

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 949 657**

51 Int. Cl.:

A01C 1/00 (2006.01)
A01C 1/02 (2006.01)
A01H 1/04 (2006.01)
G01N 1/04 (2006.01)
G01N 1/28 (2006.01)
G01N 33/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

- 86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **19.06.2018** **PCT/US2018/038294**
87 Fecha y número de publicación internacional: **27.12.2018** **WO18236874**
96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **19.06.2018** **E 18819624 (0)**
97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **14.06.2023** **EP 3641522**

54 Título: **Sistemas automatizados para extraer muestras de tejido de semillas y procedimientos relacionados**

30 Prioridad:

21.06.2017 US 201762523072 P

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
02.10.2023

73 Titular/es:

MONSANTO TECHNOLOGY LLC (100.0%)
800 North Lindbergh Boulevard
Saint Louis, MO 63167, US

72 Inventor/es:

BROWN, WAYNE;
DAYAWON, MICHAEL JOSEPH;
FINLEY, DAVID W.;
FISCHER, WILLIAM MICHAEL;
IM, YANG JU;
JENSEN, JOHN MICHAEL;
KOHNE, JEFFREY LAWRENCE y
WEIS, MATTHEW J.

74 Agente/Representante:

GONZÁLEZ PECES, Gustavo Adolfo

ES 2 949 657 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín Europeo de Patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre Concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Sistemas automatizados para extraer muestras de tejido de semillas y procedimientos relacionados

5 REFERENCIA CRUZADA A LA SOLICITUD CORRESPONDIENTE

La presente solicitud reivindica el beneficio y la prioridad de la Solicitud Provisional de EE. UU. No. 62/523,072, presentada el 21 de junio de 2017.

10 CAMPO

La presente divulgación se refiere en general a sistemas y procedimientos automatizados para extraer muestras de tejido de materiales biológicos tal como, por ejemplo, semillas, etc.

15 ANTECEDENTES

Esta sección proporciona información de antecedente relacionada con la presente divulgación que no es necesariamente estado de la técnica.

20 En el desarrollo de plantas, las mejoras genéticas se realizan en la planta, ya sea a través de la mejora selectiva o la manipulación genética, y cuando se logra una mejora deseable, se desarrolla una cantidad comercial, o abultada, mediante la plantación y cosecha de semillas a lo largo de varias generaciones. Sin embargo, no todas las semillas cosechadas expresan los rasgos deseados y, por lo tanto, es necesario seleccionarlas de la cantidad a granel. Para acelerar el procedimiento de aumento de la cantidad de semillas, pueden tomarse y analizarse muestras estadísticas para descartar semillas (o grupos de semillas asociados a las muestras estadísticas), de la cantidad original de semillas, que no expresen adecuadamente el rasgo deseado. El documento US2017/027102A1 se refiere en general a dispositivos para obtener muestras de semillas para diversas pruebas, incluyendo por ejemplo pruebas genéticas o pruebas de contenido/composición de aceite. En particular, este documento muestra un ensamblaje automatizado de muestreo de semillas que comprende un módulo de muestreo operable para extraer muestras de tejido de semillas y para extraer tejido residual de semillas. El documento US2008/317279A1 se refiere en general a sistemas y procedimientos para la toma de muestras de material biológico tal como semillas.

35 SUMARIO

La invención descrita en la presente divulgación se define en las reivindicaciones independientes 1 y 6 y sus reivindicaciones dependientes.

40 DIBUJOS

Los dibujos descritos en el presente documento tienen únicamente fines ilustrativos de determinadas realizaciones y no de todas las implementaciones posibles, y no pretenden limitar el alcance de la presente divulgación.

45 La FIG. 1 es una vista en perspectiva de un sistema de muestreo de semillas que incluye uno o más aspectos de la presente divulgación y está configurado para singularizar semillas y extraer muestras de tejido de las semillas singularizadas;
La FIG. 2 es otra vista en perspectiva del sistema de muestreo de semillas de la FIG. 1;
La FIG. 3 es una vista lateral del sistema de muestreo de semillas de la FIG. 1;
50 La FIG. 4 es una vista en perspectiva de parte de un ensamblaje de carga de semillas del sistema de la FIG. 1 que ilustra una estación de cola del ensamblaje de carga de semillas;
La FIG. 5 es una vista en perspectiva de otra parte del ensamblaje de carga de semillas del sistema de la FIG. 1, que ilustra una unidad de singularización de semillas del ensamblaje de carga de semillas;
La FIG. 6 es una vista en perspectiva de parte de la unidad de singularización de semillas de la FIG. 5, que ilustra una tolva y una rueda separadora de la misma;
55 La FIG. 7 es otra vista en perspectiva de parte de la unidad de singularización de semillas de la FIG. 5, ilustrando además la tolva y la rueda separadora de la misma;
La FIG. 8 es una vista en perspectiva de parte del ensamblaje de carga de semillas del sistema de la FIG. 1, junto con un ensamblaje de formación de imágenes de semillas y un ensamblaje de muestreo de semillas;
La FIG. 9 es una vista fragmentaria de la FIG. 8 que ilustra además parte del ensamblaje de carga de semillas, junto con el ensamblaje de formación de imágenes;
60 La FIG. 10 es una vista en perspectiva fragmentaria de una unidad elevadora del ensamblaje de carga de semillas de la FIG. 8;
La FIG. 11 es una vista en perspectiva de un ensamblaje de transporte de semillas del sistema de la FIG. 1;
La FIG. 12 es una vista en perspectiva de parte del ensamblaje de carga de semillas del sistema de la FIG. 1, junto con el ensamblaje de formación de imágenes de semillas y el ensamblaje de toma de muestras de semillas;

La FIG. 13 es una vista en perspectiva fragmentaria del ensamblaje de muestreo de semillas del sistema de la FIG. 1, con un módulo de muestreo retirado del mismo;

La FIG. 14 es una vista en perspectiva de un ejemplo de módulo de muestreo de semillas del sistema de la FIG. 1;

La FIG. 15 es una vista en perspectiva fragmentaria del módulo de muestreo de la FIG. 14, con una carcasa exterior del módulo de muestreo retirada;

La FIG. 16 es una vista en perspectiva fragmentaria ampliada del módulo de muestreo de la FIG. 15;

La FIG. 17 es una vista en perspectiva de un ensamblaje de recogida de muestras del sistema de la FIG. 1;

La FIG. 18 es una vista en perspectiva de un bloque de boquillas del ensamblaje de recogida de muestras de la FIG. 17;

La FIG. 19 es una vista en sección fragmentaria del bloque de boquillas de la FIG. 18;

La FIG. 20 es una vista en perspectiva de un ensamblaje de recogida de semillas del sistema de la FIG. 1;

La FIG. 21A es una vista en perspectiva de una realización ejemplar de una bandeja de semillas que puede utilizarse en el sistema de la FIG. 1;

La FIG. 21B es una vista en perspectiva de una realización ejemplar de un plato de muestras que puede usarse en el sistema de la FIG. 1;

La FIG. 22 es un diagrama de bloques de una relación ejemplar entre el sistema de la FIG. 1 y un sistema de control adecuado o utilizado con él; y

La FIG. 23 es un diagrama de bloques de un dispositivo informático que puede utilizarse en la disposición ejemplar de la FIG. 22.

Los números de referencia correspondientes indican las partes correspondientes en las diversas vistas de los dibujos.

DESCRIPCIÓN DETALLADA

A continuación se describirán más detalladamente ejemplos de realización haciendo referencia a los dibujos adjuntos. La descripción y los ejemplos específicos incluidos en el presente documento tienen únicamente fines ilustrativos y no pretenden limitar el alcance de la presente divulgación.

Las FIGS. 1-20 ilustran un ejemplo de realización de un sistema 10 de muestreo de semillas automatizado que incluye uno o más aspectos de la presente divulgación. El sistema 10 ilustrado es adecuado para su uso en la extracción de muestras de materiales biológicos (por ejemplo, muestreo de los materiales, astillado de los materiales, etc.). Las muestras pueden incluir, por ejemplo, muestras de tejidos, etc. Y los materiales biológicos pueden incluir, por ejemplo, semillas, etc. Una vez más, el ejemplo de realización se proporciona únicamente con fines ilustrativos y puede utilizarse en relación con uno o más de los procedimientos descritos en el presente documento.

Como se muestra en las FIGS. 1-3, el sistema 10 de muestreo de semillas incluye generalmente un ensamblaje 12 de carga de semillas automatizado, un ensamblaje 14 de transporte de semillas automatizado, un ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas automatizado, y un ensamblaje 18 de muestreo de semillas automatizado. En general, el ensamblaje 12 de carga de semillas funciona (como parte de un procedimiento del presente documento) para singularizar (o aislar, o seleccionar, etc.) semillas individuales de una cantidad (por ejemplo, una pluralidad, etc.) de semillas, y/o cargar un grupo de semillas individuales (por ejemplo, un grupo de tales semillas singularizadas, etc.) en el sistema 10 de muestreo de semillas. A su vez, el ensamblaje 14 de transporte de semillas, que se encuentra generalmente por encima del ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas y del ensamblaje 18 de muestreo de semillas, opera para mover las semillas singularizadas desde el ensamblaje 12 de carga de semillas al ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas y luego al ensamblaje 18 de muestreo de semillas, donde finalmente se extraen muestras de tejido de las semillas singularizadas (por ejemplo, una sola muestra de cada una de las semillas, múltiples muestras de cada una de las semillas, etc.). Además, las muestras de tejido, junto con las semillas de las que se extraen las muestras de tejido, se recogen de forma que se mantenga una relación entre ellas (por ejemplo, una relación de uno a uno de forma que las semillas puedan identificarse posteriormente basándose en las muestras extraídas de las mismas, etc.). A continuación, las muestras de tejido pueden analizarse para determinar si las semillas correspondientes, de las que se tomaron las muestras de tejido, presentan o no uno o más rasgos deseados. Y, basándose en el análisis, las semillas correspondientes de las que se extrajeron las muestras de tejido pueden identificarse posteriormente y utilizarse como se desee.

El funcionamiento del sistema 10 de muestreo de semillas, y del ensamblaje 12 de carga de semillas, el ensamblaje 14 de transporte de semillas, el ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas, y el ensamblaje 18 de muestreo de semillas del mismo, está automatizado y puede ser controlado (y/o coordinado), por ejemplo, por un sistema de control central (ampliamente, un dispositivo informático, etc.) dentro del alcance de la presente divulgación. Además, los componentes del ensamblaje 12 de carga de semillas, el ensamblaje 14 de transporte de semillas, y/o el ensamblaje 18 de muestreo de semillas pueden operarse neumáticamente utilizando, por ejemplo, flujos de aire deseados, etc. Dichas operaciones neumáticas pueden aplicarse para mover las semillas a través del sistema 10 de muestreo de semillas y entre los ensamblajes 12, 14, 18. Dichas operaciones neumáticas también pueden incluir la extracción de semillas a través del sistema 10 de muestreo de semillas (por ejemplo, mediante procedimientos de vacío, etc.), forzar el paso de semillas a través del sistema 10 (por ejemplo, mediante chorros de aire, etc.), accionar componentes del sistema 10 de muestreo de semillas, y/o combinaciones de los mismos, por ejemplo, para ayudar a

inhibir el daño de las semillas durante el transporte, para facilitar el funcionamiento eficiente de los componentes del sistema 10, etc.

En la realización ilustrada, el ensamblaje 12 de carga de semillas, el ensamblaje 14 de transporte de semillas, el ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas y el ensamblaje 18 de muestreo de semillas están soportados por diversas estructuras tales como tirantes estacionarios, vigas, plataformas, pedestales, soportes, etc. e incluyen diversos acoplamientos (por ejemplo, válvulas, conectores de tuberías, etc.). Aunque dichas estructuras y/o acoplamientos son necesarios para la construcción del sistema 10 de muestreo de semillas, la descripción de su colocación, orientación e interconexiones no es necesaria para que un experto en la técnica comprenda fácil y completamente la estructura, función y operación del sistema 10 de muestreo de semillas. En particular, dichas estructuras se ilustran claramente en las figuras y, como tal, su colocación, orientación e interconexiones son fácilmente comprensibles para un experto en la técnica.

El ensamblaje 12 de carga de semillas del sistema 10 de muestreo de semillas incluye una estación 20 de cola para recibir semillas de paquetes de semillas, u otros dispositivos de contención de semillas (por ejemplo, tubos, celdas, casetes, cilindros, placas, etc.), para el muestreo (donde los paquetes de semillas pueden incluir cualquier tipo y/o cantidad deseada de semillas, por ejemplo, como se describe en el presente documento). Los paquetes de semillas pueden representar diferentes proyectos, o agrupaciones de semillas, que se desea analizar por una o más razones (por ejemplo, por una o más de las razones descritas en el presente documento, etc.). Cada paquete de semillas incluye generalmente un indicio asociado (por ejemplo, un código de barras, un código QR, una etiqueta RFID, una etiqueta magnética, una banda magnética, un indicio alfabético y/o numérico, otro indicio, etc.). Los indicios, por lo tanto, pueden utilizarse para identificar datos logísticos relativos al respectivo paquete de semillas (y a las semillas incluidas en él). Dichos datos logísticos pueden generarse basándose en genotipos o atributos específicos de cada semilla concreta del paquete de semillas y pueden incluir, por ejemplo, características y/o rasgos tales como el tipo, el tamaño, la forma, el color, la composición, la calidad, el peso, los rasgos genéticos, etc. de las semillas que contiene. Además, los datos logísticos pueden incluir datos que indiquen si las semillas del paquete de semillas se van a analizar o no y, para las semillas que se van a analizar, el análisis concreto que se va a realizar y los requisitos particulares de muestreo para las semillas y/o su análisis requerido (por ejemplo, incluyendo un número de muestras de tejido que se van a tomar de las semillas, etc.). A continuación, el sistema de control central (o directamente el sistema 10) puede utilizar los datos logísticos para configurar, dirigir, actualizar, modificar, etc. los diversos componentes del sistema 10, tal como se describe en el presente documento, de modo que se extraigan las muestras de tejido adecuadas de las semillas dadas y que se puedan realizar los análisis adecuados de las muestras de tejido (en particular, por ejemplo, cuando el sistema 10 está integrado con una o más unidades de análisis configuradas para realizar los diferentes análisis descritos en el presente documento). Dicho esto, dichos datos logísticos pueden referirse (sin limitación) a los tipos de semillas en el paquete de semillas, tamaños de muestra para dichas semillas, un análisis que se va a realizar, un número de muestras requeridas para dicho análisis, etc. Los datos logísticos pueden compilarse en cualquier formato adecuado o deseable, por ejemplo, los datos logísticos pueden compilarse en una o más estructuras electrónicas de datos, bases de datos, hojas de cálculo y/o tablas de consulta, etc. que luego son accesibles al sistema 10 de muestreo de semillas (por ejemplo, a través de una red adecuada, etc.) y/o a los usuarios del mismo.

A modo de ejemplo, para iniciar el funcionamiento del sistema 10 de muestreo de semillas, los indicios de un paquete de semillas dado pueden introducirse en el sistema de control (por ejemplo, a través de una interfaz de usuario, a través de la comunicación con un lector/dispositivo de entrada, etc.), que está en comunicación con el sistema 10 de muestreo de semillas a través de una red, etc. En particular, por ejemplo, la estación 20 de cola puede incluir un lector configurado para escanear (ampliamente, leer) los indicios en un paquete de semillas dado, o puede utilizarse un lector separado (por ejemplo, un dispositivo de entrada de escáner de mano, etc.) para escanear los indicios. En ambos casos, a su vez, un procesador asociado al sistema de control puede acceder a los datos logísticos asociados al paquete semilla en una estructura de datos logísticos (por ejemplo, en una estructura de datos en memoria asociada al procesador del sistema de control, en una estructura de datos remota accesible por el procesador del sistema de control a través de una red, etc.). A continuación, basándose en los datos logísticos, el procesador puede controlar el funcionamiento del sistema 10, tal como se describe en detalle más adelante (aunque no se haga referencia expresa al procesador), para configurar condiciones de procesamiento personalizadas (por ejemplo, presiones de aire, presiones de vacío, posiciones de los componentes, tiempos, parámetros de extracción de tejido, etc.) para extraer las muestras de tejido deseadas de las semillas en el paquete de semillas dado, etc. En diversas realizaciones, los indicios asociados a los paquetes de semillas pueden ser leídos o interpretados automáticamente por una interfaz de usuario e introducidos automáticamente en el sistema de control. En un caso, el indicio puede incluir un código de barras y la interfaz de usuario puede incluir un lector de códigos de barras adecuado. Así, para iniciar el funcionamiento del sistema 10, un usuario u operador puede escanear el código de barras utilizando el lector de códigos de barras, y el procesador del sistema de control puede entonces interpretar el código de barras, acceder a los datos logísticos en la estructura de datos correspondiente al código de barras, y controlar el funcionamiento del sistema 10 según convenga (por ejemplo, basándose en los datos logísticos, el sistema 10 puede determinar tamaños de muestra, números de muestras, etc. para las semillas en los paquetes de semillas; etc.).

Con referencia adicional a la FIG. 4, al escanear un paquete de semillas dado, cuando las semillas correspondientes en el paquete de semillas van a ser muestreadas y analizadas utilizando el sistema 10 de muestreo de semillas, el sistema 10 está configurado para accionar una puerta 28 de la estación 20 de cola (por ejemplo, abrir la puerta 28,

desbloquear la puerta 28, etc.), de modo que una o más semillas deseadas del paquete de semillas puedan ser recibidas en la estación 20 de cola (por ejemplo, basándose en el escaneo inicial, etc.). En relación con ello, la estación 20 de cola incluye una unidad 30 de filtrado (por ejemplo, una pantalla de filtrado, barras magnéticas, combinaciones de las mismas, etc.) para su uso en la eliminación de contaminantes no deseados y/o no deseados de las semillas recibidas. A medida que las semillas se mueven a través de la unidad 30 de filtrado, se reciben en una de las múltiples colas 32 de la estación 20 de cola, en preparación para su posterior procesamiento. En la realización ilustrada, la estación 20 de cola incluye seis colas 32, cada una separada por una barrera 34 móvil (o compuerta) para retener selectivamente (y segregar) diferentes agrupaciones de semillas de diferentes paquetes de semillas recibidos en la estación 20 de cola (de manera que seis agrupaciones diferentes de semillas, o proyectos, pueden procesarse en el sistema 10 ilustrado, en secuencia, como se desee (con cada uno retenido en una de las seis colas 32 diferentes)). Debe apreciarse que la estación 20 de cola puede incluir otros números de colas 32 en otras realizaciones (por ejemplo, distintas de seis, al menos una, al menos dos, mayores de seis, etc.), dependiendo de las necesidades operativas, etc. Además, la estación 20 de cola puede configurarse de manera que diferentes colas 32 puedan procesarse juntas (por ejemplo, las semillas de diferentes colas 32 pueden moverse juntas en el sistema 100, etc.) para crear potencialmente una cola más grande (compuesta por múltiples colas 32 individuales, etc.) para contener mayores cantidades de semillas.

A continuación, en el sistema 10 de muestreo de semillas, cuando las semillas deseadas (del número deseado de paquetes de semillas) se reciben en la estación 20 de cola, el sistema 10 de muestreo de semillas está configurado para mover las semillas, dentro de una de las colas 32 (por ejemplo, la cola 32 más inferior en la FIG. 4, etc.), a una unidad 36 de singularización de semillas del ensamblaje 12 de carga de semillas (por ejemplo, a través de un flujo de aire inducido como presión de vacío y tuberías adecuadas (no mostradas), etc.).

Con referencia ahora a las FIGS. 5-7, tras la recepción de las semillas en la unidad 36 de singularización de semillas (a través de la entrada 38), una velocidad de las semillas es inicialmente ralentizada/reducida por un desacelerador 40 de semillas (FIG. 5), y las semillas se recogen en una cola 42 de migración. Una vez recogidas todas las semillas del paquete de semillas dado en la cola 42 de migración, se liberan (a través de la compuerta 44 automatizada) en la tolva 46. La tolva 46 define, incluye, etc. un depósito 47 (FIGS. 6 y 7) para recibir y retener las semillas en ellos (por ejemplo, todas las semillas de la cola de migración para el paquete de semillas dado, etc.). Una rueda 48 separadora está entonces dispuesta al menos parcialmente en comunicación con el depósito 47 de la tolva 46 (y particularmente en comunicación con las semillas en el depósito 47). La rueda 48 separadora está configurada para girar (mediante el motor 50) en relación con la tolva 46. Y, como se muestra mejor en la FIG. 6 (en la que se retira una cubierta 52 de la rueda 48 separadora), las aberturas 54 de la rueda 48 separadora (junto con una fuente de vacío) están configuradas para capturar semillas individuales de la agrupación de semillas en la tolva 46 y retener las semillas en las aberturas según se desee (mediante la presión de vacío deseada, por ejemplo, basada en las semillas particulares recibidas en el sistema según los datos logísticos dados para las semillas (por ejemplo, la presión de vacío puede configurarse para valores específicos basados en el tipo de semilla, el tamaño de la semilla, la masa de la semilla, etc.) y para optimizar potencialmente la eficiencia de recogida de semillas). Se dispone un sensor 56 próximo a la rueda 48 separadora para, por ejemplo, detectar si las semillas individuales se capturan correctamente en las aberturas 54 individuales (por ejemplo, una semilla en una abertura 54, etc.), contar las semillas a medida que entran en las aberturas 54 y/o se mueven por el sensor 56 (por ejemplo, como parte de un control de calidad para supervisar el número de semillas que entran en el sistema 10 de muestreo de semillas y el número de semillas que salen del sistema 10 de muestreo de semillas, etc.), combinaciones de los mismos, etc. En otras realizaciones de ejemplo, los sistemas de muestreo de semillas pueden incluir ensamblajes de carga de semillas que tengan ruedas separadoras con diferentes números y/o tamaños de aberturas en las mismas. Además, en otras realizaciones de ejemplo, los sistemas de muestreo de semillas pueden incluir ensamblajes de carga de semillas con unidades de singularización que utilizan características distintas de las ruedas de separación para singularizar las semillas (por ejemplo, separadores vibratorios, etc.). Por ejemplo, en otras realizaciones de ejemplo, los ensamblajes de carga de semillas de los sistemas de muestreo de semillas pueden estar configurados para cargar una o más placas de semillas individuales en o sobre los sistemas. En relación con ello, los sistemas pueden incluir adicionalmente sistemas de cola (o características de cola asociadas con los ensamblajes de carga de semillas) que tienen actuadores de movimiento (por ejemplo, brazos, etc.) que mueven una o más de las semillas deseadas de las placas a los tubos de transferencia conectados a los ensamblajes de carga de semillas (por lo que la carga de las semillas a los sistemas está sustancialmente automatizada también a través de los sistemas de cola, etc.).

En funcionamiento (y como parte de un procedimiento de la presente divulgación), la rueda 48 separadora de la unidad 36 de singularización de semillas gira (a través del motor 50) para mover las aberturas 54 generalmente a través del depósito 47 de la tolva 46. Al girar la rueda 48 separadora, se suministra succión a las aberturas 54 (a través de la fuente de vacío) de modo que las aberturas 54 que pasan a través y/o adyacentes al depósito 47 de la tolva capturan y retienen semillas individuales dentro de las aberturas 54. A medida que la rueda 48 separadora continúa girando, desplaza las aberturas 54 y las semillas capturadas fuera, y generalmente lejos, del depósito 47 de tolva, pasando por el sensor 56 y hacia un compartimento 58 de depósito. En el compartimento 58 de depósito, las semillas capturadas se desprenden de las aberturas 54 (mediante succión reducida dentro de las aberturas 54 y/o mediante rascadores (no mostrados)) y se reciben (por ejemplo, por gravedad, presión de vacío, etc.) en una cámara de transporte (no visible) que se extiende hasta un desviador 60. A continuación, la rueda 48 separadora continúa girando y, finalmente, mueve las aberturas 54 vaciadas de vuelta al depósito 47 de tolva para capturar semillas adicionales de la tolva 46,

según proceda, por ejemplo, hasta que todas las semillas del paquete de semillas dado en la tolva 46 se transfieran al desviador 60, o hasta que un número deseado de semillas de la tolva 46 se transfieran al desviador 60, etc.

En la realización ilustrada, la tolva 46 de la unidad 36 de singularización de semillas incluye una compuerta 62 de descarga (FIG. 7). Al finalizar un proyecto de semillas(es decir, al singularizar todas las semillas deseadas del proyecto de semillas), si aún quedan semillas en la tolva 46 (y no se pueden transferir al desviador 60 o no está previsto que se transfieran al desviador 60), el sistema 10 está configurado para accionar la compuerta 62 de descarga (por ejemplo, abrir la compuerta 62 de descarga, etc.) para que las semillas restantes en el depósito 47 de la tolva 46 puedan ser retiradas y recogidas en un contenedor de descarte deseado (preparando así la tolva 46 para recibir semillas de la estación 20 de cola para otro paquete de semillas asociado con otro proyecto). En relación con ello, pueden utilizarse otras características, tal como aire a presión, etc., dentro de la tolva 46 para ayudar a garantizar que las semillas restantes se retiren de la tolva 46 a través de la compuerta 62 de descarga y se transporten al contenedor de descartes.

Con especial referencia a la FIG. 5, el desviador 60 de la unidad 36 de singularización de semillas está dispuesto generalmente por debajo de la rueda 48 separadora (y por debajo del compartimento 58 de depósito). El desviador 60 está configurado para recibir las semillas desalojadas de la rueda 48 separadora y distribuir individualmente cada una de las semillas al colector 66 desviador. Además, el desviador 60 está configurado para girar entre múltiples posiciones diferentes en alineación con uno de los múltiples conductos 68 que se extienden a través del colector 66 desviador para transferir de este modo (por ejemplo, por gravedad, flujo de aire inducido, operación mecánica, etc.) semillas individuales desde la tolva 46 a los conductos 68 apropiados (por ejemplo, definiendo de este modo múltiples caminos individuales para las semillas singularizadas que avanzan a través del sistema 10, etc.). Por ejemplo, cuando el desviador 60 transfiere una semilla individual a uno de los conductos 68, a continuación, gira para alinearse con otro de los conductos 68 y transfiere otra semilla individual al mismo. Esto puede repetirse hasta que cada uno de los conductos 68 del colector 66 reciba una semilla individual. En relación con ello, los sensores (no mostrados) pueden estar asociados con el desviador 60 y/o los conductos 68 para, por ejemplo, detectar las semillas recibidas en el desviador 60 y/o los conductos 68, contar las semillas a medida que entran en el desviador 60 y/o los conductos 68, contar las semillas a medida que salen del desviador 60 y/o los conductos 68, combinaciones de los mismos, etc. En el sistema 10 de muestreo de semillas ilustrado, el colector 66 desviador incluye siete conductos 68 (aunque sólo tres son visibles en la FIG. 5). Y, de los siete conductos 68, seis están configurados para dirigir las semillas al ensamblaje 18 de muestreo, y uno está configurado para dirigir las semillas a un contenedor de descarte según se desee o sea apropiado (por ejemplo, exceso de semillas recibidas por el desviador 60, semillas particulares recibidas por el desviador 60 con base en los datos obtenidos por el sensor o sensores de las semillas, etc.). Sin embargo, debe apreciarse que el colector 66 desviador puede incluir otros números de conductos en otras realizaciones (por ejemplo, al menos uno, al menos seis, al menos siete, al menos ocho, etc.), por ejemplo, basándose en un número de rutas de semillas que van a ser definidas por y/o incluidas en el sistema 10 (y generalmente con al menos un conducto adicional para descartar semillas, según se desee).

