



УКРАЇНА

(19) **UA** (11) **111937** (13) **C2**  
(51) МПК (2016.01)

**A01H 1/02** (2006.01)

**A01H 1/04** (2006.01)

**A01H 5/00**

**C12N 5/04** (2006.01)

ДЕРЖАВНА СЛУЖБА  
ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ  
ВЛАСНОСТІ  
УКРАЇНИ

## (12) ОПИС ДО ПАТЕНТУ НА ВИНАХІД

<p>(21) Номер заявки: <b>а 2012 09063</b></p> <p>(22) Дата подання заявки: <b>23.12.2010</b></p> <p>(24) Дата, з якої є чинними права на винахід: <b>11.07.2016</b></p> <p>(31) Номер попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції: <b>61/289,718, 61/369,999</b></p> <p>(32) Дата подання попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції: <b>23.12.2009, 02.08.2010</b></p> <p>(33) Код держави-учасниці Паризької конвенції, до якої подано попередню заявку: <b>US, US</b></p> <p>(41) Публікація відомостей про заявку: <b>25.07.2013, Бюл.№ 14</b></p> <p>(46) Публікація відомостей про видачу патенту: <b>11.07.2016, Бюл.№ 13</b></p> <p>(86) Номер та дата подання міжнародної заявки, поданої відповідно до Договору РСТ: <b>PCT/US2010/062028, 23.12.2010</b></p> <p>(72) Винахідник(и): <b>Кішор Венката Крішна (US), Алтендорф Пол (US), Прест Томас Джозеф (US), Зінселмайєр Кріс (US), Ванг Даолонг (US), Бріггс Вілліам (NL), Ганді Соалі (US), Фостер Девід (US), Чок-Грейс Крістін (US), Кларк Джозеф Даллас (US), Сешнз Аллен (US), Куст Карі Деніс (US),</b></p>	<p>(72) <b>Рейндерс Джон Аарон Тукер (US), Гутьєррез Рохас Лібардо Андрес (CL), Лі Мейджуан (US), Уарнер Тодд (US), Мартін Ніколас (US), Міллер Роберт Лінн (US), Арбукле Джон (US), Скалла Дейл Вейн (US), Данн Моллі (US), Дейс Гейл (US), Крамер Венс Кері (US)</b></p> <p>(73) Власник(и): <b>СІНГЕНТА ПАРТІСІПЕЙШНС АГ, Schwarzwaldallee 215, CH-4058 Basel, Switzerland (CH)</b></p> <p>(74) Представник: <b>Петров Андрій Володимирович, реєстр. №139</b></p> <p>(56) Перелік документів, взятих до уваги експертизою: <b>J.-M. RIBAUT ET AL: "Marker-assisted selection to improve drought adaptation in maize: the backcross approach, perspectives, limitations, and alternatives", JOURNAL OF EXPERIMENTAL BOTANY, vol. 58, no. 2, 06.11.2006, pages 351 -360 TUBEROSA ROBERTO ET AL: "Genome-wide approaches to investigate and improve maize response to drought", CROP SCIENCE: A JOURNAL SERVING THE INTERNATIONAL COMMUNITY OF CROP SCIENTISTS, CROP SCIENCE SOCIETY OF AMERICA, US, vol. 47, no. Suppl.3, 01.12.2007 (2007-12-01), pages S120-S141 WO 2008143993 A2, 27.11.2008 US2007192889 A1, 16.08.2007 US 20040133951 A1, 08.07.2004</b></p>
--	--

(54) СПОСІБ ВИЯВЛЕННЯ РОСЛИНИ *ZEА MAYS*, ЯКА МІСТИТЬ ЩОНАЙМЕНШЕ ОДИН АЛЕЛЬ, АСОЦІЙОВАНИЙ З ОПТИМІЗАЦІЄЮ ВОДОСПОЖИВАННЯ

(57) Реферат:

Запропонований винахід стосується способу виявлення рослини *Zea mays*, яка містить щонайменше один алель, асоційований з оптимізацією водоспоживання, відбору та/або отримання посухостійкої рослини або зародкової плазми кукурудзи. Описані генетичні маркери,

UA 111937 C2



Перехресні посилання на споріднені заявки

Ця заявка претендує на пріоритет попередньої заявки на патент США № 61/289,718, поданої 23 грудня 2009 року, і попередньої заявки на патент США № 61/369,999, поданої 2 серпня 2010 року, описи яких є включеними сюди за посиланням у всій їх повноті.

5 Галузь техніки

Даний винахід стосується кукурудзи, такої як кукурудза виду *Zea mays*, і способів її вирощування. Більш конкретно, даний винахід стосується ліній кукурудзи, таких як лінії *Zea mays*, з одним чи більше генотипами з поліпшеною оптимізацією водоспоживання, а також способів вирощування таких ліній, при цьому в певних варіантах здійснення цього винаходу ці

10 способи включають аналіз генетичних маркерів та/або аналіз послідовностей нуклеїнових кислот.

Рівень техніки

Посуха є одним з основних чинників, які обмежують виробництво кукурудзи у світі – 15% світового врожаю кукурудзи втрачаються щорічно через посуху. Періоди посухи можуть

15 траплятись будь-коли впродовж вегетаційного періоду, але особливо чутливою до посухи кукурудза стає в період до і під час цвітіння. Коли посуха трапляється під час цього критичного періоду, вона може призвести до значної втрати врожаю зерна.

Виявлення генів, які підвищують посухостійкість кукурудзи, може забезпечити більш ефективне культивування сільськогосподарських культур, уможливлючи ідентифікацію, відбір і

20 отримання кукурудзи з підвищеною посухостійкістю.

Як відомо, метою культивування рослин є об'єднання в одній рослині різних бажаних ознак. Для польових культур, таких як кукурудза, ці ознаки можуть включати високу врожайність і кращі агрономічні властивості. Однак генетичні локуси, що впливають на врожайність і агрономічні властивості, не завжди є відомими, і навіть коли вони відомі, то їх внесок в такі ознаки часто

25 залишається невизначеним. Отже, існує необхідність ідентифікації нових локусів, здатних позитивно впливати на бажані ознаки, та/або встановлення можливості бажаного впливу на відомі локуси. В разі виявлення такі локуси можуть бути відібрані в рамках програми культивування з метою отримання рослин, що несуть бажані ознаки.

Один з варіантів здійснення способу генерації таких рослин включає перенесення інтрогресією послідовностей нуклеїнових кислот від рослин, які володіють бажаною генетичною інформацією, в рослини, які такою інформацією не володіють, здійснюючи схрещування цих

30 рослин із застосуванням традиційних способів культивування.

Бажані локуси можуть бути інтрогресовані в наявні сорти рослин з використанням маркерної селекції (MAS) чи культивуванням з використанням маркерів (MAB). MAS і MAB передбачають використання одного чи більше молекулярних маркерів для ідентифікації і відбору таких рослин-потомків, які містять один чи більше локусів, кодуючих бажані ознаки. Такі ідентифікація і відбір можуть базуватись на селекції інформативних маркерів, що асоціюються з бажаними ознаками. MAB можна застосувати також для отримання майже ізогенних ліній (NIL), які несуть ті локуси, що становлять інтерес. Це дозволить більш докладно вивчити той вплив, який кожний

40 локус може чинити на бажану ознаку, а також може бути ефективним способом отримання популяцій за допомогою зворотного схрещування інбредних ліній (BIL).

Посуха під час вирощування кукурудзи є одним з основних чинників, що обмежують виробництво кукурудзи у світі. Коли посуха трапляється безпосередньо перед чи під час цвітіння, вона може призводити до збільшення тривалості інтервалу між цвітінням і викиданням маточкових стовпчиків і зниження врожайності зерна. 15% світового врожаю кукурудзи або

45 понад 19 мільйонів тонн щорічно втрачаються через посуху. Виявлення генів-кандидатів, які можуть підвищити посухостійкість кукурудзи, може забезпечити більш ефективне сільськогосподарське виробництво в регіонах, що страждають від посухи.

Що дійсно необхідно, так це нові способи та композиції для генетичного аналізу сортів *Zea mays* щодо посухостійкості і для застосування отриманої інформації при одержанні нових

50 рослин *Zea mays*, які мають поліпшені ознаки оптимізації водоспоживання.

Суть винаходу

В цьому розділі, присвяченому викладенню суті винаходу, наведено кілька варіантів здійснення запропонованого винаходу і в багатьох випадках перелічено варіації і перестановки

55 цих варіантів. Відповідно, цей розділ містить наведені в якості прикладів численні і різноманітні варіанти здійснення даного винаходу. Згадування однієї чи більше характерних ознак даного варіанту здійснення винаходу також має на меті слугувати в якості прикладу. Подібний варіант здійснення винаходу може звичайно існувати зі згаданою ознакою (ознаками) чи без неї, аналогічним чином ці ознаки можуть бути застосовані в інших варіантах здійснення даного

60 винаходу незалежно від того, чи наведені вони в цьому розділі, присвяченому суті винаходу.

Щоб уникнути надмірного повторення, цей розділ не перелічує чи не пропонує всі можливі комбінації таких ознак.

Даний винахід стосується композицій і способів ідентифікації, відбору і отримання кукурудзи з підвищеною посухостійкістю. Даний винахід стосується також посухостійкої рослини кукурудзи чи зародкової плазми.

Певні варіанти здійснення винаходу стосуються способів ідентифікації посухостійкої рослини кукурудзи чи зародкової плазми. Такі способи можуть включати виявлення в рослині кукурудзи чи зародковій плазмі маркера, що асоціюється з підвищеною посухостійкістю.

Певні варіанти здійснення винаходу стосуються способів отримання посухостійкої рослини кукурудзи. Такі способи можуть включати виявлення в зародковій плазмі кукурудзи присутності маркера, що асоціюється з підвищеною посухостійкістю, і отримання рослини-потомка зі згаданої зародкової плазми кукурудзи.

В певних варіантах здійснення винаходу присутність маркера, що асоціюється з підвищеною посухостійкістю, виявляють за допомогою маркерного зонда. В певних таких варіантах здійснення винаходу присутність маркера, що асоціюється з підвищеною посухостійкістю, виявляють в продукті ампліфікації зі зразка нуклеїнової кислоти, виділеної з рослини кукурудзи чи зародкової плазми. В певних варіантах здійснення винаходу маркер містить гаплотип, і для виявлення алелів, які складають цей гаплотип, використовують велику кількість зондів. В певних таких варіантах здійснення винаходу алелі, що складають гаплотип, виявляють у великій кількості продуктів ампліфікації зі зразка нуклеїнової кислоти, виділеної з рослини кукурудзи чи зародкової плазми.

Певні варіанти здійснення винаходу стосуються способів відбору посухостійкої рослини кукурудзи чи зародкової плазми. Такі способи можуть включати схрещування першої рослини кукурудзи чи зародкової плазми з другою рослиною кукурудзи чи зародковою плазмою, причому перша рослина кукурудзи чи зародкова плазма містить маркер, що асоціюється з підвищеною посухостійкістю, і відбір рослини-потомка чи зародкової плазми, яка володіє даним маркером.

Певні варіанти здійснення винаходу стосуються способів інтрогресії алеля, що асоціюється з підвищеною посухостійкістю, в рослину чи зародкову плазму кукурудзи. Такі способи можуть включати схрещування першої рослини чи зародкової плазми кукурудзи, яка містить алель, що асоціюється з підвищеною посухостійкістю, з другою рослиною чи зародковою плазмою кукурудзи, яка позбавлена згаданого алеля, і повторне зворотне схрещування рослин-потомків, що містять згаданий алель, з другою рослиною чи зародковою плазмою кукурудзи для отримання стійкої до посухи рослини чи зародкової плазми кукурудзи, які містять алель, що асоціюється з підвищеною посухостійкістю. Потомство, яке містить алель, що асоціюється з підвищеною посухостійкістю, можна ідентифікувати шляхом ідентифікації в їх геномах присутності маркера, що асоціюється зі згаданим алелем.

Даний винахід стосується також рослин та/або зародкової плазми кукурудзи, ідентифікованих, отриманих чи відібраних будь-яким способом за цим винаходом, а також будь-якого потомства чи насіння, отриманих з рослини чи зародкової плазми кукурудзи, ідентифікованих, отриманих чи відібраних за допомогою даних способів.

Даний винахід стосується також рослин та/або зародкової плазми кукурудзи, які не зустрічаються у природі, що містять один чи більше маркер, що асоціюється з підвищеною посухостійкістю.

Даний винахід стосується також виділених та/або очищених маркерів, що асоціюються з підвищеною посухостійкістю. Такі маркери можуть містити нуклеотидну послідовність, яка щонайменше на 85%, 90%, 95% чи на 99% ідентична будь-якій з послідовностей SEQ ID №№: 1-117, 400 і 401, їх зворотній комплементарній послідовності чи їх інформативним чи функціональним фрагментам.

Даний винахід стосується також композицій, що містять пару праймерів, здатних ампліфікувати зразок нуклеїнової кислоти, виділений з рослини чи зародкової плазми кукурудзи, для створення маркера, що асоціюється з підвищеною посухостійкістю. Такі композиції можуть містити, складатись по суті з чи складатись з однієї з пар праймерів ампліфікації, наведених в Таблиці 1.

Таблиця 1

SEQ ID № прикладів олігонуклеотидних праймерів, які можуть бути застосовані для аналізу локусів, алелів і гаплотипів оптимізації водоспоживання

Геномний локус	Приклади праймерів ампліфікації	Приклади праймерів аналізу
1, 61	118, 119	232, 233
2, 63	120, 121	346, 347; 348, 349
3, 63	122, 123	234, 235
4, 64	124, 125	236, 237
5, 65	126, 127	238, 239
6, 66	128, 129	240, 241
7, 67	130, 131	242, 243; 244, 245; 246, 247; 248, 249; 250, 251; 350, 351; 352, 353;
8, 68	132, 133	252, 253
9, 69	134, 135	254, 255
10, 70	136, 137	256, 257
11, 71	138, 139	258, 259
12, 13, 72	140, 141	260, 261; 262, 263; 264, 265; 266, 267
14, 73	142, 143	268, 269
15, 74	144, 145	270, 271
16, 75	146, 147	272, 273
17, 76	148, 149	274, 275
18, 77	150, 151	276, 277
19, 78	152, 153	278, 279; 280, 281; 282, 283; 354, 355; 356, 357
20, 79	154, 155	284, 285
21, 80	156, 157	286, 287
22, 81	158, 159	288, 289
23, 82	160, 161	358, 359; 360, 361
24, 83	162, 163	362, 363
25, 84	164, 165	290, 291; 364, 365
26, 85	166, 167	366, 367
27, 86	168, 169	292, 293 368, 369
28, 87	170, 171	294, 295
29, 88	172, 173	370, 371
30, 89	174, 175	296, 297; 298, 299
31, 90	176, 177	300, 301
32, 91	178, 179	302, 303
33, 92	180, 181	372, 373

Продовження таблиці 1

34, 93	182, 183	304, 305; 306, 307; 308, 309
35, 94	184, 185	310, 311
36, 95	186, 187	312, 313
37, 96	188, 189	314, 315; 316, 317
38, 97	190, 191	318, 319; 320, 321
39, 98	192, 193	322, 323
40, 99	194, 195	324, 325
41, 100	196, 197	326, 327; 328, 329
42, 101	198, 199	330, 331
43, 102	200, 201	332, 333
44, 45, 103	202, 203	374, 375; 376, 377
46, 104	204, 205	378, 379
47, 105	206, 207	380, 381
48, 106	208, 209	382, 383
49, 107	210, 211	334, 335
50, 51, 108	212, 213	336, 337; 384, 385
52, 109	214, 215	338, 339
53, 110	216, 217	340, 341
54, 111	218, 219	344, 345
55, 112	220, 221	386, 387
56, 113	222, 223	388, 389; 390, 391
57, 114	224, 225	392, 393
58, 115	226, 227	394, 395
59, 116	228, 229	396, 397
60, 117	230, 231	398, 399
400, 401	402, 407	408, 409; 410, 411; 412, 413

Маркер, що асоціюється з підвищеною посухостійкістю, може містити, складатись по суті з чи складатись з одного алеля чи комбінації алелів в одному чи більше генетичних локусів.

- Відповідно, певні варіанти здійснення даного винаходу стосуються способів отримання гібридних рослин з поліпшеною оптимізацією водоспоживання. В певних варіантах здійснення винаходу такий спосіб включає: (а) надання першої рослини, що містить перший генотип, який має будь-який з гаплотипів А-М, (b) надання другої рослини, що містить другий генотип, який має будь-який з гаплотипів А-М, причому друга рослина містить щонайменше один з гаплотипів А-М, який відсутній в першій рослині, (с) схрещування першої рослини і другої рослини кукурудзи для отримання покоління F1, ідентифікацію одного чи більше представників покоління F1, який містить бажаний генотип, що має будь-яку комбінацію гаплотипів А-М, причому бажаний генотип відрізняється як від першого генотипу (а), так і від другого генотипу (b), внаслідок чого отримується гібридна рослина з поліпшеною оптимізацією водоспоживання. В певних варіантах здійснення винаходу гаплотипи А-М визначаються наступним чином:
- і. гаплотип А містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 115 послідовності SEQ ID №: 1, нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 270 SEQ ID №: 1, нуклеотид T в позиції, яка відповідає позиції 301 SEQ ID №: 1, і нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 483 SEQ ID №: 1 на хромосомі 8 в геномі першої рослини;
  - ii. гаплотип В містить делецію в позиціях 4497-4498 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 4505 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид T в позиції, яка відповідає позиції 4609 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції

4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 4792 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 4836 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 4844 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 4969 послідовності SEQ ID №: 7, і тринуклеотид ТСС в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7 на хромосомі 8 в геномі першої рослини;

iii. гаплотип С містить нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 217 послідовності SEQ ID №: 8, нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 390 послідовності SEQ ID №: 8, і нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 477 послідовності SEQ ID №: 8 на хромосомі 2 в геномі першої рослини;

iv. гаплотип D містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 182 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 330 послідовності SEQ ID №: 19 і нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19 на хромосомі 8 в геномі першої рослини;

v. гаплотип E містить нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 61 послідовності SEQ ID №: 21, нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 200 послідовності SEQ ID №: 21, і делецію дев'яти нуклеотидів в позиціях, які відповідають позиціям 316-324 послідовності SEQ ID №: 21 на хромосомі 5 в геномі першої рослини;

vi. гаплотип F містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 64 послідовності SEQ ID №: 27 і нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 254 послідовності SEQ ID №: 27 на хромосомі 8 в геномі першої рослини;

vii. гаплотип G містить нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 98 послідовності SEQ ID №: 28, нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 147 послідовності SEQ ID №: 28, нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 224 послідовності SEQ ID №: 28 і нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 496 послідовності SEQ ID №: 28 на хромосомі 9 в геномі першої рослини;

viii. гаплотип H містить нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 259 послідовності SEQ ID №: 30, нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 306 послідовності SEQ ID №: 30, нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 398 послідовності SEQ ID №: 30 і нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 1057 послідовності SEQ ID №: 30 на хромосомі 4 в геномі першої рослини;

ix. гаплотип I містить нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 500 послідовності SEQ ID №: 36, нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 568 послідовності SEQ ID №: 36 і нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 698 послідовності SEQ ID №: 36 на хромосомі 6 в геномі першої рослини;

x. гаплотип J містить нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 238 послідовності SEQ ID №: 42, делецію нуклеотидів, які відповідають позиціям 266-268 послідовності SEQ ID №: 42 і нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 808 послідовності SEQ ID №: 42 в геномі першої рослини;

xi. гаплотип K містить нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 166 послідовності SEQ ID №: 49 і нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 224 послідовності SEQ ID №: 49, нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 650 послідовності SEQ ID №: 49 і нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 892 послідовності SEQ ID №: 49 на хромосомі 8 в геномі першої рослини;

xii. гаплотип L містить нуклеотид С в позиціях, які відповідають позиціям 83, 428, 491 і 548 послідовності SEQ ID №: 53 на хромосомі 9 в геномі першої рослини, а також

xiii. гаплотип M містить нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 83 в послідовності SEQ ID №: 400, нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 119 послідовності SEQ ID №: 400 і нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 601 послідовності SEQ ID №: 400.

В певних варіантах здійснення цього винаходу гібридна рослина з поліпшеною оптимізацією водоспоживання містить кожний з гаплотипів А-М, які присутні в першій рослині, а також щонайменше один додатковий гаплотип, вибраний з гаплотипів А-М, які присутні в другій рослині. В певних варіантах здійснення цього винаходу перша рослина є рекурентним батьком, який містить щонайменше один з гаплотипів А-М, а друга рослина є донором, який містить щонайменше один з гаплотипів А-М, відсутній в першій рослині. В певних варіантах здійснення цього винаходу перша рослина є гомозиготною щонайменше по двох, трьох, чотирьох чи п'яти гаплотипах А-М. В певних варіантах здійснення цього винаходу гібридна рослина містить щонайменше три, чотири, п'ять, шість, сім, вісім чи дев'ять гаплотипів А-М.

В певних варіантах здійснення цього винаходу виявлення передбачає генотипування одного чи більше представників покоління F1, отриманого схрещуванням першої рослини і другої рослини, по відношенню до кожного з гаплотипів, присутніх в першій рослині чи в другій рослині.

В певних варіантах здійснення цього винаходу перша рослина і друга рослина являють собою рослини *Zea mays*.

В певних варіантах здійснення цього винаходу поліпшена оптимізація водоспоживання забезпечує підвищений чи стабільний врожай в середовищі з нестачею води, у порівнянні з контрольними рослинами. В певних варіантах здійснення цього винаходу гібрид з поліпшеною оптимізацією водоспоживання може висіватись з більшою щільністю. В певних варіантах здійснення цього винаходу гібрид з поліпшеною оптимізацією водоспоживання не демонструє обумовленого зчепленням генів падіння врожаю при вирощуванні в умовах сприятливої вологості.

В певних варіантах здійснення цей винахід стосується також гібридних рослин *Zea mays*, отриманих описаними тут способами, або їх клітин, тканин, насіння чи частин.

В певних варіантах здійснення цей винахід стосується також інбредних рослин *Zea mays*, отриманих зворотним схрещуванням та/або самозапиленням та/або продукуванням подвійних гаплоїдів з гібридних рослин *Zea mays*, описаних тут, або їх клітин, тканин, насіння чи частин.

В певних варіантах здійснення цей винахід стосується також інбредних чи гібридних рослин *Zea mays*, геном яких містить щонайменше три, чотири, п'ять, шість, сім, вісім чи дев'ять гаплотипів A-M, причому гаплотипи A-M є зв'язаними з оптимізацією водоспоживання і визначеними в даному документі. В певних варіантах здійснення цього винаходу інбредна чи гібридна рослина *Zea mays* має геном, який містить гаплотипи C, D і G; гаплотипи C, D і L; гаплотипи C, G, H; гаплотипи C, G і I; гаплотипи C, I і L; гаплотипи E, G і I; гаплотипи F, G і H; гаплотипи A, C, F і G; гаплотипи C, E, H і I; гаплотипи C, G, H, і I; гаплотипи C, H, I і K; гаплотипи C, H, I і L; гаплотипи E, F, G і H; гаплотипи A, C, G, H і I; гаплотипи B, C, D, G і L; гаплотипи C, E, G, H і I; гаплотипи C, G, H, I і L; гаплотипи A, C, G, H, I і K; гаплотипи C, E, F, G, H, I, J, K і L; гаплотипи C, D, G і M; гаплотипи C, D, L і M; гаплотипи C, G, H і M; гаплотипи C, G, I і M; гаплотипи C, I, L і M; гаплотипи E, G, I і M; гаплотипи F, G, H і M; гаплотипи A, C, F, G і M; гаплотипи C, E, H, I і M; гаплотипи C, G, H, I і M; гаплотипи C, H, I, K і M; гаплотипи C, H, I, L і M; гаплотипи E, F, G, H і M; гаплотипи A, C, G, H, I і M; гаплотипи B, C, D, G, L і M; гаплотипи C, E, G, H, I і M; гаплотипи C, G, H, I, L і M; гаплотипи A, C, G, H, I, K і M і гаплотипи C, E, F, G, H, I, J, K, L і M. В певних варіантах здійснення цього винаходу інбредна чи гібридна рослина *Zea mays* являє собою гібридну рослину, що є гомозиготною щонайменше по одному з гаплотипів A-M.

В певних варіантах здійснення цього винаходу інбредна чи гібридна рослина *Zea mays* має геном, який містить гаплотипи A, C, E, G, H і I, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи B, C, D, E, F, G, H, I і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, D, E, F, G, H і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи B, C, D, G, I і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, D, E, F, G, H, I, J, K і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи A, C, G, H і I, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, E, F, G, H і I, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, D, E, F, G і H, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи D, E, F, G і H, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи A, C, G, H і I, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи A, C, E, G, H, I і K, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, E, G, H, I і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, D, E, G, H, I і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи B, C, D, E, G, H, I і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи A, C, G, H і I, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи A, C, G, H, I і K, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, G, H, I і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, D, G, H, I і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи B, C, D, G, H, I і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи A, C, E, F, G, H і I, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи A, C, E, F, G, H, I і K, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, E, F, G, H, I і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи A, C, E, F, G, H, I, J, K і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи A, C, E, F, G, H, I, J, K і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи B, C, D, E, F, G, H, I, J, K і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи A, C, E, F, G, H і I, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, E, F, G, H, I і K, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, E, F, G, H, I і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи B, C, D, E, F, G, H і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, E,



F, G, H, I, J, K і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, D, G, H і L, факультативно додатково містить гаплотип M; гаплотипи C, E, F, G, H, I і L, факультативно додатково містить гаплотип M; та/або гаплотипи B, C, D, E, G, I і L, факультативно додатково містить гаплотип M.

5 В певних варіантах здійснення цей винахід стосується також гібридних чи інбредних рослин Zea mays, які були модифіковані, щоб ввести в них трансген. В певних варіантах здійснення трансген кодує продукт гену, який забезпечує стійкість до гербіциду, вибраному з гліфосату, сульфонілсечовини, імідазолініну, дікамби, глюфосинату, феноксипропіонової кислоти, циклошексому, триазину, бензонітрилу і броксинілу.

10 В певних варіантах здійснення цей винахід стосується також способів ідентифікації рослин Zea mays, які містять щонайменше один алель, асоційований з оптимізацією водоспоживання, як тут описано. В певних варіантах здійснення такі способи включають: (а) генотипування щонайменше однієї рослини Zea mays щонайменше одним нуклеїново-кислотним маркером, вибраним з послідовностей SEQ ID №: 1-60 і 400 і (b) відбір щонайменше однієї рослини Zea  
15 mays, яка містить алель щонайменше одного з щонайменше одного нуклеїново-кислотних маркерів, зв'язаний з оптимізацією водоспоживання.

В певних варіантах здійснення цей винахід стосується також рослин Zea mays, отриманих інтрогресією локусу алеля, що становить інтерес, асоційованого з ознакою оптимізації водоспоживання, в зародкову плазму Zea mays. В певних варіантах здійснення інтрогресія  
20 включає (а) відбір рослини Zea mays, яка містить алель локусу, асоційованого з ознакою оптимізації водоспоживання, причому локus, асоційований з ознакою оптимізації водоспоживання, містить послідовність нуклеотидів, яка щонайменше на 90% ідентична будь-якій з послідовностей SEQ ID №№: 1-117, 400 і 401, і (b) інтрогресію алеля, що становить інтерес, в зародкову плазму Zea mays, позбавлену даного алеля.

25 В певних варіантах здійснення цей винахід стосується також способів виявлення та/або відбору посухостійкої рослини чи зародкової плазми кукурудзи. В певних варіантах здійснення такі способи включають виявлення в рослині чи зародковій плазмі кукурудзи присутності маркера, асоційованого з підвищеною посухостійкістю, причому маркер вибирається з групи, яка складається з:

30 нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 100 послідовності SEQ ID №: 2, тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 116 послідовності SEQ ID №: 23, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 237  
35 послідовності SEQ ID №: 56, нуклеотиду T в позиції, яка відповідає позиції 173 послідовності SEQ ID №: 57, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 267 послідовності SEQ ID №: 60;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 562 послідовності SEQ ID №: 25, нуклеотиду C в позиції, яка  
40 відповідає позиції 1271 послідовності SEQ ID №: 26, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 111 послідовності SEQ ID №: 51;

нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 100, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає  
45 позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 217 послідовності SEQ ID №: 23, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 746 послідовності SEQ ID №: 24, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, нуклеотиду G в позиції, яка  
50 відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55, і нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58;

делеції нуклеотиду в позиції, яка відповідає позиціям 264-271 послідовності SEQ ID №: 2, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду A в позиції, яка  
55 відповідає позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, и нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID NO: 19, нуклеотиду C в  
60 позиції, яка відповідає позиції 254 послідовності SEQ ID №: 27, нуклеотиду A в позиції, яка

відповідає позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, нуклеотиду Т в позиції, яка відповідає позиції 475 послідовності SEQ ID №: 45, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 516 послідовності SEQ ID №: 56, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 729 послідовності SEQ ID №: 59, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 267 послідовності SEQ ID №: 60;

нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, і нуклеотиду Т в позиції, яка відповідає позиції 173 послідовності SEQ ID №: 57;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 1271 послідовності SEQ ID №: 26, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, і нуклеотиду G позиції, яка відповідає позиції 111 послідовності SEQ ID №: 51;

нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 87 послідовності SEQ ID №: 47, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55;

нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду Т в позиції, яка відповідає позиції 475 послідовності SEQ ID №: 45, і нуклеотида G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7; нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, і нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46;

нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48,

та їх комбінацій, у такий спосіб виявляючи та/або відбираючи посухостійку рослину чи зародкову плазму кукурудзи.

Таким чином, задача розкритого в даному документі об'єкта винаходу стосується способів перенесення однієї чи більше ознак оптимізації водоспоживання в зародкову плазму кукурудзи.

Вищенаведена задача розкритого в даному документі об'єкта винаходу в цілому чи частково досягається розкритим в даному документі об'єктом винаходу; інші цілі стануть очевидними по мірі подальшого опису, як краще за все описано далі.

Короткий опис малюнків

На Фіг. 1 графічно представлені алелі, присутні в кількох локусах певних сортів кукурудзи, застосованих в протоколах розведення, описаних в даному документі.

На Фіг. 2 графічно представлені гаплотипи гомозиготних ліній рослин, отриманих від схрещування NP2391 і CML333 («гомозиготна CML333-» і «гомозиготна CML333+»), і гібридних ліній F1, отриманих від схрещування кожної з вищезгаданих гомозиготних ліній NP2460 («CML333-» і «CML333+»). Малими літерами позначені алелі, успадковані від донорської лінії CML322. Великими літерами позначені алелі, успадковані від NP2391 чи NP2460.

На Фіг. 3 графічно представлені гаплотипи гомозиготних ліній рослин, отриманих від схрещування NP2391 і CML322 («гомозиготна CML322-» і «гомозиготна CML322+»), і гібридних ліній F1, отриманих від схрещування кожної з вищезгаданих гомозиготних ліній NP2460 («CML322-» і «CML322+»). Малими літерами позначені алелі, успадковані від донорської лінії CML322. Великими літерами позначені алелі, успадковані від NP2391 чи NP2460.

На Фіг. 4 графічно представлені гаплотипи гомозиготних ліній рослин, отриманих від схрещування NP2391 і Cateto SP VII («гомозиготна Cateto-» і «гомозиготна Cateto +») і

гібридних ліній F1, отриманих від схрещування кожної з вищезгаданих гомозиготних ліній NP2460 («Cateto-» і «Cateto+»). Малими літерами позначені алелі, успадковані від донорської лінії Cateto SP VII. Великими літерами позначені алелі, успадковані від NP2391 чи NP2460.

5 На Фіг. 5 графічно представлені гаплотипи гомозиготних ліній рослин, отриманих від схрещування NP2391 і Confite Милиоcho AYA 38 («гомозиготна Confite-» і «гомозиготна Confite+»), і гібридних ліній F1, отриманих від схрещування кожної з вищезгаданих гомозиготних ліній NP2460 («Confite-» і «Confite+»). Малими літерами позначені алелі, успадковані від донорської лінії Confite Милиоcho AYA 38. Великими літерами позначені алелі, успадковані від NP2391 чи NP2460.

10 На Фіг. 6 графічно представлені гаплотипи гомозиготних ліній рослин, отриманих від схрещування NP2391 і Тухрепо VEN 692 («гомозиготна Тухрепо-» і «гомозиготна Тухрепо+») і гібридних ліній F1, отриманих від схрещування кожної з вищезгаданих гомозиготних ліній NP2460 («Тухрепо-» і «Тухрепо+»). Малими літерами позначені алелі, успадковані від донорської лінії Тухрепо VEN 692. Великими літерами позначені алелі, успадковані від NP2391 чи NP2460.

15 Для кожної з Фіг. 1-6 алелі являють собою наступне:

Алель	Позиція нуклеотиду і SEQ ID №:
1	позиція 87 SEQ ID №: 47
2	позиція 386 SEQ ID №: 46
3	позиції 4979-4981 SEQ ID №: 7
4	позиція 4641 SEQ ID №: 7
5	позиція 472 SEQ ID №: 48
6	позиція 237 SEQ ID №: 56
7	позиція 516 SEQ ID №: 56
8	позиція 266 SEQ ID №: 44
9	позиція 475 SEQ ID №: 45
10	позиція 173 SEQ ID №: 57
11	позиція 746 SEQ ID №: 24
12	позиція 391 SEQ ID №: 33
13	позиція 258 SEQ ID №: 29
14	позиція 217 SEQ ID №: 23
15	позиція 116 SEQ ID №: 23
16	позиція 463 SEQ ID №: 19
17	позиція 309 SEQ ID №: 19
18	позиції 264-271 SEQ ID №: 2
19	позиція 100 SEQ ID №: 2
20	позиція 486 SEQ ID №: 58
21	позиція 111 SEQ ID №: 51
22	позиція 254 SEQ ID №: 27
23	позиція 729 SEQ ID №: 59
24	позиція 267 SEQ ID №: 60
25	позиція 562 SEQ ID №: 25
26	позиція 1271 SEQ ID №: 26
27	позиція 193 SEQ ID №: 55

Короткий опис переліку послідовностей

20 Даний опис містить велику кількість нуклеотидних та/або амінокислотних послідовностей. Протягом всього опису і супроводжуючого переліку послідовностей для ідентифікації нуклеотидів застосовується стандарт BOIB ST.25 (1998, в подальшому «Стандарт ST.25»). Даний стандарт ідентифікації нуклеотидів наведено далі:

Таблиця 2

Назва нуклеотидів за стандартом BOIB ST.25

Символ	Значення	Символ	Значення
a	a	k	g або t/u
c	c	s	g або c
g	g	w	a або t/u
t	t	b	g або c або t/u
u	u	d	a або g або t/u
r	g або a	h	a або c або t/u
v	t/u або c	v	a або g або c
m	a або c	n	a або g або c або t/u, невідоме, інше або відсутнє

В певних випадках супроводжуючий перелік послідовностей включає одне чи більше конкретно вказаних визначень для деяких нуклеотидних позицій, як викладено в рядках від <220> до <223> відповідних записів переліку послідовностей. Наприклад, якщо у відповідності до стандарту ST.25 нуклеотид «n» звичайно замінюють будь-якою літерою з a, c, g чи t, то в послідовності SEQ ID №: 2 відмічається, що послідовність «nnnnnnnn» в нуклеотидних позиціях 264-271 визначається так, щоб показувати присутність чи відсутність послідовності нуклеотидів «CACCAAGG». Аналогічно, в послідовності SEQ ID №: 5 відмічається, що послідовність «nnnn» в нуклеотидних позиціях 818-821 визначається так, щоб показувати присутність чи відсутність послідовності нуклеотидів «CGCG». Отже, в той час, як у всьому цьому описі необхідно дотримуватись стандарту ST.25, Заяви s і переліку послідовностей, певні послідовності, наведені тут, являють собою конкретні відхилення від стандарту ST.25 і мають відповідне позначення.

Додатково, незалежно від того, дістало це конкретне позначення чи ні, для кожного читання «n» в переліку послідовностей слід розуміти, що будь-який окремий «n» (включно всі чи певні n в послідовності послідовних n) може являти собою a, c, g, t/u, невідомий чи інший нуклеотид або його відсутність. Таким чином, коли в переліку послідовностей конкретно не визначене протилежне, то в певних варіантах здійснення цього винаходу «n» може не являти собою нуклеотид. Наприклад, послідовність SEQ ID №: 7 містить ряд з 52-х n між нуклеотидами 4549 і 4600, включно. Зрозуміло, що один чи більше даних n можуть бути відсутніми, включаючи, але не обмежуючись ними, всі 52 n чи будь-яку їх підмножину.

SEQ ID №: 1 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання Zmlga4, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з хромосоми 8 генома Zea mays за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.

SEQ ID №: 2 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з хромосоми 8 генома Zea mays за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.

SEQ ID №: 3 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання ZmDr1, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з генома Zea mays за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.

SEQ ID №: 4 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання ZmDrA, кодує залежний від напруги аніонний канал, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з хромосоми 7 генома Zea mays за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.







SEQ ID №: 53 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання ZmDrL, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з хромосоми 9 генома *Zea mays* за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.

5 SEQ ID №: 54 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання ZmDrM, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з хромосоми 7 генома *Zea mays* за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.

10 SEQ ID №: 55 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання *Zea mays*, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з хромосоми 8 генома *Zea mays* за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.

15 SEQ ID №: 56 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання *Zea mays*, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з хромосоми 8 генома *Zea mays* за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.

20 SEQ ID №: 57 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання *Zea mays*, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з хромосоми 8 генома *Zea mays* за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.

SEQ ID №: 58 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання *Zea mays*, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з хромосоми 8 генома *Zea mays* за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.

25 SEQ ID №: 59 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання *Zea mays*, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з хромосоми 8 генома *Zea mays* за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.

30 SEQ ID №: 60 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання *Zea mays*, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з хромосоми 8 генома *Zea mays* за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.

35 SEQ ID №: 400 являє собою нуклеотидну послідовність, яка зв'язана з локусом оптимізації водоспоживання *Zea mays*, підпослідовності якої можуть бути ампліфіковані з хромосоми 4 генома *Zea mays* за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з праймерами ампліфікації, як показано далі в Таблиці 4.

40 SEQ ID №№: 61-117 і 401 являють собою нуклеотидні послідовності в базі даних GenBank® (доступної через Інтернет на сайті Національного центру біотехнологічної інформації (NCBI) Національних інститутів здоров'я, США), які відповідають (тобто, походять з того самого хромосомного локусу в *Zea mays*), послідовностям SEQ ID №№: 1-60 і 400. Відношення між послідовностями SEQ ID №№: 1-60 і 400 та SEQ ID №№: 61-117 і 401 наведені далі в Таблиці 3.

Таблиця 3

Послідовності в базі даних GenBank®,  
що відповідають послідовностям SEQ ID №№: 1-60 і 400

SEQ ID №.	Номер доступу GENBANK®	Відповідні нуклеотиди *	SEQ ID №. відповідних нуклеотидів
1	AC214546.3	79631-80177	61
2	AC206432.3	76561-76072	62
3	AC218964.2	18179-18598	63
4	AC198035.3	158268-157254	64
5	AC204020.3	180680-179781	65
6	AC206638.3	120959-121302	66
7	AC206220.1	197895-190521	67
8	AC213636.3	7053-6486	68
9	AC184130.4	28529-28053	69
10	AC186650.4	44576-75791	70
11	AC214515.3	46309-46830	71



Продовження таблиці 3

12, 13	AC211214.4	215368-214930	72
14	AC199476.4	103707-103339	73
15	AC213668.4	30778-29943	74
16	AC196196.4	76499-75481	75
17	AC214144.3	162815-162317	76
18	AC190915.3	6402-5517	77
19	AC209819.3	153562-152716	78
20	AC187243.3	135331-136145	79
21	AC203390.3	86249-86674	80
22	AC195458.3	170810-171228	81
23	AC201782.4	26367-27234	82
24	AC218166.3	71588-72496	83
25	AC194405.3	40048-39222	84
26	AC213631.3	77810-79676	85
27	AC217937.3	111822-111263	86
28	AC211740.4	24016-14511	87
29	AC199040.3	88703-89626	88
30	AC203943.3	104038-102899	89
31	AC210725.4	219394-219870	90
32	AC231410.4	60838-60463	91
33	AC195798.3	48792-47973	92
34	AC183820.4	23492-22810	93
35	AC214256.3	19884-20648	94
36	AC214345.3	27168-26399	95
37	AC198140.3	149518-149097	96
38	AC204009.3	60314-59762	97
39	AC205343.3	136853-136242	98
40	AC196429.3	5293-5956	99
41	AC206638.3	118845-119524	100
42	AC191554.3	29279-28345	101
43	AC197489.3	40538-39734	102
44, 45	AC212232.3	61043-62624	103
46	AC187869.3	65344-64604	104
47	AC212049.4	47472-46845	105
48	AC194834.3	115968-117051	106
49	AC187038.3	139008-139936	107
50, 51	AC212049.4	54492-53643	108
52	AC202148.4	92457-93062	109
53	AC194911.4	42128-41419	110
54	AC195167.2	55324-56161	111
55	AC202530.4	20157-19337	112
56	AC218457.2	26390-27041	113
57	AC195989.4	114536-115181	114
58	AC207558.3	122483-121881	115
59	AC204398.3	137510-138350	116
60	AC211925.4	71848-71390	117
400	AC196429.3	5293-5956	401

5 \* Цифри в даній колонці, що йдуть від меншого значення до більшого, показують, що запис в базі даних GenBank® відповідає послідовності нуклеотидів з того ж ланцюга, що й у відповідній послідовності, представлений в SEQ ID №№: 1-60 і 400. Для тих записів, в яких цифри в даній колонці йдуть від більшого значення до меншого значення, нуклеотидна послідовність, наведена в запису бази даних GenBank®, являє собою зворотний комплемент нуклеотидної послідовності, що відповідає послідовностям SEQ ID №№: 1-60 і 400.

Послідовності SEQ ID №№: 61-117 і 401 були додані до бази даних GenBank® центром Genome Sequencing Center, Washington University School of Medicine в Сент-Луїсі, штат Міссурі, США. Як вказано в анотаціях до цих записів в базі даних, ці послідовності були частиною зусиль консорціуму The Maize Sequencing Consortium по секвенуванню генома Zea mays. Наразі зусилля по секвенуванню не завершені, і різні ділянки генома Zea mays залишаються не секвенованими та/або послідовності не були впорядковані (чи потенційно, їх впорядкованість була порушена) в базі даних GenBank®.

В таблиці 4 перелічені SEQ ID № послідовностей для олігонуклеотидів, які можуть бути використані для ампліфікації нуклеїнових кислот Zea mays, отриманих з локусів, що відповідають послідовностям SEQ ID №№: 1-117, 400 і 401, і наведені приклади ампліконів, які продукуються у такий спосіб. В Таблиці 4 наведена позиція нуклеотиду в кожній послідовності локусів послідовностей SEQ ID №№: 1-60, яка стосується поліморфізму (в певних варіантах здійснення винаходу – SNP), що асоціюється з ознакою оптимізації водоспоживання, а також відповідна позиція нуклеотиду для поліморфізму в кожному ампліконі.

Таблиця 4

SEQ ID № для олігонуклеотидів, які можуть бути використані для ампліфікації та/або аналізу локусів Zea mays, які відповідають послідовностям SEQ ID №№: 1-117, 400 і 401

Локус (SEQ ID №.)	Приклади праймерів ампліфікації (SEQ ID №)	Позиція(ї) SNP послідовності SEQ ID №№: 1-60	Приклади праймерів, використовуваних для аналізу (SEQ ID №)
1, 61	118 і 119	115 270 301 483	232, 233
2, 62	120 і 121	100 264-271	348, 349 346, 347
3, 63	122 і 123	216	234, 235
4, 64	124 і 125	503	236, 237
5, 65	126 і 127	818-821	238, 239
6, 66	128 і 129	254	240, 241
7, 67	130 і 131	4497-4498 4505 4609 4641  4792 4836 4844 4969 4979-4981	246, 247    244, 245 352, 353 248, 249 250, 251  242, 243 350, 351
8, 68	132 і 133	217 390 477	252, 253
9, 69	134 і 135	292	254, 255
10, 70	136 і 137	166	256, 257
11, 71	138 і 139	148	258, 259
12, 13, 72	140 і 141	94 (12) 35 (13) 86 (13) 89 (13)	260, 261 262, 263 264, 265 266, 267
14, 73	142 і 143	432	268, 269
15, 74	144 і 145	753	270, 271
16, 75	146 і 147	755	272, 273
17, 76	148 і 149	431	274, 275
18, 77	150 і 151	518	276, 277

Продовження таблиці 4

19, 78	152 і 153	182 309  330 463	280, 281 282, 283 356, 357  278, 279 354, 355
20, 79	154 і 155	773-776	284, 285
21, 80	156 і 157	61 200 316-324	286, 287
22, 81	158 і 159	211	288, 289
23, 82	160 і 161	116 217	360, 361 358, 359
24, 83	162 і 163	746	362, 363
25, 84	164 і 165	562	290, 291 364, 365
26, 85	166 і 167	1271	366, 367
27, 86	168 і 169	64 254	292, 293 368, 369
28, 87	170 і 171	98 147 224 496	294, 295
29, 88	172 і 173	258	370, 371
30, 89	174 і 175	259 296 398 1057	298, 299  296, 297
31, 90	176 і 177	239	300, 301
32, 91	178 і 179	208	302, 303
33, 92	180 і 181	391	372, 373
34, 93	182 і 183	144-145 169 537	304, 305 308, 309 306, 307
35, 94	184 і 185	76	310, 311
36, 95	186 і 187	500 568 698	312, 313
37, 96	188 і 189	375 386	316, 317 314, 315
38, 97	190 і 191	309 342	318, 319 320, 321
39, 98	192 і 193	445	322, 323
40, 99	194 і 195	602	324, 325
41, 100	196 і 197	190 580	326, 327 328, 329
42, 101	198 і 199	238 266-268 808	330, 331
43, 102	200 і 201	708	332, 333
44, 45, 103	202 і 203	266 (44) 475 (45)	374, 375 376, 377
46, 104	204 і 205	386	378, 379
47, 105	206 і 207	87	380, 381
48, 106	208 і 209	472	382, 383

Продовження таблиці 4

49, 107	210 і 211	166 24 650 892	334, 335
50, 51, 108	212 і 213	111 (51) 541 (50)	384, 385 336, 337
52, 109	214 і 215	442	338, 339
53, 110	216 і 217	83 428 491 548	342, 343 340, 341
54, 111	218 і 219	126	344, 345
55, 112	220 і 221	193	386, 387
56, 113	222 і 223	237 516	388, 389 390, 391
57, 114	224 і 225	173	392, 393
58, 115	226 і 227	486	394, 395
59, 116	228 і 229	729	396, 397
60, 117	230 і 231	267	398, 399
400, 401	402, 403; 404, 405; 406, 407	83 119 601	408, 409; 410, 411; 412, 413

Як видно з Таблиць 3 і 4, деякі з послідовностей SEQ ID №№: 1-399 є пов'язаними одна з одною. Наприклад, SEQ ID №: 1 являє собою нуклеотидну послідовність із *Zea mays*, яку було картовано в локусі *Zmlga4* на хромосомі 8 *Zea mays*. Підпослідовність SEQ ID №: 1 може бути ампліфікована в реакції ампліфікації (наприклад, ПЛР) для отримання амплікону за допомогою олігонуклеотидів, що мають нижченаведені послідовності SEQ ID №№: 118 і 119. В позиції 270 послідовності SEQ ID №: 1 знаходиться SNP, і конкретний нуклеотид, присутній в будь-якому зразку нуклеїнової кислоти в даній позиції, можна визначити за допомогою олігонуклеотидів, які мають нижченаведені послідовності SEQ ID №№: 232 і 233.

Крім того, номер доступу GenBank® AC214546.3 включає підпослідовність (наприклад, нуклеотиди 79,631-80,177; послідовність SEQ ID №: 61), яка сама є дуже подібною до послідовності SEQ ID №: 1 (з 538 ідентичними нуклеотидами з 552 нуклеотидів, відсоток ідентичності становить 98%) і, відповідно, є присутньою в тому ж локусі, з якого походить послідовність SEQ ID №: 1. Відмінності між цими двома послідовностями (які можна виявити за допомогою алгоритму BLAST, алгоритму ClustalX чи будь-якого іншого придатного способу аналізу) можуть бути віднесені на рахунок нормальної мінливості в межах популяцій *Zea mays*. Підпослідовність SEQ ID №: 61 також можна ампліфікувати в реакції ампліфікації (наприклад, ПЛР) для отримання амплікону за допомогою олігонуклеотидів, що мають нижченаведені послідовності SEQ ID №№: 118 і 119. Олігонуклеотиди, що мають нижченаведені послідовності SEQ ID №№: 232 і 233, також можуть бути використані для аналізу нуклеотидної основи, яка знаходиться в положенні, що відповідає позиції 270 послідовності SEQ ID №: 1.

Для послідовностей SEQ ID №№: 2-399 аналогічні взаємовідносини існують з вищеописаними послідовностями SEQ ID NO:, і спеціаліст в даній галузі зможе ідентифікувати їх за допомогою звичайних способів аналізу послідовностей. Слід зазначити, що у відношенні певних послідовностей SEQ ID №№: 1-60, 400 повна нуклеотидна послідовність геномного клону, яка включає послідовність повного розміру, що відповідає даним послідовностям, можливо, ще не була додана консорціумом The Maize Sequencing Consortium до бази даних GenBank®. Тим не менш, за допомогою інформації про послідовності, наведеній тут, спеціаліст в даній галузі зможе однозначно ідентифікувати локуси *Zea mays*, які відповідають послідовностям SEQ ID №№: 1-117.

Докладний опис винаходу

Описаний в даному документі об'єкт винаходу стосується композицій і способів для виявлення, відбору та/або отримання кукурудзи з підвищеною посухостійкістю (яка називається тут також оптимізацією водоспоживання), а також рослин кукурудзи, виявлених, відібраних та/або отриманих будь-яким способом за цим винаходом. До того ж, описаний в даному

документі об'єкт винаходу стосується рослин і зародкової плазми кукурудзи, що мають в своїх геномах один чи більше маркерів, які асоціюються з підвищеною посухостійкістю.

Для оцінки значення алелів та/або гаплотипів при посузі проводився скринінг різних зразків зародкової плазми в контрольованих польових експериментах, які включали контрольну обробку з повним зрошенням і експериментальну обробку з обмеженим зрошенням. Мета обробки з повним зрошенням полягала в забезпеченні того, щоб вода не обмежувала продуктивність врожаю. З іншого боку, мета обробки з обмеженим зрошенням полягала в забезпеченні того, щоб вода стала основним обмежуючим чинником для урожайності зерна. Основні діючі чинники (наприклад, обробка і генотип) і їх взаємодія (наприклад, генотип х обробка) можуть бути виявлені, коли ці два види обробки застосовуються поряд один з одним на даному полі. Більше того, для кожного генотипу в панелі кількісно оцінювався викликаний посухою фенотип, що дозволяло проводити асоціації маркер: ознака.

На практиці спосіб обробки з обмеженим зрошенням може широко варіювати в залежності від зародкової плазми, яка піддається скринінгу, типу ґрунту, кліматичних умов на місці, режиму зрошення перед початком сезону і режиму зрошення в сезон і т.п. Спочатку визначають місце, де в сезон кількість опадів невелика (щоб звести до мінімуму ймовірність ненавмисного зрошення) і яке є придатним для вирощування сільськогосподарських культур. Крім того, може бути важливим визначення строків стресового впливу з метою забезпечення постійності скринінгу в даному місці з року в рік чи від ділянки до ділянки. Також може враховуватись інтенсивність обробки або, в певних випадках, бажана втрата врожаю в результаті обробки з обмеженим зрошенням. Вибір надто легкої інтенсивності обробки може завадити виявленню мінливості генотипу. Вибір надто тяжкої інтенсивності обробки може призводити до занадто великої експериментальної похибки. Як тільки визначені строки стресового впливу і рівень інтенсивності обробки, може здійснюватись зрошення у такий спосіб, щоб це відповідало поставленим цілям.

#### I. Визначення

Хоча можна вважати, що використовувані тут терміни є добре зрозумілими спеціалісту в цій галузі, наступні визначення наведені для того, щоб полегшити пояснення описаного в даному документі об'єкта винаходу.

Всі наукові і технічні терміни, використані в даному документі, якщо не зазначається інше, мають те саме значення, яке звичайно є зрозумілим для спеціаліста в цій галузі. Посилання на способи, застосовувані в даному документі, призначені для позначення способів, як звичайно розуміють в даній галузі, в тому числі варіацій даних способів чи заміни еквівалентних способів, які були б очевидними для спеціалістів в цій галузі. Хоча можна вважати, що використовувані тут терміни є добре зрозумілими спеціалісту в цій галузі, наступні визначення наведені для того, щоб полегшити пояснення описаного в даному документі об'єкта винаходу.

У відповідності до давньої конвенції щодо норм патентного права, невизначений артикль «а», невизначений артикль «an» і визначений артикль «the» стосуються «одного чи більше», коли використовуються в даній заявці, у формулі винаходу включно. Наприклад, термін «маркер» стосується одного чи більше маркерів. Аналогічним чином, вираз «щонайменше один», використаний тут для визначення якогось предмету, стосується, наприклад, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 75, 100 чи більше таких предметів, включаючи, але не обмежуючись ними, цілі значення числа від 1 до 100 і більше, ніж 100.

Коли не вказується інше, має бути зрозумілим, що всі цифри, які стосуються кількості інгредієнтів, умов реакції і т.п., наведені в описі і формулі винаходу, у всіх випадках модифікуються терміном «біля». Термін «біля», як він використовується в цьому документі, коли йдеться про вимірювану величину, таку як кількість маси, вага, час, об'єм, концентрація чи відсоток, призначений для того, щоб охоплювати коливання цієї величини, які в певних варіантах здійснення цього винаходу становлять  $\pm 20\%$ , в певних варіантах здійснення цього винаходу становлять  $\pm 10\%$ , в певних варіантах здійснення цього винаходу становлять  $\pm 5\%$ , в певних варіантах здійснення цього винаходу становлять  $\pm 1\%$ , в певних варіантах здійснення цього винаходу становлять  $\pm 0,5\%$ , а в певних варіантах здійснення цього винаходу становлять  $\pm 0,1\%$  від вказаної кількості, оскільки такі коливання відповідають виконанню описаних способів. Відповідно, коли не вказується інше, наведені в описі і формулі винаходу цифри є приблизними і можуть варіювати в залежності від бажаних властивостей, яких має набути описаний в даному документі об'єкт винаходу.

Термін «та/або» означає і охоплює будь-які можливі комбінації одного чи більше асоційованих перелічених елементів, а також відсутність їх комбінації при його інтерпретації як протипоставлення («або»).

Використовуваний тут термін «алель» стосується варіанту чи альтернативної форми послідовності в генетичному локусі. В диплоїдах один алель в кожному локусі успадковується потомком окремо від кожного з батьків. Два алелі даного локусу, присутнього в диплоїдному організмі, займають відповідні місця на парі гомологічних хромосом, хоча спеціалісту в цій галузі має бути зрозуміло, що алелі у будь-якого конкретного індивіда не обов'язково представляють всі алелі, які має даний вид.

Термін «інтервал часу між випусканням пилку і фазою викидання маточкових стовпчиків» (ASI) стосується різниці між тим, коли рослина починає скидати пилок і коли в неї починається фаза викидання маточкових стовпчиків (у жіночих особин). Дані збираються по кожній ділянці. В певних варіантах здійснення цього винаходу цей інтервал виражається в днях.

Вираз «асоційований з» стосується взаємовідношення між двома суб'єктами, яке пізнається чи оцінюється. Наприклад, «асоційований з ознакою оптимізації водоспоживання» стосується ознаки, локусу, гену, алеля, маркеру, фенотипу і т.п. чи їх експресії, присутності чи відсутності яких може впливати на ступінь, рівень та/або швидкість, з якою росте рослина, що становить інтерес, чи її частина, яка володіє ознакою оптимізації водоспоживання. Отже, маркер є «асоційованим з» ознакою, коли він є зв'язаним з нею і коли присутність маркера є індикатором того, чи зустрічається бажана ознака чи форма ознаки та/або в якому ступені бажана ознака чи форма ознаки будуть зустрічатись в рослині/зародковій плазмі, що містить маркер. Аналогічним чином, маркер є «асоційованим з» алелем, коли він є зв'язаним з ним і коли присутність маркера є індикатором того, чи присутній алель в рослині/зародковій плазмі, що містить маркер. Наприклад, «маркер, асоційований з підвищеною посухостійкістю» стосується маркера, присутності чи відсутності якого може бути використана для передбачення того, чи буде і в якій мірі посухостійким фенотип рослини.

Використовувані тут терміни «беккрос» чи «зворотне схрещування» стосуються способу, який передбачає повторне зворотне схрещування рослини-потомка з одним з його батьків. В схемі зворотного схрещування батько-«донор» стосується батьківської рослини з бажаним геном чи локусом, який потрібно інтрогресувати. Батько-«реципієнт» (використовується один чи більше разів) або «рекурентний» батько (використовується два чи більше разів) стосується батьківської рослини, в якому ген чи локус є інтрогресованим. Наприклад, дивись Ragot, M. et al. Marker-assisted Backcrossing: A Practical Example, in Techniques et Utilisations des Marqueurs Moleculaires Les Colloques, Vol. 72, pp. 45-56 (1995); і Openshaw et al., Marker-assisted Selection in Backcross Breeding, in Proceedings of the Symposium "Analysis of Molecular Marker Data," pp. 41-43 (1994). Початкове схрещування дає покоління F1. Термін «BC1» стосується другого використання рекурентного батька, «BC2» стосується третього використання рекурентного батька і т.д. В певних варіантах здійснення цього винаходу беккрос проводять повторно з індивідуальним потомком кожного наступного беккрос-покоління, який сам є зворотно схрещеним з тим самим батьківським генотипом.

Сантиморганіда («сМ») – це одиниця вимірювання частоти рекомбінації. Одна сМ дорівнює 1% ймовірності того, що маркер в одному генетичному локусі буде відділеним від маркера у другому локусі завдяки кросинговеру в одному поколінні.

Використовуваний тут термін «хромосома» застосовується у визнаному в даній галузі значенні самовідтворювальної генетичної структури в клітинному ядрі, що містить клітинну ДНК і має в своїй нуклеотидній послідовності лінійний набір генів. Номери хромосом Zea mays, описані тут, відносяться до номерів хромосом, наведених в роботі Perin et al., 2002, яка базується на номенклатурній системі, прийнятій L'institut National de la Recherche Agronomique (INRA; Paris, Франція).

Використовуваний тут вираз «консенсусна послідовність» стосується послідовності ДНК, сконструйованої для ідентифікації нуклеотидних відмінностей (наприклад, поліморфізмів SNP і Indel) в алелях в локусі. Консенсусна послідовність може являти собою нитку ДНК в локусі і визначає нуклеотид(и) в одній чи більше позиціях (наприклад, в одному чи більше SNP та/або в одному чи більше Indel) в локусі. В певних варіантах здійснення цього винаходу консенсусна послідовність використовується для розробки олігонуклеотидів і зондів для виявлення поліморфізмів у локусі.

