódio, a temperaturas de hibridização entre aproximadamente 50°C e aproximadamente 70°C. Mais preferencialmente, as condições de alto rigor são aproximadamente 0,02 M de cloreto de sódio, aproximadamente 0,5% de caseína, aproximadamente 0,02% de SDS, aproximadamente 0,001 M de citrato de sódio, a uma temperatura de aproximadamente 50°C. As moléculas de ácido nucléico que se hibridizam sob condições rigorosas se hibridizarão tipicamente com uma sonda baseada na molécula inteira de DNA ou em partes selecionadas, por exemplo, a uma única subsequência, do DNA.

[0222] A concentração rigorosa de sais será ordinariamente menor que aproximadamente 750 mM de NaCl e 75 mM de citrato trissódico. As condições rigorosas crescentes podem ser obtidas com menos de aproximadamente 500 mM de NaCl e 50 mM de citrato trissódico, até mesmo um rigor maior com menos de aproximadamente 250 mM de NaCl e 25 mM de citrato trissódico. A hibridização com baixo rigor pode ser obtida na ausência de solvente orgânico, por exemplo, formamida, enquanto que a hibridização com alto rigor pode ser obtida na presença de pelo menos aproximadamente 35% de formamida e mais preferencialmente

pelo menos aproximadamente 50% de formamida. As condições rigorosas de temperatura incluirão ordinariamente temperaturas de pelo menos aproximadamente 30°C, mais preferencialmente de pelo menos aproximadamente 37°C e mais preferencialmente de pelo menos aproximadamente 42°C com formamida presente. A variação de parâmetros adicionais, tais como o tempo de hibridização, a concentração do detergente, por exemplo, dodecil sulfato de sódio (SDS) e força iônica, é bem-conhecida pelos versados na técnica. Vários níveis de rigor são realizados através da combinação destas várias condições quando necessário.

[0223] As etapas de lavagem que seguem a hibridização também podem variar em relação ao rigor; as etapas de lavagem pós-hibridização determinam primariamente a especificidade da hibridização, com os fatores mais críticos sendo a temperatura e a força iônica da solução de lavagem final. O rigor da lavagem pode ser aumentado através da diminuição da concentração de sais ou através do aumento da temperatura. A concentração rigorosa de sais para as etapas de lavagem será preferencialmente menor que de 30 mM NaCl e 3 mM de citrato trissódico e mais preferencialmente menor que aproximadamente 15 mM de NaCl e 1,5 mM de citrato trissódico.

[0224] Assim, as condições de hibridização e de lavagem que podem ser utilizadas para ligar e remover polinucleotídeos com menos que a homologia necessária às sequências de ácidos nucléicos ou seus complementos que codificam os fatores de transcrição, incluem, por exemplo:

6X SSC a 65°C;

50% de formamida, 4X SSC a 42°C; ou

0,5X SSC, 0,1% SDS a 65°C;

com, por exemplo, duas etapas de lavagem de 10 - 30 minutos cada. As variações úteis sobre estas condições serão facilmente evidentes para o versado na técnica.

[0225] Um versado na técnica não esperaria uma variação substancial entre as espécies de polinucleotídeos abrangidos dentro do âmbito da presente invenção porque as condições altamente rigorosas apresentadas nas fórmulas anteriores fornecem polinucleotídeos estruturalmente similares.

[0226] Se desejado, pode-se empregar etapas de lavagem com rigor ainda maior, incluindo aproximadamente 0,2x SSC, 0,1% SDS a 65°C e lavando duas vezes, cada etapa de lavagem sendo de aproximadamente 30 min ou aproximadamente 0,1 x SSC, 0,1% SDS a 65°C e lavando duas vezes durante 30 min. A temperatura para as soluções de lavagem estarão comumente a pelo menos aproximadamente 25°C e para um rigor maior a pelo menos aproximadamente 42°C. O rigor da hibridização pode ser adicionalmente aumentado através da utilização das mesmas condições que nas etapas de hibridização, com a temperatura de lavagem aumentada em aproximadamente 3°C até aproximadamente 5°C e o rigor pode ser ainda maior através da utilização das mesmas condições exceto pelo fato de que a temperatura de lavagem é aumentada em aproximadamente 6°C até aproximadamente 9°C. Para a identificação de homólogos menos intimamente relacionados, as etapas de lavagem podem ser realizadas a uma temperatura menor, por exemplo, a 50°C.

[0227] Um exemplo de uma etapa de lavagem de baixo rigor emprega uma solução e condições de pelo menos 25°C em

30 mM de NaCl, 3 mM citrato trissódico e 0,1% SDS ao longo de 30 min. O rigor maior pode ser obtido a 42°C em 15 mM de NaCl, com 1,5 mM citrato trissódico e 0,1% SDS ao longo de 30 min. Condições de lavagem com rigor ainda maior são obtidas a 65°C - 68°C em uma solução de 15 mM de NaCl, 1,5 mM de citrato trissódico e 0,1% SDS. Os procedimentos de lavagem empregarão geralmente pelo menos duas etapas finais de lavagem. As variações adicionais sobre estas condições serão facilmente evidentes para os versados na técnica (ver, por exemplo, o Pedido de Patente U.S. Nº 20010010913).

[0228] As condições rigorosas podem ser selecionadas de forma que um oligonucleotídeo que é perfeitamente complementar ao oligonucleotídeo codificador se hibridiza com o oligonucleotídeo codificador com uma razão de sinal em relação ao ruído pelo menos aproximadamente 5 - 10x maior que a razão para a hibridização do oligonucleotídeo perfeitamente complementar com um ácido nucléico que codifica um fator de transcrição conhecido como o da data de depósito do pedido de patente. Pode ser desejável selecionar condições para um ensaio particular de forma que uma razão de sinal em relação ao ruído maior, que é, aproximadamente 15x ou mais, seja obtida. Consequentemente, um ácido nucléico de objetivo se hibridizará com um único oligonucleotídeo codificador com uma razão de sinal em relação ao ruído pelo menos 2x ou superior quando comparado com a hibridização do oligonucleotídeo codificador com um ácido nucléico que codifica o polipeptídeo conhecido. O sinal particular dependerá da marcação utilizada no ensaio relevante, por

exemplo, uma marcação fluorescente, uma marcação colorimétrica, uma marcação radioativa ou similar. A hibridização ou as sondas para PCR marcadas para a detecção de sequências de polinucleotídeos relacionadas podem ser produzidas através da marcação de oligonucleotídeos, da translação de pequenos cortes, da marcação das extremidades ou da amplificação pela PCR utilizando um nucleotídeo marcado.

[0229] São abrangidas pela invenção as sequências de polinucleotídeos que codificam polipeptídeos capazes de regular a transcrição, as ditas sequências de nucleotídeos sendo capazes de se hibridizarem com as sequências de polinucleotídeos reivindicadas, incluindo as listadas na Listagem de Sequências ou polinucleotídeos que codificam os polipeptídeos listados na Listagem de Sequências e especificamente as SEQ ID N^{OS}: 1-2237 e fragmentos das mesmas sob várias condições de rigor. (Ver, por exemplo, Wahl e Berger (1987) *Methods Enzymol*. 152: 399-407; Kimmel (1987) *Methods Enzymol*. 152: 507-511.). As estimativas da homologia são fornecidas através da hibridização de DNA-DNA ou de DNA-RNA sob condições de rigor como é bem entendido pelos versados na técnica (Hames e Higgins, Eds. (1985) Nucleic Acid Hybridisation, IRL Press, Oxford, Reino Unido). As condições rigorosas podem ser ajustadas para selecionar fragmentos moderadamente similares, tais como sequências homólogas de organismos relacionados de forma distante, até fragmentos altamente similares, tais como genes que duplicam enzimas funcionais de organismos intimamente relacionados. As lavagens pós-hibridização determinam as condições rigorosas.

Identificação de Polinucleotídeos ou Ácidos Nucléicos com Bibliotecas de Expressão

[0230] Em adição aos métodos de hibridização, os polipeptídeos homólogos aos fatores de transcrição podem ser obtidos através da seleção de uma biblioteca de expressão utilizando anticorpos específicos para um ou mais fatores de transcrição. Com a condição contida aqui dos fatores de transcrição e das sequências de ácidos nucléicos homólogas dos fatores de transcrição divulgados, o(s) polipeptídeo(s) codificado(s) pode(m) ser expresso(s) e purificado(s) em um sistema de expressão heteróloga (por exemplo, *E. coli*) e utilizado(s) para produzir anticorpos (monoclonais ou policlonais) específicos para o(s) polipeptídeo(s) em questão. Os anticorpos também podem ser produzidos contra peptídeos sintéticos derivados do fator de transcrição ou do homólogo do fator de transcrição, sequências de aminoácidos. Os métodos de produção de anticorpos são bem-conhecidos na técnica e estão descritos em Harlow e Lane (1988), Antibodies: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Nova York. Tais anticorpos podem então ser utilizados para selecionar uma biblioteca de expressão produzida partindo da planta da qual é desejado clonar homólogos de fatores de transcrição, utilizando os métodos descritos acima. Os cDNAs selecionados podem ser confirmados através do sequenciamento e da atividade enzimática.

Variações de Sequências

[0231] Será facilmente considerado pelos versados na técnica, que qualquer uma de uma variedade de sequências de polinucleotídeos é capaz de codificar fatores de

transcrição e polipeptídeos homólogos de fatores de transcrição da invenção. Por causa da degeneração do código genético, muitos polinucleotídeoss diferentes podem codificar polipeptídeos idênticos e/ou substancialmente similares em adição aos ilustrados na Listagem de Sequências. Os ácidos nucléicos que possuem uma sequência que difere das sequências mostradas na Listagem de Sequências ou sequências complementares, que codificam peptídeos funcionalmente equivalentes (isto é, peptídeos que possuem algum grau de atividade biológica equivalente ou similar), mas diferem em relação à sequência da sequência mostrada na Listagem de Sequências por causa da degeneração do código genético, também estão dentro do âmbito da invenção.

[0232] As sequências de polinucleotídeos alteradas codificando polipeptídeos incluem as sequências com deleções, inserções ou substituições de nucleotídeos diferentes, resultando em um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo com pelo menos uma característica funcional dos presentes polipeptídeos. Estão incluídos dentro desta definição os polimorfismos que podem ou não ser facilmente detectados utilizando uma sonda de oligonucleotídeo particular do polinucleotídeo que codifica os presentes polipeptídeos e a hibridização imprópria ou inesperada com variações alélicas, com um lócus sem ser o lócus cromossômico normal para a sequência de polinucleotídeos que codifica os presentes polipeptídeos.

[0233] A variação alélica se refere a qualquer uma das duas ou mais formas alternativas de um gene de ocupar o mesmo lócus cromossômico. A variação alélica ocorre

naturalmente através de mutação e pode resultar no polimorfismo fenotípicos dentro das populações. As mutações gênicas podem ser silenciosas (isto é, nenhuma alteração no polipeptídeo codificado) ou podem codificar polipeptídeos que possuem uma sequência de aminoácidos alterada. O termo variação alélica é também utilizada aqui para determinar uma proteína codificada por uma variação alélica de um gene. A variação de processamento se refere a formas alternativas de RNA transcrito partindo de um gene. A variação de processamento ocorre naturalmente através do uso de sítios alternativos de processamento dentro de uma molécula de RNA transcrita ou menos comumente entre moléculas de RNA transcritas separadamente e podem resultar em vários mRNAs transcritos do mesmo gene. As variações de processamento podem codificar polipeptídeos que possuem uma sequência de aminoácidos alterada. O termo variação de processamento é também utilizado aqui para representar uma proteína codificada por uma variação de processamento de um mRNA transcrito partindo de um gene.

[0234] Os versados na técnica reconheceriam que, por exemplo, G47, SEQ ID Nº: 12, representa um único fator de transcrição; pode-se esperar que ocorra variação alélica e processamento alternativo. As variações alélicas da SEQ ID Nº: 11 podem ser clonadas através do tratamento de bibliotecas de cDNA ou genômicas com sonda de organismos individuais diferentes de acordo com os procedimentos padronizados. As variações alélicas da sequência de DNA mostrada na SEQ ID Nº: 11, incluindo as que contêm mutações silenciosas e aquelas nas quais as mutações resultam em alterações de aminoácidos, estão dentro do âmbito da

presente invenção, como estão as proteínas que são variações alélicas da SEQ ID Nº: 12. Os cDNAs generados de mRNAs processados alternativamente, que mantêm as propriedades do fator de transcrição estão incluídos dentro do âmbito da presente invenção, como estão os polipeptídeos codificados por tais cDNAs e mRNAs. As variações alélicas e as variações de processamento destas sequências podem ser clonadas através da utilização de sondas em bibliotecas de cDNA ou genômicas de organismos ou tecidos individuais diferentes de acordo com os procedimentos padronizados conhecidos na técnica (ver USPN 6.388.064).

[0235] Assim, em adição às sequências apresentadas na Listagem de Sequências, a invenção abrange ainda moléculas de ácidos nucléicos relacionadas que incluem variações alélicas ou de processamento da SEQ ID Nº: 2N - 1, em que N = 1- 335, sequências que são ortólogas às SEQ ID Nºs: 761-1348, 1557-2101 e 2124-2237), sequências que são ortólogas até parálogas às SEQ ID Nºs: 1349-1556, sequências variantes que mostraram conferir uma característica alterada na Tabela 4 (SEQ ID Nºs: 2102-2123) listadas na Listagem de Sequências e sequências que são complementares a qualquer uma das sequências de nucleotídeos anteriores. As moléculas de ácidos nucléicos também incluem sequências de nucleotídeos que codificam um polipeptídeo que compreende ou que consiste essencialmente em uma substituição, uma modificação, uma adição e/ou uma deleção de um ou mais resíduos de aminoácidos comparado aos polipeptídeos que são apresentados na Listagem de Sequências. Tais polipeptídeos relacionados podem compreender, por exemplo, adições e/ou deleções de um ou

mais sítios de ligação ligados ao N ou ligados ao O ou uma adição e/ou uma deleção de um ou mais resíduos de cisteína.

[0236] Por exemplo, a Tabela 1 ilustra, por exemplo, todos os códons AGC, AGT, TCA, TCC, TCG e TCT que codificam o mesmo aminoácido: serina. Consequentemente, em cada posição na sequência em que há um códon que codifica a serina, qualquer uma das sequências de trinucleotídeos acima pode ser utilizada sem alterar o polipeptídeo codificado.

Tabela 1

Aminoácido			Códons Possíveis					
Alanina	Ala	A	GCA	GCC	GCG	GCU		
Cisteína	Cys	C	TGC	TGT				
Ácido aspártico	Asp	D	GAC	GAT				
Ácido glutâmico	Glu	E	GAA	GAG				
Fenilalanina	Phe	F	TTC	TTT				
Glicina	Gly	G	GGA	GGC	GGG	GGT		
Histidina	His	H	CAC	CAT				
Isoleucina	Ile	I	ATA	ATC	ATT			
Lisina	Lys	K	AAA	AAG				
Leucina	Leu	L	TTA	TTG	CTA	CTC	CTG	CTT
Metionina	Met	M	ATG					
Asparagina	Asn	N	AAC	AAT				
Prolina	Pro	P	CCA	CCC	CCG	CCT		
Glutamina	Gln	Q	CAA	CAG				
Arginina	Arg	R	AGA	AGG	CGA	CGC	CGG	CGT
Serina	Ser	S	AGC	AGT	TCA	TCC	TCG	TCT

Treonina	Thr	T	ACA	ACC	ACG	ACT		
Valina	Val	V	GTA	GTC	GTG	GTT		
Triptofano	Trp	W	TGG					
Tirosina	Tyr	Y	TAC	TAT				

[0237] As alterações de sequências que não modificam a sequência de aminoácidos codificada pelo polinucleotídeo são denominadas variações "silenciosas". Com a exceção dos códons ATG e TGG, que codificam a metionina e o triptofano, respectivamente, qualquer um dos códons possíveis para o mesmo aminoácido pode ser substituído por uma variedade de técnicas, por exemplo, a mutagênese direcionada ao sítio, disponíveis na técnica. Consequentemente, qualquer uma e todas as tais variações de uma sequência selecionada da tabela acima são uma característica da invenção.

[0238] Em adição às variações silenciosas, outras variações conservativas que alteram um ou alguns aminoácidos no polipeptídeo codificado, podem ser feitas sem alterar a função do polipeptídeo, estas variações conservativas são, similarmente, uma característica da invenção.

[0239] Por exemplo, as substituições, as deleções e as inserções introduzidas nas sequências fornecidas na Listagem de Sequências, são também imaginadas pela invenção. Tais modificações de sequências podem ser engenheiradas em uma sequência através da mutagênese direcionada ao sítio (Wu (ed.) *Methods Enzymol.* (1993) vol. 217, Academic Press) ou de outros métodos citados abaixo. As substituições de aminoácidos são tipicamente de resíduos isolados; as inserções geralmente serão na ordem de

aproximadamente 1 até 10 resíduos de aminoácidos; e as deleçãos variarão de aproximadamente 1 até 30 resíduos. Em modalidades preferidas, as deleções ou as inserções são feitas em pares adjacentes, por exemplo, uma deleção de dois resíduos ou a inserção de dois resíduos. As substituições, as deleções, as inserções ou qualquer combinação das mesmas podem ser associadas para chegar a uma sequência. As mutações que são feitas no polinucleotídeo que codifica o fator de transcrição não devem deslocar a sequência do quadro de leitura e não devem criar regiões complementares que possam produzir uma estrutura secundária de mRNA. Preferencialmente, o polipeptídeo codificado pelo DNA realiza a função desejada.

[0240] As substituições conservativas são aquelas em que pelo menos um resíduo na sequência de aminoácidos foi removido e um resíduo diferente foi inserido em seu lugar. Tais substituições são geralmente feitas de acordo com a Tabela 2 quando é desejado manter a atividade da proteína. A Tabela 2 mostra os aminoácidos que podem ser substituídos por um aminoácido em uma proteína e que são tipicamente considerados como substituições conservativas.

Tabela 2

Resíduo	**Substituições Conservativas**
Ala	Ser
Arg	Lys
Asn	Gln; His
Asp	Glu
Gln	Asn
Cys	Ser
Glu	Asp

Gly	Pro
His	Asn; Gln
Ile	Leu, Val
Leu	Ile; Val
Lys	Arg; Gln
Met	Leu; Ile
Phe	Met; Leu; Tyr
Ser	Thr; Gly
Thr	Ser; Val
Trp	Tyr
Tyr	Trp; Phe
Val	*Ile; Leu*

[0241] As substituições similares são aquelas em que pelo menos um resíduo na sequência de aminoácidos foi removido e um resíduo diferente é inserido em seu lugar. Tais substituições são geralmente feitas de acordo com a Tabela 3 quando é desejado manter a atividade da proteína. A Tabela 3 mostra os aminoácidos que podem ser substituídos por um aminoácido em uma proteína e que são tipicamente considerados como substituições estruturais e funcionais. Por exemplo, um resíduo da coluna 1 da Tabela 3 pode ser substituído por um resíduo na coluna 2; em adição, um resíduo na coluna 2 da Tabela 3 pode ser substituído pelo resíduo da coluna 1.

Tabela 3

Resíduo	**Substituições Similares**
Ala	Ser; Thr; Gly; Val; Leu; Ile
Arg	Lys; His; Gly
Asn	Gln; His; Gly; Ser; Thr

Asp	Glu, Ser; Thr
Gln	Asn; Ala
Cys	Ser; Gly
Glu	Asp
Gly	Pro; Arg
His	Asn; Gln; Tyr; Phe; Lys; Arg
Ile	Ala; Leu; Val; Gly; Met
Leu	Ala; Ile; Val; Gly; Met
Lys	Arg; His; Gln; Gly; Pro
Met	Leu; Ile; Phe
Phe	Met; Leu; Tyr; Trp; His; Val; Ala
Ser	Thr; Gly; Asp; Ala; Val; Ile; His
Thr	Ser; Val; Ala; Gly
Trp	Tyr; Phe; His
Tyr	Trp; Phe; His
Val	*Ala; Ile; Leu; Gly; Thr; Ser; Glu*

[0242] As substituições que são menos conservativas que aquelas na Tabela 2 podem ser selecionadas através da escolha de resíduos que diferem mais significativamente em seu efeito de manter (a) a estrutura da estrutura básica do polipeptídeo na área da substituição, por exemplo, como uma conformação em folha ou em hélice, (b) a carga ou a hidrofobicidade da molécula no sítio alvo ou (c) o volume da cadeia lateral. As substituições que em geral são esperadas que produzam as maiores alterações nas propriedades da proteína serão aquelas em que (a) um

resíduo hidrofílico, por exemplo, serila ou treonila, é substituído por um resíduo hidrofóbico, por exemplo, leucila, isoleucila, fenilalanila, valila ou alanila; (b) uma cisteína ou uma prolina é substituída por qualquer outro resíduo; (c) um resíduo que possui uma cadeia lateral eletropositiva, por exemplo, lisila, arginila ou histidila, é substituído por um resíduo eletronegativo, por exemplo, glutamila ou aspartila; ou (d) um resíduo que possui uma cadeia lateral volumosa, por exemplo, a fenilalanina, é substituído por um que não possui uma cadeia lateral, por exemplo, a glicina.

Modificações Adicionais de Sequências da Invenção - Mutação/Evolução Forçada

[0243] Em adição à produção de substituições silenciosas ou conservativas como citado acima, a presente invenção inclui opcionalmente métodos de modificação das sequências da Listagem de Sequências. Nos métodos, a modificação dos ácidos nucléicos ou de proteínas é utilizada para alterar as sequências fornecidas para produzi novas sequências e/ou modificar quimicamente ou enzimaticamente certas sequências para alterar as propriedades dos ácidos nucléicos ou proteínas.

[0244] Assim, em uma modalidade, certas sequências de ácidos nucléicos são modificadas, por exemplo, de acordo com os métodos padronizados de mutagênese ou de evolução artificial para produzir sequências modificadas. As sequências modificadas podem ser criadas utilizando polinucleotídeos naturais purificados isolados de qualquer organismo ou podem ser sintetizadas partindo de compostos purificados e produtos químicos utilizando meios químicos

bem-conhecidos pelos versados na técnica. Por exemplo, Ausubel, *supra*, fornece detalhes adicionais sobre métodos de mutagênese. Os métodos de evolução forçada artificial são descritos, por exemplo, por Stemmer (1994) *Nature* 370: 389-391, Stemmer (1994) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 91: 10747-10751 Patentes U.S. Nºs 5.811.238, 5.837.500 e 6.242.568. Os métodos para engenheirar fatores de transcrição sintéticos e outros polipeptídeos são descritos, por exemplo, por Zhang e outros (2000) *J. Biol. Chem.* 275: 33850-33860, Liu e outros (2001) *J. Biol. Chem.* 276: 11323-11334 e Isalan e outros (2001) *Nature Biotechnol.* 19: 656-660. Muitos outros métodos de mutação e de evolução também estão disponíveis e espera-se que estejam dentro da perícia do técnico.

[0245] Similarmente, a alteração química ou enzimática de ácidos nucléicos e polipeptídeos expressos pode ser realizada através de métodos padronizados. Por exemplo, a sequência pode ser modificada através da adição de lipídeos, açúcares, peptídeos, compostos orgânicos ou inorgânicos, através da inclusão de nucleotídeos ou aminoácidos modificados ou similares. Por exemplo, as técnicas de modificação de proteínas são ilustradas em Ausubel, *supra*. Detalhes adicionais sobre modificações químicas e enzimáticas podem ser encontrados aqui. Estes métodos de modificação podem ser utilizados para modificar qualquer sequência fornecida ou para modificar qualquer sequência produzida através de vários métodos de modificação por mutação e por evolução forçada citados aqui.

[0246] Consequentemente, a invenção fornece a

modificação de qualquer ácido nucléico fornecido através de mutação, evolução, modificação química ou enzimática ou outros métodos disponíveis, assim como para os produtos obtidos através da prática de tais métodos, por exemplo, utilizando as sequências contidas aqui como um substrato de partida para as várias abordagens de modificação.

[0247] Por exemplo, os códons que contêm sequências codificadoras otimizadas preferidos por um hospedeiro procariótico ou eucariótico particular podem ser utilizados, por exemplo, para aumentar a taxa de tradução ou para produzir produtos da transcrição de RNA recombinantes que possuem propriedades desejáveis, tal como, uma meia-vida mais longa, quando comparados com os produtos da transcrição produzidos utilizando uma sequência não otimizada. Os códons de término da tradução também podem ser modificados para refletir as preferências do hospedeiro. Por exemplo, os códons de términos preferidos para *Saccharomyces cerevisiae* e mamíferos são TAA e TGA, respectivamente. O códon de término preferido pra as plantas monocotiledôneas é TGA, enquanto que os insetos e *E. coli* preferem utilizar TAA como o códon de término.

[0248] As sequências de polinucleotídeos da presente invenção podem também ser engenheiradas com a finalidade de alterar uma sequência codificadora por uma variedade de razões, incluindo, mas não limitadas às alterações que modificam a sequência para facilitar a clonagem, o processamento e/ou a expressão do produto gênico. Por exemplo, as alterações são opcionalmente introduzidas utilizando técnicas que são bem-conhecidas na técnica, por exemplo, a mutagênese direcionada ao sítio,

para inserir novos sítios de restrição, para alterar os padrões de glicosilação, para alterar a preferência de códons, para introduzir sítios de processamento etc.

[0249] Além disso, um fragmento ou um domínio derivado de qualquer um dos polipeptídeos da invenção pode ser combinado com domínios derivados de outros fatores de transcrição ou domínios sintéticos para modificar a atividade biológica de um fator de transcrição. Por exemplo, um domínio de ligação ao DNA derivado de um fator de transcrição da invenção pode ser combinado com o domínio de ativação de um outro domínio de ativação ou com um domínio de ativação sintético. Um domínio de ativação da transcrição auxilia na iniciação da transcrição partindo do sítio de ligação ao DNA. Os exemplos incluem a região de ativação da transcrição de VP16 ou de GAL4 (Moore e outros (1998) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 95: 376-381; Aoyama e outros (1995) *Plant Cell* 7: 1773-1785), peptídeos derivados de sequências bacterianas (Ma e Ptashne (1987) *Cell* 51: 113-119) e peptídeos sintéticos (Giniger e Ptashne (1987) *Nature* 330: 670-672).

Expressão e Modificação de Polipeptídeos

[0250] Tipicamente, as sequências de polinucleotídeos da invenção são incorporadas em moléculas de DNA (ou RNA) recombinantes que direcionam a expressão de polipeptídeos da invenção em células hospedeiras apropriadas, plantas transgênicas, sistemas de tradução *in vitro* ou similares. Devido à degeneração inerente do código genético, as sequências de ácidos nucléicos que codificam substancialmente a mesma ou uma sequência de aminoácidos funcionalmente equivalente podem ser substituídas por

qualquer sequência listada para fornecer a clonagem e a expressão do homólogo relevante.

[0251] As plantas transgênicas da presente invenção que compreendem sequências de polinucleotídeos recombinantes são geralmente derivadas de plantas parentais, que podem por si só ser plantas não-transformadas ou não-transgênicas. Estas plantas transgênicas podem ter um gene de fator de transcrição "nocauteado" (por exemplo, com uma inserção genômica através da recombinação homóloga, uma constructo anti-sentido ou de ribozima) ou expresso até uma extensão normal ou do tipo selvagem. Entretanto, as plantas da "progênie" transcrição com superexpressão exibirão maiores níveis de mRNA, em que o mRNA codifica um fator de transcrição, que é, uma proteína de ligação ao DNA que é capaz de se ligar a uma sequência reguladora do DNA e induzir a transcrição e preferencialmente, a expressão de um gene de característica vegetal. Preferencialmente, o nível de expressão do mRNA será pelo menos três vezes maior que o da planta parental ou mais preferencialmente pelo menos dez vezes maior que os níveis de mRNA comparados com os da dita planta parental e mais preferencialmente pelo menos quarenta vezes maior comparados com os da dita planta parental.

Vetores, Promotores e Sistemas de Expressão

[0252] A presente invenção inclui construções recombinantes que compreendem uma ou mais das sequências de ácidos nucléicos contidas aqui. As construções compreendem tipicamente um vetor, tal como, um plasmídeo, um cosmídeo, um fago, um vírus (por exemplo, um vírus vegetal), um cromossomo artificial de bactéria (BAC), um cromossomo

artificial de levedura (YAC) ou similares, nos quais uma sequência de ácido nucléico da invenção foi inserida, em uma orientação para frente ou inversa. Em um aspecto preferido desta modalidade, a construção compreende ainda sequências reguladoras, incluindo, por exemplo, um promotor, ligado de forma operacional à sequência. Números maiores de vetores e de promotores adequados são conhecidos pelos versados na técnica e estão disponíveis comercialmente.

[0253] Os textos gerais que descrevem técnicas de biologia molecular úteis aqui, incluindo o uso e a produção de vetores, promotores e muitos outros tópicos relevantes, incluem Berger, Sambrook, *supra* e Ausubel, *supra*. Qualquer uma das sequências identificadas pode ser incorporada em um cassete ou um vetor, por exemplo, para a expressão em plantas. Um número de vetores de expressão adequados para a transformação estável de células vegetais ou para o estabelecimento de plantas transgênicas foi descrito incluindo os descritos em Weissbach e Weissbach (1989) Methods for Plant Molecular Biology, Academic Press e Gelvin e outros (1990) Plant Molecular Biology Manual, Kluwer Academic Publishers. Os exemplos específicos incluem os derivados de um plasmídeo Ti de *Agrobacterium tumefaciens*, assim como os divulgados por Herrera-Estrella e outros (1983) *Nature* 303: 209, Bevan (1984) *Nucleic Acids Res.* 12: 8711-8721, Klee (1985) *Bio/Technology* 3: 637-642, para plantas dicotiledôneas.

[0254] Alternativamente, os vetores sem ser Ti podem ser utilizados para transferir o DNA em plantas e células dicotiledôneas através da utilização de técnicas de

distribuição de DNA livre. Tais métodos podem envolver, por exemplo, o uso de lipossomos, a eletroporação, o bombardeio de microprojéteis, filamentos de carbureto de silício e vírus. Utilizando estes métodos, plantas transgênicas tais como o trigo, o arroz (Christou (1991) *Bio/Technology* 9: 957-962) e o milho (Gordon-Kamm (1990) *Plant Cell* 2: 603-618) podem ser produzidas. Um embrião imaturo também pode ser um bom tecido alvo para as monocotiledôneas para direcionar as técnicas de distribuição de DNA através da utilização da pistola de partículas (Weeks e outros (1993) *Plant Physiol.* 102: 1077-1084; Vasil (1993) *Bio/Technology* 10: 667-674; Wan e Lemeaux (1994) *Plant Physiol.* 104: 37-48 e para a transferência de DNA mediada por *Agrobacterium* (Ishida e outros (1996) *Nature Biotechnol.* 14: 745-750).

[0255] Tipicamente, os vetores de transformação de plantas incluem uma ou mais sequências codificadoras de plantas (genômicas ou cDNA) sob o controle transcricional de sequências reguladoras a 5' e a 3' e um marcador selecionável dominante. Tais vetores de transformação de plantas contêm ainda tipicamente um promotor (por exemplo, uma região reguladora que controla a expressão que pode ser induzida ou constitutiva, regulada pelo ambiente ou pelo desenvolvimento ou específica à célula ou ao tecido), um sítio de início da transcrição, um sinal de processamento de RNA (tais como sítios de processamento de íntrons), um sítio de término da transcrição e/ou um sinal de poliadenilação.

[0256] Uma utilidade potencial para os polinucleotídeos dos fatores de transcrição divulgados aqui é o isolamento de elementos promotores partindo destes

genes que podem ser utilizados para programar a expressão em plantas de quaisquer genes. Cada gene de fator de transcrição divulgado aqui é expresso de uma forma única, que é determinada por elementos promotores localizados a montante do início da tradução e adicionalmente dentro de um íntron do gene do fator de transcrição ou a jusante do códon de término do gene. Como é bem-conhecido na técnica, para uma parte significativa dos genes, as sequências promotoras ficam localizadas inteiramente na região diretamente a montante do início da tradução. Em tais casos, tipicamente as sequências promotoras ficam localizadas dentro de 2,0 kb do início da tradução ou dentro de 1,5 kb do início da tradução, frequentemente dentro de 1,0 kb do início da tradução e algumas vezes dentro de 0,5 kb do início da tradução.

[0257] As sequências promotoras podem ser isoladas de acordo com métodos conhecidos por um versado na técnica.

[0258] Os exemplos de promotores constitutivos de plantas que podem ser úteis para a expressão da sequência do TF incluem: o promotor 35S do vírus mosaico da couve-flor (CaMV), que confere uma expressão em alto nível constitutiva na maior parte dos tecidos vegetais (*ver*, por exemplo, Odell e outros (1985) *Nature* 313: 810-812); o promotor da nopalina sintase (An e outros (1988) *Plant Physiol.* 88: 547-552); e o promotor da octopina sintase (Fromm e outros (1989) *Plant Cell* 1: 977-984).

[0259] Uma variedade de promotores gênicos de plantas que regulam a expressão em resposta a sinais ambientais, hormonais, químicos, de desenvolvimento e de uma maneira ativa no tecido pode ser utilizada para a

expressão de uma sequência do TF nas plantas. A escolha de um promotor se baseia enormemente no fenótipo de interesse e é determinada por fatores, tais como o tecido (por exemplo, semente, fruto, raiz, pólen, tecido vascular, flor, carpelo etc.), a capacidade de indução (por exemplo, em resposta a feridas, calor, frio, seca, luz, agentes patogênicos etc.), a sincronia, o estágio do desenvolvimento e similares. Vários promotores conhecidos foram caracterizados e podem ser favoravelmente empregados para promover a expressão de um polinucleotídeo da invenção em uma planta ou célula transgênica de interesse. Por exemplo, os promotores específicos ao tecido incluem: promotores específicos à semente (tal como, o promotor da napina, da faseolina ou de DC3 descrito na Patente U.S. Nº 5.773.697), os promotores específicos ao fruto que são ativos durante o amadurecimento dos frutos (tal como, o promotor dru 1 (Patente U.S. Nº 5.783.393) ou o promotor 2A11 (Patente U.S. Nº 4.943.674) e o promotor da poligalacturonase do tomate (Bird e outros (1988) *Plant Mol. Biol.* 11: 651-662), os promotores específicos à raiz, tais como os divulgados nas Patente U.S. Nºs 5.618.988, 5.837.848 e 5.905.186, os promotores ativos no pólen, tais como PTA29, PTA26 e PTA13 (Patente U.S. Nº 5.792.929), os promotores ativos no tecido vascular (Ringli e Keller (1998) *Plant Mol. Biol.* 37: 977-988), os específicos às flores (Kaiser e outros (1995) *Plant Mol. Biol.* 28: 231-243), ao pólen (Baerson e outros (1994) *Plant Mol. Biol.* 26: 1947-1959), aos carpelos (Ohl e outros (1990) *Plant Cell* 2: 837-848), ao pólen e aos óvulos (Baerson e outros (1993) *Plant Mol. Biol.* 22: 255-267), os promotores que

podem ser induzidos pela auxina (tais como os descritos em van der Kop e outros (1999) *Plant Mol. Biol.* 39: 979-990 ou Baumann e outros, (1999) *Plant Cell* 11: 323-334), o promotor que pode ser induzido pela citoquinina (Guevara-Garcia (1998) *Plant Mol. Biol.* 38: 743-753), os promotores que respondem à giberelina (Shi e outros (1998) *Plant Mol. Biol.* 38: 1053-1060, Willmott e outros (1998) *Plant Molec. Biol.* 38: 817-825) e similares. Os promotores adicionais são aqueles que ativam a expressão em resposta ao calor (Ainley e outros (1993) *Plant Mol. Biol.* 22: 13-23), à luz (por exemplo, o promotor rbcS-3A da ervilha, Kuhlemeier e outros (1989) *Plant Cell* 1: 471-478 e o promotor rbcS do milho, Schaffner e Sheen (1991) *Plant Cell* 3: 997-1012); a feridas (por exemplo, *wunI*, Siebertz e outros (1989) *Plant Cell* 1: 961-968); a agentes patogênicos (tal como, o promotor PR-1 descrito em Buchel e outros (1999) *Plant Mol. Biol.* 40: 387-396 e o promotor PDF1.2 descrito em Manners e outros (1998) *Plant Mol. Biol.* 38: 1071-1080) e a reagentes químicos, tal como, o jasmonato de metila ou o ácido salicílico (Gatz (1997) *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 48: 89-108). Em adição, a sincronia da expressão pode ser controlada através do uso de promotores, tais como aqueles que atuam na senescência (Gan e Amasino (1995) *Science* 270: 1986-1988); ou no desenvolvimento tardio das sementes (Odell e outros (1994) *Plant Physiol.* 106: 447-458).

[0260] Os vetores de expressão de plantas também podem incluir sinais de processamento do RNA que podem ser posicionados dentro, a montante ou a jusante da sequência codificadora. Em adição, os vetores de expressão podem

incluir sequências reguladoras adicionais da região não-traduzida a 3' de genes de plantas, por exemplo, uma região de término a 3' para aumentar a estabilidade do mRNA, tal como, a região de término de PI-II da batata ou as regiões de término a 3' da octopina ou da nopalina sintase.

Elementos Adicionais da Expressão

[0261] Os sinais de início específicos podem auxiliar na tradução eficiente de sequências codificadoras. Estes sinais podem incluir, por exemplo, o códon de início ATG e as sequências adjacentes. Nos casos em que uma sequência codificadora, seu códon de início e sequências a montante são inseridos no vetor de expressão apropriado, podem não ser necessário nenhum sinal de controle adicional. Entretanto, nos casos em que somente a sequência codificadora (por exemplo, uma sequência codificadora de uma proteína madura) ou uma parte da mesma, é inserida, sinais exógenos de controle da transcrição incluindo o códon de início ATG podem ser fornecidos separadamente. O códon de início é fornecido no quadro de leitura correto para facilitar a transcrição. Os elementos transcricionais exógenos e os códons de início podem ter várias origens, tanto naturais quanto sintéticas. A eficiência da expressão pode ser aumentada através da inclusão de intensificadores apropriados para o sistema celular em uso.

Hospedeiros de Expressão

[0262] A presente invenção também se refere a células hospedeiras que são transduzidas com vetores da invenção e à produção de polipeptídeos da invenção (incluindo fragmentos dos mesmos) através de técnicas recombinantes. As células hospedeiras são engenheiradas

geneticamente (isto é, são introduzidos ácidos nucléicos, por exemplo, transduzidos, transformados ou transfectados) com os vetores desta invenção, que podem ser, por exemplo, um vetor de clonagem ou um vetor de expressão que compreende os ácidos nucléicos relevantes contidos aqui. O vetor é opcionalmente um plasmídeo, uma partícula viral, um fago, um ácido nucléico nu etc. As células hospedeiras engenheiradas podem ser cultivadas em meios nutricionais convencionais modificados quando apropriado para a ativação dos promotores, para a seleção de transformantes ou para a amplificação do gene relevante. As condições de cultivo, tais como a temperatura, o pH e similares, são aquelas previamente utilizadas com a célula hospedeira selecionada para a expressão e serão evidentes para os versados na técnica e nas referências citadas aqui, incluindo, Sambrook, *supra* e Ausubel, *supra*.

[0263] A célula hospedeira pode ser uma célula eucariótica, tal como, uma célula de levedura ou uma célula vegetal ou a célula hospedeira pode ser uma célula procariótica, tal como, uma célula bacteriana. Os protoplastos vegetais também são adequados para algumas aplicações. Por exemplo, os fragmentos de DNA são introduzidos nos tecidos vegetais, células vegetais cultivadas ou protoplastos vegetais através de métodos padronizados incluindo a eletroporação (Fromm e outros (1985) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 82: 5824-5828), a infecção por vetores virais tal como, o vírus mosaico da couve-flor (CaMV) (Hohn e outros (1982) Molecular Biology of Plant Tumors Academic Press, Nova York, NY, pp. 549-560; Patente U.S. Nº 4.407.956), a penetração por balística em alta

velocidade por partículas pequenas com o ácido nucléico dentro da matriz de esferas ou partículas pequenas ou na superfície (Klein e outros (1987) *Nature* 327: 70-73), o uso de pólen como vetor (WO 85/01856) ou o uso de *Agrobacterium tumefaciens* ou *A. rhizogenes* carregando um plasmídeo de T-DNA no qual fragmentos de DNA são clonados. O plasmídeo de T-DNA é transmitido para as células vegetais após a infecção por *Agrobacterium tumefaciens* e uma parte é integrada de forma estável no genoma da planta (Horsch e outros (1984) *Science* 233: 496-498; Fraley e outros (1983) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 80: 4803-4807).

[0264] A célula pode incluir um ácido nucléico da invenção que codifica um polipeptídeo, em que a célula expressa um polipeptídeo da invenção. A célula pode ainda incluir sequências de vetores ou similares. Além disso, as células e as plantas transgênicas que incluem qualquer polipeptídeo ou ácido nucléico acima ou contido ao longo de toda esta especificação, por exemplo, produzido através da transdução de um vetor da invenção, constituem uma característica adicional da invenção.

[0265] Para a produção de alto rendimento a longo prazo das proteínas recombinantes, pode ser utilizada a expressão estável. Células hospedeiras transformadas com uma sequência de nucleotídeos que codifica um polipeptídeo da invenção são opcionalmente cultivadas sob condições adequadas para a expressão e para a recuperação da proteína codificada da cultura de células. A proteína ou o fragmento da mesma produzido por uma célula recombinante pode ser secretado, ligado à membrana ou contido de forma intracelular, dependendo da sequência e/ou do vetor

utilizado. Como será entendido pelos versados na técnica, os vetores de expressão que contêm polinucleotídeos que codificam proteínas maduras da invenção podem ser planejados com sequências sinais que direcionam a secreção dos polipeptídeos maduros através de uma membrana de célula procariótica ou eucariótica.

Resíduos de Aminoácidos Modificados

[0266] Os polipeptídeos da invenção podem conter um ou mais resíduos de aminoácidos modificados. A presença de aminoácidos modificados pode ser vantajosa, por exemplo, no aumento da meia-vida do polipeptídeo, na redução da antigenicidade ou da toxicidade do polipeptídeo, no aumento da estabilidade de armazenamento do polipeptídeo ou similares. O(s) resíduo(s) de aminoácido(s) é(são) modificado(s), por exemplo, de forma co-tradução ou pós-tradução durante a produção recombinante ou modificado(s) através de meios sintéticos ou químicos.

[0267] Os exemplos não limitantes de um resíduo de aminoácido incluem a incorporação ou outro uso de aminoácidos acetilados, aminoácidos glicosilados, aminoácidos sulfatados, aminoácidos prenilados (por exemplo, farnesilados, geranilgeranilados), aminoácidos modificados com PEG (por exemplo, "PEGuilados"), aminoácidos biotinilados, aminoácidos carboxilados, aminoácidos fosforilados etc. As referências adequadas para guiar um versado na técnica na modificação de resíduos de aminoácidos são abundantes por toda a literatura.

[0268] Os resíduos de aminoácidos modificados podem prevenir ou aumentar a afinidade do polipeptídeo por uma outra molécula, incluindo, mas não limitada ao

polinucleotídeo, às proteínas, aos carboidratos, aos lipídeos e aos derivados de lipídeos e outros compostos orgânicos ou sintéticos.

Identificação de Fatores Adicionais

[0269] Um fator de transcrição fornecido pela presente invenção também pode ser utilizado para identificar moléculas endógenas ou exógenas adicionais que podem afetar um fenótipo ou uma característica de interesse. Por um lado, tais moléculas incluem compostos orgânicos (moléculas pequenas ou grandes) e/ou inorgânicos que afetam a expressão (isto é, regulam) de um fator de transcrição particular. Alternativamente, tais moléculas incluem moléculas endógenas que sofrem atuação após um nível de transcrição por um fator de transcrição da invenção para modificar um fenótipo quando desejado. Por exemplo, os fatores de transcrição podem ser empregados para a identificação de um ou mais genes a jusante que estão sujeitos a um efeito regulador do fator de transcrição. Em uma abordagem, um fator de transcrição ou um homólogo de fator de transcrição da invenção é expresso em uma célula hospedeira, por exemplo, uma célula, um tecido ou um explante vegetal transgênico e produtos de expressão, RNA ou proteína, de alvos prováveis ou aleatórios é monitorado, por exemplo, através da hibridização a um microarranjo de sondas de ácidos nucléicos correspondentes aos genes expressos em um tecido ou tipo de célula de interesse, através da eletroforese em gel bidimensional de produtos da proteína ou através de qualquer outro método conhecido na técnica para avaliar a expressão de produtos gênicos no nível de RNA ou de

proteína. Alternativamente, um fator de transcrição da invenção pode ser utilizado para identificar sequências promotoras (tais como sítios de ligação nas sequências de DNA) envolvidas na regulação de um alvo a jusante. Após a identificação de uma sequência promotora, as interações entre o fator de transcrição e a sequência promotora podem ser modificadas através da alteração de nucleotídeos específicos na sequência promotora ou de aminoácidos específicos no fator de transcrição que interagem com a sequência promotora para alterar uma característica da planta. Tipicamente, os sítios de ligação ao DNA do fator de transcrição são identificados através de ensaios de alteração no gel. Após a identificação das regiões promotoras, as sequências das regiões promotoras podem ser empregadas em arranjos de DNA de filamento duplo para identificar moléculas que afetam as interações dos fatores de transcrição com seus promotores (Bulyk e outros (1999) *Nature Biotechnol.* 17: 573-577).

[0270] Os fatores de transcrição identificados também são úteis para identificar proteínas que modificam a atividade do fator de transcrição. Tais modificações podem ocorrer através da modificação covalente, tal como, através da fosforilação ou através de interações proteína-proteína (homo ou heteropolímero). Qualquer método adequado para detectar as interações proteína-proteína pode ser empregado. Entre os métodos que podem ser empregados estão a co-imunoprecipitação, a ligação cruzada e a co-purificação através de gradientes ou colunas cromatográficas e o sistema de levedura de dois híbridos.

[0271] O sistema de dois híbridos detecta

interações de proteínas *in vivo* e é descrito em Chien e outros ((1991) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 88: 9578-9582) e está disponível comercialmente na Clontech (Palo Alto, Calif.). Em tal sistema, são construídos plasmídeos que codificam duas proteínas híbridas: uma consiste do domínio de ligação ao DNA de uma proteína ativadora da transcrição fundido com o polipeptídeo do TF e a outra consiste do domínio de ativação da proteína ativadora da transcrição fundido com uma proteína desconhecida que é codificada por um cDNA que foi recombinado no plasmídeo como parte de uma biblioteca de cDNA. O plasmídeo de fusão do domínio de ligação ao DNA e a biblioteca de cDNA são transformados em uma cepa da levedura *Saccharomyces cerevisiae* que contém um gene repórter (por exemplo, lacZ) cuja região reguladora contém o sítio de ligação do ativador da transcrição. Nenhuma das duas proteínas sozinhas pode ativar a transcrição do gene repórter. A interação das duas proteínas híbridas reconstitui a proteína ativadora funcional e resulta na expressão do gene repórter, que é detectado através de um ensaio para o produto do gene repórter. Então, os plasmídeos da biblioteca responsáveis pela expressão do gene repórter são isolados e sequenciados para identificar as proteínas codificadas pelos plasmídeos da biblioteca. Após a identificação de proteínas que interagem com os fatores de transcrição, podem ser realizados os ensaios para os compostos que interferem com as interações proteína-proteína do TF.

Identificação de Moduladores

[0272] Em adição às moléculas intracelulares descritas anteriormente, as moléculas extracelulares que

alteram a atividade ou a expressão de um fator de transcrição, diretamente ou indiretamente, podem ser identificadas. Por exemplo, os métodos podem vincular primeiro a colocação de uma molécula candidata em contato com uma planta ou célula vegetal. A molécula pode ser introduzida através da administração tópica, tal como, borrifando ou mergulhando uma planta ou incubando uma planta em uma solução que contém a molécula e então o efeito da molécula sobre a expressão ou a atividade do polipeptídeo do TF ou a expressão do polinucleotídeo é monitorada. As alterações na expressão do polipeptídeo do TF podem ser monitoradas através do uso de anticorpos policlonais ou monoclonais, de eletroforese em gel ou similares. As alterações na expressão da sequência de polinucleotídeo correspondente podem ser detectadas através do uso de microarranjos, Northerns, PCR quantitativa ou qualquer outra técnica para monitorar alterações na expressão do mRNA. Estas técnicas são exemplificadas em Ausubel e outros (eds.) Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons (1998 e supplements through 2001). As alterações na atividade do fator de transcrição podem ser monitoradas, diretamente ou indiretamente, através do ensaio da função do fator de transcrição, por exemplo, medindo a expressão de promotores conhecidos por serem controlados pelo fator de transcrição (utilizando construções promotor-repórter), medindo os níveis dos produtos da transcrição utilizando microarranjos, Northern blots, PCR quantitativa etc. Tais alterações nos níveis de expressão podem ser correlacionadas com caracteísticas vegetais modificadas e assim as moléculas identificadas

podem ser úteis para mergulhar ou borrifar o fruto, o vegetal e as plantas de cultivo em grãos para modificar as características nas plantas.

[0273] Essencialmente qualquer composição disponível pode ser testada em relação à atividade moduladora da expressão ou da atividade de qualquer ácido nucléico ou polipeptídeo contido aqui. Assim, as bibliotecas disponíveis de compostos tais como reagentes químicos, polipeptídeos, ácidos nucléicos e similares podem ser testadas em relação à atividade moduladora. Frequentemente, os compostos moduladores potenciais podem ser dissolvidos em soluções aquosas ou orgânicas (por exemplo, baseadas em DMSO) para a fácil distribuição na célula ou na planta de interesse em que a atividade do modulador deve ser testada. Opcionalmente, os ensaios são planejados para selecionar grandes bibliotecas de composições moduladoras através da automatização das etapas de ensaio e fornecendo compostos de qualquer fonte conveniente para os ensaios, que são tipicamente rodados em paralelo (por exemplo, em formatos de microtitulação em placas micrométricas em ensaios robóticos).

[0274] Em uma modalidade, os métodos de seleção de alta circulação envolvem o fornecimento de uma biblioteca combinatória contendo um grande número de compostos potenciais (compostos moduladores potenciais). Tais "bibliotecas químicas combinatórias" são então selecionadas em um ou mais ensaios, como descrito aqui, para identificar os membros da biblioteca (espécies ou subclasses químicas particulares) que exibem uma atividade característica desejada. Os compostos identificados desta forma podem

servir como compostos alvos.

[0275] Uma biblioteca combinatória pode ser, por exemplo, uma coleção de vários compostos químicos gerados através da síntese química ou da síntese biológica. Por exemplo, uma biblioteca química combinatória, tal como, uma biblioteca de polipeptídeos é formada através da combinação de um conjunto de blocos de construção químicos (por exemplo, em um exemplo, aminoácidos) em cada forma possível para um certo comprimento de composto (isto é, o número de aminoácidos em um composto polipeptídico de um conjunto de comprimentos). Os exemplos de bibliotecas incluem bibliotecas peptídicas, bibliotecas de ácidos nucléicos, bibliotecas de anticorpos (ver, por exemplo, Vaughn e outros (1996) *Nature Biotechnol.* 14: 309-314 e PCT/US96/10287), bibliotecas de carboidratos (ver, por exemplo, Liang e outros *Science* (1996) 274: 1520-1522 e Patente U.S. Nº 5.593.853), bibliotecas de ácidos nucléicos (ver, por exemplo, Patente U.S. Nº 5.539.083) e bibliotecas de moléculas orgânicas pequenas (ver, por exemplo, benzodiazepinas, em Baum *Chem. & Engineering News* Jan 18, 1993, página 33; isoprenóides, Patente U.S. Nº 5.569.588; tiazolidinonas e metatiazanonas, Patente U.S. Nº 5.549.974; pirrolidinas, Patente U.S. Nºs 5.525.735 e 5.519.134; compostos de morfolino, Patente U.S. Nº 5.506.337) e similares.

[0276] A preparação e a seleção de bibliotecas combinatórias e outras são bem-conhecidas pelos versados na técnica. Tais bibliotecas químicas combinatórias incluem, mas não estão limitadas a bibliotecas de peptídeos (ver, por exemplo, Patente U.S. Nº 5.010.175; Furka, (1991) *Int.*

J. Pept. Prot. Res. 37: 487-493; and Houghton e outros (1991) *Nature* 354: 84-88). Outros reagentes químicos para gerar bibliotecas de diversidade química também podem ser utilizados.

[0277] Em adição, como citado, o equipamento para a seleção de compostos para a seleção de alta circulação está geralmente disponível, por exemplo, utilizando qualquer um de um número de sistemas robóticos bem-conhecidos que também foram desenvolvidos para reagentes químicos em fase de solução úteis nos sistemas de ensaio. Estes sistemas incluem estações de trabalho automatizadas incluindo um aparato de síntese automatizado e sistemas robóticos que utilizam braços robóticos. Qualquer um dos dispositivos anteriores é adequado para uso com a presente invenção, por exemplo, para a seleção de alta circulação de moduladores potenciais. A natureza e a implementação de modificações nestes dispositivos (se alguma) de forma que possam operar como discutido aqui serão evidentes para os versados na técnica relevante.

[0278] Na verdade, sistemas inteiros de seleção de alta circulação estão disponíveis comercialmente. Estes sistemas tipicamente automatizam procedimentos inteiros incluindo toda a pipetagem das amostras e dos reagentes, o descarte de líquidos, as incubações cronometradas e as leituras finais da microplaca no(s) detector(es) apropriado(s) para o ensaio. Estes sistemas que podem ser configurados fornecem alta circulação e início rápido assim como um alto grau de flexibilidade e customização. Similarmente, implementações de seleção de microfluidos também estão disponíveis comercialmente.

[0279] Os fabricantes de tais sistemas fornecem protocolos detalhados para vários experimentos de alta circulação. Assim, por exemplo, a Zymark Corp. fornece boletins técnicos descrevendo os sistemas de seleção para a detecção da modulação da transcrição gênica, ligação ao ligante e similares. Os sistemas integrados contidos aqui, em adição ao fornecimento do alinhamento de sequências e, opcionalmente, da síntese de ácidos nucléicos relevantes, podem incluir tais aparatos de seleção para identificar moduladores que possuem um efeito sobre um ou mais polinucleotídeos ou polipeptídeos de acordo com a presente invenção.

[0280] Em alguns ensaios é desejável ter controles positivos para garantir que os componentes dos ensaios estejam operando apropriadamente. Pelo menos dois tipos de controles positivos são apropriados. Ou seja, ativadores ou inibidores transcricionais conhecidos podem ser incubados com células ou plantas, por exemplo, em uma amostra do ensaio e o aumento/decréscimo resultante na transcrição pode ser detectado através da medida do aumento resultante nos níveis de RNA e/ou de proteína, por exemplo, de acordo com os métodos contidos aqui. Será considerado que os moduladores também podem ser combinados com ativadores ou inibidores da transcrição para descobrir moduladores que inibem a ativação da transcrição ou a repressão da transcrição. A expressão dos ácidos nucléicos e das proteínas contidas aqui ou de quaisquer ácidos nucléicos ou proteínas ativadas pelos ácidos nucléicos ou proteínas contidas aqui ou ambos, pode ser monitorada.

[0281] Em uma modalidade, a invenção fornece um

método para a identificação de composições que modulam a atividade ou a expressão de um polinucleotídeo ou de um polipeptídeo da invenção. Por exemplo, um composto de teste, seja uma molécula pequena ou grande, é colocado em contato com uma célula, uma planta (ou tecido ou explante vegetal) ou composição que compreende o polinucleotídeo ou o polipeptídeo de interesse e um efeito resultante sobre a célula, a planta (ou tecido ou explante) ou composição é avaliado através do monitoramento, diretamente ou indiretamente, de um ou mais de: nível de expressão do polinucleotídeo ou do polipeptídeo, atividade (ou modulação da atividade) do polinucleotídeo ou do polipeptídeo. Em alguns casos, uma alteração em um fenótipo de planta pode ser detectada após o contato de uma planta (ou célula, ou tecido ou explante vegetal) com um suposto modulador, por exemplo, através da modulação da expressão ou da atividade de um polinucleotídeo ou de um polipeptídeo da invenção. A modulação da expressão ou da atividade de um polinucleotídeo ou de um polipeptídeo da invenção pode ser também causada por elementos moleculares em uma via de transdução de sinal de segundo mensageiro e tal modulação pode afetar elementos similares na mesma ou em uma outra via de transdução de sinal de segundo mensageiro.

Subsequências

[0282] São também considerados os usos de polinucleotídeos, também referidos aqui como oligonucleotídeos, tipicamente possuindo pelo menos 12 bases, preferencialmente pelos menos 15, mais preferencialmente pelo menos 20, 30 ou 50 bases, que se hibridizam sob condições pelo menos altamente rigorosas (ou

condições com rigor ultra-alto ou com rigor ultra ultra-alto) com uma sequência de polinucleotídeo descrita acima. Os polinucleotídeos podem ser utilizados como sondas, iniciadores, agentes senso e anti-sentido e similares, de acordo com os métodos citados *supra*.

[0283] As subsequências dos polinucleotídeos da invenção, incluindo, fragmentos de polinucleotídeos e oligonucleotídeos são úteis como sondas e iniciadores para ácidos nucléicos. Um oligonucleotídeo adequado para uso como sonda ou iniciador possui pelo menos aproximadamente 15 nucleotídeos de comprimento, mais frequentemente pelo menos aproximadamente 18 nucleotídeos, frequentemente pelo menos aproximadamente 21 nucleotídeos, frequentemente pelo menos aproximadamente 30 nucleotídeos ou aproximadamente 40 nucleotídeos ou mais de comprimento. Uma sonda de ácido nucléico é útil em protocolos de hibridização, por exemplo, para identificar homólogos de polipeptídeos adicionais da invenção, incluindo protocolos para experimentos com microarranjos. Os iniciadores podem ser anelados com um filamento de DNA complementar alvo através da hibridização de ácidos nucléicos para formar um híbrido entre o iniciador e o filamento de DNA alvo e então é estendido ao longo do filamento de DNA alvo através de uma enzima DNA polimerase. Os pares de iniciadores podem ser utilizados para a amplificação de uma sequência de ácido nucléico, por exemplo, através da reação em cadeia da polimerase (PCR) ou outros métodos de amplificação de ácidos nucléicos. Ver Sambrook, *supra* e Ausubel, *supra*.

[0284] Em adição, a invenção inclui um polipeptídeo isolado ou recombinante incluindo uma subsequência de pelo

menos aproximadamente 15 aminoácidos contíguos codificados pelos polinucleotídeos recombinantes ou isolados da invenção. Por exemplo, tais polipeptídeos ou domínios ou fragmentos dos mesmos, podem ser utilizados como imunógenos, por exemplo, para produzir anticorpos específicos para a sequência de polipeptídeo ou como sondas para detectar uma sequência de interesse. Uma subsequência pode variar em tamanho de aproximadamente 15 aminoácidos em comprimento até e incluindo o comprimento completo do polipeptídeo.

[0285] Para ser abrangido pela presente invenção, um polipeptídeo expresso que compreende tal subsequência de polipeptídeo realiza pelo menos uma função biológica do polipeptídeo intacto substancialmente da mesma maneira ou até uma extensão similar, como o polipeptídeo intacto. Por exemplo, um fragmento de polipeptídeo pode compreender um motivo estrutural ou um domínio funcional que pode ser reconhecido tal como, um domínio de ligação ao DNA que ativa a transcrição, por exemplo, através da ligação com uma região promotora de DNA específica de um domínio de ativação ou de um domínio para interações proteína-proteína.

Produção de Plantas Transgênicas

Modificação de Características

[0286] Os polinucleotídeoss da invenção são favoravelmente empregados para produzir plantas transgênicas com várias características ou características, que foram modificadas de uma maneira desejável, por exemplo, para melhorar as características de semente de uma planta. Por exemplo, a alteração de níveis ou de padrões da

expressão (por exemplo, padrões de expressão espaciais ou temporais) de um ou mais dos fatores de transcrição (ou homólogos dos fatores de transcrição) da invenção, quando comparados com os níveis da mesma proteína encontrada em uma planta do tipo selvagem, pode ser utilizada para modificar as características de uma planta. Um exemplo ilustrativo da modificação de traços, características melhoradas, através da alteração dos níveis de expressão de um fator de transcrição particular é descrito adicionalmente nos Exemplos e na Listagem de Sequências.

Arabidopsis como um sistema modelo

[0287] A *Arabidopsis thaliana* é o objetivo de atenção de cultivo rápido como um modelo para a genética e para o metabolismo em plantas. A *Arabidopsis* possui um genoma pequeno e estudos bem documentados estão disponíveis. É fácil cultivar em grandes números e mutantes que definem mecanismos controlados geneticamente importantes estão disponíveis ou podem ser facilmente obtidos. Vários métodos para a introdução e para a expressão de genes homólogos isolados estão disponíveis (ver Koncz e outros, eds., Methods in *Arabidopsis* Research (1992) World Scientific, Nova Jersey, NJ, em "Preface"). Devido ao seu tamanho pequeno, ao ciclo de vida curto, à autogamia obrigatória e à alta fertilidade, a *Arabidopsis* é também um organismo de escolha para o isolamento de mutantes e estudos nas vias morfogenéticas e de desenvolvimento e de controle destas vias através de fatores de transcrição (Koncz *supra*, p. 72). Um número de estudos que introduzem fatores de transcrição em *A. thaliana* demonstrou a utilidade desta planta para o

entendimento dos mecanismos da regulação gênica e da alteração de características nas plantas (Ver, por exemplo, Koncz *supra* e Patente U.S. Nº 6.417.428).

Genes homólogos introduzidos em plantas transgênicas.

[0288] Os genes homólogos que podem ser derivados de qualquer planta ou de qualquer fonte seja natural, sintética, semi-sintética ou recombinante e que compartilham uma identidade ou uma similaridade significativa com os fornecidos pela presente invenção, podem ser introduzidos em plantas, por exemplo, plantas de cultivo, para conferir características desejáveis ou melhoradas. Consequentemente, podem ser produzidas plantas transgênicas que compreendem um vetor ou cassete de expressão recombinante com um promotor ligado de forma operacional a uma ou mais sequências homólogas às sequências divulgadas aqui. O promotor pode ser, por exemplo, um promotor vegetal ou viral.

[0289] A invenção fornece assim métodos para a preparação de plantas transgênicas e para a modificação de características da planta. Estes métodos incluem a introdução em uma planta de um vetor ou cassete de expressão recombinante que compreende um promotor funcional ligado de forma operacional a uma ou mais sequências homólogas às sequências divulgadas aqui. Plantas e kits para a produção destas plantas que resultam da aplicação destes métodos também são abrangidos pela presente invenção.

Fatores de transcrição de interesse para a modificação das características das plantas

[0290] Concorrentemente, a existência de uma série

de grupos de maturidade para latitudes diferentes representa uma barreira grande para a introdução de novas características valiosas. Qualquer característica (por exemplo, resistência à doenças) tem que ser reproduzida em cada um dos diferentes grupos de maturidade diferentes separadamente, um exercício e trabalhos caros. A disponibilidade de uma única linhagem, que pudesse ser cultivada em qualquer latitude, aumentaria, portanto, enormemente o potencial para a introdução de novas características em espécies de cultivo tais como a soja e o algodão.

[0291] Para muitos dos efeitos, características e utilidades específicas listadas na Tabela 4 e na Tabela 6 que podem ser conferidas em plantas, um ou mais genes de fatores de transcrição podem ser utilizados para aumentar ou diminuir, avançar ou retardar, ou melhorar ou verificar efeitos deletérios para uma certa característica. Por exemplo, a superexpressão de um gene de fator de transcrição que ocorre naturalmente em uma planta pode causar o florescimento precoce em relação às plantas não-transformadas ou do tipo selvagem. Através do nocaute do gene ou da supressão do gene (como, por exemplo, a supressão anti-sentido) a planta pode sofrer florescimento retardado. Similarmente, a superexpressão ou a supressão de um ou mais genes pode conferir diferenças significativas na obtenção de produtos vegetais, tais como proporções diferentes de ácidos graxos. Assim, a supressão de um gene que faz com que a planta fique mais sensível ao frio pode aumentar a tolerância de uma planta ao frio. Mais de um gene de fator de transcrição podem ser introduzidos em uma

planta, através da transformação da planta com um ou mais vetores que compreendem dois ou mais fatores de transcrição ou através da reprodução seletiva de plantas para produzir cruzamentos híbridos que compreendem mais de um fator de transcrição introduzido.

[0292] Uma listagem de efeitos e utilidades específicas que os genes de fatores de transcrição divulgados aqui possuem sobre as plantas, que são determinados através da observação direta ou da análise com ensaios, é fornecida na Tabela 4. A Tabela 4 mostra os polinucleotídeos identificados pela SEQ ID Nº:; pela Gene ID Nº (GID); e se o polinucleotídeo foi testado em um ensaio transgênico. A primeira coluna mostra a SEQ ID Nº: do polinucleotídeo; a segunda coluna mostra o GID; a terceira coluna mostra se o gene estava superexpresso (OE) ou nocauteado (NO) nos estudos com as plantas; a quarta coluna mostra a categoria da característica modificada resultante do nocaute ou da superexpressão do polinucleotídeo na planta transgênica; e a quinta coluna ("Observações Experimentais"), inclui observações específicas feitas em relação ao polinucleotídeo da respectiva primeira coluna.

Tabela 4. Características, categorias de características e efeitos e utilidades que os genes do fator de transcrição possuem sobre as plantas.

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
1	G2	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
3	G12	OE/KO	Morfologia; morte celular programada alterada	Morte celular das folhas e dos hipocotilédones; plantas jovens

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			Regulador do crescimento; sensibilidade alterada ao etileno Des e morf; Morfologia: outra	partindo de semente nocauteadas germinadas na escuridão em meios contendo ácido 1-aminociclopropano-1-carboxílico tinham seu desenvolvimento mais interrompido que os controles Formação de lesões necróticas
5	G15	OE	Des e morf; flor	Morfologia alterada das flores
		OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
1381	G354	OE	Estresse abiótico; seca	Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
7	G30	OE	Folha; forma alterada Folha; folhas verde escuras Folha; folhas brilhosas Resposta à luz; Pecíolos longos Resposta à luz; Hipocotilédones longos Resposta à luz; Cotilédones longos	Cotilédones, pecíolos e hipocotilédones longos, folhas verde escuras, brilhosas; impedimento à sombra
9	G46	OE	Des e morf; Tamanho	Maior biomassa
		OE	Estresse abiótico;	Maior tolerância à

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			Seca	seca em um ensaio com base no solo
11	G47	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Estresse abiótico; estresse osmótico	Melhor crescimento de raízes sob estresse osmótico
		OE	Des e morf; Arquitetura	Arquitetura e desenvolvimento da inflorescência alterados
		OE	Des e morf; caule	Estrutura alterada de tecidos vasculares
		OE	Estresse abiótico; seca	Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
13	G129	OE	Tempo de florescência Folha: formato alterado Flor: transformação homeótica	Florescência precoce Formato folhar Transformação homeótica
15 e 2102	G131	OE	Des e morf; tamanho Tempo de florescência	Plantas pequenas Florescência precoce
		OE	Des e morf; Folha	Folhas enroladas
		OE	Des e morf; Flor	Perda da definição floral, flores

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				terminais
		OE	Des e morf; Inflorescência	Definição alterada da inflorescência
17	G133	OE	Flor: transformação homeótica	Transformação homeótica
19	G134	OE	Flor: transformação homeótica Estresse abiótico; sensibilidade ao frio	Transformação homeótica Maior sensibilidade ao frio
21	G135	OE	Des e morf; Folha	Folhas enroladas
		OE	Des e morf; Inflorescência	Definição alterada da inflorescência; flores terminais
		OE	Des e morf; Flor	Perda da definição floral,
		OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
23	G136	OE	Morfologia; desenvolvimento alterado da flor Tempo de florescência Folha; formato alterado Morfologia: tamanho	Desenvolvimento alterado da flor (pétalas pequeninas) Florescência precoce Folhas enroladas para baixo pequenas Planta pequena

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
25	G137	OE	Tempo de florescência Inflorescência; Flores terminais Folha; formato alterado	Florescência precoce Formação de flores terminais Enrolamento das folhas
27	G138	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
29	G139	OE	Expressão; seca	Este gene foi induzido nas folhas em roseta em respostas aos tratamentos de seca
31	G140	OE	Flor: transformação homeótica Tempo de florescência	Transformação homeótica Florescência precoce
33	G142	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
35	G145	OE	Tempo de florescência Inflorescência; flores terminais	Florescência precoce Flor terminal
37	G146	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
39	G148	OE	Tempo de florescência Inflorescência; flores terminais	Florescência precoce Flor terminal

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
41	G151	OE	Semente; Semente grande	Tamanho maior de sementes que as dos controles
43	G153	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
		OE	Estresse abiótico; Captação de nutrientes	Sensibilidade alterada a C/N
45	G155	OE	Sensibilidade alterada a açúcares Tempo de florescência Estresse abiótico; estresse osmótico Inflorescência; Flor terminal	Maior sensibilidade à glicose Florescência precoce Maior sensibilidade ao manitol Flor terminal
47	G171	OE	Expressão; calor	A expressão foi induzida nas folhas pelo calor
		OE	Expressão; resfriamento	A expressão foi induzida nas folhas pelo frio
		OE	Expressão; *Fusarium*	A expressão foi induzida nas folhas por *Fusarium*
49	G172	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
51	G173	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
53	G200	OE	Nutriente; tolerância a baixos teores de N Sensibilidade a C/N Folha; formato alterado Folha; folha verdes claras Tempo de florescência	As plantas jovens partindo de semente continham menos antocianina e eram mais verdes em meio com alto teor de sacarose isento de nitrogênio e em meios similares suplementados com glutamina; as plantas maduras possuíam folhas apontadas verde claras pequenas; Florescência precoce
55	G224	OE	Folha: formato alterado Estresse abiótico; tolerância ao frio Sensibilidade alterada a açúcares	Formato alterado da folha Maior tolerância ao frio Vigor da planta jovem partindo de semente em alto teor de glicose
57	G244	OE	Expressão; auxina	A expressão foi

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				induzida pela auxina
		OE	Expressão; seca	A expressão foi induzida pela seca
		OE	Expressão; ABA	A expressão foi induzida pelo ácido abscísico
59	G246	OE	Resposta à luz; impedimento à sombra Tempo de florescência	Impedimento à sombra Florescência precoce
61	G253	OE	Tamanho; plantas pequenas	Tamanho reduzido da planta
		OE	Des e morf; Folha	Folhas com formato de coração e verde-escuras
		OE	Des e morf; Inflorescência	Internodos curtos da inflorescência
63	G268	OE	Tamanho da planta; plantas grandes	Maior biomassa
65	G287	OE	Des e morf; Tamanho	Maior biomassa
67	G309	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Tamanho da planta; plantas pequenas	Tamanho reduzido da planta
		OE	Folha; coloração alterada	Folhas verde escuras
69	G314	OE	Des e morf; Tamanho	Maior biomassa

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
71	G319	OE	Tamanho da planta; Maior tamanho Tempo de florescência Folha; formato alterado	Maior tamanho; Florescência tardia; folhas amplas curtas enrrugadas
73 e 2103	G324	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Tamanho; plantas grandes	Maior biomassa
75	G344	OE	Estresse abiótico; congelamento	Mais sensíveis ao congelamento no ensaio de germinação
		OE	Regulador do crescimento; Sensibilidade alterada a açúcares	Fenótipo de sensibilidade alterada a açúcares: mais sensíveis à glicose em um ensaio de germinação
77	G351	OE	Resposta alterada à luz	Orientação folhar e coloração verde clara
1379	G353	OE	Estresse abiótico; estresse osmótico	As plantas jovens partindo de semente eram maiores e mais verdes em meios

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				contendo PEG
79	G355	OE	Nutriente; Tolerância a baixo teores de PO_4 Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Maior crescimento sob fosfato limitado no ensaio de crescimento da raiz e melhor crescimento com alto teor de NaCl
81	G366	OE	Des e morf; Letal quando superexpresso	Letal quando superexpresso
83	G370	KO OE	Estresse abiótico; estresse osmótico Folha; formato alterado Morfologia; maior densidade de tricoma Morfologia; sincronia alterada da mudança de fase	Folhas arredondadas curtas; as flores exibiam um aumento surpreendente na densidade de tricoma nas sépalas e tricomas ectópicos carregados nas pétalas, anteras e carpelos; rosetas aéreas ocorrem quando se desenvolve um meristema secundário da inflorescência; o nocaute era mais sensível ao estresse osmótico em um ensaio de germinação e produzia plantas brilhosas, pequenas

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				com rosetas em arbustos
85	G372	OE	Folha; formato alterado Tempo de florescência	Formato alterado da folha Florescência tardia
87	G374	KO	Des e morf; Letal ao embrião	Letalidade nos estágios iniciais do desenvolvimento de embriões
89	G380	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
91 e 2104	G386	OE	Bioquím: misc; Bioquímica: outro	Maior produção de pigmento
		OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
93	G416	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
95	G434	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
97	G438	OE	Folha; Formato alterado da folha Tamanho da planta; Maior tamanho	Folhas mais chatas, maiores que as de controles nos estágios tardios do desenvolvimento
99	G446	OE	Arquitetura alterada Folha; formato alterado	Ramificação alterada Formato alterado da folha
101	G468	OE	Folha; formato alterado	Folhas enrugadas
103	G478	OE	Resposta alterada à luz Sensibilidade alterada a açúcares	Pecíolos longos Mais sensíveis à glicose

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
105	G485	KO	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
107	G521	OE	Folha; expansão celular	Expansão celular
109	G549	OE	Des e morf; Inflorescência	Definição alterada da inflorescência
		OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
		OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
111	G550	OE	Morfologia; flores alteradas Estresse abiótico; tolerância ao calor Expressão; cloreto de sódio Expressão; auxina Pigmento; alto teor de antocianina	As flores precoces eram pequenas com fraca formação de órgãos, as flores tardias eram normais; menos tolerantes ao estresse ao calor em um ensaio de crescimento; alto nível de antocianina; a expressão de G550 é induzida em resposta ao estresse ao calor, à auxina e salino
113	G571	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA Estresse abiótico; seca Estresse abiótico; estresse osmótico Expressão; *Erysiphe*	Este gene é também fortemente induzido nas folhas da roseta pelo ABA, seca, estresse osmótico e *Erysiphe*

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
115	G581	OE	Nutriente; tolerância a baixos teores de N Semente; coloração alterada Semente; Semente grande Tempo de florescência Pigmento; Maior teor de antocianina	As linhagens de superexpressão germinaram melhor em placas contendo baixo teor de N ou em placas com baixo teor de N suplementadas com glutamina, as plantas jovens partindo de semente também possuíam menor acúmulo de antocianina quando comparadas com os controles do tipo selvagem; maior tamanho de semente, coloração alterada de semente; Florescência tardia
117	G600	OE	Folha; folhas verde claras Tempo de florescência Tamanho da planta; plantas pequenas	Folhas da roseta pequenas, chatas, curtas e acinzentadas ou verde claras; Florescência precoce; plantas menores
119 e 2105	G624	OE	Captação de nutrientes; tolerância a baixo teor de PO_4	Melhor crescimento da raiz em meios isentos de fosfato

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
		OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Maior tolerância ao cloreto de sódio
		OE	Maior tamanho	Maior biomassa
		OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
121	G627	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
123	G646	OE	Folha; formato alterado	Folhas verde escuras muito estreitas enroladas para baixo
125 e 2106	G651	OE	Des e morf; Folha	Formato alterado da folha e folhas cinzentas
		OE	Estresse abiótico; Frio	Maior sensibilidade ao frio em um ensaio de germinação
		OE	Des e morf; Raiz	Ramificação alterada da raiz
		OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
		OE	Des e morf Flor	Morfologia altered da flor
127	G652	OE/KO	Bioquímica da folha; maior teor de glicosinolatos Bioquímica da semente; maior teor de prenil lipídeos na semente Bioquímica da semente;	O nocaute aumentou o glicosinolato M39480 na folha e o a-tocoferol da semente, diminuição do óleo da semente; as que superexpressavam

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			Menor teor de óleos na semente Senescência retardada	exibiam senescência retardada
129	G707	OE	Estresse abiótico; Captação de nutrientes	Sensibilidade alterada a C/N
		OE	Des e morf; Folha	Folhas verde escuras
		OE	Bioquím: misc; Bioquímica: outro	Maior produção de pigmento
		OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
131	G728	OE	Estresse abiótico; tolerância ao frio	Maior tolerância ao frio
133	G730	OE	Des e morf; Raiz	Crescimento radicular secundário reduzido
		OE	Des e morf; Morfologia: outro	Abaxialização das superfícies adaxiais
135	G738	OE	Tempo de florescência Tamanho da planta; plantas pequenas Pigmento; Alto teor de antocianina	Florescência tardia; plantas jovens pequenas partindo de sementes; altos níveis de antocianina nos pecíolos folhares; plantas menores
137 e 2107	G744	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
131	G752	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
141	G807	OE OE OE	Estresse abiótico; tolerância ao congelamento	O vigor das plantas jovens partindo de semente foi aumentado

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
		OE OE OE	Expressão; calor Expressão: auxina Crescimento rápido Resposta à luz; pecíolos longos Resposta à luz; Hipocotilédones longos	nos transformantes T1 e na progênie T2, as plantas jovens partindo de sementes eram maiores de forma que podia ser reproduzida, cresciam mais rápido e exibiam hipocotilédones e pecíolos mais longos que os controles; expressão deste gene moderadamente após o choque térmico e o tratamento com a auxina
143	G811	OE	Folha; Folhas verde escuras Tamanho; plantas pequenas	Folhas verde escuras Tamanho reduzido
145	G839	OE	Nutriente; tolerância a baixos teores de N Tempo de florescência	Maior tolerância ao meio com nitrogênio limitado Florescência tardia
147	G846	OE	Des e morf Flor	Letal ao gameta
149	G852	OE	Tempo de florescência Tamanho; plantas grandes	Florescência tardia Planta grande
151	G905	OE	Tempo de florescência Sensibilidade alterada a açúcares	Florescência tardia Vigor das plantas jovens partindo de

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			Folha; formato alterado	semente em alto teor de glicose Formato alterado da folha
153	G916	OE	Regulador do crescimento; Sensibilidade alterada a açúcares Nutriente; tolerância a baixos teores de N Resposta à luz; Hipocotilédones longos Morfologia; Cotilédones estreitos Estresse abiótico: tolerância à seca	Plantas jovens partindo de semente maiores que as do tipo selvagem em altos teores de glicose, as plantas jovens partindo de semente eram maiores e possuíam menos antocianina em placas com altos teores de sacarose que eram deficientes em relação ao nitrogênio, com ou sem suplementação com glutamina; de forma desproporcional hipocotilédones longos e cotilédones estreitos Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
155	G926	KO	Sensibilidade a hormônios	Sensibilidade

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				reduzida ao ABA
		KO	Estresse abiótico; Estresse osmótico	Maior tolerância ao estresse osmótico (sal e sacarose)
		KO	Estresse abiótico; Seca	Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
157	G957	OE	Folha; formato alterado	Folhas enroladas rugosas
159	G961	OE	Des e morf; Semente	Desenvolvimento e germinação alterados da semente
		KO	Bioquímica da semente; Óleo da semente	Mais óleo da semente
161	G975	OE	Bioquímica da folha; Ácidos graxos da folha	Mais cera nas folhas
			Estresse abiótico; Seca	Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
163	G1011	OE	Morfologia; flores alteradas Folha; formato alterado Tempo de florescência Morfologia; maior densidade de tricoma	A abscisão dos órgãos florais foi retardada, com estames, pétalas e sépalas persistindo após a polinização; maior densidade de tricoma nas sepalas e tricomas ectópicos

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				nos carpelos; folhas arredondadas; Florescência precoce
165	G1013	OE	Crescimento lento Alterações nas flores Resposta alterada à luz Folha; formato alterado Sensibilidade alterada a C/N	Taxa de crescimento lenta Várias alterações nas flores Resposta à luz: orientação das folhas Formato alterado da folha Sensibilidade a C/N: melhor germinação
167	G1017	OE	Estresse abiótico; Tolerância ao cloreto de sódio	Maior tolerância ao cloreto de sódio
169	G1033	OE	Senescência prematura Sensibilidade alterada a açúcares Estresse abiótico; tolerância ao estresse osmótico	Senescência prematura da folha Maior vigor da planta jovem partindo de semente em sacarose Maior tolerância à sacarose
171 e 2108	G1037	OE	Estresse abiótico; Tolerância ao cloreto de sódio	Maior tolerância ao cloreto de sódio
173	G1082	OE	Resposta à luz; Hipocotilédones longos	Hipocotilédones mais longos que dos controles

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
175	G1100	OE	Folha; formato alterado Folha; folhas verde escuras Morfologia; flores alteradas Estresse abiótico Expressão; SA Expressão; seca	Folhas apontadas verde escuras, rosetas verde escuras grandes; Crescimento interrompido da inflorescência e flores anormais; Taxa mais lenta de crescimento; Este gene é fortemente e especificamente induzido pela seca e pelo ácido salicílico
177	G1108	OE	Sensibilidade alterada a açúcares	Menos sensível à glicose
179	G1113	OE	Maior tamanho da planta	Maior biomassa
		OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
181	G1128	OE	Folha; formato alterado Folha; Folhas verde escuras Morfologia; Alterações na flor Taxa de crescimento; taxa alterada de senescência Semente; desenvolvimento alterado	Folhas contorcidas estreitas verde escuras; senescência pré-matura de folhas e flores; pouco ou nenhum desenvolvimento de sementes
183	G1136	OE	Tempo de florescência Nutriente; sensibilidade a baixos teores de N	Florescência tardia Maior sensibilidade ao nitrogênio

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
185	G1142	OE	Tempo de florescência Folha; formato alterado	Florescência tardia Formato alterado da folha
187 e 2109	G1150	OE	Estresse abiótico; Captação de nutrientes	Sensibilidade alterada a C/N
		OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Des e morf; Tamanho	Maior biomassa
189	G1206	OE	Estresse abiótico; tolerância à seca	Maior vigor de plantas jovens partindo de semente sob condições de seca, plantas jovens partindo de semente maiores e mais verdes que os controles
191	G1247	OE	Tamanho; planta pequena Folha; formato alterado	Formato alterado da folha Tamanho reduzido da planta
193	G1274	OE	Estresse abiótico; Frio	Mais tolerante ao frio em um ensaio de germinação
		OE	Estresse abiótico; Congelamento	Mais tolerante ao congelamento em um ensaio de crescimento de planta jovem partindo de semente
		OE	Estresse abiótico; Seca	Maior tolerância à

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				seca em um ensaio com base no solo
		OE	Des e morf; Inflorescência	Arquitetura alterada da inflorescência
		OE	Estresse abiótico; Captação de nutrientes	Maior tolerância a baixos teores de nitrogênio
		OE	Estresse abiótico; Captação de nutrientes	Sensibilidade alterada a C/N
		OE	Des e morf; Folha	Folhas grandes
195	G1276	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
197	G1289	OE	Tamanho da planta; pequeno	Todas as linhagens com superexpressão exibiam tamanho reduzido
199	G1313	OE	Tamanho; planta grande	Maior tamanho de planta jovem partindo de semente
201	G1327	OE	Folha; Folhas verde escuras	Folhas verde escuras
203	G1340	OE	Tamanho da planta; pequeno	Todas as linhagens com superexpressão exibiam tamanho reduzido
205	G1341	OE	Des e morf; Folha	Folhas verde escuras, Enrolamento das folhas
207	G1357	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
		OE	Sensibilidade a hormônios	Insensível ao ABA
		OE	Estresse abiótico; Congelamento	Mais tolerante ao estresse ao congelamento em um ensaio de crescimento
		OE	Des e morf; Folha	Formato alterado da folha e folhas verde escuras
		OE	Estresse abiótico; Seca	Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
209	G1361	OE	Tempo de florescência Folha; formato alterado	Florescência tardia Formato alterado da folha
211	G1384	OE	Des e morf; Letal quando superexpresso	Letal quando superexpresso
213	G1389	OE	Folha; formato alterado Folha; Folhas verde escuras	As folhas internas à roseta eram verde-escuras, estreitas e enroladas nas plantas T1
215	G1412	OE	Estresse abiótico; Estresse osmótico	Maior tolerância ao estresse osmótico
		OE	Sensibilidade a hormônios	Insensível ao ABA
217	G1420	OE	Morfologia; Cotilédones longos Folha; formato alterado Folha; Folhas verde	Órgãos florais longos (sépala e pétala), suavemente serrados, estretitos, folhas

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			escuras Regulador do crescimento; Sensibilidade alterada a açúcares Morfologia; flor alterada	verde escuras (incluindo o pedicelo); fraco crescimento em glicose; cotilédones estreitos longos
219	G1423	OE	Folha; Folhas verde escuras Tamanho da planta; plantas pequenas	Coloração da folha verde escura comparada com o tipo selvagem, indicando uma alteração nos níveis de clorofila, carotenóides ou flavonóides; os transformantes eram distintivamente pequenos
221	G1446	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
223	G1451	OE	Folha; folhas grandes Tempo de florescência Tamanho; planta grande	Tamanho grande da folha Florescência tardia Maior tamanho da planta
225	G1452	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Des e morf; Folha	Formato alterado da folha, Folhas verde escuras

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
		OE	Estresse abiótico; Estresse osmótico	Melhor germinação em sacarose e sal
			Estresse abiótico; seca	Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
		OE	Sensibilidade a hormônios	Sensibilidade reduzida ao ABA
		OE	Des e morf; Tricoma	Densidade reduzida de tricoma
227	G1468	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Des e morf; tamanho	Maior biomassa
		OE	Des e morf; Folha	Folhas acinzentadas e estreitas
		OE	Des e morf; Morfologia: outro	Taxa lenta de crescimento
229	G1474	OE	Tempo de florescência Inflorescência; Arquitetura alterada Tamanho; plantas pequenas	Florescência tardia Arquitetura alterada da inflorescência Tamanho reduzido da planta
231	G1476	OE	Crescimento rápido Folha; formato alterado	Taxa de crescimento maior de planta jovem partindo de semente; folhas contorcidas arredondadas
233	G1482	OE	Mais pigmento	Maior teor de antocianinas na folha
235	G1483	OE	Estresse abiótico;	Sensibilidade

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			Captação de nutrientes	alterada a C/N
237	G1493	OE	Sensibilidade alterada a açúcares Folha; formato alterado Tempo de florescência	Vigor da planta jovem partindo de semente em alto teor de glicose Formato alterado da folha Florescência tardia
239	G1507	OE	Expressão: resposta alterada ao ABA Expressão; calor Expressão; *Fusarium* Expressão: resposta alterada a SA	Este gene é induzido pelo ABA, pelo calor, por *Fusarium* e pelo ácido salicílico
241	G1510	OE	Folha; Folhas verde escuras Resposta alterada à luz	Folhas verde escuras Hipocotilédones longos
243	G1535	OE	Crescimento lento Folha; formato alterado Sensibilidade alterada a açúcares Sensibilidade alterada a C/N	Taxa lenta de crescimento Formato e coloração alterados da folha Planta jovem partindo de semente verde escura em alto teor de glicose Sensibilidade a C/N: mais antocianina em meios limitados em relação ao nitrogênio

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
245	G1538	OE	Tempo de florescência Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio Folha; formato alterado Expressão; heat Expressão; SA	Florescência precoce; maior tolerância ao estresse salino em um ensaio de crescimento de raiz; plantas jovens partindo de semente maiores com maior crescimento de raízes secundárias que as do tipo selvagem; pecíolos folhares mais longos; expressão induzida em folhas por tratamentos térmicos e com o ácido salicílico
247	G1539	OE	Estrutura alterada do tricoma Diferenciação celular alterada Flor; desenvolvimento alterado do carpelo	Estrutura alterada do tricoma Diferenciação celular alterada Desenvolvimento ectópico do carpelo
249	G1549	OE	Tamanho; planta pequena Crescimento lento Folha; formato alterado	Tamanho reduzido da planta Taxa lenta de crescimento Formato e coloração alterados da folha

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
251	G1554	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Des e morf; Folha	Folhas verde escuras
253	G1556	OE	Des e morf; Letal quando superexpresso	Letal quando superexpresso
255	G1557	OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Maior tolerância ao cloreto de sódio
257	G1585	OE	Des e morf Folha; formato alterado	Diferenciação celular alterada Formato alterado da folha
259	G1591	OE	Flor; desenvolvimento alterado do carpelo Morfologia; diferenciação celular alterada	Desenvolvimento ectópico do carpelo Diferenciação celular alterada
261	G1593	OE	Inflorescência; Arquitetura alterada Folha; formato e coloração alterados	Arquitetura alterada da inflorescência Formato e coloração alterados da folha
263	G1660	OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Maior crescimento radicular e vigor da planta jovem partindo de semente em altos teores de sal
265	G1718	OE	Folha; coloração alterada	Folhas cinzentas pálidas
267	G1730	OE	Estresse abiótico; tolerância ao estresse	Plantas jovens partindo de semente

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			osmótico	grandes e verdes em manitol e glicose
269	G1743	OE	Inflorescência; Arquitetura alterada Folha; formato e coloração alterados	Arquitetura alterada da inflorescência Formato alterado da folha, Folhas verde escuras
271	G1753	OE	Sensibilidade alterada a açúcares Estresse abiótico; tolerância ao estresse osmótico Inflorescência; Arquitetura alterada	Arquitetura alterada da inflorescência Melhor germinação em meios com alto teor de sacarose
273	G1772	OE	Tamanho; planta pequena	Tamanho reduzido da planta
275	G1779	OE	Estresse abiótico; congelamento	As plantas maduras possuem maior tolerância ao estresse ao congelamento durante um período de tempo mais longo
277	G1792	OE	Doença; Erysiphe	Maior resistência a Erysiphe
		OE	Doença; *Fusarium*	Maior resistência a *Fusarium*
		OE	Doença; *Botrytis*	Maior resistência a *Botrytis*

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
		OE	Des e morf; Folha	Folhas brilhosas verde-escuras
		OE	Captação de nutrientes; tolerância a baixos teores de N	Maior tolerância a baixos teores de nitrogênio
		OE	Estresse abiótico; Seca	Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
279	G1796	OE	Inflorescência; Internodos curtos Folha; formato alterado Folha; Folhas verde escuras	Alterações no carpelo da flor (carpelos similares a clavas espessadas); internodos curtos; folhas verde enroladas
281	G1797	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
		OE	Des e morf Flor	Os órgãos florais persistiram após a fertilização
283	G1798	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
		OE	Des e morf; Inflorescência	Vários defeitos na inflorescência
285	G1808	OE	Estresse abiótico; congelamento	As plantas maduras com superexpressão eram menos tolerantes ao frio
287	G1816	OE	Tricoma; folhas lisas Estresse abiótico;	Folhas lisas Maior tolerância a

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			tolerância ao estresse osmótico Raiz; mais pelos Sensibilidade alterada a açúcares Sensibilidade alterada a C/N	altos teores de glicose Mais pêlos radiculares Maior tolerância a altos teores de glicose Sensibilidade a C/N: maior tolerância a baixos teores de nitrogênio
289	G1823	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
291	G1825	OE	Tempo de florescência Folha; formato alterado	Florescência precoce Formato alterado da folha
293	G1832	OE	Des e morf; Letal quando superexpresso	Letal quando superexpresso
295	G1837	OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Maior crescimento radicular e vigor da planta jovem partindo de semente em altos teores de sal
		OE	Estresse abiótico; tolerância ao congelamento	Maior tolerância, melhor crescimento de plantas jovens partindo de semente sob condições de congelamento
297	G1840	OE	Des e morf; Morfologia:	Formação de lesões

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			outro	necróticas
299	G1846	OE	Folha; formato alterado Folha; Folhas verde escuras	Folhas verde escuras, inflorescências fracamente desenvolvidas
301	G1850	OE	Des e morf; Letal quando superexpresso	Letal quando superexpresso
303	G1863	KO OE	Estresse abiótico; cloreto de sódio Folha; formato e coloração alterados Tempo de florescência	Menor germinação sob estresse salino Formato e coloração alterados da folha Florescência tardia
305	G1893	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA; morfologia alterada dos cotilédones Folha; formato alterado	Insensibilidade ao ABA; cotilédones retangulares; plantas jovens partindo de semente contêm mais antocianina; folhas eram pequenas com margens serradas
307	G1917	OE	Folha; formato alterado	Folhas são alongadas e enroladas; com margens serradas com rufos
309	G1923	OE OE OE OE	Estresse abiótico; calor Estresse abiótico; estresse osmótico Expressão; *Fusarium* Expressão; *Erysiphe*	Este gene é regulado para mais através da infecção com Fusarium e Erysiphe, assim como com os

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
		OE	Sensibilidade a hormônios; auxina	tratamentos com a auxina, com o calor e com o estresse osmótico
311	G1928	OE	Estresse abiótico; tolerância ao frio	Maior tolerância ao frio
313	G1932	OE	Folha; formato alterado Folha; Folhas verde escuras	Folhas eram verde-escuras com margens folhares recortadas
315	G1938	OE	Folha; formato alterado Folha; Folhas verde escuras Estresse abiótico; estresse osmótico Tamanho da planta; plantas pequenas	Folhas contorcidas enroladas, Folhas verde escuras; Taxa lenta de crescimento; mais sensíveis ao estresse osmótico
317	G1945	OE	Folha; formato alterado Tempo de florescência	Formato alterado da folha Florescência tardia
319	G1957	OE	Des e morf; Letal quando superexpresso	Letal por causa de defeitos no meristema
321	G1968	OE	Nutriente; tolerância a baixos teores de N	A superexpressão resultou em uma maior tolerância ao estresse ao congelamento em um ensaio de crescimento comparada à de plantas de controle;

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				as linhagens de superexpressão continham mais antocioninas quando cultivadas sob baixos teores de nitrogênio ou baixos teores de nitrogênio mais glutamato, em um ensaio de germinação
323	G1983	OE	Folha; formato alterado Folha; Folhas verde escuras Tempo de florescência Tamanho; plantas pequenas	Folhas verde escuras; Florescência tardia; plantas pequenas
325	G1985	OE	Des e morf; alteração de fase e reversão floral Des e morf; rosetas aéreas	Alteração de fase e reversão floral Rosetas aéreas
327	G1988	OE	Nutriente; Tolerância a baixos teores de N Nutriente; Tolerância a baixos níveis de PO_4 Tempo de florescência Resposta à luz; Pecíolo longo Resposta à luz; Hipocotilédone longo	Melhor crescimento em baixos teores de nitrogênio mais glutamina, melhor crescimento em baixos teores de fosfato; hipocotilédone longo, pecíolo longo, Florescência precoce
329	G1990	OE	Des e morf; Morfologia:	Letal quando

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			outro	superexpresso
331	G1993	OE	Folha; formato alterado Tamanho; tamanho pequeno da planta	Pecíolos curtos e formato arredondado da folha Tamanho reduzido da planta
333	G1995	OE	Morfologia; maior número de tricomas Nutriente; Tolerância a baixos teores de N Nutriente; Tolerância a baixos níveis de PO_4 Inflorescência; rosetas aéreas alteradas Morfologia; sincronia alterada da mudança de fase	Maior número de tricomas nas sépalas, tricomas ectópicos no rendimento dos carpelos maior produção de folha, flor e produtos da epiderme dos óvulos externos; ligeiramente menos tolerante a baixos níveis de nitrogênio e a baixos níveis de fósforo; as rosetas aéreas ocorriam quando um meristema secundário de inflorescência se desenvolvia de uma maneira que podia ser comparada com o meristema primário do broto durante a fase

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				vegetativa de crescimento, com estruturas similares às rosetas aéreas e órgãos florais sendo similares à bráctea
335	G1998	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
337	G1999	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
339	G2035	OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Maior vigor de planta jovem partindo de semente em altos teores de cloreto de sódio
341 e 2110	G2041	OE	Estresse abiótico; Tolerância ao cloreto de sódio	Maior tolerância ao cloreto de sódio
343	G2051	OE	Estresse abiótico; Frio	Maior tolerância ao frio em um ensaio de germinação
345	G2060	OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Maior crescimento radicular e vigor da planta jovem partindo de semente em altos teores de sal
347	G2063	OE	Estresse abiótico; tolerância ao frio	Maior vigor de planta jovem partindo de semente no frio
349	G2070	OE	Estresse abiótico;	As plantas maduras

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
		OE OE	congelamento Estresse abiótico; calor Expressão; resposta alterada ao ABA	com superexpressão eram menos tolerantes ao frio; o gene era induzido pelo ABA, pelo frio e pelo calor
351	G2071	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
353	G2084	OE	Folha; formato alterado	Pecíolos curtos e folhas verde escuras ligeiramente arredondadas
355	G2085	OE	Folha; formato e coloração alterados Semente; Maior tamanho, coloração alterada Tricoma; maior densidade	Formato alterado da folha, Folhas verde escuras Maior tamanho de semente, coloração alterada de semente Maior densidade de tricoma
357 e 2111	G2106	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
359	G2109	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA	Muito menos sensível ao ABA em um ensaio de germinação que a do tipo selvagem
361	G2111	OE	Sensibilidade aos açúcares; Sensibilidade aos açúcares	Resposta alterada à sensibilidade aos açúcares; menor crescimento e plantas jovens partindo de

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				semente pequenas pálidas em meio com glicose
363	G2129	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
1495	G2133	OE	Estresse abiótico; seca	Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
365	G2142	OE	Estresse abiótico; Tolerância a baixos níveis de PO_4	Mais tolerante à falta de fosfato em um ensaio de crescimento de raiz
		OE	Tempo de florescência	Tempo de florescência acelerado
367	G2146	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA Tempo de florescência Inflorescência; Internodos curtos Folha; Folhas verde escuras	Insensível ao ABA em um ensaio de germinação; florescência tardia; mais internodos ramificados curtos, inflorescências que eram mais curtas e mais parecidas com arbustos que o tipo selvagem; aparência verde escura
369	G2184	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
371	G2207	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA Estresse	Maior tolerância ao estresse osmótico sob altos teores de sal

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			abiótico; tolerância ao cloreto de sódio Estresse abiótico; tolerância osmótica Tempo de florescência Folha; formato alterado Folha; folhas verde escuras	ou de sacarose e menos sensível ao ABA em ensaios de germinação; florescência tardia; folhas verde escuras estreitas
373	G2213	OE	Des e morf; Morfologia: outro	Letal quando superexpresso
375	G2226	OE	Inflorescência; Arquitetura alterada Tamanho; plantas pequenas Folha; formato e coloração alterados	Arquitetura alterada da inflorescência Tamanho reduzido da planta Formato alterado da folha, Folhas verde escuras
377	G2227	OE	Tamanho; tamanho pequeno da planta Folha; formato alterado	Tamanho reduzido da planta Formato alterado da folha
379	G2239	OE	Sensibilidade alterada a C/N	Sensibilidade a C/N: Melhor germinação a baixos teores de nitrogênio com sacarose ou sacarose mais glutamina
381	G2251	OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
		OE	Des e morf; Folha	Folhas arredondadas e verde-escuras
		OE	Des e morf; Inflorescência	Internodos curtos da inflorescência
		OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
383	G2269	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
385	G2298	OE	Des e morf; Letal quando superexpresso	Letal quando superexpresso
387	G2311	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
389	G2317	OE	Estresse abiótico; tolerância ao frio Estresse abiótico; cloreto de sódio	Maior tolerância ao frio Maior vigor de planta jovem partindo de semente em altos teores de cloreto de sódio
391 e 2112	G2319	OE	Estresse abiótico; Tolerância ao cloreto de sódio	Maior tolerância ao cloreto de sódio
		OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
393	G2334	OE	Des e morf; Tamanho	Maior biomassa
		OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Des e morf; Folha	Folhas verde escuras e formato alterado da folha
395	G2371	OE	Folha; coloração alterada Semente; coloração alterada	Folhas verde escuras Coloração alterada de semente

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
397	G2372	OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
		OE	Des e morf; Folha	Folhas verde escuras
		OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
		OE	Des e morf; Inflorescência	Definição alterada da inflorescência e fertilidade reduzida
399	G2375	OE	Folha; formato alterado Tamanho da planta; plantas pequenas	Folhas estreitas pequenas; as plantas eram distintivamente menores que as do tipo selvagem
401	G2382	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA	Insensível ao ABA em ensaios de germinação
403	G2394	OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Maior germinação em altos teores de cloreto de sódio
405	G2404	OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Maior crescimento de raiz em altos teores de cloreto de sódio
407	G2432	OE	Resposta à luz; Impedimento à sombra alterado Folha; formato alterado Tempo de florescência Morfologia; Cotilédones estreitos	Impedimento à sombra; folhas estreitas apontando para cima; florescência retardada, flores estéreis; cotilédones estreitos; raízes

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				fracamente desenvolvidas
409	G2443	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
411, 2113 e 2114	G2453	OE	Bioquím: misc; Bioquímica: outro	Maior produção de pigmento
		OE	Estresse abiótico; Tolerância ao cloreto de sódio	Maior tolerância ao cloreto de sódio
		OE	Des e morf; Folha	Formato alterado da folha e Folhas verde escuras
		OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
413	G2455	OE	Folha; formato alterado	As folhas são estreitas e enroladas para baixo
415	G2456	OE	Des e morf; Folha	Folhas enroladas e verde-escuras
		OE	Bioquím: misc; Bioquímica: outro	Maior produção de pigmento
		OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
417	G2457	OE	Alterações nas flores Folha; formato alterado Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Várias alterações nas flores Formato alterado da folha Maior crescimento de raiz e menor

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				branqueamento em altos teores de cloreto de sódio
419	G2459	OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
		OE	Des e morf; Folha	Folhas enroladas
		OE	Bioquím: misc; Bioquímica: outro	Maior produção de pigmento
421	G2467	OE	Senescência prematura	Senescência precoce
423	G2492	OE	Tamanho; plantas pequenas	Tamanho reduzido da planta
425	G2505	OE	Estresse abiótico; tolerância à seca	Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
427	G2515	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
		OE	Des e morf; Inflorescência	Definição alterada da inflorescência
		OE	Des e morf Flor	Morfologia alterada das flores
		OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido
429	G2525	OE	Estresse abiótico; sensibilidade ao frio	Maior sensibilidade ao frio
431	G2536	OE	Folha; Tamanho grande da folha Tamanho; grande Tamanho da planta Senescência retardada	Tamanho grande da folha Maior tamanho da planta Senescência retardada
433	G2543	OE	Estresse abiótico;	Maior sensibilidade

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			sensibilidade ao frio	ao frio
435	G2550	OE	Folha; formato e coloração alterados Inflorescência; Arquitetura alterada	Formato alterado da folha, Folhas verde escuras Arquitetura alterada da inflorescência
437 e 2115	G2559	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
439	G2565	OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
		OE	Des e morf; Folha	Coloração acinzentada da folha e formato folhar alterado
441	G2567	OE	Estresse abiótico; tolerância ao congelamento	Maior tolerância, melhor crescimento sob condições de congelamento
443	G2570	OE	Des e morf; Morfologia: outro	Letal quando superexpresso
445	G2571	OE	Inflorescência; alterações na ramificação Folha; formato alterado	Alterações na coloração, nos padrões de ramificação e no desenvolvimento folhar e floral, ramificação, símpodos na inflorescência, similares aos mostrados pelas plantas de tomate

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
447	G2574	OE	Senescência prematura Tamanho; plantas pequenas	Senescência prematura das folhas Tamanho reduzido da planta
449	G2575	OE	Des e morf; Folha	Formato alterado da folha
		OE	Des e morf; Inflorescência	Arquitetura alterada da inflorescência
451	G2579	OE	Des e morf; Síliqua	Tamanho e forma alterados da síliqua
		OE	Des e morf Flor	Maior tamanho do carpelo e estéril
		OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
		OE	Des e morf; Folha	Formato alterado da folha
		OE	Estresse abiótico; Congelamento	Maior tolerância ao congelamento em um ensaio de crescimento com base em placas
453	G2585	OE	Semente; Semente grande	Maior tamanho de semente que o dos controles
455	G2587	OE	Des e morf; Letal quando superexpresso	Letal quando superexpresso
457	G2592	OE	Estresse abiótico; sensibilidade ao frio	Maior sensibilidade ao frio
459	G2597	OE	Estresse abiótico;	Este gene foi

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			congelamento	induzido no tecido folhar após os tratamentos com frio a 4°C
461	G2603	OE	Estresse abiótico; sensibilidade ao frio	Maior sensibilidade ao frio
463	G2604	OE	Estresse abiótico; Captação de nutrientes	Sensibilidade alterada a C/N
		OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Des e morf; Folha	Superfície folhar alterada, folhas cinzentas
465	G2616	OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
		OE	Des e morf; Inflorescência	Arquitetura da inflorescência e desenvolvimento floral alterados
467	G2617	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA Crescimento rápido Folha; formato alterado	Mais insensível ao ABA que o tipo selvagem em um ensaio de germinação; maior taxa de crescimento para plantas jovens partindo de semente e para plantas no estágio inicial; pecíolos curtos, pedicelos curtos e

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				folhas enrugadas, enroladas, arredondadas
469	G2628	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
		OE	Folha; formato alterado	Folhas arredondadas;
		OE	Tamanho da planta; plantas pequenas	Plantas pequenas
471	G2632	OE	Estresse abiótico; Congelamento	Maior sensibilidade ao congelamento em um ensaio com base no crescimento
473	G2633	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
475	G2636	OE	Folha; formato alterado Morfologia; desenvolvimento alterado do meristema Morfologia; cotilédones em lóbulos	Alterações no padrão da iniciação folhar de rosetas através do meristema do broto; folhas em lóbulos; brotos adventícios na superfície adaxial de cotilédones em lóbulos
477 e 2116	G2639	OE	Des e morf; Inflorescência	Internodos curtos da inflorescência
		OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
		OE	Des e morf Flor	Morfologia floral alterada e fracamente fértil
479	G2640	OE	Des e morf Flor	Morfologia floral

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				alterada e fraca fertilidade
		OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
		OE	Des e morf; Folha	Folhas verde escuras com superfícies brilhosas
		OE	Des e morf; Inflorescência	Internodos curtos da inflorescência
481	G2649	OE	Des e morf; Inflorescência	Internodos curtos da inflorescência
		OE	Des e morf; Folha	Superfície folhar brilhosa verde escura e forma alongada da folha
		OE	Des e morf Flor	Morfologia floral alterada e fracamente fértil
		OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
483	G2650	OE	Tempo de florescência Resposta à luz; Pecíolos longos Resposta à luz; Hipocotilédones longos Resposta à luz; Folhas voltadas para cima Estresse abiótico;	Florescência precoce; As plantas T2 desenvolveram números excessivos de folhas auxiliares em rosetas, folhas estreitas longas; pecíolos alongados;

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			tolerância ao congelamento Tamanho; Maior tamanho da planta Morfologia; Mais meristemas	Hipocotilédones longos; as folhas foram mantidas em uma orientação mais para cima que as dos controles (potential impedimento à sombra); plantas jovens partindo de semente e plantas maduras maiores que as de controle; plantas jovens partindo de semente maiores que as de controle sob condições de congelamento; maior número de meristemas auxiliares nas rosetas
485	G2655	OE	Des e morf; Raiz	Raízes fracamente desenvolvidas e esverdeadas
487	G2661	OE	Regulador do crescimento; Sensibilidade alterada a açúcares Folha; Folhas verde escuras	Melhor germinação em glicose com cotilédones mais verdes que os do tipo selvagem; plantas

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				mais escuras
489 e 2117	G2679	OE	Des e morf; Morfologia: outro	Maior vigor de planta jovem partindo de semente
491	G2682	OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
		OE	Des e morf; Folha	Folhas enroladas
493	G2686	OE	Folha; formato alterado	Folhas arredondadas com margens ligeiramente lobadas
495	G2690	OE	Folha; formato alterado Folha; Folhas verde escuras	Folhas verde escuras, estreitas que se enrolam para baixo nas margens
497	G2691	OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Maior germinação em altos teores de sais
499	G2694	OE	Tempo de florescência Tamanho; Maior tamanho Folha; formato e coloração alterados Des e morf; Alterações nas flores Inflorescência; Arquitetura alterada da inflorescência Resposta alterada à luz	Florescência tardia Maior tamanho de planta jovem partindo de semente Arquitetura alterada da inflorescência Formato alterado da folha, Folhas verde escuras Várias alterações nas flores Pecíolos longos e

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				Orientação das folhas
501	G2699	OE	Folha; formato alterado e tamanho	Pecíolos longos e folhas grandes
503	G2702	OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
		OE	Des e morf; Folha	Formato alterado da folha
505	G2717	OE	Estresse abiótico; Estresse osmótico	Maior tolerância ao estresse osmótico (sal e sacarose)
		OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	
		OE	Estresse abiótico; tolerância à seca	Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
		OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA	Insensível ao ABA em ensaios de germinação
		OE	Tamanho; Maior tamanho da planta	Plantas jovens partindo de semente maiores
507	G2718	OE	Des e morf; Raiz	Maior densidade de pelos da raiz
		OE	Des e morf; Tricoma	Densidade reduzida de tricoma
		OE	Estresse abiótico; Captação de nutrientes	Maior tolerância a baixos teores de nitrogênio
		OE	Bioquím: misc;	Produção reduzida de

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			Bioquímica: outro	pigmentos
509	G2723	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
511	G2741	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Des e morf; Tamanho	Maior biomassa
513	G2743	OE	Morfologia; Desenvolvimento alterado da flor Tempo de florescência	Florescência retardada; Desenvolvimento alterado da flor (as sépalas, as pétalas e os estames tinham tamanho reduzido, a produção de pólen era fraca)
515	G2747	OE	Raiz; formação reduzida das raízes Folha; formato alterado	Pecíolos longos e lâminas folhares alongadas ligeiramente estreitas, pouca ou nenhuma formação de raízes secundárias
517	G2754	OE	Des e morf Tempo de florescência	Impedimento à sombra Florescência precoce
519	G2757	OE	Tamanho; tamanho pequeno da planta	Tamanho reduzido da planta
521	G2763	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Estresse abiótico; congelamento	Mais sensíveis às temperaturas de congelamento durante

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				o crescimento
		OE	Regulador do crescimento; Sensibilidade alterada a açúcares	Mais sensíveis à glicose
		OE	Pigmento; alto teor de antocianina	Maior acúmulo de antocianina em plantas jovens partindo de semente
		OE	Folha; Folhas verde escuras	Folhas verde escuras
523	G2765	OE	Crescimento lento	Crescimento retardado em estágios iniciais
525 e 2118	G2768	OE	Des e morf; Folha	Maior tamanho da folha
		OE	Des e morf Flor	Maior número de pétalas, perda da definição floral
527 e 2119	G2771	OE	Des e morf; Folha	Formato alterado da folha e Folhas verde escuras
		OE	Estresse abiótico; Congelamento	Menor quantidade de antocianinas em um ensaio de crescimento sob congelamento
		OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Des e morf; Resposta à luz	Hipocotilédone alongado e pálido na coloração

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
529	G2776	OE	Estresse abiótico; tolerância osmótica Regulador do crescimento; Sensibilidade alterada a açúcares	Plantas jovens partindo de semente cultivadas em um alto teor de glicose eram maiores com cotilédones verdes comparadas com as plantas jovens partindo de semente do tipo selvagem
531	G2777	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
533	G2779	OE	Des e morf Tempo de florescência	Coloração pálida da folha Florescência precoce
535	G2783	OE	Senescência prematura Tamanho; planta pequena	Senescência precoce Tamanho reduzido da planta
537 e 2120	G2784	OE	Des e morf; Inflorescência	Arquitetura alterada da inflorescência
		OE	Des e morf; Morfologia: outro	Taxa lenta de crescimento
		OE	Des e morf; Folha	Folhas verde escuras e enroladas
		OE	Estresse abiótico; Frio	Maior tolerância ao frio em um ensaio de germinação
539	G2790	OE	Estresse abiótico; congelamento	As plantas maduras com superexpressão

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				eram menos tolerantes ao frio
541 e 2121	G2802	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce e tardia
543	G2805	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
545	G2826	OE	Morfologia; maior densidade de tricoma Inflorescência; rosetas aéreas ectópicas Morfologia; sincronia alterada da mudança de fase	As flores possuíam maior densidade de tricomas nas sépalas e possuíam tricomas ectópicos nos carpelos; as de superexpressão desenvolveram rosetas aéreas nos nós de co-florescência, indicando uma interrupção na alteração de fase na inflorescência
547	G2830	OE	Sensibilidade alterada a C/N	Sensibilidade a C/N
549	G2832	OE	Tempo de florescência Folha; coloração alterada	Florescência precoce Coloração folhar cinza pálido
551	G2834	OE	Taxa lenta de crescimento	Taxa lenta de crescimento
553	G2837	OE	Folha; formato e coloração alterados	Formato alterado da folha, Folhas verde escuras

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
555	G2838	OE	Tempo de florescência Tamanho; planta grande Folha; coloração alterada Tricoma; maior densidade Flor; várias alterações	Florescência tardia Maior tamanho de planta jovem partindo de semente Rosetas aéreas Folhas verde escuras Maior densidade de tricoma Várias alterações nas flores
557	G2839	OE OE OE OE	Estresse abiótico; tolerância ao estresse osmótico Folha; formato alterado Regulador do crescimento: Sensibilidade alterada a açúcares Inflorescência; Alteração da arquitetura	Melhor germinação em altos teores de sacarose; maior resistência ao estresse osmótico; folhas contorcidas pequenas que possuem enrolamentos para cima nas margens, pecíolos curtos; Flores fracamente desenvolvidas com pedicelos curtos apontando para baixo
559	G2846	OE	Folha; formato e coloração alterados Tempo de florescência Tamanho; planta pequena	Formato alterado da folha, Folhas verde escuras Florescência tardia Tamanho reduzido da

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				planta
561	G2847	OE	Folha; coloração alterada Tamanho; planta pequena	Folhas verde escuras Tamanho reduzido da planta
563	G2850	OE	Folha; formato e coloração alterados	Folhas verde escuras, enroladas
565	G2851	OE	Folha; folhas pequenas Folha; formato alterado Folha; Folhas verde escuras Crescimento lento	Folhas pequenas, verde-escuras, enroladas e enrugadas; plantas pequenas, crescimento lento
567	G2854	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA Regulador do crescimento; Sensibilidade alterada a açúcares	Melhor germinação em meios com altos teores de ABA e contendo sacarose
569	G2859	OE	Folha; formato e coloração alterados Inflorescência; Arquitetura alterada Resposta alterada à luz	Formato alterado da folha e folhas verde claras Arquitetura da inflorescência Hipocotilédones, cotitilédones longos; plantas verdes claras
571	G2865	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA	Insensível ao ABA em ensaios de germinação

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
573	G2866	OE	Des e morf; Folha	Folhas enroladas
575	G2869	OE	Des e morf; Morfologia: outro	Letal quando superexpresso
577	G2884	OE	Des e morf; Morfologia: outro	Desenvolvimento anormal do embrião
		OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
		OE	Des e morf Flor	Vários defeitos nas flores e baixa fertilidade
		OE	Des e morf; Resposta à luz	Hipocotilédones longos e verdes
579	G2885	OE	Des e morf; diferenciação celular Estresse abiótico; tolerância ao frio	Diferenciação celular alterada Menor tolerância ao frio
581	G2887	OE	Des e morf; Letal quando superexpresso	Letal quando superexpresso
583	G2888	OE	Folha; formato alterado	Formato alterado da folha
585	G2898	OE	Sensibilidade aos açúcares	Melhor germinação em meios com altos teores de glicose
587 e 2122	G2907	OE	Des e morf; Senescência	Senescência acelerada
589	G2913	OE	Nutriente; tolerância a baixos teores de N	Menos antocianina em meios com nitrogênio limitado
591	G2930	OE	Estresse abiótico;	As plantas maduras

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			tolerância ao congelamento	possuem maior tolerância ao estresse ao congelamento
593	G2933	OE	Semente; Semente grande Estresse abiótico; tolerância ao congelamento	Sementes grandes; plantas maiores; mais tolerantes ao estresse ao congelamento nas etapas de crescimento
595	G2934	OE	Tamanho; planta pequena	Tamanho reduzido da planta
597	G2958	OE	Inflorescência; Arquitetura alterada Folha; formato e coloração alterados Tamanho; plantas pequenas	Arquitetura alterada da inflorescência Formato alterado da folha, Folhas verde escuras Tamanho reduzido da planta
599	G2964	OE	Tempo de florescência Des e morf; rosetas aéreas	Florescência tardia Rosetas aéreas
601	G2967	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
603	G2969	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA	Maior tolerância à sacarose e ABA em ensaios de germinação
605	G2972	OE	Nutriente; Tolerância a baixos níveis de PO_4	As linhagens de superexpressão possuíam maior

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				tolerância a condições de baixo teor de fosfato
607	G2979	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Des e morf; Tamanho	Maior biomassa
		OE	Des e morf Flor	Tamanho e número maiores de órgãos florais
609	G2981	OE	Nutriente; Tolerância a baixos teores de N	Plantas jovens partindo de semente mais verdes maiores em meio com baixo teor de nitrogênio suplementado com glutamina
611	G2982	OE	Estresse abiótico; tolerância à seca	As plantas transformadas com este gene exibiam maior tolerância ao estresse de desidratação em um ensaio com base no solo
613	G2983	OE	Flor; formação ectópica dos carpelos Des e morf; proliferação celular alterada Altered raiz	Formação ectópica dos carpelos Proliferação celular alterada Padrão de

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			Des e morf; diferenciação celular alterada, morte das células de tricomas	crescimento, proliferação e densidade dos pêlos radiculares alterados Diferenciação celular alterada, morte das células de tricomas
615	G2990	OE	Nutriente; tolerância a baixos teores de N	Resposta alterada à falta de nitrogênio, incluindo maior crescimento da raiz e maior produção de antocianina em algumas linhagens, mais branqueamento em outros quando crescidas em baixos teores de nitrogênio, indicando que este gene está envolvido na resposta à limitação de nutrientes
617	G2992	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA Tempo de florescência Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de	Maior capacidade de germinar em altos teores de Nacl e altos teores de ABA; menos tolerante a baixos teores de

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			sódio Nutriente; Tolerância a baixos teores de N Raiz; Menos raízes laterais Folha; formato alterado Tamanho da planta; plantas pequenas	nitrogênio; Florescência precoce; menos raízes laterais; Formato alterado da folha; plantas menores
619	G2993	OE	Des e morf; Resposta à luz	Hipocotilédones alongados e orientação alterada das folhas
		OE	Des e morf; Raiz	Branqueamento alterado da raiz
		OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Estresse abiótico; Estresse osmótico	Maior sensibilidade to estresse osmótico
		OE	Estresse abiótico; Congelamento	Maior sensibilidade ao congelamento em um ensaio de crescimento
621	G2996	OE	Estresse abiótico; estresse osmótico	Maior sensibilidade ao manitol em ensaios de inibição do crescimento da raiz, (nenhum crescimento de raízes secundárias) indicando que este gene influencia a

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
				resposta ao estresse osmótico
623	G2998	OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Melhor germinação em altos teores de NaCl; Florescência tardia
625	G2999	OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Maior tolerância a altos teores de cloreto de sódio
		OE	Estresse abiótico: tolerância à seca	Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
		OE	Tempo de florescência	
627	G3002	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
629 e 2123	G3003	OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
631	G3008	OE	Folha tamanho	Tamanho grande da folha
633	G3017	OE	Tamanho da folha	Tamanho reduzido da planta
635	G3021	OE	Tempo de florescência Folha; formato e coloração alterados Inflorescência; Arquitetura alterada	Florescência tardia Arquitetura alterada da inflorescência Formato alterado da folha, Folhas verde escuras
637	G3032	OE	Des e morf; Resposta à luz	Orientação alterada das folhas
		OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
639	G3044	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
		OE	Folha; formato alterado	Folhas serradas estreitas
		OE	Folha; folhas verde claras	Folhas pálidas
641	G3054	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA	Sensibilidade reduzida ao ABA
643	G3055	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta alterada ao ABA	Insensível ao ABA em ensaios de germinação
645	G3059	OE	Des e morf; Senescência	Senescência acelerada
		OE	Des e morf; Folha	Folhas verde escuras e Formato alterado da folha
		OE	Des e morf; Inflorescência	Arquitetura alterada da inflorescência
		OE	Des e morf; Morfologia: outro	Forma alterada dos cotilédones
		OE	Des e morf; Tamanho	Tamanho reduzido da planta
647	G3060	OE	Tempo de florescência	Algumas linhagens floresceram precocemente e outras floresceram mais tarde
649	G3061	OE	Tempo de florescência	Florescência precoce
651	G3067	OE	Sensibilidade a hormônios; resposta	Insensível ao ABA em ensaios de germinação

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
			alterada ao ABA	
653	G3070	OE	Des e morf; Folha	Coloração cinzenta da folha
655	G3076	OE	Estresse abiótico; Seca	Maior tolerância à seca
657	G3083	OE	Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio	Maior germinação em altos teores de sais
659	G3084	OE	Folha; formato alterado	Formato alterado da folha
661	G3086	OE	Tempo de florescência Estresse abiótico; tolerância ao calor Estresse abiótico; tolerância ao cloreto de sódio Estresse abiótico: tolerância à seca	Florescência precoce Maior tolerância ao calor Maior tolerância a altos teores de cloreto de sódio Maior tolerância à seca em um ensaio com base no solo
663	G3091	OE	Des e morf; Morfologia: outro	Taxa de crescimento retardada
		OE	Des e morf; Folha	Formato alterado da folha e Folhas verde escuras
665	G3094	OE	Des e morf; Folha	Folhas serradas e pecíolos longos
		OE	Des e morf Flor	Morfologia alterada das flores

SEQ ID Nº:	GID	OE/KO	Categoria	Observações Experimentais
667	G3095	OE	Des e morf; Folha	Formato alterado da folha e Folhas verde escuras
		OE	Des e morf; Morfologia: outro	Taxa lenta de crescimento
669	G3111	OE	Des e morf; Folha	Formato alterado da folha e Folhas verde escuras
		OE	Tempo de florescência	Florescência tardia
		OE	Des e morf; Senescência	Senescência acelerada

[0293] A Tabela 5 mostra os polipeptídeos identificados pela SEQ ID Nº:; pela Gene ID (GID) Nº; a família do fator de transcrição à qual o polipeptídeo pertence e os domínios conservados do polipeptídeo. A primeira coluna mostra a SEQ ID Nº: do polipeptídeo; a terceira coluna mostra a família do fator de transcrição à qual o polinucleotídeo pertence; e a quarta coluna mostra as posições dos resíduos de aminoácidos do domínio conservado nas coordenadas dos aminoácidos (AA).