Como se muestra en las FIGS. 8-10, el ensamblaje 12 de carga de semillas incluye además múltiples unidades 70 elevadoras (por ejemplo, seis unidades 70 elevadoras en la realización ilustrada, etc.) para recibir las semillas singularizadas desde el colector 66 desviador. Las unidades 70 elevadoras se sitúan generalmente por debajo de la unidad 36 de singularización de semillas (y, por tanto, generalmente por debajo del desviador 60 y del colector 66 desviador). Cada una de las unidades 70 elevadoras está en comunicación con uno de los conductos 68 del colector 66 desviador (por ejemplo, a través de tubos de transporte (no mostrados) que se extienden desde los conductos 68 hasta las entradas 72 de las unidades 70 elevadoras, etc.). De este modo, las semillas singularizadas del colector 66 pueden transferirse (por ejemplo, por gravedad, flujo de aire inducido, etc.) a las unidades 70 elevadoras para su posterior transferencia al ensamblaje 14 de transporte de semillas (como parte de los múltiples caminos individuales para las semillas singularizadas en el sistema 10 (es decir, con cada unidad elevadora formando parte de cada camino de semillas)). En general, las semillas singularizadas se transfieren desde el colector 66 desviador a las unidades 70 elevadoras cuando las unidades 70 elevadoras están vacías y listas para recibir las semillas (por ejemplo, cuando las semillas anteriores en las unidades 70 elevadoras ya se han pasado al ensamblaje 14 de transporte de semillas, etc.). En relación con ello, las semillas singularizadas pueden transferirse del colector 66 desviador a las unidades 70 elevadoras de una en una (por ejemplo, cuando uno de los conductos 68 del colector 66 recibe una semilla del desviador 60, puede transferir inmediatamente la semilla a una correspondiente de las unidades 70 elevadoras, etc.). O bien, las semillas singularizadas pueden retenerse en el colector 66 desviador hasta que todos los conductos 68 estén llenos de semillas y, a continuación, todas las semillas de los conductos 68 se transfieran a las correspondientes unidades 70 elevadoras en secuencia o, en general, al mismo tiempo.

Como se muestra particularmente en la FIG. 10 (ilustrando un ejemplo de una de las unidades 70 elevadoras), la unidad 70 elevadora incluye un pistón 74 movable (por ejemplo, vía operación neumática, etc.) entre una posición retraída (como se muestra en la FIG. 10) y una posición elevada (generalmente por encima de la posición replegada). Cuando está en la posición elevada (o cuando está en la posición retraída), el pistón 74 puede recibir una semilla del colector 66 desviador en una porción 76 de extremo del pistón 74 (a través de la entrada 72 y un canal correspondiente (no visible) que conduce a través de la unidad 70 elevadora desde la entrada 72 hasta el pistón 74). A continuación, el pistón 74 está configurado para presentar las semillas para su transferencia/extracción al ensamblaje 14 de transporte de semillas (para su posterior transporte al ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas y al

ensamblaje 18 de muestreo de semillas). En diversas realizaciones, la porción 76 de extremo del pistón 74 puede incluir una ventosa (por ejemplo, una ventosa como se describe en el presente documento, etc.) para su uso en la recepción y retención de una semilla (por ejemplo, a través de succión de presión negativa aplicada a la misma, por ejemplo, a través del pistón 74, etc.). Sin embargo, como puede apreciarse, esto no es necesario en todas las implementaciones del sistema 10.

También en la unidad 70 elevadora, el pistón 74 puede accionarse desde la posición elevada a la posición retraída (de nuevo, como se muestra en la FIG. 10) donde la porción 76 de extremo del pistón 74 está expuesta a una salida 78. El pistón 74 puede ser accionado a la posición retraída, por ejemplo, para expulsar una semilla a través de la salida 78 (por ejemplo, por gravedad, a través de una fuente 80 de aire comprimido, a través de presión de vacío, etc.) de la unidad 70 elevadora (por ejemplo, a un contenedor de restos, a otra ubicación, etc.) si se omiten entregas al ensamblaje 14 de transporte de semillas, o si se detectan múltiples semillas en la unidad 70 elevadora en un momento dado, o si se detecta (a través de un sensor en la unidad elevadora, por ejemplo) que una semilla tiene una o más características específicas (por ejemplo, características indeseables, tamaños particulares, tipos particulares, etc. basados en análisis intermedios, etc.), etc. En relación con ello, los sensores u otros dispositivos de formación de imágenes pueden estar asociados con la unidad 70 elevadora para detectar una semilla recibida del colector 66, para contar las semillas a medida que entran en la unidad de elevación, para evaluar una semilla que va a ser expulsada de la unidad 70 elevadora (por ejemplo, evaluar características específicas de la semilla, etc.), y/o combinaciones de los mismos, etc. (por ejemplo, como último punto u oportunidad en una ruta de semillas para retirar o expulsar una semilla del sistema 10, antes de que la semilla sea muestreada y procesada y, por tanto, afecte a las operaciones de recolección del sistema 10; etc.). Además, el pistón 74 puede ser accionado a la posición retraída para la limpieza general de la unidad 70 elevadora después de que una semilla se transfiera con éxito al ensamblaje 14 de transporte de semillas (por ejemplo, a través de la fuente 80 de aire comprimido, etc.), etc., por ejemplo, cuando se determina que es necesario por uno de los sensores.

Dicho esto, debe apreciarse que la rueda 48 separadora y el desviador 60 de la unidad 36 de singularización de semillas, en conexión con los conductos 68 del colector 66 desviador, permiten la singularización de semillas individuales a partir de la cantidad de semillas recibidas originalmente en la tolva 46 (en conexión con el paquete de semillas dado). Como tal, el ensamblaje 12 de carga de semillas opera para proporcionar semillas individuales al ensamblaje 14 de transporte de semillas para su posterior transferencia al ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas y al ensamblaje 18 de muestreo de semillas (de tal manera que la identidad de la semilla individual generalmente se registra y rastrea en el sistema 10 desde este punto en adelante como parte de los caminos de semillas individuales a través del sistema 10). Además, y como se ha descrito anteriormente, los sensores dispuestos en comunicación con uno o más del desviador 60, el colector 66 desviador (y sus conductos 68), y/o las unidades 70 elevadoras ayudan a asegurar aún más que sólo una semilla a la vez se transfiera desde el ensamblaje 12 de carga de semillas (ayudando así a facilitar la característica de identidad de semilla única del sistema 10). Además, a través de los sensores y/o ensamblajes/unidades de formación de imágenes (que pueden estar situados (sin limitación) en la rueda 48 separadora, el desviador 60 y las unidades 70 elevadoras, y que pueden incluir además otros sensores y/o ensamblajes/unidades de formación de imágenes descritos en el presente documento), se pueden capturar otros datos relativos a las semillas, incluyendo, por ejemplo, imágenes infrarrojas (IR), imágenes infrarrojas cercanas (NIR), color de las semillas, tamaño de las semillas, índices de enfermedad, etc. Dichos datos, entonces, pueden ser utilizados por el sistema 10 para aumentar las operaciones aguas arriba y/o aguas abajo (por ejemplo, ajustes de muestreo, velocidades de flujo del procedimiento, etc.) y/o para eliminar o expulsar determinadas semillas del sistema (por ejemplo, en el colector 66 a través del conducto 68 de desecho, en las unidades 70 elevadoras a través de las salidas 78, etc.) para su eliminación, clasificación, recogida, etc., basándose en una o más clasificaciones relacionadas o de otro modo.

Refiriéndonos ahora a la FIG. 11, el ensamblaje 14 de transporte de semillas del sistema 10 de muestreo de semillas generalmente incluye un mecanismo 82 de traslación y múltiples miembros 84 de retención montados en un transporte 86 soportado por el mecanismo 82 de traslación (por ejemplo, seis miembros 84 de retención en la realización ilustrada, etc.). El mecanismo 82 de traslación ilustrado incluye generalmente un primer portador 88 acoplado a una guía 90, por lo que el primer portador 88 es movable (por ejemplo, deslizable mediante un actuador, mediante una unidad de accionamiento de motor, etc.) en una dirección generalmente lineal a lo largo de la guía 90. El mecanismo 82 de traslación también incluye un segundo portador 92 acoplado a un accionamiento 94 (por ejemplo, a una transmisión por correa, a una transmisión por cadena, etc.), por lo que el segundo portador 92 es desplazable en una dirección generalmente lineal (generalmente perpendicular al movimiento del primer portador 88) mediante el movimiento del accionamiento 94. De esta manera, el mecanismo 82 de traslación está configurado para mover el transporte 86 y los miembros 84 de retención en dos direcciones con respecto al ensamblaje 12 de carga de semillas (y particularmente con respecto a las unidades 70 elevadoras del mismo). Por ejemplo, el ensamblaje 14 de transporte de semillas está situado generalmente por encima de las unidades 70 elevadoras del ensamblaje 12 de carga de semillas, y también por encima del ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas y del ensamblaje 18 de muestreo de semillas (véase también, FIG. 3). En relación con ello, el primer portador 88 está configurado para mover el transporte 86 generalmente horizontalmente en el sistema 10 (en una dirección generalmente paralela a una alineación de las unidades 70 elevadoras, las unidades 96 de formación de imágenes del ensamblaje de formación de imágenes de semillas, y los módulos 98 de muestreo del ensamblaje 18 de muestreo de semillas (por ejemplo, en una

dirección X del sistema 10 como se indica en la FIG. 1, etc.)), y en general verticalmente (por ejemplo, en una dirección Z del sistema como se indica en la FIG. 1, etc.).

Los miembros 84 de retención del ensamblaje 14 de transporte de semillas son extensibles desde el transporte 86 (por ejemplo, a través de pistones 100, etc.) y están configurados para moverse angularmente, según se desee. Esto permite que los miembros 84 de retención se muevan según sea necesario para recuperar (y capturar) semillas de las unidades 70 elevadoras (por ejemplo, incluso cuando las semillas elevadas no están inmediatamente alineadas verticalmente con los miembros 84 de retención, etc.). Es más, los miembros 84 de retención también están configurados para rotar de manera que, una vez que las semillas son recuperadas de las unidades 70 elevadoras, los miembros 84 de retención pueden operar para orientar las semillas en orientaciones, posiciones, etc. deseadas. En relación con lo anterior, los miembros 84 de retención incluyen porciones 102 de extremo configuradas para retener, sujetar, etc. las semillas recibidas de las unidades 70 elevadoras. En la realización ilustrada, las porciones 102 de extremo incluyen ventosas (por ejemplo, ventosas de vacío, etc.) para recibir y retener las semillas (por ejemplo, mediante succión a presión negativa, etc.). Las ventosas pueden incluir porciones extremas en forma de copa, definiendo, por ejemplo, formas de V, formas de U, otras formas, etc., propicias para sujetar las semillas. Las ventosas están configuradas de tal manera que cuando se suministra una presión de aire negativa a las ventosas (a través de medios adecuados), las semillas pueden ser enganchadas y retenidas por las mismas (con una semilla recibida en una ventosa). Entonces, cuando las semillas son efectivamente transferidas por los miembros 84 de retención al ensamblaje 18 de muestreo y las porciones 102 de extremo del mismo liberan las semillas, se puede suministrar presión de aire positiva a las ventosas (en las porciones 102 de extremo) (de nuevo a través de medios adecuados) para limpiar en general las porciones 102 de extremo y ayudar a inhibir cualquier acumulación y ayudar a mejorar la eficiencia de recogida de semillas. En otras realizaciones de ejemplo, los sistemas de muestreo de semillas pueden incluir ensamblajes de transporte de semillas que tengan miembros de retención con porciones de extremo que definan otras ventosas para su uso en la recepción y retención de semillas, por ejemplo, soportes mecánicos, mecanismos de agarre de semillas, etc.

En funcionamiento del ensamblaje 14 de transporte de semillas (cuando las unidades 70 elevadoras del ensamblaje 12 de carga de semillas mueven las semillas a las posiciones elevadas), el primer portador 88 está configurado para posicionar el transporte 86 generalmente sobre las unidades 70 elevadoras, y el segundo portador 92 está entonces configurado para mover los miembros 84 de retención a su posición inmediatamente por encima de los pistones 74 del mismo (de tal manera que cada uno de los miembros 84 de retención está situado por encima de una correspondiente de las unidades 70 elevadoras). A su vez, los miembros 84 de retención (específicamente, las porciones 102 de extremo de los miembros 84 de retención) están configurados para luego enganchar y recibir las semillas de las unidades 70 elevadoras. Como se ha descrito anteriormente, esto puede implicar el accionamiento de los miembros 84 de retención según sea necesario para permitir que las porciones 102 de extremo de los mismos se enganchen adecuadamente a las semillas (por ejemplo, extendiendo los miembros 84 de retención con respecto al transporte 86 hacia las semillas, moviendo los miembros 84 de retención angularmente con respecto al transporte 86, etc.). Y, una vez que las semillas están enganchadas (y capturadas), el segundo portador 92 del ensamblaje 14 de transporte de semillas está configurado para elevar el transporte 86 (y las semillas capturadas) y el primer portador 88 está configurado para mover las semillas al ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas, como se describe a continuación.

El ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas del sistema 10 de muestreo de semillas se muestra en la FIG. 12, y está estructurado y es operable para obtener imágenes de cada una de las semillas capturadas por el ensamblaje 14 de transporte de semillas. En particular, el ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas está configurado para recoger al menos una imagen de cada una de las semillas retenidas en los miembros 84 de retención del ensamblaje 14 de transporte de semillas (cuando el ensamblaje 14 de transporte de semillas mueve las semillas al ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas). Las imágenes recogidas de las semillas en el ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas pueden ser del tipo que se desee. Por ejemplo, las imágenes pueden ser imágenes visuales (en color y/o en blanco y negro), imágenes IR (asociadas a la banda IR) (por ejemplo, para "ver" semillas haploides, etc.), imágenes NIR o imágenes NMR/MRI, o cualquier otro tipo de imágenes o datos espectrales relacionados. Es más, las imágenes pueden incluir imágenes bidimensionales (a través de las cuales se pueden recopilar métricas bidimensionales (2-D) de cada una de las semillas, incluyendo (sin limitación) la ubicación de la tapa/la punta, el área de la semilla, la forma de la semilla, la enfermedad, etc.), o las imágenes pueden incluir imágenes tridimensionales (3-D) derivadas con múltiples imágenes 2-D, o aprovechando un perfilador láser, o cualquier combinación de técnicas para derivar una medición 3-D.

Una vez recogidas las imágenes, se comunican al sistema de control para su almacenamiento en la estructura de datos asociada y su procesamiento, tal como se describe en el presente documento. Por ejemplo, las imágenes pueden utilizarse para determinar las orientaciones de las semillas en los miembros 84 de retención, y para dirigir la operación de los miembros 84 de retención para rotar y orientar las semillas en las posiciones deseadas antes de las operaciones de muestreo. En relación con ello, por ejemplo, las imágenes pueden utilizarse para localizar los embriones de las semillas de modo que las semillas puedan orientarse (mediante los miembros de retención) en una posición deseada mediante la cual, cuando las semillas se entreguen al ensamblaje 18 de muestreo, las muestras puedan extraerse de las semillas sin dañar los embriones. También por ejemplo, las imágenes pueden utilizarse para ayudar a analizar las semillas en relación con cualquier análisis de tejido realizado en muestras de tejido extraídas de

las semillas cuando se realizan operaciones de muestreo, por ejemplo, para su uso en el fenotipado de una sola semilla (por ejemplo, para determinar el volumen y/o la forma de las semillas, para identificar enfermedades, para identificar material de semillas no viables, etc.) y/o como parte de un programa de control de calidad para supervisar el funcionamiento del sistema 10 de muestreo de semillas (por ejemplo, para ayudar a ajustar (por ejemplo, acelerar, ralentizar, etc.) diversos procedimientos del sistema 10 (por ejemplo, procedimientos del ensamblaje 12 de carga de semillas, el ensamblaje 14 de transporte de semillas, el ensamblaje 18 de muestreo de semillas, etc.) sin interrumpir los procedimientos, etc.). Además, por ejemplo, las imágenes pueden utilizarse para dirigir la operación del ensamblaje 18 de muestreo de semillas en la eliminación del tejido de las semillas (por ejemplo, dirigir la operación del ensamblaje 18 de muestreo de semillas, etc.).

En la realización ilustrada, el ensamblaje 16 de formación imágenes de semillas incluye múltiples unidades 96 de formación de imágenes posicionadas generalmente debajo de las unidades 70 elevadoras y generalmente entre las unidades 70 elevadoras y los módulos 98 de muestreo del ensamblaje 18 de muestreo de semillas (véase también la FIG. 8). Las unidades 96 de formación de imágenes están generalmente alineadas con las aberturas 104 en un suelo 106 del sistema 10 de muestreo de semillas para permitir el acceso de las unidades 96 de formación de imágenes a las semillas retenidas en los miembros 84 de retención del ensamblaje 14 de transporte de semillas. Dicho esto, las unidades 96 de formación de imágenes pueden incluir, por ejemplo, cámaras, etc. capaces de capturar imágenes de los tipos descritos anteriormente (y/o adecuadas para la aplicación particular de formación de imágenes del sistema 10). Además, en algunas realizaciones, el ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas también puede incluir (por ejemplo, como parte de las unidades 96 de formación de imágenes o en combinación con ellas, etc.) una o más fuentes de luz dispuestas para iluminar el campo de visión de las unidades 96 de formación de imágenes según sea necesario (aunque tales fuentes de luz no son necesarias en todas las realizaciones). Cuando están presentes, la una o más fuentes de luz pueden incluir cualquier tipo de fuente de luz adecuada para la aplicación particular de formación de imágenes del sistema 10 (por ejemplo, luces incandescentes, luces fluorescentes, luces ultravioletas, luces infrarrojas (IR), diodos emisores de luz (LED), etc.). Dicho esto, el sistema 10 ilustrado incluye tres unidades 96 de formación de imágenes, cada una de las cuales está configurada para formar imágenes de semillas en conexión con dos caminos de semillas adyacentes del sistema 10. Sin embargo, debe apreciarse que el sistema 10 puede incluir otros números de unidades de formación de imágenes en otras realizaciones (por ejemplo, dependiendo del número de caminos de semilla en el sistema 10, etc.), y/o que el sistema 10 puede incluir una unidad de formación de imágenes para cada camino de semilla.

En funcionamiento del ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas, el primer portador 88 del ensamblaje 14 de transporte de semillas está configurado para mover el transporte 86 (y las semillas capturadas) desde las unidades 70 elevadoras hasta una posición sobre el ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas (en la dirección X del sistema 10), de modo que el campo de visión de cada una de las unidades 96 de formación de imágenes (a través de las aberturas 104) incluya al menos una porción inferior de al menos una de las semillas capturadas en el ensamblaje 14 de transporte de semillas (y, más específicamente en la realización ilustrada, dos semillas adyacentes, de modo que dos semillas adyacentes estén dentro del campo de visión de cada una de las unidades 96 de formación de imágenes, capturando entonces cada una de las unidades 96 de formación de imágenes una o más imágenes de dos semillas). El segundo portador 92 del ensamblaje 14 de transporte de semillas se configura entonces para bajar el transporte 86 y las semillas hacia las unidades 96 de formación de imágenes (en la dirección Z del sistema 10), donde las unidades 96 de formación de imágenes capturan una o más imágenes de las semillas. En diversas realizaciones, el segundo portador 92 puede estar configurado para bajar el transporte 86 de forma que las semillas se muevan a través de las aberturas 104 del suelo 106 y a posiciones adyacentes a las unidades 96 de formación de imágenes (de forma que las unidades 96 de formación de imágenes estén configuradas para recoger imágenes de múltiples porciones de las semillas, por ejemplo, a medida que las semillas descienden (recogiendo así imágenes de las porciones inferiores de las semillas) y después de que las semillas estén posicionadas adyacentes a las unidades 96 de formación de imágenes (recogiendo así imágenes de las porciones laterales de las semillas)). Una vez recogidas las imágenes deseadas, el ensamblaje 14 de transporte de semillas está configurado para elevar las semillas (a través del segundo portador 92) y mover las semillas (a través del primer portador 88) al ensamblaje 18 de muestreo de semillas (de nuevo en la dirección X del sistema 10). En otras realizaciones, el ensamblaje 14 de transporte de semillas puede simplemente mover las semillas capturadas desde las unidades 70 elevadoras hasta una posición sobre el ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas (en la dirección X del sistema 10), donde las unidades 96 de formación de imágenes capturan entonces una o más imágenes de las semillas como se ha descrito anteriormente (sin que el ensamblaje 14 de transporte de semillas también baje las semillas hacia las unidades 96 de formación de imágenes).

A continuación, basándose en los datos de imagen de las semillas recogidas en el ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas (evaluados por el sistema de control, por ejemplo), los miembros 84 de retención están configurados para rotar las semillas a las orientaciones deseadas antes de presentar las semillas al ensamblaje 18 de muestreo de semillas para el muestreo. En particular, por ejemplo, en la realización ilustrada las semillas pueden ser orientadas por los miembros 84 de retención para evitar los embriones de las semillas durante la operación de muestreo con el fin de mantener la viabilidad de las semillas. Alternativamente, en diversas otras realizaciones, las semillas pueden orientarse para apuntar realmente a los embriones o para apuntar a porciones particulares de las semillas durante la operación de muestreo. En cualquier caso, las semillas pueden ser orientadas a las orientaciones deseadas basándose en genotipos deseados o detectables, rasgos nativos o no nativos, fenotipos, etc. incluyendo,

por ejemplo, pero no limitado a, contenido de aceite de la semilla, contenido de humedad, color, geometría, clasificación de la geometría tal como plana o redonda, o resultado del procedimiento, etc. A modo de ejemplo, las semillas pueden ser orientadas por los miembros 84 de retención de manera que una tapa o lado particular de la semilla se presente en última instancia al ensamblaje 16 de muestreo para el muestreo (por ejemplo, a un muestreador 114 del mismo, etc.).

Con referencia a las FIGS. 13-16, el ensamblaje 18 de muestreo de semillas del sistema 10 de muestreo de semillas incluye múltiples módulos 98 de muestreo (por ejemplo, seis módulos 98 de muestreo en la realización ilustrada, etc.). Y, cada uno de los módulos 98 de muestreo incluye dos ubicaciones 108, 110 de muestreo para su uso en la eliminación de tejido de las semillas cuando las semillas se presentan a los módulos 98 de muestreo por el ensamblaje 14 de transporte de semillas (para realizar la operación de muestreo). De este modo, cada uno de los módulos 98 de muestreo puede albergar operaciones paralelas de muestreo y limpieza (lo que potencialmente ayuda al rendimiento del sistema 10), es decir, para cada uno de los módulos 98 de muestreo, se puede muestrear una semilla en una primera ubicación 108 de muestreo del módulo 98 de muestreo mientras se limpia una segunda ubicación 110 de muestreo (por ejemplo, aproximadamente al mismo tiempo, etc.), como se describe con más detalle a continuación. Es más, cada uno de los módulos 98 de muestreo está configurado, mediante un procedimiento de calibración, para determinar las ubicaciones relativas de los miembros 84 de retención del ensamblaje 14 de transporte de semillas para ayudar a facilitar la transferencia precisa de semillas desde los miembros 84 de retención hasta las ubicaciones 108, 110 de muestreo activas de los módulos 98 de muestreo (esto se describirá con más detalle más adelante). Mientras que la realización ilustrada incluye seis módulos 98 de muestreo, debe apreciarse que las realizaciones del sistema 10 pueden incluir cualquier número deseado de módulos de muestreo dentro del alcance de la presente divulgación (por ejemplo, al menos uno, al menos seis, seis o más, etc.), por lo que el número de módulos de muestreo puede corresponder generalmente a un número de caminos de semillas en/a través del sistema 10, etc.

Con especial referencia a la FIGS. 14-16, a continuación, se describirá uno de los módulos 98 de muestreo, entendiéndose que la descripción de los otros módulos 98 de muestreo es sustancialmente la misma. El módulo 98 de muestreo ilustrado incluye generalmente un ensamblaje 112 de agarre de semillas central configurado para sujetar una semilla en el módulo 98 de muestreo en una de las ubicaciones 108, 110 de muestreo (dependiendo de cuál de las ubicaciones 108, 110 de muestreo esté activa para el muestreo), y muestreadores 114 para extraer tejido de la semilla que se sujeta en la ubicación 108, 110 de muestreo particular (como parte de la operación de muestreo del módulo 98 de muestreo). En relación con ello, en cada una de las ubicaciones 108, 110 de muestreo, el ensamblaje 112 de agarre de semillas incluye un par de brazos 116 generalmente opuestos y almohadillas 118 correspondientes para asegurar/sostener una semilla entre ellos. Se proporciona un actuador 120 (por ejemplo, una pinza neumática, etc.) para mover bidireccionalmente cada uno de los respectivos brazos 116 y las correspondientes almohadillas 118 hacia y lejos el uno del otro, para facilitar así la sujeción/retención de las semillas (y su posterior liberación). En algunas realizaciones, ambos pares de brazos 116 del ensamblaje 112 de agarre de semillas (en ambas ubicaciones 108, 110 de muestreo) pueden moverse juntos (de tal manera que ambos pares de brazos 116 están abiertos o cerrados); mientras que en otras realizaciones los brazos 116 del ensamblaje de agarre de semillas en la primera ubicación 108 de muestreo son movibles independientemente de los brazos 116 en la segunda ubicación 110 de muestreo. Además, en algunas realizaciones, las almohadillas 118 del ensamblaje 112 de agarre de semillas son extraíbles de los brazos 116 para que puedan instalarse almohadillas de repuesto en los brazos 116 y/o para que puedan instalarse diferentes almohadillas en los brazos 116 para acomodar diferentes tipos de semillas, etc.