Термін «містить», який є синонімом слова «включає», «складається» чи «характеризується», є інклюзивним чи відкритим поняттям, яке не виключає додаткових, припустимих елементів та/або стадій здійснення способу. «Містить» - це термін з галузі техніки, який означає, що названі елементи та/або стадії є присутніми, але що інші елементи та/або стадії можуть бути додані і також входять в об'єм відповідного об'єкта винаходу.

Використовуваний тут вираз «складається з» виключає будь-який елемент, стадію чи інгредієнт, який конкретно не згадується. Наприклад, коли вираз «складається з» з'являється в

пункті формули винаходу, а не відразу після преамбули, він обмежує тільки елемент, викладений в даному пункті, інші ж елементи не виключаються з формули винаходу в цілому.

Використовуваний тут вираз «складається в основному з» обмежує об'єм відповідного опису чи претензій вказаними матеріалами та/або стадіями, а також тими матеріалами та/або стадіями, які суттєво не впливають на основну(і) і нову(і) характеристику(и) описаного та/або заявленого об'єкта. Наприклад, описаний в даному документі об'єкт винаходу в певних варіантах здійснення цього винаходу стосується інтрогресії сприятливих алелів та/або гаплотипів в рослини кукурудзи. Один локус, який містить деякі сприятливі алелі та/або гаплотипи, представлений послідовністю SEQ ID №: 7, яка включає дев'ять (9) різних поліморфізмів, наведених в даному документі, з дев'ятьма різними сприятливими алелями. Для будь-якого даного інтрогресивного зусилля по відношенню до генетичного локусу, який відповідає послідовності SEQ ID №: 7, даний спосіб може «складатись в основному з» інтрогресії виявленого сприятливого алеля, вибраного з дев'яти даних поліморфних розташувань, що означає, що згаданий сприятливий алель є єдиним сприятливим алелем, інтрогресованим в геном потомства. Слід зазначити, однак, що додаткові поліморфні локуси також будуть інтрогресуватись в геном, хоча наслідки такої інтрогресії можуть бути невідомими або можуть не становити інтересу.

У відношенні термінів «містить», «складається в основному з» і «складається з», коли один з даних трьох термінів використовується тут, описаний в цьому документі і заявлений об'єкт може включати застосування також будь-якого з двох інших термінів. Наприклад, описаний в даному документі об'єкт винаходу в певних варіантах здійснення цього винаходу стосується олігонуклеотидних праймерів, що містять будь-яку з послідовностей SEQ ID №№: 118-399 і 402-413. Зрозуміло, отже, що описаний в даному документі об'єкт винаходу, містить також олігонуклеотидні праймери, які в певних варіантах здійснення цього винаходу складаються в основному з будь-якої з послідовностей SEQ ID №№: 118-399 і 402-113, а також олігонуклеотидних праймерів, які в певних варіантах здійснення цього винаходу містять будь-яку з послідовностей SEQ ID №№: 118-399 і 402-113. Аналогічним чином, має бути зрозумілим також, що в певних варіантах здійснення цього винаходу способи описаного в даному документі об'єкта винаходу включають стадії, описані тут, в певних варіантах здійснення цього винаходу способи описаного в даному документі об'єкта винаходу складаються в основному зі стадій, які описані, і в певних варіантах здійснення цього винаходу способи описаного в даному документі об'єкта винаходу складаються зі стадій, які описані в даному документі.

Використовувані тут терміни «схрещування» чи «схрещені» стосуються злиття гамет через запилення, щоб дати потомство (наприклад, клітини, насіння чи рослини). Ці терміни охоплюють як статеве схрещування (запилення однієї рослини другою), так і самосхрещування (самозапилення, наприклад, коли пилок і яйцеклітина походять від однієї і тієї ж рослини). Термін «схрещувати» стосується акту злиття гамет через запилення для отримання потомства.

Використовувані тут терміни «сорт» і «різновид» стосуються групи аналогічних рослин, які можна відрізнити від інших сортів в межах одного виду за структурними і генетичними особливостями та/або продуктивністю.

Використовувані тут терміни «бажаний алель» і «алель, що становить інтерес» застосовуються взаємозамінно для позначення алеля, асоційованого з бажаною ознакою. В певних варіантах здійснення цього винаходу вирази «бажаний алель» та/або «алель, що становить інтерес» можуть бути пов'язані зі збільшенням чи зі зменшенням даної ознаки або в даній ознаці, в залежності від характеру бажаного фенотипу. В певних варіантах здійснення цього винаходу вирази «бажаний алель» та/або «алель, що становить інтерес» можуть бути пов'язані зі зміною в морфології, кольорі і т.п.

Використовувані тут терміни «посухостійкість» і «посухостійкий» стосуються здатності рослин переносити посуху та/або квітнути в умовах посухи. При використанні у відношенні зародкової плазми ці термін стосуються здатності рослини, яка проростає з зародкової плазми, переносити посуху та/або квітнути в умовах посухи. Звичайно рослину чи зародкову плазму визначають як «посухостійкі», коли вони демонструють «підвищену посухостійкість».

Використовуваний тут термін «підвищена посухостійкість» стосується поліпшення, підвищення чи збільшення в одному чи більше фенотипах оптимізації водоспоживання, у порівнянні з однією чи більше контрольними рослинами (наприклад, один чи обидва батьки або рослина, у якої відсутній маркер, асоційований з підвищеною посухостійкістю). Приклади фенотипів оптимізації водоспоживання включають, не обмежуючись ними, урожайність зерна при стандартному відсотку вологості (YGSMN), вологість зерна в період збирання врожаю (GMSTP), вага зерна на ділянку (GWTPN), відсоток відновлення врожайності (PYREC), зниження врожайності (YRED), інтервал часу між скиданням пилку і фазою викидання

маточкових стовпчиків (ASI) і відсоток безплідних рослин (PB). Таким чином, рослина, яка демонструє більш високий YGSMN, ніж один чи обидва його батьки, коли кожний з них є вирощеним в умовах посухи, відображає підвищену посухостійкість і може бути визначена як «посухостійка».

5 Використовувані тут терміни «еліта» і «елітна лінія» стосуються будь-якої лінії, яка являється по суті гомозиготною і є результатом виведення і селекції з метою досягнення бажаної агрономічної продуктивності.

Використовуваний тут термін «ген» стосується одиниці, що успадковується, яка включає послідовність ДНК, займає конкретне місце на хромосомі і містить генетичну інструкцію для специфічної характерної риси чи ознаки в організмі.

10 «Генетична карта» являє собою опис обумовлених зчепленням генів взаємовідношень між локусами на одній чи більше хромосомах в межах даного виду, який звичайно представляють в схематичній чи табличній формі. Для кожної генетичної карти відстані між локусами вимірюються частотами рекомбінації між ними. Рекомбінації між локусами можуть виявлятися за допомогою різних маркерів. Генетична карта є продуктом популяції, що картується, типів застосованих маркерів і поліморфного потенціалу кожного маркера між різними популяціями. 15 Порядок локусів і генетичні відстані між ними можуть відрізнитись від однієї генетичної карти до іншої.

Використовуваний тут вираз «генетичний маркер» стосується послідовності нуклеїнових кислот (наприклад, поліморфної послідовності нуклеїнових кислот), яку було ідентифіковано як асоційовану з локусом чи алелем, що становить інтерес, і яка вказує на присутність чи відсутність локусу чи алеля, що становить інтерес, в клітині чи організмі. Приклади генетичних маркерів включають, не обмежуючись ними, гени, ДНК- чи РНК-похідні послідовності, промотори, будь-які не трансльовані ділянки гену, мікроРНК, siRNA, QTL, трансгени, мРНК, 25 dsРНК, транскрипційні профілі і паттерни метилування.

Використовуваний тут термін «генотип» стосується генетичної конституції індивіда (чи групи індивідів) в одному чи більше генетичних локусах, в протилежність спостережуваній та/або виявленій та/або проявленій ознаці (фенотипу). Генотип визначається алелем (алелями) та/або гаплотипом (гаплотипами) одного чи більше відомих локусів, які індивід успадкував від своїх 30 батьків. Термін генотип може бути застосований для позначення генетичної конституції індивіда в одному локусі, в кількох локусах або, більш широко, термін генотип може бути застосований для позначення генетичної будови індивіда для всіх генів в його геномі. Генотипи можуть бути охарактеризовані побічно, наприклад за допомогою маркерів, та/або охарактеризовані безпосередньо секвенуванням послідовності нуклеїнових кислот.

35 Використовуваний тут термін «зародкова плазма» стосується генетичного матеріалу індивіда чи від індивіда (наприклад, рослини), групи індивідів (наприклад, рослинна лінія, сорт чи сім'я) або клону, що походить від лінії, сорту, виду чи культури. Зародкова плазма може бути частиною організму чи клітини або може бути відділеною від організму чи клітини. В загальному випадку, зародкова плазма забезпечує генетичний матеріал з конкретною молекулярною 40 будовою, яка становить фізичну основу для певних чи для всіх спадкових якостей організму чи клітинної культури. Використовуваний тут термін «зародкова плазма» включає клітини, насіння чи тканини, з яких можна вирощувати нові рослини, а також частини рослин, такі як листя, стебла, пилки чи клітини, з яких культивуванням можна отримати цілну рослину.

«Гаплотип» являє собою генотип індивіда в множині генетичних локусів, тобто комбінацію алелів. Типово, генетичні локуси, які визначають гаплотип, фізично і генетично зчеплені між собою, тобто знаходяться на одному і тому ж сегменті хромосоми. Термін «гаплотип» може 45 стосуватись поліморфізмів в конкретному локусі, такому як один маркерний локус, чи поліморфізмів в кількох локусах вздовж сегмента хромосоми.

«Гетерозисна група» містить набір генотипів, які добре працюють при схрещуванні з генотипами з іншої гетерозисної групи (Hallauer et al., Corn breeding, in CORN AND CORN IMPROVEMENT p. 463-564 (1998)). Інбредні лінії поділяються на гетерозисні групи, а всередині гетерозисної групи додатково поділяються на сім'ї на основі кількох критеріїв, таких як родовід, асоціації на основі молекулярних маркерів, а також продуктивність в гібридних комбінаціях (Smith et al., Theor. Appl. Gen. 80:833 (1990)).

55 Використовуваний тут термін «гетерозиготний» стосується генетичного статусу, коли у відповідних локусах на гомологічних хромосомах знаходяться різні алелі. Використовуваний тут термін «гомозиготний» стосується генетичного статусу, коли у відповідних локусах на гомологічних хромосомах знаходяться ідентичні алелі. Слід зазначити, що обидва ці терміни можуть стосуватись позицій одиночних нуклеотидів, позицій кількох нуклеотидів, незалежно від 60 того, суміжні вони чи ні, або цілих локусів на гомологічних хромосомах.



Використовуваний тут термін «гібридний» стосується насіння та/або рослини, отриманих при схрещуванні щонайменше двох генетично різнорідних батьків.

Використовуваний тут термін «гібридний», коли застосовується в контексті нуклеїнових кислот, стосується двонитчастої молекули нуклеїнової кислоти чи дуплексу, утвореному водневими зв'язками між комплементарними нуклеотидами. Терміни «гібридизуватись» і «відпал» стосуються способу, за яким одиночні нитки послідовностей нуклеїнових кислот утворюють сегменти подвійної спіралі за рахунок водневих зв'язків між комплементарними основами.

Використовуваний тут вираз «Illumina® GoldenGate® Assay» стосується набору для високопродуктивного аналізу генотипування, який продається компанією Illumina Inc. Сан-Дієго, Каліфорнія, США, за допомогою якого можна отримувати SNP-специфічні ПЛР-продукти. Даний аналіз докладно описаний на сайті Illumina Inc. та у Fan et al., 2006.

Використовуваний тут вираз «в безпосередній близькості», коли застосовується для опису молекули нуклеїнової кислоти, яка гібридизується з ДНК, що містить поліморфізм, стосується нуклеїнової кислоти, яка гібридизується з послідовністю ДНК, що безпосередньо примикає до поліморфної позиції нуклеотидної основи. Наприклад, молекула нуклеїнової кислоти, яка може бути застосована в аналізі одонуклеотидного видовження, знаходиться «в безпосередній близькості» до поліморфізму.

Використовуваний тут вираз «поліпшений» і його граматичні варіанти стосується рослини чи її частини, її потомства чи тканинних культур, які, внаслідок присутності (чи відсутності) специфічного алелі, асоційованого з оптимізацією водоспоживання (такого як, але не обмежуючись ними, описані тут алелі асоційовані з оптимізацією водоспоживання), характеризуються більш високим чи низьким рівнем ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, в залежності від того, який рівень – більш високий чи більш низький – є бажаним для певної цілі.

Використовуваний тут термін «інбредний» стосується суттєво гомозиготної рослини чи сорту. Даний термін може стосуватись рослини чи сорту, які є суттєво гомозиготними на протязі всього геному, або які є суттєво гомозиготними по відношенню до ділянки геному, що становить особливий інтерес.

Використовуваний тут термін «INDEL» (використовується також написання «indel») стосується інсерції чи делеції в парі нуклеотидних послідовностей, причому перша послідовність може бути позначена як така, що має інсерцію відносно другої послідовності, або друга послідовність може бути позначена як така, що має делецію відносно першої послідовності.

Використовуваний тут термін «інформативний фрагмент» стосується нуклеотидної послідовності, що містить фрагмент більшої нуклеотидної послідовності, причому даний фрагмент забезпечує ідентифікацію одного чи більше алелів всередині більшої нуклеотидної послідовності. Наприклад, інформативний фрагмент нуклеотидної послідовності SEQ ID №: 1 містить фрагмент нуклеотидної послідовності SEQ ID №: 1 і дозволяє ідентифікацію одного чи більше алелів (наприклад, нуклеотид G в позиції 115 послідовності SEQ ID №: 1, нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 270 послідовності SEQ ID №: 1, нуклеотид T в позиції, яка відповідає позиції 301 послідовності SEQ ID №: 1, та/або нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 483).

Використовуваний тут вираз «інтерrogативне положення» означає фізичне положення на твердій підкладці, яке може бути використане в аналізі для отримання даних генотипування для одного чи більше заданих геномних поліморфізмів.

Використовувані тут терміни «інтрогресія», «інтрогресування» і «інтрогресований» стосуються як природної, так і штучної передачі бажаного алеля чи комбінації бажаних алелів генетичного локусу чи генетичних локусів від одного генетичного фону іншому. Наприклад, бажаний алель у вказаному локусі може бути переданим щонайменше одним потомком через статеве схрещування між двома батьками одного і того ж виду, де принаймні один з батьків має в своєму геномі бажаний алель. Альтернативно, наприклад, передача алеля може відбуватись шляхом рекомбінації між двома донорськими геномами, наприклад в злитому протопласті, де щонайменше один з донорських протопластів має в своєму геномі бажаний алель. Бажаний алель може бути вибраним алелем маркера, QTL, трансгену і т.п. Потомок, який містить бажаний алель, можна повторно зворотно схрестити з лінією, що має бажаний генетичний фон, і відібраний за бажаним алелем, в результаті чого бажаний алель фіксується в бажаному генетичному фоні. Наприклад, маркер, асоційований з підвищеною посухостійкістю, можна інтрогресувати від донора рекурентному батькові, нестійкому до посухи чи тільки частково

стійкому до посухи. Отримане потомство можна повторно зворотно схрещувати і відбирати доти, доки потомок не придбає алель посухостійкості на генетичному фоні рекурентного батька.

Використовуваний тут термін «виділений» стосується нуклеотидної послідовності (наприклад, генетичного маркера), вільної від послідовностей, які звичайно фланкують один чи обидва боки нуклеотидної послідовності в рослинному геномі. Таким чином, вираз «виділений і очищений генетичний маркер, асоційований з ознакою оптимізації водоспоживання у *Zea mays*» може означати, наприклад, молекулу рекомбінантної ДНК за тієї умови, що одна з послідовностей нуклеїнових кислот, яка звичайно фланкує таку рекомбінантну молекулу ДНК в геномі, який зустрічається в природних умовах, видалена чи є відсутньою. Отже, виділені нуклеїнові кислоти включають без обмеження рекомбінантну ДНК, що існує як окрема молекула (включаючи, але не обмежуючись ними, фрагменти геномної ДНК, продуктовані ПЛР чи обробкою рестрикційною ендонуклеазою) без присутніх фланкуючих послідовностей, а також рекомбінантну ДНК, яка вбудована у вектор, плазмиду, що автономно реплікується, чи в геномну ДНК рослини як частина гібридної молекули нуклеїнової кислоти чи молекули нуклеїнової кислоти, отриманої злиттям.

Використовуваний тут термін «зчеплення» стосується феномену, коли алелі на одній і тій самій хромосомі мають тенденцію передаватись разом частіше, ніж очікувалось при випадковій передачі, якщо їх передача була незалежною. Таким чином, кажуть, що два алелі на одній і тій самій хромосомі є «зчепленими», коли вони відділяються один від одного в наступному поколінні в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 50% випадків, в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 25% випадків, в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 20% випадків, в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 15% випадків, в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 10% випадків, в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 9% випадків, в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 8% випадків, в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 7% випадків, в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 6% випадків, в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 5% випадків, в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 4% випадків, в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 3% випадків, в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 2% випадків і в певних варіантах здійснення цього винаходу менше ніж в 1% випадків.

Отже, «зчеплення» означає і може також стосуватись фізичної близькості на хромосомі. Два локуси є зчепленими, коли вони знаходяться в межах в певних варіантах здійснення цього винаходу 20 сантиморганід (сМ) в певних варіантах здійснення цього винаходу 15 сМ, в певних варіантах здійснення цього винаходу 12 сМ, в певних варіантах здійснення цього винаходу 10 сМ, в певних варіантах здійснення цього винаходу 9 сМ, в певних варіантах здійснення цього винаходу 8 сМ, в певних варіантах здійснення цього винаходу 7 сМ, в певних варіантах здійснення цього винаходу 6 сМ, в певних варіантах здійснення цього винаходу 5 сМ, в певних варіантах здійснення цього винаходу 4 сМ, в певних варіантах здійснення цього винаходу 3 сМ, в певних варіантах здійснення цього винаходу 2 сМ і в певних варіантах здійснення цього винаходу 1 сМ один від одного. Аналогічно, локус врожайності описаного в даному документі об'єкта винаходу є зчепленим маркером (наприклад, генетичним маркером), коли він знаходиться в певних варіантах здійснення цього винаходу в межах 20, 15, 12, 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2 чи 1 сМ від маркера.

Таким чином, термін «зчеплення» стосується ступеня, з яким локус одного маркера є асоційованим з локусом другого маркера чи іншим локусом (наприклад, локусом посухостійкості). Взаємовідношення зчеплення між молекулярним маркером і фенотипом може бути заданим як «ймовірність» чи «задана ймовірність». Зчеплення може виражатись як бажана межа чи діапазон. Наприклад, в певних варіантах здійснення цього винаходу будь-який маркер є зчепленим (генетично і фізично) з будь-яким іншим маркером, коли ці маркери відділені менше ніж приблизно 50, 40, 30, 25, 20 чи 15 одиницями карти (або сМ).

В певних варіантах здійснення описаного в даному документі об'єкта винаходу доцільно визначити межі діапазону зчеплення, наприклад від приблизно 10 сМ до приблизно 20 сМ, від приблизно 10 сМ до приблизно 30 сМ чи від приблизно 10 сМ до приблизно 40 сМ. Чим ближче маркер зчеплений з другим локусом, тим кращий показник для другого локусу, який стає маркером. Таким чином, «щільно зчеплені локуси», такі як маркерний локус і другий локус, відображають частоту рекомбінації між локусами, яка становить біля 10%, 9%, 8%, 7%, 6%, 5%, 4%, 3%, 2% чи менше. В певних варіантах здійснення цього винаходу відповідні локуси відображають частоту рекомбінації, що становить біля 1% чи менше, наприклад біля 0,75%, 0,5%, 0,25% чи менше. Можна також сказати, що два локуси, локалізовані на одній хромосомі і

на такій відстані, що рекомбінація між цими двома локусами відбувається з частотою до приблизно 10% (наприклад, біля 9%, 8%, 7%, 6%, 5%, 4%, 3%, 2%, 1%, 0,75%, 0,5%, 0,25% чи менше), є проксимальними один до одного. Оскільки одна сМ – це відстань між двома маркерами, яка показує частоту рекомбінації, що становить 1%, будь-який маркер є щільно зчепленим (генетично і фізично) з будь-яким іншим маркером, який знаходиться в безпосередній близькості, наприклад на відстані біля 10 сМ чи менше. Два щільно зчеплені маркери на одній і тій самій хромосомі можуть розміщуватись на відстані біля 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2, 1, 0,75, 0,5, 0,25 сМ чи менше один від одного.

Використовуваний тут термін «нерівновага по зчепленню» стосується невинуваткової сегрегації генетичних локусів чи ознак (чи обох). В будь-якому випадку нерівновага по зчепленню означає, що відповідні локуси знаходяться в достатній фізичній близькості вздовж довжини хромосоми, так що вони відділяються разом з більшою ніж випадкова (тобто, невинуватковою) частотою (у випадку ознак, що спільно відділяються, локуси, які обумовлюють ці ознаки, знаходяться в достатній близькості один від одного). Маркери, які демонструють нерівновагу по зчепленню, вважаються зчепленими. Зчеплені локуси відділяються спільно більше ніж в 50% випадків, наприклад від близько 51% до близько 100% випадків. Іншими словами, два маркери, які відділяються спільно, мають частоту рекомбінації, рівну менше ніж 50% (і за визначенням є розділеними менше ніж 50 сМ на одній і тій самій хромосомі). Як цей термін використовується тут, зчеплення може мати місце між двома маркерами чи між маркером і фенотипом. Маркерний локус може бути «асоційованим з» (зчепленим з) ознакою, наприклад посухостійкістю. Ступінь зчеплення молекулярного маркера з фенотипною ознакою оцінюється, наприклад, як статистична ймовірність спільної сегрегації даного молекулярного маркера з фенотипом.

Нерівновагу по зчепленню частіше всього оцінюють мірою  $r^2$ , який обчислюється за формулою, наведеною Hill і Robertson, Theor. Appl. Genet. 38:226 (1968). Коли  $r^2$  дорівнює 1, між двома маркерними локусами існує повна нерівновага по зчепленню, а це означає, що маркери не були розділені рекомбінацією і мають ту саму частоту алелів. Значення  $r^2$  понад 1/3 показують достатньо сильну нерівновагу по зчепленню, що свідчить про можливість застосування для картування. Ardlie et al., Nature Reviews Genetics 3:299 (2002). Таким чином, алелі знаходяться в нерівновазі по зчепленню, коли значення  $r^2$  між попарними маркерними локусами становить більше ніж або дорівнюють біля 0,33; 0,4; 0,5; 0,6; 0,7; 0,8; 0,9 чи 1,0.

Використовуваний тут термін «рівновага по зчепленню» стосується ситуації, коли два маркери розділяються незалежно, тобто розподіляються серед потомства випадково. Маркери, які показують рівновагу по зчепленню, вважаються незчепленими (незалежно від того лежать вони чи не лежать на одній і тій самій хромосомі). Таким чином, вираз «нерівновага по зчепленню» визначається як зміна очікуваної відносної частоти типів гамет в популяції багатих індивідів в одному поколінні, так що два чи більше локусів діють як генетично зчеплені локуси. Коли частота в популяції алеля S дорівнює  $x$ , алеля s дорівнює  $x'$ , алеля B дорівнює  $y$  і алеля b дорівнює  $y'$ , то очікувана частота генотипу SB дорівнює  $xy$ , така генотипу Sb дорівнює  $xy'$ , така генотипу sB дорівнює  $x'y$  і така генотипу sb дорівнює  $x'y'$ , і будь-яке відхилення від даних частот є прикладом нерівноваги.

Використовуваний тут вираз «група зчеплення» стосується всіх генів чи генетичних ознак, які знаходяться на одній і тій самій хромосомі. Ті локуси всередині групи зчеплення, які знаходяться достатньо близько один до одного, можуть проявляти зчеплення в генетичних схрещуваннях. Оскільки ймовірність кроссовера зростає при збільшенні фізичної відстані між локусами на хромосомі, локуси, положення яких всередині групи зчеплення далеко віддалені одне від одного, можуть не показувати помітного зчеплення в прямих генетичних тестах. Термін «група зчеплення» в основному застосовується для позначення генетичних локусів, які демонструють зчеплену поведінку в генетичних системах, для яких до цього часу не проведена хромосомна локалізація генів. Таким чином, в даному контексті термін «група зчеплення» є синонімом хромосоми як фізичного суб'єкта, хоча спеціалісту в даній галузі має бути зрозумілим, що групу зчеплення можна визначити також як відповідна ділянка (наприклад, менша ніж повна хромосома) даної хромосоми.

«Локус» являє собою позицію на хромосомі, де знаходиться ген чи маркер чи алель. В певних варіантах здійснення цього винаходу локус може включати один чи більше нуклеотидів.

Використовуваний тут термін «маїс» означає рослину *Zea mays* L. підвиду *mays*, також відому як кукурудза.

Використовуваний тут термін «рослина кукурудзи» включає цілі рослини кукурудзи, клітини рослини кукурудзи, протопласт рослини кукурудзи чи тканинну культуру кукурудзи, з яких можна регенерувати рослини кукурудзи, калюси рослини кукурудзи і клітини рослини кукурудзи, які є

інтактними в рослинах кукурудзи або частині рослин кукурудзи, такі як насіння кукурудзи, кукурудзяні качани, квіти кукурудзи, сім'ядолі кукурудзи, листя кукурудзи, стебла кукурудзи, бруньки кукурудзи, корінці кукурудзи, кінчики корінців кукурудзи і т.п.

Використовувані тут терміни «маркер», «генетичний маркер» і «молекулярний маркер»

застосовуються взаємозамінно для позначення позиції на хромосомі, що ідентифікується, спадкування якої можна перевірити, та/або реагенту, який використовується в способах візуалізації відмінностей в послідовностях нуклеїнових кислот, присутніх в таких позиціях на хромосомах, що ідентифікуються. Таким чином, в певних варіантах здійснення цього винаходу маркер містить відому послідовність нуклеїнових кислот чи послідовність, що виявляється. Приклади маркерів включають, не обмежуючись ними, генетичні маркери, білкову композицію, рівні пептидів, рівні білків, олійну композицію, рівні олій, вуглеводневу композицію, рівні вуглеводнів, склад жирних кислот, рівні жирних кислот, амінокислотну композицію, рівні амінокислот, біополімери, крохмальна композиція, рівні крохмалю, крохмаль, що ферментується, вихід ферментації, ефективність бродіння (наприклад, при визначенні як засвоюваність через 24, 48 та/або 72 години), вихід енергії, вторинні речовини, метаболіти, морфологічні характеристики і агрономічні характеристики. Як такий, маркер може містити нуклеотидну послідовність, яка була асоційована з алелем чи алелями, що становлять інтерес, і свідчить про присутність чи відсутність алеля чи алелів, що становлять інтерес, в клітині чи організмі, та/або дана нуклеотидна послідовність є індикатором для реагенту, який застосовується для візуалізації відмінностей в нуклеотидній послідовності в такій позиції чи позиціях, що ідентифікуються. Маркер може являти собою, не обмежуючись ними, алель, ген, гаплотип, поліморфізм довжини рестрикційних фрагментів (RFLP), прості повторювані послідовності (SSR), довільно ампліфіковану поліморфну ДНК (RAPD), розщеплені ампліфіковані поліморфні послідовності (CAPS) (Rafalski and Tingey, Trends in Genetics 9:275 (1993)), поліморфізм довжини ампліфікованого фрагмента (AFLP) (Vos et al., Nucleic Acids Res. 23:4407 (1995)), одонуклеотидний поліморфізм (SNP) (Brookes, Gene 234:177 (1993)), ампліфікована ділянка з відомою послідовністю (SCAR) (Paran and Michelmore, Theor. Appl. Genet. 85:985 (1993)), сайт с поміченою послідовністю (STS) (Onozaki et al., Euphytica 138:255 (2004)), поліморфізм конформації одониткової ДНК (SSCP) (Orita et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86:2766 (1989)), послідовності між простими повторюваними послідовностями (ISSR) (Blair et al., Theor. Appl. Genet. 98:780 (1999)), поліморфні ділянки, ампліфіковані між ретротранспозонами (IRAP), мікросателітні поліморфні ділянки, ампліфіковані між ретротранспозонами (REMAP) (Kalendar et al., Theor. Appl. Genet. 98:704 (1999)), або продукт розщеплення РНК (такий як Lynx tag). Маркер може бути присутнім в геномній чи експресованій нуклеїнових кислотах (наприклад, EST). Термін маркер може також стосуватись нуклеїнових кислот, які застосовуються в якості зонду чи праймерів (наприклад, пари праймерів) для використання в ампліфікації, гібридизації та/або виявленні молекул нуклеїнової кислоти у відповідності до способів, добре відомих в цій галузі. Велика кількість молекулярних маркерів кукурудзи є відомою в даній галузі і опублікованою чи доступною з різних джерел, таких як Інтернет-ресурс Maize GDB і Інтернет-ресурс Arizona Genomics Institute, при Університеті штату Аризона.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркер відповідає продукту ампліфікації, отриманому при ампліфікації нуклеїнової кислоти *Zea mays* одним чи більше олігонуклеотидами, наприклад в полімеразній ланцюговій реакції (ПЛР). Застосований тут вираз «відповідає продукту ампліфікації» в контексті маркера стосується маркера, що має нуклеотидну послідовність, яка є таким самим продуктом ампліфікації (враховуючи мутації, введені реакцією ампліфікації, та/або природні та/або штучні алельні відмінності), як і продукт ампліфікації, отримуваний ампліфікацією геномної ДНК *Zea mays* з певним набором олігонуклеотидів. В певних варіантах здійснення цього винаходу ампліфікацію проводять способом ПЛР, і олігонуклеотиди являють собою ПЛР-праймери, які призначені для гібридизації протилежних ниток геномної ДНК *Zea mays* для того, щоб ампліфікувати послідовність геномної ДНК *Zea mays*, присутню між послідовностями, до яких гібридизуються ПЛР-праймери геномної ДНК *Zea mays*. Ампліфікований фрагмент, отриманий в результаті одного чи більше циклів ампліфікації з використанням такого розміщення праймерів, є двонитчастою нуклеїновою кислотою, одна нитка якої має нуклеотидну послідовність, яка в напрямку від 5' до 3' містить послідовність одного з праймерів, послідовність геномної ДНК *Zea mays*, розміщену між праймерами, і послідовність, зворотно комплементарну другому праймеру. Типово, «прямим» праймером вважається праймер, який має таку ж послідовність, що й послідовність (довільно призначеної) «верхньої» нитки двонитчастої нуклеїнової кислоти, яка повинна бути ампліфікованою, так що «верхня» нитка ампліфікованого фрагмента включає нуклеотидну

послідовність, яка в напрямку від 5' до 3' еквівалентна послідовності прямого праймера – послідовності, зворотно комплементарній зворотному праймеру. Таким чином, маркер, який «відповідає» ампліфікованому фрагменту, є маркером, який має таку саму послідовність, що й одна з ниток ампліфікованого фрагмента.

Маркери, які відповідають генетичним поліморфізмам між членами популяції, можна виявити способами, добре встановленими в даній галузі. До них відносяться, наприклад, секвенування нуклеїнової кислоти, способи гібридизації, способи ампліфікації (наприклад, способи специфічної ампліфікації послідовності на основі ПЛР), виявлення поліморфізму довжини рестрикційних фрагментів (RFLP), виявлення маркерів ізоферментів, виявлення полінуклеотидних поліморфізмів алель-специфічною гібридизацією (ASH), виявлення ампліфікованих варіабельних послідовностей генома рослин, виявлення самостійної реплікації послідовності, виявлення простих повторюваних послідовностей (SSR), виявлення одонуклеотидного поліморфізму (SNP) та/або виявлення поліморфізму довжини ампліфікованого фрагмента (AFLP). Добре встановлені способи відомі також для визначення міток експресованих послідовностей (EST) і маркерів SSR, що походять з послідовностей EST, і довільно ампліфікованої поліморфної ДНК (RAPD).

«Алель маркера», описуваний також як «алель маркерного локусу», може відноситись до однієї з багатьох поліморфних нуклеотидних послідовностей, знайденої в локусі маркера в популяції, що є поліморфною для маркерного локусу.

Вираз «маркерний аналіз», як він тут використовується, стосується способу визначення поліморфізму у виявленому локусі із застосуванням виявленого способу, такого як, але не обмежуючись ними, вимірювання щонайменше одного фенотипу (такого, як колір насіння, вміст олії чи інша ознака, що виявляється візуально), аналізи на основі нуклеїнової кислоти, включаючи, але не обмежуючись ними, поліморфізм довжини рестрикційних фрагментів (RFLP), одонуклеотидне видовження, електрофорез, вирівнювання послідовності, алель-специфічна олігонуклеотидна гібридизація (ASO), аналіз довільно ампліфікованої поліморфної ДНК (RAPD), технології на основі мікрочипів, аналізи TaqMan®, аналіз Illumina® GoldenGate® Assay, технології секвенування нуклеїнової кислоти, пептидні та/або поліпептидні аналізи чи будь-який інший спосіб, який може бути використаний для визначення поліморфізму в організмі в локусі, що становить інтерес.

«Маркерна селекція» (MAS) – це процес, при якому фенотипи відбираються на основі генотипів маркерів.

«Контр-селекція за допомогою маркерів» – це процес, при якому генотипи маркерів використовуються для ідентифікації рослин, які не будуть відібрані, що дозволяє видаляти їх з програми вирощування чи посадки.

Використовувані тут терміни «маркерний локус» і «маркерні локуси» стосуються виявленого розміщення чи розміщень хромосоми в геномі організму, де може бути знайдений конкретний маркер чи маркери. Маркерний локус може бути використаний для відстеження присутності другого зчепленого локусу, наприклад зчепленого локусу, що кодує чи сприяє експресії фенотипової ознаки. Наприклад, маркерний локус може бути використаний для моніторингу сегрегації алелів у локусі, таких як QTL чи один ген, які генетично і фізично зчеплені з маркерним локусом.

Використовувані тут терміни «маркерний зонд» і «зонд» стосуються нуклеотидної послідовності чи молекули нуклеїнової кислоти, яка може бути застосована для встановлення присутності одного чи більше певних алелів в маркерному локусі (наприклад, зонд нуклеїнової кислоти, що є комплементарним всьому маркеру чи його ділянці або маркерному локусу через гібридизацію нуклеїнової колоти). Маркерні зонди, які містять біля 8, 10, 15, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100 чи більше послідовних нуклеотидів, можуть бути використані для гібридизації нуклеїнової кислоти. Крім того, в певних об'єктах цього винаходу маркерний зонд стосується зонду любого типу, який здатний відрізнити (тобто генотипувати) певний алель, присутній в маркерному локусі.

Використовуваний тут термін «молекулярний маркер» може використовуватись по відношенню до генетичного маркеру, як його визначено раніше, чи кодованого ним продукту (наприклад, білка), який застосовується в якості «точки відліку» при ідентифікації зчепленого локусу. Молекулярний маркер може бути похідним геномних нуклеотидних послідовностей чи експресованих нуклеотидних послідовностей (наприклад, з сплайсованої РНК, кДНК і т.д.). Даний термін стосується також нуклеотидних послідовностей, комплементарним маркерним послідовностям чи фланкуючим маркерним послідовностям, таким як нуклеотидні послідовності, використовувані в якості зондів чи праймерів, здатних ампліфікувати маркерні послідовності. Нуклеотидні послідовності є «комплементарними», коли вони специфічно

гібридизуються в розчині, наприклад за правилами парування основ Уотсона і Кріка. Певні з тих маркерів, що описані тут, називають також маркерами гібридизації, якщо вони знаходяться на ділянці INDEL. Це відбувається тому, що ділянка інсерції являє собою, за визначенням, поліморфізм по відношенню до рослини без інсерції. Таким чином, маркер потрібен тільки для встановлення того, присутня ділянка INDEL чи відсутня. Будь-яка придатна технологія визначення маркерів може бути застосована для ідентифікації такого маркера гібридизації, наприклад SNP-технологія використовується в прикладах, наведених в даному документі.

Описаний тут об'єкт винаходу в певних варіантах здійснення стосується маркерів для встановлення присутності генетичних поліморфізмів в кукурудзяних локусах, описаних тут. Локуси, які можуть бути проаналізовані за допомогою композицій і способів описаного в даному документі об'єкта винаходу, включають, не обмежуючись ними, локуси, згадані в даному документі, такі як "ZmAdh1-1s", "ZmBglcn", "ZmCat1", "ZmDhn1", "ZmDhn2", "ZmDr1", "ZmDr2", "ZmDr3", "ZmDr3", "ZmDr4", "ZmDr5", "ZmDr6", "ZmDr7", "ZmDr8", "ZmDr9", "ZmDr10", "ZmDr12", "ZmDr16", "ZmDr17", "ZmH2B1", "ZmHsp70", "Zmlga4", "ZmLOC100276591", "ZmMa3", "ZmPK4", "ZmRIC1", "ZmZCN6", "Zpu1", "ZmDrA", "ZmDrB", "ZmDrC", "ZmDrD", "ZmDrE", "ZmDrF", "ZmDrG", "ZmDrH", "ZmDrI", "ZmDrJ", "ZmDrK", "ZmDrL" і „ZmDr“, назви яких, таким чином, відносяться до геномних ділянок та/або генетичних локусів, зчеплених з ознаками, асоційованими з оптимізацією водоспоживання, присутніми на хромосомах *Zea mays*, як докладніше буде описано далі. Приклади геномних нуклеотидних послідовностей, які походять з даних локусів, наводились раніше.

Термін "ZmAdh1-1" стосується локусу на хромосомі 1 *Zea mays*, який кодує ген алкогольдегідрогенази 1 (Dennis et al., 1984). Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmAdh1-1, можна знайти за номерами доступу GenBank® X04049 і P00333.

Термін "ZmBglcn" стосується локусу на хромосомі 3 *Zea mays*, який кодує поліпептид 1,3-β-глюканазу кукурудзи (Wu et al., 1994). Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmBglcn, можна знайти за номерами доступу GenBank® M95407 і AAA74320.

Термін "ZmCat1" стосується локусу на хромосомі 5 *Zea mays*, який кодує поліпептид каталазу-1 кукурудзи (Guan & Scandalios, 1993). Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmCat1, можна знайти за номерами доступу GenBank® X60135 і CAA42720.

Термін "ZmDhn1" стосується локусу на хромосомі 6 *Zea mays*, який кодує поліпептид дегідрин-1 (dhn1) кукурудзи (Close et al., 1989). Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmDhn1, можна знайти за номерами доступу GenBank® X15290 і CAA33364.

Термін "ZmDhn2" стосується локусу на хромосомі 4 *Zea mays*, який кодує поліпептид дегідрин-2 (dhn2) кукурудзи. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmDhn2, можна знайти за номерами доступу GenBank® L35913 і AA33480.

Термін "ZmDr1" стосується локусу *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає GenBank® Accession №: AY105200.

Термін "ZmDr2" стосується локусу *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає GenBank® Accession №: AF043347.

Термін "ZmDr3" стосується локусу *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає нуклеотидам 120,959-121,302 з GenBank® Accession №: AC206638.3 і в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає GenBank® Accession №: AF043347.

Термін "ZmDr4" стосується локусу *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає GenBank® Accession №: AY103545.

Термін "ZmDr5" стосується локусу *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає GenBank® Accession №: AY109606.

Термін "ZmDr6" стосується локусу *Zea mays*, який кодує кальмодулін-зв'язуючий білок кукурудзи. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmDr6, можна знайти за номерами доступу GenBank® L01497, NM\_001158968, AAA33447 і NP\_001152440.

Термін "ZmDr7" стосується локусу *Zea mays*, який кодує білок транспортер сахарози кукурудзи. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmDr7, можна знайти за номерами доступу GenBank® AB008464, NM\_001111370, BAA83501, і NP\_001104840.

Термін "ZmDr8" стосується локусу *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає GenBank® Accession №: EU976286.

Термін "ZmDr9" стосується локусу *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає нуклеотидам 75,481-76,499 з GenBank® Accession №: AC196196.4.

Термін "ZmDr10" стосується локусу *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає GenBank® Accession №: DQ245017.

Термін "ZmDr12" стосується локусу *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає GenBank® Accession №: AI770817.

Термін "ZmDr16" стосується локусу *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає GenBank® Accession №: NM\_001156978.

Термін "ZmDr17" стосується локусу *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає нуклеотидам 60,463-60,838 з GenBank® Accession №: AC231410.4.

5 Термін "ZmDrA" стосується локусу на хромосомі 7 *Zea mays*, який кодує залежний від напруги аніонний каналний білок. Приклад генного продукту, отриманого з локусу ZmDrA, можна знайти за GenBank® Accession №: BT018647.

Термін "ZmDrB" стосується локусу *Zea mays*, який кодує білок ксилан-ендогідролазу. Приклад генного продукту, отриманого з локусу ZmDrB, можна знайти за GenBank® Accession №: AI691894.

10 Термін "ZmDrC" стосується локусу *Zea mays*, який кодує білок трегалозо-Р-синтазу. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmDrC, можна знайти за GenBank® Accession №: AY110270.

Термін "ZmDrD" стосується локусу на хромосомі 5 *Zea mays*, який кодує білок інгібітор 2 субтилізину-химотрипсину. Приклади генних продуктів, отриманих з лс уточнена сторінка знайти за GenBank® Accession №: BT066886.

Термін "ZmDrE" стосується локусу на хромосомі 8 *Zea mays*, який кодує легумін-подібний білок (Cl2-1). Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmDrE, можна знайти за GenBank® Accession №№: NM\_001111592 і NP\_001105062.

20 Термін "ZmDrF" стосується локусу на хромосомі 9 *Zea mays*, який кодує білок припустиму целюлозосинтазу. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmDrF, можна знайти за номерами доступу GenBank® BT067558 і ACN34455.

Термін "ZmDrG" стосується локусу на хромосомі 5 *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає GenBank® Accession №: AI691276.

25 Термін "ZmDrH" стосується локусу на хромосомі 5 *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає GenBank® Accession №: AI665888.

Термін "ZmDrI" стосується локусу на хромосомі 3 *Zea mays*, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає GenBank® Accession №: AI737958.

30 Термін "ZmDrJ" стосується локусу на хромосомі 5 *Zea mays*, який кодує білок фактор реплікації ДНК mcm5. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmDrJ, можна знайти за GenBank® Accession №: AI666237.

Термін "ZmDrK" стосується локусу *Zea mays*, який кодує білок пірофосфатазу, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає нуклеотидам 28,345-29,279 за GenBank® Accession №: AC191554.3.

35 Термін "ZmDrL" стосується локусу на хромосомі 9 *Zea mays*, який кодує білок, подібний до білка пізнього ембріонального розвитку. Приклад генного продукту, отриманого з локусу ZmDrL, можна знайти за GenBank® Accession №: AY105938.

40 Термін "ZmDrM" стосується локусу на хромосомі 7 *Zea mays*, який кодує білок гексозний транспортер. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmDrM, можна знайти за номерами доступу GenBank® NM\_001154535 і NP\_001148007.

Термін "ZmH2B1" стосується локусу на хромосомі 4 *Zea mays*, який кодує гістон 2B1 *Zea mays*. Приклад генного продукту, отриманого з локусу ZmDr6, можна знайти за GenBank® Accession №: AI737900.

45 Термін "ZmHsp70" стосується локусу на хромосомі 1 *Zea mays*, який кодує білок теплового шоку кукурудзи, споріднений з білком 70 кДа білок 2. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmDr7, можна знайти за номерами доступу GenBank® EU971059, NM\_001154726 і NP\_001148198.

50 Термін "Zmlga4" стосується локусу на хромосомі 8 *Zea mays*, який кодує білок, зв'язаний з мутацією *liguleless4* (*lg4*). Приклади генних продуктів, отриманих з локусу Zmlga4, можна знайти за номерами доступу GenBank® AF457121, NM\_001111614, AAM27190 і NP\_001105084.

Термін "ZmLOC100276591" стосується локусу, який в певних варіантах здійснення цього винаходу відповідає номерам доступу GenBank® NM\_001150343 і NP\_001143815.

55 Термін "ZmMa3" стосується локусу на хромосомі 2 *Zea mays*, який кодує кукурудзяний білок апоптоза ма-3, подібний до топоізомерази. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmMa3, можна знайти за номерами доступу GenBank® NM\_001154442 і NP\_001147914.

Термін "ZmPK4" стосується локусу на хромосомі 8 *Zea mays*, який кодує білок кукурудзи протеїнказу PK4. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmPK4, можна знайти за номерами доступу GenBank® AF141378, NM\_001111470, AAF22219 і NP\_001104940.

Термін "ZmRIC1" стосується локусу на хромосомі 8 *Zea mays*, який кодує білок кукурудзи RIC1, споріднений з білком *gas*. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmRIC1, можна знайти за номерами доступу GenBank® EU952511, NM\_001137272, ACG24629 і NP\_001130744.

5 Термін "ZmZCN6" стосується локусу на хромосомі 4 *Zea mays*, який кодує білок кукурудзи ZCN6. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу ZmZCN6, можна знайти за номерами доступу GenBank® EU241897, NM\_001112774, ABX11008 і NP\_001106245.

10 Термін "Zpu1" стосується локусу на хромосомі 2 *Zea mays*, який кодує білок фермент *zpu1*, який гідролізує крохмаль по типу пуллулази. Приклади генних продуктів, отриманих з локусу Zpu1, можна знайти за номерами доступу GenBank® AF080567, NM\_001111450, AAD11599 і NP\_001104920.

15 Використовуваний тут вираз «нативна ознака» стосується будь-якої існуючої моногенної чи олігогенної ознаки в зародковій плазмі певних культур. При ідентифікації через молекулярний (молекулярні) маркер (маркери) отримана інформація може бути використана для поліпшення зародкової плазми шляхом схрещування із застосуванням маркерів, асоційованих з ознакою оптимізації водоспоживання, описаною в даному документі.

20 «Сорт кукурудзи, що не зустрічається у природі» – це будь-який сорт кукурудзи, який не існує сам по собі у природі. «Сорт кукурудзи, що не зустрічається у природі» може бути отриманий будь-яким способом, відомим в цій галузі, включаючи, але не обмежуючись ними, трансформацію кукурудзи чи зародкової плазми, трансфекцію кукурудзи чи зародкової плазми і схрещування природного сорту кукурудзи з таким її сортом, який не трапляється у природі. В певних варіантах здійснення цього винаходу «сорт кукурудзи, що не зустрічається у природі» може містити одну чи більше гетерологічних нуклеотидних послідовностей. В певних варіантах здійснення цього винаходу «сорт кукурудзи, що не зустрічається у природі» може містити одну чи більше копій природної нуклеотидної послідовності, що не трапляються у природі (наприклад, по сторонні копії гену, який зустрічається в кукурудзі в природних умовах).

25 Гетерозисна група "Non-Stiff Stalk" являє собою крупну гетерозисну групу в регіонах вирощування кукурудзи в північній частині США і Канаді. Вона також може називатись гетерозисною групою "Lancaster" чи "Lancaster Sure Crop".

30 Використовувані тут терміни «нуклеотидна послідовність», «полінуклеотид», «послідовність нуклеїнових кислот», «молекула нуклеїнової кислоти» і «фрагмент нуклеїнової кислоти» стосуються полімеру РНК чи ДНК, який є одно- чи двонитчастим, факультативно містить синтетичні, неприродні та/або змінні нуклеотидні основи. «Нуклеотид» являє собою мономерну одиницю, з якої побудовані полімери ДНК чи РНК, і складається з пуринової чи піримідинової основи, пентози і залишку фосфорної кислоти. Нуклеотиди (звичайно трапляються у формі 5'-монофосфата) називають за їх однобуквеними позначеннями наступним чином: "A" для аденілату чи дезоксиаденілату (для РНК чи ДНК, відповідно), "C" для цитиділату чи дезоксцитиділату, "G" для гуанілату чи дезоксигуанілату, "U" для уриділату, "T" для дезокситиміділату, "R" для пуринів (A чи G), "Y" для піримідинів (C чи T), "K" для G чи T, "H" для A чи C чи T, "I" для інозину і "N" для будь-якого нуклеотиду.

40 Використовуваний тут термін «ідентичність нуклеотидної послідовності» означає присутність ідентичних нуклеотидів у відповідних позиціях двох полінуkleотидів. Полінуклеотиди мають «ідентичні» послідовності, коли послідовність нуклеотидів у двох полінуkleотидів є однією і тією ж при зіставленні для максимальної відповідності (наприклад, у вікні порівняння). Порівняння послідовностей між двома чи більше полінуkleотидами звичайно здійснюється шляхом порівняння ділянок двох послідовностей в межах вікна порівняння для ідентифікації і порівняння локальних ділянок подібності послідовностей. Вікно порівняння звичайно вміщує від 20 до 200 послідовних нуклеотидів. «Відсоток ідентичності послідовностей» для полінуkleотидів, такий як 50, 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 98, 99 чи 100 відсотків ідентичності послідовностей, можна визначити шляхом порівняння двох оптимально зіставлених послідовностей в межах вікна порівняння, причому ділянка полінуkleотидної послідовності у вікні порівняння може включати додавання чи делеції (наприклад, пропуски), у порівнянні з референтною послідовністю, для оптимального зіставлення двох послідовностей. Відсоток обчислюється шляхом: (а) визначення кількості позицій, в яких ідентична основа нуклеїнової кислоти зустрічається в обох послідовностях, (b) ділення кількості відповідних позицій на загальну кількість позицій у вікні порівняння і (c) множення отриманого результату на 100. Оптимальне зіставлення послідовностей для порівняння можна проводити за допомогою комп'ютеризованих реалізацій відомих алгоритмів чи переглядом. Легко доступними алгоритмами для порівняння послідовностей і множинного зіставлення послідовностей являються, відповідно, Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) і ClustalW, доступні в Інтернеті. Інші придатні програми 60 включають, без обмеження ними, GAP, BestFit, Plot Similarity і FASTA, які є частиною пакета



GCG Accelrys, доступного від компанії Accelrys, Inc. з Сан Дієго, Каліфорнія, США. В певних варіантах здійснення цього винаходу відсоток ідентичності послідовностей вказує на ідентичність послідовності по всій довжині однієї з порівнюваних послідовностей. В певних варіантах здійснення цього винаходу обчислення відсотку ідентичності послідовностей не включає ті нуклеотидні позиції, в яких одна з порівнюваних нуклеїнових кислот містить "N" (тобто, коли в даній позиції може бути присутнім будь-який нуклеотид).

Використовуваний тут термін «відсоток безплідних рослин» (PB) означає відсоток рослин на даній території (наприклад, ділянці) без зерна. Це поняття звичайно виражають в термінах відсотку рослин на ділянку і його можна обчислити як:

$$\frac{\text{кількість рослин на ділянці без зерна}}{\text{загальна кількість рослин на ділянці}} \times 100$$

Використовуваний тут термін «відсоток відновлення врожайності» (PYREC) відображає вплив алелів та/або комбінації алелів на врожайність рослини, вирощеної в умовах посухи у порівнянні з такою рослиною, що є генетично ідентичною, крім випадків, коли їй не вистачає алеля та/або комбінації алелів. PYREC обчислюється як:

$$1 - \frac{\text{врожайність при повному зрошенні (з алелем що становить інтерес)}}{\text{врожайність в умовах посухи (з алелем що становить інтерес)}} \times 100$$

$$\frac{\text{врожайність при повному зрошенні (без алеля що становить інтерес)}}{\text{врожайність в умовах посухи (без алеля що становить інтерес)}}$$

В якості прикладу, а не обмеження, коли контрольна рослина дає 200 бушелів в умовах повного зрошення, але дає тільки 100 бушелів в умовах посухи, то її відсоток втрати врожаю буде становити 50%. Коли інший, генетично ідентичний гібрид, що містить алель, який становить інтерес, дає 125 бушелів в умовах посухи і 200 бушелів в умовах повного зрошення, то відсоток втрати врожаю буде становити 37,5%, а PYREC буде обчислено як 25%  $[1,00 - (200 - 125) / (200 - 100) \times 100]$ .

Використовуваний тут вираз «врожайність зерна – хороше зрошення» стосується врожаю з ділянки з достатнім зрошенням для попередження дефіциту води у рослин під час циклу росту. В певних варіантах здійснення цього винаходу дана ознака виражається в бушелях з акра.

Використовуваний тут вираз «зменшення врожайності – гібрид» стосується обчисленої ознаки, отриманої з дослідження врожайності гібрида, який виріс в умовах стресу і без стресу. Для даного гібриду ця ознака дорівнює:

$$\frac{\text{врожайність в умовах без стресу} - \text{врожайність в умовах стресу}}{\text{врожайність в умовах без стресу}} \times 100.$$

В певних варіантах здійснення цього винаходу дана ознака виражається у відсотках бушелів з акра.

Використовуваний тут вираз «зменшення врожайності – інбред» стосується обчисленої ознаки, отриманої з дослідження врожайності інбреда, який виріс в умовах стресу і без стресу. Для даного інбреда дана ознака дорівнює:

$$\frac{\text{врожайність в умовах без стресу} - \text{врожайність в умовах стресу}}{\text{врожайність в умовах без стресу}} \times 100.$$

В певних варіантах здійснення цього винаходу дана ознака виражається у відсотках бушелів з акра.

Використовуваний тут вираз «інтервал часу між скиданням пилку і фазою викидання маточкових стовпчиків» (ASI) стосується різниці (в певних варіантах здійснення цього винаходу вираженій в днях) між тим, коли рослина починає скидати пилок (пиління), і коли у неї починається фаза викидання маточкових стовпчиків (жіночі особини). Дані щодо скидання пилку і викидання маточкових стовпчиків збираються в розрахунку на ділянку з обчисленням різниці.

Використовуваний тут вираз «відсоток безплідних рослин» стосується відсотку рослин на даній території (ділянці) без зерна. Він звичайно виражається в термінах відсотку рослин на ділянці і може бути обчислений як:

$$\frac{\text{кількість рослин на ділянці без зерна}}{\text{загальна кількість рослин на ділянці}} \times 100.$$

Використовувані тут терміни «фенотип», «фенотипова ознака» чи «ознака» стосуються однієї чи кількох ознак організму. Фенотип можна спостерігати неозброєним оком чи будь-яким іншим способом оцінки, відомим в даній галузі, наприклад таким, як мікроскопія, біохімічний аналіз чи електромеханічний аналіз. В певних випадках фенотип безпосередньо контролюється одним геном чи генетичним локусом, тобто являє собою «одногенну ознаку». В інших випадках фенотип є результатом кількох генів. Слід зазначити, що, як він тут використовується, термін «фенотип оптимізації водоспоживання» враховує екологічні умови, які можуть вплинути на оптимізацію водоспоживання, так що ефект оптимізації водоспоживання є реальним і відтворюваним.

Використовуваний тут термін «рослина» може стосуватись цілої рослини, будь-якої її частини чи клітини або тканинної культури, отриманих з рослини. Таким чином, термін «рослина» може стосуватись будь-чого з: цілих рослин, компонентів чи органів рослини (наприклад, листя, стебел, корінців і т.д.), тканин рослини, насіння та/або рослинних клітин

Рослинна клітина являє собою клітину рослини, взяту з рослини чи її уточнена сторінка клітини, взятої з рослини. Таким чином, термін «рослинна клітина» включає без обмеження клітини в насінні, суспензійних культурах, ембріонах, меристематичних ділянках, тканинах калюсу, листі, пагонах, гаметофітах, спорофітах, пилку і мікроспорах. Вираз «частина рослини» стосується частини рослини, включаючи окремі клітини і клітинні тканини, такі як рослинні клітини, що є інтактними в рослинах, клітинні скупчення і тканинні культури, з яких рослини можуть бути регенеровані. Приклади частин рослин включають, без обмеження ними, окремі клітини і тканини з пилку, яйцеклітин, листя, ембріонів, корінців, кінчиків корінців, пиляків, квіток, плодів, стебел, пагонів і насіння, а також черешків, кореневищ, протопластів, калюсів і т. п.

Використовуваний тут термін «поліморфізм» означає зміну в нуклеотидній послідовності в локусі, де згадана зміна трапляється надто часто, щоб бути пов'язаною просто зі спонтанною мутацією. Поліморфізм повинен мати частоту щонайменше біля 1% в популяції. Поліморфізм може представляти собою одонуклеотидний поліморфізм (SNP) або поліморфізм вставки / делеції, також відомий тут як "indel". Додатково, зміна може мати місце в профілі транскрипції чи паттерні метилювання. Поліморфний сайт чи сайти нуклеотидної послідовності можна визначити шляхом порівняння нуклеотидних послідовностей в одному чи більше локусах в двох чи більше елементах зародкової плазми.

Використовуваний тут термін «популяція» стосується генетично гетерогенної колекції рослин, що мають спільне генетичне походження.

Використовуваний тут термін «праймер» стосується олігонуклеотиду, який є здатним до відпаду з цільовою нуклеїновою кислотою (в певних варіантах здійснення цього винаходу специфічного відпаду з цільовою нуклеїновою кислотою), що дозволяє ДНК-полімеразі прикріпитись, тим самим слугуючи точкою ініціації синтезу ДНК в умовах, в яких індукується синтез продукту видовження праймера (наприклад, в присутності нуклеотидів і агента полімеризації, такого як ДНК-полімераза, і при відповідних температурі і pH). В певних варіантах здійснення цього винаходу для ампліфікації нуклеїнових кислот *Zea mays* використовують велику кількість праймерів (наприклад, за допомогою полімеразної ланцюгової реакції, ПЛР).

Використовуваний тут термін «зонд» стосується нуклеїнової кислоти (наприклад, одониткової нуклеїнової кислоти або нитки двониткової чи більш високого порядку нуклеїнової кислоти або їх підпослідовності), яка за допомогою водневих зв'язків може утворювати дуплекс з комплементарною послідовністю в цільовій послідовності нуклеїнової кислоти. Типово, зонд має достатню довжину, щоб утворювати зі своїм комплементом стабільну, зі специфічною послідовністю дуплексну молекулу, і як такий може бути використаний в певних варіантах здійснення цього винаходу для визначення послідовності, що становить інтерес і присутня у великій кількості нуклеїнових кислот.

Використовувані тут терміни «потомство» і «рослина-потомок» стосуються рослини, отриманої вегетативним чи статевим розмноженням від одного чи більше батьківських рослин. Рослина-потомок може бути отримана клонуванням чи самозапиленням однієї батьківської рослини чи схрещуванням двох батьківських рослин. Таким чином, вираз «рослина-потомок» означає будь-яку рослину, отриману як потомство в результаті рослинного чи статевого розмноження від одного чи більше батьківських рослин, або її потомків. Наприклад, рослина-потомок може бути отримана клонуванням чи самозапиленням однієї батьківської рослини чи схрещуванням двох батьківських рослин і включає селфінги, а також F1 чи F2, а також наступні

покоління. F1 – це потомство першого покоління, отримане від батьків, щонайменше один з яких використовується вперше в якості донора ознаки, тоді як потомство другого покоління (F2) чи наступних поколінь (F3, F4 і т.п.) є зразками, отриманими від самозапилення, перехресних схрещувань, зворотних схрещувань чи інших схрещувань поколінь F1, F2 і т.п. Отже, F1 може  
 5 бути (і в певних варіантах здійснення цього винаходу є) гібридом, отриманим в результаті схрещування між двома батьками, що належать до чистих ліній (наприклад, кожний з батьків, що належать до чистих ліній, є гомозиготним за ознакою, що становить інтерес, чи її алелем), тоді як F2 може бути (і в певних варіантах здійснення цього винаходу є) потомком, отриманим в результаті самозапилення гібридів F1.