Tabela 5. Famílias de genes e domínios conservados

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
2	G2	129-195, 221-288	AP2
4	G12	27-94	AP2
6	G15	281-357, 383-451	AP2
8	G30	17-35	AP2

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
10	G46	107-175	AP2
12	G47	11-80	AP2
14	G129	18-73	MADS
16	G131	1-57	MADS
18	G133	1-57	MADS
20	G134	1-57	MADS
22	G135	1-57	MADS
24	G136	18-74	MADS
26	G137	1-57	MADS
28	G138	1-57	MADS
30	G139	1-57	MADS
32	G140	16-72	MADS
34	G142	2-57	MADS
36	G145	1-57	MADS
38	G146	1-57	MADS
40	G148	1-57	MADS
42	G151	2-57	MADS
44	G153	1-57	MADS
46	G155	1-57	MADS
48	G171	1-57	MADS
50	G172	12-68	MADS
52	G173	1-57	MADS
54	G200	12-116	MYB-(R1)R2R3
56	G224	7-114	PMR

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
58	G244	14-114	MYB-(R1)R2R3
60	G246	57-159	MYB-(R1)R2R3
62	G253	16-116	MYB-(R1)R2R3
64	G268	186-689	AKR
66	G287	293-354	MISC
68	G309	226-506	SCR
70	G314	54-300	SCR
72	G319	12-42	Similar a Z-CO-
74	G324	245-291	RING/C3H2C3
76	G344	166-192	GATA/Zn
78	G351	77-97, 118-140	Z-C2H2
1380	G353	41-61, 84-104	Z-C2H2
1382	G354	42-62, 88-109	Z-C2H2
80	G355	49-69, 94-116	Z-C2H2
82	G366	40-60	Z-C2H2
84	G370	97-117	Z-C2H2
86	G372	141-180	RING/C3HC4
88	G374	35-67, 286-318	Z-ZPF
90	G380	637-677	RING/C3H2C3
92	G386	133-193	HB
94	G416	451-511	HB
96	G434	39-99	HB
98	G438	22-85	HB
100	G446	53-389	ARF

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
102	G468	86-102, 141-171	IAA
104	G478	186-281	SBP
106	G485	21-116	CAAT
108	G521	7-156	NAC
110	G549	1-395	MISC
112	G550	134-180	Z-Dof
114	G571	160-220, 441-452	bZIP
116	G581	339-396	HLH/MYC
118	G600	115-290	DBP
120	G624	327-406	ABI3/VP-1
122	G627	1-57	MADS
124	G646	55-97	Z-Dof
126	G651	5-31, 162-182, 208-231	Z-C2H2
128	G652	28-49, 137-151, 182-196	Z-CLDSH
130	G707	109-169	HB
132	G728	206-255	GARP
134	G730	169-217	GARP
136	G738	351-393	Z-Dof
138	G744	176-217	RING/C3H2C3
140	G752	439-479	RING/C3H2C3
142	G807	12-76	HS
144	G811	18-108	HS
146	G839	60-185, 290-353	AKR

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
148	G846	222-531, 679-719, 840-923	SWI/SNF
150	G852	225-593	SCR
152	G905	118-159	RING/C3H2C3
154	G916	293-349	WRKY
156	G926	174-226	CAAT
158	G957	12-182	NAC
160	G961	12-180	NAC
162	G975	4-71	AP2
164	G1011	2-57	MADS
166	G1013	114-170	WRKY
168	G1017	9-382	ARF
170	G1033	52-123	HMG
172	G1037	11-134, 200-248	GARP
174	G1082	1-53, 503-613	BZIPT2
176	G1100	96-137	RING/C3H2C3
178	G1108	363-403	RING/C3H2C3
180	G1113	85-128	RING/C3H2C3
182	G1128	181-247	AT-hook
184	G1136	397-474	HLH/MYC
186	G1142	63-123	HLH/MYC
188	G1150	887-907	PAZ
190	G1206	494-668	ENBP
192	G1247	18-141	MYB-(R1)R2R3
194	G1274	111-164	WRKY

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
196	G1276	158-224, 250-316	AP2
198	G1289	207-286, 464-493	AKR
200	G1313	32-135	MYB-(R1)R2R3
202	G1327	14-116	MYB-(R1)R2R3
204	G1340	54-142	TH
206	G1341	1-34, 288-398	BZIPT2
208	G1357	16-153	NAC
210	G1361	59-200	NAC
212	G1384	127-194	AP2
214	G1389	30-87	TEO
216	G1412	13-162	NAC
218	G1420	221-280	WRKY
220	G1423	6-62	MADS
222	G1446	1-405	MISC
224	G1451	22-357	ARF
226	G1452	30-177	NAC
228	G1468	95-115,170-190	Z-C2H2
230	G1474	41-68	Z-C2H2
232	G1476	37-57	Z-C2H2
234	G1482	5-63	similar a Z-CO
236	G1483	17-66	Similar a Z-CO
238	G1493	242-289	GARP
240	G1507	219-247	RING/C3HC4

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
242	G1510	230-263	GATA/Zn
244	G1535	109-169	HB
246	G1538	66-126	HB
248	G1539	76-136	HB
250	G1549	75-135	HB
252	G1554	238-287	GARP
254	G1556	19-67	GARP
256	G1557	19-67	GARP
258	G1585	55-115	HB
260	G1591	8-68	HB
262	G1593	227-290	HB
264	G1660	362-476	DBP
266	G1718	113-153	RING/C3H2C3
268	G1730	103-144	RING/C3H2C3
270	G1743	94-136	RING/C3H2C3
272	G1753	12-80	AP2
274	G1772	123-176	RING/C3HC4
276	G1779	190-239	GATA/Zn
278	G1792	17-85	AP2
280	G1796	54-121	AP2
282	G1797	1-57	MADS
284	G1798	1-57	MADS
286	G1808	140-200	bZIP
288	G1816	31-81	Relacionado a MYB

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
290	G1823	205-252	GARP
292	G1825	55-103	GARP
294	G1832	67-87, 150-166, 213-233	Z-C2H2
296	G1837	1-53, 398-507	BZIPT2
298	G1840	87-154	AP2
300	G1846	16-83	AP2
302	G1850	56-149	HS
304	G1863	77-186	similar a GRF
306	G1893	73-185	Z-C2H2
308	G1917	153-179	GATA/Zn
310	G1923	23-153	NAC
312	G1928	101-121, 178-198	Z-C2H2
314	G1932	9-76	AP2
316	G1938	74-143	PCF
318	G1945	49-71	AT-hook
320	G1957	52-143	ABI3/VP-1
322	G1968	64-84, 368-390	Z-C2H2
324	G1983	71-147	Z-C3H
326	G1985	37-57	Z-C2H2
328	G1988	5-50	Similar a Z-CO
330	G1990	184-204, 261-283	Z-C2H2
332	G1993	23-43	Z-C2H2
334	G1995	93-113	Z-C2H2

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
336	G1998	5-71	Similar a Z-CO
338	G1999	15-55	Similar a Z-CO
340	G2035	93-259	AKR
342	G2041	670-906, 1090-1175	SWI/SNF
344	G2051	7-158	NAC
346	G2060	204-263	WRKY
348	G2063	7-63	MADS
350	G2070	45-137	bZIP
352	G2071	307-358	bZIP
354	G2084	41-172	RING/C3HC4
356	G2085	214-241	GATA/Zn
358	G2106	56-139, 165-233	AP2
360	G2109	1-57	MADS
362	G2111	1-57	MADS
364	G2129	71-140	bZIP
1496	G2133	11-83	AP2
366	G2142	43-120	HLH/MYC
368	G2146	136-200	HLH/MYC
370	G2184	17-147	NAC
372	G2207	180-227, 546-627	bZIP-NIN
374	G2213	156-205	bZIP-NIN
376	G2226	103-144	RING/C3H2C3

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
378	G2227	199-239	RING/C3H2C3
380	G2239	128-169	RING/C3H2C3
382	G2251	89-132	RING/C3H2C3
384	G2269	136-177	RING/C3H2C3
386	G2298	4-71	AP2
388	G2311	5-58	Relacionado a MYB
390	G2317	48-110	Relacionado a MYB
392	G2319	32-120	Relacionado a MYB
394	G2334	82-118, 150-194	Similar a GRF
396	G2371	25-127	ABI3/VP-1
398	G2372	18-378	ARF
400	G2375	51-148	TH
402	G2382	90-177, 246-333	TH
404	G2394	355-395	RING/C3H2C3
406	G2404	319-359	RING/C3H2C3
408	G2432	64-106	Z-Dof
410	G2443	20-86	Similar a Z-CO
412	G2453	130-176	YABBY
414	G2455	136-153	YABBY
416	G2456	148-195	YABBY
418	G2457	110-127	YABBY

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
420	G2459	50-97	YABBY
422	G2467	25-118	HS
424	G2492	616-860	ENBP
426	G2505	9-137	NAC
428	G2515	1-57	MADS
430	G2525	196-308	DBP
432	G2536	5-135	NAC
434	G2543	31-91	HB
436	G2550	345-408	HB
438	G2559	60-170	DBP
440	G2565	243-292	GARP
442	G2567	18-384	ARF
444	G2570	235-283	GARP
446	G2571	133-200	AP2
448	G2574	225-284	WRKY
450	G2575	137-192	WRKY
452	G2579	52-119	AP2
454	G2585	103-162	WRKY
456	G2587	108-165	WRKY
458	G2592	119-429	TUBBY
460	G2597	62-200	TUBBY
462	G2603	104-389	TUBBY
464	G2604	34-64, 73-103	Similar a Z-LSD
466	G2616	79-139	HB

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
468	G2617	57-77	Z-C2H2
470	G2628	36-105	bZIP
472	G2632	170-221	CAAT
474	G2633	123-490	SCR
476	G2636	14-146	NAC
478	G2639	114-167	SRS
480	G2640	146-189	SRS
482	G2649	112-155	SRS
484	G2650	34-91	TEO
486	G2655	106-180	HLH/MYC
488	G2661	40-100	HLH/MYC
490	G2679	107-177	CPP
492	G2682	67-181	CPP
494	G2686	122-173	WRKY
496	G2690	46-113	AP2
498	G2691	78-145	AP2
500	G2694	1-446	OUTRO
502	G2699	54-407	SCR
504	G2702	31-131	MYB-(R1)R2R3
506	G2717	5-58	Relacionado a MYB
508	G2718	21-76	Relacionado a MYB
510	G2723	12-174	Relacionado a MYB

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
512	G2741	140-205	GARP
514	G2743	201-249	GARP
516	G2747	19-113	ABI3/VP-1
518	G2754	198-393, 554-638	SWI/SNF
520	G2757	35-123, 348-434	TH
522	G2763	140-210	HLH/MYC
524	G2765	124-190	HLH/MYC
526	G2768	288-346	DBP
528	G2771	333-433	HLH/MYC
530	G2776	144-210	HLH/MYC
532	G2777	278-350	HLH/MYC
534	G2779	144-213	HLH/MYC
536	G2783	63-124, 151-235, 262-318	Similar a ACBF
538	G2784	139-260	DBP
540	G2790	137-200	HLH/MYC
542	G2802	48-196	NAC
544	G2805	2-169	NAC
546	G2826	75-95	Z-C2H2
548	G2830	245-266	Z-C2H2
550	G2832	11-31, 66-86, 317-337	Z-C2H2
552	G2834	246-266, 335-356	Z-C2H2
554	G2837	140-160	Z-C2H2
556	G2838	57-77	Z-C2H2

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
558	G2839	34-60, 85-113	Z-C2H2
560	G2846	266-329	HLH/MYC
562	G2847	205-268	HLH/MYC
564	G2850	318-381	HLH/MYC
566	G2851	248-309	HLH/MYC
568	G2854	110-250	Similar a ACBF
570	G2859	145-226	HLH/MYC
572	G2865	86-162	HLH/MYC
574	G2866	84-100, 139-168	IAA
576	G2869	26-409	ARF
578	G2884	228-276	GARP
580	G2885	196-243	GARP
582	G2887	4-180	NAC
584	G2888	41-61, 120-140	Z-C2H2
586	G2898	62-133	HMG
588	G2907	12-120, 854-923	PCGL
590	G2913	43-127	ARID
592	G2930	53-133	HLH/MYC
594	G2933	65-137	HLH/MYC
596	G2934	37-110	HLH/MYC
598	G2958	88-104, 143-172	IAA
600	G2964	41-63, 201-235	Z-C3H
602	G2967	66-88, 358-385	Z-C2H2
604	G2969	128-150	Z-C2H2

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
606	G2972	8-32, 129-149, 277-294	Z-C2H2
608	G2979	192-211	E2F
610	G2981	155-173	E2F
612	G2982	107-124	E2F
614	G2983	88-148	HB
616	G2990	54-109, 203-263	ZF-HB
618	G2992	29-84, 159-219	ZF-HB
620	G2993	85-138, 221-285	ZF-HB
622	G2996	75-126, 194-254	ZF-HB
624	G2998	74-127, 243-303	ZF-HB
626	G2999	82-131, 201-261	ZF-HB
628	G3002	6-50, 104-168	ZF-HB
630	G3003	131-280	Z-C2H2
632	G3008	10-275	EIL
634	G3017	133-201	HLH/MYC
636	G3021	110-155	HLH/MYC
638	G3032	285-333	GARP
640	G3044	222-311	HLH/MYC
642	G3054	77-96, 149-168	Z-C3H
644	G3055	97-115, 178-197, 266-287	Z-C3H
646	G3059	219-287	Z-C3H
648	G3060	42-61, 219-237	Z-C3H
650	G3061	73-90, 174-193	Z-C2H2

Polipeptídeo SEQ ID Nº:	GID Nº.	Família	Domínios Conservados em Coordenadas de Aminoácidos
652	G3067	198-219	Z-C2H2
654	G3070	129-150	Z-C2H2
656	G3076	70-100, 182-209	bZIP-ZW2
658	G3083	75-105, 188-215	bZIP-ZW2
660	G3084	94-110, 148-177	IAA
662	G3086	297-376	HLH/MYC
664	G3091	34-131	PLATZ
666	G3094	7-143	PLATZ
668	G3095	16-151	PLATZ
670	G3111	111-152	RING/C3H2C3

[0294] Os exemplos de algumas das utilidades que podem ser desejáveis nas plantas e que podem ser fornecidas através da transformação das plantas com as sequências divulgadas aqui, estão listados na Tabela 6. Muitos dos fatores de transcrição listados na Tabela 6 podem ser ligados de forma operacional com um promotor específico que faz com que o fator de transcrição seja expresso em resposta a sinais ambientais, específicos ao tecido ou temporais. Por exemplo, G370 induz tricomas ectópicos nas flores, mas também produz plantas pequenas. Os primeiros podem ser desejáveis para produzir resistência a insetos ou a herbívoros ou maior rendimento de algodão, mas o último pode ser indesejável em relação ao rendimento uma vez que pode reduzir a biomassa. Entretanto, através da ligação operacional de G370 com um promotor específico às flores,

pode-se atingir os benefícios desejáveis do gene sem afetar a biomassa global até um grau significativo. Para exemplos de promotores específicos às flores, ver Kaiser e outros (supra). Para exemplos de outros promotores específicos ao tecido, específicos ao tempo ou que podem ser induzidos, ver a discussão anterior sob o título de "Vetores, Promotores e Sistemas de Expressão".

Tabela 6. Genes, traços e utilidades que afetam as características das plantas

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
Estresse abiótico	Efeito do congelamento sobre as plantas		
	Maior sensibilidade Maior tolerância	G2632; G2763; G2790; G2885; G2993 G1274; G1357; G1779; G1928; G2063; G2567; G2579; G2650; G2771; G2930; G2933	Maior taxa de crescimento, plantação mais cedo, rendimento
	Germinação no frio Maior sensibilidade Maior tolerância	G134; G344; G651; G1808; G2070; G2525; G2543; G2592; G2993 G224; G728; G807; G1274; G1837; G2051; G2317; G2603; G2784	Manipulação da resposta ao estresse à temperatura Plantação mais cedo; maior sobrevivência, rendimento
	Seca Maior tolerância	G46; G47; G926; G975; G1206; G1274; G1357; G1452; G1792;	Melhor sobrevivência, vigor, aparência, rendimento, faixa

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
		G2133; G2505; G2717; G2982; G2999; G3076; G3086	
	Congelamento	G1206; G2982	Melhor sobrevivência, vigor, aparência, rendimento
	Calor Maior sensibilidade Maior tolerância	G550 G3086	Melhor germinação, taxa de crescimento, plantação tardia, rendimento
	Estresse osmótico Maior sensibilidade	G155; G370 (KO); G1863; G1938; G2993; G2996	Manipulação da resposta ao estresse abiótico
	Maior tolerância	G47; G353; G916; G926; G1033; G1412; G1452; G1730; G1753; G1816; G2207; G2661; G2717; G2776; G2839; G2854; G2969	Melhor taxa de germinação, sobrevência, rendimento
	Tolerância a sal Resposta alterada (uma linhagem mais tolerante, uma linhagem mais sensível)	G2394	
	Maior tolerância	G355; G624; G1017; G1037; G1538; G1557; G1660; G1837; G2035; G2041; G2060; G2207; G2317; G2319; G2394;	Melhor taxa de germinação, sobrevência, rendimento; faixa de crescimento estendida

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
		G2404; G2453; G2457; G2691; G2717; G2992; G2998; G2999; G3083; G3086	
	Estresse ao nitrogênio Sensibilidade à limitação ao N	G707; G1136; G1483; G1535; G1968; G1995; G2718; G2990; G2992	
	Menos sensível à limitação ao N	G153; G200; G581; G839; G916; G1013; G1150; G1274; G1792; G1816; G1988; G2239; G2604; G2718; G2830; G2913; G2981	Melhor rendimento e tolerância ao estresse a nutrientes, menor utilização de fertilizantes
	Estresse ao fosfato Sensibilidade à limitação ao PO_4 Menos sensível à limitação ao PO_4	G1995 G355; G624; G1988; G2142; G2972	Melhor rendimento e tolerância ao estresse a nutrientes, menor utilização de fertilizantes
Expressão alterada	Induzida pelo ABA	G224; G244; G355; G571; G1037; G1482; G1507; G2070; G2085	Modificação do desenvolvimento das sementes, dormência das sementes, tolerância ao frio e à desidratação
	Alterada pela auxina	G151; G153; G224; G244;G550; G807;	Regulação da divisão celular, do

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
		G1037; G1274; G1384; G1482; G1535; G1923	crescimento e da maturação, particularmente nas pontas dos brotos
	Induzida pelo ácido salicílico	G140; G224; G374; 1037; G1100; G1274; G1507; G1538; G2070	Elasticidade ao calor ou a condições fisiológicas que resultam em altos níveis de ácido salicílico
	Após desafio com *Erysiphe*	G314; G571; G1274; G1923; G2070; G2085	Rendimento, aparência, survival, faixa extensa
	Após desafio com *Fusarium*	G140; G153; G171; G224; G434; G1384; G1507; G1923	Rendimento, aparência, survival, faixa extensa
	Induzida pelo calor	G153; G171; G224; G434; G550; G807; G961; G1037; G1384; G1412; G1482; G1507; G1538; G1850; G1923; G2070	Germinação, taxa de crescimento, plantação tardia
	Frio	G171; G224; G314; G1274; G1730; G2070; G2085; G2597	Maior taxa de crescimento, plantação mais cedo, rendimento
	Estresse osmótico	G571; G1274; G1412; G1482; G1730; G1923; G2085	Manipulação da resposta ao estresse abiótico
	Seca	G139; G244; G434; G571; G1100; G1412	Melhor sobrevivência, vigor, aparência, rendimento
	Sal	G224; G550; G1037	Melhor taxa de

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
			germinação, sobrevência, rendimento; faixa de crescimento estendida
Herbicida	Resistência Glifosato	G2133	Produção de plantas resistentes ao glifosato e aumento da resistência da planta ao estresse oxidativo
Sensibilidade a hormônios	Sensibilidade ao ácido abscísico (ABA)		
	Sensibilidade reduzida ou Insensível ao ABA	G12 (KO); G926; G1357; G1412; G1452; G1893; G2109; G2146; G2207; G2382; G2617; G2717; G2854; G2865; G2969; G2992; G3054; G3055; G3067	Modificação do desenvolvimento das sementes, maior dormência das sementes, tolerância ao frio e à desidratação
	Sensibilidade ao 1-Aminociclopropano-1-carboxilato (ACC) Maior sensibilidade ao ACC, o precursor imediato do etileno	G12	Regulação do estresse oxidativo e da morte celular programada, retardo do superamadurecimento do fruto
Doença	*Botrytis* Maior resistência ou tolerância	G1792	Maior rendimento, aparência,

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
			sobrevivência, faixa extensa
	Fusarium Maior resistência ou tolerância	G1792	Maior rendimento, aparência, sobrevivência, faixa extensa
	Erysiphe Maior resistência ou tolerância	G1792	Maior rendimento, aparência, sobrevivência, faixa extensa
Regulador do crescimento	Sensibilidade alterada a açúcares Menor tolerância aos açúcares Maior tolerância aos açúcares	G155; G344; G478; G1420; G2111; G2763 G224; G905; G916; G1033; G1108; G1493; G1535; G1753; G1816; G2661; G2776; G2839; G2854; G2898	Alteração do equilíbrio de energia, da taxa fotossintética, de acúmulo de carboidrato, da produção de biomassa, das relações fonte-escoadouro, da senescência; Alteração do acúmulo de compostos de armazenamento nas sementes
	Sensibilidade alterada a C/N	G153; G200; G581; G707; G916; G1013; G1150; G1274; G1483; G1535; G1816; G1988; G2239; G2604; G2830; G2913; G2981	Alteração ou controle do fracionamento do assimilado
Tempo de	Florescência	G129; G131; G135;	Tempo de geração

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
florescência	precoce	G136; G137; G138; G140; G142; G145; G146; G148; G153; G155; G172; G200; G246; G416; G485 (OE); G549; G600; G627;G1011; G1037 (KO); G1142 (KO); G1538; G1797; G1798; G1823; G1825; G1988; G2071; G2129; G2142; G2184; G2311; G2372; G2443; G2515; G2628; G2633; G2639; G2650; G2754; G2777; G2779; G2802 (clone anti-sentido); G2805; G2832; G2967; G2992; G3002; G3032; G3044; G3060; G3061; G3086	mais rápido; sincronia da florescência; colheitas adicionais dentro de uma estação de cultivo, encurtamento dos programas de cruzamento
	Florescência tardia	G2; G15; G47; G173; G309; G319; G324; G372; G380; G434; G485 (KO); G571 (KO); G581; G624; G707; G738; G744; G752; G839; G852; G905; G1113; G1136; G1142; G1150; G1276; G1357; G1361; G1446; G1451; G1452; G1468; G1474; G1493; G1549; G1554; G1863; G1945;	Maior rendimento ou biomassa, risco diminuído do escape de pólen transgênico, sincronia da florescência

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
		G1983; G1998; G1999; G2106; G2146; G2207; G2251; G2269; G2319; G2334; G2432; G2559; G2604; G2694; G2723; G2741; G2743; G2763; G2771; G2802 (sense clone); G2838; G2846; G2964; G2979; G2993; G2998; G3003; G3021; G3060; G3111	
Desenvolvimento e Morfologia	Estrutura alterada da flor		Modificação ornamental da arquitetura da planta, fertilidade maior ou reduzida para diminuir o escape de pólen transgênico, maior tamanho, formato, número ou rendimento de frutos
	Estame	G15; G129; G133; G1420; G2455; G2694; G2768	
	Sépala	G129; G134; G140; G1420; G2694; G2979; G3094	
	Pétala	G129; G133; G134; G140; G1420; G2768; G3094	
	Pedicelo	G1420; G1539;	

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
		G1591; G2839; G2979; G2983	
	Carpelo	G129; G133; G446; G1539; G1591; G1796; G2455; G2579; G2617; G2694; G2768; G2983	
	Várias alterações	G15; G550; G651; G730; G1013; G1100; G1128; G1420; G1549; G1798; G1825; G1995; G2226; G2457; G2455; G2515; G2575; G2616; G2639; G2640; G2649; G2694; G2743; G2826; G2838; G2859; G2884; G3094	
	Alterações na identidade dos órgãos	G129; G133; G134; G140	
	Órgãos florais maiores	G15; G2979	
	Maior número de órgãos nas flores	G2768;G2979	
	Flores terminais	G1798; G2515	
	Órgãos florais que persistem após a fertilização	G1011; G1797	
	Síliquas	G15; G2579; G2884	
	Rosetas amplas, grandes	G1274	
	Perda da definição floral	G131; G135; G2768	

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
	Fertilidade reduzida	G15; G549; G651; G846; G1100; G1798; G2372; G2579; G2616; G2639; G2640; G2649; G2768; G2884	
	Gameta letal	G846	
	Desenvolvimento alterado do meristema do broto	G438 (KO); G916; G1585; G1957; G2636; G2650; G2885	Modificação ornamental da arquitetura da planta, manipulação do cresci-mento e do desenvolvimen-to, maiores números de folhas, modulação dos padrões de ramificação para fornecer maior rendimento ou biomassa
	Alteração na arquitetura da inflorescência		Modificação ornamental da arquitetura floral; sincronia da florescência; hábito vegetal alterado para rendimento ou vantagem na capacidade de colheita; redução na produção de pólen de plantas modificadas geneticamente; Manipulação das características da
	Padrão alterado de ramificação da inflorescência	G47; G446; G2571; G2146; G2571; G2694; G2784; G2859	
	Inflorescências com internodos curtos/em arbustos	G47; G253; G1274; G1474; G1593; G1743; G1753; G1796; G2146; G2226; G2550; G2251; G2575; G2616; G2639; G2640; G2649; G2958; G3021	
	Flores terminais	G131; G135; G137; G145; G148; G155;	

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
		G549; G1798; G2372; G2515	estação e de hábito anual ou perene;
	Definição alterada da inflorescência	G131; G135; G549; G2372; G2515	Manipulação do crescimento determinado vs. indeterminado
	Desenvolvimento de rosetas aéreas	G1985; G1995; G2826; G2838	
	Pedicelos voltados para baixo	G2839	
	Transformação homeótica	G129, G133, G134; G140	
	Várias alterações na inflorescência	G446; G549; G1798; G2616; G2694; G2784; G2839; G3059	
	Padrão alterado de ramificação	G47; G438 (KO)	Modificação ornamental da arquitetura da planta, maior resistência ao confinamento
	Morfologia alterada do caule e da estrutura do tecido vascular	G47	Modulação do teor de lignina; melhoramento da madeira, da palatabilidade de frutos e vegetais
	Dominância apical		
	Dominância apical reduzida	G47	Modificação ornamental da arquitetura da planta; maior resistência ao confinamento
	Densidade alterada do tricoma; desenvolvimento ou estrutura		Modificação ornamental da arquitetura da planta, maior

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
	Tricomas ectópicos	G370; G2826	produtividade do produto vegetal (por exemplo, diterpenos, algodão), resistência a insetos e herbívoros
	Desenvolvimento alterado do tricoma	G1539; G2983	
	Maior número ou densidade de tricomas	G370; G1995; G2085; G2826; G2838	
	Tricomas reduzidos ou nenhum	G1452; G1816; G2718	
	Desenvolvimento radicular		
	Menor crescimento radicular ou desenvolvimento de raízes secundárias	G651; G730; G2655; G2747; G2992; G2993	Modificação da arquitetura da raiz e da massa
	Menor ramificação radicular	G651; G2993	Influência na captação de água e nutrientes
	Maior ramificação radicular	G2747; G2992	Maior ancoragem
	Resposta gravitrópica anormal	G2983	Manipulação do desenvolvimento da raiz
	Mais pêlos radiculares	G1816; G2718; G2983	Maior rendimento, tolerância ao estresse; ancoragem
	Forma alterada dos cotilédones	G916; G1420; G1893; G2432; G2636; G2859; G3059	Aplicações ornamentais
	Forma, cor, desenvolvimento de hipocotilédones	G807; G916; G1510; G1988; G2771; G2859; G2884;	Aplicações ornamentais; Resposta alterada à

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
	alterados	G2993	luz (ver "Light Response", abaixo)
	Desenvolvimento, amadurecimento e germinação alterados	G961	Modificação das propriedades de germinação de sementes e do desempenho
	Crescimento lento	G652; G1013; G1100; G1468; G1535; G1549; G1779; G1938; G2765; G2784; G2826; G2834; G2851; G3091; G3095	Aplicações ornamentais
	Crescimento rápido	G807; G1476; G2617	Aparência, biomassa, rendimento
	Diferenciação celular e proliferação celular	G1539; G1585; G1591; G2885; G2983	Maior desenvolvimento dos carpelos ou dos frutos; Maior regeneração de brotos partindo de calos na transformação ou em sistemas de micropropagação
	Expansão celular	G521	Controle do alongamento celular
	Alteração de fase e reversão floral	G370; G1985; G1995; G2826; G2838	Maior rendimento, biomassa, manipulação das características da estação e do hábito anual ou perene, plasticidade do desenvolvimento em resposta ao estresse ambiental

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
	Senescência		
	Senescência acelerada ou prematura	G652; G1033; G1128; G1772; G2467; G2574; G2783; G2907; G3059; G3111	Melhoria na resposta à doença, amadurecimento de frutos
	Senescência reduzida ou retardada	G571; G652 (KO); G2536	
	Desenvolvimento anormal do embrião	G2884	
	Embrião letal quando nocauteado	G374	Herbicida alvo
	Gameta letal	G846	Potencial de prevenir o escape de pólen GMO
	Morte celular programada alterada	G12	
	Letalidade quando superexpresso	G366; G1384; G1556; G1832; G1850; G1957; G1990; G2213; G2298; G2505; G2570; G2587; G2869; G2887	Herbicida alvo; desgaste de tecidos ou órgãos específicos tal como, estame para previnir o escape de pólen
	Necrose, Formação de lesões necróticas	G12; G1840	Resistência a doenças
Tamanho da planta	Maior tamanho da planta ou da biomassa	G46; G268; G287; G314; G319; G324; G438; G624; G852; G1113; G1150; G1451; G1468; G2334; G2536; G2650; G2741;	Maior rendimento, biomassa, aparência

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
		G2979	
	Semente grande	G1313; G2679; G2694; G2838	Maior sobrevivência e vigor de plantas jovens partindo de semente, rendimento
	Nanismo ou plantas mais compactas	G131; G136; G253; G309; G370; G386; G549; G550; G600; G651; G652; G707; G738; G811; G1011; G1100; G1247; G1289; G1340; G1423; G1474; G1483; G1549; G1554; G1593; G1753; G1772; G1779; G1798; G1938; G1983; G1993; G2085; G2226; G2227; G2251; G2372; G2375; G2453; G2456; G2459; G2492; G2515; G2550; G2565; G2574; G2575; G2579; G2616; G2628; G2640; G2649; G2682; G2702; G2757; G2783; G2839; G2846; G2847; G2850; G2884; G2934; G2958; G2979; G2992; G3017; G3059; G3091; G3111	Nanismo, resistência ao confinamento, manipulação de respostas à giberelina
Morfologia da folha	Folhas verde escuras	G30; G253; G309; G707; G811; G957;	Maior fotossíntese, biomassa,

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
		G1100; G1128; G1327; G1341; G1357; G1389; G1420; g1423; G1452; G1482; G1510; G1535; G1549; G1554; G1593; G1743; G1792; G1796; G1846; G1863; G1932; G1938; G1983; G2085; G2146; G2207; G2226; G2251; G2334; G2371; G2372; G2453; G2456; G2457; G2459; G2550; G2640; G2649; G2661; G2690; G2694; G2771; G2763; G2784; G2837; G2838; G2846; G2847; G2850; G2851; G2958; G2993; G3021; G3059; G3091; G3095; G3111	aparência, rendimento; valor nutricional
	Alteração na forma da folha	G30; G129; G131; G135; G136; G137; G140; G148; G200; G224; G253; G319; G370; G372; G438; G446; G468; G600; G646; G651; G707; G905; G957; G1011; G1013; G1100;	Aplicações ornamentais

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
		G1113; G1128; G1142; G1247; G1341; G1357; G1361; G1389; G1420; G1452; G1468; G1474; G1476; G1493; G1535; G1538; G1549; G1557; G1585; G1593; G1743; G1796; G1798; G1825; G1846; G1863; G1893; G1917; G1932; G1938; G1945; G1983; G1993; G2084; G2085; G2207; G2226; G2227; G2251; G2334; G2375; G2432; G2453; G2455; G2456; G2457; G2536; G2550; G2565; G2575; G2579; G2604; G2617; G2628; G2636; G2639; G2640; G2649; G2682; G2686; G2690; G2694; G2699; G2702; G2747; G2768; G2771; G2784; G2837; G2839; G2846; G2850; G2851; G2859; G2866; G2888; G2958; G2992; G3021; G3044; G3059; G3084; G3091; G3094;	

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
		G3095; G3111	
	Maior tamanho e massa folhar	G268; G324; G438; G852; G1113; G1274; G1451; G2536; G2699; G2768; G3008	Maior rendimento, aplicações ornamentais
	Folhas verde claras ou cinzentas	G351; G600; G651; G1468; G1718; G2565; G2604; G2779; G2859; G3044; G3070	Aplicações ornamentais
	Folhas brilhosas	G30; G370 (KO); G975; G1792; G2640; G2649	Aplicações ornamentais, manipulação da composição, da quantidade ou da distribuição de ceras
	Polaridade alterada abaxial/adaxial	G730	Modificação do crescimento e da forma da planta
Morfologia da semente	Coloração alterada de sementes	G581; G961; G2085; G2371	Aparência
	Tamanho e forma da semente		
	Formato alterado da semente	G652; G916; G961	Aparência
	Semente grande	G151; G581; G2085; G2585; G2933	
Bioquímica da folha	Mais cera nas folhas	G975	Resistência a insetos, agentes patogênicos
	Ácidos graxos da folha		

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
	Aumento do teor de ácidos graxos da folha	G975	
Bioquímica da semente	Teor de óleos da semente		
	Maior teor de óleos	G961 (KO); G1451 (KO); G2830 (KO)	Maior rendimento de óleos, maior teor calórico de alimentos e de produtos alimentícios para animais
	Prenil lipídeos da semente	G652 (KO)	Aumento no alfa-tocoferol (vitamin E)
Resposta à luz/Impedimento à sombra	Cotilédones alterados	G30; G2754; G2859	Maiores densidades de plantio e melhor rendimento
	Hipocotilédones alterados	G30; G807; G916; G1082; G1510; G1988; G2650; G2754; G2771; G2859; G2884; G2993	
	Orientação alterada das folhas	G351; G1013; G2650; G2694; G2993; G3032	
	Pecíolo alterado	G478; G807; G1988; G2650; G2694; G2754	
	Impedimento à sombra	G30; G246; G353; G354; G2432; G2650; G2754	
Pigmento	Maiores níveis de antocianina	G253; G386; G707; G1482; G2453;	Maiores benefícios na saúde, aparência

Categoria da Característica	Alteração(ões) Fenotípica(s)	Genes do fator de transcrição que têm impacto sobre as características	Utilidade
		G2456; G2459	ornamental melhorada, maior resistência aos estresses, atração de animais polinizadores e que dispersam sementes
	Menores níveis de antocianina	G581; G2604; G2718	

Abreviações: N = nitrogênio P = fosfato ABA = ácido abscísico C/N = equilíbrio de carbono/nitrogênio

Descrição detalhada dos genes, dos traços e das utilidades que afetam as características das plantas

[0295] As descrições a seguir dos traços e das utilidades associadas com os presentes fatores de transcrição oferecem uma descrição mais compreensiva do que é fonecido na Tabela 6.

Estresse abiótico, considerações gerais

[0296] Os fatores de transcrição de plantas podem modular a expressão gênica e, por sua vez, ser modulados através da experiência ambiental de uma planta. Alterações significativas no ambiente de uma planta resulta invariavelmente em uma modificação no padrão de expressão gênica dos fatores de transcrição da planta. Os padrões alterados de expressão gênica de fatores de transcrição geralmente resultam em modificações fenotípicas na planta. O(s) produto(s) gênico(s) dos fatores de transcrição nas plantas transgênicas difere(m) então em quantidades ou proporções daquele(s) encontrado(s) nas plantas do tipo selvagem ou não-transformadas e estes fatores de

transcrição provavelmente representam polipeptídeos que são utilizados para alterar a resposta à modificação ambiental. Com a finalidade de exemplo, é bem aceito na técnica que métodos analíticos baseados nos padrões alterados de expressão possam ser utilizados para selecionar modificações fenotípicas em uma planta de forma muito mais eficiente do que pode ser conseguido utilizando métodos tradicionais.

[0297] Estresse abiótico: congelamento do estágio adulto. A maior tolerância ao congelamento produzida através da modificação dos níveis de expressão de fatores de transcrição tal como, G1274, G1357, G1779, G1928, G2063, G2567, G2579, G2650, G2771, G2930 ou G2933, por exemplo, em plantas pode estender a faixa de crescimento eficiente de espécies de cultivo sensíveis ao congelamento permitindo um plantio mais cedo e uma colheita tardia. A maior tolerância ao congelamento pode ser conferida através da maior expressão da glicerol-3-fosfato acetiltransferase nos cloroplastos (ver, por exemplo, Wolter e outros (1992) *EMBO J.* 4685-4692 e Murata e outros (1992) *Nature* 356: 710-713).

[0298] A tolerância ao congelamento também poderia servir como um modelo para entender como as plantas se adaptam ao déficit hídrico. Os estresses tanto ao congelamento quanto hídrico compartilham vias de transdução de sinais e mecanismos de tolerância/adaptação similares. Por exemplo, a aclimatação às temperaturas de congelamento pode ser induzida através do estresse hídrico ou do tratamento com o ácido abscísico. Os genes induzidos pela temperatura baixa incluem as dehidrinas (ou proteínas LEA). As dehidrinas também são induzidas pela salinidade, pelo

ácido abscísico, pelo estresse hídrico e durante os estágios tardios da embriogênese.

[0299] Um outro impacto grande do congelamento ocorre durante o armazenamento pós-colheita. Por exemplo, alguns frutos e vegetais não ficam bem armazenados a baixas temperaturas (por exemplo, bananas, abacates, melões e tomates). O processo de amadurecimento normal do tomate é prejudicado se for exposto a temperaturas baixas. Os genes que conferem resistência às temperaturas de congelamento podem aumentar a tolerância durante o armazenamento pós-colheita.

[0300] Estresse abiótico: germinação no frio. A utilidade potencial dos genes de fatores de transcrição divulgados aqui que aumentam a tolerância ao frio é conferir melhor germinação e crescimento em condições de frio. As plantas com níveis de expressão modificados de G224, G728, G807, G1274, G1837, G2051, G2317, G2603 ou G2784 exibem menor sensibilidade à germinação em condições frias, indicando uma função na regulação de respostas ao frio. Estas plantas poderiam ser engenheiradas para manipular a resposta ao estresse a baixas temperaturas. Os genes que permitissem a germinação e o vigor das plantas jovens partindo de semente no frio teriam utilidade altamente significativa em permitir que as sementes sejam plantadas mais cedo na estação com uma alta taxa de sobrevivência. Os genes dos fatores de transcrição que conferem melhor sobrevivência em climas frios permitem que um agricultor altere o tempo do plantio na primavera e estenda a estação de cultivo adicionalmente no outono para rendimentos maiores do plantio. A germinação de sementes e

a sobrevivência a temperaturas significativamente abaixo daquelas da temperatura média necessária para a germinação das sementes e para a sobrevivência de plantas não-transformadas aumentaria a faixa potencial de uma planta de cultivo em regiões que de outra maneira seu desenvolvimento falharia.

Estresse abiótico: tolerância a sais e à seca

[0301] As plantas estão sujeitas a uma faixa de desafios ambientais. Vários destes, incluindo o estresse salino, o estresse osmótico geral, o estresse à seca e o estresse ao congelamento, têm a capacidade de ter um impacto sobre a disponibilidade de água para uma planta inteira e para as células. De forma não surpreendente, então, as respostas das plantas a este conjunto de estresses estão relacionadas. Em uma revisão recente, Zhu observa que (Zhu (2002) *Ann. Rev. Plant Biol*. 53: 247-273) "a maior parte dos estudos sobre a sinalização do estresse hídrico se concentrou primariamente no estresse salino porque as respostas da planta ao sal e à seca estão intimamente relacionadas e os mecanismos se sobrepõem". Muitos exemplos de respostas similares (isto é, as vias genéticas para este conjunto de estresses foram documentadas). Por exemplo, foi mostrado que os fatores de transcrição CBF condicionam a resistência ao sal, ao congelamento e à seca (Kasuga e outros (1999) *Nature Biotech*. 17: 287-291). O gene *rd29B* de *Arabidopsis* é induzido em uma resposta tanto ao estresse salino quanto ao de desidratação, um processo que é mediado em grande parte através de um processo de transdução de sinal do ABA (Uno e outros (2000) *Proc. Natl. Acad. Sci*. USA 97: 11632-11637),

resultando na atividade alterada dos fatores de transcrição que se ligam a um elemento a montante dentro do promotor *rd29B*. Na *Mesembryanthemum crystallinum* (planta do gelo), Patharker e Cushman mostraram que uma proteína quinase dependente de cálcio (McCDPK1) é induzida através da exposição aos estresses tanto hídrico quanto salino (Patharker e Cushman (2000) *Plant J.* 24: 679-691). Foi também mostrado que a quinase induzida pelo estresse fosforila um fator de transcrição, presumidamente alterando a sua atividade, embora os níveis do produto da transcrição do fator de transcrição alvo não sejam alterados em resposta ao estresse salino ou hídrico. Similarmente, Saijo e outros demonstraram que uma proteína quinase dependente da calmodulina induzida pelo sal/seca no arroz (OsCDPK7) conferia maior tolerância aos sais e à seca ao arroz quando superexpressa (Saijo e outros (2000) *Plant J.* 23: 319-327).

[0302] A exposição à desidratação ativa estratégias de sobrevivência similares nas plantas como faz o estresse ao congelamento (ver, por exemplo, Yelenosky (1989) *Plant Physiol* 89: 444-451) e o estresse à seca induz tolerância ao estresse ao congelamento (ver, por exemplo, Siminovitch e outros (1982) *Plant Physiol* 69: 250-255; e Guy e outros (1992) *Planta* 188: 265-270). Em adição à indução das proteínas de aclimatação ao frio, estratégias que permitem que a planta sobreviva em condições de baixo teor de água podem incluir, por exemplo, menor área de superfície ou superfície de óleo ou produção de cera.

[0303] Consequentemente, um versado na técnica esperaria que algumas vias envolvidas na resistência a um destes estresses e assim reguladas por um fator de

transcrição individual, também estivessem envolvidas na resistência a um outro destes estresses, reguladas pelos mesmos ou por fatores de transcrição homólogos. Evidentemente, as vias gerais de resistência estão relacionadas, não idênticas e, portanto, nem todos os fatores de transcrição que controlam a resistência a um estresse controlarão a resistência a outros estresses. Contudo, se um fator de transcrição condiciona a resistência a um destes estresses, seria evidente para os versados na técnica testar a resistência destes estresses relacionados. A modificação da expressão de um número de genes de fatores de transcrição divulgados aqui que mostraram conferir maior tolerância à seca, por exemplo, G46, G47, G926, G975, G1206, G1274, G1357, G1452, G1792, G2133, G2505, G2717, G2982, G2999, G3076 e G3086 e maior tolerância ao sal, por exemplo, G355, G624, G1017, G1037, G1538, G1557, G1660, G1837, G2035, G2041, G2060, G2207, G2317, G2319, G2404, G2453, G2457, G2691, G2717, G2992, G2998, G2999, G3083 e G3086, durante a germinação, o estágio de plantas jovens partindo de semente e ao longo de todo o ciclo de vida da planta, pode ser assim utilizado para aumentar a tolerância de uma planta a condições de baixo teor de água e fornecer os benefícios da maior sobrevivência, maior rendimento e uma faixa maior de plantação geográfica e temporal.

[0304] Estresse abiótico: tolerância ao congelamento e estresse osmótico. A modificação da expressão de um número de genes de fatores e transcrição divulgados aqui, G47, G353, G916, G926, G1033, G1206, G1412, G1452, G1730, G1753, G1816, G2207, G2661, G2717,

G2776, G2839, G2854, G2969 ou G2982, por exemplo, pode ser utilizada para aumentar a taxa de germinação ou o crescimento sob condições osmóticas adversas, que teriam impacto sobre a sobrevivência e o rendimento de sementes e plantas. Os estresses osmóticos podem ser regulados através de mecanismos de controle molecular que incluem genes que controlam o movimento da água e de íons, proteínas funcionais e estruturais induzidas pelo estresse, percepção e transdução de sinais e eliminação de radicais livres e muitos outros (Wang e outros (2001) *Acta Hort*. (ISHS) 560: 285-292). Os instigadores do estresse osmótico incluem alto teor de congelamento, seca e salinidade, dos quais cada um é discutido em maiores detalhes abaixo.

[0305] De muitas maneiras, o congelamento, o alto teor de sal e a seca possuem efeitos similares sobre as plantas, nem um pouco é a indução de polipeptídeos comuns que respondem a estes estresses diferentes. Por exemplo, o congelamento é similar ao déficit hídrico pelo fato de que o congelamento reduz a quantidade de água disponível para uma planta. A exposição a temperaturas de congelamento pode levar à desidratação celular como células folhares de água e formar cristais de gelo nos espaços intracelulares (Buchanan, *supra*). Como com a alta concentração de sais e o congelamento, os problemas para as plantas causados pela baixa disponibilidade de água incluem estresses mecânicos causados pela eliminação da água celular. Assim, a incorporação de fatores de transcrição que modificam a resposta de uma planta ao estresse osmótico, por exemplo, em uma planta de cultivo ou ornamental, pode ser útil na redução de danos ou perdas. Os efeitos específicos causados

pelo congelamento, pelo alto teor de sais e pela seca são referidos abaixo.

[0306] Estresse abiótico: tolerância ao estresse ao calor. A germinação de muitas plantas de cultivo é também sensível a altas temperaturas. Os genes de fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo, por exemplo, G3086, que fornece maior tolerância ao calor, são geralmente úteis na produção de plantas que germinam e crescem em condições quentes, podem encontrar uso particular para as plantas de cultivo que são plantadas tardiamente na estação ou estender a faixa de uma planta permitindo o crescimento em climas relativamente quentes.

[0307] Captação e utilização de nutrientes: nitrogênio e fósforo. Os genes de fatores de transcrição divulgados atualmente introduzidos nas plantas fornecem um meio de melhorar a captação de nutrientes essenciais, incluindo compostos de nitrogênio, fosfatos, potássio e traços minerais. O maior desempenho, por exemplo, de G153, G200, G581, G839, G916, G1013, G1150, G1274, G1792, G1816, G1988, G2239, G2604, G2718, G2830, G2913 e G2981 e outras linhagens de superexpressão sob baixas condições de nitrogênio ou G355, G624, G1988, G2142 e G2972 sob baixas condições de fósforo indicam que estes genes e seus homólogos poderiam ser utilizados para engenheirar plantas de cultivo que pudessem se desenvolver sob condições de disponibilidade reduzida de nutrientes. O fósforo, em particular, tende a ser um nutriente limitante nos solos e é geralmente adicionado como um componente nos fertilizantes. Plantas jovens possuem uma captação rápida de fosfato e fosfato suficiente é importante para o

rendimento de plantas de cultivo radiculares tais como a cenoura, a batata e a pastinaga.

[0308] O efeito destas modificações é aumentar a germinação das plantas jovens partindo de semente e a faixa de plantas ornamentais e de cultivo. As utilidades dos genes de fatores de transcrição divulgados aqui que conferem tolerância a condições de baixos teores de nutrientes também incluem reduções nos gastos para o agricultor através da redução das quantidades de fertilizante necessárias, benefícios ambientais de menor escoamento de fertilizantes nas bacias hidrográficas; e maior rendimento e tolerância aos estresses. Em adição, através do fornecimento de maior capacidade de captar nitrogênio, estes genes podem ser utilizados para alterar as quantidades e/ou a composição de proteínas na semente de forma que poderia ter impacto sobre o rendimento assim como o valor nutricional e a produção de vários produtos alimentícios.

[0309] Menor sensibilidade aos herbicidas. Os genes de fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo G2133 e seus equivalentes que conferem resistência ou tolerância a herbicidas (por exemplo, o glifosato) encontrarão uso no fornecimento de meios para aumentar as aplicações de herbicidas sem prejudicar as plantas desejáveis. Isto permitiria o maior uso de um herbicida particular em um ambiente local, com o efeito de maiores danos às espécies indesejáveis e menos malefícios a cultivares desejáveis transgênicos.

[0310] Foi mostrado que os nocautes de um número de genes de fatores de transcrição divulgados aqui eram letais

para os embriões em desenvolvimento. Assim, estes genes são potencialmente úteis como alvos para herbicidas.

[0311] Expressão e sensibilidade a hormônios alteradas: ácido abscísico e auxina. A alteração dos níveis de expressão de um número dos fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo G12, G224, G244, G355, G571, G926, G1037, G1357, G1412, G1452, G1482, G1507, G1893, G2070, G2085, G2109, G2146, G2207, G2382, G2617, G2717, G2854, G2865, G2969, G2992, G3054, G3055 ou G3067, pode ser utilizada para reduzir a sensibilidade de uma planta ao ABA ou tornar uma planta insensível à exposição ao ABA. O ABA desempenha funções reguladoras em um hospedeiro de processos fisiológicos em todas as plantas superiores assim como nas inferiores (Davies e outros (1991) Abscisic Acid: Physiology and Biochemistry. Bios Scientific Publishers, Oxford, Reino Unido; Zeevaart e outros (1988) *Ann. Rev. Plant Physiol*. Plant Mol. Biol. 49: 439-473; Shimizu-Sato e outros (2001) Plant Physiol 127: 1405-1413). O ABA medeia as respostas de tolerância aos estresses nas plantas superiores, é um composto sinal importante que regula a abertura dos estômatos e, junto com outros compostos de sinalização vegetal, é implicado na mediação de respostas a agentes patogênicos e feridas ou danos oxidativos (por exemplo, ver Larkindale e outros (2002) *Plant Physiol*. 128: 682-695). Nas sementes, o ABA promove o desenvolvimento das sementes, a maturação do embrião, a síntese de produtos de armazenamento (proteínas e lipídeos), a tolerância à dessecação e está envolvido na manutenção da dormência (inibição da germinação) e na apoptose (Zeevaart e outros (1988) *Ann. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol*. 49: 439-

473; Davies (1991), *supra*; Thomas (1993) *Plant Cell* 5: 1401-1410; and Bethke e outros (1999) *Plant Cell* 11: 1033-1046). O ABA também afeta a arquitetura da planta, incluindo o crescimento e a morfologia das raízes e as proporções raiz-para-broto. A ação e o metabolismo do ABA é modulado não somente por sinais ambientais, mas também por sinais endógenos gerados através de um retorno metabólico, transporte, interação hormonal e estágio do desenvolvimento. A manipulação dos níveis do ABA e consequentemente através da extensão da sensibilidade ao ABA, foi descrito como um meio muito promissor para melhorar a produtividade, o desempenho e a arquitetura nas plantas Zeevaart (1999) em: Biochemistry and Molecular Biology of Plant Hormones, Hooykaas e outros eds, Elsevier Science pp 189-207; e Cutler e outros (1999) *Trends Plant Sci*. 4: 472-478).

[0312] Foi mostrado que um número de genes era induzido pela aclimatação ao frio em plantas superiores, incluindo, por exemplo, G171, G224, G1274, G1730, G2085 e G2597 e acredita-se que as proteínas codificadas por estes genes desempenham uma função na proteção das células vegetais de danos, incluindo o congelamento (Nagao e outros (2002) *Plant Cell Physiol*. 43: S168-S168). Uma vez que o ABA medeia a conversão dos meristemas apicais em brotos dormentes, a expressão alterada do ABA pode aumentar a proteção dos brotos de danos mecânicos durante o inverno. A resposta de uma planta ao ABA também afeta a inibição da germinação durante turnos quentes prematuros. O ABA é também importante na proteção de plantas da tolerância à seca. Assim, afetando a sensibilidade ao ABA, os genes

introduzidos de fatores de transcrição podem afetar a sensibilidade ao frio, o rendimento e a sobrevivência e as plantas com o G12 nocauteado ou plantas que superexpressam G926, G1357, G1412, G1452, G1893, G2109, G2146, G2207, G2382, G2617, G2717, G2854, G2865, G2969, G2992, G3054, G3055 e G3067, podem ter respostas modificadas ao ABA que influenciam no desenvolvimento e na dormência das sementes, assim como na tolerância ao frio e à desidratação e a sobrevivência.

[0313] "Auxina" se refere a uma classe de hormônios vegetais, incluindo o ácido indolacético (IAA), que possui uma variedade de efeitos, tais como a resposta fototrópica através do estímulo do alongamento das células, o estímulo do crescimento secudário e o desenvolvimento de traços folhares e de fruto. Especificamente, a auxina está envolvida na regulação da divisão celular, particularmente nas extremidades dos brotos. Os genes de fatores de transcrição que regulam a resposta de uma planta à auxina fornecem assim um meio para controlar o desenvolvimento de extremidades de brotos e o crescimento secundário, que por sua vez pode ser utilizado para manipular o crescimento e o desenvolvimento da planta.

[0314] Resistência ou tolerância a doenças: *Erysiphe, Fusarium, Botrytis* e outros agentes patogênicos. Um número dos genes de fatores de transcrição divulgados aqui foi induzido para ser expresso (por exemplo, G140, G171, G224, G434, G571, G1100, G1274, G1384, G1507, G1538, G1923 e G2085) ou mostrou fornecer resistência ou tolerância (por exemplo, G1792) após um desafio com mais de um agente patogênico, incluindo os agentes patogênicos

fúngicos *Fusarium oxysporum*, *Botrytis cinerea* e *Erysiphe orontii*. A modificação dos níveis de expressão de um ou mais genes de fatores de transcrição pode fornecer algum benefício à planta para auxiliar a prevenir ou superar a infestação. Os mecanismos através dos quais os fatores de transcrição atuam poderiam incluir a alteração das características de superfície tais como a composição e a espessura das ceras, dos óleos ou da parede celular ou através da ativação de vias de transdução de sinal que regulam defesas das plantas em resposta a ataques por agentes patogênicos (incluindo, por exemplo, espécies reativas do oxigênio, proteínas antifúngicas, defensinas, tioninas, glucanases e quitinases). Um outro meio de combater os fungos e outros agentes patogênicos é através da aceleração da morte celular ou da senescência local, mecanismos utilizados para prevenir o espalhamento de microorganismos patogênicos ao longo de uma planta. Por exemplo, o melhor exemplo conhecido de morte celular acelerada é a resposta hipersensível mediada pelo gene, que causa morte celular localizada em um sítio de infecção e inicia uma resposta de defesa sistêmica. Devido ao fato de que muitas defesas, moléculas de sinalização e vias de transdução de sinal são comuns para a defesa contra agentes patogênicos e pragas diferentes, tais como fungos, bactérias, oomicetos, nematódeos e insetos, os fatores de transcrição que estão implicados nas respostas de defesa contra os agentes patogênicos fúngicos testados podem também funcionar na defesa contra outros agentes patogênicos e pragas.

Regulador de crescimento: sensibilidade aos açúcares.

[0315] Em adição a sua função importante como uma fonte de energia e componente estrutural da célula vegetal, os açúcares são moléculas reguladoras centrais que controlam vários aspectos da fisiologia, do metabolismo e do desenvolvimento das plantas (Hsieh e outros (1998) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 95: 13965-13970). Acredita-se que este controle seja conseguido através da regulação da expressão gênica e, em plantas superiores, foi mostrado que os açúcares reprimem ou ativam genes vegetais envolvidos em muitos processos essenciais tais como a fotossíntes, o metabolismo do glioxilato, a respiração, a síntese e a degradação do amido e da sacarose, a resposta a agentes patogênicos, a resposta a feridas, a regulação do ciclo celular, a pigmentação, a florescência e a senescência. Os mecanismos através dos quais os açúcares controlam a expressão gênica não são entendidos.

[0316] Vários mutantes sensíveis aos açúcares resultaram como sendo alélicos aos mutantes para o ácido abscísico (ABA) e para o etileno. O ABA é encontrado em todos os organismos fotossintéticos e atua como um regulador importante da transpiração, de respostas a estresses, da embriogênese e da germinação de sementes. A maioria dos efeitos do ABA está relacionado ao composto que atua como um sinal de menor disponibilidade de água, através do qual ativa uma redução na perda de água, retarda o crescimento e medeia respostas adaptativas. Entretanto, o ABA também influencia no crescimento e no desenvolvimento da planta através de interações com outros fitohormônios. Estudos fisiológicos e moleculares indicam que o milho e a *Arabidopsis* possuem vias quase idênticas em relação à

biossíntese do ABA e à transdução de sinais. Para uma revisão adicional, ver Finkelstein e Rock ((2002) Abscisic acid biosynthesis and response (Em The *Arabidopsis* Book, Editors: Somerville and Meyerowitz (American Society of Plant Biologists, Rockville, MD).

[0317] Isto implica potencialmente G155, G224, G344, G478, G905, G916, G1033, G1108, G1420, G1493, G1535, G1753, G1816, G2111, G2661, G2763, G2776, G2839, G2854, G2898 e fatores de transcrição relacionados na sinalização de hormônios com base no fenótipo de sensibilização do açúcar sacarose de linhagens transgênicas que superexpressam estes polipeptídeos. Por outro lado, o tratamento com a sacarose utilizado nestes experimentos (9,5% em p/v) poderia ser também um estresse osmótico. Portanto, estes dados poderiam ser interpretados como uma indicação de que estas linhagens transgênicas de superexpressão são mais tolerantes ao estresse osmótico. Entretanto, é bem sabido que as respostas da planta ao ABA, ao estresse osmótico e a outros podem estar ligadas e estes tratamentos diferentes podem ainda atuar de forma sinérgica para aumentar o grau de uma resposta. Por exemplo, Xiong, Ishitani e Zhu ((1999) *Plant Physiol*. 119: 205-212) mostraram que estudos genéticos e moleculares podem ser utilizados para mostrar a interação extensa entre o estresse osmótico, o estresse à temperatura e as respostas ao ABA nas plantas. Estes investigadores analisaram a expressão de *RD29A-LUC* em resposta a vários regimes de tratamento em *Arabidopsis*. O promotor RD29A contém tanto o elemento de resposta ao ABA quanto o de resposta à desidratação - também denominado de repetição C - e pode

ser ativado através do estresse osmótico, do tratamento a baixas temperaturas com o ABA; a transcrição do gene RD29A em resposta aos estresses osmótico e frio é mediada por vias tanto dependentes do ABA quanto independentes do ABA (Xiong, Ishitani e Zhu (1999) *supra*). LUC se refere à sequência codificadora da luciferase do vagalume, que, neste caso, foi controlada pelo promotor RD29A de resposta ao estresse. Os resultados revelaram tanto interações positivas quanto negativas, dependendo da natureza e da duração dos tratamentos. Foi descoberto que o estresse a baixas temperaturas prejudica a sinalização osmótica, mas o estresse moderado ao calor aumenta enormemente a indução ao estresse osmótico, atuando assim de forma sinérgica com as vias de sinalização osmótica. Neste estudo, os autores relataram que o estresse osmótico e o ABA poderiam atuar de forma sinérgica mostrando que os tratamentos induzem simultaneamente a expressão do transgene e do gene endógeno. Resultados similares foram relatados por Bostock e Quatrano ((1992) *Plant Physiol*. 98: 1356-1363), que descobriram que o estresse osmótico e o ABA atuam de forma sinérgica e induzem a expressão do gene *Em* do milho. Ishitani e outros (1997) *Plant Cell* 9: 1935-1949) isolaram um grupo de mutações em genes isolados de *Arabidopsis* que conferem maiores respostas tanto ao estresse osmótico quanto ao ABA. A natureza da recuperação destes mutantes do tratamento com estresse osmótico e com o ABA indicou que, embora haja vias de sinalização separadas para o estresse osmótico e para o ABA, as vias compartilham um número de componentes; estes componentes comuns podem mediar interações sinérgicas entre o estresse osmótico e o ABA.

Assim, ao contrário da crença mantida anteriormente de que as vias de sinalização de estresse dependentes do ABA e independentes do ABA atuam de uma maneira paralela, os presentes dados revelam que estas vias interagem e convergem para ativar a expressão gênica ao estresse.

[0318] Devido ao fato de que os açúcares são moléculas sinalizadoras importantes, a capacidade de controlar a concentração de um açúcar sinalizador ou de como a planta percebe e responde a um açúcar poderia ser utilizada para controlar o desenvolvimento, a fisiologia ou o metabolismo da planta. Por exemplo, foi mostrado que o fluxo de sacarose (um açúcar dissacarídeo utilizado para o transporte sistêmico de carbono e para a energia na maior parte das plantas) afeta a expressão gênica e altera o acúmulo de compostos de armazenamento nas sementes. A manipulação da via de sinalização da sacarose nas sementes pode, portanto, fazer com que as sementes tenham mais proteína, óleo ou carboidrato, dependendo do tipo de manipulação. Similarmente, nos tubérculos, a sacarose é convertida em amido que é utilizado como um armazenamento de energia. Acredita-se que as vias de sinalização de açúcares podem determinar parcialmente os níveis de amido sintetizado nos tubérculos. A manipulação da sinalização de açúcares nos tubérculos poderia levar a tubérculos com maior conteúdo de amido.

[0319] Assim, os genes de fatores de transcrição divulgados aqui que manipulam a via de transdução de sinal dos açúcares pode levar à expressão gênica alterada para produzir plantas com características desejáveis. Em particular, a manipulação das vias de transdução dos

açúcares poderia ser utilizada para alterar as relações fonte-escoadouro nas sementes, nos tubérculos e outros órgãos de armazenamento levando a um aumento no rendimento.

[0320] Regulador do crescimento: equilíbrio de carbono e de nitrogênio. Um número de linhagens que superexpressam os fatores de transcrição, incluindo G153, G200, G581, G707, G916, G1013, G1150, G1274, G1483, G1535, G1816, G1988, G2239, G2604, G2830, G2913 e G2981, pode ser utilizado para produzir plantas com sensibilidade alterada ao C/N. Estas plantas podem ser utilizadas, por exemplo, para produzir menos antocianina em altos níveis de sacarose mais glutamina, indicando que estes genes podem ser utilizados para modificar a condição de carbono e de nitrogênio e consequentemente assimilar a divisão de compartimentos (assimilar com divisão de compartimentos se refere à maneira em que um elemento essencial, tal como, o nitrogênio é distribuído entre conjuntos diferentes dentro de uma planta, geralmente em uma forma reduzida, com a finalidade de transportar para vários tecidos).

[0321] Tempo de florescência: florescência precoce e tardia. Os genes de fatores de transcrição divulgados aqui que aceleram a florescência, que incluem G129, G131, G135, G136, G137, G138, G140, G142, G145, G146, G148, G153, G155, G172, G200, G246, G416, G485, G549, G600, G627,G1011, G1037, G1142, G1538, G1797, G1798, G1823, G1825, G1988, G2071, G2129, G2142, G2184, G2311, G2372, G2443, G2515, G2628, G2633, G2639, G2650, G2754, G2777, G2779, G2802, G2805, G2832, G2967, G2992, G3002, G3032, G3044, G3060, G3061 e G3086, poderiam ter aplicações valiosas em tais programas, uma vez que permitem tempos de geração muito

mais rápidos. Em um número de espécies, por exemplo, brócolis, couve-flor, em que as partes reprodutivas das plantas constituem a planta de cultivo e os tecidos vegetativos são descartados, seria vantajoso acelerar o tempo até a florescência. A aceleração da florescência poderia encurtar os programas de plantas de cultivo e de cruzamentos arbóreos. Adicionalmente, em alguns casos, um tempo de geração mais rápido permitiria que colheitas adicionais de uma planta de cultivo fossem feitas dentro de uma certa estação de cultivo. Já foi mostrado que um número de genes de *Arabidopsis* acelera a florescência quando constitutivamente expressos. Estes incluem LEAFY, APETALA1 e CONSTANS (Mandel e outros (1995) *Nature* 377: 522-524; Weigel e Nilsson (1995) *Nature* 377: 495-500; Simon e outros (1996) *Nature* 384: 59-62).

[0322] Através da regulação da expressão da florescência potencial utilizando promotores que podem ser induzidos, a florescência poderia ser ativada através da aplicação de um indutor químico. Isto permitiria que a florescência fosse sincronizada ao longo de uma planta de cultivo e facilitaria uma colheita mais eficiente. Tais sistemas que podem ser induzidos poderiam também ser utilizados para ajustar a florescência de variedades de plantas de cultivo em latitudes diferentes. No momento, espécies tais como a soja e o algodão estão disponíveis como uma série de grupos de maturidade que são adequados para latitudes diferentes com base em seu tempo de florescência (que é controlado pelo período de tempo do dia). Um sistema em que a florescência poderia ser controlada quimicamente permitiria que um único grupo de

maturidade de rendimento do norte fosse cultivado em qualquer latitude. Nas regiões do sul, tais plantas poderiam ser cultivadas durante períodos mais longos antes que a florescência fosse induzida, aumentando assim os rendimentos. Nas áreas mais ao norte, a indução poderia ser utilizada para garantir que a planta de cultivo floresceria antes dos primeiros congelamentos do inverno.

[0323] Em um número considerável de espécies, por exemplo, plantas de cultivo radiculares, em que as partes vegetativas das plantas constituem a planta de cultivo e os tecidos reprodutivos são descartados, é vantajoso identificar e incorporar genes de fatores de transcrição que retardam ou previnem a florescência com a finalidade de prevenir que os recursos sejam desviados para o desenvolvimento reprodutivo. Por exemplo, foi mostrado que G2, G15, G47, G173, G309, G319, G324, G372, G380, G434, G485, G571, G581, G624, G707, G738, G744, G752, G839, G852, G905, G1113, G1136, G1142, G1150, G1276, G1357, G1361, G1446, G1451, G1452, G1468, G1474, G1493, G1549, G1554, G1863, G1945, G1983, G1998, G1999, G2106, G2146, G2207, G2251, G2269, G2319, G2334, G2432, G2559, G2604, G2694, G2723, G2741, G2743, G2763, G2771, G2802, G2838, G2846, G2964, G2979, G2993, G2998, G3003, G3021, G3060 e G3111 retardam o tempo de florescência nas plantas. A extensão do desenvolvimento vegetativo com os genes de fatores de transcrição divulgados aqui poderia assim causar grandes aumentos nos rendimentos. A prevenção da florescência pode auxiliar a maximizar os rendimentos vegetativos e prevenir o escape de pólen de organismos modificados geneticamente (GMO).

[0324] Os fatores de transcrição divulgados aqui que estendem o tempo de florescência possuem utilidade na engenharia de plantas com flores que duram mais para a indústria da horticultura e para estender o tempo em que a planta fica fértil.

Estrutura floral e inflorescência alteradas: rosetas aéreas, arquitetura, ramificação, internodos curtos, flores terminais e alteração de fase.

[0325] Os fatores de transcrição transgênicos divulgados aqui, tais como G15, G129, G131, G133, G134, G135, G140, G446, G549, G550, G651, G730, G846, G1011, G1013, G1100, G1128, G1274, G1420, G1539, G1549, G1591, G1796, G1797, G1798, G1825, G1995, G2226, G2372, G2455, G2457, G2515, G2575, G2579, G2616, G2617, G2639, G2640, G2649, G2694, G2743, G2768, G2826, G2838, G2839, G2859, G2884, G2979, G2983 e G3094 foram utilizados para criar plantas com flores maiores ou arranjos de flores que são distintos dos cultivares do tipo selvagem ou não-transformados. Isto provavelmente teria o maior valor para a indústria da horticultura ornamental, em que flores maiores ou configurações florais interessantes são geralmente preferidas e comandam os preços mais altos.

[0326] A estrutura floral pode ter efeitos vantajosos ou deletérios sobre a fertilidade e poderia ser utilizada, por exemplo, para diminuir a fertilidade através da ausência, da redução ou da seleção de componentes reprodutivos. Na verdade, foi mostrado que as plantas que superexpressam um número considerável dos genes de fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo G15, G549, G651, G846, G1100, G1798, G2372, G2579, G2616, G2639, G2640,

G2649, G2768 e G2884, possuem uma fertilidade reduzida comparada com a das plantas de controle. Estas poderiam ser características desejáveis, uma vez que a baixa fertilidade poderia ser explorada para prevenir ou minimizar o escape do pólen de organismos geneticamente modificados (GMOs) para o ambiente.

[0327] As alterações na arquitetura dos brotos observadas nas linhagens em que a expressão de G47, G446, G2571, G2146, G2571, G2694, G2784 ou G2859, por exemplo, foi modificada indica que estes genes podem ser utilizados para manipular os padrões de ramificação da inflorescência. Isto poderia influenciar o rendimento e oferecer o potencial para técnicas de colheita mais eficientes. Por exemplo, uma mutação de "autopoda" do tomate resulta em um padrão de crescimento determinado e facilita a colheita mecânica (Pnueli e outros (2001) *Plant Cell* 13(12): 2687-702).

[0328] Embora a fertilidade de plantas que superexpressam algumas das linhagens em que os níveis de expressão dos presentes fatores de transcrição (por exemplo, G2579) eram muito fracos, as síliquas destas plantas pareciam crescer muito mais extensamente em muitos exemplos, indicação de que estes genes pode ser produtores de efeitos partenocárpicos (desenvolvimento do fruto na ausência de um conjunto de sementes) e podem ter utilidade na produção de frutos sem sementes.

[0329] Uma aplicação interessante para a manipulação da estrutura floral, por exemplo, através de fatores de transcrição introduzidos poderia ser na maior produção de flores ou partes florais comestíveis, incluindo

o açafrão, que é derivado dos estigmas *Crocus sativus*.

[0330] Um número dos fatores de transcrição divulgados aqui pode afetar a sincronia de alterações de fases nas plantas (por exemplo, G370, G1985, G1995, G2826 e G2838). Uma vez que a sincronia ou as alterações de fases geralmente afetam o tamanho eventual de uma planta, estes genes podem provar ser benéficos através do fornecimento de meios para aumentar o rendimento e a biomassa.

Desenvolvimento e morfologia gerais: meristema dos brotos e padrões de ramificação.

[0331] Os genes de fatores de transcrição divulgados aqui, quando introduzidos nas plantas, podem ser utilizados para modificar os padrões de ramificação (por exemplo, através do nocaute de G438 e da superexpressão de G916, G1585, G1957, G2636, G2650 e G2885), por exemplo, causando bifurcações de caules nos brotos em desenvolvimento em que os meristemas dos brotos se dividem para formar dois ou três brotos separados. Estes fatores de transcrição e seus equivalentes funcionais podem ser utilizados assim para manipular a ramificação. Isto forneceria uma aparência exclusiva, que pode ser desejável nas aplicações ornamentais e pode ser utilizada para modificar a ramificação lateral para uso na indústria florestal. Uma redução na formação de ramificações laterais poderia reduzir a formação de nós. De forma inversa, o aumento do número de ramificações laterais poderia fornecer utilidade quando uma planta for utilizada como um visor ou proteção contra o vento. Os fatores de transcrição que fazem com que os brotos primários fiquem "torcidos" em cada nó de co-florescência (por exemplo, G47) podem ser

utilizados para manipular a estrutura da planta e fornecer uma aparência ornamental exclusiva.

Desenvolvimento e morfologia gerais: dominância apical:

[0332] A expressão modificada dos fatores de transcrição divulgados aqui (por exemplo, G47 e seus equivalentes) que reduz a dominância apical poderia ser utilizada na horticultura ornamental, por exemplo, para modificar a arquitetura da planta, por exemplo, para produzir uma estatura menor de maior aparência de arbusto que a do tipo selvagem. A última forma possui utilidade ornamental assim como fornece maior resistência a confinamento.

Desenvolvimento e morfologia: tricomas.

[0333] Vários dos genes de fatores de transcrição divulgados aqui foram utilizados para modificar o número, a densidade de tricomas, a morte celular dos tricomas ou a quantidade de produtos de tricomas obtida pelas plantas. Estes incluem G370, G1452, G1539, G1816, G1995, G2085, G2718, G2826, G2838 e G2983. Na maioria dos casos em que é impossível engenheirar as vias metabólicas, o aumento na densidade ou no tamanho dos tricomas nas folhas pode ser a única maneira de aumentar a produtividade da planta. Assim, aumentando a densidade, o tamanho ou o tipo de tricomas, os genes que afetam os tricomas e seus homólogos teriam utilidades importantes nas práticas de plantio molecular e de aumento no rendimento de fibras do algodão.

[0334] Se os efeitos sobre a padronização dos tricomas refletirem uma alteração geral nos processos heterocrônicos, os fatores de transcrição que afetam os

tricomas ou seus homólogos podem ser utilizados para modificar a forma em que os meristemas e/ou as células se desenvolvem durante fases diferentes do ciclo de vida da planta. Em particular, a alteração da sincronia das alterações de fases poderia produzir efeitos positivos sobre o rendimento e a produção de biomassa.

Desenvolvimento e morfologia gerais: morfologia dos caules e estrutura alterada dos tecidos vasculares.

[0335] As plantas em que a expressão do gene do fator de transcrição que modifica a morfologia do caule ou o teor de lignina é modificada podem ser utilizadas para afetar a arquitetura global da planta e a distribuição de células de fibras lignificadas dentro do caule.

[0336] A modulação do teor de lignina poderia permitir que a qualidade da madeira utilizada para móveis ou construção fosse maior. A lignina é rica em energia; o aumento da composição da lignina poderia, portanto, ser valioso no aumento do conteúdo de energia da madeira utilizada para combustível. De forma inversa, as indústrias de pasta e de papel buscam madeira com um teor reduzido de lignina. Atualmente, a lignina tem que ser removida em um processo oneroso que envolve o uso de muitos reagentes químicos poluentes. Consequentemente, a lignina é uma barreira grave para a produção eficiente de pasta e de papel (Tzfira e outros (1998) *TIBTECH* 16: 439-446; Robinson (1999) *Nature Biotechnology* 17: 27-30). Em adição às aplicações da biotecnologia para as florestas, a alteração do teor de lignina através da expressão ou da repressão seletiva de fatores de transcrição nos frutos e nos vegetais poderia melhorar a sua propriedade de sabor.

[0337] Os fatores de transcrição que modificam a estrutura do caule, incluindo G47 e seus equivalentes, podem ser utilizados para atingir a redução do desenvolvimento de brotos de ordem superior, resultanto na modificação significativa da arquitetura da planta. A superexpressão dos genes que codificam estes fatores de transcrição em plantas para madeireiras poderia resultar em árvores que não possuem ramos laterais e possuem menos nós na madeira. A alteração dos padrões de ramificação poderia ainda ter aplicações entre as plantas de cultivo ornamentais e agrícolas. Por exemplo, poderia haver aplicações em qualquer espécie em que os brotos secundários tivessem atualmente que ser removidos manualmente ou em que alterações no padrão de ramificação pudessem aumentar o rendimento ou facilitar uma colheita mais eficiente.

Desenvolvimento e morfologia gerais: desenvolvimento alterado das raízes.

[0338] Através da modificação da estrutura ou do desenvolvimento de raízes através da modificação dos níveis de expressão de um ou mais genes de fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo G651, G730, G1816, G2655, G2718, G2747, G2983, G2992, G2993 e seus equivalentes, podem ser produzidas plantas que possuem a capacidade de se desenvolver em solos de outra maneira improdutivos. Por exemplo, as raízes da uva que se estendem adicionalmente em solos rochosos forneceriam maior ancoragem, maior cobertura com maior ramificação ou poderiam permanecer viáveis em solos alagados, aumentando assim a faixa de plantio eficiente da planta de cultivo e/ou aumentando o rendimento e a sobrevivência. Pode ser vantajoso manipular uma planta

para produzir raízes curtas, como quando um solo em que a planta será cultivada é ocasionalmente inundado ou quando fungos patogênicos ou nematódeos causadores de doenças são prevalecentes.

[0339] Em adição, os fatores de transcrição divulgados aqui incluindo G1816, G2718, G2983 e seus equivalentes, podem ser utilizados para aumentar a densidade de pêlos radiculares e assim aumentar a tolerância a estresses abióticos, melhorando dessa forma o rendimento e a qualidade.

Desenvolvimento e morfologia: cotilédone, hipocotilédone.

[0340] Os fenótipos morfológicos exibidos por plantas que superexpressam vários dos genes de fatores de transcrição na Tabela 6 indicam que estes genes, incluindo aqueles que produzem cotilédones (por exemplo, G916, G1420, G1893, G2432, G2636, G2859 e G3059) e hipocotilédones (G807, G916, G1510, G1988, G2771, G2859, G2884, G2993) alterados, podem ser utilizados para manipular respostas à luz tal como, o impedimento à sombra. Como estes genes também alteram a arquitetura da planta, podem encontrar uso na indústria da horticultura ornamental.

Desenvolvimento e morfologia: taxa de desenvolvimento, de amadurecimento e de germinação das sementes.

[0341] Foi mostrado que um número de genes de fatores de transcrição divulgados aqui (por exemplo, G961) modifica a taxa de desenvolvimento e de germinação das sementes, incluindo quando as sementes estão em condições normalmente desfavoráveis para a germinação (por exemplo, estresse ao frio, ao calor ou ao sal ou na presença do ABA)

e pode, junto com os equivalentes funcionais, ser assim utilizados para modificar e melhorar as taxas de germinação sob condições adversas.

Taxa de crescimento e desenvolvimento: crescimento rápido.

[0342] Um número de genes de fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo G807, G1476 e G2617, poderia ser utilizado para acelerar o crescimento das plantas jovens partindo de semente e dessa forma permitir que uma planta de cultivo se torne estabelecida mais rapidamente. Isto minimizaria a exposição às condições de estresse nos estágios iniciais de crescimento quando as plantas são mais sensíveis. Adicionalmente, isto pode permitir que uma planta de cultivo cresça mais rápido que as espécies daninhas competidoras.

[0343] Foi também mostrado que um número destes fatores de transcrição aumenta a taxa de crescimento de plantas maduras até uma extensão significativa, incluindo o crescimento e o desenvolvimento mais rápidos de órgãos reprodutivos. Isto fornece utilidade para regiões com estações curtas de cultivo. A aceleração do crescimento da planta também melhoraria o rendimento inicial ou aumentaria a biomassa em um estágio mais precoce, quando tal é desejável (por exemplo, na produção de plantas de cultivo vegetais ou produtos para florestas).

Desenvolvimento e morfologia gerais: taxa lenta de crescimento.

[0344] Foi mostrado que um número de genes de fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo G652, G1013, G1100, G1468, G1535, G1549, G1779, G1938, G2765,

G2784, G2826, G2834, G2851, G3091 e G3095, possui efeitos significativos sobre o retardo da taxa de crescimento e do desenvolvinto da planta. Estas observações incluíram, por exemplo, o crescimento e o desenvolvimento retardados de órgãos reprodutivos. As plantas de crescimento lento podem ser altamente desejáveis para os horticultores ornamentais, para o fornecimento de plantas domésticas que exibem pouca alteração em sua aparência ao longo do tempo ou plantas externas para as quais o crescimeno do tipo selvagem ou rápido é indesejável (por exemplo, palmeiras ornamentais). O crescimento lento pode fornecer ainda um período de frutificação prolongado, estendendo assim a estação de colheita, particularmente em regiões com estações de cultivo longas. O crescimento lento poderia também fornecer um período prolongado em que o pólen fica disponível para uma melhor autofertilização ou fertilização cruzada ou fertilização cruzada de cultivares que normalmente florescem ao longo de períodos de tempo não-sobrepostos. O último aspecto pode ser particularmente útil para plantas que compreendem dois ou mais cultivares distintos enxertados (por exemplo, árvores frutíferas) com períodos de florescência normalmente não-sobrepostos.

Desenvolvimento e morfologia gerais: senescência.

[0345] Os genes de fatores de transcrição divulgados aqui podem ser utilizados para alterar as respostas de senescência nas plantas. Embora se acredite que a senescência folhar seja uma adaptação evolutiva para reciclar nutrientes, a capacidade de controlar a senescência em uma unidade agrícola possui valor significativo. Por exemplo, um retardo na senescência

folhar em alguns híbridos do milho está associado com um aumento significativo nos rendimentos e um retardo de alguns dias na senescência de plantas de soja pode ter um grande impacto sobre o rendimento. Em uma unidade experimental, plantas de tabaco engenheiradas para inibir a senescência folhar tinham um tempo de vida fotossintética maior e produziam um aumento de 50% no peso seco e no rendimento de sementes (Gan and Amasino (1995) *Science* 270: 1986-1988). A senescência floral retardada causada pelo nocaute de G652 ou pela superexpressão de G571, G2536, por exemplo, pode gerar plantas que mantêm suas florações mais tempo e isso pode ter interesse potencial para a indústria de horticultura ornamental e a senescência folhar e de fruto retardada poderia aumentar o tempo de prateleira pós-colheita do produto.

[0346] A senescência prematura causada, por exemplo, por G652, G1033, G1128, G1772, G2467, G2574, G2783, G2907, G3059, G3111 e seus equivalentes pode ser utilizada para aumentar a resposta de uma planta a doenças e ao amadurecimento acelerado dos frutos.

Taxa de crescimento e desenvolvimento: letalidade e necrose.

[0347] A superexpressão de fatores de transcrição, por exemplo, G12, G366, G1384, G1556, G1840, G1832, G1840, G1850, G1957, G1990, G2213, G2298, G2505, G2570, G2587, G2869, G2887 e de seus equivalentes que possuem uma função na regulação da morte celular pode ser utilizada para induzir a letalidade em tecidos específicos ou a necrose em resposta ao ataque de agentes patogênicos. Por exemplo, se um gene do fator de transcrição que induz a letalidade ou a

necrose estivesse especificamente ativo nos gametas (por exemplo, G846), nos embriões (por exemplo, nocautes de G374) ou nos órgãos reprodutivos, sua expressão nestes tecidos levaria ao desgaste e subsequente esterilidade dos machos e das fêmeas. Alternativamente, sob a expressão regulada por agentes patogênicos, um fator de transcrição indutor da necrose pode restringir o espalhamento de uma infecção por agente patogênico ao longo de uma planta.

Tamanho da planta: plantas grandes e maior biomassa.

[0348] Foi mostrado que as plantas que superexpressam G46, G268, G287, G314, G319, G324, G438, G624, G852, G1113, G1150, G1451, G1468, G2334, G2536, G2650, G2741 e G2979, por exemplo, são maiores que as de controle. Para algumas plantas ornamentais, a capacidade de fornecer variedades maiores com estes genes ou seus equivalentes pode ser altamente desejável. De forma mais significativa, as espécies de plantas de cultivo que superexpressam estes genes provenientes de espécies diferentes também produziriam rendimentos maiores em cultivares maiores, particularmente aqueles em que a parte vegetativa da planta é comestível.

[0349] A superexpressão destes genes pode conferir maior tolerância aos estresses assim como maior biomassa e a maior biomassa parece estar relacionada com o mecanismo particular de tolerância aos estresses exibido por estes genes. A decisão para que um órgão lateral continue a crescer e a expansão versus a entrada nas fases de desenvolvimento tardias (inibição do crescimento e senescência) são controladas geneticamente e hormonalmente, incluindo a regulação em uma barreira do tamanho do órgão

(por exemplo, Mizukami (1001) *Curr Opinion Plant Biol* 4: 533-39; Mizukami e Fisher (2000) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 97: 942-47; Hu e outros *Plant Cell* 15: 1591). O tamanho do órgão é controlado pela competência meristemática de células do órgão, com a maior competência meristemática levando a um maior tamanho de órgãos (tanto folhas quanto caules). Os hormônios vegetais podem ter impacto sobre o tamanho dos órgãos, com a superexpressão da via do etileno levando ao tamanho reduzido dos órgãos. Há ainda sugestões de que a auxina desempenha uma função determinante no tamanho dos órgãos. As respostas ao estresse podem ter impacto sobre os níveis de hormônios nos tecidos vegetais, incluindo os níveis de ABA e de etileno. Assim, a superexpressão de G1073 parece alterar as aplicações ambientais (por exemplo, estresse) para a barreira do tamanho dos órgãos, aumentando assim o tamanho dos órgãos.

Tamanho da planta: plantas jovens grandes partindo de semente.

[0350] Os genes de fatores de transcrição divulgados aqui, que produzem plantas jovens grandes partindo de semente podem ser utilizados para produzir plantas de cultivo que se estabelecem mais rapidamente. As plantas jovens grandes partindo de semente são geralmente mais firmes, menos vulneráveis ao estresse e mais capazes de competir com as espécies daninhas. As plantas jovens partindo de semente em que a expressão de algum dos fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo G1313, G2679, G2694 e G2838, por exemplo, foi modificada, mostraram possuir cotilédones maiores e/ou eram mais avançadas em relação ao desenvolvimento que as plantas de controle. É

provável que o rápido desenvolvimento das plantas jovens partindo de semente tornado possível através da manipulação destes genes ou de seus equivalentes reduza a perda causada por doenças particularmente prevalecentes no estágio de planta jovem partindo de semente (por exemplo, o apodrecimento) e é assim importante para a capacidade de sobrevivência das plantas que germinam no campo ou em ambientes controlados.

Tamanho da planta: plantas anãs.

[0351] Os genes de fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo G131, G136, G253, G309, G370, G386, G549, G550, G600, G651, G652, G707, G738, G811, G1011, G1100, G1247, G1289, G1340, G1423, G1474, G1483, G1549, G1554, G1593, G1753, G1772, G1779, G1798, G1938, G1983, G1993, G2085, G2226, G2227, G2251, G2372, G2375, G2453, G2456, G2459, G2492, G2515, G2550, G2565, G2574, G2575, G2579, G2616, G2628, G2640, G2649, G2682, G2702, G2757, G2783, G2839, G2846, G2847, G2850, G2884, G2934, G2958, G2979, G2992, G3017, G3059, G3091 e G3111 e seus equivalentes podem ser utilizados para diminuir a estatura da planta e podem produzir plantas que são mais resistentes a danos causados pelo vento e pela chuva, possuem maior resistência ao confinamento ou mais resistentes ao calor ou a baixa umidade ou ao déficit hídrico. As plantas anãs possuem ainda interesse significativo para a indústria de horticultura ornamental e particularmente para aplicações de jardins residenciais para as quais a disponibilidade de espaço pode ser limitada.

Taxa de crescimento e desenvolvimento: Proliferação e diferenciação celular.

[0352] Os fatores de transcrição podem ser utilizados para regular a proliferação e/ou a diferenciação celular em plantas. O controle destes processos poderia ter aplicações valiosas em sistemas de transformação de plantas, de cultura de células ou de micropropagação, assim como no controle da proliferação de tecidos ou tipos celulares particulares úteis. Os fatores de transcrição que induzem a proliferação de células não-diferenciadas, tais como G1539, G1585, G1591, G2885 e G2983, podem ser ligados de forma operacional a um promotor que pode ser induzido para promover a formação de calos que podem ser utilizados para a transformação ou para a produção de culturas de células em suspensão. Os fatores de transcrição que promovem a diferenciação de brotos partindo de calos são atualmente problemáticos. Em adição, os fatores de transcrição que regulam a diferenciação de tecidos específicos poderiam ser utilizados para aumentar a proporção destes tecidos em uma planta. Os fatores de transcrição podem promover a diferenciação do tecido do carpelo e estes genes poderiam ser aplicados em espécies comerciais para induzir a formação de maiores números de carpelos ou frutos. Poderia haver uma aplicação particular no açafrão, um dos temperos mais onerosos do mundo. Os filamentos de açafrão ou fios, são na realidade estigmas secos da flor do açafrão, *Crocus sativus Linneaus*. Cada flor contém somente três estigmas e mais de 75.000 destas flores são necessários para produzir apenas 453 gramas (uma libra) de filamentos de açafrão. Um aumento no número de carpelos aumentaria a quantidade de tecido estigmático e aumentaria o rendimento.

Taxa de crescimento e desenvolvimento: expansão celular.

[0353] O crescimento da planta resulta de uma combinação de divisão celular e expansão celular. Os fatores de transcrição podem ser úteis na regulação da expansão celular. A regulação alterada da expansão celular (por exemplo, pelo G521) poderia afetar o comprimento do caule, uma característica agronômica importante. Por exemplo, os cultivares curtos de trigo contribuíram para a Revolução Verde, porque as plantas que colocam menos recursos no alongamento do caule distribuem mais recursos no desenvolvimento de sementes e produzem maior rendimento. Estas plantas são também menos vulneráveis aos danos causados pelo vento e pela chuva. Foi descoberto que estes cultivares têm alterações em sua sensibilidade às giberelinas, hormônios que regulam o alongamento do caule através do controle tanto da expansão celular quanto da divisão celular. A expansão celular alterada nas folhas poderia também produzir formas novas e ornamentais de plantas.

Morfologia folhar: folhas escuras.

[0354] Os componentes que afetam a coloração nas folhas incluem as clorofilas (geralmente verdes), as antocianinas (geralmente de vermelho até azul) e os carotenóides (geralmente de amarelo até vermelho). Os genes de fatores de transcrição que aumentam estes pigmentos nas folhas, incluindo G30, G253, G309, G707, G811, G957, G1100, G1128, G1327, G1341, G1357, G1389, G1420, g1423, G1452, G1482, G1510, G1535, G1549, G1554, G1593, G1743, G1792, G1796, G1846, G1863, G1932, G1938, G1983, G2085, G2146,

G2207, G2226, G2251, G2334, G2371, G2372, G2453, G2456, G2457, G2459, G2550, G2640, G2649, G2661, G2690, G2694, G2771, G2763, G2784, G2837, G2838, G2846, G2847, G2850, G2851, G2958, G2993, G3021, G3059, G3091, G3095 e G3111, podem afetar positivamente o valor de uma planta para a indústria de horticultura ornamental. As variedades diversificadas, em particular, exibiriam maior contraste. Outros usos que resultam da superexpressão de genes de fatores de transcrição incluem melhorias no valor nutricional de matérias alimentícias. Por exemplo, a luteína é um agente nutracêutico importante; as dietas ricas em luteína mostraram auxiliar na prevenção da degeneração macular relacionada com a idade (ARMD), a causa principal da cegueira em pessoas idosas. Foi mostrado em estudos clínicos que o consumo de vegetais com folhas verde escuras reduz o risco da ARMD.

[0355] Níveis maiores de clorofila e de carotenóides poderiam ainda aumentar o rendimento nas plantas de cultivo. A luteína, como outras xantofilas tais como a zeaxantina e a violaxantina, é um componente essencial na proteção da planta contra os efeitos danificadores da luz excessiva. Especificamente, a luteína contribui, diretamente ou indiretamente, para o aumento rápido do decaimento não-fotoquímico em plantas expostas à luz forte. As plantas de cultivo engenheiradas para conter altos níveis de luteína poderiam, portanto, ter maior fotoproteção, levando a menos danos oxidativos e melhor crescimento sob luz forte (por exemplo, durante dias longos de verão ou em altitudes maiores ou latitudes menores que aquelas em que uma planta não-transformada se

desenvolveria). Adicionalmente, os níveis elevados de clorofila aumentam a capacidade fotossintética.

[0356] Morfologia folhar: alterações na forma da folha. Os fatores de transcrição divulgados aqui produzem efeitos notáveis e distintos sobre o desenvolvimento e a forma das folhas e incluem G30 e muitos outros (ver a Tabela 6, "Alteração na forma das folhas"). Em estágios iniciais de crescimento, as plantas jovens partindo de semente transgênicas desenvolveram folhas estreitas apontando para cima com pecíolos longos, indicando possivelmente uma interrupção nos processos controlados pelo relógio circadiano ou nos movimentos nictinásticos. Outros genes de fatores de transcrição podem ser utilizados para alterar a forma das folhas de uma maneira significativa da do tipo selvagem, alguns dos quais encontram uso em aplicações ornamentais.

[0357] Morfologia folhar: tamanho alterado da folha. Folhas grandes, tais como as produzidas nas plantas que superexpressam G268, G324, G438, G852, G1113, G1274, G1451, G2536, G2699, G2768 e G3008, geralmente aumentam a biomassa da planta. Isto fornece vantagens para as plantas de cultivo em que a parte vegetativa da planta é a parte que pode ser comercializada.

[0358] Morfologia folhar: folhas verde claras e cinzentas. Os genes de fatores de transcrição tais como G351, G600, G651, G1468, G1718, G2565, G2604, G2779, G2859, G3044 e G3070 que fonecem uma aparência alterada podem afetar positivamente o valor de uma planta para a indústria de horticultura ornamental.

[0359] Morfologia folhar: folhas brilhosas. Os

genes de fatores de transcrição tais como G30, G370 (quando nocauteados), G975, G1792, G2640, G2649 e seus equivalentes que induzem a formação de folhas brilhosas, geralmente o fazem através do aumento do nível de cera epidérmica. Assim, os genes poderiam ser utilizados para engenheirar alterações na composição e na quantidade de componentes da superfície folhar, incluindo as ceras. A capacidade de manipular a composição, a quantidade ou a distribuição da cera poderia modificar a tolerância das plantas à seca a à baixa umidade ou a resistência a insetos ou agentes patogênicos. Adicionalmente, a cera pode ser uma comodidade valiosa em algumas espécies e a alteração de seu acúmulo e/ou composição poderia aumentar o rendimento.

[0360] Morfologia das sementes: coloração alterada das sementes. Os genes de fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo G581, G961, G2085 e G2371, foram utilizados para modificar a coloração das sementes, que, junto com os equivalentes destes genes, poderia fornecer um atrativo adicional para as sementes ou para os produtos das sementes.

[0361] Morfologia das sementes: tamanho e forma alterados da semente. A introdução de genes de fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo G151, G581, G2085, G2585 ou G2933, nas plantas que aumentam o tamanho de sementes pode ter um impacto significativo sobre o rendimento e a aparência, particularmente quando o produto for a própria semente (por exemplo, no caso de grãos, legumes, nozes etc.). O tamanho da semente, em adição à integridade, a espessura e a permeabilidade do revestimento da semente, ao teor de água na semente e a um número de

outros componentes incluindo antioxidantes e oligossacarídeos, também afeta a longevidade da semente no armazenamento, com as sementes maiores sendo frequentemente mais desejáveis para o armazenamento prolongado.

[0362] Os genes de fatores de transcrição que alteram a forma da semente, incluindo G652, G916, G961 e seus equivalentes podem ter tanto aplicações ornamentais quanto melhorar ou ampliar o atrativo de produtos de sementes.

[0363] Bioquímica das folhas e das sementes. A superexpressão de genes de fatores de transcrição, incluindo G975 e seus equivalentes, que resulta em maior cera na folha poderia ser utilizada para manipular a composição, a quantidade ou a distribuição da cera. Estes fatores de transcrição podem aumentar o rendimento nas plantas e nas plantas de cultivo das quais a cera é um produto valioso. Os genes podem também ser utilizados para modificar a tolerância da planta à seca e/ou à baixa umidade ou a resistência a insetos, assim como a aparência da planta (folhas brilhosas). O efeito da maior deposição de cera nas folhas de uma planta pode aumentar a eficiência de uso da água. A manipulação destes genes pode reduzir o revestimento de cera nas sementes do girassol; esta cera suja o sistema de extração de óleo durante o processamento da semente de girassol para óleo. Para a última finalidade ou qualquer outra em que a redução da cera é valiosa, seria valiosa a supressão anti-sentido ou a co-supressão dos genes de fatores de transcrição de uma maneira específica ao tecido.

[0364] Os prenil lipídeos desempenham uma função na

ancoragem de proteínas em membranas ou em organelas membranosas. Assim, a modificação do teor de prenil lipídeos das sementes e folhas poderia afetar a integridade e a função da membrana. Um grupo importante de prenil lipídeos, os tocoferóis, possuem tanto atividade antioxidante quanto de vitamina E. Foi mostrado que os genes de fatores de transcrição (por exemplo, um nocaute de G652) modificam o teor de prenil lipídeos das folhas nas plantas e estes genes e seus equivalentes pode ser assim utilizados para alterar o teor de prenil lipídeos das folhas.

[0365] A superexpressão dos fatores de transcrição resultou em plantas com um teor alterado de açúcares insolúveis na folha. Estes fatores de transcrição e seus equivalentes que alteram a composição da parede celular vegetal possuem várias aplicações potenciais incluindo a alteração da digestibilidade do alimento, da resistência à tensão da planta, da qualidade da madeira, da resistência a agentes patogênicos e na produção de pasta. Em particular, a hemicelulose não é desejável nas pastas para papel por causa de sua falta de resistência comparada com a celulose. Assim, a modulação das quantidades de celulose vs. hemicelulose na parede da célula vegetal é desejável para a indústria de papel/madeira para construção. O aumento do teor de carboidratos insolúveis em vários frutos, vegetais e outros produtos de consumo comestíveis resultará em um maior teor de fibras. O maior teor de fibras não somente forneceria benefícios para a saúde nos produtos alimentícios, mas poderia ainda aumentar a digestibilidade de plantios de forragem. Em adição, o teor de hemicelulose

e de pectina dos frutos e das bagas afeta a qualidade de geléia e de molho produzidos partindo dos mesmos. Alterações no teor de hemicelulose e de pectina poderiam resultar em um produto superior para o consumidor.

[0366] Foi mostrado que um número dos genes de fatores de transcrição divulgados aqui pode alterar a composição de ácidos graxos nas plantas (por exemplo, G975) e sementes e folhas em particular. Esta modificação sugere várias utilidades, incluindo o aumento do valor nutricional de sementes ou de plantas inteiras. Foi mostrado que as proporções de ácidos graxos dietéticos possuem um efeito, por exemplo, sobre a integridade e o remodelamento dos ossos (ver, por exemplo, Weiler (2000) *Pediatr. Res.* 47:5 692-697). A proporção dos ácidos graxos dietéticos pode alterar os grupos de precursores de ácidos graxos poliinsaturados de cadeia longa que servem como precursores para a síntes e de prostaglandinas. No tecido conjuntivo de mamíferos, as prostaglandinas servem como sinais que regulam o equilíbrio entre a reabsorção e a formação no osso e na cartilagem. Assim as proprorções alteradas de ácidos graxos dietéticos nas sementes podem afetar a etiologia e o resultado da perda óssea.

[0367] Os fatores de transcrição que reduzem os ácidos graxos das folhas, por exemplo, os ácidos graxos 16:3, podem ser utilizados para controlar o desenvolvimento da membrana tilacóide, incluindo o desenvolvimento do proplastídeo em cloroplasto. Os genes que codificam estes fatores de transcrição poderiam assim ser úteis para o controle da transição de plastídeos para cromoplastos nos frutos e nos vegetais. Pode ainda ser desejável alterar a

expressão destes genes para prevenir que o cotilédone fique verde em *Brassica napus* ou *B. campestris* para evitar um óleo verde causado pelo início do congelamento.

[0368] Os genes de fatores de transcrição que aumentam a produção de ácidos graxos nas folhas, incluindo G975 e seus equivalentes poderiam ser potencialmente utilizados para manipular a composição de sementes, que é muito importante para o valor nutricional e para a obtenção de vários produtos alimentícios. Um número de genes de fatores de transcrição está envolvido na mediação de um aspecto da resposta reguladora à temperatura. Estes genes podem ser utilizados para alterar a expressão das dessaturases que levam à produção de ácidos graxos 18:3 e 16:3, cujo equilíbrio afeta a fluidez da membrana e diminui os danos nas membranas celulares e nas estruturas fotossintéticas a temperaturas altas e baixas.

[0369] A linhagem nocauteada para G652 possuía um aumento que podia ser reproduzido no glicosinolato folhar M39480. É também mostrado um aumento que pode ser reproduzido no alfa-tocoferol das sementes. Um número de glicosinolatos mostrou possuir atividade anticâncer; assim, o aumento dos níveis ou da composição destes compostos através da modificação da expressão de fatores de transcrição (por exemplo, G652), pode ter um efeito benéfico sobre a dieta humana.

[0370] Os glicosinolatos são componentes indesejáveis das sementes oleosas utilizadas na alimentação animal uma vez que produzem efeItos tóxicos. As variedades com baixo teor de glicosinolatos da canola, por exemplo, foram desenvolvidas para combater este problema. Os

glicosinolatos fazem parte da defesa natural de uma planta contra os insetos. A modificação da composição ou da quantidade dos glicosinolatos através da introdução de fatores de transcrição que afetam estas características pode, portanto, fornecer maior proteção dos herbívoros. Além disso, em plantas de cultivo comestíveis, promotores específicos ao tecido podem ser utilizados para garantir que estes compostos se acumulam especificamente em tecidos, tal como, a epiderme, que não é utilizada para consumo.

[0371] Os genes de fatores de transcrição divulgados atualmente que modificam os níveis de fitoesteróis nas plantas podem ter pelo menos duas utilidades. Em primeiro lugar, os fitoesteróis são uma fonte importante de precursores para a produção de hormônios esteróides humanos. Assim, a regulação da expressão ou da atividade dos fatores de transcrição poderia levar a níveis elevados de precursores de esteróides humanos para a semi-síntese de esteróides. Por exemplo, os fatores de transcrição que causam níveis elevados de campesterol em folhas ou sitoesteróis e estigmaesteróis nas plantas de cultivo, seriam úteis para esta finalidade. Os fitoesteróis e seus derivados hidrogenados fitoestanóis também provaram ter propriedades que diminuem o colesterol e os genes de fatores de transcrição que modificam a expressão destes compostos em plantas poderiam assim fornecer vantagens para a saúde.

[0372] A composição das sementes, particularmente em relação às quantidades e/ou à composição de óleos da semente, é muito importante para o valor nutricional e calórico e para a obtenção de vários alimentos e produtos

alimentícios. A modificação da expressão dos genes de fatores de transcrição que alteram o teor de óleos das sementes pode ser utilizada para aumentar a estabilidade térmica dos óleos ou para aumentar a qualidade nutricional do óleo das sementes, por exemplo, através da redução do número de calorias na semente diminuindo o teor de óleos ou de ácidos graxos ou aumentando o número de calorias nos alimentos para animais através do aumento do teor de ácidos graxos ou de óleos da semente (por exemplo, através do nocaute de G961, G1451 ou G2830).

[0373] Assim como com os óleos das sementes, a composição das sementes, particularmente em relação às quantidades e/ou à composição das proteínas, é muito importante para o valor nutricional e para a obtenção de vários alimentos e produtos alimentícios. Os genes de fatores de transcrição podem ser utilizados para modificar as concentrações de proteínas nas sementes, que modificaria o teor calórico das sementes ou forneceria benefícios nutricionais e poderiam ser utilizadas para prolongar o armazenamento, aumentar a resistência das sementes a pragas ou doenças ou modificar as taxas de germinação.

[0374] Os prenil lipídeos desempenham uma função na ancoragem das proteínas em membranas ou organelas membranosas. Assim, os genes de fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo G652 e equivalentes, que modificam o teor de prenil lipídeos das sementes e das folhas (no caso do G652, quando este gene é nocauteado) poderiam afetar a integridade e a função das membranas. Foi mostrado que os genes de fatores de transcrição modificam a composição de tocoferóis das plantas. O α-tocoferol é mais

bem-conhecido como a vitamina E. Os tocoferóis tais como o α- e o γ-tocoferóis possuem ambos atividade antioxidante.

[0375] Resposta à luz/impedimento à sombra: desenvolvimento alterado de cotilédones, hipocotilédones, pecíolos, orientação alterada das folhas, fotomorfogênese constitutiva, fotomorfogênese em pouca luz. Os genes de fatores de transcrição divulgados aqui, incluindo G30; G246; G351, G353; G354; G478, G807, G916, G1013, G1082, G1510, G1988, G2432; G2650; G2694, G2754, G2771, G2859, G2884, G2993, G3032 e seus equivalentes que podem modificar a resposta de uma planta à luz podem ser úteis para a modificação do crescimento ou do desenvolvimento da planta, por exemplo, a fotomorfogênese em luz fraca ou o tempo acelerado de florescência em resposta a várias intensidades, qualidade ou duração da luz à qual uma planta não-transformada não responderia similarmente. Os exemplos de tais respostas que foram demonstrados incluem o número e o arranjo das folhas e surgimentos de brotos florais precoces. A eliminação das respostas ao sombreamento pode levar a densidades maiores de plantio com um aumento subsequente do rendimento. Como estes genes também podem alterar a arquitetura das plantas, podem ser úteis na indústria de horticultura ornamental

Pigmento: maior nível de antocianina em vários órgãos e tecidos vegetais.

[0376] G253, G386, G581, G707, G1482, G2453, G2456, G2459, G2604, G2718 e equivalentes podem ser utilizados para alterar os níveis de antocianina em um ou mais tecidos e dependendo do órgão em que estes genes são expressos podem ser utilizados para alterar a produção de antocianina

em várias espécies de plantas. A expressão dos genes de fatores de transcrição divulgados aqui que aumentam a produção de flavonóides nas plantas, incluindo as antocianinas e os taninos condensados, pode ser utilizada para alterar a produção de pigmentos com finalidades de horticultura e possivelmente aumentar a resistência aos estresses. Foi mostrado que um número de flavonóides possui atividade antimicrobiana e poderia ser utilizado para engenheirar resistência a agentes patogênicos. Vários compostos flavonóides possuem efeitos promotores da saúde tais como a inibição do crescimento de tumores, a prevenção da perda óssea e a prevenção da oxidação de lipídeos. Os níveis aumentados de taninos condensados, em legumes de forragem seriam uma característica agronômica importante porque previniriam intumescimento da pastagem através do colapso de espumas de proteínas dentro do rúmen. Para uma revisão sobre as utilidades dos flavonóides e de seus derivados, se referir a Dixon e outros (1999) *Trends Plant Sci.* 4: 394-400.