El ensamblaje 112 de agarre de semillas del módulo 98 de muestreo también es movable dentro del módulo 98 de muestreo en una dirección indicada por la flecha 121 en la FIG. 15 (por ejemplo, generalmente en la dirección X del sistema 10, etc.), a través del actuador 122 (véase, la FIG. 12) (por ejemplo, mediante un motor paso a paso, etc.). Como tal, cuando una semilla se sujeta entre un par de brazos 116 del ensamblaje 112 de agarre de semillas, el ensamblaje 112 de agarre de semillas es capaz de mover la semilla hacia el muestreador 114 asociado con la ubicación 108, 110 de muestreo particular que se utilizará para la operación de muestreo. Esto permite que el módulo 98 de muestreo controle una velocidad de alimentación de muestreo de la semilla hacia el muestreador 114 correspondiente (con base en el movimiento (por ejemplo, velocidad, etc.) del ensamblaje 112 de agarre de semilla), así como una profundidad de muestreo del tejido extraído de la semilla (con base en una distancia movida por el ensamblaje 112 de agarre de semilla). Como debe apreciarse, estas características pueden controlarse independientemente para cada uno de los módulos 98 de muestreo en el ensamblaje 18 de muestreo de semillas (así como para cada uno de los muestreadores 114 en las diferentes ubicaciones 108, 110 de muestreo en cada uno de los módulos 98 de muestreo) para adaptar así la operación de muestreo en el sistema 10 a cada módulo 98 de muestreo y a cada semilla.

Como se indicó anteriormente, el módulo 98 de muestreo incluye los dos muestreadores 114, con uno de los muestreadores 114 ubicado en cada una de las ubicaciones 108, 110 de muestreo (para extraer tejido de una semilla sostenida en el ensamblaje 112 de agarre en la correspondiente de las ubicaciones 108, 110 de muestreo). En la realización ilustrada, cada uno de los muestreadores 114 incluye un taladro (por ejemplo, un taladro de alta velocidad con rotaciones por minuto controlables, etc.) y una broca asociada (con las dos brocas orientadas a lo largo de un eje longitudinal común, por ejemplo, en la realización ilustrada). En algunas realizaciones, los muestreadores 114 son cada uno configurable para diferentes tipos de semillas y/o para extraer diferentes tipos y/o tamaños de muestras de tejido de las semillas. Por ejemplo, se pueden conseguir tamaños de muestra de tejido de hasta 4,5 mg (por ejemplo,

dependiendo del tipo de semilla, dependiendo de los requisitos de análisis de la muestra, etc.). Dicho esto, en otras realizaciones, el módulo 98 de muestreo puede incluir otros muestreadores para extraer tejido de las semillas (distintos de taladros y brocas), incluyendo, por ejemplo, discos de corte, brochas, cuchillas, láseres, etc. Es más, en algunas realizaciones, el módulo 98 de muestreo puede incluir un tipo diferente de muestreador en cada una de las ubicaciones 108, 110 de muestreo (por ejemplo, un taladro en la primera ubicación 108 de muestreo y una rueda de corte en la segunda ubicación 110 de muestreo, etc.) y/o un tipo diferente de muestreador en cada uno de los módulos 98 de muestreo, etc.

Como se muestra en las FIGS. 15 y 16, el módulo 98 de muestreo incluye, además, en cada una de las ubicaciones 108, 110 de muestreo, sensores 124, 126 primero y segundo. Como se describirá a continuación en relación con el funcionamiento del ensamblaje 18 de muestreo de semillas, los sensores 124, 126 ayudan a facilitar, controlar, monitorizar, etc. la recepción de semillas en el módulo 98 de muestreo desde el ensamblaje 14 de transporte de semillas, así como el movimiento del ensamblaje 112 de agarre de semillas con respecto a los muestreadores 114, en cada una de las ubicaciones 108, 110 de muestreo (dependiendo de cuál de las ubicaciones 108, 110 de muestreo esté activa para el muestreo), en relación con la operación de muestreo del módulo 98 de muestreo.

En particular, por ejemplo (y como se ha descrito anteriormente de forma general), cada uno de los sensores 124, 126 del módulo 98 de muestreo está configurado, a través de un procedimiento de calibración, para determinar las ubicaciones relativas del ensamblaje 112 de agarre de semillas (y sus brazos 116) y los miembros 84 de retención del ensamblaje 14 de transporte de semillas para ayudar a facilitar la transferencia precisa de una semilla desde un miembro 84 de retención determinado a la ubicación 108, 110 de muestreo seleccionada del módulo 98 de muestreo. Además, una vez que una semilla se coloca en el ensamblaje 112 de agarre de semillas, cada uno de los sensores 124, 126 está configurado, a través del procedimiento de calibración, para determinar aún más las ubicaciones relativas del ensamblaje 112 de agarre de semillas (y la semilla sostenida en el mismo) y el correspondiente de los muestreadores 114 para facilitar la extracción precisa del tejido de la semilla. Como tal (y potencialmente basado además en los datos de imagen recogidos para la semilla dada en el ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas), el tipo particular de semilla que se muestrea puede ser identificado (por lo que el sistema 10 es capaz de acomodar diferentes tipos de semillas y controlar el funcionamiento del ensamblaje 112 de agarre y el muestreador 114 para acomodar los diferentes tipos particulares de semillas, según corresponda) y un tamaño y/o forma deseada de muestra de tejido puede ser extraída de la semilla por el muestreador 114 seleccionado. Por lo tanto, debe apreciarse que el sistema 10 de muestreo de semillas puede acomodar diferentes tipos de semillas y/o ajustar el tamaño/forma de una muestra de tejido mediante el control de cada uno de los muestreadores 114 en cada uno de los módulos 98 de muestreo de forma independiente o mediante el control de dos o más de los muestreadores 114 de manera uniforme (por ejemplo, ajustando una rotación por minuto (RPM) de los muestreadores 114, cambiando una RPM de los muestreadores 114 durante la operación de muestreo real, modificando una velocidad a la que las semillas se alimentan a los muestreadores 114, etc.), y/o modificando/ajustando una ubicación de donde una semilla es agarrada por el ensamblaje 112 de agarre de semillas dado (por ejemplo, donde la semilla se encuentra entre los brazos 116, etc.), y/o modificando/ajustando una presión de agarre aplicada por los brazos 116 a las semillas en el ensamblaje 112 de agarre de semillas, etc.

En el funcionamiento del ensamblaje 18 de muestreo de semillas, después de que el ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas recoja los datos de imagen de las semillas mantenidas en el ensamblaje 14 de transporte de semillas y después de que las semillas estén orientadas (o aproximadamente al mismo tiempo o antes), el ensamblaje 14 de transporte de semillas está configurado para mover las semillas al ensamblaje 18 de muestreo de semillas (de nuevo, en la dirección X del sistema 10). Al hacerlo, el primer portador 88 está configurado para colocar el transporte 86 sobre los módulos 98 de muestreo, y el segundo portador 92 está configurado para bajar el transporte 86 (y los miembros 84 de retención) para colocar las semillas en los módulos 98 de muestreo (por ejemplo, a través de las correspondientes aberturas 128 de las carcasas 130 de los módulos 98 de muestreo, etc.). En particular, el ensamblaje 14 de transporte de semillas está configurado para colocar las semillas en determinadas ubicaciones 108, 110 de muestreo de los módulos 98 de muestreo (es decir, las ubicaciones 108, 110 de muestreo activas para la operación de muestreo), y a alturas en ellos (a través de las correspondientes aberturas 128) generalmente correspondientes a los brazos 116 y/o los muestreadores 114 (según lo determinado por uno o más de los sensores 124, 126, etc.). A continuación, los primeros sensores 124 de los ensamblajes 112 de agarre de semillas inspeccionan, determinan, identifican, etc. extensiones exteriores de las semillas (por ejemplo, en relación con los actuadores 120 de los ensamblajes 112 de agarre de semillas dados, etc.) y, basándose en ello, los ensamblajes 112 de agarre de semillas están configurados para moverse, según sea necesario, para ubicar las semillas en una ubicación deseada entre sus brazos 116 (y las almohadillas 118 correspondientes) (por ejemplo, los ensamblajes 112 de agarre de semillas se mueven desde una ubicación inicial a una ubicación de captura de semillas, etc.). Por ejemplo, si las semillas son orientadas por el ensamblaje 14 de transporte de semillas hacia una ubicación de la tapa, los primeros sensores 124 pueden entonces localizar las tapas de las semillas, de modo que los ensamblajes 112 de agarre sujeten las semillas en las ubicaciones y orientaciones deseadas con respecto a las superficies de agarre de las almohadillas 118 (por ejemplo, con las tapas de las semillas sobresaliendo de las almohadillas 118 de agarre (por ejemplo, aproximadamente un milímetro, etc.), etc.). Los ensamblajes 112 de agarre de semillas están configurados para accionar entonces sus brazos 116 juntos para agarrar las semillas entre ellos. Y, a su vez, los miembros 84 de retención están configurados para liberar las semillas (por ejemplo, terminar cualquier succión de presión negativa aplicada a las mismas, etc.), y el ensamblaje 14 de transporte de semillas retorna a las unidades 70 elevadoras para capturar semillas adicionales.

Debe apreciarse de nuevo que los datos de imagen recogidos por el ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas (y/o por cualquier otro dispositivo de formación de imágenes y/o detección del presente documento) pueden utilizarse en el ensamblaje 18 de muestreo de semillas (por ejemplo, en combinación con los sensores 124, 126; etc.) para ayudar a posicionar las semillas a las alturas correctas, etc., individualmente, entre los brazos 116 de los ensamblajes 112 de agarre de semillas controlando así las ubicaciones exactas de eliminación de tejido para las semillas (y, potencialmente, para determinar la ubicación de las semillas antes de la transferencia de semillas a los ensamblajes 112 de agarre, y para determinar las posiciones de los muestreadores 114).

Con particular referencia de nuevo al ejemplo de módulo 98 de muestreo ilustrado en las FIGS. 15-17, cuando una semilla se coloca en la primera ubicación 108 de muestreo entre los brazos 116 de los ensamblajes 112 de agarre, por ejemplo, se establece una presión negativa en un embudo 132 de recogida de muestras (por ejemplo, presión de vacío, etc.) en preparación para el muestreo, y el ensamblaje 112 de agarre mueve la semilla hacia el muestreador 114 correspondiente. Al hacerlo, el segundo sensor 126 identifica un borde delantero de la semilla y captura una ubicación del borde de la semilla en relación con el muestreador 114 (por ejemplo, con base en el movimiento de los ensamblajes 112 de agarre y una ubicación calibrada del muestreador 114 y el ensamblaje 112 de agarre, etc.). Junto con ello, el ensamblaje 112 de agarre se mueve hacia el muestreador 114 hasta que se alcanza la profundidad deseada de la muestra de la semilla (y, potencialmente, se extrae una cantidad deseada de tejido, tamaño, etc.). En otras realizaciones, el muestreador 114 puede en su lugar (o adicionalmente) moverse hacia la semilla sostenida en el ensamblaje 112 de agarre hasta que se alcance la profundidad de muestreo deseada de la semilla. Por ejemplo, el muestreador 114 puede moverse dentro del módulo 98 de muestreo generalmente en la dirección X del sistema 10, etc., mediante un actuador (tal como el actuador 122) (por ejemplo, mediante un motor paso a paso, etc.). Y, el tejido extraído es aspirado hacia el embudo 132 de recogida de muestras a través del flujo de aire a presión negativa. A continuación, el ensamblaje 112 de agarre vuelve a su posición inicial, y los brazos 116 liberan las semillas hacia un embudo 134 de recogida de semillas (véase, la FIG. 13) mediante la abertura 136. Como se ha indicado anteriormente, cada uno de los módulos 98 de muestreo incluye componentes correspondientes para facilitar las operaciones de muestreo en cada una de las ubicaciones 108, 110 de muestreo. Como tal, cada una de las ubicaciones 108, 110 de muestreo de los módulos de muestreo incluye embudos 132 de recogida de muestras y embudos 134 de recogida de semillas similares (y aberturas 136 correspondientes) operables de la manera descrita anteriormente. Dicho esto, en diversas realizaciones, el sistema 10 puede incluir además uno o más sensores y/o ensamblajes/dispositivos de formación de imágenes asociados con la recogida del tejido retirado de la semilla (por ejemplo, a medida que el tejido retirado se introduce en el embudo 134 de recogida de semillas, en el embudo 134 de recogida de semillas, aguas abajo del embudo 123 de recogida de semillas, etc.) y configurados para medir y/o cuantificar de otro modo una cantidad de tejido retirado de la semilla. De esta manera, dichos datos pueden proporcionar información de control a los ajustes de profundidad del muestreador 114 y el ensamblaje 112 de agarre durante la operación de muestreo para ayudar a garantizar que se extrae una cantidad exacta de tejido de la semilla dada.

En la realización ilustrada (y como se ha introducido anteriormente), los módulos 98 de muestreo del ensamblaje 18 de muestreo de semillas están configurados para eliminar el tejido de las semillas de una manera no destructiva de tal manera que la viabilidad de la germinación de las semillas puede preservarse. Esto se describe con más detalle a continuación.

Refiriéndonos ahora a la FIGS. 17-20, el tejido extraído de las semillas en los módulos 98 de muestreo se captura (a través de los embudos 132 de recogida de muestras) y se transporta (por ejemplo, por gravedad, presión de aire, chorros de aire, etc.) a un ensamblaje 138 de recogida de muestras del sistema 10 de muestreo de semillas. Del mismo modo, las semillas de las que se extrae el tejido se capturan (a través de los embudos 134 de recogida de semillas) y se transportan (por ejemplo, por gravedad, presión de aire, chorros de aire, etc.) a un ensamblaje 140 de recogida de semillas del sistema 10 de muestreo de semillas. En relación con ello, las muestras de tejido se recogen en placas 142 de muestras en el ensamblaje 138 de recogida de muestras (por ejemplo, en pocillos específicos de las placas 142, etc.), y las semillas se recogen en bandejas de semillas (no mostradas) en el ensamblaje 140 de recogida de semillas (por ejemplo, en pocillos específicos de las bandejas de semillas, etc.) de modo que exista una relación conocida entre cada una de las semillas particulares y el tejido extraído de las mismas. Por ejemplo, se pueden asignar uno o más identificadores a las semillas y/o a las muestras de tejido extraídas de las mismas. De este modo, las semillas y las muestras de tejido tomadas de las semillas pueden correlacionarse posteriormente. Además, a través de los identificadores, los diversos datos capturados por el sistema 10 para las semillas dadas (por ejemplo, los diversos datos de imagen, etc.), así como los datos de análisis de tejido posteriores, pueden asociarse con los adecuados de las semillas, por ejemplo, en el sistema de control, etc. Dicho esto, y como se apreciará a partir de la siguiente descripción, el ensamblaje 138 de recogida de muestras y el ensamblaje 140 de recogida de semillas incluyen componentes de recogida de muestras y componentes de recogida de semillas correspondientes para cada una de las ubicaciones 108, 110 de muestras de cada uno de los módulos 98 de muestreo del sistema 10. De este modo, el tejido extraído de las semillas en los módulos 98 de muestreo, y las semillas correspondientes, pueden recogerse mientras se sigue manteniendo la identidad de una sola semilla (incluyendo la identidad de la muestra correspondiente extraída de la semilla) en el sistema 10.

En particular, y como se muestra en las FIGS. 17-19, el ensamblaje 138 de recogida de muestras incluye una plataforma 144 de placas de muestras adaptada para retener de forma segura las placas 142 de muestras en posiciones y orientaciones fijas, y dos bloques 146 de boquillas situados generalmente por encima de la plataforma

144 de placas de muestras y configurados para transferir tejido extraído de las semillas en los módulos 98 de muestreo a las placas 142 de muestras. Cada una de las placas 142 de muestra incluye una pluralidad de pocillos, cada uno de los cuales está adaptado para recibir una muestra de tejido extraída de una semilla por uno de los módulos 98 de muestreo (a través de uno de los correspondientes bloques 146 de boquillas). Los bloques 146 de boquillas incluyen una pluralidad de boquillas 148 de descarga, cada una de las cuales está en comunicación fluida con una de las ubicaciones 108, 110 de muestreo de los módulos 98 de muestreo (a través de la tubería 150 que se extiende desde los embudos 132 de recogida de muestras a los correspondientes de las boquillas 148 de descarga). Como tal, cada una de las ubicaciones 108, 110 de muestreo de los módulos 98 de muestreo comprende un camino dedicado a un pocillo de una de las placas 142 de muestra en el ensamblaje 138 de recogida de muestras. En la realización ilustrada, los bloques 146 de boquillas incluyen cada uno seis boquillas 148 de descarga para un total de doce boquillas 148 de descarga entre los dos bloques 146 de boquillas, que equivalen al número total de ubicaciones 108, 110 de muestreo en los módulos 98 de muestreo del ensamblaje 18 de muestreo de semillas. Además, las boquillas 148 de descarga están espaciadas y dispuestas para ser generalmente congruentes con el espaciado y la disposición de los pocillos dentro de las placas 142 de muestra.

Además, la plataforma 144 de placa de muestra del ensamblaje 138 de recogida de muestra está montada en una etapa 152 X-Y que comprende una pista 154 de translación del eje X y una pista 156 de translación del eje Y. Los actuadores operan entonces para mover bidireccionalmente la plataforma 144 de placa de muestra a lo largo de la longitud de las pistas de traslación de los ejes 154, 156 X e Y, a las posiciones deseadas en relación con los bloques 146 de boquillas (por ejemplo, a través de uno o más accionamientos similares al accionamiento 94, etc.). Además, cada uno de los bloques 146 de boquillas está montado en un actuador 158 lineal (por ejemplo, una corredera neumática, etc.) que puede mover bidireccionalmente el correspondiente bloque 146 de boquillas en la dirección Z del sistema 10 (por ejemplo, hacia arriba y hacia abajo con respecto a la plataforma 144 de placa de muestra, etc.). Como tal, la plataforma 144 de placa de muestra es capaz de mover los pocillos de las placas 142 de muestra en las direcciones X-Y del sistema 10 a posiciones particulares bajo los bloques 146 de boquillas (por ejemplo, a ubicaciones objetivo bajo los bloques 146 de boquillas, etc.). Y, los bloques 146 de boquillas son entonces capaces de moverse en la dirección Z del sistema 10 para depositar las muestras de tejido extraídas de las semillas en los módulos 98 de muestreo dentro de determinados pocillos de las placas 142 de muestra (con las placas 142 de muestra recibiendo entonces las muestras de tejido en su interior).

En conexión con esto, en la operación del ensamblaje 138 de recogida de muestras, antes de que los módulos 98 de muestreo retiren el tejido de las semillas allí contenidas (como se describió anteriormente), el ensamblaje 138 de recogida de muestras opera para mover los pocillos de las placas 142 de muestras en las direcciones X-Y del sistema 10 (a través de la plataforma 144 de placa de muestra y la etapa 152 X-Y) a posiciones particulares debajo de los bloques 146 de boquillas (por ejemplo, a ubicaciones objetivo debajo de los bloques 146 de boquillas, etc.). Los bloques 146 de boquillas están entonces configurados para moverse en la dirección Z del sistema 10 para bajar y posicionar las boquillas 148 de descarga en alineación con las correspondientes de los pocillos de las placas 142 de muestra. En la realización ilustrada, las boquillas 148 de descarga están configuradas para entrar en contacto con uno de los pocillos correspondientes y formar un sello con él (por ejemplo, mediante una junta tórica, una junta, un casquillo, etc.). Esto ayuda a asegurar que sustancialmente todo el tejido que se descarga desde las boquillas 148 de descarga se deposita en los pocillos correspondientes, sin contaminación cruzada por muestras adyacentes que se escapan alrededor de las boquillas 148 de descarga. Además, como se indicó anteriormente, las boquillas 148 de descarga están espaciadas entre sí y dispuestas para ser generalmente congruentes con el espaciado y la disposición de los pocillos dentro de las placas 142 de muestra. Como tal, cuando los bloques 146 de boquillas bajan, las seis boquillas 148 de descarga de cada uno de los bloques 146 de boquillas están todas configuradas para entrar en contacto con un pocillo de una de las placas 142 de muestra y formar un sello con la misma (de tal manera que las muestras de tejido extraídas de diferentes semillas en diferentes módulos 98 de muestreo podrían potencialmente ser depositadas en diferentes pocillos de una placa 142 de muestra por uno de los bloques 146 de boquillas en un momento dado).

A continuación, para cada uno de los módulos 98 de muestreo, cuando se extrae realmente una muestra de tejido de una semilla (como se ha descrito anteriormente), el tejido se introduce en el embudo 132 de recogida de muestras correspondiente y se transporta al bloque 146 de boquillas correspondiente a través de la tubería 150 (que, de nuevo, se extiende desde el embudo 132 de recogida de muestras dado en el módulo 98 de muestreo particular hasta la boquilla 148 de descarga correspondiente en el bloque 146 de boquillas). A su vez, el tejido es depositado por la boquilla 148 de descarga en uno de los pocillos correspondientes de las placas 142 de muestras (dirigiéndose cada una de las muestras de tejido de los seis módulos 98 de muestreo diferentes a uno diferente de los pocillos de las placas 142 de muestras). Como parte de esta operación, el tejido es arrastrado a través de la tubería 150 mediante un flujo de aire inducido, siendo entonces el aire expulsado a través de un puerto 160 de escape sintonizado en el bloque 146 de boquillas para la boquilla 148 de descarga dada, mientras que el material tisular permanece en el camino del flujo para su recepción en el pocillo particular. Una vez recibido el tejido de cada uno de los módulos 98 de muestreo en los pocillos de las placas 142 de muestra (para una operación de muestreo o ejecución de muestreo dada), los bloques 146 de boquillas están configurados para elevarse y el ensamblaje 138 de recogida de muestras está configurado para posicionar pocillos subsiguientes de las placas 142 de muestra en la posición objetivo, por lo que los bloques 146 de boquillas vuelven a descender en preparación para transportar muestras de tejido adicionales a las placas 142 de muestra (para una operación de muestreo o ejecución de muestreo subsiguiente por el ensamblaje 18 de muestreo de semillas). En otras realizaciones, las muestras de tejido pueden tomarse varias veces de una única

semilla y cada muestra de tejido extraída de (y/o recogida en) más de un pocillo de la placa de muestras. De este modo, el sistema 10 puede utilizarse, por ejemplo, para separar el tejido externo de la semilla (materno) del tejido interno de la semilla, de modo que el genotipado posterior pueda dirigirse a una ubicación de la fuente del tejido de la semilla. En otras realizaciones, las muestras de tejido de más de una semilla pueden extraerse (y/o recogerse) en un

Además en el sistema 10, un ensamblaje 161 de formación de imágenes (por ejemplo, una cámara de formación imágenes, un perfilador láser, etc.) está asociado con el ensamblaje 138 de recogida de muestras y está dispuesto generalmente entre los bloques 146 de boquillas para recolectar datos de imágenes de las placas 142 de muestras (véase, la FIG. 17). Estos datos de imagen pueden utilizarse entonces para determinar la presencia de tejido dentro de los pocillos de las placas 142 de muestras y pueden utilizarse además para cuantificar la cantidad, el volumen o el peso del tejido, e incluso pueden utilizarse además para determinar la presencia de tejido contaminante dentro de uno o más pocillos antes de la operación de muestreo (y antes de recibir muestras de tejido en el uno o más pocillos). Los datos de imagen (así como otros datos de imagen capturados por el sistema 10) también pueden ser utilizados por el sistema de control central, por ejemplo, para efectuar ajustes en el ensamblaje 18 de muestreo de semillas, etc., con el fin de ayudar a optimizar la eliminación de tejidos, para proporcionar ajustes a los procedimientos aguas arriba/aguas abajo (por ejemplo, operaciones de clasificación, objetivo(s) de dilución de extracción, procesamiento de genotipado, requisitos de presentación de mejora, decisiones de selección, etc.). Además, los datos de detección de genotipado posteriores pueden utilizarse junto con los datos de imagen para derivar los niveles de contaminación. Además, los sensores 163 pueden estar asociados con los bloques 146 de boquillas (por ejemplo, colocados adyacentes a las boquillas 148 de descarga, etc.), y estar configurados para proporcionar medición y/o cuantificación de tejido con respecto al tejido dispensado a través de los bloques 146 de boquillas (por ejemplo, a través de cada una de las boquillas 148 de descarga, etc.). Los sensores 163 pueden incluir, por ejemplo (y sin limitación), sensores de medición de flujo másico tal como sensores ópticos de paso, microondas u otros sensores basados en el efecto Doppler, etc.

Dicho esto, debe apreciarse que en diversas realizaciones la operación de muestreo efectuada por el sistema 10 requiere una sincronización particular de las diferentes operaciones descritas anteriormente con el fin de inhibir la contaminación. En relación con ello, los sensores de presión se pueden utilizar para accionar la sincronización del procedimiento (además de los diversos datos de imagen recogidos en el sistema 10) para ayudar a asegurar que los diferentes componentes del sistema 10 están en los lugares adecuados en los momentos adecuados.

Posteriormente, las muestras de tejido recibidas en las placas de muestras pueden utilizarse para probar y analizar los diversos rasgos de la semilla respectiva de la que se extrajo la muestra de tejido (como se describe más adelante).

En la realización ilustrada, los bloques 146 de boquillas del ensamblaje 138 de recogida de muestras incluyen cada uno barras 161 ionizadoras montadas en una parte inferior de los mismos (véase, la FIG. 18). Las barras 161 ionizadoras están configuradas para ayudar a inhibir la acumulación estática en los bloques 146 de boquillas, así como en la plataforma 144 de placa de muestra y/o las placas 142 de muestra. Además, el tubo 150 del ensamblaje 138 de recogida de muestras puede estar fabricado con materiales disipadores de estática para que una porción del tejido extraído de las semillas y transportado a las placas 142 de muestras no se adhiera a las porciones interiores de la tubería 150 y provoque la contaminación cruzada de las muestras.

La FIG. 20 ilustra el ensamblaje 140 de recogida de semillas del sistema 10 de muestreo de semillas. Como se muestra, el ensamblaje 140 de recogida de semillas incluye una plataforma 162 de bandejas de semillas adaptada para retener de forma segura las bandejas de semillas (no mostradas) en posiciones y orientaciones fijas sobre la misma, y una unidad 164 de depósito de semillas para dirigir las semillas a las bandejas de semillas. Cada una de las bandejas de semillas incluye una pluralidad de pocillos de semillas, cada uno de los cuales está adaptado para recibir una semilla después de que la semilla respectiva haya sido muestreada por uno de los módulos 98 de muestreo. Por ejemplo, en diversas realizaciones, cada bandeja de semillas puede ser una bandeja de veinticuatro pocillos, etc. Dicho esto, el ensamblaje 140 de recogida de semillas está configurado para recibir las semillas de los módulos 98 de muestreo del ensamblaje 18 de muestreo de semillas, en los pocillos de las bandejas de semillas, de manera que las semillas puedan identificarse posteriormente con las muestras de tejido particulares extraídas de las mismas.