Використовуваний тут вираз «локус кількісної ознаки» (QTL; локуси кількісних ознак - QTL) стосується генетичного локусу (чи локусів), контролюючого в тій чи іншій мірі кількісну ознаку, яка в певних варіантах здійснення цього винаходу характеризується безперервним розподілом. В певних варіантах здійснення цього винаходу QTL містить локус, асоційований з оптимізацією водоспоживання. Використовуваний тут вираз «локус, асоційований з оптимізацією водоспоживання» застосовується тут для позначення хромосомної ділянки, що містить алелі (наприклад, у вигляді генів чи регуляторних послідовностей), асоційовані з експресією ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання. Таким чином, локус, «асоційований з» ознакою оптимізації водоспоживання, стосується однієї чи більше ділянок, розміщених на одній чи більше хромосомах, які включають щонайменше один ген, експресія якого впливає на  
 20 оптимізацію водоспоживання та/або щонайменше одну регуляторну ділянку, яка управляє експресією одного чи більше генів, задіяних в одній чи більше ознаках оптимізації водоспоживання. Локуси можуть бути визначені через їх генетичне розміщення в геномі даної рослини Zea mays з використанням одного чи більше молекулярних геномних маркерів. Один чи більше маркерів, в свою чергу, вказують на конкретний локус. Відстань між локусами звичайно вимірюють частотою кросоверів між локусами на одній і тій самій хромосомі. Чим далі один від одного розміщуються два локуси, тем більша ймовірність того, що між ними буде відбуватись кросовер. З іншого боку, коли два локуси знаходяться близько один до одного, менш ймовірно, що між ними трапиться кросовер. Як правило, одна сантиморганіда (сМ) дорівнює 1% рекомбінації між локусами. Коли QTL можна ідентифікувати кількома маркерами, генетична  
 25 відстань між крайніми маркерами свідчить про розмір QTL.

Використовуваний тут вираз «рекомбінація» означає обмін фрагментами ДНК між двома молекулами ДНК чи хроматидами парних хромосом («кросовер») в межах ділянки гомологічних чи ідентичних нуклеотидних послідовностей. «Рекомбінаційна подія» розуміється тут як така, що означає мейотичний кросовер.

Використовуваний тут термін «референтна послідовність» стосується певної нуклеотидної послідовності, застосованої в якості основи для порівняння нуклеотидних послідовностей. Наприклад, референтну послідовність для маркера отримують генотипуванням кількості рядків в локусі (локусах), що становить інтерес, зіставленням нуклеотидних послідовностей за допомогою програми зіставлення послідовностей і наступним отриманням консенсусної  
 40 послідовності з зіставлення. Таким чином, референтна послідовність виявляє поліморфізми алелів в локусі. Референтна послідовність може не бути копією фактичної послідовності нуклеїнових кислот з будь-якого визначеного організму, однак дана послідовність може бути використана для проектування праймерів і зондів для фактичних поліморфізмів в локусі чи локусах.

Використовуваний тут термін «регенерувати» і його граматичні варіанти стосується отримання рослин з тканинної культури.

Використовувані тут вирази «вибраний алель», «бажаний алель» і «алель, що становить інтерес» застосовуються взаємозамінно для позначення послідовності нуклеїнових кислот, яка включає поліморфний алель, асоційований з бажаною ознакою. Слід зазначити, що «вибраний  
 50 алель», «бажаний алель» та/або «алель, що становить інтерес» може бути асоційованим як зі збільшенням бажаної ознаки, так і зі зменшенням бажаної ознаки, в залежності від характеру фенотипу, який намагаються отримати в інтродукованій рослині.

Використовуваний тут вираз «однонуклеотидний поліморфізм» чи «SNP» стосується поліморфізму, який являє собою відмінність в одну пару основ між двома нуклеотидними послідовностями. Використовуваний тут термін «SNP» також стосується відмінностей між двома нуклеотидними послідовностями, які з'являються в результаті простих змін однієї послідовності по відношенню до другої, які відбуваються в одному сайті в послідовності. Наприклад, термін «SNP» призначений для позначення не тільки послідовностей, які відрізняються одним нуклеотидом в результаті заміни в нуклеїновій кислоті однієї послідовності у порівнянні з іншою,  
 60 але також для позначення послідовностей, які відрізняються одним, двома, трьома чи більше

нуклеотидами в результаті делеції 1-го, 2-х, 3-х чи більше нуклеотидів в одному сайті однієї з послідовностей у порівнянні з іншою. Зрозуміло, що у випадку двох послідовностей, які відрізняються одна від одної тільки в силу делеції 1-го, 2-х, 3-х чи більше нуклеотидів в одному сайті в одній з послідовностей у порівнянні з іншою, такий самий сценарій можна розглядати як додавання 1-го, 2-х, 3-х чи більше нуклеотидів в одному сайті однієї з послідовностей у порівнянні з іншою, в залежності від того, яка з двох послідовностей вважається референтною послідовністю. Таким чином, вважається, що вставки та/або делеції в одному сайті також охоплюються терміном «SNP».

Гетерозисна група "Stiff Stalk" представляє собою крупну гетерозисну групу в регіонах вирощування кукурудзи північної частини США і Канади. Вона також може називатись гетерозисною групою "Iowa Stiff Stalk Synthetic" чи "BSSS".

Використовуваний тут вираз «жорсткі умови гібридизації», стосується умов при яких полінуклеотид гібридується зі своєю цільовою послідовністю, як правило, в складній суміші нуклеїнових кислот, але ні з якими іншими послідовностями. Жорсткі умови залежать від послідовності і можуть змінюватись за різних обставин.

Більш довгі послідовності звичайно гібридизуються специфічно при більш високих температурах. Докладні інструкції щодо гібридизації нуклеїнових кислот можна знайти у Tijssen, 1993. В загальному випадку жорсткі умови гібридизації вибирають таким чином, щоб вони були на приблизно 5-10°C нижче температури плавлення (T<sub>m</sub>) специфічної послідовності при певній іонній силі і величині рН. T<sub>m</sub> представляє собою температуру (при заданій іонній силі, рН і концентрації нуклеїнової кислоти), при якій 50% зондів, комплементарних цільовій послідовності, гібридизуються в рівноважних умовах з цільовою послідовністю (оскільки при T<sub>m</sub> цільові послідовності є присутніми в надлишку, то в рівноважних умовах зайняті 50% зондів). Прикладом жорстких умов можуть бути такі умови, при яких концентрація солі становить менше ніж приблизно 1,0 М іонів натрію, звичайно від приблизно 0,01 до 1,0 М іонів натрію (чи інших солей) при величині рН від 7,0 до 8,3 і температурі щонайменше біля 30°C для коротких зондів (наприклад, таких що містять від 10 до приблизно 50 нуклеотидів) і щонайменше біля 60°C для довгих зондів (наприклад, таких що містять понад 50 нуклеотидів).

Жорсткі умови можуть також створюватись додаванням дестабілізуючих агентів, таких як формамід. Додатковий приклад жорстких умов гібридизації включає інкубацію в буфері, який містить 50% формаміду, 5×SSC і 1% SDS при 42°C, або SSC, 1 % SDS, з інкубацією при 65°C, з одною чи більше промивками сумішшю 0,2×SSC і 0,1% SDS при 65°C. У випадку ПЛР температура біля 36°C є типовою для ампліфікації в умовах низької жорсткості, хоча температура відпалу може коливатись в межах між біля 32°C і 48°C (чи вище), в залежності від довжини праймера. Додаткові інструкції для визначення параметрів гібридизації представлені в численних посиланнях (дивись, наприклад, Ausubel et al., 1999).

Використовуваний тут вираз «аналіз TaqMan®» стосується виявлення послідовності в режимі реального часу за допомогою ПЛР, на основі набору для аналізу TaqMan® від компанії Applied Biosystems, Inc. of Foster City Каліфорнія, США. Для маркера, що ідентифікується, аналіз TaqMan® може бути налагоджений для застосування в програмі розведення.

Використовуваний тут термін «тестер» стосується лінії, що використовується в випробувальному схрещуванні з однією чи більше іншими лініями, причому тестер і лінія(ї) в цьому випробуванні мають бути генетично різнорідними. Тестер може бути ізогенною лінією до схрещеної лінії.

Використовуваний тут термін «ознака» стосується фенотипу, що становить інтерес, гену, який вносить свій внесок у фенотип, що становить інтерес, а також послідовності нуклеїнових кислот, асоційованої з геном, який вносить свій внесок у фенотип, що становить інтерес. Наприклад, «ознака оптимізації водоспоживання» стосується фенотипу оптимізації водоспоживання, а також гену, який вносить свій внесок у фенотип оптимізації водоспоживання, і послідовності нуклеїнових кислот (наприклад, SNP чи інший маркер), що є асоційованою з фенотипом оптимізації водоспоживання.

Використовуваний тут термін «трансген» стосується молекули нуклеїнової кислоти, що вводиться в організм чи його предкам тією чи іншою формою способу штучного перенесення. Спосіб штучного перенесення створює, таким чином, «трансгенний організм» чи «трансгенну клітину». Зрозуміло, що спосіб штучного перенесення може здійснюватись в організмі предка (чи в клітині в ньому та/або в клітині, яка може розвинути в організм предка), і, тим не менше, будь-який індивід-потомок, який має штучно перенесену молекулу нуклеїнової кислоти чи її фрагмент, як і раніше вважається трансгенним, навіть коли присутність штучно перенесеної молекули нуклеїнової кислоти у індивіда-потомка є результатом одного чи більше природних та/або примусових розведень.

«Несприятливий алель» маркера являє собою алель маркера, який сегрегує з несприятливим фенотипом рослини, тем самим уможлиблюючи виявлення рослин, які можуть бути видалені з програми розведення чи посадки.

Використовуваний тут термін «оптимізація водоспоживання» означає будь-який параметр рослини, його частин чи його структури, який можна виміряти та/або оцінити кількісно для того, щоб оцінити ступінь і швидкість росту і розвитку рослин в умовах достатньої присутності води у порівнянні з умовами неоптимальної присутності води (наприклад, посуха). Як така, «ознака оптимізації водоспоживання» являє собою будь-яку ознаку, яка, як можна показати, впливає на врожайність рослини при різних комбінаціях умов вирощування, пов'язаних з доступністю води.

Аналогічним чином, «оптимізація водоспоживання» може розглядатись як «фенотип», який, як він тут використовується, стосується характерної риси клітини чи організму, яка виявляється, спостерігається та/або вимірюється. В певних варіантах здійснення цього винаходу фенотип базується, щонайменше частково, на генетичному складі клітини чи організму (далі по тексті «генотип» клітини чи організму). Приклади фенотипів оптимізації водоспоживання представляють собою врожайність зерна при стандартному відсотку вологості (YGSMN), вологість зерна в період збирання врожаю (GMSTP), вага зерна на ділянку (GWTPN), відсоток відновлення врожайності (PYREC). Слід зазначити, що, як він тут використовується, термін «фенотип» враховує те, як оточуюче середовище (наприклад, умови оточуючого середовища) може впливати на оптимізацію водоспоживання, так щоб ефект оптимізації водоспоживання був реальним і відтворюваним. Використовуваний тут термін «зменшення врожайності» (YD) стосується степеня, до якого врожайність зменшується у рослин, вирощених в умовах стресу. YD обчислюється по формулі:

$$\frac{\text{врожайність в умовах без стресу} - \text{врожайність в умовах стресу}}{\text{врожайність в умовах без стресу}} \times 100$$

II. Молекулярні маркери, локуси, асоційовані з оптимізацією водоспоживання, і композиції для аналізу послідовностей нуклеїнових кислот

Молекулярні маркери використовуються для візуалізації відмінностей в послідовностях нуклеїнових кислот. З цією метою можуть застосовуватись методики гібридизації ДНК-ДНК після розщеплення рестрикційним ферментом (наприклад, RFLP) та/або методики з використанням полімеразної ланцюгової реакції (наприклад, STS, SSR/мікросателіти, AFLP і т.п.). В певних варіантах здійснення цього винаходу всі відмінності між двома батьківськими генотипами діляться в популяції, що картується, на основі схрещування даних батьківських генотипів. Можна порівняти сегрегацію різних маркерів і можна обчислити частоти рекомбінації. Способи картування маркерів рослин є описаними, наприклад, в Glick & Thompson, 1993; Zietkiewicz et al., 1994. Частоти рекомбінації молекулярних маркерів на різних хромосомах звичайно становлять 50%. Частота рекомбінації між молекулярними маркерами, розташованими на одній хромосомі, в цілому, залежить від відстані між маркерами. Низька частота рекомбінації звичайно відповідає невеликій генетичній відстані між маркерами на хромосомі. Порівняння всіх частот рекомбінації дозволяє визначити найбільш логічний порядок молекулярних маркерів на хромосомах. Цей найбільш логічний порядок можна зобразити на карті зчеплення (Paterson, 1996). Група сусідніх чи послідовних маркерів на карті зчеплення, яка є асоційованою з поліпшеною оптимізацією водоспоживання, може вказувати на позицію MTL, асоційованого з поліпшеною оптимізацією водоспоживання. Генетичні локуси, що корелюють з певними фенотипами, такими як посухостійкість, можуть бути картовані в геномі організму. Ідентифікуючи маркер чи кластер маркерів, які сегрегують спільно з ознакою, що становить інтерес, селекціонер може швидко вибрати бажаний фенотип селекцією правильного маркера (даний процес називається маркерною селекцією чи MAS). Такі маркери можуть також використовуватись селекціонерами для розробки генотипів in silico і для практичної селекції цілого генома.

Описаний в цьому документі об'єкт винаходу в певних варіантах здійснення стосується маркерів, що асоційовані з підвищеною посухостійкістю/оптимізацією водоспоживання. Виявлення даних маркерів та/або інших зчеплених маркерів може використовуватись для ідентифікації, селекції та/або отримання посухостійких рослин та/або видалення рослин, що не є посухостійкими, з програм розведення чи посадки.

Описаний в цьому документі об'єкт винаходу стосується маркерів, що асоційовані з поліпшеними ознаками оптимізації водоспоживання. Маркер за описаним в цьому документі об'єктом винаходу може містити один алель чи комбінацію алелів в одному чи більше

генетичних локусах. В певних варіантах здійснення цього винаходу один чи більше алелів характеризуються одним чи більше локусами, вибраними з, але не обмежуючись ними, локусів, представлених послідовностями SEQ ID №№: 1-117, 400 і 401, які розміщені в геномі *Zea mays* наступним чином:

5 (I) SEQ ID №: 1 походить від локусу *Zmlga4* *Zea mays* і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпослідовності послідовності SEQ ID №: 1, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID №: 118, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID NO: 119; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидних позиціях 115, 270, 301 і 483 і містять будь-яку частину послідовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ послідовності SEQ ID №: 1 на хромосомі 8 *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

10 (II) SEQ ID №: 2 походить від локусу оптимізації водоспоживання і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпослідовності послідовності SEQ ID №: 2, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID №: 120, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID №: 121; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидних позиціях 100 і 264-271 і містять будь-яку частину послідовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ послідовності SEQ ID №: 2 на хромосомі 8 *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

20 (III) SEQ ID №: 3 походить від локусу *ZmDr1* *Zea mays* і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпослідовності послідовності SEQ ID №: 3, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID №: 122, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID NO: 123; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 216 послідовності SEQ ID №: 3, і містять будь-яку частину послідовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ послідовності SEQ ID №: 3 в геномі *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

35 (IV) SEQ ID №: 4 походить від локусу *ZmDrA* *Zea mays* і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпослідовності послідовності SEQ ID №: 4, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID №: 124, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID №: 125; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 503 послідовності SEQ ID №: 4, і містять будь-яку частину послідовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ послідовності SEQ ID №: 4 на хромосомі 7 *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

40 (V) SEQ ID №: 5 походить від локусу *ZmDr2* *Zea mays* і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпослідовності послідовності SEQ ID №: 5, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID №: 126, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID №: 127; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидних позиціях 818-821 послідовності SEQ ID №: 5, і містять будь-яку частину послідовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ послідовності SEQ ID №: 5 на хромосомі 2 *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(VI) SEQ ID №: 6 походить від локусу ZmDr3 Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 6, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 128, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 129; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 254 последовності SEQ ID №: 6, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ последовності SEQ ID №: 6 на хромосомі 2 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(VII) SEQ ID №: 7 походить від локусу ZmDr4 Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 7, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 130, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 131; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційовані з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидних позиціях 4497-4498, 4505, 4609, 4641, 4792, 4836, 4844, 4969 і 4979-4981 последовності SEQ ID №: 7, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 cM последовності SEQ ID №: 7 на хромосомі 8 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(VIII) SEQ ID №: 8 походить від локусу ZmMa3 Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 8, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 132, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 133; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційовані з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидних позиціях 217, 390 і 477 последовності SEQ ID №: 8, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ последовності SEQ ID №: 8 на хромосомі 2 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(IX) SEQ ID №: 9 походить від генома *Zea mays* і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 9, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 134, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 135; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 292 последовності SEQ ID №: 9, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 см последовності SEQ ID №: 9 на хромосомі 4 *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(X) SEQ ID №: 10 походить від локусу ZmBglcn Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 10, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 136, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 137; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційовані з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 166 последовності SEQ ID №: 10, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 см последовності SEQ ID №: 10 на хромосомі 3 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XI) SEQ ID №: 11 походить від локусу ZmLOC100276591 *Zea mays* і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому задані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 11, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить

5 SEQ ID №: 11, і містять будь-яку частину послідовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ послідовності SEQ ID №: 11 в геномі *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

10 використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 12, отриманої  
ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить  
нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 140, і другим олігонуклеотидом,  
що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 141; при цьому даний  
локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі  
15 характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 94 последовності  
SEQ ID №: 12, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10,  
15, 20 чи 25 сМ последовності SEQ ID №: 12 на хромосомі 1 *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку,  
асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

20 олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 13, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 140, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 141; при цьому даний

25 локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидних позиціях 35, 86 та/або 89 последовності SEQ ID №: 13, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ последовності SEQ ID №: 13 на хромосомі 1 *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 14, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 142, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 143; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 432 последовності SEQ ID №: 14, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ последовності SEQ ID №: 14 в геномі *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

45 нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID №: 144, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID №: 145; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 753 послідовності SEQ ID №: 15, і містять будь-яку частину послідовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 50 15, 20 чи 25 сМ послідовності SEQ ID №: 15 на хромосомі 1 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

55 ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID №: 146, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну послідовність, показану послідовністю SEQ ID №: 147; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 755 послідовності

60 SEQ ID №: 16, і містять будь-яку частину послідовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10,



15, 20 чи 25 сМ послідовності SEQ ID №: 16 на хромосомі 4 *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XVII) SEQ ID №: 17 походить від локусу ZmDrB Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 17, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 148, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 149; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 431 последовності SEQ ID №: 17, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ последовності SEQ ID №: 17 в геномі Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XVIII) SEQ ID №: 18 походить від локусу ZmAdh1-1 Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 18, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 150, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 151; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються однонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 518 последовності SEQ ID №: 18, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 cM последовності SEQ ID №: 18 на хромосомі 1 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

25 (XIX) SEQ ID №: 19 походить від локусу ZmDr10 Zea mays і визначається першим  
олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути  
використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 19, отриманої  
ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить  
нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 152, і другим олігонуклеотидом,  
30 що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 153; при цьому даний  
локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі  
характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидних позиціях 182, 309, 330 і  
463 последовності SEQ ID №: 19, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4,  
5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ последовності SEQ ID №: 19, що дає поліпшену ознаку,  
35 асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XX) SEQ ID №: 20 походить від локусу ZmDrC Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 20, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 154, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 155; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидних позиціях 773-776 последовності SEQ ID №: 20, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 cM последовності SEQ ID №: 20 в геномі Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XXI) SEQ ID №: 21 походить від локусу ZmDr5 Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 21, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 156, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 157; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидних позиціях 61, 200 і 316-324 последовності SEQ ID №: 21, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ последовності SEQ ID №: 21 на хромосомі 5 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XXII) SEQ ID №: 22 походить від локусу ZmDrD Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 22, отриманої



послідовності SEQ ID №: 27, і містять будь-яку частину послідовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ послідовності SEQ ID №: 27 на хромосомі 8 *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XXVIII) SEQ ID №: 28 походить від локусу ZmDrF Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 28, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 170, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 171; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидних позиціях 98, 147, 224 та/або 496 последовності SEQ ID №: 28, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 cM последовності SEQ ID №: 28 на хромосомі 9 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XXIX) SEQ ID №: 29, походить від локусу оптимізації водоспоживання *Zea mays* і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 29, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 172, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 173; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються однонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 258 последовності SEQ ID №: 29, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 cM последовності SEQ ID №: 29 на хромосомі 8 *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XXX) SEQ ID №: 30 походить від локусу ZmDhn2 Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 30, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 174, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 175; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційовані з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидних позиціях 259, 296, 398 та/або 1057 последовності SEQ ID №: 30, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ последовності SEQ ID №: 30 на хромосомі 4 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XXXI) SEQ ID №: 31 походить від локусу ZmDr16 Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 31, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 176, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 177; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційовані з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 239 последовності SEQ ID №: 31, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ последовності SEQ ID №: 31 на хромосомі 8 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XXXII) SEQ ID №: 32 походить від локусу ZmDr17 Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 32, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 178, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 179; при цьому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційовані з оптимізацією водоспоживання, а алелі характеризуються одонуклеотидним поліморфізмом в нуклеотидній позиції 208 последовності SEQ ID №: 32, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ последовності SEQ ID №: 32 в геномі Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XXXIII) SEQ ID №: 33 походить від локусу оптимізації водоспоживання *Zea mays* і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані



алелі характеризуються поліморфізмом в нуклеотидній позиції 309 та/або 342 послідовності SEQ ID №: 38, і містять будь-яку частину послідовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ послідовності SEQ ID №: 38 на хромосомі 3 *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

5 (XXXIX) SEQ ID №: 39 походить від локусу ZmDrJ Zea mays і визначається першим  
олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути  
використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 39, отриманої  
ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить  
нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 192, і другим олігонуклеотидом  
10 що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 193, причому даний  
локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а дані  
алелі характеризуються поліморфізмом в нуклеотидній позиції 445 последовності SEQ ID №: 39,  
і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 cM  
последовності SEQ ID №: 39 на хромосомі 5 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з  
15 оптимізацією водоспоживання;

(XL) SEQ ID №: 40 походить від локусу ZmH2B1 Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 40, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 194, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 195, причому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а дані алелі характеризуються поліморфізмом в нуклеотидній позиції 602 последовності SEQ ID №: 40, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 см последовності SEQ ID №: 40 на хромосомі 4 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XLI) SEQ ID №: 41 походить від локусу ZmDr3 Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 41, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 196, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 198, причому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а дані алелі характеризуються поліморфізмом в нуклеотидній позиції 190 та/або 580 последовності SEQ ID №: 41, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 чм последовності SEQ ID №: 41 на хромосомі 2 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XLII) SEQ ID №: 42 походить від локусу ZmDrK Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 42, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 198, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 199, причому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а дані алелі характеризуються поліморфізмом в нуклеотидних позиціях 238, 266-267 і 808 последовності SEQ ID №: 42, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 cM последовності SEQ ID №: 42 в геномі Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;

(XLIII) SEQ ID №: 43 походить від локусу ZmCat1 Zea mays і визначається першим олігонуклеотидом і другим олігонуклеотидом, причому згадані олігонуклеотиди можуть бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 43, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти Zea mays з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 200, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 201, причому даний локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а дані алелі характеризуються поліморфізмом в нуклеотидній позиції 708 последовності SEQ ID №: 43, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 см последовності SEQ ID №: 43 на хромосомі 5 Zea mays, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання;









бути використані для ампліфікації підпоследовності последовності SEQ ID №: 60, отриманої ампліфікацією нуклеїнової кислоти *Zea mays* з першим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 230, і другим олігонуклеотидом, що містить нуклеотидну последовність, показану последовністю SEQ ID №: 231; причому даний

локус додатково містить алелі ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, а дані алелі характеризуються поліморфізмом в нуклеотидній позиції 267 последовності SEQ ID №: 60, і містять будь-яку частину последовності ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ последовності SEQ ID №: 60 на хромосомі 8 *Zea mays*, що дає поліпшену ознаку, асоційовану з оптимізацією водоспоживання.

В певних варіантах здійснення цього винаходу последовність ДНК в межах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20 чи 25 сМ последовності маркера, описаного в даному документі, відображає частоту генетичної рекомбінації, рівну менше ніж приблизно 25%, 20%, 15%, 10%, 9%, 8%, 7%, 6%, 5%, 4%, 3%, 2% чи 1%, з маркером описаного в даному документі об'єкта винаходу. В певних варіантах здійснення цього винаходу зародкова плазма являє собою лінію чи сорт *Zea mays*.

Фрагменти ДНК, асоційовані з присутністю ознаки, алелів та/або гаплотипів, асоційованих з оптимізацією водоспоживання, включаючи, але не обмежуючись ними, последовності SEQ ID №№: 1-117, 400 і 401, також охоплюються цим винаходом. В певних варіантах здійснення цього винаходу фрагменти ДНК, асоційовані з присутністю ознаки, асоційованої з оптимізацією водоспоживання, мають прогнозовану довжину та/або последовність нуклеїнових кислот, і виявлення фрагмента ДНК з прогнозованою довжиною та/або последовністю нуклеїнових кислот здійснюється таким чином, що ампліфікований фрагмент ДНК має довжину, яка відповідає (плюс чи мінус кілька основ, наприклад довжина становить більше чи менше на одну, дві чи три основи) прогнозованій довжині. В певних варіантах здійснення цього винаходу фрагмент ДНК являє собою ампліфікований фрагмент, і цей ампліфікований фрагмент має таку ж прогнозовану довжину та/або последовність нуклеїнових кислот, що й ампліфікований фрагмент, отриманий аналогічною реакцією з тими самими праймерами ДНК від рослини, в якій вперше був виявлений маркер чи последовність нуклеїнових кислот, яка відповідає (тобто, ідентичність нуклеотидних последовностей становить більше ніж 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% чи 99%) последовності, очікуваній на основі последовності маркера, асоційованого з тією асоційованою з оптимізацією водоспоживання ознакою в тій рослині, в якій маркер було вперше виявлено. Спеціалісту в цій галузі має бути зрозумілим, що маркери, відсутні в рослинах, хоча вони були представлені щонайменше в одній батьківській рослині (так звані транс-маркери), також можуть застосовуватись в аналізах на виявлення бажаної ознаки в рослині-потомку, хоча тестування на відсутність маркера для виявлення присутності бажаної ознаки в рослині-потомку не є оптимальним. Виявлення ампліфікованого фрагмента ДНК з прогнозованою довжиною чи прогнозованою последовністю нуклеїнових кислот може здійснюватись будь-яким з великої кількості способів, включаючи, але не обмежуючись ними, стандартні способи гел-електрофорезу, та/або за допомогою автоматизованих секвенсорів ДНК. Ці способи тут не описані докладно, оскільки вони добре відомі спеціалістам.

Праймер (в певних варіантах здійснення цього винаходу праймер видовження, а в інших праймер ампліфікації) є в певних варіантах здійснення цього винаходу одонитковим для досягнення максимальної ефективності видовження та/або ампліфікації. В певних варіантах здійснення цього винаходу праймер являє собою олігодезоксирибонуклеотид. Праймер звичайно буває достатньо довгим, щоб почати синтез видовження та/або продуктів ампліфікації в присутності агента полімеризації. Мінімальна довжина праймера буде залежати від багатьох чинників, включаючи, але не обмежуючись ними, температуру і композицію (вміст А/Т у порівнянні з G/C) праймера.

Що стосується праймерів ампліфікації, то вони звичайно мають вигляд одного чи більше наборів двонаправлених праймерів, які включають один чи більше прямих і один чи більше зворотних праймерів, які широко застосовуються в технології ампліфікації ДНК, наприклад в ПЛР-ампліфікації. Отже, слід розуміти, що термін «праймер», як він тут використовується, може стосуватись більше ніж одного праймера, особливо в тому випадку, коли існує певна невизначеність в інформації стосовно термінальної (термінальних) последовності (последовностей) цільової ділянки, яку потрібно ампліфікувати. Таким чином, «праймер» може включати колекцію праймерних олігонуклеотидів, що містять последовності з можливими змінами, або може включати нуклеотиди, які дозволяють типове парування основ. Праймери можуть бути отримані будь-яким придатним способом. Способи отримання олігонуклеотидів конкретної последовності є відомими в цій галузі і включають, наприклад, клонування і

рестрикцію відповідних послідовностей і прямий хімічний синтез. Способи хімічного синтезу можуть включати, наприклад, фосфодієфірний чи фосфотрієфірний спосіб, діетилфосфоамідатний спосіб і спосіб на твердому носіїві, описаний а патенті США № 4,458,068.

5 Праймери можуть бути помічені, коли це бажано, включенням фрагментів, що піддаються виявленню, наприклад спектроскопічних, флуоресцентних, фотохімічних, біохімічних, імунохімічних чи хімічних залишків.

Залежне від матриці видовження олігонуклеотидного праймера каталізується агентом полімеризації в присутності достатніх кількостей чотирьох дезоксирибонуклеотид-трифосфатів (дАТФ, дГТФ, дЦТФ і дТТФ, тобто дНТФ) або їх аналогів в реакційному середовищі, яке містить відповідні солі, катіони металів і рН-буферну систему. Придатними агентами полімеризації слугують ферменти, про які відомо, що вони каталізують праймер- і матриця-залежний синтез ДНК. До відомих ДНК-полімераз відносяться, наприклад, ДНК-полімераза E уточнена сторінка Кленова, T4 ДНК-полімераза і Taq ДНК-полімераза, а також їх різні модифікації.

15 каталітичного синтезу ДНК такими ДНК-полімеразами є відомими в даній галузі. Продукти синтезу представляють собою дуплексні молекули, що складаються з ниток матриці і ниток видовження праймера, які включають шукану послідовність. Дані продукти, в свою чергу, можуть слугувати в якості матриці для чергового циклу реплікації. У другому циклі реплікації нитку видовження праймера першого циклу відпаляють з комплементарним праймером; синтез дає «короткий» продукт, що є зв'язаним як на 5'-, так і на 3'-кінцях праймерними послідовностями чи їх комплементарними послідовностями. Повторні цикли денатурації, відпал праймера і видовження можуть привести до експоненціального накопичення цільової ділянки, що визначається праймерами. Для досягнення бажаної кількості полінуклеотиду, що містить цільову ділянку нуклеїнової кислоти, виконують достатню кількість циклів. Бажана кількість може коливатись і визначається функцією, якою слугує отриманий полінуклеотид.

20 25

Спосіб ПЛР є добре описаним в довідниках і відомий спеціалістам. Після ампліфікації за допомогою ПЛР цільові полінуклеотиди можуть бути виявлені гібридизацією з зондом-полінуклеотидом, який утворює стабільний гібрид з такою цільовою послідовністю в умовах жорсткої і помірно жорсткої гібридизації і промивки. Коли очікується, що зонди будуть практично повністю комплементарними (тобто біля 99% чи більше) цільовій послідовності, то можуть бути застосовані жорсткі умови. Коли очікуються певні розбіжності, наприклад, коли очікуються варіантні штами, в результаті чого зонд не буде повністю комплементарним, то жорсткість гібридизації може бути зменшена. В певних варіантах здійснення цього винаходу вибирають такі умови, щоб виключити неспецифічне/випадкове зв'язування. Умови, які впливають на гібридизацію і які усувають неспецифічне зв'язування, є відомими в даній галузі і описаними, наприклад, в Sambrook & Russell, 2001. Як правило, більш низька концентрація солі і висока температура збільшують жорсткість умов гібридизації.

30 35

Для того, щоб встановити присутність двох алелів, асоційованих з оптимізацією водоспоживання, на одній хромосомі в рослині, можуть бути використані також способи «розпису» хромосом. При використанні таких способів щонайменше перший алель, асоційований з оптимізацією водоспоживання, і щонайменше другий алель, асоційований з оптимізацією водоспоживання, можуть бути виявлені в одній хромосомі гібридизацією *in situ* чи способами ПЛР *in situ*. Зручніше факт присутності двох алелів, асоційованих з оптимізацією водоспоживання, на одній хромосомі підтверджувати шляхом визначення ступеня їх зчеплення: тобто, демонстрацією того, що дані ознаки показують знижену сегрегацію у порівнянні з генами, які знаходяться на окремих хромосомах.

40 45

Ідентифіковані в даному документі алелі, асоційовані з оптимізацією водоспоживання, розміщуються на великій кількості різних хромосом або в групах зчеплення, і їх розміщення може бути охарактеризоване низкою в інших відношеннях незалежних маркерів. В наших дослідженнях були використані одонуклеотидні поліморфізми (SNP), хоча могли б бути також застосовані і дійсно застосовуються маркери на основі поліморфізму довжини рестрикційних фрагментів (RFLP), маркери на основі поліморфізму довжини ампліфікованого фрагмента (AFLP), мікросателітні маркери (наприклад, SSR), маркери введення мутацій, маркери на основі ампліфікованої ділянки з відомою послідовністю (SCAR), маркери на основі розщеплених ампліфікованих поліморфних послідовностей (CAPS), маркери-ізоферменти, технології на основі мікрочипів, аналізи TaqMan®, аналіз Illumina® GoldenGate® Assay, технології секвенування нуклеїнової кислоти чи комбінації цих маркерів.

50 55

В загальному випадку, надання інформації про повну послідовність асоційованих з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу не є обов'язковим, оскільки шлях, використаний для першого виявлення асоційованих з оптимізацією водоспоживання алеля

60

та/або гаплотипу, дозволяє відстежити серед популяції рослин-потомків ті рослини, які мають генетичний потенціал для демонстрації певної фенотипової ознаки. Пропонуючи необмежуючий перелік маркерів, описаний в даному документі об'єкт винаходу таким чином забезпечує ефективне застосування описаних тут асоційованих з оптимізацією водоспоживання алелів та/або гаплотипів в програмах розведення. В певних варіантах здійснення цього винаходу маркер є специфічним для певної лінії потомства. Таким чином, конкретна ознака може бути асоційованою з певним маркером.

Маркери, як тут описано, не тільки вказують на розміщення алелів, асоційованих з оптимізацією водоспоживання, вони також корелюють з присутністю конкретної фенотипової ознаки в рослині. Слід зазначити, що одонуклеотидні поліморфізми, які показують, де в геномі присутній алель, асоційований з оптимізацією водоспоживання, не є обмеженням. В цілому, на розміщення алеля, асоційованого з оптимізацією водоспоживання, вказує набір одонуклеотидних поліморфізмів, які демонструють статистичну кореляцію з фенотиповою ознакою. Після того, як за межами одонуклеотидного поліморфізму знайдений маркер (тобто маркер, який має LOD-бал нижче певної межі, вказуючи на те, що даний маркер знаходиться так далеко, що рекомбінація на ділянці між таким маркером і алелем, асоційованим з оптимізацією водоспоживання, зустрічається настільки часто, що присутність маркера не корелює статистично значимим чином з присутністю фенотипу), межі алеля, асоційованого з оптимізацією водоспоживання, можна вважати встановленими. Таким чином, можна також встановити розміщення асоційованого з оптимізацією водоспоживання алеля, використовуючи інші маркери, які розміщені всередині такої вказаної ділянки. Додатково слід зазначити, що одонуклеотидний поліморфізм може бути використаний також для індикації присутності асоційованого з оптимізацією водоспоживання алеля (і, відповідно, фенотипу) в окремій рослині, що в певних варіантах здійснення цього винаходу означає, що він може бути застосований в процедурах маркерної селекції (MAS).

В принципі, число маркерів, які потенційно можуть бути застосовані, є дуже великим. Будь-який маркер, зчеплений з алелем, асоційованим з оптимізацією водоспоживання (наприклад такий, що попадає всередину фізичних меж геномної ділянки між маркерами, які мають встановлені LOD-бали вище певного порогу, тим самим показуючи, що рекомбінація між маркером і асоційованим з оптимізацією водоспоживання алелем не проявляється чи проявляється дуже слабо в схрещуваннях, а також будь-який маркер, нерівноважно зчеплений з алелем, асоційованим з оптимізацією водоспоживання, а також маркери, що являють собою мутації всередині алеля, асоційованого з оптимізацією водоспоживання, які викликають зміни) можуть бути використані в описаних тут способах і композиціях, і такі маркери входять в об'єм описаного в даному документі об'єкта винаходу. Даний факт означає, що маркери, вказані в заявці як асоційовані з алелем, асоційованим з оптимізацією водоспоживання (наприклад, маркери, що присутні в або містять будь-яку з послідовностей SEQ ID №№: 1-24), представляють собою необмежуючі приклади маркерів, придатних для використання в описаних тут способах і композиціях. Більше того, коли алель, асоційований з оптимізацією водоспоживання, чи його конкретна частина, що несе дану ознаку, є інтрогресованими в інший генетичний фон (тобто в геном другого кукурудзяної чи іншої рослини), тоді можливо, що деякі маркери більше не будуть знайдені у потомка, не дивлячись на присутню в ньому ознаку, вказуючи на те, що такі маркери знаходяться поза геномної ділянки, яка є специфічною частиною асоційованого з оптимізацією водоспоживання алеля, що несе дану ознаку у вихідній батьківській лінії, і що новий генетичний фон має іншу геномну організацію. Такі маркери, відсутність яких вказує на успішне введення генетичного елемента в потомство, називаються «транс-маркерами» і можуть бути в рівній мірі придатними у відношенні до описаного в даному документі об'єкту винаходу.

При ідентифікації асоційованого з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу ефект асоційованого з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу (наприклад, ознака) можна підтвердити, наприклад, шляхом оцінка цієї ознаки в потомстві, сегрегованому по асоційованим з оптимізацією водоспоживання алелям та/або гаплотипам. Оцінка ознаки може здійснюватись відповідним чином за допомогою фенотипової оцінки, як відомо в цій галузі для ознак оптимізації водоспоживання. Наприклад, для оцінки ознак гібридної та/або інбредної кукурудзи можуть бути проведені (польові) випробовування в природних та/або зрошуваних умовах.

Маркери, що відносяться до описаного в даному документі об'єкту винаходу, можуть бути використані для виявлення присутності одного чи більше алелів та/або гаплотипів ознаки оптимізації водоспоживання в локусах, що відносяться до описаного в даному документі об'єкту винаходу, в рослині кукурудзи, підозрюваній в присутності інтрогресованої ознаки оптимізації

водоспоживання, і, відповідно, можуть використовуватись в способах, які включають маркерне розведення і маркерну селекцію таких рослин кукурудзи, що несуть ознаку оптимізації водоспоживання. В певних варіантах здійснення цього винаходу виявлення присутності асоційованих з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу описаного в даному документі об'єкту винаходу здійснюється щонайменше з одним з маркерів асоційованих з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу, як визначено в даному документі. Друга задача описаного в даному документі об'єкту винаходу, відповідно, стосується способу виявлення присутності асоційованих з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу щонайменше для однієї з описаних тут ознак оптимізації водоспоживання і включає виявлення присутності послідовності нуклеїнової кислоти асоційованих з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу в рослині кукурудзи, що несе ознаку оптимізації водоспоживання, присутність якої можна встановити за допомогою описаних маркерів.

В певних варіантах здійснення цього винаходу таке виявлення включає визначення нуклеотидної послідовності нуклеїнової кислоти *Zea mays*, яка асоційована з ознакою, алелем та/або гаплотипом, асоційованим з оптимізацією водоспоживання. Задача визначення нуклеотидної послідовності асоційованих з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу описаного в даному документі об'єкту винаходу може бути вирішена, наприклад, визначенням нуклеотидної послідовності одного чи більше маркерів, асоційованих з алелем та/або гаплотипом, асоційованими з оптимізацією водоспоживання, і конструюванням внутрішніх праймерів для маркерних послідовностей, які тоді можуть бути застосовані для подальшого визначення послідовності асоційованих з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу за межами маркерних послідовностей.

Наприклад, нуклеотидна послідовність маркерів SNP, описана тут, може бути отримана шляхом виділення маркерів з електрофорезного гелю, яке використовується при встановленні присутності маркерів в геномі рослини за цим винаходом, і визначення нуклеотидної послідовності маркерів, наприклад, способами дидезокси-секвенування з обривом ланцюга, які є добре відомими в цій галузі. В певних варіантах здійснення цього винаходу, які відносяться до таких способів виявлення присутності асоційованих з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу в рослині кукурудзи, що несе ознаку, даний спосіб може також включати надання олігонуклеотиду чи полінуклеотиду, здатного до гібридизації в жорстких умовах гібридизації з послідовністю нуклеїнової кислоти маркера, зчепленого з асоційованими з оптимізацією водоспоживання алелем та/або гаплотипом, який в певних варіантах здійснення цього винаходу вибирається з маркерів, описаних тут, зв'язування олігонуклеотиду чи полінуклеотиду з перевареною геномною нуклеїновою кислотою рослини кукурудзи, що несе дану ознаку, і встановлення наявності специфічної гібридизації олігонуклеотиду чи полінуклеотиду з перевареною геномною нуклеїновою кислотою. В певних варіантах здійснення цього винаходу такий спосіб здійснюють на зразку нуклеїнової кислоти, отриманому від рослини кукурудзи, що несе дану ознаку, хоча можна використовувати також способи гібридизації *in situ*. Альтернативно, після того, як нуклеотидну послідовність асоційованих з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу було визначено, спеціаліст в цій галузі зможе сконструювати конкретні гібридизаційні зонди чи олігонуклеотиди, здатні до гібридизації в жорстких умовах гібридизації з послідовністю нуклеїнової кислоти, асоційованою з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу, і зможе застосувати такі гібридизаційні зонди в описаних тут способах виявлення присутності асоційованих з оптимізацією водоспоживання алеля та/або гаплотипу в рослині кукурудзи, що несе ознаку.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркери можуть складатись з чи складатись в основному з наступного:

1) гаплотип, що містить алель А в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, алель А в позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, алель G в позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, алель Т в позиції 173 послідовності SEQ ID №: 57, алель А в позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, алель G в позиції 116 послідовності SEQ ID №: 23, алель G в позиції 100 послідовності SEQ ID №: 2 і алель G в позиції 267 послідовності SEQ ID №: 60;

2) гаплотип, що містить алель С в позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46, алель А в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, алель А в позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, алель А в позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, алель Т в позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, алель G в позиції 111 послідовності SEQ ID №: 51, алель G в позиції 562 послідовності SEQ ID №: 25 і алель С в позиції 1271 послідовності SEQ ID №: 26;

3) гаплотип, що містить алель G в позиції 87 послідовності SEQ ID №: 47, алель в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, алель G в позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, алель А в позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, алель С в позиції 746 послідовності SEQ ID №: 24,

алель С в позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, алель А в позиції 217 послідовності SEQ ID №: 23, алель G в позиції 100 послідовності SEQ ID №: 2, алель С в позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58 і алель G в позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55;

4) гаплотип, що містить алель А в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, алель G в позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, алель А в позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, алель Т в позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, делецію в позиціях 264-271 послідовності SEQ ID №: 2 і алель С в позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58;

5) гаплотип, що містить алель А в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7 алель С в позиції 516 послідовності SEQ ID №: 56, алель Т в позиції 475 послідовності SEQ ID №: 45, алель А в позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, алель G в позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19, алель G в позиції 254 послідовності SEQ ID №: 27, алель G в позиції 729 послідовності SEQ ID №: 59, алель G в позиції 267 послідовності SEQ ID №: 60 і алель G в позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55; або

6) гаплотип, що містить алель А в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, алель G в позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, алель С в позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, алель G в позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19 і алель G в позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркери можуть складатись з чи складатись в основному з наступного:

1) гаплотип, що містить алель А в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, алель А в позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48 і алель Т в позиції 173 послідовності SEQ ID №: 57;

2) гаплотип, що містить алель С в позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46, алель А в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, алель А в позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, алель А в позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, алель Т в позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19 і алель G;

3) гаплотип, що містить алель G в позиції 87 послідовності SEQ ID №: 47, алель А в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, алель G в позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, алель А в позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, алель С в позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29 і алель G в позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55;

4) гаплотип, що містить алель А в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7 і алель Т в позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19;

5) гаплотип, що містить алель А в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, алель Т в позиції 475 послідовності SEQ ID №: 45, алель G в позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19 і алель G в позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55; або

6) гаплотип, що містить алель А в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, алель С в позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, алель G в позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19 і алель G в позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркери можуть складатись з чи складатись в основному з наступного:

1) алель А в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7;

2) алель А в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7;

3) гаплотип, що містить алель С в позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46 і алель А в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7; або

4) гаплотип, що містить алель А в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7 і алель G в позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркери можуть складатись з чи складатись в основному з наступного:

1) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 3, SEQ ID №: 5, SEQ ID №: 7, SEQ ID №: 11, SEQ ID №: 13, SEQ ID №: 16, SEQ ID №: 20 і SEQ ID №: 25;

2) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 2, SEQ ID №: 3, SEQ ID №: 5, SEQ ID №: 9, SEQ ID №: 18, SEQ ID №: 22, SEQ ID №: 26 і SEQ ID №: 27;

3) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 1, SEQ ID №: 4, SEQ ID №: 6, SEQ ID №: 9, SEQ ID №: 12, SEQ ID №: 14, SEQ ID №: 15, SEQ ID №: 20, SEQ ID №: 21 і SEQ ID №: 28;

4) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 4, SEQ ID №: 7, SEQ ID №: 9, SEQ ID №: 13, SEQ ID №: 18, SEQ ID №: 19 і SEQ ID №: 21;

5) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 3, SEQ ID №: 8, SEQ ID №: 10, SEQ ID №: 13, SEQ ID №: 17, SEQ ID №: 23, SEQ ID №: 24, SEQ ID №: 25 и SEQ ID №: 28; або

6) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 4, SEQ ID №: 7, SEQ ID №: 14, SEQ ID №: 17 і SEQ ID №: 28.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркери можуть складатись з чи складатись в основному з наступного:

- 1) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 3, SEQ ID №: 5 і SEQ ID №: 11;
- 2) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 2, SEQ ID №: 3, SEQ ID №: 5, SEQ ID №: 9, SEQ ID №: 18 і SEQ ID №: 22;
- 3) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 1, SEQ ID №: 4, SEQ ID №: 6, SEQ ID №: 9, SEQ ID №: 14 і SEQ ID №: 28;
- 4) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 4, SEQ ID №: 9 і SEQ ID №: 18;
- 5) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 3, SEQ ID №: 10, SEQ ID №: 17 і SEQ ID №: 28; або
- 6) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 4, SEQ ID №: 14, SEQ ID №: 17 і SEQ ID №: 28.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркери можуть складатись з чи складатись в основному з наступного:

- 1) послідовність SEQ ID №: 3;
- 2) послідовність SEQ ID №: 4;
- 3) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 2 і SEQ ID №: 3 або
- 4) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 4, SEQ ID №: 6.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркери можуть складатись з чи складатись в основному з наступного:

- 1) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 87, SEQ ID №: 89, SEQ ID №: 91, SEQ ID №: 95, SEQ ID №: 97, SEQ ID №: 100, SEQ ID №: 104 і SEQ ID №: 109;
- 2) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 86, SEQ ID №: 87, SEQ ID №: 89, SEQ ID №: 93, SEQ ID №: 102, SEQ ID №: 106, SEQ ID №: 110 и SEQ ID №: 111;
- 3) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 85, SEQ ID №: 88, SEQ ID №: 90, SEQ ID №: 93, SEQ ID №: 96, SEQ ID №: 98, SEQ ID №: 99, SEQ ID №: 104, SEQ ID №: 105 и SEQ ID №: 112;
- 4) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 88, SEQ ID №: 91, SEQ ID №: 93, SEQ ID №: 97, SEQ ID №: 102, SEQ ID №: 103 і SEQ ID №: 105;
- 5) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 87, SEQ ID №: 92, SEQ ID №: 94, SEQ ID №: 97, SEQ ID №: 101 SEQ ID №: 107, SEQ ID №: 108 SEQ ID №: 109 і SEQ ID №: 112 або
- 6) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 88, SEQ ID №: 91, SEQ ID №: 98, SEQ ID №: 101 і SEQ ID №: 112.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркери можуть складатись з чи складатись в основному з наступного:

- 1) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 87, SEQ ID №: 89 і SEQ ID №: 95;
- 2) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 86, SEQ ID №: 87, SEQ ID №: 89, SEQ ID №: 93, SEQ ID №: 102 і SEQ ID №: 106;
- 3) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 85, SEQ ID №: 88, SEQ ID №: 90, SEQ ID №: 93, SEQ ID №: 98 і SEQ ID №: 112;
- 4) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 88, SEQ ID №: 93 і SEQ ID №: 102;
- 5) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 87, SEQ ID №: 94, SEQ ID №: 101 і SEQ ID №: 112 або
- 6) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 88, SEQ ID №: 98, SEQ ID №: 101 і SEQ ID №: 112.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркери можуть складатись з чи складатись в основному з наступного:

- 1) послідовність SEQ ID №: 87;
- 2) послідовність SEQ ID №: 88;
- 3) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 86 і SEQ ID №: 87; або
- 4) гаплотип, що містить послідовності SEQ ID №: 88 і SEQ ID №: 90.

Певні нуклеотиди, які є присутніми у визначених місцях в маркерах, і нуклеїнові кислоти, описані тут, можуть бути встановлені із застосуванням стандартних способів молекулярної біології, включаючи, але не обмежуючись ними, ампліфікацію геномної ДНК від рослин і наступне секвенування. До того ж, можуть бути розроблені олігонуклеотидні праймери, від яких можна очікувати специфічної гібридизації з певними послідовностями, що включають описані тут поліморфізми. Наприклад, можна розробити олігонуклеотиди, які розрізняють алель "A" і алель "G" в нуклеотидній позиції, що відповідає позиції 270 послідовності SEQ ID №: 1, за допомогою олігонуклеотидів, містять, складаються в основному чи складаються з послідовностей SEQ ID №№: 232 і 233. Відповідна різниця між послідовностями SEQ ID №№: 232 і 233 полягає в тому, що перша послідовність має нуклеотид G в позиції 19, а друга послідовність має нуклеотид T в позиції 19. Таким чином, можуть бути розроблені умови

гібридизації послідовності SEQ ID №: 232, які дозволять SEQ ID №: 232 специфічно гібридизуватись з алелем "G", коли він присутній, але не гібридизуватись з алелем "G", коли присутній алель "A". Таким чином, гібридизація за допомогою даних двох праймерів, які відрізняються тільки одним нуклеотидом, може бути застосована для аналізу на наявність того чи іншого алеля в нуклеотидній позиції, що відповідає позиції 270 послідовності SEQ ID №: 1.

В певних варіантах здійснення цього винаходу алелі, що містять маркер, асоційований з підвищеною посухостійкістю, виявляють, застосовуючи велику кількість зондів, вибраних з групи, яка складається з:

(I) SEQ ID №№: 348 і 349; SEQ ID №№: 350 і 351; SEQ ID №№: 360 і 361; SEQ ID №№: 372 і 373; SEQ ID №№: 382 і 383; SEQ ID №№: 388 і 389; SEQ ID №№: 382 і 383; і SEQ ID №№: 398 і 399;

(II) SEQ ID №№: 350 і 251; SEQ ID №№: 356 і 357; SEQ ID №№: 364 і 365; SEQ ID №№: 366 і 367; SEQ ID №№: 374 і 375; SEQ ID №№: 378 і 379; SEQ ID №№: 382 і 383; і SEQ ID №№: 384 і 385;

(III) SEQ ID №№: 348 і 349; SEQ ID №№: 352 і 353; SEQ ID №№: 358 і 359; SEQ ID №№: 362 і 363; SEQ ID №№: 370 і 371; SEQ ID №№: 374 і 375; SEQ ID №№: 382 і 383; SEQ ID №№: 386 і 387; і SEQ ID №№: 394 і 395;

(IV) SEQ ID №№: 346 і 347; SEQ ID №№: 352 і 353; SEQ ID №№: 356 і 357; SEQ ID №№: 372 і 373; SEQ ID №№: 388 і 389; і SEQ ID №№: 394 і 395;

(V) SEQ ID №№: 351 і 351; SEQ ID №№: 354 і 355; SEQ ID №№: 368 і 369; SEQ ID №№: 372 і 373; SEQ ID №№: 376 і 377; SEQ ID №№: 386 і 387; SEQ ID №№: 390 і 391; SEQ ID №№: 396 і 397; і SEQ ID №№: 398 і 399;

(VI) SEQ ID №№: 352 і 353; SEQ ID №№: 354 і 355; SEQ ID №№: 370 і 371; SEQ ID №№: 386 і 387; SEQ ID №№: 388 і 389;

(VII) SEQ ID №№: 350 і 351; SEQ ID №№: 382 і 383; SEQ ID №№: 388 і 389; и SEQ ID №№: 392 і 393;

(VIII) SEQ ID №№: 350 і 351; SEQ ID №№: 366 і 367; SEQ ID №№: 374 і 375; SEQ ID №№: 378 і 379; SEQ ID №№: 382 і 383; і SEQ ID №№: 384 і 385;

(IX) SEQ ID №№: 352 і 353; SEQ ID №№: 370 і 371; SEQ ID №№: 380 і 381; SEQ ID №№: 382 і 383; і SEQ ID №№: 386 і 387;

(X) SEQ ID №№: 352 і 353; SEQ ID №№: 356 і 357; і SEQ ID №№: 388 і 389;

(XI) SEQ ID №№: 350 і 351; SEQ ID №№: 354 і 355; SEQ ID №№: 376 і 377; і SEQ ID №№: 386 і 387;

(XII) SEQ ID №№: 350 і 351;

(XIII) SEQ ID №№: 352 і 353;

(XIV) SEQ ID №№: 350 і 351 і SEQ ID №№: 378 і 379; і

(XV) SEQ ID №№: 352 і 353 і SEQ ID №№: 382 і 383.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркер може містити, складатись з чи складатись в основному зі зворотного комплементу будь-якого з вищенаведених маркерів. В певних варіантах здійснення цього винаходу один чи більше алелів, які складають гаплотип маркера, є присутніми, як описано раніше, тоді як один чи більше інших алелів, які складають гаплотип маркера, є присутніми в якості зворотного комплементу алеля (алелів), описаного раніше.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркер може містити, складатись з чи складатись в основному з інформативного фрагмента будь-якого з вищенаведених маркерів, зворотного комплементу будь-якого з вищенаведених маркерів чи інформативного фрагмента зворотного комплементу будь-якого з вищенаведених маркерів. В певних варіантах здійснення цього винаходу один чи більше алелів/послідовностей, які складають гаплотип маркера, є присутніми, як описано раніше, тоді як один чи більше інших алелів/послідовностей, які складають гаплотип маркера, є присутніми у вигляді зворотного комплементу інформативних фрагментів алелів/послідовностей, описаних раніше. В певних варіантах здійснення цього винаходу один чи більше алелів/послідовностей, які складають гаплотип маркера, є присутніми, як описано раніше, тоді як один чи більше інших алелів/послідовностей, які складають гаплотип маркера, є присутніми у вигляді інформативного фрагмента алелів/послідовностей, описаних раніше. В певних варіантах здійснення цього винаходу кожний з алелів/послідовностей, які складають гаплотип маркера, є присутніми у вигляді інформативного фрагмента алелів/послідовностей, описаних раніше, зворотного комплементу алелів/послідовностей, описаних раніше, чи інформативного фрагмента зворотного комплементу алелів/послідовностей, описаних раніше.

В певних варіантах здійснення цього винаходу маркер може містити, складатись з чи складатись в основному з будь-яких маркерів, зчеплених з вищенаведеними маркерами. Тобто, будь-які алелі та/або гаплотипи, які нерівноважно зчеплені з будь-яким з вищенаведених маркерів, можуть бути використані для ідентифікації, селекції та/або отримання рослини кукурудзи з підвищеною посухостійкістю. Зчеплені маркери можуть бути визначені, наприклад, за допомогою ресурсів на сайті MaizeGDB.

Виділені і очищені маркери, асоційовані з підвищеною посухостійкістю, також відносяться до даного винаходу. Такі маркери можуть містити, складатись з чи складатись в основному з нуклеотидної послідовності, викладеній в будь-якій з послідовностей SEQ ID №№: 1-117, 400 і 401, їх зворотного комплементу чи їх інформативного фрагмента. В певних варіантах здійснення цього винаходу маркер містить детектований фрагмент. В певних варіантах здійснення цього винаходу маркер дозволяє виявити один чи більше алелів маркера, вказаних в даному документі.

Композиції, що містять пару праймерів, здатних ампліфікувати зразок нуклеїнової кислоти, виділеної з рослини чи зародкової плазми кукурудзи для генерації маркера, асоційованого з підвищеною посухостійкістю, також відносяться до цього винаходу. В певних варіантах здійснення цього винаходу маркер містить нуклеотидну послідовність, як тут описано, її зворотний комплемент чи інформативний фрагмент. В певних варіантах здійснення цього винаходу маркер містить нуклеотидну послідовність, яка щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 97%, 99% чи 100% ідентична нуклеотидній послідовності, описаній тут, її зворотному комплементу чи інформативному фрагменту. В певних варіантах здійснення цього винаходу пара праймерів являє собою одну з пар праймерів ампліфікації, наведених вище в Таблиці 1. Спеціалісту в цій галузі буде зрозуміло, як вибирати альтернативні пари праймерів у відповідності зі способами, добре відомими в даній галузі.

В Таблиці 5 зведені сприятливі алелі і однолокусні гаплотипи, які зчеплені з оптимізацією водоспоживання.