Supressão anti-sentido e Co-supressão

[0377] Em adição à expressão dos ácidos nucléicos da invenção como ácidos nucléicos para substituição gênica ou para modificação de fenótipos da planta, os ácidos nucléicos também são úteis para a supressão sentido e anti-sentido da expressão, por exemplo, para regular para menos a expressão de um ácido nucléico da invenção, por exemplo, como um mecanismo adicional para modular o fenótipo da planta. Ou seja, os ácidos nucléicos da invenção ou as subsequências ou sequências anti-sentido dos mesmos, podem ser utilizadas para bloquear a expressão de ácidos

nucléicos homólogos que ocorrem naturalmente. Uma variedade de tecnologias senso e anti-sentido é conhecida na técnica, por exemplo, como apresentado em Lichtenstein e Nellen (1997) Antisense Technology: A Practical Approach IRL Press at Oxford University Press, Oxford, Reino Unido. A regulação anti-sentido é também descrita em Crowley e outros (1985) *Cell* 43: 633-641; Rosenberg e outros (1985) *Nature* 313: 703-706; Preiss e outros (1985) *Nature* 313: 27-32; Melton (1985) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 82: 144-148; Izant e Weintraub (1985) *Science* 229: 345-352; e Kim e Wold (1985) *Cell* 42: 129-138. Métodos adicionais para a regulação anti-sentido são conhecidos na técnica. A regulação anti-sentido tem sido utilizada para reduzir ou inibir a expressão de genes vegetais, por exemplo, na Publicação de Patente Européia Nº 271988. O RNA anti-sentido pode ser utilizado para reduzir a expressão gênica para produzir uma alteração fenotípica visível ou bioquímica em uma planta (Smith e outros (1988) *Nature*, 334: 724-726; Smith e outros (1990) *Plant Mol. Biol.* 14: 369-379). Em geral, as sequências senso ou anti-sentido são introduzidas em uma célula, em que são opcionalmente amplificadas, por exemplo, através da transcrição. Tais sequências incluem tanto sequências de oligonucleotídeos simples quanto sequências catalíticas tais como as ribozimas.

[0378] Por exemplo, uma redução ou uma eliminação da expressão (isto é, um "nocaute") de um fator de transcrição ou de um polipeptídeo homólogo ao fator de transcrição em uma planta transgênica, por exemplo, para modificar uma característica da planta, pode ser obtida

através da introdução de uma constructo anti-sentido correspondente ao polipeptídeo de interesse na forma de um cDNA. Para a supressão anti-sentido, o fator de transcrição ou o cDNA homólogo é disposto na orientação inversa (em relação à sequência codificadora) em relação à sequência promotora no vetor de expressão. A sequência introduzida não precisa ser o cDNA ou o gene de comprimento completo e não precisa ser idêntica ao cDNA ou ao gene encontrado no tipo de planta que será transformado. Tipicamente, a sequência anti-sentido precisa apenas ser capaz de se hibridizar com o gene alvo ou com o RNA de interesse. Assim, quando a sequência introduzida tiver um tamanho menor, será necessário um grau maior de homologia com a sequência endógena do fator de transcrição para a supressão anti-sentido eficiente. Embora as sequências anti-sentido de vários comprimentos possam ser utilizadas, preferencialmente, a sequência anti-sentido introduzida no vetor terá pelo menos 30 nucleotídeos de comprimento e uma maior supressão anti-sentido será tipicamente observada à medida que o comprimento da sequência anti-sentido aumenta. Preferencialmente, o comprimento da sequência anti-sentido no vetor será maior que 100 nucleotídeos. A transcrição de uma constructo anti-sentido como descrito resulta na produção de moléculas de RNA que são o complemento inverso de moléculas de mRNA transcritas partindo do gene endógeno do fator de transcrição na célula vegetal.

[0379] A supressão da expressão gênica endógena do fator de transcrição também pode ser conseguida utilizando a interferência do RNA ou RNAi. A RNAi é uma técnica de sileciamento gênico direcionado pós-transcrição que utiliza

RNA de filamento duplo (dsRNA) para incitar a degradação do RNA mensageiro (mRNA) contendo a mesma sequência que o dsRNA (Constans, (2002) *The Scientist* 16:36). Os RNAs interferentes pequenos ou siRNAs são produzidos em pelo menos duas etapas: uma ribonuclease endógena cliva o dsRNA maior em RNAs mais curtos de 21-23 nucleotídeos de comprimento. Os segmentos de siRNA medeiam então a degradação do mRNA (padrão Zamore, (2001) *Nature Struct. Biol.*, 8:746-50). A RNAi tem sido utilizada para a determinação da função gênica de uma maneira similar à dos oligonucleotídeos anti-sentido (Constans, (2002) *The Scientist* 16:36). Os vetores de expressão que expressam continuamente os siRNAs transfectados transitoriamente e estavelmente foram engenheirados para expressar pequenos RNAs em grampo de cabelo (shRNAs) que são processados *in vivo* em moléculas similares aos siRNAs capazes de realizar o silenciamento específico ao gene (Brummelkamp e outros, (2002) *Science* 296:550-553 e Paddison e outros (2002) *Genes & Dev.* 16:948-958). O silenciamento gênico pós-transcricinoal através do RNA de filamento duplo é discutido em detalhes adicionais por Hammond e outros (2001) *Nature Rev Gen* 2: 110-119, Fire e outros (1998) *Nature* 391: 806-811 e Timmons e Fire (1998) *Nature* 395: 854. Os vetores em que o RNA codificado por um cDNA de fator de transcrição ou homólogo do fator de transcrição é superexpresso, podem ser também utilizados para a obtenção da co-supressão de um gene endógeno correspondente, por exemplo, da maneira descrita na Patente U.S. Nº 5.231.020 a Jorgensen. Tal co-supressão (também denominada de supressão senso) não requer que o cDNA do fator de transcrição

inteiro seja introduzido nas células vegetais, nem requer que a sequência introduzida seja exatamente idêntica ao gene endógeno do fator de transcrição de interesse. Entretanto, como com a supressão anti-sentido, a eficiência supressora será aumentada à medida que a especificidade de hibridização é aumentada, por exemplo, quando a sequência introduzida é alongada e/ou quando a similaridade de sequência entre a sequência introduzida e o gene endógeno do fator de transcrição é maior.

[0380] Os vetores que expressam uma forma que não pode ser traduzida do mRNA do fator de transcrição, por exemplo, sequências que compreendem um ou mais códons de término (ou mutação sem sentido) podem também ser utilizados para suprimir a expressão de um fator de transcrição endógeno, reduzindo ou eliminando assim a sua atividade e modificando uma ou mais características. Os métodos para a produção de tais constructos são descritos na Patente U.S. Nº 5.583.021. Preferencialmente, tais constructos são produzidos através da introdução de um códon de término prematuro no gene do fator de transcrição. Alternativamente, uma característica da planta pode ser modificada através do silenciamento gênico utilizando RNA de filamento duplo (Sharp (1999) *Genes and Development* 13: 139-141). Um outro método para inibir a expressão de um gene é através da mutagênese de inserção utilizando o T-DNA de *Agrobacterium tumefaciens*. Após gerar mutantes de inserção, os mutantes podem ser selecionados para identificar aqueles que contêm a inserção em um fator de transcrição ou em um gene homólogo do fator de transcrição. As plantas contendo um único evento de inserção de

transgene no gene desejado podem ser cruzadas para gerar plantas homozigotas para a mutação. Tais métodos são bem-conhecidos pelos versados na técnica (Ver, por exemplo, Koncz e outros (1992) Methods in *Arabidopsis* Research, World Scientific Publishing Co. Pte. Ltd., River Edge, NJ).

[0381] Alternativamente, o fenótipo de uma planta pode ser alterado através da eliminação de um gene endógeno, tal como, um fator de transcrição ou um homólogo de fator de transcrição, por exemplo, através da recombinação homóloga (Kempin e outros (1997) *Nature* 389: 802-803).

[0382] Uma característica da planta também pode ser modificada utilizando o sistema Cre-lox (por exemplo, como descrito na Patente U.S. Nº 5.658.772). Um genoma vegetal pode ser modificado para incluir os primeiro e segundo sítios lox que são então colocados em contato com uma recombinase Cre. Se os sítios lox estiverem na mesma orientação, a sequência de DNA intermediária entre os dois sítios é cortada. Se os sítios lox estiverem na orientação oposta, a sequência intermediária é invertida.

[0383] Os polinucleotídeos e os polipeptídeos desta invenção também podem ser expressos em uma planta na ausência de um cassete de expressão através da manipulação da atividade ou do nível de expressão do gene endógeno através de outros meios, tais como, por exemplo, através da expressão de forma ectópica de um gene através da marcação de atividade do T-DNA (Ichikawa e outros (1997) *Nature* 390 698-701; Kakimoto e outros (1996) *Science* 274: 982-985). Este método vincula a transformação de uma planta com um gene marcador contendo vários intensificadores da

transcrição e uma vez que a marcação foi inserida no genoma, a expressão de uma sequência codificadora do gene flanqueador fica desregulada. Em um outro exemplo, a maquinaria transcricional em uma planta pode ser modificada de forma que aumente os níveis de transcrição de um polinucleotídeo da invenção (*Ver*, por exemplo, as Publicações PCT WO 96/06166 e WO 98/53057 que descrevem a modificação da especificidade de ligação ao DNA de proteínas dedo de zinco através da alteração de aminoácidos particulares no motivo de ligação ao DNA).

[0384] A planta transgênica pode ainda incluir a maquinaria necessária para expressar ou alterar a atividade de um polipeptídeo codificado por um gene endógeno, por exemplo, através da alteração do estado de fosforilação para mantê-lo em um estado ativado.

[0385] As plantas transgênicas (ou células vegetais ou explantes vegetais ou tecidos vegetais) que incorporam os polinucleotídeos da invenção e/ou expressam os polipeptídeos da invenção podem ser produzidas através de uma variedade de técnicas bem estabelecidas como descrito anteriormente. Após a construção de um vetor, mais tipicamente um cassete de expressão, incluindo um polinucleotídeo, por exemplo, que codifica um fator de transcrição ou um homólogo do fator de transcrição, da invenção, podem ser utilizadas técnicas padronizadas para introduzir o polinucleotídeo em uma planta, uma célula vegetal, um explante vegetal ou um tecido vegetal de interesse. Opcionalmente, a célula, o explante ou o tecido vegetal pode ser regenerado para produzir uma planta transgênica.

[0386] A planta pode ser qualquer planta superior, incluindo plantas gimnospermas, monocotiledôneas e dicotiledôneas. Os protocolos adequados estão disponíveis para *Leguminosae* (alfalfa, soja, trevo, etc.), *Umbelliferae* (cenoura, aipo, pastinaga), *Cruciferae* (repolho, rabanete, semente de colza, brócolis etc.), *Curcurbitaceae* (melões e pepino), *Gramineae* (trigo, milho, arroz, cevada, milhete etc.), *Solanaceae* (batata, tomate, tabaco, pimentas etc.) e várias outras plantas de cultivo. Ver os protocolos descritos em Ammirato e outros, eds., (1984) Handbook of Plant Cell Culture -Crop Species, Macmillan Publ. Co., Nova York, NY; Shimamoto e outros (1989) *Nature* 338: 274-276; Fromm e outros (1990) *Bio/Technol.* 8: 833-839; e Vasil e outros (1990) *Bio/Technol.* 8: 429-434.

[0387] A transformação e a regeneração de células vegetais tanto monocotiledôneas quanto dicotiledônea é agora rotina e a seleção da técnica de transformação mais apropriada será determinada pelo versado. A escolha do método variará com o tipo de planta que será transformada; os versados na técnica reconhecerão a adequabilidade de métodos particulares para certos tipos de plantas. Os métodos adequados podem incluir, mas não estão limitados a: eletroporação de protoplastos vegetais; transformação mediada por lipossomos; transformação mediada por polietileno glicol (PEG); transformação utilizando vírus; microinjeção de células vegetais; bombardeio de microprojéteis de células vegetais; infiltração a vácuo; e transformação mediada por *Agrobacterium tumefaciens*. Transformação significa a introdução de uma sequência de nucleotídeos em uma planta de forma a causar a expressão

estável ou transitória da sequência.

[0388] Os exemplos bem-sucedidos da modificação de características das plantas através da transformação com sequências clonadas que servem para ilustrar o conhecimento atual neste campo de tecnologia e que são incorporados aqui como referência, incluem: as Patentes U.S. Nos 5.571.706; 5.677.175; 5.510.471; 5.750.386; 5.597.945; 5.589.615; 5.750.871; 5.268.526; 5.780.708; 5.538.880; 5.773.269; 5.736.369 e 5.610.042.

[0389] Após a transformação, as plantas são preferencialmente selecionadas utilizando um marcador selecionável dominante incorporado no vetor de transformação. Tipicamente, tal marcador conferirá resistência a antibióticos ou a herbicidas nas plantas transformadas e a seleção dos transformantes pode ser realizada através da exposição das plantas a concentrações apropriadas do anticorpo ou do herbicida.

[0390] Após as plantas transformadas serem selecionadas e cultivadas até a maturidade, as plantas exibindo uma característica modificada são identificadas. A característica modificada pode ser qualquer uma das características descritas anteriormente. Adicionalmente, a confirmação de que a característica modificada é causada pelas alterações nos níveis ou na atividade de expressão do polipeptídeo ou do polinucleotídeo da invenção pode ser determinada através da análise da expressão do mRNA utilizando Northern blots, RT-PCR ou microensaios ou a expressão de proteínas utilizando imunoblots ou Western blots ou ensaios de modificação no gel.

Sistemas Integrados - Identidade de Sequência

[0391] Adicionalmente, a presente invenção pode ser um sistema integrado, um computador ou um meio que pode ser lido pelo computador que compreende um conjunto de instruções para a determinação da identidade de uma ou mais sequências em um banco de dados. Em adição, o conjunto de instruções pode ser utilizado para gerar ou identificar sequências que satisfazem quaisquer critérios especificados. Além disso, o conjunto de instruções pode ser utilizado para associar ou ligar certos benefícios funcionais, tais como características melhoradas, a uma ou mais sequências identificadas.

[0392] Por exemplo, o conjunto de instruções pode incluir, por exemplo, um programa para comparação de sequências ou outro de alinhamento, por exemplo, um programa disponível tal como, por exemplo, o Wisconsin Package Versão 10.0, tal como, BLAST, FASTA, PILEUP, FINDPATTERNS ou similares (GCG, Madison, WI). Podem ser feitas buscas em bancos de dados de sequências públicos tais como GenBank, EMBL, Swiss-Prot e PIR ou em bancos de dados de sequências privados tal como, o banco de dados de sequências PHYTOSEQ (Incyte Genomics, Palo Alto, CA).

[0393] O alinhamento de sequências para comparação pode ser realizado através do algoritmo de homologia local de Smith e Waterman (1981) *Adv. Appl. Math.* 2: 482-489, através o algoritmo de alinhamento por homologia de Needleman e Wunsch (1970) *J. Mol. Biol.* 48: 443-453, através do método de busca por similaridade de Pearson e Lipman (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 85: 2444-2448, através de implementações computadorizadas destes algoritmos. Após o alinhamento, as comparações de sequências entre dois (ou

mais) polinucleotídeos ou polipeptídeos são tipicamente realizadas através da comparação de sequências das duas sequências ao longo de uma janela de comparação para identificar e localizar regiões locais de similaridade de sequências. A janela de comparação pode ser um segmento de pelo menos aproximadamente 20 posições contíguas, geralmente aproximadamente 50 até aproximadamente 200, mais geralmente aproximadamente 100 até aproximadamente 150 posições contíguas. Uma descrição do método é fornecida em Ausubel e outros *supra*.

[0394] Uma variedade de métodos para a determinação das relações entre sequências pode ser utilizada, incluindo o alinhamento manual e o alinhamento e análise de sequências auxiliados por computador. Esta última abordagem é uma abordagem preferida na presente invenção, por causa da maior circulação fornecida pelos métodos auxiliados pelo computador. Como citado anteriormente, uma variedade de programas de computador para a realização do alinhamento de sequências está disponível ou pode ser produzida por um versado.

[0395] Um exemplo de algoritmo que é adequado para a determinação da identidade de sequência e da similaridade de sequência é o algoritmo de BLAST, que é descrito em Altschul e outros (1990) *J. Mol. Biol.* 215: 403-410. O software para a realização da análise de BLAST está disponível publicamente, por exemplo, através da National Library of Medicine's National Center for Biotechnology Information (ncbi.nlm.nih; ver na world wide web (www) National Institutes of Health website do governo dos EUA (gov)). Este algoritmo envolve primeiro a identificação de

pares de sequência de alto escore (HSPs) através da identificação de palavras curtas de comprimento W na sequência de busca, que combinam ou satisfazem algum escore T limite de valor positivo quando alinhadas com uma palavra do mesmo comprimento em uma sequência do banco de dados. T é referido como o limiar do escore da palavra vizinha (Altschul e outros *supra*). Estes encontros iniciais de palavras vizinhas atuam como sementes para iniciar as buscas para encontrar HSPs mais longas contendo as mesmas. Os encontros de palavras são então estendidos em ambas as direções junto com cada sequência para e até onde o escore do alinhamento cumulativo pode ser aumentado. Os escores cumulativos são calculados utilizando, para sequências de nucleotídeos, os parâmetros M (escore de recompensa para um par de resíduos que combinam; sempre > 0) e N (escore de penalidade para resíduos com pareamento errado; sempre < 0). Para as sequências de aminoácidos, é utilizada uma matriz de escore para calcular o escore cumulativo. A extensão dos encontros de palavras em cada direção é interrompida quando: o escore de alinhamento cumulativo diminui na quantidade X de seu valor máximo atingido; o escore cumulativo vai para zero ou abaixo, por causa do acúmulo de um ou mais alinhamentos de resíduos com escore negativo; ou o final de qualquer uma das sequências é atingido. Os parâmetros dos algoritmos de BLAST W, T e X determinam a sensibilidade e a velocidade do alinhamento. O programa BLASTN (para sequências de nucleotídeos) utiliza como parâmetros preestabelecidos um comprimento de palavras (W) de 11, uma expectativa (E) de 10, uma interrupção de 100, M = 5, N = -4 e uma comparação de ambos os filamentos.

Para as sequências de aminoácidos, o programa BLASTP utiliza como parâmetros preestabelecidos um comprimento de palavras (W) de 3, uma expectativa (E) de 10 e a matriz de escore BLOSUM62 (ver Henikoff e Henikoff (1992) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 89: 10915-10919). A não ser que seja indicado de outra forma, "identidade de sequência" se refere aqui à% de identidade de sequência gerada partindo de um tblastx utilizando a versão de NCBI do algoritmo nos ajustes preestabelecidos utilizando alinhamentos com espaços com o filtro "desligado" (ver, por exemplo, o website de NIH NLM NCBI em ncbi.nlm.nih, *supra*).

[0396] Em adição ao cálculo do percentual de identidade de sequência, o algoritmo de BLAST também realiza uma análise estatística da similaridade entre duas sequências (ver, por exemplo, Karlin e Altschul (1993) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 90: 5873-5787). Uma medida de similaridade fornecida pelo algoritmo de BLAST é a probabilidade da menor soma (P(N)), que fornece uma indicação da probabilidade através da qual uma combinação entre duas sequências de nucleotídeos ou de aminoácidos ocorreria ao acaso. Por exemplo, um ácido nucléico é considerado similar a uma sequência de referência (e, portanto, neste contexto, homólogo) se a probabilidade da menor soma em uma comparação do ácido nucléico ao ácido nucléico de referência for menor que aproximadamente 0,1 ou menor que aproximadamente 0,01 e ou ainda menor que aproximadamente 0,001. Um exemplo adicional de um algoritmo de alinhamento de sequência útil é PILEUP. PILEUP cria um alinhamento múltiplo de sequências partindo de um grupo de sequências relacionadas utilizando alinhamentos em pares

progressivos. O programa pode alinhar, por exemplo, até 300 sequências de um comprimento máximo de 5.000 letras.

[0397] O sistema ou o computador integrado tipicamente inclui uma interface de entrada do usuário permitindo que um usuário visualize seletivamente um ou mais registros de sequências correspondentes a um ou mais filamentos de caracteres, assim como um conjunto de instruções que alinha o um ou mais filamentos de caracteres um com o outro ou com um filameto de caracteres adicional para identificar uma ou mais regiões de similaridade de sequência. O sistema pode incluir uma ligação de um ou mais filamentos de caracteres com um fenótipo ou função gênica particular. Tipicamente, o sistema inclui um elemento de saída que pode ser lido pelo usuário que exibe um alinhamento produzido pelo conjunto de instruções de alinhamento.

[0398] Os métodos desta invenção podem ser implementados em um ambiente de computador localizado ou distribuído. Em um ambiente distribuído, os métodos podem ser implementados em um único computador compreendendo vários processadores ou em vários computadores. Os computadores podem estar ligados, por exemplo, através de um condutor comum, mas preferencialmente o(s) computador(es) é(são) nós em uma rede. A rede pode ser uma rede generalizada ou uma dedicada local ou de área ampla e, em certas modalidades preferidas, os computadores podem ser componentes de uma intranet ou de uma internet.

[0399] Assim, a invenção fornece métodos para a identificação de uma sequência similar ou homóloga a um ou mais polinucleotídeos como citado aqui ou um ou mais

polipeptídeos alvo codificados pelos polinucleotídeos ou citados diferentemente aqui e pode incluir a ligação ou a associação de um certo fenótipo ou função gênica vegetal com uma sequência. Nos métodos, é fornecido um banco de dados de sequências (localmente ou através de uma inter ou intranet) e é feita uma busca contra o banco de dados de sequências utilizando as sequências relevantes contidas aqui e fenótipos ou funções gênicas vegetais associadas.

[0400] Qualquer sequência contida aqui pode ser inserida no banco de dados, antes ou depois da busca no banco de dados. Isto é responsável tanto pela expansão do banco de dados quanto, se feito antes da etapa de busca, pela inserção de sequências de controle no banco de dados. As sequências de controle podem ser detectadas através da busca para garantir a integridade geral tanto do banco de dados quando da busca. Como citado, a busca pode ser realizada utilizando um web browser com base na interface. Por exemplo, o banco de dados pode ser um banco de dados público centralizado tal como, os citados aqui e a busca pode ser feita partindo de um terminal remoto ou de um computador através de uma internet ou intranet.

[0401] Qualquer sequência contida aqui pode ser utilizada para identificar uma sequência similar, homóloga, paráloga ou ortóloga em uma outra planta. Isto fornece meios para a identificação de sequências endógenas em outras plantas que podem ser úteis para alterar uma característica de plantas da progênie, que resulta do cruzamento de duas plantas de linhagens diferentes. Por exemplo, as sequências que codificam um ortólogo de qualquer uma das sequências contidas aqui que ocorrem

naturalmente em uma planta com uma característica desejada podem ser identificadas utilizando as sequências divulgadas aqui. A planta é então cruzada com uma segunda planta da mesma espécie, mas que não possui a característica desejada para produzir uma progênie que pode ser então utilizada em experimentos adicionais de cruzamento para produzir a característica desejada na segunda planta. Portanto, a planta da progênie resultante não contém transgenes; a expressão da sequência endógena pode ser ainda regulada através do tratamento com um reagente químico particular ou outros meios, tal como, EMR. Alguns exemplos de tais compostos bem-conhecidos na técnica incluem: etileno; citoquininas; compostos fenólicos, que estimulam a transcrição dos genes necessários para a infecção; monossacarídeos específicos e ambientes ácidos que potencializam a indução do gene vir; polissacarídeos ácidos que induzem um ou mais genes cromossômicos; e opinas; outros mecanismos incluem o tratamento de luz ou de escuridão (para uma revisão de exemplos de tais tratamentos, ver, Winans (1992) *Microbiol. Rev.* 56: 12-31; Eyal e outros (1992) *Plant Mol. Biol.* 19: 589-599; Chrispeels e outros (2000) *Plant Mol. Biol.* 42: 279-290; Piazza e outros (2002) *Plant Physiol.* 128: 1077-1086).

[0402] A Tabela 7 lista sequências descobertas como sendo ortólogas a um número de fatores de transcrição representativo da presente invenção. Os títulos das colunas incluem os fatores de transcrição listados (a) pela SEQ ID Nº: da sequência de *Arabidopsis* que foi utilizada para descobrir a sequência ortóloga sem ser de *Arabidopsis*; (b) pelo identificador de sequências GID da sequência de

Arabidopsis; (c) pelo Número de Acesso do Sequência Identifier ou do GenBank da sequência ortóloga; (d) pelas espécies das quais a sequência ortóloga é derivada; (e) pela SEQ ID Nº: de sequência não ortóloga de *Arabidopsis* e (e) pela comparação em pares com a probabilidade da menor soma de cada sequência ortóloga à sequência similar de *Arabidopsis* determinada através da análise BLAST.

Tabela 7. Ortólogos de Genes de Fatores de Transcrição Representativos de *Arabidopsis*

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
2	G2	*Petunia x hybrida*	AF132001		1,00E-122
2	G2	*Pisum sativum*	AF325506		1,00E-121
2	G2	*Antirrhinum majus*	AY223518		1,00E-120
2	G2	*Malus x domestica*	AF332215		1,00E-119
2	G2	*Lycopersicon esculentum*	BM412075		1,00E-105
2	G2	*Picea abies*	AF253970		1,00E-103
2	G2	*Solanum tuberosum*	BQ120583		3,00E-98
2	G2	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	CB649669		1,00E-96
2	G2	*Lactuca sativa*	BU000526		1,00E-93
2	G2	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB624207		5,00E-92
2	G2	*Petunia x*	gi5081555		2,70E-123

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		hybrida			
2	G2	*Pisum sativum*	gi13173164		1,50E-117
2	G2	*Antirrhinum majus*	gi28894443		8,20E-113
2	G2	*Malus x domestica*	gi21717332		2,00E-111
2	G2	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32483001		6,90E-105
2	G2	*Picea abies*	gi11181610		8,20E-102
2	G2	*Hordeum vulgare*	gi18476518		3,00E-85
2	G2	*Zea mays*	gi2944040		1,00E-84
2	G2	*Hyacinthus orientalis*	gi5360996		1,90E-79
2	G2	*Glycine max*	gi25898745		2,60E-46
3	G12	*Glycine max*	BG045111,1	671	
3	G12	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER22720_1	672	
3	G12	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER22720_2	673	
3	G12	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER272_47	674	
3	G12	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER272_51	675	
3	G12	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER59385_1	676	
3	G12	*Glycine max*	LIB3093-031-Q1-K1-C10	677	
3	G12	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER160586_1	678	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
3	G12	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER76674_1	679	
3	G12	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER76674_4	680	
3	G12	*Oryza sativa*	OSC102287,C1,p11,fg	681	
3	G12	*Oryza sativa*	OSC15346,C1,p71,fg	682	
3	G12	*Oryza sativa*	OSC32395,C1,p3,fg	683	
3	G12	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER88196_1	684	
3	G12	*Oryza sativa*	Os_S32369	1557	
3	G12	*Oryza sativa*	Os_S80194	1558	
3	G12	*Glycine max*	Gma_S5071803	1632	
3	G12	*Medicago truncatula*	Mtr_S5349908	1690	
3	G12	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-49683	1937	
3	G12	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-54594	1938	
3	G12	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-47313	1939	
4	G12	*Brassica oleracea*	BH429963		4,00E-85
4	G12	*Gossypium arboreum*	BQ405872		3,00E-51
4	G12	*Medicago truncatula*	BG648561		2,00E-47
4	G12	*Thellungiella halophila*	BM985484		5,00E-47
4	G12	*Brassica napus*	CD834636		6,00E-46
4	G12	*Glycine max*	BG046836		5,00E-40

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
4	G12	*Lupinus albus*	CA526351		1,00E-39
4	G12	*Oryza sativa*	OSJN00057		1,00E-39
4	G12	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK061095		1,00E-39
4	G12	*Helianthus argophyllus*	CF089073		2,00E-39
4	G12	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21740879		8,40E-40
4	G12	*Oryza sativa*	gi5091503		1,30E-38
4	G12	*Glycine max*	gi31324058		2,60E-36
4	G12	*Lycopersicon esculentum*	gi27436378		7,30E-22
4	G12	*Zea mays*	gi21908034		7,30E-22
4	G12	*Catharanthus roseus*	gi8980313		3,40E-20
4	G12	*Stylosanthes hamata*	gi4099921		4,80E-19
4	G12	*Fagus sylvatica*	gi18496063		2,70E-18
4	G12	*Hordeum vulgare*	gi27960757		8,40E-18
4	G12	*Nicotiana tabacum*	gi10798644		9,30E-18
6	G15	*Brassica napus*	BD274518		1,0e-999
6	G15	*Glycine max*	AX555216		1,00E-131
6	G15	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106306		1,00E-116

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
6	G15	*Oryza sativa*	AX555220		1,00E-116
6	G15	*Nuphar advena*	CD475882		1,00E-91
6	G15	*Zea mays*	AY109146		5,00E-89
6	G15	*Brassica oleracea*	BZ056530		1,00E-88
6	G15	*Physcomitrella patens* subesp. *patens*	BJ188928		3,00E-84
6	G15	*Lactuca sativa*	BQ864461		1,00E-76
6	G15	*Triticum aestivum*	BJ312281		6,00E-73
6	G15	*Glycine max*	gi25898745		1,50E-132
6	G15	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28201307		1,70E-122
6	G15	*Oryza sativa*	gi25898752		6,90E-118
6	G15	*Brassica napus*	gi21069051		1,00E-88
6	G15	*Zea mays*	gi2652938		7,00E-84
6	G15	*Malus x domestica*	gi21717332		1,50E-45
6	G15	*Picea abies*	gi11181612		1,70E-45
6	G15	*Pisum sativum*	gi13173164		1,90E-45
6	G15	*Hordeum vulgare*	gi18476518		3,40E-43
6	G15	*Antirrhinum majus*	gi28894443		9,10E-43
7	G30	*Oryza sativa*	G3381	2126	5,00E-33
7	G30	*Glycine max*	AW308784,1	685	
7	G30	*Glycine max*	BG790680,1	686	
7	G30	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER602185_	687	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
			1		
7	G30	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER91218_1	688	
7	G30	*Glycine max*	LIB5118-009-Q1-PF1-F2	689	
7	G30	*Oryza sativa*	OSC20174,C1,p2,fg	690	
7	G30	*Zea mays*	LIB4756-134-A1-K1-G10	691	
7	G30	*Oryza sativa*	Os_S102414	1559	
7	G30	*Glycine max*	Gma_S5001644	1633	
7	G30	*Zea mays*	Zm_S11513768	1754	
7	G30	*Triticum aestivum*	Ta_S274849	1834	
8	G30	*Brassica oleracea*	BH517030		1,00E-37
8	G30	*Lycopersicon esculentum*	AI776626		2,00E-35
8	G30	*Triticum aestivum*	BT009060		2,00E-33
8	G30	*Sorghum bicolor*	BZ337899		1,00E-32
8	G30	*Eucalyptus grandis*	CB967722		1,00E-31
8	G30	*Zea mays*	CC349655		1,00E-31
8	G30	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP004623		3,00E-31
8	G30	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01005323		3,00E-31

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
8	G30	*Oryza sativa*	AP003891		3,00E-31
8	G30	*Glycine max*	BG790680		4,00E-29
8	G30	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28071302		3,60E-32
8	G30	*Lycopersicon esculentum*	gi2213783		7,90E-26
8	G30	*Catharanthus roseus*	gi8980313		4,70E-24
8	G30	*Matricaria chamomilla*	gi17385636		1,10E-23
8	G30	*Oryza sativa*	gi12597874		1,80E-23
8	G30	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi32401273		3,70E-23
8	G30	*Nicotiana tabacum*	gi1732406		5,20E-23
8	G30	*Nicotiana sylvestris*	gi8809571		8,70E-22
8	G30	*Cicer arietinum*	gi24817250		1,10E-21
8	G30	*Glycine max*	gi21304712		1,40E-21
9	G46	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER15812_1	692	
9	G46	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER15812_2	693	
9	G46	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER164789_1	694	
9	G46	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER164789_2	695	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
9	G46	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER2315_2	696	
9	G46	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER605_217	697	
9	G46	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER605_219	698	
9	G46	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER91242_1	699	
9	G46	*Oryza sativa*	OSC101836,C1,p4,fg	700	
9	G46	*Zea mays*	LIB3062-015-Q1-K1-F11	701	
9	G46	*Lycopersicon esculentum*	Les_S5295471	1925	
9	G46	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-44432	1940	
9	G46	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-49046	1941	
9	G46	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-49310	1942	
10	G46	*Brassica oleracea*	BH970151		3,00E-83
10	G46	*Brassica napus*	CD834612		3,00E-70
10	G46	*Lycopersicon esculentum*	AY192370		3,00E-38
10	G46	*Solanum tuberosum*	BG592132		2,00E-37
10	G46	*Medicago truncatula*	BF637755		4,00E-32
10	G46	*Glycine max*	BQ740307		7,00E-31
10	G46	*Lotus japonicus*	AV423260		4,00E-30
10	G46	*Populus*	BU814218		8,00E-30

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		tremula x Populus tremuloides			
10	G46	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU871861		8,00E-30
10	G46	*Vitis vinifera*	BM436925		2,00E-29
10	G46	*Brassica oleracea*	gi15054374		2,50E-47
10	G46	*Lycopersicon esculentum*	gi28274834		4,20E-38
10	G46	*Nicotiana tabacum*	gi1208497		5,90E-31
10	G46	*Nicotiana sylvestris*	gi8809575		3,50E-29
10	G46	*Oryza sativa*	gi14140141		4,50E-29
10	G46	*Matricaria chamomilla*	gi17385636		1,80E-28
10	G46	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi32401273		5,00E-28
10	G46	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31433532		1,00E-27
10	G46	*Catharanthus roseus*	gi8980313		1,20E-24
10	G46	*Glycine max*	gi21304712		6,80E-22
11	G47	*Glycine max*	G3643	2225	2,00E-29
11	G47	*Oryza sativa*	G3644	2227	3,00E-25
11	G47	*Brassica rapa*	G3645	2229	1,00E-63
11	G47	*Brassica oleracea*	G3646	2231	2,00E-46

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
11	G47	*Zinnia elegans*	G3647	2233	3,00E-33
11	G47	*Oryza sativa*	G3649	2235	4,00E-23
11	G47	*Oryza sativa*	G3651	2237	3,00E-20
11	G47	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER115749_1	702	
11	G47	*Oryza sativa*	OSC21268,C1,p12,fg	703	
11	G47	*Hordeum vulgare*	Hv_S7318	1718	
12	G47	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BG543936		2,00E-60
12	G47	*Brassica oleracea*	BH420519		4,00E-43
12	G47	*Zinnia elegans*	AU292603		5,00E-30
12	G47	*Medicago truncatula*	BE320193		2,00E-24
12	G47	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000718		2,00E-22
12	G47	*Oryza sativa*	AP003379		2,00E-22
12	G47	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AC124836		1,00E-20
12	G47	*Zea mays*	BZ403609		2,00E-20
12	G47	*Solanum tuberosum*	BQ513932		7,00E-17
12	G47	*Pinus taeda*	BQ698717		1,00E-16
12	G47	*Oryza sativa* (grupo do	gi20161239		8,50E-24

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		cultivar *japonica*)			
12	G47	*Oryza sativa*	gi14140155		8,30E-17
12	G47	*Lycopersicon esculentum*	gi25992102		2,80E-16
12	G47	*Glycine max*	gi31324058		2,80E-16
12	G47	*Zea mays*	gi21908034		8,60E-15
12	G47	*Brassica napus*	gi20303011		2,30E-14
12	G47	*Atriplex hortensis*	gi8571476		3,70E-14
12	G47	*Catharanthus roseus*	gi8980313		2,60E-13
12	G47	*Hordeum vulgare*	gi19071243		5,40E-13
12	G47	*Matricaria chamomilla*	gi17385636		1,40E-12
14	G129	*Brassica napus*	BNABAG1X		1,00E-133
14	G129	*Vitis vinifera*	CB969483		3,00E-94
14	G129	*Silene latifolia*	SLSLM1		1,00E-93
14	G129	*Panax ginseng*	PGORFGAG2		1,00E-92
14	G129	*Gossypium hirsutum*	AY083173		3,00E-92
14	G129	*Malus x domestica*	MDO251118		5,00E-92
14	G129	*Corylus avellana*	AF027376		2,00E-91
14	G129	*Lycopersicon esculentum*	TOMTAG1A		3,00E-91
14	G129	*Betula pendula*	BPE252071		2,00E-90
14	G129	*Nicotiana tabacum*	TOBNAG1A		3,00E-90

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
14	G129	*Brassica napus*	gi167126		3,30E-125
14	G129	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	gi2981131		1,00E-89
14	G129	*Silene latifolia*	gi602900		2,20E-89
14	G129	*Panax ginseng*	gi3913005		9,30E-89
14	G129	*Malus x domestica*	gi16973298		2,50E-88
14	G129	*Gossypium hirsutum*	gi19743774		2,50E-88
14	G129	*Corylus avellana*	gi4103757		6,60E-88
14	G129	*Lycopersicon esculentum*	gi3913004		1,70E-87
14	G129	*Betula pendula*	gi8745072		3,60E-87
14	G129	*Helianthus annuus*	gi27657747		9,60E-87
16	G131	*Brassica oleracea*	BOU67452		1,00E-139
16	G131	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	BOL505845		1,00E-139
16	G131	*Sinapis alba*	SAAP1		1,00E-137
16	G131	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BCA251300		1,00E-109
16	G131	*Pisum sativum*	PSA279089		4,00E-97
16	G131	*Betula pendula*	BPMADS3GN		1,00E-95
16	G131	*Populus tremuloides*	AF034094		3,00E-92
16	G131	*Daucus carota*	DCA271147		2,00E-90

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
16	G131	*Malus x domestica*	MDAJ759		3,00E-90
16	G131	*Heuchera americana*	AY306148		2,00E-88
16	G131	*Brassica oleracea*	gi1561780		6,20E-131
16	G131	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	gi23304680		6,20E-131
16	G131	*Sinapis alba*	gi1076477		3,90E-129
16	G131	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi6469345		8,30E-104
16	G131	*Pisum sativum*	gi13446154		2,30E-92
16	G131	*Betula pendula*	gi1483228		2,10E-91
16	G131	*Populus tremuloides*	gi28381537		4,00E-88
16	G131	*Antirrhinum majus*	gi16052		3,30E-86
16	G131	*Daucus carota*	gi22091473		5,30E-86
16	G131	*Heuchera americana*	gi32478021		3,40E-84
18	G133	*Brassica oleracea*	BOU67453		1,00E-125
18	G133	*Brassica napus*	AF124814		1,00E-118
18	G133	*Petunia x hybrida*	PHGP		2,00E-74
18	G133	*Antirrhinum majus*	AJ559554		8,00E-74
18	G133	*Nicotiana tabacum*	NTMADSBOX		8,00E-73
18	G133	*Vitis vinifera*	CB971393		1,00E-71
18	G133	*Solanum*	STPD4		5,00E-70

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		tuberosum			
18	G133	*Medicago sativa*	ALFMBP		1,00E-69
18	G133	*Glycine max*	AX478039		1,00E-69
18	G133	*Chrysanthemum x morifolium*	AY173060		2,00E-68
18	G133	*Brassica oleracea*	gi1561782		5,30E-118
18	G133	*Brassica napus*	gi6841082		1,50E-111
18	G133	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	gi7446540		1,20E-109
18	G133	*Petunia x hybrida*	gi22665		4,00E-72
18	G133	*Antirrhinum majus*	gi100479		1,70E-71
18	G133	*Nicotiana tabacum*	gi1370276		1,20E-70
18	G133	*Solanum tuberosum*	gi431226		1,60E-68
18	G133	*Medicago sativa*	gi1870206		8,90E-68
18	G133	*Chrysanthemum x morifolium*	gi27804367		1,00E-66
18	G133	*Gerbera hybrida*	gi4218171		2,10E-66
20	G134	*Cucumis sativus*	AF043255		2,00E-67
20	G134	*Malus x domestica*	MDO291490		2,00E-66
20	G134	*Petunia x hybrida*	PHFBP3		6,00E-64
20	G134	*Vitis vinifera*	CB970125		2,00E-62

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
20	G134	*Lactuca sativa*	BU013737		3,00E-62
20	G134	*Gerbera hybrida*	GHY9726		3,00E-62
20	G134	*Betula pendula*	BPE488589		3,00E-61
20	G134	*Eucalyptus grandis*	AF029976		6,00E-61
20	G134	*Chrysanthemum x morifolium*	AY173061		1,00E-60
20	G134	*Silene latifolia*	SLSLM2		3,00E-60
20	G134	*Cucumis sativus*	gi4105097		1,50E-65
20	G134	*Malus x domestica*	gi12666533		7,40E-64
20	G134	*Petunia x hybrida*	gi2129971		1,60E-61
20	G134	*Gerbera hybrida*	gi4218173		6,90E-61
20	G134	*Betula pendula*	gi28874430		6,20E-60
20	G134	*Chrysanthemum x morifolium*	gi27804369		2,70E-59
20	G134	*Eucalyptus grandis*	gi3114586		5,60E-59
20	G134	*Tulipa gesneriana*	gi30172225		2,40E-58
20	G134	*Silene latifolia*	gi602902		2,40E-58
20	G134	*Helianthus annuus*	gi27657749		3,10E-58
22	G135	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BCA251300		1,00E-115
22	G135	*Brassica*	BNADBDA		1,00E-109

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		oleracea			
22	G135	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	BOL505847		1,00E-109
22	G135	*Sinapis alba*	SAAP1		1,00E-107
22	G135	*Malus x domestica*	MDAJ759		3,00E-83
22	G135	*Pisum sativum*	PSA279089		3,00E-83
22	G135	*Nicotiana tabacum*	AF009127		5,00E-81
22	G135	*Betula pendula*	BPMADS3GN		8,00E-80
22	G135	*Nicotiana sylvestris*	AF068726		8,00E-80
22	G135	*Populus tremuloides*	AF034093		2,00E-79
22	G135	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi6469345		2,00E-109
22	G135	*Brassica oleracea*	gi1561784		1,70E-103
22	G135	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	gi23304680		9,60E-103
22	G135	*Sinapis alba*	gi1076477		1,20E-102
22	G135	*Pisum sativum*	gi13446154		8,30E-81
22	G135	*Nicotiana tabacum*	gi4102113		1,80E-78
22	G135	*Betula pendula*	gi1483228		1,60E-77
22	G135	*Populus tremuloides*	gi28381535		1,60E-77
22	G135	*Nicotiana sylvestris*	gi5070144		2,00E-77
22	G135	*Daucus carota*	gi22091473		3,00E-76

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
24	G136	*Brassica napus*	AY036062		1,00E-126
24	G136	*Liquidambar styraciflua*	AF103903		1,00E-89
24	G136	*Vitis vinifera*	AF265562		1,00E-88
24	G136	*Rosa rugosa*	AB025643		3,00E-88
24	G136	*Medicago truncatula*	CB066648		4,00E-88
24	G136	*Malus x domestica*	MDO251117		6,00E-88
24	G136	*Gossypium arboreum*	BQ411600		4,00E-86
24	G136	*Nicotiana tabacum*	TOBNAG1A		8,00E-84
24	G136	*Panax ginseng*	PGORFGAG2		2,00E-83
24	G136	*Betula pendula*	BPE252071		3,00E-83
24	G136	*Brassica napus*	gi12655901		1,70E-119
24	G136	*Liquidambar styraciflua*	gi5031217		9,60E-87
24	G136	*Rosa rugosa*	gi6970411		3,70E-85
24	G136	*Malus x domestica*	gi16973296		9,90E-85
24	G136	*Vitis vinifera*	gi14279306		1,10E-83
24	G136	*Nicotiana tabacum*	gi3913007		1,30E-80
24	G136	*Betula pendula*	gi8745072		2,20E-80
24	G136	*Panax ginseng*	gi3913005		3,60E-80
24	G136	*Corylus avellana*	gi4103757		5,80E-80
24	G136	*Petunia integrifolia*	gi848999		5,80E-80
26	G137	*Brassica oleracea* var.	BOL508053		1,00E-130

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		botrytis			
26	G137	*Malus domestica*	U78947		1,00E-105
26	G137	*Malus x domestica*	MDAJ1681		1,00E-104
26	G137	*Cucumis sativus*	AF135962		1,00E-102
26	G137	*Vitis vinifera*	AF373601		1,00E-100
26	G137	*Populus tremuloides*	AF185574		1,00E-100
26	G137	*Fragaria x ananassa*	AF484683		6,00E-93
26	G137	*Gossypium arboreum*	BG440326		2,00E-90
26	G137	*Prunus persica*	BU048398		4,00E-89
26	G137	*Antirrhinum majus*	AMDEFH49G		2,00E-87
26	G137	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	gi23304688		2,10E-123
26	G137	*Malus x domestica*	gi3290209		7,70E-101
26	G137	*Malus domestica*	gi7488622		7,70E-101
26	G137	*Cucumis sativus*	gi6683777		1,70E-98
26	G137	*Populus tremuloides*	gi28372802		1,30E-96
26	G137	*Vitis vinifera*	gi20385584		1,70E-96
26	G137	*Fragaria x ananassa*	gi28628841		1,90E-90
26	G137	*Antirrhinum majus*	gi1239961		2,90E-85

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
26	G137	*Lycopersicon esculentum*	gi24967143		1,10E-83
26	G137	*Petunia x hybrida*	gi13384048		3,00E-83
28	G138	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	BOL508052		1,00E-114
28	G138	*Petunia x hybrida*	AF335236		2,00E-72
28	G138	*Lycopersicon esculentum*	AY294329		3,00E-72
28	G138	*Nicotiana tabacum*	AF068723		5,00E-72
28	G138	*Capsicum annuum*	AF129875		1,00E-70
28	G138	*Malus domestica*	U78947		3,00E-70
28	G138	*Malus x domestica*	MDAJ1681		1,00E-69
28	G138	*Pinus radiata*	PRU42399		2,00E-69
28	G138	*Antirrhinum majus*	AMDEFH49G		2,00E-69
28	G138	*Daucus carota*	DCA271151		8.00E-69
28	G138	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	gi23304686		4,20E-109
28	G138	*Petunia x hybrida*	gi13384050		5,90E-71
28	G138	*Nicotiana tabacum*	gi8567991		1,20E-70
28	G138	*Lycopersicon esculentum*	gi31747208		2,60E-70
28	G138	*Capsicum*	gi6651033		4,80E-69

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		annuum			
28	G138	*Antirrhinum majus*	gi1239961		2,10E-68
28	G138	*Malus x domestica*	gi3290209		4,30E-68
28	G138	*Malus domestica*	gi7488622		4,30E-68
28	G138	*Daucus carota*	gi22091481		8,90E-68
28	G138	*Pinus radiata*	gi1206003		1,50E-67
30	G139	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	BOL508053		1,00E-115
30	G139	*Populus tremuloides*	AF185574		1,00E-100
30	G139	*Cucumis sativus*	AF135962		4,00E-97
30	G139	*Malus domestica*	U78947		2,00E-96
30	G139	*Malus x domestica*	MDAJ1681		5,00E-96
30	G139	*Vitis vinifera*	AF373601		9,00E-92
30	G139	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU869391		9,00E-89
30	G139	*Fragaria x ananassa*	AF484683		8,00E-88
30	G139	*Prunus persica*	BU048398		1,00E-86
30	G139	*Antirrhinum majus*	AMDEFH49G		8,00E-85
30	G139	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	gi23304688		6,00E-110

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
30	G139	*Populus tremuloides*	gi28372802		2,20E-96
30	G139	*Cucumis sativus*	gi6683777		2,00E-93
30	G139	*Malus x domestica*	gi3290209		2,60E-93
30	G139	*Malus domestica*	gi7488622		2,60E-93
30	G139	*Vitis vinifera*	gi20385584		1,00E-89
30	G139	*Fragaria x ananassa*	gi28628841		6,80E-86
30	G139	*Antirrhinum majus*	gi1239961		1,30E-82
30	G139	*Petunia x hybrida*	gi13384048		2,00E-79
30	G139	*Lycopersicon esculentum*	gi24967143		2,30E-78
32	G140	*Brassica napus*	CD818823		1,00E-112
32	G140	*Liquidambar styraciflua*	AF103903		7,00E-88
32	G140	*Vitis vinifera*	AF265562		9,00E-88
32	G140	*Medicago truncatula*	CB066648		2,00E-87
32	G140	*Gossypium arboreum*	BQ411600		2,00E-85
32	G140	*Malus x domestica*	MDO251117		4,00E-83
32	G140	*Rosa rugosa*	AB025643		5,00E-83
32	G140	*Nicotiana tabacum*	TOBNAG1A		1,00E-80
32	G140	*Petunia integrifolia*	PETFHPP		1,00E-80
32	G140	*Citrus*	CB290594		2,00E-80

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		sinensis			
32	G140	*Brassica napus*	gi12655901		4,10E-102
32	G140	*Liquidambar styraciflua*	gi5031217		6,10E-85
32	G140	*Vitis vinifera*	gi14279306		8,00E-83
32	G140	*Rosa rugosa*	gi6970411		3,10E-81
32	G140	*Malus x domestica*	gi16973296		4,60E-80
32	G140	*Nicotiana tabacum*	gi3913007		3,70E-78
32	G140	*Petunia integrifolia*	gi848999		2,00E-77
32	G140	*Petunia x hybrida*	gi2129972		5,40E-77
32	G140	*Panax ginseng*	gi3913005		5,40E-77
32	G140	*Lycopersicon esculentum*	gi3913004		8,80E-77
34	G142	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	BOL508409		1,00E-127
34	G142	*Vitis vinifera*	AF373602		1,00E-88
34	G142	*Malus domestica*	MDAJ763		3,00E-84
34	G142	*Petunia x hybrida*	AB031035		2,00E-77
34	G142	*Agapanthus praecox*	AB079261		1,00E-76
34	G142	*Chrysanthemum x morifolium*	AY173062		8,00E-75
34	G142	*Oryza sativa*	OSU78782		6,00E-74
34	G142	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	AK069103		6,00E-74

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		japonica)			
34	G142	*Zea mays*	MZEMADSB		3,00E-73
34	G142	*Triticum aestivum*	AB007505		3,00E-72
34	G142	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	gi23304710		6,50E-120
34	G142	*Vitis vinifera*	gi20385586		3,30E-86
34	G142	*Malus domestica*	gi3646340		1,20E-81
34	G142	*Petunia x hybrida*	gi7544096		1,60E-75
34	G142	*Agapanthus praecox*	gi29467050		1,50E-74
34	G142	*Oryza sativa*	gi2286109		2,20E-73
34	G142	*Chrysanthemum x morifolium*	gi27804371		4,50E-73
34	G142	*Zea mays*	gi7446515		1,50E-72
34	G142	*Lolium perenne*	gi28630959		8,40E-72
34	G142	*Triticum aestivum*	gi3688591		2,20E-71
36	G145	*Sinapis alba*	SAMADSD		1,00E-127
36	G145	*Vitis vinifera*	CB980340		5,00E-98
36	G145	*Lycopersicon esculentum*	AY294330		5,00E-97
36	G145	*Nicotiana sylvestris*	AF068722		8,00E-96
36	G145	*Pisum sativum*	PSAJ3318		1,00E-95
36	G145	*Brassica napus*	CD814473		2,00E-95
36	G145	*Petunia x hybrida*	PETTRNSFB		2,00E-95
36	G145	*Antirrhinum*	AMDEFH200		3,00E-95

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		majus			
36	G145	*Gossypium hirsutum*	AF538965		5,00E-95
36	G145	*Populus tremuloides*	AY235222		7,00E-95
36	G145	*Sinapis alba*	gi1617211		7,30E-121
36	G145	*Vitis vinifera*	gi20385588		6,00E-94
36	G145	*Lycopersicon esculentum*	gi31747210		2,00E-93
36	G145	*Pisum sativum*	gi3184054		6,90E-93
36	G145	*Nicotiana sylvestris*	gi5070138		2,30E-92
36	G145	*Petunia x hybrida*	gi1181186		4,80E-92
36	G145	*Populus tremuloides*	gi30314024		7,90E-92
36	G145	*Antirrhinum majus*	gi1239959		1,60E-91
36	G145	*Gossypium hirsutum*	gi23194451		2,10E-91
36	G145	*Chrysanthemum x morifolium*	gi27804361		1,50E-88
38	G146	*Brassica napus*	CD818636		1,00E-104
38	G146	*Gossypium hirsutum*	AF538966		1,00E-91
38	G146	*Gossypium arboreum*	BG441292		1,00E-90
38	G146	*Medicago truncatula*	BI311053		3,00E-89
38	G146	*Cucumis sativus*	AF022377		4,00E-89
38	G146	*Vitis vinifera*	CB975703		1,00E-88
38	G146	*Momordica*	AY178837		1,00E-87

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		charantia			
38	G146	*Glycine max*	AW184799		2,00E-82
38	G146	*Phaseolus coccineus*	CA902463		5,00E-79
38	G146	*Malus domestica*	MDAJ762		7,00E-79
38	G146	*Gossypium hirsutum*	gi23194453		8,40E-88
38	G146	*Cucumis sativus*	gi4103342		1,40E-85
38	G146	*Vitis vinifera*	gi20385590		2,60E-84
38	G146	*Momordica charantia*	gi27763670		8,90E-84
38	G146	*Agapanthus praecox*	gi29467048		1,30E-75
38	G146	*Petunia x hybrida*	gi1568513		1,00E-73
38	G146	*Hyacinthus orientalis*	gi21955182		6,60E-72
38	G146	*Panax ginseng*	gi3913005		7,50E-71
38	G146	*Lycopersicon esculentum*	gi24967137		1,60E-70
38	G146	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	gi2981133		8,70E-70
39	G148	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER24877_1	704	
39	G148	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER99362_1	705	
39	G148	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER865_1	706	
39	G148	*Oryza sativa*	OSC101589,C1,p	707	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
			14,fg		
39	G148	*Zea mays*	LIB4766-083-R1-K1-A9	708	
39	G148	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER914_1	709	
39	G148	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER914_14	710	
39	G148	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER914_2	711	
39	G148	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER914_3	712	
39	G148	*Oryza sativa*	Os_S31752	1560	
39	G148	*Oryza sativa*	Os_S63871	1561	
39	G148	*Oryza sativa*	Os_S65486	1562	
39	G148	*Zea mays*	Zm_S11418374	1755	
39	G148	*Zea mays*	Zm_S11418375	1756	
39	G148	*Triticum aestivum*	Ta_S66204	1835	
39	G148	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-44128	1943	
39	G148	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-42436	1944	
40	G148	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	BOL508409		3,00E-74
40	G148	*Malus domestica*	MDAJ763		2,00E-65
40	G148	*Vitis vinifera*	AF373602		3,00E-64
40	G148	*Petunia x hybrida*	AB031035		1,00E-59
40	G148	*Chrysanthemum x morifolium*	AY173062		1,00E-58
40	G148	*Oryza sativa*	OSU78782		3,00E-57

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
40	G148	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK069103		3,00E-57
40	G148	*Triticum aestivum*	AB007505		1,00E-56
40	G148	*Lolium perenne*	AY198329		1,00E-55
40	G148	*Poa annua*	AF372840		5,00E-55
40	G148	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	gi23304710		1,70E-73
40	G148	*Malus domestica*	gi3646340		6,50E-65
40	G148	*Vitis vinifera*	gi20385586		7,40E-64
40	G148	*Petunia x hybrida*	gi7544096		7,10E-59
40	G148	*Chrysanthemum x morifolium*	gi27804371		2,20E-57
40	G148	*Triticum aestivum*	gi3688591		3,50E-57
40	G148	*Oryza sativa*	gi2286109		4,50E-57
40	G148	*Lolium perenne*	gi28630959		5,20E-56
40	G148	*Poa annua*	gi13958339		8,40E-56
40	G148	*Agapanthus praecox*	gi29467050		9,70E-55
42	G151	*Brassica napus*	BNU22681		1,00E-94
42	G151	*Selaginella remotifolia*	AB086021		5,00E-39
42	G151	*Lycopodium annotinum*	AF425598		5,00E-37
42	G151	*Helianthus annuus*	BQ970680		2,00E-36
42	G151	*Pinus radiata*	PRU42400		9,00E-36

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
42	G151	*Gnetum parvifolium*	AB022665		1,00E-35
42	G151	*Gnetum gnemon*	GGN132215		1,00E-35
42	G151	*Pinus resinosa*	PRMADS1		2,00E-35
42	G151	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AY177696		6,00E-35
42	G151	*Oryza sativa*	OSU78782		8,00E-35
42	G151	*Brassica napus*	gi3831486		9,40E-96
42	G151	*Selaginella remotifolia*	gi29467138		2,20E-39
42	G151	*Lycopodium annotinum*	gi21396795		1,80E-37
42	G151	*Pinus radiata*	gi1206005		1,60E-36
42	G151	*Gnetum gnemon*	gi5019456		2,60E-36
42	G151	*Gnetum parvifolium*	gi6092009		2,60E-36
42	G151	*Pinus resinosa*	gi1702951		3,40E-36
42	G151	*Oryza sativa*	gi2286109		5,50E-36
42	G151	*Zea mays*	gi7446514		5,50E-36
42	G151	*Lolium perenne*	gi28630959		1,10E-35
43	G153	*Oryza sativa*	G3479	2189	2,00E-59
43	G153	*Glycine max*	G3484	2191	3,00E-77
43	G153	*Glycine max*	G3485	2193	9,00E-63
43	G153	*Zea mays*	G3487	2195	5,00E-63
43	G153	*Zea mays*	G3488	2197	2,00E-61
43	G153	*Zea mays*	G3489	2199	6,00E-66
43	G153	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER393266_1	713	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
43	G153	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER84992_1	714	
43	G153	*Oryza sativa*	OSC19180,C1,p14,fg	715	
43	G153	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER124_1	716	
43	G153	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER226078_2	717	
43	G153	*Zea mays*	uC-zmflMo17202h01	718	
43	G153	*Glycine max*	Gma_S5139103	1634	
43	G153	*Zea mays*	Zm_S11418691	1757	
43	G153	*Zea mays*	Zm_S11433900	1758	
43	G153	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-362903	1945	
43	G153	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-8562	1946	
44	G153	*Antirrhinum majus*	AMDEFH125		1,00E-67
44	G153	*Zea mays*	AF112149		8,00E-63
44	G153	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AY177696		1,00E-62
44	G153	*Glycine max*	AW706936		5,00E-59
44	G153	*Medicago truncatula*	BQ164807		5,00E-59
44	G153	*Lycopersicon esculentum*	AW218280		5,00E-56
44	G153	*Solanum tuberosum*	BM405213		2,00E-55
44	G153	*Medicago*	MSU91964		6,00E-54

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		sativa			
44	G153	*Triticum aestivum*	AX658813		3,00E-49
44	G153	*Mesembryanthemum crystallinum*	BE034403		3,00E-48
44	G153	*Antirrhinum majus*	gi1816459		2,10E-66
44	G153	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi30313677		2,90E-62
44	G153	*Zea mays*	gi29611976		7,70E-62
44	G153	*Medicago sativa*	gi1928874		1,30E-52
44	G153	*Ipomoea batatas*	gi15081463		6,90E-45
44	G153	*Oryza sativa*	gi7592642		9,10E-43
44	G153	*Lolium perenne*	gi28630953		8,20E-42
44	G153	*Lolium temulentum*	gi4204232		1,70E-41
44	G153	*Triticum aestivum*	gi30721847		2,80E-41
44	G153	*Hordeum vulgare*	gi9367313		2,80E-41
45	G155	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER112511_1	719	
45	G155	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER2290_5	720	
45	G155	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER24178_1	721	
45	G155	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER24178_4	722	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
45	G155	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER862_1	723	
45	G155	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER862_2	724	
45	G155	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER862_3	725	
45	G155	*Glycine max*	LIB4127-088-Q1-N1-F3	726	
45	G155	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER117_2	727	
45	G155	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER397_1	728	
45	G155	*Oryza sativa*	OSC101428,C1,p6,fg	729	
45	G155	*Oryza sativa*	OSC22851,C1,p5,fg	730	
45	G155	*Oryza sativa*	OSC23163,C1,p8,fg	731	
45	G155	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER444_10	732	
45	G155	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER444_17	733	
45	G155	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER444_19	734	
45	G155	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER444_20	735	
45	G155	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER444_25	736	
45	G155	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER444_29	737	
45	G155	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER444_38	738	
45	G155	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-	739	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
			CLUSTER49_1		
45	G155	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER49_2	740	
45	G155	*Oryza sativa*	Os_S60917	1563	
45	G155	*Oryza sativa*	Os_S65478	1564	
45	G155	*Oryza sativa*	Os_S65480	1565	
45	G155	*Oryza sativa*	Os_S81123	1566	
45	G155	*Glycine max*	Gma_S5001655	1635	
45	G155	*Hordeum vulgare*	Hv_S74097	1719	
45	G155	*Hordeum vulgare*	Hv_S74098	1720	
45	G155	*Hordeum vulgare*	Hv_S74100	1721	
45	G155	*Zea mays*	Zm_S11355421	1759	
45	G155	*Zea mays*	Zm_S11374058	1760	
45	G155	*Zea mays*	Zm_S11418377	1761	
45	G155	*Zea mays*	Zm_S11418747	1762	
45	G155	*Zea mays*	Zm_S11435147	1763	
45	G155	*Zea mays*	Zm_S11527666	1764	
45	G155	*Triticum aestivum*	Ta_S185481	1836	
45	G155	*Triticum aestivum*	Ta_S210240	1837	
45	G155	*Triticum aestivum*	Ta_S66203	1838	
45	G155	*Lycopersicon esculentum*	Les_S5931544	1926	
45	G155	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-44980	1947	
45	G155	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-45332	1948	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
45	G155	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-329711	1949	
45	G155	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-457556	1950	
45	G155	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-477293	1951	
45	G155	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-67345	1952	
46	G155	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	BOL505844		1,00E-123
46	G155	*Sinapis alba*	SAU25695		1,00E-120
46	G155	*Brassica napus*	CD841921		1,00E-119
46	G155	*Betula pendula*	BPMADS5GN		3,00E-82
46	G155	*Nicotiana sylvestris*	AF068725		1,00E-79
46	G155	*Nicotiana tabacum*	AF385746		2,00E-79
46	G155	*Malus x domestica*	MDU78948		3,00E-78
46	G155	*Capsicum annuum*	AF130118		4,00E-78
46	G155	*Petunia x hybrida*	AF176783		1,00E-77
46	G155	*Lycopersicon esculentum*	AW442282		1,00E-77
46	G155	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	gi23304678		2,00E-116
46	G155	*Sinapis alba*	gi1049024		2,40E-113
46	G155	*Betula pendula*	gi1483232		2,00E-79
46	G155	*Nicotiana sylvestris*	gi5070142		5,40E-77

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
46	G155	*Nicotiana tabacum*	gi27373049		8,80E-77
46	G155	*Capsicum annuum*	gi14518447		7,90E-76
46	G155	*Petunia x hybrida*	gi6606306		1,30E-75
46	G155	*Malus x domestica*	gi3947985		3,40E-75
46	G155	*Petunia sp.*	gi6731756		7,10E-75
46	G155	*Lycopersicon esculentum*	gi23428887		1,90E-74
48	G171	*Brassica oleracea*	BZ059285		2,00E-86
48	G171	*Lotus japonicus*	AG231874		1,00E-15
48	G171	*Glycine max*	BE610209		1,00E-11
48	G171	*Medicago truncatula*	AC135316		3,00E-10
48	G171	*Zea mays*	CC654475		6,00E-10
48	G171	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000422		1,00E-09
48	G171	*Oryza sativa*	AP002480		1,00E-09
48	G171	*Vitis vinifera*	CB980345		2,00E-09
48	G171	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP006531		9,00E-08
48	G171	*Lycopersicon esculentum*	BI930829		2,00E-07
48	G171	*Oryza sativa*	gi8096379		4,10E-11
48	G171	*Oryza sativa*	gi15623935		6,90E-09

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		(grupo do cultivar *japonica*)			
48	G171	*Malus x domestica*	gi32452884		5,60E-07
48	G171	*Petunia x hybrida*	gi13384058		5,60E-07
48	G171	*Lycopodium annotinum*	gi30525823		8,10E-07
48	G171	*Ceratopteris richardii*	gi2252482		1,40E-06
48	G171	*Cichorium intybus*	gi3986689		3,00E-06
48	G171	*Brassica napus*	gi3831486		3,60E-06
48	G171	*Ipomoea nil*	gi27372827		3,80E-06
48	G171	*Rosa rugosa*	gi9857312		5,30E-06
50	G172	*Brassica oleracea*	BH583694		9,00E-52
50	G172	*Medicago truncatula*	AC144481		5,00E-09
50	G172	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01005416		3,00E-08
50	G172	*Oryza sativa*	AC098572		3,00E-08
50	G172	*Lotus japonicus*	AP006142		5,00E-08
50	G172	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	AP006379		1,00E-06
50	G172	*Lycopersicon esculentum*	BH014401		9,00E-06
50	G172	*Zea mays*	CC690653		2,00E-05

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
50	G172	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP004784		4,00E-05
50	G172	*Sorghum bicolor*	BZ627051		6,00E-05
50	G172	*Brassica rapa*	gi30523366		5,60E-06
50	G172	*Brassica napus*	gi17933454		1,00E-05
50	G172	*Brassica oleracea* var. *capitata*	gi30523252		1,00E-05
50	G172	*Zea mays*	gi1076827		1,10E-05
50	G172	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi30313673		2,10E-05
50	G172	*Lolium perenne*	gi28630955		6,40E-05
50	G172	*Lolium temulentum*	gi4204234		6,40E-05
50	G172	*Oryza sativa*	gi15290141		7,10E-05
50	G172	*Raphanus sativus*	gi30523250		0,0001
50	G172	*Cucumis sativus*	gi8216957		0,00014
52	G173	*Brassica oleracea*	BZ519961		3,00E-20
52	G173	*Zea mays*	AX540653		8,00E-17
52	G173	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01022896		1,00E-07
52	G173	*Oryza sativa*	AC093312		5,00E-07
52	G173	*Medicago*	AC135316		3,00E-06

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		truncatula			
52	G173	*Glycine max*	AW508033		1,00E-05
52	G173	*Physcomitrella patens*	PPA419330		3,00E-05
52	G173	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005734		2,00E-04
52	G173	*Triticum aestivum*	BJ303010		7,00E-04
52	G173	*Lotus japonicus*	AG231874		0,001
52	G173	*Physcomitrella patens*	gi22474466		1,30E-08
52	G173	*Ipomoea batatas*	gi13448658		1,40E-08
52	G173	*Oryza sativa*	gi8096379		1,90E-08
52	G173	*Magnolia praecocissima*	gi16549058		1,40E-06
52	G173	*Sinapis alba*	gi1617211		1,90E-06
52	G173	*Gnetum gnemon*	gi27151621		1,90E-06
52	G173	*Physcomitrella patens* subesp. *patens*	gi22090622		3,00E-06
52	G173	*Cichorium intybus*	gi3986689		3,30E-06
52	G173	*Nicotiana sylvestris*	gi5070144		4,70E-06
52	G173	*Papaver nudicaule*	gi3170500		4,70E-06
53	G200	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER46239_2	741	
53	G200	*Oryza sativa*	1945280	742	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
53	G200	*Oryza sativa*	OSC1073,C1,p11,fg	743	
53	G200	*Oryza sativa*	rsicem_4884,y1,abd	744	
53	G200	*Zea mays*	LIB4980-049-R1-K1-C12	745	
53	G200	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER286_1	746	
53	G200	*Oryza sativa*	Os_S60479	1567	
53	G200	*Medicago truncatula*	Mtr_S5340749	1691	
53	G200	*Zea mays*	Zm_S11327053	1765	
53	G200	*Zea mays*	Zm_S11454145	1766	
53	G200	*Zea mays*	Zm_S11529138	1767	
53	G200	*Zea mays*	Zm_S11529143	1768	
53	G200	*Zea mays*	Zm_S11529165	1769	
53	G200	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-57276	1953	
53	G200	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-385670	1954	
54	G200	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU876112		8,00E-79
54	G200	*Beta vulgaris*	BQ587622		8,00E-73
54	G200	*Gossypium arboreum*	BG441590		6,00E-70
54	G200	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK061437		1,00E-68
54	G200	*Oryza sativa*	OSMYB1308		1,00E-68
54	G200	*Poncirus*	CD576612		3,00E-68

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		trifoliata			
54	G200	*Nuphar advena*	CD474802		2,00E-66
54	G200	*Brassica oleracea*	BH976962		4,00E-66
54	G200	*Lycopersicon esculentum*	LETHM6		5,00E-65
54	G200	*Zea mays*	AY107969		5,00E-65
54	G200	*Oryza sativa*	gi1945281		5,80E-68
54	G200	*Antirrhinum majus*	gi256828		6,00E-62
54	G200	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi33087065		7,50E-62
54	G200	*Lycopersicon esculentum*	gi1430848		1,00E-59
54	G200	*Zea mays*	gi19072744		8,40E-56
54	G200	*Dendrobium sp. XMW-2002-1*	gi28628947		1,60E-53
54	G200	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	gi30024598		5,90E-50
54	G200	*Petunia x hybrida*	gi20561		1,20E-49
54	G200	*Nicotiana tabacum*	gi6552389		2,40E-49
54	G200	*Glycine max*	gi5139802		8,60E-47
56	G224	*Brassica oleracea*	BH442040		2,00E-38
56	G224	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01016190		4,00E-08

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
56	G224	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005575		5,00E-08
56	G224	*Lotus japonicus*	AP004985		9,00E-07
56	G224	*Medicago truncatula*	AC135101		2,00E-06
56	G224	*Prunus persica*	BU040633		6,00E-06
56	G224	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BQ791286		2,00E-05
56	G224	*Oryza sativa*	OSJN00182		2,00E-05
56	G224	*Brassica napus*	CD832269		2,00E-05
56	G224	*Vitis vinifera*	CB345908		5,00E-05
56	G224	*Oryza sativa*	gi8096405		1,40E-06
56	G224	*Antirrhinum hispanicum*	gi13161528		3,60E-06
56	G224	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31433564		8,80E-06
56	G224	*Prunus mume*	gi29420809		0,0019
56	G224	*Prunus dulcis*	gi28866899		0,014
56	G224	*Lycopersicon esculentum*	gi9858770		0,91
56	G224	*Daucus carota*	gi20066308		0,99
56	G224	*Lotus japonicus*	gi28624856		1
58	G244	*Brassica oleracea*	BH667251		1,00E-120
58	G244	*Oryza sativa*	AX755614		5,00E-88
58	G244	*Hordeum*	BI959020		6,00E-88

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		vulgare			
58	G244	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01009672		7,00E-79
58	G244	*Sorghum bicolor*	AF474126		6,00E-69
58	G244	*Vitis vinifera*	CB971781		8,00E-68
58	G244	*Lycopersicon esculentum*	AW624307		3,00E-54
58	G244	*Solanum tuberosum*	BG592600		3,00E-53
58	G244	*Mesembryanthemum crystallinum*	BG269414		1,00E-52
58	G244	*Populus x canescens*	AY129246		2,00E-52
58	G244	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32487951		2,60E-90
58	G244	*Sorghum bicolor*	gi19073322		7,20E-66
58	G244	*Oryza sativa*	gi1946267		1,20E-55
58	G244	*Populus x canescens*	gi22795039		3,40E-52
58	G244	*Gossypium hirsutum*	gi13346188		4,30E-52
58	G244	*Antirrhinum majus*	gi485867		3,20E-51
58	G244	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	gi30024600		8,00E-51
58	G244	*Petunia x*	gi20563		1,70E-50

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		hybrida			
58	G244	*Zea mays*	gi127582		3,50E-50
58	G244	*Boea crassifolia*	gi30575840		5,70E-50
60	G246	*Lycopersicon esculentum*	AW624217		3,00E-36
60	G246	*Brassica napus*	CD841933		1,00E-35
60	G246	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK107461		1,00E-34
60	G246	*Solanum tuberosum*	BQ514458		2,00E-34
60	G246	*Oryza sativa*	AX699697		2,00E-33
60	G246	*Physcomitrella patens*	AX288143		6,00E-33
60	G246	*Medicago truncatula*	BQ165917		3,00E-32
60	G246	*Zinnia elegans*	AU287803		4,00E-32
60	G246	*Citrus sinensis*	BQ623005		5,00E-32
60	G246	*Populus tremula x Populus tremuloides*	POP567345		1,00E-31
60	G246	*Oryza sativa*	gi6539552		1,50E-35
60	G246	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi31980093		8,30E-33
60	G246	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21321780		3,60E-32

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
60	G246	*Solanum tuberosum*	gi9954112		1,00E-25
60	G246	*Nicotiana tabacum*	gi27529846		2,20E-25
60	G246	*Papaver rhoeas*	gi7230673		1,10E-22
60	G246	*Physcomitrella patens*	gi8745321		1,30E-22
60	G246	*Adiantum raddianum*	gi7677136		3,30E-22
60	G246	*Hordeum vulgare*	gi8745325		1,80E-21
60	G246	*Secale cereale*	gi7677132		3,80E-21
62	G253	*Brassica napus*	CD841933		3,00E-26
62	G253	*Lycopersicon esculentum*	AW624217		3,00E-26
62	G253	*Solanum tuberosum*	BQ514458		2,00E-25
62	G253	*Medicago truncatula*	BQ165917		4,00E-25
62	G253	*Citrus sinensis*	BQ623005		6,00E-25
62	G253	*Triticum aestivum*	BQ838360		2,00E-24
62	G253	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK107461		2,00E-24
62	G253	*Physcomitrella patens*	AX288143		4,00E-24
62	G253	*Zinnia elegans*	AU287803		8,00E-24
62	G253	*Papaver rhoeas*	AF236059		2,00E-23
62	G253	*Oryza sativa* (grupo do	gi21321780		1,50E-28

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		cultivar *japonica*)			
62	G253	*Oryza sativa*	gi6979341		7,10E-27
62	G253	*Papaver rhoeas*	gi7230673		3,20E-24
62	G253	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi31980093		4,10E-24
62	G253	*Adiantum raddianum*	gi7677136		9,70E-23
62	G253	*Solanum tuberosum*	gi9954114		1,10E-22
62	G253	*Nicotiana tabacum*	gi16326137		2,40E-22
62	G253	*Physcomitrella patens*	gi8745321		2,00E-21
62	G253	*Craterostigma plantagineum*	gi1002800		7,80E-21
62	G253	*Hordeum vulgare*	gi8745325		1,00E-20
64	G268	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK070193		1,0e-999
64	G268	*Zea mays*	AY104480		1,00E-146
64	G268	*Oryza sativa*	AX654858		1,00E-125
64	G268	*Malus domestica*	AF220204		1,00E-116
64	G268	*Glycine max*	CA785038		1,00E-112
64	G268	*Solanum tuberosum*	BM406566		1,00E-111
64	G268	*Lactuca sativa*	BQ863563		1,00E-101
64	G268	*Lycopersicon*	BI936015		1,00E-101

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		esculentum			
64	G268	*Medicago truncatula*	BE203572		1,00E-100
64	G268	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB621547		1,00E-100
64	G268	*Oryza sativa*	gi15408875		4,90E-250
64	G268	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20160625		4,90E-250
64	G268	*Malus x domestica*	gi6752888		2,40E-113
64	G268	*Narcissus pseudonarcissus*	gi18419598		8,90E-52
64	G268	*Pinus pinaster*	gi20218829		1,70E-09
64	G268	*Nicotiana alata*	gi1247388		0,00015
64	G268	*Bromheadia finlaysoniana*	gi2108256		0,00025
64	G268	*Lycopersicon esculentum*	gi1345539		0,00031
64	G268	*Antirrhinum majus*	gi16029		0,00064
64	G268	*Volvox carteri*	gi21992		0,0024
66	G287	*Vicia faba*	VFPTF2		5,00E-99
66	G287	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK069464		1,00E-80
66	G287	*Brassica oleracea*	BZ074994		6,00E-63

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
66	G287	*Lactuca sativa*	BQ869065		1,00E-61
66	G287	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB620939		1,00E-58
66	G287	*Amborella trichopoda*	CD482217		2,00E-52
66	G287	*Solanum tuberosum*	BG599712		1,00E-40
66	G287	*Medicago truncatula*	BG648535		2,00E-32
66	G287	*Triticum aestivum*	CD897359		1,00E-29
66	G287	*Oryza sativa*	AP002536		2,00E-14
66	G287	*Vicia faba*	gi2104683		5,80E-99
66	G287	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28301944		3,90E-09
66	G287	*Oryza sativa*	gi15451572		0,004
66	G287	*Lycopersicon esculentum*	gi13620220		0,47
66	G287	*Brassica nigra*	gi20148766		0,47
66	G287	*Nicotiana tabacum*	gi119714		0,57
66	G287	*Spermatozopsis similis*	gi4584086		0,75
66	G287	*Prunus armeniaca*	gi2688826		0,99
66	G287	*Petunia x hybrida*	gi21105740		1
68	G309	*Gossypium hirsutum*	AY208992		1,00E-180

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
68	G309	*Vitis vinifera*	AF378125		1,00E-176
68	G309	*Lycopersicon esculentum*	AY269087		1,00E-175
68	G309	*Brassica napus*	AX081276		1,00E-164
68	G309	*Zea mays*	ZMA242530		1,00E-158
68	G309	*Hordeum vulgare*	AF460219		1,00E-157
68	G309	*Triticum aestivum*	BD074479		1,00E-157
68	G309	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01015042		1,00E-137
68	G309	*Oryza sativa*	AC087797		1,00E-137
68	G309	*Zea mays* subesp. *mays*	AF413202		1,00E-137
68	G309	*Vitis vinifera*	gi20334379		2,10E-170
68	G309	*Calycadenia multiglandulosa*	gi20257451		1,10E-155
68	G309	*Brassica napus*	gi13170126		2,30E-155
68	G309	*Hordeum vulgare*	gi18254373		5,30E-153
68	G309	*Triticum aestivum*	gi5640157		1,10E-152
68	G309	*Carlquistia muirii*	gi20257447		1,20E-151
68	G309	*Argyroxiphium kauense*	gi20257461		1,50E-151
68	G309	*Madia sativa*	gi20257442		5,00E-151
68	G309	*Argyroxiphium sandwicense* subesp.	gi20257457		5,00E-151

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		macrocephalum			
68	G309	*Dubautia raillardioides*	gi20257473		1,30E-150
70	G314	*Lotus japonicus*	AP006085		7,00E-94
70	G314	*Medicago truncatula*	AC137703		1,00E-90
70	G314	*Oryza sativa*	AP003823		8,00E-82
70	G314	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000614		8,00E-82
70	G314	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005149		8,00E-82
70	G314	*Brassica oleracea*	BZ432637		1,00E-72
70	G314	*Solanum tuberosum*	BF052580		1,00E-47
70	G314	*Lycopersicon esculentum*	BG123921		2,00E-47
70	G314	*Glycine max*	BH152995		2,00E-35
70	G314	*Zea mays*	CC732802		4,00E-22
70	G314	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28564823		7,40E-80
70	G314	*Oryza sativa*	gi14719333		1,30E-26
70	G314	*Lycopersicon esculentum*	gi13620224		1,60E-25
70	G314	*Brassica napus*	gi13170126		2,00E-19
70	G314	*Zea mays* subesp. *mays*	gi15866286		7,40E-18

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
71	G319	*Oryza sativa*	Os_S76767	1568	
71	G319	*Zea mays*	Zm_S11428226	1770	
71	G319	*Triticum aestivum*	Ta_S281561	1839	
71	G319	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50683	1955	
72	G319	*Brassica oleracea*	BZ004068		4,00E-37
72	G319	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK098865		3,00E-14
72	G319	*Oryza minuta*	CB211383		3,00E-14
72	G319	*Oryza sativa*	AB001888		6,00E-14
72	G319	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CA763406		8,00E-14
72	G319	*Triticum aestivum*	AX658811		8,00E-14
72	G319	*Sorghum bicolor*	CD208331		1,00E-13
72	G319	*Zea mays*	CD650991		2,00E-13
72	G319	*Glycine max*	BE058171		4,00E-13
72	G319	*Beta vulgaris*	BQ589272		7,00E-13
72	G319	*Oryza sativa*	gi3618320		1,40E-17
72	G319	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi23589949		1,90E-11
72	G319	*Malus x domestica*	gi4091804		2,20E-10
72	G319	*Brassica nigra*	gi22854920		5,80E-10

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
72	G319	*Hordeum vulgare*	gi21667475		1,90E-09
72	G319	*Raphanus sativus*	gi3341723		4,90E-09
72	G319	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi21655156		8,70E-09
72	G319	*Brassica napus*	gi30984027		1,30E-08
72	G319	*Pinus radiata*	gi4557093		4,10E-08
72	G319	*Ipomoea nil*	gi10946337		4,80E-08
74	G324	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK068618		1,00E-157
74	G324	*Oryza sativa*	AP004141		9,00E-95
74	G324	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001748		2,00E-94
74	G324	*Brassica oleracea*	BH487952		2,00E-91
74	G324	*Brassica napus*	CD837146		5,00E-89
74	G324	*Lycopersicon esculentum*	AW979372		5,00E-87
74	G324	*Phaseolus coccineus*	CA906556		1,00E-72
74	G324	*Medicago truncatula*	CB892723		3,00E-71
74	G324	*Solanum tuberosum*	BG889245		4,00E-70
74	G324	*Triticum aestivum*	BJ245931		1,00E-69

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
74	G324	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21742100		2,20E-06
74	G324	*Populus x canescens*	gi22795037		0,00055
74	G324	*Oryza sativa*	gi15289911		0,0058
74	G324	*Rosa hybrid cultivar*	gi15029364		0,084
74	G324	*Ipomoea nil*	gi11127996		0,087
74	G324	*Oryza sativa* subesp. *japonica*	gi7592844		0,088
74	G324	*Lycopersicon esculentum*	gi4090943		0,17
74	G324	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi27357054		0,18
74	G324	*Brassica oleracea*	gi1418353		0,22
74	G324	*Zea diploperennis*	gi1076786		0,25
76	G344	*Brassica oleracea*	BZ490921		2,00E-42
76	G344	*Medicago truncatula*	BE124805		3,00E-40
76	G344	*Lactuca sativa*	BQ865907		2,00E-37
76	G344	*Vitis vinifera*	BQ800135		5,00E-36
76	G344	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU836743		4,00E-33
76	G344	*Glycine max*	BI470689		9,00E-33

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
76	G344	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU876397		1,00E-30
76	G344	*Lycopersicon esculentum*	AW030365		1,00E-29
76	G344	*Zea mays*	CC605963		1,00E-29
76	G344	*Helianthus annuus*	CD855694		2,00E-29
76	G344	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488102		1,00E-38
76	G344	*Oryza sativa*	gi14165317		6,10E-35
76	G344	*Nicotiana tabacum*	gi12711287		1,70E-27
76	G344	*Nicotiana plumbaginifolia*	gi1076609		4,30E-20
76	G344	*Atropa belladonna*	gi14329812		0,93
76	G344	*Glycine max*	gi26522778		0,99
76	G344	*Ricinus communis*	gi112762		1
78	G351	*Brassica oleracea*	BH552655		2,00E-51
78	G351	*Brassica napus*	BQ704580		1,00E-47
78	G351	*Lotus japonicus*	AP004523		6,00E-43
78	G351	*Vitis aestivalis*	CB288865		6,00E-42
78	G351	*Datisca glomerata*	AF119050		1,00E-41

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
78	G351	*Petunia x hybrida*	PETZFP4		2,00E-39
78	G351	*Vitis vinifera*	BM437679		2,00E-38
78	G351	*Medicago sativa*	MSY18788		4,00E-38
78	G351	*Glycine max*	GMU68763		3,00E-37
78	G351	*Lycopersicon esculentum*	BI421491		3,00E-37
78	G351	*Petunia x hybrida*	gi439493		3,10E-41
78	G351	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28849865		3,00E-35
78	G351	*Datisca glomerata*	gi4666360		2,70E-34
78	G351	*Brassica rapa*	gi2058506		6,70E-32
78	G351	*Glycine max*	gi1763063		3,70E-30
78	G351	*Medicago sativa*	gi7228329		3,40E-27
78	G351	*Triticum aestivum*	gi485814		1,90E-25
78	G351	*Oryza sativa*	gi12698882		7,70E-25
78	G351	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		9,00E-20
78	G351	*Pisum sativum*	gi2129892		3,40E-14
79	G355	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER22443_1	747	
79	G355	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER22443_2	748	
79	G355	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER23033_1	749	
79	G355	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-	750	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
			CLUSTER32665_1		
79	G355	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER32665_2	751	
79	G355	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER69201_1	752	
79	G355	*Oryza sativa*	Os_S97951	1569	
79	G355	*Glycine max*	Gma_S5045942	1636	
79	G355	*Medicago truncatula*	Mtr_S5425959	1692	
79	G355	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-46187	1956	
79	G355	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-47520	1957	
79	G355	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-6966	1958	
80	G355	*Brassica oleracea*	BH566556		6,00E-59
80	G355	*Medicago truncatula*	AC125368		2,00E-36
80	G355	*Glycine max*	BI967719		4,00E-31
80	G355	*Petunia x hybrida*	AB006599		6,00E-31
80	G355	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU862641		5,00E-29
80	G355	*Lycopersicon esculentum*	BI422808		1,00E-28
80	G355	*Vitis vinifera*	CA818230		4,00E-28
80	G355	*Solanum tuberosum*	BQ121106		6,00E-27
80	G355	*Lotus japonicus*	AP006100		1,00E-24

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
80	G355	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa x Populus deltoides*	CB239372		2,00E-22
80	G355	*Petunia x hybrida*	gi2346974		6,50E-33
80	G355	*Pisum sativum*	gi2129892		1,20E-23
80	G355	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29124132		2,70E-20
80	G355	*Oryza sativa*	gi18652814		4,00E-17
80	G355	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		1,40E-15
80	G355	*Medicago sativa*	gi7228329		2,00E-15
80	G355	*Datisca glomerata*	gi4666360		2,90E-14
80	G355	*Triticum aestivum*	gi485814		8,60E-14
80	G355	*Glycine max*	gi1763063		2,10E-13
80	G355	*Brassica rapa*	gi2058504		1,10E-07
82	G366	*Brassica oleracea*	BZ046051		8,00E-40
82	G366	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005415		2,00E-10
82	G366	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000097		3,00E-10

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
82	G366	*Hordeum vulgare*	BI960158		4,00E-10
82	G366	*Lycopersicon esculentum*	AW035599		5,00E-10
82	G366	*Zea mays*	CC701812		5,00E-10
82	G366	*Medicago truncatula*	BI308410		8,00E-10
82	G366	*Vitis vinifera*	CB979728		1,00E-09
82	G366	*Glycine max*	CA784474		1,00E-09
82	G366	*Phaseolus coccineus*	CA902532		1,00E-09
82	G366	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29027767		6,20E-12
82	G366	*Sorghum bicolor*	gi18390109		5,40E-09
82	G366	*Oryza sativa*	gi15528588		1,20E-08
82	G366	*Petunia x hybrida*	gi2346978		2,70E-05
82	G366	*Zea ramosa*	gi18674684		0,012
82	G366	*Triticum aestivum*	gi485814		0,09
82	G366	*Brassica rapa*	gi2058504		0,27
82	G366	*Medicago sativa*	gi7228329		0,27
82	G366	*Glycine max*	gi1763063		0,35
82	G366	*Pisum sativum*	gi2129892		0,44
83	G370	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER166362_1	753	
83	G370	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER180202_	754	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
			1		
83	G370	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER726571_1	755	
83	G370	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER74662_1	756	
83	G370	*Glycine max*	uC-gmflminsoy032f06b1	757	
83	G370	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER173260_2	758	
83	G370	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER200967_1	759	
83	G370	*Oryza sativa*	OSC100895,C1,p14,fg	760	
83	G370	*Oryza sativa*	OSC23411,C1,p1,fg	761	
83	G370	*Oryza sativa*	OSC2409,C1,p2,fg	762	
83	G370	*Oryza sativa*	OSC25680,C1,p1,fg	763	
83	G370	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER436044_1	764	
83	G370	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER518126_1	765	
83	G370	*Oryza sativa*	Os_S111189	1570	
83	G370	*Glycine max*	Gma_S5146649	1637	
83	G370	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-54039	1959	
83	G370	*Lycopersicon*	SGN-UNIGENE-	1960	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		esculentum	54252		
83	G370	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-392715	1961	
84	G370	*Brassica oleracea*	BZ473777		1,00E-98
84	G370	*Vitis vinifera*	CD714231		5,00E-32
84	G370	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK068762		4,00E-31
84	G370	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01009505		6,00E-30
84	G370	*Lycopersicon esculentum*	BG123251		8,00E-30
84	G370	*Oryza sativa*	AC105732		4,00E-26
84	G370	*Gossypium arboreum*	BF272143		3,00E-25
84	G370	*Hordeum vulgare*	BF616974		8,00E-25
84	G370	*Sorghum bicolor*	BE357942		1,00E-23
84	G370	*Zea mays*	BH875187		4,00E-23
84	G370	*Sorghum bicolor*	gi18390109		6,80E-22
84	G370	*Oryza sativa*	gi15528588		1,10E-09
84	G370	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29027767		1,90E-07
84	G370	*Petunia x hybrida*	gi14275902		3,10E-05
84	G370	*Glycine max*	gi5524682		0,0016

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
84	G370	*Solanum tuberosum*	gi13161908		0,0016
84	G370	*Medicago sativa*	gi7228329		0,0072
84	G370	*Datisca glomerata*	gi4666360		0,018
84	G370	*Zea ramosa*	gi18674684		0,05
84	G370	*Petroselinum crispum*	gi9650824		0,15
85	G372	*Oryza sativa*	OSC5500,C1,p4,fg	766	
85	G372	*Oryza sativa*	OSC5501,C1,p10,fg	767	
86	G372	*Cucurbita pepo*	CD726821		1,00E-76
86	G372	*Brassica oleracea*	BH426533		5,00E-63
86	G372	*Medicago truncatula*	CB892663		6,00E-49
86	G372	*Glycine max*	CA800122		4,00E-48
86	G372	*Solanum tuberosum*	BG596951		4,00E-45
86	G372	*Lactuca sativa*	BQ853373		1,00E-38
86	G372	*Prunus persica*	BU040110		8,00E-38
86	G372	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BI120429		3,00E-36
86	G372	*Lotus japonicus*	AV411356		4,00E-36
86	G372	*Helianthus annuus*	BU025620		2,00E-35
86	G372	*Oryza sativa* (grupo do	gi28564640		3,30E-25

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		cultivar *japonica*)			
86	G372	*Oryza sativa*	gi15289911		6,80E-21
86	G372	*Populus x canescens*	gi22795037		6,50E-19
86	G372	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi27357054		0,00023
86	G372	*Triticum aestivum*	gi32400766		0,00056
86	G372	*Cicer arietinum*	gi10334499		0,0007
86	G372	*Ipomoea nil*	gi11127996		0,0015
86	G372	*Rosa hybrid cultivar*	gi15029364		0,0015
86	G372	*Arabis gemmifera*	gi22775495		0,0023
86	G372	*Pinus pinaster*	gi18129286		0,0041
88	G374	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK069434		1,0e-999
88	G374	*Zea mays*	AY109632		1,00E-176
88	G374	*Brassica napus*	CD831794		1,00E-108
88	G374	*Lactuca sativa*	BQ852311		1,00E-103
88	G374	*Helianthus annuus*	BQ968130		1,00E-97
88	G374	*Medicago truncatula*	BG646959		2,00E-90
88	G374	*Solanum tuberosum*	BI177742		3,00E-90
88	G374	*Lycopersicon esculentum*	BG128229		9,00E-84

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
88	G374	*Hordeum vulgare*	BG344938		2,00E-79
88	G374	*Beta vulgaris*	BQ592292		5,00E-77
88	G374	*Viola cornuta*	gi31540598		0,42
88	G374	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29371983		0,83
90	G380	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK071468		1,00E-63
90	G380	*Oryza sativa*	AX652813		2,00E-62
90	G380	*Medicago truncatula*	BG581311		2,00E-60
90	G380	*Solanum tuberosum*	BG592404		7,00E-58
90	G380	*Lycopersicon esculentum*	AW625867		1,00E-56
90	G380	*Lactuca sativa*	BQ993132		4,00E-54
90	G380	*Gossypium arboreum*	BQ411449		8,00E-54
90	G380	*Ipomoea nil*	BJ578890		2,00E-53
90	G380	*Glycine max*	BM143561		8,00E-51
90	G380	*Brassica napus*	CD827948		4,00E-49
90	G380	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21740878		5,50E-60
90	G380	*Pisum sativum*	gi4240031		1,20E-33
90	G380	*Glycine max*	gi1076498		1,40E-30
90	G380	*Oryza sativa*	gi8570055		1,10E-25
90	G380	*Lotus*	gi1086225		2,30E-25

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		japonicus			
90	G380	*Cicer arietinum*	gi10334499		5,00E-16
90	G380	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi29164825		1,40E-10
90	G380	*Thellungiella halophila*	gi20340241		3,30E-08
90	G380	*Triticum aestivum*	gi32400766		1,40E-06
90	G380	*Zea mays*	gi21645888		0,00012
92	G386	*Picea abies*	AF328842		1,0e-999
92	G386	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AB101648		1,0e-999
92	G386	*Oryza sativa*	AX658854		1,0e-999
92	G386	*Zea mays*	ZMA17898		1,0e-999
92	G386	*Malus domestica*	AF067961		1,0e-999
92	G386	*Phalaenopsis sp. SM9108*	PSU34743		1,0e-999
92	G386	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01007245		1,0e-999
92	G386	*Gossypium hirsutum*	AF530913		1,00E-179
92	G386	*Helianthus annuus*	HNNHAHR		1,00E-145
92	G386	*Sorghum bicolor*	AF466200		1,00E-142
92	G386	*Picea abies*	gi19070143		1,20E-253

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
92	G386	*Zea mays*	gi5531484		3,60E-240
92	G386	*Malus x domestica*	gi3925363		2,40E-232
92	G386	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32482878		1,00E-218
92	G386	*Phalaenopsis sp. SM9108*	gi1173622		1,20E-210
92	G386	*Phalaenopsis sp.*	gi2147484		1,20E-210
92	G386	*Oryza sativa*	gi19072102		3,70E-197
92	G386	*Sorghum bicolor*	gi18481701		5,00E-177
92	G386	*Gossypium hirsutum*	gi22475195		5,20E-159
92	G386	*Helianthus annuus*	gi1208940		7,30E-121
94	G416	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK098855		1,00E-83
94	G416	*Vitis vinifera*	CB341898		2,00E-72
94	G416	*Zea mays*	ZMHOX2AGN		3,00E-64
94	G416	*Hedyotis terminalis*	CB076461		5,00E-62
94	G416	*Petroselinum crispum*	PUMPRHPA		5,00E-55
94	G416	*Oryza sativa*	CA753304		7,00E-54
94	G416	*Hordeum vulgare*	BG365916		8,00E-52
94	G416	*Sorghum propinquum*	BF704605		4,00E-48

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
94	G416	*Glycine max*	BM086637		3,00E-47
94	G416	*Lotus japonicus*	AP004517		2,00E-44
94	G416	*Zea mays*	gi1170434		1,30E-78
94	G416	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi22830607		1,40E-66
94	G416	*Petroselinum crispum*	gi1346791		1,10E-59
94	G416	*Nicotiana tabacum*	gi8096269		3,70E-08
94	G416	*Lycopersicon esculentum*	gi9858781		2,70E-05
94	G416	*Oryza sativa*	gi25172773		4,30E-05
94	G416	*Cicer arietinum*	gi3129939		5,90E-05
94	G416	*Medicago sativa*	gi1279563		8,10E-05
94	G416	*Cucurbita maxima*	gi17221648		9,00E-05
94	G416	*Raphanus sativus*	gi9049359		0,00024
96	G434	*Zea mays*	ZMA17898		1,00E-126
96	G434	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AB101648		1,00E-125
96	G434	*Oryza sativa*	AX658854		1,00E-124
96	G434	*Picea abies*	AF328842		1,00E-122
96	G434	*Phalaenopsis sp. SM9108*	PSU34743		1,00E-117
96	G434	*Malus*	AF067961		1,00E-111

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		domestica			
96	G434	*Gossypium hirsutum*	AF530913		1,00E-103
96	G434	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01007245		1,00E-96
96	G434	*Helianthus annuus*	HNNHAHR		4,00E-82
96	G434	*Gossypium arboreum*	BG444723		7,00E-61
96	G434	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31339103		1,90E-123
96	G434	*Zea mays*	gi5531484		1,70E-122
96	G434	*Oryza sativa*	gi19072102		6,70E-115
96	G434	*Phalaenopsis sp. SM9108*	gi1173622		1,80E-114
96	G434	*Phalaenopsis sp.*	gi2147484		1,80E-114
96	G434	*Malus x domestica*	gi3925363		1,10E-110
96	G434	*Picea abies*	gi12002853		1,40E-110
96	G434	*Gossypium hirsutum*	gi22475195		2,90E-101
96	G434	*Sorghum bicolor*	gi18481701		6,50E-100
96	G434	*Helianthus annuus*	gi1208940		5,40E-77
97	G438	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER24488_2	768	
97	G438	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER26184_1	769	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
97	G438	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER26184_2	770	
97	G438	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER26184_4	771	
97	G438	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER501573_1	772	
97	G438	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER5380_1	773	
97	G438	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER5380_2	774	
97	G438	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER75018_1	775	
97	G438	*Glycine max*	LIB4164-014-Q1-K1-A6	776	
97	G438	*Glycine max*	LIB4390-042-R1-K2-D5	777	
97	G438	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER146698_1	778	
97	G438	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER146698_2	779	
97	G438	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER270598_1	780	
97	G438	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER42938_1	781	
97	G438	*Oryza sativa*	OSC14111,C1,p2,fg	782	
97	G438	*Oryza sativa*	OSC18647,C1,p19,fg	783	
97	G438	*Oryza sativa*	OSC19346,C1,p14,fg	784	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
97	G438	*Oryza sativa*	OSC19540,C1,p1,fg	785	
97	G438	*Oryza sativa*	rsicek_3640,y1,abd	786	
97	G438	*Oryza sativa*	rsicek_9941,y1,abd	787	
97	G438	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER301_638	788	
97	G438	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER301_668	789	
97	G438	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER47950_1	790	
97	G438	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER495_335	791	
97	G438	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER495_404	792	
97	G438	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER495_514	793	
97	G438	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER745568_1	794	
97	G438	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER83671_1	795	
97	G438	*Zea mays*	uC-zmflteosinte083g09b1	796	
97	G438	*Zea mays*	uC-zmrob73075f05b1	797	
97	G438	*Oryza sativa*	Os_S120953	1571	
97	G438	*Oryza sativa*	Os_S19524	1572	
97	G438	*Oryza sativa*	Os_S23391	1573	
97	G438	*Oryza sativa*	Os_S42908	1574	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
97	G438	*Glycine max*	Gma_S4876016	1638	
97	G438	*Glycine max*	Gma_S4999094	1639	
97	G438	*Glycine max*	Gma_S5075763	1640	
97	G438	*Medicago truncatula*	Mtr_S5308980	1693	
97	G438	*Medicago truncatula*	Mtr_S5411708	1694	
97	G438	*Hordeum vulgare*	Hv_S197562	1722	
97	G438	*Hordeum vulgare*	Hv_S224721	1723	
97	G438	*Hordeum vulgare*	Hv_S69222	1724	
97	G438	*Zea mays*	Zm_S11477054	1771	
97	G438	*Zea mays*	Zm_S11521524	1772	
97	G438	*Zea mays*	Zm_S11522470	1773	
97	G438	*Zea mays*	Zm_S11523253	1774	
97	G438	*Zea mays*	Zm_S11526859	1775	
97	G438	*Triticum aestivum*	Ta_S130807	1840	
97	G438	*Triticum aestivum*	Ta_S131992	1841	
97	G438	*Triticum aestivum*	Ta_S132089	1842	
97	G438	*Triticum aestivum*	Ta_S25579	1843	
97	G438	*Triticum aestivum*	Ta_S50749	1844	
97	G438	*Triticum aestivum*	Ta_S6425	1845	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	Les_S5289520	1927	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50207	1962	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50208	1963	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50279	1964	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50602	1965	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50986	1966	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-52670	1967	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-53069	1968	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-54002	1969	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-54245	1970	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-58239	1971	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-58887	1972	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-333165	1973	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-333872	1974	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-340997	1975	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-388971	1976	
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-401049	1977	
97	G438	*Lycopersicon*	SGN-UNIGENE-	1978	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		esculentum	SINGLET-451497		
97	G438	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-452871	1979	
98	G438	*Zinnia elegans*	ZEL312053		1,0e-999
98	G438	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK102830		1,0e-999
98	G438	*Physcomitrella patens*	AB032182		1,0e-999
98	G438	*Zea mays*	AY105765		1,0e-999
98	G438	*Oryza sativa*	AX699680		1,0e-999
98	G438	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01006159		1,00E-165
98	G438	*Medicago truncatula*	CB894606		1,00E-128
98	G438	*Lactuca sativa*	BU002601		1,00E-120
98	G438	*Poncirus trifoliata*	CD574584		1,00E-113
98	G438	*Mesembryanthemum crystallinum*	BE035416		1,00E-106
98	G438	*Zinnia elegans*	gi18076736		1,0e-999
98	G438	*Oryza sativa*	gi13384370		1,0e-999
98	G438	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31432701		1,0e-999
98	G438	*Physcomitrella patens*	gi7209912		6,00E-238
98	G438	*Ceratopteris richardii*	gi3868829		4,20E-35

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
98	G438	*Sorghum bicolor*	gi18481701		5,00E-21
98	G438	*Phalaenopsis sp. SM9108*	gi1173622		1,00E-20
98	G438	*Phalaenopsis sp.*	gi2147484		1,00E-20
98	G438	*Picea abies*	gi12002853		1,80E-20
98	G438	*Zea mays*	gi8920427		4,00E-20
100	G446	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK103312		1,0e-999
100	G446	*Oryza sativa*	AX654320		1,00E-168
100	G446	*Mangifera indica*	AY255705		1,00E-116
100	G446	*Medicago truncatula*	CB894037		1,00E-114
100	G446	*Prunus persica*	AF467900		1,00E-102
100	G446	*Zea mays*	AY105215		9,00E-99
100	G446	*Beta vulgaris*	BQ594500		6,00E-87
100	G446	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	AI166599		8,00E-84
100	G446	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB631221		8,00E-81
100	G446	*Pinus pinaster*	BX250119		1,00E-80
100	G446	*Prunus persica*	gi27450533		2,70E-277
100	G446	*Oryza sativa*	gi19352037		4,80E-203
100	G446	*Oryza sativa* (grupo do	gi32489051		5,70E-198

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		cultivar *japonica*)			
100	G446	*Mangifera indica*	gi30027167		5,50E-121
100	G446	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi26251300		2,50E-115
100	G446	*Mirabilis jalapa*	gi23343944		5,10E-20
100	G446	*Marchantia polymorpha*	gi25272004		7,40E-11
100	G446	*Pisum sativum*	gi871511		1,90E-06
100	G446	*Lycopersicon esculentum*	gi1217664		8,30E-06
100	G446	*Zea mays*	gi18697008		9,10E-06
102	G468	*Populus tremula x Populus tremuloides*	PTR306827		1,00E-37
102	G468	*Glycine max*	BU965031		4,00E-33
102	G468	*Medicago truncatula*	BF649039		9,00E-26
102	G468	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK103865		4,00E-25
102	G468	*Hordeum vulgare*	BG301068		2,00E-19
102	G468	*Triticum aestivum*	BJ228821		5,00E-19
102	G468	*Zea mays*	BF727992		7,00E-18
102	G468	*Helianthus annuus*	BU018212		1,00E-17

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
102	G468	*Lycopersicon esculentum*	BI209073		3,00E-17
102	G468	*Cycas rumphii*	CB089859		3,00E-17
102	G468	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi20269055		4,70E-39
102	G468	*Oryza sativa*	gi8096369		7,90E-26
102	G468	*Triticum aestivum*	gi32400272		2,70E-20
102	G468	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi30962267		3,40E-20
102	G468	*Vitis vinifera*	gi29465672		6,20E-20
102	G468	*Glycine max*	gi2388689		8,10E-20
102	G468	*Cucumis sativus*	gi6136832		1,50E-19
102	G468	*Pinus taeda*	gi32396293		3,80E-19
102	G468	*Mirabilis jalapa*	gi23343936		1,00E-18
102	G468	*Pisum sativum*	gi1352057		1,70E-18
104	G478	*Brassica napus*	CD839423		1,00E-81
104	G478	*Antirrhinum majus*	AMA011621		5,00E-75
104	G478	*Poncirus trifoliata*	CD574568		1,00E-66
104	G478	*Brassica oleracea*	BH693623		2,00E-58
104	G478	*Capsicum annuum*	CA516164		7,00E-56
104	G478	*Glycine max*	AI443033		2,00E-48
104	G478	*Medicago*	BQ146536		4,00E-46

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		truncatula			
104	G478	*Lycopersicon esculentum*	BI933324		3,00E-45
104	G478	*Zea mays*	ZMA011617		7,00E-44
104	G478	*Hedyotis terminalis*	CB078220		3,00E-37
104	G478	*Antirrhinum majus*	gi25458128		7,40E-64
104	G478	*Zea mays*	gi5931784		2,30E-44
104	G478	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488855		3,80E-37
104	G478	*Betula pendula*	gi30577628		3,00E-28
104	G478	*Oryza sativa*	gi8468036		4,00E-24
104	G478	*Mitochondrion Beta vulgaris* var. *altissima*	gi9087308		8,10E-13
104	G478	*Lycopersicon esculentum*	gi7489001		0,00037
104	G478	*Solanum tuberosum*	gi13161908		0,12
104	G478	*Glycine max*	gi5524682		0,15
104	G478	*Triticum aestivum*	gi4101568		0,67
105	G485	*Oryza sativa*	G3394	2135	2,00E-50
105	G485	*Oryza sativa*	G3395	2137	3,00E-46
105	G485	*Oryza sativa*	G3396	2139	2,00E-42
105	G485	*Oryza sativa*	G3397	2141	1,00E-55
105	G485	*Oryza sativa*	G3398	2143	3,00E-60
105	G485	*Oryza sativa*	G3429	2145	3,00E-18
105	G485	*Zea mays*	G3434	2149	1,00E-49

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
105	G485	*Zea mays*	G3435	2151	1,00E-57
105	G485	*Zea mays*	G3436	2153	9,00E-60
105	G485	*Zea mays*	G3437	2155	3,00E-53
105	G485	*Glycine max*	G3470	2171	7,00E-46
105	G485	*Glycine max*	G3471	2173	1,00E-46
105	G485	*Glycine max*	G3472	2175	3,00E-57
105	G485	*Glycine max*	G3473	2177	2,00E-53
105	G485	*Glycine max*	G3474	2179	5,00E-58
105	G485	*Glycine max*	G3475	2181	5,00E-56
105	G485	*Glycine max*	G3476	2183	9,00E-57
105	G485	*Glycine max*	G3477	2185	7,00E-46
105	G485	*Glycine max*	G3478	2187	3,00E-56
105	G485	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER24839_1	798	
105	G485	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER31103_1	799	
105	G485	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER33504_1	800	
105	G485	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER33504_3	801	
105	G485	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER33504_4	802	
105	G485	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER33504_5	803	
105	G485	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER33504_6	804	
105	G485	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER4778_1	805	
105	G485	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER4778_3	806	
105	G485	*Oryza sativa*	OSC12630,C1,p5	807	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
			,fg		
105	G485	*Oryza sativa*	OSC1404,C1,p3,fg	808	
105	G485	*Oryza sativa*	OSC30077,C1,p6,fg	809	
105	G485	*Oryza sativa*	OSC512,C1,p2,fg	810	
105	G485	*Oryza sativa*	OSC5489,C1,p2,fg	811	
105	G485	*Oryza sativa*	sicef_0681,z1,abd	812	
105	G485	*Zea mays*	LIB3732-044-Q6-K6-C4	813	
105	G485	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER719_1	814	
105	G485	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER719_10	815	
105	G485	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER719_2	816	
105	G485	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER719_3	817	
105	G485	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER719_4	818	
105	G485	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER719_5	819	
105	G485	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER90408_1	820	
105	G485	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER90408_2	821	
105	G485	*Glycine max*	Gma_S4904793	1641	
105	G485	*Hordeum vulgare*	Hv_S138973	1725	
105	G485	*Hordeum*	Hv_S17617	1726	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		vulgare			
105	G485	*Zea mays*	Zm_S11418173	1776	
105	G485	*Zea mays*	Zm_S11434692	1777	
105	G485	*Zea mays*	Zm_S11509886	1778	
105	G485	*Triticum aestivum*	Ta_S198814	1846	
105	G485	*Triticum aestivum*	Ta_S45374	1847	
105	G485	*Triticum aestivum*	Ta_S50443	1848	
105	G485	*Triticum aestivum*	Ta_S93629	1849	
105	G485	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-46859	1980	
105	G485	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-47447	1981	
106	G485	*Poncirus trifoliata*	CD574709		9,00E-62
106	G485	*Solanum tuberosum*	BQ505706		4,00E-60
106	G485	*Lactuca sativa*	BQ996905		2,00E-58
106	G485	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01003638		3,00E-57
106	G485	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005193		3,00E-57
106	G485	*Beta vulgaris*	BQ592365		9,00E-57
106	G485	*Zea mays*	CD438068		9,00E-57
106	G485	*Physcomitrella patens*	AX288144		3,00E-56

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
106	G485	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU880488		1,00E-55
106	G485	*Glycine max*	AX584277		6,00E-55
106	G485	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi30409461		4,60E-48
106	G485	*Zea mays*	gi115840		9,50E-48
106	G485	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi30349365		1,10E-39
106	G485	*Oryza sativa*	gi15408794		1,60E-38
106	G485	*Phaseolus coccineus*	gi22536010		2,90E-37
106	G485	*Gossypium barbadense*	gi28274147		6,30E-35
106	G485	*Vernonia galamensis*	gi16902054		2,70E-34
106	G485	*Glycine max*	gi16902050		1,20E-33
106	G485	*Argemone mexicana*	gi16902056		1,10E-32
106	G485	*Triticum aestivum*	gi16902058		2,90E-30
108	G521	*Brassica oleracea*	BH662589		2,00E-78
108	G521	*Prunus persica*	BU044475		3,00E-71
108	G521	*Petunia x hybrida*	AF509865		2,00E-67
108	G521	*Brassica napus*	CD828428		3,00E-67
108	G521	*Medicago*	AF254124		1,00E-66

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		truncatula			
108	G521	*Hordeum vulgare* subesp. *spontaneum*	BJ481205		3,00E-65
108	G521	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK068153		5,00E-65
108	G521	*Hordeum vulgare*	BQ469035		1,00E-63
108	G521	*Oryza sativa*	AX654724		3,00E-63
108	G521	*Sorghum propinquum*	BG241938		7,00E-62
108	G521	*Petunia x hybrida*	gi21105732		7,20E-66
108	G521	*Medicago truncatula*	gi7716952		6,50E-65
108	G521	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi27452910		1,70E-48
108	G521	*Oryza sativa*	gi6730946		4,10E-40
108	G521	*Glycine max*	gi22597158		1,10E-37
108	G521	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		4,80E-37
108	G521	*Brassica napus*	gi31322572		1,00E-36
108	G521	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		4,30E-36
108	G521	*Solanum tuberosum*	gi14485513		5,50E-36
108	G521	*Triticum sp.*	gi4218535		1,90E-33
110	G549	*Brassica oleracea*	BOBOFHA		1,0e-999

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
110	G549	*Lycopersicon esculentum*	AF197934		1,00E-152
110	G549	*Petunia x hybrida*	AF030171		1,00E-150
110	G549	*Antirrhinum majus* subesp. *majus*	AMAFLO		1,00E-146
110	G549	*Pisum sativum*	AF010190		1,00E-145
110	G549	*Eschscholzia californica* subesp. *californica*	AY188789		1,00E-144
110	G549	*Cucumis sativus*	AF059320		1,00E-143
110	G549	*Malus x domestica*	AB056159		1,00E-139
110	G549	*Salix discolor*	AY230817		1,00E-138
110	G549	*Acacia mangium*	AY229890		1,00E-137
110	G549	*Brassica oleracea*	gi22755		3,40E-201
110	G549	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	gi487029		3,40E-201
110	G549	*Jonopsidium acaule*	gi6003582		1,30E-192
110	G549	*Nicotiana tabacum*	gi561688		1,30E-144
110	G549	*Lycopersicon esculentum*	gi7658233		2,80E-144
110	G549	*Petunia x hybrida*	gi2625050		8,40E-143
110	G549	*Antirrhinum majus*	gi100482		1,30E-137

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
110	G549	*Antirrhinum majus* subesp. *majus*	gi166430		1,30E-137
110	G549	*Eschscholzia californica* subesp. *californica*	gi30313799		1,90E-136
110	G549	*Platanus racemosa*	gi8574519		2,20E-135
112	G550	*Brassica oleracea*	BH930799		1,00E-84
112	G550	*Medicago truncatula*	AC140025		6,00E-82
112	G550	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005167		8,00E-74
112	G550	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01004298		1,00E-73
112	G550	*Cucurbita maxima*	D45066		7,00E-72
112	G550	*Oryza sativa*	AX659956		2,00E-67
112	G550	*Lycopersicon esculentum*	BM412713		6,00E-53
112	G550	*Lactuca sativa*	BQ860203		4,00E-52
112	G550	*Poncirus trifoliata*	CD575555		1,00E-48
112	G550	*Glycine max*	BM953958		4,00E-45
112	G550	*Oryza sativa*	gi7242908		2,80E-66
112	G550	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	gi19071625		1,00E-57