La plataforma 162 de bandeja de semillas del ensamblaje 140 de recogida de semillas está montada en una etapa 166 X-Y que comprende una pista 168 de translación del eje X y una pista 170 de translación del eje Y. Los actuadores son entonces operables para mover bidireccionalmente la plataforma 162 de bandeja de semillas a lo largo del eje X y del eje Y trasladando las pistas 168, 170 a las posiciones deseadas en relación con la unidad 164 de depósito de semillas (por ejemplo, a través de uno o más accionamientos similares al accionamiento 94, etc.). Es más, la unidad 164 de depósito de semillas está montada en un actuador 172 lineal (por ejemplo, un deslizador neumático, etc.) operable para mover bidireccionalmente la unidad 164 de depósito de semillas en una dirección Z del sistema 10 (por ejemplo, arriba y abajo, etc.). Como tal, la plataforma 162 de bandejas de semillas (a través de la etapa 166 X-Y) es capaz de mover los pocillos de las bandejas de semillas en las direcciones X-Y del sistema 10 a posiciones particulares debajo de la unidad 164 de depósito de semillas (por ejemplo, a ubicaciones objetivo debajo de la unidad 164 de depósito de semillas, etc.). Y, la unidad 164 de depósito de semillas es entonces capaz de moverse en la dirección Z del sistema 10 para mover las boquillas 174 de semillas en posición para depositar las semillas liberadas/recibidas de

los módulos 98 de muestreo dentro de pocillos particulares de las bandejas de semillas (de tal manera que las semillas se reciben en las bandejas de semillas). Los sensores 176 (sólo uno se identifica en la FIG. 20) se disponen entonces en la unidad 164 de depósito de semillas para contar el número de semillas que pasan por ella (por ejemplo, para detectar si no pasa ninguna semilla, si pasa una sola semilla, si pasan varias semillas, si pasan restos, etc.). En algunas realizaciones, la plataforma 162 de bandejas de semillas puede incluir además un ensamblaje de formación de imágenes (por ejemplo, que comprende uno o más de los dispositivos de formación de imágenes descritos en el presente documento, etc.) configurado para determinar si las semillas se reciben con éxito dentro de las bandejas de semillas y si se captura o no una sola semilla en un pocillo dado de las bandejas de semillas, y/o para capturar datos adicionales de las semillas, tales como el tamaño de las semillas, etc. Una vez más, estos datos pueden ser utilizados, por ejemplo, por el sistema de control central, para efectuar ajustes en el ensamblaje 18 de muestreo de semillas, etc. para ayudar a optimizar la eliminación de tejido, para proporcionar ajustes a los procedimientos anteriores/posteriores (por ejemplo, operaciones de clasificación, objetivo(s) de dilución de extracción, requisitos de presentación de mejora de procesamiento de genotipado, decisiones de selección, etc.).

La FIG. 21A ilustra un ejemplo de bandeja 167 de semillas que puede usarse con el ensamblaje 140 de recogida de semillas, en el que múltiples bandejas 167 de semillas pueden colocarse en la plataforma 162 de bandejas de semillas. En relación con ello, la bandeja 167 de semillas ilustrada incluye una pluralidad de compartimentos, o pocillos 169, para recibir semillas de los bloques 146 de boquillas. Y, la FIG. 21B ilustra una realización ejemplar de una placa 171 de muestras (por ejemplo, como alternativa o como parte de la placa 142 de muestras, etc.) que puede utilizarse con el ensamblaje 138 de recogida de muestras (por ejemplo, colocada en la plataforma 144 de placa de muestra, etc.). En relación con ello, la placa 171 de muestras ilustrada incluye una pluralidad de compartimentos, o pocillos 173. Debe apreciarse que la placa 171 de muestras puede tener configuraciones similares a la de la bandeja 167 de semillas, y/o que el número y disposición de los pocillos 169 en la bandeja 167 de semillas puede corresponder a un número y disposición de los pocillos 173 en la placa 171 de muestras (aunque esto no es necesario en todas las realizaciones). Esta correspondencia puede facilitar una correspondencia unívoca entre una semilla y su muestra. Sin embargo, en algunas realizaciones puede ser deseable proporcionar múltiples compartimentos en la placa 171 de muestras (o placa 142 de muestras) para cada compartimento en la bandeja 167 de semillas, por ejemplo, cuando se pueden ejecutar múltiples pruebas en las muestras, o cuando se pueden tomar diferentes muestras de la misma semilla (por ejemplo, muestras de diferentes profundidades, etc.).

Además, en el sistema 10, un ensamblaje 165 de formación de imágenes (por ejemplo, una cámara de formación de imágenes, un perfilador láser, etc.) (véase, la FIG. 3) se asocia con el ensamblaje 140 de recogida de semillas y se dispone generalmente por encima de la plataforma 162 de bandejas de semillas para recoger datos de imagen de las bandejas de semillas colocadas en ella (y de las semillas recibidas en los pocillos de la misma). Estos datos de imagen se pueden utilizar, por ejemplo, para determinar la presencia de semillas dentro de los pocillos de las bandejas de semillas y, además, se pueden utilizar para cuantificar las semillas recibidas, su volumen o peso, etc., e incluso se pueden utilizar para determinar la falta de recogida de semillas o las semillas recibidas en pocillos equivocados. Los datos de imagen (así como otros datos de imagen capturados por el sistema 10) también pueden ser utilizados por el sistema de control central, por ejemplo, para efectuar ajustes en el ensamblaje 18 de muestreo de semillas, etc., con el fin de ayudar a optimizar la eliminación de tejidos, para proporcionar ajustes a los procedimientos aguas arriba/aguas abajo (por ejemplo, operaciones de clasificación, objetivos de dilución de extracción, procesamiento de genotipado, requisitos de presentación de mejora, decisiones de selección, etc.).

En funcionamiento del ensamblaje 140 de recogida de semillas, justo antes, simultáneamente o justo después de que los módulos 98 de muestreo extraigan tejido de las semillas que contienen (como se ha descrito anteriormente), el ensamblaje 140 de recogida de semillas funciona para colocar los pocillos de las placas de semillas en posiciones particulares bajo la unidad 164 de depósito de semillas (y en relación con las boquillas 174 de semillas). A continuación, la unidad 164 de depósito de semillas está configurada para moverse en la dirección Z del sistema 10 para bajar y colocar las boquillas 174 de semillas alineadas con los pocillos correspondientes de las placas de semillas. A continuación, para cada uno de los módulos 98 de muestreo, después de extraer una muestra de tejido de una semilla, se ordena al ensamblaje 112 de agarre de semillas que libere la semilla en el embudo 134 de recogida de semillas correspondiente. A continuación, las semillas se dirigen a la correspondiente boquilla 174 de la unidad 164 de depósito de semillas a través de una tubería adecuada (no mostrada) que se extiende desde el embudo 134 de recogida de semillas hasta la boquilla 174 de semillas (por ejemplo, por gravedad, por flujo de aire inducido, etc.), donde las semillas se depositan en una cavidad concreta de una de las bandejas de semillas. Una vez recibidas las semillas de cada uno de los módulos 98 de muestreo en los pocillos de las bandejas de semillas, la unidad 164 de depósito de semillas está configurada para elevarse, y el ensamblaje 140 de recogida de semillas está configurado para colocar los pocillos subsiguientes de las bandejas de semillas en la posición objetivo bajo la unidad 164 de depósito de semillas, con lo que la unidad 164 de depósito de semillas vuelve a descender en preparación para transportar semillas adicionales a las bandejas de semillas.

Con referencia de nuevo a la FIG. 17, el ensamblaje 138 de recogida de muestras del sistema 10 de muestreo de semillas también incluye dos bloques 178 de purga configurados para ser utilizados en conexión con el funcionamiento del ensamblaje 18 de muestreo de semillas para limpiar los caminos de flujo de las muestras de tejido desde los módulos 98 de muestreo (por ejemplo, desde las ubicaciones 108, 110 de muestreo de los módulos 98 de muestreo a través de la tubería 150) hasta los bloques 146 de boquillas. Cada uno de los bloques 178 de purga está asociado

a uno de los bloques 146 de boquillas del ensamblaje 138 de recogida de muestras. Como tal, para cada uno de los módulos 98 de muestreo, una vez que el tejido extraído de cada semilla se recibe en una o más de las placas 142 de muestra y las semillas correspondientes se reciben en las bandejas de semillas, los bloques 146 de boquillas operan para bajar (como se describió anteriormente) y sellar contra los bloques 178 de purga. A su vez, los chorros 180 de soplado de los módulos 98 de muestreo se activan (en combinación con el flujo de aire a presión negativa en el embudo 132 de recogida de muestras) para forzar cualquier resto de tejido de siembra de los módulos 98 de muestreo hacia las porciones (o puertos) de recogida al vacío asociadas de los módulos 98 de muestreo (es decir, hacia el embudo 132 de recogida), que a continuación dirigen el tejido de siembra remanente hacia los bloques 178 de boquillas (a través de la tubería 150) y hacia los bloques 178 de purga para su filtrado y eliminación. Además, la tubería 150 de camino de semillas que se extiende desde los embudos 132 de recogida de muestras hasta los correspondientes de las boquillas 148 de descarga también se limpia a través del flujo de aire inducido en la misma, que luego se filtra en los bloques 178 de purga y se desecha (junto con el tejido de semillas remanente). Dicho esto, debe apreciarse que todas las superficies del sistema 10 expuestas al tejido se limpian activamente durante un procedimiento de limpieza selectiva. Todo el tejido se extrae a través de caminos de flujo específicos y se filtra.

Debe apreciarse de nuevo que en diversas realizaciones la operación de limpieza efectuada por el sistema 10 también requiere una sincronización particular de las diferentes características descritas anteriormente con el fin de inhibir la contaminación y garantizar una limpieza adecuada. En relación con ello, y como se ha descrito anteriormente (y en relación con lo anterior) los sensores de presión se pueden utilizar para activar la temporización del procedimiento para ayudar a asegurar que los diferentes componentes del sistema 10 están en los lugares adecuados en los momentos adecuados.

Como se ha descrito anteriormente, cada uno de los módulos 98 de muestreo es capaz de acomodar operaciones paralelas de muestreo y limpieza. De este modo, mientras se limpia una primera ubicación 108 de muestreo de cada uno de los módulos 98 de muestreo (del modo descrito anteriormente), la segunda ubicación de muestreo de cada uno de los módulos 98 de muestreo puede utilizarse para realizar una operación de muestreo en una semilla (y viceversa). La selección de materiales para cada uno de los módulos 98 de muestreo (y sus componentes) incluye materiales configurados para mitigar la acumulación de contaminación y permitir una eliminación de tejido remanente suficiente para evitar la contaminación de la detección de genotipado posterior. De nuevo, esta característica del sistema de muestreo de semillas puede ayudar potencialmente al rendimiento del sistema 10.

En diversas realizaciones, cuando las placas 142 de muestras se colocan en la plataforma 144 de placas de muestras del ensamblaje 138 de recogida de muestras, se registra un número de identificación de bandeja (por ejemplo, un código de barras, etc.) para cada una de las placas 142 junto con la ubicación de la placa 142 en la plataforma 144 (como parte de un identificador dado para cada una de las muestras de tejido). Además, a medida que cada muestra de tejido se recibe en un pocillo de la placa 142 de muestras, se puede registrar una ubicación X-Y específica del pocillo (y, por tanto, de la muestra). Las posiciones registradas de la placa 142 de muestras y de los pocillos en la plataforma 144 de placa de muestra pueden entonces compararse con las ubicaciones X-Y de cada muestra de tejido depositada, para mapear las muestras específicas en cada pocillo de cada placa 142 de muestras. Del mismo modo, cuando las bandejas de semillas se colocan en la plataforma 162 de bandejas de semillas del ensamblaje 140 de recogida de semillas, se registra un número de identificación de bandeja (por ejemplo, un código de barras, etc.) para cada bandeja de semillas y la ubicación de cada bandeja de semillas en la plataforma 162 de bandejas de semillas (de nuevo, como parte de un identificador dado para cada una de las semillas). Además, a medida que cada semilla se deposita en un pocillo, se puede registrar una ubicación X-Y del pocillo en la plataforma 162 de bandeja de semillas. Las posiciones registradas de las bandejas y de los pocillos en la plataforma 162 de bandejas de semillas pueden compararse entonces con las ubicaciones X-Y de cada semilla depositada, para mapear la semilla específica en cada pocillo de cada bandeja de semillas. De este modo, las semillas recibidas en las bandejas de semillas pueden vincularse al tejido recibido en las placas 142 de muestras.

En la realización ilustrada, los módulos 98 de muestreo del ensamblaje 18 de muestreo de semillas están generalmente diseñados para minimizar las conexiones con herramientas. En relación con ello, cada uno de los módulos 98 de muestreo puede retirarse del ensamblaje 18 de muestreo de semillas y sustituirse por otro módulo 98 de muestreo, por ejemplo, para proporcionar cambios específicos de hardware para proyectos de semillas específicos, para minimizar el tiempo de inactividad durante el mantenimiento de un módulo 98 de muestreo dado, etc. Además, cada uno de los módulos 98 de muestreo está configurado para enchufarse y desenchufarse rápidamente del sistema 10 de muestreo de semillas para su alimentación. Por ejemplo, como se muestra en las FIGS. 13 y 14, cada uno de los módulos 98 de muestreo incluye un enchufe 184 configurado para enchufarse o desenchufarse rápidamente desde un receptáculo 186 del ensamblaje 18 de muestreo de semillas del sistema 10 (por ejemplo, para suministrar energía a los módulos 98 de muestreo, etc.). Además, los módulos 98 de muestreo pueden acoplarse rápidamente al sistema 10 de muestreo de semillas (y desacoplarse del mismo) a través de los acoplamientos 190-194 del ensamblaje 18 de muestreo de semillas (que corresponden a los acoplamientos de acoplamiento (no mostrados) del módulo 98 de muestreo).

También en la realización ilustrada, el ensamblaje 12 de singularización de semillas se ilustra como incluyendo seis conductos 68 en asociación con el colector 66 desviador y seis unidades 70 elevadoras; el ensamblaje 14 de transporte de semillas se ilustra como incluyendo seis miembros 84 de retención; el ensamblaje de muestreo de semillas se

ilustra como incluyendo seis módulos 98 de muestreo; y el ensamblaje de recogida de muestras se ilustra como incluyendo seis pares de boquillas 148 de descarga. Sin embargo, debe apreciarse que diferentes números de estas partes del sistema 10 de muestreo de semillas pueden proporcionarse en otras realizaciones para ajustar la tasa de rendimiento según se desee. Además, el posicionamiento de una o más de las partes del sistema 10 de muestreo de semillas puede modificarse para ajustar la tasa de rendimiento del sistema 10. Dicho esto, en diversas realizaciones, el sistema 10 puede estar configurado para proporcionar un rendimiento de muestras de aproximadamente 7 segundos por ciclo de 6 semillas (desde la entrada de las semillas en el sistema 10 hasta la recogida de las muestras extraídas de las semillas y las semillas muestreadas).

Además, en la realización ilustrada, y como se ha descrito anteriormente, la identidad de la semilla única se registra y rastrea generalmente en el sistema 10 de muestreo de semillas desde el ensamblaje 12 de singularización de semillas hasta el ensamblaje 138 de recogida de muestras y el ensamblaje 140 de recogida de semillas. Esto se consigue, al menos en parte, manteniendo caminos de semillas individuales para cada una de las semillas singularizadas desde las unidades 70 elevadoras del ensamblaje 12 de singularización de semillas, al ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas, al ensamblaje 18 de muestreo de semillas, y a los ensamblajes 138, 140 de recogida de muestras y semillas (a través del ensamblaje 14 de transporte de semillas). En relación con ello, para facilitar dichos caminos de semillas individuales de las semillas, las correspondientes unidades 70 elevadoras del ensamblaje 12 de singularización de semillas, los dispositivos 96 de formación de imágenes del ensamblaje 16 de formación de imágenes de semillas y los módulos 98 de muestreo del ensamblaje 18 de muestreo de semillas están alineados generalmente en la dirección X del sistema 10 de muestreo de semillas. En particular, un espaciado lateral (en la dirección Y del ensamblaje 10 de muestreo de semillas) entre las unidades 70 elevadoras del ensamblaje de carga de semillas, entre los módulos 98 de muestreo del ensamblaje 18 de muestreo de semillas, y entre los miembros 84 de retención del ensamblaje 14 de transporte de semillas son iguales (o aproximadamente iguales).

Es más, en la realización ilustrada, las diferentes agrupaciones de semillas asociadas con los diferentes paquetes de semillas son capaces de migrar a través del ensamblaje 12 de carga de semillas, una agrupación a la vez (a través de los caminos individuales de semillas), manteniendo así la integridad de la muestra a través del procedimiento de muestreo (por ejemplo, mediante el uso de las compuertas móviles, barreras, etc.).

Como se ha descrito anteriormente, los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos/operaciones de la presente divulgación son operables para proteger, preservar, etc. la viabilidad de germinación de las semillas muestreadas y por lo tanto pueden, por ejemplo, ser considerados no destructivos. Por ejemplo, el tamaño, la posición y/o la forma de las muestras de tejido extraídas pueden controlarse con precisión para proteger la viabilidad de la germinación de las semillas muestreadas. La viabilidad de la germinación significa que un número predominante de semillas muestreadas (es decir, más de aproximadamente 50% de todas las semillas muestreadas) siguen siendo viables después del muestreo. En una realización particular, al menos aproximadamente 75% de las semillas muestreadas, y en algunas realizaciones al menos aproximadamente 95% de las semillas muestreadas permanecen viables. Cabe señalar que los índices más bajos de viabilidad de la germinación pueden ser tolerables en determinadas circunstancias o para determinadas aplicaciones, por ejemplo, a medida que los costes de genotipado disminuyen con el tiempo porque se podría muestrear un mayor número de semillas por el mismo coste de genotipo. También hay que señalar que el muestreo no tiene por qué tener ningún efecto sobre la viabilidad.

En una realización, la viabilidad de la germinación de las semillas muestreadas se mantiene durante al menos aproximadamente seis meses después del muestreo para garantizar que las semillas muestreadas serán viables hasta que lleguen al campo para su plantación. En una realización particular, las semillas muestreadas se tratan adicionalmente para mantener la viabilidad de la germinación. Dicho tratamiento puede incluir, en general, cualquier medio conocido en la técnica para proteger una semilla de las condiciones ambientales durante su almacenamiento o transporte. Por ejemplo, en una realización, las semillas muestreadas pueden tratarse con un polímero y/o un fungicida para proteger la semilla muestreada mientras está almacenada o en el transporte al campo antes de la siembra.

Los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) de la presente divulgación pueden definir huellas generalmente compactas. Las configuraciones del ensamblaje de carga de semillas, el ensamblaje de transporte de semillas, el ensamblaje de imágenes de semillas y/o el ensamblaje de muestreo de semillas del sistema permiten tal huella. Su tamaño compacto permite transportar el sistema para utilizarlo en distintos lugares.

Los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) de la presente divulgación están configurados para acomodar diferentes tipos de semillas y/o diferentes tamaños de semillas. Por ejemplo, las aberturas de las ruedas de separación pueden configurarse para acomodar las individuales de diferentes tipos y/o tamaños de semillas (por ejemplo, mediante cepillos para ajustarse automáticamente a la variabilidad en los tamaños de las semillas, etc.) de modo que los sistemas de muestreo puedan utilizarse para procesar diferentes tipos de semillas sin cambiar las ruedas de separación. Además, las porciones extremas de los miembros de retención pueden estar configuradas para retener individualmente semillas de diferentes tipos y/o tamaños. Además, los muestreadores (y los módulos de muestreo asociados) pueden configurarse para tomar muestras individuales de diferentes tipos y/o tamaños de semillas.

Ejemplos de semillas que pueden utilizarse con los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, sistema 10, etc.)

y procedimientos de la presente divulgación incluyen semilla de alfalfa, semilla de manzana, semilla de plátano, semilla de cebada, semilla de judía, semilla de brécol, semilla de col, semilla de canola, semilla de zanahoria, semilla de ricino, semilla de coliflor, semilla de col china, semilla de cítricos, semilla de trébol, semilla de coco, semilla de café, semilla de maíz, semilla de algodón, semilla de pepino, semilla de abeto Douglas, semilla de judía seca, semilla de berenjena, semilla de eucalipto, semilla de hinojo, semilla de judía de jardín, semilla de calabaza, semilla de puerro, semilla de lechuga, semilla de pino Loblolly, semilla de lino, semilla de melón, semilla de avena, semilla de okra, semilla de olivo, semilla de cebolla, semilla de palma, semilla de guisante, semilla de cacahuete, semilla de pimienta, semilla de chopo, semilla de calabaza, semilla de pino radiata, semilla de rábano, semilla de colza, semilla de arroz, semilla de centeno, semilla de espinaca, semilla de sorgo, semilla de calabaza, semilla de pino del sur, semilla de soja, semilla de fresa, semilla de remolacha azucarera, semilla de caña de azúcar, semilla de girasol, semilla de maíz dulce, semilla de chicle, semilla de té, semilla de tabaco, semilla de tomate, semilla de césped, semilla de sandía, semilla de trigo y semilla de *Arabidopsis thaliana*. Y, los cultivos analizados utilizando las semillas muestreadas y/o las muestras de tejido obtenidas como se describe en el presente documento pueden incluir cultivos forrajeros, cultivos de semillas oleaginosas, cultivos de cereales, cultivos frutales, plantas ornamentales, cultivos de hortalizas, cultivos de fibras, cultivos de especias, cultivos de frutos secos, cultivos de césped, cultivos de azúcar, cultivos de bebidas, cultivos de tubérculos, cultivos de raíces, cultivos forestales, etc.

Las semillas y/o muestras de tejido obtenidas de las semillas utilizando los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación pueden analizarse como se desee. Por ejemplo, las semillas muestreadas y/o sus muestras de tejido pueden analizarse para determinar los rasgos de interés deseados (por ejemplo, características físicas, químicas, morfológicas y/o genéticas; marcadores; genotipos; etc.), etc. Generalmente, tales rasgos se determinan analizando las muestras para una o más características indicativas de al menos un rasgo genético o químico. Además, los análisis pueden incluir los de contenido de almidón, proteínas, aceite, determinación de perfiles de ácidos grasos, etc.

Las semillas y/o las muestras de tejido obtenidas de las semillas utilizando los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación también pueden utilizarse para facilitar las actividades de mejora del germoplasma. Por ejemplo, las semillas y/o sus muestras de tejido pueden analizarse para identificar y seleccionar semillas que comprendan uno o más rasgos deseados (incluyendo rasgos nativos o no nativos), marcadores, haplotipos y genotipos. En un aspecto, los procedimientos analíticos pueden incluirse con los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación para permitir que las semillas individuales que están presentes en un lote o una población a granel de semillas se analicen de manera que se puedan determinar las características químicas y/o genéticas de las semillas individuales.

Ejemplos no limitativos de rasgos de interés incluyen el color (por ejemplo, blanco, rojo, etc.), el tamaño, la forma, el tipo de semilla, la resistencia a plagas (por ejemplo, insectos, ácaros, hongos, levaduras, mohos, bacterias, nematodos, malas hierbas y plantas parásitas y saprofitas, etc.), la puntuación del número de caída (por ejemplo, número de Hagberg, etc.), la calidad de cocción o de fideos, etc.

Más particularmente, ejemplos no limitativos de características indicativas de rasgos químicos incluyen proteínas, aceites, carbohidratos, ácidos grasos, aminoácidos, biopolímeros, productos farmacéuticos, almidón, almidón fermentable, compuestos secundarios, metabolitos, etc. Por consiguiente, entre los ejemplos no limitativos de rasgos químicos se incluyen el contenido de aminoácidos, el contenido de proteínas, la composición de proteínas, el contenido de almidón, el rendimiento de fermentación, la eficiencia de fermentación, el rendimiento energético, el contenido de aceite, la determinación de perfiles de proteínas, la determinación de perfiles de ácidos grasos, la determinación de perfiles de metabolitos, etc.

Y, ejemplos no limitantes de características indicativas de rasgos genéticos pueden incluir, por ejemplo, marcadores genéticos, polimorfismos de nucleótido único, repeticiones de secuencia simple, polimorfismos de longitud de fragmento de restricción, haplotipos, SNP de etiqueta, alelos de marcadores genéticos, genes, secuencias derivadas del ADN, secuencias derivadas del ARN, promotores, regiones no traducidas 5' de genes, regiones no traducidas 3' de genes, microARN, siARN, loci de rasgos cuantitativos (QTL), marcadores satélite, transgenes, ARNm, ARNm ds, perfiles transcripcionales, patrones de metilación, números (o niveles) de ploidía, etc.

En una realización, los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación pueden utilizarse para extraer muestras de tejido de semillas de trigo. A continuación, las muestras de tejido pueden analizarse en función de las características deseadas (por ejemplo, color (blanco frente a rojo, etc.), composición proteínica, puntuación del número de caída, calidad de la cocción o de los fideos, etc.). Basándose en este análisis (por ejemplo, con base en la presencia o ausencia de una o más características deseadas, etc.), las semillas de trigo muestreadas pueden seleccionarse para su uso posterior (por ejemplo, análisis posteriores, cultivo, envasado, uso en operaciones de mejora, etc.).

En una realización, las muestras de semillas obtenidas utilizando los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados incluyen tejido de endospermo que permite la determinación de frecuencias alélicas, por lo que es posible inferir la fase de vinculación parental para un marcador particular. Además,

la comparación de los datos de frecuencia alélica entre dos o más bancos de germoplasma proporciona información sobre los objetivos de la selección, por lo que se supone que los alelos cuya frecuencia aumenta junto con un cambio en la distribución de uno o más rasgos están relacionados con dicho rasgo o rasgos de interés. Asimismo, la evaluación de los datos de frecuencia alélica relativa entre líneas puede contribuir a la construcción de mapas de ligamiento genético.

En otra realización, las muestras de semillas obtenidas utilizando los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados pueden utilizarse con tecnologías de doble haploide para contribuir a las actividades de mejora del germoplasma, incluyendo la economización de los programas de doble haploide seleccionando únicamente las semillas preferidas para la duplicación. Por ejemplo, las muestras de semillas pueden tomarse para incluir material haploide y doble haploide y analizarse tanto para características genotípicas como químicas, y luego utilizarse en relación con la integración y evaluación de rasgos y la mejora asistida por marcadores.

Las semillas y/o las muestras de tejido obtenidas de las semillas utilizando los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación también pueden utilizarse en un programa de mejora para seleccionar plantas o semillas que tengan un rasgo genético o químico deseado, en el que un rasgo genético deseado comprende un genotipo, un haplotipo, un alelo, una secuencia, un perfil de transcripción y un patrón de metilación. Por ejemplo, las semillas y/o sus muestras de tejido pueden utilizarse en combinación con cualquier metodología de mejora y pueden utilizarse para seleccionar una sola generación o para seleccionar múltiples generaciones. La elección del procedimiento de mejora depende del modo de reproducción de la planta, de la heredabilidad de los rasgos que se desean mejorar y del tipo de cultivar utilizado comercialmente (por ejemplo, cultivar híbrido F1, cultivar de línea pura, etc.). A continuación, se exponen enfoques seleccionados, no limitativos, para la mejora de las plantas. Se entiende además que cualquier cultivar comercial y no comercial puede utilizarse en un programa de mejora. Factores incluyendo, por ejemplo, sin limitación, el vigor de emergencia, el vigor vegetativo, la tolerancia al estrés, la resistencia a las enfermedades, la ramificación, la floración, el cuajado de las semillas, el tamaño de las semillas, la densidad de las semillas, la capacidad de crecimiento y la trillabilidad dictarán generalmente la elección.