Таблиця 5

## Ілюстративне зведення алелів і однолокусних гаплотипів

SEQ ID №:	Позиція	Сприятлива*	HAPL**	HAPL КОД
1	115		G	A
	270	A (Y)	A	
	301		T	
	483		A	
2	100	G		
	264-271	DEL		
3	216	G (Y)		
4	503	A (Y)		
5	818-821	INS (Y)		
6	254	G (Y); A (P)		
7	4497-4498	GA (Y)	DEL	B
	4505		G	
	4609		T	
	4641	A (Y); A	A	
	4792	C (Y); T (Y)	T	
	4836	T (Y)	T	
	4844		C	
	4969		G	
	4979-4981	A (Y); G (Y)	TCC	
8	217	A (P)	A	C
	390		G	
	477		A	
9	292	C (Y); C (P)		
10	166	A (Y); A (P)		
11	148	G (P)		
12	94	C (Y); C		
13	35	A (P)		



Таблиця 5

Ілюстративне зведення алелів і однолокусних гаплотипів

SEQ ID №:	Позиція	Сприятлива*	HAPL**	HAPL КОД
	86	C (Y); C		
	89	G (Y)		
14	432	G (P)		
15	753	A (Y)		
16	755	G (Y)		
17	431	G (Y)		
18	518	G (P); T (W)		
19	182	A (P)	G	D
	309	A (Y); A	A	
	330		G	
	463	G; C (P)	G	
20	773-776	C (Y); C (P)		
21	61		C	E
	200		C	
	316-324	T (Y)	DEL	
22	211	G (P)		
23	116	G		
	217	A		
24	746	C		
25	562	G (Y); G (P); G		
26	1271	C		
27	64		G	F
	254	C; T (Y); C (P)	T	
28	98		C	G
	147		T	
	224		C	
	496	T (Y)	T	
29	258	C		
30	259	T (R)	T	H
	296		T	
	398	G (Y)	A	
	1057		C	
31	239	G (Y); G (P)		
32	208	G (Y)		
33	391	A		
34	144-145	C (Y); C(P)		
	169	T (Y)		
	537	A (P)		
35	76	G (Y)		
36	500		C	I
	568		G	
	698	T (Y)	T	
37	375	A		
	386	A (P); G (Y); A (Y)		
38	309	C (P)		
	342	A (P)		
39	445	G (Y); C (P)		
40	602	A (Y)		
41	190	G (Y); A (P)		
	580	C (Y)		
42	238		A	J
	266-268	INS (Y)	DEL	
	808		C	

Таблиця 5

## Ілюстративне зведення алелів і однолокусних гаплотипів

SEQ ID №:	Позиція	Сприятлива*	HAPL**	HAPL КОД
43	708	C (P); A (Y)		
44	266	A		
45	475	T		
46	386	C		
47	87	G		
48	472	A; G		
49	166		C	K
	224		A	
	650	G (Y); G (P)	G	
	892		G	
50	541	T (Y); A (Y)		
51	111	G		
52	442	C; G		
53	83		C	L
	428	C (P); T (Y)	C	
	491	C (Y); C (P)	C	
	548		C	
54	126	A (Y)		
55	193	G		
56	237	G		
	516	C		
57	173	T		
58	486	C		
59	729	G		
60	267	G		
400	83	C	C	M
	119	A	A	
	601	T	T	

\* (Y): YGSMN; (P): GMSTP, (W): GWTPN

\*\* HAPL стосується однолокусних гаплотипів (тобто гаплотипів, які містять сприятливі алелі, що присутні разом, специфічно згрупованими).

- 5 Використовуваний тут вираз «гаплотипний код» означає набір SNP, присутніх в рослині, причому кожний сприятливий алель, наведений в колонці однолокусних гаплотипів Таблиці 5, є присутнім в рослині. Наприклад, говорять, що рослина має «гаплотип А», коли щонайменше один локус, який відповідає послідовності SEQ ID №: 1, в рослині має G в нуклеотидній позиції 115, A в позиції 270 послідовності SEQ ID №: 1, T в нуклеотидній позиції 301 і A в позиції 483.
- 10 Гаплотип А може альтернативно називатись "GATA" у відношенні даних конкретних нуклеотидних позицій. Аналогічним чином, говорять, що рослина має «гаплотип С», коли щонайменше один локус, який відповідає послідовності SEQ ID №: 8, в рослині має А в нуклеотидній позиції 217, G в нуклеотидній позиції 290 і А в нуклеотидній позиції 477 послідовності SEQ ID №: 8. Гаплотип С, таким чином, може альтернативно називатись "AGA" у відношенні даних конкретних нуклеотидних позицій.
- 15

- Ідентифікація рослин з різними алелями та/або гаплотипами, що становлять інтерес, може являти собою стартовий матеріал для об'єднання алелів та/або гаплотипів в рослинах-потомках, використовуючи стратегії розведення, спрямовані на те, щоб «укладати разом» алелі та/або гаплотипи. Використовуваний тут термін «укладка» і його граматичні варіанти стосуються умісного накопичення в рослинах розведенням (включаючи, але не обмежуючись ними, схрещування двох рослин, самозапилення однієї рослини та/або створення подвійного гаплоїда з однієї рослини) сприятливих гаплотипів оптимізації водоспоживання, так що геном рослин має щонайменше один додатковий сприятливий гаплотип оптимізації водоспоживання, у порівнянні з його безпосереднім(и) попередником(ами). Укладка включає в певних варіантах здійснення
- 20 цього винаходу перенесення однієї чи більше ознак, алелів та/або гаплотипів оптимізації водоспоживання в кукурудзяну рослину-потомок, так що кукурудзяна рослина-потомок включає
- 25

більшу кількість ознак, алелів та/або гаплотипів оптимізації водоспоживання, ніж будь-який з батьків, від яких вона була отримана. В якості прикладу, але не обмеження, коли батько 1 має гаплотипи А, В і С, а батько 2 має гаплотипи D, E і F, то «укладка» стосується продукції рослини, яка має будь-який з А, В і С з будь-якою комбінацією D, E і F. Зокрема, в певних варіантах здійснення цього винаходу «укладка» стосується продукції рослини, яка має А, В і С, а також один чи більше D, E, F, чи продукції рослини, яка має D, E, F, а також один чи більше А, В і С. В певних варіантах здійснення цього винаходу «укладка» стосується продукції рослини шляхом схрещування двох батьків, яка містить всі асоційовані з оптимізацією водоспоживання гаплотипи, якими володіють обидва батьки.

В певних варіантах здійснення цього винаходу ознака оптимізації водоспоживання являє собою «урожайність зерна – посуха», і сприятливий гаплотип містить нуклеотидну послідовність, що включає Т в нуклеотидній позиції 301, G в нуклеотидній позиції 115, А в нуклеотидній позиції 483 і А в нуклеотидній позиції 270 послідовності SEQ ID №: 1; тринуклеотид ТСС в нуклеотидних позиціях 4979-4981, G в нуклеотидній позиції 4969, А в нуклеотидній позиції 4641, Т в нуклеотидній позиції 4609, делецію нуклеотидних позицій 4497-4498, Т в нуклеотидній позиції 4792, Т в нуклеотидній позиції 4836, G в нуклеотидній позиції 4505 і С в нуклеотидній позиції 4844 послідовності SEQ ID №: 7; А в нуклеотидній позиції 217, G в нуклеотидній позиції 390 і А в нуклеотидній позиції 477 послідовності SEQ ID №: 8, G в нуклеотидній позиції 463, G в нуклеотидній позиції 330, G в нуклеотидній позиції 182 і А в нуклеотидній позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19; G в нуклеотидній позиції 64 і А в нуклеотидній позиції 254 послідовності SEQ ID №: 27; С в нуклеотидній позиції 98, Т в нуклеотидній позиції 147, С в нуклеотидній позиції 224 і Т в нуклеотидній позиції 496 послідовності SEQ ID №: 28; С в нуклеотидній позиції 500, G в нуклеотидній позиції 568 і Т в нуклеотидній позиції 698 послідовності SEQ ID №: 36; делецію нуклеотидних позицій 266-267, С в нуклеотидній позиції 808 і А в нуклеотидній позиції 238 послідовності SEQ ID №: 42; та/або С в нуклеотидній позиції 166, А в нуклеотидній позиції 224, G в нуклеотидній позиції 650 і G в нуклеотидній позиції 892 послідовності SEQ ID №: 49.

В певних варіантах здійснення цього винаходу ознака оптимізації водоспоживання являє собою «урожайність зерна – хороше зрошення», і сприятливий гаплотип містить нуклеотидну послідовність, що включає А в нуклеотидній позиції 217, G в нуклеотидній позиції 390 і А в нуклеотидній позиції 477 послідовності SEQ ID №: 8, С в нуклеотидній позиції 500, G в нуклеотидній позиції 568 і Т в нуклеотидній позиції 698 послідовності SEQ ID №: 36; та/або С в нуклеотидній позиції 83, С в нуклеотидній позиції 548, С в нуклеотидній позиції 491 і С в нуклеотидній позиції 428 послідовності SEQ ID №: 53.

В певних варіантах здійснення цього винаходу ознака оптимізації водоспоживання являє собою «зменшення врожайності – гібрид», і сприятливий гаплотип містить нуклеотидну послідовність, що включає С в нуклеотидній позиції 98, Т в нуклеотидній позиції 147, С в нуклеотидній позиції 224 і Т в нуклеотидній позиції 496 послідовності SEQ ID №: 28.

В певних варіантах здійснення цього винаходу ознака оптимізації водоспоживання являє собою «зменшення врожайності – інбред», і сприятливий гаплотип містить нуклеотидну послідовність, що включає тринуклеотид ТСС в нуклеотидних позиціях 4979-4981, G в нуклеотидній позиції 4969, А в нуклеотидній позиції 4641, Т в нуклеотидній позиції 4609, делецію нуклеотидних позицій 4497-4498, Т в нуклеотидній позиції 4792, Т в нуклеотидній позиції 4836, G в нуклеотидній позиції 4505 і С в нуклеотидній позиції 4844 послідовності SEQ ID №: 7; А в нуклеотидній позиції 217, G в нуклеотидній позиції 390 і А в нуклеотидній позиції 477 послідовності SEQ ID №: 8, G в нуклеотидній позиції 64 і А в нуклеотидній позиції 254 послідовності SEQ ID №: 27; та/або С в нуклеотидній позиції 83, С в нуклеотидній позиції 548, С в нуклеотидній позиції 491 і С в нуклеотидній позиції 428 послідовності SEQ ID №: 53.

В певних варіантах здійснення цього винаходу ознака оптимізації водоспоживання являє собою ASI, і сприятливий гаплотип містить нуклеотидну послідовність, що включає тринуклеотид ТСС в нуклеотидних позиціях 4979-4981, G в нуклеотидній позиції 4969, А в нуклеотидній позиції 4641, Т в нуклеотидній позиції 4609, делецію нуклеотидних позицій 4497-4498, Т в нуклеотидній позиції 4792, Т в нуклеотидній позиції 4836, G в нуклеотидній позиції 4505 і С в нуклеотидній позиції 4844 послідовності SEQ ID №: 7.

В певних варіантах здійснення цього винаходу ознака оптимізації водоспоживання являє собою відсоток безплідних рослин, і сприятливий гаплотип містить нуклеотидну послідовність, що включає тринуклеотид ТСС в нуклеотидних позиціях 4979-4981, G в нуклеотидній позиції 4969, А в нуклеотидній позиції 4641, Т в нуклеотидній позиції 4609, делецію нуклеотидних позицій 4497-4498, Т в нуклеотидній позиції 4792, Т в нуклеотидній позиції 4836, G в нуклеотидній позиції 4505 і С в нуклеотидній позиції 4844 послідовності SEQ ID №: 7; G в

нуклеотидній позиції 463, G в нуклеотидній позиції 330, G в нуклеотидній позиції 182 і A в нуклеотидній позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19; C в нуклеотидній позиції 61, C в нуклеотидній позиції 200 і делецію нуклеотидних позицій 316-324 послідовності SEQ ID №: 21; та/або A в нуклеотидній позиції 398, T в нуклеотидній позиції 296, T в нуклеотидній позиції 259 і C в нуклеотидній позиції 1057 послідовності SEQ ID №: 30.

В певних варіантах здійснення описаного в даному документі об'єкта винаходу геноми інбредних чи гібридних рослин *Zea mays* містять щонайменше три, чотири, п'ять, шість, сім, вісім чи дев'ять гаплотипів A-M, причому гаплотипи A-M асоційовані з оптимізацією водоспоживання і визначені в даному документі. В певних варіантах здійснення цього винаходу інбредна чи гібридна рослина *Zea mays* містить геном, що містить гаплотипи C, D і G; гаплотипи C, D і L, гаплотипи C, G, H; гаплотипи C, G і I; гаплотипи C, I і L; гаплотипи E, G і I, гаплотипи F, G і H; гаплотипи A, C, F і G; гаплотипи C, E, H і I; гаплотипи C, G, H і I; гаплотипи C, H, I і K; гаплотипи C, H, I і L; гаплотипи E, F, G і H; гаплотипи A, C, G, H і I; гаплотипи B, C, D, G і L; гаплотипи C, E, G, H і I; гаплотипи C, G, H, I і L; гаплотипи A, C, G, H, I і K; гаплотипи C, E, F, G, H, I, J, K і L, гаплотипи C, D, G і M; гаплотипи C, D, L і M; гаплотипи C, G, H і M; гаплотипи C, G, I і M; гаплотипи C, I, L, M; гаплотипи E, G, I і M; гаплотипи F, G, H і M; гаплотипи A, C, F, G і M; гаплотипи C, E, H, I і M; гаплотипи C, G, H, I і M; гаплотипи C, H, I, K і M; гаплотипи C, H, I, L і M; гаплотипи E, F, G, H і M; гаплотипи A, C, G, H, I і M; гаплотипи B, C, D, G, L і M; гаплотипи C, E, G, H, I і M; гаплотипи C, G, H, I, L і M; гаплотипи A, C, G, H, I, K, M; і гаплотипи C, E, F, G, H, I, J, K, L і M. В певних варіантах здійснення цього винаходу інбредна чи гібридна рослина *Zea mays* являє собою гібридну рослину, що є гомозиготною щонайменше по одному з гаплотипів A-M.

В певних варіантах здійснення цього винаходу інбредна чи гібридна рослина *Zea mays* містить геном, який включає гаплотипи A, C, E, G, H і I, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи B, C, D, E, F, G, H, I і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, D, E, F, G, H і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи B, C, D, G, I і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи B, C, D, E, G, H, I і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, D, E, F, G, H, I, J, K і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи A, C, G, H і I, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, E, F, G, H і I, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, E, F, G, H, I і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, D, E, F, G і H, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи D, E, F, G і H, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи A, C, G, H і I, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи A, C, E, G, H, I і K, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, E, G, H, I і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, D, E, G, H, I і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи B, C, D, E, G, H, I і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи A, C, G, H і I, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи A, C, G, H, I і K, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, E, F, G, H, I і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, D, E, F, G, H, I і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи A, C, E, F, G, H, I, J, K і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, E, F, G, H, I, J, K і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, D, E, F, G, H, I, J, K і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи B, C, D, E, F, G, H, I, J, K і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи A, C, E, F, G, H і I, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи A, C, E, F, G, H, I і K, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, E, F, G, H, I і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи B, C, D, E, F, G, H і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, E, F, G, H, I, J, K і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, D, G, H і L, факультативно додатково включає гаплотип M; гаплотипи C, E, F, G, H, I і L, факультативно додатково включає гаплотип M; та/або гаплотипи B, C, D, E, G, I і L, факультативно додатково включає гаплотип M.

Як тут використовується, рослина, яка містить кілька гаплотипів, може бути позначена кодом, показує наявні в ній гаплотипи. Так, наприклад, рослина, яка містить в своєму геномі щонайменше одну копію гаплотипів C, D, E, F, G, H, I, J, K і L, може бути позначена як "CDEFGHIJKL"; рослина, яка містить в своєму геномі щонайменше одну копію гаплотипів B, C, D, E, F, G, H, I, J, K і L, може бути позначена як "BCDEFGHIJKL" і т.д.. В певних варіантах

здійснення цього винаходу використовують великі і малі літери, щоб додатково визначити дані гаплотипи, за якими рослина (чи її клітина) є гомозиготною (наприклад, великі літери) чи гетерозиготною (наприклад, малі літери). В якості прикладу, а не обмеження, рослина чи клітина, яку називають CDEFGHIJKL, має щонайменше один з гаплотипів C, D, E, F, G, H, I, J, K і L. В певних варіантах здійснення цього винаходу дане позначення буде вказувати на те, що рослина чи клітина є гомозиготною по кожному з даних гаплотипів. Аналогічним чином, позначення cdefghijkl вказує на те, що рослина чи клітина є гетерозиготною по гаплотипам C, D, E, F, G, H, I, J, K і L. І, насамкінець, позначення CdeFGhijKL вказує на те, що рослина чи клітина є гомозиготною по гаплотипам C, F, G, K і L, і є гетерозиготною по гаплотипам D, E, H, I і J. В певних варіантах здійснення цього винаходу дане позначення додатково вказує на те, що рослині чи клітині не вистачає гаплотипів A і B, хоча в певних варіантах здійснення цього винаходу дане позначення вказує на те, що статус рослини чи клітини по відношенню до даних гаплотипів невідомий чи не тестувався.

III. Способи інтрогресії алелів, що становлять інтерес, і визначення рослин, які містять такі алелі

#### III.A. Загальні принципи маркерної селекції

Маркери можуть застосовуватись в різних прикладеннях розведення рослин. Див., наприклад, Staub et al., Hortscience 31: 729 (1996); Tanksley, Plant Molecular Biology Reporter 1: 3 (1983). Одним з основних напрямків, що становлять інтерес, є підвищення ефективності зворотного схрещування і інтрогресії генів за допомогою маркерної селекції (MAS). Звичайно MAS використовує переваги генетичних маркерів, які були ідентифіковані як такі, що відділяються з більшою ймовірністю спільно з бажаною ознакою. Припускається, що такі маркери знаходяться в гені(ах) /біля гену(ів), які приводять до бажаного фенотипу, і їх присутність вказує на те, що рослина буде мати бажану ознаку. Очікується, що рослини, які володіють таким маркером, передають бажаний фенотип своєму потомству.

Маркер, який демонструє зчеплення з локусом, що впливає на бажану фенотипову ознаку, являє собою застосовний інструмент для селекції ознаки в популяції рослин. Це особливо вірно, коли фенотип важко аналізувати чи він виникає на пізній стадії розвитку рослин. З тих пір, як аналізи ДНК маркерів стали менш трудомісткими і вимагають менше фізичного простору, ніж польове фенотипування, можуть бути проаналізовані набагато більш численні популяції, що збільшує шанси знаходження рекомбінанту з цільовим сегментом з донорської лінії, переміщеним в реципієнтну лінію. Чим вищий ступінь зчеплення, тим більш застосовним є маркер, оскільки рекомбінація, між маркером і геном, яка викликає або забезпечує ознаку, є менш ймовірною. Присутність фланкуючих маркерів зменшує ймовірність того, що трапиться помилкова позитивна селекція. В ідеалі маркер знаходиться в самому гені, так що між маркером і геном не може відбутись рекомбінація. Такий маркер називається «ідеальним маркером».

Коли ген інтрогресується за допомогою MAS, вводиться не тільки ген, а й фланкуючі ділянки. Gepts, Crop Sci 42:1780 (2002). Це явище називається «опір, обумовлений зчепленням генів» (linkage drag). У випадку, коли донорська рослина і реципієнтна рослина є дуже далекими по спорідненості, дані фланкуючі ділянки несуть додаткові гени, які можуть кодувати небажані з агрономічної точки зору ознаки. Такий «опір, обумовлений зчепленням генів» також може призводити до зниження врожайності чи інших негативних агрономічних ознак навіть після багаторазових циклів зворотного схрещування з метою отримання елітної лінії кукурудзи. Дане явище також деколи називають «обумовленим зчепленням генів падінням урожаю (yield drag)». Розмір фланкуючої ділянки можна зменшити додатковим зворотним схрещуванням, хоча воно не завжди буває успішним, оскільки селекціонери не контролюють розмір даної ділянки чи контрольні точки рекомбінації. Young et al., Genetics 120:579 (1998). Рекомбінації, які сприяють зменшенню розміру донорського сегмента, звичайно відбираються в класичній селекції тільки випадковим чином. Tanksley et al., Biotechnology 7: 257 (1989). Навіть після 20-ти зворотних схрещувань можна очікувати, що буде знайдена значна ділянка донорської хромосоми, все ще зчеплена з геном, який має бути вибраний. Однак, використовуючи маркери, можливо виділити ті рідкісні індивіди, у яких рекомбінація відбулась поряд з генами, що становлять інтерес. Для 150 беккросних рослин існує 95% ймовірність того, що принаймні в одній рослині станеться кросовер в межах 1 сМ гену, на основі відстані на карті після одного мейозу. Маркери дозволяють провести однозначну ідентифікацію таких окремих рослин. З одним додатковим зворотним схрещуванням 300 рослин існувала б 95% ймовірність кросовера в межах 1 сМ відстані на карті після одного мейозу з другої сторони гену, що дає сегмент навколо цільового гену, рівний менше ніж 2 сМ, на основі відстані на карті після одного мейозу. Такий результат може бути досягнутий з маркерами через два покоління, тоді як без маркерів знадобилось би в середньому 100 поколінь. Дивись Tanksley et al., вище. Коли відомо точне розміщення генів,

фланкуючі маркери, що оточують ген, можуть бути використані для селекції рекомбінацій в популяціях різних розмірів. Наприклад, можна очікувати, що в популяціях менших розмірів рекомбінації відбудуться ще далі від гену, так що для виявлення рекомбінації знадобиться більше дистальних фланкуючих маркерів.

5 Наявність інтегрованих карт зчеплення кукурудзяного генома, що мають підвищену щільність загальнодоступних маркерів кукурудзи, сприяла генетичному картуванню кукурудзи і MAS. Див., наприклад, карти IBM2 Neighbors, які є доступними в Інтернеті на веб-сайті MaizeGDB.

3 усіх типів молекулярних маркерів SNP є найбільш поширеними і такими, що мають  
10 потенціал забезпечити найбільш високе розділення генетичної карти. Bhatramakki et al., Plant Molec. Biol. 48:539 (2002). SNP можуть бути проаналізовані в режимі так званої «зверх-високої продуктивності», оскільки вони не вимагають великої кількості нуклеїнових кислот і автоматизація аналізу є досить простою. SNP також мають перевагу використання відносно недорогих систем. Ці три фактора разом роблять SNP досить привабливими для використання  
15 в MAS. Існують кілька способів генотипування SNP, включаючи, але не обмежуючись ними, гібридизацію, видовження праймера, лігування олігонуклеотидів, нуклеазне розщеплення, мінісеквенування і кодовані сфери. Такі способи були розглянуті в різних публікаціях: Gut, Hum. Mutat. 17:475 (2001); Shi, Clin. Chem. 47:164 (2001); Kwok, Pharmacogenomics 1:95 (2000); Bhatramakki and Rafalski, Discovery and application of single nucleotide polymorphism markers in plants, in Plant Genotyping: The DNA Fingerprinting of Plants, CABI Publishing, Wallingford (2001).  
20 Широкий спектр комерційно доступних технологій використовує дані і інші способи аналізу SNP, в тому числі Masscode™ (Qiagen, Germantown, MD), Invader® (Hologic, Madison, WI), SnapShot® (Applied Biosystems, Foster City, CA), Taqman® (Applied Biosystems, Foster City, CA) і Beadarrays™ (Illumina, San Diego, CA).

25 Маркери описаного в даному документі об'єкта винаходу можуть бути використані в протоколах маркерної селекції для ідентифікації та/або селекції потомства з підвищеною посухостійкістю. Такі способи можуть включати, складатись в основному з чи складатись з схрещування першої рослини чи зародкової плазми кукурудзи з другою рослиною чи зародковою плазмою кукурудзи, причому перша рослина чи зародкова плазма кукурудзи  
30 містить маркер, асоційований з підвищеною посухостійкістю, і відбору рослин-потомків, що володіють даним маркером. Будь-яка з першої і другої рослин кукурудзи або обидві рослини можуть представляти сорт кукурудзи, що не зустрічається у природі. В певних варіантах здійснення цього винаходу перша рослина чи зародкова плазма кукурудзи являє собою CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 чи Tuxpeno VEN 692. В певних  
35 варіантах здійснення цього винаходу геном першої рослини чи зародкової плазми кукурудзи є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100% ідентичним такому CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 чи Tuxpeno VEN 692. В певних варіантах здійснення цього винаходу друга рослина чи зародкова плазма кукурудзи являє собою елітний сорт кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном другої рослини чи зародкової плазми кукурудзи є щонайменше приблизно на 50%, 55%,  
40 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100% ідентичним такому елітного сорту кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу друга рослина кукурудзи являє собою сорт NP2391. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном другої рослини кукурудзи є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи  
45 100% ідентичним такому NP2391.

### III.B. Способи інтрогресії алелів та/або гаплотипів, що становлять інтерес

Таким образом, в певних варіантах здійснення цього винаходу описаний в даному документі об'єкт стосується способів інтрогресії алеля, асоційованого з підвищеною посухостійкістю, в генетичний фон, в якому згаданий алель є відсутнім. В певних варіантах здійснення цього  
50 винаходу такі способи включають схрещування донора, що містить згаданий алель, з рекурентним батьком, якому бракує згаданого алеля, і повторне зворотне схрещування потомка, який містить згаданий алель, з рекурентним батьком, причому згадані потомки ідентифікуються шляхом виявлення в їх геномах присутності гаплотипу, асоційованого з підвищеною посухостійкістю, де згаданий гаплотип вибирається з групи, що складається з:

55 нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 100 послідовності SEQ ID №: 2, тринуклеотиду ТСС в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 116 послідовності SEQ ID №: 23, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 237



тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиції 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, і нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46;

нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48,

5 та їх комбінацій,

тим самим продукуючи посухостійку рослину чи зародкову плазму кукурудзи, що містять згаданий алель, асоційований з підвищеною посухостійкістю, в генетичному фоні рекурентних батьків, тим самим інтрогресуючи алель, асоційований з підвищеною посухостійкістю, в генетичний фон, в якому згаданий алель відсутній. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном згаданої посухостійкої рослини чи зародкової плазми кукурудзи, що містять згаданий алель, асоційований з підвищеною посухостійкістю, є щонайменше приблизно на 95% ідентичним такому рекурентних батьків.

В певних варіантах здійснення цього винаходу донор, рекурентний батько чи обидва представляють сорт кукурудзи, який не зустрічається у природі.

15 В певних варіантах здійснення цього винаходу, які стосуються описаних тут способам, геном згаданого донора є щонайменше приблизно на 95% ідентичним такому CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 або Tuxpeno VEN 692. В певних варіантах здійснення цього винаходу згаданий донор вибирається з групи, яка складається з CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 і Tuxpeno VEN 692. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном згаданої рекурентної батьківської рослини чи зародкової плазми є щонайменше приблизно на 95% ідентичним такому елітного сорту кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу згаданий рекурентний батько являє собою елітний сорт кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу цей спосіб є способом по п. 21 чи п. 22, причому згаданий елітний сорт кукурудзи є сортом NP2391.

25 III.D. Способи укладки алелів та/або гаплотипів, що становлять інтерес

Описаний в даному документі об'єкт винаходу в певних варіантах здійснення стосується «укладки» гаплотипів, асоційованих з оптимізацією водоспоживання, для отримання рослин (і їх частин), які мають численні сприятливі гаплотипи оптимізації водоспоживання. В якості прикладу, але не обмеження, описаний в даному документі об'єкт винаходу в певних варіантах здійснення стосується ідентифікації і характеристики локусів *Zea mays*, кожний з яких є асоційованим з однією чи більше ознаками оптимізації водоспоживання. Такі локуси відповідають послідовностям SEQ ID №№: 1-413.

Для кожного з даних локусів були ідентифіковані сприятливі гаплотипи, що є асоційованими з ознаками оптимізації водоспоживання. Ці сприятливі гаплотипи наведені в даному документі

35 Описаний тут об'єкт винаходу стосується ілюстративних гаплотипів, що і уточнена сторінка збільшенням і зменшенням різних ознак оптимізації водоспоживання, як визначено в даному документі. Вираз «сприятливий гаплотип» означає гаплотип, який приводить до кількісно підвищеної оптимізації водоспоживання, у порівнянні з випадком, коли присутнім є «несприятливий гаплотип». Слід зазначити, однак, що у випадку, коли бажано є більш низька оптимізація водоспоживання, гаплотипи, описані тут як «сприятливі», можуть бути несприятливими гаплотипами. Таким чином, як він тут використовується, вираз «сприятливий» застосовується в контексті підвищеної оптимізації водоспоживання і буде переглядатись в контексті зниженої оптимізації водоспоживання.

45 III.E. Способи ідентифікації рослин, що містять алелі та/або гаплотипи, що становлять інтерес

Способи ідентифікації посухостійких рослини чи зародкової плазми кукурудзи можуть включати виявлення присутності маркера, асоційованого з підвищеною посухостійкістю. Маркер може виявлятися в будь-якому зразку, взятому з рослини чи зародкової плазми, включаючи, але не обмежуючись ними, цілу рослину чи зародкову плазму, частину згаданої рослини чи зародкової плазми (наприклад, клітина від згаданої рослини чи зародкової плазми) або нуклеотидну послідовність від згаданої рослини чи зародкової плазми. Рослина кукурудзи може являти собою сорт кукурудзи, який не зустрічається у природі. В деяких варіантах виконання винаходу геном кукурудзяної рослини або зародкової плазми щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99 % або 100% ідентичним такому елітного сорту кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном кукурудзяної рослини є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% або 100 % ідентичним такому NP2391.

В певних варіантах здійснення цього винаходу описаний в даному документі об'єкт стосується способів інтрогресії алеля, що становить інтерес, локусу, асоційованого з ознакою



оптимізації водоспоживання, в зародкову плазму *Zea mays*. В певних варіантах здійснення цього винаходу такі способи включають:

[illegible]

праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 187; пари праймерів 36, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 188, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 189; пари праймерів 37, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 190, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 191; пари праймерів 38, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 192, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 193; пари праймерів 39, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 194, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 195; пари праймерів 40, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 196, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 197; пари праймерів 41, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 198, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 199; пари праймерів 42, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 200, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 201; пари праймерів 43, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 202, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 203; пари праймерів 44, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 204, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 205, пари праймерів 45, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 206, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 207; пари праймерів 46, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 208, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 209; пари праймерів 47, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 210, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 211; пари праймерів 48, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 212, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 213; пари праймерів 49, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 214, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 215; пари праймерів 50, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 216, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 217; пари праймерів 51, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 218, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 219; пари праймерів 52, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 220, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 221, пари праймерів 53, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 222, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 223; пари праймерів 54, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 224, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 225, пари праймерів 55, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 226, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 227; пари праймерів 56, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 228, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 229; і пари праймерів 57, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 230, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 231; і

(b) інтрогресію алеля, що становить інтерес, в зародкову плазму *Zea mays*, в якій даний алель є відсутнім. В певних варіантах здійснення цього винаходу алель, що становить інтерес, містить одну з послідовностей SEQ ID №№: 1-117, 400, 401 або нуклеотидну послідовність, яка щонайменше на 85%, 90% чи на 95% ідентична по всій своїй довжині одній з послідовностей SEQ ID №№: 1-117, 400 і 401. В певних варіантах здійснення цього винаходу алель, що становить інтерес, є сприятливим алелем та/або сприятливим гаплотипом, які позитивно корелюють з ознакою оптимізації водоспоживання.

В певних варіантах здійснення цього винаходу сприятливий алель містить нуклеотидну послідовність, яка щонайменше на 90% ідентична одній чи більше послідовностям SEQ ID №№: 1-117, 400 і 401, і додатково містить один чи більше певних нуклеотидів і комбінацій позицій, описаних тут. В якості прикладу, але не обмеження, в певних варіантах здійснення цього винаходу сприятливий алель містить нуклеотидну послідовність, яка щонайменше на 90% ідентична:

SEQ ID №: 1, і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 115 послідовності SEQ ID №: 1, нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 270 послідовності SEQ ID №: 1, нуклеотид T в позиції, яка відповідає позиції 301 послідовності SEQ ID №: 1, нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 483 послідовності SEQ ID №: 1, або будь-яку їх комбінацію;

SEQ ID №: 2, і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 100 і делецію в позиції, яка відповідає позиціям 264-271 послідовності SEQ ID №: 2, або їх комбінацію;

SEQ ID №: 3, і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 216 послідовності SEQ ID №: 3;

SEQ ID №: 4, і додатково містить нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 503 послідовності SEQ ID №: 4;

SEQ ID №: 5, і додатково містить тетрануклеотид CGCG в позиції, яка відповідає позиціям 818-821 послідовності SEQ ID №: 5;

SEQ ID №: 6, і додатково містить нуклеотид G або A в позиції, яка відповідає позиції 254 послідовності SEQ ID №: 6;

5 SEQ ID №: 7, і додатково містить динуклеотид GA в позиції, яка відповідає позиціям 4497-4498 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид C чи T в позиції, яка відповідає позиції 4792 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид T в позиції, яка відповідає позиції 4836 послідовності SEQ ID №: 7, тринуклеотид ACT чи TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7 або будь-яку їх комбінацію; або додатково містить делецію в позиціях 4497-4498 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 4505 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид T в позиції, яка відповідає позиції 4609 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид T в позиції, яка відповідає позиції 4792 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид T в позиції, яка відповідає позиції 4836 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид C в позиції, яка відповідає позиції 4844 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 4969 послідовності SEQ ID №: 7, і тринуклеотид TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7;

20 SEQ ID №: 8, і додатково містить нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 217 послідовності SEQ ID №: 8 і факультативно додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 390 послідовності SEQ ID №: 8, і нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 477 послідовності SEQ ID №: 8, або будь-яку їх комбінацію;

SEQ ID №: 9, і додатково містить нуклеотид C в позиції, яка відповідає позиції 292 послідовності SEQ ID №: 9;

25 SEQ ID №: 10, і додатково містить нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 166 послідовності SEQ ID №: 10;

SEQ ID №: 11, і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 148 послідовності SEQ ID №: 11;

30 SEQ ID №: 12, і додатково містить нуклеотид C в позиції, яка відповідає позиції 94 послідовності SEQ ID №: 12;

SEQ ID №: 13, і додатково містить нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 35 послідовності SEQ ID №: 13, нуклеотид C в позиції, яка відповідає позиції 148 послідовності SEQ ID №: 13 чи нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 89 послідовності SEQ ID №: 13, або будь-яку їх комбінацію;

35 SEQ ID №: 14, і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 432 послідовності SEQ ID №: 14;

SEQ ID №: 15, і додатково містить нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 753 послідовності SEQ ID №: 15;

40 SEQ ID №: 16, і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 755 послідовності SEQ ID №: 16;

SEQ ID №: 17, і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 431 послідовності SEQ ID №: 17;

SEQ ID №: 18 і додатково містить нуклеотид G чи T в позиції, яка відповідає позиції 518 послідовності SEQ ID №: 18;

45 SEQ ID №: 19, і додатково містить нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 182 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, або нуклеотид G чи C в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19, чи будь-яку їх комбінацію, або послідовність, яка додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 182 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 330 послідовності SEQ ID №: 19, і нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19;

SEQ ID №: 20, і додатково містить тетрануклеотид CTGG в позиції, яка відповідає позиціям 773-776 послідовності SEQ ID №: 20;

55 SEQ ID №: 21, і додатково містить делецію нуклеотиду в позиціях, яка відповідає позиціям 316-324 послідовності SEQ ID №: 21, або послідовність, яка додатково містить нуклеотид C в позиції, яка відповідає позиції 61 послідовності SEQ ID №: 21, нуклеотид C в позиції, яка відповідає позиції 200 послідовності SEQ ID №: 21 і делецію в позиції, яка відповідає позиціям 316-324 послідовності SEQ ID №: 21;



позиціям 266-268 послідовності SEQ ID №: 42, і нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 808 послідовності SEQ ID №: 42;

SEQ ID №: 43, і додатково містить нуклеотид С або А в позиції, яка відповідає позиції 708 послідовності SEQ ID №: 43;

5 SEQ ID №: 44, і додатково містить нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44;

SEQ ID №: 45, і додатково містить нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 475 послідовності SEQ ID №: 45;

10 SEQ ID №: 46, і додатково містить нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46;

SEQ ID №: 47, і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 87 послідовності SEQ ID №: 47;

SEQ ID №: 48, і додатково містить нуклеотид А або G в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48;

15 SEQ ID №: 49, і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 650 послідовності SEQ ID №: 49 і факультативно також додатково містить нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 166 послідовності SEQ ID №: 49, і нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 224 послідовності SEQ ID №: 49, і нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 892 послідовності SEQ ID №: 49;

20 SEQ ID №: 50, і додатково містить нуклеотид Т або А в позиції, яка відповідає позиції 541 послідовності SEQ ID №: 50;

SEQ ID №: 51, і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 111 послідовності SEQ ID №: 51;

25 SEQ ID №: 52 і додатково містить нуклеотид С або G в позиції, яка відповідає позиції 442 послідовності SEQ ID №: 52;

SEQ ID №: 53 і додатково містить нуклеотид С або Т в позиції, яка відповідає позиції 428 послідовності SEQ ID №: 53, нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 491 послідовності SEQ ID №: 53, чи їх комбінацію; або яка додатково містить нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиціям 83, 428, 491 і 548 послідовності SEQ ID №: 53;

30 SEQ ID №: 54, і додатково містить нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 126 послідовності SEQ ID №: 54;

SEQ ID №: 55, і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55;

35 SEQ ID №: 56, і додатково містить нуклеотид А або G в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 516 послідовності SEQ ID №: 56, або їх комбінацію;

SEQ ID №: 57 і додатково містить нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 173 послідовності SEQ ID №: 57;

40 SEQ ID №: 58, і додатково містить нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58;

SEQ ID №: 59 і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 729 послідовності SEQ ID №: 59; та/або

SEQ ID №: 60 і додатково містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 267 послідовності SEQ ID №: 60.

45 Способи отримання посухостійкої рослини кукурудзи можуть включати виявлення в зародковій плазмі маркера, асоційованого з підвищеною посухостійкістю, і продукування рослини кукурудзи зі згаданої зародкової плазми. Зародкова плазма може являти собою сорт кукурудзи, який не зустрічається у природі. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном зародкової плазми є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100 % ідентичним такому елітного сорту кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном зародкової плазми є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100% ідентичним такому NP2391.

50 В певних варіантах здійснення цього винаходу алелі, що містять маркер, асоційований з підвищеною посухостійкістю, виявляють із застосуванням великої кількості зондів, вибраних з групи, яка складається з:

1) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 87, SEQ ID №: 89, SEQ ID №: 91, SEQ ID №: 95, SEQ ID №: 97, SEQ ID №: 100, SEQ ID №: 104 і SEQ ID №: 109;

2) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 86, SEQ ID №: 87, SEQ ID №: 89, SEQ ID №: 93, SEQ ID №: 102, SEQ ID №: 106, SEQ ID №: 110 і SEQ ID №: 111;

3) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 85, SEQ ID №: 88, SEQ ID №: 90, SEQ ID №: 93, SEQ ID №: 96, SEQ ID №: 98, SEQ ID №: 99, SEQ ID №: 104, SEQ ID №: 105 і SEQ ID №: 112;

4) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 88, SEQ ID №: 91, SEQ ID №: 93, SEQ ID №: 97, SEQ ID №: 102, SEQ ID №: 103 і SEQ ID №: 105;

5) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 87, SEQ ID №: 92, SEQ ID №: 94, SEQ ID №: 97, SEQ ID №: 101 SEQ ID №: 107, SEQ ID №: 108 SEQ ID №: 109 і SEQ ID №: 112; і

6) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 88, SEQ ID №: 91, SEQ ID №: 98, SEQ ID №: 101 і SEQ ID №: 112.

В певних варіантах здійснення цього винаходу алелі, що містять маркер, асоційований з підвищеною посухостійкістю, виявляють із застосуванням великої кількості зондів, вибраних з групи, яка складається з:

1) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 87, SEQ ID №: 89 і SEQ ID №: 95;

2) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 86, SEQ ID №: 87, SEQ ID №: 89, SEQ ID №: 93, SEQ ID №: 102 і SEQ ID №: 106;

3) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 85, SEQ ID №: 88, SEQ ID №: 90, SEQ ID №: 93, SEQ ID №: 98 і SEQ ID №: 112;

4) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 88, SEQ ID №: 93 і SEQ ID №: 102;

5) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 87, SEQ ID №: 94, SEQ ID №: 101 і SEQ ID №: 112; і

6) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 88, SEQ ID №: 98, SEQ ID №: 101 і SEQ ID №: 112.

В певних варіантах здійснення цього винаходу алелі, що містять маркер, асоційований з підвищеною посухостійкістю, виявляють за допомогою зонда чи зондів, вибраних з групи, яка складається з:

1) послідовності SEQ ID №: 87;

2) послідовності SEQ ID №: 88;

3) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 86 і SEQ ID №: 87; і

4) гаплотипу, який містить послідовності SEQ ID №: 88 і SEQ ID №: 90.

В певних варіантах здійснення цього винаходу алелі, що містять маркер, асоційований з підвищеною посухостійкістю, виявляють в продуктах ампліфікації зі зразка нуклеїнової кислоти, виділеної з рослини чи зародкової плазми кукурудзи, причому продукти ампліфікації отримують з використанням пар праймерів ампліфікації, вибраних з групи, яка складається з послідовностей:

1) SEQ ID №: 31 і SEQ ID №: 59, SEQ ID №: 33 і SEQ ID №: 61, SEQ ID №: 35 і SEQ ID №: 63, SEQ ID №: 39 і SEQ ID №: 67, SEQ ID №: 41 і SEQ ID №: 69, SEQ ID №: 44 і SEQ ID №: 72, SEQ ID №: 48 і SEQ ID №: 76 і SEQ ID №: 53 і SEQ ID №: 81;

2) SEQ ID №: 30 і SEQ ID №: 58, SEQ ID №: 31 і SEQ ID №: 59, SEQ ID №: 33 і SEQ ID №: 61, SEQ ID №: 37 і SEQ ID №: 65, SEQ ID №: 46 і SEQ ID №: 74, SEQ ID №: 50 SEQ ID №: 78, SEQ ID №: 54 і SEQ ID №: 82, SEQ ID №: 55 і SEQ ID №: 83;

3) SEQ ID №: 29 і SEQ ID №: 57, SEQ ID №: 32 і SEQ ID №: 60, SEQ ID №: 34 і SEQ ID №: 62, SEQ ID №: 37 і SEQ ID №: 65, SEQ ID №: 40 і SEQ ID №: 68, SEQ ID №: 42 і SEQ ID №: 70, SEQ ID №: 43 і SEQ ID №: 71, SEQ ID №: 48 і SEQ ID №: 76, SEQ ID №: 49 і SEQ ID №: 77 і SEQ ID №: 56 і SEQ ID №: 84;

4) SEQ ID №: 32 і SEQ ID №: 60, SEQ ID №: 35 і SEQ ID №: 63, SEQ ID №: 37 і SEQ ID №: 65, SEQ ID №: 41 і SEQ ID №: 69, SEQ ID №: 46 і SEQ ID №: 74, SEQ ID №: 47 і SEQ ID №: 75 і SEQ ID №: 49 і SEQ ID №: 77;

5) SEQ ID №: 31 і SEQ ID №: 59, SEQ ID №: 36 і SEQ ID №: 64, SEQ ID №: 38 і SEQ ID №: 66, SEQ ID №: 41 і SEQ ID №: 69, SEQ ID №: 45 і SEQ ID №: 73, SEQ ID №: 51 і SEQ ID №: 79, SEQ ID №: 52 і SEQ ID №: 80, SEQ ID №: 53 і SEQ ID №: 81 і SEQ ID №: 56 і SEQ ID №: 84 і

6) SEQ ID №: 32 і SEQ ID №: 60, SEQ ID №: 35 і SEQ ID №: 63, SEQ ID №: 42 і SEQ ID №: 70, SEQ ID №: 45 і SEQ ID №: 73 і SEQ ID №: 56 і SEQ ID №: 84.

В певних варіантах здійснення цього винаходу алелі, що містять маркер, асоційований з підвищеною посухостійкістю, виявляють в продуктах ампліфікації зі зразка нуклеїнової кислоти, виділеної з рослини чи зародкової плазми кукурудзи, причому продукти ампліфікації отримують з використанням пар праймерів ампліфікації, вибраних з групи, яка складається з послідовностей:

1) SEQ ID №: 31 і SEQ ID №: 59, SEQ ID №: 33 і SEQ ID №: 61, і SEQ ID №: 39 і SEQ ID №: 67;

2) SEQ ID №: 30 і SEQ ID №: 58, SEQ ID №: 31 і SEQ ID №: 59, SEQ ID №: 33 і SEQ ID №: 61, SEQ ID №: 37 і SEQ ID №: 65, SEQ ID №: 46 і SEQ ID №: 74 і SEQ ID №: 50 і SEQ ID №: 78;

3) SEQ ID №: 29 і SEQ ID №: 57, SEQ ID №: 32 і SEQ ID №: 60, SEQ ID №: 34 і SEQ ID №: 62, SEQ ID №: 37 і SEQ ID №: 65, SEQ ID №: 42 і SEQ ID №: 70 і SEQ ID №: 56 і SEQ ID №: 84,

5 4) SEQ ID №: 32 і SEQ ID №: 60, SEQ ID №: 37 і SEQ ID №: 65 і SEQ ID №: 46 і SEQ ID №: 74;

5) SEQ ID №: 31 і SEQ ID №: 59, SEQ ID №: 38 і SEQ ID №: 66, SEQ ID №: 45 і SEQ ID №: 73 і SEQ ID №: 56 і SEQ ID №: 84; і

10 6) SEQ ID №: 32 і SEQ ID №: 60, SEQ ID №: 42 і SEQ ID №: 70, SEQ ID №: 45 і SEQ ID №: 73 і SEQ ID №: 56 і SEQ ID №: 84.

В певних варіантах здійснення цього винаходу алелі, що містять маркер, асоційований з підвищеною посухостійкістю, виявляють в продукті чи продуктах ампліфікації зі зразка нуклеїнової кислоти, виділеної з рослини чи зародкової плазми кукурудзи, причому продукти ампліфікації отримують з використанням пар праймерів ампліфікації, вибраних з групи, яка складається з послідовностей:

1) SEQ ID №: 31 і SEQ ID №: 59;

2) SEQ ID №: 32 і SEQ ID №: 60;

3) SEQ ID №: 30 і SEQ ID №: 58 і SEQ ID №: 31 і SEQ ID №: 59; і

4) SEQ ID №: 32 і SEQ ID №: 60 і SEQ ID №: 34 і SEQ ID №: 62.

20 Способи інтрогресії алеля, асоційованого з підвищеною посухостійкістю, в рослину чи зародкову плазму кукурудзи можуть включати схрещування першої рослини чи зародкової плазми кукурудзи, що містить згаданий алель (донор), з другою рослиною чи зародковою плазмою кукурудзи, у якій згаданого алеля немає (рекурентний батько), і повторне зворотне схрещування потомка, що містить згаданий алель, з рекурентним батьком. Потомки, що містять згаданий алель, можуть бути ідентифіковані шляхом виявлення в їх геномах присутності маркера, асоційованого з підвищеною посухостійкістю. Донор, рекурентний батько чи обидва можуть являти собою сорт кукурудзи, який не зустрічається у природі. В певних варіантах здійснення цього винаходу донор являє собою CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 чи Tuxpeno VEN 692. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном донора є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100 % ідентичним такому CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 чи Tuxpeno VEN 692. В певних варіантах здійснення цього винаходу рекурентний батько являє собою елітний сорт кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном рекурентного батька є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100% ідентичним такому елітного сорту кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу рекурентний батько являє собою сорт NP2391. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном рекурентного батька є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100% ідентичним такому NP2391.

40 В певних варіантах здійснення цього винаходу описаний в даному документі об'єкт стосується способів отримання посухостійкої рослини кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу описані тут способи включають виявлення в зародковій плазмі кукурудзи присутності маркера, асоційованого з підвищеною посухостійкістю, причому згаданий маркер вибирається з групи, яка складається з:

45 нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 100 послідовності SEQ ID №: 2, тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 116 послідовності SEQ ID №: 23, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, нуклеотиду T в позиції, яка відповідає позиції 173 послідовності SEQ ID №: 57, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 267 послідовності SEQ ID №: 60;

50 тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 562 послідовності SEQ ID №: 25, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 1271 послідовності SEQ ID №: 26, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 111 послідовності SEQ ID №: 51;

60 нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 100, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 217 послідовності SEQ ID №: 23, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 746 послідовності

SEQ ID №: 24, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55, и нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58;

делеції нуклеотиду в позиції, яка відповідає позиціям 264-271 послідовності SEQ ID №: 2, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, і нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 254 послідовності SEQ ID №: 27, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, нуклеотиду Т в позиції, яка відповідає позиції 475 послідовності SEQ ID №: 45, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 516 послідовності SEQ ID №: 56, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 729 послідовності SEQ ID №: 59, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 267 послідовності SEQ ID №: 60;

нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55, и нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, и нуклеотиду Т в позиції, яка відповідає позиції 173 послідовності SEQ ID №: 57;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 1271 послідовності SEQ ID №: 26, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 111 послідовності SEQ ID №: 51;

нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 87 послідовності SEQ ID №: 47, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, и нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55;

нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду Т в позиції, яка відповідає позиції 475 послідовності SEQ ID №: 45, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7; нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, і нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46;

нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48,

та їх комбінацій, а також

відбір рослини-потомка чи зародкової плазми, які в своєму геномі мають згаданий гаплотип, тим самим відбираючи посухостійку рослину чи зародкову плазму кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу перша рослина чи зародкова плазма кукурудзи або друга рослина чи зародкова плазма кукурудзи або і те і інше представляють собою сорт кукурудзи, який не зустрічається у природі. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном згаданої першої рослини чи зародкової плазми кукурудзи є щонайменше на 95% ідентичним такому CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 чи Tuxpeno VEN 692. В певних варіантах



здійснення цього винаходу перша рослина чи зародкова плазма кукурудзи вибираються з групи, яка складається з CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 і Tuxpeno VEN 692.

В певних варіантах здійснення цього винаходу, що стосуються описаних тут способів, геном згаданої другої рослини чи зародкової плазми кукурудзи є щонайменше на 95% ідентичним такому елітного сорту кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу друга рослина чи зародкова плазма кукурудзи представляє собою елітний сорт кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу елітний сорт кукурудзи являє собою NP2391.

IV. Отримання рослин кукурудзи, що несуть поліпшені ознаки, трансгенними способами

В певних варіантах здійснення цього винаходу описаний в даному документі об'єкт стосується застосування поліморфізмів (включаючи, але не обмежуючись SNP) або частин, що представляють ознаку, для отримання рослини кукурудзи, яка несе ознаку, введенням послідовності нуклеїнової кислоти, що містить асоційований з ознакою алель та/або гаплотип поліморфізму, в реципієнтну рослину.

Властивості донорської рослини з послідовністю нуклеїнової кислоти, яка містить алель та/або гаплотип ознаки оптимізації водоспоживання, можуть бути перенесені реципієнтній рослині, у якій відсутній даний алель та/або гаплотип. Послідовність нуклеїнової кислоти може бути перенесена схрещуванням донорської рослини, що несе ознаку оптимізації водоспоживання, з реципієнтною рослиною, що не має даної ознаки, (наприклад, інтрогресією), трансформацією, трансформацією чи злиттям протопластів, способом отримання подвоєних гаплоїдів, «врятуванням» зародку чи будь-якою іншою системою перенесення нуклеїнової кислоти. Згодом, за бажанням, можуть бути відібрані рослини-потомки, що містять один чи більше описаних в даному документі алелів та/або гаплотипів ознаки оптимізації водоспоживання. Послідовність нуклеїнової кислоти, що містить алель та/або гаплотип ознаки оптимізації водоспоживання, може бути виділений з донорської рослини способами, відомими в цій галузі, і виділена послідовність нуклеїнової кислоти може трансформувати реципієнтну рослину трансгенними способами. Таке може трапитись з вектором, в гаметі чи в іншому підходящому елементі перенесення, такому як балістична частка, покрита послідовністю нуклеїнової кислоти.

Трансформація рослин звичайно передбачає конструкцію вектора експресії, який буде функціонувати в клітинах рослин і включає послідовність нуклеїнової кислоти, яка містить алель та/або гаплотип, асоційований з ознакою оптимізації водоспоживання, і даний вектор може містити ген, що надає ознаку оптимізації водоспоживання. Даний ген звичайно знаходиться під контролем чи є функціонально зв'язаним з одним чи більше регуляторних елементів, таких як промотор. Вектор експресії може містити одну чи більше таких комбінацій, як функціонально зв'язаний ген/регуляторний елемент, за умови, що принаймні один з генів, що містяться в комбінаціях, кодує ознаку оптимізації водоспоживання. Вектор(и) може знаходитись у вигляді плазмиди і може використовуватись окремо чи в комбінації з іншими плазмідами, щоб отримати трансгенні рослини, які володіють кращою оптимізацією водоспоживання, із застосуванням способів трансформації, відомі в даній галузі, таких як система трансформації *Agrobacterium*.

Трансформовані клітини часто містять селекційний маркер, який дозволяє ідентифікувати трансформацію. Селекційний маркер звичайно є пристосованим для виявлення негативною селекцією (пригніченням росту клітин, що не містять ген селекційного маркера) або позитивною селекцією (шляхом скринінгу продукту, кодованого геном селекційного маркера). Велика кількість звичайно використовуваних генів селективних маркерів для трансформації рослин є відомою в даній галузі і включають, наприклад, гени, що кодують ферменти, що метаболічно знешкоджують хімічний агент селекції, який може бути антибіотиком чи гербіцидом, або гени, що кодують змінену мішень, яка є нечутливою до інгібітору. Кілька способів позитивної селекції є відомими в даній галузі, такі як селекція на маннозі. Альтернативно, для отримання рослин без вищезгаданих маркерних генів може бути застосована трансформація без маркера, способи якої також відомі в цій галузі.

V. Посухостійкі рослини і зародкова плазма кукурудзи

Описаний в даному документі об'єкт винаходу стосується посухостійких рослин і зародкової плазми кукурудзи. Як вже зазначалось, способи описаного в даному документі об'єкта винаходу можуть бути використані для того, щоб виявляти, продукувати та/або відбирати посухостійкі рослини і зародкову плазму кукурудзи. На додачу до способів, описаних вище, посухостійка рослина і зародкова плазма кукурудзи можуть бути отримані будь-яким способом, яким маркер, асоційований з підвищеною посухостійкістю, вводиться в рослину чи зародкову плазму, включаючи, але не обмежуючись ними, трансформацію, трансформацію чи злиття протопластів, спосіб отримання подвоєних гаплоїдів, «врятування» зародку або будь-яку іншу систему перенесення нуклеїнової кислоти.

В певних варіантах здійснення цього винаходу рослина чи зародкова плазма кукурудзи являють собою сорт кукурудзи, який не зустрічається у природі. В певних варіантах здійснення цього винаходу рослина чи зародкова плазма кукурудзи є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100 % ідентичними таким елітного сорту кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном згаданої рослини і зародкової плазми кукурудзи є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99 % чи 100% ідентичним такому NP2391.

Рослина чи зародкова плазма кукурудзи може бути потомком схрещування між першим елітним сортом кукурудзи (наприклад, випробувальна лінія) і потомком схрещування між другим елітним сортом кукурудзи (наприклад, рекурентний батько) і сортом кукурудзи, який містить алель, асоційований з підвищеною посухостійкістю (наприклад, донором). В певних варіантах здійснення цього винаходу перший елітний сорт кукурудзи являє собою NP2460. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном першого елітного сорту кукурудзи є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100% ідентичним такому NP2460. В певних варіантах здійснення цього винаходу другий елітний сорт кукурудзи являє собою NP2391. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном другого елітного сорту кукурудзи є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100% ідентичним такому NP2391. В певних варіантах здійснення цього винаходу сорт, який містить алель, асоційований з підвищеною посухостійкістю, являє собою CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 чи Tuxpeno VEN 692. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном сорту, який містить алель, асоційований з підвищеною посухостійкістю, є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100% ідентичним такому CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 чи Tuxpeno VEN 692.

Рослина чи зародкова плазма кукурудзи може бути потомком схрещування між першим елітним сортом кукурудзи і потомком інтрогресії, причому рекурентний батько являє собою другий елітний сорт кукурудзи і донор містить алель, асоційований з підвищеною посухостійкістю. В певних варіантах здійснення цього винаходу перший елітний сорт кукурудзи являє собою NP2460. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном першого елітного сорту кукурудзи є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100% ідентичним такому NP2460. В певних варіантах здійснення цього винаходу рекурентний батько являє собою NP2391. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном рекурентного батька є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100% ідентичним такому NP2391. В певних варіантах здійснення цього винаходу донор являє собою CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 чи Tuxpeno VEN 692. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном донора є щонайменше приблизно на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% чи 100 % ідентичним такому CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 чи Tuxpeno VEN 692.