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		japonica)			
112	G550	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi21538791		9,10E-43
112	G550	*Cucurbita maxima*	gi1669341		8,20E-42
112	G550	*Dendrobium grex Madame Thong-In*	gi3929325		8,30E-33
112	G550	*Hordeum vulgare*	gi3777436		2,30E-24
112	G550	*Zea mays*	gi1346559		1,80E-23
112	G550	*Nicotiana tabacum*	gi1360078		2,40E-23
112	G550	*Pisum sativum*	gi6092016		2,40E-23
112	G550	*Solanum tuberosum*	gi7688355		1,40E-22
114	G571	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK103174		1,00E-116
114	G571	*Oryza sativa*	AX653996		1,00E-103
114	G571	*Phaseolus vulgaris*	AF402608		1,00E-100
114	G571	*Triticum aestivum*	WHTHBP1BC1		1,00E-100
114	G571	*Nicotiana tabacum*	AF031487		3,00E-98
114	G571	*Zea mays*	ZMOCSBFB		2,00E-96
114	G571	*Oryza sp.*	BD261827		1,00E-94
114	G571	*Physcomitrella patens*	AX180962		3,00E-93

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
114	G571	*Vicia faba*	VFACREBL		7,00E-89
114	G571	*Glycine max*	BQ611848		7,00E-88
114	G571	*Phaseolus vulgaris*	gi15148924		1,50E-95
114	G571	*Nicotiana tabacum*	gi6288682		8,50E-95
114	G571	*Zea mays*	gi297018		4,80E-92
114	G571	*Oryza sativa*	gi13872972		7,90E-92
114	G571	*Triticum aestivum*	gi1076782		1,00E-91
114	G571	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi33146487		4,30E-91
114	G571	*Glycine max*	gi7488719		9,10E-75
114	G571	*Vicia faba*	gi100099		1,90E-74
114	G571	*Nicotiana sp.*	gi19680		1,10E-71
114	G571	*Solanum tuberosum*	gi7489280		1,20E-70
116	G581	*Gerbera hybrida*	GHY7709		3,00E-73
116	G581	*Lotus uliginosus*	AF503362		1,00E-57
116	G581	*Brassica oleracea*	BZ019501		3,00E-57
116	G581	*Gossypium hirsutum*	AF336279		5,00E-54
116	G581	*Antirrhinum majus*	AMADEL		5,00E-53
116	G581	*Oryza sativa*	AB021080		7,00E-52
116	G581	*Perilla frutescens*	AB024050		2,00E-51

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
116	G581	*Petunia x hybrida*	AF020545		3,00E-51
116	G581	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU875274		2,00E-49
116	G581	*Medicago truncatula*	BI308638		6,00E-48
116	G581	*Lotus uliginosus*	gi20467247		6,80E-92
116	G581	*Gossypium hirsutum*	gi13346182		2,40E-81
116	G581	*Perilla frutescens*	gi4519199		6,40E-79
116	G581	*Antirrhinum majus*	gi166428		8,30E-75
116	G581	*Zea mays*	gi100897		3,50E-69
116	G581	*Oryza sativa*	gi1086540		1,20E-63
116	G581	*Gerbera hybrida*	gi3650292		5,20E-63
116	G581	*Lotus japonicus*	gi20467249		6,70E-61
116	G581	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488805		8,80E-57
116	G581	*Petunia x hybrida*	gi3127045		8,00E-51
118	G600	*Brassica oleracea*	BZ035190		2,00E-41
118	G600	*Helianthus annuus*	BQ914741		2,00E-25
118	G600	*Medicago truncatula*	AW688852		3,00E-24

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
118	G600	*Glycine max*	AW703971		3,00E-22
118	G600	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU830207		1,00E-18
118	G600	*Vitis vinifera*	CB913112		2,00E-17
118	G600	*Gossypium arboreum*	BQ413633		3,00E-15
118	G600	*Lactuca sativa*	BQ859538		3,00E-11
118	G600	*Hedyotis centranthoides*	CB086932		4,00E-11
118	G600	*Zea mays*	CA830375		2,00E-09
118	G600	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31432245		1,30E-20
118	G600	*Oryza sativa*	gi11034640		1,50E-06
118	G600	*Lycopersicon esculentum*	gi9858781		4,50E-06
118	G600	*Medicago sativa*	gi3334756		5,50E-06
118	G600	*Nicotiana plumbaginifolia*	gi3850821		2,50E-05
118	G600	*Cucurbita maxima*	gi17221648		7,00E-05
118	G600	*Zea mays*	gi11340599		9,80E-05
118	G600	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi28207761		0,002
118	G600	*Nicotiana tabacum*	gi8096269		0,0023
118	G600	*Pisum sativum*	gi7440062		0,027
119	G624	*Glycine max*	Gma_S4875227	1642	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
120	G624	*Zea mays*	AY103971		1,00E-56
120	G624	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK101356		7,00E-48
120	G624	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB620477		8,00E-42
120	G624	*Solanum tuberosum*	BQ517157		2,00E-41
120	G624	*Sorghum bicolor*	BE600697		8,00E-41
120	G624	*Hordeum vulgare*	BG367957		2,00E-39
120	G624	*Lactuca sativa*	BQ865528		3,00E-34
120	G624	*Lycopersicon esculentum*	AW737389		6,00E-34
120	G624	*Zinnia elegans*	AU293844		1,00E-31
120	G624	*Glycine max*	BF070672		3,00E-25
120	G624	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi23617202		4,50E-95
120	G624	*Oryza sativa*	gi391885		3,90E-13
120	G624	*Daucus carota*	gi5578746		4,30E-13
120	G624	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi3219155		7,30E-13
120	G624	*Fagopyrum esculentum*	gi32469224		1,90E-12
120	G624	*Solanum tuberosum*	gi27528486		4,20E-12

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
120	G624	*Zea mays*	gi100922		5,60E-12
120	G624	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi1730475		6,30E-12
120	G624	*Eragrostis tef*	gi17906977		6,30E-12
120	G624	*Craterostigma plantagineum*	gi2288899		7,10E-12
121	G627	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER65192_1	822	
121	G627	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER65192_2	823	
121	G627	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER495_1	824	
121	G627	*Oryza sativa*	Os_S65371	1575	
121	G627	*Medicago truncatula*	Mtr_S5455444	1695	
121	G627	*Hordeum vulgare*	Hv_S12327	1727	
121	G627	*Triticum aestivum*	Ta_S329524	1850	
121	G627	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-58075	1982	
122	G627	*Populus tremuloides*	AF377868		3,00E-60
122	G627	*Eucalyptus globulus* subesp. *globulus*	AF086642		1,00E-59
122	G627	*Petunia x hybrida*	AF335239		1,00E-58
122	G627	*Pimpinella brachycarpa*	AF082531		1,00E-58

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
122	G627	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU896825		3,00E-58
122	G627	*Cardamine flexuosa*	AY257542		2,00E-57
122	G627	*Nicotiana tabacum*	NTTOB		3,00E-57
122	G627	*Sinapis alba*	SAU25696		4,00E-57
122	G627	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	AY257541		7,00E-57
122	G627	*Oryza sativa*	AF141965		3,00E-55
122	G627	*Populus tremuloides*	gi31295609		1,00E-59
122	G627	*Eucalyptus globulus* subesp. *globulus*	gi4322475		2,70E-59
122	G627	*Pimpinella brachycarpa*	gi3493647		8,20E-58
122	G627	*Petunia x hybrida*	gi13384056		1,00E-57
122	G627	*Sinapis alba*	gi1049022		2,50E-56
122	G627	*Nicotiana tabacum*	gi1076646		2,50E-56
122	G627	*Cardamine flexuosa*	gi30171309		2,50E-56
122	G627	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi30171307		3,20E-56
122	G627	*Elaeis guineensis*	gi6635740		2,00E-54
122	G627	*Oryza sativa*	gi5295990		5,30E-54

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
124	G646	*Brassica oleracea*	BH437513		3,00E-71
124	G646	*Oryza sativa*	AB028129		2,00E-53
124	G646	*Brassica napus*	CD813699		1,00E-52
124	G646	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01002346		2,00E-51
124	G646	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK060659		1,00E-50
124	G646	*Populus tremula*	BU821375		8,00E-49
124	G646	*Vitis vinifera*	CB910264		1,00E-48
124	G646	*Nicotiana tabacum*	NTA9594		2,00E-46
124	G646	*Glycine max*	BE611146		1,00E-44
124	G646	*Solanum tuberosum*	BG592323		9,00E-43
124	G646	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32482863		4,90E-51
124	G646	*Oryza sativa*	gi4996640		4,90E-51
124	G646	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20372847		9,50E-50
124	G646	*Nicotiana tabacum*	gi1360084		2,70E-42
124	G646	*Pisum sativum*	gi6092016		2,30E-35
124	G646	*Triticum aestivum*	gi3790264		4,70E-33

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
124	G646	*Solanum tuberosum*	gi7688355		3,20E-32
124	G646	*Hordeum vulgare*	gi3777436		8,50E-32
124	G646	*Zea mays*	gi2393775		2,00E-31
124	G646	*Cucurbita maxima*	gi1669341		2,70E-27
125	G651	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER252329_1	825	
125	G651	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28671_1	826	
125	G651	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28671_2	827	
125	G651	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER38144_1	828	
125	G651	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER12764_1	829	
125	G651	*Oryza sativa*	OSC100181,C1,p3,fg	830	
125	G651	*Oryza sativa*	OSC100807,C1,p14,fg	831	
125	G651	*Oryza sativa*	OSC12064,C1,p26,fg	832	
125	G651	*Oryza sativa*	OSC4083,C1,p1,fg	833	
125	G651	*Zea mays*	LIB4171-012-R1-K1-B10	834	
125	G651	*Oryza sativa*	Os_S113261	1576	
125	G651	*Zea mays*	Zm_S11367031	1779	
125	G651	*Zea mays*	Zm_S11431995	1780	
125	G651	*Zea mays*	Zm_S11525554	1781	
125	G651	*Lycopersicon*	SGN-UNIGENE-	1983	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		esculentum	50411		
125	G651	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-34777	1984	
125	G651	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-7514	1985	
126	G651	*Petunia x hybrida*	AB035133		4,00E-44
126	G651	*Brassica oleracea*	BZ474306		3,00E-40
126	G651	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005072		5,00E-31
126	G651	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000406		5,00E-31
126	G651	*Lactuca sativa*	BU015249		9,00E-31
126	G651	*Vitis vinifera*	CA808162		3,00E-29
126	G651	*Oryza sativa*	AC037426		3,00E-29
126	G651	*Glycine max*	BU548087		1,00E-25
126	G651	*Zea mays*	BZ372896		1,00E-25
126	G651	*Solanum tuberosum*	BQ508073		3,00E-25
126	G651	*Petunia x hybrida*	gi2346986		5,50E-36
126	G651	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21740840		1,60E-32
126	G651	*Medicago sativa*	gi7228329		1,70E-16
126	G651	*Glycine max*	gi1763063		1,20E-15

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
126	G651	*Datisca glomerata*	gi4666360		3,20E-15
126	G651	*Oryza sativa*	gi15623826		8,80E-13
126	G651	*Brassica rapa*	gi2058504		1,20E-12
126	G651	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		6,40E-12
126	G651	*Triticum aestivum*	gi485814		2,30E-11
126	G651	*Pisum sativum*	gi2129892		3,40E-10
127	G652	*Glycine max*	BG362937,1	835	
127	G652	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER3357_10	836	
127	G652	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER3357_14	837	
127	G652	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER3357_15	838	
127	G652	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER3357_8	839	
127	G652	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER3357_9	840	
127	G652	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER380953_1	841	
127	G652	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER4027_1	842	
127	G652	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER51249_2	843	
127	G652	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER7171_1	844	
127	G652	*Oryza sativa*	OSC100158,C1,p6,fg	845	
127	G652	*Oryza sativa*	OSC101188,C1,p2,fg	846	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
127	G652	*Oryza sativa*	OSC101621,C1,p8,fg	847	
127	G652	*Oryza sativa*	OSC19412,C1,p4,fg	848	
127	G652	*Oryza sativa*	OSC20041,C1,p3,fg	849	
127	G652	*Oryza sativa*	OSC21434,C1,p27,fg	850	
127	G652	*Oryza sativa*	OSC24160,C1,p7,fg	851	
127	G652	*Oryza sativa*	OSC24791,C1,p2,fg	852	
127	G652	*Oryza sativa*	uC-osflcyp173f05b1	853	
127	G652	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER447_18	854	
127	G652	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER447_20	855	
127	G652	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER447_21	856	
127	G652	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER447_23	857	
127	G652	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER55_18	858	
127	G652	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER55_22	859	
127	G652	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER55_44	860	
127	G652	*Oryza sativa*	Os_S118507	1577	
127	G652	*Oryza sativa*	Os_S42588	1578	
127	G652	*Oryza sativa*	Os_S46064	1579	
127	G652	*Glycine max*	Gma_S4871214	1643	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
127	G652	*Glycine max*	Gma_S4965905	1644	
127	G652	*Glycine max*	Gma_S5135351	1645	
127	G652	*Hordeum vulgare*	Hv_S107672	1728	
127	G652	*Hordeum vulgare*	Hv_S142991	1729	
127	G652	*Hordeum vulgare*	Hv_S147464	1730	
127	G652	*Zea mays*	Zm_S11487070	1782	
127	G652	*Triticum aestivum*	Ta_S109795	1851	
127	G652	*Triticum aestivum*	Ta_S2509	1852	
127	G652	*Triticum aestivum*	Ta_S45732	1853	
127	G652	*Triticum aestivum*	Ta_S60357	1854	
127	G652	*Triticum aestivum*	Ta_S75244	1855	
127	G652	*Lycopersicon esculentum*	Les_S5162139	1928	
127	G652	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-56979	1986	
127	G652	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-39394	1987	
128	G652	*Brassica oleracea*	BH926980		7,00E-90
128	G652	*Nicotiana sylvestris*	NSGRP2MR		2,00E-71
128	G652	*Zea mays*	AI812203		1,00E-64
128	G652	*Solanum tuberosum*	BM408211		5,00E-64
128	G652	*Oryza sativa*	AP003879		9,00E-64

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
128	G652	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK101577		9,00E-64
128	G652	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000576		1,00E-62
128	G652	*Triticum aestivum*	AB066265		2,00E-62
128	G652	*Aegilops speltoides*	BQ840577		3,00E-62
128	G652	*Pinus pinaster*	BX249354		9,00E-61
128	G652	*Nicotiana sylvestris*	gi121631		1,10E-67
128	G652	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29467522		6,00E-62
128	G652	*Triticum aestivum*	gi21322752		2,00E-61
128	G652	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi30527347		2,40E-26
128	G652	*Phaseolus vulgaris*	gi121628		6,20E-26
128	G652	*Nicotiana tabacum*	gi395147		8,70E-25
128	G652	*Brassica napus*	gi17821		1,80E-23
128	G652	*Petunia x hybrida*	gi121627		2,20E-23
128	G652	*Petunia sp.*	gi225181		2,20E-23
128	G652	*Oryza sativa*	gi15528745		2,50E-22
130	G707	*Picea abies*	AF328842		1,0e-999

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
130	G707	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AB101648		1,0e-999
130	G707	*Oryza sativa*	AX658854		1,0e-999
130	G707	*Zea mays*	ZMA250985		1,0e-999
130	G707	*Malus domestica*	AF067961		1,0e-999
130	G707	*Phalaenopsis sp. SM9108*	PSU34743		1,0e-999
130	G707	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01007245		1,0e-999
130	G707	*Gossypium hirsutum*	AF530913		1,00E-172
130	G707	*Sorghum bicolor*	AF466200		1,00E-141
130	G707	*Helianthus annuus*	HNNHAHR		1,00E-138
130	G707	*Picea abies*	gi19070143		3,20E-237
130	G707	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31339101		1,00E-231
130	G707	*Malus x domestica*	gi3925363		4,10E-230
130	G707	*Phalaenopsis sp. SM9108*	gi1173622		2,40E-200
130	G707	*Phalaenopsis sp.*	gi2147484		2,40E-200
130	G707	*Oryza sativa*	gi19072102		2,90E-197
130	G707	*Zea mays*	gi8920421		1,10E-195

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
130	G707	*Sorghum bicolor*	gi18481701		5,90E-190
130	G707	*Gossypium hirsutum*	gi22475195		4,80E-168
130	G707	*Helianthus annuus*	gi1208940		3,70E-127
132	G728	*Brassica oleracea*	BH471284		4,00E-41
132	G728	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK105625		1,00E-40
132	G728	*Lycopersicon esculentum*	AW032021		3,00E-30
132	G728	*Prunus persica*	BU040714		4,00E-28
132	G728	*Prunus armeniaca*	CB820349		1,00E-27
132	G728	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU886442		2,00E-27
132	G728	*Triticum aestivum*	BU100819		2,00E-27
132	G728	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa x Populus deltoides*	CB239440		2,00E-26
132	G728	*Vitis vinifera*	CB979887		2,00E-25
132	G728	*Triticum monococcum*	BQ803556		6,00E-25
132	G728	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	gi33146555		2,40E-41

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		japonica)			
132	G728	*Oryza sativa*	gi11034542		5,70E-35
132	G728	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		1,00E-11
132	G728	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		2,80E-11
132	G728	*Zea mays*	gi15667625		5,40E-11
132	G728	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		1,30E-10
132	G728	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		1,70E-09
132	G728	*Oryza glaberrima*	gi31338862		2,70E-08
132	G728	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		4,50E-08
132	G728	*Glycine max*	gi23821873		0,064
134	G730	*Brassica oleracea*	BH976893		2,00E-73
134	G730	*Medicago truncatula*	CA922031		1,00E-41
134	G730	*Vitis vinifera*	CB005926		4,00E-36
134	G730	*Lactuca sativa*	BU004983		5,00E-34
134	G730	*Glycine max*	BG363182		2,00E-31
134	G730	*Triticum aestivum*	CA498340		4,00E-30
134	G730	*Solanum tuberosum*	BQ115344		1,00E-28
134	G730	*Brassica napus*	CD817870		3,00E-28
134	G730	*Populus tremula x*	AI163121		6,00E-27

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		Populus tremuloides			
134	G730	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK108408		1,00E-26
134	G730	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29467563		6,40E-41
134	G730	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		1,80E-15
134	G730	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		5,20E-15
134	G730	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		8,00E-13
134	G730	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		1,90E-12
134	G730	*Oryza sativa*	gi11034542		1,70E-08
134	G730	*Oryza glaberrima*	gi31338862		6,40E-08
134	G730	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		4,00E-07
134	G730	*Zea mays*	gi15667625		1,00E-05
134	G730	*Theophrasta americana*	gi12004107		0,41
136	G738	*Medicago truncatula*	BF636532		5,00E-37
136	G738	*Brassica oleracea*	BH568823		7,00E-36
136	G738	*Glycine max*	BE555532		1,00E-35

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
136	G738	*Nicotiana tabacum*	NTA9594		2,00E-34
136	G738	*Lycopersicon esculentum*	AI894846		7,00E-33
136	G738	*Capsicum annuum*	CA847307		8,00E-32
136	G738	*Vitis vinifera*	CB910264		1,00E-31
136	G738	*Solanum tuberosum*	BM113542		6,00E-31
136	G738	*Zea mays*	CC698952		6,00E-31
136	G738	*Oryza sativa*	OSJN00155		4,00E-30
136	G738	*Nicotiana tabacum*	gi3341468		3,90E-35
136	G738	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20372847		6,00E-33
136	G738	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32482863		2,50E-31
136	G738	*Oryza sativa*	gi4996640		2,50E-31
136	G738	*Pisum sativum*	gi6092016		8,30E-30
136	G738	*Solanum tuberosum*	gi7688355		2,10E-27
136	G738	*Zea mays*	gi2393775		2,70E-27
136	G738	*Triticum aestivum*	gi3790264		7,10E-27
136	G738	*Hordeum vulgare*	gi3777436		4,10E-24
136	G738	*Cucurbita maxima*	gi1669341		2,00E-22
138	G744	*Oryza sativa*	AK070302		2,00E-63

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		(grupo do cultivar *japonica*)			
138	G744	*Lactuca sativa*	BQ856329		5,00E-59
138	G744	*Vitis vinifera*	CA817874		2,00E-57
138	G744	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CA767518		5,00E-55
138	G744	*Brassica oleracea*	BH430310		6,00E-54
138	G744	*Triticum aestivum*	BJ258750		1,00E-51
138	G744	*Zea mays*	AW257837		1,00E-50
138	G744	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BF628902		2,00E-47
138	G744	*Pinus pinaster*	BX252059		1,00E-44
138	G744	*Brassica napus*	AI352966		6,00E-42
138	G744	*Oryza sativa*	gi18855037		2,40E-35
138	G744	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31433346		8,10E-35
138	G744	*Zea mays*	gi18092342		1,20E-13
138	G744	*Nicotiana tabacum*	gi12003386		5,40E-13
138	G744	*Cucumis melo*	gi17016985		1,40E-12
138	G744	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152976		8,20E-11
138	G744	*Hordeum*	gi2894379		2,00E-09

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		vulgare			
138	G744	*Medicago sativa*	gi23451086		5,60E-08
138	G744	*Glycine max*	gi1076498		1,00E-06
138	G744	*Pisum sativum*	gi4240031		1,40E-06
140	G752	*Brassica oleracea*	BZ499460		1,00E-70
140	G752	*Medicago truncatula*	CA920567		2,00E-58
140	G752	*Poncirus trifoliata*	CD573735		7,00E-55
140	G752	*Zea mays*	CD436549		1,00E-54
140	G752	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK066069		6,00E-54
140	G752	*Oryza sativa*	AX653661		6,00E-54
140	G752	*Lycopersicon esculentum*	BI923342		2,00E-52
140	G752	*Hordeum vulgare* subesp. *spontaneum*	AV946923		1,00E-49
140	G752	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB627816		2,00E-49
140	G752	*Glycine max*	AI438025		5,00E-48
140	G752	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21740878		4,30E-29
140	G752	*Pisum sativum*	gi4240031		1,50E-27
140	G752	*Glycine max*	gi1076498		3,30E-27

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
140	G752	*Lotus japonicus*	gi1086225		8,40E-26
140	G752	*Oryza sativa*	gi8570055		8,70E-23
140	G752	*Cicer arietinum*	gi10334499		1,10E-13
140	G752	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi29164825		2,60E-07
140	G752	*Triticum aestivum*	gi32400766		1,00E-05
140	G752	*Zea mays*	gi18092342		1,60E-05
140	G752	*Tulipa gesneriana*	gi23386073		0,00011
141	G807	*Oryza sativa*	G3491	2201	1E-114
141	G807	*Glycine max*	G3494	2203	1E-116
141	G807	*Glycine max*	G3495	2205	1E-117
141	G807	*Glycine max*	G3512	2207	1E-118
141	G807	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER700_1	861	
141	G807	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER700_2	862	
141	G807	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER700_3	863	
141	G807	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER7494_1	864	
141	G807	*Oryza sativa*	OSC19953,C1,p7,fg	865	
141	G807	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER20750_1	866	
141	G807	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER8272_1	867	
141	G807	*Oryza sativa*	Os_S33091	1580	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
141	G807	*Hordeum vulgare*	Hv_S99692	1731	
141	G807	*Zea mays*	Zm_S11426353	1783	
141	G807	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-57622	1988	
141	G807	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-334447	1989	
142	G807	*Lycopersicon peruvianum*	LPHSF8		1,00E-112
142	G807	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106118		1,00E-111
142	G807	*Brassica napus*	CD814788		6,00E-96
142	G807	*Medicago truncatula*	AC087771		4,00E-82
142	G807	*Solanum tuberosum*	BG890899		1,00E-80
142	G807	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01005302		6,00E-80
142	G807	*Oryza sativa*	AC120506		5,00E-79
142	G807	*Lycopersicon esculentum*	LEHSF8		4,00E-78
142	G807	*Glycine max*	AW569256		2,00E-76
142	G807	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU834690		1,00E-73
142	G807	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29126355		4,80E-101

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
142	G807	*Lycopersicon peruvianum*	gi100264		1,30E-100
142	G807	*Lycopersicon esculentum*	gi100225		1,60E-100
142	G807	*Nicotiana tabacum*	gi5821138		2,90E-56
142	G807	*Phaseolus acutifolius*	gi16118447		1,10E-52
142	G807	*Medicago sativa*	gi20162459		2,80E-50
142	G807	*Glycine max*	gi662924		1,90E-49
142	G807	*Zea mays*	gi2130134		1,40E-48
142	G807	*Oryza sativa*	gi14209551		1,70E-48
142	G807	*Helianthus annuus*	gi25052685		1,80E-46
144	G811	*Solanum tuberosum*	BG889138		8,00E-70
144	G811	*Lycopersicon esculentum*	AW738534		1,00E-64
144	G811	*Lactuca sativa*	BQ854304		3,00E-64
144	G811	*Glycine max*	BE347442		2,00E-52
144	G811	*Euphorbia esula*	AW874988		2,00E-50
144	G811	*Capsicum annuum*	CA514873		4,00E-50
144	G811	*Vitis vinifera*	CB920522		4,00E-48
144	G811	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106488		1,00E-47
144	G811	*Triticum aestivum*	CD909725		7,00E-47
144	G811	*Oryza sativa*	AX652911		2,00E-46

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
144	G811	*Oryza sativa*	gi15624016		1,60E-47
144	G811	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161000		1,60E-47
144	G811	*Lycopersicon peruvianum*	gi100264		3,60E-39
144	G811	*Lycopersicon esculentum*	gi100225		4,70E-39
144	G811	*Glycine max*	gi2129831		5,40E-39
144	G811	*Nicotiana tabacum*	gi5821138		4,30E-36
144	G811	*Medicago sativa*	gi20162459		8,80E-36
144	G811	*Zea mays*	gi2130134		3,90E-35
144	G811	*Phaseolus acutifolius*	gi16118447		1,70E-32
144	G811	*Helianthus annuus*	gi25052685		2,80E-32
145	G839	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER16158_1	868	
145	G839	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER66623_1	869	
145	G839	*Glycine max*	LIB4164-057-R1-N1-A5	870	
145	G839	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER117082_1	871	
145	G839	*Oryza sativa*	OSC2170,C1,p5,fg	872	
145	G839	*Oryza sativa*	OSC28351,C1,p1,fg	873	
145	G839	*Oryza sativa*	rsicek_9913,y1	874	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
			,abd		
145	G839	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER1121_63	875	
145	G839	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER7249_1	876	
145	G839	*Glycine max*	Gma_S4891477	1646	
145	G839	*Glycine max*	Gma_S6669519	1647	
145	G839	*Zea mays*	Zm_S11525703	1784	
145	G839	*Triticum aestivum*	Ta_S276434	1856	
145	G839	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-53309	1990	
145	G839	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-58458	1991	
145	G839	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-453084	1992	
146	G839	*Nicotiana tabacum*	BD260600		1,00E-176
146	G839	*Helianthus annuus*	BD260596		1,00E-171
146	G839	*Zea mays*	AX041006		1,00E-158
146	G839	*Triticum aestivum*	BD263897		1,00E-154
146	G839	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK067198		1,00E-149
146	G839	*Oryza sativa*	AX653720		1,00E-137
146	G839	*Beta vulgaris*	BD260595		1,00E-110
146	G839	*Lycopersicon esculentum*	BD260557		1,00E-110
146	G839	*Brassica napus*	AF527176		7,00E-97
146	G839	*Brassica*	BH483537		3,00E-90

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		oleracea			
146	G839	*Zea mays*	gi11340603		2,00E-153
146	G839	*Triticum aestivum*	gi18616497		5,20E-145
146	G839	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi22535593		2,30E-144
146	G839	*Oryza sativa*	gi18616493		2,80E-131
146	G839	*Nicotiana tabacum*	gi21552981		2,00E-111
146	G839	*Brassica napus*	gi22003730		1,80E-94
146	G839	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi30025990		0,14
146	G839	*Nicotiana alata*	gi26418416		0,22
146	G839	*Pennisetum ciliare*	gi549986		0,64
146	G839	*Gossypium herbaceum*	gi29837373		0,9
148	G846	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK100130		1,0e-999
148	G846	*Oryza sativa*	AX652964		1,0e-999
148	G846	*Medicago truncatula*	CB893601		1,00E-102
148	G846	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01003006		5,00E-98
148	G846	*Triticum aestivum*	BQ842184		1,00E-92
148	G846	*Helianthus*	BU028886		5,00E-89

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		annuus			
148	G846	*Lactuca sativa*	BQ869409		8,00E-87
148	G846	*Brassica oleracea*	BZ039976		6,00E-83
148	G846	*Lycopersicon esculentum*	BE433450		1,00E-74
148	G846	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU894371		1,00E-70
148	G846	*Oryza sativa*	gi15289872		3,50E-215
148	G846	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32489674		3,50E-176
148	G846	*Zea mays*	gi18463957		1,10E-33
148	G846	*Triticum monococcum*	gi23193487		1,80E-28
148	G846	*Hordeum vulgare* subesp. *Vulgare*	gi23193479		2,90E-28
148	G846	*Hordeum vulgare*	gi23193481		3,70E-28
148	G846	*Rosa hybrid cultivar*	gi15029364		0,0017
148	G846	*Populus x canescens*	gi22795037		0,013
148	G846	*Glycine max*	gi25172766		0,018
148	G846	*Arabis gemmifera*	gi22775495		0,022
150	G852	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	AK060833		1,00E-155

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		japonica)			
150	G852	*Brassica oleracea*	BZ426102		1,00E-121
150	G852	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB628520		1,00E-115
150	G852	*Oryza sativa*	AP003747		1,00E-112
150	G852	*Medicago truncatula*	AC137079		1,00E-107
150	G852	*Zea mays*	AY109543		1,00E-105
150	G852	*Glycine max*	BQ629578		4,00E-89
150	G852	*Triticum aestivum*	BQ744552		2,00E-88
150	G852	*Vitis vinifera*	CB980495		2,00E-86
150	G852	*Solanum tuberosum*	BQ510154		5,00E-86
150	G852	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161431		5,00E-149
150	G852	*Lilium longiflorum*	gi32813435		1,20E-55
150	G852	*Oryza sativa*	gi14719333		2,20E-54
150	G852	*Vitis vinifera*	gi20334379		5,20E-53
150	G852	*Zea mays*	gi10178637		1,10E-52
150	G852	*Pisum sativum*	gi13365610		7,20E-50
150	G852	*Lycopersicon esculentum*	gi31322802		1,50E-49
150	G852	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi28143934		5,80E-48
150	G852	*Gossypium*	gi29122893		2,00E-47

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		hirsutum			
150	G852	*Carlquistia muirii*	gi20257447		2,50E-47
152	G905	*Brassica oleracea*	BZ481426		7,00E-97
152	G905	*Medicago truncatula*	AC136503		2,00E-52
152	G905	*Cucumis melo*	AF499727		3,00E-48
152	G905	*Citrus sinensis*	CB290516		9,00E-41
152	G905	*Poncirus trifoliata*	CD576402		4,00E-39
152	G905	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU878367		2,00E-38
152	G905	*Capsicum annuum*	BM063816		2,00E-37
152	G905	*Gossypium hirsutum*	AI730749		5,00E-37
152	G905	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01018235		2,00E-36
152	G905	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP004164		2,00E-36
152	G905	*Cucumis melo*	gi28558782		6,50E-49
152	G905	*Oryza sativa*	gi21740711		4,70E-30
152	G905	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24756877		4,30E-29

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
152	G905	*Medicago sativa*	gi23451086		6,90E-19
152	G905	*Nicotiana tabacum*	gi12003386		1,20E-18
152	G905	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152976		5,80E-15
152	G905	*Zea mays*	gi21645888		1,00E-14
152	G905	*Hordeum vulgare*	gi2894379		2,00E-12
152	G905	*Solanum tuberosum*	gi24745601		8,70E-11
152	G905	*Thellungiella halophila*	gi20340241		1,10E-09
153	G916	*Glycine max*	BE021411,1	877	
153	G916	*Glycine max*	BG652320,1	878	
153	G916	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER191657_1	879	
153	G916	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER3354_1	880	
153	G916	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER3354_2	881	
153	G916	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER3354_3	882	
153	G916	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER3354_4	883	
153	G916	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER47179_1	884	
153	G916	*Oryza sativa*	OSC101573,C1,p8,fg	885	
153	G916	*Oryza sativa*	OSC1429,C1,p2,	886	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
			fg		
153	G916	*Oryza sativa*	OSC18885,C1,p17,fg	887	
153	G916	*Oryza sativa*	rsicee_8920,y1,abd	888	
153	G916	*Glycine max*	Gma_S4878547	1648	
153	G916	*Glycine max*	Gma_S6668474	1649	
153	G916	*Hordeum vulgare*	Hv_S119532	1732	
153	G916	*Zea mays*	Zm_S11388469	1785	
153	G916	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-47034	1993	
153	G916	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-47543	1994	
153	G916	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-52279	1995	
153	G916	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-18500	1996	
153	G916	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-1941	1997	
153	G916	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-20683	1998	
154	G916	*Oryza sativa*	AX653053		7,00E-97
154	G916	*Citrus sinensis*	BQ625082		2,00E-81
154	G916	*Medicago truncatula*	CB893379		3,00E-80
154	G916	*Glycine max*	BU926713		5,00E-77
154	G916	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01004053		4,00E-76
154	G916	*Oryza sativa*	AC120986		1,00E-75

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		(grupo do cultivar *japonica*)			
154	G916	*Lycopersicon esculentum*	AI895084		5,00E-71
154	G916	*Prunus persica*	BU047549		1,00E-69
154	G916	*Glycine clandestina*	BG838724		7,00E-66
154	G916	*Brassica oleracea*	BH710263		1,00E-58
154	G916	*Oryza sativa*	gi11320830		1,50E-98
154	G916	*Nicotiana tabacum*	gi30013667		3,90E-42
154	G916	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20160973		1,50E-33
154	G916	*Avena fatua*	gi1159879		2,80E-30
154	G916	*Petroselinum crispum*	gi11493822		5,30E-27
154	G916	*Pimpinella brachycarpa*	gi3420906		2,30E-23
154	G916	*Capsella rubella*	gi32454266		1,00E-22
154	G916	*Lycopersicon esculentum*	gi13620227		2,00E-21
154	G916	*Ipomoea batatas*	gi1076685		4,50E-21
154	G916	*Avena sativa*	gi4894965		9,60E-21
155	G926	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER3291_14	889	
155	G926	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER3291_6	890	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
155	G926	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER2283_3	891	
155	G926	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER56491_1	892	
155	G926	*Oryza sativa*	uC-osrocyp029g09a1	893	
155	G926	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER15892_1	894	
155	G926	*Triticum aestivum*	Ta_S91478	1857	
155	G926	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-52928	1999	
155	G926	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-57779	2000	
155	G926	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-15562	2001	
156	G926	*Prunus dulcis*	BU573158		1,00E-56
156	G926	*Medicago truncatula*	BI310587		3,00E-55
156	G926	*Citrus sinensis*	BQ624240		1,00E-47
156	G926	*Brassica oleracea*	BH443554		4,00E-44
156	G926	*Helianthus paradoxus*	CF082573		5,00E-40
156	G926	*Brassica napus*	BNU33885		2,00E-39
156	G926	*Lycopersicon esculentum*	BF113081		1,00E-37
156	G926	*Solanum tuberosum*	BG886494		3,00E-36
156	G926	*Glycine max*	AW472517		4,00E-36
156	G926	*Gossypium*	BQ407583		7,00E-36

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		arboreum			
156	G926	*Brassica napus*	gi1173616		1,20E-40
156	G926	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi27552556		2,60E-36
156	G926	*Oryza sativa*	gi2826786		1,30E-27
156	G926	*Vitis riparia*	gi7141243		7,10E-27
156	G926	*Nicotiana tabacum*	gi4731314		5,00E-19
156	G926	*Vicia faba*	gi2104675		0,0075
156	G926	*Hordeum vulgare*	gi21667471		0,71
156	G926	*Phaseolus vulgaris*	gi13775107		0,74
156	G926	*Solanum tuberosum*	gi1096930		0,76
156	G926	*Zea mays*	gi1839593		0,84
158	G957	*Brassica oleracea*	BH998192		1,00E-86
158	G957	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU879250		6,00E-82
158	G957	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK109860		2,00E-74
158	G957	*Hordeum vulgare*	BE060921		1,00E-68
158	G957	*Medicago truncatula*	BF645745		3,00E-68
158	G957	*Lycopersicon esculentum*	BF098091		3,00E-67

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
158	G957	*Oryza sativa*	AB028186		4,00E-66
158	G957	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001925		1,00E-63
158	G957	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa x Populus deltoides*	CA826386		2,00E-63
158	G957	*Triticum aestivum*	BQ483881		1,00E-60
158	G957	*Oryza sativa*	gi11875152		5,40E-78
158	G957	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28190666		5,40E-78
158	G957	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		8,80E-45
158	G957	*Glycine max*	gi22597158		7,90E-44
158	G957	*Petunia x hybrida*	gi1279640		4,40E-43
158	G957	*Brassica napus*	gi31322568		6,40E-42
158	G957	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		7,40E-41
158	G957	*Solanum tuberosum*	gi14485513		3,50E-40
158	G957	*Triticum sp.*	gi4218537		8,40E-40
158	G957	*Triticum monococcum*	gi6732160		8,40E-40
159	G961	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER264630_1	895	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
159	G961	*Glycine max*	jC-gmXLIB3563P021ad08d2	896	
159	G961	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER6410_1	897	
159	G961	*Oryza sativa*	OSC21400,C1,p3,fg	898	
159	G961	*Zea mays*	LIB4743-075-R1-K1-G11	899	
159	G961	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER13382_1	900	
159	G961	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER13382_2	901	
159	G961	*Glycine max*	Gma_S5137324	1650	
159	G961	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-366637	2002	
160	G961	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK109860		1,00E-88
160	G961	*Brassica oleracea*	BZ522709		6,00E-84
160	G961	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU879250		3,00E-81
160	G961	*Hordeum vulgare*	BE060921		3,00E-72
160	G961	*Lycopersicon esculentum*	BF098091		3,00E-70
160	G961	*Glycine max*	BU547985		4,00E-69
160	G961	*Medicago truncatula*	BF645892		3,00E-67
160	G961	*Oryza sativa*	AP002542		3,00E-66

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
160	G961	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001925		3,00E-66
160	G961	*Triticum aestivum*	CD878476		2,00E-63
160	G961	*Oryza sativa*	gi11875152		5,00E-83
160	G961	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28190666		5,00E-83
160	G961	*Glycine max*	gi22597158		1,10E-46
160	G961	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		1,30E-45
160	G961	*Petunia x hybrida*	gi1279640		2,00E-45
160	G961	*Triticum sp.*	gi4218537		3,00E-44
160	G961	*Triticum monococcum*	gi6732160		3,00E-44
160	G961	*Brassica napus*	gi31322582		7,90E-44
160	G961	*Zea mays*	gi32527660		7,10E-43
160	G961	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		2,80E-41
161	G975	*Glycine max*	AW705973,1	902	
161	G975	*Glycine max*	BE610471,1	903	
161	G975	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER232634_1	904	
161	G975	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER8245_1	905	
161	G975	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER84865_1	906	
161	G975	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-	907	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
			CLUSTER256875_1		
161	G975	*Oryza sativa*	OSC33871,C1,p4,fg	908	
161	G975	*Oryza sativa*	rsicek_16488,y1,abd	909	
161	G975	*Zea mays*	BG874224,1	910	
161	G975	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER277338_1	911	
161	G975	*Hordeum vulgare*	Hv_S31912	1733	
161	G975	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-52816	2003	
161	G975	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-14957	2004	
161	G975	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-330976	2005	
161	G975	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-335836	2006	
162	G975	*Brassica napus*	CD838135		2,00E-91
162	G975	*Brassica oleracea*	BH477624		2,00E-69
162	G975	*Triticum aestivum*	CA486875		4,00E-64
162	G975	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK061163		3,00E-62
162	G975	*Oryza sativa*	AX699685		2,00E-61
162	G975	*Rosa chinensis*	BI978981		3,00E-60
162	G975	*Amborella trichopoda*	CD484088		3,00E-59

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
162	G975	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU978490		2,00E-58
162	G975	*Vitis aestivalis*	CB289393		7,00E-58
162	G975	*Lycopersicon esculentum*	BG642554		1,00E-56
162	G975	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32479658		2,20E-30
162	G975	*Lycopersicon esculentum*	gi18650662		2,20E-25
162	G975	*Lupinus polyphyllus*	gi131754		2,60E-22
162	G975	*Nicotiana tabacum*	gi3065895		1,10E-19
162	G975	*Atriplex hortensis*	gi8571476		1,10E-19
162	G975	*Zea mays*	gi21908036		1,00E-18
162	G975	*Stylosanthes hamata*	gi4099914		1,30E-18
162	G975	*Hordeum vulgare*	gi27960757		1,70E-18
162	G975	*Oryza sativa*	gi10567106		2,00E-18
162	G975	*Nicotiana sylvestris*	gi8809573		1,20E-17
163	G1011	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER36089_1	912	
163	G1011	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER36089_2	913	
163	G1011	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER36089_3	914	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
163	G1011	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER36089_4	915	
163	G1011	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER36089_6	916	
163	G1011	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER475715_2	917	
163	G1011	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER475_3	918	
163	G1011	*Oryza sativa*	OSC101782,C1,p2,fg	919	
163	G1011	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER48_1	920	
163	G1011	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER48_2	921	
163	G1011	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER48_4	922	
163	G1011	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER48_5	923	
163	G1011	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER8143_1	924	
163	G1011	*Oryza sativa*	Os_S60918	1581	
163	G1011	*Glycine max*	Gma_S5094568	1651	
163	G1011	*Medicago truncatula*	Mtr_S5357829	1696	
163	G1011	*Zea mays*	Zm_S11418746	1786	
163	G1011	*Zea mays*	Zm_S11527819	1787	
163	G1011	*Triticum aestivum*	Ta_S203038	1858	
163	G1011	*Triticum aestivum*	Ta_S304256	1859	
163	G1011	*Triticum aestivum*	Ta_S424724	1860	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
163	G1011	*Lycopersicon esculentum*	Les_S5295933	1929	
163	G1011	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50586	2007	
163	G1011	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-52410	2008	
163	G1011	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-366830	2009	
163	G1011	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-394847	2010	
164	G1011	*Petunia x hybrida*	AF335240		1,00E-58
164	G1011	*Sinapis alba*	SAU25696		5,00E-58
164	G1011	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	AY257541		1,00E-57
164	G1011	*Lycopersicon esculentum*	AI486684		1,00E-57
164	G1011	*Cardamine flexuosa*	AY257542		2,00E-57
164	G1011	*Vitis vinifera*	CA808988		3,00E-57
164	G1011	*Populus tremuloides*	AF377868		9,00E-57
164	G1011	*Pimpinella brachycarpa*	AF082531		8,00E-56
164	G1011	*Eucalyptus grandis*	AY263808		2,00E-55
164	G1011	*Draba nemorosa* var. *hebecarpa*	AY257543		8,00E-55
164	G1011	*Petunia x hybrida*	gi13384058		3,90E-58
164	G1011	*Sinapis alba*	gi1049022		4,50E-57
164	G1011	*Brassica rapa*	gi30171307		5,70E-57

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		subesp. *pekinensis*			
164	G1011	*Cardamine flexuosa*	gi30171309		1,90E-56
164	G1011	*Populus tremuloides*	gi31295609		1,40E-55
164	G1011	*Pimpinella brachycarpa*	gi3493647		7,60E-55
164	G1011	*Nicotiana tabacum*	gi1076646		1,60E-54
164	G1011	*Eucalyptus grandis*	gi30575600		1,60E-54
164	G1011	*Draba nemorosa* var. *hebecarpa*	gi30171311		1,10E-53
164	G1011	*Eucalyptus occidentalis*	gi30983946		1,10E-53
165	G1013	*Oryza sativa*	OSC102289,C1,p7,fg	925	
166	G1013	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK110625		6,00E-36
166	G1013	*Lotus japonicus*	AV419754		5,00E-21
166	G1013	*Glycine max*	BU082967		3,00E-17
166	G1013	*Oryza sativa*	BI799118		4,00E-17
166	G1013	*Amborella trichopoda*	CD483414		6,00E-17
166	G1013	*Zea mays*	BM269291		1,00E-16
166	G1013	*Triticum aestivum*	BE445081		1,00E-16
166	G1013	*Beta vulgaris*	BQ490186		1,00E-16
166	G1013	*Prunus persica*	BU044499		1,00E-16

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
166	G1013	*Hordeum vulgare*	CB868568		1,00E-16
166	G1013	*Oryza sativa*	gi15289994		2,40E-39
166	G1013	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20160927		2,40E-39
166	G1013	*Nicotiana tabacum*	gi14530683		1,30E-18
166	G1013	*Solanum tuberosum*	gi24745606		1,30E-18
166	G1013	*Cucumis sativus*	gi7484759		2,90E-17
166	G1013	*Capsella rubella*	gi13620168		3,00E-17
166	G1013	*Ipomoea batatas*	gi1076685		7,30E-17
166	G1013	*Petroselinum crispum*	gi1432058		3,70E-16
166	G1013	*Retama raetam*	gi18158619		5,30E-16
166	G1013	*Lycopersicon esculentum*	gi13620227		5,50E-16
168	G1017	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK100322		1,0e-999
168	G1017	*Oryza sativa*	AB071299		1,0e-999
168	G1017	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01008877		1,00E-170
168	G1017	*Lotus japonicus*	AP004505		1,00E-139
168	G1017	*Physcomitrella*	AX288142		1,00E-130

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		patens			
168	G1017	*Zea mays*	CC657791		1,00E-104
168	G1017	*Brassica oleracea*	BH736206		1,00E-101
168	G1017	*Medicago truncatula*	BG646821		3,00E-98
168	G1017	*Vitis vinifera*	CB979491		2,00E-87
168	G1017	*Triticum aestivum*	BJ258796		5,00E-70
168	G1017	*Oryza sativa*	gi19352051		1,40E-194
168	G1017	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi13384374		7,90E-179
168	G1017	*Mangifera indica*	gi30027167		5,50E-73
168	G1017	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi26251300		3,10E-72
168	G1017	*Prunus persica*	gi27450533		5,00E-70
168	G1017	*Marchantia polymorpha*	gi25272004		2,60E-11
168	G1017	*Mirabilis jalapa*	gi23343944		0,00011
168	G1017	*Zea mays*	gi18697008		0,00015
168	G1017	*Pisum sativum*	gi1352057		0,01
168	G1017	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi20269063		0,1
170	G1033	*Brassica napus*	CD822227		6,00E-72
170	G1033	*Medicago*	BI264539		8,00E-60

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		truncatula			
170	G1033	*Glycine max*	BI967499		3,00E-59
170	G1033	*Hedyotis centranthoides*	CB087944		7,00E-58
170	G1033	*Phaseolus coccineus*	CA902244		7,00E-56
170	G1033	*Pisum sativum*	CD860485		5,00E-54
170	G1033	*Helianthus annuus*	CD856695		5,00E-54
170	G1033	*Capsicum annuum*	BM063385		9,00E-53
170	G1033	*Vitis vinifera*	CA818147		2,00E-52
170	G1033	*Lycopersicon esculentum*	AI776807		2,00E-52
170	G1033	*Ipomoea nil*	gi1052956		6,10E-37
170	G1033	*Nicotiana tabacum*	gi2196548		7,80E-37
170	G1033	*Solanum tuberosum*	gi2894109		7,00E-36
170	G1033	*Pisum sativum*	gi436424		1,10E-35
170	G1033	*Glycine max*	gi123379		3,90E-35
170	G1033	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi23345287		4,50E-34
170	G1033	*Oryza sativa*	gi3885888		4,50E-34
170	G1033	*Zea mays*	gi2196672		1,50E-33
170	G1033	*Vicia faba*	gi541981		2,50E-33
170	G1033	*Triticum aestivum*	gi100791		3,10E-33
171	G1037	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER33215_1	926	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
171	G1037	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER35769_1	927	
171	G1037	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER35769_2	928	
171	G1037	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER78853_1	929	
171	G1037	*Oryza sativa*	LIB4309-004-Q1-K1-F10	930	
171	G1037	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER7899_1	931	
171	G1037	*Oryza sativa*	OSC101221,C1,p7,fg	932	
171	G1037	*Oryza sativa*	OSC101630,C1,p9,fg	933	
171	G1037	*Oryza sativa*	OSC101746,C1,p5,fg	934	
171	G1037	*Oryza sativa*	OSC101754,C1,p6,fg	935	
171	G1037	*Oryza sativa*	OSC15521,C1,p1,fg	936	
171	G1037	*Oryza sativa*	OSC22451,C1,p8,fg	937	
171	G1037	*Oryza sativa*	rsicek_16168,y1,abd	938	
171	G1037	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER1091_1	939	
171	G1037	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER586757_1	940	
171	G1037	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER724_633	941	
171	G1037	*Glycine max*	Gma_S4903453	1652	
171	G1037	*Zea mays*	Zm_S11418484	1788	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
171	G1037	*Zea mays*	Zm_S11440157	1789	
171	G1037	*Triticum aestivum*	Ta_S103284	1861	
171	G1037	*Triticum aestivum*	Ta_S349182	1862	
171	G1037	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-68090	2011	
172	G1037	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK101165		1,00E-100
172	G1037	*Zea mays*	AB062095		4,00E-94
172	G1037	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB630542		6,00E-90
172	G1037	*Brassica oleracea*	BH007675		6,00E-87
172	G1037	*Solanum tuberosum*	BM407041		6,00E-77
172	G1037	*Medicago truncatula*	BG450692		7,00E-71
172	G1037	*Lactuca sativa*	BQ858556		4,00E-62
172	G1037	*Stevia rebaudiana*	BG523436		1,00E-60
172	G1037	*Vitis vinifera*	CD800109		2,00E-58
172	G1037	*Oryza sativa*	AP004552		1,00E-56
172	G1037	*Zea mays*	gi14189890		1,80E-92
172	G1037	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24308616		3,80E-76
172	G1037	*Oryza*	gi31338862		5,40E-45

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		glaberrima			
172	G1037	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		1,80E-44
172	G1037	*Oryza sativa*	gi15289981		1,30E-20
172	G1037	*Dianthus caryophyllus*	gi13173408		1,00E-10
172	G1037	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		6,80E-09
172	G1037	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		2,20E-07
172	G1037	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		3,30E-07
172	G1037	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		2,60E-06
174	G1082	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK100643		1,00E-144
174	G1082	*Brassica oleracea*	BH666792		1,00E-90
174	G1082	*Solanum tuberosum*	BI179090		7,00E-77
174	G1082	*Glycine max*	CA785487		3,00E-75
174	G1082	*Helianthus annuus*	BU026443		4,00E-67
174	G1082	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU883184		2,00E-63
174	G1082	*Hordeum vulgare* subesp.	CA030236		3,00E-60

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		vulgare			
174	G1082	*Triticum aestivum*	BJ288629		2,00E-55
174	G1082	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001043		5,00E-54
174	G1082	*Lactuca sativa*	BQ860209		6,00E-54
174	G1082	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32483081		4,10E-79
174	G1082	*Gossypium hirsutum*	gi22858664		2,10E-46
174	G1082	*Oryza sativa*	gi13124871		1,10E-43
174	G1082	*Marsilea quadrifolia*	gi22550110		1,10E-15
174	G1082	*Catharanthus roseus*	gi1486263		2,70E-07
174	G1082	*Lupinus angustifolius*	gi28912428		2,50E-05
174	G1082	*Glycine max*	gi347455		3,10E-05
174	G1082	*Vigna unguiculata*	gi1076556		3,80E-05
174	G1082	*Lycopersicon esculentum*	gi100210		6,10E-05
174	G1082	*Nicotiana tabacum*	gi296617		7,70E-05
176	G1100	*Brassica oleracea*	BZ515453		8,00E-61
176	G1100	*Medicago truncatula*	CB892846		1,00E-41
176	G1100	*Cucumis melo*	AF499727		2,00E-41

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
176	G1100	*Solanum tuberosum*	BG590574		3,00E-31
176	G1100	*Citrus sinensis*	CB290516		1,00E-30
176	G1100	*Zea mays*	CC605834		3,00E-30
176	G1100	*Poncirus trifoliata*	CD576402		3,00E-30
176	G1100	*Gossypium hirsutum*	AI730749		2,00E-29
176	G1100	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005399		1,00E-28
176	G1100	*Glycine max*	BQ094213		1,00E-28
176	G1100	*Cucumis melo*	gi28558782		6,50E-45
176	G1100	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24756877		2,10E-27
176	G1100	*Oryza sativa*	gi21740711		3,80E-25
176	G1100	*Medicago sativa*	gi23451086		7,00E-20
176	G1100	*Nicotiana tabacum*	gi12003386		3,50E-15
176	G1100	*Zea mays*	gi21645888		1,80E-12
176	G1100	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152976		2,70E-12
176	G1100	*Hordeum vulgare*	gi2894379		4,90E-12
176	G1100	*Solanum tuberosum*	gi24745601		4,80E-10

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
176	G1100	*Cicer arietinum*	gi4651204		2,90E-08
178	G1108	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK066424		1,00E-113
178	G1108	*Zea mays*	BG837939		1,00E-91
178	G1108	*Brassica oleracea*	BZ486328		1,00E-89
178	G1108	*Lactuca sativa*	BQ852089		3,00E-80
178	G1108	*Triticum aestivum*	BJ319065		2,00E-78
178	G1108	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB634885		5,00E-78
178	G1108	*Lycopersicon esculentum*	BI921710		1,00E-75
178	G1108	*Oryza sativa*	AX699700		1,00E-73
178	G1108	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	AL505242		8,00E-71
178	G1108	*Solanum tuberosum*	BQ512426		6,00E-69
178	G1108	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi15289774		6,00E-78
178	G1108	*Phacelia tanacetifolia*	gi5002214		1,40E-28
178	G1108	*Medicago sativa*	gi23451086		5,10E-12
178	G1108	*Oryza sativa*	gi14164470		1,10E-11

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
178	G1108	*Cicer arietinum*	gi4651204		2,60E-10
178	G1108	*Nicotiana tabacum*	gi12003386		1,40E-09
178	G1108	*Thellungiella halophila*	gi20340241		1,50E-09
178	G1108	*Hordeum vulgare*	gi2894379		2,80E-09
178	G1108	*Cucumis melo*	gi17016985		2,30E-08
178	G1108	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152976		3,10E-08
180	G1113	*Brassica napus*	AI352907		7,00E-49
180	G1113	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BG543052		1,00E-26
180	G1113	*Ipomoea nil*	BJ574282		2,00E-25
180	G1113	*Populus tremula*	BU893088		3,00E-25
180	G1113	*Lactuca sativa*	BQ849490		3,00E-25
180	G1113	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU885427		4,00E-25
180	G1113	*Gossypium hirsutum*	AI729600		8,00E-24
180	G1113	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa x Populus deltoides*	CA825344		8,00E-24
180	G1113	*Lycopersicon*	AW034559		1,00E-23

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		esculentum			
180	G1113	*Capsicum annuum*	CA847343		3,00E-23
180	G1113	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488512		6,10E-19
180	G1113	*Oryza sativa*	gi14164467		2,40E-12
180	G1113	*Hordeum vulgare* subesp. *Vulgare*	gi20152976		4,90E-12
180	G1113	*Thellungiella halophila*	gi20340241		1,30E-11
180	G1113	*Medicago sativa*	gi23451086		2,60E-11
180	G1113	*Cucumis melo*	gi28558782		1,80E-10
180	G1113	*Glycine max*	gi22597166		6,50E-10
180	G1113	*Nicotiana tabacum*	gi12003386		2,90E-09
180	G1113	*Zea mays*	gi18092342		1,30E-08
180	G1113	*Pisum sativum*	gi4240031		2,40E-08
181	G1128	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER83680_3	942	
181	G1128	*Oryza sativa*	OSC795,C1,p2,fg	943	
181	G1128	*Glycine max*	Gma_S4918384	1653	
181	G1128	*Triticum aestivum*	Ta_S190134	1863	
182	G1128	*Brassica oleracea*	BH586480		1,00E-82
182	G1128	*Glycine max*	BU926769		7,00E-60
182	G1128	*Oryza sativa*	AK068379		3,00E-58

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		(grupo do cultivar *japonica*)			
182	G1128	*Gossypium arboreum*	BG441060		5,00E-53
182	G1128	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU814921		1,00E-50
182	G1128	*Solanum tuberosum*	BQ508721		4,00E-48
182	G1128	*Hordeum vulgare*	BQ765321		3,00E-47
182	G1128	*Populus balsamifera* subesp. *Trichocarpa*	BI139442		6,00E-47
182	G1128	*Medicago truncatula*	BG589060		1,00E-46
182	G1128	*Zinnia elegans*	AU289368		4,00E-45
182	G1128	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi12643044		5,20E-51
182	G1128	*Pisum sativum*	gi2213534		2,50E-45
182	G1128	*Antirrhinum majus*	gi4165183		3,40E-38
182	G1128	*Vitis vinifera*	gi30421132		0,0005
182	G1128	*Zea mays*	gi9837562		0,0019
182	G1128	*Oryza sativa*	gi21740825		0,0026
182	G1128	*Spinacia oleracea*	gi6492266		0,0033
182	G1128	*Nicotiana tabacum*	gi6492262		0,068

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
182	G1128	*Volvox carteri f. nagariensis*	gi4324621		0,078
182	G1128	*Lycopersicon esculentum*	gi15144504		0,11
184	G1136	*Phaseolus vulgaris*	PVU18348		1,00E-156
184	G1136	*Gossypium raimondii*	CA994239		1,00E-138
184	G1136	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AE017122		1,00E-100
184	G1136	*Oryza sativa*	AC060755		1,00E-100
184	G1136	*Brassica oleracea*	BZ466433		7,00E-86
184	G1136	*Zea mays*	AF061107		1,00E-80
184	G1136	*Lycopersicon esculentum*	AF011557		2,00E-73
184	G1136	*Solanum tuberosum*	BI434651		2,00E-72
184	G1136	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01004195		6,00E-69
184	G1136	*Medicago truncatula*	CB893334		1,00E-68
184	G1136	*Phaseolus vulgaris*	gi1142619		2,00E-155
184	G1136	*Oryza sativa*	gi12643064		6,80E-128
184	G1136	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31433653		6,80E-128
184	G1136	*Zea mays*	gi4321762		2,30E-127

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
184	G1136	*Lycopersicon esculentum*	gi6175252		6,40E-58
184	G1136	*Petunia x hybrida*	gi10998404		7,40E-36
184	G1136	*Perilla frutescens*	gi28375728		2,90E-34
184	G1136	*Antirrhinum majus*	gi166428		6,30E-26
184	G1136	*Gossypium hirsutum*	gi13346182		4,60E-25
184	G1136	*Gerbera hybrida*	gi3650292		6,00E-19
185	G1142	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER228631_1	944	
185	G1142	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER228631_2	945	
185	G1142	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER251531_1	946	
185	G1142	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER137582_1	947	
185	G1142	*Zea mays*	Zm_S11428899	1790	
185	G1142	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-12268	2012	
186	G1142	*Brassica oleracea*	BZ072414		6,00E-71
186	G1142	*Brassica napus*	CD829735		4,00E-67
186	G1142	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU813371		3,00E-63

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
186	G1142	*Glycine max*	BQ094663		2,00E-62
186	G1142	*Medicago truncatula*	BF647687		2,00E-60
186	G1142	*Populus tremula*	BU891490		4,00E-55
186	G1142	*Lycopersicon esculentum*	AW622727		4,00E-43
186	G1142	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106649		1,00E-38
186	G1142	*Populus tremuloides*	CA931085		2,00E-33
186	G1142	*Oryza sativa* subesp. *japonica*	AU093196		2,00E-30
186	G1142	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32129332		1,40E-39
186	G1142	*Oryza sativa*	gi8570062		2,70E-27
186	G1142	*Pennisetum glaucum*	gi527657		5,20E-07
186	G1142	*Phyllostachys acuta*	gi527661		1,40E-06
186	G1142	*Lycopersicon esculentum*	gi6175252		2,10E-06
186	G1142	*Sorghum bicolor*	gi527665		2,00E-05
186	G1142	*Oryza australiensis*	gi1086526		2,40E-05
186	G1142	*Oryza eichingeri*	gi1086528		4,00E-05
186	G1142	*Gossypium*	gi13346180		6,60E-05

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		hirsutum			
186	G1142	*Oryza rufipogon*	gi1086536		6,70E-05
188	G1150	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01007141		1,00E-174
188	G1150	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AC135597		1,00E-174
188	G1150	*Zea mays*	AY109385		1,00E-157
188	G1150	*Brassica oleracea*	BH475694		1,00E-112
188	G1150	*Triticum aestivum*	BT008960		1,00E-103
188	G1150	*Medicago truncatula*	BI309506		4,00E-99
188	G1150	*Oryza sativa*	BI118817		2,00E-81
188	G1150	*Glycine max*	BU761598		2,00E-80
188	G1150	*Lycopersicon esculentum*	BG125123		6,00E-69
188	G1150	*Solanum tuberosum*	BG351593		9,00E-68
188	G1150	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31712081		5,60E-170
188	G1150	*Oryza sativa*	gi6539559		2,20E-97
188	G1150	*Zea mays*	gi18542175		8,40E-36
188	G1150	*Pisum sativum*	gi15021750		1,90E-05
188	G1150	*Vicia faba*	gi425682		6,60E-05
188	G1150	*Phaseolus*	gi169349		0,0015

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		vulgaris			
188	G1150	*Adiantum capillus-veneris*	gi4033606		0,0019
188	G1150	*Medicago truncatula*	gi2598593		0,007
188	G1150	*Lycopersicon esculentum*	gi170454		0,0072
188	G1150	*Solanum tuberosum*	gi688080		0,011
189	G1206	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER11328_1	948	
189	G1206	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER11328_2	949	
189	G1206	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER11328_4	950	
189	G1206	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER240450_1	951	
189	G1206	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER48180_5	952	
189	G1206	*Oryza sativa*	15855173	953	
189	G1206	*Oryza sativa*	AU172577,1	954	
189	G1206	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER100143_1	955	
189	G1206	*Oryza sativa*	OSC101221,C1,p21,fg	956	
189	G1206	*Oryza sativa*	OSC17045,C1,p1,fg	957	
189	G1206	*Oryza sativa*	OSC24705,C1,p12,fg	958	
189	G1206	*Oryza sativa*	OSC773,C1,p2,fg	959	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
189	G1206	*Oryza sativa*	rsicem_13769,y1,abd	960	
189	G1206	*Zea mays*	LIB3912-033-Q6-K6-A12	961	
189	G1206	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER231432_1	962	
189	G1206	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER30971_1	963	
189	G1206	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER30971_3	964	
189	G1206	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER73342_1	965	
189	G1206	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER73342_2	966	
189	G1206	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER998548_1	967	
189	G1206	*Glycine max*	Gma_S4861534	1654	
189	G1206	*Glycine max*	Gma_S4881720	1655	
189	G1206	*Glycine max*	Gma_S5117867	1656	
189	G1206	*Medicago truncatula*	Mtr_S5329905	1697	
189	G1206	*Medicago truncatula*	Mtr_S5408746	1698	
189	G1206	*Zea mays*	Zm_S11526858	1791	
189	G1206	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-48203	2013	
189	G1206	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-385084	2014	
189	G1206	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-463300	2015	
189	G1206	*Lycopersicon*	SGN-UNIGENE-	2016	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		esculentum	SINGLET-471325		
190	G1206	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK059445		1,00E-133
190	G1206	*Vicia sativa*	VSENBP1GN		1,00E-123
190	G1206	*Pisum sativum*	PSPD3BIPR		1,00E-122
190	G1206	*Brassica napus*	CD815167		1,00E-109
190	G1206	*Brassica oleracea*	BH582293		1,00E-107
190	G1206	*Mesembryanthemum crystallinum*	CA838861		2,00E-84
190	G1206	*Solanum tuberosum*	BQ507789		1,00E-74
190	G1206	*Zea mays*	AY106688		5,00E-74
190	G1206	*Zinnia elegans*	AU290850		5,00E-71
190	G1206	*Medicago truncatula*	AW775140		5,00E-70
190	G1206	*Vicia sativa*	gi1360637		1,20E-172
190	G1206	*Medicago truncatula*	gi11358945		2,40E-169
190	G1206	*Pisum sativum*	gi2213540		1,50E-166
190	G1206	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21104742		0,083
190	G1206	*Medicago sativa*	gi1279563		0,088
190	G1206	*Nicotiana tabacum*	gi8096269		0,29
190	G1206	*Ananas comosus*	gi31323668		0,38
190	G1206	*Gossypium*	gi11291753		0,83

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		hirsutum			
190	G1206	*Populus tremuloides*	gi9651406		0,83
190	G1206	*Cicer arietinum*	gi3860319		0,94
192	G1247	*Brassica oleracea*	BZ440977		3,00E-31
192	G1247	*Petunia x hybrida*	PHMYBPH33		5,00E-28
192	G1247	*Lactuca sativa*	BQ996568		6,00E-28
192	G1247	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK063951		1,00E-27
192	G1247	*Oryza sativa*	OSGAMYB		1,00E-27
192	G1247	*Vitis vinifera*	CB004589		1,00E-27
192	G1247	*Lolium temulentum*	AF114162		2,00E-27
192	G1247	*Hordeum vulgare*	HVRNAGAM1		2,00E-27
192	G1247	*Triticum aestivum*	AB044084		2,00E-27
192	G1247	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA013607		2,00E-27
192	G1247	*Triticum aestivum*	gi8247759		9,60E-31
192	G1247	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32489825		4,40E-29
192	G1247	*Zea mays*	gi19072736		2,90E-28
192	G1247	*Oryza sativa*	gi1707640		1,80E-27

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
192	G1247	*Sorghum bicolor*	gi19073322		4,00E-27
192	G1247	*Hordeum vulgare*	gi1200239		5,50E-27
192	G1247	*Petunia x hybrida*	gi20565		8,30E-27
192	G1247	*Lolium temulentum*	gi4877649		1,30E-26
192	G1247	*Lycopersicon esculentum*	gi1430846		2,20E-26
192	G1247	*Nicotiana tabacum*	gi11066263		3,70E-26
193	G1274	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER16030_1	968	
193	G1274	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER305171_1	969	
193	G1274	*Oryza sativa*	OSC100386,C1,p11,fg	970	
193	G1274	*Oryza sativa*	OSC100526,C1,p1,fg	971	
193	G1274	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER139642_1	972	
193	G1274	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER139642_2	973	
193	G1274	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER2967_14	974	
193	G1274	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER452657_1	975	
193	G1274	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-51404	2017	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
193	G1274	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-57064	2018	
194	G1274	*Glycine max*	BQ742659		1,00E-33
194	G1274	*Solanum tuberosum*	BQ516647		2,00E-32
194	G1274	*Lycopersicon esculentum*	BI209002		2,00E-32
194	G1274	*Hordeum vulgare*	BE216050		4,00E-31
194	G1274	*Capsicum annuum*	CA524920		2,00E-30
194	G1274	*Stevia rebaudiana*	BG525040		3,00E-30
194	G1274	*Sorghum bicolor*	CD233113		3,00E-29
194	G1274	*Zea mays*	BM334368		2,00E-28
194	G1274	*Hordeum vulgare* subesp. *Spontaneum*	BJ478103		3,00E-28
194	G1274	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BJ456908		3,00E-28
194	G1274	*Oryza sativa*	gi9558431		1,10E-28
194	G1274	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21104763		4,90E-28
194	G1274	*Nicotiana tabacum*	gi29536791		6,00E-23
194	G1274	*Capsella rubella*	gi32454266		1,70E-22
194	G1274	*Solanum*	gi24745606		8,70E-22

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		tuberosum			
194	G1274	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi23305051		1,40E-21
194	G1274	*Pimpinella brachycarpa*	gi3420906		1,70E-21
194	G1274	*Lycopersicon esculentum*	gi13620227		3,90E-21
194	G1274	*Cucumis sativus*	gi7484759		5,70E-21
194	G1274	*Ipomoea batatas*	gi1076685		7,00E-21
195	G1276	*Medicago truncatula*	Mtr_S7094215	1699	
195	G1276	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-449521	2019	
196	G1276	*Hyacinthus orientalis*	AF134116		5,00E-68
196	G1276	*Pisum sativum*	AF325506		2,00E-63
196	G1276	*Brassica oleracea*	BH541466		4,00E-62
196	G1276	*Antirrhinum majus*	AY223518		9,00E-62
196	G1276	*Petunia x hybrida*	AF132002		9,00E-62
196	G1276	*Zea mays*	AF048900		5,00E-61
196	G1276	*Malus x domestica*	AF332215		2,00E-60
196	G1276	*Hordeum vulgare*	AY069953		9,00E-60
196	G1276	*Glycine max*	CA783794		3,00E-59
196	G1276	*Lycopersicon*	BI933811		3,00E-59

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		esculentum			
196	G1276	*Hyacinthus orientalis*	gi5360996		1,00E-66
196	G1276	*Pisum sativum*	gi13173164		6,60E-65
196	G1276	*Antirrhinum majus*	gi28894443		2,20E-62
196	G1276	*Zea mays*	gi2944040		3,60E-62
196	G1276	*Hordeum vulgare*	gi18476518		1,60E-61
196	G1276	*Petunia x hybrida*	gi5081557		5,40E-61
196	G1276	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24059986		2,30E-60
196	G1276	*Malus x domestica*	gi21717332		7,30E-57
196	G1276	*Picea abies*	gi11181610		4,00E-56
196	G1276	*Fragaria x ananassa*	gi30314933		1,30E-36
198	G1289	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK069906		1,0e-999
198	G1289	*Zea mays*	AY104480		1,00E-177
198	G1289	*Brassica napus*	CD842929		1,00E-124
198	G1289	*Oryza sativa*	CNS08C8Z		1,00E-123
198	G1289	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01003696		1,00E-123
198	G1289	*Malus domestica*	AF220204		1,00E-106

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
198	G1289	*Descurainia sophia*	BU238049		1,00E-104
198	G1289	*Vitis vinifera*	CB974203		1,00E-100
198	G1289	*Lactuca sativa*	BQ861345		2,00E-95
198	G1289	*Glycine max*	BI786110		1,00E-90
198	G1289	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi15624052		1,60E-176
198	G1289	*Oryza sativa*	gi15408875		6,30E-122
198	G1289	*Malus x domestica*	gi6752888		5,90E-103
198	G1289	*Narcissus pseudonarcissus*	gi18419598		3,60E-24
198	G1289	*Pinus pinaster*	gi20218829		4,70E-09
198	G1289	*Lycopersicon esculentum*	gi15144514		0,0032
198	G1289	*Prunus persica*	gi27450532		0,0035
198	G1289	*Ricinus communis*	gi2246458		0,0043
198	G1289	*Nicotiana tabacum*	gi17044043		0,0055
198	G1289	*Glycine max*	gi1399380		0,013
199	G1313	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER110578_1	976	
199	G1313	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER1200_1	977	
199	G1313	*Oryza sativa*	OSC101811,C1,p1,fg	978	
199	G1313	*Oryza sativa*	OSC102408,C1,p25,fg	979	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
199	G1313	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER163873_1	980	
199	G1313	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER163873_4	981	
199	G1313	*Oryza sativa*	Os_S60589	1582	
199	G1313	*Oryza sativa*	Os_S60753	1583	
199	G1313	*Hordeum vulgare*	Hv_S73931	1734	
200	G1313	*Hordeum vulgare*	HVRNAGAM1		4,00E-72
200	G1313	*Lolium temulentum*	AF114162		7,00E-72
200	G1313	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK063951		4,00E-71
200	G1313	*Oryza sativa*	AX699725		4,00E-71
200	G1313	*Avena sativa*	ASA133638		4,00E-71
200	G1313	*Vitis vinifera*	CB005976		3,00E-66
200	G1313	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA014662		2,00E-58
200	G1313	*Triticum aestivum*	BQ245589		8,00E-58
200	G1313	*Zea mays*	CD439889		3,00E-55
200	G1313	*Petunia x hybrida*	PHMYBPH33		7,00E-54
200	G1313	*Hordeum vulgare*	gi13236696		4,00E-72
200	G1313	*Oryza sativa*	gi18844771		8,40E-72

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		(grupo do cultivar *japonica*)			
200	G1313	*Oryza sativa*	gi1707640		1,40E-71
200	G1313	*Lolium temulentum*	gi4877649		2,20E-71
200	G1313	*Avena sativa*	gi4581969		1,60E-70
200	G1313	*Triticum aestivum*	gi8247759		1,40E-55
200	G1313	*Petunia x hybrida*	gi20565		3,80E-53
200	G1313	*Nicotiana tabacum*	gi11066265		2,60E-52
200	G1313	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	gi30024602		2,40E-41
200	G1313	*Glycine max*	gi30024604		1,50E-40
202	G1327	*Oryza sativa*	AX652823		1,00E-52
202	G1327	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB619057		3,00E-52
202	G1327	*Petunia x hybrida*	PHMYBPH22		4,00E-52
202	G1327	*Brassica napus*	CD834677		1,00E-50
202	G1327	*Glycine max*	AB029160		6,00E-50
202	G1327	*Sorghum bicolor*	CD214131		8,00E-50
202	G1327	*Triticum aestivum*	BJ312394		8,00E-50
202	G1327	*Hordeum vulgare*	BG343209		8,00E-50
202	G1327	*Nicotiana*	AB028650		8,00E-50

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		tabacum			
202	G1327	*Solanum tuberosum*	BQ514539		1,00E-49
202	G1327	*Petunia x hybrida*	gi20561		1,10E-51
202	G1327	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi33087073		2,40E-51
202	G1327	*Zea mays*	gi127580		6,30E-51
202	G1327	*Oryza sativa*	gi1946265		1,00E-50
202	G1327	*Nicotiana tabacum*	gi6552361		1,30E-50
202	G1327	*Glycine max*	gi5139802		1,20E-49
202	G1327	*Vitis labrusca x Vitis vinifera*	gi22266675		3,10E-49
202	G1327	*Lycopersicon esculentum*	gi1370140		4,00E-49
202	G1327	*Sorghum bicolor*	gi19548405		5,10E-49
202	G1327	*Populus x canescens*	gi22795039		3,60E-48
204	G1340	*Brassica oleracea*	BZ504572		5,00E-64
204	G1340	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU832210		7,00E-56
204	G1340	*Gossypium arboreum*	BQ407507		1,00E-53
204	G1340	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	AC135792		1,00E-51

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		japonica)			
204	G1340	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01006150		3,00E-47
204	G1340	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	AP006423		2,00E-41
204	G1340	*Oryza sativa*	OSIG00051		1,00E-40
204	G1340	*Solanum tuberosum*	BQ510169		3,00E-37
204	G1340	*Zea mays*	CC658096		1,00E-34
204	G1340	*Sorghum bicolor*	BZ346856		7,00E-29
204	G1340	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488407		3,20E-56
204	G1340	*Lycopersicon esculentum*	gi1345538		0,00087
204	G1340	*Oryza sativa*	gi13786451		0,0023
204	G1340	*Glycine max*	gi18182309		0,0075
204	G1340	*Triticum aestivum*	gi5292165		0,0099
204	G1340	*Nicotiana tabacum*	gi6691123		0,011
204	G1340	*Solanum tuberosum*	gi688080		0,013
204	G1340	*Volvox carteri*	gi21992		0,023
204	G1340	*Vicia faba*	gi425682		0,03
204	G1340	*Bromheadia finlaysoniana*	gi2108258		0,046
206	G1341	*Gossypium*	AY125487		1,0e-999

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		hirsutum			
206	G1341	*Oryza sativa*	AF268596		1,00E-103
206	G1341	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK064970		1,00E-101
206	G1341	*Poncirus trifoliata*	CD575941		5,00E-95
206	G1341	*Medicago truncatula*	CF068570		5,00E-90
206	G1341	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000469		1,00E-88
206	G1341	*Helianthus annuus*	CD852109		1,00E-85
206	G1341	*Zea mays*	BZ968534		2,00E-72
206	G1341	*Triticum aestivum*	BJ301302		2,00E-69
206	G1341	*Brassica napus*	CD825286		2,00E-61
206	G1341	*Gossypium hirsutum*	gi22858664		3,10E-191
206	G1341	*Oryza sativa*	gi13124871		1,80E-95
206	G1341	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31433523		1,80E-95
206	G1341	*Marsilea quadrifolia*	gi22550110		4,50E-24
206	G1341	*Volvox carteri*	gi226743		1,20E-12
206	G1341	*Volvox carteri f. nagariensis*	gi6523547		2,10E-12
206	G1341	*Lupinus angustifolius*	gi28912428		1,10E-11

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
206	G1341	*Lycopersicon esculentum*	gi7488999		1,30E-10
206	G1341	*Adiantum capillus-veneris*	gi4033606		2,80E-10
206	G1341	*Cicer arietinum*	gi3204132		3,50E-10
207	G1357	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER80398_1	982	
207	G1357	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-52387	2020	
208	G1357	*Brassica oleracea*	BH590226		3,00E-94
208	G1357	*Medicago truncatula*	BF645605		5,00E-59
208	G1357	*Sorghum bicolor*	BI140703		8,00E-44
208	G1357	*Hordeum vulgare* subesp. *spontaneum*	BJ481205		8,00E-44
208	G1357	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU967516		8,00E-44
208	G1357	*Hordeum vulgare*	BQ469035		8,00E-44
208	G1357	*Petunia x hybrida*	AF509874		9,00E-42
208	G1357	*Triticum aestivum*	BJ257015		9,00E-42
208	G1357	*Oryza sativa*	AX654515		3,00E-41
208	G1357	*Oryza sativa* (grupo do	AK099540		5,00E-41

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		cultivar *japonica*)			
208	G1357	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi19225018		1,50E-42
208	G1357	*Petunia x hybrida*	gi21105751		2,40E-42
208	G1357	*Medicago truncatula*	gi7716952		7,20E-42
208	G1357	*Oryza sativa*	gi6730946		3,50E-41
208	G1357	*Glycine max*	gi22597158		1,10E-37
208	G1357	*Brassica napus*	gi31322582		4,30E-36
208	G1357	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		7,00E-36
208	G1357	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		2,20E-32
208	G1357	*Triticum sp.*	gi4218537		2,80E-32
208	G1357	*Triticum monococcum*	gi6732160		2,80E-32
210	G1361	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK102794		1,00E-103
210	G1361	*Brassica oleracea*	BH541034		7,00E-97
210	G1361	*Brassica napus*	AF319771		1,00E-96
210	G1361	*Hordeum vulgare*	BI960052		5,00E-90
210	G1361	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BI129724		2,00E-88
210	G1361	*Oryza sativa*	AAAA01011028		4,00E-86

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		(grupo do cultivar *indica*)			
210	G1361	*Glycine max*	BM527360		4,00E-86
210	G1361	*Zea mays*	CC340048		3,00E-84
210	G1361	*Medicago truncatula*	BG646679		2,00E-83
210	G1361	*Sorghum bicolor*	CD235886		2,00E-72
210	G1361	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi18461166		3,10E-97
210	G1361	*Brassica napus*	gi12751304		1,30E-91
210	G1361	*Oryza sativa*	gi9049470		2,20E-70
210	G1361	*Triticum monococcum*	gi6732156		6,10E-12
210	G1361	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		3,40E-11
210	G1361	*Glycine max*	gi22597158		2,90E-10
210	G1361	*Triticum sp.*	gi4218537		8,10E-10
210	G1361	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		7,40E-09
210	G1361	*Petunia x hybrida*	gi1279640		1,00E-08
210	G1361	*Medicago truncatula*	gi7716952		2,20E-08
212	G1384	*Solanum tuberosum*	BQ115095		7,00E-49
212	G1384	*Lycopersicon esculentum*	AF506825		7,00E-49
212	G1384	*Brassica oleracea*	BH517407		1,00E-46

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
212	G1384	*Brassica napus*	CD829462		9,00E-46
212	G1384	*Prunus persica*	BU046010		2,00E-45
212	G1384	*Hedyotis centranthoides*	CB083964		2,00E-44
212	G1384	*Atriplex hortensis*	AF274033		5,00E-44
212	G1384	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK105877		6,00E-44
212	G1384	*Oryza sativa*	AP004119		6,00E-44
212	G1384	*Glycine max*	BE807772		1,00E-43
212	G1384	*Lycopersicon esculentum*	gi27436378		1,50E-49
212	G1384	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32140997		1,90E-43
212	G1384	*Zea mays*	gi21908036		4,50E-41
212	G1384	*Atriplex hortensis*	gi8571476		4,20E-38
212	G1384	*Oryza sativa*	gi5091503		3,60E-22
212	G1384	*Nicotiana tabacum*	gi1208498		1,00E-20
212	G1384	*Prunus armeniaca*	gi3264767		1,70E-20
212	G1384	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi32401273		1,50E-19
212	G1384	*Solanum tuberosum*	gi28268684		5,00E-19
212	G1384	*Glycine max*	gi31324058		1,00E-18
214	G1389	*Brassica*	BH720211		2,00E-96

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		oleracea			
214	G1389	*Medicago truncatula*	AC144893		8,00E-47
214	G1389	*Lotus japonicus*	AP006146		3,00E-46
214	G1389	*Lactuca sativa*	BQ996587		3,00E-39
214	G1389	*Lupinus albus*	LAL426419		8,00E-39
214	G1389	*Glycine max*	AW760150		2,00E-38
214	G1389	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AB071805		3,00E-38
214	G1389	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01005156		3,00E-38
214	G1389	*Oryza sativa*	AP003104		3,00E-38
214	G1389	*Gossypium arboreum*	BG440212		5,00E-38
214	G1389	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20975253		3,00E-45
214	G1389	*Lupinus albus*	gi20269127		2,80E-44
214	G1389	*Oryza sativa*	gi14164473		1,20E-43
214	G1389	*Lycopersicon esculentum*	gi12002867		1,90E-39
214	G1389	*Pueraria montana* var. *lobata*	gi21624281		6,10E-21
214	G1389	*Digitalis purpurea*	gi6358561		8,30E-21
214	G1389	*Misopates orontium*	gi6358605		1,50E-20

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
214	G1389	*Antirrhinum majus* subesp. *linkianum*	gi6358551		2,80E-20
214	G1389	*Antirrhinum microphyllum*	gi32481583		3,40E-20
214	G1389	*Antirrhinum graniticum*	gi6358548		3,40E-20
215	G1412	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER16227_1	983	
215	G1412	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER16227_2	984	
215	G1412	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER16227_3	985	
215	G1412	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER16227_5	986	
215	G1412	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER444_125	987	
215	G1412	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER444_267	988	
215	G1412	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER444_320	989	
215	G1412	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER444_337	990	
215	G1412	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER721_119	991	
215	G1412	*Glycine max*	Gma_S5050636	1657	
215	G1412	*Lycopersicon esculentum*	Les_S5295623	1930	
215	G1412	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-45948	2021	
215	G1412	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-48215	2022	
216	G1412	*Brassica napus*	AY245887		1,00E-149

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
216	G1412	*Citrus sinensis*	CB290927		1,00E-106
216	G1412	*Lycopersicon esculentum*	AF011555		1,00E-103
216	G1412	*Mesembryanthemum crystallinum*	BE034140		1,00E-100
216	G1412	*Beta vulgaris*	BQ586991		5,00E-98
216	G1412	*Solanum tuberosum*	BQ516602		1,00E-96
216	G1412	*Lactuca sativa*	BQ854150		2,00E-95
216	G1412	*Medicago truncatula*	AJ498717		4,00E-94
216	G1412	*Vitis vinifera*	CB915147		2,00E-93
216	G1412	*Glycine max*	BG510868		7,00E-84
216	G1412	*Brassica napus*	gi31322582		2,00E-141
216	G1412	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		2,70E-98
216	G1412	*Oryza sativa*	gi15528779		1,80E-62
216	G1412	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161457		8,80E-61
216	G1412	*Petunia x hybrida*	gi21105748		2,30E-60
216	G1412	*Solanum tuberosum*	gi14485513		9,10E-59
216	G1412	*Triticum sp.*	gi4218535		1,30E-57
216	G1412	*Triticum monococcum*	gi6732158		1,30E-57
216	G1412	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		4,60E-55
216	G1412	*Glycine max*	gi22597158		1,70E-50

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
217	G1420	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER227245_1	992	
217	G1420	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER90086_1	993	
217	G1420	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER22982_1	994	
217	G1420	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER453197_1	995	
218	G1420	*Brassica rapa*	L35779		1,00E-62
218	G1420	*Vitis vinifera*	BQ799236		2,00E-55
218	G1420	*Glycine max*	BF425463		1,00E-50
218	G1420	*Brassica oleracea*	BH451149		2,00E-47
218	G1420	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU884581		1,00E-44
218	G1420	*Lycopersicon esculentum*	AW034229		3,00E-44
218	G1420	*Amborella trichopoda*	CD483414		2,00E-42
218	G1420	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK108745		8,00E-40
218	G1420	*Medicago truncatula*	BF645445		2,00E-39
218	G1420	*Oryza sativa*	AX654272		6,00E-39
218	G1420	*Oryza sativa*	gi11761085		7,40E-41
218	G1420	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	gi22830985		3,90E-35

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		japonica)			
218	G1420	*Lycopersicon esculentum*	gi13620227		1,40E-33
218	G1420	*Nicotiana tabacum*	gi14530681		4,40E-32
218	G1420	*Capsella rubella*	gi32454266		5,70E-32
218	G1420	*Pimpinella brachycarpa*	gi3420906		5,80E-30
218	G1420	*Petroselinum crispum*	gi5917653		2,90E-28
218	G1420	*Avena fatua*	gi1159877		5,60E-27
218	G1420	*Solanum tuberosum*	gi24745606		5,60E-27
218	G1420	*Retama raetam*	gi18158619		3,10E-24
220	G1423	*Brassica oleracea*	BH449565		1,00E-53
220	G1423	*Lycopersicon esculentum*	BI929334		2,00E-10
220	G1423	*Medicago truncatula*	AC139746		1,00E-08
220	G1423	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	CB827123		1,00E-08
220	G1423	*Lotus japonicus*	AP006142		1,00E-08
220	G1423	*Oryza sativa*	CNS07YPB		1,00E-07
220	G1423	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01005416		3,00E-07
220	G1423	*Brassica napus*	CD815249		3,00E-07
220	G1423	*Sorghum*	BZ627051		7,00E-07

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		bicolor			
220	G1423	*Gossypium arboreum*	BQ412101		7,00E-07
220	G1423	*Oryza sativa*	gi15290141		3,80E-06
220	G1423	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi30313673		4,30E-06
220	G1423	*Brassica oleracea* var. *capitata*	gi30523252		4,50E-05
220	G1423	*Zea mays*	gi29372756		4,90E-05
220	G1423	*Raphanus sativus*	gi30523250		5,10E-05
220	G1423	*Ceratopteris richardii*	gi1944532		5,90E-05
220	G1423	*Brassica napus*	gi17933454		6,00E-05
220	G1423	*Brassica rapa*	gi30523360		6,00E-05
220	G1423	*Petunia x hybrida*	gi13384062		6,20E-05
220	G1423	*Hordeum vulgare*	gi9367234		8,70E-05
222	G1446	*Brassica rapa*	AC137926		1,00E-113
222	G1446	*Brassica oleracea*	BH602216		3,00E-66
222	G1446	*Lotus japonicus*	AP004983		8,00E-37
222	G1446	*Medicago truncatula*	BI309565		2,00E-25
222	G1446	*Lactuca sativa*	BU005471		2,00E-19
222	G1446	*Glycine max*	BM525749		2,00E-18
222	G1446	*Lycopersicon esculentum*	BI934904		2,00E-18

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
222	G1446	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AC137991		3,00E-17
222	G1446	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01014243		4,00E-17
222	G1446	*Solanum tuberosum*	BG594881		2,00E-16
222	G1446	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21104742		0,00012
222	G1446	*Nicotiana tabacum*	gi8096269		0,0003
222	G1446	*Raphanus sativus*	gi9049359		0,0012
222	G1446	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi23345287		0,0016
222	G1446	*Oryza sativa*	gi3885888		0,0016
222	G1446	*Boea crassifolia*	gi13992713		0,0023
222	G1446	*Phaseolus vulgaris*	gi1326161		0,0037
222	G1446	*Zea mays*	gi123378		0,017
222	G1446	*Cucurbita maxima*	gi17221648		0,023
222	G1446	*Lycopersicon esculentum*	gi135171		0,051
223	G1451	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER34672_1	996	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
223	G1451	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER34672_2	997	
223	G1451	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER11409_1	998	
223	G1451	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER2788_1	999	
223	G1451	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER294601_1	1000	
223	G1451	*Oryza sativa*	OSC100137,C1,p3,fg	1001	
223	G1451	*Oryza sativa*	OSC100815,C1,p16,fg	1002	
223	G1451	*Oryza sativa*	OSC17225,C1,p4,fg	1003	
223	G1451	*Oryza sativa*	OSC21362,C1,p3,fg	1004	
223	G1451	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER16365_1	1005	
223	G1451	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER16500_1	1006	
223	G1451	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER36166_1	1007	
223	G1451	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER9201_1	1008	
223	G1451	*Oryza sativa*	Os_S113016	1584	
223	G1451	*Oryza sativa*	Os_S113019	1585	
223	G1451	*Oryza sativa*	Os_S113021	1586	
223	G1451	*Glycine max*	Gma_S4864163	1658	
223	G1451	*Glycine max*	Gma_S4867879	1659	
223	G1451	*Medicago truncatula*	Mtr_S5443860	1700	
223	G1451	*Hordeum*	Hv_S73176	1735	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		vulgare			
223	G1451	*Zea mays*	Zm_S11325188	1792	
223	G1451	*Zea mays*	Zm_S11325542	1793	
223	G1451	*Zea mays*	Zm_S11486245	1794	
223	G1451	*Zea mays*	Zm_S11521797	1795	
223	G1451	*Zea mays*	Zm_S11523792	1796	
223	G1451	*Zea mays*	Zm_S11526178	1797	
223	G1451	*Triticum aestivum*	Ta_S132434	1864	
223	G1451	*Triticum aestivum*	Ta_S133054	1865	
223	G1451	*Triticum aestivum*	Ta_S142068	1866	
223	G1451	*Lycopersicon esculentum*	Les_S5190833	1931	
223	G1451	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-47770	2023	
223	G1451	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-49633	2024	
223	G1451	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-52521	2025	
223	G1451	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-56226	2026	
223	G1451	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-58048	2027	
223	G1451	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-339069	2028	
223	G1451	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-360353	2029	
223	G1451	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-62180	2030	
224	G1451	*Oryza sativa*	AB071298		1,0e-999

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
224	G1451	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK071455		1,0e-999
224	G1451	*Zea mays*	AY105215		1,00E-157
224	G1451	*Medicago truncatula*	CB894037		1,00E-110
224	G1451	*Poncirus trifoliata*	CD576399		1,00E-109
224	G1451	*Lactuca sativa*	BQ862285		1,00E-107
224	G1451	*Solanum tuberosum*	BG597435		1,00E-107
224	G1451	*Triticum aestivum*	BJ303602		1,00E-103
224	G1451	*Mangifera indica*	AY255705		5,00E-99
224	G1451	*Populus tremuloides*	CA930279		2,00E-92
224	G1451	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488726		2,20E-247
224	G1451	*Oryza sativa*	gi19352049		4,50E-247
224	G1451	*Prunus persica*	gi27450533		2,20E-159
224	G1451	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi26251300		2,20E-116
224	G1451	*Mangifera indica*	gi30027167		4,10E-115
224	G1451	*Mirabilis jalapa*	gi23343944		2,90E-28
224	G1451	*Marchantia polymorpha*	gi25272004		2,30E-12

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
224	G1451	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi20269053		8,60E-10
224	G1451	*Vigna radiata*	gi287566		3,80E-06
224	G1451	*Glycine max*	gi114733		1,40E-05
225	G1452	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER80398_1	982	
225	G1452	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-52387	2020	
226	G1452	*Medicago truncatula*	BF645605		5,00E-65
226	G1452	*Sorghum bicolor*	BI140703		7,00E-43
226	G1452	*Hordeum vulgare*	BQ469035		1,00E-42
226	G1452	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU967516		1,00E-42
226	G1452	*Hordeum vulgare* subesp. *spontaneum*	BJ481205		1,00E-42
226	G1452	*Triticum aestivum*	BQ620568		3,00E-42
226	G1452	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB630990		3,00E-42
226	G1452	*Oryza sativa*	AX654172		8,00E-42
226	G1452	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	CB657109		1,00E-41

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
226	G1452	*Lactuca sativa*	BQ997138		4,00E-41
226	G1452	*Oryza sativa*	gi6730946		1,30E-44
226	G1452	*Petunia x hybrida*	gi21105746		1,20E-41
226	G1452	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi27452910		5,10E-41
226	G1452	*Medicago truncatula*	gi7716952		5,80E-41
226	G1452	*Glycine max*	gi22597158		5,30E-38
226	G1452	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		7,00E-36
226	G1452	*Brassica napus*	gi31322578		2,30E-35
226	G1452	*Triticum sp.*	gi4218537		3,90E-35
226	G1452	*Triticum monococcum*	gi6732160		3,90E-35
226	G1452	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		7,20E-34
227	G1468	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER310714_1	1009	
227	G1468	*Oryza sativa*	OSC100112,C1,p1,fg	1010	
227	G1468	*Oryza sativa*	OSC100807,C1,p13,fg	1011	
227	G1468	*Oryza sativa*	OSC101260,C1,p1,fg	1012	
227	G1468	*Oryza sativa*	Os_S109216	1587	
227	G1468	*Oryza sativa*	Os_S114084	1588	
227	G1468	*Oryza sativa*	Os_S16324	1589	
227	G1468	*Oryza sativa*	Os_S76625	1590	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
227	G1468	*Oryza sativa*	Os_S79274	1591	
227	G1468	*Glycine max*	Gma_S5105862	1660	
227	G1468	*Glycine max*	Gma_S5112587	1661	
227	G1468	*Medicago truncatula*	Mtr_S5310408	1701	
227	G1468	*Medicago truncatula*	Mtr_S5369405	1702	
227	G1468	*Hordeum vulgare*	Hv_S19455	1736	
227	G1468	*Hordeum vulgare*	Hv_S206003	1737	
227	G1468	*Hordeum vulgare*	Hv_S30762	1738	
227	G1468	*Zea mays*	Zm_S11376904	1798	
227	G1468	*Zea mays*	Zm_S11394555	1799	
227	G1468	*Zea mays*	Zm_S11433720	1800	
227	G1468	*Zea mays*	Zm_S11525354	1801	
227	G1468	*Triticum aestivum*	Ta_S124759	1867	
227	G1468	*Triticum aestivum*	Ta_S126524	1868	
227	G1468	*Triticum aestivum*	Ta_S170737	1869	
227	G1468	*Triticum aestivum*	Ta_S306243	1870	
227	G1468	*Triticum aestivum*	Ta_S318815	1871	
227	G1468	*Triticum aestivum*	Ta_S318948	1872	
227	G1468	*Triticum aestivum*	Ta_S324081	1873	
227	G1468	*Triticum*	Ta_S327698	1874	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		aestivum			
227	G1468	*Triticum aestivum*	Ta_S331818	1875	
227	G1468	*Triticum aestivum*	Ta_S347368	1876	
227	G1468	*Triticum aestivum*	Ta_S51995	1877	
227	G1468	*Triticum aestivum*	Ta_S62789	1878	
227	G1468	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-58660	2031	
228	G1468	*Brassica oleracea*	BH517020		2,00E-98
228	G1468	*Petunia x hybrida*	AB000453		1,00E-37
228	G1468	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK069623		2,00E-27
228	G1468	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01005957		5,00E-27
228	G1468	*Oryza sativa*	OSJN00060		1,00E-26
228	G1468	*Zea mays*	CC671589		4,00E-23
228	G1468	*Datisca glomerata*	AF119050		5,00E-19
228	G1468	*Vitis aestivalis*	CB289561		1,00E-18
228	G1468	*Vitis vinifera*	BM437679		2,00E-18
228	G1468	*Medicago truncatula*	AC126007		2,00E-18
228	G1468	*Petunia x hybrida*	gi1786138		1,00E-36

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
228	G1468	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32482980		2,30E-30
228	G1468	*Datisca glomerata*	gi4666360		3,50E-21
228	G1468	*Glycine max*	gi1763063		6,70E-20
228	G1468	*Pisum sativum*	gi2129892		6,50E-17
228	G1468	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		1,10E-16
228	G1468	*Oryza sativa*	gi15623826		5,70E-12
228	G1468	*Brassica rapa*	gi2058504		8,30E-11
228	G1468	*Triticum aestivum*	gi485814		2,10E-10
228	G1468	*Medicago sativa*	gi7228329		3,00E-08
230	G1474	*Brassica oleracea*	BZ030450		1,00E-78
230	G1474	*Medicago truncatula*	AC135233		1,00E-25
230	G1474	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001411		2,00E-22
230	G1474	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005869		6,00E-22
230	G1474	*Hordeum vulgare*	BG308988		1,00E-20
230	G1474	*Zea mays*	CC652748		7,00E-20
230	G1474	*Glycine max*	BG363109		3,00E-19
230	G1474	*Oryza sativa*	AC133008		3,00E-19

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
230	G1474	*Helianthus annuus*	BQ977193		8,00E-18
230	G1474	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BZ614339		2,00E-14
230	G1474	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32489630		5,50E-20
230	G1474	*Zea ramosa*	gi18674684		3,40E-12
230	G1474	*Petunia x hybrida*	gi14275902		2,40E-10
230	G1474	*Oryza sativa*	gi15528588		3,90E-05
230	G1474	*Sorghum bicolor*	gi18390109		0,00065
230	G1474	*Medicago sativa*	gi7228329		0,022
230	G1474	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		0,081
230	G1474	*Glycine max*	gi1763063		0,11
230	G1474	*Brassica rapa*	gi2058506		0,17
230	G1474	*Pisum sativum*	gi2129892		0,21
231	G1476	*Oryza sativa*	OSC101556,C1,p17,fg	1013	
232	G1476	*Brassica oleracea*	BZ450400		2,00E-51
232	G1476	*Lotus japonicus*	AP006103		2,00E-11
232	G1476	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	CB826842		9,00E-11
232	G1476	*Medicago truncatula*	AC145202		9,00E-11

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
232	G1476	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP004336		2,00E-10
232	G1476	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01025258		2,00E-10
232	G1476	*Zea mays*	BH871177		4,00E-09
232	G1476	*Oryza sativa*	AP004020		1,00E-08
232	G1476	*Petunia x hybrida*	AB035093		1,00E-08
232	G1476	*Glycine max*	AI973860		9,00E-08
232	G1476	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi27261062		2,30E-14
232	G1476	*Petunia x hybrida*	gi14275902		2,90E-14
232	G1476	*Zea ramosa*	gi18674684		1,70E-09
232	G1476	*Oryza sativa*	gi9558464		1,60E-07
232	G1476	*Sorghum bicolor*	gi18390109		5,30E-06
232	G1476	*Datisca glomerata*	gi4666360		0,0047
232	G1476	*Pisum sativum*	gi2129892		0,0057
232	G1476	*Medicago sativa*	gi7228329		0,011
232	G1476	*Brassica rapa*	gi2058504		0,011
232	G1476	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		0,02
233	G1482	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER228559_	1014	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
			1		
233	G1482	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER228559_2	1015	
233	G1482	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER38097_1	1016	
233	G1482	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER39971_1	1017	
233	G1482	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER39971_2	1018	
233	G1482	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER17570_1	1019	
233	G1482	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER17570_2	1020	
233	G1482	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER687_1	1021	
233	G1482	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER99743_1	1022	
233	G1482	*Oryza sativa*	OSC101266,C1,p1,fg	1023	
233	G1482	*Oryza sativa*	OSC15654,C1,p3,fg	1024	
233	G1482	*Zea mays*	15631093	1025	
233	G1482	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER35072_1	1026	
233	G1482	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER35072_2	1027	
233	G1482	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER366705_1	1028	
233	G1482	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER439033_1	1029	
233	G1482	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-	1030	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
			CLUSTER439033_2		
233	G1482	*Oryza sativa*	Os_S60490	1592	
233	G1482	*Medicago truncatula*	Mtr_S10820905	1703	
233	G1482	*Zea mays*	Zm_S11432778	1802	
233	G1482	*Triticum aestivum*	Ta_S288030	1879	
233	G1482	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-47593	2032	
234	G1482	*Solanum tuberosum*	BM406201		1,00E-60
234	G1482	*Medicago truncatula*	CB894280		2,00E-57
234	G1482	*Robinia pseudoacacia*	BI678186		1,00E-52
234	G1482	*Glycine max*	BM954087		6,00E-52
234	G1482	*Lotus japonicus*	BI420251		1,00E-48
234	G1482	*Zinnia elegans*	AU288043		2,00E-45
234	G1482	*Populus tremula*	BU892726		2,00E-45
234	G1482	*Lycopersicon esculentum*	BM409788		2,00E-44
234	G1482	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK071507		1,00E-43
234	G1482	*Oryza sativa*	AB001884		5,00E-43
234	G1482	*Oryza sativa*	gi3618312		1,90E-45
234	G1482	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	gi32488104		2,00E-38

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		japonica)			
234	G1482	*Brassica nigra*	gi11037311		4,90E-18
234	G1482	*Raphanus sativus*	gi3341723		8,00E-17
234	G1482	*Brassica napus*	gi30984027		2,70E-15
234	G1482	*Malus x domestica*	gi4091806		7,40E-15
234	G1482	*Ipomoea nil*	gi10946337		2,00E-14
234	G1482	*Hordeum vulgare*	gi21667485		2,90E-13
234	G1482	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi21655154		1,50E-11
234	G1482	*Pinus radiata*	gi4557093		3,10E-10
236	G1483	*Brassica oleracea*	BZ463417		3,00E-57
236	G1483	*Sorghum bicolor*	CD212257		6,00E-34
236	G1483	*Glycine max*	CA802403		1,00E-33
236	G1483	*Zinnia elegans*	AU293301		3,00E-33
236	G1483	*Oryza sativa*	AB001886		4,00E-33
236	G1483	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	CB658637		4,00E-33
236	G1483	*Lycopersicon esculentum*	BI935213		4,00E-32
236	G1483	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU864618		6,00E-32
236	G1483	*Beta vulgaris*	BQ589815		7,00E-32

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
236	G1483	*Ipomoea nil*	BJ559082		2,00E-31
236	G1483	*Oryza sativa*	gi3618316		7,20E-34
236	G1483	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488104		6,00E-30
236	G1483	*Brassica nigra*	gi22854916		1,20E-12
236	G1483	*Malus x domestica*	gi4091806		4,70E-12
236	G1483	*Brassica napus*	gi2303681		7,90E-12
236	G1483	*Raphanus sativus*	gi3341723		1,40E-11
236	G1483	*Hordeum vulgare*	gi21667475		2,90E-11
236	G1483	*Ipomoea nil*	gi10946337		3,50E-09
236	G1483	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi21655160		1,90E-08
236	G1483	*Pinus radiata*	gi4557093		4,30E-07
238	G1493	*Medicago truncatula*	CB891281		9,00E-98
238	G1493	*Zea mays*	AB060130		5,00E-95
238	G1493	*Brassica napus*	CD825309		7,00E-84
238	G1493	*Vitis vinifera*	CD800109		9,00E-84
238	G1493	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK100530		7,00E-81
238	G1493	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB630542		3,00E-77

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
238	G1493	*Brassica oleracea*	BH687265		2,00E-74
238	G1493	*Glycine max*	AW596288		4,00E-70
238	G1493	*Poncirus trifoliata*	CD574729		6,00E-69
238	G1493	*Lactuca sativa*	BQ858556		1,00E-66
238	G1493	*Zea mays*	gi13661174		1,00E-84
238	G1493	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24308616		9,20E-82
238	G1493	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		2,20E-42
238	G1493	*Oryza glaberrima*	gi31338862		2,20E-42
238	G1493	*Oryza sativa*	gi15289981		9,60E-19
238	G1493	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		1,00E-10
238	G1493	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		1,20E-09
238	G1493	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		8,00E-09
238	G1493	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		2,50E-08
238	G1493	*Dianthus caryophyllus*	gi13173408		1,40E-07
240	G1507	*Glycine max*	BE440901		3,00E-61
240	G1507	*Triticum aestivum*	BQ295376		6,00E-56
240	G1507	*Triticum*	BF199732		1,00E-54

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		monococcum			
240	G1507	*Ipomoea nil*	BJ569796		4,00E-54
240	G1507	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK068931		3,00E-53
240	G1507	*Zea mays*	AY103800		6,00E-53
240	G1507	*Lactuca sativa*	BQ987329		2,00E-51
240	G1507	*Beta vulgaris*	BQ591642		4,00E-51
240	G1507	*Hordeum vulgare*	BU993000		1,00E-49
240	G1507	*Medicago truncatula*	CA991109		7,00E-49
240	G1507	*Oryza sativa*	gi13174240		6,30E-51
240	G1507	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24960749		3,50E-07
240	G1507	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi21655156		7,50E-07
240	G1507	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi28193631		1,20E-06
240	G1507	*Raphanus sativus*	gi3341723		2,10E-06
240	G1507	*Brassica nigra*	gi11037313		7,30E-06
240	G1507	*Brassica napus*	gi30984027		9,90E-06
240	G1507	*Hordeum vulgare*	gi21667485		9,60E-05
240	G1507	*Malus x domestica*	gi4091806		0,00013

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
240	G1507	*Ipomoea nil*	gi10946337		0,00068
241	G1510	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER159728_1	1031	
241	G1510	*Oryza sativa*	OSC101036,C1,p2,fg	1032	
241	G1510	*Glycine max*	Gma_S5061040	1662	
241	G1510	*Triticum aestivum*	Ta_S206702	1880	
241	G1510	*Lycopersicon esculentum*	Les_S5271097	1932	
241	G1510	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-56179	2033	
242	G1510	*Brassica oleracea*	BZ493938		8,00E-58
242	G1510	*Brassica napus*	CB686317		3,00E-31
242	G1510	*Vitis vinifera*	BM437179		5,00E-23
242	G1510	*Glycine max*	BF425622		5,00E-23
242	G1510	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK099607		7,00E-23
242	G1510	*Sorghum bicolor*	CD213245		9,00E-20
242	G1510	*Medicago truncatula*	BQ165696		2,00E-18
242	G1510	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU863159		5,00E-18
242	G1510	*Triticum aestivum*	AL816777		4,00E-17
242	G1510	*Oryza sativa*	AC087597		3,00E-15

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
242	G1510	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28372691		7,00E-19
242	G1510	*Oryza sativa*	gi14165317		5,10E-10
242	G1510	*Nicotiana tabacum*	gi12711287		3,70E-07
242	G1510	*Nicotiana plumbaginifolia*	gi1076609		4,20E-05
242	G1510	*Fagopyrum sp. C97107*	gi31088153		0,013
242	G1510	*Fagopyrum rubifolium*	gi31088139		0,016
242	G1510	*Fagopyrum gracilipes*	gi31088119		0,032
242	G1510	*Fagopyrum sp. C97106*	gi31088151		0,032
242	G1510	*Fagopyrum capillatum*	gi31088129		0,032
242	G1510	*Fagopyrum callianthum*	gi31088131		0,04
244	G1535	*Gossypium hirsutum*	AF530914		1,0e-999
244	G1535	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AB101646		1,0e-999
244	G1535	*Oryza sativa*	AX699728		1,0e-999
244	G1535	*Zea mays*	ZMA250986		1,0e-999
244	G1535	*Picea abies*	AF172931		1,00E-147
244	G1535	*Phalaenopsis sp. SM9108*	PSU34743		1,00E-147

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
244	G1535	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01007245		1,00E-123
244	G1535	*Malus domestica*	AF067961		1,00E-110
244	G1535	*Sorghum bicolor*	AF466200		1,00E-106
244	G1535	*Helianthus annuus*	HNNHAHR		2,00E-97
244	G1535	*Gossypium hirsutum*	gi22475197		1,50E-186
244	G1535	*Oryza sativa*	gi18266646		9,30E-174
244	G1535	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31339099		9,30E-174
244	G1535	*Phalaenopsis sp. SM9108*	gi1173622		1,10E-146
244	G1535	*Phalaenopsis sp.*	gi2147484		1,10E-146
244	G1535	*Picea abies*	gi12002853		9,90E-146
244	G1535	*Sorghum bicolor*	gi18481701		1,60E-141
244	G1535	*Zea mays*	gi5531484		6,50E-134
244	G1535	*Malus x domestica*	gi3925363		3,10E-104
244	G1535	*Helianthus annuus*	gi1208940		1,40E-97
246	G1538	*Brassica oleracea*	BH555867		3,00E-57
246	G1538	*Lycopersicon esculentum*	AI897201		1,00E-37

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
246	G1538	*Solanum tuberosum*	BQ506359		3,00E-36
246	G1538	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BI138094		3,00E-36
246	G1538	*Glycine max*	BE660082		8,00E-36
246	G1538	*Brassica napus*	CD818428		2,00E-35
246	G1538	*Medicago truncatula*	BE204081		1,00E-34
246	G1538	*Helianthus argophyllus*	CF087358		1,00E-33
246	G1538	*Gossypium arboreum*	BG447432		3,00E-31
246	G1538	*Beta vulgaris*	BQ584396		4,00E-30
246	G1538	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi33146844		2,10E-27
246	G1538	*Lycopersicon esculentum*	gi1161575		1,10E-21
246	G1538	*Craterostigma plantagineum*	gi18034441		2,10E-20
246	G1538	*Ceratopteris richardii*	gi3868841		2,70E-20
246	G1538	*Oryza sativa*	gi5006853		3,40E-20
246	G1538	*Daucus carota*	gi4433048		2,40E-19
246	G1538	*Nicotiana tabacum*	gi22651698		3,00E-19
246	G1538	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi8133126		3,90E-19
246	G1538	*Phaseolus*	gi15148916		5,00E-19

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		vulgaris			
246	G1538	*Physcomitrella patens*	gi21623495		1,30E-18
247	G1539	*Glycine max*	BE800562,1	1033	
247	G1539	*Glycine max*	uC-gmflminsoy098c11b1	1034	
248	G1539	*Brassica oleracea*	BH725803		3,00E-46
248	G1539	*Lactuca sativa*	BU006325		1,00E-38
248	G1539	*Ipomoea nil*	BJ555660		4,00E-35
248	G1539	*Medicago truncatula*	AC137078		9,00E-32
248	G1539	*Glycine max*	BE800562		1,00E-25
248	G1539	*Vigna radiata*	AF322401		2,00E-25
248	G1539	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01009392		3,00E-24
248	G1539	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BI128104		5,00E-24
248	G1539	*Lycopersicon esculentum*	BG134747		5,00E-24
248	G1539	*Zea mays*	CC337134		2,00E-23
248	G1539	*Lycopersicon esculentum*	gi28070968		3,30E-31
248	G1539	*Petunia x hybrida*	gi22087128		7,10E-27
248	G1539	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21740884		1,30E-25

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
248	G1539	*Oryza sativa*	gi10241438		4,20E-25
248	G1539	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi3955021		4,50E-12
248	G1539	*Narcissus pseudonarcissus*	gi18419580		0,00089
248	G1539	*Zinnia elegans*	gi18076738		0,0053
248	G1539	*Ceratopteris richardii*	gi3868829		0,074
248	G1539	*Juniperus rigida*	gi9280017		0,49
248	G1539	*Physcomitrella patens*	gi7209912		0,53
250	G1549	*Brassica napus*	CD842307		2,00E-30
250	G1549	*Medicago truncatula*	AC139525		2,00E-29
250	G1549	*Brassica oleracea*	BZ482689		5,00E-28
250	G1549	*Glycine max*	BI787228		1,00E-21
250	G1549	*Physcomitrella patens*	AB028079		2,00E-21
250	G1549	*Ipomoea batatas*	BM878740		5,00E-21
250	G1549	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU881786		7,00E-21
250	G1549	*Lycopersicon esculentum*	AI488741		9,00E-21
250	G1549	*Oryza sativa*	AX654801		9,00E-21
250	G1549	*Oryza sativa*	AK105484		1,00E-20

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		(grupo do cultivar *japonica*)			
250	G1549	*Physcomitrella patens*	gi7415628		7,60E-23
250	G1549	*Lycopersicon esculentum*	gi1161575		8,70E-22
250	G1549	*Daucus carota*	gi1435021		8,70E-22
250	G1549	*Oryza sativa*	gi5006853		8,70E-22
250	G1549	*Ceratopteris richardii*	gi3868839		2,30E-21
250	G1549	*Glycine max*	gi6091551		6,10E-21
250	G1549	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi8133126		1,00E-20
250	G1549	*Nicotiana tabacum*	gi22651698		1,30E-20
250	G1549	*Phaseolus vulgaris*	gi15148916		1,60E-20
250	G1549	*Helianthus annuus*	gi349379		4,30E-20
252	G1554	*Brassica oleracea*	BZ436074		1,00E-70
252	G1554	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK109808		5,00E-68
252	G1554	*Lycopersicon pennellii*	AW398166		4,00E-38
252	G1554	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01012151		5,00E-34
252	G1554	*Lycopersicon*	BE450553		1,00E-33

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		esculentum			
252	G1554	*Solanum tuberosum*	BM111266		2,00E-33
252	G1554	*Oryza sativa*	AP002523		6,00E-33
252	G1554	*Populus tremuloides*	CA926221		1,00E-31
252	G1554	*Medicago truncatula*	CF068634		2,00E-31
252	G1554	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU988945		8,00E-31
252	G1554	*Oryza sativa*	gi11034542		4,00E-72
252	G1554	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi33146555		5,70E-44
252	G1554	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		6,20E-13
252	G1554	*Zea mays*	gi14189890		3,00E-12
252	G1554	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		7,70E-11
252	G1554	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		7,80E-11
252	G1554	*Oryza glaberrima*	gi31338862		6,80E-09
252	G1554	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		8,30E-09
252	G1554	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		4,20E-08
252	G1554	*Nicotiana*	gi1087017		0,0056