En una realización particular, las semillas y/o las muestras de tejido obtenidas de las semillas utilizando los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación se utilizan para determinar las características genéticas de las semillas en un programa de mejora asistido por marcadores. Esto permite mejorar los programas de mejora asistidos por marcadores, en los que el muestreo directo de semillas (tal como el que se divulga en el presente documento) puede llevarse a cabo manteniendo la identidad de las semillas individuales desde el sistema de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) hasta el campo. Como resultado, el programa de mejora asistida por marcadores da lugar a una plataforma de "alto rendimiento" y más eficiente, en la que una población de semillas con un rasgo, marcador o genotipo deseado puede abultarse de forma más eficaz en un periodo de tiempo más corto, con menos recursos de campo y mano de obra necesarios. Estas ventajas se describen con más detalle a continuación.

En algunas realizaciones de ejemplo, las semillas y/o las muestras de tejido obtenidas de las semillas utilizando los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación pueden utilizarse en relación con procedimientos para analizar ácidos nucleicos extraídos de las semillas y/o muestras para detectar la presencia o ausencia de al menos un marcador genético. A continuación, se pueden seleccionar las semillas deseadas, basándose en los resultados del análisis de ácidos nucleicos, por ejemplo, para cultivar plantas, etc. En relación con ello, el sistema 10 puede integrarse con una unidad de análisis de tejidos correspondiente, por lo que las muestras de tejido extraídas de las semillas pueden transportarse a la unidad de análisis de forma automatizada (por ejemplo, las placas de muestras pueden transportarse a la unidad de análisis independientemente de la intervención humana, etc.).

Por ejemplo, el ADN puede extraerse de las muestras de tejido utilizando cualquier procedimiento de extracción de ADN conocido por los expertos en la técnica que proporcione un rendimiento de ADN, una calidad de ADN, una respuesta a la PCR y una respuesta a los procedimientos de secuenciación suficientes. Un ejemplo no limitativo de procedimientos adecuados de extracción de ADN es la extracción basada en SDS con centrifugación. Además, el ADN extraído puede amplificarse tras la extracción utilizando cualquier procedimiento de amplificación conocido por los expertos en la técnica. Por ejemplo, un procedimiento de amplificación adecuado es la preparación de amplificación de ADN GenomiPh[®] de Amersham Biosciences.

Además (o alternativamente), el ARN puede extraerse de las muestras de tejido utilizando cualquier procedimiento de extracción de ARN conocido por los expertos en la técnica que proporcione un rendimiento de ARN, una calidad de ARN, una respuesta a la PCR y una respuesta a los procedimientos de secuenciación suficientes. Un ejemplo no limitativo de procedimientos adecuados de extracción de ARN es la extracción basada en SDS con centrifugación teniendo en cuenta los reactivos y suministros libres de RNasa. Además, el ARN extraído puede amplificarse tras la extracción utilizando cualquier procedimiento de amplificación conocido por los expertos en la técnica. Por ejemplo, un procedimiento de amplificación adecuado es el Full Spectrum[™] RNA Amplification de System Biosciences.

Los ácidos nucleicos extraídos se analizan para detectar la presencia o ausencia de un polimorfismo genético adecuado. Una amplia variedad de marcadores genéticos para el análisis de polimorfismos genéticos está disponible y son conocidos por los expertos en la técnica. Tal como se utilizan en el presente documento, los marcadores genéticos incluyen, pero no se limitan a, repeticiones de secuencia simple (SSR), polimorfismos de nucleótido único (SNP), inserciones o deleciones (Indels), polimorfismos de rasgo único (SFP) o perfiles transcripcionales, y secuencias de ácido nucleico. Un análisis de ácido nucleico para detectar la presencia o ausencia del marcador genético puede utilizarse para la selección de semillas en una población de mejora. El análisis puede utilizarse para seleccionar genes, QTL, alelos o regiones genómicas (haplotipos) que comprenden o están vinculados a un marcador genético. En este caso, los procedimientos de análisis son conocidos en la técnica e incluyen, pero no se limitan a, procedimientos de detección basados en PCR (por ejemplo, ensayos TaqMan), procedimientos de microarreglos y procedimientos de secuenciación de ácidos nucleicos. Los genes, alelos, QTL o haplotipos que deben seleccionarse pueden identificarse utilizando las nuevas técnicas de biología molecular con modificaciones de las estrategias de mejora clásicas.

En una de estas realizaciones de ejemplo, las semillas muestreadas se seleccionan basándose en la presencia o ausencia de una o más características que están genéticamente vinculadas con un QTL. Algunos ejemplos de QTL que suelen ser de interés incluyen, pero no se limitan a, la tolerancia a herbicidas, la resistencia a enfermedades, la resistencia a insectos o plagas, la alteración del metabolismo de ácidos grasos, proteínas o hidratos de carbono, el aumento del rendimiento del grano, el aumento del aceite, el aumento del contenido nutricional, el aumento de las tasas de crecimiento, la mejora de la tolerancia al estrés, la madurez preferida, la mejora de las propiedades organolépticas, la alteración de las características morfológicas, otros rasgos agronómicos, rasgos para usos industriales o rasgos para mejorar el atractivo para el consumidor, o una combinación de rasgos como un índice de rasgos múltiples. Alternativamente, las semillas pueden seleccionarse basándose en la presencia o ausencia de una o más características que estén genéticamente ligadas a un haplotipo asociado a un QTL. Ejemplos de estos QTL pueden incluir, sin limitación, la tolerancia a herbicidas, resistencia a enfermedades, la resistencia a insectos o plagas, la alteración del metabolismo de ácidos grasos, las proteínas o carbohidratos, el aumento del rendimiento del grano, el aumento del aceite, el aumento del contenido nutricional, el aumento de la tasa de crecimiento, la mejora de la tolerancia al estrés, la madurez preferida, la mejora de las propiedades organolépticas, la alteración de las características morfológicas, otros rasgos agronómicos, rasgos para usos industriales, o rasgos para mejorar el atractivo para el consumidor, o una combinación de rasgos como un índice de rasgos múltiples.

La selección de una población de mejora podría iniciarse ya en el nivel de mejora F2, si se utilizan progenitores consanguíneos homocigóticos en el cruce de mejora inicial. También podría muestrearse y avanzarse una generación F1 si uno o más de los progenitores del cruce son heterocigotos para los alelos o marcadores de interés. El criador puede analizar una población F2 para recuperar el genotipo marcador de cada individuo de la población. Los tamaños iniciales de la población, limitados únicamente por el número de semillas disponibles para el análisis, pueden ajustarse para satisfacer la probabilidad deseada de identificar con éxito el número deseado de individuos. En consecuencia, la probabilidad de encontrar el genotipo deseado, el tamaño inicial de la población y el tamaño objetivo de la población resultante pueden modificarse para diversas metodologías de mejora y nivel de consanguinidad de la población muestreada.

Las semillas seleccionadas pueden agruparse o mantenerse separadas en función de la metodología de mejora y del objetivo. Por ejemplo, cuando un criador está analizando una población F2 en busca de resistencia a enfermedades, todos los individuos con el genotipo deseado pueden ser agrupados y plantados en el vivero de mejora. Por el contrario, si se están seleccionando múltiples QTL con efectos variables para un rasgo tal como el rendimiento en grano a partir de una población determinada, el criador puede mantener preservada la identidad individual, acudiendo al campo para diferenciar los individuos con diversas combinaciones de los QTL objetivo.

Se pueden utilizar diversos procedimientos para preservar la identidad de una sola semilla mientras se transfieren las semillas muestreadas desde la ubicación de muestreo (por ejemplo, desde el sistema 10 de muestreo de semillas, etc.) al campo. Los procedimientos incluyen, pero no se limitan a, la transferencia de individuos seleccionados (por ejemplo, directamente desde el sistema 10 de muestreo de semillas, etc.) a bandejas (por ejemplo, bandejas de semillas, etc.), cintas de semillas, bandejas de casete, bandejas de indexación, o el trasplante de las semillas muestreadas con macetas de turba, y la siembra a mano a partir de paquetes de semillas individuales, o el etiquetado directo de semillas individuales (por ejemplo, mediante impresión de inyección de tinta, o grabado láser, etc.) con caracteres numéricos, alfa o alfanuméricos o códigos de barras.

Se pueden utilizar múltiples ciclos de selección dependiendo de los objetivos de mejora y de la complejidad genética.

Las ventajas de utilizar los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas) incluyen, sin limitación, la reducción de mano de obra y recursos de campo necesarios por población o línea de mejora, el aumento de la capacidad para evaluar un mayor número de poblaciones de mejora por unidad de campo, y el aumento de la capacidad para analizar las poblaciones de mejora para los rasgos deseados antes de la siembra. Los recursos de campo por población se reducen al limitar el espacio de campo necesario para hacer avanzar los genotipos deseados. Por ejemplo, una población de 1.000 individuos puede plantarse a 25 semillas por hilera consumiendo un

total de 40 hileras en el campo. Con un muestreo de tejidos convencional, se marcarían las 1.000 plantas y se muestrearían manualmente puntuando el tejido foliar. Los resultados de los marcadores moleculares serían necesarios antes de la polinización y sólo se polinizarían las plantas que contuvieran la composición genética deseada. Así, si se hubiera determinado que 50 semillas contenían la composición genética deseada, la metodología convencional de mejora habría requerido la plantación de 1.000 plantas para conservar las 50 semillas deseadas. En cambio, la presente divulgación permite al criador analizar las 1.000 semillas en el laboratorio y seleccionar las 50 semillas deseadas antes de plantarlas. A continuación, los 50 individuos pueden plantarse en el campo, consumiendo sólo dos hileras de 25 semillas. Además, la presente divulgación permite a la mejora evitar el etiquetado o el muestreo en el campo, reduciendo así significativamente los recursos de mano de obra necesarios.

Además de reducir el número de hileras de campo por población, el uso de los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas) puede permitir además aumentar el número de poblaciones que el criador puede evaluar en un vivero de mejora determinado. Utilizando el ejemplo anterior en el que 50 semillas de cada población de 1000 semillas contenían la composición genética deseada, un criador que aplique la tecnología de la presente divulgación podría evaluar 20 poblaciones de 50 semillas cada una utilizando la misma superficie de campo consumida por una única población mediante técnicas convencionales de muestreo de tejidos de campo. Incluso si las poblaciones se seleccionan para un único alelo, utilizando una relación de segregación esperada de 1:2:1 para una población F2, el criador podría evaluar 4 poblaciones en la misma zona de campo como una única población muestreada con tejido de campo.

Otra ventaja potencial del uso de los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas) es la mitigación de los riesgos asociados con el cultivo de plantas en ciertas geografías donde las plantas pueden crecer mal o experimentar condiciones ambientales pobres, o incluso pueden destruirse durante las tormentas. Por ejemplo, las semillas con el "mejor" genotipo o composición de marcadores podrían plantarse en la geografía 1 y las semillas con el "siguiente mejor" genotipo podrían plantarse en la geografía 2. En este caso, la geografía 2 sería una reserva en caso de que las plantas cultivadas en la geografía 1 tuvieran algún problema. Esto es muy difícil de hacer con el procedimiento tradicional de tomar muestras de tejido de plantas germinadas para el genotipado, porque luego habría que arrancar esas plantas y trasplantarlas a la segunda geografía. El uso de los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas) evita el problema del trasplante y también simplifica la logística del programa de mejora.

En algunas realizaciones, los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas) pueden utilizarse además en un programa de mejora para introgresar un rasgo en una planta. Aquí, los ácidos nucleicos extraídos de las muestras de tejido se analizan para detectar la presencia o ausencia de al menos un marcador genético. A continuación, se seleccionan las semillas con base en los resultados del análisis de ácidos nucleicos y se cultivan plantas a partir de las semillas seleccionadas. Las plantas cultivadas pueden utilizarse como progenitores femeninos o masculinos en cruces con otras plantas.

Ejemplos de análisis genéticos para seleccionar semillas para la integración de rasgos incluyen, sin limitación, la identificación de frecuencias alélicas parentales recurrentes elevadas, el rastreo de transgenes de interés o el cribado de la ausencia de transgenes no deseados, la selección de semillas de prueba híbridas, la selección de semillas que expresan un gen de interés, la selección de semillas que expresan un fenotipo heredable, la identificación de semillas con loci genéticos seleccionados y la prueba de cigosidad.

La identificación de frecuencias alélicas de pares recurrentes elevadas mediante los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas) permite de nuevo reducir el número de filas por población y aumentar el número de poblaciones, o líneas consanguíneas, que se plantarán en una unidad de campo determinada. Así, la presente divulgación también puede reducir eficazmente los recursos necesarios para completar la conversión de líneas consanguíneas.

Los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación y las muestras de tejido obtenidas de los mismos (y los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) proporcionan además garantía de calidad (QA) y control de calidad (QC) al asegurar que los transgenes regulados o no deseados, los rasgos genéticos no deseados o los fenotipos heredados no deseados se identifican y descartan antes de la siembra. Esta aplicación en una función de QA podría eliminar eficazmente las infracciones involuntarias de la liberación. Otra extensión de la presente divulgación consiste en detectar la presencia de agentes infecciosos y eliminar las semillas contaminadas antes de su envío.

Los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (y los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) pueden aplicarse además para identificar semillas híbridas para pruebas de transgenes. Por ejemplo, en una conversión de una línea

consanguínea en la fase BCnF 1, un criador podría crear efectivamente un lote de semillas híbridas (salvo selección de gametos) que fuera 50% hemicigoto para el rasgo de interés y 50% homocigoto para la falta del rasgo con el fin de generar semillas híbridas para las pruebas. El criador podría entonces analizar todas las semillas F 1 producidas en el cruce de prueba e identificar y seleccionar las semillas hemicigóticas. Este procedimiento tiene la ventaja de que las inferencias de los ensayos híbridos representarían la genética híbrida comercial con respecto a la cigosidad de los rasgos.

En un ejemplo, los sistemas y procedimientos de la presente divulgación pueden usarse para evaluar semillas transgénicas para distorsión de segregación. Las semillas de un cruce F 1 entre la Línea A (Evento homocigótico 1 y Evento 2) y la Línea B (Evento homocigótico 1) se indujeron en un aislamiento de inducción de haploides maternos. Los granos resultantes se seleccionaron utilizando el color de la plúmula para obtener una población de semillas haploides putativas.

Los granos haploides putativos individuales de la población de semillas haploides putativas pueden seleccionarse y muestrearse de forma no destructiva utilizando un sistema automatizado de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10 de muestreo de semillas descrito de forma general en el presente documento, etc.). Se aplicaron marcadores a las muestras para determinar la presencia del gen Evento 2 y del gen Evento 1. El procedimiento de muestreo puede retirar parte del tejido del pericarpio y del endospermo y utilizarlo como base para el análisis. Es importante señalar que el tejido del endospermo es triploide y contiene la contribución genética de ambos progenitores. Si se detecta el gen de interés mediante este procedimiento, se predice con exactitud la presencia del gen deseado en el embrión haploide. A efectos de este estudio, se analizaron muestras de 180 granos y se obtuvieron datos de 175 debido a problemas de muestreo. En relación con ello (y como se ha mencionado anteriormente), el sistema 10 puede permitir la toma de muestras/extracción de tejidos de embriones para generar verdadera información genética doblemente haploide, sin presencia de genoma inductor (naturaleza triploide).

Como se muestra en la Tabla 1, cada una de las muestras de semillas dio positivo para el gen del Evento 1, como se esperaba, y aproximadamente 50% de las muestras de semillas dio positivo para el gen del Evento 2, lo que confirma que no hay distorsión de la segregación.

Tabla 1

Pedigrí	Evento 2	Evento 1
Cromosoma	6	8
Posición	38	63
Controles parentales		
Línea A	Pos	Pos
Línea B	Neg	Pos
KHI1	Neg	Neg
Granos seleccionados		
Total Positivo	92/175	175/175
Total Negativo	83/175	0/175

Los resultados de este estudio indican que los rasgos genéticos individuales pueden seleccionarse sobre una base haploide utilizando un muestreo de semillas no destructivo de alto rendimiento como mecanismo de selección.

Otras aplicaciones de los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) incluyen el uso en la identificación, seguimiento y apilamiento de rasgos de interés, que conllevan las mismas ventajas identificadas anteriormente con respecto a los recursos de campo y mano de obra necesarios. Por lo general, los programas de conversión transgénica se ejecutan en ubicaciones multiestacionales que conllevan una estructura de costes de gestión y de tierras mucho más elevada. Por ello, el impacto de reducir las necesidades de hileras por población o de aumentar el número de poblaciones dentro de una unidad de campo determinada es significativamente más drástico en términos de costes frente a las aplicaciones templadas.

Los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) también pueden utilizarse para semillas de plantas con dos o más transgenes, en las que la acumulación o apilamiento de regiones transgénicas en plantas o líneas se logra mediante la adición de transgenes por transformación, o mediante el cruce de plantas o líneas parentales que contienen diferentes regiones transgénicas, o cualquier combinación de estos. Pueden realizarse análisis para seleccionar semillas individuales en función de la presencia de una o más características asociadas con al menos un transgén. Dichas características incluyen, pero no se limitan a, un transgén

per se, un marcador genético vinculado a un transgén, ARNm expresado a partir de un transgén y un producto proteínico de un transgén.

Aún más, los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) pueden utilizarse para mejorar la eficiencia del programa de doble haploide mediante la selección de genotipos deseados en la etapa haploide y la identificación del nivel de ploidía para eliminar las semillas no haploides de ser procesadas y avanzar al campo. Ambas aplicaciones redundan de nuevo en la reducción de los recursos de campo por población y en la capacidad de evaluar un mayor número de poblaciones dentro de una unidad de campo determinada.

Las plantas doblemente haploides (DH) constituyen una herramienta inestimable para los criadores de plantas, en particular para generar líneas consanguíneas. Se ahorra una gran cantidad de tiempo, ya que las líneas homocigóticas se generan esencialmente al instante, negando la necesidad de la consanguinidad convencional multigeneracional.

En particular, como las plantas DH son totalmente homocigóticas, son muy aptas para estudios de genética cuantitativa. Tanto la varianza aditiva como las varianzas genéticas aditiva x aditiva pueden estimarse a partir de poblaciones DH. Otras aplicaciones incluyen la identificación de epístasis y efectos de enlace. Para los criadores, las poblaciones DH han sido especialmente útiles en la cartografía de QTL, las conversiones citoplasmáticas y la introgresión de rasgos. Además, resulta útil probar y evaluar líneas homocigóticas para los programas de mejora de plantas. Toda la varianza genética se encuentra entre la progenie en un cruce de mejora, lo que mejora la ganancia de selección.

Sin embargo, es bien conocido en la técnica que el procedimiento de producción de DH es ineficiente y puede ser bastante intensivo en mano de obra. Aunque las plantas doblemente haploides pueden aparecer espontáneamente en la naturaleza, esto es extremadamente raro. La mayoría de las aplicaciones de investigación y mejora se basan en procedimientos artificiales de producción de DH. El paso inicial consiste en la haploidización de la planta, que da lugar a la producción de una población compuesta por semillas haploides. Las líneas no homocigóticas se cruzan con un progenitor inductor, lo que da lugar a la producción de semillas haploides. La semilla que tiene un embrión haploide, pero un endospermo triploide normal, avanza a la segunda fase. Es decir, las semillas y plantas haploides son cualquier planta con un embrión haploide, independientemente del nivel de ploidía del endospermo.

Tras seleccionar las semillas haploides de la población, las semillas seleccionadas se someten a una duplicación cromosómica para producir semillas haploides duplicadas. Una duplicación cromosómica espontánea en un linaje celular conducirá a la producción normal de gametos o a la producción de gametos no reducidos a partir de linajes celulares haploides. La aplicación de un compuesto químico, tal la colchicina, puede utilizarse para aumentar la tasa de diploidización. La colchicina se une a la tubulina e impide su polimerización en microtúbulos, deteniendo así la mitosis en metafase, puede utilizarse para aumentar la tasa de diploidización, es decir, la duplicación del número de cromosomas. Estas plantas quiméricas se autopolinizan para producir semillas diploides (doble haploide). Esta semilla DH se cultiva y posteriormente se evalúa y se utiliza en la producción de híbridos de ensayo.

Sin embargo, los procedimientos para producir semillas de DH generalmente sufren de baja eficacia a pesar de que se han desarrollado procedimientos en un intento de aumentar la frecuencia de producción de DH, incluyendo el tratamiento con colchicinas. Entre los problemas pendientes figuran la escasa producción de semillas haploides, la reducida viabilidad de los gametos, que se traduce en una menor autopolinización para la generación de plantas DH, y el rendimiento inadecuado de las semillas DH para aplicaciones de mejora.

Los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) representan un avance en las aplicaciones de mejora al facilitar el potencial de selección en la fase de semilla haploide así como diploide. Por ejemplo, los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) pueden proporcionar el muestreo de alto rendimiento de toda una población de semillas haploides y permitir el análisis posterior de las muestras extraídas de las semillas. De este modo, también se puede realizar el abultamiento de alto rendimiento de una población entera de semillas haploides duplicadas. Las muestras pueden analizarse para detectar la presencia o ausencia de una o más características indicativas de al menos un rasgo genético o químico y, con base en los resultados del análisis, pueden seleccionarse una o más semillas haploides dobles individuales y cultivarse plantas o tejido vegetal a partir de las semillas haploides dobles seleccionadas.

Los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, sistema 10, etc.) y procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) también pueden incluir operaciones asociadas a los mismos para analizar semillas para una o más características, tales como, por ejemplo, marcadores genéticos, transgenes, marcadores vinculados a o diagnósticos de transgenes, características relacionadas con el rendimiento de eventos, evaluación de eventos e integración de rasgos, etc. para determinar si las semillas están en un estado haploide o diploide y/o para seleccionar clases genotípicas y fenotípicas preferidas para someterse a duplicación.

En otra realización, los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) pueden utilizarse con operaciones para determinar la fase de enlace. Utilizando tejido de endospermo de semillas derivado de una planta diploide, se pueden determinar los haplotipos de los marcadores parentales mediante un sistema de genotipado que permite detectar diferentes frecuencias alélicas en las muestras de ADN. Dado que el tejido del endospermo es triploide, con dos copias derivadas del gameto femenino, la fase de ligamiento de la línea parental puede obtenerse diseccionando los genotipos heterocigotos de la progenie. La muestra de ADN del tejido del endospermo permite determinar el nivel de ploidía del marcador genético. Un nivel de ploidía diploide en el marcador genético indica herencia materna y un nivel de ploidía haploide en el marcador genético indica herencia paterna.

Además, los datos de frecuencia alélica diferencial pueden utilizarse para inferir el mapa de ligamiento genético pero, a diferencia de los procedimientos que requieren material haploide, utilizando la llamada de frecuencia alélica descrita anteriormente. La determinación del mapa de ligamiento genético tiene una enorme utilidad en el contexto de la caracterización de haplotipos y el mapeo de asociaciones entre marcadores (o haplotipos) y rasgos. Esto es particularmente robusto en una base de semillas individuales, frente a las semillas a granel, y por lo tanto es muy adecuado para su uso en asociación con los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos).

En otra realización, los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) pueden utilizarse además en conexión con un ensayo para predecir la cigosidad del embrión para un gen de interés (GOI) particular. El ensayo predice la cigosidad del embrión basándose en la relación del número de copias relativas de un GOI y de un gen de control interno (IC) por célula o por genoma. Generalmente, este ensayo utiliza un gen IC de cigosidad conocida, por ejemplo, homocigoto en el locus (dos copias IC por célula diploide), para normalizar la medición del GOI. La relación entre los números relativos de copias del IC y del GOI predice el número de copias del GOI en la célula. En una célula homocigótica, para cualquier gen dado (o secuencia genética única), el número de copias del gen es igual al nivel de ploidía de la célula, ya que la secuencia está presente en el mismo locus en todos los cromosomas homólogos. Cuando una célula es heterocigótica para un gen concreto (o hemicigótica en el caso de un transgén), el número de copias del gen será inferior al nivel de ploidía de la célula. Si no se detecta el GOI, la célula es nula para el locus, como puede ocurrir en un segregante negativo de un evento transgénico o en una población mutagenizada. Así, la cigosidad de una célula en cualquier locus puede determinarse por el número de copias del gen en la célula.

En una realización particular, los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) pueden utilizarse en relación con un ensayo para predecir la cigosidad del embrión de maíz. En las semillas de maíz, el tejido del endospermo es triploide, mientras que el tejido del embrión es diploide. El número de copias del endospermo refleja la cigosidad del embrión: un endospermo homocigótico (positivo o negativo) acompaña a un embrión homocigótico, un endospermo heterocigótico (con un número de copias del GOI de 1 o 2) refleja un embrión heterocigótico (número de copias del GOI de 1). El endospermo homocigoto para el IC contendrá tres copias del IC. El número de copias del GOI del endospermo puede oscilar entre 0 (embrión homocigótico negativo) y 3 (embrión homocigótico positivo); y un número de copias del GOI del endospermo de 1 o 2 se encuentra en semillas en las que el embrión es heterocigótico para el GOI (o hemicigótico para el GOI si éste es un transgén). El número de copias de la GOI del endospermo (que puede oscilar entre 0 y 3 copias) puede determinarse a partir de la relación entre el número de copias de la CI del endospermo y el número de copias de la GOI del endospermo (que puede oscilar entre 0/3 y 3/3, es decir, entre 0 y 1), que luego puede utilizarse para predecir la cigosidad del embrión.

El número de copias de la GOI o del IC puede determinarse mediante cualquier técnica de ensayo conveniente para la cuantificación del número de copias, como se conoce en la técnica. Algunos ejemplos de ensayos adecuados incluyen, pero no se limitan a, la PCR en tiempo real (TaqMan®) (Applied Biosystems, Foster City, CA) y los ensayos Invader® (Third Wave Technologies, Madison, WI). Preferentemente, dichos ensayos se desarrollan de tal manera que la eficacia de amplificación de las secuencias IC y GOI sean iguales o muy similares. Por ejemplo, en un ensayo de PCR TaqMan® en tiempo real, la señal de un GOI de una sola copia (se determina que la célula fuente es heterocigótica para el GOI) se detectará un ciclo de amplificación más tarde que la señal de un IC de dos copias, porque la cantidad del GOI es la mitad que la del IC. Para la misma muestra heterocigótica, un ensayo Invader® mediría una relación GOI/IC de aproximadamente 1:2 o 0,5. Para una muestra que es homocigota tanto para el GOI como para el IC, la señal del GOI se detectaría al mismo tiempo que la señal del IC (TaqMan®), y el ensayo Invader mediría una relación GOI/IC de aproximadamente 2:2 o 1.