Таким чином, описаний в даному документі об'єкт в певних варіантах здійснення цього винаходу стосується інбредних рослин *Zea mays*, які містять один чи більше алелів, асоційованих з бажаною ознакою оптимізації водоспоживання. В певних варіантах здійснення цього винаходу:

(I) ознакою оптимізації водоспоживання є урожайність зерна при стандартному відсотку вологості (YGSMN), і сприятливий алель містить нуклеотидну послідовність, що включає А в нуклеотидній позиції 270 послідовності SEQ ID №: 1, G в нуклеотидній позиції 216 послідовності SEQ ID №: 3; А в нуклеотидній позиції 503 послідовності SEQ ID №: 4; тетрануклеотид CGCG в нуклеотидних позиціях 818-821 послідовності SEQ ID №: 5; G в нуклеотидній позиції 254 послідовності SEQ ID №: 6; динуклеотид GA в нуклеотидних позиціях 4497-4498 в послідовності SEQ ID №: 7; А в нуклеотидній позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7; С або Т в нуклеотидній позиції 4792 послідовності SEQ ID №: 7; Т в нуклеотидній позиції 4836 послідовності SEQ ID №: 7; тринуклеотид ACT або TCC в нуклеотидних позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7; С в нуклеотидній позиції 292 послідовності SEQ ID №: 9; А в нуклеотидній позиції 166 послідовності SEQ ID №: 10; С в нуклеотидній позиції 94 послідовності SEQ ID №: 12; С в нуклеотидній позиції 86 послідовності SEQ ID №: 13; G в нуклеотидній позиції 89 послідовності SEQ ID №: 13; А в нуклеотидній позиції 753 послідовності SEQ ID №: 15; G в нуклеотидній позиції 755 послідовності SEQ ID №: 16; G в нуклеотидній позиції 431 послідовності SEQ ID №: 17; А в нуклеотидній позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19; тетрануклеотид CTGG в нуклеотидних позиціях 773-776 послідовності SEQ ID №: 20; делецію нуклеотидних позицій 316-324 послідовності SEQ ID №: 21; G в нуклеотидній позиції 562 послідовності SEQ ID №: 25; Т в

нуклеотидній позиції 254 послідовності SEQ ID №: 27; Т в нуклеотидній позиції 496 послідовності SEQ ID №: 28; G в нуклеотидній позиції 398 послідовності SEQ ID №: 30; G в нуклеотидній позиції 239 послідовності SEQ ID №: 31; G в нуклеотидній позиції 208 в послідовності SEQ ID №: 32, динуклеотид CA в позиції, яка відповідає позиціям 144-145 послідовності SEQ ID №: 34, нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 169 послідовності SEQ ID №: 34; нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 76 послідовності SEQ ID №: 35, нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 698 SEQ ID NO: 36; нуклеотид А або G в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 37; нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 445 послідовності SEQ ID №: 39; нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 602 послідовності SEQ ID №: 40; нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 190 послідовності SEQ ID №: 41; нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 580 послідовності SEQ ID №: 41; тринуклеотид TTG в позиції, яка відповідає позиціям 266-268 послідовності SEQ ID №: 42; нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 708 послідовності SEQ ID №: 43; нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 650 послідовності SEQ ID №: 49; нуклеотид А або Т в позиції, яка відповідає позиції 541 послідовності SEQ ID №: 50; нуклеотид Т в позиції, яка відповідає позиції 428 послідовності SEQ ID №: 53; нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 491 послідовності SEQ ID №: 53; та/або нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 126 послідовності SEQ ID №: 54; та/або

(II) ознакою оптимізації водоспоживання є вологість зерна в період збирання врожаю (GMSTP), і сприятливий алель містить нуклеотидну послідовність, яка включає нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 254 послідовності SEQ ID №: 6; нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 217 послідовності SEQ ID №: 8; нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 292 послідовності SEQ ID №: 9; нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 166 послідовності SEQ ID №: 10; нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 148 послідовності SEQ ID №: 11; нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 35 послідовності SEQ ID №: 13; нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 432 послідовності SEQ ID №: 14; нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 518 послідовності SEQ ID №: 18; нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 182 послідовності SEQ ID №: 19; нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19; тетрануклеотид CTGG в позиції, яка відповідає позиціям 773-776 послідовності SEQ ID №: 20; нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 211 послідовності SEQ ID №: 22; нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 562 послідовності SEQ ID №: 25; нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 254 послідовності SEQ ID №: 27; нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 239 послідовності SEQ ID №: 31; динуклеотид CA в позиції, яка відповідає позиціям 144-145 послідовності SEQ ID №: 34; нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 537 послідовності SEQ ID №: 34; нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 37; нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 38; нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 342 послідовності SEQ ID №: 38; нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 445 послідовності SEQ ID №: 39; нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 190 послідовності SEQ ID №: 41; нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 708 послідовності SEQ ID №: 43; нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 650 послідовності SEQ ID №: 49; нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 428 послідовності SEQ ID №: 53; або нуклеотид С в позиції, яка відповідає позиції 491 послідовності SEQ ID №: 53; та/або

Описаний в даному документі об'єкт в певних варіантах здійснення цього винаходу стосується також рослин *Zea mays*, які містять щонайменше один сприятливий для оптимізації водоспоживання алель, і даний алель визначається щонайменше одним маркерним алелем, що містить поліморфний сайт, і характеризується продуктом ПЛР-ампліфікації, отриманим в реакції ПЛР із застосуванням олігонуклеотидного праймера ПЛР чи великої кількості олігонуклеотидних праймерів, зокрема пари олігонуклеотидних праймерів ПЛР чи кількох пар праймерів, але особливо пари праймерів, вибраної з групи, яка складається з пари праймерів 1, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 118, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 119; пари праймерів 2, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 120, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 121, пари праймерів 3, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 122, и праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 123; пари праймерів 4, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 124, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 125, пари праймерів 5, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 126, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 127; пари праймерів 6, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 128, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 129; пари праймерів 7, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 130, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 131; пари праймерів 8, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID

[illegible]

послідовність SEQ ID №: 209; пари праймерів 47, представлені праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 210, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 211; пари праймерів 48, представлені праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 212, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 213; пари праймерів 49, представлені праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 214, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 215; пари праймерів 50, представлені праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 216, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 217; пари праймерів 51, представлені праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 218, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 219; пари праймерів 52, представлені праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 220, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 221, пари праймерів 53, представлені праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 222, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 223; пари праймерів 54, представлені праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 224, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 225, пари праймерів 55, представлені праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 226, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 227; пари праймерів 56, представлені праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 228, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 229; і пари праймерів 57, представлені праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 230, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 231.

В певних варіантах здійснення цього винаходу описаний в даному документі об'єкт стосується рослини чи зародкової плазми кукурудзи, які не зустрічаються у природі і мають в своєму геномі гаплотип, асоційований з підвищеною посухостійкістю. Причому в певних варіантах здійснення цього винаходу згаданий гаплотип вибирається з групи, яка складається з:

нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 100 послідовності SEQ ID №: 2, тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 116 послідовності SEQ ID №: 23, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, нуклеотиду T в позиції, яка відповідає позиції 173 послідовності SEQ ID №: 57, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 267 послідовності SEQ ID №: 60;

тринуклеотиду ТСС в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 562 послідовності SEQ ID №: 25, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 1271 послідовності SEQ ID №: 26, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 111 послідовності SEQ ID №: 51;

нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 100, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 217 послідовності SEQ ID №: 23, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 746 послідовності SEQ ID №: 24, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55, и нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58;

делеції нуклеотиду в позиції, яка відповідає позиціям 264-271 послідовності SEQ ID №: 2, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, і нуклеотиду С в позиції, яка відповідає позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58;

тринуклеотиду ТСС в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 254 послідовності SEQ ID №: 27, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, нуклеотиду T в позиції, яка відповідає позиції 475 послідовності SEQ ID №: 45, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 516 послідовності SEQ ID №: 56, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 729 послідовності SEQ ID №: 59, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 267 послідовності SEQ ID №: 60;

нуклеотиду А в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду С в позиції, яка

відповідає позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56;

5 тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, і нуклеотиду T в позиції, яка відповідає позиції 173 послідовності SEQ ID №: 57;

10 тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 1271 послідовності SEQ ID №: 26, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 111 послідовності SEQ ID №: 51;

15 нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 87 послідовності SEQ ID №: 47, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55;

20 нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56;

25 тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19, нуклеотиду T в позиції, яка відповідає позиції 475 послідовності SEQ ID №: 45, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7;

нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7;

тринуклеотиду TCC в позиції, яка відповідає позиціям 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, і нуклеотиду C в позиції, яка відповідає позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46;

30 нуклеотиду A в позиції, яка відповідає позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, і нуклеотиду G в позиції, яка відповідає позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, та їх комбінацій.

35 В певних варіантах здійснення цього винаходу геном згаданої рослини чи зародкової плазми кукурудзи є щонайменше на 95% ідентичним такому елітного сорту кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу елітний сорт кукурудзи являє собою NP2391. В певних варіантах здійснення цього винаходу рослина чи зародкова плазма кукурудзи походять від схрещування елітного сорту кукурудзи з екзотичним сортом кукурудзи. В певних варіантах здійснення цього винаходу геном згаданого елітного сорту кукурудзи є щонайменше на 95% ідентичним такому NP2391. В певних варіантах здійснення цього винаходу елітний сорт кукурудзи являє собою NP2391.

45 В певних варіантах здійснення цього винаходу геном згаданого екзотичного сорту кукурудзи є щонайменше на 95% ідентичним такому CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 чи Tuxpeno VEN 692. В певних варіантах здійснення цього винаходу рослина чи зародкова плазма кукурудзи відповідають таким за будь-яким з пунктів 28-30, причому екзотичний сорт кукурудзи вибирається з групи, яка складається з CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 і Tuxpeno VEN 692. В певних варіантах здійснення цього винаходу згадана рослина чи зародкова плазма кукурудзи походять від схрещування першого елітного сорту кукурудзи з потомком схрещування між другим елітним сортом кукурудзи і екзотичним сортом кукурудзи.

50 В певних варіантах здійснення цього винаходу геном згаданого першого елітного сорту кукурудзи є щонайменше на 95% ідентичним такому NP2460. В певних варіантах здійснення цього винаходу перший елітний сорт кукурудзи являє собою NP2460.

55 В певних варіантах здійснення цього винаходу геном згаданого другого елітного сорту кукурудзи є щонайменше на 95% ідентичним такому NP2391. В певних варіантах здійснення цього винаходу другий елітний сорт кукурудзи являє собою NP2391.

60 В певних варіантах здійснення цього винаходу геном згаданого екзотичного сорту кукурудзи є щонайменше на 95% ідентичним такому CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 чи Tuxpeno VEN 692. В певних варіантах здійснення цього винаходу згаданий екзотичний сорт кукурудзи вибирається з групи, яка складається з CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 і Tuxpeno VEN 692.



послідовність SEQ ID №: 182, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 183; пари праймерів 34, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 184, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 185; пари праймерів 35, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 186, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 187; 5 пари праймерів 36, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 188, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 189; пари праймерів 37, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 190, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 191; пари праймерів 38, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 192, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 193; пари праймерів 39, 10 представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 194, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 195; пари праймерів 40, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 196, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 197; пари праймерів 41, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 198, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 199; пари праймерів 42, представленої праймером, що 15 містить послідовність SEQ ID №: 200, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 201; пари праймерів 43, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 202, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 203; пари праймерів 44, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 204, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 205, пари праймерів 45, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 206, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 207; пари праймерів 46, 20 представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 208, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 209; пари праймерів 47, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 210, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 211; пари праймерів 48, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 212, і праймером, 25 що містить послідовність SEQ ID №: 213; пари праймерів 49, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 214, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 215; пари праймерів 50, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 216, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 217; пари праймерів 51, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 218, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 219; пари праймерів 52, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 220, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 221, пари праймерів 53, 30 представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 222, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 223; пари праймерів 54, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 224, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 225, пари праймерів 55, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 226, і праймером, 35 що містить послідовність SEQ ID №: 227; пари праймерів 56, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 228, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 229; і пари праймерів 57, представленої праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 230, і праймером, що містить послідовність SEQ ID №: 231.

#### 40 Приклади

Наступні приклади стосуються ілюстративних варіантів здійснення цього винаходу. У світлі даного опису і загального рівня цієї галузі спеціалістам має бути зрозумілим, що наступні приклади призначені для використання тільки в якості зразків і що можуть бути запропоновані численні модифікації і зміни без відходження від об'єму описаного в даному документі об'єкту 45 винаходу.

#### Вступ до прикладів

Для оцінки значення алелів під час посухи різні зразки зародкової плазми піддавали скринінгу в контрольованих польових експериментах, які включали контрольну обробку з повним зрошенням і обробку з обмеженим зрошенням. Мета обробки з повним зрошенням 50 полягала в забезпеченні того, щоб вода не обмежувала продуктивність врожаю. З іншого боку, мета обробки з обмеженим зрошенням полягала в тому, щоб вода стала основним чинником, що лімітує врожай зерна. Основні ефекти (наприклад, обробка і генотип) і взаємодії (наприклад, генотип х обробку) можна визначити, коли вказані дві обробки застосовують в полі поряд одно з одною. Більше того, для кожного генотипу в панелі можна кількісно визначити фенотипи, 55 пов'язані з посухою, тим самим відстежуючи асоціації маркер : ознака.

На практиці спосіб обробки з обмеженим зрошенням може широко варіювати в залежності від зародкової плазми, яку піддають скринінгу, типу ґрунту, місцевих кліматичних умов, водопостачання перед початком сезону і водопостачання впродовж сезону, і це тільки деякі чинники. Спочатку виявляють місце, де сезонні опади невеликі (щоб звести до мінімуму 60 ймовірність ненавмисного зрошення), і яке є придатним для вирощування



сільськогосподарських культур. До того ж, важливим моментом може бути визначення строків піддавання стресу, так що ставлять і цю мету, щоб забезпечити послідовність скринінгу в даному місці з року в рік або від місцезнаходження до місцезнаходження. Також можуть бути враховані інтенсивність обробки або, в певних випадках, втрата врожаю, бажана в разі обробки з обмеженим зрошенням. При виборі інтенсивності обробки, яка є надто легкою, генотипна мінливість може не виявитись. Вибір інтенсивності обробки, яка є надто тяжкою, може призвести до надто великих похибок. Як тільки встановлені строки стресового впливу і описана інтенсивність обробки, зрошення можна здійснювати таким чином, щоб задовольнити поставленим цілям.

Загальні способи оцінки і, зокрема, способи оцінки посухостійкості можна знайти у Salekdeh et al., 2009 і в патентах США №№ 6635803, 7314757, 7332651 і 7432416.

#### Приклад 1

##### Оцінка фенотипних даних

З метою ідентифікації алелів, асоційованих з оптимізацією водоспоживання, гібриди вирощували на різних стадіях в різних місцезнаходженнях і оцінювали оптимізацію водоспоживання. В даному аналізі були перевірені чотири ознаки на стадії 2-3: YGSMN (урожайність зерна при стандартному відсотку вологості %), GMSTP (вологість зерна в період збирання врожаю), GWTPN (вага зерна на ділянку) і PYREC (відновлення відсотку врожайності). Визначали розподіл фенотипних даних гібридних ліній за місцезнаходженням і тестерами для YGSMN, GMSTP, GWTPN і PYREC. Середні значення для YGSMN, GMSTP і GWTPN склали 165,41 бушелів/акр, 18,94% і 20,0 бушелів/ділянку, відповідно. Фенотипні дані вибраних досліджень включали інформацію з чотирьох місцезнаходжень. Число спостережень в даних місцезнаходженнях становило від 311 до 1456. Всього 575 інбредів були оцінені в схрещуваннях з майже 47 різними інбредними тестерами. Число спостережень інбредних ліній, схрещених з певним тестером, коливалось від 242 до 575 у всіх місцезнаходженнях.

При тестуванні асоціацій між потенційними маркерами і даними трьома ознаками були застосовані два аналітичні підходи: змішані лінійні моделі – (TASSEL) і Quantitative Inbred Pedigree Disequilibrium Test (далі по тексті "QIPDT2").

#### Приклад 2

##### Фенотипні коректування

Використання даних, отриманих на стадії 2-3, для картування асоціацій не є традиційним підходом, і існують кілька аспектів їх аналізу, які необхідно розглянути. Більше того, для фенотипування були використані гібриди з різними тестерами, а не лінії як такі, тоді як обидва статистичні способи (TASSEL і QIPDT2) були розроблені для даних, отриманих на інбредних лініях, які вимагають єдиного значення ознаки для кожної лінії. Щоб отримати єдине значення ознаки для кожної інбредної лінії, яке можна порівняти з її генотипом, було необхідно виконати фенотипні коректування, які допомагають контролювати ефект тестера та/або місцезнаходження. Додаткові чинники (наприклад, зрілість групи) не розглядалися, щоб уникнути додаткового скорочення ступенів свободи чи розміру підмножини зразків.

Для виконання фенотипних коректувань аналізу змішаних лінійних моделей проводили в двох різних статистичних пакетах SAS/JMP і R, які були призначені для того, щоб підходи зі змішаною моделлю для більшого набору даних були використані правильно. Оскільки ці підходи дали дуже близькі результати, для наступних стадій аналізу даних були використані результати SAS/JMP.

При аналізі «повна модель» ефекти як місцезнаходження, так і тестерів включались в модель наступним чином:

Фенотип = ефект місцезнаходження (випадковий) + ефект лінії (випадковий) + ефект тестера (фіксований) + похибка

Модель «за місцезнаходженням» була застосована для кожного з 4-х вибраних місцезнаходжень наступним чином:

Фенотип = ефект лінії (випадковий) + ефект тестера (фіксований) + похибка

Модель «за тестером» була застосована для кожної з 4-х вибраних підмножин ліній, схрещених з певним тестером, наступним чином:

Фенотип = ефект місцезнаходження (випадковий) + ефект лінії (випадковий) + похибка

Моделі оцінювали на збіжність, оцінку коваріаційних оцінок, значимість фіксованих ефектів і т. д. Найкращі лінійні незміщені провісники (BLUP) для ефектів ліній застосовували в якості скоригованих генотипів. В певних випадках запропоновані змішані моделі не сходилились чи виникала проблема з оцінкою ефектів ліній, обумовлена відсутністю реплікацій. В кожному такому випадку з моделі вилучали ефект лінії і використовували залишкові значення як грубий спосіб уловлювання ефектів лінії (додаткову реплікацію отримували пізніше в аналізі асоціацій,

коли кожний двоалельний локус був представлений загальним числом інбредних ліній кожної групи).

Рішення для випадкових ефектів ліній (BLUP) отримували зі змішаних моделей, які сходились.

#### 5 Приклад 3

##### Генотипні дані

Всього було генотиповано 2189 ліній, для яких фенотипні дані зібрали у всіх проведених дослідженнях. Всього в інбредних лініях оцінили 95 поліморфізмів, які відповідали приблизно 57 генам-кандидатам. Після видалення мономорфних випадків і SNP з частотами алелів, меншими ніж приблизно 0,01, 85 поліморфізмів-кандидатів перевірили на асоціацію в TASSEL. Крім того, 153 випадкових поліморфізмів генотипували в інбредних лініях. Після фільтрації 149 випадкових поліморфізмів проаналізували також на асоціацію в TASSEL як анонімних кандидатів.

#### 15 Приклад 4

##### Методології аналізу асоціацій

Картування на основі аналізу асоціацій (яке часто називають картуванням на основі аналізу нерівноважного зчеплення) стало могутнім інструментом для розкриття генетичного контролю складних ознак. Картування на основі аналізу асоціацій спирається на велике число поколінь і, відповідно, рекомбінаційні можливості в історії виду, які дозволяють видалити асоціації між QTL і будь-яким маркером, не зчепленим з ним щільно (Jannink & Walsh, 2001). Одним з найважливіших кроків в аналізі картування на основі аналізу асоціацій є контроль за структурою популяції. Структура популяції може привести до хибних кореляцій між маркерами і фенотипами, що збільшує можливість хибнопозитивного результату.

Аналіз спорідненості. Спосіб, реалізований в TASSEL, використовує матрицю спорідненості в підході змішаних моделей для контролю генетичних кореляцій між лініями. Аналіз спорідненості виконували із застосуванням генотипних даних зі 153 випадково вибраних SNP тестів. Був прийнятий спосіб оцінки родинних відношень, запропонований Zhao et al., 2007. Були створені скрипти для обчислення коефіцієнтів спорідненості, які визначали просто як частку загальних алелів для кожної пари індивідів ( $K_{pShared}$ ). Zhao et al використовували частку загальних гаплотипів як коефіцієнт їх спорідненості. Матрицю коефіцієнтів  $K$  включали в TASSEL для деяких моделей асоціацій для оцінки контролю за хибними асоціаціями через тісну взаємозв'язаність ліній в панелі.

Калькулятор матриці коефіцієнта спорідненості. Матрицю  $K$  розраховували для набору інбредних ліній. Коефіцієнт спорідненості  $k_{ij}$  обчислювався як частка загальних алелів для всіх локусів між двома лініями  $i$  та  $j$ , де  $k_{ij} = k_{ji}$ ,  $k_{ii} = 1$ .

Аналіз структури популяції. Аналіз с програмним забезпеченням Structure (Pritchard et al., 2000) виконували із застосуванням генотипних даних 153 випадково вибраних SNP тестів. Використовували модель зчеплення, яка включала домішку популяції і зчеплення між маркерами. Ймовірність структур популяцій з  $k$  в межах від 1 до 15 субпопуляцій, визначали за допомогою попереднього періоду в 50000 з наступними 50000 повтореннями MCMC. Провели чотири реплікації для кожного значення  $k$ . Оцінений логарифм ймовірності даних  $\Pr(X | K)$  для кожного значення  $k$  відкладали на графіку, щоб вибрати відповідне число субпопуляцій для включення в коваріаційну матрицю.

Ймовірність для детермінанти  $k$  збільшувалась разом з числом перевірених  $k$ . Значення  $k$ , рівне 10, застосовували як число субпопуляцій для аналізу асоціацій. Таблицю з виведенням родоводом, що містить частку кожної субпопуляції, яка робить внесок в родовід кожного інбреда, застосовували в якості ряду коваріантів в моделі тестування асоціацій.

Аналіз головних компонентів. Метод головних компонентів (PCA) чи "Eigen analysis" був застосований в якості альтернативи програмному забезпеченню Structure для виведення структури популяції з генотипних даних. PCA має певні переваги у порівнянні з Structure, такі як можливість обробляти великі набори даних за значно коротші періоди часу і відсутність необхідності вибору специфічної кількості субпопуляцій. PCA виконували за допомогою програмного забезпечення SMARTPCA, що є частиною Eigenstrat (Price et al., 2006). Десять власних векторів і відповідних їм власних значень для кожної з ліній застосовували в якості другої коваріантної серії для моделей асоціації TASSEL.

#### 55 Приклад 5

##### Аналіз із застосуванням TASSEL

Моделі асоціацій в TASSEL. В Таблиці 6 наведені різні моделі, використовувані в TASSEL. Для фенотипів YGSMN і GMSTP, скоригованих за місцезнаходженням і тестерами, запускали і

порівнювали шість (6) моделей. Тільки модель 4 запускали для всіх підмножин місцезнаходжень і тестерів.

Таблиця 6

## Моделі асоціації, використовувані в TASSEL

Загальні лінійні моделі	Змішані лінійні моделі
1) Adj. Фенотип = Маркер	4) Adj. Фенотип = Маркер + K (pshared)*
2) Adj. Фенотип = Маркер + Q (Structure)	5) Adj. Фенотип = Маркер + K (pshared) + Q (Structure)
3) Adj. Фенотип = Маркер + PCA (власні значення)	6) Adj. Фенотип = Маркер + K (pshared) + PCA (власні значення)

Процедура GLM в TASSEL використовувала можливість виконувати перестановки, щоб дізнатися рівень помилок експерименту з поправкою на накопичення помилково позитивних результатів при виконанні множинних порівнянь. Для даних з оптимізації водоспоживання застосовували в цілому 10000 перестановок. Процедура MLM не включала в себе поправку на багаторазове тестування. Поправку Бонфероні застосовували апостеріорі, щоб уникнути накопичення помилково позитивних результатів.

## Приклад 6

Аналіз асоціацій із застосуванням QIPDT2

QIPDT2 (Quantitative Inbred Pedigree Disequilibrium Test 2) застосовували для картування асоціацій, що дає перевагу використанню інформації щодо інбредного родоводу, який може дати більш високу статистичну достовірність і менше хибнопозитивних результатів з кращим контролем структури популяції (Stich et al. 2006, TAG 113:1121-1130). QIPDT2 представляє собою вдосконалення QIPDT, спеціально розробленого для картування генів хвороб людини (Zhang et al., 2001. Genetic Epidemiol 21:370-375 - Див. посилання у Stich et al. 2006). Перевага QIPDT2 полягає в тому, що даний спосіб може бути легко застосованим до матеріалів з ранніх стадій розведення (наприклад, стадій 2 і 3), тому що фенотипні дані по таким матеріалам були зібрані для селекційних цілей. Загалом, матеріали з ранніх стадій розведення є аналогічними лініям в добре відомих популяціях згрупованих асоціацій (NAM), які були розроблені для застосування як зчеплення, так і нерівноважного зчеплення для картування QTL.

Оригінальний QIPDT є тестовою статистикою,  $T$ , яка обчислюється наступним чином (Stich et al. 2006):

$$T = \frac{\sum_{k=1}^p D_k}{\sqrt{\sum_{k=1}^p D_k^2}} \quad \text{виходячи з } N(0, 1) \text{ при } H_0$$

$$D_k = \sum_{i=1}^{n_k} U_{jk} \quad E\left(\sum_{k=1}^p D_k\right) = 0 \text{ при } H_0$$

$$U_{jk} = \sum_{i=1}^{t_{jk}} (Y_{ijk} - \bar{Y}_k) X_{ijk}$$

$\bar{Y}_k$  - середнє значення ознаки для поліпшеного родоводу  $k$

$X_{ijk}$  - значення маркера (-1, 0, 1)

За загальним підходом значення  $T$  обчислюється для кожного SNP, а його значення  $p$  входять зі стандартного нормального розподілу. Хоча такий підхід може застосовуватись для перевірки статистичної значимості асоціації, він не дає ні оцінки величини генетичного ефекту SNP, ні відносного генетичного внеску в загальну фенотипну дисперсію.

Таким чином, загальний підхід QIPDT було поліпшено за допомогою регресійної моделі, яка тут називається „QIPDT2“; тоді оригінальний метод зручно назвати QIPDT1. Модель QIPDT2 можна записати у вигляді:

$$y_{ki} = \beta_0 + \beta_1 x_{ki} + e_{ki},$$

- 5 де  $y_{ki}$  представляє собою скориговане фенотипне значення для індивідуального  $i$  в родоводі  $k$ ;  $x_{ki}$  представляє собою генотипне значення маркера, що кодується;  $\beta_0$  представляє собою інтерсепт;  $\beta_1$  представляє собою коефіцієнт регресії чи генетичний ефект SNP, що розглядається, про який йдеться. Зверніть увагу, що способи коректування фенотипних значень і генотипів маркерів, що кодуються, є такими ж, як застосовані Stich et al. 2006. За допомогою даної моделі для кожного SNP можуть бути оцінені як генетичний ефект, так і  $R^2$ . Важливо зазначити, що фенотипні дані були попередньо скориговані, щоб виключити ефекти від тестерів та/або місцезнаходжень, перед тим як вони будуть коригуватись далі для структури родо-  
10 вodu. Це коректування було необхідним для реалізації складної моделі в QIPDT2. Способи попереднього коректування були такими ж, як описувалось раніше для аналізу TASSEL.
- 15 Моделі асоціацій в QIPDT2. Дані для асоціацій були отримані для всього набору даних і окремих підмножин для місцезнаходжень і тестерів з використанням обох підходів QIPDT1 і QIPDT2. Як і в аналізі с TASSEL, фенотипні дані були скориговані для місцезнаходжень та/або тестерів, в залежності від того, яку підмножину застосовували. В результаті отримували одне скориговане фенотипне значення (або значення ліній BLUP чи залишкові модельні значення)  
20 для кожного інбреда, яке містить комбінацію всіх генетичних ефектів для інбреда і тільки випадкового залишкового значення.

Перед аналізом QIPDT всі інбреди були згруповані в різні ядерні сім'ї, у відповідності з їх батьківськими лініями. Застосування ядерної сім'ї повинно було дати більш контрольовану структуру популяції, ніж поліпшені родоводи, які застосовувались у Stich et al. 2006. Для QIPDT1 тестова статистика (значення  $Z$ ) і відповідне значення  $p$  оцінювались для кожного SNP; для QIPDT2 тестова статистика (значення  $Z$ ) і відповідне значення  $p$  були отримані з простої регресійної моделі, поряд з квадратом  $R$ , для кожного SNP. QIPDT2 був більш достовірним, ніж QIPDT1, з точки зору значень  $p$ . Оскільки QIPDT2 також давав оцінки ( $R^2$ ) для відносного внеску кожного SNP, QIPDT2 застосовували для звітності про дані щодо асоціацій, отримані з  
30 використанням підходу QIPDT.

#### Приклад 7

Значення сприятливих алелів і їх внесок у фенотипи оптимізації водоспоживання

Були обчислені значення  $p$  і спостережувані внески кожного сприятливого алеля у фенотипи оптимізації водоспоживання YGSMN, GMSTP і GWTPN. Ці значення наведені в Таблицях 7-9. В  
35 Таблицях 7-9 термін «внесок» стосується того внеску, який, як було обчислено, сприятливий алель робив у спостережуваній фенотип з урахуванням середніх значень 201,68 бушелів/акр, 18,95% і 25,29 бушелів/ділянку для YGSMN, GMSTP і GWTPN, відповідно. В Таблицях 7-9 «внесок» виражається в бушелях/акр, відсотках і бушелях/ділянку для YGSMN, GMSTP і GWTPN, відповідно.

40

Таблиця 7

Внески сприятливих алелів у збільшення оптимізації водоспоживання, встановлені за допомогою TASSEL і QIPDT2

SEQ ID №.	Позиція SNP	F	U	Ознака	Внесок	Значення P
12	292	C	A	GMSTP	0.973536	0.000509
37	145	C	A	GMSTP	0.2769	0.000315
39	169	T	A	GMSTP	0.2721405	0.00034675
42	386	A	G	GMSTP	0.379311	0.000192
51	708	C	A	GMSTP	0.31989	0.000287
55	491	C	G	GMSTP	0.544187	0.0001335
56	428	G	A	GMSTP	0.347253	0.000573

Таблиця 8

Внески сприятливих алелів у збільшення оптимізації  
водоспоживання, встановлені за допомогою TASSEL

SEQ ID №.	Позиція SNP	F	U	Ознака	Значення P	Внесок
1	428	A	G	YGSMN	0.0084	11.3070462
2	216	G	T	YGSMN	0.000054594	4.15
3	506	A	G	YGSMN	0.0005806	2.187
4	818-821	--	CGCG	YGSMN	0.0035	14.5878562
5	254	G	A	YGSMN	0.00022694	1.6857
		A	G	GMSTP	$5.62 \times 10^{-7}$	0.3725
6	186-188	G	A	YGSMN	0.007	6.8929277
7	526	A	C	YGSMN	0.000211972	3.3256
7*	526	A	C	YGSMN	0.0026	7.3903226
8	615-616	--	GA	YGSMN	0.03	5.665
9	375	A	G	YGSMN	0.0143	6.5897654
10	331	A	G	YGSMN	0.000435023	3.01738
10*	331	A	G	YGSMN	0.0026	7.3903226
11	210	A	G	GMSTP	0.2431269	0.599
12	292	C	A	YGSMN	0.0031	4.2222
13	166	A	G	YGSMN	0.0263	5.4031514
		A	G	GMSTP	0.000204245	1.1278
15	94	C	G	YGSMN	$4.38 \times 10^{-6}$	1.3181
15*	94	C	G	YGSMN	0.0309	7.624524
16	35	A	T	GMSTP	0.00095646	0.086
17	146	C	A	YGSMN	0.0071	8.327576
18	149	G	C	YGSMN	0.000650794	1.312
19	432	G	A	GMSTP	$5.47 \times 10^{-15}$	0.0393
20	753	A	G	YGSMN	0.0025	2.1981
21	755	G	A	YGSMN	0.000486298	2.2198
22	431	G	C	GMSTP	$5.43 \times 10^{-6}$	0.4939
23	518	G	T	GMSTP	$7.35 \times 10^{-5}$	1.2629
24	387	C	G	GMSTP	0.00039766	0.4522
25	660	A	G	GMSTP	0.00039306	0.4219
26	536	T	C	YGSMN	0.000740946	0.7923
27	773-776	C	G	YGSMN	0.000138841	0.9736
		C	G	GMSTP	0.000124719	0.7974
28	310	T	A	YGSMN	$1.87 \times 10^{-7}$	1.433
29	211	G	A	GMSTP	0.00034028	0.5831
30	401	G	A	YGSMN	0.0102	6.4804254
		G	A	GMSTP	0.000177776	0.6844
31	254	A	G	YGSMN	0.0044	8.7386037
		G	A	GMSTP	0.00125	1.8112
32	439	A	G	YGSMN	0.025	5.136
33	384	G	A	YGSMN	0.015	6.284
35	239	G	A	YGSMN	0.0495	4.6259439
		G	A	GMSTP	0.000154145	1.4141
36	208	G	A	YGSMN	0.000249875	1.7148
37	145	C	A	YGSMN	0.00029249	3.16538
38	535	A	T	GMSTP	0.000180209	0.1236
39	169	T	A	GMSTP	0.000124333	1.2461
40	76	G	A	YGSMN	0.0012	11.9039947
41	724	A	G	YGSMN	$2.71 \times 10^{-5}$	4.65472
42	386	A	G	YGSMN	0.0037	11.255257
43	375	A	G	GMSTP	0.000221511	0.6653
44	309	C	G	GMSTP	0.0011	0.1152

Продовження таблиці 8

45	342	A	C	GMSTP	0.266801841	0.8445
46	445	G	C	YGSMN	0.000032821	1.6764
47	602	A	T	YGSMN	0.000769319	3.7163
48	190	G	A	YGSMN	0.000297308	3.369
48*	190	G	A	YGSMN	0.0054	8.0700349
49	593	C	G	YGSMN	0.001142836	10.5852
49*	593	C	G	YGSMN	0.0282	7.642183
50	266-267	--	AA	YGSMN	0.017	6.724
51	708	A	C	YGSMN	0.0054	7.3294598
		C	A	GMSTP	$2.42 \times 10^{-5}$	0.3221
52	648	G	A	YGSMN	0.0026	10.9837972
53	541	A	T	YGSMN	0.0003	10.3325637
54	442	C	G	YGSMN	0.000013938	11.0737
55	491	C	G	YGSMN	0.000238135	7.1354
55*	491	C	G	YGSMN	0.0446	9.1504902
56	428	A	G	YGSMN	0.000578625	0.7024
57	126	A	G	YGSMN	$6.83 \times 10^{-5}$	3.70653
		A	G	GMSTP	$6.19 \times 10^{-5}$	0.5342

Таблиця 9

Внески сприятливих алелів у збільшення оптимізації  
водоспоживання, встановлені за допомогою QIPDT2

SEQ ID №.	Позиція SNP	F	U	Ознака	Внесок	Значення Р
12	292	C	A	GMSTP	0.973536	0.000509
14	148	G	T	GMSTP	0.739413	0.000003
23	518	T	G	GWTPN	3.438703	0.000198
37	145	C	A	GMSTP	0.2769	0.000315
39	169	T	A	GMSTP	0.2721405	0.00034675
42	386	A	G	GMSTP	0.379311	0.000192
46	445	C	G	GMSTP	0.777738	0.000547
48	190	A	G	GMSTP	1.47593	0.000274
51	708	C	A	GMSTP	0.31989	0.000287
52	648	G	A	GMSTP	0.450848	0.000111
55	491	C	G	GMSTP	0.544187	0.0001335
56	428	G	A	GMSTP	0.347253	0.000573

Матеріали і способи, використані в прикладах 8-12

- 5 NP2391 представляє собою елітний сорт кукурудзи з нежорсткими стеблами. NP2391 є описаним в патенті США № 7166783. NP2391 містить алель G в позиції 87 послідовності SEQ ID №: 7, алель G в позиції 86 послідовності SEQ ID №: 46, алель G в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, алель C в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, алель A в позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, алель G в позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, алель A в позиції 516 послідовності SEQ ID №: 56, алель A в позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, алель T в позиції 475 послідовності SEQ ID №: 45, алель T в позиції 173 послідовності SEQ ID №: 57, алель C в позиції 746 послідовності SEQ ID №: 24, алель A в позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, алель C в позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, алель A в позиції 217 послідовності SEQ ID №: 23, алель G в позиції 116 послідовності SEQ ID №: 23, алель G в позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19, алель T в позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, алель D в позиціях 264-271 послідовності SEQ ID №: 2, алель G в позиції 100 послідовності SEQ ID №: 2, алель C в позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58, алель G в позиції 111 послідовності SEQ ID №: 51, алель G в позиції 254 послідовності SEQ ID №: 27, алель G в позиції 729 послідовності SEQ ID №: 59, алель G в позиції 267 послідовності SEQ ID №: 60, алель G в позиції 562 послідовності SEQ ID №: 25, алель C в позиції 1271 послідовності SEQ ID №: 26 і алель G в позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55. Дивись Фіг. 1.

NP2460 представляє собою елітний сорт кукурудзи з жорсткими стеблами. NP2460 є описаним в патенті США № 7122726. NP2460 містить алель С в позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46, алель А в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, алель А в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, алель G в позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, алель G в позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, алель С в позиції 516 послідовності SEQ ID №: 56, алель С в позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, алель С в позиції 475 послідовності SEQ ID №: 45, алель G в позиції 173 послідовності SEQ ID №: 57, алель С в позиції 746 послідовності SEQ ID №: 24, алель А в позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, алель Т в позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, алель А в позиції 217 послідовності SEQ ID №: 23, алель G в позиції 116 послідовності SEQ ID №: 23, алель С в позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19, алель С в позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, алель D в позиціях 264-271 послідовності SEQ ID №: 2, алель G в позиції 100 послідовності SEQ ID №: 2, алель С в позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58, алель G в позиції 254 послідовності SEQ ID №: 27, алель G в позиції 729 послідовності SEQ ID №: 59, алель G в позиції 267 послідовності SEQ ID №: 60, алель G в позиції 562 послідовності SEQ ID №: 25, алель С в позиції 1271 послідовності SEQ ID №: 26 і алель А в позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55. Дивись Фіг. 1.

CML333 представляє собою екзотичний інбредний сорт кукурудзи з Міжнародного центру поліпшення кукурудзи і пшениці (CIMMYT) в Мексиці. Відомо, що CML333 є стійким як проти південно-західному кукурудзяного свердлувальника, так і проти трав'яної совки. CML333 містить алель А в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, алель G в позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, алель G в позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, алель G в позиції 173 послідовності SEQ ID №: 57, алель G в 0172A, алель А в позиції 116 послідовності SEQ ID №: 23, алель А в позиції 100 послідовності SEQ ID №: 2 і алель А в позиції 267 послідовності SEQ ID №: 60. Дивись Фіг. 1.

CML322 представляє собою екзотичний інбредний сорт кукурудзи з Міжнародного центру поліпшення кукурудзи і пшениці (CIMMYT) в Мексиці. CML322 містить алель С в позиції 386 послідовності SEQ ID №: 46, алель А в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7, алель G в позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, алель С в позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, алель С в позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, алель С в позиції 111 послідовності SEQ ID №: 51, алель А в позиції 562 послідовності SEQ ID №: 25 і алель А в позиції 1271 послідовності SEQ ID №: 26. Дивись Фіг. 1.

Cateto SP VII представляє собою екзотичний сорт кукурудзи родом з Бразилії. Хоча даний сорт демонструє високу здатність до об'єднання з багатьма сортами кукурудзи, він має порівняно низьку врожайність. Cateto SP VII містить алель А в позиції 87 послідовності SEQ ID №: 47, алель А в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, алель G в позиції 472 послідовності SEQ ID №: 48, алель С в позиції 266 послідовності SEQ ID №: 44, алель А в позиції 746 послідовності SEQ ID №: 24, алель Т в позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, алель G в позиції 217 послідовності SEQ ID №: 23, алель А в позиції 100 послідовності SEQ ID №: 2, алель А в позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58 і алель А в позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55. Дивись Фіг. 1.

Confite Morocho AYA 38 представляє собою екзотичний сорт кукурудзи родом з Перу. Не дивлячись на те, що він є стійким проти гельмінтоспориозної плямистості листків, він піддається ураженню іржею. Confite Morocho AYA 38 містить алель А в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, алель С в позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, алель G в позиції 391 послідовності SEQ ID №: 33, алель С в позиції 309 послідовності SEQ ID №: 19, інсерцію в позиціях 264-271 послідовності SEQ ID №: 2 і алель А в позиції 486 послідовності SEQ ID №: 58. Дивись Фіг. 1.

Тухрено VEN 692 представляє собою екзотичний сорт кукурудзи родом з Венесуели. Він має високу стійкість як проти гельмінтоспориозної плямистості листків, так і проти іржі. Тухрено VEN 692 містить алель А в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7, алель С в позиції 237 послідовності SEQ ID №: 56, алель G в позиції 258 послідовності SEQ ID №: 29, алель С в позиції 463 послідовності SEQ ID №: 19 і алель А в позиції 193 послідовності SEQ ID №: 55. Дивись Фіг. 1.

Кукурудзяні рослини сорту NP2391 схрещували з 134 екзотичними сортами кукурудзи, включаючи CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 і Тухрено VEN 692. Потомство від даних схрещувань зворотно схрещували з NP2391 на протязі п'яти поколінь для створення NP2391-екзотичних гібридів. Сегментні інтрогресії з гену shaggy кінази (номер доступу в базі даних GenBank® AY103545, включений сюди за посиланням) були виявлені в NP2391-екзотичних гібридах, які представляли 42 екзотичних донорів (CML333, CML322, Cateto SP VII, Confite Morocho AYA 38 Тухрено VEN 692, CML69, HH5982, TLT0766, CML103, M37W, TLZ0845, AGG742, NC358, P39, Серрано GUA 3, Mochero LBQ 17 KX10970, 6B209, Cholito BOV

705 CML228, Coroico Amarillo, 8B006, EE8001, Enano MD3, Perola BOV 711, Puya Grande SAN, XPRR001, B97, Cacao SAS 327, Tx303, Clavito ECU 366, Early Caribbean MAR 10, Patillo BOV 502, Rabo De Zorro AHK 325 Shajatu AHK 120, Shoe Peg PI269743, St. Croix IVC 2, Oh7B, Pollo VEN 336, Tzi8 i Oh43). Кожний з NP2391-екзотичних гібридів, які містили сегментарну інтрогресію в гені shaggy кінази, самозапиляли на протязі двох поколінь, відбираючи потомство, що містить екзотичний донорський генотип в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7/позиція 4641 послідовності SEQ ID №: 7. Дві лінії були відібрані з потомства кожного самозапилення NP2391-екзотичного гібриду: один гомозиготний екзотичний донорський генотип в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7/позиція 4641 послідовності SEQ ID №: 7 і другий гомозиготний екзотичний донорський генотип NP2391 в позиціях 4979-4981 екзотичний донорський 7/позиція 4641 екзотичний донорський 7. Кожну з даних ліній схрещували з NP2460, щоб створити гібриду лінію F1. Додатково, NP2460 схрещували безпосередньо з NP2391, щоб створити контрольний гібрид F1.

Гібриди F1 оцінювали в чотирьох посушливих місцезнаходженнях (La Salle, Колорадо, США, Gilroy, Каліфорнія, США; Los Andes, Чилі і Granaros, Чилі), з шістьма повторами обробки в кожному місцезнаходженні за допомогою конструювання обмежених рандомізованих блоків, а також на дванадцяти ділянках з оптимальними умовами з одним повтором. Обробки стресовим впливом посухи проводили під час запилення, і вони передбачали період дефіциту води, здатний знизити урожай зернових приблизно на 40-60%. Строки проведення кожної обробки стресовим впливом посухи визначались типом ґрунту і місцевим кліматом (виходячи з яких були оцінені чи виміряні водоутримуюча здатність і швидкість випаровування (ET)). Нормальне зрошення припиняли за 3-4 тижні до середини періоду скидання пилку, щоб рівень вологості ґрунту знизився до критичного рівня, який досягався приблизно за 7 днів до скидання пилку. Як тільки ґрунт висихав до критичного рівня, встановлювався режим дефіциту зрошення (біля 40% ET). Обробки стресовим впливом посухи продовжували впродовж двох тижнів після середини періоду скидання пилку, після чого поновлювали нормальне зрошення.

Посухостійкість оцінювали шляхом вимірювання урожаю зерна при стандартному відсотку вологості (YGSMN) і вологості зерна в період збирання урожаю (GMSTP). Якісний контроль статистичних даних проводили шляхом побудови розподілу даних. Залишки отримували за допомогою наступної моделі:

$$Y = \mu + \text{місцезнаходження} + \text{реплікації (місцезнаходження)} + \text{сім'я} + \text{алель (сімейний)},$$

де Y представляє собою залежний фенотип, а  $\mu$  представляє собою фенотипне середнє; місцезнаходження і реплікації (місцезнаходження) були випадковими. Сім'я і алель (сімейний) були фіксованими. Залишки були проаналізовані за реплікаціями всередині сім'ї і помічені у відповідності до заданих критеріїв, залежних від ознаки, що оцінюється. Заключний аналіз був проведений як для окремих місцезнаходжень, так і для місцезнаходжень, об'єднаних за допомогою наступної моделі:

$$Y = \mu + \text{реплікації} + \text{сім'я} + \text{алель (сімейний)} + \text{реплікації} * \text{сім'я},$$

де Y представляє собою залежний фенотип, а  $\mu$  представляє собою фенотипне середнє. Реплікації були випадковими. Сім'я і алель (сімейний) були фіксованими. Обчислення проводили методом найменших квадратів і застосовували Т-критерій Ст'юдента для парних порівнянь.

Як показано в Таблиці 10, шість гібридів F1, отриманих від схрещування NP2460 з лінією, гомозиготною за екзотичним донорським генотипом в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7/позиція 4641 послідовності SEQ ID №: 7, показали підвищену посухостійкість.

Таблиця 10

## Порівняння гібридів NP2460 у відношенні SEQ ID №: 7

Гібрид F1	Врожайність (бушелів/акр)		Різниця в умовах посухи (бушелів/акр)	
	Оптимальні умови для вирощування кукурудзи	Посуха	vs. контроль гібрид	vs. - гібрид
Контроль	180	162		
CML333+	184	176	14 *	11 *
CML333-	179	165		
CML322+	185	182	20 *	23 *
CML322-	183	159		



Продовження таблиці 10

Cateto+	214	168	6 *	18 *
Cateto-	180	150		
Confite+	191	170	8*	13*
Confite-	189	157		
Tuxpeno+	195	175	13*	10*
Tuxpeno-	159	165		

\* p &lt; 0,05

## Приклад 8

NP2460 x (NP2391 x CML333)

- 5 NP2391 схрещували з CML333, і потомство, отримане від цього схрещування, зворотно схрещували з NP2391 на протязі п'яти поколінь, щоб створити гібрид NP2391 x CML333 shaggy. Гібрид NP2391 x CML333 shaggy самозапиляли на протязі двох поколінь, і дві лінії були відібрані на основі їх генотипу в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7: одна лінія з гомозиготним генотипом CML333 (AA) ("CML333 гомозиготний +") і друга лінія з гомозиготним генотипом NP2391 (GG) ("CML333 гомозиготний -"). Дивись Фіг. 2. Кожну з даних ліній схрещували з NP2460, щоб створити гібрид F1. Дивись Фіг. 2.

Як показано в Таблиці 2, лінія гібриду F1, створена схрещуванням NP2460 з лінією, що містить AA в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7 ("CML333+"), продемонструвала підвищену посухостійкість у порівнянні як з контрольним гібридом, так і з гібридом F1, отриманим схрещуванням NP2460 з лінією, що містить GG в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7 ("CML333-"). При обробці стресовим впливом посухи гібрид CML333+ продемонстрував значно більш високу врожайність зерна в разі стандартного відсотку вологості (176 бушелів/акр), ніж обидва гібриди – контрольний (162 бушелів/акр) і CML333 (165 бушелів/акр).

## Приклад 9

NP2460 x (NP2391 x CML322)

NP2391 схрещували з CML322, і потомство, отримане від цього схрещування, зворотно схрещували з NP2391 на протязі п'яти поколінь, щоб створити гібрид NP2391 x CML322 shaggy. Гібрид NP2391 x CML322 shaggy самозапиляли на протязі двох поколінь, і дві лінії були відібрані на основі їх генотипу в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7: одна лінія з гомозиготним генотипом CML322 (AA) ("CML322 гомозиготний +") і друга лінія з гомозиготним генотипом NP2391 (GG) ("CML322 гомозиготний -"). Дивись Фіг. 3. Кожну з даних ліній схрещували з NP2460, щоб створити гібрид F1. Дивись Фіг. 3.

Як показано в Таблиці 2, лінія гібриду F1, створена схрещуванням NP2460 з лінією, що містить AA в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7 ("CML322+"), продемонструвала підвищену посухостійкість у порівнянні як з контрольним гібридом, так і з гібридом F1, отриманим схрещуванням NP2460 з лінією, що містить GG в позиціях 4979-4981 послідовності SEQ ID №: 7 ("CML322-"). При обробці стресовим впливом посухи гібрид CML322 + продемонстрував значно більш високу врожайність зерна в разі стандартного відсотку вологості (182 бушелів/акр), ніж обидва гібриди – контрольний (162 бушелів/акр) і CML322 (159 бушелів/акр). Прикметно, що врожайність зерна гібриду CML322+ в умовах посухи була майже ідентичною його врожайності в оптимальних умовах.

## Приклад 10

NP2460 x (NP2391 x Cateto SP VII)

NP2391 схрещували з Cateto SP VII, і потомство, отримане від даного схрещування, зворотно схрещували з NP2391 на протязі п'яти поколінь, щоб створити гібрид NP2391 x Cateto SP VII shaggy. Гібрид NP2391 x Cateto SP VII shaggy самозапиляли на протязі двох поколінь, і дві лінії були відібрані на основі їх генотипу в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7: одна лінія з гомозиготним генотипом Cateto SP VII (AA) ("Cateto гомозиготний +") і друга лінія з гомозиготним генотипом NP2391 (GG) ("Cateto гомозиготний -"). Дивись Фіг. 4. Кожну з даних ліній схрещували з NP2460, щоб створити гібрид F1. Дивись Фіг. 4.

Як показано в Таблиці 2, лінія гібриду F1, створена схрещуванням NP2460 з лінією, що містить AA в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7 ("Cateto+"), продемонструвала підвищену посухостійкість у порівнянні як з контрольним гібридом, так і з гібридом F1, отриманим схрещуванням NP2460 з лінією, що містить GG в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7 ("Cateto-"). При обробці стресовим впливом посухи гібрид Cateto+ продемонстрував значно більш високу

врожайність зерна в разі стандартного відсотку вологості (168 бушелів/акр), ніж обидва гібриди – контрольний (162 бушелів/акр) і Cateto (150 бушелів/акр).

#### Приклад 11

NP2460 x (NP2391 x Confite Morocho AYA 38)

- 5 NP2391 схрещували з Confite Morocho AYA 38, і потомство, отримане від даного схрещування, зворотно схрещували з NP2391 на протязі п'яти поколінь, щоб створити гібрид NP2391 x Confite Morocho AYA 38 shaggy. Гібрид NP2391 x Confite Morocho AYA 38 shaggy самозапиляли на протязі двох поколінь, і дві лінії були відібрані на основі їх генотипу в позиціях в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7: одна лінія з гомозиготним генотипом Confite Morocho AYA 38 (AA) ("Confite гомозиготний +") і друга лінія з гомозиготним генотипом NP2391 (GG) ("Confite гомозиготний -"). Дивись Фіг. 5. Кожну з даних ліній схрещували з NP2460, щоб створити гібрид F1. Дивись Фіг. 5.

- 15 Як показано в Таблиці 2, лінія гібриду F1, створена схрещуванням NP2460 з лінією, що містить AA в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7 ("Confite+"), продемонструвала підвищену посухостійкість у порівнянні як з контрольним гібридом, так і з гібридом F1, отриманим схрещуванням NP2460 з лінією, що містить GG в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7 ("Confite-"). При обробці стресовим впливом посухи гібрид Confite+ продемонстрував значно більш високу врожайність зерна в разі стандартного відсотку вологості (170 бушелів/акр), ніж обидва гібриди – контрольний (162 бушелів/акр) і Confite- (157 бушелів/акр).

#### 20 Приклад 12

NP2460 x (NP2391 x Tuxpeno VEN 692)

- 25 NP2391 схрещували з Tuxpeno VEN 692, і потомство, отримане від даного схрещування, зворотно схрещували з NP2391 на протязі п'яти поколінь, щоб створити гібрид NP2391 x Tuxpeno VEN 692 shaggy. Гібрид NP2391 x Tuxpeno VEN 692 shaggy самозапиляли на протязі двох поколінь, і дві лінії були відібрані на основі їх генотипу в позиціях в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7: одна лінія з гомозиготним генотипом Tuxpeno VEN 692 (AA) ("Tuxpeno гомозиготний +") і друга лінія з гомозиготним генотипом NP2391 (GG) ("Tuxpeno гомозиготний -"). Дивись Фіг. 7. Кожну з даних ліній схрещували з NP2460, щоб створити гібрид F1. Дивись Фіг. 7.

- 30 Як показано в Таблиці 2, лінія гібриду F1, створена схрещуванням NP2460 з лінією, що містить AA в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7 ("Tuxpeno+"), продемонструвала підвищену посухостійкість у порівнянні як з контрольним гібридом, так і з гібридом F1, отриманим схрещуванням NP2460 з лінією, що містить GG в позиції 4641 послідовності SEQ ID №: 7 ("Tuxpeno-"). продемонстрував значно більш високу врожайність зерна в разі стандартного відсотку вологості (175 бушелів/акр), ніж обидва гібриди – контрольний (162 бушелів/акр) і Tuxpeno- (165 бушелів/акр).

#### 35 Приклад 13

Тестування водно-оптимізованих гібридів на вихід урожаю

- 40 157 водно-оптимізованих гібридів на основі 36 вихідних генотипів порівнювали з базовою генетичною (контрольною) рослиною в 9-21 місцезнаходженнях, кожний в чотирьох типах оточуючого середовища: повне зрошення, обмежене зрошення, богара (без стресу/отримання адекватної кількості опадів), богарний стрес, посушливі землі (низька щільність рослин; без стресу/отримання адекватної кількості опадів) і стрес через посуху). Як показано в Таблицях 11 і 12, гібриди з оптимізованим водоспоживанням випередили близько споріднені базові гібриди при всіх випробуваних умовах.

Таблиця 11

#### Урожайність в умовах повного зрошення

WO гібридний гаплотип*	Базовий гібридний гаплотип		WO гібрид	Базовий гібрид	Різниця	Значення Р
Chla	CI		219.8	205.4	14.3	0.108
aCGhl	CGI		216.4	205.4	10.9	0.220
bCdeghil	Cdeghi		224.5	213.5	11.0	0.048
		середнє	220.2	208.1	12.1	
		SD	4.1	4.7	1.9	
bCdefGhil	CdefGh <sup>(1)</sup>		241.0	226.8	14.2	0.005
bCdefGhil	CdefGh <sup>(2)</sup>		238.0	226.8	11.2	0.030

Продовження таблиці 11

CefGh	cgi		204.4	192.1	12.3	0.077
CefGh	cgi		211.2	192.1	19.2	0.018
		середнє	223.7	209.4	14.2	
		SD	18.6	20.0	3.5	

- 5 \*: Позначення гаплотипів стосуються гаплотипів A-M, описаних вище. Великі літери вказують на те, що гібрид був гомозиготним по відповідному гаплотипу, а малі літери вказують на те, що гібрид був гетерозиготним по відповідному гаплотипу. Відсутність літери з переліку A-M в позначенні вказує на те, що гібрид не володіє даним гаплотипом.
- (1), (2) вказують на те, що дані рослини були отримані з одного і того ж початкового розведення, але були окремими індивідуальними рослинами.

Таблиця 12

## Урожайність в умовах обмеженого зрошення

WO гібридний гаплотип*	Базовий гібридний гаплотип		WO гібрид	Базовий гібрид	Різниця	Значення Р
Chla	CI		138.3	132.6	5.9	0.371
aCGhl	CGI		145.9	132.6	13.3	0.039
bCdeghil	Cdeghi		149.2	142.1	7.2	0.266
		середнє	144.5	135.8	8.8	
		SD	5.5	5.5	4.0	

10

\*: Позначення гаплотипів як в таблиці 11.

Таблиця 13

## Врожайність в умовах стресу через посуху

WO гібридний гаплотип*	Базовий гібридний гаплотип		WO гібрид	Базовий гібрид	Різниця	Значення Р
bCdgil	Cdgi		100.5	86.8	13.7	0.387
aCeGHI	Ceghl		107.5	88.5	19.0	0.178
aCeGHI	Ceghl		99.7	88.5	11.2	0.334
cdefGhijkl	dfGh		109.3	90.9	18.4	0.157
cdefghl	d		116.2	86.0	30.2	0.161
acghi	cgi		102.2	81.5	20.7	0.066
acghi	cgi		108.9	81.5	27.4	0.036
cefGhi	cgi		96.9	77.7	19.2	0.100
cdfghe	cd		95.2	81.6	13.6	0.201
		середнє	104.1	84.8	19.3	
		SD	6.8	4.4	6.3	

\*: Позначення гаплотипів як в Таблиці 11.

15

## Посилання

- Всі посилання, перелічені далі, а також всі посилання, які цитувались в даному описі, включаючи, але не обмежуючись ними, всі патенти, заявки на патенти і їх публікації, наукові журнальні статті і записи в базах даних (наприклад, записи в базі даних GenBank® і всі анотації, доступні в ній), вважаються включеними сюди за посиланням у всій їх повноті в тій мірі, в якій вони доповнюють, пояснюють, забезпечують фон чи вчать методології, способам та/або композиціям, що тут використовуються.

20

Altschul et al. (1990) J Mol Biol 215:403-410.

- Altschul et al. (1997) *Nucleic Acids Res* 25:3389-3402.  
 Ausubel et al. (eds.) (1999) *Short Protocols in Molecular Biology* Wiley, New York, New York, United States of America.  
 Bradbury et al. (2007) *Bioinformatics* 23:2633-2635.  
 5 Camus-Kulandaivelu et al. (2007) *Crop Science* 47:887-890.  
 Close et al. (1989) *Plant Mol Biol* 13:95-108.  
 Dennis et al. (1984) *Nucleic Acids Res* 12:3983-4000.  
 Evanno et al. (2005) *Molecular Ecology* 14:2611-2620.  
 Falush et al. (2003) *Genetics* 164:1567-1587.  
 10 Fan et al. (2006) *Nature Reviews Genetics* 7:632-644.  
 Glick & Thompson (1993) *Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology*, CRC Press, Boca Raton. Florida, United States of America.  
 Guan & Scandalios (1993) *Plant J* 3:527-536.  
 Hannah et al. (2001) *Plant Physiol* 127:173-183.  
 15 Hardy & Vekemans (2002) *Molecular Ecology Notes* 2:618-620.  
 Jannink & Walsh (2002) in *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding*, Kang (ed.) CAB International Publishing, New York, New York, United States of America, pp. 59-68.  
 Liu & Muse (2005) *Bioinformatics* 21:2128-2129.  
 Loiselle et al. (2005) *American Journal of Botany* 82:1420-1425.  
 20 Morinaka et al. (2006) *Plant Physiol* 141:924-931.  
 Paterson (1996) in Paterson (ed.) *Genome Mapping in Plants*. R.G. Landes Company, Georgetown, Texas, United States of America, pages 41-54.  
 Patterson et al. (2006) *PLoS Genetics* 2:e190.  
 Perin et al. (2002) *Theor Appl Genet* 104:1017-1034.  
 25 Price et al. (2006) *Nature Genetics* 38:904-909.  
 Pritchard et al. (2000) *Genetics* 155:945-959.  
 Ritland (1996) *Genetics Research* 67:175-186.  
 Salekdeh et al. (2009) *Trends in Plant Science* 14:488-496.  
 Sambrook & Russell (2001). *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Third Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York, United States of America.  
 30 Stich et al. (2006) *Theoretical and Applied Genetics* 113:1121-1130.  
 Storey (2002) *Journal of the Royal Statistical Society: Series B* 64:479-498.  
 Tijssen (1993) in *Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology*, Elsevier, New York, New York, United States of America.  
 35 U.S. Patent Nos. 4,458,068; 6,635,803; 7,314,757; 7,332,651; 7,432,416.  
 Wu et al. (1994) *Plant Physiol* 106:1709-1710.  
 Zhang et al. (2001) *Genetic Epidemiol* 21:370-375.  
 Zhao et al. (2007) *PLoS Genetics* 3:e4.  
 Zietkiewicz et al. (1994) *Genomics* 20:176-183.  
 40 Слід зазначити, що різні деталі описаного в даному документі об'єкту винаходу можуть бути змінені, не виходячи з об'єму описаного в даному документі об'єкту винаходу. До того ж, вищенаведений опис призначений тільки для цілей ілюстрації, а не для цілей обмеження.