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		alata			
254	G1556	*Oryza sativa*	AU172823		3,00E-18
254	G1556	*Medicago truncatula*	BE319599		3,00E-18
254	G1556	*Gossypium hirsutum*	AI730937		4,00E-18
254	G1556	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK107297		4,00E-18
254	G1556	*Solanum tuberosum*	BG597254		1,00E-17
254	G1556	*Lycopersicon esculentum*	AW219675		1,00E-17
254	G1556	*Beta vulgaris*	BQ585483		4,00E-17
254	G1556	*Sorghum bicolor*	BG240038		8,00E-17
254	G1556	*Hordeum vulgare*	BQ465062		1,00E-16
254	G1556	*Triticum aestivum*	CD913537		1,00E-16
254	G1556	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21741799		2,70E-18
254	G1556	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		2,30E-17
254	G1556	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		2,80E-15
254	G1556	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		4,70E-13
254	G1556	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		2,50E-12

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
254	G1556	*Zea mays*	gi13940496		1,20E-09
254	G1556	*Oryza sativa*	gi13940500		2,20E-09
254	G1556	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		1,10E-06
254	G1556	*Oryza glaberrima*	gi31338862		1,10E-06
254	G1556	*Lycopersicon esculentum*	gi22900937		0,96
255	G1557	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER70177_1	1035	
256	G1557	*Gossypium hirsutum*	AI730937		2,00E-24
256	G1557	*Beta vulgaris*	BQ585483		2,00E-24
256	G1557	*Solanum tuberosum*	BG597254		3,00E-24
256	G1557	*Mesembryanthemum crystallinum*	BE036811		1,00E-23
256	G1557	*Medicago truncatula*	BG646240		1,00E-23
256	G1557	*Lycopersicon esculentum*	BG643313		3,00E-23
256	G1557	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK107297		4,00E-22
256	G1557	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU872452		8,00E-22
256	G1557	*Oryza sativa*	AU172823		1,00E-21
256	G1557	*Hordeum*	BQ465062		7,00E-21

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		vulgare			
256	G1557	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21741799		2,90E-23
256	G1557	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		3,60E-16
256	G1557	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		1,20E-15
256	G1557	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		3,60E-15
256	G1557	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		3,50E-13
256	G1557	*Oryza sativa*	gi11034542		3,20E-09
256	G1557	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		1,80E-07
256	G1557	*Oryza glaberrima*	gi31338862		1,80E-07
256	G1557	*Zea mays*	gi13661174		1,80E-07
256	G1557	*Triticum aestivum*	gi100791		0,99
258	G1585	*Brassica oleracea*	BZ441174		6,00E-57
258	G1585	*Ipomoea nil*	BJ559013		3,00E-37
258	G1585	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01009903		2,00E-29
258	G1585	*Oryza sativa*	AP003760		2,00E-29
258	G1585	*Zea mays*	AQ844430		5,00E-29
258	G1585	*Oryza sativa*	AC121360		9,00E-29

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		(grupo do cultivar *japonica*)			
258	G1585	*Pinus taeda*	AW981538		2,00E-24
258	G1585	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BQ467157		3,00E-18
258	G1585	*Brassica napus*	CD827898		4,00E-18
258	G1585	*Triticum aestivum*	CD923002		5,00E-18
258	G1585	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161583		1,50E-47
258	G1585	*Petunia x hybrida*	gi22087128		1,50E-13
258	G1585	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi3955019		2,70E-12
258	G1585	*Lycopersicon esculentum*	gi28070968		3,90E-12
258	G1585	*Oryza sativa*	gi10241438		3,10E-11
258	G1585	*Narcissus pseudonarcissus*	gi18419580		3,00E-05
258	G1585	*Prunus armeniaca*	gi5031277		0,027
258	G1585	*Daucus carota*	gi1076569		0,53
258	G1585	*Picea abies*	gi19070143		0,63
258	G1585	*Zea mays*	gi8920423		0,71
260	G1591	*Brassica oleracea*	BZ084919		2,00E-35

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
260	G1591	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	CNS09S4R		3,00E-35
260	G1591	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01009392		3,00E-35
260	G1591	*Zea mays*	CC337119		1,00E-33
260	G1591	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU998450		2,00E-31
260	G1591	*Oryza sativa*	AC078977		1,00E-29
260	G1591	*Ipomoea nil*	BJ553325		1,00E-21
260	G1591	*Medicago truncatula*	AC137078		1,00E-21
260	G1591	*Lactuca sativa*	BU006325		2,00E-21
260	G1591	*Lycopersicon esculentum*	BI204369		3,00E-20
260	G1591	*Oryza sativa*	gi8099120		7,50E-31
260	G1591	*Petunia x hybrida*	gi22087128		4,10E-23
260	G1591	*Lycopersicon esculentum*	gi28070968		8,40E-23
260	G1591	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi18461215		2,80E-22
260	G1591	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi3955019		3,00E-12
260	G1591	*Chlamydomonas*	gi16209575		0,00053

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		reinhardtii			
260	G1591	*Gossypium hirsutum*	gi5731257		0,0021
260	G1591	*Narcissus pseudonarcissus*	gi18419580		0,0022
260	G1591	*Dicentra eximia*	gi3170468		0,0027
260	G1591	*Zinnia elegans*	gi18076738		0,012
262	G1593	*Solanum tuberosum*	AF406697		4,00E-67
262	G1593	*Lycopersicon esculentum*	AF375966		4,00E-67
262	G1593	*Medicago truncatula*	AW688195		1,00E-57
262	G1593	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK070465		4,00E-57
262	G1593	*Citrus sinensis*	CB292855		1,00E-56
262	G1593	*Glycine max*	BQ629874		1,00E-56
262	G1593	*Prunus persica*	BU043836		6,00E-55
262	G1593	*Vitis vinifera*	CB343619		3,00E-54
262	G1593	*Mesembryanthemum crystallinum*	CA839352		6,00E-54
262	G1593	*Malus x domestica*	AF053769		1,00E-49
262	G1593	*Solanum tuberosum*	gi22652115		9,50E-68
262	G1593	*Lycopersicon esculentum*	gi31323447		2,20E-64

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
262	G1593	*Malus x domestica*	gi7239157		3,00E-52
262	G1593	*Gnetum gnemon*	gi31746344		5,40E-52
262	G1593	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20219036		6,80E-51
262	G1593	*Hordeum vulgare*	gi13752407		1,80E-48
262	G1593	*Oryza sativa*	gi15408891		3,20E-47
262	G1593	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi19352101		3,20E-47
262	G1593	*Zea mays*	gi19743685		4,90E-37
262	G1593	*Dendrobium grex Madame Thong-In*	gi3929314		4,30E-12
263	G1660	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER30666_1	1036	
263	G1660	*Glycine max*	uC-gmflLIB3275P059b07b1	1037	
263	G1660	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER6548_1	1038	
263	G1660	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER93242_1	1039	
263	G1660	*Oryza sativa*	OSC100113,C1,p9,fg	1040	
263	G1660	*Oryza sativa*	OSC101572,C1,p8,fg	1041	
263	G1660	*Oryza sativa*	OSC34319,C1,p4,fg	1042	
263	G1660	*Zea mays*	700167489_FLI	1043	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
263	G1660	*Zea mays*	LIB3279-010-H4_FLI	1044	
263	G1660	*Zea mays*	LIB4767-001-R1-M1-D1	1045	
263	G1660	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER43109_1	1046	
263	G1660	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER64649_1	1047	
263	G1660	*Oryza sativa*	Os_S94670	1593	
263	G1660	*Zea mays*	Zm_S11454293	1803	
263	G1660	*Zea mays*	Zm_S11520265	1804	
263	G1660	*Triticum aestivum*	Ta_S142271	1881	
263	G1660	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-35095	2034	
263	G1660	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-53090	2035	
264	G1660	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK102604		1,00E-109
264	G1660	*Brassica oleracea*	BZ431607		1,00E-108
264	G1660	*Brassica napus*	CD818917		2,00E-95
264	G1660	*Oryza sativa*	BE040229		2,00E-62
264	G1660	*Ipomoea nil*	BJ576287		1,00E-54
264	G1660	*Lycopersicon esculentum*	AW443990		7,00E-54
264	G1660	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001098		2,00E-52
264	G1660	*Zea mays*	CB886289		3,00E-50

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
264	G1660	*Hordeum vulgare*	BM377843		3,00E-50
264	G1660	*Triticum aestivum*	BJ238027		6,00E-47
264	G1660	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi27452912		7,70E-62
264	G1660	*Zea mays*	gi23928441		3,30E-22
264	G1660	*Solanum tuberosum*	gi1881585		1,60E-17
264	G1660	*Lycopersicon esculentum*	gi4731573		1,20E-16
264	G1660	*Nicotiana tabacum*	gi8096269		0,0017
264	G1660	*Cucurbita maxima*	gi17221648		0,002
264	G1660	*Cicer arietinum*	gi7208779		0,0026
264	G1660	*Oryza sativa*	gi11875196		0,006
264	G1660	*Plastid Oenoutroa elata* subesp. *hookeri*	gi13276714		0,0063
264	G1660	*Oenoutroa elata* subesp. *hookeri*	gi23822375		0,0063
266	G1718	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BG543482		2,00E-77
266	G1718	*Brassica oleracea*	BH533325		2,00E-65
266	G1718	*Citrus sinensis*	CB292402		2,00E-47

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
266	G1718	*Vitis vinifera*	CA812994		3,00E-47
266	G1718	*Populus tremula*	BU889204		4,00E-47
266	G1718	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU835838		3,00E-46
266	G1718	*Populus tremuloides*	CA925038		8,00E-46
266	G1718	*Euphorbia esula*	BE056347		1,00E-44
266	G1718	*Medicago truncatula*	BG452491		4,00E-44
266	G1718	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU869861		7,00E-44
266	G1718	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32129334		1,60E-21
266	G1718	*Oryza sativa*	gi6539567		4,30E-20
266	G1718	*Cicer arietinum*	gi4651204		6,50E-17
266	G1718	*Tulipa gesneriana*	gi23386073		3,30E-14
266	G1718	*Cucumis melo*	gi17016985		3,40E-11
266	G1718	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152976		1,40E-08
266	G1718	*Thellungiella halophila*	gi20340241		1,60E-08
266	G1718	*Oryza sativa*	gi29164825		2,40E-08

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		(grupo do cultivar *indica*)			
266	G1718	*Medicago sativa*	gi23451086		1,30E-07
266	G1718	*Lotus japonicus*	gi1086225		2,30E-07
267	G1730	*Zea mays*	LIB5074-010-R1-XP1-A11	1048	
268	G1730	*Brassica oleracea*	BZ472679		6,00E-67
268	G1730	*Medicago truncatula*	AC126787		1,00E-27
268	G1730	*Brassica napus*	CD814199		4,00E-27
268	G1730	*Zea mays*	BZ715596		4,00E-21
268	G1730	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK108491		5,00E-21
268	G1730	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01009602		7,00E-21
268	G1730	*Oryza sativa*	AX653298		1,00E-18
268	G1730	*Cucumis melo*	AF499727		2,00E-18
268	G1730	*Solanum tuberosum*	BG593372		5,00E-18
268	G1730	*Lycopersicon esculentum*	AW032769		2,00E-17
268	G1730	*Cucumis melo*	gi28558782		6,70E-23
268	G1730	*Oryza sativa*	gi12643047		1,90E-19
268	G1730	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	gi31433649		1,90E-19

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		japonica)			
268	G1730	*Nicotiana tabacum*	gi12003386		5,10E-17
268	G1730	*Zea mays*	gi21645888		1,40E-16
268	G1730	*Medicago sativa*	gi23451086		1,30E-14
268	G1730	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152976		5,70E-14
268	G1730	*Hordeum vulgare*	gi2894379		1,10E-09
268	G1730	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi29164825		4,10E-09
268	G1730	*Thellungiella halophila*	gi20340241		1,10E-08
270	G1743	*Brassica oleracea*	BH985728		1,00E-89
270	G1743	*Populus tremula*	BU891914		3,00E-61
270	G1743	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU885427		3,00E-61
270	G1743	*Lycopersicon esculentum*	AW034559		1,00E-56
270	G1743	*Ipomoea nil*	BJ561648		1,00E-56
270	G1743	*Gossypium hirsutum*	CA993166		1,00E-55
270	G1743	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa x*	CA825344		2,00E-54

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		Populus deltoides			
270	G1743	*Vitis vinifera*	CB918599		3,00E-53
270	G1743	*Lactuca sativa*	BQ849490		4,00E-53
270	G1743	*Capsicum annuum*	CA847343		2,00E-52
270	G1743	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488512		1,80E-35
270	G1743	*Oryza sativa*	gi6069662		1,30E-18
270	G1743	*Thellungiella halophila*	gi20340241		1,70E-16
270	G1743	*Zea mays*	gi18092342		6,30E-12
270	G1743	*Medicago sativa*	gi23451086		1,20E-10
270	G1743	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152976		1,50E-10
270	G1743	*Nicotiana tabacum*	gi12003386		2,20E-09
270	G1743	*Cucumis melo*	gi28558782		2,20E-09
270	G1743	*Hordeum vulgare*	gi2894379		2,70E-08
270	G1743	*Cicer arietinum*	gi4651204		8,50E-08
271	G1753	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER91438_1	1049	
271	G1753	*Oryza sativa*	OSC101736,C1,p16,fg	1050	
272	G1753	*Brassica oleracea*	BZ063578		4,00E-78

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
272	G1753	*Lycopersicon esculentum*	AW030833		4,00E-35
272	G1753	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01009545		9,00E-35
272	G1753	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005775		1,00E-34
272	G1753	*Poncirus trifoliata*	CD576150		1,00E-33
272	G1753	*Oryza sativa*	AX653721		4,00E-33
272	G1753	*Helianthus annuus*	BQ976989		5,00E-33
272	G1753	*Zea mays*	BZ737969		1,00E-32
272	G1753	*Nicotiana tabacum*	AF211531		4,00E-32
272	G1753	*Vitis vinifera*	CB035846		1,00E-31
272	G1753	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21742362		1,00E-34
272	G1753	*Oryza sativa*	gi14140155		2,70E-34
272	G1753	*Nicotiana tabacum*	gi12003384		1,90E-33
272	G1753	*Brassica napus*	gi20303011		5,10E-33
272	G1753	*Lycopersicon esculentum*	gi18535580		1,60E-31
272	G1753	*Prunus avium*	gi23495458		1,40E-30
272	G1753	*Hordeum vulgare*	gi19071243		1,40E-28
272	G1753	*Zea mays*	gi21908034		1,70E-25

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
272	G1753	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152903		5,50E-20
272	G1753	*Gossypium hirsutum*	gi32481079		1,30E-18
274	G1772	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK073139		1,0e-999
274	G1772	*Thellungiella halophila*	BM985639		1,00E-134
274	G1772	*Lactuca sativa*	BQ996439		1,00E-119
274	G1772	*Vitis vinifera*	CD008605		6,00E-99
274	G1772	*Brassica oleracea*	BH998711		6,00E-93
274	G1772	*Glycine max*	BM887188		1,00E-90
274	G1772	*Helianthus annuus*	BU026535		9,00E-89
274	G1772	*Zea mays*	BM661323		1,00E-84
274	G1772	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01003274		4,00E-73
274	G1772	*Oryza sativa*	AC103891		5,00E-73
274	G1772	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20330766		1,30E-191
274	G1772	*Nicotiana plumbaginifolia*	gi1666171		2,20E-34
274	G1772	*Brassica rapa* subesp.	gi27804453		0,16

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		pekinensis			
274	G1772	*Calycanthus floridus*	gi8163958		0,64
274	G1772	*Picea glauca*	gi1350524		0,66
274	G1772	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi23954355		0,84
274	G1772	*Adiantum capillus-veneris*	gi30266733		0,95
274	G1772	*Macrotyloma axillare*	gi124034		0,98
274	G1772	*Canavalia lineata*	gi543526		1
274	G1772	*Glycine max*	gi2306979		1
275	G1779	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER185518_1	1051	
275	G1779	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER264928_1	1052	
275	G1779	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER76652_1	1053	
275	G1779	*Oryza sativa*	OSC21832,C1,p4,fg	1054	
275	G1779	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER78309_1	1055	
275	G1779	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-56681	2036	
276	G1779	*Brassica oleracea*	BH558232		3,00E-36
276	G1779	*Vitis vinifera*	BM437179		2,00E-26
276	G1779	*Glycine max*	BF425622		1,00E-24

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
276	G1779	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK099607		5,00E-21
276	G1779	*Sorghum bicolor*	CD213245		3,00E-20
276	G1779	*Medicago truncatula*	BQ165696		2,00E-19
276	G1779	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU863159		2,00E-18
276	G1779	*Brassica napus*	CB686317		9,00E-18
276	G1779	*Poncirus trifoliata*	CD576018		3,00E-17
276	G1779	*Triticum aestivum*	AL816777		2,00E-16
276	G1779	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28564714		1,20E-20
276	G1779	*Oryza sativa*	gi5091599		2,80E-08
276	G1779	*Nicotiana tabacum*	gi12711287		2,90E-07
276	G1779	*Nicotiana plumbaginifolia*	gi1076609		3,50E-05
276	G1779	*Lycopersicon esculentum*	gi1418988		0,36
276	G1779	*Eutrema wasabi*	gi23200602		0,55
276	G1779	*Amicia glandulosa*	gi30313971		0,62
276	G1779	*Ipomoea batatas*	gi604324		0,8

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
276	G1779	*Triticum aestivum*	gi23451222		1
276	G1779	*Gnetum gnemon*	gi31746346		1
277	G1792	*Oryza sativa*	G3380	2124	5,00E-29
277	G1792	*Oryza sativa*	G3383	2128	3,00E-33
277	G1792	*Oryza sativa*	G3515	2209	7,00E-30
277	G1792	*Zea mays*	G3516	2211	2,00E-31
277	G1792	*Zea mays*	G3517	2213	9,00E-33
277	G1792	*Glycine max*	G3518	2215	9,00E-35
277	G1792	*Glycine max*	G3519	2217	3,00E-35
277	G1792	*Glycine max*	G3520	2219	3,00E-36
277	G1792	*Glycine max*	AW308784,1	685	
277	G1792	*Glycine max*	BG790680,1	686	
277	G1792	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER602185_1	687	
277	G1792	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER91218_1	688	
277	G1792	*Glycine max*	LIB5118-009-Q1-PF1-F2	689	
277	G1792	*Oryza sativa*	OSC20174,C1,p2,fg	690	
277	G1792	*Zea mays*	LIB4756-134-A1-K1-G10	691	
277	G1792	*Glycine max*	Gma_S5001644	1633	
277	G1792	*Zea mays*	Zm_S11513768	1754	
278	G1792	*Lycopersicon esculentum*	AI776626		7,00E-35
278	G1792	*Solanum tuberosum*	BQ045702		1,00E-32
278	G1792	*Glycine max*	BM178875		9,00E-32

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
278	G1792	*Medicago truncatula*	BF649790		2,00E-31
278	G1792	*Eucalyptus grandis*	CB967722		1,00E-30
278	G1792	*Brassica oleracea*	BZ020356		1,00E-30
278	G1792	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01002491		4,00E-30
278	G1792	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AE017099		4,00E-30
278	G1792	*Oryza sativa*	AC025907		4,00E-30
278	G1792	*Sorghum bicolor*	BZ337899		4,00E-30
278	G1792	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31432356		1,10E-30
278	G1792	*Lycopersicon esculentum*	gi23452024		4,90E-26
278	G1792	*Nicotiana tabacum*	gi1732406		2,60E-25
278	G1792	*Oryza sativa*	gi12597874		4,50E-25
278	G1792	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi32401273		9,40E-25
278	G1792	*Catharanthus roseus*	gi8980313		2,20E-23
278	G1792	*Nicotiana sylvestris*	gi8809571		2,20E-23
278	G1792	*Matricaria*	gi17385636		1,40E-21

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		chamomilla			
278	G1792	*Glycine max*	gi21304712		3,80E-21
278	G1792	*Atriplex hortensis*	gi8571476		1,30E-20
279	G1796	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER50695_1	1056	
279	G1796	*Oryza sativa*	Os_S43212	1594	
279	G1796	*Zea mays*	Zm_S11435953	1805	
279	G1796	*Triticum aestivum*	Ta_S369485	1882	
280	G1796	*Brassica oleracea*	BH503101		2,00E-54
280	G1796	*Medicago truncatula*	AC119414		2,00E-35
280	G1796	*Oryza sativa*	AP004079		2,00E-25
280	G1796	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000133		2,00E-25
280	G1796	*Zea mays*	CD437690		3,00E-24
280	G1796	*Lactuca sativa*	BQ987300		4,00E-24
280	G1796	*Sorghum bicolor*	CD228394		4,00E-24
280	G1796	*Lupinus albus*	CA411234		6,00E-24
280	G1796	*Glycine max*	CA800025		8,00E-24
280	G1796	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005845		2,00E-23
280	G1796	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32487928		6,40E-26

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
280	G1796	*Zea mays*	gi27802487		1,80E-24
280	G1796	*Nicotiana tabacum*	gi1208496		1,10E-23
280	G1796	*Oryza sativa*	gi10567106		2,20E-23
280	G1796	*Stylosanthes hamata*	gi4099914		3,70E-23
280	G1796	*Nicotiana sylvestris*	gi8809573		1,20E-22
280	G1796	*Lycopersicon esculentum*	gi30526297		2,60E-22
280	G1796	*Thellungiella halophila*	gi20340233		4,20E-22
280	G1796	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi32401273		7,80E-21
280	G1796	*Solanum tuberosum*	gi28268684		1,30E-20
282	G1797	*Petunia x hybrida*	AF335240		5,00E-52
282	G1797	*Lycopersicon esculentum*	AI486684		7,00E-49
282	G1797	*Eucalyptus grandis*	AY263808		8,00E-47
282	G1797	*Eucalyptus occidentalis*	AY273872		7,00E-46
282	G1797	*Populus tremuloides*	CA925124		8,00E-45
282	G1797	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	AY257541		5,00E-44
282	G1797	*Sinapis alba*	SAU25696		5,00E-44
282	G1797	*Pimpinella brachycarpa*	AF082531		5,00E-44

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
282	G1797	*Cardamine flexuosa*	AY257542		2,00E-43
282	G1797	*Nicotiana tabacum*	NTTOB		5,00E-43
282	G1797	*Petunia x hybrida*	gi13384058		4,40E-50
282	G1797	*Eucalyptus grandis*	gi30575600		8,60E-47
282	G1797	*Eucalyptus occidentalis*	gi30983946		6,00E-46
282	G1797	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi30171307		4,90E-44
282	G1797	*Populus tremuloides*	gi31295609		4,90E-44
282	G1797	*Sinapis alba*	gi1049022		1,60E-43
282	G1797	*Pimpinella brachycarpa*	gi3493647		1,60E-43
282	G1797	*Cardamine flexuosa*	gi30171309		2,70E-43
282	G1797	*Nicotiana tabacum*	gi1076646		1,50E-42
282	G1797	*Draba nemorosa* var. *hebecarpa*	gi30171311		1,00E-41
284	G1798	*Petunia x hybrida*	AF335240		5,00E-53
284	G1798	*Lycopersicon esculentum*	AI486684		3,00E-52
284	G1798	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	AY257541		3,00E-48
284	G1798	*Sinapis alba*	SAU25696		3,00E-47
284	G1798	*Cardamine*	AY257542		5,00E-47

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		flexuosa			
284	G1798	*Pimpinella brachycarpa*	AF082531		5,00E-47
284	G1798	*Populus tremuloides*	CA925124		1,00E-44
284	G1798	*Eucalyptus grandis*	AY263807		1,00E-43
284	G1798	*Nicotiana tabacum*	NTTOB		1,00E-43
284	G1798	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK104921		5,00E-43
284	G1798	*Petunia x hybrida*	gi13384058		1,30E-52
284	G1798	*Brassica rapa* subesp. *Pekinensis*	gi30171307		4,60E-48
284	G1798	*Sinapis alba*	gi1049022		2,50E-47
284	G1798	*Cardamine flexuosa*	gi30171309		1,40E-46
284	G1798	*Pimpinella brachycarpa*	gi3493647		1,40E-46
284	G1798	*Populus tremuloides*	gi31295609		2,30E-44
284	G1798	*Oryza sativa*	gi5295990		6,20E-44
284	G1798	*Eucalyptus grandis*	gi30575598		1,00E-43
284	G1798	*Zea mays*	gi12002139		1,30E-43
284	G1798	*Nicotiana tabacum*	gi1076646		5,60E-43
286	G1808	*Brassica oleracea*	BH950967		1,00E-85

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
286	G1808	*Lycopersicon esculentum*	BF051268		2,00E-30
286	G1808	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU870843		2,00E-29
286	G1808	*Glycine max*	BM269595		6,00E-21
286	G1808	*Brassica napus*	CD833815		3,00E-17
286	G1808	*Gossypium hirsutum*	CA992680		6,00E-14
286	G1808	*Zinnia elegans*	AU294545		4,00E-12
286	G1808	*Solanum tuberosum*	BQ519273		9,00E-12
286	G1808	*Medicago truncatula*	CA918476		1,00E-11
286	G1808	*Phaseolus vulgaris*	AF350505		2,00E-11
286	G1808	*Phaseolus vulgaris*	gi13430400		2,90E-14
286	G1808	*Phaseolus acutifolius*	gi12829956		6,10E-14
286	G1808	*Petroselinum crispum*	gi9650828		7,70E-14
286	G1808	*Glycine max*	gi22597162		1,30E-13
286	G1808	*Nicotiana tabacum*	gi16580130		1,10E-12
286	G1808	*Capsicum chinense*	gi24460973		1,80E-12
286	G1808	*Zea mays*	gi1060935		2,00E-11
286	G1808	*Lycopersicon esculentum*	gi5901747		8,10E-11
286	G1808	*Zea perennis*	gi27652122		1,30E-10
286	G1808	*Oryza sativa*	gi14289165		1,40E-10

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
287	G1816	*Oryza sativa*	G3392	2131	2,00E-16
287	G1816	*Oryza sativa*	G3392	2133	2,00E-15
287	G1816	*Zea mays*	G3431	2147	1,00E-13
287	G1816	*Zea mays*	G3444	2157	1,00E-13
287	G1816	*Glycine max*	G3445	2159	5,00E-12
287	G1816	*Glycine max*	G3446	2161	5,00E-12
287	G1816	*Glycine max*	G3447	2163	5,00E-12
287	G1816	*Glycine max*	G3448	2165	1,00E-13
287	G1816	*Glycine max*	G3449	2167	3,00E-14
287	G1816	*Glycine max*	G3450	2168	3,00E-22
287	G1816	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER31802_1	1057	
287	G1816	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER586_102	1058	
287	G1816	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER586_116	1059	
287	G1816	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER8724_1	1060	
287	G1816	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER8724_2	1061	
287	G1816	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER30974_2	1062	
287	G1816	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER30974_3	1063	
287	G1816	*Oryza sativa*	OSC20053,C1,p5,fg	1064	
287	G1816	*Oryza sativa*	OSC20055,C1,p5,fg	1065	
287	G1816	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER69699_1	1066	
287	G1816	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER69699_2	1067	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
287	G1816	*Glycine max*	Gma_S4901946	1663	
287	G1816	*Triticum aestivum*	Ta_S45274	1883	
288	G1816	*Vitis vinifera*	BM437313		8,00E-28
288	G1816	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU872107		2,00E-27
288	G1816	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU831849		2,00E-27
288	G1816	*Vitis aestivalis*	CB289238		7,00E-27
288	G1816	*Glycine max*	AI495284		7,00E-19
288	G1816	*Brassica napus*	CD843377		6,00E-15
288	G1816	*Nuphar advena*	CD473522		1,00E-14
288	G1816	*Pinus pinaster*	AL750151		3,00E-14
288	G1816	*Lactuca sativa*	BU015255		5,00E-14
288	G1816	*Brassica oleracea*	BH961028		8,00E-14
288	G1816	*Gossypioides kirkii*	gi23476295		4,90E-12
288	G1816	*Gossypium raimondii*	gi14269333		2,70E-11
288	G1816	*Gossypium herbaceum*	gi14269335		2,70E-11
288	G1816	*Gossypium hirsutum*	gi14269337		2,70E-11
288	G1816	*Solanum tuberosum*	gi9954118		1,50E-10
288	G1816	*Oryza sativa*	gi2605619		2,40E-10
288	G1816	*Cucumis*	gi20514371		3,10E-10

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		sativus			
288	G1816	*Zea mays* subesp. *parviglumis*	gi15042108		4,00E-10
288	G1816	*Zea luxurians*	gi15042124		4,00E-10
288	G1816	*Anthurium andraeanum*	gi29824962		5,20E-10
290	G1823	*Zea mays*	AB060130		3,00E-81
290	G1823	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK065276		8,00E-74
290	G1823	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB630542		5,00E-68
290	G1823	*Lactuca sativa*	BQ858556		3,00E-64
290	G1823	*Brassica oleracea*	BH485050		3,00E-58
290	G1823	*Solanum tuberosum*	BM407041		3,00E-56
290	G1823	*Medicago truncatula*	CB891281		3,00E-54
290	G1823	*Vitis vinifera*	CD800109		3,00E-52
290	G1823	*Sorghum bicolor*	CD424269		1,00E-51
290	G1823	*Stevia rebaudiana*	BG523436		1,00E-47
290	G1823	*Zea mays*	gi15667625		3,10E-79
290	G1823	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24308616		3,70E-78
290	G1823	*Oryza sativa*	gi31338860		4,50E-41

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		(grupo do cultivar *indica*)			
290	G1823	*Oryza glaberrima*	gi31338862		4,50E-41
290	G1823	*Oryza sativa*	gi15289981		2,40E-19
290	G1823	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		4,80E-11
290	G1823	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		1,40E-09
290	G1823	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		6,40E-09
290	G1823	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		3,80E-08
290	G1823	*Dianthus caryophyllus*	gi13173408		6,50E-07
292	G1825	*Lycopersicon esculentum*	BG643313		4,00E-28
292	G1825	*Medicago truncatula*	BG646240		3,00E-27
292	G1825	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK073606		6,00E-27
292	G1825	*Oryza sativa*	AU172823		6,00E-27
292	G1825	*Gossypium hirsutum*	AI730937		1,00E-25
292	G1825	*Triticum aestivum*	BJ288732		3,00E-25
292	G1825	*Hordeum vulgare*	BQ465062		1,00E-24
292	G1825	*Lactuca sativa*	BQ867305		2,00E-22
292	G1825	*Beta vulgaris*	BQ585483		3,00E-22

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
292	G1825	*Solanum tuberosum*	BQ507198		8,00E-22
292	G1825	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21741799		8,70E-22
292	G1825	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		2,50E-18
292	G1825	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		1,10E-16
292	G1825	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		2,20E-16
292	G1825	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		4,80E-14
292	G1825	*Oryza sativa*	gi15289981		1,10E-08
292	G1825	*Zea mays*	gi14189890		5,10E-08
292	G1825	*Oryza glaberrima*	gi31338862		1,00E-06
292	G1825	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		1,40E-06
292	G1825	*Juglans nigra x Juglans regia*	gi20068283		0,13
294	G1832	*Brassica oleracea*	BZ063396		4,00E-42
294	G1832	*Lotus japonicus*	AP004945		2,00E-29
294	G1832	*Zea mays*	BZ413336		2,00E-24
294	G1832	*Petunia x hybrida*	AB000455		1,00E-23
294	G1832	*Oryza sativa*	AP003988		8,00E-22

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		(grupo do cultivar *japonica*)			
294	G1832	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01007143		7,00E-21
294	G1832	*Vitis vinifera*	CD010326		2,00E-17
294	G1832	*Oryza sativa*	OSJN00060		2,00E-16
294	G1832	*Thellungiella halophila*	BM985806		7,00E-16
294	G1832	*Glycine max*	GMU68763		3,00E-15
294	G1832	*Petunia x hybrida*	gi1786142		1,30E-31
294	G1832	*Brassica rapa*	gi2058504		7,00E-20
294	G1832	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21740840		2,10E-19
294	G1832	*Glycine max*	gi1763063		7,50E-16
294	G1832	*Medicago sativa*	gi7228329		1,80E-14
294	G1832	*Datisca glomerata*	gi4666360		3,10E-13
294	G1832	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		4,70E-12
294	G1832	*Triticum aestivum*	gi485814		7,00E-12
294	G1832	*Oryza sativa*	gi12698882		1,20E-11
294	G1832	*Pisum sativum*	gi2129892		4,00E-09
296	G1837	*Brassica oleracea*	BH675531		5,00E-59
296	G1837	*Oryza sativa*	AK100643		4,00E-34

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		(grupo do cultivar *japonica*)			
296	G1837	*Populus tremuloides*	CA925570		1,00E-30
296	G1837	*Oryza sativa*	AP003238		7,00E-30
296	G1837	*Gossypium hirsutum*	AY125487		7,00E-27
296	G1837	*Ipomoea batatas*	CB329929		1,00E-26
296	G1837	*Helianthus annuus*	BU026443		6,00E-26
296	G1837	*Lactuca sativa*	BU007581		7,00E-26
296	G1837	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA030236		4,00E-25
296	G1837	*Hordeum vulgare*	BQ470403		3,00E-24
296	G1837	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20146230		2,20E-36
296	G1837	*Gossypium hirsutum*	gi22858664		2,40E-29
296	G1837	*Oryza sativa*	gi13124871		2,60E-29
296	G1837	*Marsilea quadrifolia*	gi22550110		1,30E-11
296	G1837	*Lycopersicon esculentum*	gi15144510		0,00029
296	G1837	*Zea mays*	gi18568274		0,013
296	G1837	*Nicotiana tabacum*	gi14423763		0,016
296	G1837	*Hordeum*	gi20152975		0,024

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		vulgare subesp. *vulgare*			
296	G1837	*Cucurbita maxima*	gi17221648		0,07
296	G1837	*Nicotiana alata*	gi7649694		0,089
297	G1840	*Triticum aestivum*	Ta_S359268	1884	
298	G1840	*Brassica oleracea*	BH560552		2,00E-47
298	G1840	*Medicago truncatula*	AW559374		2,00E-19
298	G1840	*Vitis vinifera*	CB003361		3,00E-19
298	G1840	*Vitis aestivalis*	CB289747		9,00E-19
298	G1840	*Glycine max*	AW152963		1,00E-17
298	G1840	*Zea mays*	CC729672		3,00E-15
298	G1840	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01012262		4,00E-15
298	G1840	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP004399		4,00E-15
298	G1840	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU998389		4,00E-14
298	G1840	*Hordeum vulgare*	BQ469024		9,00E-14
298	G1840	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	gi20160854		6,80E-14

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		japonica)			
298	G1840	*Zea mays*	gi21908036		3,20E-13
298	G1840	*Lycopersicon esculentum*	gi18535580		2,40E-12
298	G1840	*Nicotiana tabacum*	gi10798644		1,00E-11
298	G1840	*Oryza sativa*	gi14018047		1,40E-11
298	G1840	*Solanum tuberosum*	gi28268684		1,60E-11
298	G1840	*Thellungiella halophila*	gi20340233		2,70E-11
298	G1840	*Narcissus pseudonarcissus*	gi18266198		4,40E-11
298	G1840	*Hordeum vulgare*	gi27960760		8,20E-11
298	G1840	*Fagus sylvatica*	gi18496063		1,10E-10
300	G1846	*Brassica oleracea*	BH486983		1,00E-68
300	G1846	*Vitis vinifera*	CB971990		4,00E-48
300	G1846	*Solanum tuberosum*	BG593364		3,00E-45
300	G1846	*Medicago truncatula*	AC137546		5,00E-43
300	G1846	*Glycine max*	BM271306		6,00E-43
300	G1846	*Vitis aestivalis*	CB288995		2,00E-42
300	G1846	*Lycopersicon esculentum*	AF500012		2,00E-39
300	G1846	*Beta vulgaris*	BQ594833		2,00E-39
300	G1846	*Lactuca sativa*	BQ988768		3,00E-39
300	G1846	*Oryza sativa*	AX653721		3,00E-34

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
300	G1846	*Lycopersicon esculentum*	gi25992102		1,40E-39
300	G1846	*Oryza sativa*	gi14140155		3,90E-35
300	G1846	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21742358		9,30E-34
300	G1846	*Zea mays*	gi21908034		1,60E-31
300	G1846	*Brassica napus*	gi17352283		1,70E-25
300	G1846	*Nicotiana tabacum*	gi12003382		2,80E-25
300	G1846	*Prunus avium*	gi23495460		3,70E-23
300	G1846	*Hordeum vulgare*	gi19071243		2,00E-22
300	G1846	*Gossypium hirsutum*	gi32481079		2,30E-21
300	G1846	*Fagus sylvatica*	gi18496063		2,70E-19
302	G1850	*Lotus japonicus*	AP006148		6,00E-81
302	G1850	*Medicago truncatula*	BG646618		7,00E-76
302	G1850	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106525		2,00E-75
302	G1850	*Glycine max*	GMHSF29		7,00E-68
302	G1850	*Phaseolus coccineus*	CA902448		4,00E-66
302	G1850	*Beta vulgaris*	BQ583051		6,00E-66
302	G1850	*Brassica napus*	CD814489		4,00E-64
302	G1850	*Citrus sinensis*	CB292708		9,00E-62

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
302	G1850	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01022757		1,00E-60
302	G1850	*Triticum aestivum*	CD894087		1,00E-55
302	G1850	*Glycine max*	gi2129829		2,10E-66
302	G1850	*Lycopersicon peruvianum*	gi100267		1,50E-49
302	G1850	*Nicotiana tabacum*	gi5821136		1,10E-48
302	G1850	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32482876		4,60E-48
302	G1850	*Oryza sativa*	gi16580739		1,60E-42
302	G1850	*Lycopersicon esculentum*	gi100225		9,00E-38
302	G1850	*Helianthus annuus*	gi25052685		7,80E-35
302	G1850	*Zea mays*	gi2130134		1,40E-33
302	G1850	*Phaseolus acutifolius*	gi16118447		1,80E-33
302	G1850	*Medicago sativa*	gi20162459		8,50E-32
304	G1863	*Brassica oleracea*	BH582941		5,00E-61
304	G1863	*Oryza sativa*	AF201895		2,00E-34
304	G1863	*Solanum tuberosum*	BM404872		3,00E-34
304	G1863	*Medicago truncatula*	AW981431		1,00E-33
304	G1863	*Glycine max*	BI786182		1,00E-33

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
304	G1863	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK103508		2,00E-33
304	G1863	*Lactuca sativa*	BQ852906		4,00E-33
304	G1863	*Lycopersicon esculentum*	AW442227		2,00E-32
304	G1863	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA029723		4,00E-32
304	G1863	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01004865		1,00E-31
304	G1863	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32492205		1,90E-43
304	G1863	*Oryza sativa*	gi6573149		2,40E-39
304	G1863	*Solanum bulbocastanum*	gi32470630		3,90E-39
304	G1863	*Sorghum bicolor*	gi18390099		1,50E-37
304	G1863	*Lycopersicon esculentum*	gi19171209		0,15
304	G1863	*Pisum sativum*	gi7008009		0,75
304	G1863	*Zea mays*	gi1061308		0,85
304	G1863	*Glycine max*	gi2129829		0,98
304	G1863	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi4680184		0,99
304	G1863	*Brassica rapa*	gi12655953		1

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
305	G1893	*Glycine max*	AW278047,1	1068	
305	G1893	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER111370_1	1069	
305	G1893	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER118579_1	1070	
305	G1893	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER118579_2	1071	
305	G1893	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER149196_1	1072	
305	G1893	*Oryza sativa*	LIB4309-019-R1-N1-A5	1073	
305	G1893	*Oryza sativa*	OSC101916,C1,p4,fg	1074	
305	G1893	*Oryza sativa*	OSC102096,C1,p3,fg	1075	
305	G1893	*Oryza sativa*	OSC22542,C1,p1,fg	1076	
305	G1893	*Oryza sativa*	OSC25365,C1,p1,fg	1077	
305	G1893	*Oryza sativa*	OSC33187,C1,p5,fg	1078	
305	G1893	*Oryza sativa*	OSC5704,C1,p2,fg	1079	
305	G1893	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER288538_1	1080	
305	G1893	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER344060_1	1081	
305	G1893	*Glycine max*	Gma_S5146217	1664	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
305	G1893	*Zea mays*	Zm_S11445592	1806	
305	G1893	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-43508	2037	
306	G1893	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK071104		1,00E-97
306	G1893	*Medicago truncatula*	CA921097		4,00E-90
306	G1893	*Helianthus annuus*	CD849311		8,00E-90
306	G1893	*Glycine max*	BU547066		9,00E-89
306	G1893	*Gossypium arboreum*	BQ415977		8,00E-87
306	G1893	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU825617		2,00E-85
306	G1893	*Triticum turgidum*	BF293596		7,00E-83
306	G1893	*Eschscholzia californica*	CD476634		7,00E-80
306	G1893	*Brassica oleracea*	BH503569		1,00E-79
306	G1893	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01004319		5,00E-71
306	G1893	*Oryza sativa*	gi15290024		2,20E-78
306	G1893	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161636		2,20E-78
306	G1893	*Glycine max*	gi18376601		1,30E-76

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
306	G1893	*Lycopersicon esculentum*	gi15984226		2,80E-25
306	G1893	*Solanum tuberosum*	gi563623		1,90E-14
306	G1893	*Zea mays*	gi3170601		3,40E-13
306	G1893	*Nicotiana tabacum*	gi4519673		0,31
306	G1893	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi29569129		0,79
306	G1893	*Chloroplast Fagopyrum sp. C97106*	gi13366059		0,94
306	G1893	*Pisum sativum*	gi2129892		0,97
308	G1917	*Brassica oleracea*	BH700529		1,00E-76
308	G1917	*Gossypium arboreum*	BG440881		4,00E-53
308	G1917	*Brassica napus*	CD838237		6,00E-45
308	G1917	*Glycine max*	AW569177		2,00E-32
308	G1917	*Medicago truncatula*	BE240450		7,00E-28
308	G1917	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK073464		7,00E-25
308	G1917	*Vitis vinifera*	CD009085		1,00E-20
308	G1917	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000157		6,00E-19
308	G1917	*Oryza sativa*	10A19I		6,00E-19
308	G1917	*Physcomitrella*	AW497013		4,00E-12

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		patens			
308	G1917	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20521225		1,90E-26
308	G1917	*Oryza sativa*	gi5091599		1,30E-13
308	G1917	*Nicotiana tabacum*	gi12711287		3,20E-07
308	G1917	*Nicotiana plumbaginifolia*	gi1076609		7,00E-05
308	G1917	*Pisum sativum*	gi7008009		0,0064
308	G1917	*Glycine max*	gi913654		0,018
308	G1917	*Medicago sativa*	gi166376		0,022
308	G1917	*Cicer arietinum*	gi3893085		0,061
308	G1917	*Silene latifolia*	gi1628463		0,075
308	G1917	*Lycopersicon esculentum*	gi19322		0,083
310	G1923	*Medicago truncatula*	BF649854		5,00E-60
310	G1923	*Lycopersicon esculentum*	BI422020		3,00E-59
310	G1923	*Oryza sativa*	AX654704		7,00E-57
310	G1923	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK073539		7,00E-57
310	G1923	*Phaseolus coccineus*	CA897028		9,00E-49
310	G1923	*Sorghum bicolor*	CB927306		1,00E-48

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
310	G1923	*Glycine max*	BU926268		3,00E-48
310	G1923	*Vitis vinifera*	CA810372		1,00E-42
310	G1923	*Zea mays*	CC629895		5,00E-42
310	G1923	*Brassica napus*	CD841307		2,00E-39
310	G1923	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20303588		3,50E-57
310	G1923	*Oryza sativa*	gi15528779		1,80E-39
310	G1923	*Brassica napus*	gi31322568		2,90E-39
310	G1923	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		1,80E-37
310	G1923	*Petunia x hybrida*	gi21105748		3,80E-37
310	G1923	*Solanum tuberosum*	gi14485513		6,10E-37
310	G1923	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		3,40E-36
310	G1923	*Glycine max*	gi22597158		9,00E-36
310	G1923	*Triticum sp.*	gi4218537		1,00E-34
310	G1923	*Triticum monococcum*	gi6732160		1,00E-34
311	G1928	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER1575_1	1082	
311	G1928	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER1575_2	1083	
311	G1928	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER37555_1	1084	
311	G1928	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER2748_3	1085	
311	G1928	*Oryza sativa*	OSC18621,C1,p15,fg	1086	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
311	G1928	*Oryza sativa*	OSC8169,C1,p1, fg	1087	
311	G1928	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER31066_1	1088	
311	G1928	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER483_4	1089	
311	G1928	*Glycine max*	Gma_S4880916	1665	
311	G1928	*Medicago truncatula*	Mtr_S5366182	1704	
311	G1928	*Hordeum vulgare*	Hv_S151736	1739	
311	G1928	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-47862	2038	
311	G1928	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-48122	2039	
311	G1928	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-54189	2040	
311	G1928	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-14800	2041	
311	G1928	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-332512	2042	
312	G1928	*Brassica napus*	BQ704702		1,00E-125
312	G1928	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK105663		1,00E-107
312	G1928	*Solanum tuberosum*	STPCP1		1,00E-104
312	G1928	*Lycopersicon esculentum*	BI932742		1,00E-96
312	G1928	*Triticum aestivum*	BT009453		1,00E-91
312	G1928	*Brassica*	BH958905		6,00E-88

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		oleracea			
312	G1928	*Oryza sativa*	AX699673		5,00E-86
312	G1928	*Medicago truncatula*	BG645203		2,00E-85
312	G1928	*Prunus persica*	BU039744		2,00E-84
312	G1928	*Glycine max*	CA938031		6,00E-83
312	G1928	*Oryza sativa*	gi10934090		2,40E-108
312	G1928	*Solanum tuberosum*	gi563623		6,70E-95
312	G1928	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20160482		1,00E-84
312	G1928	*Lycopersicon esculentum*	gi9858780		1,70E-82
312	G1928	*Zea mays*	gi3170601		4,20E-78
312	G1928	*Glycine max*	gi18376601		6,60E-18
312	G1928	*Capsella rubella*	gi32454266		3,60E-06
312	G1928	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi16209575		5,50E-06
312	G1928	*Petunia x hybrida*	gi2346972		0,0062
312	G1928	*Nicotiana tabacum*	gi100367		0,076
314	G1932	*Brassica oleracea*	BZ451301		2,00E-45
314	G1932	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU831322		3,00E-43
314	G1932	*Prunus persica*	BU044042		3,00E-39
314	G1932	*Lotus*	AP006411		2,00E-37

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		corniculatus var. *japonicus*			
314	G1932	*Medicago truncatula*	CF069961		1,00E-35
314	G1932	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa x Populus deltóides*	CA825154		3,00E-32
314	G1932	*Helianthus annuus*	AJ412445		5,00E-31
314	G1932	*Lotus japonicus*	AV422273		3,00E-30
314	G1932	*Glycine max*	BM732568		4,00E-30
314	G1932	*Lactuca sativa*	BQ873409		8,00E-29
314	G1932	*Stylosanthes hamata*	gi4099921		5,70E-33
314	G1932	*Nicotiana tabacum*	gi1208496		2,80E-29
314	G1932	*Lycopersicon esculentum*	gi30526297		5,70E-29
314	G1932	*Nicotiana sylvestris*	gi8809573		6,40E-28
314	G1932	*Oryza sativa*	gi10567106		2,10E-27
314	G1932	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20160965		2,10E-27
314	G1932	*Thellungiella halophila*	gi20340233		5,60E-27
314	G1932	*Solanum tuberosum*	gi28268684		9,30E-22
314	G1932	*Zea mays*	gi27802487		1,30E-20

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
314	G1932	*Prunus armeniaca*	gi3264767		3,40E-20
316	G1938	*Brassica oleracea*	BH464032		1,00E-76
316	G1938	*Vitis vinifera*	CB972449		6,00E-67
316	G1938	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP004672		3,00E-52
316	G1938	*Medicago truncatula*	BF642346		2,00E-47
316	G1938	*Lactuca sativa*	BQ874162		8,00E-45
316	G1938	*Solanum tuberosum*	BQ507674		3,00E-43
316	G1938	*Glycine max*	CA937850		1,00E-42
316	G1938	*Zea mays*	AX540653		5,00E-42
316	G1938	*Beta vulgaris*	BQ588349		4,00E-33
316	G1938	*Gossypium arboreum*	BG445379		7,00E-33
316	G1938	*Gossypium hirsutum*	gi5731257		3,20E-32
316	G1938	*Oryza sativa*	gi2580440		2,00E-29
316	G1938	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20975251		2,60E-29
316	G1938	*Sophora flavescens*	gi21624283		2,20E-05
316	G1938	*Pueraria montana* var. *lobata*	gi21624275		0,0003
316	G1938	*Bothriochloa odorata*	gi13649873		0,00045

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
316	G1938	*Capillipedium parviflorum*	gi13649864		0,00058
316	G1938	*Linaria vulgaris*	gi29788713		0,00059
316	G1938	*Antirrhinum cornutum*	gi31296478		0,0013
316	G1938	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	gi12061239		0,0016
318	G1945	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BG543096		2,00E-85
318	G1945	*Pisum sativum*	CD860359		9,00E-69
318	G1945	*Brassica oleracea*	BH480897		1,00E-66
318	G1945	*Glycine max*	CD397129		4,00E-66
318	G1945	*Medicago truncatula*	BG647027		4,00E-66
318	G1945	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000383		7,00E-56
318	G1945	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005755		9,00E-56
318	G1945	*Helianthus annuus*	BU023570		3,00E-52
318	G1945	*Zea mays*	BZ412041		7,00E-51
318	G1945	*Oryza sativa*	AP004020		2,00E-48
318	G1945	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	gi32489626		1,60E-47

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		japonica)			
318	G1945	*Antirrhinum majus*	gi4165183		1,20E-21
318	G1945	*Pisum sativum*	gi2213534		2,20E-14
318	G1945	*Helianthus hirsutus*	gi27526446		0,091
318	G1945	*Helianthus tuberosus*	gi27526452		0,12
318	G1945	*Helianthus niveus*	gi27526450		0,12
318	G1945	*Helianthus ciliaris*	gi14588999		0,2
318	G1945	*Helianthus praecox*	gi18073228		0,25
318	G1945	*Helianthus debilis*	gi27526440		0,46
318	G1945	*Lycopersicon esculentum*	gi1345538		0,46
320	G1957	*Brassica oleracea*	BZ468915		1,00E-101
320	G1957	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01011764		1,00E-55
320	G1957	*Oryza sativa*	AX654655		2,00E-55
320	G1957	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106367		4,00E-55
320	G1957	*Lactuca sativa*	BU005803		1,00E-52
320	G1957	*Lycopersicon esculentum*	BI934637		4,00E-50
320	G1957	*Glycine max*	AW760132		1,00E-49

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
320	G1957	*Zea mays*	CC648948		4,00E-48
320	G1957	*Solanum tuberosum*	BQ119486		2,00E-45
320	G1957	*Prunus dulcis*	BU645464		3,00E-39
320	G1957	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21426118		1,40E-55
320	G1957	*Marchantia polymorpha*	gi25272004		1,30E-35
320	G1957	*Oryza sativa*	gi19352051		2,40E-10
320	G1957	*Pisum sativum*	gi22335711		3,90E-08
320	G1957	*Eragrostis tef*	gi17906977		1,10E-07
320	G1957	*Mangifera indica*	gi31747324		1,60E-07
320	G1957	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi1730475		3,10E-07
320	G1957	*Phaseolus vulgaris*	gi1046278		3,10E-07
320	G1957	*Prunus persica*	gi27450533		3,30E-07
320	G1957	*Daucus carota*	gi5578746		1,20E-06
321	G1968	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER38154_1	1090	
321	G1968	*Glycine max*	uC-gmflminsoy034g08b1	1091	
321	G1968	*Oryza sativa*	OSC102229,C1,p13,fg	1092	
321	G1968	*Oryza sativa*	OSC27802,C1,p1,fg	1093	
321	G1968	*Lycopersicon*	SGN-UNIGENE-	2043	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		esculentum	SINGLET-336915		
322	G1968	*Brassica oleracea*	BH950957		9,00E-85
322	G1968	*Petunia x hybrida*	AB003672		2,00E-69
322	G1968	*Limnanthes alba*	BV007314		7,00E-32
322	G1968	*Medicago truncatula*	CB892199		2,00E-18
322	G1968	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000555		7,00E-16
322	G1968	*Oryza sativa*	AP003840		1,00E-15
322	G1968	*Triticum aestivum*	CA596598		1,00E-14
322	G1968	*Solanum tuberosum*	BG096505		3,00E-14
322	G1968	*Sorghum bicolor*	BZ628830		2,00E-12
322	G1968	*Zea mays*	CC642714		2,00E-12
322	G1968	*Petunia x hybrida*	gi1786146		9,60E-58
322	G1968	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi22775640		2,30E-19
322	G1968	*Pisum sativum*	gi2129892		3,00E-09
322	G1968	*Glycine max*	gi1763063		5,80E-09
322	G1968	*Medicago sativa*	gi7228329		1,50E-08
322	G1968	*Brassica rapa*	gi2058504		1,60E-07
322	G1968	*Oryza sativa*	gi15623826		1,40E-06

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
322	G1968	*Datisca glomerata*	gi4666360		2,40E-05
322	G1968	*Triticum aestivum*	gi485814		9,80E-05
322	G1968	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		0,012
323	G1983	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER30038_1	1094	
323	G1983	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER30038_2	1095	
323	G1983	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER10519_1	1096	
323	G1983	*Oryza sativa*	Os_S120617	1595	
323	G1983	*Oryza sativa*	Os_S16654	1596	
323	G1983	*Oryza sativa*	Os_S44308	1597	
323	G1983	*Oryza sativa*	Os_S71743	1598	
323	G1983	*Oryza sativa*	Os_S75089	1599	
323	G1983	*Oryza sativa*	Os_S77891	1600	
323	G1983	*Zea mays*	Zm_S11326674	1807	
323	G1983	*Zea mays*	Zm_S11446637	1808	
323	G1983	*Zea mays*	Zm_S11525047	1809	
323	G1983	*Triticum aestivum*	Ta_S119681	1885	
323	G1983	*Triticum aestivum*	Ta_S137934	1886	
323	G1983	*Triticum aestivum*	Ta_S142014	1887	
323	G1983	*Triticum aestivum*	Ta_S142165	1888	
323	G1983	*Triticum aestivum*	Ta_S143760	1889	
323	G1983	*Triticum*	Ta_S147217	1890	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		aestivum			
323	G1983	*Triticum aestivum*	Ta_S147350	1891	
323	G1983	*Triticum aestivum*	Ta_S383385	1892	
323	G1983	*Triticum aestivum*	Ta_S412629	1893	
323	G1983	*Triticum aestivum*	Ta_S66264	1894	
323	G1983	*Triticum aestivum*	Ta_S75983	1895	
323	G1983	*Triticum aestivum*	Ta_S78150	1896	
323	G1983	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-21519	2044	
324	G1983	*Brassica oleracea*	BZ436393		1,00E-120
324	G1983	*Brassica napus*	CD837762		1,00E-113
324	G1983	*Lactuca sativa*	BQ850782		8,00E-64
324	G1983	*Solanum tuberosum*	BG599598		5,00E-61
324	G1983	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU866147		2,00E-60
324	G1983	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01006041		5,00E-58
324	G1983	*Oryza sativa*	AP002746		2,00E-56
324	G1983	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106392		2,00E-56

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
324	G1983	*Glycine max*	AW568218		2,00E-56
324	G1983	*Medicago truncatula*	AC144766		3,00E-54
324	G1983	*Oryza sativa*	gi9988428		2,20E-55
324	G1983	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28273376		1,40E-51
324	G1983	*Brassica oleracea*	gi15054380		0,00024
324	G1983	*Glycine max*	gi18736		0,021
324	G1983	*Pinus pinaster*	gi18129298		0,49
324	G1983	*Atropa belladonna*	gi14329820		0,58
324	G1983	*Pisum sativum*	gi31580860		0,58
324	G1983	*Pyrus communis*	gi559557		0,78
324	G1983	*Zea mays*	gi4321762		0,81
324	G1983	*Gossypioides kirkii*	gi29836513		0,84
325	G1985	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER65388_1	1097	
326	G1985	*Medicago truncatula*	BE124794		3,00E-13
326	G1985	*Lotus japonicus*	AP006103		5,00E-12
326	G1985	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	CB826842		3,00E-11
326	G1985	*Brassica oleracea*	BH732988		3,00E-11
326	G1985	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BZ614339		5,00E-10

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
326	G1985	*Petunia x hybrida*	AB035093		1,00E-09
326	G1985	*Glycine max*	AI973860		1,00E-09
326	G1985	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001411		3,00E-09
326	G1985	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005869		3,00E-09
326	G1985	*Zea mays*	CC652748		4,00E-09
326	G1985	*Petunia x hybrida*	gi14275902		1,60E-15
326	G1985	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32489630		6,50E-13
326	G1985	*Zea ramosa*	gi18674684		2,90E-11
326	G1985	*Oryza sativa*	gi15528588		2,70E-05
326	G1985	*Sorghum bicolor*	gi18390109		0,00088
326	G1985	*Brassica rapa*	gi2058504		0,001
326	G1985	*Pisum sativum*	gi2129892		0,0076
326	G1985	*Datisca glomerata*	gi4666360		0,051
326	G1985	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		0,053
326	G1985	*Medicago sativa*	gi7228329		0,07
327	G1988	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER75453_1	1098	
327	G1988	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-	1099	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
			CLUSTER75453_2		
327	G1988	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER153439_2	1100	
327	G1988	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER10890_1	1101	
327	G1988	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER10890_3	1102	
327	G1988	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER201962_1	1103	
327	G1988	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER3040_3	1104	
327	G1988	*Oryza sativa*	Os_S91481	1601	
327	G1988	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-5090	2045	
328	G1988	*Brassica oleracea*	BH478747		5,00E-23
328	G1988	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU873581		7,00E-22
328	G1988	*Citrus unshiu*	C95300		2,00E-18
328	G1988	*Lycopersicon esculentum*	AW034552		2,00E-18
328	G1988	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000340		1,00E-17
328	G1988	*Beta vulgaris*	BQ594583		1,00E-16
328	G1988	*Zea mays*	CC655765		2,00E-15
328	G1988	*Glycine max*	BI469275		8,00E-15
328	G1988	*Prunus persica*	BU046688		7,00E-14

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
328	G1988	*Vitis vinifera*	CD719941		2,00E-13
328	G1988	*Malus x domestica*	gi4091806		2,60E-07
328	G1988	*Brassica napus*	gi30984027		1,10E-06
328	G1988	*Brassica nigra*	gi22854920		1,10E-06
328	G1988	*Raphanus sativus*	gi3341723		2,70E-06
328	G1988	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488104		4,80E-06
328	G1988	*Ipomoea nil*	gi10946337		5,10E-06
328	G1988	*Oryza sativa*	gi11094211		2,20E-05
328	G1988	*Hordeum vulgare*	gi21667475		4,50E-05
328	G1988	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi21655168		0,00018
328	G1988	*Pinus radiata*	gi4557093		0,0016
330	G1990	*Brassica oleracea*	BH009262		2,00E-99
330	G1990	*Petunia x hybrida*	AB000452		9,00E-44
330	G1990	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU879483		1,00E-42
330	G1990	*Lotus japonicus*	AP004479		4,00E-39
330	G1990	*Medicago truncatula*	AC126007		7,00E-35
330	G1990	*Oryza sativa*	AP003989		2,00E-32

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
330	G1990	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01004471		2,00E-32
330	G1990	*Ipomoea nil*	BJ573446		6,00E-32
330	G1990	*Pisum sativum*	PSZINCFIN		1,00E-31
330	G1990	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU887507		3,00E-31
330	G1990	*Pisum sativum*	gi2129892		3,90E-42
330	G1990	*Petunia x hybrida*	gi100396		1,30E-40
330	G1990	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32480087		1,40E-23
330	G1990	*Oryza sativa*	gi15623820		1,10E-18
330	G1990	*Triticum aestivum*	gi485814		2,30E-18
330	G1990	*Brassica rapa*	gi2058506		2,50E-15
330	G1990	*Glycine max*	gi1763063		3,30E-14
330	G1990	*Datisca glomerata*	gi4666360		1,80E-08
330	G1990	*Medicago sativa*	gi7228329		2,20E-06
330	G1990	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		1,40E-05
332	G1993	*Lotus japonicus*	AP006103		7,00E-12
332	G1993	*Medicago truncatula*	CF069502		1,00E-11
332	G1993	*Lotus*	CB826842		3,00E-11

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		corniculatus var. *japonicus*			
332	G1993	*Petunia x hybrida*	AB035093		6,00E-10
332	G1993	*Brassica oleracea*	BH732988		6,00E-10
332	G1993	*Glycine max*	AI973860		1,00E-09
332	G1993	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BZ614339		7,00E-09
332	G1993	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001411		3,00E-08
332	G1993	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005869		3,00E-08
332	G1993	*Zea mays*	BZ735433		5,00E-08
332	G1993	*Petunia x hybrida*	gi14275902		4,30E-15
332	G1993	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi27261062		8,20E-13
332	G1993	*Zea ramosa*	gi18674684		6,00E-11
332	G1993	*Oryza sativa*	gi15528588		3,50E-08
332	G1993	*Sorghum bicolor*	gi18390109		8,80E-06
332	G1993	*Brassica rapa*	gi2058504		0,0056
332	G1993	*Medicago sativa*	gi7228329		0,084
332	G1993	*Datisca glomerata*	gi4666360		0,12

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
332	G1993	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		0,14
332	G1993	*Pisum sativum*	gi2129892		0,38
333	G1995	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER166362_1	753	
333	G1995	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER180202_1	754	
333	G1995	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER726571_1	755	
333	G1995	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER74662_1	756	
333	G1995	*Glycine max*	uC-gmflminsoy032f06b1	757	
333	G1995	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER200967_1	759	
333	G1995	*Oryza sativa*	OSC100895,C1,p14,fg	760	
333	G1995	*Oryza sativa*	OSC23411,C1,p1,fg	761	
333	G1995	*Oryza sativa*	OSC2409,C1,p2,fg	762	
333	G1995	*Oryza sativa*	OSC25680,C1,p1,fg	763	
333	G1995	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER436044_1	764	
333	G1995	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER518126_1	765	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
333	G1995	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-54039	1959	
333	G1995	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-54252	1960	
333	G1995	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-392715	1961	
334	G1995	*Brassica oleracea*	BZ475765		1,00E-68
334	G1995	*Lycopersicon esculentum*	BG123251		3,00E-30
334	G1995	*Vitis vinifera*	CD716644		1,00E-29
334	G1995	*Gossypium arboreum*	BF272143		2,00E-27
334	G1995	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005538		4,00E-24
334	G1995	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01009505		9,00E-23
334	G1995	*Oryza sativa*	AC105732		1,00E-18
334	G1995	*Zea mays*	BH875187		2,00E-18
334	G1995	*Hordeum vulgare*	BF616974		3,00E-18
334	G1995	*Sorghum bicolor*	BE360413		4,00E-17
334	G1995	*Sorghum bicolor*	gi18390109		4,30E-20
334	G1995	*Oryza sativa*	gi15528588		5,80E-08
334	G1995	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32482926		1,90E-07

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
334	G1995	*Petunia x hybrida*	gi2346976		1,30E-05
334	G1995	*Glycine max*	gi1763063		0,0043
334	G1995	*Medicago sativa*	gi7228329		0,007
334	G1995	*Zea ramosa*	gi18674684		0,0093
334	G1995	*Datisca glomerata*	gi4666360		0,082
334	G1995	*Brassica rapa*	gi2058506		0,098
334	G1995	*Triticum aestivum*	gi485814		0,24
336	G1998	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK071630		3,00E-53
336	G1998	*Oryza sativa*	AB001888		3,00E-53
336	G1998	*Triticum aestivum*	BJ209915		1,00E-30
336	G1998	*Hordeum vulgare*	BE558327		4,00E-30
336	G1998	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01003074		2,00E-29
336	G1998	*Zea mays*	BZ985999		4,00E-29
336	G1998	*Oryza minuta*	CB210857		1,00E-28
336	G1998	*Lactuca sativa*	BU009733		3,00E-28
336	G1998	*Medicago truncatula*	BG644908		1,00E-27
336	G1998	*Solanum tuberosum*	BQ121038		5,00E-27
336	G1998	*Oryza sativa*	gi3618320		9,60E-58
336	G1998	*Brassica nigra*	gi22854986		1,70E-25

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
336	G1998	*Raphanus sativus*	gi3341723		1,00E-23
336	G1998	*Ipomoea nil*	gi10946337		1,00E-23
336	G1998	*Malus x domestica*	gi4091806		1,20E-22
336	G1998	*Brassica napus*	gi2895184		2,80E-22
336	G1998	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi23589949		1,20E-21
336	G1998	*Hordeum vulgare*	gi21667475		1,80E-21
336	G1998	*Pinus radiata*	gi4557093		2,50E-20
336	G1998	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi21655154		1,60E-18
338	G1999	*Medicago truncatula*	BE316747		3,00E-22
338	G1999	*Lactuca sativa*	BQ995915		1,00E-20
338	G1999	*Lycopersicon esculentum*	AI772841		5,00E-20
338	G1999	*Brassica oleracea*	BH927868		9,00E-20
338	G1999	*Mesembryanthemum crystallinum*	CA840421		2,00E-19
338	G1999	*Brassica napus*	A50832		2,00E-18
338	G1999	*Beta vulgaris*	BQ489587		1,00E-17
338	G1999	*Eschscholzia californica*	CD477071		2,00E-16
338	G1999	*Glycine max*	CD401749		1,00E-15
338	G1999	*Ipomoea nil*	BJ554943		3,00E-15

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
338	G1999	*Oryza sativa*	gi13702811		1,10E-27
338	G1999	*Malus x domestica*	gi4091806		2,10E-20
338	G1999	*Raphanus sativus*	gi3341723		4,80E-19
338	G1999	*Brassica nigra*	gi22854916		8,80E-18
338	G1999	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi23589949		1,30E-17
338	G1999	*Brassica napus*	gi2895184		1,30E-17
338	G1999	*Hordeum vulgare*	gi21667471		2,70E-17
338	G1999	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi21655168		5,00E-17
338	G1999	*Pinus radiata*	gi4557093		6,00E-17
338	G1999	*Ipomoea nil*	gi10946337		2,80E-16
340	G2035	*Medicago truncatula*	AC140035		1,00E-115
340	G2035	*Brassica oleracea*	BZ428219		1,00E-106
340	G2035	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK100495		1,00E-102
340	G2035	*Zea mays*	AX660947		1,00E-100
340	G2035	*Vitis vinifera*	CB979115		5,00E-96
340	G2035	*Oryza sativa*	AC084405		9,00E-95
340	G2035	*Glycine max*	AW186423		7,00E-92
340	G2035	*Oryza sativa* (grupo do	AAAA01010916		1,00E-89

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
		cultivar *indica*)			
340	G2035	*Lycopersicon esculentum*	BF113841		4,00E-82
340	G2035	*Lactuca sativa*	BQ865775		3,00E-81
340	G2035	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24796797		4,60E-103
340	G2035	*Oryza sativa*	gi14140292		3,30E-09
340	G2035	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi9955730		4,10E-05
340	G2035	*Nicotiana paniculata*	gi5834502		5,20E-05
340	G2035	*Solanum tuberosum*	gi2225999		0,00011
340	G2035	*Samanea saman*	gi5081693		0,00029
340	G2035	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi30025990		0,0011
340	G2035	*Vicia faba*	gi2293112		0,0045
340	G2035	*Triticum aestivum*	gi18616499		0,013
340	G2035	*Brassica napus*	gi22003730		0,022
341	G2041	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER244491_1	1105	
341	G2041	*Glycine max*	LIB4280-051-Q1-K1-E4	1106	
341	G2041	*Oryza sativa*	rsicem_7360,y1,abd	1107	
341	G2041	*Zea mays*	Zm_S11428605	1810	

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
341	G2041	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-47127	2046	
341	G2041	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-389924	2047	
342	G2041	*Glycine max*	AX196296		1,0e-999
342	G2041	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01023044		1,00E-161
342	G2041	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP004333		1,00E-161
342	G2041	*Oryza sativa*	AC107085		8,00E-90
342	G2041	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	AP006426		7,00E-89
342	G2041	*Medicago truncatula*	BZ286591		9,00E-89
342	G2041	*Helianthus annuus*	CD853758		2,00E-88
342	G2041	*Lactuca sativa*	BQ853515		6,00E-87
342	G2041	*Capsicum annuum*	BM067036		3,00E-82
342	G2041	*Lycopersicon esculentum*	BI925244		8,00E-79
342	G2041	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi33146888		1,50E-152
342	G2041	*Oryza sativa*	gi14140291		5,60E-34
342	G2041	*Zea mays*	gi18463957		1,50E-19
342	G2041	*Hordeum vulgare*	gi23193481		4,40E-08

SEQ ID Nº: de *Arabidopsis* Sequência Utilizada para Descobrir Ortólogos	GID Nº	Espécies das Quais o Ortólogo é Derivado	Identificador de Sequência ou Número de Acesso	SEQ ID Nº: da Sequência Ortóloga	Menor Soma da Probabilidade para o Ortólogo, Quando Conhecida
342	G2041	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi23193479		1,40E-07
342	G2041	*Triticum monococcum*	gi23193487		2,60E-07
342	G2041	*Brassica napus*	gi4106378		0,12
342	G2041	*Medicago sativa*	gi1279563		1
342	G2041	*Nicotiana tabacum*	gi8096269		1
342	G2041	*Triticum aestivum*	gi32400814		1
343	G2051	*Medicago truncatula*	Mtr_S5387033	1705	
343	G2051	*Hordeum vulgare*	Hv_S171660	1740	
344	G2051	*Brassica oleracea*	BH456374		6,00E-78
344	G2051	*Petunia x hybrida*	AF509874		4,00E-69
344	G2051	*Lycopersicon esculentum*	AW222093		2,00E-57
344	G2051	*Oryza sativa*	AX654515		1,00E-51
344	G2051	*Medicago truncatula*	BQ165266		7,00E-51
344	G2051	*Sorghum bicolor*	BG933492		8,00E-50
344	G2051	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK099540		5,00E-43

344	G2051	*Hordeum vulgare* subesp. *spontaneum*	BJ481205		5,00E-42
344	G2051	*Hordeum vulgare*	BQ469035		5,00E-42
344	G2051	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU967516		5,00E-42
344	G2051	*Petunia x hybrida*	gi21105751		9,50E-70
344	G2051	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi19225018		3,40E-59
344	G2051	*Oryza sativa*	gi6730946		1,20E-45
344	G2051	*Brassica napus*	gi31322582		3,50E-41
344	G2051	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		8,40E-40
344	G2051	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		1,10E-39
344	G2051	*Solanum tuberosum*	gi14485513		3,30E-38
344	G2051	*Medicago truncatula*	gi7716952		3,30E-38

344	G2051	*Glycine max*	gi22597158		8,70E-38
344	G2051	*Triticum sp.*	gi4218537		8,70E-38
345	G2060	*Oryza sativa*	Os_S109370	1602	
345	G2060	*Medicago truncatula*	Mtr_S5408429	1706	
345	G2060	*Triticum aestivum*	Ta_S317703	1897	
346	G2060	*Oryza sativa*	AX653450		4,00E-49
346	G2060	*Brassica oleracea*	BH456149		7,00E-48
346	G2060	*Lycopersicon esculentum*	BI422854		1,00E-39
346	G2060	*Nicotiana tabacum*	AY220477		1,00E-36
346	G2060	*Citrus sinensis*	BQ625082		2,00E-35
346	G2060	*Lactuca sativa*	BQ870137		3,00E-35
346	G2060	*Hordeum vulgare*	BM370908		9,00E-35
346	G2060	*Medicago truncatula*	CB893379		2,00E-34
346	G2060	*Glycine max*	CA782643		8,00E-34
346	G2060	*Cryptomeria japonica*	AU083645		2,00E-33
346	G2060	*Oryza sativa*	gi11320830		2,60E-40

346	G2060	*Nicotiana tabacum*	gi30013667		5,30E-38
346	G2060	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20160973		2,10E-27
346	G2060	*Petroselinum crispum*	gi11493822		4,50E-21
346	G2060	*Avena fatua*	gi1159879		3,00E-19
346	G2060	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi23305051		2,60E-17
346	G2060	*Pimpinella brachycarpa*	gi3420906		2,60E-16
346	G2060	*Avena sativa*	gi4894965		7,10E-16
346	G2060	*Ipomoea batatas*	gi1076685		1,20E-15
346	G2060	*Solanum tuberosum*	gi24745606		2,20E-15
348	G2063	*Brassica oleracea*	BH923036		3,00E-45
348	G2063	*Medicago truncatula*	AC139746		1,00E-18
348	G2063	*Lotus corniculatus*	AP006395		2,00E-18

		var. *japonicus*			
348	G2063	*Gossypium arboreum*	BQ403135		2,00E-17
348	G2063	*Oryza sativa*	AP004093		4,00E-17
348	G2063	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP004863		4,00E-17
348	G2063	*Lotus japonicus*	AP006142		5,00E-16
348	G2063	*Sorghum bicolor*	BZ627051		8,00E-16
348	G2063	*Zea mays*	CC690653		5,00E-15
348	G2063	*Brassica napus*	CD813986		1,00E-14
348	G2063	*Oryza sativa*	gi15290141		1,90E-17
348	G2063	*Antirrhinum majus*	gi264223		5,80E-17
348	G2063	*Picea abies*	gi25307922		2,00E-15
348	G2063	*Gossypium hirsutum*	gi19743774		3,20E-15
348	G2063	*Malus x domestica*	gi16973298		5,30E-15
348	G2063	*Phalaenopsis equestris*	gi18650789		1,10E-14
348	G2063	*Oryza sativa* (grupo do	gi33090203		1,40E-14

		cultivar *japonica*)			
348	G2063	*Petunia x hybrida*	gi17827467		1,80E-14
348	G2063	*Nicotiana tabacum*	gi3913007		1,80E-14
348	G2063	*Cucumis sativus*	gi13810204		2,30E-14
350	G2070	*Brassica oleracea*	BH598265		1,00E-44
350	G2070	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU870843		2,00E-14
350	G2070	*Lycopersicon esculentum*	BI922075		1,00E-12
350	G2070	*Brassica napus*	CD833815		1,00E-12
350	G2070	*Glycine max*	BM269595		6,00E-11
350	G2070	*Ipomoea nil*	BJ572296		2,00E-10
350	G2070	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01003396		6,00E-10
350	G2070	*Prunus armeniaca*	CB821535		1,00E-09
350	G2070	*Nicotiana*	AY045572		1,00E-09

		tabacum			
350	G2070	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005785		1,00E-09
350	G2070	*Nicotiana tabacum*	gi16580134		3,00E-12
350	G2070	*Phaseolus vulgaris*	gi13430400		1,00E-11
350	G2070	*Phaseolus acutifolius*	gi12829956		2,70E-11
350	G2070	*Petroselinum crispum*	gi9650826		1,00E-09
350	G2070	*Hordeum vulgare*	gi1869928		1,40E-09
350	G2070	*Antirrhinum majus*	gi2244742		3,60E-09
350	G2070	*Capsicum chinense*	gi4457221		9,40E-09
350	G2070	*Glycine max*	gi1905785		1,00E-08
350	G2070	*Oryza sativa*	gi18698991		1,10E-08
350	G2070	*Zea mays*	gi1060935		1,20E-08
352	G2071	*Vitis vinifera*	VVI237992		4,00E-87
352	G2071	*Phaseolus vulgaris*	AF369792		3,00E-77

352	G2071	*Brassica oleracea*	BZ007832		4,00E-75
352	G2071	*Nicotiana tabacum*	AB063648		2,00E-74
352	G2071	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK072062		9,00E-65
352	G2071	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	AY150676		3,00E-58
352	G2071	*Oryza sativa*	AB023288		1,00E-52
352	G2071	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01010740		4,00E-47
352	G2071	*Helianthus annuus*	AF001453		8,00E-40
352	G2071	*Triticum aestivum*	AF519804		6,00E-38
352	G2071	*Vitis vinifera*	gi7406677		2,30E-87
352	G2071	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi27469352		1,40E-64
352	G2071	*Nicotiana*	gi14571808		1,50E-58

		tabacum			
352	G2071	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi33087069		3,20E-53
352	G2071	*Oryza sativa*	gi5821255		3,20E-53
352	G2071	*Phaseolus vulgaris*	gi13775111		1,80E-46
352	G2071	*Triticum aestivum*	gi21693585		2,50E-31
352	G2071	*Helianthus annuus*	gi2228771		1,10E-30
352	G2071	*Zea mays*	gi15422222		7,60E-08
352	G2071	*Populus x generosa*	gi13435335		2,50E-07
354	G2084	*Brassica oleracea*	BH426816		2,00E-77
354	G2084	*Triticum aestivum*	CD937226		3,00E-41
354	G2084	*Poncirus trifoliata*	CD574564		8,00E-41
354	G2084	*Vitis vinifera*	CB981408		1,00E-40
354	G2084	*Oryza sativa*	AP003314		5,00E-40
354	G2084	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	AAAA01013746		5,00E-40

		indica)			
354	G2084	*Zea mays*	CD434392		9,00E-40
354	G2084	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK066561		1,00E-39
354	G2084	*Sorghum bicolor*	BE356071		1,00E-39
354	G2084	*Brassica napus*	CD837858		3,00E-37
354	G2084	*Oryza sativa*	gi11034559		3,20E-40
354	G2084	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21104687		3,20E-40
354	G2084	*Pinus pinaster*	gi18129286		0,65
354	G2084	*Pinus thunbergii*	gi1262717		0,94
354	G2084	*Chloroplast Pinus thunbergii*	gi7484547		0,94
354	G2084	*Glycine max*	gi21439778		0,98
354	G2084	*Nicotiana tabacum*	gi478508		1
354	G2084	*Chloroplast Nicotiana sylvestris*	gi544746		1

354	G2084	*Chloroplast Nicotiana tabacum*	gi544747		1
354	G2084	*Ipomoea batatas*	gi100467		1
355	G2085	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER62196_1	1108	
355	G2085	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER65589_1	1109	
355	G2085	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER65589_2	1110	
355	G2085	*Glycine max*	jC-gmXLIB3563P057de07d2	1111	
355	G2085	*Oryza sativa*	OSC102337,C1,p1,fg	1112	
355	G2085	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER841917_1	1113	
355	G2085	*Medicago truncatula*	Mtr_S10820675	1707	
356	G2085	*Glycine max*	BI498544		1,00E-58
356	G2085	*Medicago truncatula*	CA991109		1,00E-54
356	G2085	*Vitis vinifera*	BM437375		1,00E-46
356	G2085	*Triticum*	BQ295376		1,00E-44

		aestivum			
356	G2085	*Triticum monococcum*	BF199732		9,00E-44
356	G2085	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK068931		2,00E-43
356	G2085	*Zea mays*	AY103800		3,00E-43
356	G2085	*Brassica oleracea*	BH723453		3,00E-40
356	G2085	*Hordeum vulgare*	BU993000		5,00E-39
356	G2085	*Ipomoea nil*	BJ572579		1,00E-38
356	G2085	*Oryza sativa*	gi13174240		3,90E-42
356	G2085	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24960749		1,80E-07
356	G2085	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi28193631		2,90E-06
356	G2085	*Nicotiana tabacum*	gi12711287		0,00075
356	G2085	*Hordeum vulgare* subesp.	gi21655162		0,0033

		vulgare			
356	G2085	*Nicotiana plumbaginifolia*	gi1076609		0,019
356	G2085	*Brassica nigra*	gi22854920		0,02
356	G2085	*Brassica napus*	gi30984027		0,091
356	G2085	*Raphanus sativus*	gi3341723		0,1
356	G2085	*Pisum sativum*	gi27530710		0,13
358	G2106	*Citrus sinensis*	BQ625052		8,00E-92
358	G2106	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106769		3,00E-88
358	G2106	*Zea mays*	AY103852		3,00E-74
358	G2106	*Brassica napus*	CD832004		6,00E-74
358	G2106	*Lycopersicon esculentum*	AW030921		3,00E-70
358	G2106	*Physcomitrella patens* subesp. *patens*	BJ178045		5,00E-68
358	G2106	*Glycine max*	CA783156		5,00E-67
358	G2106	*Oryza sativa*	AX555220		6,00E-66
358	G2106	*Nuphar advena*	CD475882		3,00E-65

358	G2106	*Lactuca sativa*	BQ864461		7,00E-58
358	G2106	*Brassica napus*	gi21069053		5,10E-65
358	G2106	*Oryza sativa*	gi25898749		7,40E-64
358	G2106	*Glycine max*	gi25898747		7,40E-64
358	G2106	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161013		2,00E-63
358	G2106	*Zea mays*	gi2652938		1,10E-62
358	G2106	*Antirrhinum majus*	gi28894443		1,90E-39
358	G2106	*Malus x domestica*	gi21717332		2,30E-35
358	G2106	*Hordeum vulgare*	gi18476518		2,40E-35
358	G2106	*Picea abies*	gi11181612		4,00E-34
358	G2106	*Petunia x hybrida*	gi5081555		7,20E-34
359	G2109	*Oryza sativa*	uC-osflM202145h04 b1	1114	
359	G2109	*Zea mays*	LIB3066-034-Q1-K1-B12	1115	
359	G2109	*Oryza sativa*	Os_S114273	1603	
359	G2109	*Oryza sativa*	Os_S29604	1604	

359	G2109	*Zea mays*	Zm_S11374620	1811	
359	G2109	*Triticum aestivum*	Ta_S302577	1898	
360	G2109	*Brassica napus*	CD815586		1,00E-50
360	G2109	*Beta vulgaris*	BQ583447		5,00E-45
360	G2109	*Ceratopteris richardii*	BE643398		9,00E-33
360	G2109	*Nicotiana tabacum*	AY183721		2,00E-31
360	G2109	*Physcomitrella patens*	PPA419329		5,00E-28
360	G2109	*Physcomitrella patens* subesp. *patens*	AB067689		1,00E-22
360	G2109	*Brassica oleracea*	BH451078		6,00E-20
360	G2109	*Zinnia elegans*	AU287699		9,00E-17
360	G2109	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AC120888		1,00E-16
360	G2109	*Oryza sativa*	AC108870		1,00E-16
360	G2109	*Nicotiana tabacum*	gi27802107		1,40E-34
360	G2109	*Physcomitrella patens*	gi22474457		8,50E-32

360	G2109	*Physcomitrella patens* subesp. *patens*	gi22090622		9,30E-29
360	G2109	*Gerbera hybrid cv. 'Terra Regina'*	gi29500904		6,10E-21
360	G2109	*Triticum aestivum*	gi30721847		1,50E-20
360	G2109	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	gi10835358		1,70E-20
360	G2109	*Zea mays*	gi29372764		3,60E-20
360	G2109	*Triticum monococcum*	gi30090030		4,00E-20
360	G2109	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31712055		4,20E-20
360	G2109	*Papaver nudicaule*	gi3170464		9,70E-20
362	G2111	*Glycine max*	AW508033		3,00E-35
362	G2111	*Brassica oleracea*	BH455618		2,00E-32
362	G2111	*Medicago truncatula*	AC137602		2,00E-29

362	G2111	*Antirrhinum majus*	AJ558896		9,00E-27
362	G2111	*Gossypium arboreum*	BE054256		4,00E-25
362	G2111	*Gossypium hirsutum*	BH023181		9,00E-24
362	G2111	*Zea mays*	CC654475		5,00E-23
362	G2111	*Oryza sativa*	AP002070		9,00E-22
362	G2111	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000422		9,00E-22
362	G2111	*Lotus japonicus*	AP004625		2,00E-18
362	G2111	*Oryza sativa*	gi8096379		1,80E-23
362	G2111	*Gerbera hybrid cv. 'Terra Regina'*	gi29500904		7,70E-14
362	G2111	*Nicotiana tabacum*	gi4102113		1,30E-13
362	G2111	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	gi23304676		1,60E-13
362	G2111	*Lycopersicon esculentum*	gi20219014		8,90E-13
362	G2111	*Sinapis alba*	gi1076477		1,10E-12

362	G2111	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21742221		1,80E-12
362	G2111	*Lolium perenne*	gi28630953		1,80E-12
362	G2111	*Triticum monococcum*	gi30090030		2,40E-12
362	G2111	*Triticum aestivum*	gi30721847		2,40E-12
364	G2129	*Brassica napus*	CD833815		8,00E-49
364	G2129	*Brassica oleracea*	BH972911		4,00E-38
364	G2129	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU870843		4,00E-26
364	G2129	*Glycine max*	BM269595		3,00E-22
364	G2129	*Lycopersicon esculentum*	BF051268		3,00E-21
364	G2129	*Beta vulgaris*	BQ582406		2,00E-11
364	G2129	*Gossypium arboreum*	BQ407558		4,00E-11
364	G2129	*Medicago truncatula*	BG648225		4,00E-10
364	G2129	*Oryza sativa* (grupo do	AK098869		1,00E-09

		cultivar *japonica*)			
364	G2129	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CA759739		1,00E-09
364	G2129	*Nicotiana tabacum*	gi16580130		1,30E-11
364	G2129	*Petroselinum crispum*	gi9650828		2,70E-11
364	G2129	*Capsicum chinense*	gi24460973		4,40E-11
364	G2129	*Phaseolus vulgaris*	gi13430400		7,20E-11
364	G2129	*Lycopersicon esculentum*	gi5901747		7,20E-11
364	G2129	*Phaseolus acutifolius*	gi12829956		1,20E-10
364	G2129	*Antirrhinum majus*	gi2244742		1,20E-10
364	G2129	*Zea mays*	gi1352613		1,90E-10
364	G2129	*Glycine max*	gi22597162		3,10E-10
364	G2129	*Sorghum bicolor*	gi1076760		3,60E-10
365	G2142	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER10684_8	1116	

365	G2142	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER137024_1	1117	
365	G2142	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER49853_1	1118	
365	G2142	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER49853_4	1119	
365	G2142	*Glycine max*	LIB3242-451-P1-J1-G8	1120	
365	G2142	*Glycine max*	jC-gmXLIB3563P042ag07d1	1121	
365	G2142	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER54709_1	1122	
365	G2142	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER8097_1	1123	
365	G2142	*Zea mays*	700164501H1	1124	
365	G2142	*Glycine max*	Gma_S4891278	1666	
365	G2142	*Medicago truncatula*	Mtr_S5397469	1708	
365	G2142	*Zea mays*	Zm_S11527973	1812	
365	G2142	*Triticum aestivum*	Ta_S115402	1899	
65	G2142	*Triticum aestivum*	Ta_S146851	1900	
365	G2142	*Triticum*	Ta_S308126	1901	

		aestivum			
365	G2142	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-48174	2048	
365	G2142	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50424	2049	
365	G2142	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-56397	2050	
365	G2142	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-56608	2051	
366	G2142	*Brassica napus*	CD813318		8,00E-90
366	G2142	*Medicago truncatula*	BF650735		2,00E-59
366	G2142	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU837621		4,00E-59
366	G2142	*Glycine max*	BU080678		3,00E-58
366	G2142	*Beta vulgaris*	BQ594352		4,00E-54
366	G2142	*Solanum tuberosum*	BF186943		6,00E-53
366	G2142	*Lycopersicon esculentum*	AI490572		1,00E-52
366	G2142	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK101896		7,00E-48

366	G2142	*Stevia rebaudiana*	BG524015		2,00E-44
366	G2142	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU989763		8,00E-42
366	G2142	*Pennisetum glaucum*	gi527655		3,10E-10
366	G2142	*Sorghum bicolor*	gi527665		3,90E-08
366	G2142	*Phyllostachys acuta*	gi527661		6,50E-08
366	G2142	*Tripsacum australe*	gi527663		1,80E-07
366	G2142	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488806		3,20E-07
366	G2142	*Oryza sativa*	gi15451582		3,50E-07
366	G2142	*Oryza rufipogon*	gi2130061		6,40E-07
366	G2142	*Oryza australiensis*	gi1086526		1,40E-06
366	G2142	*Oryza officinalis*	gi1086534		2,90E-06
366	G2142	*Oryza*	gi1086530		3,80E-06

		longistaminata			
368	G2146	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BG543943		8,00E-48
368	G2146	*Brassica oleracea*	BH978369		2,00E-42
368	G2146	*Lotus japonicus*	BI418128		6,00E-29
368	G2146	*Glycine max*	CD398757		4,00E-28
368	G2146	*Poncirus trifoliata*	CD575942		2,00E-27
368	G2146	*Gossypium arboreum*	BE054359		8,00E-26
368	G2146	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK103709		1,00E-25
368	G2146	*Oryza sativa*	AF461424		1,00E-25
368	G2146	*Ipomoea nil*	BJ574783		7,00E-25
368	G2146	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU832777		3,00E-24
368	G2146	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	gi24059889		2,90E-23

		japonica)			
368	G2146	*Oryza sativa*	gi5852091		0,015
368	G2146	*Tulipa gesneriana*	gi5923912		0,019
368	G2146	*Petunia x hybrida*	gi3127045		0,85
368	G2146	*Gerbera hybrida*	gi3650292		0,99
368	G2146	*Oryza rufipogon*	gi1086538		1
368	G2146	*Sorghum bicolor*	gi527667		1
370	G2184	*Petunia x hybrida*	AF509870		1,00E-113
370	G2184	*Brassica napus*	CD836672		4,00E-92
370	G2184	*Lactuca sativa*	BQ864249		3,00E-77
370	G2184	*Solanum tuberosum*	BG350410		9,00E-75
370	G2184	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU863110		2,00E-71
370	G2184	*Brassica oleracea*	BH526845		1,00E-65
370	G2184	*Medicago truncatula*	AW736414		1,00E-63

370	G2184	*Citrus sinensis*	CB293271		3,00E-62
370	G2184	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK099237		2,00E-57
370	G2184	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB633792		2,00E-57
370	G2184	*Petunia x hybrida*	gi21105742		1,10E-106
370	G2184	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi27452910		7,00E-58
370	G2184	*Medicago truncatula*	gi7716952		4,60E-52
370	G2184	*Oryza sativa*	gi6730946		8,30E-47
370	G2184	*Brassica napus*	gi31322578		2,20E-39
370	G2184	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		3,60E-39
370	G2184	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		1,20E-38
370	G2184	*Glycine max*	gi22597158		3,30E-38
370	G2184	*Triticum sp.*	gi4218537		2,90E-37

370	G2184	*Triticum monococcum*	gi6732160		2,90E-37
371	G2207	*Oryza sativa*	Os_S17837	1605	
371	G2207	*Oryza sativa*	Os_S6232	1606	
371	G2207	*Glycine max*	Gma_S5129383	1667	
371	G2207	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50991	2052	
371	G2207	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-399437	2053	
372	G2207	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK100046		1,00E-172
372	G2207	*Oryza sativa*	AX654056		1,00E-168
372	G2207	*Lotus japonicus*	LJA239041		1,00E-148
372	G2207	*Pisum sativum*	PSA493066		1,00E-130
372	G2207	*Brassica oleracea*	BZ078380		1,00E-123
372	G2207	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01002068		2,00E-76
372	G2207	*Brassica nigra*	AY061812		7,00E-71
372	G2207	*Zea mays*	CC644684		6,00E-70

372	G2207	*Gossypium arboreum*	BF269998		4,00E-58
372	G2207	*Lycopersicon esculentum*	BI931640		7,00E-55
372	G2207	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20503001		1,00E-166
372	G2207	*Lotus japonicus*	gi6448579		3,90E-160
372	G2207	*Pisum sativum*	gi23504759		4,50E-124
372	G2207	*Oryza sativa*	gi7339715		1,00E-122
372	G2207	*Chlamydomonas incerta*	gi2190980		4,70E-06
372	G2207	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi1928929		0,00049
372	G2207	*Bromheadia finlaysoniana*	gi2108256		0,55
372	G2207	*Lycopersicon esculentum*	gi100214		0,73
372	G2207	*Nicotiana tabacum*	gi322758		0,81
372	G2207	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi2407271		0,96

374	G2213	*Brassica oleracea*	BH427528		2,00E-19
374	G2213	*Gossypium hirsutum*	AI726978		2,00E-18
374	G2213	*Zea mays*	AY106664		1,00E-16
374	G2213	*Glycine max*	BE821577		1,00E-15
374	G2213	*Triticum monococcum*	BQ802007		2,00E-15
374	G2213	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP004258		7,00E-15
374	G2213	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01008029		7,00E-15
374	G2213	*Oryza sativa*	AP003933		7,00E-15
374	G2213	*Chlamydomonas reinhardtii*	BU648678		4,00E-12
374	G2213	*Hordeum vulgare*	BQ459689		2,00E-11
374	G2213	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161719		3,80E-28
374	G2213	*Oryza sativa*	gi7339715		1,60E-08

374	G2213	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi1928929		6,90E-07
374	G2213	*Chlamydomonas incerta*	gi2190980		2,50E-06
374	G2213	*Pisum sativum*	gi23504757		9,10E-05
374	G2213	*Lotus japonicus*	gi6448579		0,00014
374	G2213	*Cicer arietinum*	gi6002283		0,26
374	G2213	*Allium cepa*	gi19979631		0,82
374	G2213	*Brassica napus*	gi2809204		0,82
376	G2226	*Thellungiella halophila*	BM985667		3,00E-71
376	G2226	*Brassica napus*	CD834580		9,00E-70
376	G2226	*Glycine max*	CA784214		2,00E-52
376	G2226	*Gossypium arboreum*	BF278307		4,00E-47
376	G2226	*Gossypium hirsutum*	AI727363		3,00E-46
376	G2226	*Medicago truncatula*	BF648350		7,00E-46
376	G2226	*Lactuca sativa*	BU010488		1,00E-37
376	G2226	*Solanum tuberosum*	BG599025		5,00E-37
376	G2226	*Capsicum*	CA525749		2,00E-36

		annuum			
376	G2226	*Hevea brasiliensis*	CB376421		2,00E-35
376	G2226	*Thellungiella halophila*	gi20340241		2,30E-69
376	G2226	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488512		4,90E-12
376	G2226	*Oryza sativa*	gi6069662		2,70E-11
376	G2226	*Cucumis melo*	gi28558782		1,00E-08
376	G2226	*Medicago sativa*	gi23451086		1,20E-08
376	G2226	*Glycine max*	gi22597166		2,70E-08
376	G2226	*Hordeum vulgare*	gi2894379		5,80E-08
376	G2226	*Pisum sativum*	gi4240031		2,30E-07
376	G2226	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152976		2,60E-07
376	G2226	*Zea mays*	gi21645888		2,80E-07
378	G2227	*Brassica oleracea*	BZ520300		1,00E-123
378	G2227	*Medicago truncatula*	AC144609		2,00E-87

378	G2227	*Oryza sativa*	AC079022		3,00E-81
378	G2227	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK067221		7,00E-69
378	G2227	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01002581		7,00E-69
378	G2227	*Lycopersicon esculentum*	AW035988		1,00E-67
378	G2227	*Lactuca sativa*	BQ858069		6,00E-67
378	G2227	*Vitis aestivalis*	CB288974		9,00E-66
378	G2227	*Glycine max*	BM188705		5,00E-62
378	G2227	*Zea mays*	CC429342		1,00E-60
378	G2227	*Oryza sativa*	gi14719329		1,20E-79
378	G2227	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29893617		6,70E-63
378	G2227	*Cicer arietinum*	gi4651204		5,10E-21
378	G2227	*Tulipa gesneriana*	gi23386073		6,30E-19
378	G2227	*Cucumis melo*	gi28558782		8,40E-10

378	G2227	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152976		1,40E-07
378	G2227	*Thellungiella halophila*	gi20340241		9,80E-07
378	G2227	*Glycine max*	gi22597166		3,70E-06
378	G2227	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi29164825		8,60E-06
378	G2227	*Medicago sativa*	gi23451086		1,70E-05
379	G2239	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER12957_1	1125	
379	G2239	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER12957_2	1126	
379	G2239	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER12957_5	1127	
379	G2239	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER135837_1	1128	
379	G2239	*Glycine max*	uC-gmflLIB3275P131g04a1	1129	
379	G2239	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER139279_	1130	

			1		
379	G2239	*Oryza sativa*	OSC100308,C1,p 4,fg	1131	
379	G2239	*Oryza sativa*	OSC101055,C1,p 3,fg	1132	
379	G2239	*Oryza sativa*	OSC102053,C1,p 4,fg	1133	
379	G2239	*Oryza sativa*	OSC20507,C1,p2 ,fg	1134	
379	G2239	*Zea mays*	LIB4828-050-R1-N1-D2	1135	
379	G2239	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER495748_ 1	1136	
380	G2239	*Brassica oleracea*	BH582110		1,00E-120
380	G2239	*Cucumis melo*	AF499727		3,00E-73
380	G2239	*Medicago truncatula*	AC136503		4,00E-71
380	G2239	*Poncirus trifoliata*	CD576402		8,00E-57
380	G2239	*Citrus sinensis*	CB290516		1,00E-56
380	G2239	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	AAAA01004423		4,00E-55

		indica)			
380	G2239	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005399		4,00E-55
380	G2239	*Oryza sativa*	AX653298		5,00E-51
380	G2239	*Gossypium hirsutum*	AI730749		6,00E-51
380	G2239	*Capsicum annuum*	BM063816		1,00E-49
380	G2239	*Cucumis melo*	gi28558782		3,30E-70
380	G2239	*Oryza sativa*	gi21740711		2,10E-38
380	G2239	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24756877		4,00E-33
380	G2239	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152976		3,50E-21
380	G2239	*Nicotiana tabacum*	gi12003386		2,20E-20
380	G2239	*Medicago sativa*	gi23451086		2,20E-17
380	G2239	*Zea mays*	gi21645888		1,20E-16
380	G2239	*Hordeum*	gi2894379		3,20E-16

		vulgare			
380	G2239	*Solanum tuberosum*	gi24745601		4,70E-16
380	G2239	*Thellungiella halophila*	gi20340241		4,30E-10
382	G2251	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BG543052		2,00E-67
382	G2251	*Populus tremula*	BU893088		4,00E-48
382	G2251	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU894285		3,00E-47
382	G2251	*Glycine max*	BE440750		5,00E-45
382	G2251	*Gossypium hirsutum*	AI729600		2,00E-44
382	G2251	*Lycopersicon esculentum*	AW034559		8,00E-44
382	G2251	*Capsicum annuum*	CA847343		1,00E-43
382	G2251	*Lactuca sativa*	BQ849490		2,00E-43
382	G2251	*Brassica oleracea*	BZ013045		4,00E-43
382	G2251	*Ipomoea nil*	BJ572086		3,00E-42
382	G2251	*Oryza sativa*	gi32488512		3,50E-29

		(grupo do cultivar *japonica*)			
382	G2251	*Oryza sativa*	gi6069662		3,50E-18
382	G2251	*Thellungiella halophila*	gi20340241		6,20E-12
382	G2251	*Medicago sativa*	gi23451086		7,00E-12
382	G2251	*Cucumis melo*	gi28558782		3,00E-10
382	G2251	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152976		3,10E-10
382	G2251	*Zea mays*	gi21645888		3,70E-08
382	G2251	*Glycine max*	gi1076498		1,00E-07
382	G2251	*Hordeum vulgare*	gi2894379		8,20E-07
382	G2251	*Nicotiana tabacum*	gi12003386		9,40E-07
384	G2269	*Brassica oleracea*	BH433947		7,00E-72
384	G2269	*Brassica napus*	CD838796		1,00E-67
384	G2269	*Gossypium hirsutum*	AI727683		8,00E-60
384	G2269	*Glycine max*	CA939042		8,00E-60

384	G2269	*Gossypium arboreum*	BG444995		1,00E-56
384	G2269	*Zea mays*	CC694850		2,00E-47
384	G2269	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AC109596		4,00E-47
384	G2269	*Oryza sativa*	AC108499		4,00E-47
384	G2269	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000476		7,00E-45
384	G2269	*Ipomoea nil*	BJ568099		1,00E-42
384	G2269	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20160500		2,30E-44
384	G2269	*Gossypium barbadense*	gi30983938		3,00E-21
384	G2269	*Oryza sativa*	gi5091511		9,50E-16
384	G2269	*Nicotiana tabacum*	gi12003386		1,10E-12
384	G2269	*Cucumis melo*	gi28558782		3,20E-12
384	G2269	*Hordeum vulgare*	gi2894379		4,10E-12
384	G2269	*Hordeum*	gi20152976		6,00E-12

		vulgare subesp. *vulgare*			
384	G2269	*Medicago sativa*	gi23451086		2,00E-11
384	G2269	*Zea mays*	gi21645888		4,40E-09
384	G2269	*Cicer arietinum*	gi4651204		6,60E-09
386	G2298	*Brassica oleracea*	BH498020		2,00E-69
386	G2298	*Beta vulgaris*	BQ487577		9,00E-35
386	G2298	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU861348		2,00E-34
386	G2298	*Lycopersicon esculentum*	AI489478		1,00E-33
386	G2298	*Glycine max*	BE807652		1,00E-33
386	G2298	*Lotus japonicus*	AV424732		8,00E-33
386	G2298	*Phaseolus vulgaris*	BQ481785		1,00E-32
386	G2298	*Solanum tuberosum*	BI920063		1,00E-32
386	G2298	*Populus balsamifera*	CA826218		4,00E-32

		subesp. *trichocarpa x Populus deltoides*			
386	G2298	*Brassica napus*	CD819945		1,00E-30
386	G2298	*Atriplex hortensis*	gi8571476		1,20E-21
386	G2298	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21742362		1,80E-21
386	G2298	*Oryza sativa*	gi14140155		6,40E-21
386	G2298	*Zea mays*	gi21908036		1,90E-19
386	G2298	*Prunus armeniaca*	gi3264767		2,30E-19
386	G2298	*Lycopersicon esculentum*	gi27436378		4,50E-18
386	G2298	*Glycine max*	gi31324058		4,50E-18
386	G2298	*Stylosanthes hamata*	gi4099914		1,70E-17
386	G2298	*Nicotiana tabacum*	gi10798644		1,10E-16
386	G2298	*Triticum aestivum*	gi15488459		1,70E-16
388	G2311	*Brassica napus*	CD822731		1,00E-57
388	G2311	*Gossypium*	BE053309		2,00E-51

		arboreum			
388	G2311	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	OSA495797		1,00E-47
388	G2311	*Zea mays*	AF461815		1,00E-45
388	G2311	*Glycine max*	BU761883		1,00E-44
388	G2311	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU827154		2,00E-42
388	G2311	*Petroselinum crispum*	PCU67132		1,00E-41
388	G2311	*Medicago truncatula*	AW329290		6,00E-41
388	G2311	*Ipomoea nil*	BJ554376		3,00E-39
388	G2311	*Triticum aestivum*	CA502640		5,00E-38
388	G2311	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20804653		4,00E-49
388	G2311	*Zea mays*	gi18463961		2,90E-46
388	G2311	*Petroselinum crispum*	gi2224897		2,00E-22
388	G2311	*Fritillaria*	gi15281594		8,70E-11

		liliacea			
388	G2311	*Triticum aestivum*	gi2980891		2,30E-09
388	G2311	*Euphorbia esula*	gi6752901		5,50E-09
388	G2311	*Vicia faba*	gi30420970		2,60E-08
388	G2311	*Fritillaria agrestis*	gi2641211		3,00E-08
388	G2311	*Pisum sativum*	gi4106696		7,10E-08
388	G2311	*Lathyrus aphaca*	gi21465093		7,30E-08
389	G2317	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER2162_3	1137	
389	G2317	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER2162_4	1138	
389	G2317	*Oryza sativa*	Os_S96262	1607	
389	G2317	*Glycine max*	Gma_S4915353	1668	
389	G2317	*Medicago truncatula*	Mtr_S5363423	1709	
389	G2317	*Hordeum vulgare*	Hv_S60108	1741	
389	G2317	*Lycopersicon esculentum*	Les_S5190181	1933	
390	G2317	*Medicago truncatula*	BG453991		5,00E-51

390	G2317	*Zinnia elegans*	AU292197		2,00E-42
390	G2317	*Triticum aestivum*	BT009406		1,00E-41
390	G2317	*Solanum tuberosum*	BM110307		1,00E-41
390	G2317	*Oryza sativa*	AX658868		3,00E-41
390	G2317	*Glycine max*	BM093706		6,00E-41
390	G2317	*Lycopersicon esculentum*	AI774224		1,00E-39
390	G2317	*Hordeum vulgare* subesp. *Vulgare*	BJ472642		7,00E-39
390	G2317	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK101209		4,00E-37
390	G2317	*Sorghum bicolor*	CD219576		7,00E-37
390	G2317	*Phaseolus vulgaris*	gi21213868		2,60E-36
390	G2317	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21742243		5,50E-36
390	G2317	*Oryza sativa*	gi15528628		6,00E-23

390	G2317	*Hordeum vulgare*	gi12406993		1,10E-07
390	G2317	*Hevea brasiliensis*	gi12005328		4,90E-07
390	G2317	*Antirrhinum majus*	gi18874263		1,80E-06
390	G2317	*Malus xiaojinensis*	gi28629811		3,80E-06
390	G2317	*Glycine max*	gi19911577		3,90E-06
390	G2317	*Zea mays*	gi20067661		1,00E-05
390	G2317	*Lycopersicon esculentum*	gi6688529		2,60E-05
391	G2319	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER33063_1	1139	
391	G2319	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER33063_2	1140	
391	G2319	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER33063_4	1141	
391	G2319	*Glycine max*	jC-gmst024169f06b1	1142	
391	G2319	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-335798	2054	
392	G2319	*Lycopersicon esculentum*	BI921951		7,00E-93
392	G2319	*Triticum*	BT008954		2,00E-71

		aestivum			
392	G2319	*Gossypium arboreum*	BQ403368		4,00E-71
392	G2319	*Zea mays*	AX756404		8,00E-70
392	G2319	*Mesembryanthemum crystallinum*	CA840558		7,00E-69
392	G2319	*Citrus sinensis*	CB290239		2,00E-65
392	G2319	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU887003		1,00E-62
392	G2319	*Glycine max*	CD487127		2,00E-58
392	G2319	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	AV909036		1,00E-56
392	G2319	*Medicago truncatula*	BF005534		7,00E-55
392	G2319	*Oryza sativa*	gi15528628		2,70E-38
392	G2319	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21742243		1,80E-25
392	G2319	*Phaseolus*	gi21213868		5,00E-25

		vulgaris			
392	G2319	*Hordeum vulgare*	gi12406993		8,80E-08
392	G2319	*Hevea brasiliensis*	gi12005328		2,50E-06
392	G2319	*Glycine max*	gi19911577		3,30E-06
392	G2319	*Lycopersicon esculentum*	gi6688529		5,20E-06
392	G2319	*Solanum tuberosum*	gi7705206		9,00E-06
392	G2319	*Zea mays*	gi20067661		1,90E-05
392	G2319	*Malus xiaojinensis*	gi28629811		2,00E-05
393	G2334	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-57794	2055	
394	G2334	*Brassica oleracea*	BZ428330		5,00E-61
394	G2334	*Medicago truncatula*	AW981431		1,00E-30
394	G2334	*Glycine max*	BI786182		3,00E-30
394	G2334	*Solanum tuberosum*	BE922572		7,00E-30
394	G2334	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK110934		7,00E-30

394	G2334	*Amborella trichopoda*	CD483211		3,00E-29
394	G2334	*Lycopersicon esculentum*	AW650563		4,00E-29
394	G2334	*Oryza sativa*	AF201895		6,00E-29
394	G2334	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA029723		6,00E-29
394	G2334	*Zea mays*	CA828910		2,00E-28
394	G2334	*Oryza sativa*	gi6573149		6,20E-37
394	G2334	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24413958		1,80E-35
394	G2334	*Sorghum bicolor*	gi18390099		6,00E-33
394	G2334	*Solanum bulbocastanum*	gi32470646		5,90E-32
394	G2334	*Nicotiana alata*	gi1087017		0,79
394	G2334	*Petunia x hybrida*	gi14522848		0,94
394	G2334	*Picea abies*	gi10764150		0,98
394	G2334	*Oryza sativa* (grupo do	gi4680183		1

		cultivar *indica*)			
394	G2334	*Lycopersicon esculentum*	gi1418988		1
394	G2334	*Pyrus pyrifolia*	gi8698889		1
396	G2371	*Brassica oleracea*	BH518264		2,00E-83
396	G2371	*Brassica napus*	CD815763		8,00E-71
396	G2371	*Capsicum annuum*	BM063508		7,00E-50
396	G2371	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK072663		2,00E-45
396	G2371	*Solanum tuberosum*	BQ115437		9,00E-45
396	G2371	*Lycopersicon esculentum*	BI921667		3,00E-44
396	G2371	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01005658		1,00E-43
396	G2371	*Triticum aestivum*	BE499367		3,00E-43
396	G2371	*Glycine max*	AW781777		4,00E-43

396	G2371	*Lycopersicon pennellii*	AW617994		6,00E-41
396	G2371	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21426118		2,20E-42
396	G2371	*Marchantia polymorpha*	gi25272004		7,20E-32
396	G2371	*Oryza sativa*	gi19352041		3,20E-07
396	G2371	*Mangifera indica*	gi31747324		5,40E-06
396	G2371	*Prunus persica*	gi27450533		7,40E-06
396	G2371	*Eragrostis tef*	gi17906977		9,80E-06
396	G2371	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi1730475		1,30E-05
396	G2371	*Phaseolus vulgaris*	gi1046278		5,70E-05
396	G2371	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi3219155		0,00012
396	G2371	*Zea mays*	gi100922		0,00015
398	G2372	*Oryza sativa*	AB071299		3,00E-97
398	G2372	*Oryza sativa* (grupo do	AAAA01008877		3,00E-97

		cultivar *indica*)			
398	G2372	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK100322		2,00E-96
398	G2372	*Physcomitrella patens*	AX288142		5,00E-93
398	G2372	*Brassica oleracea*	BZ495025		1,00E-87
398	G2372	*Lotus japonicus*	AP004505		5,00E-77
398	G2372	*Gossypium arboreum*	BG443827		2,00E-68
398	G2372	*Zea mays*	CC657791		2,00E-66
398	G2372	*Vitis vinifera*	CB979491		7,00E-59
398	G2372	*Medicago truncatula*	BG646821		3,00E-58
398	G2372	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi13384374		3,10E-97
398	G2372	*Oryza sativa*	gi19352051		1,50E-95
398	G2372	*Prunus persica*	gi27450533		1,60E-50
398	G2372	*Oryza sativa* (grupo do	gi26251300		3,40E-46

		cultivar *indica*)			
398	G2372	*Mangifera indica*	gi30027167		1,10E-42
398	G2372	*Marchantia polymorpha*	gi25272004		1,30E-10
398	G2372	*Chamaecyparis nootkatensis*	gi30421190		0,97
400	G2375	*Brassica oleracea*	BH685171		2,00E-84
400	G2375	*Medicago truncatula*	BG648693		1,00E-56
400	G2375	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01004311		6,00E-42
400	G2375	*Nicotiana tabacum*	E64987		1,00E-28
400	G2375	*Malus x domestica*	AU301396		2,00E-28
400	G2375	*Pinus taeda*	BG040491		7,00E-26
400	G2375	*Zea mays*	AY109868		3,00E-25
400	G2375	*Lycopersicon esculentum*	BG123901		1,00E-24
400	G2375	*Solanum tuberosum*	BQ118023		1,00E-23

400	G2375	*Oryza sativa*	OSJN00077		7,00E-23
400	G2375	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21740920		4,60E-48
400	G2375	*Oryza sativa*	gi20249		4,90E-15
400	G2375	*Nicotiana tabacum*	gi170271		2,20E-14
400	G2375	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi27368895		3,40E-12
400	G2375	*Pisum sativum*	gi13646986		1,20E-11
400	G2375	*Glycine max*	gi18182311		5,40E-07
400	G2375	*Cucurbita maxima*	gi17221648		3,70E-06
400	G2375	*Lycopersicon esculentum*	gi9858781		0,00023
400	G2375	*Daucus carota*	gi2190187		0,00051
400	G2375	*Fagopyrum urophyllum*	gi31088123		0,007
401	G2382	*Medicago truncatula*	Mtr_S7091755	1710	
401	G2382	*Triticum aestivum*	Ta_S282850	1902	
401	G2382	*Lycopersicon*	SGN-UNIGENE-	2056	

		esculentum	47842		
401	G2382	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-57633	2057	
402	G2382	*Brassica oleracea*	BH542030		1,00E-104
402	G2382	*Brassica napus*	CD814588		2,00E-63
402	G2382	*Vitis vinifera*	CB347529		2,00E-57
402	G2382	*Ipomoea nil*	BJ575415		4,00E-45
402	G2382	*Lycopersicon esculentum*	AW441337		2,00E-40
402	G2382	*Medicago truncatula*	CA921647		6,00E-40
402	G2382	*Lactuca sativa*	BU006964		3,00E-39
402	G2382	*Vitis aestivalis*	CB289221		1,00E-34
402	G2382	*Oryza sativa*	AP003453		9,00E-34
402	G2382	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000618		8,00E-32
402	G2382	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi15624003		4,00E-33
402	G2382	*Nicotiana tabacum*	gi18149189		6,90E-23

402	G2382	*Oryza sativa*	gi12597883		3,80E-08
402	G2382	*Chloroplast Panicum koolauense*	gi16551225		8,60E-07
402	G2382	*Chloroplast Paspalum fimbriatum*	gi16551261		5,90E-05
402	G2382	*Chloroplast Mesosetum chaseae*	gi16551247		0,00022
402	G2382	*Chloroplast Thrasya petrosa*	gi16551309		0,00027
402	G2382	*Chloroplast Tatianyx arnacites*	gi16551305		0,00072
402	G2382	*Chloroplast Altoparadisium chapadense*	gi16551207		0,00078
402	G2382	*Chloroplast Thrasya glaziovii*	gi16551307		0,0011
404	G2394	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK071804		1,00E-108
404	G2394	*Zea mays*	BG837939		2,00E-85