Estas directrices se aplican a cualquier célula poliploide, o a células haploides (tal como las células polínicas), ya que el número de copias del GOI o del IC sigue siendo proporcional al número de copias del genoma (o nivel de ploidía) de la célula. Así, estos ensayos de cigosidad pueden realizarse en tejidos triploides tal como el endospermo del maíz. Además, el número de copias de un GOI puede medirse más allá de 2 copias o en valores numéricamente diferentes de la ploidía de la célula. El procedimiento sigue siendo apropiado para detectar GOI en poliploides, en algunos

eventos transgénicos con > 2 copias del transgén insertado, después de la replicación del GOI por transposición, cuando el GOI existe en cromosomas o plásmidos de replicación autónoma y otras situaciones.

En la mejora de plantas, es útil determinar la cigosidad en uno o más loci con el fin de evaluar el nivel de consanguineidad (es decir, el grado de fijación génica), la distorsión de la segregación (es decir, en germoplasma transgénico, pruebas de herencia materna o para loci que afectan a la aptitud de los gametos), y el nivel de exogamia (es decir, la proporción relativa de homocigosidad y heterocigosidad). Del mismo modo, el grado de cigosidad en uno o más loci puede utilizarse para estimar la hibridez y si un lote de semillas concreto cumple una norma comercial o reglamentaria para su venta como semilla híbrida certificada. Además, en el germoplasma transgénico, es útil conocer la ploidía, o número de copias, para distinguir entre eventos de calidad y ayudar en las estrategias de integración de rasgos.

En otra realización, los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) pueden utilizarse en relación con operaciones para mejorar la capacidad de monitorizar uno o más bancos de germoplasma para monitorizar cambios en las frecuencias de una o más características genéticas, en las que dichas características genéticas incluyen marcadores, alelos y haplotipos. Es conocida en la técnica la metodología para comparar la frecuencia de marcadores genéticos entre poblaciones derivadas recientemente y sus líneas ancestrales con el fin de identificar aquellos loci genéticos cuya frecuencia aumenta con el tiempo (Patentes de EE. UU. Nos. 5,437,697 y 5,746,023). Se deduce que los loci con frecuencias superiores a la frecuencia alélica esperada han estado sujetos a selección. Además, dado que el criterio de selección predominante en los programas de mejora es el rendimiento, cabe esperar que esos alelos cada vez más frecuentes estén relacionados con el rendimiento.

En una realización particular, los sistemas de muestreo de semillas (por ejemplo, el sistema 10, etc.) y los procedimientos relacionados de la presente divulgación (incluyendo los procedimientos analíticos y de mejora de semillas descritos) pueden utilizarse en conexión con operaciones para permitir la mejora asistida por haplotipos. La comparación de la frecuencia de haplotipos en las líneas de élite emergentes con la frecuencia de haplotipos en las líneas de élite ancestrales (determinada mediante el análisis del pedigrí) permite identificar los haplotipos que se desvían de la frecuencia de haplotipos esperada. Además, mediante la evaluación de las estimaciones del efecto del haplotipo para dichos haplotipos, también es posible vincular dichos haplotipos de frecuencia creciente con resultados fenotípicos para un ensamblaje de rasgos agronómicos. La composición de haplotipos de semillas individuales muestreadas de una pluralidad de semillas puede determinarse utilizando marcadores genéticos y las semillas con haplotipos preferidos se seleccionan y adelantan. De este modo, esta tecnología permite tomar decisiones de mejora más informadas y establecer programas de desarrollo de líneas superiores.

Como se ha descrito anteriormente, el sistema 10 de muestreo de semillas (y los diversos componentes del mismo) puede ser controlado (y/o coordinado) por un sistema de control central (en términos generales, un dispositivo informático). En relación con ello, la FIG. 22 ilustra una relación ejemplar entre el sistema 10 de muestreo de semillas y dicho sistema 200 de control correspondiente. Como se muestra, el sistema 10 de muestreo de semillas está acoplado (y en comunicación) con el sistema 200 de control a través de la red 202, para facilitar la comunicación e interacción descritas anteriormente. Y, en relación con la misma, la red 202 puede incluir, sin limitación, una red de área local (LAN), una red de área amplia (WAN)(por ejemplo, Internet, etc.), una red móvil, una red virtual, y/u otra red pública y/o privada adecuada capaz de soportar la comunicación entre el sistema 10 de muestreo de semillas y el sistema 200 de control, o cualquier combinación de las mismas. Alternativamente, como indica la línea de puntos de la FIG. 22, el sistema 10 de muestreo de semillas puede estar directamente acoplado al sistema 200 de control (y en comunicación con él), por ejemplo, mediante una conexión por cable, etc. (por ejemplo, el sistema 200 de control puede ser parte integrante del sistema 10 de muestreo de semillas, etc.).

La FIG. 23 ilustra un dispositivo 300 informático ejemplar que puede utilizarse en conexión con el sistema 10 de muestreo de semillas y el sistema 200 de control. El dispositivo 300 informático puede incluir, por ejemplo, uno o más servidores, estaciones de trabajo, ordenadores personales, portátiles, tabletas, teléfonos inteligentes, etc. Además, el dispositivo 300 informático puede incluir un único dispositivo informático, o puede incluir múltiples dispositivos informáticos ubicados en las proximidades o distribuidos en una región geográfica, siempre que los dispositivos informáticos estén configurados específicamente para funcionar como se describe en el presente documento. En la realización ejemplar de la FIG. 22, puede considerarse que cada uno de los sistemas 10 de muestreo de semillas y el sistema 200 de control incluyen y/o están implementados en al menos un dispositivo informático coherente con el dispositivo 300 informático. Sin embargo, la presente divulgación no debe considerarse limitada al dispositivo 300 informático, tal como se describe a continuación, ya que pueden utilizarse diferentes dispositivos informáticos y/o disposiciones de dispositivos informáticos y/o disposiciones de componentes asociados a dichos dispositivos informáticos.

En referencia a la FIG. 23, el dispositivo 300 informático ejemplar incluye un procesador 302 y una memoria 304 acoplada a (y en comunicación con) el procesador 302. El procesador 302 puede incluir una o más unidades de procesamiento (por ejemplo, en una configuración multinúcleo, etc.). Por ejemplo, el procesador 302 puede incluir, sin limitación, una unidad central de procesamiento (CPU), un microcontrolador, un procesador de ordenador de conjunto de instrucciones reducido (RISC), un circuito integrado de aplicación específica (ASIC), un dispositivo lógico

programable (PLD), una matriz de compuertas, y/o cualquier otro circuito o procesador capaz de realizar las funciones descritas en el presente documento.

- 5 La memoria 304, como se describe en el presente documento, es uno o más dispositivos que permiten que datos, instrucciones, etc., sean almacenados en ella y recuperados de la misma. La memoria 304 puede incluir uno o más medios de almacenamiento legibles por ordenador, tales como, sin limitación, memoria dinámica de acceso aleatorio (DRAM), memoria estática de acceso aleatorio (SRAM), memoria de sólo lectura (ROM), memoria de sólo lectura programable y borrrable (EPROM), dispositivos de estado sólido, unidades flash, CD-ROM, unidades de memoria USB, disquetes, cintas, discos duros, y/o cualquier otro tipo de medio físico o tangible, volátil o no volátil, legible por
- 10 ordenador. La memoria 304 puede estar configurada para almacenar, sin limitación, los diversos datos (y/o estructuras de datos correspondientes) descritos en el presente documento. Además, en diversas realizaciones, las instrucciones ejecutables por ordenador pueden almacenarse en la memoria 304 para su ejecución por el procesador 302 para hacer que el procesador 302 realice una o más de las funciones descritas en el presente documento, de tal manera que la memoria 304 es un medio de almacenamiento físico, tangible y no transitorio legible por ordenador. Tales
- 15 instrucciones a menudo mejoran las eficiencias y/o el rendimiento del procesador 302 y/o de otros componentes del sistema informático configurados para realizar una o más de las diversas operaciones descritas en el presente documento. Debe apreciarse que la memoria 304 puede incluir una variedad de memorias diferentes, cada una implementada en una o más de las funciones o procedimientos descritos en el presente documento.
- 20 En la realización ejemplar, el dispositivo 300 informático también incluye una unidad 306 de presentación que está acoplada al (y está en comunicación con) procesador 302 (sin embargo, debe apreciarse que el dispositivo 300 informático podría incluir dispositivos de salida distintos de la unidad 306 de presentación, etc.). La unidad 306 de presentación envía información a los usuarios del dispositivo 300 informático según se desee. Además, en el dispositivo 300 informático, y en particular en la unidad 306 de presentación, pueden mostrarse diversas interfaces
- 25 (por ejemplo, definidas por aplicaciones basadas en red, etc.) para mostrar dicha información. La unidad 306 de presentación puede incluir, sin limitación, una pantalla de cristal líquido (LCD), una pantalla de diodos emisores de luz (LED), una pantalla LED orgánica (OLED), una pantalla de "tinta electrónica", altavoces, etc. En algunas realizaciones, la unidad 306 de presentación puede incluir múltiples dispositivos.
- 30 Además, el dispositivo 300 informático incluye un dispositivo 308 de entrada que recibe entradas de los usuarios del dispositivo 300 informático. El dispositivo 308 de entrada puede incluir un único dispositivo de entrada o múltiples dispositivos de entrada. El dispositivo 308 de entrada está acoplado a (y está en comunicación con) el procesador 302 y puede incluir, por ejemplo, uno o más de un teclado, un dispositivo señalador, un ratón, un panel sensible al tacto (por ejemplo, un panel o una pantalla táctiles, etc.), otro dispositivo informático, y/o un dispositivo de entrada de audio.
- 35 Además, en diversas realizaciones ejemplares, una pantalla táctil, tal como la incluida en una tableta, un teléfono inteligente o un dispositivo similar, puede comportarse tanto como una unidad de presentación como un dispositivo de entrada.
- 40 Además, el dispositivo 300 informático ilustrado también incluye una interfaz 310 de red acoplada a (y en comunicación con) el procesador 302 y la memoria 304. La interfaz 310 de red puede incluir, sin limitación, un adaptador de red cableado, un adaptador de red inalámbrico, un adaptador de red móvil, u otro dispositivo capaz de comunicarse con una o más redes diferentes, incluyendo la red 202, y/o el sistema 10 muestreador de semillas. Además, en algunas realizaciones ejemplares, el dispositivo 300 informático puede incluir el procesador 302 y una o más interfaces de red incorporadas al procesador 302 o con él.

REIVINDICACIONES

1. Un ensamblaje (18) de muestreo de semillas automatizado que comprende al menos un módulo (98) de muestreo, incluyendo el al menos un módulo (98) de muestreo:

- un ensamblaje (112) de agarre de semillas móvil ,
- múltiples ubicaciones (108, 110) de muestreo cada una asociada a un muestreador (114),
- chorros (180) de soplado y al menos un puerto de recogida en cada una de las ubicaciones (108, 110) de muestreo para su uso en la limpieza de las ubicaciones (108, 110) de muestreo para eliminar el tejido residual de semillas de las mismas,
- en el que el ensamblaje (112) de agarre de semillas incluye un primer par de brazos (116) configurados para sujetar entre ellos una primera semilla, y un segundo par de brazos (116) configurados para sujetar entre ellos una segunda semilla;
- en el que los muestreadores (114) están configurados para extraer muestras de tejido de la semilla que se mantiene en una de las ubicaciones (108, 110) de muestreo,
- en el que los chorros (180) de soplado están configurados para limpiar una de las ubicaciones (108, 110) de muestreo forzando cualquier tejido de semillas remanente del módulo (98) de muestreo hacia los puertos de recogida asociados de los módulos (98) de muestreo,
- en el que el al menos un módulo (98) de muestreo está configurado para controlar el ensamblaje (112) de agarre de semillas móvil para mover la primera semilla hacia el muestreador (114) asociado con una de las ubicaciones (108) de muestreo para facilitar así la extracción de una muestra de tejido de la primera semilla mientras otra de las ubicaciones (110) de muestreo se limpia con un chorro (180) de soplado, y, a continuación, mover la segunda semilla hacia el muestreador (114) asociado a la otra de las ubicaciones (110) de muestreo para facilitar así la extracción de una muestra de tejido de la segunda semilla mientras se limpia la otra de las ubicaciones (108) de muestreo con un chorro (180) de soplado.

2. El ensamblaje (18) de semillas automatizado de la reivindicación 1, en el que el al menos un módulo (98) de muestreo incluye un primer módulo (98) de muestreo y un segundo módulo (98) de muestreo, y en el que el primer módulo (98) de muestreo es extraíble del ensamblaje (18) de muestreo de semillas como una unidad e independiente del segundo módulo (98) de muestreo.

3. El ensamblaje (18) de siembra automatizado de la reivindicación 1, que comprende además:

- al menos un bloque (146) de boquillas acoplado a, el al menos un módulo (98) de muestreo, el al menos un bloque (146) de boquillas está configurado para recibir, del al menos un módulo (98) de muestreo, las muestras de tejido extraídas de las semillas y depositar las muestras de tejido en uno o más pocillos de una placa (142) de recogida de muestras; y
- al menos un bloque (178) de purga;
- en el que el al menos un bloque (146) de boquillas está configurado además para recibir el tejido residual de semillas retirado del al menos un puerto de recogida del al menos un módulo (98) de muestreo y para acoplarse a, el al menos un bloque (178) de purga para transportar el tejido residual de semillas retirado hasta allí para su eliminación.

4. El ensamblaje (18) de semillas automatizado de la reivindicación 1, en el que el al menos un módulo (98) de muestreo incluye además al menos un sensor (124, 126) dispuesto adyacente a cada uno de los muestreadores (114), el al menos un sensor (124,126) está configurado para determinar una posición de una semilla sujeta por el ensamblaje (112) de agarre de semillas.

5. El ensamblaje (18) de semillas automatizado de la reivindicación 1, en el que el al menos un módulo (98) de muestreo incluye además al menos un sensor colocado en el ensamblaje (112) de agarre de semillas en asociación con al menos una de las múltiples ubicaciones (108, 110) de muestreo , el al menos un sensor configurado para:

- determinar la ubicación de una semilla antes de que el ensamblaje (112) de agarre de semillas la reciba en al menos una de las múltiples ubicaciones (108, 110) de muestreo; y
- determinar una posición del muestreador (114) en la al menos una ubicación (108, 110) de muestreo.

6. Un procedimiento automatizado para extraer muestras de tejido de semillas, comprendiendo el procedimiento:

- sujetar una primera semilla en un par de brazos (116) de un ensamblaje (112) de agarre de semillas de un módulo (98) de muestreo, y sujetar una segunda semilla en un segundo par de brazos (116) del ensamblaje (112) de agarre de semillas del módulo (98) de muestreo;
- mover la primera semilla hacia un muestreador (114) del módulo (98) de muestreo asociado con una de las ubicaciones (108) de muestreo para facilitar así la extracción de una muestra de tejido de la primera semilla mientras se limpia otra de las ubicaciones (110) de muestreo con al menos un chorro (180) de soplado y al menos un puerto de recogida del módulo (98) de muestreo para eliminar el tejido residual de la semilla de allí,

- mover posteriormente la segunda semilla hacia el muestreador (114) asociado con otra de las ubicaciones (110) de muestreo para facilitar así la extracción de una muestra de tejido de la segunda semilla mientras se limpia la una de las ubicaciones (108) de muestreo con al menos un chorro (180) de soplado y al menos un puerto de recogida del módulo (98) de muestreo para eliminar el tejido residual de la semilla de allí.

- 5 7. El procedimiento automatizado de la reivindicación 6, que comprende además:

10 recibir la muestra de tejido extraída de la semilla en una placa (142) de muestra y recibir la semilla de la que se ha extraído la muestra de tejido en una bandeja (162) de semillas; y
10 asignar una identificación a la semilla y a la muestra de tejido extraída de la semilla, por lo que la identificación puede utilizarse para identificar posteriormente la semilla en la bandeja (162) de semillas y la muestra de tejido correspondiente en la placa (142) de muestras.
- 15 8. El procedimiento automatizado de la reivindicación 6, que comprende además: transportar, mediante un bloque (146) de boquillas, la muestra de tejido extraída de la semilla, en la primera ubicación (108) de muestreo del módulo (98) de muestreo, a una placa (142) de recogida de muestras; y transportar, mediante el bloque (146) de boquillas, el tejido residual de la semilla extraído de la segunda ubicación de muestreo del módulo de muestreo a un bloque (178) de purga para su eliminación.
- 20 9. El procedimiento automatizado de la reivindicación 6, que comprende además determinar, mediante al menos un sensor (124) dispuesto junto a la primera ubicación (108) de muestreo, una posición de la semilla sostenida por el ensamblaje (112) de agarre de semillas en el módulo (98) de muestreo.
- 25 10. El procedimiento automatizado de la reivindicación 6, que comprende además, después de retirar la muestra de tejido de la primera semilla en la primera ubicación (108) de muestreo, retirar el tejido residual de la semilla de la primera ubicación (108) de muestreo aproximadamente al mismo tiempo que se retira la muestra de tejido de la segunda semilla en la segunda ubicación (110) de muestreo.
- 30 11. El procedimiento automatizado de la reivindicación 6, en el que la eliminación del tejido de siembra residual de la segunda ubicación (110) de muestreo del módulo (98) de muestreo incluye: accionar un chorro (180) de soplado para dirigir el aire a través de la segunda ubicación (110) de muestreo y hacia un puerto de recogida; y arrastrar el tejido de siembra residual hacia el puerto de recogida mediante un flujo de aire a presión negativa en el puerto de recogida.
- 35 12. El procedimiento automatizado de la reivindicación 6, que comprende además analizar la muestra de tejido en busca de una o más características, y seleccionar o no seleccionar la semilla de la que se extrae la muestra de tejido basándose en la presencia de la una o más características en la muestra de tejido.