## ПЕРЕЛІК ПОСЛІДОВНОСТЕЙ

- 45 <110> СІНГЕНТА ПАРТІСІПЕЙШНС АГ  
 КІШОР, Венката, Крішна  
 АЛТЕНДОРФ, Пол  
 ПРЕСТ, Томас, Джозеф  
 50 ЗІНСЕЛМАЙЕР, Кріс  
 ВАНГ, Даолонг  
 БРІГГС, Вілліам  
 ГАНДІ, Соналі  
 ФОСТЕР, Девід  
 55 ЧОК-ГРЕЙС, Крістін  
 КЛАРК, Джозеф, Даллас  
 СЕШНЗ, Аллен  
 КУСТ, Карі, Деніс  
 РЕЙНДЕРС, Джон Аарон, Тукер  
 60 ГУТЬЕРРЕЗ РОХАС, Лібардо, Андрес  
 ЛІ, Мейджуан  
 УАРНЕР, Тодд

МАРТИН, Ніколас  
МІЛЛЕР, Роберт, Лінн  
АРБУКЛЕ, Джон  
СКАЛЛА, Дейл, Вейн

5 <120> СПОСІБ ВИЯВЛЕННЯ РОСЛИНИ ZEA MAYS, ЯКА МІСТИТЬ ЩОНАЙМЕНШЕ ОДИН  
АЛЕЛЬ, АСОЦІЙОВАНИЙ З ОПТИМІЗАЦІЄЮ ВОДОСПОЖИВАННЯ

10 <130> 1392/79 PCT  
<140> PCTUS1062028  
<141> 2010-12-23

15 <150> US 61/289,718  
<151> 2009-12-23  
  
<150> US 61/369,999  
<151> 2010-08-02

20 <160> 413  
  
<170> PatentIn, версія 3.5

25 <210> 1  
<211> 552  
<212> ДНК  
<213> Zea mays

30 <220>  
<221> misc\_feature  
<222> (75)..(508)  
<223> n є a, c, g, або t

35 <220>  
<221> misc\_feature  
<222> (115)..(115)  
<223> s є c або g

40 <220>  
<221> misc\_feature  
<222> (270)..(483)  
<223> r є a або g

45 <220>  
<221> misc\_feature  
<222> (301)..(301)  
<223> y є c або t

50 <400> 1  
tagggctctg ctacaagaga tcgccacatt ttattgctac ggaagtccag ttgtgtctgt 60  
  
ctgtttggtg gtcantggna tatggttcgg tttttactgc tgtaaaaagg gactsgggaa 120  
55 nnaaaaatgc aaactgactt ggattttttg ttctgttctg catgaagatg aaatggtagg 180  
  
gtcgtcggag gaggacgaag catgctcggg aggagacacg gaggcgacgg agccggggca 240  
  
gcaggagcac agctcccgcc tggcggaccr tgagctgaag gagatgctgc tgaagaagta 300  
60 yagcgggtgc ctgagccggc tgcggtccga gttcctgaag aagaggaaga aagggaagct 360

	gccaagac ggcggtcgg cgctcatgga ctggtggaac acgcactacc gctggccgta	420
	ccctacggta accatgcatg catcctggca aacacgcagc agcagcatcg ctcgctggaa	480
5	tgrcagatct gtgaccagca tnnncngncg gtgcaggagg aggacaaggt gaggctggcg	540
	gcggcgactg gg	552
10	<210> 2 <211> 490 <212> ДНК <213> Zea mays	
15	<220> <221> misc_feature <222> (100)..(100) <223> r є a або g	
20	<220> <221> misc_feature <222> (264)..(271) <223> послідовність nnnnnnn є або сассаagg або є відсутньою	
25	<400> 2 tagccgtcct gcaaacctcc tggataaagt ttggacctta tttaggaaga gaagcacctt	60
	ggacgagccg cgtggatatca attcttgccg ctctcctccr ctttcatctt cttctccac	120
30	ctacgtttct ggtggaaaaa aagtttcaaa gcacgaacag agagatgagc cagtttagatc	180
	ttttttcaag ggatgccttc gttcaatcac tattacagct atcgttacat ttgatctgaa	240
35	aacacaaaca tggcatcttt gtgnnnnnnn ntcaatgcag gataaaaagc tggatcgctg	300
	acaacagata tttgattgtc cgttggaaaa tatttttttca atggccacag ttttagaaaa	360
	tattttccca aaattatgtc attactatta ctagactagc aaagtagata atggcgagca	420
40	accatcagga aatcttgcca tcagtgcagc agaactgcag acccttatat tagcgcacca	480
	gcagaatcta	490
45	<210> 3 <211> 427 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<220> <221> misc_feature <222> (18)..(18) <223> d є a або g або t	
55	<220> <221> misc_feature <222> (49)..(416) <223> n є a, c, g, або t	
60		

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (216)..(216)  
 <223> k e g aбo t  
 5  
 <400> 3  
 cgagtggttt gaggttgdcа cacaagtatt gaatattgat aaatcacana tacntnnaca 60  
 gggcgгacaa aggtgacacc attaaagtgt caggngttta tcaccttgan gagaaacaga 120  
 10 aggcctcagc tgtggctgag ctaacccgga ggctctcaac aaatcagaac асactcacag 180  
 tcggnggact gtncacagtt gatccccaga cagctktgaa ggcaagactc aataaactg 240  
 15 gaacgcttgc cgcgcttctt cagcatgagc ttaaacccaa gtcgctcttg acnatctctg 300  
 gtgaattcga cacaaangcc ctggacagat ccccaaagtt tgggttgгcg cttgcactga 360  
 agccctgatc agatcatccc atgttgattg atgattggtg gtgaatcttg aattcntttt 420  
 20 tttttttt 427  
 <210> 4  
 25 <211> 1020  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays  
 <220>  
 30 <221> misc\_feature  
 <222> (503)..(503)  
 <223> r e a абo g  
 <400> 4  
 35 cttaatatgt gagttttcta agttagtaat cttatatatt tgggcactgt atgcgactgt 60  
 tgttctgaca acccttaagc ttatttgata cctgtaatat ctttattgat ggttaattgc 120  
 aaatccctgc ttgatgcac tcaacttcaa gttgttttgt agctggttta gtgcataaaa 180  
 40 ttagtcaaaa таттаатата ccggtcaccg tcatttcacc ttttctcact gacatttctc 240  
 aaatggagtt ttgaaagaag gttttacttc acttatatac gtttgcaaca аасatgagtt 300  
 45 tctaattcac tcagattata aaaaaactcg gccggggagg aaatgaccgt cttgctggta 360  
 ttatatтаag aagagaccga aacaatggtc ctgccgagaa aatccttgaa ccctggcccc 420  
 catcactaac ggaccggtgt caaccgtcaa ctctgcaacg gcccaaccgg agggtgгcgc 480  
 50 ataggacatc gtaacccgag acrgagagcg ggtggggcac agcgaggгaa tttttttaac 540  
 caagccgaaa aattcgcccc tgaggtgtta ctcggaagcc tttaatcact aggttagagg 600  
 55 ccctttcgca actcactcag attattgcat gtacagaaat tggтcaatgt aactgacttt 660  
 gctagtgttt ttagtttcac tgaaaaaagg atctcttgca gтаagctggt agcagcagta 720  
 tggctaatat таagctgtgc ctccagтаag ggtttggtgc tcagtatttt gtttttctaa 780  
 60 ttgagtcaaa agtcttatgt атаатcttat attaaatgaa attgatgtca tagttcctca 840

	acagatataa tcccattttt aaggacgttt aacgtcttat tattgcagtt acatccaaat	900
5	tttctgtaac ttatccaacc ttctcttgca ggaacaacaa gggagacaac cttactggag	960
	cttactacca caaggtgagc gaattgacaa acacagctgt tggggcagag cttaccact	1020
10	<210> 5 <211> 910 <212> ДНК <213> Zea mays	
15	<220> <221> misc_feature <222> (283)..(440) <223> n є a, c, g, або t	
20	<220> <221> misc_feature <222> (818)..(821) <223> nnnn є cgcg або є відсутньою	
25	<220> <221> misc_feature <222> (860)..(872) <223> n є a, c, g, або t	
30	<400> 5 acaactacaa ggacctcgaa gccgaggctg ctgcggcgac ggaccaggtg cgcgcgtcca	60
	tcgtcaaccc cctgctcagg acgggggtacc acttccagcc cccaagaac tggatcaatg	120
35	gtaatgtaaa gctactaact aatccaccac ccaacgtcgt ttgaaggtga tgtgtgtgtt	180
	aagcatctcc tgaaatatat aagagagcga ggctagtaat cggcttggtg ttcagggttt	240
40	tggtttacca cttgtagcct caactaataa agctatatat atnngagagc gacgagagag	300
	aagagacaaa acattcatga gtatggtcag acagactagc tagctagaca cggcagagaa	360
	attacgagag ttaaaaaaaaa ntgcgcttga aggggtgaacc aaaacaaaac aacttttagta	420
45	ctatgcgtca acaaannnnn gctgtgttca tgtgtcagct agcactagag tcatagtgcg	480
	tggccagtga gctgttgtct agcaaccaac gcgaactgaa gtttgagagc gtactcgtgt	540
50	tctcgatctc ttgcagcgca aaggtcttcg tacgtgatca ggaatattgc accatttact	600
	gcttaattaa ttaagtacgt acgtactgta cgtttggctc tacctcatct tctaattctt	660
	tcggtgctgt cttgtgctct ctcggtctctg attgcatcga tcggcggcgg cgtgaacttt	720
55	gcaacggcgg cagatcccaa cggtaataag tcgttttccc cacccttttt atttcctcta	780
	ataatgcatc aatattccaa ctgggtgcat atgcatgnnn ncagcgccca tgtactacaa	840
60	ggggtgttac catttcttcn taccaataca antcccaagg gcgccgtatg gggcaacatc	900
	gtgtgggcgc	910



<210> 6  
 <211> 346  
 5 <212> ДНК  
 <213> Zea mays

<220>  
 10 <221> misc\_feature  
 <222> (98)..(99)  
 <223> n є a, c, g, або t

<220>  
 15 <221> misc\_feature  
 <222> (254)..(254)  
 <223> r є a або g

<400> 6  
 20 gggcaggcgt gtacaagccg ccatacggag gattcgtgga cgtcgacgtt gaggagcacg 60  
 agaccatcaa tttgagaacc ctggtgagtt ttttttttnc tttttacttt tttgctgctt 120  
 tgtccttcag cgatctgctc agttcgtttg taatttgcac agattgatca ctcggtggtg 180  
 25 gagagcttcg gagctgacgg gcggatgtgc atcacggctc gagtgtaccc tgagcacgcg 240  
 gagacgagca acarccacat gttcgtgttc aacaatggca caggcacggt ggaggtgtcc 300  
 30 aagctcgagg catgggagct cgcggcggcg accgtaaatt ccgttg 346

<210> 7  
 <211> 7437  
 35 <212> ДНК  
 <213> Zea mays

<220>  
 40 <221> misc\_feature  
 <222> (4454)..(4474)  
 <223> n є a, c, g, або t

<220>  
 45 <221> misc\_feature  
 <222> (4497)..(4498)  
 <223> nn є ga або обидві послідовності є відсутніми

<220>  
 50 <221> misc\_feature  
 <222> (4505)..(4969)  
 <223> k є g або t

<220>  
 55 <221> misc\_feature  
 <222> (4505)..(4969)  
 <223> m є a або c

<220>  
 60 <221> misc\_feature  
 <222> (4505)..(4969)

```

<223>  w e a aõ t

<220>
<221>  misc_feature
5  <222>  (4505)..(4969)
   <223>  y e c aõ t

<220>
<221>  misc_feature
10 <222>  (4536)..(5309)
   <223>  n e a, c, g, aõ t

<220>
<221>  misc_feature
15 <222>  (4979)..(4981)
   <223>  wcy e aõ act aõ tcc

<400>  7
20 aatgtcaagt atatccattt aaatatcatt aggtcccgtt tgtttccttt cattttaagg      60
   aattggaatc ttactaataa aataagctat ttttttagaa tacgagattc caccactttc      120
   caaagttatc agataagcct atctcaaatt catgggggtga gagatggaaa ttgattctat      180
25 agatttacat gttattttcc cgatgtacaa cttatatcat actctcctaa ttgcttcgct      240
   ataacataaa tgcactatat aactatctct cttatatgat ttaggataat atacaaatat      300
   attacatata taaatatatt aacttaatta gttttgtcta aattataatt attaaaatgg      360
30 aattcaattc caacgaaaca aacggggccct tacaaaattt ctagtatcat ttaaccatct      420
   attcaacaca ccaaagataa ttggataaaa tagcaacact aggacaaata ctacatagca      480
35 cattacatgt tccattatat ggtcattaaa ttgtcgtaa gccttctata acattatggc      540
   ctaaaagggtt gttaaatagt aaaaaaagat ggatgactaa agtccaagtt catgcttggg      600
   ctaagtttat attgggtatt ttataccacg gggttaacggg tatgggtgaa ggcggaacgt      660
40 tctgattccc gtttacttat tgggtgaaga tttttgccta ataatagacc tacgggtgaa      720
   tatttatccc acatatatat cctagtggag tcaatatcca tcggatatcg gtcgtgggta      780
45 cccattgcca tctctagatc gaagagtaga aatttacttc ctaaacctct ctctgtctca      840
   tgcagcacia tagacgcttt gtttcgttgc aacagcttgt ttctctttga cgtccaaatt      900
   cgtctatcta cggaccacag gccgccaga ttttgaaatt tcaaaacgga acacaccccg      960
50 gggttcggag tatctgctgc ccctgcggtc ctggaaagcc cggccacct ctcaattgca     1020
   ccaccagctc accggttccg gtcaacagtc tctcgcggtt gcctgtgccg gtggctcctcc     1080
55 gtcttggtc tggtgccac ccacctcccg attaccgttc tcgcctcgac ttcaaaacaa     1140
   gagccagat ctaaaccaag cagcccatc tttgccacac cacaccccca gtattcgaat     1200
   ctctcgtgcc cagatgcggc aaattaaaaa caacggacag acgcggaacc cctccggcca     1260
60 acggatctca ccctctgcgg catgggtccc actcacgctc gggtcactc gacagcgtgt     1320

```

	agggcagaga ggcgagcggg accagtagca taggcctccc gacgcagtcg gggcagcggg	1380
5	ccccgcggat tggaccgggc aaaaggcgtg gcccaaccaa accccaaggg atccggcgct	1440
	ttgtctgcac gtgaatgggtg ccaagatcgc ctgggtgaca ggtgggaccc gtgaggttgt	1500
	agaccacat gtctgtggcg ttaaaggagg ggggagggat cggcgggcgg gtggtgcgcg	1560
10	cgggcaggcg ggcgtcgcgt ggtggtgggtg gtggtgggtg ctttgactgc aggcctcggc	1620
	agcaggcaga gaggactaga ggagtcgggg cctcggagga ggggagggag agggcgaaga	1680
15	gtagggggaa ccaaattctt aagggtaaac ggagagttct ttcgtggagg aggaaggggg	1740
	ggacagcagg agggaggttag aggtatgtgc gcacccatct gttcttgctc ctgatttggc	1800
	tgtttgtttt ttctgtctgt tcttcgctgt tggtagtttg tgaccgtgaa tgggcgttcc	1860
20	tgggtccatgt tcgcgtgcgc tgctgccgat tctgggagct ctctggctgt ccgtctcgt	1920
	gggatctgcc ttttccccgg tgagagccgc ggaacgttcg ccgccttttc ttactcgcgg	1980
25	gccagttatg gtttctggag cgttttctct gttcttggcg aggtgggtcat cgctctgaga	2040
	acgatgcgct ctttctccga gtttgtgctc aagttttcgt cagcctagag gctatagcgt	2100
	ttgctgcgga tctcacgact tctctcttcc tcttctctat tgggtgcatac gttttcatcc	2160
30	gaaatccatt agttagtgcg cgagccgtca attctttgtg gatttgcttg tcccccttcg	2220
	ttacaggctc ggaaatgccc ctgaacagat tcacaggggt cctagattag gattattttc	2280
35	tatgactttc caagagtcag gagcacgatt gctttctctc ggctgtctgc ctggttcatg	2340
	actcagccgg gtttgcaagc ctaggaagaa cttgctcacg tttcttacat ttatctagat	2400
	tcgagggacg ggttgactc gttaacaaag ttcacctcgt tagtcattaa agctccgctg	2460
40	ttgtgaatga tgctgccatt gcgatatctg gaatcatcgc tctgatcgat ttggttggtta	2520
	atccacttac aggtagctca atagatctac tgctctcggg ggagttaatg caaagctgag	2580
45	ttgctgcacg ttggctttct tcagagatgg cttcagctgg ttagagccca tctgggtaca	2640
	aaaacagcag cagcactagc attggtgccg agaagttgca agatcagatg aacgagctaa	2700
	agattagaga tgataagggtg aagatgcctt gatattctgt ttcgggctta ctgtaatttc	2760
50	ctcaagatta tgtgaaaaat gggactgtga tgtaaccttt ggtgtgaatg ccaaagtcag	2820
	gaagttgaag caaccataat taatgggaaa gggactgaaa ctgggcacat aattgtcacc	2880
55	actactgggtg gcaagaatgg tcaacaaaaa caggtgagtg ctttactgca tttgatcatg	2940
	atttatcaac tattctacat gtttttagtg catgtctgaa tctaataatt gagagtcaag	3000
	accataattt aatgtccttc ttttgcatat tgccaatata tccatgttgc taacttataa	3060
60	gattgtggag ttgttctgat cagttttgtc agattctttt tgtataataa tgtgtattta	3120

	ttggttgc	at	ttgcagacag	tgagctacat	ggctgagcgc	attgtaggtc	aaggttcttt	3180
	tgggatcgtc	ttccagg	tta	tttgcataa	cttgtgactg	actttgat	gtactattat	3240
5	gtagccgcct	gtggtgttgc	tttccacggc	gctgcacatg	ttttagatct	tcatactctt		3300
	cgtgctataa	atcacctttc	ttaatcagat	gccatttcac	ctgttcatag	gctaagtgtt		3360
10	tggagacggg	tgagactgtt	gccataaaga	aggttcttca	ggataagcgt	tacaagaacc		3420
	gcgagttgca	gaccatgcgc	cttcttgacc	accctaagt	tggttgctttg	aagcattgct		3480
	tcttttcaac	taccgagaag	gatgagcttt	atctgaactt	ggtccttgag	tatgtgccgg		3540
15	agacagttca	tcgagttgtg	aagcatcaca	acaagatgaa	ccaacgcag	ccacttattt		3600
	atgtgaagct	gtatatgtac	caggtaatgg	tttgtcctgt	tcctttttgc	tggtgtttta		3660
20	attatacctt	aaagcttatg	ttttgggccc	tggttgatgt	tgaaactaac	aaacatattt		3720
	catttcgcct	aaatattgtc	tgctccaatg	aatgtgctag	ttctttttca	atatttgata		3780
	ttatattgga	ttttggcaga	tatgtagggc	attggcttac	attcatggca	ctattggtgt		3840
25	ctgccacaga	gatattaagc	cacaaaacct	tctggtatgc	tggaaaatct	gctattttgc		3900
	tactgtatct	ttttgtaaag	aaatgatttg	tactttgaaa	ttgatgttca	aacttcacta		3960
30	caggtgaacc	cacacacca	ccagcttaaa	ctatgtgact	ttggcagtg	aaaagttctg		4020
	gtcaaggggg	aaccaaacc	atcgtagatc	tgctcccgat	actatagggc	tccagagctc		4080
	atatttggtg	ccactgagta	taccacagcg	attgacattt	ggctctgctg	atgtgttctt		4140
35	gctgagctta	tgctagggca	ggtaaggtgt	ctcaaatttt	tattgccatt	ttaaaaaagg		4200
	ttttcaagcc	aacaaggtcc	tttcagttca	cactgtctta	caagaactat	ttggacagcc		4260
40	tttgtttccg	ggtgaaagt	gtgtggacca	acttgttgaa	atcatcaagg	taattgtcgg		4320
	ttctacaagc	ttgtgaattg	tcttctatag	aagcataaaa	tctgatcacc	cctaaaatga		4380
	ttttgtatgg	caggtcctcg	gtacgccaac	aagggaagaa	attaaatgca	tgaacccaaa		4440
45	ttacacagag	tttnaagttc	ccnacaaatc	aaangcacac	ccatggcaca	aggtgcnnaa		4500
	atctktctac	attttggtac	aatactctaa	gaaaanctgt	tactgttggn	nnnnnnnnnn		4560
50	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	ntgttactwa	tttacttttt		4620
	gtacatttta	tctttcaggt	mttccacaaa	aggatgccgc	cagaagctgt	tgatctggtc		4680
	tctcggctac	tccagtactc	cccaaactcg	agatgcactg	ctgtaagtgc	atgccattgt		4740
55	acattataca	tgatggaaat	acccctgttg	actttggttt	tctaagatct	tyatgaatgt		4800
	tttgtccaga	tggaggcact	tgttcaccca	ttcttygatg	agcytcgaga	tcctaatact		4860
60	cgccttccaa	atggtcgttt	tttgccacca	ctattcaatt	tcaagcctca	cggatgtgtt		4920
	catgcctaca	taattcaaca	tcgttatcat	agctgctaca	accaggtakc	agtgtagtwc		4980

	yaagtttgtt ctttgtatat caccacctta catgctcgcc acctctgttc tgcagaactt	5040
5	aaaggagtcc catcagacat tgtcgcgaaa ttgattccag aacatgcaaa gaagcaatgc	5100
	tcctatgttg gnattgtgaa atgaccgcgc cttgagactg gaacctgtgg ttgcaattgt	5160
	gaatttcccc tgggatgttt gacgatctga ggcnatgcga gcctgttggt gaagatgcaa	5220
10	ggttacgtac ttgtacgaca atgtgacctg tgtagctgag tagtctatgt cgcagtgaca	5280
	tgtaacggca cccccnnnt tcctactaac tgacgcttac tcgagattgc catagttgat	5340
15	cttgtaattt gttatagagc agtatgaatg tatttatggg agcttgaatc tatgtatgga	5400
	ttcacttcgt ttttccatgt ttcttgtct ccagaccag attgctaccg tattgtttca	5460
	gaattcctag ctacctgttg cctattgagt attgactacc agcttgccact tgtctgttat	5520
20	tgcactggct gtggaatcag ctgttgattt ttgccacaat attttagttc agatgtactc	5580
	cctattctaa aaagaatgtg aaatcttact aatagaatag actacttttt ttagaatttc	5640
25	tttccatttt gaggaattaa aatcttacta atagaataga ctactttttt ttagaatgtg	5700
	acattacacc actttctaaa gttatcatat aagcctatct catttatggg gtgagagatg	5760
	aaaattgatt atatagattt acatactgtt tttccgatgt acaatttata gcacaccctt	5820
30	ctacttgctt cgctataaca taaatgtagt atataactat ctctttcatg tgatttaaga	5880
	taatataata atatattaca tatataaata tatgaactta attagtttta tctaaattat	5940
35	aactattaaa ataaaattca atttcaacga aacaaacggg gccttgatta attataaaat	6000
	gtatTTTTgt aataagttga tttaaagcta taatgtaaat actatttact agaaacttgg	6060
	ttaaatatga attagtttaa ctaacgagtt taattggcat accacttata gttatatctt	6120
40	ttgagacgga gggacgagta cgttgttcga tcggtctgga agtatgctga cttgatcggt	6180
	cttaccagaa agttgcatta ttgcagcgtt tgagacgact gacgaggaaa tgtgacacgc	6240
45	agatgctact cagtgttg caggactgca ttccaagtgg tccttctggg gagagaggaa	6300
	tcatagactg tagctccggt ttcttgaaaa aaaacgggtc ccgtgaaatg gcaggatatgg	6360
	ttctccggtt cctttgaaaa ctactctttg taaaatgaag tatgcttggc tctatcgaag	6420
50	ttagctgttg ttaacagcca taccagacag gttctttcag tgtccggtta gattttgagg	6480
	cgtcgagggg tgtttggttg agaagtggag agttccttta gagtgtgttt agttgagaag	6540
55	tggaggaaaa tggatcgact atattcctat tttttttatg tttagtttcc aagaaaagcg	6600
	gagcagagcg gctcctgaag ttttagaaat ttaccataaa tagtttaaata gctcccgtc	6660
	cgtcaaaacg aacatacacg agcgtctctc tccctctact tccttctaca accgtatgtc	6720
60	tttccaatca agcaaagaac ggagtagctc tgctctattc tactcttaac caaacaaaaa	6780

	aatgaagtga ctctgttctg cttgtcaaat gcgaaataga atgattctat tctaaaaaat	6840
	tggaatagag cgcctccaac caaactaacc tcactcgagg gactaaagtt tagtctttac	6900
5	tctatttgat tccaaggact aaaagtattc ataacatatt aaatgacttg aaaactaaaa	6960
	tgttcttaac attcttccgc cattagcata actaaaataa actagggata agtgaaatta	7020
10	atatggacta aaacaatttg gtcgctgttt tattcccata ttgacaatt tagaaattaa	7080
	ataaaaactaa aatagatgga ttaattttta gttcctcaaa caattttttc taacaatttt	7140
	cgatggacta agtttagtca tttttcataa gaaattaata tggactaagg gcctgtttgt	7200
15	ttaccctca gattatataa tctggattaa ataatcctaa gaggcaaaca aacagtctag	7260
	cttatttgtc gagattatat aatctaactc ctggattatg ataatccata agcaagtgag	7320
20	gaggtgctta tttcagatta tttttttcca cttctccact accctttcaa gtttccctaga	7380
	aattaccac cattgccatt ataaccacc attggcattc ttgtcttcct catacaa	7437
25	<210> 8 <211> 570 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<220> <221> misc_feature <222> (217)..(477) <223> r e a а б о г	
35	<400> 8 aaggtgggaa aactgaaaaa gacaatcatg aaggtgtaaa ttctttacta tctgaggagt	60
	tggaaaaaact agctaattggg aatagcaagg tatgatatac cctccatgat tctgctttca	120
40	tttattcttt gttcatatgg tatggttatt taacagtgct atgtattgcc gtaaattgcag	180
	attcctggta cattagatga gtatagaaag cttgtcrttc caataattga ggagtatttt	240
	agtacaggag atgtggaatt ggcagcttct gagctgaagt gtcttggatc tgatcagttt	300
45	catcattact ttgtgaagaa gcttatatct atggcaatgg atcgccatga caaagaaaaa	360
	gaaatggcat cgattctgtt atcatctttr tatgctgac tactgagctc ctacaggatc	420
50	agtgaagggtt ttatgatgct tctggagtct acagaagatc taactgttga tataccrgat	480
	gctactgatg tattggcagt ttttattgca cgggctattg ttgatgaaat tttgcctcct	540
	gttttcctca ctcgagctag ggcactactt	570
55	<210> 9 <211> 501 <212> ДНК <213> Zea mays	
60		

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (7)..(478)  
 <223> n e a, c, g, aõo t  
 5  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (292)..(292)  
 <223> m e a aõo c  
 10  
 <400> 9  
 cggtttnnng gccnancnnc atatcccacg tttgctggnt gaattgtctg gccttgagaa 60  
 gttacttgnt gcaactggcc cagttccaga cccatggcat catttgacaga ccctgtcagc 120  
 15 atgttaggtg gtaagaacga aaangtgtca tcatatggtg cctggacatt ggnggatgaa 180  
 ctctgcagct gagatggatg tgttgcgctt tggtcgangc cataccctgc agaatcagtt 240  
 20 ccanctgaaa aaaaattata gagagcactg cattcaaant tcaaaggctc amtatactga 300  
 agtagcatat ttacatatchn taaagccttg tatcaaacta aantatcnat atcaatgtac 360  
 ttacaacaac aattaggggt nccagttna acataagcta caaactgaaa cnntcaagat 420  
 25 aatagagctn nnnntnnaat tgtatctgng cctcagatgc tgctcacctg atggtgangg 480  
 ccctggcatg ctcatcgaag a 501  
 30  
 <210> 10  
 <211> 1260  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays  
 35  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (166)..(166)  
 40 <223> r e a aõo g  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (205)..(1251)  
 45 <223> n e a, c, g, aõo t  
 <400> 10  
 cacgccgact tcagtaggcg aggcaggggtg tcgtcgcttc atgcatgcgc tggcattgct 60  
 50 tctcggagca ttcgcagcca ttctacagg tatagactat acctatacgt gcatgcgcat 120  
 ccatccaccc ataatccgtg catgcatgca tgattattga cactartgtc cttattacta 180  
 aacaggagtc caatccatcg gcgtntgcta cggcgtgaac ggcgacaacc tgcccccggc 240  
 55 gagcgacgtg gtgcagctgt accagtccaa cggcatcaac ctgatgcgca tctacttccc 300  
 ggacgcnaac gcgctgaacg cgntgagcgg caccagcatc gggctcatca tggacgtgcc 360  
 60 caacacggac ctngcctcgc tggcctccga cccgagcgcg gcggccgcct ggggtgcagag 420

	caacgtgcag gcgttcccgt cggtcagctt ccgctacatc gccgtgggca acgaggntct	480
	cggcggggac accggcagca tccttcccgc catgcagaac ctcaacgcgg cgctggccaa	540
5	cgccggcctg ggcggcagca tcaaggtgtc cacggcggtg cagagcgncg tcaccaggg	600
	cttcccgcg tcnacgggca ctttctcgca gggctacatg gcgcccacg cgcagtacct	660
	gcagagcacc ggcgccccnc tgctgtgcaa cgtctacccc tactttctct acntcggcaa	720
10	cccggcccag atcgacctca gctacgcgct cttcacctcg ccgggcaccg tcgtgcagga	780
	cggcagcaac gcgtaccaga acctcttcga cgcgctcgtc gacaccttcg tctccgcgct	840
15	cnagaacgcc ggcgcnngca acgtcccngt cgtcgtgtcc gagagcggct ggccgtccgc	900
	cggggggcag gccgccaccg cggccaacgc gcagacctac aaccagaacc tcataacca	960
	cgtcgnccag ggacgcccc aagcgccttg ccccatcgag acctacatct tcgccatgtt	1020
20	caacgaggac cagaagacgg gagccgagtc ggagaggcac ttcggnctct tcaaccgga	1080
	caaatcgccg gcgtaccca tcaatttctc ctaattccta aacaagacgc cgaggccat	1140
25	tccaagacat ttataaggca atacacacac atagatatat atatacacat acatacggg	1200
	gaaaactgaa taaataaacg cctgaagtat aagcatagag ccnnnnnnn ntcggacccc	1260
30	<210> 11 <211> 522 <212> ДНК <213> Zea mays	
35	<220> <221> misc_feature <222> (139)..(454) <223> n e a, c, g, a b o t	
40	<220> <221> misc_feature <222> (148)..(148) <223> k e g a b o t	
45	<400> 11 aaggactttg gaggagatac tctatgctct ggttggtcag aagttcggtg aagctggtgt	
	ctctctggtt ccagcactct cacgctccac cgatccttct ggaagagttg atcagtgggc	60
50	agaaactgtg gaagaaaanc ttcaacgkct gcactcgcan gaggcctatg aaatgatcga	120
	gaatcacctc accctcatnc tggggcagcg tcaaggtgac gccactatcg cagccataag	180
55	taagctccgn gttggccagg tctatgctgc atctgtgatg tacggttatt tcctgaagag	240
	agttgaccag aggttccagc tcgagaagac aatgaagggc ctcccttggg gntcagaaga	300
	ggaagacagc gctttgaatc aagttatgat gaccgacttg atgccttcag ctcagacttc	360
60	tagctctcat ccagagatgg gctcgtggac cgcncctgcc ttcagcacag gagggcccag	420
		480



ccaatctatc aagccttgcc gccttaggtc gtatgtcatg tc 522

5 <210> 12  
 <211> 157  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays

10 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (34)..(34)  
 <223> n e a, c, g, aõo t

15 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (94)..(94)  
 <223> s e c aõo g

20 <400> 12  
 gtagtccttg agcgaccaga agctgatcag cgcngtggcc gccatggcga cgcagaccat 60  
 gaagttgctc gtcacccaca ccaccctcgg cccsaccttc cggcacatgg gctcgatcag 120

25 gaacgagctg aatcctagaa cgatctgcac gtacggt 157

30 <210> 13  
 <211> 145  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays

35 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (35)..(35)  
 <223> w e a aõo t

40 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (86)..(86)  
 <223> m e a aõo c

45 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (89)..(89)  
 <223> s e c aõo g

50 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (116)..(120)  
 <223> n e a, c, g, aõo t

55 <400> 13  
 atctcaccga gttgagcagc agcccgaacg agccwactct gacgccttcg tcgaacgcgg 60  
 tgtcgtagag gatgaacggg aaccamgasa gctgcatgga cgacacagtg catggnnnnn 120

60 cagcagcgtc agccgtcagt aaaga 145

<210> 14  
 <211> 736  
 <212> ДНК  
 5 <213> Zea mays

<220>  
 <221> misc\_feature  
 10 <222> (63)..(681)  
 <223> n e a, c, g, a б o t

<220>  
 <221> misc\_feature  
 15 <222> (432)..(432)  
 <223> r e a a б o g

<400> 14  
 20 tgcaagaagc acactctcca caaggttact cagtacaaga agggtaagga tagcctgtct 60  
 gcncagggaa agcgccgtta tgaccgcaag cagtcaggat anggtggcca gaccaagcct 120  
 gtcttccaca agaaggtaat gaagtatacc tatgtgattg tactattgct ccatcaatcc 180  
 25 ttcactctttg tccgttttga tgctagcatg aaagactgaa aataacnnnc atttctaaat 240  
 gtctgttnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn 300  
 nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn 360  
 30 nnnnnnnnggg tgcacagatt gggatatgac aaatgttgtg attttcaggc caagaccacc 420  
 aagaaaatcg trttgaagct gcagtgccag agctgcaagc actactcaca gcacgcaatt 480  
 35 aaggtgcagt gtctcatttt cctgtgttag gcttgctggt gcacnaagta ttgtctcact 540  
 ttgatttagc tcactctttc ctgactgact cncctgtgtc acagaggtgc aagcattttg 600  
 agattggtgg aganaagaag ggcaagggaa catctctctt ctaagtttct catcgcnat 660  
 40 ctcgatgttg gatcgaaact ntgggtctac tactgttcta aaaactcgtc aaatttcaat 720  
 gttactagta gttctg 736

45  
 <210> 15  
 <211> 835  
 <212> ДНК  
 50 <213> Zea mays

<220>  
 <221> misc\_feature  
 55 <222> (27)..(826)  
 <223> n e a, c, g, a б o t

<220>  
 <221> misc\_feature  
 60 <222> (753)..(753)  
 <223> r e a a б o g

	<400> 15	
	gagaagacct gctccttctt tgtcggnatg gtggtgttcc tggggatgag cacagtcattg	60
5	acgcctccng ccgtctccag gccgagcgag agcggcgaga cgtcgagcag gagcagatcc	120
	tgaaccttct cnttgccctc gccagtgagg atggcggcct ggacggccgc nccgtacgag	180
	acagcctcgt ctgggttgat gctcttgac anctccttgc cgttgaagaa gtccctggagc	240
10	agctgctgca cgcgggggat gcgagtggan ccgcccacga gaacgacgtc gtgcacgctg	300
	ctcttgcca tcttgccgtc gcggaggcac ttctccacgg gctccatgca cttgcggaag	360
	aggtccatgt tgagctctc gaaccngca cgggtgatgg tcgtgtagaa gtcgatgcc	420
15	tcatagagcg agtcgatctc gatggtggtt tgggcgggtg aggagagcgt cctcttagcc	480
	ctctcgagg cggtcctcag ncgccggagc gccctggggg tgccagtgat ntccttcttg	540
20	ttcttctct tgaactcctg gacgaagtgg ttcacgagcc ggttgctgaa ntcctcgct	600
	cccagntggg tntcgccggc ggtggccttg acctcaaaga tgccctcctc gatggtgagg	660
	agcgagacgt caaaggtacc gccgccgagg tcgaagatga ggacgttctt ctgccgctg	720
25	ctgctcgant tcttgctgag cccgtatgag atrgccgagg cgggtgggctc gttgatgatg	780
	cgcatgacgt taggccggag atgacgccgg cgtccttggt ggnccnngcgc tggga	835
30		
	<210> 16	
	<211> 1024	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
35		
	<220>	
	<221> misc_feature	
	<222> (23)..(967)	
40	<223> n e a, c, g, a b o t	
	<220>	
	<221> misc_feature	
	<222> (755)..(755)	
45	<223> y e c a b o t	
	<400> 16	
	tatagtacgt ttatttcgac acnnnagcct ctgcatgcaa taatagtaca nccccgatt	60
50	taattaattg gactaatgca tgctgaggat ngatcagatg gagatgctgc tggggatgcc	120
	cctcccgggtg actcccggct tggagaaggg cttgagcagc tcgtacggca cgatcccggc	180
	gccgcagcgg ttcttgaggt ccagggttgtt gttgcactcg tcgatgaacc cctcgatctc	240
55	cttcattcctg ccgccgaact tctcgaacgc cgccttcacc atgggctccg ccagccacga	300
	nggctccgag aactccccca tgtactcctc gtcgggcgag ngcgacgaga ggatgtccag	360
60	cgtcgtcatg accttgatgg cctgcatctg cnggggcagc atgtccagca gcgtcgtctc	420

	cggctgcttg aggaacttct ccatctcnc gcccgncgg ccctcctcca ccggcatgtt	480
	cttccggatg gtggtcggcc ggttggggaa gtagccggcg aagtgggtact gnccgaagtt	540
5	gacggccgag tgggtggccg aggtgaccca catgatggtg gtcagcgtct ccaccaggct	600
	gtcgcgggtg tccagcacgg gccaccacgg ctctctcttc ttgtcgccgt gccccacgtt	660
	gcgcacctcg tcccagaacg ccctcagctc ggggtcggcg gccacggcct cgtcggactt	720
10	gtagtagacg ttgacgtact cggacgccca ctgcytgatg gagtcccaga ccaggagccc	780
	gtcgtgggcg taggggtagt ccttgatggt gagctccagc tccccgtcct ccccgcgcac	840
15	ggccagcccc cgcttganga ggtcgttggg cagcgctctc gtgtcgaact gccacgtcgc	900
	gccgtacgcc acggagctna gntcgacggc gtacttnccc ggccnnnang nnnncnnnn	960
	nnnnncntcg gcgttgatga gcgcctccct ggccagcgcg ttgatctcca tgggtgtagcg	1020
20	gaag	1024
25	<210> 17 <211> 499 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<220> <221> misc_feature <222> (222)..(222) <223> n e a, c, g, або t	
35	<220> <221> misc_feature <222> (431)..(431) <223> s e c або g	
40	<400> 17 gacaagctcg ccatactggg tctcccgatc tggattactg agttggatgt cacagcagag	60
	aacgagcaca tacgagctga tgatctagag gtgttcctcc gggaagcatt tgcacatcct	120
45	gctgtggggg gaatcatcct ctggggattc tgggagatgt ttatgtttcg agagcacgcc	180
	catctggtcg atgctgatgg gacaatcaac gaggctggca gnaggtagct tgctctcaaa	240
	caagagtggc tgaccggtat gaacggcagt gtcgatcacc aaggagagtt taagttcaga	300
50	ggataccatg gttcgtacac agtggaaagt aacacgcctt caggcaaggt agctagatcg	360
	tttgttggtg acaaggatag cccggttcag gtgatcgctc tgaatgttta atgtgtggga	420
55	aatcatgcgc stgtcctgta ttttagcgat gtactgaggt gttgaacaca gatagtttca	480
	tagctgatgc cacgccttc	499
60	<210> 18 <211> 886	

<212> ДНК  
<213> Zea mays

5 <220>  
<221> misc\_feature  
<222> (32)..(883)  
<223> n e a, c, g, a б o t

10 <220>  
<221> misc\_feature  
<222> (518)..(518)  
<223> k e g a б o t

15 <400> 18  
gtcagtagtt catccatttg tcccattttt tnagcnngga agtttggttn cactnnnctt 60  
  
ggtctaataa ctgagtagtc attttatnac gntgtttnga caagtcngta gctcatccat 120  
  
20 ctgtcccatt tttttcngct aggaagtttg gttncactgg ncttggngta ataactgant 180  
  
agtcatttta ttacnttggt tcgacaagtc antagctcat ccatctgtcc catttttcag 240  
  
ctaggaagtt cggttgcact gaatttgatga acccaaanga ccacaacaag ccngtgcagg 300  
25 aggtctgtnt ctttacccaa gncaacaaaa gggtatcaca gcttatgctg aacttggcca 360  
  
taacattcaa taattccttt atgggtctagg tacttgctga gatgaccaac ggaggggtcg 420  
  
30 accgcagngt ggaatgcact ggcaacatna atgctatgat ccaagctttc gaatgtgttc 480  
  
atgatgtaag tatatgtata cactctcagc tacttttcktt ctccaggttc ccttcatcca 540  
  
gacatgcatg ttctaacngc cgcnctcgtg atccagggct ggggtgttg c ngtgctggtg 600  
35 ggtgtgccnc ataaggacgc tgagttcaag acccaccgga tgaacttcct gaacgaaagg 660  
  
accctgaagg ggaccttctt tggcaactan aagccacgca ctgatctgcc aaatgtggtg 720  
  
40 gagctgtaca tgaaaaagg aaattgcaaa gtgcngttcc ttcngtttcc ttacngccg 780  
  
agcttttngc tgaaaaactg ttaagaatcg ttcttgcaat tctgnnnnnn nnnnacagga 840  
  
gctggaggtg gagaagttca tcacgcacag cgtcccgttc gcngag 886

45  
  
<210> 19  
<211> 904  
<212> ДНК  
50 <213> Zea mays

<220>  
<221> misc\_feature  
55 <222> (87)..(842)  
<223> n e a, c, g, a б o t

<220>  
<221> misc\_feature  
60 <222> (182)..(330)  
<223> r e a a б o g

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (463)..(463)  
 5 <223> s e c aõo g  
  
 <400> 19  
 atgcgcccctt gggtagatag caggagactg gaaaggtaac aaatggaata cggacacgta 60  
 10 gataaccatg gagggccagc aatgttnnng aggnnnntat tgtttggtca ctgcatagcc 120  
 gatgatgatc accacgcnct cgtgnatgcc tcatgtctta acagcagcca gatgatctct 180  
 grgcccgggt gccacctacc acatccacgg tatctggcac ataccttcaa gaacaaatcg 240  
 15 ataaggtcaa aaaaaanngg ggnacggctt ttacatagat aataaaggac cagcacaggg 300  
 aaacaaatra aggaaatcna aaagtgattr atgattttac atagatataa cactgaaaac 360  
 20 gagaccagca gaagaagcta gtcttattgc agcagctaata gatgccaacc ctggtacacc 420  
 ccnagaaag aggatcaaca nnnngaanag nnnnnnnnt ngsnncttat ttgctgatg 480  
 actaacaact ggangcaaaa agaccaacag aaggaccggg tgatattaaa aatgtaatta 540  
 25 cttttancag cnagcgnctc cggttttcta gtacttgacg caactaatgt cacataaaaa 600  
 cnnnnntgt caaatgccaa tcaaacacac aaannnngaa acgaganatc annnagngnt 660  
 30 gtgcnttaca attcttcctc cnggttcatt ncnttcagag cattctttac aatacactgg 720  
 aaggcatctt ccacgttcgt tccatncctt agcagacgtc tcaaagtacg ggatgttccc 780  
 tttagaggcg caccatgcct ttgcntttt tctccgacac ctaaaaccaa agcagattat 840  
 35 antttctaag cagctcgtga tccagttcaa gagaagaatt tattcagaga acaaatcatg 900  
 tagc 904  
  
 40  
 <210> 20  
 <211> 815  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays  
 45  
  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (52)..(438)  
 50 <223> k e g aõo t  
  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (96)..(96)  
 55 <223> r e a aõo g  
  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (152)..(296)  
 60 <223> y e c aõo t

```

<220>
<221> misc_feature
<222> (180)..(180)
<223> w e a aõo t
5
<220>
<221> misc_feature
<222> (208)..(208)
<223> m e a aõo c
10
<220>
<221> misc_feature
<222> (419)..(419)
<223> s e c aõo g
15
<220>
<221> misc_feature
<222> (773)..(776)
<223> nnnn e ctgg aõo gtgc
20
<400> 20
ggtttgtctg tttcatgaat aatgttctgt tgcgtcaaat taatagcaag tktctgatat 60
tttttttttct ccagcatggt tttgaatact ttacaraaag aacccaaga tcccatttcg 120
25 aacatcgkga aacatcattt gtgtggaact ayaagtatgc tggtaagtgt ttatcttccw 180
aacattcttt ttaagcragg tctgtgcmgt aacattttat ttccaccttc tatytcaaag 240
30 atgttgagtt yggaaggcta caagcaagag atatgctgca gcacytgkkg acrggyccga 300
tctcaaatgc agctgttgat gttkttcaag ggagtcgac agttgaagtt cggctctgttg 360
gagttaccaa ggtaagtggg gctgtatgat ggtccatgac agtagatggg ttgrcctast 420
35 tgaggtttta aacatcaktt gtctccttcc tatagggtgc tgcaattgat cgtatttttag 480
gggagatagt tcacagcgaa aacatgatta ctccaattga ctatgtcctg tgcatagggc 540
40 atttccttgg gaaggttaatt tccaattctt cacgttattg ttctgatctg gtttttagttc 600
tgtggatagg atcaagaaac ttatgaatga agaratgraa gggtttagaa cattcaaaat 660
gcattgcaa ggaaaggaga aggatgtgga ctttaattaga aaaatcacta tggtttactt 720
45 tatatgtttg gtctgtccct attcttttcg actttgggtct gttttgtaac atnnnnnttcc 780
tcgtgtttca gratgaggac atctacgtct tcttt 815
50
<210> 21
<211> 426
<212> ДНК
<213> Zea mays
55
<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(200)
60 <223> y e c aõo t

```

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (310)..(407)  
 <223> n є a, c, g, або t  
 5  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (316)..(324)  
 <223> nnnnnnnnn є gcgtacgtg або є відсутньою  
 10  
 <400> 21  
 tcttcagtct ccaccctgat tcaacaacag actctgacag cttgcacggt agctgccccg 60  
 ycatcgaagg ccagaagtgg tccgcgacta aatggatcca tgtgagggtca tttgacctca 120  
 15 ccgtcaagca gccgggtccc tctgatggat gtgaggacga caatgtcctc tgccccagct 180  
 gggcgccgt gggcgagtgy gccagaacc ctaactacat ggtggggacc aaggaagcac 240  
 20 ctggcttctg ccggaagagc tgcaaagtat gcgcagagta aggtatcggc cctctgcgtc 300  
 tgatgagtan tcgtgnnnnn nnnnttacgt agttgctgtc accatttnac cagggttttag 360  
 atacgaccga gtacagcatg tataagacag tacaancccg gaagnnngag tcgtaagagt 420  
 25 tagggg 426  
 <210> 22  
 30 <211> 432  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays  
 35 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(432)  
 <223> b є c або g або t  
 40 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(432)  
 <223> k є g або t  
 45 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(432)  
 <223> m є a або c  
 50 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(432)  
 <223> r є a або g  
 55 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(432)  
 <223> s є c або g  
 60 <220>  
 <221> misc\_feature



<222> (1)..(432)  
 <223> y e c a b o t  
  
 <220>  
 5 <221> misc\_feature  
 <222> (265)..(375)  
 <223> n e a, c, g, a b o t  
  
 <400> 22  
 10 graagcgaac gaggaaagga agaacaagtt ggctycgaty gaaggckcra caactgccga 60  
 gtaccatctg cctgttctgg caatgacagc ygatgttatm caggcaactt aygaagagtg 120  
 cataaaatcg ggaatggayg grtacgtatc taaacccttc gacgaggagc agctatacca 180  
 15 agcagtctcc agattggtag tgggaacgac rgattcggct gtttgatggt caaaatacga 240  
 tgsmmcbgac ttctcattcr tcgannnnag tgaagcatca ccatmttgcm tctgtccagc 300  
 20 tgactctann tcccttgaca atgggcctnn gacatggcct ctcacaagac tagatgaaaa 360  
 aannnngaag atnnngaaag tgccgtgagt tagstacgyr tcacacatga catgaagttg 420  
 ctgcggcagc cc 432  
 25  
 <210> 23  
 <211> 880  
 <212> ДНК  
 30 <213> Zea mays  
  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 35 <222> (116)..(217)  
 <223> r e a a b o g  
  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 40 <222> (515)..(856)  
 <223> n e a, c, g, a b o t  
  
 <400> 23  
 45 attttgatcc gtcattatct tgctcaaatt ctgtaacttt catcccaaag ttcgccagaa 60  
 ttcgtttctt ttttattttg ttaccagtag agcatctcct gatctacctc ttcgtrgtgt 120  
 ttggtaaaga ctattgagct caggtgtggt gcgttgtgca gagcacaagt ggtgggatgg 180  
 50 ccaccagtct gcaactaccg caagaacacg atgactrcca cccagctgaa gggcagcaag 240  
 gaggatggtg atgccaagca gggtcagggg ttctgttacg tcaaggtcag catggatggc 300  
 gcgccgtacc tcaggaagat cgacctcaag acttacaaga actacaagga cctgtcgacc 360  
 55 gcgcttgaga agatgttcag tggcttcagt actggtgaga tgtctcgggg ttactctctc 420  
 tctctctctc tctctctctc tcggatggcg cgacagagag taattatggt tcgttttgat 480  
 60 gtggatggtg atagaagcac atcaagaagt ctttnaaaaa gcagcatact cctacttgat 540

	tcctaggata agcaatagct tgaacttacc ccgatatatt ttgagtaatt gtgagattac	600
	acacaatctg gcacgccttg ttttgtaaata ttttgggaga actttatatatt tctcccaaaa	660
5	caaataccct ggagattgtt cagatattgc atccgtatca agtctctctt agagagatgt	720
	agttttctgt aaggcaaaaat aagttgtgtc tccatctata tgaatatgcg aggatatctt	780
	cgagctctga gtatnattcc atagagagct actaatctct atgagagtga cctccccnta	840
10	tatatctctg aaattnttgg agatctgcgg ccctgtatat	880
15	<210> 24 <211> 921 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<220> <221> misc_feature <222> (106)..(913) <223> n e a, c, g, a b o t	
25	<220> <221> misc_feature <222> (746)..(746) <223> m e a a b o c	
30	<400> 24 cgctgaatcc aacctaattgc tgtacagaat atccttttaca gccaaagccgc caaccaagac	60
	gctgagtcta atgccatgtc ctggtggatc caactatcca aacaancaga tcacccccctt	120
35	tgagctgact gacgatcatg atgctgaaag tattggatgc tggtcgaagg cttcacccctc	180
	ttgctggctg tgaagtggaa gacagagtca tgtaatcagt ttgcttgctt tcaaatcata	240
	cacctggtgt aaagtacagt ttggtttgaa tataaacaag tatcataaag tacttcttta	300
40	aaattgtcca acggggggagt cagctgtctt ttgcacctca gggtgcttca cacgtagcta	360
	tatgatggtc actggttaac tcatttacat agacaatttc agaagggata atctatgcaa	420
45	aatctaataga tattattatg acccctgatc catttagaac aacatgagct gtactcctcc	480
	tagatatgat tacataagca tcttganntc tatcaggcct ttggtgagta ctcaaacctc	540
	aacagaaacc tactaactcc tatcgttctc tgattaaacg agtgaacagt tcaggacact	600
50	gcagaagatt ttttttttntc ataagccacc gctattcaac aatcaacggn ttttgctaata	660
	cagatgtcac aaatgccaac atattgtcat ccgaggatat tccgtaaggt ggacaagata	720
55	gaaccagnnt atctcagaaa aaaagmccat taaaggatat ctggtaataa ctacatcacc	780
	atccttctgt attcaagtat tagcagaaga ganttgataa tggaaggaaa tcacccctga	840
	antaagcacc agtaatnggg natatggtca tgntatcaaa tgtaatttat taagcatcgc	900
60	aagttttaga atntagcaac c	921

<210> 25  
 <211> 831  
 5 <212> ДНК  
 <213> Zea mays

<220>  
 10 <221> misc\_feature  
 <222> (42)..(633)  
 <223> n e a, c, g, або t

<220>  
 15 <221> misc\_feature  
 <222> (562)..(562)  
 <223> r e a або g

<400> 25  
 20 acaaaggaaa gggaaagaaa atgacttcta ggttttcacg tnttcctttt ggttgaccaa 60  
 gaagagatgg tcggtagagt gaatggcctt gtgccatctc aattctttcg cgtggatcat 120  
 acattgtctc atctcttata gcctgaagaa tcgaatcagc aggacggtcc ctgtgcacat 180  
 25 atatgtaaac agaccaactc agtcaaatat cataaaacct tagttcaatg aattatttcc 240  
 aaactattgg aagataaagt agaatagctg gcacacatgc aggggcagaa ggaaccatgc 300  
 30 caatcaagtt atcggtatgt atgggttagt aatataggtt actggcatnn aggtaatacg 360  
 ctgaaaatgt aactggtgta gagtatgtgg cgttggtctt aggttctaac ctctgatca 420  
 gaatcctatg tagtgctttt aggatcgggc acatctcaac cggcgcaaca gatctgttgg 480  
 35 cttctggatg catgacactt aagctatcct gactaagaag ctcataaaac gcatcaactg 540  
 cagagacacc ctgaaatgga arggcaacag gntaattcat cacatgattc atttaggcat 600  
 40 attcatgcag ttctttgaag tttcgttgtc gancaaaatt aaaagggcat acctgaatgg 660  
 tcccttttcc tttaatactg tcacccattt ctaatgtcaa ttcaccttta gctaacttct 720  
 gcccatacca tgcattacga cttttcaaca atgtgacata agtgtcagct aataagggtc 780  
 45 cagcaagttt ttcaggttct tcttcagaa ggtgtgtgat gtagatcatc t 831

<210> 26  
 50 <211> 1901  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays

<220>  
 55 <221> misc\_feature  
 <222> (687)..(1892)  
 <223> n e a, c, g, або t

<220>  
 60 <221> misc\_feature

<222> (1271)..(1271)

<223> m e a a b o c

<400> 26

5	taccttggtt	ccccaccaga	gatagataga	acatctgggg	agtacttggg	gaagaatggc	60
	atccgcacct	ttgcttgcag	gcaagtacta	tctattttctc	agccttttctc	ttgatacttt	120
	tttattttact	tcaatatcgt	aaaatcactt	agttttttctg	agtcattctaa	gtcagcatgc	180
10	tccattttatt	ttgaatcaac	attatcaagt	gtacttcgta	caatcttgta	catacctgtg	240
	aggagcactg	accttctgga	aagatatcat	ttttcacttc	acagaacatc	aggaattcaa	300
15	gattcactca	gttaattgat	attttaataa	attttgaaaa	ttgaaatata	ggaaaatatg	360
	tgtttttaag	gcattacatt	ttgcatataa	atattcaatc	tcactaaagg	aaaatgtttt	420
	aagaacattt	ttcttttagtg	aaaaggaatc	caaagtcttt	cgaattctgt	tgtgacttat	480
20	ctctattacc	ttatactgca	tccgtactag	tatatattgac	atctgtagag	aagagttctt	540
	ttttctaggg	taatcttcta	gctgcagtgc	agtatgctga	cattgtgcta	acttaggctg	600
25	atatttggtt	gcattgctct	gcccattgatt	tgtgccctaa	tactgtatat	tagggctgca	660
	taatgttatt	tttgattga	ttcattnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	720
	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	780
30	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	840
	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	900
35	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	960
	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	1020
	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	1080
40	nnnnnnnnnn	naaatggtga	catggttggt	cacactggtg	atattgaggc	caccgtagnt	1140
	tgcttgcnaa	ggcagctgat	gaagctgtta	aggtgagagc	accaatgaaa	gttcgctgac	1200
45	atgtgtgttg	tcttattatc	tgcatgggaa	gttcgcttat	acatcaataa	aggttcttac	1260
	agtagcacgc	mtcataggcc	tttgcctatt	ttttaaccaa	gtgttcttct	gaacagatta	1320
	ttttggatgc	tgtcgagcaa	gttggttggt	tttaccttgt	taccgccgat	catggcaatg	1380
50	ctgaggatat	ggtgaaaagg	aacaagtctg	gcaagccgtt	gctcgacaag	aatgaccgta	1440
	tccagattct	tacctcgcat	acccttcagc	cggtgagtgc	aatgccattt	gaccccatgt	1500
55	cttttggttn	nctctcccag	caaaatcata	cccgtgttga	ttgcttggat	gctaatacct	1560
	ctgtaaaact	tgcaggtccc	ggttgccatt	ggaggccctg	gccttcaccc	tggagtgaaa	1620
	ttccggaacg	acatccaaac	ccctgggctc	gccaacgtag	ccgcaaccgt	gatgaacctc	1680
60	cacggatttg	aggctcctgc	tgactacgag	caaaccctca	ttgaagtggc	tgacaactaa	1740

	acactggcca cctgtgtcca attttggtta tatgtagttc tgagaatgga cattcaataa	1800
5	tttatgtttg caagcacgtt gctcaaaactc accaaaaacat cgaggggatgc cttttgactt	1860
	tggcatttac agcattttcg tttggcttta anccttatcg g	1901
10	<210> 27 <211> 595 <212> ДНК <213> Zea mays	
15	<220> <221> misc_feature <222> (64)..(64) <223> s e c ађo g	
20	<220> <221> misc_feature <222> (201)..(576) <223> n e a, c, g, ађo t	
25	<220> <221> misc_feature <222> (254)..(254) <223> y e c ађo t	
30	<400> 27 cgtccgcggc agcggccgcg tccaggtggt cgggcccgac ggggtgcgcg tcctggagac	60
	gcgsgtcgag ggcggttcc tcttcacgt gccccgcttc cacgtcgtct ccaagatgcg	120
35	cgacgcgtcc ggcatggagt ggttctccat catcaccacc cccaagtaat ttgttgtctc	180
	gatcgatcga tccatcgatc nnnntttttt tattgcgaat tgcactggag atttgattgc	240
40	acgtgaatta atgyttgcat tgcattgcag cccgatcttc agccacctgg ccgggaagac	300
	gtcgggtgtgg aaggccatct cggcgagagt gctgcaggcg tcgttcaaca ccacgccgga	360
	gatggagaag ctgttccggt ccaagaggct cgactcggag atcttcttcg ctcccccatc	420
45	caactgagaa aataggccgg aagccccacg gtggagtnnn ncctctcggt aggtcgtcgt	480
	gcttagatta ggtagctag cttgccttta ataaaaagag agtggtggtc gtcggcgtcg	540
50	gcttcggcgg tctgcttctt cttcattcnn nnnnnnagtg cgtcggtcgg tttag	595
55	<210> 28 <211> 558 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<220> <221> misc_feature <222> (39)..(550) <223> n e a, c, g, ађo t	

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (98)..(496)  
 5 <223> y e c aõo t  
  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (224)..(224)  
 10 <223> m e a aõo c  
  
 <400> 28  
 ccgtgttggt tggatctatg gctcgggtgac ggaggatgnt ggtcactggg taccggantn 60  
 15 gcacaanccg ggggttggaan gntcgggtgta ctgtgtgnyac caangcgtga ncgcenrttcc 120  
 gcggcaccgc gccatchnaa cctgacygan ccgtncntnc caccanggtg cntnccggtg 180  
 20 ggctanctgg nantcnagtg gagantcntt cnttnctnc ccgmaacnaa ncngcgctgc 240  
 tggcggangcc gcagnaantg naagnttctt gcagaggnan tcgcgtacct gnaacgtggg 300  
 tatctaccgc ttcacgtcca ntnttccnt ngatncgtct actgcttnc tgcggcgct 360  
 25 gtcgctgttn ctcggggcag ttcacgtgta agnancgctg aancgtgacg ttncctgacg 420  
 tacctgctgg tngatcacgc tgacgcntgt gcctgctggc ggtgctngga gnantcnaag 480  
 30 tggtcgggga tcangyctgg aggangtngg tggcggaacg agcagnttnc tggctgatcg 540  
 gcggcacgan gcgcgcac 558  
  