404	G2394	*Oryza sativa*	AX699700		3,00E-72
404	G2394	*Triticum aestivum*	BJ319065		7,00E-72
404	G2394	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB634885		3,00E-69
404	G2394	*Lactuca sativa*	BQ852089		4,00E-69
404	G2394	*Lycopersicon esculentum*	BI921710		1,00E-67
404	G2394	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	AL505242		9,00E-64
404	G2394	*Hordeum vulgare*	BU991885		3,00E-60
404	G2394	*Solanum tuberosum*	BQ512426		3,00E-57
404	G2394	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi15289774		1,50E-74
404	G2394	*Phacelia tanacetifolia*	gi5002214		1,50E-24
404	G2394	*Oryza sativa*	gi14164470		1,40E-13
404	G2394	*Hordeum vulgare*	gi20152976		1,80E-12

		subesp. *vulgare*			
404	G2394	*Cicer arietinum*	gi10334499		6,90E-12
404	G2394	*Cucumis melo*	gi17016985		8,10E-12
404	G2394	*Thellungiella halophila*	gi20340241		7,80E-11
404	G2394	*Nicotiana tabacum*	gi12003386		8,80E-10
404	G2394	*Zea mays*	gi21645888		1,10E-09
404	G2394	*Hordeum vulgare*	gi2894379		2,30E-09
406	G2404	*Brassica oleracea*	BH418639		3,00E-61
406	G2404	*Descurainia sophia*	BU238407		1,00E-47
406	G2404	*Medicago truncatula*	BQ148493		3,00E-45
406	G2404	*Brassica napus*	CD815525		3,00E-41
406	G2404	*Vitis vinifera*	CB983093		1,00E-39
406	G2404	*Glycine max*	BQ741279		6,00E-39
406	G2404	*Nicotiana tabacum*	BP129655		3,00E-36
406	G2404	*Solanum tuberosum*	BQ507078		5,00E-36

406	G2404	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BI131425		5,00E-33
406	G2404	*Oryza sativa*	AU101377		2,00E-31
406	G2404	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi18565429		3,90E-41
406	G2404	*Pisum sativum*	gi4240031		8,40E-29
406	G2404	*Lotus japonicus*	gi1086225		3,10E-27
406	G2404	*Oryza sativa*	gi8570055		5,10E-26
406	G2404	*Glycine max*	gi1076498		1,00E-25
406	G2404	*Cicer arietinum*	gi10334499		1,80E-14
406	G2404	*Thellungiella halophila*	gi20340241		9,50E-09
406	G2404	*Cucumis melo*	gi17016985		1,20E-07
406	G2404	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi29164825		1,50E-07
406	G2404	*Hordeum vulgare*	gi2894379		4,80E-06
407	G2432	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-	1143	

			CLUSTER68229_1		
407	G2432	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER68229_2	1144	
407	G2432	*Oryza sativa*	OSC2225,C1,p2,fg	1145	
407	G2432	*Oryza sativa*	Os_S60255	1608	
407	G2432	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-18277	2058	
408	G2432	*Brassica oleracea*	BH959523		7,00E-85
408	G2432	*Brassica napus*	CD824503		6,00E-76
408	G2432	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU868493		7,00E-47
408	G2432	*Lycopersicon esculentum*	AW648389		7,00E-39
408	G2432	*Vitis vinifera*	CA810654		1,00E-36
408	G2432	*Medicago truncatula*	BE323614		2,00E-35
408	G2432	*Glycine max*	BE474759		3,00E-31
408	G2432	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	HVU312330		1,00E-30
408	G2432	*Beta vulgaris*	BQ584245		2,00E-29

408	G2432	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB622873		3,00E-29
408	G2432	*Oryza sativa*	gi15451553		3,40E-33
408	G2432	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31431991		3,40E-33
408	G2432	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi21538791		3,70E-30
408	G2432	*Cucurbita maxima*	gi1669341		1,10E-28
408	G2432	*Dendrobium* grex *Madame Thong-In*	gi3929325		6,60E-24
408	G2432	*Hordeum vulgare*	gi3777436		1,20E-22
408	G2432	*Zea mays*	gi1346559		2,00E-22
408	G2432	*Pisum sativum*	gi6092016		5,40E-22
408	G2432	*Nicotiana tabacum*	gi3341468		1,10E-21
408	G2432	*Triticum aestivum*	gi3790264		1,10E-21

410	G2443	*Brassica napus*	A50832		1,00E-148
410	G2443	*Brassica nigra*	AF269127		1,00E-131
410	G2443	*Brassica oleracea*	BH650127		1,00E-93
410	G2443	*Ipomoea nil*	AF300700		2,00E-86
410	G2443	*Oryza sativa*	AB041838		1,00E-65
410	G2443	*Malus domestica*	AF052585		7,00E-62
410	G2443	*Raphanus sativus*	AF052690		2,00E-59
410	G2443	*Pinus radiata*	AF001136		2,00E-58
410	G2443	*Medicago truncatula*	AC127169		7,00E-57
410	G2443	*Mesembryanthemum crystallinum*	BM300894		2,00E-54
410	G2443	*Brassica napus*	gi2303681		1,80E-140
410	G2443	*Brassica nigra*	gi11037308		9,00E-139
410	G2443	*Oryza sativa*	gi11094203		1,90E-65
410	G2443	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi23589949		1,90E-65
410	G2443	*Hordeum vulgare*	gi21667475		1,10E-60

410	G2443	*Malus x domestica*	gi4091804		2,10E-59
410	G2443	*Raphanus sativus*	gi3341723		1,80E-56
410	G2443	*Ipomoea nil*	gi10946337		1,90E-51
410	G2443	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi21655154		6,60E-51
410	G2443	*Pinus radiata*	gi4557093		2,90E-39
411	G2453	*Glycine max*	BF070025,1	1146	
411	G2453	*Oryza sativa*	Os_S112425	1609	
411	G2453	*Zea mays*	Zm_S11447234	1813	
412	G2453	*Chrysanthemum x morifolium*	AY173066		1,00E-33
412	G2453	*Lactuca sativa*	BQ995044		3,00E-33
412	G2453	*Glycine max*	CA935182		1,00E-32
412	G2453	*Hordeum vulgare*	BI949633		2,00E-32
412	G2453	*Antirrhinum majus*	AJ559762		6,00E-32
412	G2453	*Lycopersicon esculentum*	BI931349		1,00E-31
412	G2453	*Solanum tuberosum*	BQ117114		1,00E-31

412	G2453	*Mentha x piperita*	AW255624		2,00E-31
412	G2453	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AU094883		2,00E-31
412	G2453	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU968850		2,00E-31
412	G2453	*Chrysanthemum x morifolium*	gi27804377		1,70E-34
412	G2453	*Zea mays*	gi32330681		2,00E-34
412	G2453	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi22267600		1,40E-33
412	G2453	*Oryza sativa*	gi11280864		3,60E-32
412	G2453	*Daucus carota*	gi3551257		0,81
412	G2453	*Vicia faba*	gi2104679		0,82
412	G2453	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi29123372		0,9
412	G2453	*Nicotiana tabacum*	gi2196548		0,97
412	G2453	*Oryza sativa* (grupo do	gi23345287		1

		cultivar *indica*)			
412	G2453	*Narcissus pseudonarcissus*	gi18419623		1
414	G2455	*Brassica napus*	CD830903		3,00E-63
414	G2455	*Lycopersicon esculentum*	BM410884		3,00E-58
414	G2455	*Glycine max*	BU579031		2,00E-56
414	G2455	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU871780		9,00E-56
414	G2455	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU864185		2,00E-53
414	G2455	*Prunus persica*	BU044242		3,00E-50
414	G2455	*Cycas rumphii*	CB093475		1,00E-48
414	G2455	*Nuphar advena*	CD472928		9,00E-48
414	G2455	*Antirrhinum majus*	AJ559762		1,00E-46
414	G2455	*Triticum aestivum*	BJ264502		5,00E-44
414	G2455	*Chrysanthemum x morifolium*	gi27804377		5,60E-43

414	G2455	*Zea mays*	gi32330677		6,40E-43
414	G2455	*Oryza sativa*	gi11280864		7,10E-43
414	G2455	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi33146736		9,10E-43
414	G2455	*Glycine max*	gi5019730		0,16
414	G2455	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi29123372		0,2
414	G2455	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi2570503		0,69
416	G2456	*Glycine max*	CA800830		3,00E-67
416	G2456	*Chrysanthemum x morifolium*	AY173066		5,00E-63
416	G2456	*Lycopersicon esculentum*	AW623191		6,00E-62
416	G2456	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU830431		5,00E-61
416	G2456	*Solanum tuberosum*	BQ117114		2,00E-58
416	G2456	*Zea mays*	AY313904		6,00E-58

416	G2456	*Lactuca sativa*	BQ995044		1,00E-57
416	G2456	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106784		2,00E-57
416	G2456	*Nuphar advena*	CD475930		1,00E-52
416	G2456	*Populus tremuloides*	CA931450		8,00E-50
416	G2456	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi22267600		1,20E-61
416	G2456	*Zea mays*	gi32330681		8,50E-61
416	G2456	*Chrysanthemum x morifolium*	gi27804377		8,80E-61
416	G2456	*Oryza sativa*	gi11280863		7,90E-37
416	G2456	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi29123372		0,027
416	G2456	*Triticum aestivum*	gi32400832		0,037
416	G2456	*Solanum tuberosum*	gi9954112		0,038
416	G2456	*Phaseolus vulgaris*	gi457750		0,04
416	G2456	*Volvox carteri*	gi6523547		0,22

		f. nagariensis			
416	G2456	*Capsella rubella*	gi8919877		0,45
417	G2457	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER62346_1	1147	
417	G2457	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER47850_1	1148	
417	G2457	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER504_1	1149	
417	G2457	*Oryza sativa*	OSC102186,C1,p13,fg	1150	
417	G2457	*Oryza sativa*	OSC29392,C1,p1,fg	1151	
417	G2457	*Oryza sativa*	OSC7136,C1,p1,fg	1152	
417	G2457	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER603_35	1153	
417	G2457	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER779_19	1154	
417	G2457	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER779_20	1155	
417	G2457	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER779_24	1156	
417	G2457	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER779_9	1157	
417	G2457	*Hordeum*	Hv_S18520	1742	

		vulgare			
417	G2457	*Zea mays*	Zm_S11528333	1814	
417	G2457	*Triticum aestivum*	Ta_S241823	1903	
417	G2457	*Triticum aestivum*	Ta_S417975	1904	
418	G2457	*Antirrhinum majus*	AJ559642		6,00E-55
418	G2457	*Lycopersicon esculentum*	AI483816		7,00E-53
418	G2457	*Hedyotis centranthoides*	CB088054		9,00E-53
418	G2457	*Zea mays*	AY104291		1,00E-41
418	G2457	*Triticum aestivum*	BT008985		5,00E-41
418	G2457	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BQ462679		3,00E-40
418	G2457	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU880953		5,00E-30
418	G2457	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	AK104918		5,00E-30

		japonica)			
418	G2457	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU864185		5,00E-30
418	G2457	*Prunus persica*	BU043103		2,00E-29
418	G2457	*Zea mays*	gi32330677		8,50E-32
418	G2457	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi22267600		9,50E-31
418	G2457	*Oryza sativa*	gi11280863		4,70E-30
418	G2457	*Chrysanthemum x morifolium*	gi27804377		1,70E-18
418	G2457	*Brassica rapa* subesp. *Pekinensis*	gi29123372		1,70E-16
418	G2457	*Sesbania rostrata*	gi169880		0,3
418	G2457	*Lycopersicon esculentum*	gi4467884		0,45
418	G2457	*Dianthus caryophyllus*	gi2406586		0,63
418	G2457	*Vicia faba*	gi4468042		0,81
418	G2457	*Pisum sativum*	gi100057		0,96
419	G2459	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-	1147	

			CLUSTER62346_1		
419	G2459	*Oryza sativa*	LIB4370-016-R1-K1-B3	1158	
419	G2459	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER47850_1	1148	
419	G2459	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER504_1	1149	
419	G2459	*Oryza sativa*	OSC102186,C1,p13,fg	1150	
419	G2459	*Oryza sativa*	OSC29392,C1,p1,fg	1151	
419	G2459	*Oryza sativa*	OSC7136,C1,p1,fg	1152	
419	G2459	*Oryza sativa*	jC-osflLIB3479001b04b1	1159	
419	G2459	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER603_34	1160	
419	G2459	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER603_35	1153	
419	G2459	*Triticum aestivum*	Ta_S241823	1903	
419	G2459	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-70658	2059	
420	G2459	*Brassica napus*	CD830187		4,00E-84
420	G2459	*Glycine max*	CA800542		4,00E-68

420	G2459	*Lycopersicon esculentum*	AI484101		2,00E-66
420	G2459	*Antirrhinum majus*	AJ559762		6,00E-61
420	G2459	*Mentha x piperita*	AW255624		4,00E-58
420	G2459	*Solanum tuberosum*	BQ516639		2,00E-56
420	G2459	*Ipomoea nil*	BJ575190		6,00E-51
420	G2459	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU880953		2,00E-49
420	G2459	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU864185		2,00E-48
420	G2459	*Nuphar advena*	CD474192		1,00E-47
420	G2459	*Oryza sativa*	gi11280864		1,30E-45
420	G2459	*Zea mays*	gi32330677		7,30E-44
420	G2459	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi22267600		1,20E-43
420	G2459	*Chrysanthemum x morifolium*	gi27804377		1,20E-26

420	G2459	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	gi29123372		0,013
420	G2459	*Nicotiana tabacum*	gi4206787		0,68
420	G2459	*Narcissus pseudonarcissus*	gi18419623		1
420	G2459	*Pinus koraiensis*	gi29469765		1
422	G2467	*Brassica oleracea*	BH657157		7,00E-72
422	G2467	*Citrus sinensis*	CB291749		8,00E-63
422	G2467	*Oryza sativa*	AX653477		1,00E-59
422	G2467	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK068660		2,00E-59
422	G2467	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	AV833112		5,00E-51
422	G2467	*Lycopersicon peruvianum*	LPHSF30		3,00E-50
422	G2467	*Medicago truncatula*	BE319312		2,00E-49

422	G2467	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01016817		5,00E-49
422	G2467	*Zea mays*	CC610706		5,00E-49
422	G2467	*Helianthus annuus*	BQ916240		9,00E-48
422	G2467	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28971956		2,20E-58
422	G2467	*Lycopersicon peruvianum*	gi100265		5,70E-50
422	G2467	*Helianthus annuus*	gi25052685		7,90E-44
422	G2467	*Glycine max*	gi2129828		9,10E-43
422	G2467	*Oryza sativa*	gi16580739		1,70E-42
422	G2467	*Phaseolus acutifolius*	gi16118447		6,20E-37
422	G2467	*Nicotiana tabacum*	gi5821138		1,00E-36
422	G2467	*Lycopersicon esculentum*	gi100225		1,30E-36
422	G2467	*Medicago sativa*	gi20162459		1,10E-35
422	G2467	*Pisum sativum*	gi3550552		4,50E-34

424	G2492	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK073195		1,00E-126
424	G2492	*Pisum sativum*	PSPD3BIPR		3,00E-72
424	G2492	*Vicia sativa*	VSENBP1GN		2,00E-71
424	G2492	*Lactuca sativa*	BU008717		4,00E-69
424	G2492	*Vitis vinifera*	CB348303		8,00E-67
424	G2492	*Mesembryanthemum crystallinum*	CA838861		9,00E-65
424	G2492	*Zea mays*	AY106688		2,00E-64
424	G2492	*Brassica oleracea*	BH582293		1,00E-60
424	G2492	*Triphysaria versicolor*	BM357136		1,00E-60
424	G2492	*Ipomoea nil*	BJ577989		6,00E-59
424	G2492	*Medicago truncatula*	gi11358945		2,50E-153
424	G2492	*Pisum sativum*	gi2213540		3,00E-151
424	G2492	*Vicia sativa*	gi1360637		1,30E-150
424	G2492	*Nicotiana tabacum*	gi8096269		7,20E-10
424	G2492	*Brassica oleracea*	gi15054376		9,90E-08

424	G2492	*Oryza sativa*	gi6942229		6,40E-06
424	G2492	*Zea mays*	gi4138732		3,90E-05
424	G2492	*Saccharum hybrid cultivar CP72-2086*	gi21902142		0,00016
424	G2492	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29367369		0,00062
424	G2492	*Saccharum hybrid cultivar CP65-357*	gi18873729		0,0016
425	G2505	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER81568_1	1161	
425	G2505	*Zea mays*	LIB5116-010-A1-PF1-D6	1162	
426	G2505	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU879250		7,00E-72
426	G2505	*Medicago truncatula*	BF645892		5,00E-70
426	G2505	*Sorghum bicolor*	CD230282		6,00E-68
426	G2505	*Oryza sativa*	AK109860		2,00E-67

		(grupo do cultivar *japonica*)			
426	G2505	*Oryza sativa*	AB028186		6,00E-66
426	G2505	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa x Populus deltoides*	CA826386		2,00E-63
426	G2505	*Lycopersicon esculentum*	BF098091		5,00E-62
426	G2505	*Triticum aestivum*	BQ483881		7,00E-62
426	G2505	*Hordeum vulgare*	BE060921		4,00E-61
426	G2505	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001925		1,00E-56
426	G2505	*Oryza sativa*	gi11875152		1,70E-66
426	G2505	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28190666		1,70E-66
426	G2505	*Petunia x hybrida*	gi1279640		5,80E-48

426	G2505	*Glycine max*	gi22597158		7,50E-48
426	G2505	*Zea mays*	gi32527660		4,50E-46
426	G2505	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		6,00E-46
426	G2505	*Triticum sp.*	gi4218537		5,40E-45
426	G2505	*Triticum monococcum*	gi6732156		5,40E-45
426	G2505	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		1,30E-43
426	G2505	*Brassica napus*	gi31322582		3,10E-42
428	G2515	*Betula pendula*	BPMADS5GN		1,00E-59
428	G2515	*Vitis vinifera*	AY275713		1,00E-56
428	G2515	*Petunia x hybrida*	AF176782		2,00E-55
428	G2515	*Petunia sp.*	A81451		2,00E-55
428	G2515	*Chrysanthemum x morifolium*	AY173055		2,00E-55
428	G2515	*Nicotiana tabacum*	AF385746		4,00E-55
428	G2515	*Capsicum annuum*	AF130118		4,00E-55
428	G2515	*Eucalyptus globulus*	AF306349		1,00E-54
428	G2515	*Antirrhinum majus*	AY040247		2,00E-54

428	G2515	*Daucus carota*	DCA271147		3,00E-54
428	G2515	*Betula pendula*	gi1483232		6,40E-58
428	G2515	*Vitis vinifera*	gi30526323		8,40E-56
428	G2515	*Chrysanthemum x morifolium*	gi27804357		2,60E-54
428	G2515	*Capsicum annuum*	gi14518447		2,60E-54
428	G2515	*Petunia x hybrida*	gi6634708		3,30E-54
428	G2515	*Petunia sp.*	gi6731756		3,30E-54
428	G2515	*Nicotiana tabacum*	gi27373049		5,30E-54
428	G2515	*Eucalyptus globulus*	gi11120557		6,80E-54
428	G2515	*Nicotiana sylvestris*	gi5070142		2,30E-53
428	G2515	*Daucus carota*	gi22091473		2,90E-53
430	G2525	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AC145379		3,00E-86
430	G2525	*Solanum tuberosum*	BQ115041		6,00E-76
430	G2525	*Suaeda maritima* subesp. *salsa*	BE231373		2,00E-69

430	G2525	*Brassica oleracea*	BH432132		2,00E-67
430	G2525	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CB878456		3,00E-65
430	G2525	*Lactuca sativa*	BU013946		1,00E-63
430	G2525	*Medicago truncatula*	BE325206		1,00E-62
430	G2525	*Gossypium hirsutum*	AI728383		6,00E-60
430	G2525	*Zea mays*	CC641341		2,00E-58
430	G2525	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01009282		5,00E-58
430	G2525	*Oryza sativa*	gi18873845		1,20E-44
430	G2525	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31433498		1,20E-44
430	G2525	*Spermatozopsis similis*	gi3417441		0,14
430	G2525	*Nicotiana tabacum*	gi237857		0,3
430	G2525	*Oryza sativa* (grupo do	gi5679839		0,46

		cultivar *indica*)			
430	G2525	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi3342148		0,58
430	G2525	*Brassica juncea*	gi32527767		0,94
430	G2525	*Zea mays*	gi100920		0,99
430	G2525	*Helianthus praecox*	gi18073228		1
430	G2525	*Helianthus niveus*	gi27526450		1
431	G2536	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER325924_1	1163	
431	G2536	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER325924_2	1164	
431	G2536	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER325924_3	1165	
431	G2536	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER90132_1	1166	
431	G2536	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER90912_1	1167	
431	G2536	*Oryza sativa*	BE039729,1	1168	
431	G2536	*Oryza sativa*	BE039742,1	1169	

431	G2536	*Oryza sativa*	OSC12121,C1,p10,fg	1170	
431	G2536	*Oryza sativa*	OSC8882,C1,p8,fg	1171	
431	G2536	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER460898_1	1172	
431	G2536	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-56029	2060	
431	G2536	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-36423	2061	
432	G2536	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU815065		5,00E-57
432	G2536	*Nicotiana tabacum*	AB021178		1,00E-53
432	G2536	*Medicago truncatula*	BG647353		2,00E-52
432	G2536	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa x Populus deltoides*	CA825708		1,00E-48
432	G2536	*Lycopersicon esculentum*	AW030267		3,00E-47

432	G2536	*Brassica oleracea*	BZ032987		1,00E-45
432	G2536	*Glycine max*	BM886486		1,00E-45
432	G2536	*Lactuca sativa*	BQ875839		4,00E-44
432	G2536	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK063703		2,00E-43
432	G2536	*Zea mays*	CC673415		2,00E-42
432	G2536	*Nicotiana tabacum*	gi25457840		1,00E-50
432	G2536	*Oryza sativa*	gi15290110		6,50E-45
432	G2536	*Brassica napus*	gi31322582		5,10E-30
432	G2536	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24899399		8,10E-28
432	G2536	*Petunia x hybrida*	gi21105734		3,40E-27
432	G2536	*Solanum tuberosum*	gi14485513		1,20E-26
432	G2536	*Glycine max*	gi22597158		1,50E-26
432	G2536	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		1,50E-26
432	G2536	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		6,40E-26

432	G2536	*Triticum sp.*	gi4218535		8,50E-24
434	G2543	*Phalaenopsis sp. SM9108*	PSU34743		1,0e-999
434	G2543	*Picea abies*	AF172931		1,0e-999
434	G2543	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AB101645		1,00E-173
434	G2543	*Gossypium hirsutum*	AF530914		1,00E-173
434	G2543	*Oryza sativa*	AB077993		1,00E-172
434	G2543	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01007245		1,00E-170
434	G2543	*Zea mays*	ZMA250987		1,00E-170
434	G2543	*Malus domestica*	AF067961		1,00E-146
434	G2543	*Helianthus annuus*	HNNHAHR		1,00E-118
434	G2543	*Vitis vinifera*	CB002690		2,00E-93
434	G2543	*Phalaenopsis sp. SM9108*	gi1173622		5,10E-175
434	G2543	*Phalaenopsis sp.*	gi2147484		5,10E-175
434	G2543	*Picea abies*	gi12002853		4,80E-172

434	G2543	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488795		4,70E-165
434	G2543	*Gossypium hirsutum*	gi22475197		6,00E-165
434	G2543	*Sorghum bicolor*	gi18481701		7,70E-165
434	G2543	*Oryza sativa*	gi19072102		5,40E-164
434	G2543	*Zea mays*	gi8920427		4,40E-162
434	G2543	*Malus x domestica*	gi3925363		2,10E-139
434	G2543	*Helianthus annuus*	gi1208940		1,90E-106
435	G2550	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER39853_1	1173	
435	G2550	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER39853_2	1174	
435	G2550	*Oryza sativa*	uC-osroM202005g06b1	1175	
435	G2550	*Oryza sativa*	Os_S107153	1610	
435	G2550	*Medicago truncatula*	Mtr_S5360919	1711	
435	G2550	*Medicago truncatula*	Mtr_S7094331	1712	

435	G2550	*Zea mays*	Zm_S11465618	1815	
435	G2550	*Triticum aestivum*	Ta_S146249	1905	
436	G2550	*Solanum tuberosum*	AF406703		9,00E-90
436	G2550	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK069994		6,00E-89
436	G2550	*Brassica oleracea*	BZ485520		1,00E-82
436	G2550	*Lycopersicon esculentum*	AF375966		2,00E-77
436	G2550	*Sorghum bicolor*	BM324585		5,00E-74
436	G2550	*Malus x domestica*	AF053769		2,00E-70
436	G2550	*Oryza minuta*	CB213421		3,00E-70
436	G2550	*Hordeum vulgare*	BG344928		5,00E-70
436	G2550	*Medicago truncatula*	AW688195		8,00E-67
436	G2550	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB618008		3,00E-66

436	G2550	*Solanum tuberosum*	gi22652127		1,40E-87
436	G2550	*Oryza sativa*	gi12656811		1,60E-84
436	G2550	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20219036		1,20E-83
436	G2550	*Lycopersicon esculentum*	gi31323447		4,40E-75
436	G2550	*Hordeum vulgare*	gi13752407		1,70E-72
436	G2550	*Malus x domestica*	gi7239157		9,40E-72
436	G2550	*Gnetum gnemon*	gi31746344		5,50E-66
436	G2550	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi19352101		4,00E-49
436	G2550	*Zea mays*	gi19743685		1,90E-42
436	G2550	*Helianthus annuus*	gi20977644		6,30E-12
438	G2559	*Solanum tuberosum*	STU72489		1,00E-59
438	G2559	*Lycopersicon esculentum*	AF123265		2,00E-59
438	G2559	*Antirrhinum*	AJ559687		3,00E-54

		majus			
438	G2559	*Vitis vinifera*	CB344101		2,00E-53
438	G2559	*Glycine max*	CA799179		3,00E-53
438	G2559	*Ipomoea nil*	BJ573275		9,00E-53
438	G2559	*Citrus sinensis*	CB292623		2,00E-52
438	G2559	*Gossypium arboreum*	BQ411282		6,00E-52
438	G2559	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK105097		8,00E-52
438	G2559	*Medicago truncatula*	BM779097		1,00E-51
438	G2559	*Solanum tuberosum*	gi1881585		7,10E-59
438	G2559	*Lycopersicon esculentum*	gi4731573		3,90E-58
438	G2559	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32489830		1,50E-51
438	G2559	*Lotus japonicus*	gi2367429		9,80E-05
438	G2559	*Zea mays*	gi23928441		0,00023
438	G2559	*Plastid*	gi13276714		0,00077

		Oenoutroa elata subesp. *Hookeri*			
438	G2559	*Oenoutroa elata* subesp. *hookeri*	gi23822375		0,00077
438	G2559	*Nicotiana tabacum*	gi8096269		0,0013
438	G2559	*Cicer arietinum*	gi3129939		0,0014
438	G2559	*Solanum berthaultii*	gi1216214		0,002
440	G2565	*Mesembryanthemum crystallinum*	AF219972		5,00E-67
440	G2565	*Nicotiana tabacum*	AB017693		1,00E-60
440	G2565	*Triticum aestivum*	BQ806133		3,00E-55
440	G2565	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK109510		6,00E-55
440	G2565	*Beta vulgaris*	BQ587750		1,00E-52
440	G2565	*Medicago truncatula*	AW684291		1,00E-51

440	G2565	*Zea mays*	AY107734		2,00E-51
440	G2565	*Glycine max*	AW507631		2,00E-51
440	G2565	*Lycopersicon esculentum*	AW030183		8,00E-51
440	G2565	*Hordeum vulgare*	BU993345		8,00E-46
440	G2565	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		3,50E-66
440	G2565	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		2,80E-57
440	G2565	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29647445		3,90E-42
440	G2565	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		6,00E-30
440	G2565	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		2,30E-24
440	G2565	*Oryza sativa*	gi11034542		1,30E-09
440	G2565	*Zea mays*	gi15667625		2,60E-08
440	G2565	*Oryza glaberrima*	gi31338862		2,70E-07
440	G2565	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	gi31338860		7,40E-07

		indica)			
440	G2565	*Pachysandra terminalis*	gi32478053		0,0038
441	G2567	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER105903_1	1176	
441	G2567	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER25797_1	1177	
441	G2567	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER25797_2	1178	
441	G2567	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER25797_4	1179	
441	G2567	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER30315_1	1180	
441	G2567	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER67014_1	1181	
441	G2567	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER14787_2	1182	
441	G2567	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER14787_3	1183	
441	G2567	*Oryza sativa*	OSC100544,C1,p6,fg	1184	
441	G2567	*Oryza sativa*	OSC100702,C1,p11,fg	1185	
441	G2567	*Oryza sativa*	OSC19346,C1,p18,fg	1186	

441	G2567	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER28837_1	1187	
441	G2567	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER536_1816	1188	
441	G2567	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER536_BYHAND_1816	1189	
441	G2567	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER64018_1	1190	
441	G2567	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER64018_4	1191	
441	G2567	*Oryza sativa*	Os_S45221	1611	
441	G2567	*Oryza sativa*	Os_S99383	1612	
441	G2567	*Glycine max*	Gma_S5079377	1669	
441	G2567	*Hordeum vulgare*	Hv_S31206	1743	
441	G2567	*Zea mays*	Zm_S11521593	1816	
441	G2567	*Triticum aestivum*	Ta_S114520	1906	
441	G2567	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-357264	2062	
441	G2567	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-360651	2063	
441	G2567	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-463424	2064	

442	G2567	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK100322		1,0e-999
442	G2567	*Oryza sativa*	AB071299		1,0e-999
442	G2567	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01008877		1,00E-172
442	G2567	*Lotus japonicus*	AP004505		1,00E-140
442	G2567	*Physcomitrella patens*	AX288142		1,00E-131
442	G2567	*Brassica oleracea*	BZ016919		1,00E-124
442	G2567	*Medicago truncatula*	BG646821		1,00E-104
442	G2567	*Brassica napus*	CD843527		1,00E-100
442	G2567	*Zea mays*	CC657791		2,00E-99
442	G2567	*Vitis vinifera*	CB979491		2,00E-90
442	G2567	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi13384374		3,80E-186
442	G2567	*Oryza sativa*	gi19352051		3,30E-164
442	G2567	*Prunus persica*	gi27450533		8,50E-72

442	G2567	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi26251300		4,30E-70
442	G2567	*Mangifera indica*	gi30027167		2,00E-68
442	G2567	*Marchantia polymorpha*	gi25272004		5,40E-13
442	G2567	*Mirabilis jalapa*	gi23343944		3,20E-05
442	G2567	*Zea mays*	gi18697008		0,014
442	G2567	*Cucumis sativus*	gi6136830		0,049
442	G2567	*Nicotiana tabacum*	gi4887014		0,087
444	G2570	*Brassica oleracea*	BH973299		3,00E-49
444	G2570	*Zea mays*	AB060130		3,00E-32
444	G2570	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK101165		1,00E-28
444	G2570	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB630542		1,00E-25

444	G2570	*Medicago truncatula*	CB891281		3,00E-22
444	G2570	*Brassica napus*	CD825309		2,00E-20
444	G2570	*Solanum tuberosum*	BM407041		3,00E-20
444	G2570	*Triticum aestivum*	BQ743733		2,00E-17
444	G2570	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA014844		5,00E-17
444	G2570	*Stevia rebaudiana*	BG525366		9,00E-17
444	G2570	*Zea mays*	gi13661174		3,10E-31
444	G2570	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24308616		4,60E-31
444	G2570	*Oryza glaberrima*	gi31338862		1,90E-23
444	G2570	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		2,50E-23
444	G2570	*Oryza sativa*	gi15289981		4,10E-16
444	G2570	*Dianthus*	gi13173408		1,50E-08

		caryophyllus			
444	G2570	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		2,40E-07
444	G2570	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		8,30E-06
444	G2570	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		1,50E-05
444	G2570	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		0,00022
445	G2571	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER96988_1	1192	
445	G2571	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER96988_2	1193	
445	G2571	*Oryza sativa*	OSC1398,C1,p2,fg	1194	
445	G2571	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-56732	2065	
446	G2571	*Brassica oleracea*	BZ432711		1,00E-103
446	G2571	*Glycine max*	AW759250		2,00E-48
446	G2571	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01008818		6,00E-48
446	G2571	*Oryza sativa*	AC104284		8,00E-48

446	G2571	*Medicago truncatula*	BQ140137		1,00E-44
446	G2571	*Zea mays*	CC342129		8,00E-41
446	G2571	*Lactuca sativa*	BQ849477		2,00E-38
446	G2571	*Sorghum bicolor*	CD236030		3,00E-38
446	G2571	*Atriplex hortensis*	AF274033		3,00E-34
446	G2571	*Prunus persica*	BU046010		2,00E-33
446	G2571	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi19920190		2,60E-36
446	G2571	*Atriplex hortensis*	gi8571476		1,90E-35
446	G2571	*Lycopersicon esculentum*	gi27436378		1,30E-34
446	G2571	*Zea mays*	gi21908036		9,10E-27
446	G2571	*Oryza sativa*	gi5091503		3,90E-26
446	G2571	*Solanum tuberosum*	gi1688233		1,30E-20
446	G2571	*Nicotiana sylvestris*	gi8809571		5,50E-20
446	G2571	*Nicotiana tabacum*	gi1208498		1,50E-19

446	G2571	*Glycine max*	gi21304712		1,10E-18
446	G2571	*Prunus armeniaca*	gi3264767		7,70E-18
448	G2574	*Brassica oleracea*	BZ016708		1,00E-82
448	G2574	*Oryza sativa*	AX653450		5,00E-80
448	G2574	*Nicotiana tabacum*	AY220477		3,00E-68
448	G2574	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001635		2,00E-64
448	G2574	*Lycopersicon esculentum*	BI922133		6,00E-56
448	G2574	*Hordeum vulgare*	BM370908		2,00E-47
448	G2574	*Medicago truncatula*	CB893379		4,00E-47
448	G2574	*Glycine max*	BU926713		4,00E-44
448	G2574	*Citrus sinensis*	BQ625082		4,00E-44
448	G2574	*Zea mays*	AX660892		6,00E-44
448	G2574	*Oryza sativa*	gi11320830		4,10E-61
448	G2574	*Nicotiana tabacum*	gi30013667		5,60E-59

448	G2574	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20160973		4,10E-37
448	G2574	*Petroselinum crispum*	gi11493822		6,80E-30
448	G2574	*Avena fatua*	gi1159879		5,10E-26
448	G2574	*Avena sativa*	gi4894965		2,10E-22
448	G2574	*Glycine max*	gi32493108		2,20E-20
448	G2574	*Ipomoea batatas*	gi1076685		5,20E-20
448	G2574	*Capsella rubella*	gi32454266		8,00E-20
448	G2574	*Lycopersicon esculentum*	gi13620227		2,20E-18
450	G2575	*Lycopersicon esculentum*	BI205259		1,00E-48
450	G2575	*Medicago truncatula*	BI308031		5,00E-45
450	G2575	*Vitis vinifera*	CD010167		1,00E-44
450	G2575	*Sorghum bicolor*	BE362650		2,00E-43
450	G2575	*Oryza sativa*	AX653470		2,00E-43
450	G2575	*Triticum aestivum*	CD883886		7,00E-42
450	G2575	*Amborella trichopoda*	CD483414		1,00E-41

450	G2575	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK108745		3,00E-41
450	G2575	*Glycine max*	CA784851		3,00E-41
450	G2575	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU884581		3,00E-38
450	G2575	*Oryza sativa*	gi11761085		6,50E-45
450	G2575	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi22830985		4,30E-36
450	G2575	*Nicotiana tabacum*	gi25348323		2,00E-30
450	G2575	*Solanum tuberosum*	gi24745606		3,00E-28
450	G2575	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi23305051		6,80E-28
450	G2575	*Lycopersicon esculentum*	gi13620227		9,90E-27
450	G2575	*Cucumis sativus*	gi7484759		1,70E-26
450	G2575	*Pimpinella brachycarpa*	gi3420906		1,80E-26
450	G2575	*Avena fatua*	gi1159877		1,90E-26
450	G2575	*Avena sativa*	gi4894965		2,10E-26

451	G2579	*Oryza sativa*	OSC101983,C1,p 6,fg	1195	
451	G2579	*Zea mays*	LIB3076-043-Q1-K1-H9	1196	
451	G2579	*Zea mays*	Zm_S11519895	1817	
452	G2579	*Brassica oleracea*	BZ471318		2,00E-82
452	G2579	*Oryza sativa*	AP004016		3,00E-34
452	G2579	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP004570		3,00E-34
452	G2579	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001296		3,00E-34
452	G2579	*Zea mays*	AY178191		1,00E-32
452	G2579	*Sorghum bicolor*	BZ338708		1,00E-23
452	G2579	*Medicago truncatula*	AC119414		1,00E-21
452	G2579	*Beta vulgaris*	BQ488935		1,00E-19
452	G2579	*Lotus japonicus*	AV411846		2,00E-19
452	G2579	*Glycine max*	BE059333		7,00E-19
452	G2579	*Zea mays*	gi27802487		5,50E-38
452	G2579	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi23307521		1,50E-35

452	G2579	*Stylosanthes hamata*	gi4099921		1,30E-19
452	G2579	*Cicer arietinum*	gi24817250		5,50E-19
452	G2579	*Nicotiana tabacum*	gi4587373		8,70E-19
452	G2579	*Oryza sativa*	gi12597874		1,90E-18
452	G2579	*Lycopersicon esculentum*	gi2213785		5,90E-18
452	G2579	*Prunus armeniaca*	gi3264767		5,90E-18
452	G2579	*Thellungiella halophila*	gi20340233		9,90E-18
452	G2579	*Nicotiana sylvestris*	gi8809573		1,30E-17
453	G2585	*Oryza sativa*	OSC102182,C1,p9,fg	1197	
453	G2585	*Oryza sativa*	OSC5912,C1,p4,fg	1198	
453	G2585	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER221367_1	1199	
454	G2585	*Brassica oleracea*	BH574869		1,00E-71
454	G2585	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU814191		9,00E-23
454	G2585	*Glycine max*	BQ612521		8,00E-22
454	G2585	*Lycopersicon*	BG127023		4,00E-21

		esculentum			
454	G2585	*Solanum tuberosum*	BQ118881		1,00E-19
454	G2585	*Medicago truncatula*	AW776895		2,00E-19
454	G2585	*Gossypium hirsutum*	CA992948		2,00E-19
454	G2585	*Nicotiana tabacum*	AF193771		3,00E-19
454	G2585	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AC144737		5,00E-18
454	G2585	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01016983		5,00E-18
454	G2585	*Nicotiana tabacum*	gi11358951		3,30E-22
454	G2585	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi18844822		5,30E-17
454	G2585	*Matricaria chamomilla*	gi17385638		6,50E-17
454	G2585	*Solanum tuberosum*	gi24745606		1,90E-12
454	G2585	*Oryza sativa*	gi14209559		1,20E-11
454	G2585	*Petroselinum crispum*	gi11493824		1,70E-11

454	G2585	*Retama raetam*	gi18158619		1,10E-09
454	G2585	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi23305051		3,30E-09
454	G2585	*Solanum dulcamara*	gi16588566		8,20E-09
454	G2585	*Capsella rubella*	gi27817201		1,10E-08
456	G2587	*Lycopersicon esculentum*	BG642706		5,00E-23
456	G2587	*Solanum tuberosum*	BE472874		1,00E-22
456	G2587	*Medicago truncatula*	AW560120		6,00E-22
456	G2587	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU816132		1,00E-20
456	G2587	*Glycine max*	BQ612521		3,00E-20
456	G2587	*Nicotiana tabacum*	AF193770		6,00E-19
456	G2587	*Gossypium hirsutum*	CA992948		7,00E-18
456	G2587	*Triticum aestivum*	BG605176		2,00E-16
456	G2587	*Vitis vinifera*	CA813725		6,00E-16
456	G2587	*Lactuca sativa*	BQ875950		8,00E-16
456	G2587	*Nicotiana tabacum*	gi7406995		5,40E-22

456	G2587	*Matricaria chamomilla*	gi17385638		1,10E-16
456	G2587	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi18844816		5,90E-16
456	G2587	*Petroselinum crispum*	gi11493824		5,20E-13
456	G2587	*Oryza sativa*	gi15289994		1,30E-11
456	G2587	*Solanum tuberosum*	gi24745606		3,00E-11
456	G2587	*Capsella rubella*	gi27817201		2,90E-09
456	G2587	*Solanum dulcamara*	gi16588566		5,10E-09
456	G2587	*Avena fatua*	gi1159879		1,80E-08
456	G2587	*Dactylis glomerata*	gi11993901		2,20E-08
458	G2592	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK103583		1,00E-154
458	G2592	*Lemna paucicostata*	AB023895		1,00E-131
458	G2592	*Zea mays*	AY109994		1,00E-128
458	G2592	*Cicer arietinum*	CAR400860		1,00E-105
458	G2592	*Solanum tuberosum*	BG351697		1,00E-104
458	G2592	*Lotus*	AP004525		1,00E-103

		japonicus			
458	G2592	*Medicago truncatula*	CB894562		1,00E-100
458	G2592	*Helianthus annuus*	BQ970590		3,00E-96
458	G2592	*Gossypium arboreum*	BQ406633		3,00E-93
458	G2592	*Oryza sativa*	AC105318		7,00E-93
458	G2592	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32480039		1,10E-146
458	G2592	*Oryza sativa*	gi5777631		1,10E-146
458	G2592	*Lemna paucicostata*	gi5689214		2,90E-124
458	G2592	*Cicer arietinum*	gi7635492		7,70E-101
458	G2592	*Pyrus communis*	gi18252343		2,90E-56
458	G2592	*Chloroplast Pinus thunbergii*	gi1262738		1
460	G2597	*Brassica oleracea*	BH974513		6,00E-35
460	G2597	*Vitis vinifera*	CB977099		6,00E-35
460	G2597	*Glycine max*	AW760239		2,00E-33
460	G2597	*Helianthus annuus*	BQ966485		9,00E-33
460	G2597	*Lactuca sativa*	BQ853988		1,00E-32
460	G2597	*Lotus corniculatus*	CB827195		2,00E-32

		var. *japonicus*			
460	G2597	*Medicago truncatula*	BI309254		2,00E-31
460	G2597	*Lycopersicon esculentum*	AI895129		4,00E-30
460	G2597	*Solanum tuberosum*	BE919865		7,00E-30
460	G2597	*Lupinus albus*	CA410490		8,00E-29
460	G2597	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi23495868		4,20E-39
460	G2597	*Lemna paucicostata*	gi5689214		5,90E-35
460	G2597	*Oryza sativa*	gi5777631		3,60E-33
460	G2597	*Cicer arietinum*	gi7635492		4,70E-33
460	G2597	*Pyrus communis*	gi18252343		0,018
462	G2603	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK060587		1,00E-116
462	G2603	*Brassica oleracea*	BZ462499		3,00E-95
462	G2603	*Zea mays*	AY106234		9,00E-95
462	G2603	*Lemna paucicostata*	AB023895		2,00E-92
462	G2603	*Cicer arietinum*	CAR400860		3,00E-92
462	G2603	*Descurainia*	BU238485		1,00E-84

		sophia			
462	G2603	*Brassica napus*	CD819805		2,00E-83
462	G2603	*Medicago truncatula*	BF004440		2,00E-76
462	G2603	*Vitis vinifera*	CB977099		3,00E-75
462	G2603	*Triticum aestivum*	CA485505		6,00E-73
462	G2603	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi23495868		9,40E-112
462	G2603	*Lemna paucicostata*	gi5689214		4,80E-91
462	G2603	*Cicer arietinum*	gi7635492		1,90E-88
462	G2603	*Oryza sativa*	gi5777631		2,70E-84
462	G2603	*Pyrus communis*	gi18252343		6,90E-61
464	G2604	*Medicago truncatula*	BF519786		2,00E-74
464	G2604	*Solanum tuberosum*	BQ118459		8,00E-74
464	G2604	*Lycopersicon esculentum*	BF051817		5,00E-73
464	G2604	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU863675		5,00E-73
464	G2604	*Populus tremula*	BU892953		5,00E-73
464	G2604	*Glycine max*	CD487599		3,00E-72

464	G2604	*Helianthus paradoxus*	CF079899		2,00E-70
464	G2604	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	CB680709		9,00E-67
464	G2604	*Sorghum propinquum*	BG488424		6,00E-66
464	G2604	*Triticum aestivum*	BJ302536		6,00E-66
464	G2604	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29467554		6,50E-65
464	G2604	*Zea mays*	gi13509835		3,40E-43
464	G2604	*Brassica oleracea*	gi17981380		2,40E-35
464	G2604	*Triticum aestivum*	gi32400832		2,20E-25
464	G2604	*Oryza sativa*	gi11034561		1,80E-21
464	G2604	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi23954355		0,067
464	G2604	*Phaseolus vulgaris*	gi6863082		0,087
464	G2604	*Vigna angularis*	gi224356		0,18
464	G2604	*Gossypium barbadense*	gi28274033		0,18

464	G2604	*Lycopersicon esculentum*	gi575950		0,18
466	G2616	*Brassica oleracea*	BH511341		2,00E-47
466	G2616	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BD194427		6,00E-37
466	G2616	*Lycopersicon esculentum*	BI930760		1,00E-36
466	G2616	*Solanum tuberosum*	BE472904		4,00E-36
466	G2616	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK102788		2,00E-35
466	G2616	*Helianthus annuus*	AJ412302		2,00E-35
466	G2616	*Prunus persica*	BU045784		9,00E-35
466	G2616	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA032614		2,00E-34
466	G2616	*Glycine max*	BM520826		4,00E-34
466	G2616	*Medicago truncatula*	BE202697		1,00E-33
466	G2616	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi3955021		2,60E-38

466	G2616	*Oryza sativa*	gi15128400		1,30E-36
466	G2616	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21104626		4,80E-19
466	G2616	*Petunia x hybrida*	gi22087128		1,80E-11
466	G2616	*Lycopersicon esculentum*	gi28070968		3,20E-11
466	G2616	*Narcissus pseudonarcissus*	gi18419580		7,20E-11
466	G2616	*Ceratopteris richardii*	gi3868847		0,00018
466	G2616	*Craterostigma plantagineum*	gi3171739		0,002
466	G2616	*Capsella rubella*	gi8919876		0,0025
466	G2616	*Physcomitrella patens*	gi7415620		0,0068
467	G2617	*Oryza sativa*	jC-osroLIB3475060 d09b1	1200	
468	G2617	*Brassica oleracea*	BH732988		3,00E-66
468	G2617	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BZ614339		2,00E-54
468	G2617	*Medicago truncatula*	AC135233		2,00E-19

468	G2617	*Oryza sativa*	AC133008		4,00E-19
468	G2617	*Glycine max*	BG363109		4,00E-19
468	G2617	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK108829		7,00E-19
468	G2617	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01006129		7,00E-19
468	G2617	*Zea mays*	BZ735433		2,00E-18
468	G2617	*Hordeum vulgare*	BF255914		9,00E-16
468	G2617	*Helianthus annuus*	BQ977193		1,00E-13
468	G2617	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32489630		2,60E-18
468	G2617	*Zea ramosa*	gi18674684		6,20E-14
468	G2617	*Petunia x hybrida*	gi14275902		9,10E-12
468	G2617	*Oryza sativa*	gi15528588		1,80E-05
468	G2617	*Sorghum bicolor*	gi18390109		0,00014
468	G2617	*Datisca glomerata*	gi4666360		0,006
468	G2617	*Pisum sativum*	gi2129892		0,0097
468	G2617	*Triticum aestivum*	gi485814		0,02

468	G2617	*Brassica rapa*	gi2058504		0,021
468	G2617	*Glycine max*	gi1763063		0,029
470	G2628	*Brassica oleracea*	BH962006		1,00E-21
470	G2628	*Mesembryanthemum crystallinum*	BF479304		4,00E-08
470	G2628	*Lycopersicon esculentum*	BE450859		9,00E-08
470	G2628	*Nicotiana tabacum*	BP130848		3,00E-07
470	G2628	*Glycine max*	BF595900		3,00E-07
470	G2628	*Phaseolus vulgaris*	AF350505		8,00E-07
470	G2628	*Lotus japonicus*	BI417596		1,00E-06
470	G2628	*Rosa chinensis*	BI977302		1,00E-06
470	G2628	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01003396		1,00E-06
470	G2628	*Medicago truncatula*	BE943475		2,00E-06
470	G2628	*Phaseolus vulgaris*	gi13430400		6,40E-10
470	G2628	*Phaseolus acutifolius*	gi12829956		1,70E-09
470	G2628	*Raphanus sativus*	gi1033059		2,70E-08
470	G2628	*Sinapis alba*	gi2995462		5,00E-08

470	G2628	*Petroselinum crispum*	gi9650826		1,80E-07
470	G2628	*Brassica napus*	gi633154		2,40E-07
470	G2628	*Glycine max*	gi169961		3,20E-07
470	G2628	*Oryza sativa*	gi13365774		4,40E-07
470	G2628	*Nicotiana tabacum*	gi10241920		6,00E-07
470	G2628	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi18844791		1,80E-06
472	G2632	*Brassica napus*	BNU33885		1,00E-121
472	G2632	*Brassica oleracea*	BZ466456		2,00E-61
472	G2632	*Medicago truncatula*	BI263541		2,00E-53
472	G2632	*Citrus sinensis*	BQ624240		1,00E-48
472	G2632	*Prunus dulcis*	BU573158		1,00E-48
472	G2632	*Helianthus paradoxus*	CF082573		1,00E-38
472	G2632	*Amborella trichopoda*	CD484119		5,00E-36
472	G2632	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK069854		8,00E-36
472	G2632	*Lycopersicon esculentum*	BF113081		1,00E-35
472	G2632	*Triticum*	BT009512		5,00E-34

		aestivum			
472	G2632	*Brassica napus*	gi1173618		1,10E-115
472	G2632	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi27552556		5,30E-38
472	G2632	*Vitis riparia*	gi7141243		1,50E-30
472	G2632	*Oryza sativa*	gi2826786		2,00E-29
472	G2632	*Nicotiana tabacum*	gi4731314		7,00E-20
472	G2632	*Triticum aestivum*	gi1076781		0,05
472	G2632	*Antirrhinum majus*	gi28894445		0,056
472	G2632	*Solanum tuberosum*	gi7688355		0,27
472	G2632	*Vigna unguiculata*	gi9857292		0,38
472	G2632	*Zea mays*	gi829240		0,79
474	G2633	*Medicago truncatula*	AC121232		1,00E-160
474	G2633	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AE017084		1,00E-159
474	G2633	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01002412		1,00E-159
474	G2633	*Oryza sativa*	AP003747		1,00E-154

474	G2633	*Zea mays*	AY109543		1,00E-145
474	G2633	*Vitis vinifera*	CB980495		1,00E-124
474	G2633	*Solanum tuberosum*	BG595264		1,00E-103
474	G2633	*Brassica oleracea*	BH591768		1,00E-103
474	G2633	*Glycine max*	CA800623		1,00E-102
474	G2633	*Lycopersicon esculentum*	BI422927		4,00E-94
474	G2633	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20043021		8,30E-152
474	G2633	*Brassica rapa* subesp. *Pekinensis*	gi28143934		9,60E-71
474	G2633	*Vitis vinifera*	gi20334379		6,90E-61
474	G2633	*Lycopersicon esculentum*	gi31322802		1,10E-60
474	G2633	*Lilium longiflorum*	gi32813435		3,80E-60
474	G2633	*Oryza sativa*	gi14719333		2,20E-57
474	G2633	*Gossypium hirsutum*	gi29122893		7,30E-57
474	G2633	*Argyroxiphium sandwicense* subesp. *macrocephalum*	gi20257438		9,40E-57
474	G2633	*Wilkesia gymnoxiphium*	gi20257432		1,50E-56

474	G2633	*Calycadenia multiglandulosa*	gi20257451		1,50E-56
476	G2636	*Petunia x hybrida*	PHRNANAM		5,00E-80
476	G2636	*Lactuca sativa*	BQ994853		1,00E-71
476	G2636	*Medicago truncatula*	BI308121		2,00E-70
476	G2636	*Glycine max*	AF532619		1,00E-68
476	G2636	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP004679		7,00E-65
476	G2636	*Oryza sativa*	AP003542		7,00E-65
476	G2636	*Brassica napus*	CD830372		6,00E-62
476	G2636	*Thellungiella halophila*	BM985861		1,00E-61
476	G2636	*Lycopersicon esculentum*	AI898478		1,00E-61
476	G2636	*Solanum tuberosum*	BQ518471		1,00E-61
476	G2636	*Petunia x hybrida*	gi1279640		1,60E-75
476	G2636	*Glycine max*	gi22597158		3,00E-67
476	G2636	*Oryza sativa*	gi27529810		1,30E-59
476	G2636	*Zea mays*	gi32527660		5,50E-58
476	G2636	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28411877		7,50E-58

476	G2636	*Triticum sp.*	gi4218537		4,20E-54
476	G2636	*Triticum monococcum*	gi6732160		4,20E-54
476	G2636	*Phaseolus vulgaris*	gi15148912		1,70E-50
476	G2636	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		3,00E-44
476	G2636	*Brassica napus*	gi31322568		7,90E-44
478	G2639	*Brassica oleracea*	BH678678		1,00E-67
478	G2639	*Medicago truncatula*	BE998137		7,00E-47
478	G2639	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU826518		2,00E-43
478	G2639	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK102444		3,00E-41
478	G2639	*Lycopersicon esculentum*	BI208719		2,00E-38
478	G2639	*Oryza sativa*	AP003683		5,00E-38
478	G2639	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01008013		5,00E-38
478	G2639	*Hevea brasiliensis*	CB376600		1,00E-37
478	G2639	*Zea mays*	CC628094		4,00E-36

478	G2639	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA029965		1,00E-33
478	G2639	*Oryza sativa*	gi15528818		2,20E-41
478	G2639	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161862		2,20E-41
478	G2639	*Pinus pinaster*	gi18129286		0,68
478	G2639	*Zea mays*	gi7489714		0,74
478	G2639	*Triticum aestivum*	gi170732		1
478	G2639	*Populus tremuloides*	gi9651406		1
480	G2640	*Brassica oleracea*	BH678678		1,00E-107
480	G2640	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU826518		1,00E-54
480	G2640	*Medicago truncatula*	BE998137		1,00E-52
480	G2640	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK102444		1,00E-42
480	G2640	*Hevea brasiliensis*	CB376600		2,00E-40
480	G2640	*Lycopersicon*	BI205918		3,00E-40

		esculentum			
480	G2640	*Oryza sativa*	AP003683		4,00E-40
480	G2640	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01008013		4,00E-40
480	G2640	*Zea mays*	CC628094		2,00E-37
480	G2640	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA029965		7,00E-35
480	G2640	*Oryza sativa*	gi15528818		1,90E-45
480	G2640	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161862		1,90E-45
480	G2640	*Zea mays*	gi7248461		0,00063
480	G2640	*Brassica napus*	gi17821		0,0011
480	G2640	*Triticum aestivum*	gi21322752		0,0012
480	G2640	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi32454910		0,0022
480	G2640	*Phaseolus vulgaris*	gi121628		0,0042
480	G2640	*Lycopersicon esculentum*	gi19322		0,0051
480	G2640	*Nicotiana sylvestris*	gi121631		0,0061
480	G2640	*Physcomitrella patens*	gi21388660		0,01

482	G2649	*Brassica oleracea*	BH593456		8,00E-72
482	G2649	*Hevea brasiliensis*	CB376600		3,00E-71
482	G2649	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK102444		9,00E-66
482	G2649	*Lycopersicon esculentum*	AW216650		9,00E-65
482	G2649	*Oryza sativa*	AP004319		4,00E-62
482	G2649	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01008013		1,00E-61
482	G2649	*Glycine max*	BG155693		3,00E-54
482	G2649	*Zea mays*	CC628094		1,00E-51
482	G2649	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA029965		3,00E-44
482	G2649	*Medicago truncatula*	BG645979		3,00E-36
482	G2649	*Oryza sativa*	gi15528818		5,80E-64
482	G2649	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161862		5,80E-64
482	G2649	*Nicotiana tabacum*	gi395147		0,7

482	G2649	*Zea mays*	gi100922		0,79
482	G2649	*Physcomitrella patens*	gi14597654		0,91
482	G2649	*Lycopersicon esculentum*	gi1345532		0,95
482	G2649	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi10241429		0,96
482	G2649	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi21218057		0,99
482	G2649	*Pisum sativum*	gi3426304		1
483	G2650	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER427_60	1201	
483	G2650	*Oryza sativa*	OSC2212,C1,p1,fg	1202	
483	G2650	*Oryza sativa*	uC-osrocyp034e01a1	1203	
483	G2650	*Zea mays*	LIB4740-140-A1-K1-E11	1204	
483	G2650	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER112147_1	1205	
483	G2650	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER112147_3	1206	
483	G2650	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER36738_1	1207	
483	G2650	*Oryza sativa*	Os_S23789	1613	

483	G2650	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50042	2066	
483	G2650	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-453738	2067	
484	G2650	*Brassica oleracea*	BH937292		2,00E-40
484	G2650	*Lotus japonicus*	AG245821		9,00E-31
484	G2650	*Glycine max*	CA799031		3,00E-29
484	G2650	*Oryza sativa*	AU096089		5,00E-29
484	G2650	*Hordeum vulgare*	BG301195		8,00E-29
484	G2650	*Zea mays*	CC637450		1,00E-28
484	G2650	*Lactuca sativa*	BU003054		1,00E-28
484	G2650	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	CB680333		1,00E-28
484	G2650	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01007185		1,00E-28
484	G2650	*Medicago truncatula*	BF521010		2,00E-28
484	G2650	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20804689		2,90E-30
484	G2650	*Lupinus albus*	gi20269127		2,00E-17
484	G2650	*Oryza sativa*	gi14164473		3,50E-17

484	G2650	*Lycopersicon esculentum*	gi12002867		3,90E-17
484	G2650	*Pueraria montana* var. *lobata*	gi21624281		4,00E-17
484	G2650	*Arundinella hirta*	gi13649854		6,10E-13
484	G2650	*Linaria vulgaris*	gi29788739		6,80E-12
484	G2650	*Digitalis purpurea*	gi29788741		6,80E-12
484	G2650	*Leymus triticoides*	gi23307807		1,30E-11
484	G2650	*Linaria canadensis*	gi29788737		1,50E-11
486	G2655	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK107555		4,00E-66
486	G2655	*Brassica oleracea*	BH589305		2,00E-64
486	G2655	*Lactuca sativa*	BQ995023		1,00E-60
486	G2655	*Robinia pseudoacacia*	BI677665		1,00E-52
486	G2655	*Glycine max*	BE021887		1,00E-49
486	G2655	*Medicago truncatula*	CA920255		5,00E-49
486	G2655	*Zea mays*	CC617212		3,00E-47
486	G2655	*Oryza sativa* (grupo do	AAAA01002332		9,00E-47

		cultivar *indica*)			
486	G2655	*Cicer arietinum*	CAR011013		3,00E-42
486	G2655	*Arachis hypogaea*	CD038481		3,00E-41
486	G2655	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi19920107		2,00E-61
486	G2655	*Cucumis melo*	gi28558779		1,70E-50
486	G2655	*Cicer arietinum*	gi3641870		5,00E-42
486	G2655	*Zea mays*	gi1420924		9,00E-12
486	G2655	*Phaseolus vulgaris*	gi1142621		2,50E-11
486	G2655	*Petunia x hybrida*	gi10998404		6,80E-10
486	G2655	*Oryza sativa*	gi12643064		2,70E-08
486	G2655	*Perilla frutescens*	gi28375728		7,90E-08
486	G2655	*Tripsacum australe*	gi527663		8,90E-08
486	G2655	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi4206118		2,20E-07
487	G2661	*Oryza sativa*	OSC5501,C1,p4, fg	1208	
488	G2661	*Brassica oleracea*	BH704648		1,00E-29

488	G2661	*Sorghum bicolor*	BZ341609		1,00E-20
488	G2661	*Oryza sativa*	AP003252		2,00E-20
488	G2661	*Zea mays*	CC336314		2,00E-20
488	G2661	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01005031		5,00E-20
488	G2661	*Hordeum vulgare*	BF263465		3,00E-15
488	G2661	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	AT002234		5,00E-15
488	G2661	*Glycine max*	CA783614		7,00E-15
488	G2661	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106119		9,00E-15
488	G2661	*Medicago truncatula*	AC144431		1,00E-14
488	G2661	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20160648		1,60E-22
488	G2661	*Oryza sativa*	gi15528743		2,50E-16
488	G2661	*Tulipa gesneriana*	gi5923912		2,70E-07
488	G2661	*Pinus taeda*	gi6166283		3,50E-07
488	G2661	*Petunia x hybrida*	gi3127045		4,20E-07

488	G2661	*Glycine max*	gi3399777		1,10E-05
488	G2661	*Perilla frutescens*	gi4519199		2,70E-05
488	G2661	*Lycopersicon esculentum*	gi6175252		5,20E-05
488	G2661	*Antirrhinum majus*	gi166428		7,60E-05
488	G2661	*Sorghum bicolor*	gi527665		0,00017
490	G2679	*Glycine max*	BM525733		2,00E-71
490	G2679	*Lycopersicon esculentum*	BI421583		2,00E-60
490	G2679	*Hordeum vulgare*	CD054855		4,00E-55
490	G2679	*Brassica oleracea*	BZ508263		2,00E-53
490	G2679	*Triticum aestivum*	CA600208		5,00E-52
490	G2679	*Beta vulgaris*	BQ583502		3,00E-40
490	G2679	*Triticum monococcum*	BQ800694		4,00E-40
490	G2679	*Medicago truncatula*	BI308837		7,00E-39
490	G2679	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB626016		7,00E-38
490	G2679	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	AK071493		2,00E-37

		japonica)			
490	G2679	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi14587305		3,10E-33
490	G2679	*Glycine max*	gi4218187		2,60E-30
490	G2679	*Zea mays*	gi20152907		0,0046
490	G2679	*Oryza sativa*	gi22535907		0,066
490	G2679	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi29565495		0,066
490	G2679	*Ambrosia trifida*	gi114091		0,085
490	G2679	*Aster tripolium*	gi28804507		0,17
490	G2679	*Helianthus tuberosus*	gi18491030		0,39
490	G2679	*Casuarina glauca*	gi1223652		0,39
490	G2679	*Musa acuminata*	gi12006148		0,4
492	G2682	*Glycine max*	BM525733		4,00E-33
492	G2682	*Brassica oleracea*	BH435758		1,00E-31
492	G2682	*Hordeum vulgare*	CD054855		2,00E-31
492	G2682	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK071493		1,00E-30

492	G2682	*Lycopersicon esculentum*	BI421583		5,00E-30
492	G2682	*Triticum aestivum*	CA600208		2,00E-26
492	G2682	*Zea mays*	AY103668		2,00E-24
492	G2682	*Medicago truncatula*	BI308837		1,00E-23
492	G2682	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB626016		2,00E-20
492	G2682	*Zinnia elegans*	AU294482		2,00E-20
492	G2682	*Glycine max*	gi4218187		5,90E-28
492	G2682	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi14587305		2,10E-21
492	G2682	*Ambrosia trifida*	gi114091		0,03
492	G2682	*Zea mays*	gi20152909		0,037
492	G2682	*Vigna angularis*	gi350610		0,078
492	G2682	*Fritillaria agrestis*	gi2754855		0,089
492	G2682	*Vitis vinifera*	gi7406673		0,16
492	G2682	*Amburana acreana*	gi25453051		0,24
492	G2682	*Hordeum vulgare* subesp.	gi29786353		0,35

		vulgare			
492	G2682	*Oryza sativa*	gi22535907		0,6
494	G2686	*Lycopersicon esculentum*	BG127023		6,00E-21
494	G2686	*Solanum tuberosum*	BE472874		5,00E-20
494	G2686	*Glycine max*	BQ612521		2,00E-19
494	G2686	*Vitis vinifera*	CA813725		4,00E-19
494	G2686	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU815822		2,00E-18
494	G2686	*Nicotiana tabacum*	AF193770		4,00E-18
494	G2686	*Lactuca sativa*	BQ875950		4,00E-17
494	G2686	*Brassica oleracea*	BH574869		6,00E-17
494	G2686	*Capsicum annuum*	CA847397		5,00E-16
494	G2686	*Medicago truncatula*	AW560120		5,00E-16
494	G2686	*Nicotiana tabacum*	gi7406995		3,40E-20
494	G2686	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20303630		1,90E-16
494	G2686	*Matricaria chamomilla*	gi17385638		1,60E-15
494	G2686	*Oryza sativa*	gi15290030		5,60E-14

494	G2686	*Petroselinum crispum*	gi11493824		2,10E-12
494	G2686	*Solanum tuberosum*	gi24745606		6,20E-12
494	G2686	*Capsella rubella*	gi27817201		9,20E-09
494	G2686	*Avena sativa*	gi4894963		4,60E-08
494	G2686	*Retama raetam*	gi18158619		2,40E-07
494	G2686	*Solanum dulcamara*	gi16588566		4,20E-07
496	G2690	*Brassica oleracea*	BH516775		1,00E-105
496	G2690	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK065008		5,00E-39
496	G2690	*Oryza sativa*	AP002913		5,00E-39
496	G2690	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01002497		1,00E-35
496	G2690	*Helianthus annuus*	BQ971511		4,00E-35
496	G2690	*Triticum aestivum*	BT009310		2,00E-34
496	G2690	*Zea mays*	CC616336		3,00E-33
496	G2690	*Brassica napus*	CB686050		3,00E-33
496	G2690	*Hordeum vulgare* subesp.	BU994579		4,00E-28

		vulgare			
496	G2690	*Gossypium arboreum*	BQ405698		7,00E-27
496	G2690	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi12328553		9,90E-39
496	G2690	*Marchantia polymorpha*	gi25272004		9,70E-15
496	G2690	*Solanum tuberosum*	gi1688233		3,60E-07
496	G2690	*Lycopersicon esculentum*	gi28274830		4,00E-07
496	G2690	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi1730475		5,00E-07
496	G2690	*Eragrostis tef*	gi17906977		1,10E-06
496	G2690	*Atriplex hortensis*	gi8571476		1,20E-06
496	G2690	*Daucus carota*	gi5578746		1,20E-06
496	G2690	*Nicotiana tabacum*	gi3065895		1,80E-06
496	G2690	*Zea mays*	gi21908036		1,90E-06
498	G2691	*Brassica oleracea*	BH591758		7,00E-29
498	G2691	*Beta vulgaris*	BQ591872		2,00E-15
498	G2691	*Lycopersicon esculentum*	BD194704		1,00E-14
498	G2691	*Gossypium*	BF279235		7,00E-13

		arboreum			
498	G2691	*Nicotiana tabacum*	AF058827		7,00E-13
498	G2691	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BQ791746		2,00E-12
498	G2691	*Brassica napus*	BQ704534		3,00E-11
498	G2691	*Medicago truncatula*	AJ503842		9,00E-11
498	G2691	*Lactuca sativa*	BQ873772		9,00E-11
498	G2691	*Helianthus argophyllus*	CF091307		1,00E-10
498	G2691	*Lycopersicon esculentum*	gi2213785		5,00E-19
498	G2691	*Nicotiana tabacum*	gi3065895		5,10E-17
498	G2691	*Oryza sativa*	gi9049421		3,70E-11
498	G2691	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi33087061		1,10E-08
498	G2691	*Thellungiella halophila*	gi20340233		2,00E-07
498	G2691	*Narcissus pseudonarcissus*	gi18266198		2,50E-07
498	G2691	*Solanum tuberosum*	gi28268684		4,00E-07
498	G2691	*Prunus armeniaca*	gi3264767		3,50E-06

498	G2691	*Fagus sylvatica*	gi18496063		6,60E-06
498	G2691	*Zea mays*	gi27802487		1,00E-05
500	G2694	*Zea mays*	BZ743538		4,4
500	G2694	*Sorghum bicolor*	CD463350		5,8
500	G2694	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32479831		0,04
502	G2699	*Lotus japonicus*	AP006085		1,00E-137
502	G2699	*Medicago truncatula*	AC137703		1,00E-132
502	G2699	*Oryza sativa*	AP003823		1,00E-123
502	G2699	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005149		1,00E-123
502	G2699	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000614		1,00E-123
502	G2699	*Brassica oleracea*	BH956190		8,00E-65
502	G2699	*Zea mays*	CC730365		2,00E-62
502	G2699	*Solanum tuberosum*	BF052580		9,00E-50
502	G2699	*Lycopersicon esculentum*	BG123921		2,00E-45

502	G2699	*Glycine max*	BE473856		2,00E-33
502	G2699	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28564823		4,10E-118
502	G2699	*Lycopersicon esculentum*	gi13620224		8,30E-33
502	G2699	*Brassica napus*	gi13170126		2,20E-27
502	G2699	*Oryza sativa*	gi13937306		3,90E-27
502	G2699	*Zea mays*	gi5640155		4,00E-27
502	G2699	*Lilium longiflorum*	gi32813435		4,80E-27
502	G2699	*Capsella rubella*	gi13620166		1,10E-26
502	G2699	*Triticum aestivum*	gi5640157		1,70E-26
502	G2699	*Hordeum vulgare*	gi18254373		4,30E-26
502	G2699	*Dubautia menziesii*	gi20257471		2,90E-25
504	G2702	*Glycine max*	AW234074		3,00E-52
504	G2702	*Triticum aestivum*	CA730325		8,00E-47
504	G2702	*Medicago truncatula*	BI311137		2,00E-46
504	G2702	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	BP184381		3,00E-46
504	G2702	*Oryza sativa*	AX699721		5,00E-46

504	G2702	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU998112		9,00E-46
504	G2702	*Lycopersicon esculentum*	LETHM1		2,00E-45
504	G2702	*Eschscholzia californica*	CD480267		3,00E-45
504	G2702	*Sorghum bicolor*	CD226268		6,00E-45
504	G2702	*Triphysaria versicolor*	BM356984		6,00E-45
504	G2702	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20146436		7,50E-48
504	G2702	*Oryza sativa*	gi13486737		2,00E-47
504	G2702	*Lycopersicon esculentum*	gi1167486		7,70E-46
504	G2702	*Dendrobium sp. XMW-2002-2*	gi28628949		6,20E-44
504	G2702	*Hordeum vulgare*	gi19059		1,60E-43
504	G2702	*Gossypium hirsutum*	gi13346194		2,90E-43
504	G2702	*Nicotiana tabacum*	gi6552389		1,20E-40
504	G2702	*Fragaria x ananassa*	gi15082210		2,50E-40
504	G2702	*Antirrhinum*	gi82310		4,40E-40

		majus			
504	G2702	*Petunia x hybrida*	gi20561		5,20E-40
505	G2717	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER16793_1	1209	
505	G2717	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER16793_3	1210	
505	G2717	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER23207_1	1211	
505	G2717	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER30577_1	1212	
505	G2717	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER30577_4	1213	
505	G2717	*Glycine max*	LIB3053-003-Q1-N1-A7	1214	
505	G2717	*Glycine max*	jC-gmle01810024c12a1	1215	
505	G2717	*Oryza sativa*	AU075998,1	1216	
505	G2717	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER275001_1	1217	
505	G2717	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER62825_1	1218	
505	G2717	*Oryza sativa*	OSC100863,C1,p7,fg	1219	
505	G2717	*Oryza sativa*	OSC17223,C1,p2,fg	1220	
505	G2717	*Oryza sativa*	OSC21325,C1,p9,fg	1221	

505	G2717	*Zea mays*	LIB3689-236-Q1-K6-H9	1222	
505	G2717	*Zea mays*	LIB4758-055-R2-K1-G11	1223	
505	G2717	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER25294_1	1224	
505	G2717	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER25294_2	1225	
505	G2717	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER304_164	1226	
505	G2717	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER304_172	1227	
505	G2717	*Oryza sativa*	Os_S96374	1614	
505	G2717	*Glycine max*	Gma_S4993926	1670	
505	G2717	*Hordeum vulgare*	Hv_S134310	1744	
505	G2717	*Zea mays*	Zm_S11527070	1818	
505	G2717	*Triticum aestivum*	Ta_S167441	1907	
505	G2717	*Triticum aestivum*	Ta_S275432	1908	
505	G2717	*Triticum aestivum*	Ta_S88094	1909	
505	G2717	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-51988	2068	
505	G2717	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-393701	2069	
506	G2717	*Brassica napus*	CD814949		7,00E-90
506	G2717	*Oryza sativa* (grupo do	AK100618		2,00E-74

		cultivar *japonica*)			
506	G2717	*Lycopersicon esculentum*	BG127613		3,00E-65
506	G2717	*Vitis vinifera*	CB007263		5,00E-63
506	G2717	*Ipomoea nil*	BJ563043		2,00E-61
506	G2717	*Medicago truncatula*	BF003720		3,00E-61
506	G2717	*Pennisetum ciliare*	BM084769		2,00E-58
506	G2717	*Glycine max*	BU964889		3,00E-55
506	G2717	*Solanum tuberosum*	BQ119267		2,00E-54
506	G2717	*Hordeum vulgare*	BM816006		4,00E-52
506	G2717	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20146249		1,10E-69
506	G2717	*Zea mays*	gi18463961		1,80E-39
506	G2717	*Petroselinum crispum*	gi2224899		7,80E-21
506	G2717	*Nicotiana tabacum*	gi1084419		2,20E-14
506	G2717	*Triticum aestivum*	gi283024		5,10E-14
506	G2717	*Fritillaria liliacea*	gi15281590		1,10E-13
506	G2717	*Lycopersicon esculentum*	gi3021487		5,40E-13

506	G2717	*Fritillaria agrestis*	gi2641211		2,70E-12
506	G2717	*Medicago truncatula*	gi32966575		3,10E-11
506	G2717	*Lens culinaris*	gi13540405		6,10E-11
507	G2718	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER31802_1	1057	
507	G2718	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER586_102	1058	
507	G2718	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER586_116	1059	
507	G2718	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER8724_1	1060	
507	G2718	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER8724_2	1061	
507	G2718	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER30974_3	1063	
507	G2718	*Oryza sativa*	OSC20053,C1,p5,fg	1064	
507	G2718	*Oryza sativa*	OSC20055,C1,p5,fg	1065	
507	G2718	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER69699_1	1066	
507	G2718	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER69699_2	1067	
507	G2718	*Glycine max*	Gma_S4901946	1663	
507	G2718	*Triticum aestivum*	Ta_S45274	1883	
508	G2718	*Brassica oleracea*	BH961028		1,00E-24

508	G2718	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU831849		3,00E-21
508	G2718	*Populus balsamifera* subesp. *Trichocarpa*	BU872107		3,00E-21
508	G2718	*Vitis vinifera*	BM437313		6,00E-20
508	G2718	*Vitis aestivalis*	CB289238		3,00E-19
508	G2718	*Glycine max*	BI699876		2,00E-18
508	G2718	*Pinus pinaster*	AL750151		4,00E-16
508	G2718	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	AV911235		1,00E-12
508	G2718	*Nuphar advena*	CD473522		2,00E-12
508	G2718	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	CB684618		4,00E-12
508	G2718	*Solanum tuberosum*	gi9954118		7,20E-11
508	G2718	*Vitis labrusca x Vitis vinifera*	gi22266671		3,10E-10
508	G2718	*Gossypium hirsutum*	gi23476287		3,10E-10
508	G2718	*Gossypium*	gi23476291		3,10E-10

		raimondii			
508	G2718	*Gossypium herbaceum*	gi23476293		3,10E-10
508	G2718	*Gossypioides kirkii*	gi23476295		3,10E-10
508	G2718	*Fragaria x ananassa*	gi15082210		5,00E-10
508	G2718	*Oryza sativa*	gi19072770		6,40E-10
508	G2718	*Zea luxurians*	gi15042120		8,20E-10
508	G2718	*Zea mays*	gi19548449		8,20E-10
509	G2723	*Oryza sativa*	rsicek_8958,y1,abd	1228	
510	G2723	*Brassica rapa*	L38243		8,00E-40
510	G2723	*Vitis vinifera*	CB920052		1,00E-26
510	G2723	*Populus tremula*	BU890694		2,00E-26
510	G2723	*Phaseolus coccineus*	CA897021		6,00E-25
510	G2723	*Eucalyptus grandis*	CD669972		3,00E-24
510	G2723	*Glycine max*	BG726181		5,00E-24
510	G2723	*Lycopersicon esculentum*	AJ320067		3,00E-23
510	G2723	*Lotus japonicus*	AP004546		3,00E-23
510	G2723	*Solanum tuberosum*	BI433702		7,00E-23
510	G2723	*Capsicum annuum*	BM060888		6,00E-22
510	G2723	*Lycopersicon*	gi7981380		2,50E-24

		esculentum			
510	G2723	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161824		1,10E-21
510	G2723	*Oryza sativa*	gi5091605		3,80E-21
510	G2723	*Hevea brasiliensis*	gi12005328		1,20E-14
510	G2723	*Antirrhinum majus*	gi18874265		7,30E-14
510	G2723	*Glycine max*	gi19911577		5,40E-13
510	G2723	*Solanum demissum*	gi15209176		8,30E-13
510	G2723	*Lilium longiflorum*	gi31442292		0,0034
510	G2723	*Volvox carteri f. nagariensis*	gi4633127		0,012
510	G2723	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi10443488		0,64
511	G2741	*Glycine max*	BG508638,1	1229	
511	G2741	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER5654_1	1230	
511	G2741	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER5654_2	1231	
511	G2741	*Oryza sativa*	OSC102289,C1,p18,fg	1232	
511	G2741	*Oryza sativa*	OSC5384,C1,p5,fg	1233	

511	G2741	*Oryza sativa*	rsicen_25533,y1,abd	1234	
511	G2741	*Oryza sativa*	rsicen_8566,y1,abd	1235	
511	G2741	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER73638_1	1236	
511	G2741	*Glycine max*	Gma_S4922181	1671	
511	G2741	*Hordeum vulgare*	Hv_S24580	1745	
511	G2741	*Zea mays*	Zm_S11434269	1819	
511	G2741	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50878	2070	
511	G2741	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-356106	2071	
512	G2741	*Oryza sativa*	AP003277		2,00E-56
512	G2741	*Brassica oleracea*	BZ506408		6,00E-48
512	G2741	*Zea mays*	BZ709707		1,00E-47
512	G2741	*Glycine max*	CA953428		4,00E-45
512	G2741	*Lycopersicon esculentum*	BE432293		3,00E-39
512	G2741	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AC130607		7,00E-39
512	G2741	*Hordeum vulgare*	BE559431		2,00E-37
512	G2741	*Oryza minuta*	CB210034		2,00E-34
512	G2741	*Oryza sativa* (grupo do	AAAA01011300		5,00E-34

		cultivar *indica*)			
512	G2741	*Lactuca sativa*	BU000462		1,00E-33
512	G2741	*Oryza sativa*	gi15289981		3,20E-57
512	G2741	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20160613		9,30E-29
512	G2741	*Zea mays*	gi13661174		3,00E-25
512	G2741	*Oryza glaberrima*	gi31338862		2,50E-13
512	G2741	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		7,60E-13
512	G2741	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		3,20E-11
512	G2741	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		7,90E-11
512	G2741	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		1,20E-09
512	G2741	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		4,30E-09
512	G2741	*Pisum sativum*	gi23504755		0,063
514	G2743	*Medicago truncatula*	CF068634		3,00E-50
514	G2743	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	AK064355		2,00E-49

		japonica)			
514	G2743	*Solanum tuberosum*	BQ513305		2,00E-40
514	G2743	*Lycopersicon pennellii*	AW398166		7,00E-40
514	G2743	*Populus tremuloides*	CA926221		4,00E-38
514	G2743	*Brassica oleracea*	BH485910		9,00E-37
514	G2743	*Lycopersicon esculentum*	BE450553		3,00E-36
514	G2743	*Glycine max*	BM524732		3,00E-33
514	G2743	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU988945		1,00E-30
514	G2743	*Prunus armeniaca*	CB820349		4,00E-27
514	G2743	*Oryza sativa*	gi11034542		1,50E-49
514	G2743	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31415946		4,50E-41
514	G2743	*Zea mays*	gi14189890		4,30E-12
514	G2743	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		5,00E-12
514	G2743	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		1,80E-10
514	G2743	*Solanum*	gi32470629		2,40E-09

		bulbocastanum			
514	G2743	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		4,80E-09
514	G2743	*Oryza glaberrima*	gi31338862		1,30E-08
514	G2743	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		8,10E-08
514	G2743	*Hordeum vulgare*	gi12406993		0,079
516	G2747	*Brassica oleracea*	BH542430		1,00E-110
516	G2747	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01011764		1,00E-51
516	G2747	*Lycopersicon esculentum*	BI934304		3,00E-51
516	G2747	*Oryza sativa*	AX654655		7,00E-51
516	G2747	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106367		3,00E-50
516	G2747	*Lactuca sativa*	BU005803		1,00E-49
516	G2747	*Zea mays*	AC144718		9,00E-44
516	G2747	*Solanum tuberosum*	BQ119486		1,00E-43
516	G2747	*Capsicum annuum*	BM063508		1,00E-42

516	G2747	*Glycine max*	AW760132		3,00E-39
516	G2747	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21426118		2,80E-52
516	G2747	*Marchantia polymorpha*	gi25272004		7,10E-39
516	G2747	*Oryza sativa*	gi19352041		2,30E-09
516	G2747	*Prunus persica*	gi27450533		7,10E-09
516	G2747	*Mangifera indica*	gi31747324		3,60E-08
516	G2747	*Eragrostis tef*	gi17906977		7,70E-08
516	G2747	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi1730475		1,00E-07
516	G2747	*Phaseolus vulgaris*	gi1046278		9,40E-07
516	G2747	*Pisum sativum*	gi22335711		1,20E-06
516	G2747	*Zea mays*	gi100922		4,00E-06
517	G2754	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER34285_1	1237	
517	G2754	*Glycine max*	LIB4167-054-R1-K1-B3	1238	
517	G2754	*Oryza sativa*	AU062733,2	1239	
517	G2754	*Oryza sativa*	LIB4309-004-Q1-K1-B9	1240	
517	G2754	*Oryza sativa*	OSC13803,C1,p1,fg	1241	
517	G2754	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-	1242	

			CLUSTER33736_2		
517	G2754	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER41889_1	1243	
517	G2754	*Oryza sativa*	Os_S24071	1615	
517	G2754	*Hordeum vulgare*	Hv_S103555	1746	
517	G2754	*Zea mays*	Zm_S11456823	1820	
517	G2754	*Zea mays*	Zm_S11521388	1821	
517	G2754	*Zea mays*	Zm_S11523999	1822	
517	G2754	*Triticum aestivum*	Ta_S210098	1910	
517	G2754	*Triticum aestivum*	Ta_S272733	1911	
518	G2754	*Zea mays*	AF461813		1,0e-999
518	G2754	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK100732		1,00E-128
518	G2754	*Chenopodium amaranticolor*	AX652119		1,00E-111
518	G2754	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000051		2,00E-92
518	G2754	*Triticum aestivum*	CA499811		6,00E-90
518	G2754	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CB882737		4,00E-86

518	G2754	*Lactuca sativa*	BU006379		7,00E-86
518	G2754	*Oryza sativa*	AP004006		6,00E-84
518	G2754	*Medicago truncatula*	BQ122721		1,00E-83
518	G2754	*Nicotiana tabacum*	BP129768		6,00E-77
518	G2754	*Zea mays*	gi18463957		3,30E-251
518	G2754	*Oryza sativa*	gi12083522		1,70E-132
518	G2754	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21952816		5,30E-86
518	G2754	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi23193479		1,20E-83
518	G2754	*Hordeum vulgare*	gi23193481		5,60E-82
518	G2754	*Triticum monococcum*	gi23193487		1,20E-81
518	G2754	*Glycine max*	gi25172762		3,30E-15
518	G2754	*Nicotiana tabacum*	gi8096269		0,54
518	G2754	*Lycopersicon esculentum*	gi4731573		0,87
518	G2754	*Alnus glutinosa*	gi2467082		0,9
520	G2757	*Brassica napus*	CD833979		1,00E-109
520	G2757	*Brassica oleracea*	BH475285		3,00E-85

520	G2757	*Glycine max*	AI494758		4,00E-29
520	G2757	*Medicago truncatula*	CB891664		2,00E-27
520	G2757	*Ipomoea nil*	BJ553668		4,00E-26
520	G2757	*Oryza sativa*	AC084763		1,00E-25
520	G2757	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AE017120		1,00E-25
520	G2757	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000681		1,00E-25
520	G2757	*Zea mays*	BZ420052		5,00E-25
520	G2757	*Lycopersicon esculentum*	BG132323		1,00E-24
520	G2757	*Oryza sativa*	gi12597883		3,90E-39
520	G2757	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31433545		3,90E-39
520	G2757	*Nicotiana tabacum*	gi18149189		1,50E-14
520	G2757	*Zea mays*	gi5731354		0,97
520	G2757	*Glycine max*	gi18182311		0,99
520	G2757	*Zinnia elegans*	gi531098		0,99
520	G2757	*Chloroplast Phaseolus vulgaris*	gi21309708		1
520	G2757	*Phalaenopsis*	gi1173628		1

		sp. SM9108			
520	G2757	*Ranunculus ficaria*	gi27995073		1
520	G2757	*Cucumis melo*	gi7595346		1
521	G2763	*Hordeum vulgare*	Hv_S114962	1747	
522	G2763	*Brassica oleracea*	BH560418		3,00E-75
522	G2763	*Thellungiella halophila*	BM986046		3,00E-73
522	G2763	*Poncirus trifoliata*	CD575942		3,00E-54
522	G2763	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU896429		2,00E-50
522	G2763	*Ipomoea nil*	BJ574783		1,00E-48
522	G2763	*Solanum tuberosum*	BG351877		2,00E-47
522	G2763	*Glycine max*	CD415130		8,00E-43
522	G2763	*Lycopersicon esculentum*	BM409924		9,00E-42
522	G2763	*Medicago truncatula*	AC135100		9,00E-42
522	G2763	*Theobroma cacao*	CA797288		4,00E-41
522	G2763	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24059889		4,80E-21

522	G2763	*Tulipa gesneriana*	gi5923912		0,03
522	G2763	*Ananas comosus*	gi25044805		0,034
522	G2763	*Oryza sativa*	gi5852091		0,29
522	G2763	*Oryza longistaminata*	gi1086530		0,66
522	G2763	*Zea mays*	gi1244653		0,76
522	G2763	*Oryza rufipogon*	gi1086536		0,85
522	G2763	*Quercus robur*	gi33111961		0,98
522	G2763	*Triticum monococcum*	gi30090030		1
522	G2763	*Glycine max*	gi3399777		1
524	G2765	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106649		4,00E-61
524	G2765	*Lycopersicon esculentum*	AI488313		5,00E-60
524	G2765	*Brassica oleracea*	BH582059		4,00E-51
524	G2765	*Glycine max*	BE020519		2,00E-50
524	G2765	*Oryza sativa* subesp. *japonica*	AU093196		4,00E-49
524	G2765	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU813371		1,00E-37
524	G2765	*Medicago*	BF647687		2,00E-37

		truncatula			
524	G2765	*Pinus pinaster*	BX252556		1,00E-32
524	G2765	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU869748		4,00E-32
524	G2765	*Zea mays*	BZ644709		3,00E-31
524	G2765	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32129332		2,30E-30
524	G2765	*Oryza sativa*	gi10800070		3,80E-28
524	G2765	*Pennisetum glaucum*	gi527655		8,40E-09
524	G2765	*Perilla frutescens*	gi28375728		1,30E-08
524	G2765	*Sorghum bicolor*	gi527665		1,40E-08
524	G2765	*Oryza australiensis*	gi1086526		1,80E-08
524	G2765	*Oryza rufipogon*	gi1086536		2,30E-08
524	G2765	*Phyllostachys acuta*	gi527661		3,80E-08
524	G2765	*Oryza longistaminata*	gi1086530		4,90E-08
524	G2765	*Oryza officinalis*	gi1086534		1,00E-07
525	G2768	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER48270_1	1244	

525	G2768	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER48270_2	1245	
525	G2768	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER48270_6	1246	
525	G2768	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER777019_1	1247	
525	G2768	*Glycine max*	LIB4165-033-Q1-K1-E7	1248	
525	G2768	*Glycine max*	jC-gmle01810065e09d1	1249	
525	G2768	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER22_6	1250	
525	G2768	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER22_7	1251	
525	G2768	*Oryza sativa*	OSC10851,C1,p4,fg	1252	
525	G2768	*Oryza sativa*	OSC19157,C1,p4,fg	1253	
525	G2768	*Oryza sativa*	OSC32936,C1,p1,fg	1254	
525	G2768	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER21189_1	1255	
525	G2768	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER21189_3	1256	
525	G2768	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER35998_1	1257	
525	G2768	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER692790_	1258	

			1		
525	G2768	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER697_56	1259	
525	G2768	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER697_59	1260	
525	G2768	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER697_60	1261	
525	G2768	*Hordeum vulgare*	Hv_S30775	1748	
525	G2768	*Triticum aestivum*	Ta_S127458	1912	
525	G2768	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-49806	2072	
525	G2768	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-51288	2073	
525	G2768	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-13430	2074	
526	G2768	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106568		1,00E-146
526	G2768	*Beta vulgaris*	BQ589936		7,00E-72
526	G2768	*Brassica oleracea*	BZ518223		2,00E-64
526	G2768	*Medicago truncatula*	AC119408		2,00E-56
526	G2768	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BQ758728		2,00E-56

526	G2768	*Sorghum bicolor*	CD222928		9,00E-56
526	G2768	*Lycopersicon esculentum*	BI931469		3,00E-53
526	G2768	*Oryza sativa*	AC087545		2,00E-49
526	G2768	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000530		2,00E-49
526	G2768	*Ceratopteris richardii*	BE640922		1,00E-35
526	G2768	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31432245		9,90E-155
526	G2768	*Oryza sativa*	gi14028993		2,00E-08
526	G2768	*Nicotiana plumbaginifolia*	gi3850823		1,50E-07
526	G2768	*Lycopersicon esculentum*	gi9858779		3,70E-06
526	G2768	*Cucurbita maxima*	gi17221648		1,10E-05
526	G2768	*Ipomoea nil*	gi11127996		3,80E-05
526	G2768	*Rosa hybrid cultivar*	gi15029364		0,0001
526	G2768	*Pisum sativum*	gi7688063		0,00022
526	G2768	*Hordeum vulgare* subesp.	gi520943		0,00053

		vulgare			
526	G2768	*Hordeum vulgare*	gi629788		0,00053
528	G2771	*Glycine max*	CA783908		1,00E-35
528	G2771	*Brassica oleracea*	BZ510921		3,00E-33
528	G2771	*Lycopersicon esculentum*	BE431510		1,00E-30
528	G2771	*Amborella trichopoda*	CD482068		1,00E-29
528	G2771	*Prunus dulcis*	BU574318		2,00E-29
528	G2771	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK060505		6,00E-28
528	G2771	*Solanum tuberosum*	BG591063		4,00E-27
528	G2771	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU866069		4,00E-27
528	G2771	*Oryza minuta*	CB209966		1,00E-26
528	G2771	*Sorghum bicolor*	BE598711		2,00E-26
528	G2771	*Oryza sativa*	gi31043851		6,10E-27
528	G2771	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi23495742		3,10E-25
528	G2771	*Tulipa*	gi5923912		1,40E-14

		gesneriana			
528	G2771	*Oryza rufipogon*	gi1086538		1,70E-07
528	G2771	*Pennisetum glaucum*	gi527653		1,70E-07
528	G2771	*Phyllostachys acuta*	gi527661		1,70E-07
528	G2771	*Sorghum bicolor*	gi527665		1,70E-07
528	G2771	*Gossypium hirsutum*	gi13346180		1,10E-06
528	G2771	*Zea mays*	gi100921		1,20E-06
528	G2771	*Oryza officinalis*	gi1086534		1,20E-06
529	G2776	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER10667_1	1262	
529	G2776	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER249_1	1263	
529	G2776	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER27648_1	1264	
529	G2776	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER318_3	1265	
529	G2776	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER318_5	1266	
529	G2776	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER362284_1	1267	
529	G2776	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER38253_1	1268	
529	G2776	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-	1269	

			CLUSTER92523_2		
529	G2776	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER92523_4	1270	
529	G2776	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER278119_1	1271	
529	G2776	*Oryza sativa*	OSC21904,C1,p3,fg	1272	
529	G2776	*Oryza sativa*	OSC22826,C1,p11,fg	1273	
529	G2776	*Oryza sativa*	OSC6897,C1,p1,fg	1274	
529	G2776	*Oryza sativa*	OSC9960,C1,p2,fg	1275	
529	G2776	*Oryza sativa*	OSC9961,C1,p3,fg	1276	
529	G2776	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER607309_1	1277	
529	G2776	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER81320_1	1278	
529	G2776	*Glycine max*	Gma_S4925755	1672	
529	G2776	*Glycine max*	Gma_S5146563	1673	
529	G2776	*Triticum aestivum*	Ta_S121078	1913	
529	G2776	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-49159	2075	
529	G2776	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-357057	2076	
530	G2776	*Brassica*	BZ437288		5,00E-48

		oleracea			
530	G2776	*Glycine max*	AF069738		2,00E-47
530	G2776	*Lotus japonicus*	AI967554		4,00E-46
530	G2776	*Lycopersicon esculentum*	AI896266		1,00E-45
530	G2776	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU884552		4,00E-43
530	G2776	*Medicago truncatula*	AW775712		4,00E-40
530	G2776	*Mesembryanthemum crystallinum*	AF097665		2,00E-38
530	G2776	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AC145380		2,00E-33
530	G2776	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000416		2,00E-33
530	G2776	*Triticum aestivum*	BQ483543		2,00E-30
530	G2776	*Glycine max*	gi3399777		1,40E-48
530	G2776	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi4206118		7,40E-41
530	G2776	*Oryza sativa*	gi29788848		4,70E-33

		(grupo do cultivar *japonica*)			
530	G2776	*Oryza sativa*	gi18542931		6,60E-24
530	G2776	*Phaseolus vulgaris*	gi1142619		6,10E-19
530	G2776	*Lycopersicon esculentum*	gi6175252		5,80E-16
530	G2776	*Zea mays*	gi4321762		4,70E-15
530	G2776	*Petunia x hybrida*	gi10998404		2,30E-14
530	G2776	*Pennisetum glaucum*	gi527653		2,80E-12
530	G2776	*Phyllostachys acuta*	gi527661		7,80E-12
532	G2777	*Medicago truncatula*	BF521311		1,00E-64
532	G2777	*Brassica napus*	CD813382		1,00E-64
532	G2777	*Citrus sinensis*	CB293518		6,00E-56
532	G2777	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK071315		2,00E-53
532	G2777	*Glycine max*	AW832440		5,00E-53
532	G2777	*Lactuca sativa*	BQ870016		1,00E-52
532	G2777	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BG544499		3,00E-52
532	G2777	*Populus*	BU831324		4,00E-40

		tremula x Populus tremuloides			
532	G2777	*Brassica oleracea*	BZ432234		4,00E-38
532	G2777	*Lycopersicon esculentum*	BI926824		5,00E-37
532	G2777	*Phyllostachys acuta*	gi527661		1,20E-06
532	G2777	*Pennisetum glaucum*	gi527655		2,00E-06
532	G2777	*Lycopersicon esculentum*	gi23600383		2,10E-06
532	G2777	*Sorghum bicolor*	gi527665		5,30E-06
532	G2777	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi22758263		6,10E-06
532	G2777	*Tripsacum australe*	gi527663		6,80E-06
532	G2777	*Phaseolus vulgaris*	gi1142621		8,60E-06
532	G2777	*Oryza rufipogon*	gi1086536		8,70E-06
532	G2777	*Oryza australiensis*	gi1086526		1,80E-05
532	G2777	*Oryza sativa*	gi15451582		2,10E-05
534	G2779	*Glycine max*	BE347561		4,00E-47
534	G2779	*Populus*	BU811904		2,00E-43

		tremula x Populus tremuloides			
534	G2779	*Medicago truncatula*	CB066613		1,00E-29
534	G2779	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK059041		2,00E-29
534	G2779	*Triticum aestivum*	BJ211785		5,00E-29
534	G2779	*Zea mays*	CB604124		1,00E-28
534	G2779	*Lycopersicon esculentum*	AI490119		3,00E-28
534	G2779	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	CB828026		3,00E-28
534	G2779	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA003238		7,00E-28
534	G2779	*Capsicum annuum*	CA522636		7,00E-28
534	G2779	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20804997		1,20E-30
534	G2779	*Tulipa gesneriana*	gi5923912		2,30E-30
534	G2779	*Oryza sativa*	gi11862964		7,90E-28

534	G2779	*Pinus taeda*	gi6166283		4,20E-10
534	G2779	*Glycine max*	gi3399777		3,00E-05
534	G2779	*Gossypium hirsutum*	gi13346182		5,30E-05
534	G2779	*Sorghum bicolor*	gi527665		0,00018
534	G2779	*Brassica napus*	gi27650307		0,00023
534	G2779	*Petunia x hybrida*	gi10998404		0,0005
534	G2779	*Phaseolus vulgaris*	gi1142621		0,00071
536	G2783	*Nicotiana plumbaginifolia*	NPL292767		1,00E-127
536	G2783	*Zea mays*	AY107267		1,00E-125
536	G2783	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK101593		1,00E-124
536	G2783	*Gossypium hirsutum*	CA993585		1,00E-113
536	G2783	*Beta vulgaris*	BVU313097		1,00E-110
536	G2783	*Medicago truncatula*	CB893695		1,00E-104
536	G2783	*Triticum aestivum*	BT009299		1,00E-102
536	G2783	*Nicotiana tabacum*	AF029351		3,00E-97
536	G2783	*Glycine max*	CA784546		1,00E-96
536	G2783	*Gossypium*	BF278029		8,00E-94

		arboreum			
536	G2783	*Nicotiana plumbaginifolia*	gi9663767		9,00E-123
536	G2783	*Oryza sativa*	gi12583812		2,50E-120
536	G2783	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488785		2,50E-120
536	G2783	*Beta vulgaris*	gi30524689		1,60E-107
536	G2783	*Nicotiana tabacum*	gi2708532		3,70E-94
536	G2783	*Sorghum bicolor*	gi22208507		2,70E-28
536	G2783	*Zea mays*	gi23928438		5,10E-25
536	G2783	*Solanum tuberosum*	gi17432522		7,90E-22
536	G2783	*Nicotiana sylvestris*	gi100293		5,40E-19
536	G2783	*Cucumis sativus*	gi7528270		6,70E-18
537	G2784	*Glycine max*	Gma_S5128871	1674	
537	G2784	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-68213	2077	
538	G2784	*Brassica oleracea*	BH966813		6,00E-65
538	G2784	*Mesembryanthemum crystallinum*	BE034373		2,00E-62
538	G2784	*Glycine max*	BE659785		2,00E-60

538	G2784	*Populus tremula*	BU821418		1,00E-42
538	G2784	*Lycopersicon esculentum*	AW218420		2,00E-35
538	G2784	*Solanum tuberosum*	BQ115041		2,00E-31
538	G2784	*Oryza sativa*	OSJN00052		8,00E-31
538	G2784	*Zea mays*	CC656270		8,00E-29
538	G2784	*Pinus taeda*	BF516719		6,00E-27
538	G2784	*Medicago truncatula*	BG589047		2,00E-26
538	G2784	*Oryza sativa*	gi21740764		4,30E-68
538	G2784	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31433498		8,30E-30
538	G2784	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi18137		0,36
538	G2784	*Lycopersicon esculentum*	gi170408		0,96
538	G2784	*Physcomitrella patens*	gi11181645		0,98
538	G2784	*Nicotiana tabacum*	gi237857		1
540	G2790	*Brassica oleracea*	BH660922		1,00E-35
540	G2790	*Medicago truncatula*	BQ124408		5,00E-27
540	G2790	*Oryza sativa* (grupo do	AK072833		6,00E-27

		cultivar *japonica*)			
540	G2790	*Populus tremula* x *Populus tremuloides*	BU895329		9,00E-26
540	G2790	*Gossypium arboreum*	BG440718		1,00E-25
540	G2790	*Glycine max*	BG046947		2,00E-25
540	G2790	*Solanum tuberosum*	BQ514720		4,00E-25
540	G2790	*Gossypium hirsutum*	CA993210		1,00E-24
540	G2790	*Lycopersicon esculentum*	AF096263		2,00E-24
540	G2790	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	AI166770		4,00E-24
540	G2790	*Oryza sativa*	gi14488370		8,00E-28
540	G2790	*Brassica napus*	gi11045087		3,10E-26
540	G2790	*Lycopersicon esculentum*	gi5669656		1,00E-25
540	G2790	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32480231		2,20E-25
540	G2790	*Glycine max*	gi3399777		0,0012
540	G2790	*Pennisetum glaucum*	gi527657		0,002

540	G2790	*Tulipa gesneriana*	gi5923912		0,004
540	G2790	*Zea mays*	gi18568238		0,009
540	G2790	*Phaseolus vulgaris*	gi1142621		0,022
540	G2790	*Oryza rufipogon*	gi1086538		0,037
542	G2802	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106152		1,00E-132
542	G2802	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB630225		1,00E-102
542	G2802	*Medicago truncatula*	BQ148509		7,00E-98
542	G2802	*Pinus pinaster*	BX251486		7,00E-84
542	G2802	*Hordeum vulgare*	BI960052		1,00E-77
542	G2802	*Brassica oleracea*	BH656772		3,00E-76
542	G2802	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BI129724		3,00E-76
542	G2802	*Pinus taeda*	BF518231		9,00E-74
542	G2802	*Glycine max*	BM527360		1,00E-71
542	G2802	*Triticum aestivum*	BJ315410		6,00E-67

542	G2802	*Oryza sativa*	gi9049470		2,30E-85
542	G2802	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi18461166		3,50E-78
542	G2802	*Brassica napus*	gi12751304		1,20E-49
542	G2802	*Petunia x hybrida*	gi21105748		3,70E-09
542	G2802	*Triticum monococcum*	gi6732154		3,10E-08
542	G2802	*Solanum tuberosum*	gi14485513		1,10E-07
542	G2802	*Triticum sp.*	gi4218535		3,30E-06
542	G2802	*Phaseolus vulgaris*	gi15148912		9,00E-06
542	G2802	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		3,50E-05
542	G2802	*Medicago truncatula*	gi7716952		4,20E-05
544	G2805	*Brassica oleracea*	BZ506570		4,00E-27
544	G2805	*Gossypium hirsutum*	CA992724		6,00E-05
544	G2805	*Glycine max*	CA802497		3,00E-04
544	G2805	*Lycopersicon esculentum*	BE460507		0,002
544	G2805	*Eschscholzia californica*	CD480753		0,005
544	G2805	*Oryza sativa* (grupo do	AK062955		0,005

		cultivar *japonica*)			
544	G2805	*Sorghum bicolor*	BE363054		0,016
544	G2805	*Solanum tuberosum*	BM406262		0,016
544	G2805	*Gossypium arboreum*	BG440924		0,035
544	G2805	*Lactuca sativa*	BQ850404		0,079
544	G2805	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21741263		0,00027
544	G2805	*Petunia x hybrida*	gi21389179		0,00048
544	G2805	*Oryza sativa*	gi13129497		0,0027
544	G2805	*Glycine max*	gi22597158		0,05
544	G2805	*Lycopersicon esculentum*	gi6175246		0,35
544	G2805	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		0,54
544	G2805	*Medicago truncatula*	gi7716952		0,61
544	G2805	*Theobroma cacao*	gi15487902		0,87
544	G2805	*Triticum monococcum*	gi6732156		1
544	G2805	*Papaver somniferum*	gi169002		1
545	G2826	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-	753	

			CLUSTER166362_1		
545	G2826	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER180202_1	754	
545	G2826	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER726571_1	755	
545	G2826	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER74662_1	756	
545	G2826	*Glycine max*	uC-gmflminsoy032f06b1	757	
545	G2826	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER173260_2	758	
545	G2826	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER200967_1	759	
545	G2826	*Oryza sativa*	OSC100895,C1,p14,fg	760	
545	G2826	*Oryza sativa*	OSC22205,C1,p1,fg	1279	
545	G2826	*Oryza sativa*	OSC23411,C1,p1,fg	761	
545	G2826	*Oryza sativa*	OSC2409,C1,p2,fg	762	
545	G2826	*Oryza sativa*	OSC25680,C1,p1,fg	763	
545	G2826	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-	764	

			CLUSTER436044_1		
545	G2826	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER518126_1	765	
545	G2826	*Oryza sativa*	Os_S106189	1616	
545	G2826	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-54039	1959	
545	G2826	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-54252	1960	
545	G2826	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-392715	1961	
546	G2826	*Brassica oleracea*	BH725134		7,00E-79
546	G2826	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01004859		1,00E-37
546	G2826	*Oryza sativa*	AP003214		2,00E-37
546	G2826	*Lotus japonicus*	BU494379		1,00E-36
546	G2826	*Glycine max*	BI315690		6,00E-35
546	G2826	*Lycopersicon esculentum*	BG135559		1,00E-33
546	G2826	*Medicago truncatula*	BF004070		5,00E-32
546	G2826	*Beta vulgaris*	BQ488216		4,00E-26
546	G2826	*Sorghum bicolor*	BE358938		1,00E-21
546	G2826	*Populus*	BU877646		1,00E-20

		balsamifera subesp. *trichocarpa*			
546	G2826	*Oryza sativa*	gi15528588		3,00E-35
546	G2826	*Sorghum bicolor*	gi18390109		8,30E-17
546	G2826	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32482926		9,80E-07
546	G2826	*Petunia x hybrida*	gi14275902		1,50E-05
546	G2826	*Pisum sativum*	gi7008009		0,00016
546	G2826	*Zea ramosa*	gi18674684		0,0002
546	G2826	*Silene latifolia*	gi1628463		0,00045
546	G2826	*Lycopersicon esculentum*	gi1345540		0,0006
546	G2826	*Nicotiana tabacum*	gi14516835		0,0017
546	G2826	*Rumex obtusifolius*	gi20152613		0,0022
547	G2830	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER16384_5	1280	
548	G2830	*Brassica oleracea*	BH993354		9,00E-65
548	G2830	*Glycine max*	BM177052		5,00E-13
548	G2830	*Phaseolus coccineus*	CA902517		3,00E-08
548	G2830	*Lotus*	AP006108		8,00E-07

		japonicus			
548	G2830	*Zea mays*	BZ652013		5,9
548	G2830	*Mesembryanthemum crystallinum*	BG269090		7,7
548	G2830	*Medicago truncatula*	AC135797		7,7
548	G2830	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BI137362		7,7
548	G2830	*Zea mays* subesp. *mays*	gi31414978		0,96
548	G2830	*Nicotiana tabacum*	gi8099397		0,99
550	G2832	*Brassica oleracea*	BZ004148		4,00E-39
550	G2832	*Petunia x hybrida*	AB003672		8,00E-36
550	G2832	*Limnanthes alba*	BV007314		2,00E-20
550	G2832	*Medicago truncatula*	CB892199		6,00E-10
550	G2832	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106924		7,00E-10
550	G2832	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	AAAA01002475		7,00E-10

		indica)			
550	G2832	*Oryza sativa*	AC037426		7,00E-10
550	G2832	*Solanum demissum*	AC136471		2,00E-08
550	G2832	*Lactuca sativa*	BU015249		7,00E-08
550	G2832	*Zea mays*	CC408365		5,00E-06
550	G2832	*Petunia x hybrida*	gi1786146		9,30E-50
550	G2832	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32482980		9,10E-11
550	G2832	*Medicago sativa*	gi7228329		6,40E-08
550	G2832	*Glycine max*	gi1763063		7,20E-06
550	G2832	*Pisum sativum*	gi2129892		4,10E-05
550	G2832	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		8,90E-05
550	G2832	*Triticum aestivum*	gi485814		0,00041
550	G2832	*Oryza sativa*	gi12698882		0,00046
550	G2832	*Brassica rapa*	gi2058504		0,00055
550	G2832	*Datisca glomerata*	gi4666360		0,0066
552	G2834	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001233		1,00E-126
552	G2834	*Oryza sativa* (grupo do	AK072211		1,00E-126

		cultivar *japonica*)			
552	G2834	*Oryza sativa*	AP003235		1,00E-126
552	G2834	*Brassica oleracea*	BZ014527		1,00E-106
552	G2834	*Vitis vinifera*	BM436747		1,00E-105
552	G2834	*Zea mays*	AY106636		1,00E-101
552	G2834	*Ipomoea batatas*	BM878854		3,00E-95
552	G2834	*Glycine max*	BQ741681		3,00E-94
552	G2834	*Solanum tuberosum*	BE343020		3,00E-92
552	G2834	*Lycopersicon esculentum*	BE459539		1,00E-88
552	G2834	*Oryza sativa*	gi15408708		2,40E-123
552	G2834	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi19571114		2,40E-123
552	G2834	*Lycopersicon esculentum*	gi15984226		3,40E-75
552	G2834	*Glycine max*	gi18376601		2,30E-29
552	G2834	*Solanum tuberosum*	gi563623		1,10E-20
552	G2834	*Zea mays*	gi3170601		1,80E-19
552	G2834	*Petunia x hybrida*	gi14522848		0,51
552	G2834	*Nicotiana tabacum*	gi4519673		0,73
552	G2834	*Oryza sativa*	gi28195113		0,99

		(grupo do cultivar *indica*)			
552	G2834	*Brassica rapa*	gi7209506		1
554	G2837	*Brassica oleracea*	BZ451120		4,00E-55
554	G2837	*Vitis vinifera*	CD010326		9,00E-13
554	G2837	*Glycine max*	AQ842019		3,00E-09
554	G2837	*Zea mays*	BZ806743		3,00E-06
554	G2837	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01007143		8,00E-06
554	G2837	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP003988		1,00E-05
554	G2837	*Brassica napus*	CB686322		4,00E-05
554	G2837	*Lotus japonicus*	AP004945		9,00E-05
554	G2837	*Triticum aestivum*	CA708862		2,00E-04
554	G2837	*Petunia x hybrida*	AB000454		4,00E-04
554	G2837	*Petunia x hybrida*	gi1786140		2,40E-05
554	G2837	*Zea diploperennis*	gi1076786		0,00014
554	G2837	*Pisum sativum*	gi7440062		0,00027
554	G2837	*Oryza sativa*	gi22002132		0,0003

		(grupo do cultivar *japonica*)			
554	G2837	*Lycopersicon esculentum*	gi1345540		0,00045
554	G2837	*Nicotiana tabacum*	gi395147		0,0013
554	G2837	*Brassica oleracea*	gi1418351		0,0017
554	G2837	*Medicago sativa*	gi1279563		0,002
554	G2837	*Cicer arietinum*	gi21068672		0,0022
554	G2837	*Zea mays*	gi18568237		0,005
555	G2838	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER166362_1	753	
555	G2838	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER180202_1	754	
555	G2838	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER726571_1	755	
555	G2838	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER74662_1	756	
555	G2838	*Glycine max*	uC-gmflminsoy032f06b1	757	
555	G2838	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER200967_	759	

			1		
555	G2838	*Oryza sativa*	OSC100895,C1,p 14,fg	760	
555	G2838	*Oryza sativa*	OSC22205,C1,p1 ,fg	1279	
555	G2838	*Oryza sativa*	OSC23411,C1,p1 ,fg	761	
555	G2838	*Oryza sativa*	OSC2409,C1,p2, fg	762	
555	G2838	*Oryza sativa*	OSC25680,C1,p1 ,fg	763	
555	G2838	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER436044_ 1	764	
555	G2838	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER518126_ 1	765	
555	G2838	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-54039	1959	
555	G2838	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-54252	1960	
555	G2838	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-392715	1961	
556	G2838	*Vitis vinifera*	CD714231		7,00E-27
556	G2838	*Gossypium arboreum*	BF272143		2,00E-20
556	G2838	*Brassica oleracea*	BZ444318		5,00E-20
556	G2838	*Lycopersicon esculentum*	BG643969		2,00E-16

556	G2838	*Zea mays*	CC712091		1,00E-15
556	G2838	*Sorghum bicolor*	BE360413		7,00E-14
556	G2838	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01009505		1,00E-12
556	G2838	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK068762		2,00E-12
556	G2838	*Medicago truncatula*	BE943078		5,00E-12
556	G2838	*Glycine max*	BG047435		5,00E-12
556	G2838	*Sorghum bicolor*	gi18390109		1,70E-14
556	G2838	*Oryza sativa*	gi15528588		5,90E-12
556	G2838	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29027767		2,20E-08
556	G2838	*Petunia x hybrida*	gi14275902		8,70E-05
556	G2838	*Zea ramosa*	gi18674684		0,02
556	G2838	*Medicago sativa*	gi7228329		0,024
556	G2838	*Pisum sativum*	gi2129892		0,06
556	G2838	*Glycine max*	gi1763063		0,095
556	G2838	*Datisca glomerata*	gi4666360		0,33

556	G2838	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		0,38
557	G2839	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER32534_1	1281	
557	G2839	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER37260_1	1282	
557	G2839	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER379048_1	1283	
557	G2839	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER172363_1	1284	
557	G2839	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER24561_1	1285	
557	G2839	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER32611_1	1286	
557	G2839	*Oryza sativa*	OSC100424,C1,p49,fg	1287	
557	G2839	*Oryza sativa*	OSC20005,C1,p5,fg	1288	
557	G2839	*Oryza sativa*	OSC20005,C1,p7,fg	1289	
557	G2839	*Oryza sativa*	OSC234,C1,p1,fg	1290	
557	G2839	*Oryza sativa*	OSC5483,C1,p4,fg	1291	
557	G2839	*Oryza sativa*	OSC5499,C1,p15,fg	1292	
557	G2839	*Zea mays*	LIB3732-060-Q1-K6-F2	1293	