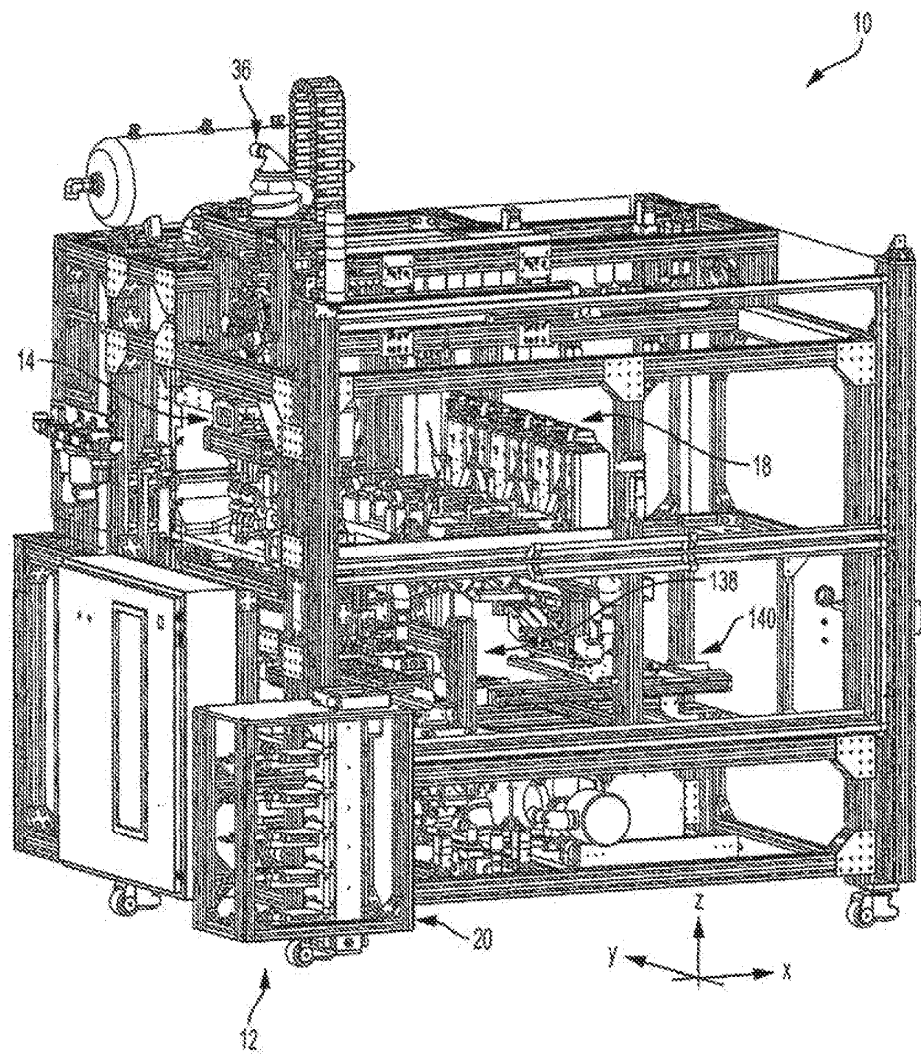


FIG. 1

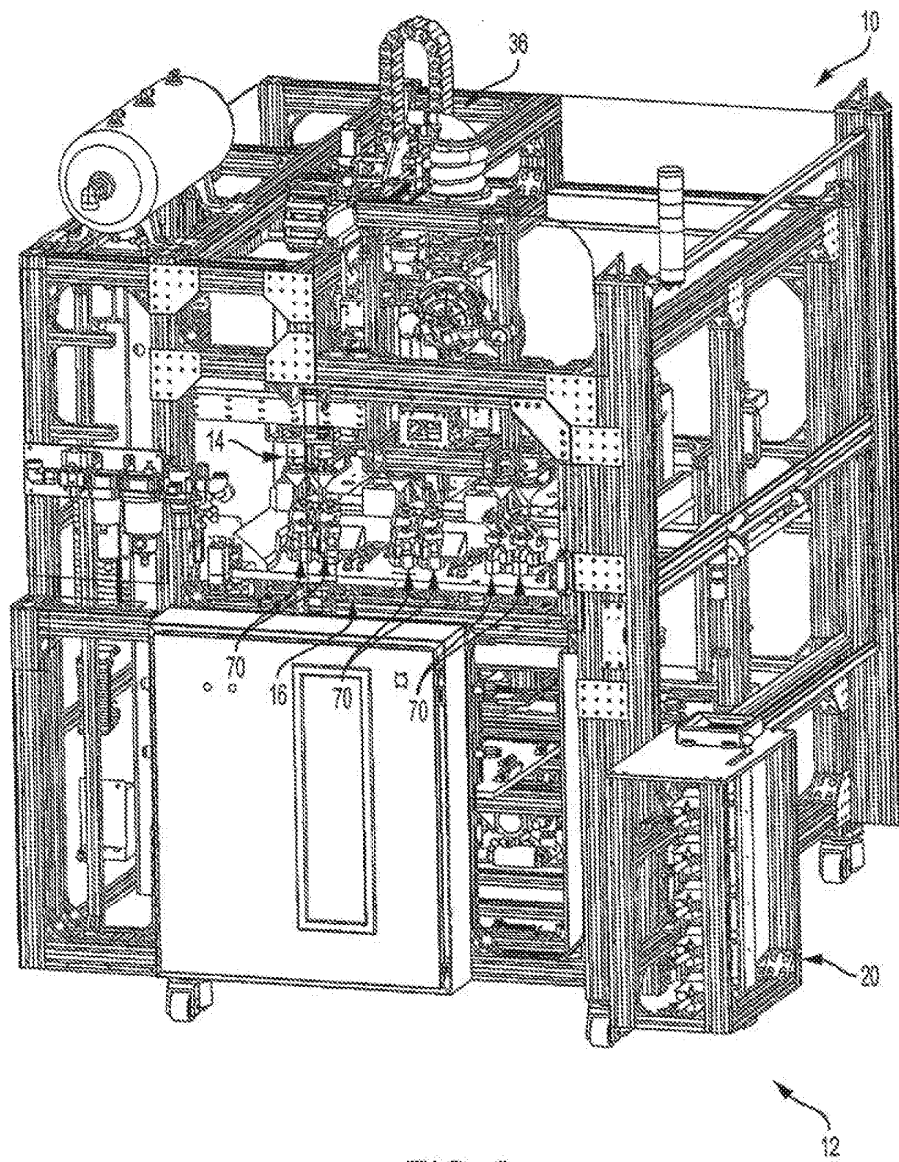


FIG. 2

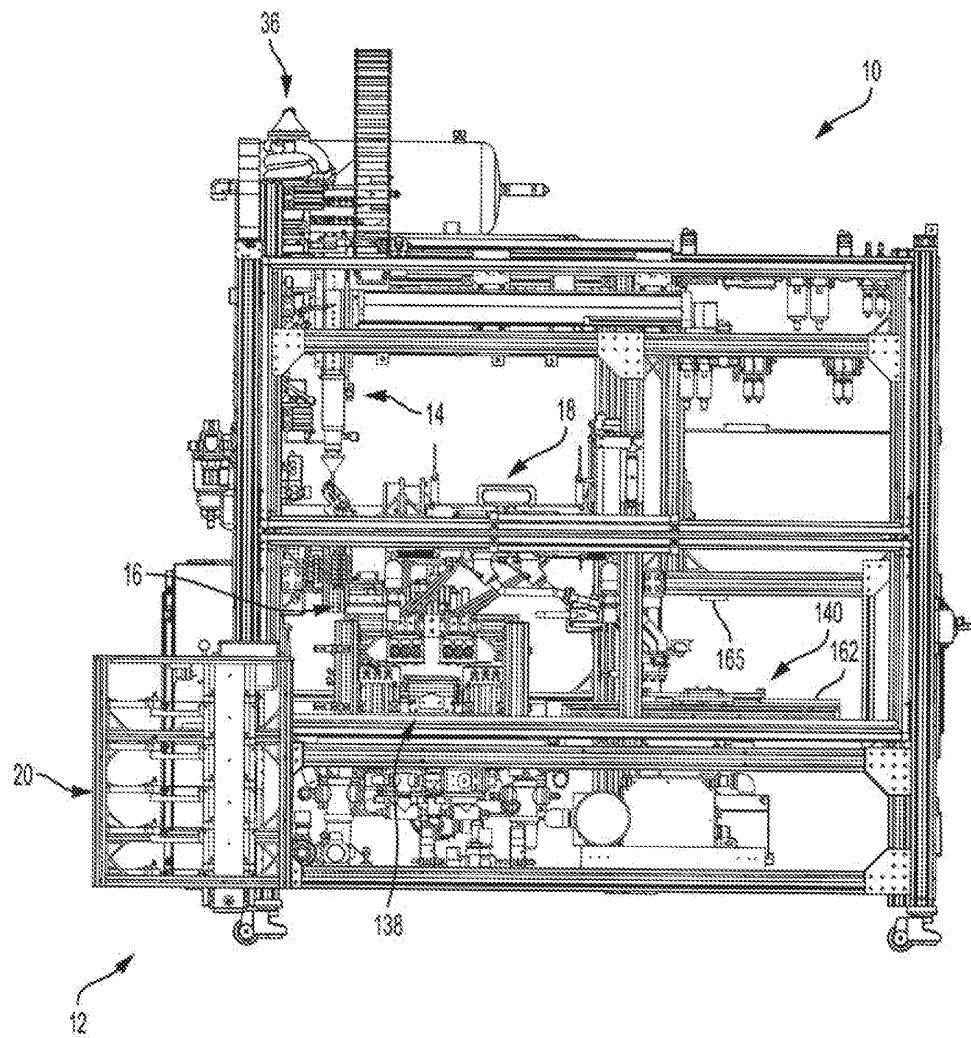


FIG. 3

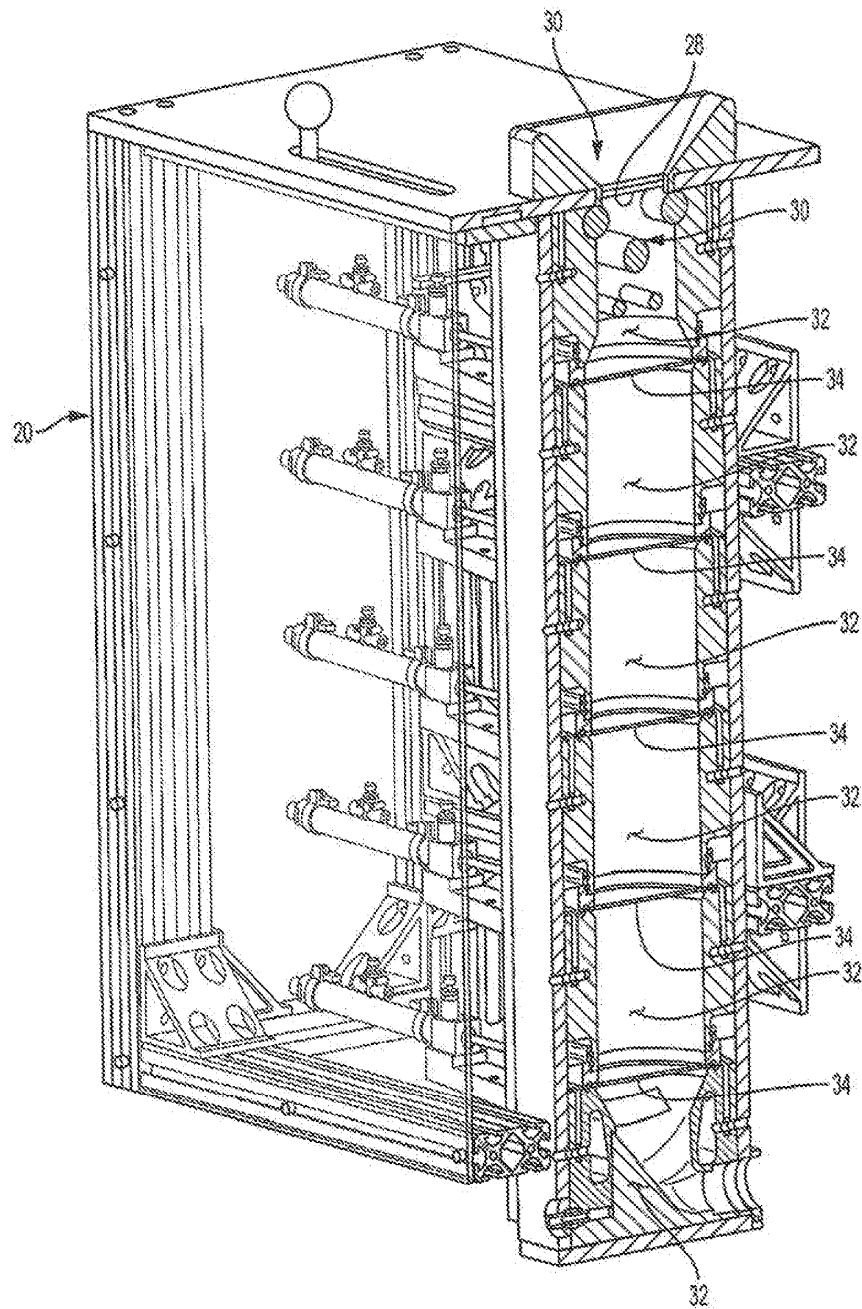


FIG. 4

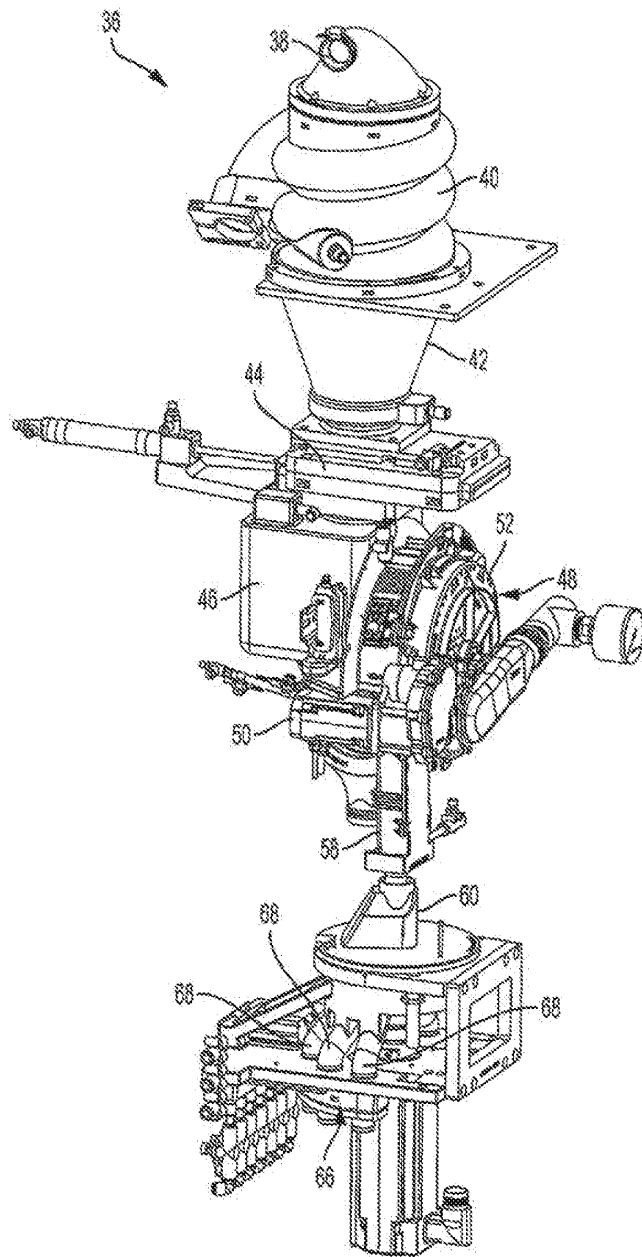


FIG. 5

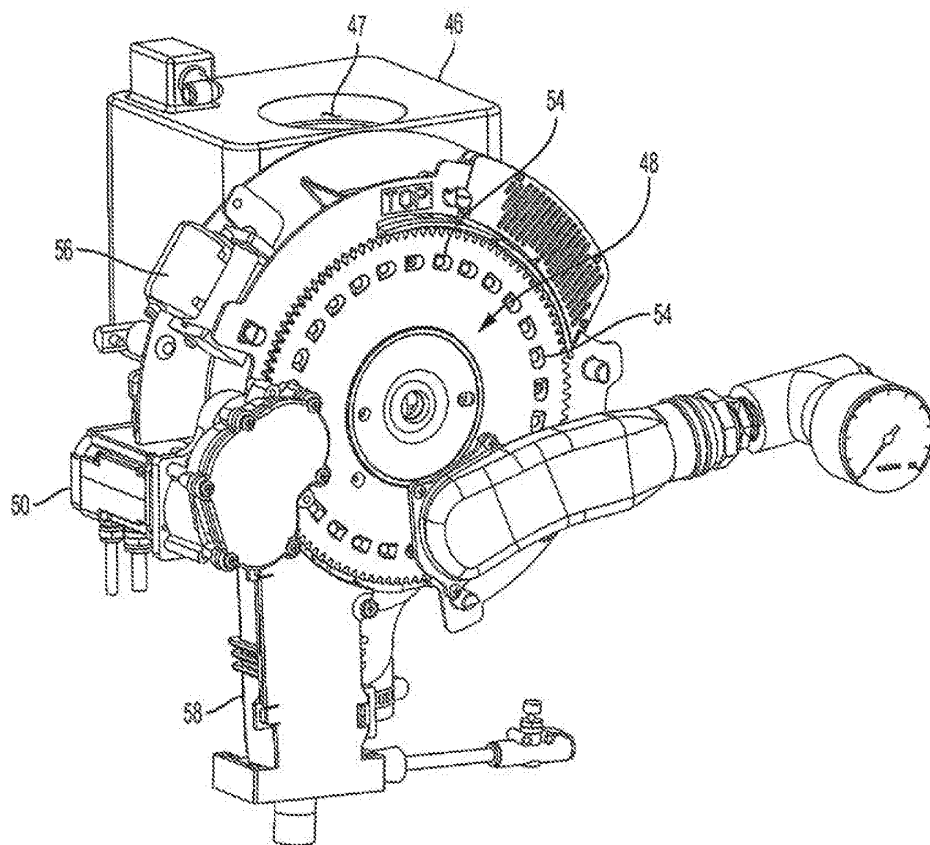


FIG. 6

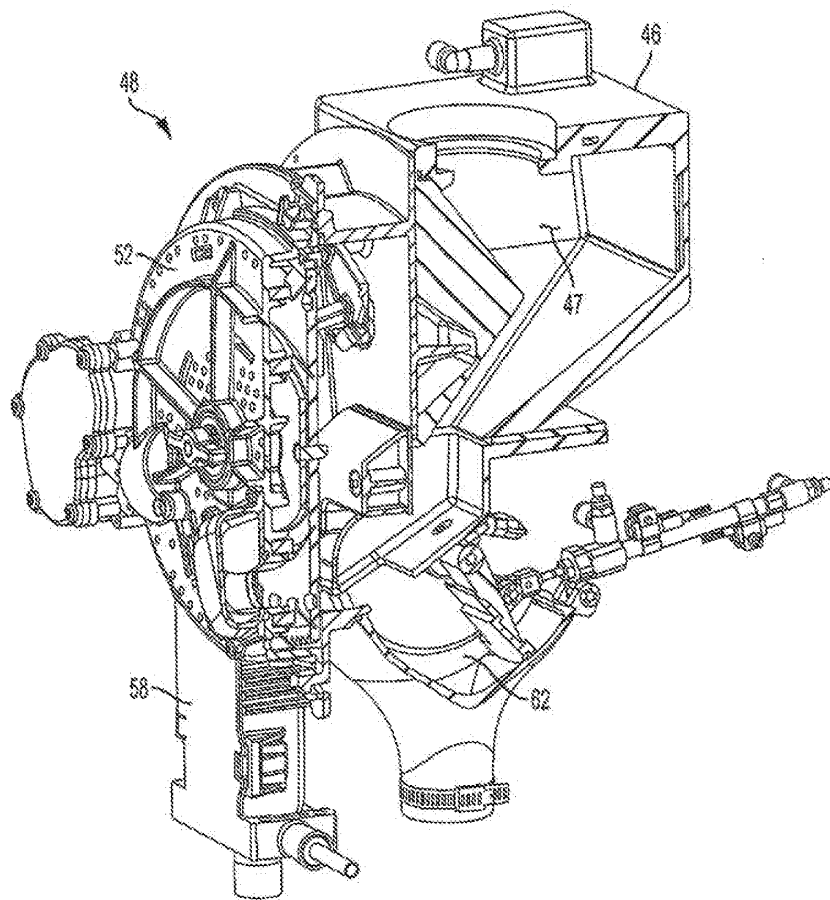
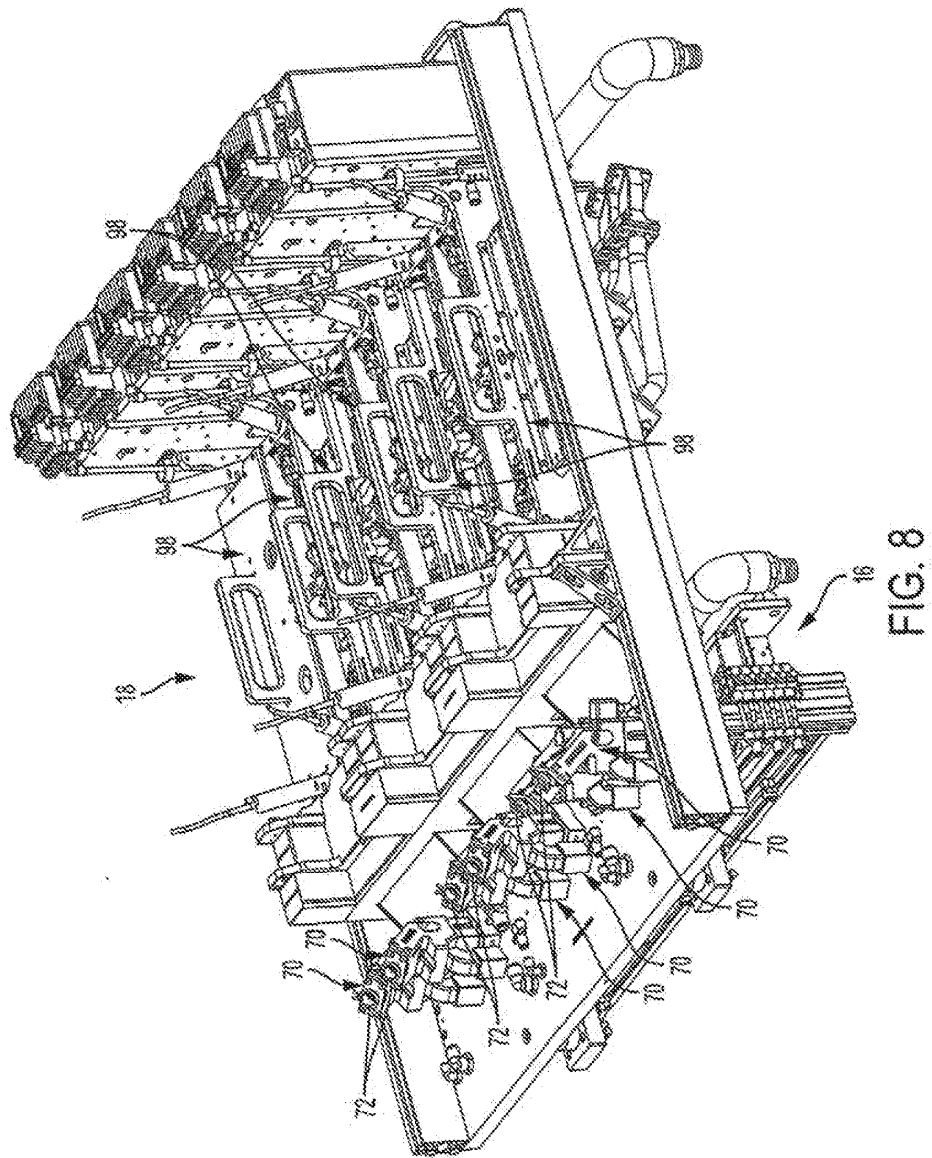