 <210> 29  
 35 <211> 937  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays  
  
 40 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (92)..(668)  
 <223> n e a, c, g, aõo t  
  
 45 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (258)..(258)  
 <223> y e c aõo t  
  
 50 <400> 29  
 aatgtgatat catgatactc atgcacctgt accttagcca atgcaggagt ctgttaaagt 60  
 ctcaataaca ttttgtgatg ctcaccaaca gnttcctttt tacaggattc atctggtata 120  
 55 ttctgggata atgacagttt agctggtctt ttggctattg aacttaaagc agatctcctt 180  
 gttctactaa gtgatgtaga tggctctatac agcgggtccac caagcgaacc gggatcaaag 240  
 atcattcata cctacatyaa agataaacat tacagtggaa taacttttgg ggataagtca 300  
 60 cgtgtaggta gaggaggaat gacagctaaa gtganagngc tgcttttgtg gcttcgaaca 360

gtggcacacc tgttgttatt acaaggtatg tattgcattt ttcattcttt atncgagaat 420  
 5 taaaactgcc cttcgttgct catttatatg ttcccatgtg attgtgatct atcaaacttt 480  
 ccctgtgaca tgcaaccaat aataaggaat ttagacaaaa cagttgatag gtggtgtgat 540  
 taactacata tttggtgtat actacatttg actcaagtgt tttatttttg gnnnnnnngt 600  
 10 gtagactaca tttgactcga gtgtttctta catctttaat gatatgaaga attggttttc 660  
 agaagtgnaa atatttcctt agactttttt ctctctcgaa cgcgaggag agctgcacat 720  
 catttatatt ccttagactg ttatgctgaa tcctcgcttg tgatgttcac ttatttttct 780  
 15 atgttggatt ttattttacat ataataaggt ctgttgggtca aatccaaata cgccatctgt 840  
 tttcaatgtt tgttcacggc ctaggaaaaa tgtgttgacac attgtttgtc tattgaggat 900  
 20 atcaggagtg tagttattgc tatgtttcca ctctccc 937

<210> 30  
 <211> 1193  
 25 <212> ДНК  
 <213> Zea mays

<220>  
 30 <221> misc\_feature  
 <222> (8)..(1108)  
 <223> n e a, c, g, або t

<220>  
 35 <221> misc\_feature  
 <222> (259)..(259)  
 <223> y e c або t

<220>  
 40 <221> misc\_feature  
 <222> (296)..(296)  
 <223> w e a або t

<220>  
 45 <221> misc\_feature  
 <222> (398)..(398)  
 <223> r e a або g

<220>  
 50 <221> misc\_feature  
 <222> (1057)..(1057)  
 <223> s e c або g

<400> 30  
 55 gtgaatgnac agggngactc ctggnacagc ctactcggca ggaacaagca cgacgaccag 60  
 gagaagaaga accagcagnn nnnnnngncg gaggaggagn nnctggcgac cggcatggag 120  
 aagnnngtca cggtnngccg agcccgacca caaggaggag ggacacgagg cgcgcgagaa 180  
 60 gaaggacagc cttctcgcca agctgcaccg caccagctcc agttccagct cggtagatnn 240

	nntcgtcgtgta aaacatgayc tgctgctagc tagtttaatt gactccgcct tcggawcagt	300
5	aagctaataa accggcttct cactgcgatac gtggtgcctg cgcgcatgca gtcgagncga	360
	cgacnaggaa gaggaggtng atcgatgaga acggcgarat tgtcaagagg aagaagaaga	420
	agaagggcct taaggagaag gtcaaggaga agctggcggc ccacaaggcn ccacgatgag	480
10	ggcgaccacc accagnnnnn nnnacnngcc cnngcgccnn nnnngcccgt ggtggtggac	540
	acgcatgctc accaccagga gggagagcac nnnnnnnnt tcccggcgcg ggcgcctccc	600
15	ccgcacgtgg agacgcacca ccnnnccgtc gtcgtccaca agatcgagga cgacgacacg	660
	aagattcagn accccaccac aggcaccgga ngaggagaag aaaggcctgc tggacaagat	720
	caaggagaag cttcccgtg gccacaagaa gccggaagac gctgctgccg ccgccgccgc	780
20	gccggccgtc cacgcgccac cgccgnnngc gccgcacgcc gaggtcgacg tcagcagccc	840
	ncgatgnngn caagaagggc ttgctgggca agatcatgga caagataccc cgctaccaca	900
25	agagctcggg tgaagaagac cgcaaggacg ccgccggcga gcacaagacc agctcctaag	960
	gtcgcagnnn nnnnncgtgt gcgtgtccgt cgtacgttct ggccggccgg gccttnnngg	1020
	gcgcgcgatac agaagcgttg cgttggcgtg tgtgtgsttc tggtttgctt taattttacc	1080
30	aangtttggt tcaaggtgga tcgcgtgngt caaggctcgt gtgctttaaa gaccacccgg	1140
	cactggcagt gagtgttgct gcttgtgtag gctttggtac gtatgggctt tat	1193
35	<210> 31 <211> 482 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<220> <221> misc_feature <222> (121)..(471) <223> n e a, c, g, a b o t	
45	<220> <221> misc_feature <222> (239)..(239) <223> r e a a b o g	
50	<400> 31 gcaaaggtac agcgtaaaaa ctaagaggag agccagcaag ctagcatttt atttagtaaa	
	atcgttcact cgcaggtacc caatcttctc agctttacac actcgccatc ttgaggctgt	120
55	ngcccttctc ctgcaggctc acgagtaggc ngncaaagct cttcttgaag gagtccangc	180
	cttccagctc aagctgcttt ccnacctcn cccagncnat gccaaagcttc tccaaggcgc	240
60	tgtatacacc ttccgcctca gacacnttng catcnactgt cctnganacn gtgccgtggt	300



	ctatgaatgc ntgcaaagct tggtcgggca tcgtgttgac ctgaaangtg cancannnct	360
	acagagttat tttttnnnnn atgataagaa acaangccan ttcaagtggg naactcgtcg	420
5	tgnnancatn ccgtgtcagg tccnatgaga ctgtcnaant aaagagtgtc nggataagct	480
	gg	482
10	<210> 32 <211> 376 <212> ДНК <213> Zea mays	
15	<220> <221> misc_feature <222> (12)..(355) <223> n e a, c, g, або t	
20	<220> <221> misc_feature <222> (208)..(208) <223> r e a або g	
25	<400> 32 ccaggcgacc angggggttca agaacaagat gctgctcggc nccggcggct tngggaggggt	60
	gtacaagggc gtgctcnccg ggtccaagct cnaggctgcc gtgaagaggg tgtcgcacga	120
30	ctcgaagcag gggatgaagg agttcatcgc ggagggtggg agcatcggcc acctccgcca	180
	ccggaacctg gtgcagctgc tgggctartg ccggcggaag ggcgagctgc tgctggtgta	240
35	cgactacatg tccaacggca gcctggacaa gtacctctac gacgncagga ccgccaggcc	300
	cgtcctggac tgggngcaga ggttcagat cgncaggggc gtcgccgccg gcctnctgta	360
40	cctgcacgag gactgg	376
	<210> 33 <211> 839 <212> ДНК <213> Zea mays	
45	<220> <221> misc_feature <222> (346)..(837) <223> n e a, c, g, або t	
50	<220> <221> misc_feature <222> (391)..(391) <223> r e a або g	
55	<400> 33 aaacaacaac ttgttgttgt ccacaacagg ttaacagatc aaagaaggat aggtgagcgg	60
60	cactactcat ctctgtggctt ctggatctgg tgacagatga tcagcccacg aaggaaaaag	120

	aaaaaggac tgccttgatt tgcgttgctt tgctttccgc gcaaggccga aagcttaagg	180
5	tcggggcaac gagtacaccg agagcgacgg agatatatca cgctctgctg cttcatgata	240
	gctggaagga catcagcatg acacgcatgc caataatgta gtagaagact agtttatttg	300
	tcacctacta ggcagagagt gcggtggttc catgaaccaa ccattnnnnc gtgcgtgcgt	360
10	gccaccgca cgaccacgag ggggcatgca rcatatactt tacaaaattc attcggttgt	420
	tgacttggtt tcaattcatt gggttgggaa gacaaaacta acatggatgc gttgcgtact	480
15	cacaggaagg tgatggctca gactggtgag atccggtgcg ccatggatca catcctcgag	540
	gccgagagga agggcgagat caaccacgac aacgtcctct acatcgtcga gaacatcaac	600
	gtcgcaggta tcgnnnnata atcgctactg ctcagtgcga tgaaacggaa acagagtatg	660
20	ctatgtctga agaaccaagt gagnacttat cattcaacta ctgcagtcca gcgctactac	720
	acaaacaaat agcactgcaa tatcggaaga tataataata taaggcacgt cttaatcaag	780
25	tctccgtcag ccaacttaat tccttcctta attaaccggc aacatactga gcctaangc	839
	<210> 34	
	<211> 693	
	<212> ДНК	
30	<213> Zea mays	
	<220>	
	<221> misc_feature	
35	<222> (145)..(146)	
	<223> nn є ca або обидві послідовності є відсутніми	
	<220>	
	<221> misc_feature	
40	<222> (169)..(169)	
	<223> w є a або t	
	<220>	
	<221> misc_feature	
45	<222> (174)..(590)	
	<223> n є a, c, g, або t	
	<220>	
	<221> misc_feature	
50	<222> (537)..(537)	
	<223> w є a або t	
	<400> 34	
55	tgacctacaa ctcaaacagg ctcgctcttca atggccacga gatctacccg tcagcagtcg	60
	tgtctaaacc aagagtagag gttcaagggg gtgacttgcg gtcgttcttc acattgggta	120
	gcaccagtcc aacactactc cacanngtta gctctccaag ttgttctawa tatnnnnnnn	180
60	tgtatccnnn nnnnncttcc tttccctaata ggccatagtt cctgaatntc cagggttatga	240

	cagaccagga cgtcccagga ccaagcgatc catatntnag ggagcacctt cactggtaac	300
	atctggcatt tcctaccaan ncatctaggg gaatgctgtg tgactgnnat atgtccttta	360
5	catttgcagg atcgtgactg anatacctgg gacaactgat gcctcattcg gtagtnnnnn	420
	cnccncctc tgctttgtgg ttaattagtn gttccagttg ttcttgnanc tagtnaattn	480
	nnancaggca tttntttttc agggagagaa gtcgtaagct atgagagccc gagaccwggc	540
10	attggtatcc acaggttcat ctttgttctc ttcaagcaga nnnagcgcan gcagcagcag	600
	actgtagcgg cggtgccatc ctccagcagg gaccatttca tcacgcgtca gttcgctgcg	660
15	gaaaacgatc ttggccaccc tgtagccgct gtg	693
20	<210> 35	
	<211> 765	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
25	<220>	
	<221> misc_feature	
	<222> (76)..(76)	
	<223> r e a aõo g	
30	<220>	
	<221> misc_feature	
	<222> (97)..(625)	
	<223> n e a, c, g, aõo t	
35	<400> 35	
	tatgcatgat ttatgcccgc caaacagaca gaaaacgcaa caaactacaa ccatttacag	60
	accggagcca agtgarccta acttgtaaac atcatangaa ggnacatcct aaacgagcaa	120
	tgcttactca aatttactgc tatgctactt ctattgctgt taatgaggca gtcactcaca	180
40	ggctgctgct gactggaaag ccaggggaaa ttagcgttct ggcttcaggt cacgatcaat	240
	gtactgcctc acagcctctt ggtttacntg gaaaataaac ctcatgtcct ttatctggaa	300
45	agggngngna aaaggtagct aaattagtan agcatgaaga tacttaatta aatgcatcag	360
	tgatatctca gtcaaataac aagggaagga ttgtcaggta tagcaaaggt taacttgtca	420
	aaaagtaatt gtttcatgtc tgcttacana tcaccatagt atcattcgta ctgttttttag	480
50	atactctata aancccaaaa ataacataat ggcaagaagt aaancttcaa gcaccctcta	540
	ccagtagaac cataaactat gacaggatca caggaatagt taaaaaact gtgcattgac	600
55	taaccaccag gttacagatt cattnaaaaa tgaaggtata ctagaacggg gaagtattgg	660
	tacctcgatt aatgagtctg agcttaggtt gatgcgtttg cagcttggtta tttcettgct	720
	attaacaaag attggacatt ttccagtgtt cttaatatga aaata	765
60		

<210> 36  
 <211> 774  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays  
 5  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (281)..(652)  
 10 <223> n e a, c, g, a бo t  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (500)..(698)  
 15 <223> y e c a бo t  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (568)..(568)  
 20 <223> r e a a бo g  
 <400> 36  
 agcatcatgg agtacgggtca gcagggggcag cgcggccacg gcgccacggg ccatgtcgac 60  
 25 cagtacggca acccagtcgg cggcgtcgag cacggcaccg gcggcatgag gcacggcacg 120  
 ggaaccaccg gcggcatggg ccagctgggt gagcacggcg gcgctggcat ggggtggcggg 180  
 cagttccagc ctgcgagggg ggagcacaag accggcgggc tccctgcatcg ctccggcagc 240  
 30 tccagctcca gctcggtaat tacgactctg gatacttctt nnntcttttg tgtgcgcgct 300  
 gcttcgtcct atatataata atacatgnag ttaggcttag taataatcaa ttaatttaat 360  
 35 ccgtgggttt cgtgtttaag tcggaggacg acggcatggg cggaaggagg aagaagggaa 420  
 tcaaggagaa gatcaaagag aagctgcccg gagggcacao ggacgaccag cacgccacgg 480  
 cgacgaccgg cggcgcctay gggcagcagg gacacaccgg cagcgcctac gggcagcagg 540  
 40 gacacaccgg cggcgcctac gccaccgrca ccgagggcac cggcgagaag aaaggcatta 600  
 tggacaagat caaggagaag ctgcccggac agcactgagc ggcgctata cntggctgtg 660  
 45 ctgtgctgtg ctggcgcgtc aaagccgtac tcttcagygt tccatagata ataagataaa 720  
 cccatgaata agtgtcccta ccctttgatc atgtgacagg gacagggaca ggga 774  
 50 <210> 37  
 <211> 460  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays  
 55  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (53)..(449)  
 <223> n e a, c, g, a бo t  
 60  
 <220>

<221> misc\_feature  
 <222> (375)..(386)  
 <223> r e a a b o g  
  
 5 <400> 37  
 aaggcaacat tctgaagatg cagcgcaagc agaagccatg cactccccctc centccaaca 60  
 ngcagagtcg gtactaccgg ccncgggtca aggtangcgn cagnanccga ctctctngagg 120  
 10 cnannttccc cgcagnggca agannnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nntntcnnnn 180  
 tgnnnaagnn tnnctgnnnc tgnctgtctn tgtgtgttctn cgcttttcnnn ngcaggggag 240  
 gtttgtcagc aaggcttggt tntccagcg acagcaagcg ttagagaagg agagctagag 300  
 15 aangatggat cctgtctcaa ggcgcatctc tngggctctc ttggagaagc agcagagctt 360  
 ctccnttttc atctrtgcgg cggtaragtg cggcagatgt agagatgcct gtagagtggg 420  
 20 gcttgnanc ctcaattctc agtttcttnt atccattcca 460  
  
 <210> 38  
 <211> 553  
 25 <212> ДНК  
 <213> Zea mays  
  
 <220>  
 30 <221> misc\_feature  
 <222> (78)..(542)  
 <223> n e a, c, g, a b o t  
  
 <220>  
 35 <221> misc\_feature  
 <222> (309)..(309)  
 <223> s e c a b o g  
  
 <220>  
 40 <221> misc\_feature  
 <222> (342)..(342)  
 <223> m e a a b o c  
  
 <400> 38  
 45 caaaaagag aaggctctca aggtgaacta gaacagaatc tcccgacggc cgggggtcaa 60  
 accagtcacat cctcggcnat atctcgagga ttcctcacca gctcgagcat gtcacgacc 120  
 tcacccatgc caggccggtt cgacggcacc tganaggtgc anacaaggcc cagcttgatg 180  
 50 accggcaggg cctcgtccat ggggaactcg ccgcgagnc gnggntcgac gcagtcctcn 240  
 ggctgcctt cctccagcgc ncctctgacc aggtcacaca ggacaaccac gtcgtcttcc 300  
 55 aagtactcsa cgggcctcct gcccgtaan ncctccagca gmagcaccac gaagccatag 360  
 acgtcgcatt tctcgtgat cttcacgctc ttgcacgcaa actctggcgc catgtaccgc 420  
 agcgcgctct ggaccttact gctcaggacg taccggtcca gcatcggcag cagcttggcg 480  
 60 aggccgtagt caccnacctt tggtcgcgg ttgctgtcca gcagcacgtt gcttgacttg 540

anattgtagt gga

553

5 <210> 39  
 <211> 622  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays

10 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (4)..(619)  
 <223> n e a, c, g, або t

15 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (445)..(445)  
 <223> b e c або g або t

20 <400> 39  
 ttcnntngca ttcntngctg atgttttnnga ntgnctctta ggacaagtgt ggctacaccg 60  
 gagcatgtcg aagaggcatt cagactgttc aatgtntcca cgttgatgc tgcaagatcn 120  
 25 ggaatcaatg agcatttgaa cctgtcaccg gagatcgcaa angaaatcaa ggtagtatt 180  
 tgcacccag ggtnnncaaa atncagctnt tgaaccttgn attttcctga acggcnttcn 240  
 30 ncattttttt gcnnatctgn cagcnagcgg aggcncaaat aaagagaaga atgggcatcg 300  
 gcagccacat atccnagcga cggctnatng atganctaaa ccggatgggg atgaatgaat 360  
 ccatcgtagg aaccctgtca tcgnatctta gaactgaaac tatgggttttc aagtaagacc 420  
 35 cgntcgtttt tctgacaata tcttbcacac tttgtttcag gtcagaagag cccttctgat 480  
 catgcatcaa agngacgagg tggagtacaa gagagagcgc cacgtgatcg tccgaaaggc 540  
 40 ttgagggtgga gagnngccag tcagattcac ggcatacaac gtacactgga ggnggtcctt 600  
 ccnnntcgna cgtgtgtana cc 622

45 <210> 40  
 <211> 664  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays

50 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (24)..(642)  
 <223> n e a, c, g, або t

55 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (602)..(602)  
 <223> w e a або t

60 <400> 40

	ttcctctata agtaccgcc ccanatctgc gccatthttct catcgagaa atcctccgca	60
	acttcacagc gtatcatcgt tttncatcgc tcctactcct ancatccaga aaatctgagn	120
5	ggtattgatg ggcgccaagg cggagaagaa gccggcggn aagaaggtgg cggaggagga	180
	gccctcggag aaggcggtc cggcgagaa ggccccgcg gggaagaagn ccaaggcgga	240
10	gaagcggctn ccngcgggca agtcngcngg caaggagggc ggcgacaaga aggnaggaa	300
	gaaggcgaag aagagcgtgg agacctaaa gatctacatc ttcaaggtcc tgaagcaggt	360
	gcaccccgac atcggcatct cctccaaggc catgtccatc atgaactcct tcatcaacga	420
15	catcttcgag aagctcgccn cggaggccgc caagctcgcc cgntacaaca agaagccac	480
	catcacctcc cgcgagatcc agacctcgt ccgcctcgtc ctccccggcg agctcgccaa	540
20	gcacgccgtc tcggagggtg ccaaggccgt caccaagttc acctcgtent agcnccttg	600
	twgtaggcgt cgttgtnnnc tgcttctcaa gcaagcactg tnatgtgccg cttctcatgg	660
	cagt	664
25	<210> 41 <211> 722 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<220> <221> misc_feature <222> (13)..(708) <223> n e a, c, g, a b o t	
35	<220> <221> misc_feature <222> (190)..(190) <223> r e a a b o g	
40	<220> <221> misc_feature <222> (580)..(580) <223> s e c a b o g	
45	<400> 41 aaacaacaca gtnatctgat cgtnataaaa tgatatantc tgtctataacc gcacccaagt	
50	gtttcagtct ttcagagnnc caaacgttc gantcttttc tttanccnat cttcttctc	120
	ccgacgnnnc accgccgng nnnnnnnnnc nnnnnnnncc gcgtntgagt tccaacactc	180
55	gagtgaggr tannnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnc ttnccgaant	240
	gntatnnnnn gtaatacatg acaaaacgac ggttaattct tgtgtaacaa tgcganacga	300
	gcagggcnga tgtactacaa cgnnatgtac catctcttct accagtacaa cccgcacggc	360
60	gcgctctggg gcgtnggcaa cctctcctgg ggccactccg tntcnggcga cctcgtnaac	420

	tgggccgcnc tggacacggc nctggacccg acgtcgccct tgcacgcaa cggctgctgg	480
	tcgggctccg ccaccatnct ccccgggcgc acccggcca tcctctacac gggcatcgac	540
5	gccaacgggg agcaggtgca gnaacgtggc gttccccags gaccggcgg acccgctcct	600
	tcgccggtgg gacaagcccg gctacaaccc cgtcatcccg ctccccgccg acgtcccggg	660
10	cgncagttc cgggaccnt cgacggcgtg gctcggccgc gacgggcngt ggcgcgtcgc	720
	gt	722
15	<210> 42 <211> 940 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<220> <221> misc_feature <222> (195)..(730) <223> n є a, c, g, або t	
25	<220> <221> misc_feature <222> (238)..(238) <223> r є a або g	
30	<220> <221> misc_feature <222> (266)..(268) <223> nng є ttg або всі три послідовності є відсутніми	
35	<220> <221> misc_feature <222> (808)..(808) <223> s є c або g	
40	<400> 42 ctgtcatcca tgtccaggag gtctgttgct gcacaccctt ggcattgatct ggagataggt	60
	attgtacacg ctctagcttg acaaatggtc agccgttgat ctctgctatt tgcaaccaga	120
45	gcttaagttc atcttgatt catgcaggtc ctggtgctcc aaccatattc aactgcgtaa	180
	ggccaccctg tcatnngctt gactggctct cttgtgatat gttcatgtta atagcatrat	240
	gtcttttgtt ctattggaaa ataaanngtc tccctggact ctaaaatcaa tgctgtgaa	300
50	cacatgaact gtttgtgtca cccatgttcc tctgtctctt ggcactttct gatgcatgct	360
	caaatgctta agaaagactc atagaagcga ctctatttcc tatgccaggc cattgagata	420
55	ccaaggggca gcaagggtta atatgaactt gacaagaaaa ctggactgat caaggtaaag	480
	caatgttggtt ttctcccgcc tgaagtctta ttgtgaagct atatttcttg ccagttctaa	540
	tatttactcc tttccgtttc aatctgtgtg catgtgcagg tggaccgtgt gctgtattca	600
60	tcagttgttt accctcacia ctatggattc attcctcgca cgctttgtga agacagtgat	660



cctttggatg tactggttat aatgcaggta tgcttctttt ttatatatat cattggngga 720  
 5 ttcacaaaan tggtagatca gtagtgatct gagtatcctt gggcataagt tgagctaatt 780  
 ttcaaactctt gtcattttcc atttctgsga atggctcgaga acatgtctat aaactgtttac 840  
 ttccaagcat gtaggagcca gtcattttcc atttctgttt atagttgcct agtcgggaac 900  
 10 atgtatgtaa actgttactt cctgcatgc aggagcctgt 940

<210> 43  
 <211> 805  
 15 <212> ДНК  
 <213> Zea mays

<220>  
 20 <221> misc\_feature  
 <222> (150)..(801)  
 <223> n e a, c, g, a b o t

<220>  
 25 <221> misc\_feature  
 <222> (708)..(708)  
 <223> m e a a b o c

<400> 43  
 30 ggatccatac aagggtgcttt tttttcgatt tagaattctt tcttcatcga ttttgccta 60  
 tgtgctagat cctcaaatac attccgcacg ttgtttccgc ccttgattga tgcattcgct 120  
 cgtctgactt gattgatgcg ctcgatctgn gggactcttc gttcttgagc caccgcccgt 180  
 35 ctatgaggag caactccagc ttctggacca ccaactccgg cgccccgctc tagnaacaaca 240  
 actctgccct caccgtcggg cagcgaggct agaccacaac ccctctctct gtttatcctg 300  
 40 tagctgacat gctgctgcct tcatttgcct ngctctctca tcccggttcc nttttccctt 360  
 gcacgatcct gtatgtactc actatgtatg nagcatatat gttcttgatt tgtgcgagac 420  
 ccatccgagg cataaatgat ctgtncatgc tttgctttga ggcctattat tgcaccgtgg 480  
 45 aagcnagagg atttcgnttc ccatncattc aaagcttgca tctngatgtg cttttaatta 540  
 atttccagtg actaattttg cctgctcngt acatgcgggt tgcggttgat tnacctgtcc 600  
 50 naatatcgtc aatgaatttg agacttgccc aaaggactta ttccttgat cagctgtaag 660  
 gtgaagcttt tgcctgata tttttgccag tcgctgtcga accattamgt tacttaaggg 720  
 aaagaaagca cnttccnggt acgaaatgcc atcatggagt catagtgata atcctaggtg 780  
 55 agggacactt ggagagtagt naagt 805

<210> 44  
 60 <211> 860  
 <212> ДНК

<213> Zea mays

<220>  
5 <221> misc\_feature  
<222> (10)..(117)  
<223> n e a, c, g, aõo t

<220>  
10 <221> misc\_feature  
<222> (266)..(266)  
<223> m e a aõo c

<400> 44  
15 gtacctcctn nncttagctn gctagcgaga gagannnaat cctggcctca catgagatcg 60  
actgggttcct gggttccttc tctcctcccc ccgttaagtt gcccgtcgga ggaggantcc 120  
tgagcacatc gatcagtcgc gtgtctaggt ttcctctctc accatagcgc ccgctctgtc 180  
20 gcccttcggt cacctctcct tcctctcctc cctgcctgcc agggagaggg gaagtcagag 240  
gcacggagtg gcgcagagca gacgcmcggtg aaccattgta gctgtccctg tcgtcgtcgt 300  
25 catcgtcgtc aacgaatccg cacaaggaaa agatggagaa gaagccgacc atcctcatga 360  
acaggtacga gctcgggagc acgctcgggc agggcacctt cgccaagggtg taccacggcc 420  
ggaacctcgc gtccggcgag agcgtggcca tcaagggtcat cgacaaggag aaggtgatgc 480  
30 gcgtcggcat gatcgaccag atcaagcgcg agatctccgt catgcgcctc gtccgccacc 540  
ccaacgtcgt gcagctgcac gaggtgatgg ccagcaagag caagatatatc ttcgccatgg 600  
35 agtacgtccg gggcgggcgag ctcttcgccc gcgtcgcacg cggccggctc aaggaggacg 660  
ccgcgagaag gtacttccac cagctcgtcg gcgccgtcga cttctgccac agccgcggcg 720  
tctaccaccg cgacctcaag cccgagaacc tcctcgtcga cgagcacggc aacctcaagg 780  
40 tctccgactt cggcctcagc gcgtcgaagg agtgccagaa gcaggacggc ctgctgcaca 840  
ccacctgcgg ccccccgcg 860

45  
<210> 45  
<211> 676  
<212> ДНК  
<213> Zea mays

50  
<220>  
<221> misc\_feature  
<222> (1)..(676)  
55 <223> k e g aõo t

<220>  
60 <221> misc\_feature  
<222> (1)..(676)  
<223> m e a aõo c

```

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(676)
<223> r e a aõo g
5
<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(676)
<223> s e c aõo g
10
<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(676)
<223> v e a aõo c of g
15
<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(676)
<223> w e a aõo t
20
<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(676)
<223> y e c aõo t
25
<400> 45
catctggtcc tgcggcg tca tcctcttcgt gctcctcgcc ggctacctcc cgttccacga      60
cgccaacctg gtggagatgt accgcaagak sagmaragcc gacgtcaagt acccgcagtg      120
30 gttctccctt gagctscggc ggw tgmtgcc caagctcctc gaaccgaacc caaacaayag      180
grtcacratm ragaagctgg tckascaccc ytgggttyawg aaggggtaca sgccgscctg      240
35 catgctggca cagccgcacg gctccagcag cctcaaggat gtccaggtcg ccttcagcaa      300
ygcygaccac aaggacagca gcavcaaggt ggaacagccg gcggacagct ccttgaagcc      360
ggcgagcctg aacgcgttcg acatcwtctc ccactssrga gggttcgacc tgtcaagcct      420
40 gttcgaggtg gaccaagagc agaaggccag caactcgcgg ttcattgaccs araayccggc      480
gtcggcgata gtgtcaaagc tggagcagat cgctgagaca gagcgcttca tgggtgaaraa      540
45 acaggacggg ctggtgaagc tgcaggggtc caagcaaggg aggaaggggc agctcgcgat      600
cgacgccgag atcttcgagg tgacaccggc ctttcacgtc gtcgaggtga agaagtcggc      660
aggcgacacg ctggag      676
50
<210> 46
<211> 742
<212> ДНК
55 <213> Zea mays
<220>
<221> misc_feature
60 <222> (386)..(386)
<223> s e c aõo g

```

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (516)..(516)  
 5 <223> n e a, c, g, aõo t  
  
 <400> 46  
 gcaatgtgaa tgaatatatg acgcaccatt atgttatgtg tgacatatatt tgattttctat 60  
 10 acttctaagt atttctctgat catctgggac gtgtaaacat aaaaagataa taaactaact 120  
 gcattcgaga tcatgaccag taataacaaa caaatgtaat ctgcagtgag aacagataag 180  
 tggccacata accaaaacct tgagtctgca cagcatctta attgtcactt aacacaagaa 240  
 15 aacaatttag acagttataa gcaacatata acattgacca ttgatcattt aggttaacat 300  
 ggggacaaga cataattgat tgctaaatct atctgtaagc tttattaatc ttataattca 360  
 20 taattacaat gagttcattg caaccstcaa ggtgtaatgt tacagcaagt caaccacagc 420  
 agcacagaac aagaacatgt tgtagaccta aggttttagt ctccctttga actctattac 480  
 tcagatatag agtatatatc taacaaaaat ggtacnggaa aagcatacct aagaaaccac 540  
 25 aagccacaga attgatgtag cttcgagctt caattgaatc cagacctagg acaattatgt 600  
 ggaactgact gtagaactct atctctttat cttcaatcct gcaaaaatga ggaactatgt 660  
 30 tcacccatt aactcgctcc ataaccctct tcgctgctac ttcagccttg gacttcccaa 720  
 catcttgaac tctgtacagc ag 742  
  
 35 <210> 47  
 <211> 808  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays  
  
 40  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (87)..(87)  
 <223> r e a aõo g  
 45  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (182)..(762)  
 <223> n e a, c, g, aõo t  
 50  
 <400> 47  
 gagaagcaac atgacggcaa gctcagtggc tacattcgaa taaggagcaa gacccagggga 60  
 attgcactca gcttagggga caagatract ctcaagcaga aaggtggcag ttaactgtga 120  
 55 caagtaatcg cagttgtatc atcatttttc gcatttagga aatccacgtg ccagagagag 180  
 annccagtgc cgtggcattg aactgagtat aaatgctttt ttgtacaaaa ggatcgatca 240  
 60 aagagagaga ganntaagag gacagttatg aggaggaagt cacnnnnnnn nnnnnnnnnn 300

nnnnnggtgt tagagacccc tgagcgcgaa gttgtcggtc gaagatccat gttgctgtag 360  
taacgatgct gttccaanct tccttgaaat agttgtgaag tttatgttga tttctcgaca 420  
5 ggtagttcaa ttgtgatctt gtactattac nnngaataccc tcttgtttta atgttttatt 480  
tgccttttta ttttagttgt ctggacttgg aacagaagc ttggaggncg gtggtgtcac 540  
gttatttttg tagagatgaa ttggagctca ttttctgtta cgtatagatt tgccaattgt 600  
10 gttaggttat ttttagcgtg gttatttgag aaatgaggta gtccattatc ttctcactca 660  
ctttcttctt ttgtttgtgg aatgaaatga ggtaataaaa ctgaancccg aaacgaagat 720  
15 ggccttaggc tgacgatgag acccantaga acttccnnnn nctactatt actctactag 780  
ggcctaggaa gtgatcatga tatggttg 808

20 <210> 48  
<211> 1088  
<212> ДНК  
<213> Zea mays

25 <220>  
<221> misc\_feature  
<222> (83)..(1064)  
<223> n e a, c, g, aõo t

30 <220>  
<221> misc\_feature  
<222> (472)..(472)  
<223> r e a aõo g

35 <400> 48  
atagtgc aaa tctgagtgtt aaccataata acacaaatct gagtgtcgca cagagaaaag 60  
gataacgcat gtagcagatc aancatattt ataatcatag tgcacgcgag cccaatattg 120  
40 aaacagataa aaatacatta accagtagag agttgtacca agagagaaca gaacttactt 180  
cctgagcctg agctggggtg gcgactttgc cagttccaat agcccagact ggttcatagg 240  
45 caagaacaac gttgctccag tccttgatct tctctgtaaa acaaacagcc atttgatcca 300  
ttcagcctga tttttcgtat aggggtcaaaa aaaacttggg aacttcaaag caaggcacta 360  
aatgttcaca tgaacaaaac aaagggcaga ccagctccc acatgaatgt ggggtctttc 420  
50 cccacaaaat gcggaaagga aaatccagca tgtaaattca tccaagcaac araaacaaaa 480  
actcggccgg ggaaggaaac accgccctcc cggtattcta ttaagaagag accgaaacat 540  
55 ggtcccggcc gaaaaaatcc ccgaacccta gcccccatc actagttggc cgtcatcgcc 600  
cactctgcaa atgccaacc ggaggggtgg gntgcatgac ataaccgag agcgggcggg 660  
gcacaacgaa gggatttttt aaccaagccc gaaattcgcc ctcaaggggg atcgaacccg 720  
60 ggacctggag gtgctacttg gaagctttaa ccattacgct aaaggccctt tcgcagcgac 780

	agaaacacac ataagttgat tcctaaacta aagctgttac agaaaaacag taatgtccga	840
5	actccggata thtagattat ctaacagaac tgatcaccag aagcaaaggg cctgttcagt	900
	ttgggtttca gctgctgtgg ctagctgcag ctagcttata actacagtaa ctctactgtg	960
	acacctgaga ggcagcagcc aacgactgca taaatgccaa ccgaacaatc tcaaccaaaa	1020
10	gatgtatagc tacatttata taatgaacca acaaggcagc aacncttcat taccattaaa	1080
	aaactaac	1088
15	<210> 49 <211> 935 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<220> <221> misc_feature <222> (84)..(804) <223> n e a, c, g, або t	
25	<220> <221> misc_feature <222> (166)..(166) <223> s e c або g	
30	<220> <221> misc_feature <222> (224)..(224) <223> w e a або t	
35	<220> <221> misc_feature <222> (650)..(892) <223> r e a або g	
40	<400> 49 atcaagagca gcagctgctt tgctgagaaa caggctgacc ccgcatttgc acagttgcag	60
45	gcctactagc accacttgca gctnggttga cttgccatcc tatccaacaa ggagaatgaa	120
	gaatgattag gtgctcccgat atacagataa acaatagcaa acatastgat catgggattc	180
	atggcttatt tttcactttg aatcatatgc aatattatnn ngtwgcacag tgttctttgt	240
50	ttgtactcag tccctcaata aaagagggcc tccatatgtt gacatactat acttgatgac	300
	tcnnaagga atgagaaaat gctgccacaa aaaagtctac aacacaaatg atctagttac	360
55	ctgttcttta tctcccctgc catgggtcatg aatgccttct ccacatttgt tgcatccttg	420
	gcactagtct caaggaatgg tattccgatg tcatcagcaa gggcctatga tgacaagcaa	480
	catgcagcca atttaactat catcccgggtt gaaagaagca tgtccagtaa aagtaattaa	540
60	tgacagagaaa tattaccttg ccagcctcgt aagaaactac tctgttctca gccaggtcac	600

	acttggtccc caccaaaagc ttgttcacat tttcactggc atacctatcr atttcattca	660
	gccactgctt gacattgtta aagctctcct ggtcagttac atcatacaca acctatagaa	720
5	atacaaaagt ttaaacaaga ctcagattaa caaagatgag ataatagcag ataggaaaaa	780
	aancgaaata agaaaaagaa agcntcacia taatgccatg agctccacgg tagtagctgc	840
10	ttgtgatggt cctaaagcgt tcttgccag cagtatcca ctaaatacaga araatgtgga	900
	gaaacataag tgtcaaagct tctaactgtt aggaa	935
15	<210> 50 <211> 579 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<220> <221> misc_feature <222> (541)..(541) <223> w e a або t	
25	<220> <221> misc_feature <222> (556)..(556) <223> n e a, c, g, або t	
30	<400> 50 cgacgaggag attctcgggc ttgaggtcgc ggtggaagac gccgcgggcg tggcagaagc	60
	cgacggcgga gatgagctgc tggaagtacc tgcgcgcggg gtctctcttg agggggccct	120
35	tggcgacgcg cgcaagagc tccccgccgc ggacgaactc catgacgaag tagatcttgg	180
	acctggtggc catgacctcg aagaggcgga cgatgttggg gtggcgcacg cggcggagga	240
40	tggcgatctc gcgcttgatg tgcgggacga ggccgttgcg cagggccttc tccttgtcga	300
	gcaccttgat ggcgacggtc tcgccggtgt cgtcggcggt gcgggcgtgg tacaccttgg	360
	cgaaggtgcc gtggccgagc aggcggccca gctcgtagcg cccagcagg agggccccgc	420
45	gcttggcggg ccccaggag gagggccggc gccggggctg cggtgacgcg tcccacgacg	480
	gcggcggggt ggcgccatc aggtagagga ggaggtcagg cgcgcggaga aacggagcgg	540
50	waggcagaat ggccgnttag gtggtggtgg tagcgaggg	579
55	<210> 51 <211> 319 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<220> <221> misc_feature <222> (21)..(279) <223> n e a, c, g, або t	

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (111)..(111)  
 5 <223> s e c aõo g  
  
 <400> 51  
 cacctcggac accggaattc ncccctgtag atcttacggt acatngccat gaggttcttg 60  
 10 tcatgaaaag gaaggtagcc agccatcagc acgaacagga tgacaccaca sgaccatatg 120  
 tccgcctnng cgccgtcata accgcggcgc gcgagcacct ccggggcgac gtagganggc 180  
 gtgccacana aggtgtggag gaggccgtcg ggggtggaact gatcgggcac cgccgagagg 240  
 15 ccaaaatcgg anaccttgag gtcgccgcgc tcgtcgacna gcagattctc gggcttgagg 300  
 tcgcggtgga agacgcccc 319  
  
 20  
 <210> 52  
 <211> 614  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays  
 25  
  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (44)..(568)  
 30 <223> n e a, c, g, aõo t  
  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (442)..(442)  
 35 <223> s e c aõo g  
  
 <400> 52  
 gccaaacaag cactcttcta gttcttccgt ttctcacttt ctcnnnnnnn nnatctcccc 60  
 40 tttatatgaa taatataaat gtcannnnnn nncataagta aataaaca aa taaatcaatc 120  
 antattacta cgaagctgtc ctcaccgcct tctctctccc tccgaatcna aacgcggacg 180  
 caaatgttgc tccacgccgg tccctcggtc ctgctcgcac cacctccgcg cttngccgcc 240  
 45 gctccgtcgt cagcttcgcc gaggcgatcc aggacaccgc aatcctcgcc gncgangtcg 300  
 catttcgcgc gccccgctga tcccgtggcc canagggngc gtcccgtcgc gcngaggccc 360  
 50 cccatggcga cggcgganga gggcgccagc tctgangtng gngtcgccgt cgccgagtcc 420  
 gcacaggttc ggccgccact gscctcctc acatnncaga gtttacgcaa ttattatcac 480  
 ttgggncact cgtttgccaa ngattacgcg attacgccta acctgtcggg cgggtctaca 540  
 55 tngtagtcac actcacagca atgccccnaa ccgtttgtga gtcgtgggtg atgatctgtg 600  
 ttccacctgc acca 614  
  
 60  
 <210> 53



<211> 710  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays

5

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(710)  
 <223> s e c ађo g

10

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(710)  
 <223> y e c ађo t

15

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(710)  
 <223> r e a ађo g

20

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(710)  
 <223> m e a ађo c

25

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(710)  
 <223> k e g ађo t

30

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(710)  
 <223> c e a ађo c ађo g

35

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (593)..(617)  
 <223> n e a, c, g, ађo t

40

<400> 53  
 agcatsacca gaagcagagc ctgatggaca aggcgaaggg gttcgttygyg gagaagatcg 60

45

cgcacatccc caagcccagag gcsacgttg acggcgtgac gttcaagggc ctgagccggg 120

agtgcatac gctgcacagc agcgtgaacg tgtccaaccc ctacgaccac cgcctcccca 180

tctgcgaggt gacctacag ctccggtgcg ccggcaagga ggtggcggtcc ggcaccatgc 240

50

cggacccccg ctggatcgcc gccagcggct ccaccgcgct ggagatcccc gccaaaggtgc 300

cctacgactt cctcgtctcc ctcgtcaggg acgtcggccg ggactgggac atcgactacg 360

agctccaggt cggrctcacc gtcgacctcc ccatcgctcg caacttcacc atcccgtctt 420

55

ccacctcygg cgagttcaag ctccccaccc tcaaggactt gttctgatct agtagtagct 480

cgcttgccct stgttctgtg cgggcgcgca ccagcgatct gtacgacgas cttttgcaaa 540

60

taaamgamgc agctcctctg ttctatatat ctmagkgrat gsmtrrkyta aknnnnntnnn 600

tgrytnnryn nnnnnnnnaaa taaagagctg gatttcrttc aggttcctgt ctcyagctg 660

gattycatts gggcatccac crtgatstgg atgtgcctgc cgcgtccgtc 710

5

<210> 54

<211> 838

<212> ДНК

<213> Zea mays

10

<220>

<221> misc\_feature

<222> (8)..(825)

15 <223> n e a, c, g, або t

<220>

<221> misc\_feature

<222> (126)..(126)

20 <223> r e a або g

<400> 54

acgacgangg cggcgtaacnc cttggggatc tccgcgacgc cggagaagcc gaactnggcg 60

25 ccgatgaggc tgcccacgac gatctggcac gcgagcatct gggtgccgcc ctgcaggaac 120

agcttrcggc ggccgaggcg gtcgacggcg acgatggaca cgaaggtggc gaagacgttg 180

acgaggcccc tgatgacggc ggacatgagg gaggcgtcgt ccgcgaagcc cagcgtcttg 240

30 aagaggacng gggcgtagaa catgatgacg ttgatgcccg tgagctgctg gaacatgggg 300

atgncgatng ccatgacnag ctgcggggcg tagcgcggn gcaggatgtt ncgccagggg 360

35 tgcgccacca gcttgactc gtcgctggcg gccaccaggt cncgtactc ctctccacg 420

tcgtcgggtgc cccgnacgcg cttgagcatc cgcttgggcg cgtcgggtgta gccgcggtcg 480

atgagggagt tggngtgtc gggcaggaan agcgcgcca cggcgatgat ngccgccggc 540

40 acggccgcga gcgcgaggct gacgcgccag cccagccgc cntnatctt ggcggtgccg 600

tanttgatga ggttggcga naggatgccg atggtgacca tgagctggaa gccgatgttg 660

45 agcatcccg cggagcgcg cggcgccatc tccgagaggt agacgggcac ggactggttg 720

gcgaagccna cgccnacgcc gaggaggacg cggccgagga tgagcatgcc cacgtccttg 780

gcggcgcctt tgagcgcggc gccnacnagg aacgtgacgc cgcnccgaa catggacc 838

50

<210> 55

<211> 844

<212> ДНК

55 <213> Zea mays

<220>

<221> misc\_feature

<222> (69)..(824)

60 <223> n e a, c, g, або t

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (193)..(193)  
 5 <223> r e a aõo g  
  
 <400> 55  
 ccagttcaag acagaggaga tgaccaacat catgaaggac ttcgacgagc cggggttcct 60  
 10 ggccccgann cgggcctctt cctcggcccc accaagtaca tggntcatcc aaggcgagcc 120  
 cggcgctgtc atccgcggga agaaggtnnn nactgatccg tcgtcgtcta tgctccccct 180  
 ctcgatctcc cartataatg cacgtcgatc atctttctct tgtttcccta gggatctgga 240  
 15 ggcataactg tgaagaagac agggcaagcg atggtggtcg gcatctacga cgagcccatg 300  
 acccccggcc agtgcaacat ggtggtcgag aggctcggcg actacctcgt agagcaaggc 360  
 20 ctgtgaatgg attcatttaa cctcgctcgc tcgcttgtcc atggttcgag catccagcag 420  
 caacgatacc aacatcagca ttatttaatt ggtagcctcc tctagctacg cacgcatttt 480  
 nagtccccta cacgcccttg gattgtgcgt ggctctgtta atcatctctc atccttcgtc 540  
 25 tgccatttct cccctgcccg tcgccgatca ccagagattt ttgttccttg ttggtaccat 600  
 gcattttggc aaataatttt gtaattccac ccccaaatta aagtttggtt gtcgtatggt 660  
 30 ttgtaaacc cagaacaatat atatannnnn ntgtgtgtga ttgaactggt cctgtctatt 720  
 ctttttgtaa nacgggaata tatatgtatg ctttttgtgt gatgcatgcc ttccagggcg 780  
 acgactaatt aatgtgcaac cagtccctca tcnnnncatg nnnntatggt gaagggctaa 840  
 35 aggc 844  
  
 <210> 56  
 40 <211> 652  
 <212> ДНК  
 <213> Zea mays  
  
 45 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(652)  
 <223> k e g aõo t  
  
 50 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(652)  
 <223> s e c aõo g  
  
 55 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(652)  
 <223> y e c aõo t  
  
 60 <220>  
 <221> misc\_feature

<222> (1)..(652)  
 <223> v e a aõ c aõ g

<220>  
 5 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(652)  
 <223> m e a aõ c

<400> 56  
 10 gtggaagccg ccgcggtttt cttgaacaaa gccgtcaagc cagtgttgt aggtgggcca 60  
 aagatgaggg tgtccaaagc atgcgaagcc ttkgcagagc tggcagatgc ctgchgctat 120  
 cccgtcgccg tgatgccttc tgcgaagggg ctagtgccag agcaccactc taggttcatt 180  
 15 ggcacgtact ggggtgcggt gagcactcca ttctgtgtcg agatcgtcga gtctgcvgat 240  
 gcctacctat ttgctggccc cgtattcaac gactacagct cggttgggta ctgctgctc 300  
 20 ctcaagaagg agaaggccat cattgtccaa ccagagcggg tggtggtcgg scayggaccc 360  
 gcgtttgggt gtgttctgat gaaggatttc cttcatgccc ttgcaaccg tctgaagaag 420  
 aacactgcyg cgtatgagaa ctaccgtcga atttatgtgc ctyyaggcga accacttyca 480  
 25 tcygaacctg gcgagccgtt gagagtgaac gtgctmttca agcatattca ggcaatgctg 540  
 tcyggcgaca cggctgtcat cgagagact ggggactcgt ggtttaactg ccagaagctg 600  
 30 aagctaccgg aaggctgtgg gtaagctcct ctttcgaatc atggttttgc tg 652

<210> 57  
 <211> 659  
 35 <212> ДНК  
 <213> Zea mays

<220>  
 40 <221> misc\_feature  
 <222> (23)..(647)  
 <223> n e a, c, g, aõ t

<220>  
 45 <221> misc\_feature  
 <222> (173)..(173)  
 <223> k e g aõ t

<400> 57  
 50 ccaacagatg ctcaggtgaa ccnagtccag cagcataggc ttctaaacct actattaggg 60  
 gaaaangaaa taacttatgg cgtcgaccac aaacacactg atgcacgaga agtatttcta 120  
 gctgttgta tctgtgaggt tgatcctgcg gcggcgggcg gctcgacacg atktgaccat 180  
 55 aaacgaactg gttccactg tccggcacgc cggggaggca ccagtggatg caatccgcga 240  
 acttcctcgg gttcgcttc tgctcgggcg tcaggagctt cccctgccgc agcgtgtgca 300  
 60 cggaggtgtg cgcgtccttg cggatctccg acagcgcggt cacgtcgacg aagcgcaccg 360

	gcaccttctc catcgacctc gtcacgcgct gggcgggccgc gaagaggtcc cagtccgtgc	420
	ccacctccag tttcttcgtg tagttgatcg ccggctgcgt ctcgagaag cattttacgg	480
5	cgttggggct gccccagcct tcactcctgg accacaacaa gacagtgagt gannnnnnnn	540
	nnnctgtgga ggggcagaaa ttctgcatat caagcaaggc acggatggat acttactgca	600
10	tatgtaccgg tgacacgctc atgaatagga ccgtgcttct cttgggnatc aatgtgcgc	659
	<210> 58	
	<211> 600	
	<212> ДНК	
15	<213> Zea mays	
	<220>	
	<221> misc_feature	
20	<222> (21)..(486)	
	<223> m e a або c	
	<220>	
	<221> misc_feature	
25	<222> (34)..(34)	
	<223> n e a, c, g, або t	
	<220>	
	<221> misc_feature	
30	<222> (173)..(173)	
	<223> k e g або t	
	<400> 58	
35	ggatctggac aatatttcac magccaaaaa gacnaaaaaa aaatcaagca cctgtcttcc	60
	atccaagcaa cactgtacag gtcacccaag caagtgtcat actccggtgg agggctcggg	120
	aactcgccag ggcagtatgt cccccagctg ctctcctctg catttgacgc ggkggtcgca	180
40	tacacattga tgtcattcgg caggaggccc tcaaagatgc tcccagattc gcatgcttca	240
	aggtaaaaga cctacaaaag gtgaaagaat acacatatac ctcaagccct tgctttacat	300
	atcacaacat ttcagagcag aactgaacaa acagctaacg gtaccaggct tttgtaggtc	360
45	ccggcagcat gcttcttctt caggacatct acgaggatcat caccatagag atatggatac	420
	gtaggcattc ctgaattttt ttacagagta aataactgtg tctatttttg ttctacatgc	480
50	atgtamgaac tgatatttta tctaagaaac atctaactctg aatgaaatca gtagcaatta	540
	gttgcgagta cagaccaagg acaccaggac ccccatggtc actgtagaaa acaaagatat	600
55	<210> 59	
	<211> 890	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
60	<220>	

```

<221> misc_feature
<222> (1)..(890)
<223> k e g aõo t

5  <220>
    <221> misc_feature
    <222> (1)..(890)
    <223> m e a aõo c

10 <220>
    <221> misc_feature
    <222> (1)..(890)
    <223> r e a aõo g

15 <220>
    <221> misc_feature
    <222> (1)..(890)
    <223> s e c aõo g

20 <220>
    <221> misc_feature
    <222> (1)..(890)
    <223> w e a aõo t

25 <220>
    <221> misc_feature
    <222> (1)..(890)
    <223> y e c aõo t

30 <400> 59
    taactgctaa waactatagg cgggattatc atctggggttc aaatatatttg acttatgtgc      60
    tcctttgagg cggcgaggca gccacacca cacgcagtgg cctgtggcgc ctgggcgggtg      120
35 agtccgccta tgactgcgaa yggtayratt ttatrrggca tccttttttag ttgattgrat      180
    tggttgtagc ytgaacctta tctaccatty tatctcccct gcttgtsgtg ttytatgtcc      240
    ctgttcrzca gctcatccca gcgctgcttg gcagccatac cayagtsctt ttatgctcac      300
40 agaggcagca gcagcagcag ccgagacaky agtggccttg agtgcagccr agaygrmyta      360
    ttggcatttt atctrctctt yctgagakat gaaatgrgac attgtagggtt tatgcatatt      420
45 cagccrcctt tgctagttat tatgtgattt tgtaaayttc ctgagcctgc sactaaatta      480
    tttcaacata tttagtaatg cgmtgggagt atatgcagaa sttaagtacc ttttctgttt      540
    gttttgtcaa caaagtgagc aaaaaaaca tgcttygttw tgtgtggcca tgttgcatga      600
50 gtgawgaagc acrtgtttct ttcttttcac ctgaaaagta aaatarittct gcaagyagaa      660
    tctckagtta yggaatgtta tttctgaatm ygcagttcrc atcatgttca gtcaagtact      720
55 agcactgarg gttgcttcct ttttgatatg tgcagaaagc acttgcaggt ctgagaagaa      780
    tcaatttaga tgggcttcga tggcgcgtat ttgatgctaa gggtcagggtt aggattgttt      840
    ttctagyttg artagcatgg atgaacttat ctcaagaagg atagaggcta      890
60

```

```

    <210> 60
    <211> 505
    <212> ДНК
    <213> Zea mays
5

    <220>
    <221> misc_feature
    <222> (267)..(505)
10 <223> r e a або g

    <220>
    <221> misc_feature
    <222> (387)..(411)
15 <223> n e a, c, g, або t

    <220>
    <221> misc_feature
    <222> (481)..(505)
20 <223> k e g або t

    <220>
    <221> misc_feature
    <222> (481)..(505)
25 <223> s e c або g

    <220>
    <221> misc_feature
    <222> (481)..(505)
30 <223> w e a або t

    <220>
    <221> misc_feature
    <222> (481)..(505)
35 <223> y e c або t

    <400> 60
    atcaacgtgc agaacaagaa ctcgtcctac ttcgtggagt ggatcccca caacgtgaag 60
40 tccagcgtgt gtgacatccc gccgaggggc ctgtccatgg cgtccacctt cgtcggcaac 120
    tcaacttcca tccaggagat gttccggagg gtgagcgagc agttcactgc catgttcagg 180
    aggaaggctt tcttgactg gtacacgggc gagggcatgg acgagatgga gttcaccgag 240
45 gccgagagca atatgaatga cctcgtrtcg gaggaccagc agtaccagga tgcgactgct 300
    gatgacgatg aggaggccga gtagaggac gaggaggagc cagctgatgg catgtgaggg 360
50 gaggctgtta aatgtgaagc ctggtgnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnn natgtccct 420
    ttcgtgttgt cgccatgtta tactagtaca ctagcatacc accctcgtgg cccattccgt 480
    cgatsgtrsy tgttktrsc kwwgw 505
55

    <210> 61
    <211> 547
    <212> ДНК
60 <213> Zea mays