557	G2839	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER226176_1	1294	
557	G2839	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER276871_2	1295	
557	G2839	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER49287_1	1296	
557	G2839	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER5148_1	1297	
557	G2839	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER536916_1	1298	
557	G2839	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER72147_1	1299	
557	G2839	*Oryza sativa*	Os_S109163	1617	
557	G2839	*Glycine max*	Gma_S4898433	1675	
557	G2839	*Glycine max*	Gma_S4973977	1676	
557	G2839	*Medicago truncatula*	Mtr_S5397852	1713	
557	G2839	*Hordeum vulgare*	Hv_S207187	1749	
557	G2839	*Triticum aestivum*	Ta_S111267	1914	
557	G2839	*Triticum aestivum*	Ta_S200273	1915	
557	G2839	*Triticum aestivum*	Ta_S296415	1916	
557	G2839	*Triticum aestivum*	Ta_S379755	1917	

557	G2839	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-56766	2078	
558	G2839	*Brassica oleracea*	BZ083260		1,00E-51
558	G2839	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BQ790831		6,00E-48
558	G2839	*Brassica napus*	CD842269		7,00E-48
558	G2839	*Brassica rapa*	L46574		7,00E-30
558	G2839	*Vitis vinifera*	CA818230		4,00E-25
558	G2839	*Petunia x hybrida*	AB006600		9,00E-25
558	G2839	*Glycine max*	BU577326		2,00E-23
558	G2839	*Solanum tuberosum*	BQ121105		4,00E-23
558	G2839	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU867080		8,00E-23
558	G2839	*Lycopersicon esculentum*	AI898309		1,00E-22
558	G2839	*Petunia x hybrida*	gi2346976		7,10E-27
558	G2839	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29124132		3,90E-21
558	G2839	*Oryza sativa*	gi15623820		1,30E-20
558	G2839	*Glycine max*	gi1763063		2,40E-16
558	G2839	*Nicotiana*	gi2981169		1,20E-15

		tabacum			
558	G2839	*Datisca glomerata*	gi4666360		3,20E-15
558	G2839	*Medicago sativa*	gi7228329		2,60E-13
558	G2839	*Triticum aestivum*	gi485814		3,80E-13
558	G2839	*Brassica rapa*	gi2058506		4,60E-11
558	G2839	*Pisum sativum*	gi2129892		3,40E-07
560	G2846	*Gossypium hirsutum*	CA993210		4,00E-46
560	G2846	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK069366		2,00E-41
560	G2846	*Brassica oleracea*	BH484306		5,00E-41
560	G2846	*Glycine max*	BU764909		8,00E-37
560	G2846	*Sorghum bicolor*	CB926717		4,00E-34
560	G2846	*Triticum aestivum*	CA600074		1,00E-31
560	G2846	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	AI166770		5,00E-29
560	G2846	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU894578		7,00E-28

560	G2846	*Gossypium arboreum*	BG440718		4,00E-27
560	G2846	*Solanum tuberosum*	BQ514720		2,00E-24
560	G2846	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21741062		6,40E-42
560	G2846	*Brassica napus*	gi11045087		1,60E-24
560	G2846	*Oryza sativa*	gi21740790		1,80E-23
560	G2846	*Lycopersicon esculentum*	gi5669656		2,70E-20
560	G2846	*Glycine max*	gi3399777		3,50E-05
560	G2846	*Cucumis melo*	gi28558779		0,0011
560	G2846	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi4206118		0,014
560	G2846	*Oryza rufipogon*	gi1086536		0,028
560	G2846	*Phyllostachys acuta*	gi527661		0,039
560	G2846	*Tulipa gesneriana*	gi5923912		0,045
562	G2847	*Glycine max*	BU084566		8,00E-55
562	G2847	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	AI166770		3,00E-50
562	G2847	*Brassica napus*	CD832456		2,00E-49
562	G2847	*Solanum*	BI175830		1,00E-48

		tuberosum			
562	G2847	*Ipomoea nil*	BJ570931		2,00E-46
562	G2847	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK072848		4,00E-45
562	G2847	*Gossypium arboreum*	BG440718		7,00E-43
562	G2847	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU895329		5,00E-36
562	G2847	*Hordeum vulgare*	BF620349		6,00E-36
562	G2847	*Triticum aestivum*	CA642784		5,00E-31
562	G2847	*Brassica napus*	gi11045087		1,40E-62
562	G2847	*Oryza sativa*	gi21740790		8,90E-29
562	G2847	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32480231		8,90E-29
562	G2847	*Lycopersicon esculentum*	gi5669656		1,20E-24
562	G2847	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi4206118		1,20E-05
562	G2847	*Glycine max*	gi3399777		0,021
562	G2847	*Phyllostachys acuta*	gi527661		0,066

562	G2847	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20372895		0,082
562	G2847	*Gossypioides kirkii*	gi23476285		0,12
562	G2847	*Pennisetum glaucum*	gi527657		0,14
564	G2850	*Poncirus trifoliata*	CD573726		6,00E-68
564	G2850	*Lycopersicon esculentum*	AI899168		1,00E-45
564	G2850	*Medicago truncatula*	AL380393		8,00E-41
564	G2850	*Brassica napus*	CD825720		2,00E-40
564	G2850	*Gossypium arboreum*	BG440718		4,00E-30
564	G2850	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	AI166770		7,00E-30
564	G2850	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU895329		4,00E-29
564	G2850	*Glycine max*	BU084566		1,00E-28
564	G2850	*Solanum tuberosum*	BQ514720		2,00E-27
564	G2850	*Gossypium hirsutum*	CA993210		4,00E-27

564	G2850	*Oryza sativa*	gi14488370		3,10E-26
564	G2850	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21741062		1,60E-25
564	G2850	*Brassica napus*	gi11045087		5,90E-25
564	G2850	*Lycopersicon esculentum*	gi5669656		1,00E-18
564	G2850	*Pennisetum glaucum*	gi527657		2,40E-05
564	G2850	*Glycine max*	gi3399777		8,00E-05
564	G2850	*Phyllostachys acuta*	gi527661		0,0061
564	G2850	*Oryza australiensis*	gi1086526		0,0077
564	G2850	*Oryza officinalis*	gi1086534		0,0077
564	G2850	*Tripsacum australe*	gi527663		0,01
566	G2851	*Brassica napus*	CD832456		7,00E-93
566	G2851	*Glycine max*	BU084566		5,00E-67
566	G2851	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	AI166770		2,00E-65
566	G2851	*Brassica oleracea*	BH927065		6,00E-56
566	G2851	*Solanum tuberosum*	BI175830		1,00E-55
566	G2851	*Gossypium*	BG440718		1,00E-51

		arboreum			
566	G2851	*Ipomoea nil*	BJ570931		5,00E-51
566	G2851	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK072848		2,00E-50
566	G2851	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU895329		3,00E-42
566	G2851	*Hordeum vulgare*	BF620349		7,00E-39
566	G2851	*Brassica napus*	gi11045087		1,60E-162
566	G2851	*Oryza sativa*	gi21740790		1,10E-27
566	G2851	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32480231		1,10E-27
566	G2851	*Lycopersicon esculentum*	gi5669656		4,20E-15
566	G2851	*Phyllostachys acuta*	gi527661		0,0081
566	G2851	*Glycine max*	gi3399777		0,012
566	G2851	*Pisum sativum*	gi13365610		0,018
566	G2851	*Pennisetum glaucum*	gi527657		0,021
566	G2851	*Tulipa gesneriana*	gi5923912		0,077
566	G2851	*Phaseolus vulgaris*	gi1142621		0,09

567	G2854	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER907_3	1300	
567	G2854	*Oryza sativa*	OSC18775,C1,p1,fg	1301	
567	G2854	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER13712_1	1302	
567	G2854	*Oryza sativa*	Os_S32676	1618	
567	G2854	*Oryza sativa*	Os_S75860	1619	
567	G2854	*Glycine max*	Gma_S4975207	1677	
567	G2854	*Hordeum vulgare*	Hv_S153237	1750	
567	G2854	*Hordeum vulgare*	Hv_S63965	1751	
567	G2854	*Zea mays*	Zm_S11522955	1823	
567	G2854	*Zea mays*	Zm_S11525357	1824	
567	G2854	*Triticum aestivum*	Ta_S125786	1918	
567	G2854	*Triticum aestivum*	Ta_S152820	1919	
567	G2854	*Triticum aestivum*	Ta_S267457	1920	
567	G2854	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-44207	2079	
567	G2854	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-56600	2080	
567	G2854	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-17539	2081	
567	G2854	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-333119	2082	
567	G2854	*Lycopersicon*	SGN-UNIGENE-	2083	

		esculentum	SINGLET-396174		
567	G2854	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-49629	2084	
568	G2854	*Nicotiana plumbaginifolia*	NPL292767		1,00E-143
568	G2854	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK101593		1,00E-130
568	G2854	*Zea mays*	AY107267		1,00E-128
568	G2854	*Beta vulgaris*	BVU313097		1,00E-110
568	G2854	*Gossypium hirsutum*	CA993585		1,00E-109
568	G2854	*Nicotiana tabacum*	AF029351		1,00E-104
568	G2854	*Brassica napus*	CD832069		1,00E-104
568	G2854	*Triticum aestivum*	BT009299		1,00E-100
568	G2854	*Medicago truncatula*	CB893695		2,00E-97
568	G2854	*Prunus persica*	BU045049		3,00E-92
568	G2854	*Nicotiana plumbaginifolia*	gi9663767		7,20E-137
568	G2854	*Oryza sativa*	gi12583812		6,80E-125
568	G2854	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488785		6,90E-116

568	G2854	*Beta vulgaris*	gi30524689		6,30E-106
568	G2854	*Nicotiana tabacum*	gi2708532		1,30E-98
568	G2854	*Sorghum bicolor*	gi22208507		6,30E-25
568	G2854	*Zea mays*	gi23928438		4,60E-22
568	G2854	*Spinacia oleracea*	gi133247		4,60E-19
568	G2854	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi4680340		4,60E-19
568	G2854	*Cucumis sativus*	gi7528270		5,60E-19
569	G2859	*Glycine max*	BE347561,1	1303	
569	G2859	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-452318	2085	
570	G2859	*Glycine max*	BE347561		2,00E-47
570	G2859	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU811904		3,00E-47
570	G2859	*Populus tremula*	BU889630		8,00E-32
570	G2859	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA003238		3,00E-30
570	G2859	*Sorghum propinquum*	BG103016		7,00E-30

570	G2859	*Gossypium arboreum*	BF273287		1,00E-29
570	G2859	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK101063		2,00E-29
570	G2859	*Sorghum bicolor*	BG048756		2,00E-29
570	G2859	*Lycopersicon esculentum*	AI490119		8,00E-29
570	G2859	*Medicago truncatula*	CB066613		1,00E-28
570	G2859	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20804997		1,40E-30
570	G2859	*Tulipa gesneriana*	gi5923912		4,70E-30
570	G2859	*Oryza sativa*	gi11862964		6,30E-29
570	G2859	*Pinus taeda*	gi6166283		2,40E-11
570	G2859	*Brassica napus*	gi27650307		2,70E-06
570	G2859	*Phyllostachys acuta*	gi527661		3,30E-05
570	G2859	*Gossypium hirsutum*	gi13346182		4,20E-05
570	G2859	*Petunia x hybrida*	gi10998404		6,00E-05
570	G2859	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi4206118		0,00012

570	G2859	*Glycine max*	gi3399777		0,00024
571	G2865	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER4111_3	1304	
571	G2865	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER4111_4	1305	
571	G2865	*Glycine max*	Gma_S5127199	1678	
571	G2865	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-55990	2086	
571	G2865	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-18331	2087	
572	G2865	*Brassica oleracea*	BH680810		4,00E-39
572	G2865	*Glycine max*	BE057473		6,00E-24
572	G2865	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BZ614080		2,00E-17
572	G2865	*Medicago truncatula*	AL389569		8,00E-14
572	G2865	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	CB829442		3,00E-12
572	G2865	*Hedyotis centranthoides*	CB086514		2,00E-11
572	G2865	*Lycopersicon esculentum*	AW624871		9,00E-10
572	G2865	*Triphysaria versicolor*	BM356795		1,00E-09
572	G2865	*Beta vulgaris*	BQ592169		3,00E-07
572	G2865	*Lotus japonicus*	AG233200		7,00E-07

572	G2865	*Oryza sativa*	gi15528806		1,80E-08
572	G2865	*Cucumis melo*	gi28558779		0,00016
572	G2865	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi17385671		0,00017
572	G2865	*Lycopersicon esculentum*	gi6175252		0,091
572	G2865	*Cicer arietinum*	gi3641870		0,12
572	G2865	*Phaseolus vulgaris*	gi1142621		0,2
572	G2865	*Zea mays*	gi4321762		0,27
572	G2865	*Prunus dulcis*	gi6635842		0,85
572	G2865	*Gossypium barbadense*	gi1000088		0,95
572	G2865	*Brassica napus*	gi27650307		0,97
574	G2866	*Populus tremula x Populus tremuloides*	PTR306827		2,00E-38
574	G2866	*Glycine max*	BU926504		2,00E-32
574	G2866	*Medicago truncatula*	BF649039		9,00E-28
574	G2866	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK103865		6,00E-25
574	G2866	*Hordeum vulgare*	BG301068		5,00E-20

574	G2866	*Triticum aestivum*	BJ228821		9,00E-20
574	G2866	*Helianthus annuus*	BU018212		3,00E-18
574	G2866	*Zea mays*	BF727992		9,00E-18
574	G2866	*Oryza sativa*	AU056864		1,00E-17
574	G2866	*Cycas rumphii*	CB089859		7,00E-17
574	G2866	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi20269055		8,40E-40
574	G2866	*Oryza sativa*	gi8096369		4,20E-25
574	G2866	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi30962267		1,40E-19
574	G2866	*Cucumis sativus*	gi6136832		1,80E-19
574	G2866	*Triticum aestivum*	gi32400272		2,30E-19
574	G2866	*Zinnia elegans*	gi20257219		4,70E-19
574	G2866	*Vitis vinifera*	gi29465672		9,10E-19
574	G2866	*Vigna radiata*	gi11131105		1,30E-18
574	G2866	*Pisum sativum*	gi1352057		2,70E-18
574	G2866	*Antirrhinum majus*	gi18071490		4,50E-18
576	G2869	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK070026		1,00E-120

576	G2869	*Oryza sativa*	AB071300		1,00E-104
576	G2869	*Mangifera indica*	AY255705		7,00E-84
576	G2869	*Zea mays*	AY107195		1,00E-79
576	G2869	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB631221		3,00E-78
576	G2869	*Medicago truncatula*	BI308096		2,00E-73
576	G2869	*Triticum aestivum*	BQ578824		7,00E-70
576	G2869	*Pinus pinaster*	BX250119		7,00E-65
576	G2869	*Poncirus trifoliata*	CD575895		1,00E-63
576	G2869	*Solanum tuberosum*	BG593647		8,00E-63
576	G2869	*Oryza sativa*	gi19352039		1,90E-124
576	G2869	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20805236		1,90E-124
576	G2869	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi26251300		5,50E-120
576	G2869	*Mangifera indica*	gi30027167		1,90E-116
576	G2869	*Prunus persica*	gi27450533		2,10E-84
576	G2869	*Bruguiera*	gi24371055		1,80E-53

		sexangula			
576	G2869	*Stevia rebaudiana*	gi26324158		1,80E-53
576	G2869	*Pisum sativum*	gi1235582		2,10E-53
576	G2869	*Malus x domestica*	gi1732359		2,30E-53
576	G2869	*Zea mays*	gi7230385		2,30E-53
578	G2884	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK100530		1,00E-46
578	G2884	*Zea mays*	AB062095		6,00E-46
578	G2884	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB630542		6,00E-45
578	G2884	*Solanum tuberosum*	BM407041		4,00E-38
578	G2884	*Medicago truncatula*	CB891281		1,00E-32
578	G2884	*Brassica napus*	CD825309		5,00E-32
578	G2884	*Vitis vinifera*	CD800109		8,00E-32
578	G2884	*Sorghum bicolor*	CD424269		7,00E-31
578	G2884	*Stevia rebaudiana*	BG523436		7,00E-30
578	G2884	*Lactuca sativa*	BQ858556		2,00E-29
578	G2884	*Zea mays*	gi14189890		2,50E-47
578	G2884	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	gi24308616		3,40E-44

		japonica)			
578	G2884	*Oryza glaberrima*	gi31338862		3,90E-35
578	G2884	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		2,10E-34
578	G2884	*Oryza sativa*	gi15289981		2,70E-13
578	G2884	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		3,70E-06
578	G2884	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		1,50E-05
578	G2884	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		0,00012
578	G2884	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		0,00013
578	G2884	*Dianthus caryophyllus*	gi13173408		0,026
579	G2885	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER270810_1	1306	
579	G2885	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-66716	2088	
580	G2885	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK100530		5,00E-81
580	G2885	*Zea mays*	AB062095		4,00E-80
580	G2885	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB630542		8,00E-72
580	G2885	*Solanum tuberosum*	BM407041		3,00E-54
580	G2885	*Medicago truncatula*	CB891281		1,00E-49

580	G2885	*Vitis vinifera*	CD800109		7,00E-46
580	G2885	*Stevia rebaudiana*	BG523436		2,00E-45
580	G2885	*Lactuca sativa*	BQ858556		2,00E-45
580	G2885	*Glycine max*	AW596288		2,00E-42
580	G2885	*Sorghum bicolor*	CD424269		2,00E-42
580	G2885	*Zea mays*	gi14189890		6,70E-79
580	G2885	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi24308616		9,40E-72
580	G2885	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi31338860		4,20E-40
580	G2885	*Oryza glaberrima*	gi31338862		9,30E-40
580	G2885	*Oryza sativa*	gi15289981		1,80E-18
580	G2885	*Nicotiana tabacum*	gi4519671		1,60E-09
580	G2885	*Solanum bulbocastanum*	gi32470629		4,10E-09
580	G2885	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi5916207		4,90E-08
580	G2885	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi6942190		1,20E-07
580	G2885	*Brassica napus*	gi10041875		0,00086
582	G2887	*Brassica napus*	CD828428		9,00E-90
582	G2887	*Medicago truncatula*	AF254124		3,00E-73
582	G2887	*Petunia x hybrida*	AF509865		2,00E-70
582	G2887	*Prunus persica*	BU044475		4,00E-70

582	G2887	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK068153		8,00E-67
582	G2887	*Hordeum vulgare* subesp. *spontaneum*	BJ481205		1,00E-63
582	G2887	*Oryza sativa*	AX654724		2,00E-61
582	G2887	*Sorghum propinquum*	BG159075		4,00E-61
582	G2887	*Brassica oleracea*	BH986593		5,00E-61
582	G2887	*Solanum tuberosum*	BQ118148		6,00E-61
582	G2887	*Medicago truncatula*	gi7716952		2,20E-71
582	G2887	*Petunia x hybrida*	gi21105732		3,30E-70
582	G2887	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi27452910		6,50E-49
582	G2887	*Oryza sativa*	gi6730946		3,90E-42
582	G2887	*Glycine max*	gi22597158		1,80E-39
582	G2887	*Phaseolus vulgaris*	gi15148914		7,80E-37
582	G2887	*Brassica napus*	gi31322572		7,00E-36
582	G2887	*Triticum sp.*	gi4218537		1,90E-35
582	G2887	*Triticum monococcum*	gi6732160		1,90E-35
582	G2887	*Solanum tuberosum*	gi14485513		2,40E-35
584	G2888	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	AK106796		8,00E-76

		japonica)			
584	G2888	*Brassica oleracea*	BH707475		1,00E-72
584	G2888	*Zea mays*	BZ821684		3,00E-69
584	G2888	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01002232		8,00E-69
584	G2888	*Physcomitrella patens* subesp. *patens*	BJ192201		1,00E-67
584	G2888	*Glycine max*	BI972592		4,00E-67
584	G2888	*Medicago truncatula*	BI265111		1,00E-64
584	G2888	*Triticum aestivum*	BQ806659		3,00E-56
584	G2888	*Capsicum annuum*	BM063853		6,00E-56
584	G2888	*Phaseolus coccineus*	CA902521		6,00E-56
584	G2888	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi27357980		2,90E-77
584	G2888	*Solanum tuberosum*	gi563623		7,60E-55
584	G2888	*Zea mays*	gi3170601		3,20E-53
584	G2888	*Lycopersicon esculentum*	gi9858780		1,50E-51
584	G2888	*Oryza sativa*	gi10934090		1,00E-50
584	G2888	*Glycine max*	gi18376601		3,30E-11
584	G2888	*Cucurbita maxima*	gi17221648		0,032
584	G2888	*Chlorella vulgaris*	gi2224373		0,11
584	G2888	*Helianthus*	gi349267		0,16

		annuus			
584	G2888	*Petunia x hybrida*	gi14275902		0,17
586	G2898	*Medicago truncatula*	AJ501279		2,00E-41
586	G2898	*Glycine max*	BG651880		2,00E-41
586	G2898	*Solanum tuberosum*	BQ516260		3,00E-35
586	G2898	*Populus tremula*	BU816897		8,00E-32
586	G2898	*Zinnia elegans*	AU292820		4,00E-30
586	G2898	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK064663		7,00E-30
586	G2898	*Zea mays*	CD999897		5,00E-29
586	G2898	*Triticum aestivum*	BM135160		2,00E-28
586	G2898	*Gossypium arboreum*	BG446904		6,00E-21
586	G2898	*Nuphar advena*	CD475578		1,00E-19
586	G2898	*Vicia faba*	gi541981		1,60E-20
586	G2898	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161572		3,90E-19
586	G2898	*Ipomoea nil*	gi1052956		6,30E-19
586	G2898	*Solanum tuberosum*	gi2894109		1,00E-18
586	G2898	*Pisum sativum*	gi436424		1,00E-18
586	G2898	*Nicotiana tabacum*	gi2196548		2,80E-16
586	G2898	*Glycine max*	gi123379		5,90E-16
586	G2898	*Canavalia gladiata*	gi1813329		7,50E-16

586	G2898	*Narcissus pseudonarcissus*	gi18419623		2,50E-15
586	G2898	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi23345287		2,50E-15
587	G2907	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER30744_2	1307	
587	G2907	*Oryza sativa*	OSC100568,C1,p1,fg	1308	
587	G2907	*Oryza sativa*	OSC9760,C1,p1,fg	1309	
587	G2907	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER298_131	1310	
587	G2907	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER298_90	1311	
587	G2907	*Oryza sativa*	Os_S108142	1620	
587	G2907	*Oryza sativa*	Os_S31898	1621	
587	G2907	*Oryza sativa*	Os_S33014	1622	
587	G2907	*Glycine max*	Gma_S5116414	1679	
587	G2907	*Hordeum vulgare*	Hv_S52718	1752	
587	G2907	*Zea mays*	Zm_S11441767	1825	
587	G2907	*Zea mays*	Zm_S11491750	1826	
587	G2907	*Lycopersicon esculentum*	Les_S5295643	1934	
587	G2907	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-472560	2089	
588	G2907	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK105116		1,0e-999
588	G2907	*Brassica napus*	AF491304		1,0e-999
588	G2907	*Nicotiana*	AF253511		1,0e-999

		tabacum			
588	G2907	*Lycopersicon esculentum*	AF096260		1,00E-174
588	G2907	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01006749		1,00E-121
588	G2907	*Brassica oleracea*	BZ507433		1,00E-113
588	G2907	*Oryza sativa*	AC079935		1,00E-106
588	G2907	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BM817419		3,00E-70
588	G2907	*Zea mays*	BZ998506		4,00E-68
588	G2907	*Capsicum annuum*	BM063122		5,00E-63
588	G2907	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi19920098		2,20E-229
588	G2907	*Brassica napus*	gi20127124		3,60E-208
588	G2907	*Nicotiana tabacum*	gi11612392		2,20E-198
588	G2907	*Lycopersicon esculentum*	gi5669650		4,70E-117
588	G2907	*Petroselinum crispum*	gi1084392		6,00E-43
588	G2907	*Triticum aestivum*	gi32400790		4,00E-07
588	G2907	*Pennisetum ciliare*	gi549986		9,00E-06
588	G2907	*Glycine max*	gi17645766		8,40E-05
588	G2907	*Oryza sativa*	gi19070767		0,00016
588	G2907	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi28207761		0,0013

589	G2913	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER38751_1	1312	
589	G2913	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER93389_1	1313	
589	G2913	*Oryza sativa*	Os_S107744	1623	
590	G2913	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK065847		2,00E-57
590	G2913	*Glycine max*	CD487091		1,00E-52
590	G2913	*Solanum tuberosum*	BM404700		4,00E-45
590	G2913	*Medicago truncatula*	BF004903		9,00E-45
590	G2913	*Citrus sinensis*	BQ623105		1,00E-34
590	G2913	*Lycopersicon esculentum*	BF051118		1,00E-34
590	G2913	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB634137		1,00E-33
590	G2913	*Brassica oleracea*	BZ021766		4,00E-33
590	G2913	*Amborella trichopoda*	CD483238		3,00E-31
590	G2913	*Populus tremula*	BU889297		1,00E-30
590	G2913	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32490476		2,40E-74
590	G2913	*Vicia faba*	gi541981		1,30E-08
590	G2913	*Solanum tuberosum*	gi2894109		1,70E-07
590	G2913	*Nicotiana*	gi2196548		7,20E-06

		tabacum			
590	G2913	*Zea mays*	gi8920409		4,70E-05
590	G2913	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi21314337		7,90E-05
590	G2913	*Daucus carota*	gi3551257		0,0002
590	G2913	*Canavalia gladiata*	gi1813329		0,0011
590	G2913	*Narcissus pseudonarcissus*	gi18419623		0,0018
590	G2913	*Ipomoea nil*	gi1085860		0,049
591	G2930	*Zea mays*	Zm_S11448159	1827	
591	G2930	*Lycopersicon esculentum*	Les_S5268274	1935	
592	G2930	*Triticum aestivum*	CD872621		1,00E-12
592	G2930	*Lycopersicon esculentum*	BI203387		4,00E-09
592	G2930	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU884102		8,00E-09
592	G2930	*Sorghum bicolor*	CD428713		2,00E-08
592	G2930	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB624355		7,00E-08
592	G2930	*Zinnia elegans*	AU288915		1,00E-07
592	G2930	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	CB660906		2,00E-07
592	G2930	*Oryza sativa*	AP003683		6,00E-05

592	G2930	*Glycine max*	BQ611037		6,00E-05
592	G2930	*Medicago truncatula*	BG456206		2,00E-04
592	G2930	*Oryza sativa*	gi15528806		1,40E-09
592	G2930	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29788848		0,016
592	G2930	*Pennisetum glaucum*	gi527655		0,56
592	G2930	*Phyllostachys acuta*	gi527661		0,61
592	G2930	*Zea mays*	gi100921		0,7
592	G2930	*Sorghum bicolor*	gi527667		0,8
592	G2930	*Tripsacum australe*	gi527663		0,89
592	G2930	*Glycine max*	gi3399777		0,9
592	G2930	*Phaseolus vulgaris*	gi1142619		0,97
592	G2930	*Catharanthus roseus*	gi3954807		1
593	G2933	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER243321_1	1314	
593	G2933	*Oryza sativa*	OSC7496,C1,p10,fg	1315	
593	G2933	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER88899_1	1316	
593	G2933	*Oryza sativa*	Os_S39118	1624	
593	G2933	*Zea mays*	Zm_S11445525	1828	
593	G2933	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-53603	2090	
594	G2933	*Brassica oleracea*	BH587081		6,00E-59

594	G2933	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU884102		8,00E-37
594	G2933	*Lycopersicon esculentum*	BI205905		6,00E-29
594	G2933	*Glycine max*	BQ611037		4,00E-28
594	G2933	*Triticum aestivum*	CD872523		4,00E-24
594	G2933	*Lupinus albus*	CA410291		4,00E-23
594	G2933	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	CB660906		5,00E-23
594	G2933	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB624355		1,00E-22
594	G2933	*Medicago truncatula*	AC125478		6,00E-21
594	G2933	*Zinnia elegans*	AU288915		9,00E-20
594	G2933	*Oryza sativa*	gi15528806		3,90E-26
594	G2933	*Pennisetum glaucum*	gi527657		8,60E-07
594	G2933	*Phyllostachys acuta*	gi527661		4,10E-05
594	G2933	*Sorghum bicolor*	gi527667		5,60E-05
594	G2933	*Tripsacum australe*	gi527663		0,00024
594	G2933	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi4206118		0,00048
594	G2933	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20521292		0,0012

594	G2933	*Zea mays*	gi18542170		0,0014
594	G2933	*Oryza australiensis*	gi1086526		0,0031
594	G2933	*Oryza rufipogon*	gi1086538		0,0055
596	G2934	*Brassica oleracea*	BH680810		3,00E-50
596	G2934	*Glycine max*	BE057473		1,00E-28
596	G2934	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BZ614080		9,00E-24
596	G2934	*Medicago truncatula*	AL389569		4,00E-14
596	G2934	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	CB829442		5,00E-14
596	G2934	*Hedyotis centranthoides*	CB086514		2,00E-13
596	G2934	*Lycopersicon esculentum*	AW624871		7,00E-13
596	G2934	*Triphysaria versicolor*	BM356795		6,00E-12
596	G2934	*Beta vulgaris*	BQ592169		2,00E-10
596	G2934	*Triticum aestivum*	CD452898		2,00E-08
596	G2934	*Oryza sativa*	gi15528806		8,90E-13
596	G2934	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi17385671		1,00E-05
596	G2934	*Brassica napus*	gi27650307		0,0022
596	G2934	*Phaseolus vulgaris*	gi1142619		0,0024
596	G2934	*Cucumis melo*	gi28558779		0,0029
596	G2934	*Zea mays*	gi100874		0,014

596	G2934	*Cicer arietinum*	gi3641870		0,18
596	G2934	*Brassica oleracea*	gi12049596		0,26
596	G2934	*Pennisetum glaucum*	gi527655		0,33
596	G2934	*Phyllostachys acuta*	gi527661		0,37
598	G2958	*Gossypium hirsutum*	GHI458442		3,00E-39
598	G2958	*Prunus persica*	BU041850		1,00E-34
598	G2958	*Capsicum annuum*	BM063701		3,00E-34
598	G2958	*Solanum tuberosum*	BG890076		4,00E-34
598	G2958	*Vitis vinifera*	CB921417		1,00E-33
598	G2958	*Poncirus trifoliata*	CD576407		1,00E-33
598	G2958	*Brassica oleracea*	BH695204		2,00E-32
598	G2958	*Lactuca sativa*	BQ991083		2,00E-32
598	G2958	*Medicago truncatula*	BF647616		4,00E-29
598	G2958	*Cucumis sativus*	AB029148		9,00E-29
598	G2958	*Gossypium hirsutum*	gi22531416		5,20E-40
598	G2958	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi30962267		1,50E-35
598	G2958	*Oryza sativa*	gi17154533		7,70E-35
598	G2958	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi20269059		8,40E-34

598	G2958	*Pinus taeda*	gi32396301		2,50E-32
598	G2958	*Triticum aestivum*	gi32400272		3,90E-32
598	G2958	*Cucumis sativus*	gi6136834		4,10E-32
598	G2958	*Vigna radiata*	gi11131101		1,10E-30
598	G2958	*Nicotiana tabacum*	gi4887012		6,00E-30
598	G2958	*Solanum tuberosum*	gi25989504		1,20E-29
600	G2964	*Brassica oleracea*	BH549078		2,00E-76
600	G2964	*Brassica napus*	CD822240		4,00E-67
600	G2964	*Zea mays*	AY104443		4,00E-60
600	G2964	*Solanum tuberosum*	BQ505464		6,00E-54
600	G2964	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	AP006377		2,00E-50
600	G2964	*Hordeum vulgare*	BI957620		2,00E-49
600	G2964	*Gossypium arboreum*	BE053739		2,00E-49
600	G2964	*Glycine max*	AW348431		3,00E-48
600	G2964	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB635890		1,00E-47
600	G2964	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	CB660704		1,00E-47
600	G2964	*Oryza sativa*	gi5441893		3,20E-47
600	G2964	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	gi32488659		8,60E-47

		japonica)			
600	G2964	*Pisum sativum*	gi14018368		5,30E-09
600	G2964	*Pinus pinaster*	gi18129298		9,80E-07
600	G2964	*Brassica napus*	gi1171040		0,012
600	G2964	*Brassica oleracea*	gi18266051		0,012
600	G2964	*Zea mays*	gi459269		0,28
600	G2964	*Mimulus guttatus*	gi127382		0,79
600	G2964	*Glycine max*	gi532703		0,81
600	G2964	*Hordeum vulgare*	gi4456620		0,92
602	G2967	*Brassica oleracea*	BZ064831		2,00E-51
602	G2967	*Petunia x hybrida*	AB006606		8,00E-06
602	G2967	*Medicago truncatula*	BG582425		1,00E-05
602	G2967	*Brassica napus*	CB686322		2,00E-04
602	G2967	*Vitis vinifera*	CB008696		0,004
602	G2967	*Vitis aestivalis*	CB074763		0,004
602	G2967	*Glycine max*	BF324612		0,005
602	G2967	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AY219847		0,006
602	G2967	*Lactuca sativa*	BQ868010		0,006
602	G2967	*Oryza sativa*	CNS08CA5		0,006
602	G2967	*Petunia x hybrida*	gi2346988		4,40E-10
602	G2967	*Medicago sativa*	gi7228329		0,00039
602	G2967	*Pisum sativum*	gi2129892		0,00076

602	G2967	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi28849865		0,001
602	G2967	*Brassica rapa*	gi2058504		0,0015
602	G2967	*Triticum aestivum*	gi485814		0,0052
602	G2967	*Oryza sativa*	gi12698882		0,0094
602	G2967	*Datisca glomerata*	gi4666360		0,01
602	G2967	*Glycine max*	gi1763063		0,014
602	G2967	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		0,018
603	G2969	*Oryza sativa*	OSC100047,C1,p 3,fg	1317	
603	G2969	*Oryza sativa*	Os_S108460	1625	
603	G2969	*Glycine max*	Gma_S4895054	1680	
603	G2969	*Glycine max*	Gma_S4932729	1681	
603	G2969	*Glycine max*	Gma_S4971594	1682	
603	G2969	*Lycopersicon esculentum*	Les_S5265247	1936	
603	G2969	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-57728	2091	
604	G2969	*Brassica oleracea*	BH481194		1,00E-107
604	G2969	*Medicago truncatula*	BI311225		9,00E-76
604	G2969	*Lactuca sativa*	BQ874458		1,00E-70
604	G2969	*Prunus persica*	BU040439		3,00E-69
604	G2969	*Helianthus annuus*	BQ967662		2,00E-65
604	G2969	*Populus tremuloides*	CA932621		7,00E-65
604	G2969	*Oryza sativa*	AAAA01007031		1,00E-62

		(grupo do cultivar *indica*)			
604	G2969	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AC135205		1,00E-62
604	G2969	*Solanum tuberosum*	BQ115018		7,00E-62
604	G2969	*Glycine max*	BE822664		1,00E-61
604	G2969	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29893575		2,90E-62
604	G2969	*Oryza sativa*	gi5777616		3,70E-46
604	G2969	*Glycine max*	gi28542706		0,083
604	G2969	*Chlorella vulgaris*	gi2224427		0,13
604	G2969	*Chloroplast Chlorella vulgaris*	gi7515285		0,13
604	G2969	*Petunia x hybrida*	gi100396		0,88
604	G2969	*Nicotiana tabacum*	gi8099397		0,94
604	G2969	*Pisum sativum*	gi3088648		1
606	G2972	*Brassica oleracea*	BZ070725		1,00E-13
606	G2972	*Oryza sativa*	OSJN00040		2,00E-04
606	G2972	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK108645		2,00E-04
606	G2972	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000197		6,00E-04

606	G2972	*Brassica napus*	CD844215		0,002
606	G2972	*Petunia x hybrida*	AB000454		0,005
606	G2972	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU813541		0,008
606	G2972	*Citrus sinensis*	CB293113		0,025
606	G2972	*Lotus japonicus*	AP004523		0,025
606	G2972	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	CB828590		0,025
606	G2972	*Glycine max*	gi1763063		6,00E-08
606	G2972	*Oryza sativa*	gi12698882		2,50E-06
606	G2972	*Petunia x hybrida*	gi439487		4,70E-06
606	G2972	*Nicotiana tabacum*	gi2981169		4,90E-06
606	G2972	*Datisca glomerata*	gi4666360		1,20E-05
606	G2972	*Medicago sativa*	gi7228329		1,30E-05
606	G2972	*Triticum aestivum*	gi485814		3,50E-05
606	G2972	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29124140		9,50E-05
606	G2972	*Brassica rapa*	gi2058506		0,00024
606	G2972	*Pisum sativum*	gi2129892		0,027
607	G2979	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-49425	2092	
608	G2979	*Zea mays*	AY107996		2,00E-68

608	G2979	*Thellungiella salsuginea*	BI698460		1,00E-60
608	G2979	*Vitis vinifera*	CB920900		4,00E-45
608	G2979	*Helianthus annuus*	CD853183		2,00E-41
608	G2979	*Medicago truncatula*	BG450549		3,00E-39
608	G2979	*Glycine max*	BM524804		8,00E-38
608	G2979	*Lycopersicon esculentum*	BI924306		8,00E-37
608	G2979	*Solanum tuberosum*	BE920312		7,00E-32
608	G2979	*Eschscholzia californica*	CD478692		9,00E-32
608	G2979	*Sorghum bicolor*	BG273641		5,00E-28
608	G2979	*Nicotiana tabacum*	gi6328415		4,40E-10
608	G2979	*Physcomitrella patens*	gi26190147		1,00E-09
608	G2979	*Triticum monococcum*	gi13619655		3,90E-09
608	G2979	*Triticum sp.*	gi5763821		3,90E-09
608	G2979	*Daucus carota*	gi8977833		5,80E-09
608	G2979	*Oryza sativa*	gi12225043		9,90E-09
608	G2979	*Chenopodium rubrum*	gi11558192		3,00E-08
608	G2979	*Populus alba*	gi27802536		3,10E-08
608	G2979	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32479738		1,10E-07
608	G2979	*Thlaspi caerulescens*	gi22086272		2,90E-07
609	G2981	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-	1318	

			CLUSTER28852_1		
609	G2981	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28852_2	1319	
609	G2981	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28852_4	1320	
609	G2981	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28852_5	1321	
609	G2981	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28852_6	1322	
609	G2981	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28852_8	1323	
609	G2981	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28852_9	1324	
609	G2981	*Glycine max*	LIB3242-344-Q1-J1-G7	1325	
609	G2981	*Glycine max*	LIB4392-029-R1-K1-C8	1326	
609	G2981	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER89637_1	1327	
609	G2981	*Oryza sativa*	Os_S104685	1626	
609	G2981	*Glycine max*	Gma_S4882455	1683	
609	G2981	*Zea mays*	Zm_S11334447	1829	
609	G2981	*Zea mays*	Zm_S11524241	1830	
609	G2981	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50978	2093	
610	G2981	*Populus tremula x Populus tremuloides*	AY307373		1,00E-123
610	G2981	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AY224589		1,00E-106
610	G2981	*Zea mays*	AY108383		1,00E-105
610	G2981	*Poncirus trifoliata*	CD573622		1,00E-96

610	G2981	*Glycine max*	BU579005		8,00E-85
610	G2981	*Solanum tuberosum*	BM406319		6,00E-79
610	G2981	*Lycopersicon esculentum*	BG134590		2,00E-76
610	G2981	*Pinus taeda*	BG040894		4,00E-74
610	G2981	*Marchantia polymorpha*	C96290		2,00E-71
610	G2981	*Lactuca sativa*	BU012590		4,00E-66
610	G2981	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi32187097		8,20E-119
610	G2981	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29371983		2,80E-101
610	G2981	*Triticum sp.*	gi11877791		4,10E-47
610	G2981	*Triticum monococcum*	gi13619653		4,10E-47
610	G2981	*Populus alba*	gi27802536		0,0064
610	G2981	*Gnetum gnemon*	gi5019435		0,037
610	G2981	*Nicotiana tabacum*	gi6328415		0,069
610	G2981	*Oryza sativa*	gi12225043		0,071
610	G2981	*Physcomitrella patens*	gi26190147		0,099
610	G2981	*Chenopodium rubrum*	gi11558192		0,15
611	G2982	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28852_1	1318	
611	G2982	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28852_2	1319	
611	G2982	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28852_4	1320	

611	G2982	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28852_5	1321	
611	G2982	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28852_6	1322	
611	G2982	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER28852_8	1323	
611	G2982	*Glycine max*	LIB3242-344-Q1-J1-G7	1325	
611	G2982	*Glycine max*	LIB4392-029-R1-K1-C8	1326	
611	G2982	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER89637_1	1327	
611	G2982	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-50978	2093	
612	G2982	*Brassica napus*	CD813391		1,00E-79
612	G2982	*Populus tremula x Populus tremuloides*	AY307373		2,00E-59
612	G2982	*Zea mays*	AY108383		6,00E-57
612	G2982	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AY224551		2,00E-54
612	G2982	*Glycine max*	BU579005		8,00E-52
612	G2982	*Pinus taeda*	BG040894		3,00E-50
612	G2982	*Solanum tuberosum*	BM406319		2,00E-47
612	G2982	*Marchantia polymorpha*	C96290		3,00E-47
612	G2982	*Lycopersicon esculentum*	BM412584		1,00E-42
612	G2982	*Triticum sp.*	TSP271917		9,00E-40
612	G2982	*Populus tremula x Populus*	gi32187097		1,20E-58

		tremuloides			
612	G2982	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29367654		6,80E-54
612	G2982	*Triticum sp.*	gi11877791		2,00E-40
612	G2982	*Triticum monococcum*	gi13619653		2,00E-40
612	G2982	*Daucus carota*	gi8977833		0,0044
612	G2982	*Nicotiana tabacum*	gi6328415		0,057
612	G2982	*Physcomitrella patens*	gi26190147		0,17
612	G2982	*Thlaspi caerulescens*	gi22086272		0,21
612	G2982	*Oryza sativa*	gi12225043		0,24
612	G2982	*Chenopodium rubrum*	gi11558192		0,25
613	G2983	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER73435_1	1328	
613	G2983	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER73435_2	1329	
613	G2983	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER73435_3	1330	
613	G2983	*Oryza sativa*	OSC101922,C1,p4,fg	1331	
613	G2983	*Oryza sativa*	OSC102287,C1,p18,fg	1332	
613	G2983	*Oryza sativa*	OSC32392,C1,p1,fg	1333	
613	G2983	*Oryza sativa*	Os_S83060	1627	
613	G2983	*Glycine max*	Gma_S4865673	1684	
613	G2983	*Medicago truncatula*	Mtr_S5361396	1714	
613	G2983	*Lycopersicon*	SGN-UNIGENE-	2094	

		esculentum	49230		
614	G2983	*Glycine max*	AX105305		3,00E-57
614	G2983	*Medicago truncatula*	BG588588		2,00E-55
614	G2983	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU828082		8,00E-51
614	G2983	*Brassica oleracea*	BH250068		9,00E-50
614	G2983	*Lycopersicon esculentum*	BG134747		2,00E-48
614	G2983	*Beta vulgaris*	BQ593610		3,00E-47
614	G2983	*Lupinus albus*	CA410814		3,00E-44
614	G2983	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa x Populus deltoides*	CA826202		9,00E-36
614	G2983	*Zea mays*	CC347703		1,00E-27
614	G2983	*Oryza sativa*	OSJN00105		3,00E-27
614	G2983	*Oryza sativa*	gi10241438		8,10E-35
614	G2983	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21740884		4,10E-31
614	G2983	*Petunia x hybrida*	gi22087128		3,60E-22
614	G2983	*Lycopersicon esculentum*	gi28070968		5,80E-22
614	G2983	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi3955021		4,50E-10
614	G2983	*Narcissus pseudonarcissu*	gi18419580		3,90E-05

		s			
614	G2983	*Ceratopteris richardii*	gi3868829		0,025
614	G2983	*Physcomitrella patens*	gi7415618		0,079
614	G2983	*Helianthus annuus*	gi349379		0,15
614	G2983	*Zinnia elegans*	gi24417147		0,3
615	G2990	*Oryza sativa*	OSC4898,C1,p6,fg	1334	
615	G2990	*Zea mays*	LIB3279-221-Q6-K6-B2	1335	
615	G2990	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER42733_1	1336	
615	G2990	*Oryza sativa*	Os_S56831	1628	
615	G2990	*Glycine max*	Gma_S4897246	1685	
615	G2990	*Medicago truncatula*	Mtr_S5341529	1715	
615	G2990	*Triticum aestivum*	Ta_S171947	1921	
615	G2990	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-49426	2095	
615	G2990	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-52525	2096	
616	G2990	*Brassica oleracea*	BH738007		1,00E-100
616	G2990	*Medicago truncatula*	AC139600		3,00E-84
616	G2990	*Flaveria bidentis*	FBI18580		8,00E-81
616	G2990	*Glycine max*	BF069575		4,00E-59
616	G2990	*Solanum tuberosum*	BE471989		7,00E-56
616	G2990	*Flaveria trinervia*	FTR18577		3,00E-51

616	G2990	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	AI166342		5,00E-45
616	G2990	*Vitis vinifera*	CB970621		7,00E-45
616	G2990	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005152		2,00E-43
616	G2990	*Zea mays*	CC335993		3,00E-42
616	G2990	*Flaveria bidentis*	gi13277220		1,10E-76
616	G2990	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32480091		2,10E-38
616	G2990	*Flaveria trinervia*	gi13277216		1,60E-29
616	G2990	*Oryza sativa*	gi5091602		3,00E-28
616	G2990	*Lactuca sativa*	gi29119890		9,00E-20
616	G2990	*Bromheadia finlaysoniana*	gi2108256		4,30E-06
616	G2990	*Lycopersicon esculentum*	gi100214		1,20E-05
616	G2990	*Daucus carota*	gi224556		1,70E-05
616	G2990	*Nicotiana alata*	gi1247388		1,90E-05
616	G2990	*Gossypium barbadense*	gi451544		3,80E-05
617	G2992	*Oryza sativa*	Os_S94181	1629	
617	G2992	*Zea mays*	Zm_S11399262	1831	
618	G2992	*Brassica oleracea*	BZ087784		3,00E-94
618	G2992	*Brassica napus*	CD817420		4,00E-65
618	G2992	*Medicago*	AC139600		6,00E-51

		truncatula			
618	G2992	*Flaveria bidentis*	FBI18580		6,00E-48
618	G2992	*Glycine max*	BF069575		1,00E-47
618	G2992	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP005152		9,00E-44
618	G2992	*Vitis vinifera*	CB970621		3,00E-43
618	G2992	*Flaveria trinervia*	FTR18577		2,00E-42
618	G2992	*Zea mays*	CC335993		4,00E-42
618	G2992	*Helianthus annuus*	BU022145		8,00E-42
618	G2992	*Flaveria bidentis*	gi13277220		9,50E-52
618	G2992	*Flaveria trinervia*	gi13277216		4,40E-43
618	G2992	*Oryza sativa*	gi5091602		4,40E-40
618	G2992	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32480091		4,90E-28
618	G2992	*Lactuca sativa*	gi29119890		3,50E-18
618	G2992	*Sorghum bicolor*	gi671656		0,12
618	G2992	*Pisum sativum*	gi15021756		0,15
618	G2992	*Lycopersicon esculentum*	gi1345538		0,24
618	G2992	*Nicotiana tabacum*	gi119714		0,67
618	G2992	*Pinus taeda*	gi1076237		0,67
620	G2993	*Glycine max*	CA783548		8,00E-56
620	G2993	*Oryza sativa* (grupo do	CNS08CD7		2,00E-51

		cultivar *japonica*)			
620	G2993	*Brassica oleracea*	BH972041		1,00E-49
620	G2993	*Medicago truncatula*	AC139600		4,00E-46
620	G2993	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	AP006401		2,00E-45
620	G2993	*Flaveria bidentis*	FBI18579		4,00E-45
620	G2993	*Vitis aestivalis*	CB289369		5,00E-44
620	G2993	*Lotus japonicus*	AP004968		5,00E-44
620	G2993	*Zea mays*	CC613855		1,00E-43
620	G2993	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01010656		1,00E-42
620	G2993	*Flaveria bidentis*	gi13374061		5,60E-43
620	G2993	*Oryza sativa*	gi5091602		1,20E-40
620	G2993	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32480091		5,00E-35
620	G2993	*Flaveria trinervia*	gi13277216		2,50E-32
620	G2993	*Lactuca sativa*	gi29119890		3,00E-19
620	G2993	*Zea mays*	gi6016218		0,17
620	G2993	*Malus domestica*	gi1946218		0,28
620	G2993	*Pisum sativum*	gi23504755		0,68
620	G2993	*Lycopersicon esculentum*	gi1418988		0,77

620	G2993	*Zea mays* subesp. *mays*	gi21953540		0,82
622	G2996	*Brassica napus*	CD826370		7,00E-88
622	G2996	*Flaveria bidentis*	FBI18579		3,00E-57
622	G2996	*Brassica oleracea*	BZ009581		1,00E-55
622	G2996	*Lotus japonicus*	AP004968		1,00E-51
622	G2996	*Zea mays*	CC673594		5,00E-51
622	G2996	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK109528		2,00E-49
622	G2996	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01010656		2,00E-49
622	G2996	*Glycine max*	AW508242		4,00E-46
622	G2996	*Oryza sativa*	OSJN00063		7,00E-43
622	G2996	*Medicago truncatula*	AC139600		1,00E-41
622	G2996	*Flaveria bidentis*	gi13374061		1,40E-55
622	G2996	*Oryza sativa*	gi5091602		4,40E-43
622	G2996	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32480091		1,00E-41
622	G2996	*Flaveria trinervia*	gi13277216		9,70E-39
622	G2996	*Lactuca sativa*	gi29119890		8,30E-17
622	G2996	*Glycine max*	gi347455		9,40E-13
622	G2996	*Phaseolus vulgaris*	gi81870		5,70E-12

622	G2996	*Lycopersicon esculentum*	gi100215		7,00E-12
622	G2996	*Vigna unguiculata*	gi791150		1,20E-11
622	G2996	*Solanum tuberosum*	gi24745586		1,30E-11
624	G2998	*Brassica oleracea*	BH543781		1,00E-108
624	G2998	*Brassica napus*	CD825397		1,00E-105
624	G2998	*Gossypium arboreum*	BG443964		3,00E-60
624	G2998	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	AP006401		2,00E-56
624	G2998	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	CNS08CD7		3,00E-48
624	G2998	*Glycine max*	CA783548		2,00E-46
624	G2998	*Zea mays*	CC613855		3,00E-46
624	G2998	*Flaveria bidentis*	FBI18579		4,00E-46
624	G2998	*Lotus japonicus*	AP004968		1,00E-43
624	G2998	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000157		9,00E-42
624	G2998	*Oryza sativa*	gi5091602		3,10E-43
624	G2998	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi19387257		6,40E-42
624	G2998	*Flaveria bidentis*	gi13277218		8,00E-39
624	G2998	*Flaveria*	gi13277216		3,40E-38

		trinervia			
624	G2998	*Lactuca sativa*	gi29119890		2,10E-20
624	G2998	*Nicotiana alata*	gi1247386		0,0026
624	G2998	*Sporobolus stapfianus*	gi6478148		0,0038
624	G2998	*Cucumis sativus*	gi3810890		0,0077
624	G2998	*Zea mays*	gi15321716		0,0086
624	G2998	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi16209575		0,009
626	G2999	*Brassica oleracea*	BH686720		4,00E-68
626	G2999	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	AP006401		2,00E-55
626	G2999	*Gossypium arboreum*	BG443964		1,00E-40
626	G2999	*Flaveria bidentis*	FBI18579		2,00E-39
626	G2999	*Glycine max*	CA783548		2,00E-39
626	G2999	*Lotus japonicus*	AP004968		2,00E-38
626	G2999	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK108246		6,00E-38
626	G2999	*Zea mays*	CC629064		2,00E-37
626	G2999	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01010656		3,00E-36
626	G2999	*Brassica napus*	CD835782		4,00E-36
626	G2999	*Flaveria bidentis*	gi13277220		1,70E-40
626	G2999	*Oryza sativa*	gi19387257		1,10E-34

		(grupo do cultivar *japonica*)			
626	G2999	*Oryza sativa*	gi5091602		5,10E-33
626	G2999	*Flaveria trinervia*	gi13277216		3,20E-31
626	G2999	*Lactuca sativa*	gi29119890		1,10E-16
626	G2999	*Asarum europaeum*	gi8163936		0,92
626	G2999	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi3342196		0,98
626	G2999	*Nicotiana tabacum*	gi18448717		0,99
626	G2999	*Calycanthus floridus*	gi8163940		1
628	G3002	*Brassica oleracea*	BZ508225		5,00E-37
628	G3002	*Vitis vinifera*	CB347557		3,00E-25
628	G3002	*Glycine max*	BM886058		4,00E-24
628	G3002	*Brassica napus*	CD818854		1,00E-23
628	G3002	*Zea mays*	CC675142		3,00E-21
628	G3002	*Sorghum bicolor*	AF369906		3,00E-20
628	G3002	*Lycopersicon esculentum*	AW092295		4,00E-19
628	G3002	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	AP006401		6,00E-19
628	G3002	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK111350		1,00E-18
628	G3002	*Oryza sativa*	10A19I		1,00E-18
628	G3002	*Oryza sativa* (grupo do	gi28301934		1,30E-25

		cultivar *japonica*)			
628	G3002	*Oryza sativa*	gi5091602		1,90E-23
628	G3002	*Flaveria bidentis*	gi13277218		2,90E-22
628	G3002	*Flaveria trinervia*	gi13277216		9,90E-14
628	G3002	*Lactuca sativa*	gi29119890		7,40E-09
628	G3002	*Picea mariana*	gi2982264		0,68
628	G3002	*Chloroplast Schismus barbatus*	gi2735522		0,85
628	G3002	*Chloroplast Rytidosperma pumilum*	gi2735530		0,95
628	G3002	*Lycopersicon esculentum*	gi12231300		0,96
628	G3002	*Zea mays*	gi477226		0,98
630	G3003	*Glycine max*	GMA311808		8,00E-83
630	G3003	*Helianthus annuus*	CD849311		7,00E-81
630	G3003	*Medicago truncatula*	CA921097		1,00E-79
630	G3003	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK071104		2,00E-78
630	G3003	*Brassica oleracea*	BH986891		8,00E-78
630	G3003	*Gossypium arboreum*	BQ407338		6,00E-75
630	G3003	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU825617		1,00E-74
630	G3003	*Triticum*	BF293596		4,00E-72

		turgidum			
630	G3003	*Eschscholzia californica*	CD476634		8,00E-72
630	G3003	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01004319		2,00E-66
630	G3003	*Glycine max*	gi18376601		9,80E-78
630	G3003	*Oryza sativa*	gi15290024		3,50E-73
630	G3003	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161636		3,50E-73
630	G3003	*Lycopersicon esculentum*	gi15984226		2,90E-23
630	G3003	*Solanum tuberosum*	gi563623		4,80E-16
630	G3003	*Zea mays*	gi3170601		1,00E-11
630	G3003	*Fragaria x ananassa*	gi1362039		0,2
630	G3003	*Nicotiana tabacum*	gi4887016		0,91
630	G3003	*Vigna radiata*	gi11131101		0,97
630	G3003	*Betula pendula*	gi30577628		1
632	G3008	*Brassica oleracea*	BZ501815		1,00E-112
632	G3008	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	AP006419		1,00E-104
632	G3008	*Medicago truncatula*	AC125389		4,00E-97
632	G3008	*Vigna radiata*	AF467783		2,00E-92
632	G3008	*Lotus japonicus*	AP004499		3,00E-91
632	G3008	*Cucumis melo*	AB063192		2,00E-90

632	G3008	*Lycopersicon esculentum*	AF328784		8,00E-90
632	G3008	*Nicotiana tabacum*	AB015855		1,00E-88
632	G3008	*Zea mays*	AX077258		7,00E-86
632	G3008	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01009163		3,00E-85
632	G3008	*Cucumis melo*	gi15425735		8,50E-96
632	G3008	*Vigna radiata*	gi18643339		1,20E-94
632	G3008	*Nicotiana tabacum*	gi30016896		1,80E-93
632	G3008	*Lycopersicon esculentum*	gi14280042		9,80E-93
632	G3008	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi17221605		1,30E-90
632	G3008	*Dianthus caryophyllus*	gi7739795		2,30E-87
632	G3008	*Zea mays*	gi13121846		2,70E-82
632	G3008	*Fagus sylvatica*	gi10241607		9,50E-80
632	G3008	*Rosa hybrid cultivar*	gi20378359		1,00E-59
632	G3008	*Cicer arietinum*	gi8894550		9,50E-13
634	G3017	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK109662		1,00E-39
634	G3017	*Solanum tuberosum*	BQ513392		6,00E-37
634	G3017	*Glycine max*	AW349686		3,00E-36
634	G3017	*Oryza sativa*	AAAA01007394		6,00E-32

		(grupo do cultivar *indica*)			
634	G3017	*Oryza sativa*	AP003983		3,00E-30
634	G3017	*Triticum aestivum*	CA654295		4,00E-29
634	G3017	*Brassica oleracea*	BZ043983		2,00E-26
634	G3017	*Zea mays*	BH779475		6,00E-26
634	G3017	*Physcomitrella patens* subesp. *patens*	BJ164531		8,00E-18
634	G3017	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU980391		5,00E-14
634	G3017	*Oryza sativa*	gi13486646		3,90E-35
634	G3017	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20160648		2,00E-15
634	G3017	*Pinus taeda*	gi6166283		3,60E-07
634	G3017	*Tulipa gesneriana*	gi5923912		4,10E-07
634	G3017	*Lycopersicon esculentum*	gi5669656		1,60E-06
634	G3017	*Antirrhinum majus*	gi166428		3,10E-06
634	G3017	*Brassica napus*	gi11045087		4,10E-06
634	G3017	*Petunia x hybrida*	gi10998404		7,90E-05
634	G3017	*Glycine max*	gi3399777		0,00011
634	G3017	*Perilla frutescens*	gi4519199		0,00035
636	G3021	*Brassica napus*	CD834815		3,00E-67
636	G3021	*Brassica*	BH955481		8,00E-24

		oleracea			
636	G3021	*Medicago truncatula*	AC125475		3,00E-22
636	G3021	*Gossypium arboreum*	BQ411429		9,00E-12
636	G3021	*Glycine max*	CD394118		2,00E-11
636	G3021	*Gossypium hirsutum*	AI727885		2,00E-08
636	G3021	*Prunus persica*	BU043443		5,00E-08
636	G3021	*Solanum tuberosum*	BM110947		6,00E-08
636	G3021	*Vitis vinifera*	CD798414		1,00E-05
636	G3021	*Cycas rumphii*	CB092407		2,00E-05
636	G3021	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20160528		0,00013
636	G3021	*Oryza sativa*	gi15528743		0,0017
636	G3021	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi895614		0,82
636	G3021	*Pinus taeda*	gi6166283		0,83
636	G3021	*Triticum aestivum*	gi100802		0,92
636	G3021	*Prunus armeniaca*	gi2677828		1
636	G3021	*Hordeum vulgare*	gi4105117		1
638	G3032	*Hordeum vulgare*	BF256704		6,00E-14
638	G3032	*Brassica oleracea*	BH466839		1,00E-13
638	G3032	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP004872		2,00E-13

638	G3032	*Chlamydomonas reinhardtii*	AF309494		4,00E-13
638	G3032	*Gossypium arboreum*	AW726892		9,00E-13
638	G3032	*Oryza sativa*	CA757143		4,00E-12
638	G3032	*Sorghum propinquum*	BZ694881		4,00E-12
638	G3032	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01004665		1,00E-11
638	G3032	*Triticum aestivum*	CA743799		2,00E-11
638	G3032	*Zea mays*	ZMEXTENS		4,00E-11
638	G3032	*Chlamydomonas reinhardtii*	gi12018147		6,50E-16
638	G3032	*Zea mays*	gi1076802		8,30E-12
638	G3032	*Glycine max*	gi99897		1,00E-11
638	G3032	*Volvox carteri f. nagariensis*	gi6523547		2,60E-11
638	G3032	*Santalum album*	gi2429362		1,30E-09
638	G3032	*Nicotiana tabacum*	gi119714		4,70E-09
638	G3032	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488576		2,70E-08
638	G3032	*Oryza sativa*	gi12083527		3,00E-08
638	G3032	*Nicotiana alata*	gi2653671		3,40E-08
638	G3032	*Zea diploperennis*	gi228938		4,70E-08
640	G3044	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	CB828026		6,00E-45

640	G3044	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK103853		7,00E-44
640	G3044	*Avicennia marina*	BM497415		3,00E-42
640	G3044	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA015610		3,00E-42
640	G3044	*Medicago truncatula*	BG644829		5,00E-42
640	G3044	*Triticum aestivum*	BJ267378		1,00E-41
640	G3044	*Hordeum vulgare*	BE455695		7,00E-41
640	G3044	*Glycine max*	BU765737		3,00E-40
640	G3044	*Triticum monococcum*	BF200249		4,00E-40
640	G3044	*Solanum tuberosum*	BG887287		7,00E-40
640	G3044	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20804997		4,20E-45
640	G3044	*Oryza sativa*	gi11862964		1,00E-41
640	G3044	*Tulipa gesneriana*	gi5923912		2,30E-37
640	G3044	*Pinus taeda*	gi6166283		1,80E-11
640	G3044	*Gossypium hirsutum*	gi13346180		4,60E-05
640	G3044	*Oryza rufipogon*	gi1086538		8,60E-05
640	G3044	*Phyllostachys acuta*	gi527661		0,00022
640	G3044	*Lycopersicon*	gi6175252		0,00027

		esculentum			
640	G3044	*Glycine max*	gi3399777		0,00039
640	G3044	*Sorghum bicolor*	gi527665		0,00052
642	G3054	*Brassica oleracea*	BZ041399		3,00E-37
642	G3054	*Brassica napus*	CD836802		3,00E-36
642	G3054	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BQ791259		4,00E-36
642	G3054	*Oryza sativa*	AP004635		9,00E-25
642	G3054	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000844		9,00E-25
642	G3054	*Triticum aestivum*	CD861617		6,00E-24
642	G3054	*Lycopersicon esculentum*	AW930486		1,00E-22
642	G3054	*Trifolium purpureum*	BU576932		1,00E-20
642	G3054	*Lotus japonicus*	BI417981		2,00E-20
642	G3054	*Triticum monococcum*	BQ801216		3,00E-20
642	G3054	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29467558		6,40E-20
642	G3054	*Pisum sativum*	gi14018368		2,50E-15
642	G3054	*Oryza sativa*	gi5441893		2,20E-10
642	G3054	*Pinus pinaster*	gi18129298		3,60E-05
642	G3054	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi3153151		0,63

642	G3054	*Hordeum vulgare*	gi7443232		0,63
643	G3055	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER35081_1	1337	
643	G3055	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER35081_2	1338	
643	G3055	*Oryza sativa*	LIB4831-032-R1-N1-E4	1339	
643	G3055	*Oryza sativa*	ORYSA-22JAN02-CLUSTER3268_1	1340	
643	G3055	*Zea mays*	701166667H1	1341	
643	G3055	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER22810_1	1342	
643	G3055	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER22810_2	1343	
643	G3055	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER22810_3	1344	
643	G3055	*Zea mays*	ZEAMA-08NOV01-CLUSTER22810_4	1345	
643	G3055	*Glycine max*	Gma_S5098126	1686	
643	G3055	*Zea mays*	Zm_S11417368	1832	
643	G3055	*Triticum aestivum*	Ta_S159757	1922	
643	G3055	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-330143	2097	
644	G3055	*Brassica oleracea*	BZ078892		2,00E-95
644	G3055	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000844		1,00E-80
644	G3055	*Oryza sativa*	AP004635		1,00E-80
644	G3055	*Triticum monococcum*	BQ801216		1,00E-71
644	G3055	*Brassica napus*	CD836802		2,00E-71

644	G3055	*Sorghum bicolor*	BE593461		2,00E-67
644	G3055	*Brassica rapa* subesp. *pekinensis*	BQ791259		8,00E-64
644	G3055	*Lycopersicon esculentum*	AW930486		3,00E-58
644	G3055	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BU971385		1,00E-57
644	G3055	*Zea mays*	CC372422		3,00E-56
644	G3055	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29467558		1,80E-99
644	G3055	*Pisum sativum*	gi14018368		2,50E-32
644	G3055	*Oryza sativa*	gi5441893		2,30E-10
644	G3055	*Citrus unshiu*	gi7024449		1,10E-08
644	G3055	*Zea mays*	gi22293		1,30E-08
644	G3055	*Sorghum bicolor*	gi21623		3,70E-08
644	G3055	*Cicer arietinum*	gi21068672		1,30E-07
644	G3055	*Hordeum vulgare*	gi1229138		5,70E-07
644	G3055	*Lycopersicon esculentum*	gi1166450		8,50E-07
644	G3055	*Nicotiana tabacum*	gi395147		1,50E-06
646	G3059	*Vitis vinifera*	CB349575		7,00E-59
646	G3059	*Brassica oleracea*	BH714891		1,00E-55
646	G3059	*Oryza sativa* (grupo do cultivar	AK108658		6,00E-50

		japonica)			
646	G3059	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001811		2,00E-45
646	G3059	*Oryza sativa*	AC098571		2,00E-45
646	G3059	*Zea mays*	CC169635		1,00E-38
646	G3059	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BI958345		1,00E-36
646	G3059	*Populus balsamifera* subesp. *Trichocarpa*	AI166416		2,00E-21
646	G3059	*Sorghum bicolor*	CF073535		6,00E-19
646	G3059	*Medicago truncatula*	AW329637		1,00E-12
646	G3059	*Oryza sativa*	gi13603429		8,50E-53
646	G3059	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi29467558		2,70E-08
646	G3059	*Spinacia oleracea*	gi2815305		3,40E-06
646	G3059	*Pisum sativum*	gi31580864		0,00044
646	G3059	*Pinus pinaster*	gi18129298		0,0015
646	G3059	*Petroselinum crispum*	gi1169081		0,016
646	G3059	*Hordeum vulgare*	gi1418972		0,027
646	G3059	*Nicotiana tabacum*	gi1076624		0,047
646	G3059	*Triticum sp.*	gi100838		0,074
646	G3059	*Triticum*	gi1199790		0,074

		aestivum			
648	G3060	*Brassica oleracea*	BH549078		2,00E-88
648	G3060	*Brassica napus*	CD822240		2,00E-76
648	G3060	*Zea mays*	AY104443		2,00E-62
648	G3060	*Lotus corniculatus* var. *japonicus*	AP006377		9,00E-60
648	G3060	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01009959		5,00E-53
648	G3060	*Oryza sativa*	AP000367		5,00E-53
648	G3060	*Solanum tuberosum*	BQ505464		5,00E-52
648	G3060	*Glycine max*	AW348431		3,00E-49
648	G3060	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AP003609		3,00E-48
648	G3060	*Triticum aestivum*	BF472969		2,00E-47
648	G3060	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32488659		5,10E-49
648	G3060	*Oryza sativa*	gi5441893		2,30E-46
648	G3060	*Pisum sativum*	gi14018368		7,40E-10
648	G3060	*Pinus pinaster*	gi18129298		2,90E-07
648	G3060	*Lycopersicon esculentum*	gi1345534		0,00084
648	G3060	*Gossypium hirsutum*	gi126075		0,11
648	G3060	*Zea mays*	gi22293		0,11
648	G3060	*Petunia x hybrida*	gi121627		0,14

648	G3060	*Petunia sp.*	gi225181		0,14
648	G3060	*Phaseolus vulgaris*	gi121632		0,28
650	G3061	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK072128		2,00E-85
650	G3061	*Prunus persica*	BU039744		4,00E-84
650	G3061	*Lycopersicon esculentum*	BE459738		8,00E-84
650	G3061	*Solanum tuberosum*	BG590535		2,00E-82
650	G3061	*Zea mays*	AX658844		6,00E-82
650	G3061	*Triticum aestivum*	CD912590		3,00E-81
650	G3061	*Robinia pseudoacacia*	BI677739		7,00E-81
650	G3061	*Capsicum annuum*	BM063853		2,00E-79
650	G3061	*Brassica oleracea*	BZ520039		2,00E-79
650	G3061	*Medicago truncatula*	BG645203		3,00E-79
650	G3061	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21741797		8,90E-80
650	G3061	*Solanum tuberosum*	gi563623		1,90E-79
650	G3061	*Oryza sativa*	gi10934090		6,10E-77
650	G3061	*Lycopersicon esculentum*	gi9858780		1,70E-74
650	G3061	*Zea mays*	gi3170601		1,20E-71
650	G3061	*Glycine max*	gi18376601		2,30E-19
650	G3061	*Triticum*	gi485814		0,67

		aestivum			
650	G3061	*Petunia x hybrida*	gi2346986		0,95
650	G3061	*Tsuga canadensis*	gi4530513		1
651	G3067	*Medicago truncatula*	Mtr_S5406390	1716	
651	G3067	*Medicago truncatula*	Mtr_S7093057	1717	
651	G3067	*Zea mays*	Zm_S11388015	1833	
651	G3067	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-56587	2098	
651	G3067	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-360212	2099	
652	G3067	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK104311		1,00E-127
652	G3067	*Oryza sativa*	AP003766		1,00E-105
652	G3067	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01011671		1,00E-102
652	G3067	*Medicago truncatula*	AC144502		2,00E-92
652	G3067	*Lactuca sativa*	BQ849595		5,00E-86
652	G3067	*Zea mays*	CC705079		2,00E-78
652	G3067	*Glycine max*	BG352898		3,00E-76
652	G3067	*Brassica oleracea*	BZ503751		1,00E-71
652	G3067	*Hedyotis centranthoides*	CB087520		2,00E-71
652	G3067	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA030376		4,00E-69

652	G3067	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20804915		2,70E-122
652	G3067	*Oryza sativa*	gi5777616		3,60E-56
652	G3067	*Nicotiana tabacum*	gi27529852		0,55
652	G3067	*Petunia x hybrida*	gi20563		0,72
652	G3067	*Lycopersicon esculentum*	gi122003		0,82
652	G3067	*Chloroplast Phaseolus vulgaris*	gi21309725		1
652	G3067	*Glycine max*	gi2129831		1
653	G3070	*Triticum aestivum*	Ta_S122753	1923	
654	G3070	*Brassica oleracea*	BH986969		2,00E-72
654	G3070	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK104311		6,00E-50
654	G3070	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA030376		2,00E-42
654	G3070	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01000203		4,00E-42
654	G3070	*Oryza sativa*	AP003406		4,00E-42
654	G3070	*Zea mays*	CC705079		1,00E-40
654	G3070	*Medicago truncatula*	AC144502		9,00E-40
654	G3070	*Lactuca sativa*	BQ849595		4,00E-38

654	G3070	*Hedyotis centranthoides*	CB087520		7,00E-37
654	G3070	*Glycine max*	BG352898		7,00E-35
654	G3070	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20804915		7,50E-58
654	G3070	*Oryza sativa*	gi5777616		1,50E-24
654	G3070	*Zea mays*	gi1504058		0,88
654	G3070	*Chlorella vulgaris*	gi2224518		0,97
654	G3070	*Chloroplast Chlorella vulgaris*	gi7520715		0,97
654	G3070	*Medicago sativa*	gi913595		1
654	G3070	*Brassica napus*	gi2809204		1
655	G3076	*Oryza sativa*	Os_S95874	1630	
655	G3076	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-52322	2100	
656	G3076	*Brassica oleracea*	BH458827		1,00E-59
656	G3076	*Lycopersicon esculentum*	AI489100		3,00E-52
656	G3076	*Theobroma cacao*	CA796492		6,00E-31
656	G3076	*Nicotiana glauca X Nicotiana langsdorffii*	TOBTID3		3,00E-25
656	G3076	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU866131		3,00E-21
656	G3076	*Medicago truncatula*	BQ123004		4,00E-20

656	G3076	*Zea mays*	CC633595		8,00E-18
656	G3076	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK106334		1,00E-17
656	G3076	*Oryza sativa*	AP003567		4,00E-17
656	G3076	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01001312		4,00E-17
656	G3076	*Oryza sativa*	gi15408613		1,10E-19
656	G3076	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi21104797		1,10E-19
656	G3076	*Lycopersicon esculentum*	gi4959970		4,30E-13
656	G3076	*Triticum aestivum*	gi100809		2,70E-12
656	G3076	*Solanum tuberosum*	gi13195751		6,90E-12
656	G3076	*Zea mays*	gi297020		8,80E-12
656	G3076	*Nicotiana glauca X Nicotiana langsdorffii*	gi688423		1,00E-11
656	G3076	*Phaseolus vulgaris*	gi15148924		1,40E-10
656	G3076	*Nicotiana tabacum*	gi12230709		1,10E-09
656	G3076	*Glycine max*	gi7488719		1,40E-08
657	G3083	*Oryza sativa*	LIB3434-065-P1-K1-B5	1346	
657	G3083	*Oryza sativa*	Os_S54214	1631	
657	G3083	*Glycine max*	Gma_S4880456	1687	
657	G3083	*Hordeum*	Hv_S60182	1753	

		vulgare			
657	G3083	*Triticum aestivum*	Ta_S179586	1924	
657	G3083	*Lycopersicon esculentum*	SGN-UNIGENE-SINGLET-306367	2101	
658	G3083	*Medicago truncatula*	BQ123004		9,00E-65
658	G3083	*Arachis hypogaea*	CD038559		3,00E-58
658	G3083	*Glycine max*	BE657440		7,00E-51
658	G3083	*Theobroma cacao*	CA794948		2,00E-48
658	G3083	*Phaseolus coccineus*	CA899019		8,00E-47
658	G3083	*Brassica oleracea*	BZ028606		3,00E-42
658	G3083	*Brassica napus*	CD823868		3,00E-42
658	G3083	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU866131		5,00E-36
658	G3083	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	AAAA01006352		2,00E-32
658	G3083	*Nicotiana glauca X Nicotiana langsdorffii*	TOBTID3		1,00E-31
658	G3083	*Nicotiana glauca X Nicotiana langsdorffii*	gi688423		8,80E-36
658	G3083	*Oryza sativa*	gi8570052		1,30E-29
658	G3083	*Lycopersicon esculentum*	gi4959970		3,10E-17
658	G3083	*Nicotiana*	gi12230709		7,50E-16

		tabacum			
658	G3083	*Triticum aestivum*	gi100809		1,60E-15
658	G3083	*Solanum tuberosum*	gi13195751		3,00E-14
658	G3083	*Zea mays*	gi297020		6,00E-14
658	G3083	*Phaseolus vulgaris*	gi15148926		1,90E-13
658	G3083	*Nicotiana sp.*	gi19680		7,30E-13
658	G3083	*Glycine max*	gi7488719		5,10E-11
660	G3084	*Brassica napus*	CD819850		8,00E-16
660	G3084	*Prunus persica*	BU043737		2,00E-15
660	G3084	*Oryza sativa*	BI118786		4,00E-15
660	G3084	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK104501		8,00E-15
660	G3084	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	AV933892		1,00E-14
660	G3084	*Oryza minuta*	CB214244		2,00E-14
660	G3084	*Hordeum vulgare*	BI954130		2,00E-14
660	G3084	*Beta vulgaris*	BQ592350		7,00E-14
660	G3084	*Ipomoea nil*	BJ566577		2,00E-13
660	G3084	*Populus tremula x Populus tremuloides*	PTR306828		4,00E-13
660	G3084	*Populus tremula x Populus tremuloides*	gi20269057		3,10E-14
660	G3084	*Glycine max*	gi114733		1,30E-13

660	G3084	*Vigna radiata*	gi287566		1,60E-13
660	G3084	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	gi30962267		2,10E-13
660	G3084	*Oryza sativa*	gi17154533		3,30E-13
660	G3084	*Pisum sativum*	gi1352058		1,10E-12
660	G3084	*Gossypium hirsutum*	gi22531416		6,20E-12
660	G3084	*Pinus pinaster*	gi17976835		7,70E-12
660	G3084	*Pinus taeda*	gi32396295		7,70E-12
660	G3084	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31126760		1,30E-11
661	G3086	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER427_57	1347	
661	G3086	*Glycine max*	GLYMA-28NOV01-CLUSTER427_63	1348	
661	G3086	*Glycine max*	Gma_S4882467	1688	
661	G3086	*Glycine max*	Gma_S4911216	1689	
662	G3086	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK100106		2,00E-42
662	G3086	*Ipomoea nil*	BJ575230		2,00E-39
662	G3086	*Medicago truncatula*	CA920438		4,00E-38
662	G3086	*Glycine max*	BU550331		2,00E-37
662	G3086	*Lycopersicon esculentum*	AW037896		2,00E-36
662	G3086	*Brassica oleracea*	BH718970		2,00E-36
662	G3086	*Solanum tuberosum*	BQ113088		2,00E-36

662	G3086	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	CA014136		1,00E-35
662	G3086	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *indica*)	CB634806		2,00E-35
662	G3086	*Zea mays*	CA831862		2,00E-35
662	G3086	*Pinus taeda*	gi6166283		4,50E-42
662	G3086	*Oryza sativa*	gi19401700		2,10E-36
662	G3086	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi20161021		1,60E-29
662	G3086	*Tulipa gesneriana*	gi5923912		1,80E-10
662	G3086	*Mesembryanthemum crystallinum*	gi4206118		6,00E-05
662	G3086	*Glycine max*	gi3399777		0,00017
662	G3086	*Brassica napus*	gi27650307		0,00025
662	G3086	*Gossypium hirsutum*	gi13346182		0,00055
662	G3086	*Pennisetum glaucum*	gi527657		0,0017
662	G3086	*Perilla frutescens*	gi4519199		0,0029
664	G3091	*Gossypium hirsutum*	CD486670		2,00E-93
664	G3091	*Medicago truncatula*	CB894060		8,00E-90
664	G3091	*Solanum tuberosum*	BM112649		1,00E-85
664	G3091	*Lupinus albus*	CA411473		1,00E-85
664	G3091	*Vitis vinifera*	CB004487		2,00E-85

664	G3091	*Glycine max*	BQ473916		1,00E-83
664	G3091	*Prunus persica*	BU041659		2,00E-82
664	G3091	*Prunus dulcis*	BU574304		4,00E-82
664	G3091	*Lactuca sativa*	BQ871960		5,00E-82
664	G3091	*Lycopersicon esculentum*	AW220091		7,00E-81
664	G3091	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32489345		1,00E-66
664	G3091	*Oryza sativa*	gi12643058		6,00E-62
664	G3091	*Pisum sativum*	gi16117799		9,70E-33
666	G3094	*Glycine max*	BI969147		2,00E-60
666	G3094	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	BQ765415		2,00E-54
666	G3094	*Pinus pinaster*	BX254443		3,00E-54
666	G3094	*Pinus taeda*	AW011103		3,00E-50
666	G3094	*Pisum sativum*	AB045222		7,00E-46
666	G3094	*Lactuca sativa*	BQ875949		7,00E-46
666	G3094	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU830426		2,00E-45
666	G3094	*Triticum aestivum*	BJ270124		4,00E-45
666	G3094	*Ipomoea nil*	BJ563336		2,00E-44
666	G3094	*Sorghum propinquum*	BF481787		1,00E-43
666	G3094	*Pisum sativum*	gi16117799		8,40E-49
666	G3094	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32489345		2,00E-29

666	G3094	*Oryza sativa*	gi12643058		1,00E-27
666	G3094	*Welwitschia mirabilis*	gi17402656		1
666	G3094	*Chlorella vulgaris*	gi2224452		1
666	G3094	*Gnetum africanum*	gi29648802		1
666	G3094	*Pelargonium mollicomum*	gi9621935		1
668	G3095	*Populus tremula x Populus tremuloides*	BU812421		2,00E-89
668	G3095	*Populus tremula*	BU889637		2,00E-78
668	G3095	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	AK067251		1,00E-64
668	G3095	*Vitis vinifera*	CA818053		3,00E-62
668	G3095	*Populus balsamifera* subesp. *trichocarpa*	BU870747		3,00E-60
668	G3095	*Gossypium arboreum*	BG443078		3,00E-57
668	G3095	*Medicago truncatula*	BQ123285		6,00E-57
668	G3095	*Cryptomeria japonica*	BP176029		7,00E-57
668	G3095	*Glycine max*	CA800006		2,00E-56
668	G3095	*Oryza sativa*	AX653892		4,00E-56
668	G3095	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi32489345		1,60E-57

668	G3095	*Oryza sativa*	gi12643058		1,10E-50
668	G3095	*Pisum sativum*	gi16117799		3,70E-30
668	G3095	*Picea mariana*	gi2996158		0,97
668	G3095	*Ipomoea nil*	gi1064830		1
670	G3111	*Brassica oleracea*	BH673411		6,00E-80
670	G3111	*Medicago truncatula*	AC126786		1,00E-58
670	G3111	*Glycine max*	BU762572		8,00E-56
670	G3111	*Lycopersicon esculentum*	AW443687		1,00E-55
670	G3111	*Lotus japonicus*	BI418846		3,00E-54
670	G3111	*Vitis vinifera*	CB919606		3,00E-52
670	G3111	*Solanum tuberosum*	BI175970		1,00E-48
670	G3111	*Mesembryanthemum crystallinum*	BE033932		2,00E-48
670	G3111	*Lupinus albus*	CA411115		3,00E-46
670	G3111	*Stevia rebaudiana*	BG522187		5,00E-42
670	G3111	*Oryza sativa*	gi12039329		1,40E-35
670	G3111	*Oryza sativa* (grupo do cultivar *japonica*)	gi31433314		1,40E-35
670	G3111	*Hordeum vulgare*	gi2894379		7,20E-34
670	G3111	*Cucumis melo*	gi17016985		7,10E-27
670	G3111	*Zea mays*	gi18092342		6,30E-19
670	G3111	*Nicotiana tabacum*	gi12003386		3,60E-16

670	G3111	*Hordeum vulgare* subesp. *vulgare*	gi20152976		1,40E-14
670	G3111	*Medicago sativa*	gi23451086		2,00E-14
670	G3111	*Glycine max*	gi22597166		3,80E-12
670	G3111	*Pisum sativum*	gi4240031		1,60E-08

[0403] A Tabela 8 lista as sequências descobertas como sendo parálogas dos fatores de transcrição da presente invenção. Os títulos das colunas incluem, da esquerda para a direita, a SEQ ID Nº: de *Arabidopsis*; os números que correspondem à Gene ID (GID) de *Arabidopsis*; os números de GID dos parálogos descobertos em uma busca no banco de dados; e as SEQ ID Nºs: atribuídas aos parálogos.

Tabela 8. Genes de Fatores de Transcrição e Parálogos de *Arabidopsis*

Fator de Transcrição de *Arabidopsis* SEQ ID Nº:	FT de *Arabidopsis* GID Nº	Parálogo GID Nº.	Nucleotídeo Parálogo SEQ ID Nº:
3	G12	G1379	1441
		G24	1349
7	G30	G1791	1461
		G1792	1463
		G1795	1465

Fator de Transcrição de *Arabidopsis* SEQ ID Nº:	FT de *Arabidopsis* GID Nº	Parálogo GID Nº.	Nucleotídeo Parálogo SEQ ID Nº:
9	G46	G1004	1425
		G1419	1447
		G29	1351
		G43	1355
11	G47	G2133	1495
39	G148	G142	33
43	G153	G152	1365
		G1760	1459
		G860	1419
45	G155	G131	15
		G135	21
79	G355	G1994	1491
83	G370	G1995	1493
		G2826	1531
		G2838	1535
		G361	1383
		G362	1385
97	G438	G1548	1453
		G390	1389
		G391	1391
		G392	1393
105	G485	G1364	1439

Fator de Transcrição de *Arabidopsis* SEQ ID Nº:	FT de *Arabidopsis* GID Nº	Parálogo GID Nº.	Nucleotídeo Parálogo SEQ ID Nº:
		G2345	1501
		G481	1395
		G482	1397
121	G627	G149	1363
125	G651	G1914	1481
		G1973	1485
127	G652	G1335	1435
141	G807	G810	1417
145	G839	G1196	1429
153	G916	G184	1369
		G186	1371
155	G926	G2632	1517
159	G961	G2535	1507
		G957	157
161	G975	G1387	1443
		G2583	1515
163	G1011	G154	1367
171	G1037	G722	1409

Fator de Transcrição de *Arabidopsis* SEQ ID Nº:	FT de *Arabidopsis* GID Nº	Parálogo GID Nº.	Nucleotídeo Parálogo SEQ ID Nº:
181	G1128	G1399	1445
185	G1142	G2659	1521
189	G1206	G1207	1431
199	G1313	G1325	1433
207	G1357	G1452	1451
		G512	1401
215	G1412	G759	1413
		G773	1415
223	G1451	G990	1423
225	G1452	G1357	1437
		G512	1401
233	G1482	G1888	1477
277	G1792	G1791	1461
		G1795	1465
		G30	7
281	G1797	G1798	283
283	G1798	G1797	281
287	G1816	G225	1375

Fator de Transcrição de *Arabidopsis* SEQ ID Nº:	FT de *Arabidopsis* GID Nº	Parálogo GID Nº.	Nucleotídeo Parálogo SEQ ID Nº:
		G226	1377
		G2718	507
		G682	1407
297	G1840	G1749	1457
		G1839	1473
303	G1863	G2334	1499
305	G1893	G1976	1489
		G3062	1555
311	G1928	G2664	1523
333	G1995	G2826	1531
		G2838	555
		G361	1383
		G362	1385
		G370	1387
341	G2041	G2882	1537
371	G2207	G2199	1497
393	G2334	G1863	303
407	G2432	G736	1411
417	G2457	G2459	1505

Fator de Transcrição de *Arabidopsis* SEQ ID Nº:	FT de *Arabidopsis* GID Nº	Parálogo GID Nº.	Nucleotídeo Parálogo SEQ ID Nº:
419	G2459	G2457	417
425	G2505	G2635	1519
431	G2536	G511	1399
435	G2550	G2546	1509
441	G2567	G1017	167
483	G2650	G617	1405
505	G2717	G204	1373
		G2709	1525
507	G2718	G1816	287
		G225	1375
		G226	1377
		G682	1407
511	G2741	G1435	1449
525	G2768	G600	117
529	G2776	G1652	1455
545	G2826	G1995	333
		G2838	555
		G361	1383
		G362	1385

Fator de Transcrição de *Arabidopsis* SEQ ID Nº:	FT de *Arabidopsis* GID Nº	Parálogo GID Nº.	Nucleotídeo Parálogo SEQ ID Nº:
		G370	1387
547	G2830	G2562	1511
		G2563	1513
		G2828	1533
555	G2838	G1995	333
		G2826	545
		G361	1383
		G362	1385
		G370	1387
557	G2839	G1889	1479
		G1974	1487
		G353	1379
		G354	1381
567	G2854	G1940	1483
569	G2859	G2779	533
571	G2865	G2934	595
593	G2933	G2928	1539
		G2932	1541
607	G2979	G2980	1547
609	G2981	G2982	1551

Fator de Transcrição de *Arabidopsis* SEQ ID Nº:	FT de *Arabidopsis* GID Nº	Parálogo GID Nº.	Nucleotídeo Parálogo SEQ ID Nº:
611	G2982	G2981	1549
615	G2990	G2989	1553
651	G3067	G2966	1545

[0404] A Tabela 9 lista o número de identificação do gene (GID) e as relações entre os homólogos (encontrados utilizando análises de acordo com o Exemplo IX) e variações de sequências da Listagem de Sequências.

Tabela 9. Relações de similaridade encontradas dentro da Listagem de Sequências

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
671		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
672		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
673		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
674		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
675		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
676		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
677		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G12
678		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
679		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
680		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
681		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G12
682		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G12
683		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G12
684		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
685		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G30, G1792
686		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G30, G1792
687		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G30, G1792
688		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G30, G1792
689		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G30, G1792
690		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G30, G1792
691		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G30, G1792
692		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G46
693		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G46
694		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G46
695		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G46
696		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G46
697		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G46
698		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G46
699		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G46
700		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G46
701		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G46
702		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G47
703		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G47
704		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
705		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
706		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
707		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G148
708		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
709		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
710		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
711		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
712		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
713		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153
714		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153
715		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G153
716		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
717		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153
718		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153
719		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
720		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
721		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
722		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
723		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
724		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
725		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
726		DNA	*Glycine max*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
727		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
728		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
729		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G155
730		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G155
731		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G155
732		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
733		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
734		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
735		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
736		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
737		DNA	*Zea mays*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
738		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
739		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
740		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
741		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
742		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
743		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G200
744		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
745		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
746		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
747		DNA	*Glycine max*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G355
748		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G355
749		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G355
750		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G355
751		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G355
752		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G355
753		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838
754		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838
755		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370, G1995,

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				G2826, G2838
756		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838
757		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838
758		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370, G2826
759		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838
760		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838
761		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838
762		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838
763		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838
764		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
765		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838
766		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G372
767		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G372
768		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
769		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
770		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
771		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
772		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
773		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
774		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
775		DNA	*Glycine max*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
776		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
777		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
778		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
779		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
780		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
781		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
782		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G438
783		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G438
784		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G438
785		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G438
786		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
787		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
788		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
789		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
790		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
791		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
792		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
793		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
794		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
795		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
796		DNA	*Zea mays*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
797		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
798		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
799		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
800		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
801		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
802		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
803		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
804		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
805		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G485
806		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
807		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G485
808		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G485
809		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G485
810		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G485
811		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G485
812		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
813		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
814		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
815		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
816		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
817		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
818		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
819		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
820		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
821		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
822		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G627
823		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G627
824		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G627
825		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
826		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
827		DNA	*Glycine max*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
828		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
829		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
830		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G651
831		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G651
832		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G651
833		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G651
834		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
835		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
836		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
837		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
838		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
839		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
840		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
841		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
842		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
843		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
844		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
845		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G652
846		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G652
847		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G652
848		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G652
849		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G652
850		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G652
851		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G652
852		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G652
853		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
854		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
855		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
856		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
857		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
858		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
859		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
860		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
861		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807
862		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G807
863		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807
864		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807
865		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G807
866		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807
867		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807
868		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
869		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
870		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
871		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
872		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G839

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
873		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G839
874		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
875		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
876		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
877		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
878		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
879		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
880		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
881		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
882		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
883		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
884		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
885		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G916
886		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G916
887		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G916
888		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
889		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G926
890		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G926
891		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G926
892		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G926
893		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G926

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
894		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G926
895		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G961
896		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G961
897		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G961
898		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G961
899		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G961
900		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G961
901		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G961
902		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975
903		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
904		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975
905		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975
906		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975
907		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975
908		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G975
909		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975
910		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975
911		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975
912		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
913		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
914		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
915		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
916		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
917		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
918		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
919		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1011
920		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
921		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
922		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
923		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
924		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
925		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1013
926		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
927		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
928		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
929		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
930		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
931		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
932		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1037
933		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1037
934		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1037
935		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1037
936		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1037

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
937		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1037
938		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
939		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
940		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
941		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
942		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1128
943		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1128
944		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1142
945		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1142
946		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1142
947		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G1142
948		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
949		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
950		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
951		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
952		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
953		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
954		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
955		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
956		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1206
957		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1206

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
958		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1206
959		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1206
960		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
961		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
962		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
963		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
964		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
965		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
966		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
967		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
968		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G1274
969		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1274
970		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1274
971		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1274
972		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1274
973		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1274
974		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1274
975		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1274
976		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1313
977		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1313
978		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1313
979		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1313
980		DNA	*Zea mays*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G1313
981		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1313
982		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1357, G1452
983		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1412
984		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1412
985		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1412
986		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1412
987		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1412
988		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1412
989		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G1412
990		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1412
991		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1412
992		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1420
993		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1420
994		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1420
995		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1420
996		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
997		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
998		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
999		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1000		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1001		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1451
1002		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1451
1003		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1451
1004		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1451
1005		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1006		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1007		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1008		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1009		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1010		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1468
1011		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1468

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1012		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1468
1013		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1476
1014		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1015		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1016		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1017		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1018		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1019		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1020		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1021		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1022		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G1482
1023		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1482
1024		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1482
1025		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1026		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1027		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1028		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1029		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1030		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1031		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1510
1032		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1510
1033		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G1539
1034		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1539
1035		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1557
1036		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
1037		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
1038		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
1039		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
1040		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1660
1041		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1660
1042		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1660
1043		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
1044		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G1660
1045		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
1046		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
1047		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
1048		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1730
1049		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1753
1050		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1753
1051		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1779
1052		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1779
1053		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1779
1054		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1779

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1055		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1779
1056		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1796
1057		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1816, G2718
1058		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1816, G2718
1059		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1816, G2718
1060		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1816, G2718
1061		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1816, G2718
1062		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1816
1063		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1816, G2718
1064		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1816, G2718

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1065		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1816, G2718
1066		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1816, G2718
1067		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1816, G2718
1068		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1893
1069		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1893
1070		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1893
1071		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1893
1072		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1893
1073		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1893
1074		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1893
1075		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1893

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1076		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1893
1077		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1893
1078		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1893
1079		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1893
1080		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1893
1081		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1893
1082		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
1083		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
1084		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
1085		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
1086		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1928
1087		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1928
1088		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1089		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
1090		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1968
1091		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1968
1092		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1968
1093		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1968
1094		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1095		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1096		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1097		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1985
1098		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1988
1099		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G1988
1100		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1988
1101		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1988
1102		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1988
1103		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1988
1104		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1988
1105		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2041
1106		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2041
1107		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2041
1108		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2085

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1109		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2085
1110		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2085
1111		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2085
1112		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2085
1113		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2085
1114		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2109
1115		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2109
1116		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1117		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1118		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1119		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1120		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1121		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1122		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1123		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1124		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1125		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2239
1126		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2239
1127		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2239
1128		DNA	*Glycine max*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G2239
1129		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2239
1130		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2239
1131		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2239
1132		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2239
1133		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2239
1134		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2239
1135		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2239
1136		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2239
1137		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2317
1138		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2317
1139		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2319

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1140		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2319
1141		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2319
1142		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2319
1143		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2432
1144		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2432
1145		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2432
1146		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2453
1147		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2457, G2459
1148		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2457, G2459
1149		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2457, G2459

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1150		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2457, G2459
1151		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2457, G2459
1152		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2457, G2459
1153		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2457, G2459
1154		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2457
1155		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2457
1156		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2457
1157		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2457
1158		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2459
1159		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2459
1160		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2459

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1161		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2505
1162		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2505
1163		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2536
1164		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2536
1165		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2536
1166		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2536
1167		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2536
1168		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2536
1169		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2536
1170		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2536

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1171		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2536
1172		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2536
1173		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2550
1174		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2550
1175		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2550
1176		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1177		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1178		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1179		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1180		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1181		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1182		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1183		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1184		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2567
1185		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2567
1186		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2567
1187		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1188		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1189		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1190		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1191		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1192		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2571
1193		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2571
1194		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2571
1195		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2579
1196		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2579
1197		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2585
1198		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2585
1199		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2585
1200		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2617
1201		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2650
1202		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2650
1203		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2650
1204		DNA	*Zea mays*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G2650
1205		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2650
1206		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2650
1207		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2650
1208		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2661
1209		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1210		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1211		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1212		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1213		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1214		DNA	*Glycine max*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1215		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1216		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1217		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1218		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1219		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2717
1220		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2717
1221		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2717
1222		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1223		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1224		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1225		DNA	*Zea mays*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1226		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1227		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1228		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2723
1229		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2741
1230		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2741
1231		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2741
1232		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2741
1233		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2741
1234		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2741
1235		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2741

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1236		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2741
1237		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2754
1238		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2754
1239		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2754
1240		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2754
1241		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2754
1242		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2754
1243		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2754
1244		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1245		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1246		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1247		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1248		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1249		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1250		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1251		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1252		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2768
1253		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2768
1254		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2768
1255		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1256		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1257		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1258		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1259		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1260		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1261		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1262		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1263		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1264		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1265		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1266		DNA	*Glycine max*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1267		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1268		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1269		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1270		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1271		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1272		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2776
1273		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2776
1274		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2776
1275		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2776
1276		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2776
1277		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1278		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G2776
1279		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2826, G2838
1280		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2830
1281		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1282		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1283		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1284		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1285		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1286		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1287		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2839
1288		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2839
1289		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2839
1290		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2839

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1291		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2839
1292		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2839
1293		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1294		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1295		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1296		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1297		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1298		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1299		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1300		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
1301		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2854

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1302		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
1303		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2859
1304		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2865
1305		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2865
1306		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2885
1307		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2907
1308		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2907
1309		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2907
1310		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2907
1311		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2907
1312		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G2913
1313		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2913
1314		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2933
1315		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2933
1316		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2933
1317		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2969
1318		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981, G2982
1319		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981, G2982
1320		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981, G2982
1321		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981, G2982
1322		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981, G2982

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1323		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981, G2982
1324		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981
1325		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981, G2982
1326		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981, G2982
1327		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981, G2982
1328		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2983
1329		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2983
1330		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2983
1331		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2983
1332		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2983
1333		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2983

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1334		PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2990
1335		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2990
1336		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2990
1337		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055
1338		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055
1339		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055
1340		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055
1341		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055
1342		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055
1343		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1344		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055
1345		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055
1346		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3083
1347		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3086
1348		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3086
1349	G24	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é parálogа a G12
1350	G24	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Parálogа a G12
1351	G29	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é parálogа a G46
1352	G29	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Parálogа a G46
1353	G30	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é parálogа a G1792

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1354	G30	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1792
1355	G43	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G46
1356	G43	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G46
1357	G131	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G155
1358	G131	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G155
1359	G135	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G155
1360	G135	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G155
1361	G142	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G148
1362	G142	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G148
1363	G149	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G627
1364	G149	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G627

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1365	G152	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G153
1366	G152	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G153
1367	G154	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1011
1368	G154	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1011
1369	G184	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G916
1370	G184	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G916
1371	G186	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G916
1372	G186	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G916
1373	G204	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2717
1374	G204	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2717
1375	G225	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1816, G2718

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1376	G225	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1816, G2718
1377	G226	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1816, G2718
1378	G226	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1816, G2718
1379	G353	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2839
1380	G353	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2839
1381	G354	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2839
1382	G354	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2839
1383	G361	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G370, G1995, G2826, G2838
1384	G361	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G370, G1995, G2826, G2838
1385	G362	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G370, G1995, G2826, G2838
1386	G362	PRT	*Arabidopsis*	Paráloga a G370, G1995,

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
			thaliana	G2826, G2838
1387	G370	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1995, G2826, G2838
1388	G370	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1995, G2826, G2838
1389	G390	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G438
1390	G390	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G438
1391	G391	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G438
1392	G391	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G438
1393	G392	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G438
1394	G392	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G438
1395	G481	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G485
1396	G481	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G485

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1397	G482	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G485
1398	G482	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G485
1399	G511	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2536
1400	G511	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2536
1401	G512	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1357, G1452
1402	G512	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1357, G1452
1403	G600	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2768
1404	G600	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2768
1405	G617	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2650
1406	G617	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2650
1407	G682	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1816, G2718

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1408	G682	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1816, G2718
1409	G722	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1037
1410	G722	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1037
1411	G736	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2432
1412	G736	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2432
1413	G759	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1412
1414	G759	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1412
1415	G773	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1412
1416	G773	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1412
1417	G810	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G807
1418	G810	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G807

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1419	G860	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G153
1420	G860	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G153
1421	G957	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G961
1422	G957	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G961
1423	G990	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1451
1424	G990	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1451
1425	G1004	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G46
1426	G1004	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G46
1427	G1017	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2567
1428	G1017	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2567
1429	G1196	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G839

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1430	G1196	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G839
1431	G1207	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1206
1432	G1207	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1206
1433	G1325	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1313
1434	G1325	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1313
1435	G1335	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G652
1436	G1335	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G652
1437	G1357	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1452
1438	G1357	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1452
1439	G1364	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G485
1440	G1364	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G485

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1441	G1379	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G12
1442	G1379	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G12
1443	G1387	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G975
1444	G1387	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G975
1445	G1399	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1128
1446	G1399	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1128
1447	G1419	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G46
1448	G1419	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G46
1449	G1435	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2741
1450	G1435	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2741
1451	G1452	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1357

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1452	G1452	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1357
1453	G1548	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G438
1454	G1548	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G438
1455	G1652	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2776
1456	G1652	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2776
1457	G1749	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1840
1458	G1749	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1840
1459	G1760	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G153
1460	G1760	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G153
1461	G1791	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G30, G1792
1462	G1791	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G30, G1792

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1463	G1792	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G30
1464	G1792	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G30
1465	G1795	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G30, G1792
1466	G1795	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G30, G1792
1467	G1797	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1798
1468	G1797	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1798
1469	G1798	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1797
1470	G1798	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1797
1471	G1816	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2718
1472	G1816	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2718
1473	G1839	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1840

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1474	G1839	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1840
1475	G1863	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2334
1476	G1863	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2334
1477	G1888	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1482
1478	G1888	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1482
1479	G1889	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2839
1480	G1889	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2839
1481	G1914	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G651
1482	G1914	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G651
1483	G1940	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2854
1484	G1940	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2854

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1485	G1973	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G651
1486	G1973	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G651
1487	G1974	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2839
1488	G1974	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2839
1489	G1976	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1893
1490	G1976	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1893
1491	G1994	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G355
1492	G1994	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G355
1493	G1995	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G370, G2826, G2838
1494	G1995	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G370, G2826, G2838
1495	G2133	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				paráloga a G47
1496	G2133	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G47
1497	G2199	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2207
1498	G2199	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2207
1499	G2334	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1863
1500	G2334	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1863
1501	G2345	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G485
1502	G2345	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G485
1503	G2457	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2459
1504	G2457	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2459
1505	G2459	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2457
1506	G2459	PRT	*Arabidopsis*	Paráloga a G2457

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
			thaliana	
1507	G2535	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G961
1508	G2535	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G961
1509	G2546	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2550
1510	G2546	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2550
1511	G2562	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2830
1512	G2562	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2830
1513	G2563	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2830
1514	G2563	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2830
1515	G2583	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G975
1516	G2583	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G975
1517	G2632	DNA	*Arabidopsis*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
			thaliana	polipeptídeos prevista é paráloga a G926
1518	G2632	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G926
1519	G2635	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2505
1520	G2635	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2505
1521	G2659	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1142
1522	G2659	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1142
1523	G2664	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1928
1524	G2664	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1928
1525	G2709	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2717
1526	G2709	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2717
1527	G2718	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1816

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1528	G2718	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1816
1529	G2779	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2859
1530	G2779	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2859
1531	G2826	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G370, G1995, G2838
1532	G2826	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G370, G1995, G2838
1533	G2828	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2830
1534	G2828	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2830
1535	G2838	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G370, G1995, G2826
1536	G2838	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G370, G1995, G2826
1537	G2882	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2041
1538	G2882	PRT	*Arabidopsis*	Paráloga a G2041

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
			thaliana	
1539	G2928	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2933
1540	G2928	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2933
1541	G2932	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2933
1542	G2932	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2933
1543	G2934	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2865
1544	G2934	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2865
1545	G2966	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G3067
1546	G2966	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G3067
1547	G2980	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2979
1548	G2980	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2979
1549	G2981	DNA	*Arabidopsis*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
			thaliana	polipeptídeos prevista é paráloga a G2982
1550	G2981	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2982
1551	G2982	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2981
1552	G2982	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2981
1553	G2989	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G2990
1554	G2989	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G2990
1555	G3062	DNA	*Arabidopsis thaliana*	A sequência de polipeptídeos prevista é paráloga a G1893
1556	G3062	PRT	*Arabidopsis thaliana*	Paráloga a G1893
1557		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
1558		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
1559		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G30

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1560		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
1561		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
1562		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
1563		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1564		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1565		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1566		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1567		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
1568		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G319
1569		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G355
1570		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370
1571		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1572		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1573		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1574		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1575		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G627
1576		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
1577		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1578		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G652
1579		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1580		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807
1581		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
1582		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1313
1583		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1313
1584		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1585		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1586		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1587		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1588		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1589		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1590		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1591		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1592		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1593		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
1594		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1796
1595		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1596		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1597		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1598		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1599		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1600		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1601		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1988
1602		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2060
1603		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2109
1604		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2109
1605		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2207
1606		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G2207
1607		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2317
1608		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2432
1609		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2453
1610		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2550
1611		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1612		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1613		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2650
1614		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1615		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2754

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1616		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2826
1617		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1618		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
1619		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
1620		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2907
1621		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2907
1622		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2907
1623		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2913
1624		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2933
1625		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G2969
1626		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981
1627		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2983
1628		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2990
1629		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2992
1630		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3076
1631		DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3083
1632		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
1633		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G30, G1792
1634		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G153
1635		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1636		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G355
1637		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370
1638		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1639		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1640		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1641		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
1642		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G624
1643		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1644		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1645		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1646		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
1647		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
1648		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
1649		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
1650		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G961
1651		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
1652		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
1653		DNA	*Glycine max*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G1128
1654		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
1655		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
1656		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
1657		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1412
1658		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1659		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1660		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1661		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1662		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G1510
1663		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1816, G2718
1664		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1893
1665		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
1666		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1667		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2207
1668		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2317
1669		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1670		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1671		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2741

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1672		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1673		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1674		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2784
1675		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1676		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1677		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
1678		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2865
1679		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2907
1680		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2969
1681		DNA	*Glycine max*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G2969
1682		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2969
1683		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981
1684		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2983
1685		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2990
1686		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055
1687		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3083
1688		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3086
1689		DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3086
1690		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G12
1691		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
1692		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G355
1693		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1694		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1695		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G627
1696		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
1697		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
1698		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
1699		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1276

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1700		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1701		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1702		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1703		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1704		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
1705		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2051
1706		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2060
1707		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2085
1708		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1709		DNA	*Medicago*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
			truncatula	polipeptídeos prevista é ortóloga a G2317
1710		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2382
1711		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2550
1712		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2550
1713		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1714		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2983
1715		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2990
1716		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3067
1717		DNA	*Medicago truncatula*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3067
1718		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G47
1719		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1720		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1721		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1722		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1723		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1724		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1725		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
1726		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
1727		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G627

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1728		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1729		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1730		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1731		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807
1732		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
1733		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975
1734		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1313
1735		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1736		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1737		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1738		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1739		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
1740		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2051
1741		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2317
1742		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2457
1743		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1744		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1745		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2741
1746		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G2754
1747		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2763
1748		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1749		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1750		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
1751		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
1752		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2907
1753		DNA	*Hordeum vulgare*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3083
1754		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G30, G1792
1755		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1756		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
1757		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153
1758		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153
1759		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1760		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1761		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1762		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1763		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1764		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1765		DNA	*Zea mays*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
1766		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
1767		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
1768		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
1769		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
1770		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G319
1771		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1772		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1773		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1774		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G438
1775		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1776		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
1777		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
1778		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
1779		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
1780		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
1781		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
1782		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1783		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1784		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
1785		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
1786		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
1787		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
1788		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
1789		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
1790		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1142
1791		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
1792		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1793		DNA	*Zea mays*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1794		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1795		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1796		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1797		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1798		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1799		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1800		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1801		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1802		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G1482
1803		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
1804		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
1805		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1796
1806		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1893
1807		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1808		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1809		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1810		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2041
1811		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2109

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1812		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1813		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2453
1814		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2457
1815		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2550
1816		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1817		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2579
1818		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1819		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2741
1820		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2754
1821		DNA	*Zea mays*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G2754
1822		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2754
1823		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
1824		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
1825		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2907
1826		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2907
1827		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2930
1828		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2933
1829		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981
1830		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G2981
1831		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2992
1832		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055
1833		DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3067
1834		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G30
1835		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
1836		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1837		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1838		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1839		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G319

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1840		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1841		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1842		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1843		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1844		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1845		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1846		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
1847		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
1848		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
1849		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
1850		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G627
1851		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1852		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1853		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1854		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1855		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1856		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
1857		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G926
1858		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G1011
1859		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
1860		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
1861		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
1862		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
1863		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1128
1864		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1865		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1866		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1867		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1868		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1869		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1870		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1871		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1872		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1873		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1874		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1875		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1876		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1877		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1878		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
1879		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
1880		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1510
1881		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
1882		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1796
1883		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1816, G2718
1884		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1840
1885		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1886		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G1983
1887		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1888		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1889		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1890		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1891		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1892		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1893		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1894		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1895		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1896		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
1897		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2060
1898		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2109
1899		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1900		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1901		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
1902		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2382
1903		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2457, G2459
1904		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2457
1905		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				polipeptídeos prevista é ortóloga a G2550
1906		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
1907		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1908		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1909		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
1910		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2754
1911		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2754
1912		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
1913		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
1914		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G2839
1915		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1916		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1917		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
1918		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
1919		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
1920		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
1921		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2990
1922		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055
1923		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3070

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1924		DNA	*Triticum aestivum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3083
1925		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G46
1926		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1927		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1928		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1929		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
1930		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1412
1931		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
1932		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1510
1933		DNA	*Lycopersicon*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
			esculentum	polipeptídeos prevista é ortóloga a G2317
1934		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2907
1935		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2930
1936		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2969
1937		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
1938		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
1939		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G12
1940		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G46
1941		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G46
1942		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G46
1943		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
1944		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G148
1945		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153
1946		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153
1947		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1948		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1949		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1950		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1951		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1952		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G155
1953		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
1954		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G200
1955		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G319
1956		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G355
1957		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G355
1958		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G355
1959		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838
1960		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370, G1995,

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				G2826, G2838
1961		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G370, G1995, G2826, G2838
1962		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1963		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1964		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1965		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1966		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1967		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1968		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1969		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G438
1970		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1971		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1972		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1973		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1974		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1975		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1976		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1977		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1978		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
1979		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G438
1980		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
1981		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485
1982		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G627
1983		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
1984		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
1985		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G651
1986		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1987		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G652
1988		DNA	*Lycopersicon*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
			esculentum	polipeptídeos prevista é ortóloga a G807
1989		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807
1990		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
1991		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
1992		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G839
1993		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
1994		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
1995		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
1996		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
1997		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G916
1998		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G916
1999		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G926
2000		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G926
2001		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G926
2002		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G961
2003		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975
2004		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975
2005		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975
2006		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G975

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
2007		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
2008		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
2009		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
2010		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1011
2011		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1037
2012		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1142
2013		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
2014		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
2015		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
2016		DNA	*Lycopersicon*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
			esculentum	polipeptídeos prevista é ortóloga a G1206
2017		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1274
2018		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1274
2019		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1276
2020		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1357, G1452
2021		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1412
2022		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1412
2023		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
2024		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
2025		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G1451
2026		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
2027		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
2028		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
2029		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
2030		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1451
2031		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1468
2032		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1482
2033		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1510
2034		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
2035		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1660
2036		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1779
2037		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1893
2038		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
2039		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
2040		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
2041		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
2042		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1928
2043		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1968
2044		DNA	*Lycopersicon*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
			esculentum	polipeptídeos prevista é ortóloga a G1983
2045		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1988
2046		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2041
2047		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2041
2048		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
2049		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
2050		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
2051		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2142
2052		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2207
2053		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G2207
2054		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2319
2055		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2334
2056		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2382
2057		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2382
2058		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2432
2059		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2459
2060		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2536
2061		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2536
2062		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
2063		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
2064		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2567
2065		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2571
2066		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2650
2067		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2650
2068		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
2069		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2717
2070		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2741
2071		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2741
2072		DNA	*Lycopersicon*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
			esculentum	polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
2073		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
2074		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2768
2075		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
2076		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2776
2077		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2784
2078		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2839
2079		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
2080		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
2081		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				ortóloga a G2854
2082		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
2083		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
2084		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2854
2085		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2859
2086		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2865
2087		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2865
2088		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2885
2089		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2907
2090		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2933

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
2091		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2969
2092		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2979
2093		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2981, G2982
2094		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2983
2095		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2990
2096		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2990
2097		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3055
2098		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3067
2099		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3067
2100		DNA	*Lycopersicon*	A sequência de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
			esculentum	polipeptídeos prevista é ortóloga a G3076
2101		DNA	*Lycopersicon esculentum*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G3083
2102	G131_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P15154 (variação de sequência)
2103	G324_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P3299 (variação de sequência)
2104	G386_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P15647 (variação de sequência)
2105	G624_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P2461.7 (variação de sequência)
2106	G651_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P2812 (variação de sequência)
2107	G744_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P15010 (variação de sequência)
2108	G1037_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P15001 (variação de sequência)
2109	G1150_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P15631 (variação de

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				sequência)
2110	G2041_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P13846 (variação de sequência)
2111	G2106_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P13733 (variação de sequência)
2112	G2319_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P13388 (variação de sequência)
2113	G2453_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P2750 (variação de sequência)
2114	G2453_2	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P3322 (variação de sequência)
2115	G2559_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P15538 (variação de sequência)
2116	G2639_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P15568 (variação de sequência)
2117	G2679_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P15056 (variação de sequência)
2118	G2768_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P15431 (variação de sequência)

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
2119	G2771_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P15182 (variação de sequência)
2120	G2784_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P15148 (variação de sequência)
2121	G2802_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P2771 (variação de sequência)
2122	G2907_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P15595 (variação de sequência)
2123	G3003_1	DNA	*Arabidopsis thaliana*	Construção de expressão P3291 (variação de sequência)
2124	G3380	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1795 Membro do clado G1792
2125	G3380	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1795 Membro do clado G1792
2126	G3381	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G30 Membro do clado G1792
2127	G3381	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G30 Membro do clado

SEQ ID Nº:	GID	DNA ou Proteína (PRT)	Espécies da qual a Sequência é Derivada	Relação
				G1792
2128	G3383	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1792 Membro do clado G1792
2129	G3383	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G1792 Membro do clado G1792
2130	G3392	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G682 Membro dos clados G1816 e G2718
2131	G3392	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G682 Membro dos clados G1816 e G2718
2132	G3393	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G682 Membro dos clados G1816 e G2718
2133	G3393	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G682 Membro dos clados G1816 e G2718

2134	G3394	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2135	G3394	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485
2136	G3395	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2137	G3395	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485
2138	G3396	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2139	G3396	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485
2140	G3397	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2141	G3397	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485

2142	G3398	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2143	G3398	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485
2144	G3429	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2145	G3429	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485
2146	G3431	DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G682 Membro dos clados G1816 e G2718
2147	G3431	PRT	*Zea mays*	Ortóloga a G682 Membro dos clados G1816 e G2718
2148	G3434	DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2149	G3434	PRT	*Zea mays*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485

2150	G3435	DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G482 Membro do clado G485
2151	G3435	PRT	*Zea mays*	Ortóloga a G482 Membro do clado G485
2152	G3436	DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2153	G3436	PRT	*Zea mays*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485
2154	G3437	DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2155	G3437	PRT	*Zea mays*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485
2156	G3444	DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G682 Membro dos clados G1816 e G2718
2157	G3444	PRT	*Zea mays*	Ortóloga a G682 Membro dos clados G1816 e G2718

2158	G3445	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G225 Membro dos clados G1816 e G2718
2159	G3445	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G225 Membro dos clados G1816 e G2718
2160	G3446	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G225 Membro dos clados G1816 e G2718
2161	G3446	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G225 Membro dos clados G1816 e G2718
2162	G3447	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G225 Membro dos clados G1816 e G2718
2163	G3447	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G225 Membro dos clados G1816 e G2718
2164	G3448	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G225 Membro dos clados G1816 e G2718
2165	G3448	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G225 Membro dos clados G1816 e G2718

2166	G3449	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G225 Membro dos clados G1816 e G2718
2167	G3449	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G225 Membro dos clados G1816 e G2718
2168	G3450	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G682 Membro dos clados G1816 e G2718
2169	G3450	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G682 Membro dos clados G1816 e G2718
2170	G3470	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G482 Membro do clado G485
2171	G3470	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G482 Membro do clado G485
2172	G3471	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G482 Membro do clado G485
2173	G3471	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G482 Membro do clado G485

2174	G3472	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2175	G3472	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485
2176	G3473	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2177	G3473	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485
2178	G3474	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2179	G3474	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485
2180	G3475	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2181	G3475	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485

2182	G3476	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G482 Membro do clado G485
2183	G3476	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G485 Membro do clado G482
2184	G3477	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G482 Membro do clado G485
2185	G3477	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G485 Membro do clado G482
2186	G3478	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G485 Membro do clado G485
2187	G3478	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G485 Membro do clado G485
2188	G3479	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153 Membro do clado G153
2189	G3479	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G153 Membro do clado G153

2190	G3484	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153 Membro do clado G153
2191	G3484	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G153 Membro do clado G153
2192	G3485	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153 Membro do clado G153
2193	G3485	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G153 Membro do clado G153
2194	G3487	DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153 Membro do clado G153
2195	G3487	PRT	*Zea mays*	Ortóloga a G153 Membro do clado G153
2196	G3488	DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153 Membro do clado G153
2197	G3488	PRT	*Zea mays*	Ortóloga a G153 Membro do clado G153

2198	G3489	DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G153 Membro do clado G153
2199	G3489	PRT	*Zea mays*	Ortóloga a G153 Membro do clado G153
2200	G3491	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807 Membro do clado G807
2201	G3491	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G807 Membro do clado G807
2202	G3494	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807 Membro do clado G807
2203	G3494	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G807 Membro do clado G807
2204	G3495	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807 Membro do clado G807
2205	G3495	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G807 Membro do clado G807

2206	G3512	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G807 Membro do clado G807
2207	G3512	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G807 Membro do clado G807
2208	G3515	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G30 Membro do clado G1792
2209	G3515	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G30 Membro do clado G1792
2210	G3516	DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1792 Membro do clado G1792
2211	G3516	PRT	*Zea mays*	Ortóloga a G1792 Membro do clado G1792
2212	G3517	DNA	*Zea mays*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1791 Membro do clado G1792
2213	G3517	PRT	*Zea mays*	Ortóloga a G1791 Membro do clado G1792

2214	G3518	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1792 Membro do clado G1792
2215	G3518	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G1792 Membro do clado G1792
2216	G3519	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1792 Membro do clado G1792
2217	G3519	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G1792 Membro do clado G1792
2218	G3520	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G1792 Membro do clado G1792
2219	G3520	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G1792 Membro do clado G1792
2220	G3527	DNA	*Glycine max*	
2221	G3527	PRT	*Glycine max*	
2222	G3528	DNA	*Glycine max*	
2223	G3528	PRT	*Glycine max*	

2224	G3643	DNA	*Glycine max*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G47 Membro dos clados G47 e G2133
2225	G3643	PRT	*Glycine max*	Ortóloga a G47 Membro dos clados G47 e G2133
2226	G3644	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G47 Membro dos clados G47 e G2133
2227	G3644	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G47 Membro dos clados G47 e G2133
2228	G3645	DNA	*Brassica rapa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G47 Membro dos clados G47 e G2133
2229	G3645	PRT	*Brassica rapa*	Ortóloga a G47 Membro dos clados G47 e G2133
2230	G3646	DNA	*Brassica oleracea*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2133 Membro dos clados G47 e G2133
2231	G3646	PRT	*Brassica oleracea*	Ortóloga a G2133 Membro dos clados G47 e G2133

2232	G3647	DNA	*Zinnia elegans*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G47 Membro dos clados G47 e G2133
2233	G3647	PRT	*Zinnia elegans*	Ortóloga a G47 Membro dos clados G47 e G2133
2234	G3649	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G47 e G2133 Membro dos clados G47 e G2133
2235	G3649	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G47 e G2133 Membro dos clados G47 e G2133
2236	G3651	DNA	*Oryza sativa*	A sequência de polipeptídeos prevista é ortóloga a G2133 Membro dos clados G47 e G2133
2237	G3651	PRT	*Oryza sativa*	Ortóloga a G2133 Membro dos clados G47 e G2133

Exemplos

[0407] A invenção, agora tendo sido geralmente descrita, será mais facilmente entendida com referência aos exemplos a seguir, que são incluídos meramente para finalidades de ilustração de certos aspectos e modalidades

da presente invenção e não pretendem limitar a invenção. Será reconhecido por um versado na técnica que um fator de transcrição que está associado a um primeiro traço em particular também pode estar associado, pelo menos com um outro segundo traço não-relacionado e inerente que não foi previsto pelo primeiro traço.