FIG. 7



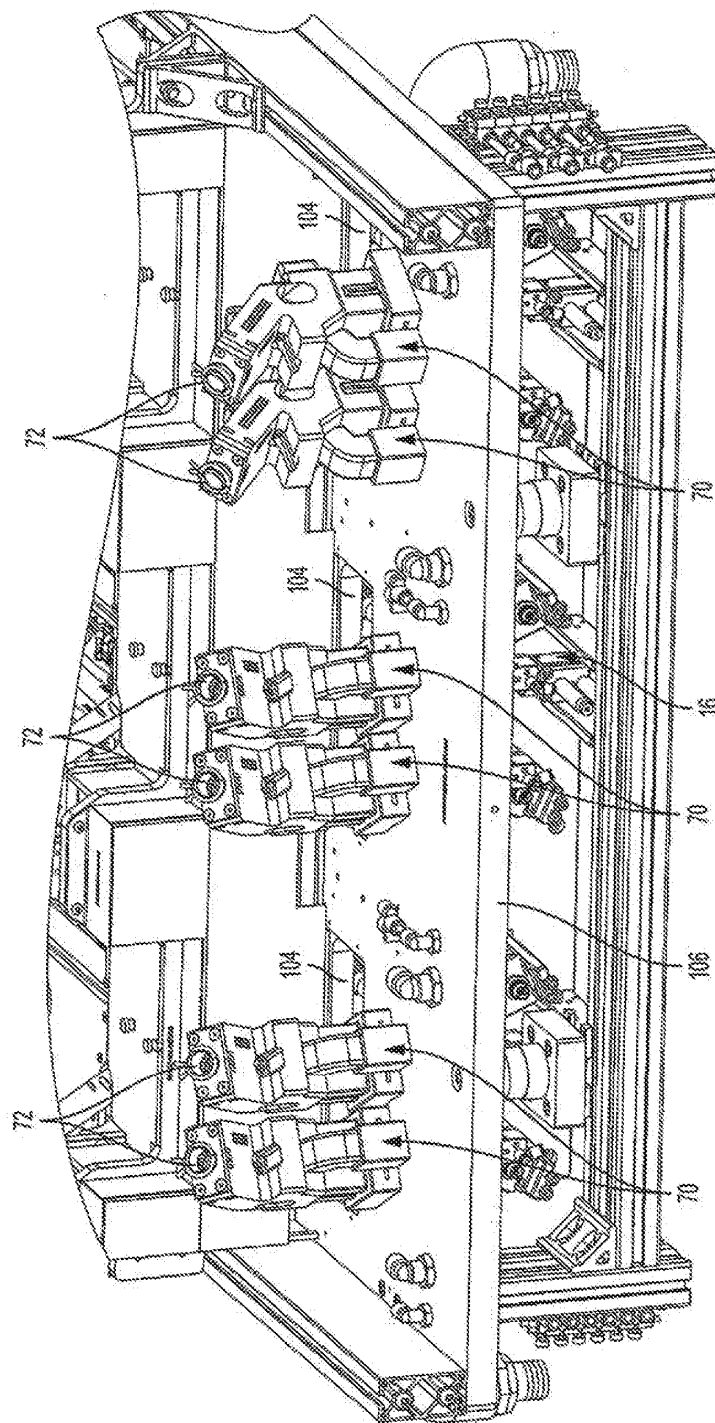


FIG. 9

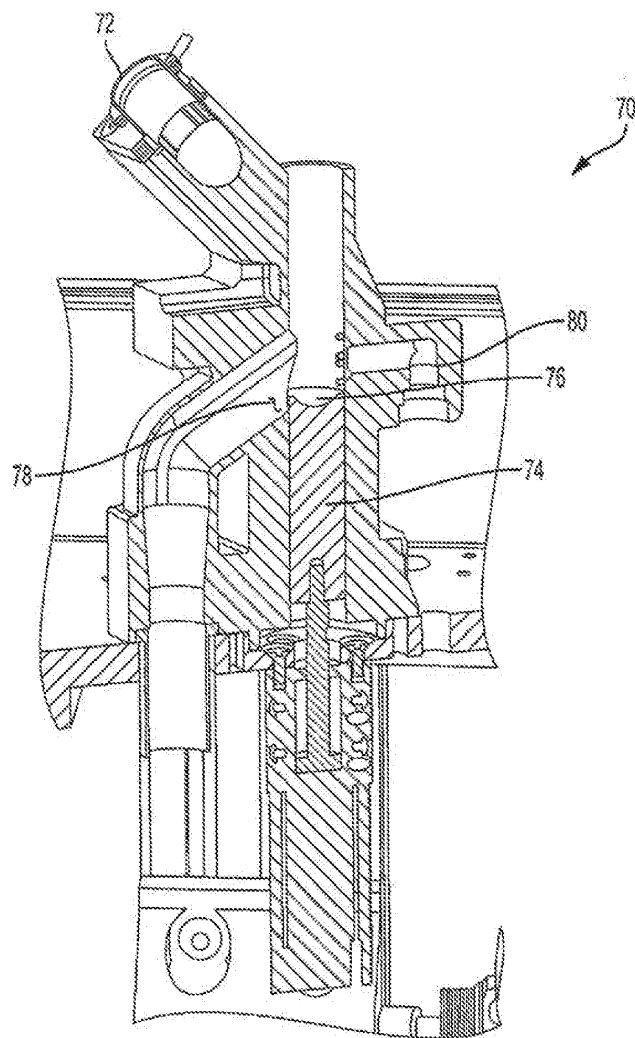


FIG. 10

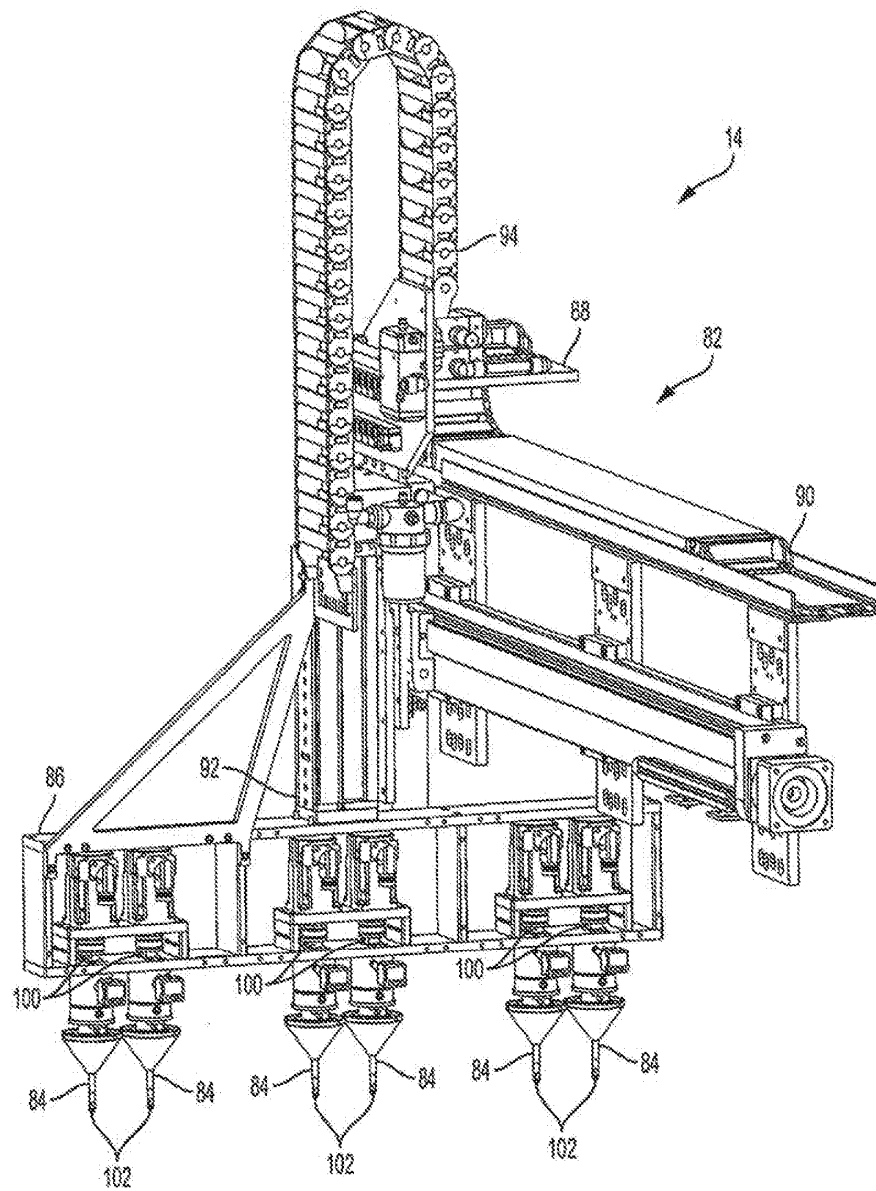


FIG. 11

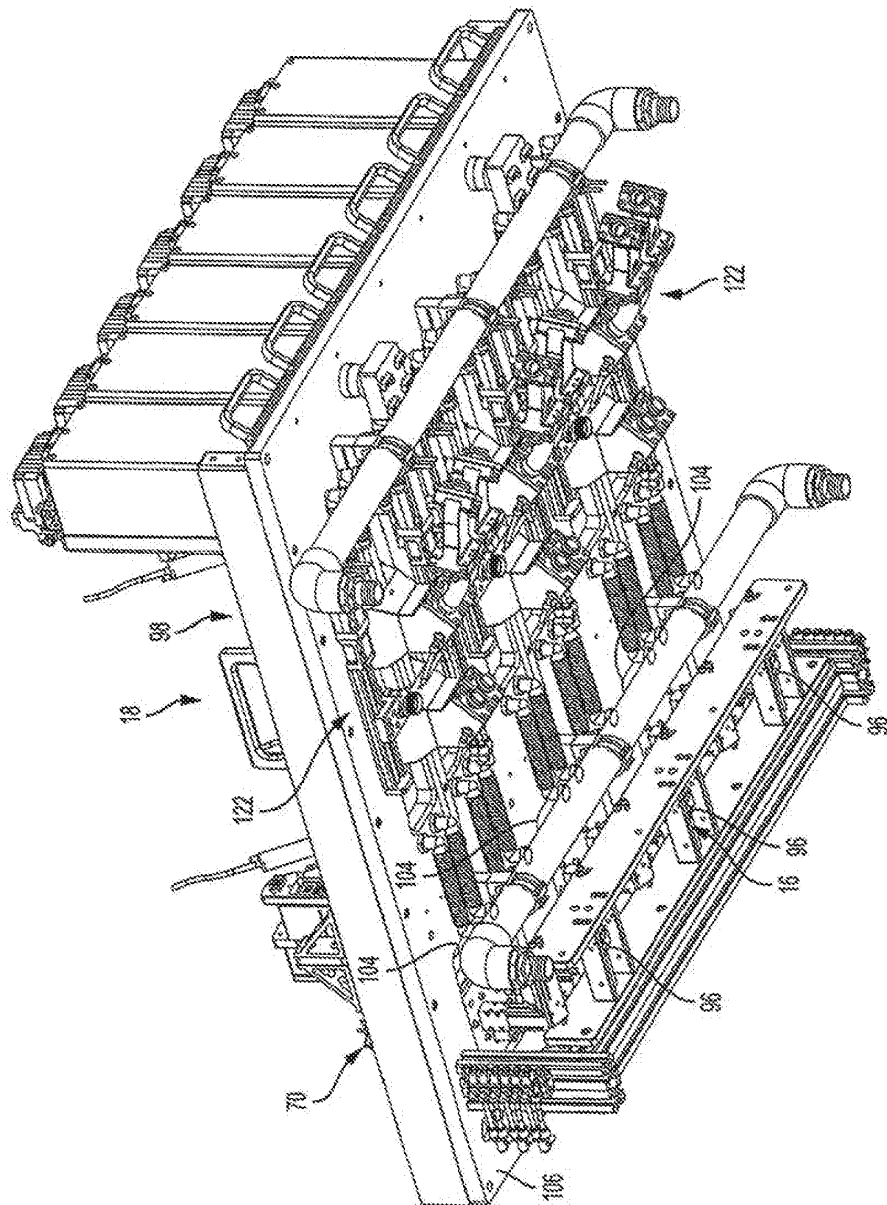


FIG. 12

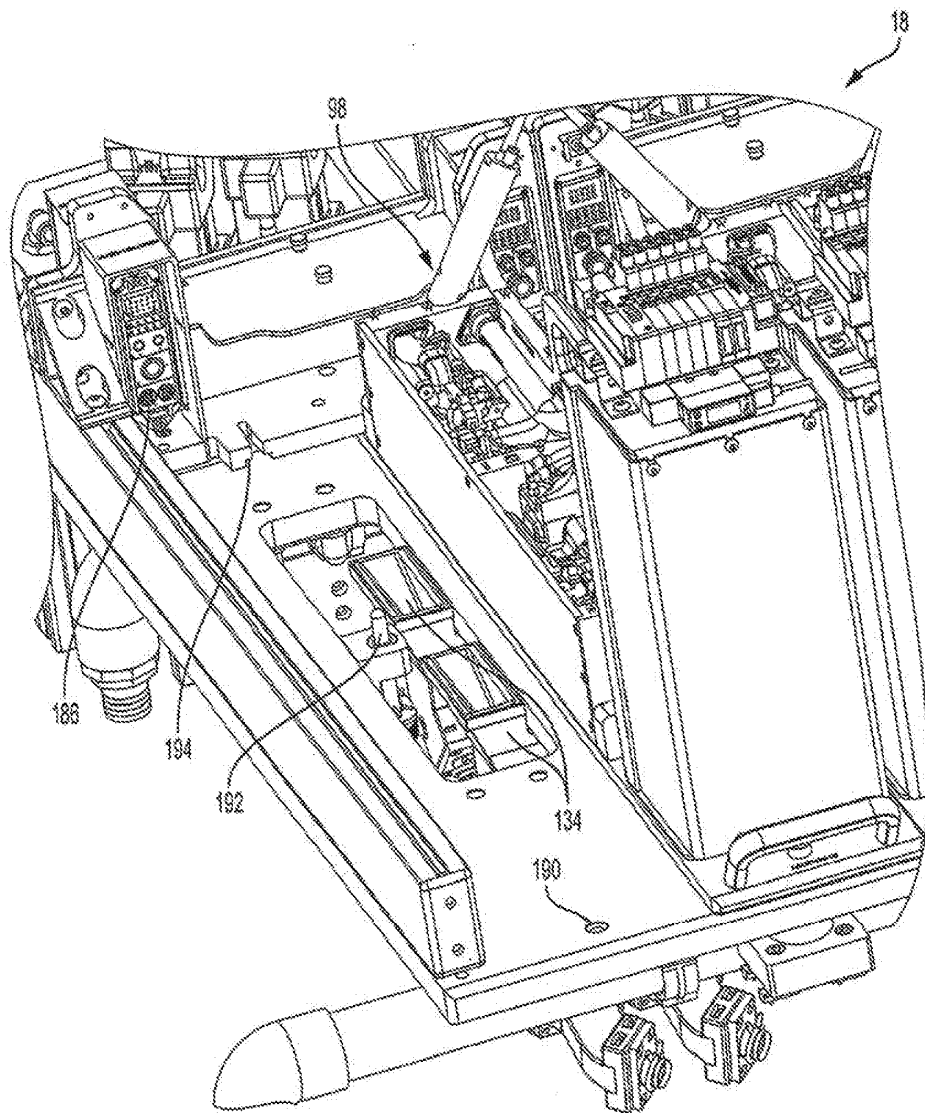


FIG. 13

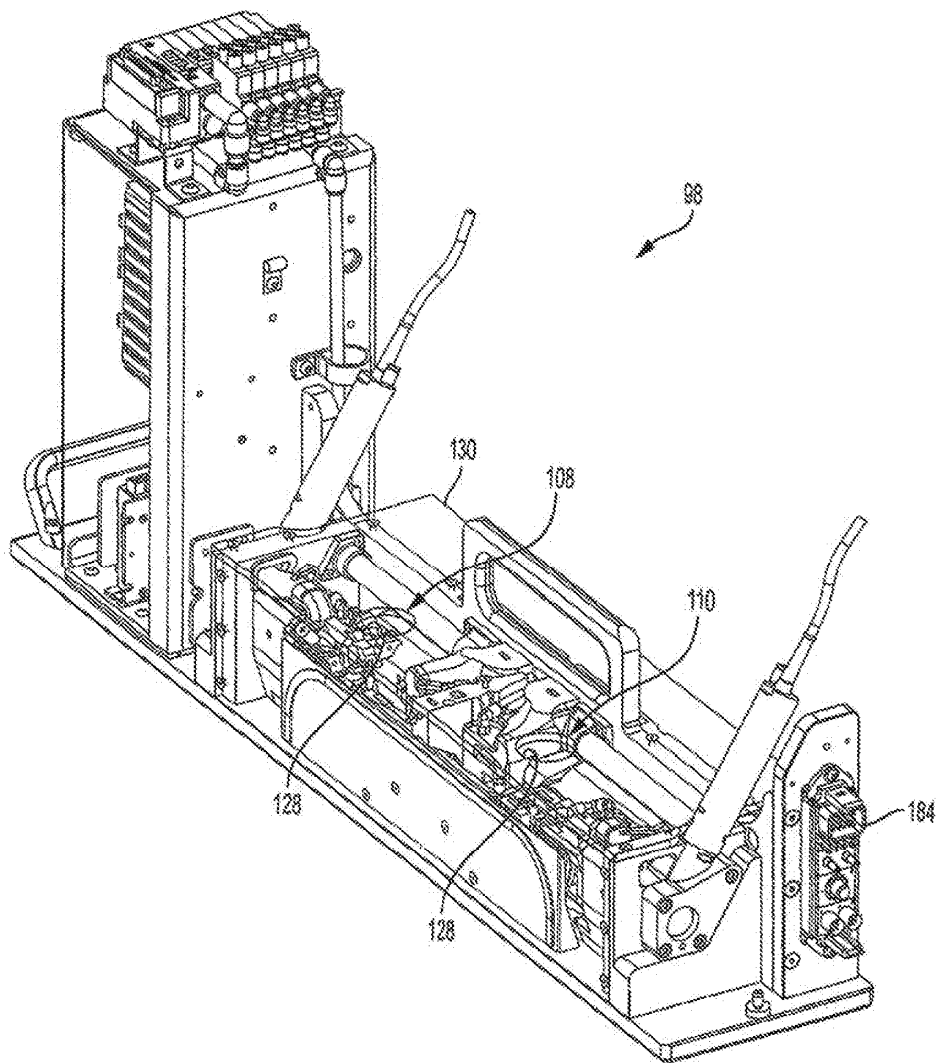


FIG. 14

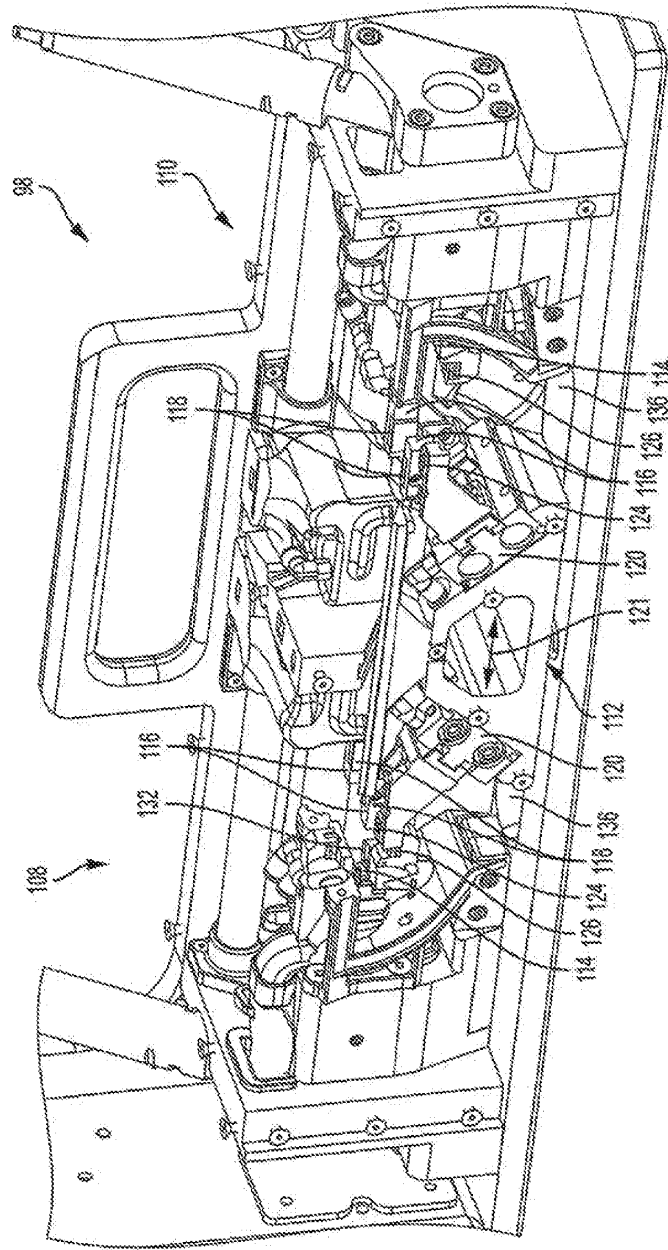


FIG. 15

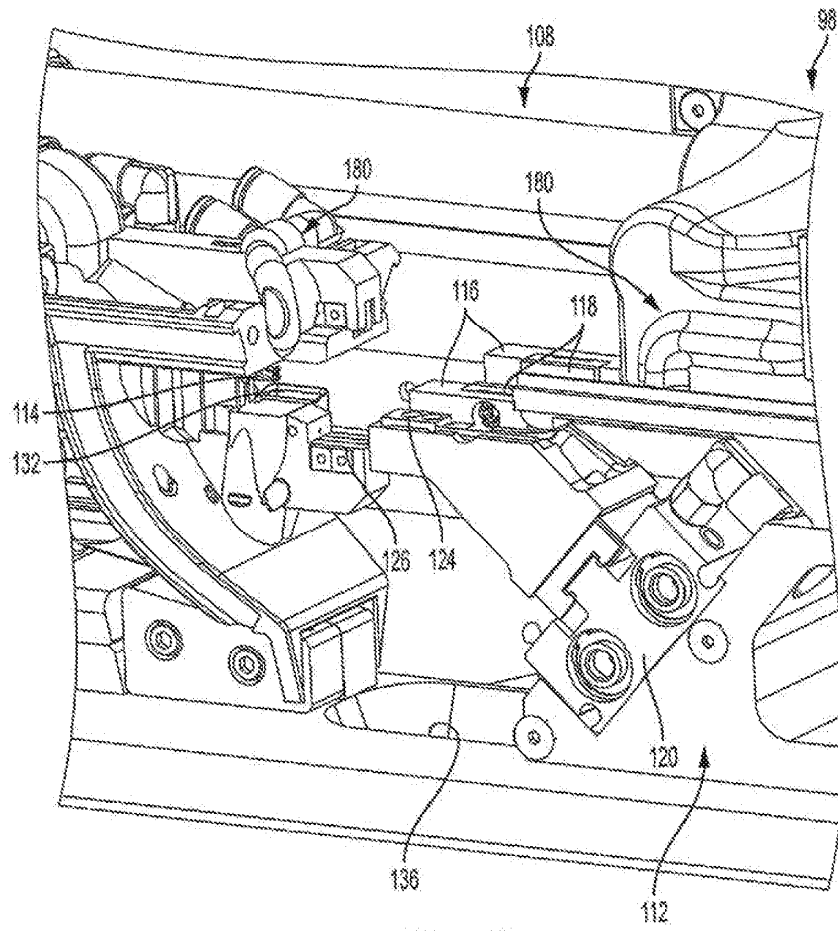
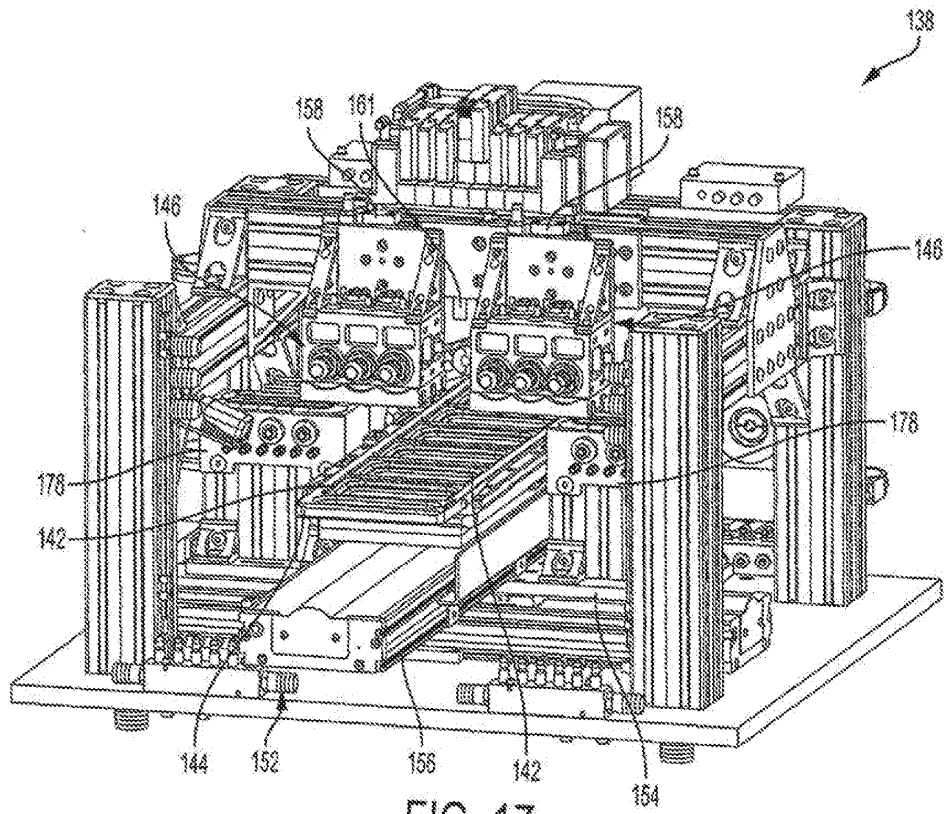


FIG. 16



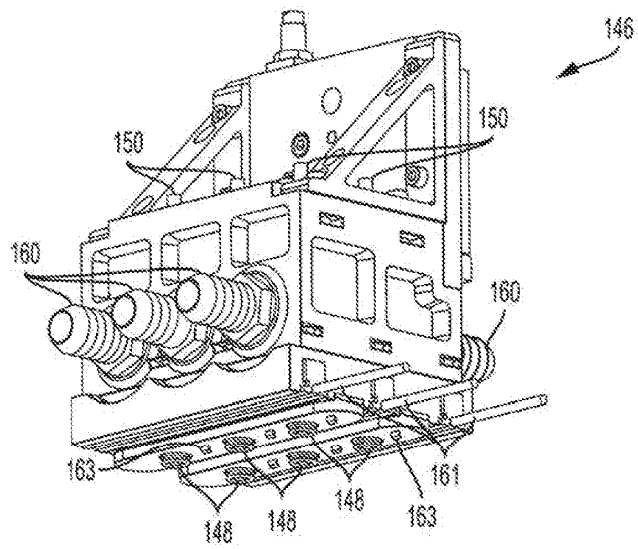


FIG. 18

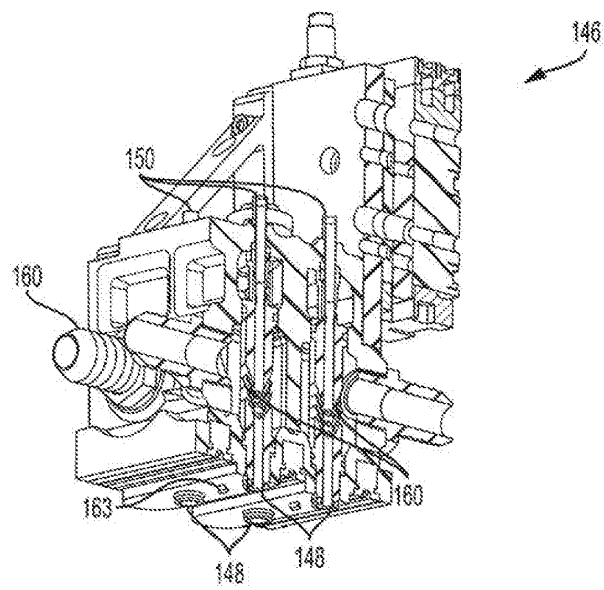
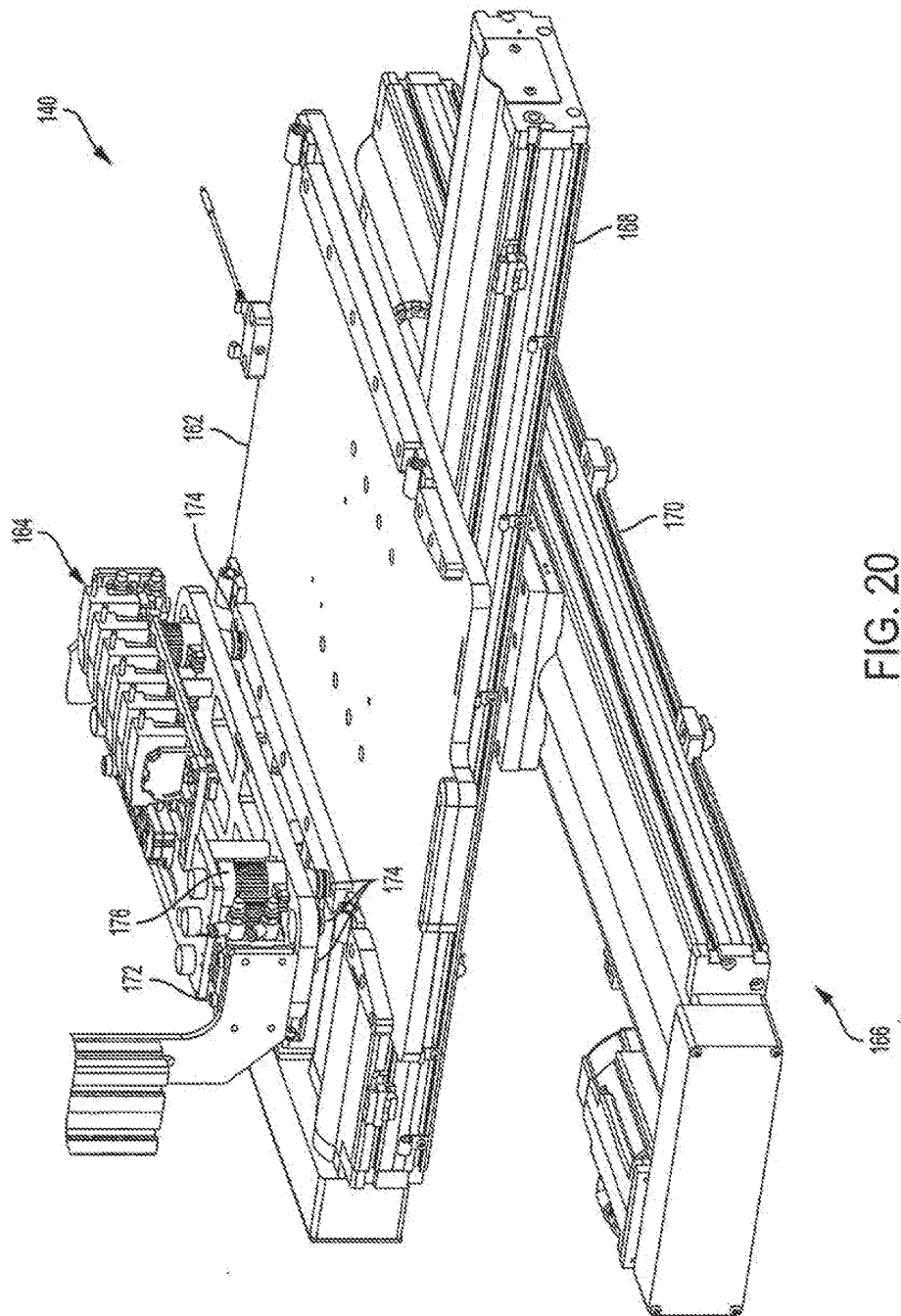


FIG. 19



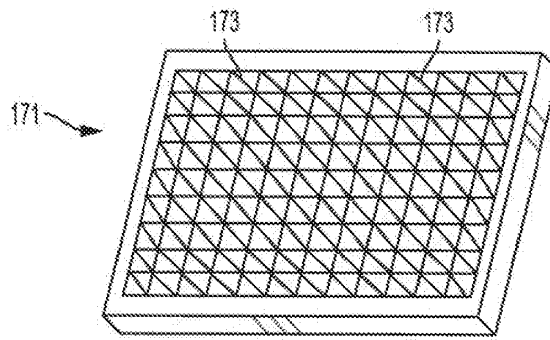


FIG. 21A

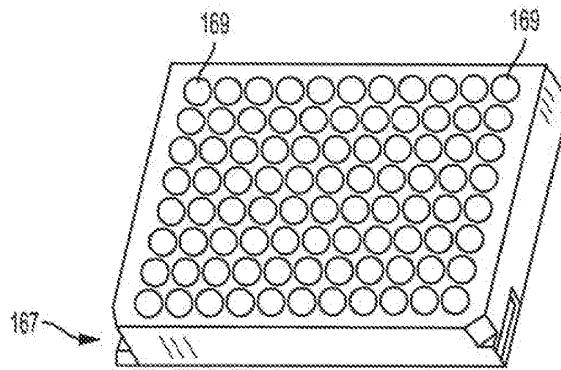


FIG. 21B

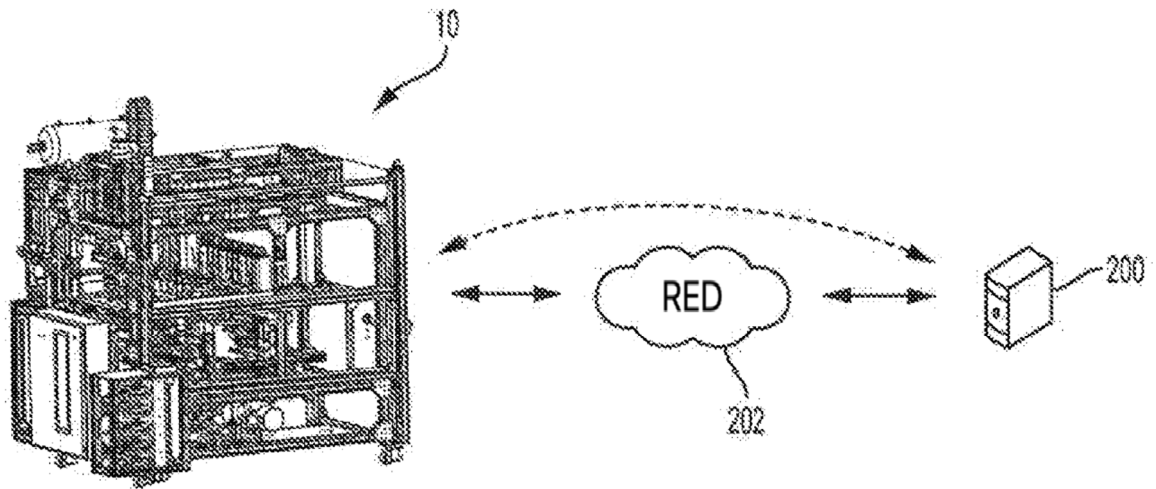


FIG. 22

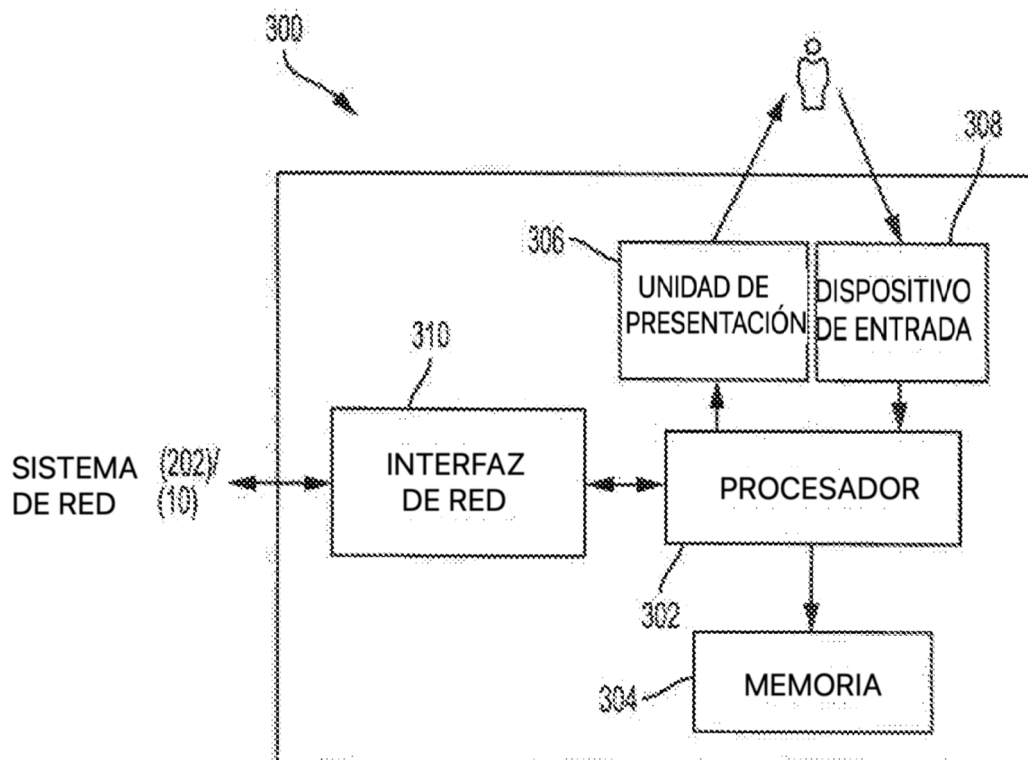


FIG. 23