[0408] As descrições completas dos traços associados com cada polinucleotídeo da invenção estão completamente divulgadas na Tabela 4 e na Tabela 6. A descrição completa da família de gene do fator de transcrição e dos domínios conservados identificados do polipeptídeo codificado pelo polinucleotídeo está totalmente divulgada na Tabela 5.

Exemplo I: Identificação e Clonagem do Gene de Comprimento Total

[0409] As sequências de fator putativo de transcrição (genômicas ou ESTs) relacionadas aos fatores de transcrição conhecidos foram identificadas no banco de dados do GenBank *Arabidopsis thaliana* que usa o programa da análise de sequência tblastn usando-se os parâmetros predeterminados e um limiar de faixa de valor P de -4 ou -5 ou inferior, dependendo do comprimento da sequência desconhecida. Os sucessos da sequência de fator putativo de transcrição foram então selecionados para identificar aqueles que contêm fileiras de sequência em particular. Se

os sucessos da sequência continham tais fileiras de sequência, as sequências foram confirmadas como fatores de transcrição.

[0410] Alternativamente, as coleções de cDNA da *Arabidopsis thaliana* derivadas de diferentes tecidos ou tratamentos, ou as coleções genômicas foram selecionadas para identificar novos membros de uma família de transcrição que usa uma abordagem de hibridização de alta restrição. As sondas foram sintetizadas usando-se iniciadores específicos de gene em uma reação padrão de PCR (temperatura de recozimento 60°C) e marcadas com ^{32}P dCTP usando-se o High Prime DNA Labeling Kit (Boehring Mannheim Corp. (agora Roche Diagnostics Corp., Indianápolis, IN). Foram adicionadas sondas radiomarcadas purificadas aos filtros imersos em meio de hibridização de Church ($NaPO_4$ 0,5 M pH 7,0, SDS a 7%, albumina de soro bovino a 1% peso/volume) e hibridizadas durante toda a noite a 60°C com agitação. Os filtros foram lavados duas vezes durante 45 a 60 minutos com 1X SSC, SDS a 1% a 60°C.

[0411] Para identificar a sequência adicional 5' ou 3' de uma sequência parcial de cDNA em uma biblioteca de cDNA, foram realizadas extremidades 5' e 3' de cDNA de amplificação rápida (RACE) usando-se o kit de amplificação de cDNA MARATHON (Clotech, Palo Alto, CA). Geralmente, o método acarretou primeiro isolar o poli (A) mRNA,

realizando-se a primeira e a segunda síntese de filamento de cDNA para gerar cDNA de filamento duplo, inativando-se as extremidades de cDNA, seguido por ligação do Adaptador MARATHON ao cDNA para formar uma biblioteca de cDNA ds ligado ao adaptador.

[0412] Os iniciadores gene-específicos projetados para serem usados juntamente com iniciadores adaptadores específicos para ambas as reações 5' e 3' RACE. Iniciadores aninhados, em vez de iniciadores isolados, foram usados para aumentar a especificidade de PCR. Usando-se as reações 5' e 3' RACE foram obtidos fragmentos 5' e 3' RACE, sequenciados e clonados. O processo pode ser repetido até que fossem identificadas as extremidades 5' e 3' do gene de comprimento total. Então o cDNA de comprimento total foi gerado por PCR usando-se iniciadores específicos para as extremidades 5' e 3' do gene por PCR extremidade-a-extremidade.

Exemplo II: Construção de Vetores de Expressão

[0413] A sequência foi amplificada de uma biblioteca genômica ou de cDNA usando-se iniciadores específicos para sequências a montante e a jusante da região de codificação. O vetor de expressão era pMEN20 ou pMEN65, que são ambos derivados de pMON316 (Sanders e outros (1987) *Nucleic Acids Res.* 15: 1543-1558) e contêm o promotor CaMV 35S para expressar transgenes. Para clonar a

sequência no vetor, tanto pMEN20 como o fragmento de DNA amplificado foram digeridos separadamente com enzimas de restrição SalI e NotI a 37°C durante 2 horas. Os produtos de digestão foram sujeitos a eletroforese em um gel de agarose a 0,8% e visualizados por coloração com brometo de etídio. Os fragmentos de DNA que contêm a sequência e o plasmídeo linearizado foram excisados e purificados usando-se um kit de extração de gel QIAQUICK (Qiagen, Valencia CA). Os fragmentos de interesse foram ligados a uma razão de 3:1 (vetor para inserir). As reações de ligação que usam T4 DNA ligase (New England Biolabs, Beverly MA) foram realizadas a 16°C durante 16 horas. Os DNAs ligados foram transformados em células competentes da *E. coli* cepa DH5 alfa pela utilização do método de choque térmico. As transformações foram aplicados em placas de LB contendo 50 mg/l de canamicina (Sigma Chemical Co. St. Louis MO). Colônias individuais foram cultivadas durante toda a noite em cinco mililitros de caldo LB contendo 50 mg/l de canamicina a 37°C. O DNA do plasmídeo foi purificado usando-se kits Qiaquick Mini Prep (Qiaagen).

Exemplo III: Transformação de *Agrobacterium* com o Vetor de Expressão

[0414] Depois que foi construído o vetor de plasmídeo que contém o gene, o vetor foi usado para transformar células de *Agrobacterium tumefaciens* que

expressam os produtos de gene. O estoque de células de *Agrobacterium tumefaciens* para transformação foram obtidos como descrito por Nagel e outros (1990) *FEMS Microbiol Letts.* 67: 325-328. A cepa *Agrobacterium* ABI foi cultivada em 250 ml de meio LB (Sigma) durante toda a noite a 28°C com agitação até que seja conseguida uma absorbância acima de 1 cm a 600 nm (A_{600}) de 0,5 - 1,0. As células foram colhidas por centrifugação a 4.000 x g durante 15 minutos a 4°C. As células foram então ressuspensas em 250 µl de tampão resfriada (HEPES 1 mM, pH ajustado até 7,0 com KOH). As células foram centrifugadas de novo como descrito acima e ressuspensas em 125 µl de tampão resfriado. As células foram então centrifugadas e ressuspensas duas vezes mais no mesmo tampão de HEPES como descrito acima a um volume de 100 µl e 750 µl, respectivamente. As células ressuspensas foram então distribuídas em alíquotas de 40 µl, rapidamente congeladas em nitrogênio líquido e armazenadas a -80°C.

[0415] As células de *Agrobacterium* foram transformadas com plasmídeos preparados como descrito acima seguindo-se o protocolo descrito por Nagel e outros (acima). Para cada constructo de DNA a ser transformado, foram misturados 50 - 100 ng de DNA (geralmente ressuspensos em Tris-HCl 10 mm, EDTA 1 mM, pH 8,0) com 40 µl de células de *Agrobacterium*. A mistura de DNA/célula foi então transferida para uma cubeta resfriada com um espaço

de eletrodo de 2 mm e sujeita a uma carga de 2,5 kV dissipada a 25 µF e 200 µF usando-se um aparelho Gene Pulser II (Bio-Rad, Hércules, CA). Após eletroporação, as células foram imediatamente ressuspensas em 1,0 ml de LB e deixadas se recuperarem sem seleção de antibióticos durante 2 - 4 horas a 28°C em uma incubadora com agitação. Após a recuperação, as células foram aplicadas sobre meio seletivo de caldo de LB contendo 100 µg/ml de espectinomicina (Sigma) e incubadas durante 24-48 horas a 28°C. Colônias isoladas foram então colhidas e inoculadas em meio novo. A presença de constructo de plasmídeo foi verificada por amplificação de PCR e análise de sequência.

Exemplo IV: Transformação de Plantas de *Arabidopsis* com *Agrobacterium tumefaciens* com Vetor de Expressão

[0416] Após a transformação de *Agrobacterium tumefaciens* com vetores de plasmídeo que contêm o gene, colônias isoladas de *Agrobacterium*, foram identificadas, propagadas e usadas para transformar plantas de *Arabidopsis*. Em resumo, culturas de 500 ml de meio LB contendo 50 mg/l de canamicina foram inoculadas com as colônias e cultivadas a 28°C com agitação durante 2 dias até fosse conseguida uma absorbância óptica a 600 nm de comprimento de onda acima de 1 cm (A_{600}) de > 2,0. As células foram então colhidas por centrifugação a 4.000 x g durante 10 minutos e ressuspensas em meio de infiltração

(1/2 X sais de Murashige e Skoog (Sigma), 1 X vitaminas B-5 de Gamborg (Sigma), 5,0% (peso/volume) de sacarose, benzilamino purina 0,044 µM (Sigma), 200 µl/l de Silwet L-77 (Lehle Seeds) até ser atingida uma A_{600} de 0,8.

[0417] Antes da transformação, sementes de *Arabidopsis thaliana* (ecotipo Columbia) foram semeadas a uma densidade de aproximadamente 10 plantas por vaso de 10,16 cm (4 polegadas) sobre meio para vasos Pro-Mix BX (Hummert International) recobertos com malha de fibra de vidro (18 mm X 16 mm). As plantas foram cultivadas sob iluminação contínua (50-75 µE/m^2/segundo) a 22-23°C com 65-70% de umidade relativa. Após aproximadamente 4 semanas, são cortados caules primários de inflorescência (feixes) para encorajar o crescimento de múltiplos feixes secundários. Após a floração dos feixes secundários maduros, as plantas foram preparadas para transformação por remoção de todas as síliquas e flores abertas.

[0418] Os vasos foram então imersos de cabeça para baixo na mistura de meio de infiltração de *Agrobacterium* como descrito acima durante 30 segundos e colocados sobre seus lados para permitir a drenagem em uma superfície plana de aproximadamente 30 cm x 60 cm (1 pé x 2 pés) recoberta com envoltório de plástico. Após 24 horas, o envoltório de plástico foi removido e os vasos são virados de cabeça para baixo na vertical. O procedimento de imersão foi repetido

uma semana mais tarde, para um total de duas imersões por vaso. As sementes foram então coletadas de cada vaso de transformação e analisadas seguindo-se o protocolo descrito a seguir.

Exemplo V: Identificação de Transformantes Primários de *Arabidopsis*

[0419] As sementes coletadas dos vasos de transformação foram esterilizadas essencialmente como a seguir. As sementes foram dispersas em uma solução que contém Triton X-100 a 0,1% (v/v) (Sigma) e água estéril e lavadas por agitação da suspensão durante 20 minutos. A solução de lavagem foi então drenada e substituída com solução de lavagem nova para lavar as sementes durante 20 minutos com agitação. Após remoção da solução de etanol/detergente, foi adicionada às sementes uma solução que contém 0,1% (v/v) de Triton X-100 e 30% de alvejante (v/v) (CLOROX; Clorox Corp. Oakland CA) e a suspensão foi agitada durante 10 minutos. Após a remoção da solução de alvejante/detergente, as sementes foram então lavadas cinco vezes em água destilada estéril. As sementes foram armazenadas na última água de lavagem a 4°C durante 2 dias no escuro antes de ser aplicada sobre meio de seleção de antibióticos (1 X sais de Murashige e Skoog (pH ajustado até 5,7 com KOH 1 M), 1 X vitaminas B-5 de Gamborg, 0,9% de fitágar (Life Technologies) e 50 mg/l de canamicina). As

sementes foram germinadas sob iluminação contínua (50-85 $\mu E/m^2/s$) a 22-23°C. Após 7-10 dias de crescimento sob estas condições, os transformantes primários resistentes à canamicina (geração T1) foram visíveis e obtidos. Estas mudas foram transferidas primeiro a placas novas de seleção onde as mudas continuavam a crescer durante 3-5 dias mais, e então ao solo (meio para vasos Pro-Mix BX).

[0420] Os transformantes primários foram cruzados e as semente de progênie coletadas (T_2); as mudas resistentes à canamicina foram selecionadas e analisadas. Os níveis de expressão dos polinucleotídeos recombinantes nos transformantes variam de desde aproximadamente um aumento de nível de expressão de 5% até pelo menos um aumento de nível de expressão de 100%. Observações similares são feitas em relação ao nível de expressão de polipeptídeo.

Exemplo VI: Identificação de Plantas de *Arabidopsis* com Nocautes do Gene de Fator de Transcrição

[0421] A seleção de inserção de coleções mutagenizadas de *Arabidopsis* para mutantes nulos em um gene alvo conhecido foi essencialmente como descrita em Krysan e outros (1999) *Plant Cell* 11: 2283-2290. Em resumo, iniciadores gene específicos, aninhados por 5-250 pares de base um ao outro, foram projetadas das regiões 5' e 3' de um gene alvo conhecido. Similarmente, os conjuntos aninhados de iniciadores também foram criados específicos a

cada uma das extremidades de T-DNA ou transposon (as bordas "direita" e "esquerda"). Todas as combinações possíveis de iniciadores gene específicos e de T-DNA/transposon foram usadas para detectar por PCR um evento de inserção dentro ou próximo ao gene alvo. Os fragmentos de DNA amplificados foram então sequenciados o que permite a determinação precisa do ponto de inserção de T-DNA/transposon em relação ao gene alvo. Os eventos de inserção dentro da sequência de codificação ou interveniente dos genes foram desconvolutos de uma reunião que compreende um grande número de eventos de inserção para uma única planta mutante simples para caracterização funcional. O método é descrito com mais detalhe em Yu e Adam, Pedido de Patente US Nº de Série 09/177. 733, depositado em 23 de outubro de 1998.

Exemplo VII: Identificação de Fenótipos Modificados em Superexpressão ou Plantas de Nocaute de Gene

[0422] Foram realizados experimentos para identificar aqueles transformantes ou nocautes que exibiam características bioquímicas modificadas. Entre os produtos bioquímicos que foram dosados estavam os açúcares insolúveis, tais como arabinose, fucose, galactose, manose, ramnose ou xilose ou similares; lipídeos de prenila, tais como luteína, beta-caroteno, xantofila-1, xantofila-2, clorofilas A e B ou alfa-, delta- ou gama-tocoferol ou similares; ácidos graxos, tais como 16:0 (ácido palmítico),

16:1 (ácido palmitoléico), 18:0 (ácido esteárico), 18:1 (ácido oléico), 18:2 (ácido linoléico), 20:0, 18:3 (ácido linolênico), 20:1 (ácido eicosênico), 20:2, 22:1 (ácido erúcico) ou similares; ceras, tais como por alteração dos níveis de C29, C31 ou C33 alcanos; esteróis, tais como brassicasterol, campesterol, estimasterol, sitosterol ou estigmastanol ou similares, glicosinolatos, proteína ou níveis de óleo.

[0423] Os ácidos graxos foram medidos usando-se dois métodos dependendo de se o tecido era proveniente das folhas ou das sementes. Para as folhas, os lipídeos foram extraídos e esterificados com H_2SO_4 e distribuído em hexano da salmoura metanólica. Para ácidos graxos de semente, as sementes foram pulverizadas e extraídas em metanol: heptano; tolueno: 2,2-dimetoxipropano: H_2SO_4 (39: 34: 20: 5: 2) durante 90 minutos a 80°C. Após resfriamento até a temperatura ambiente a base superior, que contém os ésteres de ácido graxo da semente, foi sujeita a análise GC. Ésteres de ácido graxo provenientes tanto de sementes como de tecidos de folha foram analisados com uma coluna SUPELCO SP-2330 (Supelco, Bellefonte, PA).

[0424] Os glicosinolatos foram purificados de sementes ou de folhas primeiro por aquecimento do tecido a 95°C durante 10 minutos. É adicionado etanol: água preaquecido (50:50) e após aquecimento a 95° C durante mais

10 minutos, o solvente de extração é aplicado a uma coluna DEAE SEPHADEX (Pharmacia) que tinha sido equilibrada anteriormente com acetato de piridina 0,5 M. Os dessulfoglicosinolatos foram eluídos com 300 ul de água e analisados por HPLC em fase reversa por monitoração a 226 nm.

[0425] Para alcanos cerosos, as amostras foram extraídas utilizando-se um método idêntico como ácidos graxos e os extratos foram analisados em uma HP 5890 GC acoplada com um 5973 MSD. As amostras foram isoladas cromatograficamente em um espectrômetro de massa J&W DB35 (J&W Scientific Agilent Technologies, Folsom, CA).

[0426] Para medir os níveis de fenil lipídeo, sementes ou folhas foram pulverizadas com pirogalol a 1 a 2% como um antioxidante. Para as sementes, as amostras extraídas foram filtradas e uma parte removido para análise de tocoferol e carotenóide/clorofila por HPLC. O material restante foi saponificado para determinação de esterol. Para as folhas, foi removida uma alíquota e diluída com metanol e clorofila A, clorofila B e carotenóides totais medidos por espectrofotometria por determinação da absorbância óptica a 665,2 nm, 652,5 nm e 470 nm. Foi removida uma alíquota para composição de tocoferol e carotenóide/clorofila por HPLC usando-se uma coluna Waters µBondapak C18 (4,6 mm x 150 mm). A solução metanólica

restante foi saponificada com KOH a 10% a 80° C durante uma hora. As amostras foram resfriadas e diluídas com uma mistura de metanol e água. Foi misturada uma solução de cloreto de metileno a 2% em hexano e as amostras foram centrifugadas. A fase de metanol aquoso foi de novo reextraída com 2% de cloreto de metileno em hexano e, após cenrifugação, as duas fases superiores foram combinadas e evaporadas. Foi adicionado cloreto de metileno a 2% em hexano e as amostras foram então extraídas com um ml de água. A fase superior foi removida, seca e ressuspensa em 400 ul de cloreto de metileno a 2% em hexano e analisada por cromatografia gasosa utilizando-se um 50 m DB-5ms (0,25 mm ID, 0,25 um fase, J&W Scientific).

[0427] Os níveis de açúcar insolúvel foram medidos pelo método essencialmente emscrito por Reiter e outros (1999), *Plant J.* 12: 335-345. Este método analisa a composição de açúcar neutro de polímeros da parede celular encontrados em folhas de *Arabidopsis*. Os açúcares solúveis foram separados dos polímeros de açúcar por extração das folhas com etanol quente a 70%. O resíduo restante que contém os polissacarídeos insolúveis foi então hidrolisado com ácido com alose adicionada como um padrão interno. Os monômeros de açúcar gerados pela hidrólise foram então reduzidos aos alditóis correspondentes por tratamento com NaBH4, então foram acetilados para gerar acetatos de

alditol voláteis que foram então analisados por GC-FID. A identidade dos picos foi determinada por comparação dos tempos de retenção de açúcares conhecidos convertidos aos acetatos de alditol correspondentes com os tempos de retenção de picos provenientes de extratos de vegetal do tipo selvagem. Os acetatos de alditol foram analisados em uma coluna capilar Supelco SP-2330 (30 m x 250 µm x 0,2 µm) usando-se um software que começa a 180° C durante 2 minutos seguida por um aumento de 220°C em 4 minutos. Após manutenção a 220°C durante 10 minutos, a temperatura do forno é aumentada até 240°C em 2 minutos e mantida a esta temperatura durante 10 minutos e trazida de volta até a temperatura ambiente.

[0428] Para identificar os vegetais com alterações do óleo total da semente ou no teor de proteína, 150 mg de sementes provenientes de vegetais de progênie T2 foram sujeitos a análise por Espectroscopia de Refletância em Infravermelho Próximo (NIRS) que usa um Foss NirSystems Model 6500 com um sistema de transporte de cuba giratória. NIRS é um método analítico não-destrutivo usado para determinar a composição de óleo e de proteína na semente. Infravermelho é a região do espectro eletromagnético localizado após a região visível na direção de comprimentos de onda mais longos. 'Infravermelho' deve o seu nome ao fato de ser a região do infravermelho próxima à região

visível do espetro eletromagnético. Para finalidades práticas, o infravermelho próximo compreende comprimentos de onda entre 800 e 2500 nm. NIRS é aplicada a compostos orgânicos ricos em ligações N-H (tais como proteínas e aminoácidos). Os instrumentos analíticos para NIRS operam por sinais de NIRS que se correlacionam estatisticamente a diversos comprimentos de onda com a característica ou a propriedade pretendida a ser medida. Todas as substâncias biológicas contêm milhares de ligações C-H, O-H e N-H. Portanto, a exposição à radiação do infravermelho próximo de uma amostra biológica, tal como, uma semente, resulta em um espectro complexo que contém informação qualitativa e quantitativa sobre a composição física e química daquela amostra.

[0429] O valor numérico de um analito específico na amostra, tal como, o teor de proteína ou o teor de óleo, é mediado por uma abordagem de calibração conhecido como quimiométrica. A quimiométrica aplica métodos estatísticos tais como regressão múltipla linear (MLR), mínimos quadrados parciais (PLS) e análise do componente principal (PCA) aos dados do espectro e correlaciona os mesmos com uma propriedade física ou outro fator, cuja propriedade ou fator é diretamente determinada em vez da própria concentração do analito. O método primeiro fornece dados de "química úmida" das amostras necessárias para se

desenvolver a calibração.

[0430] A calibração da resposta de NIRS foi realizada usando-se dados obtidos por análise de química úmida de uma população de ecotipos de *Arabidopsis* que se esperou representarem a diversidade de níveis de óleo e de proteína.

[0431] A exata composição de óleo de cada ecotipo usado no experimento de calibração foi realizada usando-se análise gravimétrica de óleos extraídos de amostras de semente (0,5 g ou 1,0 g) pelo método da extração acelerada por solvente (ASE; Dionex Corp, Sunnyvale, CA). O método da extração foi validado contra amostras registradas de canola (Community Bureau of Reference, Bélgica). Amostras de semente provenientes de cada ecotipo (0,5 g ou 1g) foram sujeitas a extração acelerada com solvente e os pesos resultantes de óleo extraído comparados ao peso de óleo recuperado da semente de canola que foi registrada para teor de óleo (Community Bureau of Reference). A equação de calibração de óleo era baseada em 57 amostras com uma faixa de teores de óleo de desde 27,0% até 50,8%. Para controlar a validade da curva de calibração, um conjunto adicional de amostras foi extraído por ASE e previsto o uso da equação de calibração de óleo. Este conjunto de validação chegou a 46 amostras, na faixa de 27,9% até 47,5% de óleo e tinha um erro padrão previsto de desempenho de 0,63%. O método

químico úmido para a proteína era análise elementar que usa (% N X 6,0) a média de 3 amostras representativas de 5 mg cada uma validada contra milho moído registrado (NIST). A instrumentação era um analisador elementar Elementar Vario-EL III operado em modo de operação CNS (Elementar Analysensysteme GmbH, Hanau, Alemanha).

[0432] A equação de calibração de proteína era baseada em uma coleção de 63 amostras com uma faixa de teores de proteína de desde 17,4% até 31,2%. Um conjunto adicional de amostras foi analisado para proteína por análise elementar (n = 57) e investigado por NIRS para se validar a equação de previsão de proteína. A faixa de proteína da validação ajustada era desde 16,8% até 31,2% e o erro padrão de previsão era 0,468%.

[0433] Foi realizada análise NIRS de *Arabidopsis* em entre 40-300 mg de amostra experimental. Os teores de óleo e de proteína foram previstos usando-se as respectivas equações de calibração.

[0434] Os dados obtidos pela análise NIRS foram analisados estatisticamente usando-se uma análise do vizinho mais próximo (N-N). A análise de N-N permite a remoção de variabilidade especial dentro de bloco em uma maneira regularmente flexível, que não requer conhecimento anterior do padrão de variabilidade na câmara. Teoricamente, todos os híbridos são cultivados sob

condições experimentais idênticas dentro de um bloco (rep). Na realidade, até mesmo em muitos projetos de bloco, existe variabilidade significativa dentro do bloco. Os procedimentos de vizinho mais próximo estão baseados na suposição de que o efeito ambiental de um gráfico está intimamente relacionado ao de seus vizinhos. Os métodos de vizinho mais próximo usam informação de gráficos adjacentes para ajustar a heterogeneicidade dentro do bloco e para fornecer estimativas mais precisas de meios de tratamento e de diferenças. Se houver heterogeneicidade dentro do bloco em uma escala especial que seja maior do que um único gráfico e menor do que o bloco inteiro, então os rendimentos de gráficos adjacentes estarão correlacionados positivamente. A informação proveniente dos gráficos vizinhos pode ser usada para reduzir ou para remover o efeito indesejado da heterogeneicidade espacial e, portanto melhorar a estimativa do efeito do tratamento. Os dados provenientes de gráficos vizinhos também podem ser usados para reduzir a influência de competição entre gráficos adjacentes. A análise N-N de Papadakis pode ser usada com projetos para remover a variabilidade dentro do bloco que seria removida com a análise de gráfico dividido padrão ((Papadakis (1973) *Inst. d'Amelior. Plantes Thessaloniki (Greece) Bull. Scientif.* No. 23; Papadakis (1984) *Proc. Acad. Athens* 59: 326-342).

[0435] Foram realizados experimentos para identificar aqueles transformantes ou nocautes que exibiram sensibilização de açúcar modificado. Para tais estudos, as sementes provenientes de transformantes foram germinadas em meios que contêm 5% de glicose ou 9,4% de sacarose que normalmente restringem elongação de hipocotila parcialmente restrita. As plantas com sensibilização de açúcar alterada pode ter hipocotilas mais longas ou mais curtas do que as plantas normais quando cultivadas neste meio. Adicionalmente, outros traços de plantas podem ser variados tal como, massa da raiz.

[0436] Podem ser realizados experimentos para identificar aqueles transformantes ou nocautes que exibiram uma tolerância melhorada a patogenio. Para tais estudos, os transformantes são expostos a patógenos fungais biotrópicos, tal como, *Erysiphe orontii* e patógenos fungais necrotrópicos, tal como, *Fusarium oxysporum*. Os isolados de *Fusarium oxysporum* causam murchas vasculares e quedas de vários vegetais anuais, perenes e de ervas daninhas (Mauch-Mani e Slusarenko (1994) *Molec Plant-Microbe Interact*. 7: 378-383). Para experimentos com *Fusarium oxysporum*, as plantas são cultivadas sobre placas de Petri e borrifadas com uma suspensão de esporo novo de *F. oxysporum*. A suspensão de esporo é preparada como a seguir: Um bloco de hifas fungais provenientes de uma cultura em placa é

colocada em uma placa de ágar com dextrose de batata fresca e deixadas espalhar durante uma semana. Cinco ml de água estéril são então adicionados à placa, agitados e pipetados em 50 ml de meio de *Fusarium*. Os esporos foram cultivados durante toda a noite e então borrifados sobre plantas usando-se um borrifador para tintas Preval. O tecido da planta é colhido e congelado em nitrogênio líquido 48 horas após a infecção.

[0437] *Erysiphe orontii* é um agente causal de míldio em pó. Para experimentos com *Erysiphe orontii*, as plantas são cultivadas aproximadamente 4 semanas em uma estufa sob 12 horas de luz (20 °C, umidade relativa aproximadamente 30%). As folhas individuais são infectadas com esporos de *E. orontii* provenientes de plantas infectadas usando-se uma escova de pelo de camelo e as plantas são transferidas para uma câmara de crescimento de Percival (20 °C, 80% de umidade relativa). O tecido da planta é colhido e congelado em nitrogênio líquido 7 dias após a infecção.

[0438] *Botrytis cinerea* é um patógeno necrotrófico. *Botrytis cinerea* é cultivado em ágar com dextrose de batata sob 12 horas de luz (20 °C, aproximadamente 30% de umidade relativa). Uma cultura de esporos é obtida espalhando-se 10 ml de água estéril sobre a placa de fungo, agitando-se e transferindo-se os esporos para 10 ml de água estéril. O

inóculo de esporo (aproximadamente 105 esporos/ml) é então usado para borrifar mudas de 10 dias de idade cultivadas sob condições estéreis sobre meio MS (sem sacarose). Os sintomas são avaliados cada dia até aproximadamente 1 semana.

[0439] Culturas de hifas de *Sclerotinia sclerotiorum* são cultivadas em caldo de dextrose de batata. Um grama de hifas é moído, filtrado, fiado e ressuspenso em água estéril. É usada uma diluição de 1:10 para borrifar mudas de 10 dias de idade cultivadas assepticamente sob um regime de 12 horas de luz/escuro em meio MS (sem sacarose). Os sintomas são avaliados todo dia até aproximadamente 1 semana.

[0440] *Pseudomonas syringae* pv maculicola (Psm) cepa 4326 e pv maculicola cepa 4326 foi inoculado manualmente a duas doses. Duas doses de inoculação permitem a diferenciação entre as plantas com suscetibilidade melhorada e plantas com resistência melhorada ao agente patógeno. As plantas são cultivadas durante 3 semanas na estufa, então transferidas para a câmara de crescimento para o resto de seu crescimento. Psm ES4326 pode ser inoculado manualmente com seringa de 1 ml sobre 3 folhas totalmente expandidas por planta (com 4 ½ semanas de idade), usando-se pelo menos 9 plantas para a linhagem de superexpressão a duas doses de inoculação, OD=0,005 e

OD=0,0005. A avaliação da doença é realizada no dia 3 após a inoculação com fotos das plantas e folhas retiradas em paralelo.

[0441] Em alguns casos, os padrões de expressão dos induzidos por patógeno (tais como genes de defesa) podem ser monitorados por experimentos em microssistema. Nestes experimentos, os cDNAs são gerados por PCR e ressuspensos a uma concentração final de aproximadamente 100 ng/ul em 3X SSC ou fosfato de sódio 150 mM (Eisen e Brown (1999) *Methods Enzymol.* 303: 179-205). Os cDNAs são aplicados sobre lâminas de vidro de microscópio revestidos com polilisina. Os cDNAs preparados são aliquotados em placas com 384 poços e aplicados sobre as laminas usando-se, por exemplo, uma montagem x-y-z (OmniGrid) que pode ser adquirida de GeneMachines (Menlo Park, CA) adaptada com pinos do tipo palheta que podem ser adquiridos de Telechem International (Sunnyvale, CA). Após aplicação, os sistemas são curados por um mínimo de uma semana à temperatura ambiente, reidratados e bloqueados seguindo-se o protocolo recomendado por Eisen e Brown (1999; acima).

[0442] Amostras de RNA total da amostra (10 µg) são marcadas usando-se corantes fluorescentes Cy3 e Cy5. As amostras marcadas são ressuspensas em 4X SSC/0,03% SDS/4 µg de DNA esperma de salmão /2 µg de tRNA/ pirofosfato de sódio 50mM, aquecidas até 95 °C durante 2,5 minutos, fiadas

e colocadas no sistema. O sistema é então recoberto com uma tampa do tipo vidro de relógio e colocado em uma câmara vedada. A câmara é então mantida em um banho-maria a 62°C durante toda a noite. Os sistemas são lavados como descrito em Eisen e Brown (1999, acima) e escaneados em um scanner a laser General Scanning 3000. Os arquivos resultantes são subsequentemente avaliados quantitativamente usando-se um progrma de computador IMAGENE, (BioDiscovery, Los Angeles CA).

[0443] Podem ser realizados experimentos de RT-PCR para identificar aqueles genes induzidos após exposição patógenos fungais biotrópicos, tal como, *Erysiphe orontii*, patógenos fungais necrotrópicos, tal como, *Fusarium oxysporum*, bactérias, vírus e ácido salicílico, este último estando envolvido em uma resposta não-específica em *Arabidopsis thaliana*. Geralmente, é examinado os padrões de expressão provenientes de folha de vegetal de solo.

[0444] Foi conduzida PCR transcriptase reversa que usa iniciadores específicos de gene dentro da região de codificação para cada sequência identificada. Os iniciadores foram projetados próximo à região 3' de cada sequência de ligação de específica de DNA inicialmente identificada.

[0445] O RNA total proveniente destes tecidos de folha de solo foi isolado usando-se o protocolo de extração

CTAB. Uma vez extraído o RNA total foi normalizado em concentração através de todos os tipos de tecido para garantir que a reação de PCR para cada tecido recebesse a mesma quantidade de matriz de cDNA usando uma faixa de 28S como referência. O RNA Poly(A+) foi purificado usando-se um protocolo modificado proveniente do protocolo em batelada do kit de purificação Qiagen OLIGOTEX. O cDNA foi sintetizado usando-se protocolos padrão. Após a primeira síntese de cDNA de filamento, foram usados iniciadores para Actina 2 para normalizar a concentração de cDNA através dos tipos de tecido. Descobriu-se que Actina 2 é expressa constitutivamente em níveis regulamente iguais através dos tipos de tecido que estão sendo investigados.

[0446] Para RT PCR, a matriz de cDNA foi misturada com iniciadores correspondentes e Taq DNA polimerase. Cada reação consistia em 0,2 µl de matriz de cDNA, 2 µl de tampão 10X Tricine, 2 µl de tampão 10X Tricine e 16,8 µl de água, 0,05 µl de Iniciador 1, 0,05 µl de Iniciador 2, 0,3 µ de l Taq DNA polimerase e 8,6 µl de água.

[0447] A placa de 96 cavidades é recoberta com microfilme e adaptada ao termociclador para iniciar o ciclo da reação. Para fins de ilustração, o ciclo da reação pode compreender as seguintes etapas:

Etapa 1: 93° C durante 3 minutos;

Etapa 2: 93° C durante 30 segundos;

Etapa 3: 65° C durante 1 minuto;

Etapa 4: 72° C durante 2 minutos;

As Etapas 2, 3 e 4 são repetidas durante 28 ciclos;

Etapa 5: 72° C durante 5 minutos e

Etapa 6: 4°C.

Para amplificar mais produtos, por exemplo, para identificar genes que têm expressão muito baixa, podem ser realizadas etapas adicionais. O método a seguir ilustra um método que pode ser usado sob este aspecto. A placa de PCR é colocada de volta no termociclador durante 8 mais ciclos de etapas 2-4.

Etapa 2 93° C durante 30 segundos;

Etapa 3 65° C durante 1 minuto;

Etapa 4 72° C durante 2 minutos, repetida durante 8 ciclos e

Etapa 5 4° C.

[0448] Oito microlitros de produto de PCR e 1,5 µl de carregamento de corante são carregados em um gel de agarose a 1,2% para análise após 28 ciclos e 36 ciclos. Os níveis de expressão de transcritos específicos são considerados baixos se eles foram apenas detectáveis após 36 ciclos de PCR. Os níveis de expressão são considerados médios ou altos dependendo dos níveis de transcrito comparados com os níveis de transcrito observados para um controle interno tal como, actina 2. Os níveis de

transcrito são determinados em experimentos de repetição e comparados aos níveis de transcrito nas plantas de controle (por exemplo, não transformadas).

[0449] Foram realizados experimentos para identificar aqueles transformantes ou nocautes que exibiram uma melhor tolerância ao estresse ambiental. Para tais estudos, os transformantes foram expostos a uma variedade de estresses ambientais. As plantas foram expostas a um estresse de resfriamento (6 horas de exposição a 4-8° C), estresse de calor (6 horas de exposição a 32-37 ° C), estresse a alto teor de sal (6 horas de exposição a NaCl 200 mM), estresse de secagem (168 horas após remoção da água das bandejas), estresse osmótico (6 horas de exposição a manitol 3 M) ou limitação de nutriente (nitrogênio, fosfato e potássio) (nitrogênio: todos os componentes de meio MS permaneceram constantes exceto N que foi reduzido a 20 mg/l de NH_4NO_3; fosfato: todos os componentes de meio MS exceto KH2PO_4, que foi substituído por K_2SO_4; potássio: todos os componentes de meio MS exceto remoção de KNO_3 e KH_2PO_4, que foram substituídos por NaH_4PO_4).

[0450] Foram realizados experimentos para identificar aqueles transformantes ou nocautes que exibiram uma estrutura modificada e características de desenvolvimento. Para tais estudos, os transformantes foram observados a olho nu para identificar novas características

estruturais ou de desenvolvimento associadas com a expressão ectópica dos polinucleotídeos ou dos polipeptídeos da invenção.

[0451] O tempo de floração foi medido pelo número de folhas de roseta presentes quando estiver aparente uma inflorescência visível de aproximadamente 3 cm. A roseta e o número total de folhas no caule da progênie estão intimamente correlacionadas com o tempo de floração (Koornneef e outros (1991) *Mol. Gen. Genet.* 229: 57-66). Também foi medida a resposta de vernalização, foram semeadas sementes a placas de ágar MS, vedadas com fita microporo e colocadas em um ambiente frio a 4°C com baixos níveis de iluminação durante 6-8 semanas. As placas foram então transferidas para câmaras de crescimento ao longo de placas que contêm controles não-vernalizados recém-semeados. As folhas de roseta foram contadas quando estava evidente uma inflorescência visível de aproximadamente 3 cm.

[0452] Os fenótipos modificados observados para superexpressor em particular ou nocaute de plantas são fornecidos na Tabela 4. Para um superexpressor em particular que apresenta uma característica menos vantajosa, pode ser útil selecionar uma planta com uma menor expressão do fator de transcrição em particular. Para um nocaute em particular que apresenta uma característica

menos vantajosa, pode ser mais útil selecionar uma planta com maior expressão do fator de transcrição em particular.

[0453] As sequências da Listagem de Sequência ou aquelas nas Tabelas 4 - 9 ou aquelas aqui divulgadas, podem ser usadas para preparar plantas transgênicas e plantas com traços alterados. As plantas transgênicas específicas relacionadas a seguir são produzidas partindo das sequências da Listagem de Sequência,como observado. As Tabelas 4 e 6 fornecem exemplos de sequências de polinucleotídeo e de polipeptídeo da invenção.

Exemplo VIII: Exemplos de Genes que Conferem Melhoria Significativa a Plantas

[0454] Exemplos de genes e de homólogos que conferem melhorias significativas ao nocaute ou a superexpressão de plantas são observados a seguir. Observações experimentais feitas em relação aos genes específicos cuja expressão foi modificada em plantas de superexpressão ou de nocaute e as aplicações potenciais baseadas nestas observações feitas em relação aos genes específicos cuja expressão foi modificada na superexpressão ou no nocaute de plantas, e aplicações baseadas nestas observações, também são apresentadas.

[0455] Este exemplo fornece provas experimentais para maior tolerância ao estresse de biomassa e abiótico controlado pelos polipeptídeos do fator de transcrição e os

polipeptídeos da invenção.

[0456] Os ensaios de estresse com sal pretendem descobrir genes que confiram melhor germinação, vigor da muda ou crescimento em alto teor de sal. A evaporação da superfície do solo causa movimento ascendente e acúmulo de sal na camada superior do solo onde são colocadas as sementes. Desse modo, a germinação geralmente ocorre a uma concentração de sal muito mais alta do que a concentração média de sal de todo o perfil do solo. As plantas diferem em sua tolerância a NaCl dependendo do seu estágio de desenvolvimento, portanto são avaliadas a germinação da semente, o vigor da muda e respostas de crescimento da planta.

[0457] Ensaios de estresse osmótico (inclusive ensaios com NaCl e manitol) pretendem determinar se um fenótipo de estresse osmótico é específico a NaCl ou se ele é um estresse osmótico relacionado ao fenótipo. As plantas tolerantes ao estresse osmótico também podiam ter mais tolerância a seca e/ou congelamento.

[0458] Os ensaios de seca pretendem descobrir genes que medeiam a melhor sobrevivência da planta após grave insuficiência de água a curto termo. O vazamento de íons será medido se necessário. A tolerância ao estresse osmótico também confirma um fenótipo tolerante à seca.

[0459] Ensaios de estresse com temperatura

pretendem descobrir genes que confiram melhor germinação, vigor da muda ou crescimento da planta sob estresse de temperatura (frio, congelamento e calor).

[0460] Os ensaios de sensibilização a açúcar pretendem descobrir genes envolvidos em sensibilização a açúcar por germinação de sementes em altas concentrações de sacarose e de glicose e procurando-se graus de alongamento de hipocotila. O ensaio de germinação em manitol controla respostas relacionadas ao estresse osmótico. Os açúcares são moléculas reguladoras chave que afetam diversos processos em plantas superiores inclusive a germinação, o crescimento, a floração, a senescência, o metabolismo do açúcar e a fotossíntese. A sacarose é a principal forma de transporte de fotossintetizado e foi demonstrado que o seu fluxo através das células afeta a expressão do gene e altera o acúmulo de composto em armazenagem nas sementes (relações de fonte-sumidouro). A sensibilização a hexose glicose-específica também foi descritas em plantas e está implicada na divisão da célula e repressão de genes de "escassez" (ciclos fotossintéticos ou de glioxilato).

[0461] Os ensaios de germinação seguiram modificações do mesmo protocolo básico. Foram semeadas sementes estéreis nos meios condicionais relacionados a seguir. As placas foram incubadas a 22° C sob luz 24 horas (120-130 µEin/m^2/s) em uma e do vigor da muda foi conduzida

câmara de crescimento. A avaliação da germinação durante 3 a 15 dias após a plantação. O meio basal era meio Murashige-Skoog (MS) a 80% + vitaminas.

[0462] Para experimentos de germinação com sal e estresse osmótico, o meio foi suplementado com NaCl 150 mM ou manitol 300 mM. Foram realizados ensaios de sensibilidade de regulagem de crescimento em meio MS, vitaminas e ABA 0,3 µM, sacarose a 9,4% ou glicose a 5%.

[0463] Foram realizados experimentos de germinação com estresse de temperatura a frio a 8°C. Foram conduzidos experimentos de germinação com estresse de calor a 32°C até 37°C durante 6 horas de exposição.

[0464] Para experimentos de estresse conduzidos com plantas mais maduras, as sementes foram germinadas e cultivadas durante sete dias em MS + vitaminas + 1% de sacarose a 22°C e então transferidas para condições de estresse de resfriamento e de calor. As plantas foram expostas a esforço de resfriamento (6 horas de exposição a 4-8° C) ou estresse com calor (32° C foi aplicado durante cinco dias, após o que as plantas foram transferidas de volta 22 °C para recuperação e avaliadas após 5 dias em relação aos controles não-expostos à temperatura diminuída ou elevada).

Resultados:

G1988 (SEQ ID Nº: 327)

Informação Publicada

[0465] O G1988 (At3g21150) está no P1 clone MSA6 (Número de acesso do GenBank AP000604) e foi identificado com base em sua similaridade de sequência dentro do domínio conservado a outras proteínas relacionadas tipo tipo CONSTANS em *Arabidopsis*. Não há qualquer informação publicada ou pública em relação à função do G1988.

Observações Experimentais.

[0466] A função do G1988 foi estudada utilizando plantas transgênicas nas quais o gene foi expresso sob o controle do promotor 35S. Uma evidência destes ensaios fisiológicos e morfológicos indica que o G1988 pode desempenhar uma função nos processos de desenvolvimento regulados pela luz; As plantas jovens partindo de semente 35S::G1988 exibiam hipocotilédones mais longos, pecíolos alongados e um número de linhagens que floreciam precocemente.

[0467] Quando cultivadas em fosfato limitado, todas as linhagens pareciam maiores e possuíam maior crescimento de raiz que os controles. As plantas jovens partindo de sementes germinadas em placas que continham nitrogênio limitado (suplementado com glutamina) pareciam menos estressadas que os controles.

Utilidades

[0468] Com base nos resultados de ensaios

fisiológicos, o G1988 poderia ser utilizado para engenheirar plantas que exibem maior crescimento e capacidade de sobrevivência em ambientes com poucos nutrientes.

[0469] O G1988 poderia ter ainda uma função na modulação de processos do desenvolvimento regulados pela luz, tal como o impedimento à sombra. A eliminação das respostas à sombra poderia levar a maiores densidades de plantio com um aumento subsequente do rendimento. O gene poderia ainda ser útil na manipulação do tempo de florescência.

Exemplo IX: Identificação de Sequências Homólogas

[0470] Este exemplo descreve a identificação de genes que são ortólogos aos fatores de transcrição de *Arabidopsis thaliana* partindo de uma busca de homologia no computador.

[0471] As sequências homólogas, incluindo as de parálogos e de ortólogos de *Arabidopsis* e outras espécies de plantas, foram identificadas utilizando as ferramentas de busca de sequências em bancos de dados, tal como a Basic Local Alignment Search Tool (Ferramenta de Busca de Alinhamento Local Básico) (BLAST) (Altschul e outros (1990) *J. Mol. Biol.* 215: 403-410; e Altschul e outros (1997) *Nucleic Acid Res.* 25: 3389-3402). Os programas de análises de sequência tblastx foram empregados utilizando a matriz

de escore BLOSUM-62 (Henikoff e Henikoff (1992) *Proc .Natl. Acad. Sci.* 89: 10915-10919). O banco de dados NCBI GenBank todo foi filtrado em relação a sequências de todas as plantas exceto de *Arabidopsis thaliana* através da seleção de todas as entradas no banco de dados NCBI GenBank associadas com a ID 33090 taxonômica do NCBI (Viridiplantae; todas as plantas) e excluindo as entradas associadas com a ID 3701 taxonômica (*Arabidopsis thaliana*).

[0472] Estas sequências são comparadas com as sequências que representam os genes na Listagem de Sequências, por exemplo, SEQ ID Nº: 2N - 1, em que N = 1 - 335, utilizando o algoritmo TBLASTX da Washington University (versão 2.0a19MP) nos ajustes preestabelecidos utilizando alinhamentos com espaços com o filtro "off" ("desligado"). Para cada uma destas sequências, foram pedidas comparações individuais através do escore de probabilidade (valor de P), em que o escore reflete a probabilidade de que um alinhamento particular ocorresse ao acaso. Por exemplo, um escore de 3,6e-40 é 3,6 x 10-40. Em adição aos valores de P, as comparações também foram classificadas através da porcentagem de identidade. A porcentagem de identidade reflete o grau até o qual dois segmentos de DNA ou de proteína são idênticos ao longo de um comprimento particular. Os exemplos de sequências identificadas desta forma são apresentados nas Tabelas 7, 8

e 9. As sequências parálogas ou ortólogas foram facilmente identificadas partindo dos bancos de dados proprietários no GenBank. A porcentagem de identidade de sequência entre estas sequências pode ser tão baixa quanto 47% ou uma identidade de sequência ainda menor.

[0473] As sequências parálogas foram identificadas entre os fatores de transcrição de *Arabidopsis* através do alinhamento, da identidade e das relações filogenéticas. Uma lista de parálogos é mostrada na Tabela 8. As sequências ortólogas candidatas foram identificadas dos conjuntos unigênicos proprietários de sequências gênicas de plantas em *Zea mays*, *Glycine max* e *Oryza sativa* com base na homologia significativa aos fatores de transcrição de *Arabidopsis*. Estes candidatos foram reciprocamente comparados com o conjunto de fatores de transcrição de *Arabidopsis*. Se o candidato exibisse similaridade máxima no domínio da proteína para a ativação do fator de transcrição ou a um parálogo da ativação do fator de transcrição, então era considerado como sendo um ortólogo. As sequências identificadas que não eram de *Arabidopsis* que foram mostradas desta maneira como sendo ortólogas às sequências de *Arabidopsis* são fornecidas nas Tabelas 7 e 9.

Exemplo X: Seleção da Biblioteca de cDNA de Planta em Relação à Sequência que Codifica um Domímio de Ligação ao DNA do Fator de Transcrição que se Liga a um Elemento

Promotor da Ligação do Fator de Transcrição e Demonstração da Atividade de Regulação da Transcrição da Proteína.

[0474] A estratégia de "um híbrido" (Li e Herskowitz (1993) *Science* 262: 1870-1874) é utilizada para selecionar clones de cDNA de planta que codificam um polipeptídeo que compreende um domínio de ligação ao DNA do fator de transcrição, um domínio conservado. Sucintamente, são construídas cepas de levedura que contêm um gene repórter lacZ com as sequências do elemento promotor da ligação do fator de transcrição do tipo selvagem ou mutantes no lugar da UAS normal (sequência ativadora a montante) do promotor GALL. São construídas cepas repórteres de levedura que carregam as sequências do elemento de ligação do fator de transcrição, uma vez que os elementos UAS ficam ligados de forma operacional a montante (5') de um gene repórter lacZ com um promotor GAL1 mínimo. As cepas são transformadas com uma biblioteca de expressão de planta que contém insertos aleatórios de cDNA fundidos no domínio de ativação GAL4 (GAL4-ACT) e são selecionadas em relação à formação de colônias azuis em filtros tratados com X-gal (X-gal: 5-bromo-4-cloro-3-indolil-ß-D-galactosídeo; Invitrogen Corporation, Carlsbad CA). Alternativamente, as cepas são transformadas com um polinucleotídeo de cDNA que codifica uma sequência polipeptídica do domínio de ligação ao DNA do fator de

transcrição conhecido.

[0475] As cepas de levedura que carregam estes constructos repórteres produzem baixos níveis de beta-galactosidase e formam colônias brancas sobre os filtros contendo X-gal. As cepas repórteres que carregam as sequências do tipo selvagem do elemento promotor da ligação do fator de transcrição são transformadas com um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo que compreende um domínio de ligação ao DNA do fator de transcrição de planta ligado de forma operacional ao domínio ativador ácido do fator de transcrição GAL4 de levedura, "GAL4-ACT". Os clones que contêm um polinucleotídeo que codifica um domínio de ligação ao DNA do fator de transcrição ligado de forma operacional com o GLA4-ACT podem se ligar a montante dos genes repórteres do lacZ que carregam a sequência do tipo selvagem do elemento promotor da ligação do fator de transcrição, ativar a transcrição do gene lacZ e resultar em leveduras que formam colônias azuis sobre os filtros tratados com X-gal.

[0476] Após a seleção de aproximadamente 2 x 10^6 leveduras transformantes, os clones de cDNA positivos são isolados; isto é, os clones que fazem com que as cepas de levedura que carregam os repórteres de lacZ ligados de forma operacional aos elementos promotores da ligação do fator de transcrição do tipo selvagem formem colônias azuis

sobre filtros tratados com X-gal. Os clones de cDNA não fazem com que uma cepa de levedura que carrega elementos promotores da ligação do fator de transcrição mutante fundidos ao LacZ fiquem azuis. Assim, é mostrado que um polinucleotídeo que codifica um domínio de ligação ao DNA do fator de transcrição, um domínio conservado, ativa a transcrição de um gene.

Exemplo XI: Ensaios de Alteração no Gel.

[0477] A presença de um fator de transcrição que compreende um domínio de ligação ao DNA que se liga a um elemento de ligação do fator de transcrição de DNA é avaliada utilizando o ensaio de alteração no gel a seguir. O fator de transcrição é expresso de forma recombinante e isolado de *E. coli* ou isolado de material vegetal. A proteína solúvel total, incluindo o fator de transcrição, (40 ng) é incubada à temperatura ambiente em 10 µL de tampão de ligação 1 x (15 mM de HEPES (pH 7,9), 1 mM de EDTA, 30 mM de KCl, 5% de glicerol, 5% de albumina de soro bovino, 1 mM de DTT) mais 50 ng de poli(dI-dC):poli(dI-dC) (Pharmacia, Piscataway NJ) com ou sem 100 ng de DNA competidor. Após uma incubação de 10 minutos, o DNA de sonda que compreende um elemento de ligação ao DNA do fator de transcrição (1 ng) que foi marcado com ^{32}P através do preenchimento da extremidade (Sambrook e outros (1989) *supra*) é adicionado e a mistura é incubada durante mais 10

minutos. As amostras são carregadas em géis de poliacrilamida (4% p/v) e fracionadas através de eletroforese a 150V durante 2 h (Sambrook e outros *supra*). O grau de ligação da sonda de DNA ao fator de transcrição é visualizado utilizando auto-radiografia. Os DNAs de sondas e competidor são preparados partindo de insertos de oligonucleotídeos ligados no sítio BamHI do pUC118 (Vieira e outros (1987) *Methods Enzymol*. 153: 3-11). A orientação e o número de concatenação dos insertos são determinados através da análise de sequência do DNA de didesóxi (Sambrook e outros *supra*). Os insertos são recuperados após a digestão com EcoRI e HindIII e o fracionamento em géis de poliacrilamida (12% p/v) (Sambrook e outros *supra*).

Exemplo XII. Introdução de Polinucleotídeos em Plantas Dicotiledôneas

[0478] Qualquer uma das sequências dos fatores de transcrição da invenção listadas na Listagem de Sequências e sequências parálogas e ortólogas, podem ser recombinadas nos vetores de expressão pMEN20 ou pMEN65 e então são transformadas em uma planta com a finalidade de modificar as características da planta. O vetor de clonagem pode ser introduzido em uma variedade de plantas de cereais por meios bem-conhecidos na técnica tais como, por exemplo, a transferência direta do DNA ou a transformação mediada por *Agrobacterium tumefaciens*. Agora é rotina produzir plantas

transgênicas utilizando plantas dicotiledôneas (ver Weissbach e Weissbach, (1989*) supra;* Gelvin e outros (1990) *supra*; Herrera-Estrella e outros (1983) *supra*; Bevan (1984) *supra*; e Klee (1985) *supra*). Os métodos para a análise das características são rotina na técnica e nos exemplos divulgados acima.

Exemplo XIII: Transformação de Plantas de Cereais com um Vetor de Expressão

[0479] As plantas de cereais tais como, mas não limitadas ao milho, ao trigo, ao arroz, ao sorgo ou à cevada, podem também ser transformadas com as presentes sequências de polinucleotídeos nos vetores de expressão pMEN20 ou pMEN65 com a finalidade de modificar as características das plantas. Por exemplo, o pMEN20 pode ser modificado para substituir a região codificadora do NptII pelo gene BAR de *Streptomyces hygroscopicus* que confere resistência à fosfinotricina. Os sítios de KpnI e BglII do gene Bar são removido através da mutagênese direcionada ao sítio com alterações silenciosas de códons.

[0480] O vetor de clonagem pode ser introduzido em uma variedade de plantas de cereais através de meios bem-conhecidos na técnica tal como, por exemplo, transferência direta do DNA ou a transformação mediada por *Agrobacterium tumefaciens*. É agora rotina produzir plantas transgênicas das principais plantas de cultivo de cereais (Vasil (1994)

Plant Mol. Biol. 25: 925-937) tais como milho, trigo, arroz, sorgo (Cassas e outros (1993) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 90: 11212-11216 e cevada (Wan e Lemeaux (1994) *Plant Physiol.* 104:37-48. Os métodos de transferência de DNA tal como com microprojéteis podem ser utilizados para o milho (Fromm e outros (1990) *Bio/Technol.* 8: 833-839); Gordon-Kamm e outros (1990) *Plant Cell* 2: 603-618; Ishida (1990) *Nature Biotechnol.* 14:745-750), trigo (Vasil e outros (1992) *Bio/Technol.* 10:667-674; Vasil e outros (1993) *Bio/Technol.* 11:1553-1558; Weeks e outros (1993) *Plant Physiol.* 102:1077-1084), o arroz (Christou (1991) *Bio/Technol.* 9:957-962; Hiei e outros (1994) *Plant J.* 6:271-282; Aldemita e Hodges (1996) *Planta* 199:612-617; e Hiei e outros (1997) *Plant Mol. Biol.* 35:205-218). Para a maioria das plantas de cereais, as células embrionárias derivadas de tecidos imaturos de escotelo são as células alvo preferidas para transformação (Hiei e outros (1997) *Plant Mol. Biol.* 35:205-218; Vasil (1994) *Plant Mol. Biol.* 25: 925-937).

[0481] Os vetores de acordo com a presente invenção podem ser transformados em células embrionárias de milho derivadas do tecido escutelar imaturo utilizando o bombardeio de microprojéteis, com o genótipo A188XB73 como o genótipo preferido (Fromm e outros (1990) *Bio/Technol.* 8: 833-839; Gordon-Kamm e outros (1990) *Plant Cell* 2: 603-

618). Após o bombardeio de microprojéteis os tecidos são selecionados com fosfinotricina para identificar as células embrionárias transgênicas (Gordon-Kamm e outros (1990) *Plant Cell* 2: 603-618). As plantas trangênicas são regeneradas através das técnicas padrão de regeneração do milho. (Fromm e outros (1990) *Bio/Technol.* 8: 833-839; Gordon-Kamm e outros (1990) *Plant Cell* 2: 603-618).

[0482] Os plasmídeos preparados como descrito acima podem também ser utilizados para produzir plantas transgênicas de trigo e arroz (Christou (1991) *Bio/Technol.* 9:957-962; Hiei e outros (1994) *Plant J.* 6:271-282; Aldemita e Hodges (1996) *Planta* 199:612-617; e Hiei e outros (1997) *Plant Mol. Biol.* 35:205-218) que expressam de forma coordenada genes de interesse seguindo os protocolos de transformação padrão conhecidos pelos versados na técnica para o trigo e o arroz (Vasil e outros (1992) *Bio/Technol.* 10:667-674; Vasil e outros (1993) *Bio/Technol.* 11:1553-1558; e Weeks e outros (1993) *Plant Physiol.* 102:1077-1084), em que o gene bar é utilizado como o marcador de seleção.

Exemplo XIV: Identificação de Sequências Ortólogas e Parálogas

[0483] Os ortólogos dos genes de *Arabidopsis* podem ser identificados através de vários métodos, incluindo a hibridização, a amplificação ou

através da bioinformática. Este exemplo descreve como se pode identificar homólogos ao fator de transcrição CBF1 da família AP2 de *Arabidopsis* (polinucleotídeo SEQ ID Nº: 2238, polipeptídeo codificado SEQ ID Nº: 2239), que confere tolerância a estresses abióticos (Thomashow e outros (2002) Patente US Nº 6.417.428) e um exemplo para confirmar a função de sequências homólogas. Neste exemplo, os ortólogos ao CBF1 foram encontrados na canola (*Brassica napus*) utilizando a reação em cadeia da polimerase (PCR).

[0484] Os iniciadores degenerados foram planejados para regiões do domínio de ligação ao AP2 e fora do AP2 (domínio carbóxi terminal):

[0485] Mol 368 (para trás) 5'- CAY CCN ATH TAY MGN GGN GT -3' (SEQ ID Nº: 2246)

[0486] Mol 378 (para frente) 5'- GGN ARN ARC ATN CCY TCN GCC -3' (SEQ ID Nº:: 2247)

[0487] (Y: C/T, N: A/C/G/T, H: A/C/T, M: A/C, R: A/G)

[0488] O iniciador Mol 368 está no domínio de ligação ao AP2 do CBF1 (sequência de aminoácidos: His-Pro-Ile-Tyr-Arg-Gly-Val) enquanto o iniciador Mol 378 está fora do domínio do AP2 (domínio carbóxi terminal) (sequência de aminoácidos: Met-Ala-Glu-Gly-Met-Leu-Leu-Pro).

[0489] O DNA genômico isolado de *B. Napus* foi amplificado pela PCR utilizando estes iniciadores seguindo

estas condições: uma etapa de desnaturação inicial de 2 min a 93°C; 35 ciclos a 93°C durante 1 min, 55°C durante 1 min e 72°C durante 1 min e uma incubação final de 7 min a 72°C no final do ciclo.

[0490] Os produtos da PCR foram separados por eletroforese a um gel de agarose a 1,2% e transferidos para uma membrana de náilon e foram hibridizados com a sonda AT CBF1 preparada partindo do DNA genômico de *Arabidopsis* através de uma amplificação pela PCR. Os produtos hibridizados foram visualizados através do sistema de detecção colorimétrica (Boehringer Mannheim) e as bandas correspondentes de um gel de agarose similar foram isoladas utilizando o Qiagen Extraction Kit (Qiagen). Os fragmentos de DNA foram ligados ao vetor do clone TA do TOPO TA Cloning Kit (Invitrogen) e transformados na cepa de *E. coli* TOP10 (Invitrogen).

[0491] Sete colônias foram selecionadas e o insertos foram sequenciados em uma máquina ABI 377 partindo dos filamentos tanto senso quanto anti-sentido após o isolamento do DNA do plasmídeo. A sequência de DNA foi editada por um sequenciador e ordenada com o ATCBF1 através do software GCG e da busca com o NCBI blast.

[0492] A sequência de ácido nucléico e a sequência de aminoácidos de um ortólogo da canola descobertas desta maneira (bnCBF1; polinucleotídeo SEQ ID Nº: 2244 e

polipeptídeo SEQ ID Nº: 2245) identificadas através desse processo são mostradas na Listagem de Sequências.

[0493] As sequências de aminoácidos alinhadas mostram que o gene bnCBF1 possui 88% de identidade com a sequência de *Arabidopsis* na região do domínio AP2 e 85% de identidade com a sequência de *Arabidopsis* fora do domínio AP2 quando alinhadas em relação a duas sequências de inserção que ficam fora do domínio AP2.

[0494] Similarmente, as sequências parálogas dos genes de *Arabidopsis*, tal como CBF1, podem também ser identificadas.

[0495] Dois parálogos de CBF1 de *Arabidopsis thaliana*: *CBF2* e *CBF3*. CBF2 e CBF3 foram clonados e sequenciados como descrito abaixo. As sequências do DNA SEQ ID Nº: 2240 e 2242 e as proteínas codificadas SEQ ID Nº: 2241 e 2243 são apresentadas na Listagem de Sequências.

[0496] Uma biblioteca de cDNA em lâmbda preparada de um RNA isolado do *Arabidopsis thaliana* ecotipo Columbia (Lin e Thomashow (1992) *Plant Physiol*. 99: 519-525) foi selecionada em relação a clones recombinantes que carregavam insertos relacionados ao gene CBF1 (Stockinger e outros (1997) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 94:1035-1040). O CBF1 foi marcado radiotivamente com ^{32}P através da iniciação aleatória (Sambrook e outros *supra*) e utilizado para selecionar a biblioteca através da técnica de cópia de

placa utilizando condições padrão de hibridização rigorosa e de lavagem (Hajela e outros (1990) *Plant Physiol.* 93:1246-1252; Sambrook e outros *supra*) tampão 6 X SSPE, 60°C para hibridização e tampão 0,1 X SSPE e 60°C para as lavagens). Foram obtidos doze clones com hibridização positiva e as sequências de DNA dos insertos de cDNA foram determinadas. Os resultados indicaram que os clones se encaixavam em três classes. Uma classe carregava insertos correspondentes ao *CBF1*. As duas outras classes carregavam sequências correspondentes a dois homólogos diferentes do *CBF1*, denominados *CBF2* e *CBF3*. As sequências de ácidos nucléicos e as sequências previstas codificadoras de proteínas para *CBF1*, *CBF2* e *CBF3* de *Arabidopsis* estão listadas na Listagem de Sequência (SEQ ID N^{os}: 2238, 2240, 2242 e SEQ ID N^{os}: 2239, 2241 e 2243, respectivamente). As sequências de ácidos nucléicos e as sequências previstas codificadoras de proteínas para o ortólogo do *CBF* de *Brassica napus* estão listadas na Listagem de Sequência (SEQ ID N^{os}: 2244 e 2245, respectivamente).

[0497] Uma comparação das sequências de ácidos nucléicos de *CBF1*, *CBF2* e *CBF3* de *Arabidopsis* indica que elas são 83 até 85% idênticas como mostrado na Tabela 11.

TABELA 11

	Porcentagem de Identidade[a]	
	DNA[b]	Polipeptídeo

cbf1/cbf2	85	86
cbf1/cbf3	83	84
cbf2/cbf3	84	85

[a] O percentual de identidade foi determinado utilizando o algoritmo *Clustal* do programa Megalign (DNASTAR, Inc.).

[b] São mostradas comparações das sequências de ácidos nucléicos dos quadros abertos de leitura.

[0498] Similarmente, as sequências de aminoácidos dos três polipeptídeos de CBF variam de 84 a 86% de identidade. Um alinhamento das três sequências de aminoácidos revela que a maioria das diferenças na sequência de aminoácidos ocorre na metade C-terminal ácida do polipeptídeo. Esta região do CBF1 serve como um domínio de ativação tanto em levedura como em *Arabidopsis* (não-mostrado).

[0499] Os resíduos 47 até 106 de CBF1 correspondem ao domínio AP2 da proteína, a um motivo de ligação ao DNA que até hoje, foi encontrado somente em proteínas vegetais. Uma comparação dos domínios AP2 do CBF1, do CBF2 e do CBF3 indica que há algumas diferenças na sequência de aminoácidos. Estas diferenças na sequência de aminoácidos deveriam ter um efeito sobre a especificidade de ligação ao DNA.

Exemplo XV: Transformação da Canola com um Plasmídeo Contendo CBF1, CBF2 ou CBF3

[0500] Após a identificação de genes homólogos ao CBF1, a canola foi transformada com um plasmídeo contendo os genes CBF1, CBF2 ou CBF3 de *Arabidopsis* clonados no vetor pGA643 (An (1987) *Methods Enzymol*. 253: 292). Nestes constructos os genes CBF eram expressos de forma constitutiva sob o promotor 35S de CaMV. Em adição, o gene CBF1 foi clonado sob o controle do promotor COR15 de *Arabidopsis* no mesmo vetor pGA643. Cada constructo foi transformado em uma cepa GV3101 de *Agrobacterium*. As agrobactérias transformadas foram cultivadas durante 2 dias em meio AB mínimo contendo os antibióticos apropriados.

[0501] A canola da primavera (*B. napus* cv. Westar) foi transformada utilizando o protocolo de Moloney e outros ((1989) *Plant Cell Reports* 8: 238) com as mesmas modificações que são descritas. Sucintamente, as sementes foram esterilizadas e plantadas em meio MS com metade da concentração, contendo 1% de sacarose. As placas foram incubadas a 24°C sob luz a 60-80 $\mu E/m^2 s$ utilizando um fotoperíodo de 16 horas de luz / 8 horas de escuridão. Os cotilédones de plantas jovens partindo de sementes de 4 - 5 dias de idade foram coletados, os pecíolos cortados e mergulhados na solução de *Agrobacterium*. Os cotilédones mergulhados foram colocados em meio de co-cultivo a uma densidade de 20 cotilédones/placa e incubados como descrito acima durante 3 dias. Os explantes foram transferidos para

o mesmo meio, mas contendo 300 mg/L de timentina (SmithKline Beecham, PA) e reduzidos a 10 cotilédones/placas. Após 7 dias os explantes foram transferidos para o meio Seleção/Regeneração. As transferências foram mantidas a cada 2 - 3 semanas (2 ou 3 vezes) até que os brotos tivessem se desenvolvidos. Os brotos foram transferidos para o meio de Alongamento de Brotos a cada 2 - 3 semanas. Os brotos com aparência saudável foram transferidos para o meio de enraizamento. Uma vez que raízes boas tivessem se desenvolvido, as plantas eram colocadas em solo umedecido em vasos.

[0502] As plantas transformadas foram então analisadas em relação à presença do gene NPTII / resistência à canamicina por ELISA, utilizando o kit ELISA NPTII de iniciador 5- iniciador 3 Inc. (Boulder, CO). Aproximada mente 70% das plantas selecionadas eram positivas para NPTII. Somente estas plantas foram analisadas adicionalmente.

[0503] Partindo da análise de Northern blot das plantas que foram transformadas com os constructos de expressão constitutiva, foi mostrada a expressão dos genes CBF e que todos os genes CBF eram capazes de induzir o gene BN115 regulado pelo frio de *Brassica napus* (homólogo do gene COR15 de *Arabidopsis)*. A maioria das plantas transgênicas parece exibir um fenótipo normal de

crescimento. Como esperado, as plantas transgênicas são mais tolerantes ao congelamento que as plantas do tipo selvagem. Utilizando o teste de perda de eletrólitos nas folhas, o controle exibiu uma perda de 50% a -2 até -3°C. A canola da primavera transformada com CBF1 ou com CBF2 exibiu uma perda de 50% a -6 até -7°C. A canola da primavera transformada com CBF3 pode exibir uma perda de 50% a aproximadamente -10°C até -15°C. A canola do inverno transformada com CBF3 pode exibir uma perda de 50% a aproximadamente -16°C até -20°C. Além disso, se a canola da primavera ou do inverno forem aclimatadas ao frio, as plantas transformadas podem exibir um aumento adicional na tolerância ao congelamento de pelo menos -2°C.

[0504] Para testar a tolerância à salinidade das plantas transformadas, as plantas foram regadas com 150 mM de NaCl. As plantas que superexpressavam CBF1, CBF2 ou CBF3 cresceram mais comparadas com as plantas que não foram transformadas com CBF1, CBF2 ou CBF3.

[0505] Estes resultados demonstram que podem ser identificados homólogos dos fatores de transcrição de *Arabidopsis* e demonstrado que conferem funções similares nas espécies vegetais sem ser *Arabidopsis*.

Exemplo XVI: Clonagem dos promotores dos fatores de transcrição

[0506] Os promotores são isolados de genes de

fatores de transcrição que possuem padrões de expressão gênica úteis para uma faixa de aplicações, que são determinados através de métodos bem-conhecidos na técnica (incluindo a análise do perfil do produto da transcrição com microarranjos de cDNA ou de oligonucleotídeos, a análise de Northern blot, a RT-PCR semiquantitativa ou quantitativa). Os perfis de expressão gênica interessantes são revelados através da determinação da abundância dos produtos da transcrição para um gene de fator de transcrição selecionado após a exposição de plantas a uma faixa de condições experimentais diferentes e em uma faixa de tipos de tecidos ou órgãos ou estágios de desenvolvimento diferentes. As condições experimentais às quais as plantas são expostas para esta finalidade incluem o frio, o calor, a seca, o desafio osmótico, concentrações variadas de hormônios (ABA, GA, auxina, citoquinina, ácido salicílico, brassinosteróide), desafio a patógenos e pragas. Os tipos de tecidos e de estágios de desenvolvimento incluem o caule, a raiz, a flor, as folhas da roseta, as folhas da caulina, síliquas, semente em germinação e o tecido meristemático. O ajuste dos níveis de expressão fornece um padrão que é determinado pelos elementos reguladores do promotor gênico.

[0507] Os promotores dos fatores de transcrição para os genes divulgados aqui são obtidos através da

clonagem de 1,5 kb até 2,0 kb de sequência genômica imediatamente a montante do códon de início da tradução para a sequência codificadora da proteína codificada do fator de transcrição. Esta região inclui a 5'-UTR do gene do fator de transcrição, que pode compreender elementos reguladores. A região de 1,5 kb até 2,0 kb é clonada através de métodos da PCR, utilizando iniciadores que incluem um na direção 3' localizada no códon de início da tradução (incluindo a sequência adaptadora apropriada) e um na direção a 5' localizada de 1,5 kb até 2,0 kb a montante do códon de início da tradução (incluindo a sequência adaptadora apropriada). Os fragmentos desejados são amplificados pela PCR partindo do DNA genômico de *Arabidopsis* Col-0 utilizando a Taq DNA polimerase de alta fidelidade para minimizar a incorporação de mutação(ões) pontual(is). Os iniciadores para clonagem incorporam dois sítios de restrição raros, tais como Not1 and Sfi1, encontrados em baixa frequência ao longo do genoma de *Arabidopsis*. Sítios de restrição adicionais são utilizados nos casos em que um sítio de restrição Not1 ou Sfi1 está presente dentro do promotor.

[0508] O fragmento de 1,5 - 2,0 kb a montante do códon de início da tradução, incluindo a região não-traduzida a 5' do fator de transcrição, é clonado em um vetor de transformação binário imediatamente a montante de

um gene repórter adequado ou de um gene transativador em um segundo constructo gênica. Os genes repórteres utilizados incluem a proteína fluorescente verde (e variações relacionadas de cor de proteínas fluorescentes), a beta-glucuronidase e a luciferase. Os gemes transativadores incluem LexA-GAL4, junto com um repórter que pode ser transativado em um segundo plasmídeo binário (como divulgado no pedido de Patente U.S. 09/958.131, incorporado aqui como referência). O(s) plasmídeo(s) binário(s) é(são) transferido(s) para *Agrobacterium* e a estrutura do plasmídeo é confirmada através da PCR. Estas cepas são introduzidas em plantas de *Arabidopsis* como descrito em outros exemplos e os padrões de expressão gênica são determinados de acordo com métodos padrão conhecidos por um versado na técnica para monitorar a fluorescência da GFP, a atividade da beta-glucuronidase ou a luminescência.

[0509] A região promotora para o G1753 é obtida do cromossomo 2 clone F1011 de *Arabidopsis* (AC006919), gene At2g36450, da posição 43906-45410 do clone genômico. O complemento desta sequência é o promotor orientado na direção 5' - 3', com o códon de início da tradução para o G1753 o complemento das posições 43903-43905.

[0510] A presente invenção não é limitada pelas modalidades específicas descritas aqui. Estando agora a invenção descrita completamente, será evidente para um

versado comum na técnica que muitas alterações e modificações podem ser feitas na mesma sem sair do espírito ou do escopo das reivindicações em anexo. As modificações que se tornam evidentes partindo da descrição anterior e das figuras em anexo, se encaixam dentro do escopo das reivindicações.

[0511] Todas as referências, publicações, documentos de patentes, páginas da web e outros documentos citados ou mencionados aqui, são incorporados aqui como referência em sua totalidade para todas as finalidades. Embora a invenção tenha sido descrita com referência a modalidades e exemplos específicos, deve ser entendido que um versado comum pode fazer várias modificações sem sair do espírito da invenção. O escopo da invenção não está limitado às modalidades e aos exemplos específicos fornecidos.

REIVINDICAÇÕES

1. Vetor de expressão **caracterizado pelo** fato de compreender um polinucleotídeo operacionalmente ligado a um elemento regulador heterólogo, em que o polinucleotídeo é definido pela SEQ ID NO: 327 ou uma de suas sequências ortólogas SEQ ID NO: 1098 ou 1099, que é expresso em uma planta transgênica ou uma parte da mesma.

2. Método para a produção de uma planta transgênica **caracterizado pelo** fato de que compreende as etapas de:

(a) fornecer um vetor de expressão como definido na reivindicação 1; e

(b) introduzir o vetor de expressão como definido na reivindicação 1 em uma planta alvo para produzir uma planta transgênica.

3. Método, de acordo com a reivindicação 2, **caracterizado pelo** fato de compreender ainda a etapa (c) identificar a planta transgênica através da seleção da planta transgênica que superexpressa o polipeptídeo codificado pelo referido construto.

4. Método, de acordo com qualquer uma das reivindicações 2 e 3, **caracterizado pelo** fato de que a planta transgênica é uma eudicotiledônea.

5. Método, de acordo com a reivindicação 2, **caracterizado pelo** fato de que a planta transgênica é selecionada do grupo consistindo em soja, batata, algodão, óleo de semente de colza, canola, girassol, alfafa, trevo, banana, amora-preta, vacínio, morango, framboesa, cantalupo, cenoura, couve-flor, café, pepino, berinjela, uvas, melão, alface, manga, melão, cebola, papaia,

ervilhas, pimentas, abacaxi, abóbora, espinafre, tabaco, tomate, tomate cereja, melancia, frutas rosáceas, árvores frutíferas, brassicas, cevada, trigo, milho, milho doce, arroz, centeio, cana-de-açúcar, turfa, milhete, sorgo, groselha, abacate, frutas cítricas, laranjas, limões, toranja, tangerinas, alcachofra, cerejas, noz, amendoim, chicória, alho-poró, araruta, beterraba, cassava, nabo, rabanete, inhame, batata doce, feijões, pinha, choupo, eucalipto e menta.

6. Método, de acordo com a reivindicação 2, **caracterizado pelo** fato de que o construto de expressão compreende ainda em um promotor constitutivo induzível ou tecido-específico, que regula a expressão do polipeptídeo codificado pelo referido construto.

7. Método, de acordo com a reivindicação 6, **caracterizado pelo** fato de que o promotor é um promotor 35S do vírus mosaico da couve-flor.

8. Método, de acordo com a reivindicação 2, **caracterizado pelo** fato de compreender ainda as etapas de autofecundar ou cruzar a planta transgênica consigo mesma ou com outra planta, respectivamente, e cultivar uma planta de progênie a partir da semente que se desenvolve como resultado da dita autofecundação ou do dito cruzamento, produzindo, assim, uma planta de progênie transgênica.

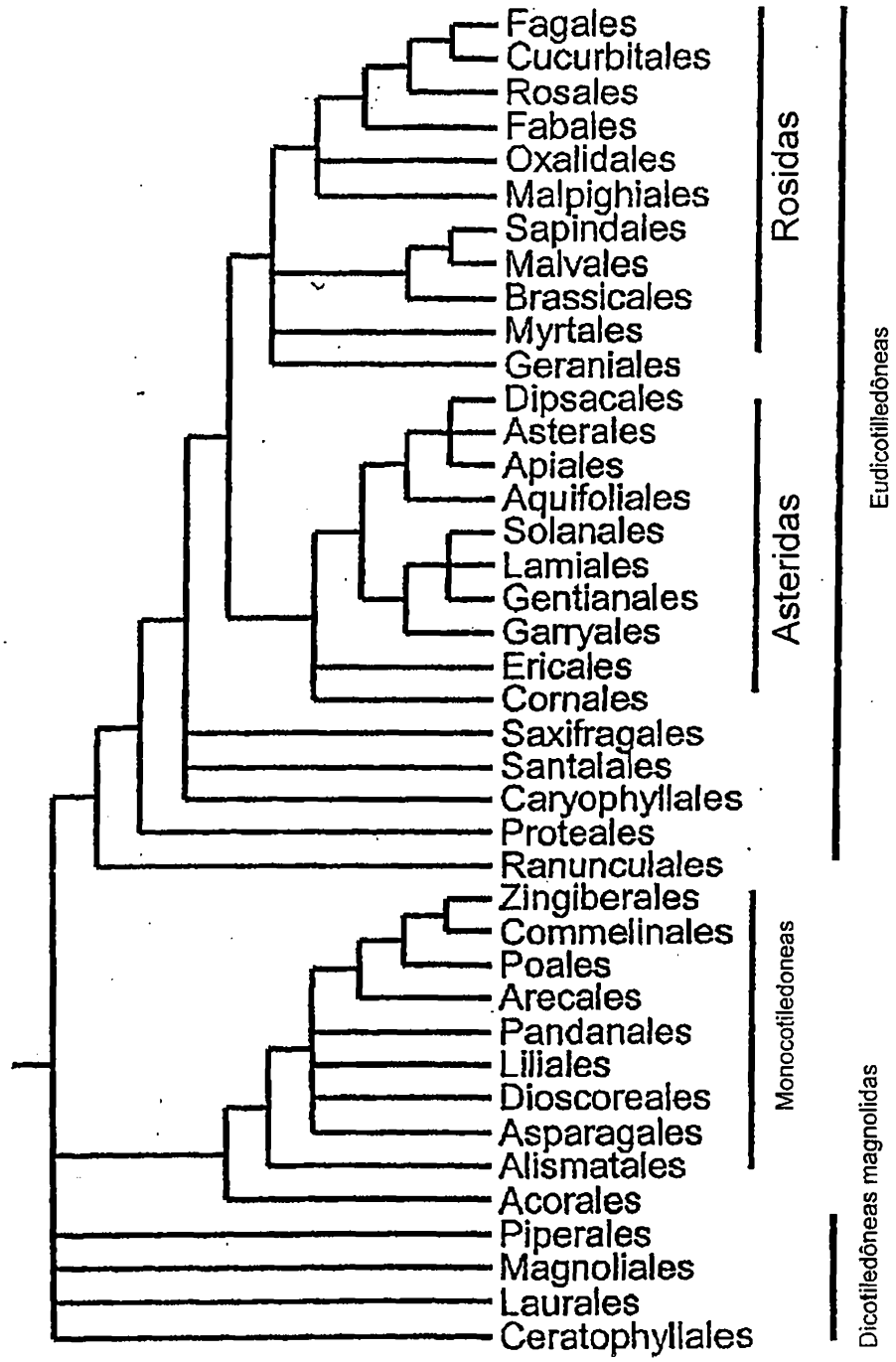
Fagales
Cucurbitales
Rosales
Fabales
Oxalidales
Malpighiales
Sapindales
Malvales
Brassicales
Myrtales
Geraniales
Dipsacales
Asterales
Apiales
Aquifoliales
Solanales
Lamiales
Gentianales
Garryales
Ericales
Cornales
Saxifragales
Santalales
Caryophyllales
Proteales
Ranunculales
Zingiberales
Commelinales
Poales
Arecales
Pandanales
Liliales
Dioscoreales
Asparagales
Alismatales
Acorales
Piperales
Magnoliales
Laurales
Ceratophyllales
Rosidas
Asteridas
Eudicotiledôneas
Monocotiledoneas
Dicotiledôneas magnolidas

FIG. 1

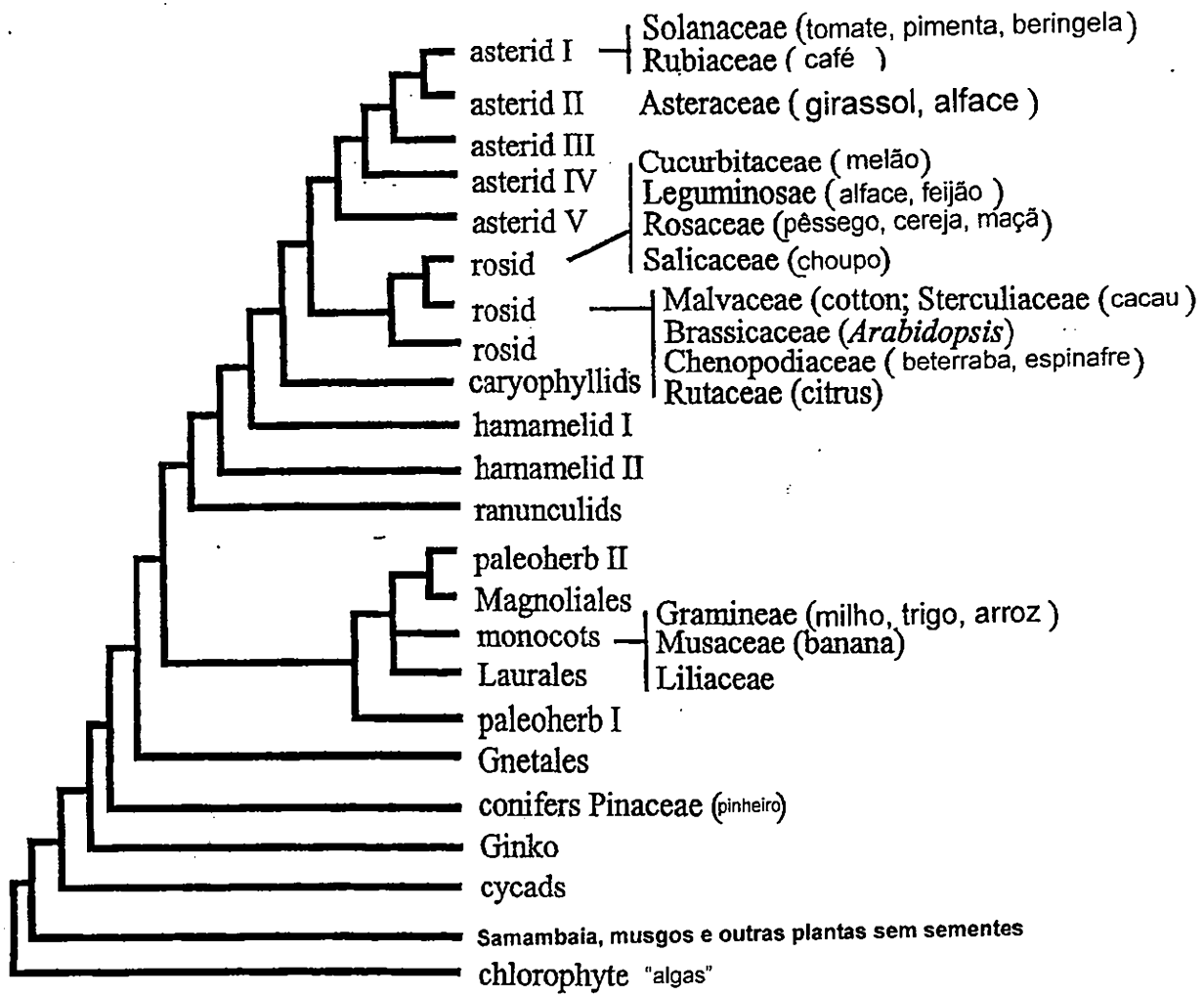
asterid I
Solanaceae (tomate, pimenta, beringela)
Rubiaceae (café)
asterid II
Asteraceae (girassol, alface)
asterid III
asterid IV
asterid V
rosid
Cucurbitaceae (melão)
Leguminosae (alface, feijão)
Rosaceae (pêssego, cereja, maçã)
Salicaceae (choupo)
rosid
rosid
caryophyllids
Malvaceae (cotton; Sterculiaceae (cacau)
Brassicaceae (*Arabidopsis*)
Chenopodiaceae (beterraba, espinafre)
Rutaceae (citrus)
hamamelid I
hamamelid II
ranunculids
paleoherb II
Magnoliales
monocots
Laurales
Gramineae (milho, trigo, arroz)
Musaceae (banana)
Liliaceae
paleoherb I
Gnetales
conifers Pinaceae (pinheiro)
Ginko
cycads
Samambaia, musgos e outras plantas sem sementes
chlorophyte "algas"

FIG. 2

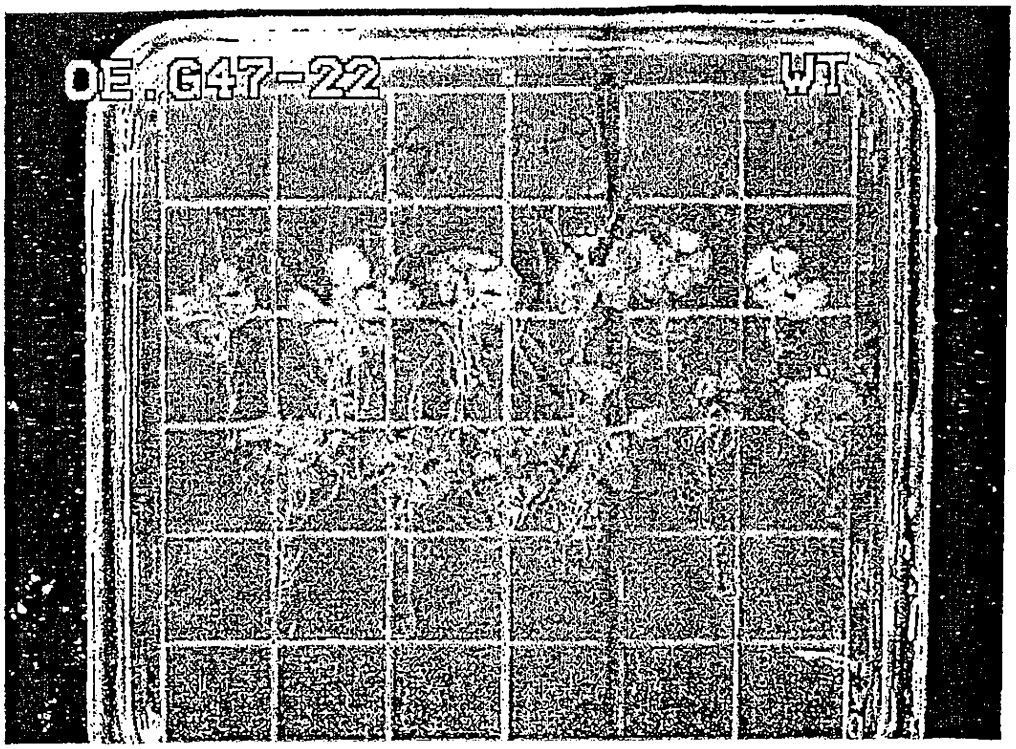

FIG. 3A



FIG. 3B

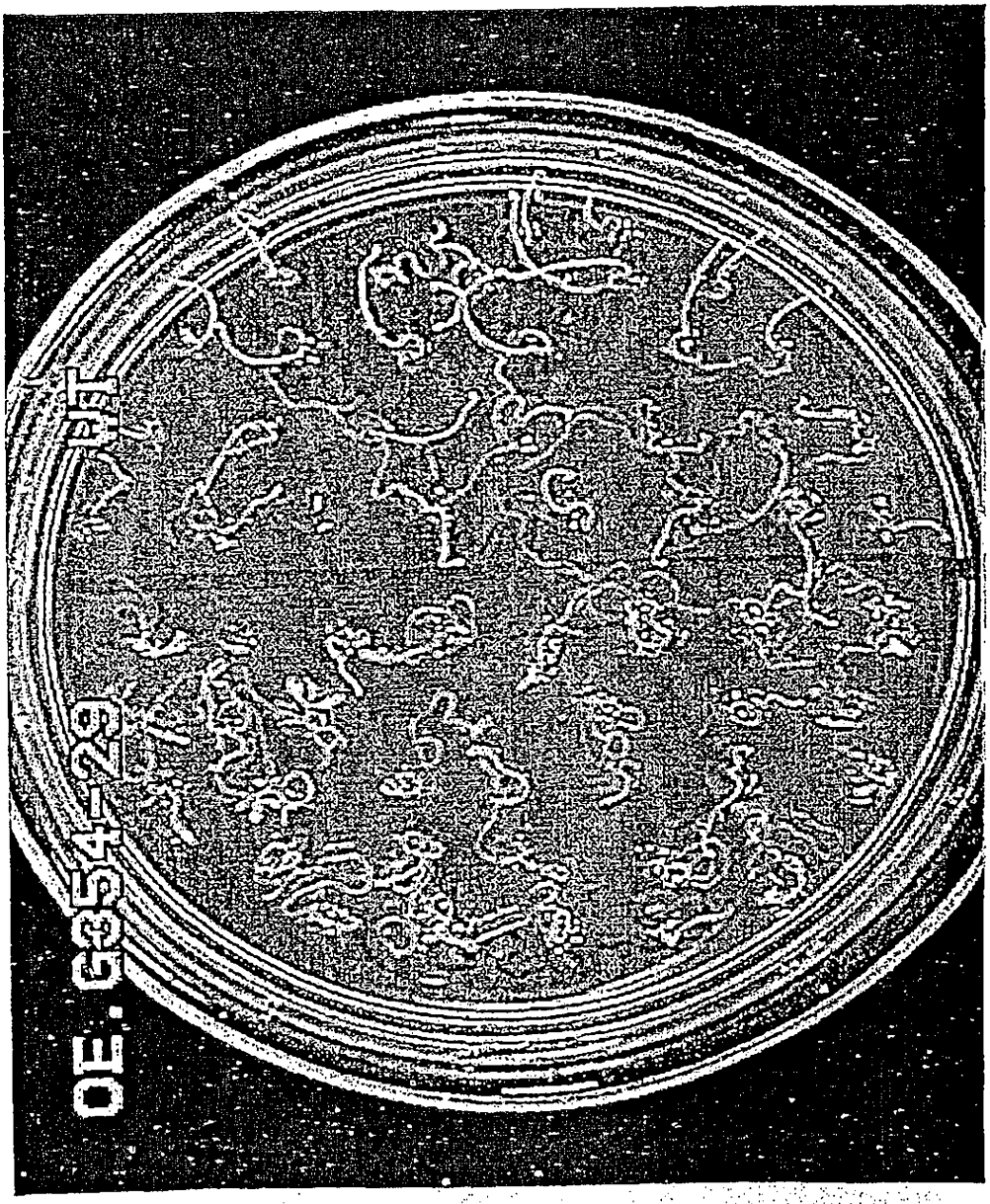

FIG. 4



FIG. 5B

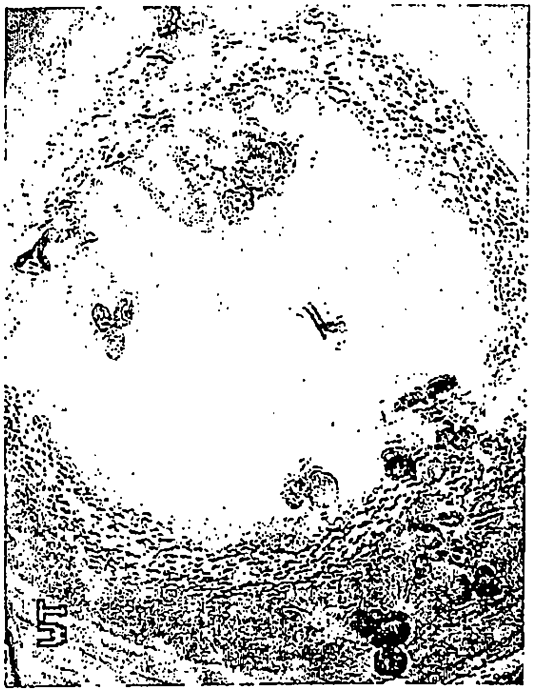

FIG. 5D



FIG. 5A



FIG. 5C

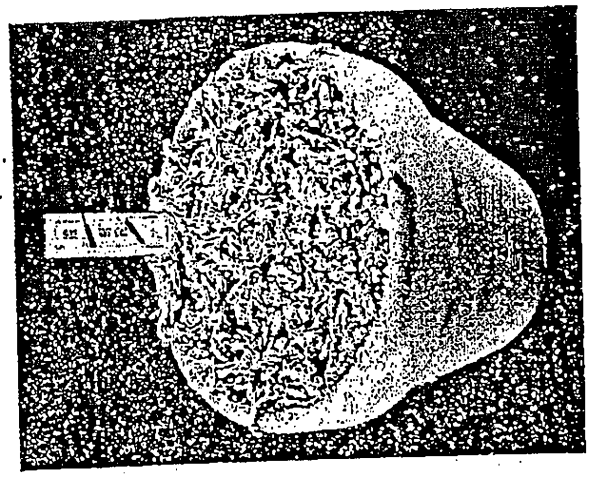

FIG. 6B

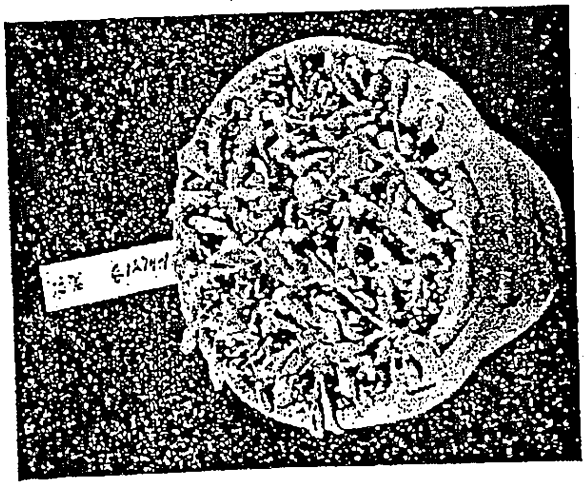

FIG. 6A

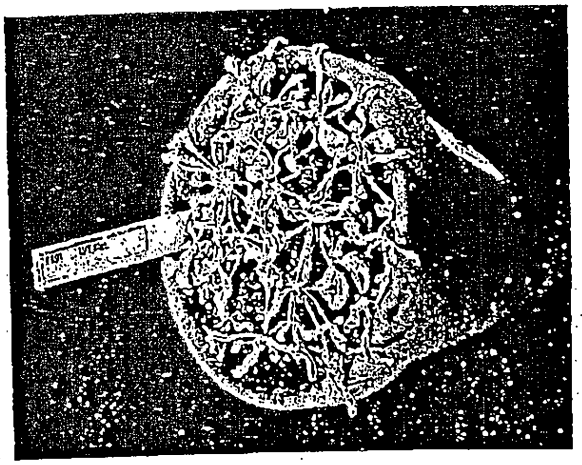

FIG. 6D

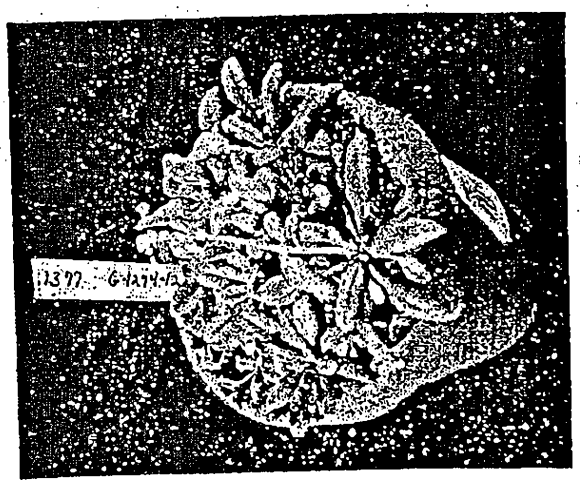

FIG. 6C

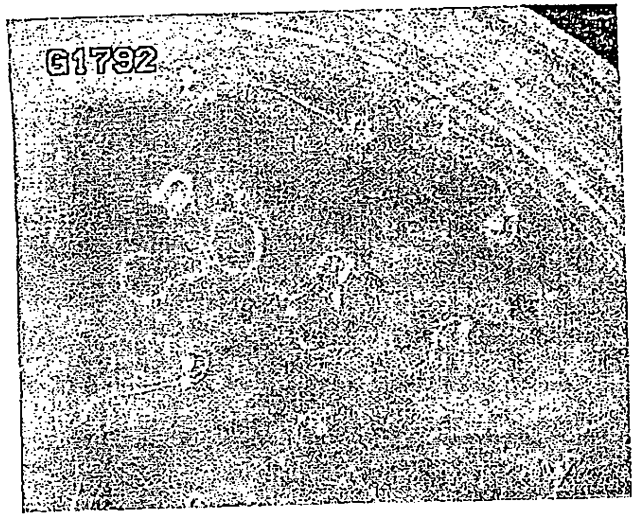

FIG. 7A

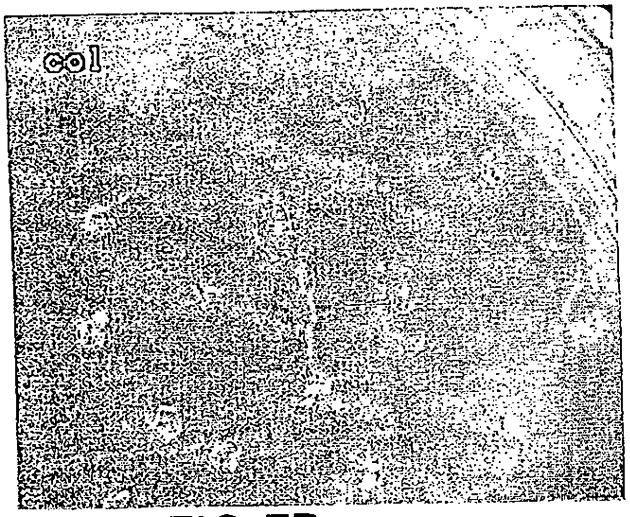

FIG. 7B

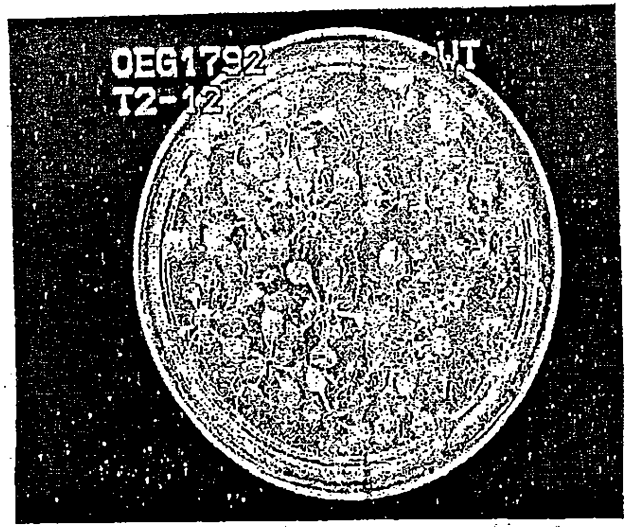

FIG. 7C

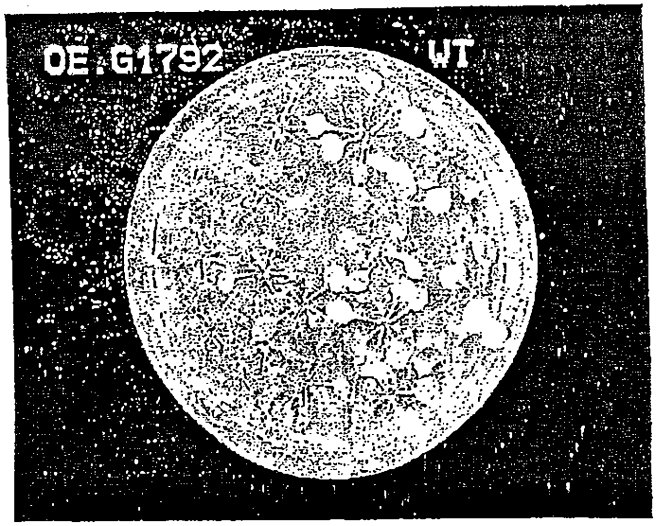

FIG. 7D

822

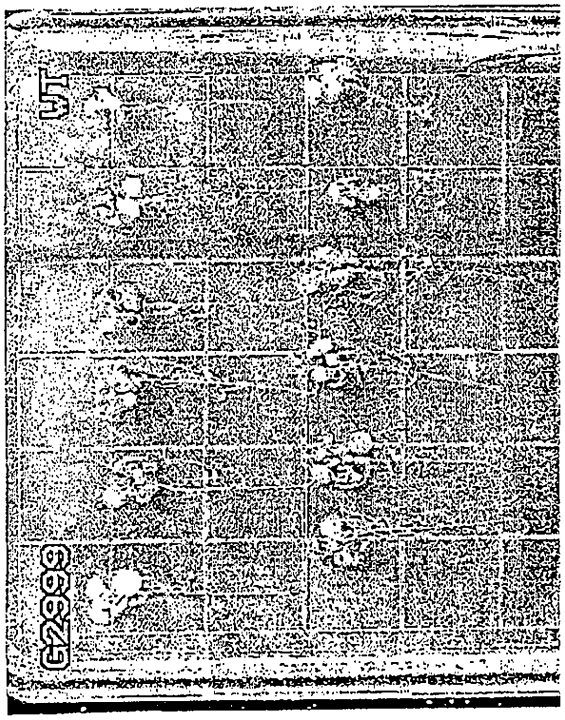

FIG. 8A



FIG. 8C



FIG. 8B

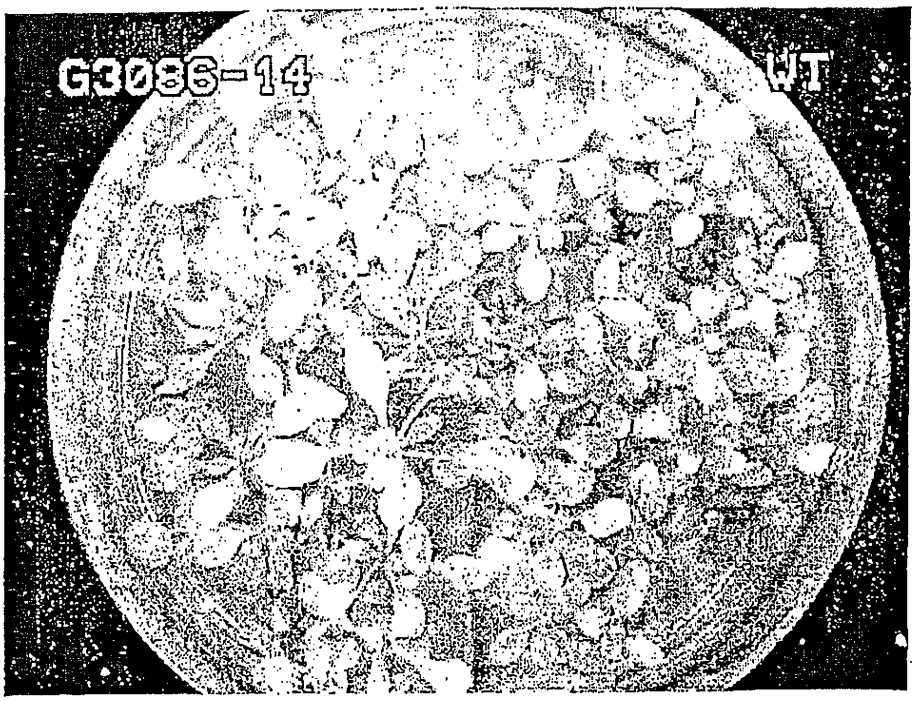

FIG. 9A

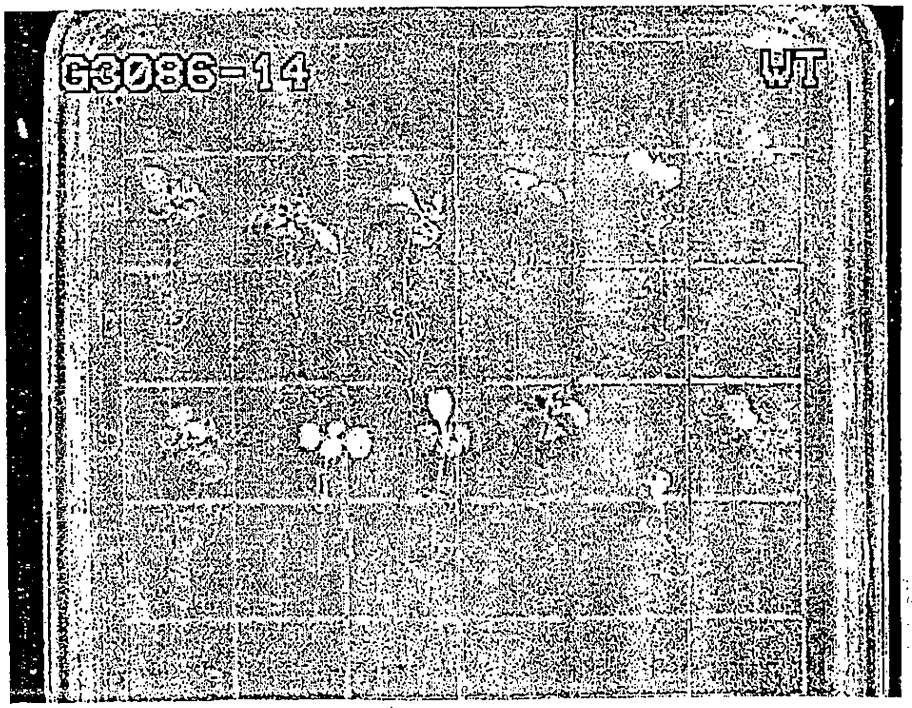

FIG. 9B

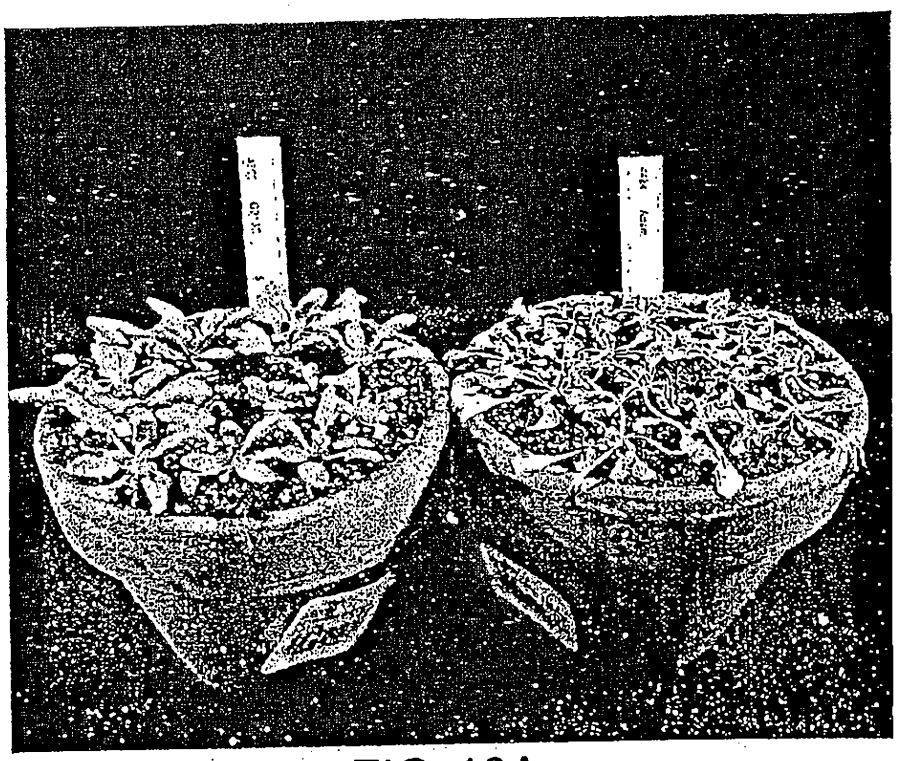

FIG. 10A



FIG. 10B