```

	<400> 61	
	tagggtcctg ctacaagaga tcgccacatt ttattgctac ggaagtccag ttgtgtctgt	60
5	ctgtttggtg gtcattggata tggttcgggtt ttactgctg taaaaagga ctggggaaaa	120
	aatgcaaact gacttggatt ttttgttctg ttctgcatga agatgaaatg gtagggtcgt	180
	cggaggagga cgaagcatgc tcgggaggag acacggaggc gacggagccg gggcagcagg	240
10	agcacagctc ccgcctggcg gaccgtgagc tgaaggagat gctgctgaag aagtacagcg	300
	ggtgcctgag ccggctgcgg tccgagttcc tgaagaagag gaagaaaggg aagctgccca	360
15	aggacgcgcy gtcggcgctc atggactggt ggaacacgca ctaccgctgg ccgtacccta	420
	cggtaacat gcatgcatcc tggcaaacac gcagcagcag catcgctcgc tggaatggca	480
	gatctgtgac cagcattagc cggcgggtgca ggaggaggac aaggtgaggc tggcggcggc	540
20	gactggg	547
	<210> 62	
	<211> 490	
25	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 62	
30	tagccgtcct gcaaacctcc tggataaagt ttggacctta tttaggaaga gaagcacctt	60
	ggacgagccg cgtggatatca attcttgccg ctctcctccg ctttcatctt cttctccac	120
	ctacgtttct ggtggaaaaa aagtttcaaa gcacgaacag agagatgagc cagttagatc	180
35	ttttttcaag ggatgccttc gttcaatcac tattacagct atcgttacat ttgatctgaa	240
	aacacaaaca tggcatcttt gtgcaccaag gtcaatgcag gataaaaagc tggatcgctg	300
40	acaacagata ttgattgtc cgttgaaaaa ttttttttca atggccacag ttttagaaaa	360
	tattttccca aaattatgtc attactatta ctagactagc aaagtagata atggcgagca	420
	accatcagga aatcttgcca tcagtgcagc agaactgcag acccttatat tagcgcacca	480
45	gcagaatcta	490
	<210> 63	
	<211> 420	
50	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 63	
55	cgagtgggtt gaggttggca cacaagtatt gaatattgat aaatcacaca tacatctaca	60
	gggcggacaa aggtgacacc attaaagtgt caggtgttta tcaccttgat gagaaacaga	120
	aggcctcagc tgtggctgag ctaaccggga ggctctcaac aaatcagaac aactcacag	180
60	tcggtggact gtacacagtt gatccccaga cagctgtgaa ggcaagactc aataaactg	240



	gaacgcttgc cgcgcttctt cagcatgagc ttaaacccaa gtcgctcttg acaatctctg	300
	gtgaattcga cacaagggcc ctggacagat ccccaaagtt tgggttggcg cttgactga	360
5	agccctgatc agatcatccc atgttgattg gtggtgaatc ttgaattcat tttttttttt	420
10	<210> 64	
	<211> 1015	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
15	<400> 64	
	cttaatatgt gagttttcta agttagcaat cttatatatt taggcactgt atgcgactgt	60
	tgtttgacaa cccttaagct tatttgatac ctgtaatatc tttattgatg gtttaattgca	120
	aatccctgct tgatgcatct caacttcaag ttgttttgta gctggtttag tgcataaaat	180
20	tagtcaaaat attaataatac cggtcaccgt catttcacct tttctcactg acatttctca	240
	aatggagttt tgaaagaagg ttttacttca cttatatacg tttgcaacaa acatgagttt	300
25	ctaactcact cagattataa aaaaactcag ccggggaggg aatgaccgtc ttgctggtat	360
	tatattaaga agagaccgaa acaatggtcc tgccgagaaa atcctcgaac cctggccccc	420
	atcactaacg gaccggtgtc aaccgtcaac tctgcaacgg cccaaccgga ggggtggcgca	480
	taggacatcg taacccgaga ccgagagcgg atggggcaca acgagggaat ttttttaacc	540
30	aagccgaaaa attcgcccct gaggtgttac tcggaagcct ttaatcacta ggttagaggc	600
	cctttcgcaa ctactcaga ttattgcatg tacagaaatt ggtcaatgta actgactttg	660
	ctagtgtttt tagtttcact gaaaaaagga tctcttgtag taagctggta gcagtatggc	720
	taatattaag ctgtgcctcc agtaagggtt tgggtgctcag ctttttggtt ttctaattga	780
40	gtcaaaagtc ttatgtataa tcttatatta aatgaaattg atgtcatagt tcctcaacag	840
	atataatccc atttttaagg acgtttaacg tcttattatt gcagttacat ccaaattttc	900
45	tgtaacttat ccaaccttct cttgcaggaa caacaaggga gacaacctta ctggagctta	960
	ctaccacaag gtgagcgaat tgacaaacac agctgttggg gcagagctta cccac	1015
50	<210> 65	
	<211> 900	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
55	<400> 65	
	acaactacaa ggacctcgaa gccgaggctg ctgcggcgac ggaccaggtg ccgccgtcca	60
	tcgtcaaccc cctgctcagg acggggtacc acttccagcc cccaagaac tggatcaatg	120
	gtaatgtaaa gctactaact aatccaccac ccaacgtcgt ttgaagggtga tgtgtgtgtt	180
60	aagcatctcc tgaaatatat aagagagcga ggctagtaat cggcttggtt ttcagggttt	240

	tgggtttacca cttgtagcct caactaataa agctatatat atgagagcga cgagagagaa	300
5	gagacaaaac attcatgagt atggtcagac agactagcta gctagacacg gcagagaaat	360
	tacgagagtt aaaaaaatg cgcttgaagg gtgaaccaa acaaaacaac tttagtacta	420
	tgcgtcaaca aagctgtgtt catgtgtcag ctagcactag agtcatagtg cgtggccagt	480
10	gagctgttgt ctagcaacca acgcgaactg aagtttgaga gcgtactcgt gttctcgatc	540
	tcttgcagcg caaagggtctt cgtacgtgat caggaatatt gcaccattta ctgcttaatt	600
15	aattaagtac gtacgtactg tacgtttggc tctacctcat cttctaattt tttcgggtgct	660
	gtcttgtgct ctctcggctc tgattgcacg gatcggcggc ggcgtgaact ttgcaacggc	720
	ggcagatccc aacggtaata agtcgttttc cccacccttt ttatttcctc taataatgca	780
20	tcaatatcc aactgggtgc atatgcatgc gcgcagcgcc catgtactac aaggggtggt	840
	accatttctt ctaccaatac aatcccaagg gcgcggtatg gggcaacatc gtgtgggcgc	900
25	<210> 66 <211> 344 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 66 gggcaggcgt gtacaagccg ccatacggag gattcgtgga cgtcgacgtt gaggagcacg	60
	agaccatcaa tttgagaacc ctggtgagtt tttttttctt tttacttttt tgctgctttg	120
35	tccttcagcg atctgctcag ttcgtttgtg atttgcacag attgatcact cgggtggtgga	180
	gagcttcgga gctgacgggc ggatgtgcat cacggctaga gtgtaccctg agcacgcgga	240
40	gacgagcaac aaccacatgt tcgtgttcaa caatggcaca ggcacggtgg aggtgtacaa	300
	gctcgaggca tgggagctcg cggcggcgac cgtaaattcc gttg	344
45	<210> 67 <211> 7375 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 67 aatgtcaagt atatccattt aaatatcatt aggtcccgtt tgtttccttt cattttaagg	60
	aattggaatc ttactaataa aataagctat ttttttagaa tacgagattc caccactttc	120
55	caaagttatc agataagcct atctcaaatt catgggggtga gagatggaaa ttgattctat	180
	agatttacat gttattttcc cgatgtacaa cttatatcat actctcctaa ttgcttcgct	240
	ataacataaa tgcactatat aactatctct cttatatgat ttaggataat atacaaatat	300
60	attacatata taaatatatt aacttaatta gttttgtcta aattataatt attaaaatgg	360

	aattcaattc caacgaaaca aacgggccct tacaaaattht ctagtatcat ttaaccatct	420
	attcaacaca ccaaagataa ttggataaaa tagcaacact aggacaaata ctacatagca	480
5	cattacatgt tccattatat ggtcattaaa ttgtcgttaa gccttctata acattatggc	540
	ctaaaagggtt gttaaatagt aaaaaaagat ggatgactaa agtccaagtt catgcttggg	600
10	ctaagtttat attgggtatt ttataccacg ggttaacggg tatgggtgaa ggcggaacgt	660
	tctgattccc gtttacttat tgggtgaaga tttttgccta ataatagacc tacgggtgaa	720
	tatttatccc acatatatat cctagtggag tcaatatcca tcggatatcg gtcgtgggta	780
15	cccattgcc a tctctagatc gaagagtaga aatttacttc ctaaacctct ctctgtctca	840
	tgcagcacia tagacgcttt gtttcgttgc aacagcttgt ttctctttga cgtccaaatt	900
20	cgtctatcta cggaccacg gccgcccaga ttttgaaatt tcaaacgga acacaccccg	960
	gggttcggag tatctgctgc ccctgcggtc ctggaaagcc cggccacct ctcaattgca	1020
	ccaccagctc accggttccg gtcaacagtc tctcgcgggt gcctgtgccg gtggtectcc	1080
25	gtcctggctc tggctgccac ccacctcccg attaccgttc tcgcctcgac ttcaaaacia	1140
	gagcccagat ctaaaccaag cagccccatc tttgccacac cacaccccca gtattcgaat	1200
30	ctctcgtgcc cagatgcggc aaattaaaaa caacggacag acgcggaacc cctccggcca	1260
	acggatctca ccctctgcgg catgggtccc actcacgctc gggteactc gacagcgtgt	1320
	agggcagaga ggcgagcgg accagtacca taggcctccc gacgcagtcc gggcagcggg	1380
35	ccccgcggat tggaccggtc aaaaggcgtg gcccaaccaa accccaaggg atccggcgct	1440
	ttgtctgcac gtgaatggtg ccaagatcgc ctggttgaca ggtgggacct gtgaggttgt	1500
40	agaccacat gtctgtggcg ttaaaggagg ggggagggat cggcgggcgg gtggtgcgcg	1560
	cgggcaggcg ggcgtcgcgt ggtggtggtg gtggtgggtg ctttgactgc aggcctcggc	1620
	agcaggcaga gaggactaga ggagtcgggg cctcggagga ggggaggag agggcgaaga	1680
45	gtagggggaa ccaaactttg aagggtaaac ggagagttct ttcgtggagg aggaaggggg	1740
	ggacagcagg aggaggtag aggtatgtgc gcacctatct gttcttgctc ctgatttggc	1800
50	tgtttgtttt ttctgtctgt tcttcgctgt tggtagtttg tgaccgtgaa tgggcgttcc	1860
	tgggtccatgt tcgcgtgcgc tgctgccgat tctgggagct ctctggctgt ccgtctcgt	1920
	gggatctgcc ttttccccgg tgagagccgc ggaacgttcg ccgccttttc ttactcgcgg	1980
55	gccagttatg gtttctggag cgttttctct gttcttggcg aggtggatcat cgctctgaga	2040
	acgatgcgct ctttctccga gtttgtgctc aagttttcgt cagcctagag gctatagcgt	2100
60	ttgctgcgga tctcacgact tctctcttcc tcttctctat tggatcatac gttttcatcc	2160
	gaaatccatt agttagtgcc cgagccgtca attctttgtg gatttgcttg ttccccctcg	2220

	ttacaggctc	ggaaatgcc	ctgaacagat	tcacaggggt	cctagattag	gattattttc	2280
5	tatgactttc	caagagtcag	gagcacgatt	gctttctctc	ggctgtctgc	ctggttcatg	2340
	actcagccgg	gtttgcaagc	ctaggaagaa	cttgctcacg	tttcttacat	ttatctagat	2400
	tcgagggacg	ggttgtactc	gttaacaaag	ttcacctcgt	tagtcattaa	agctccgctg	2460
10	ttgtgaatga	tgctgccatt	gcgatatctg	gaatcatcgc	tctgatcgat	ttggttgtta	2520
	atccacttac	aggtagctca	atagatctac	tgctctcggg	ggagttaatg	caaagctgag	2580
15	ttgctgcacg	ttggctttct	tcagagatgg	cttcagctgg	tgtagcccca	tctgggtaca	2640
	aaaacagcag	cagcactagc	attggtgccg	agaagttgca	agatcagatg	aacgagctaa	2700
	agattagaga	tgataagggtg	aagatgcctt	gatatcttgt	ttcgggctta	ctgtaatttc	2760
20	ctcaagatta	tgtgaaaaat	gggactgtga	tgtaaccttt	gggtgtgaatg	ccaaatgcag	2820
	gaagttgaag	caaccataat	taatgggaaa	gggactgaaa	ctgggcacat	aattgtcacc	2880
25	actactgggtg	gcaagaatgg	tcaacaaaa	caggtgagtg	ctttactgca	tttgatcatg	2940
	atztatcaac	tattctacat	gttttttagtg	catgtctgaa	tctaataatt	gagagtcaag	3000
	accataattt	aatgtccttc	ttttgcatat	tgccaatata	tccatgttgc	taacttataa	3060
30	gattgtggag	ttgttctgat	cagttttgtc	agattctttt	tgtataataa	tgtgtattta	3120
	ttggttgcac	ttgcagacag	tgagctacat	ggctgagcgc	attgtaggtc	aaggttcttt	3180
35	tgggatcgtc	ttccagggtta	tttgcaataa	cttggtgactg	actttgatat	gtactattat	3240
	gtagccgcct	gtgggtgttg	tttccacggc	gctgcacatg	ttttagatct	tcatatcttg	3300
	cgtgctataa	atcacctttc	ttaatcagat	gccatttcac	ctgttcatag	gctaagtgtt	3360
40	tggagacggg	tgagactgtt	gccataaaga	aggttcttca	ggataagcgt	tacaagaacc	3420
	gcgagttgca	gaccatgcgc	cttcttgacc	accctaattg	tgttgctttg	aagcattgct	3480
45	tcttttcaac	taccgagaag	gatgagcttt	atctgaactt	ggtccttgag	tatgtgccgg	3540
	agacagttca	tcgagttgtg	aagcatcaca	acaagatgaa	ccaacgcatg	ccacttattt	3600
	atgtgaagct	gtatatgtac	caggtaatgg	tttgtcctgt	tcctttttgc	tgttgtttta	3660
50	attatacctt	aaagcttatg	ttttggggcc	tgtttgatgt	tgaaactaac	aaacatattt	3720
	catttcgcct	aaatattgtc	tgctccaatg	aatgtgctag	ttctttttca	atatttgata	3780
55	ttatattgga	ttttggcaga	tatgtagggc	attggcttac	attcatggca	ctattgggtg	3840
	ctgccacaga	gatattaagc	cacaaaacct	tctgggtatg	tggaataatct	gctattttgc	3900
	tactgtatct	ttttgtaaag	aaatgatttg	tactttgaaa	ttgatgttca	aacttcacta	3960
60	caggtgaacc	cacacacca	ccagcttaaa	ctatgtgact	ttggcagtgc	aaaagttctg	4020

	gtcaaggggg aaccaaacat atcgtacatc tgctcccgat actatagggc tccagagctc	4080
	atatttggtg ccactgagta taccacagcg attgacattt ggtctgctgg atgtgttctt	4140
5	gctgagctta tgctagggca ggtaaggtgt ctcaaatttt tattgccatt ttaaaaaagg	4200
	ttttcaagcc aacaaggtcc tttcagttca cactgtctta caagaactat ttggacagcc	4260
10	tttgtttccg ggtgaaagtg gtgtggacca acttgttgaa atcatcaagg taattgtcgg	4320
	ttctacaagc ttgtgaattg tcttctatag aagcataaaa tctgatcacc cctaaaatga	4380
	ttttgtatgg caggtcctcg gtacgccaac aagggaagaa attaaatgca tgaacccaaa	4440
15	ttacacagag ttttaagttcc cacaaatcaa agcacacca tggcacaagg tgctcaaate	4500
	tttctacatt ttgttacaat actctaagaa aactgttact gttgtgttac taatttactt	4560
20	tttgtacatt ttatctttca ggtattccac aaaaggatgc cgccagaagc tgttgatctg	4620
	gtctctcggc tactccagta ctccccaaat ctgagatgca ctgctgtaag tgcatgccat	4680
	tgtacattat acatgatgga aatacccctg ttgacttttg ttttctaaga tcttcatgaa	4740
25	tgttttgtcc agatggaggc acttgttcac ccattctttg atgagcttcg agatcctaata	4800
	actcgccttc caaatggctg ctttttgcca ccactattca atttcaagcc tcacgggatg	4860
30	tttcatgcct acataattca acatcgttat catagctgct acaaccagggt agcagtgtag	4920
	tactaagttt gttctttgta tatcaccacc ttacatgctc gccacctctg ttctgcagaa	4980
	cttaaaggag tcccatcaga cattgtcgcg aaattgattc cagaacatgc aaagaagcaa	5040
35	tgctcctatg ttggattgtg aaatgaccgc gccttgagac tggaacctgt ggttgcaatt	5100
	gtgaatttcc cctgggatgt ttgacgatct gaggcacgcg agcctggtgt tgaagatgca	5160
40	aggttacgta cttgtacgac aatgtgacct gtgtagctga gtagtctatg tcgcagtgc	5220
	atgtaacggc accccccttc ctactaactg acgcttactc gagattgcca tagttgatct	5280
	tgtaatttgt tatagagcag tatgaatgta tttatggtag cttgaatcta tgtatggatt	5340
45	cacttcgttt ttccatgttt ccttgtctcc agaccagat tgctaccgta ttgtttcaga	5400
	attcctagct acctgttgcc tattgagtat tgactaccag cttgcacttg tctgttattg	5460
50	cactggctgt ggaatcagct gttgattttt gccacaatat tttagtccag atgtactccc	5520
	tattctaaaa agaattgtgaa atcttactaa tagaatagac tactttttttt agaatttctt	5580
	tccattttga ggaattaaaa tcttactaat agaatagact actttttttt agaattgtgac	5640
55	attacaccac tttctaaagt tatcatataa gcctatctca tttatgggggt gagagatgaa	5700
	aattgattat atagatttac atactgtttt tccgatgtac aatttatagc acacccttct	5760
60	acttgcttcg ctataacata aatgtagtat ataactatct ctttcatgtg atttaagata	5820
	atatataaat atattacata tataaatata tgaacttaat tagttttatc taaattataa	5880

	ctattaaaaat aaaattcaat ttcaacgaaa caaacggggc cttgattaat tataaaatgt	5940
5	atTTTTgtaa taagttgatt taaagctata atgtaaatac tatttactag aaacttggtt	6000
	aaatatgaat tagtttaact aacgagttta attggcatac cacttatagt tatattcttt	6060
	gagacggagg gacgagtacg ttgttcgacg ggtctggaag tatgctgact tgatcgttct	6120
10	taccagaaag ttgcattatt gcagcgtttg agacgactga cgaggaaatg tgacacgcag	6180
	atgctactca gtgcttggca ggactgcatt ccaagtggtc cttctgggga gagaggaatc	6240
15	atagactgta gctccggttt cttgaaaaaa aacggttccc gtgaaatggc aggtatgggt	6300
	ctccggttcc ttgaaaact actctttgta aaatgaagta tgcttggctc tatcgaagtt	6360
	agctgttggt aacagccata ccagacaggt tctttcagtg tccggttaga ttttgaggcg	6420
20	tcgaggggtg tttggttgag aagtggagag ttcctttaga gtgtgtttag ttgagaagtg	6480
	gaggaaaatg gatcgactat attcctattt tttttatgtt tagtttccaa gaaaagcgga	6540
25	gcagagcggc tcctgaagtt ttagaaattt accataaata gtttaaattgc tcccgtccg	6600
	tcaaaacgaa catacacgag cgctctctc cctctacttc cttctacaac cgtatgtctt	6660
	tccaatcaag caaagaacgg agtagctctg ctctattcta ctcttaacca aacaaaaaaa	6720
30	tgaagtgact ctgttctgct tgtcaaatgc gaaatagaat gattctattc taaaaaattg	6780
	gaatagagcc gctccaacca aactaacctc actcgaggga ctaaagttta gtctttactc	6840
35	tatttgattc caaggactaa aagtattcat aacatattaa atgacttgaa aactaaaatg	6900
	ttcttaacat tcttccgcca ttagcataac taaaataaac tagggataag tgaaattaat	6960
	atggactaaa acaatttggg cgctgtttta ttcccatatt tgacaattta gaaattaaat	7020
40	aaaactaaaa tagatggatt aatttttagt tcctcaaaca attttttcta acaattttcg	7080
	atggactaag tttagtcatt ttccataaga aattaatatg gactaagggc ctgtttgttt	7140
45	accctcaga ttatataatc tggattaaat aatcctaaga ggcaaacaaa cagtctagct	7200
	tatttgctga gattatataa tctaactcct ggattatgat aatccataag caagtgagga	7260
	ggtgcttatt tcagattatt tttttccact tctccactac cttttcaagt ttcctagaaa	7320
50	ttaccaccca ttgccattat aaccaccat tggcattctt gtcttctca taca	7375
55	<210> 68 <211> 568 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 68 ggtgggaaaa ctgaaaaaga caatcatgaa ggtgtaaatt ctttactatc tgaggagttg	60
	gaaaaactag ctaatgggaa tagcaaggta tgatataccc tccatgattc tgctttcatt	120

	tattctttgt tcatatggta tggttattta acagtgctat gtattgccgt aaatgcagat	180
5	tcttgggtaca ttagatgagt atagaaagct tgtcggtcca ataattgagg agtatttttag	240
	tacaggagat gtggaattgg cagcttctga gctgaagtgt cttggatctg atcagtttca	300
	tcattacttt gtgaagaagc ttatatctat ggcaatggat cgccatgaca aagaaaaaga	360
10	aatggcatcg attctgttat catctttgta tgctgatcta ctgagctcct acaggatcag	420
	tgaaggtttt atgatgcttc tggagtctac agaagatcta actggtgata taccggatgc	480
15	tactgatgta ttggcagttt ttattgcacg ggctattgtt gatgaaattt tgccctcctgt	540
	tttcctcact cgagctaggg cactactt	568
20	<210> 69 <211> 477 <212> ДНК <213> Zea mays	
25	<400> 69 catatcccac gtttgctggc tgaattgtct ggcccttgaga agttacttgc tgcaactggc	60
	ccagttccag acccatggca tcatttgcag accctgtcag catgttaggt ggtaagaacg	120
30	aaaatgtgtc atcatatggg gcctggacat tggcggatga actctgcagc tgagatggat	180
	gtgttgcgct ttggctgcag ccataccctg cagaatcagt tccacctgaa aaaaaattat	240
	agagagcact gcattcaaat ttcaaaggct cactatactg aagtagcata ttacatatc	300
35	ttaaagcctt tgtatcaaac taaatatcca tatcaatgta cttacaacaa caattagggg	360
	ttccagttaa cataagctac aaactgaaac gatcaagata atagagctct gttaattgta	420
40	tctgagcctc agatgctgct cacctgatgg tgatggccct ggcatgctca tcgaaga	477
45	<210> 70 <211> 1216 <212> ДНК <213> Zea mays	
	<400> 70 ggcgaggcag ggtgtcgtcg cttccatgca tgcgctggca ttgcttctcg gagcattcgc	60
50	agccattcct acaggtagac tatacctata cgtgcatgcg catccacca taatccgtgc	120
	atgcatgcat gattattgac actaatgtcc ttattactaa acaggagtcc aatccatcgg	180
55	cgtgtgctac ggcgtgaacg gcgacaacct gccccggcg agcgacgtgg tgcagctgta	240
	ccagtccaac ggcatcaacc tgatgcgcat ctacttcccg gacgccaacg cgctgaacgc	300
	gctgagcggc accagcatcg ggctcatcat ggacgtgccc aacacggacc tcgcctcgct	360
60	ggcctccgac ccgagcgcgg cggccgctg ggtgcagagc aacgtgcagg cgttcccgtc	420

	ggtcagcttc cgctacatcg ccgtgggcaa cgaggcctcc ggcggggaca ccggcagcat	480
	ccttcccgcc atgaagaacc tcaacgcggc gctggccaac gccggcctgg gcggcagcat	540
5	caaggtgtcc acggcgggtgc agagcgacgt caccagggc tccccgccgt cgcagggcac	600
	cttctcgcag ggctacatgg cgcccatcgc gcagtacctg cagagcaccg gcgccccgct	660
	gctgtgcaac gtctaccctt acttctccta catcggcaac ccggcccaga tcgacctcag	720
10	ctacgcgctc ttcacctcgc cgggcaccgt cgtgcaggac ggcagcaacg cgtaccagaa	780
	cctcttcgac gcgctcgtcg acaccttcgt ctccgcgctc cagaacgccg gcgcccggcaa	840
15	cgtcccagtc gtcgtgtccg agagcggctg gccgtccgcc gggggcgacg ccgccaccgc	900
	ggccaacgcg cagacctaca accagaacct catcaaccac gtcggccagg gcacgcccac	960
	gcgcccctggc cccatcgaga cctacatctt cgccatgttc aacgaggacc agaagacggg	1020
20	agccgagtcg gagaggcact tcggcctctt caaccggac aaatcgccgg cgtaccccat	1080
	caatttctcc taattcctaa acaagacgcc gaggtccatt ccaagacatt tataaggcaa	1140
25	tacacacaca tagatatata catacacata catacgggag aaagtagaat aaataaactg	1200
	cctgcagtag aatgca	1216
30	<210> 71 <211> 522 <212> ДНК <213> Zea mays	
35	<400> 71 aaggactttg gaggagatac tctatgctct ggttgttcag aagttcgttg aagctgggtg	60
	ctctctgggt ccagcactct cacgctccac cgatccttct ggaagagttg atcagtgggc	120
40	agaaactgtg gaagaaaagc ttcaacgtct gcactcgcat gaggcctatg aaatgatcga	180
	gaatcacctc accctcattc tggggcagcg tcaaggtgac gccactatcg cagccataag	240
	taagctccgt gttggccagg tctatgctgc atctgtgatg tacggttatt tcctgaagag	300
45	agttgaccag aggttcagc tcgagaagac aatgaagggc ctcccttggg ggtcagaaga	360
	ggaagacagc gctttgaatc aagttatgat gaccgacttg atgccttcag ctcagacttc	420
50	tagctctcat ccagagatgg gtcctgggac cgcgcctgcc ttcagcacag gagggcccag	480
	ccaatctatc aagccttgcc gccttaggtc gtatgtcatg tc	522
55	<210> 72 <211> 439 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 72 gtagtccttg agcgaccaga agctgatcag cgcggtggcc gccatggcga cgcagaccat	60



	gaagttgctc gtcacccaca ccaccctcgg cccgaccttc cggcacatgg gtcgatcag	120
5	gaacgagctg aatcctagaa cgatctgcac gtacggttca ccagcctcgt ggtcagctat	180
	ctatctatct gtcactgaca tagtgcagcg cctggcaatg gacgaaacga ggctactgaa	240
	tctcaccgag ttgagcagca gcccgaacga gccaaactctg acgccttcgt cgaacgccga	300
10	gatctgagcg ttgctaccct tggggtcgcc gtggtagatc tcacggccca tccagtcggt	360
	gtcgtagagg atgaacggga accaagagag ctgcatggac gacacagtgc atggcagcag	420
15	cgtcagccgt cagtaaaga	439
	<210> 73	
	<211> 369	
	<212> ДНК	
20	<213> Zea mays	
	<400> 73	
	gggtgcacag attgggatat gacaaatgtt gtgattttca ggccaagacc accaagaaaa	60
25	tcgtattgaa gctgcagtgc cagagctgca agcactactc acagcacgca attaaggtgc	120
	agtgtctcat tttcctgtgt taggcttgct gttgcacaaa gtattgtctc actttgattt	180
	agctcactct ttcctgactg actcacctgt gtcacagagg tgcaagcatt ttgagattgg	240
30	tggagacaag aagggcaagg gaacatctct cttctaagtt tctcatcgcc catctcgatg	300
	ttggatcgaa cctgtgggtc tactactgtt ctaaaaactc gtcaaatttc aatgttacta	360
35	gtagttctg	369
	<210> 74	
	<211> 836	
40	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 74	
45	gagaagacct gtccttctt tgctgggatg gtggtgttcc tggggatgag cacagtcatg	60
	acgcctccgg ccgtctccag gccgagcgag agcggcgaga cgtcgagcag gagcagatcc	120
	tgaaccttct cgttgccctc gccagtgagg atggcggcct ggacggccgc gccgtacgcg	180
50	acagcctcgt ctgggttgat gctcttgcac agctccttgc cgttgaagaa gtcctggagc	240
	agctgctgca cgcgggggat gcgagtggag ccgcccacga gaacgacgtc gtgcacgctg	300
	ctcttgtcca tcttggcgtc gcggaggcac ttctccacgg gctccatgca cttgcggaag	360
55	aggtccatgt tgagctctc gaaccgggca cgggtgatgg tcgtgtagaa gtcgatgcc	420
	tcatagagcg agtcgatctc gatggtggtt tgggcggttg aggagagcgt cctcttagcc	480
60	ctctcgagg cggtcctcag ccgccggagc gccctggggt tgccagtgat gtccttcttg	540

	ttcttcctct tgaactcctg gacgaagtgg ttcacgagcc ggttgctgaa gtcctcgcct	600
	cccaggtggg tatcgccggc ggtggccttg acctcaaaga tgccctcctc gatggtgagg	660
5	agcgagacgt caaaggtacc gccgccgagg tcgaagatga ggacgttctt ctgcgcgtcg	720
	ctgctcgact tcttgctgag cccgtatgcg atggccgcgg cgggtgggctc gttgatgatg	780
10	cgcatgacgt tgaggccgga gatgacgccg gcgtccttgg tggcctggcg ctggga	836
	<210> 75	
	<211> 1019	
	<212> ДНК	
15	<213> Zea mays	
	<400> 75	
	tatagtacgt tttattcgac aagcagcctc tgcatgcaat aatagtacac cccccgattt	60
20	aattggacta atgcatgctg aggatggatc agatggagat gctgctgggg atgcccctcc	120
	cggtgactcc cggcttgagg aagggcttga gcagctcgta cggcacgac cgggcgccgc	180
25	agcggttctt gaggtccagg ttgttggtgc actcgtcgat gaaccctcgc atctccttca	240
	tcctgccgcc gaacttctcg aacgccgcct tcacatggg ctccgccagc cacgacggct	300
	ccgcgaactc ccccatgtac tcctcgtcgg gcgagtgcga cgagaggatg tccagcgtcg	360
30	tcatgacctt gatggcctgc atctgcgtgg gcagcatgtc cagcagcgtc gtctccggct	420
	gcttgaggaa cttctccatc tcctcgcccc gcccgccctc ctccaccggc atgttcttcc	480
35	ggatggtggg cggccgggtg gggaagtagc cggcgaagtg gtactggccg aagttgacgg	540
	ccgagtgggt gccggagggtg acccacatga tgggtggtcag cgtctccacc aggctgtcgc	600
	gggtgtccag cacgggccac cacggctcgt ccttcttgtc gccgtgcccc acgttgcgca	660
40	cctcgtccca gaacgccctc agctcggggg cggcggccac ggctcgtcg gacttgtagt	720
	agacgttgac gtactcggac gccactgcc tgatggagtc ccagaccagg agcccgtcgt	780
45	gggcgtaggg gtagtccttg atggtgagct ccagctcccc gtcctccccg cgcacggcca	840
	gcccgcgctt gatgaggtcg ttgggcagcg cctccgtgtc gaactgccac gtcgcgccgt	900
	acgccacgga gctgagctcg acggcgctact tgcccggcca gaaggactcc tcgatgatgc	960
50	cgtcggcggtt gatgagcgcc tccttgccca gcgcgttgat ctccatgggtg tagcggaag	1019
	<210> 76	
	<211> 499	
55	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 76	
60	gacaagctcg ccatactggg tctcccgatc tggattactg agttggatgt cacagcagag	60
	aacgagcaca tacgagctga tgatctagag gtgttcctcc gggaagcatt tgcacatcct	120

	gctgtggggg gaatcatcct ctggggattc tgggagatgt ttatgtttcg agagcacgcc	180
5	catctggtcg atgctgatgg gacaatcaac gaggctggca ggaggtacct tgctctcaaa	240
	caagagtggc tgaccggtat gaacggcagt gtcgatcacc aaggagagtt taagttcaga	300
	ggataccatg gttcgtacac agtggaaagt aacacgcctt caggcaaggt agctagatcg	360
10	tttgttggtg acaaggatag cccggttcag gtgatcgctc tgaatgttta atgtgtggga	420
	aatcatgcgc gtgtcctgta ttttagcgat gtactgaggt gttgaacaca gatagtttca	480
15	tagctgatgc cacgccttc	499
	<210> 77	
	<211> 886	
	<212> ДНК	
20	<213> Zea mays	
	<400> 77	
	gtcagtagtt catccatttg tcccattttt tcagctagga agtttggtta cactggcctt	60
25	ggtctaataa ctgagtagtc attttattac gttgtttcga caagtcagta gctcatccat	120
	ctgtcccatt tttttcagct aggaagtttg gttacactgg acttggtcta ataactgagt	180
	agtcatttta ttacgttggt tcgacaagtc attagctcat ccatctgtcc catttttcag	240
30	ctaggaagtt cgggtgcact gaatttgta acccaaaaga ccacaacaag ccagtgcagg	300
	aggtctgtct ctttacccaa gacaacaaaa ggttatcaca gcttatgctg aacttggcca	360
35	taacattcaa taattccttt atgggtctagg tacttgctga gatgaccaac ggaggggtcg	420
	accgcagtgt ggaatgcact ggcaacatta atgctatgat ccaagctttc gaatgtgttc	480
	atgatgtaag tatatgtata cactctcagc tactttcctt ctccaggttc ccttcatcca	540
40	gacatgcatg ttctaactgc cgcgctcgtg atccagggct ggggtgttgc tgtgctggtg	600
	ggtgtgccac ataaggacgc tgagttcaag acccaccga tgaacttcct gaacgaaagg	660
45	accctgaagg ggaccttctt tggcaactat aagccacgca ctgatctgcc aaatgtggtg	720
	gagctgtaca tgaaaaaggt aaattgcaaa gtgccgttcc ttcagtttcc ttacctgccg	780
	agcttttgct gaaaaactgt taagaatcgt tcctgcaatt ctgcttggt ctgcacagga	840
50	gctggaggtg gagaagttca tcacgcacag cgtcccgttc gccgag	886
	<210> 78	
55	<211> 847	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 78	
60	atgcgccctt gggtacatag caggagactg gaaaggtaac aaatggaata cggacacgta	60

	gataaccatg gaggcccagc aatgttgagg tattgtttgg tcaactgcata gccgatgatg	120
	atcaccacgc ctctgtggatg cctcatgtct taacagcagc cagatgatct ctgagcccgg	180
5	ttgccaccta ccacatccac ggtatctggc acataccttc aagaacaaat cgataaggtc	240
	aaaaaagggg acggctttta cacagataat aaaggaccag cacagggaaa caaatgaagg	300
	aaatcaaaag tgattgatga ttttacatag atataatact gaaaacgaga tcagcagaag	360
10	aagctagtct tattgcagca gctaattgatg ccaaccctgg tacaccccca gaaagaggat	420
	caacagaaaag tgccttattt tgctgatgac taataactgg agcaaaaaga ccaacagaag	480
15	gaccagttga tattaataat gtaattactt ttacagcagt gctccggttt tctagtactt	540
	gcaacgatta atgtcacata aaaacagtac tgtcaaagtc caatcaaaca aacaaagaaa	600
	cgagaataag tgtgcttaca attcttcctc cggttcattc ttacagagcat tctttacaat	660
20	acactggaag gcatcttcca cgttcgttcc atccttagca gacgtctcaa agtacgggat	720
	gttcccttta gaggcgcacc atgcctttgc ctttttctcc gacacctaaa accaaagcag	780
25	attatgtttc taagcagctc atgatccagt tcaagagaag aattttattca gagagcaaat	840
	catgtag	847
30	<210> 79 <211> 815 <212> ДНК <213> Zea mays	
35	<400> 79 ggtttgtctg tttcatgaat aatgttctgt tgcgtcaaat taatagcaag tttctgatat	60
	ttttttttct ccagcatgtt tttgaatact ttacagaaaag aacccaaga tcccatttcg	120
40	aacatcgtga aacatcattt gtgtggaact ataagtatgc tggtaagtgt ttatcttcca	180
	aacattcttt ttaagcaagg tctgtgcagt aacattttat ttccaccttc tatctcaaag	240
	atgttgagtt cggaaggcta caagcaagag atatgctgca gcacttgagg acaggtccga	300
45	tctcaaatgc agctgttgat gttgttcaag ggagtcgac agttgaagtt cgggtctgttg	360
	gagttaccaa ggtaagtggg gctgtatgat ggtccatgac agtagatggg ttgacctagt	420
50	tgagggtttta aacatcattt gtctccttcc tatagggtgc tgcaattgat cgtatttttag	480
	gggagatagt tcacagcgaa aacatgatta ctccaattga ctatgtcctg tgcataagggc	540
	atttccttgg gaaggtaatt tccaattctt cacgttattg ttctgatctg gtttttagttc	600
55	tgtggatagg atcaagaaac ttatgaatga agaaatgaaa gggtttagaa cattcaaaat	660
	gcattgccaa ggaaaggaga aggatgtgga ctttaattaga aaaatcacta tggtttactt	720
60	tatatgtttg gtctgtccct attcttttcg actttgggtc gttttgtaac atctgggttc	780

	tcgtgtttca ggatgaggac atctacgtct tcttt	815
5	<210> 80 <211> 426 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 80 tcttcagtct ccaccctgat tcaacaacag actctgacag cttgcacggt agctgccccg	60
	ccatcgaagg ccagaagtgg tccgcgacta aatggatcca tgtgaggtca tttgacctca	120
15	ccgtcaagca gccgggtccc tctgatggat gtgaggacga caatgtcctc tgccccagt	180
	gggcggccgt gggcgagtgc gccaaagacc ctaactacat ggtggggacc aaggaagcac	240
	ctggcttctg ccggaagagc tgcaaagtat gcgcagagta aggtatcggg cctctgcgtc	300
20	tgatgagtaa tcgtggcgta cgtgttacgt agttgctgtc accattttac cagggtttag	360
	gtacgaccga gtacagcatg tataagacag taaaacccg gaagaaggaa tcgtaagagt	420
25	tagggg	426
30	<210> 81 <211> 419 <212> ДНК <213> Zea mays	
	<400> 81 aagcgaacga ggaaaggaag aacaagttgg cttcgattga aggctcgaca actgccgagt	60
35	accatctgcc tgttctggca atgacagccg atgttatcca ggcaacttac gaagagtgca	120
	taaaatcggg aatggatgga tacgtatcta aacccttcga cgaggagcag ctataccaag	180
40	cagtctccag attggtagtg ggaacgacgg attcggctgt ttgatgttca aaatacgatg	240
	gacctgactt ctcatcctc gaagtgaagc atcaccatct tgccctctgtc cagctgactc	300
	tatatccctt gacaatgggc ctctgacatg gcctctcaca agactagatg aaaaaagaag	360
45	atgaaagtgc cgtgagttag gtacgtgtca cacatgacat gaagttgctg cggcagccc	419
50	<210> 82 <211> 868 <212> ДНК <213> Zea mays	
	<400> 82 attttgatcc gtcattatct tgctcaaatt ctgtaacttt catcccaaag ttcgccagaa	60
55	ttcgtttctt ttttatcttg ttaccagtag agcatctcct gatctacctc ttcgtcgtgt	120
	ttggtaaaga ctattgagct caggtgtgtt gcgttggtgca gagcacaggt ggtgggatgg	180
60	ccaccagtct gcaactaccg caagaacacg atgactacca cccagctgga gggcagcaag	240

	gaggatggtg atgccaagca gggtcagggg ttcctgtacg tcaaggtcag catggatggc	300
	gcgccgtacc tcaggaagat cgacctcaag acttacaaga actacaagga cctgtcgacc	360
5	gcgcttgaga agatgttcag tggcttcagt actggtgaga tgtctcgggg ttactctctc	420
	tctctctctc tttcggatgg cgcgtcagtg agtaattatg tttcgttttg atgtggatgg	480
	tgttagaagt acatcaagaa gcctttaaaa agcagcatac tcctacttga ttcctaggat	540
10	aagcaatagc ttgaacttac cccgttatat tttgagtaat tgtaagatta caaacaatct	600
	ggcaccctt gttttgttaa tttttgggtg aactttttat tcctcccaa acaaataccc	660
15	tggtgattgt tcagttattg catccgtatc aagtctctct tagaaagatg ttgtttcctg	720
	taaggcaaaa taagttttgg ctccatcttt atgattattc gatgatattc tcgagtcctg	780
	ggtattattc catagaaagc tactaatcac tatgagagtg acatccccta tatatttctg	840
20	aaatttgtgg agatctgtgg tcctgtat	868
25	<210> 83 <211> 909 <212> ДНК <213> Zea mays	
	<400> 83	
30	cgctgaatcc aacctaattg tgtacagaat atcctttaca gccaaagccg caaccaagac	60
	gctgagtcta atgccatgtc ctgggtggatc caactatcca aacaacagat caccctctt	120
	gagctgactg acgatcatga tgctgaaagt attggatgct ggtcgaaggc ttcaccctct	180
35	tgctggctgt gaagtggaag acagagtcac gtaatcagtt tgcttgccct caaatcatac	240
	acctgggtga aagtacagtt tggtttgaat ataaacaagt atcataaagt acttctttaa	300
40	aattgtccaa cgggggagtc agctgtcttt tgcacctcag ggtgcttcac acgtagctat	360
	atgatggtca ctggttaact catttacata gacaatttca gaagggataa tctatgcaaa	420
	atctaattgat attattatga ccctgatcc atttagaaca acatgagctg tactcctcct	480
45	agatatgatt acataagcat ctgatctat caggcctttg gtgagtactc aacactcaac	540
	agaaacctac taactcctat cgttctctga ttaaacgagt gaacagttca ggacactgca	600
50	gaagattttt ttttctataa gccaccgcta ttcaacaatc aacggttttg ctaatcagat	660
	gtcacaaatg ccaacatatt gtcacccgag gatattccgt aaggtggaca agatagaacc	720
	agttatctca gaaaaaagg ccattaaagg atatctggta ataactacat caccatcctt	780
55	ctgtattcaa gtattagcag aagagattga taatggaagg aaatcatccc tgaataagca	840
	ccagtaatgg gatatggtca tgtatcaaat gtaatttatt aagcatcgca agttttagaa	900
60	ttagcaacc	909

	<210>	84	
	<211>	827	
	<212>	ДНК	
5	<213>	Zea mays	
	<400>	84	
	acaaaggaaa	gggaaagaaa atgacttcta ggtttttcacg tctccttttg gttgaccaag	60
10	aagagatggt	cggtagagtg aatggccttg tgccatctca attcctttcgc gtggatcata	120
	cattgtctca	tctcttatag cctgaagaat cgaatcagca ggacgggtccc tgtgcacata	180
	tgtaaacaga	ccaactcagt caaatatcag aaaaccttag ttcaatgaat tattccaaac	240
15	tattgaaaga	taaagtagaa tagctggcac acatgcaggg gcagaaggaa ccatgccaat	300
	caagttatcg	gtatgtatgg gttagtaata taggttactg gcatataggt aatacgctga	360
20	aaatataact	ggtgtagagt atgtgacgtt ggtcttaggt tctaacctcg tgatcagaat	420
	cctatgtagt	gcttttagga tcgggcacat ctcaaccggc gcaacagatc tgttggtcttc	480
	tggtatgcatg	acacttaagc tctcctgact aagaagctca taaaacgcat caactgcaga	540
25	gacaccctga	aatggaacgg caacaggata attcatcaca tgattcattt aggcataatc	600
	atgcagttct	ttgaagtttc gttgtcgacc aaaattaaaa gggcatacct gaatggtccc	660
30	ttttccttta	atactgtcac ccattttctaa tgtcaattca ccttttagcta acttctgccc	720
	ataccatgca	ttacgacctt tcaacaatgt gacataagtg tcagctaata agggtcacgc	780
	aagtttttca	ggttcttctt ccagaagggtg tgtgatgtag atcatct	827
35			
	<210>	85	
	<211>	1867	
	<212>	ДНК	
40	<213>	Zea mays	
	<400>	85	
	taccttggtt	ccccaccaga gatagataga acatctgggg agtacttggt gaagaatggc	60
45	atccgcacct	ttgcttgacg gcaagtacta tctattttctc agcctttctc ttgatacttt	120
	tttattttact	tcaatatcgt aaaatcactt agttttttctg agtcatctaa gtcagcatgc	180
	tccattttatt	ttgaatcaac attatcaagt gtacttcgta caatcttgta catacctgtg	240
50	aggagcactg	accttctgga aagatatcat ttttcacttc acagaacatc aggaattcaa	300
	gattcactca	gttaattgat attttaaata attttgaaaa ttgaaataca ggaaaatatg	360
55	tgtttttaag	gcattacatt ttgcatataa atattcaatc tcactaaagg aaaatgtttt	420
	aagaacattt	ttcttttagtg aaaaggaatc caaatgcttt cgaattctgt tgtgacttat	480
	ctctattacc	ttatactgca tccgtactag tatatttgac atctgtagag aagagttctt	540
60	ttttctaggg	taatcttcta gctgcagtgc agtatgctga cattgtgcta acttaggctg	600

	atattttggtt gcattgctct gcccatgatt tgtgccctaa tactgtatat tagggctgca	660
5	taatgttatt tttggattga ttcattgttg tatcatcctt gtgcttgcaa catgatctac	720
	attttccctt ctctctctct ctctctctac ttatgcagca acattgtttt gtgtgtgaca	780
	gtgagacagt taaatttggc catgtcacat ttttctggaa cggtaaccgt tcgggatact	840
10	ttgatgcaac taaggaggag tatgtagaag tacctagtga cagtgggtatt acattcaatg	900
	ttgcacccaa tatgaaggcg cttgaaattg ctgagaaagc cagggatgct ctcctaagtg	960
15	gaaagtttga ccaggtaaata aatttgaagt ttctattaga gcaactcttct gggttccctg	1020
	ttgcttagcc tagcgttgtt acaggtagct gtcaacctgc caaatgggtga catgggttgt	1080
	cacactgggtg atattgaggc caccgtagtt gcttgcaagg cagctgatga agctgttaag	1140
20	gtgagagcac caatgaaagt tcgctgacat gtgtgttgtc ttattatctg cattggaagt	1200
	tcgcttatac atcaataaag gttcttacag tagcacgctt cataggcctt tgcctatctt	1260
25	ttaaccaagt gttcttctga acagattatt ttggatgctg tcgagcaagt tgggtgtatt	1320
	taccttgta cgcgcatca tggcaatgct gaggatatgg tgaaaaggaa caagtctggc	1380
	aagccgttg cgcacaagaa tgaccgtatc cagattctta cctcgcatat ccttcagccg	1440
30	gtgagtgcaa tgccatttga ccccatgtct tttggttctc tcccagcaaa atcatacccg	1500
	tgttgattgc ttggatgcta atgcctctgt aaaacttgca ggtcccgggt gccattggag	1560
35	gccctggcct tcaccctgga gtgaaattcc ggaacgacat ccaaaccctt gggctcgcca	1620
	acgtagccgc aaccgtgatg aacctccacg gatttgaggc tcctgctgac tacgagcaaa	1680
	ccctcattga agtggctgac aactaaacac tggccacctg tgtccaattt tgggttatatg	1740
40	tagttctgag aatggacatt caataattta tgtttgcaag cacgttgctc aaactacca	1800
	aaacatcgag ggatgccttt tgactttggc atttacagca ttttcgtttg gctttaatcc	1860
45	ttatcgg	1867
	<210> 86	
	<211> 560	
	<212> ДНК	
50	<213> Zea mays	
	<400> 86	
	cgcccgccgc agcggccgcg tccagggtgt cgggcccgcg ggggtgcgcg tcctggagac	60
55	gcgcgtcgag ggcggcttcc tcttcatcgt gccccgcttc cacgtcgtct ccaagatcgc	120
	cgacgcgtcc ggcattggagt ggttctccat catcaccacc ccaagtaat ttgttgtctc	180
	gatcgatcga tccatcgatc tttttttatt gcgaattgca ctggagattt gattgcacgt	240
60	gaattaatgc ttgcattgca ttgcagcccg atcttcagcc acctggccgg gaagacgtcg	300



	gtgtggaagg ccatctcggc ggaggtgctg caggcgctcg tcaacaccac gccggagatg	360
5	gagaagctgt tccgggtccaa gaggtctgac tcggagatct tcttcgctcc cccatccaac	420
	tgagaaaata ggccggaagc cccacggtgg agtcctctcg ttaggtcgte gtgcttagat	480
	taggttagct agcttgccct taataaaaag agagtgggtg tcgtcggcgt cggcttcggc	540
10	ggtctgcttc ttcttcattc	560
	<210> 87	
	<211> 496	
15	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 87	
20	ccgtgttggt tggatctatg gctcgggtgac ggaggatgtg gtcactgggt accggatgca	60
	caaccgggggt tggaagtcgg tgtactgtgt caccaagcgt gacgccttcc gcggcaccgc	120
	gcccataaac ctgaccgacc gtctccacca ggtgctccgg tgggctactg gatcagtgga	180
25	gatcttcttc tcccgaaca acgcgctgct ggcgagccgc agaataaagt tcttcgagag	240
	gatcgctac ctgaacgtgg gtatctaccc gttcacgtcc atcttcctga tcgtctactg	300
30	cttcctgccg gcgctgtcgc tgttctcggg gcagttcatc gtgaagacgc tgaacgtgac	360
	gttcctgacg tacctgctgg tgatcacgt gacgctgtgc ctgctggcgg tgctggagat	420
	caagtggctg gggatcagcc tggaggagtg gtggcggaac gagcagttct ggctgatcgg	480
35	cggcacgagc gcgcac	496
	<210> 88	
	<211> 924	
40	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 88	
45	aatgtgatat catgatactc atgcacctgt accttagcca atgcaggagt ctgttaaagt	60
	ctcaatagca ttttgtgatg ctcaccaaca gttccttttt acaggattca tctggtatat	120
	tctgggataa tgacagttta gctggtcttt tggctattga acttaaagca gatctccttg	180
50	ttctactaag tgatgtagat ggtctataca gcggtccacc aagcgaaccg ggatcaaaga	240
	tcattcatac ctacattaaa gataaacatt acagtggaat aacttttggg gataagtcac	300
55	gtgtaggtag aggaggaatg acagctaaag tgaaggctgc ttttgtggct tcgaacagtg	360
	gcacacctgt tgttattaca aggtatgtat tgcatttttc attctttatc gagaataaaa	420
	actgcccttc gttgctcatt tatatgttcc catgtgattg tgatctatca aactttccct	480
60	gtgacatgca accaataata aggaatttag aaaaacagt tgataggtgg tgtgattaac	540

	tacatatatttg	gtgtagacta	catttgactc	aagtgtttat	ttttgggtgt	agactacatt	600
	tgactcgagt	gtttcttaca	tctttaatga	tgtgaagaat	tggttttcag	aagtgaata	660
5	tttccttaga	cttttttctc	tctcgaacgc	gcaggagagc	tgacatcat	tatatattcct	720
	tagactgtta	tgctgaatcc	tcgcttgtga	tgttcactta	tttttctatg	ttggatttta	780
	tttacatata	ataaggtctg	ctgttcaa	atccaaatacgc	catctgtttt	caatgtttgt	840
10	tcattggcctt	aggaaaatgt	gttgacacatt	gtttgtctat	tgaggatata	aggagtgtag	900
	ttattgctat	gtttccactc	tccc				924
15	<210> 89 <211> 1140 <212> ДНК <213> Zea mays						
20	<400> 89						
	gtgaaggaca	ggggactcct	ggacagcctt	ctcggcagga	acaagcacga	cgaccaggag	60
	aagaagaacc	agcaggagga	ggaggagctc	gcgaccggca	tggagaaggt	cacggtggct	120
25	gagcccgacc	acaaggagga	gggacacgag	gccgccgaga	agaaggacag	ccttctcgcc	180
	aagctgcacc	gcaccagctc	cagttccagc	tcggtgagtt	cgtcgtaaaa	catgatctgc	240
30	tgctagctag	tttaattgac	tccgccttcg	gatcagtaag	ctaataaacc	ggcttctcac	300
	tgcgatcgtg	gtgcctgcgc	gcatgcagtc	gagcgacgac	gaggaagagg	aggtgatcga	360
	tgagaacggc	gaaattgtca	agaggaagaa	gaagggcctt	aaggagaagg	tcaaggagaa	420
35	gctggcgggc	cacaaggccc	acgatgaggg	cgaccaccac	cagccggggc	tacctgcccc	480
	ggcgcccgca	ccgcccgtgg	cggtggacac	gcatgctcac	caccaggagg	gagagcacia	540
40	gccgcacttc	ccggcgccgg	cgctcccc	gcacgtggag	acgcaccacc	ccgtcgctgt	600
	ccacaagatc	gaggacgacg	acacgaagac	tcagaccca	ccacaggcac	cggaggagga	660
	gaagaaaggc	ctgctggaca	agatcaagga	gaagctaccc	ggtggccaca	agaagccgga	720
45	agacgtgtgt	gccgccgccc	ccgcgccggc	cgtccacgcg	ccaccgccgc	cggcgcccc	780
	cgccgaggtc	gacgtcagca	gcccggatgg	caagaagggc	ttgctgggca	agatcatgga	840
50	caagataccc	ggctaccaca	agagctcggg	tgaagaagac	cgcaaggacg	ccgccggcga	900
	gcacaagacc	agctcctaag	gtcgcagcgt	gtgcgtgtcc	gtcgtacgtt	ctggccggcc	960
	gggccttggg	cgcgcgatca	gaagcgttgc	gttggcgtgt	gtgtgcttct	ggtttgcttt	1020
55	aattttacca	agtttgtttc	aaggtggatc	gcgtgggtcaa	ggtccgtgtg	ctttaaagac	1080
	ccaccggcac	tggcagttag	tgttgctgct	tgtgtaggct	ttggtacgta	tgggctttat	1140
60	<210> 90						

	<211>	477	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
5	<400>	90	
	gcaaaggtac	agcgtaaaaa ctaagaggag agccagcaag ctagcatttt atttagtaaa	60
	atcgttcact	cgcaggtacc caatcttctc agcttttacac actcgccatc ttgaggctgt	120
10	tgcccttctc	ctgcaggctc acgagtaggc tgtcaaagct cttcttgaag gagtccacgc	180
	cttcagctc	aagctgcttt ccaacctctt cccagtcgat gccaaagcttc tccaaggcac	240
	tgtatacacc	ttccgcctca gacacgttcg catcaactgt ccttgaaacg gtgccgtggt	300
15	ctatgaatgc	ttgcaaagct tggtcgggca tcgtgttgac ctgaaagtgc accactacag	360
	agttatTTTT	ttgtgatgat aagaaacaat gccagttcaa gtgggaaact cgtcgtgaca	420
20	acataccgtg	tcagggtccga tgagactgtc cacataaaga gtgtcaggat aagctgg	477
	<210>	91	
	<211>	376	
25	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
	<400>	91	
30	ccaggcgacc	aaggggttca agaacaagat gctgctcggc accggcggtc tcgggaggggt	60
	gtacaagggc	gtgctctccg ggtccaagct cgaggtcgcc gtgaagaggg tgctgcacga	120
	ctcgaagcag	gggatgaagg agttcatcgc ggagggtggtg agcatcggcc acctccgcc	180
35	ccggaacctg	gtgcagctgc tgggctattg ccggcggaag ggcgagctgc tgctggtgta	240
	cgactacatg	tccaacggca gcctggacaa gtacctctac gacgacagga ccgccaggcc	300
	cgtcctggac	tgggggcaga ggttcagat cgtcaggggc gtcgccgccg gcctgctgta	360
40	cctgcacgag	gactgg	376
	<210>	92	
45	<211>	820	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
	<400>	92	
50	aaacaacaac	ttgtagttgt ccacaacagg ttaacagatc aaagaaggat aggtgagcgg	60
	cactactcat	ctcgtggctt ccggtgacag atgatcagcc cacgaaggaa aaagaaaaag	120
	ggactcgctt	gatttgcgtt gctttgcttt ccgcgcaagg ccgaaagctt aaggtcgggg	180
55	caacgacaca	ccgagagcga cggagatata ccacgctctg ctgcttcatg atagctggaa	240
	ggacatcagc	atgacacgca tgccaataat gtagtagaag actagtttat ttgtcaccta	300
60	ctaggcagag	agtgcggtgg ttccatgaac caaccattcg tgcgtgctg cccaccgcac	360

	gaccacgagg gggcatgcaa catatacttt acaaaattca ttcggttggt gacttggttt	420
	caattcattg ggttggaag acaaaactaa catggatgcg ttgcgtactc acaggaaggt	480
5	gatggctcag actggtgaga tccggtgcg catggatcac atcctcgagg ccgagaggaa	540
	gggcgagatc aaccacgaca acgtcctcta catcgctcag aacatcaacg tcgcaggtat	600
10	cgataatcgt cactgctcag tgcaatgaaa cggaaacaga gtatgctatg tctgaagaac	660
	caagtggagac ttatcattca actactgcag tccagcgcta ctacacaaac aaatagcact	720
	gcaatatcgg aagatataat aatataaggc acgtcttaat caagtctccg tcagccaact	780
15	taattccgct ctttaattaac cggcaacata ctgagcctaa	820
20	<210> 93	
	<211> 683	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
25	<400> 93	
	tgacctacaa ctcaaacagg ctcgctcttca atggccacga gatctaccg tcagcagtcg	60
	tgtctaaacc aagagtagag gttcaagggg gtgacttgcg gtcgttcttc acattggtta	120
	gcaccagtcc aacactactc cacacagtta gctctccaag ttgttctata tatatatgta	180
30	tcccggcgcc ccttcctttc cctaattggcc atagtctctg aatttccagg ttatgacaga	240
	cccagacgtc ccaggaccaa gcgatccata tctaaggag cacttccact ggtaacatct	300
35	ggcatttcct accaacadct aggggaatgc tgtgtgactg gtatatgtcc ttacatttg	360
	caggatcgtg actgatatac ctgggacaac tgatgcctca ttcggtagtt ttttctcccc	420
	cctctgcttt gtgggtaatt agtcgttcca gttgttcttg gagctagtta attagtagca	480
	ggcatttttt ttcagggaga gaagtcgtaa gctatgagag cccgagacct ggcattggta	540
40	tccacagggt catctttggt ctcttcaagc agaagcgag gcagcagcag actgtagcgg	600
45	cggtgccatc ctccagcagg gaccatttca tcacgcgtca gttcgctgag gaaaacgatc	660
	ttggccaccc tgtagccgct gtg	683
50	<210> 94	
	<211> 765	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
55	<400> 94	
	tatgcatgat ttatgcccgc caaacagaca gaaaacgcaa caaactacaa ccatttacag	60
	accggagcca agtgaacctt acttggttaac atcatatgaa ggaacatcct aaacgagcaa	120
	tgcttactca aatttactgc tatgctactt ctattgctgt taatgaggca gtcactcaca	180
60	ggctgctgct gactggaaag ccaggggaaa ttagcggttct ggcttcaggt cagcatcaat	240

	gtactgcctc acagcctctt ggtttacatg gaaaataaac ctcatgtcct ttatctggaa	300
5	agggggggaa aaaggtagct aaattagtagt agcatgaaga tacttaatta aatgcatcag	360
	tgatatctca gtcaaataac aagggaagga ttgtcaggta tagcaaaggt taacttgtca	420
	aaaagtaatt gtttcatgtc tgcttacata tcaccatagt atcattcgta ctgttttttag	480
10	atactctata aaaccccaaa ataacataat ggcaagaagt aaaacttcaa gcaccctcta	540
	ccagtagaac cataaactat gacaggatca caggaatagt taaaaaact gtgcattgac	600
15	taaccaccag gttacagatt cattaataaaa tgaaggtata ctagaacggg gaagtattgg	660
	tacctcgatt aatgagtctg agcttaggtt gatgcgtttg cagcttggtt tttccttgct	720
	attaacaaag attggacatt ttccagtgtt cttaatatga aaata	765
20	<210> 95 <211> 770 <212> ДНК <213> Zea mays	
25	<400> 95 agcatcatgg agtacgggtca gcaggggcag cgcgccacg gcgccacggg ccatgtcgac	
	cagtacggca acccagtcgg cggcgctcgag cacggcaccg gcggcatgag gcacggcacg	60
30	ggaaccaccg gcggcatggg ccagctgggt gagcacggcg gcgctggcat ggggtggcggg	120
	cagttccagc ctgcgaggga ggagcacaag accggcggca tcttgcacgc ctccggcagc	180
35	tccagctcca gtcggtaat tacgactctg gatacttctt tcttttgtgt gcgctgtgt	240
	tcgtcctata tataataata catgagttag gcttagtaat aatcaattaa tttaatccgt	300
40	gggtttcgtg tttaagtcgg aggacgacgg catgggcgga aggaggaaga agggaatcaa	360
	ggagaagatc aaagagaagc tgcccggagg ccacaaggac gaccagcacg ccacggcgac	420
	gaccggcggc gcctatgggc agcagggaca caccggcagc gcctacgggc agcagggaca	480
45	caccggcggc gcctacgcca ccggcaccga gggcaccggc gagaagaaag gcattatgga	540
	caagatcaag gagaagctgc ccggacagca ctgagcggcg cctatacgtg gctgtgctgt	600
50	gctgtgctgg cgcgtcaaag ccgtactctt cagcgttcca tagataataa gataaaccca	660
	tgaataagtg tccctaccct ttgatcatgt gacagggaca gggacaggga	720
		770
55	<210> 96 <211> 422 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 96 aaggcaacat tctgaagatg cagcgcaagc agaagccatg cactcccctc ccctccaaca	
		60

	agcagagtcg gtactaccgg cctcgggtca aggtatgcgc cagaaccgga ctcccttgagg	120
	cgatgttccc cgcaggggca agagtctctg aagctgcctg tctgtctgtc tgtgtgtgtt	180
5	ctcgccttct ttcgcagggg aggtttgtca gcaaggcttg tttcctccag cgacagcaag	240
	cgttagagaa ggagagctag agaaagatgg atcctgctcc aaggcgcatt tctggggctc	300
10	tcttgagaaa gcagcagagc ttctccgttt tcattctctgc ggcggtagac tgccggcagat	360
	gtagagatgc ctgtagagtg gtgcttgtga acctcaattc tcagtttctt ctatccattc	420
	ca	422
15	<210> 97 <211> 553 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 97	
	cacaaaagag aaggctctca aggtgaacta gaacagaatc tcccgcggc cgggggtcaa	60
	accagctcat cctcggcgat atctcgagga ttctcacca gctcgagcat gctcacgacc	120
25	tcacccatgc caggccggtt cgacggcacc tgagaggtgc acacaaggcc cagcttgatg	180
	accggcaggg cctcgtccat ggggaactcg ccgcgcagcc gagggtcgac gcagtcctct	240
30	ggcctgcctt cctccagcgc gcctctgacc aggtcacaca ggacaaccac gtcgtcttcc	300
	aagtactcca cgggcctcct gcccgtaag gcctccagca gaagcacccc gaagccatag	360
	acgtcgcatt tctcggatg ctccaccgtc ttgcacgcaa actctggcgc catgtaccgc	420
35	agcgcgctct ggaccttact gctcaggacg taccgggtcca gcacggcag cagcttggcg	480
	aggccgtagt caccacatt tggctcgccg ttgctgtcca gcagcacgtt gcttgacttg	540
40	agattgtagt gga	553
	<210> 98 <211> 612 <212> ДНК <213> Zea mays	
	<400> 98	
50	gcattcattg ctgatgtttt tgaatgactc ttaggacaag tgtggctaca ccggagcatg	60
	tcgaagaggc attcagactg ttcaatgttt ccaccgttga tgctgcaaga tccggaatca	120
	atgagcattt gaacctgtca ccggagatcg caaacgaaat caaggtagt atttgcattc	180
55	cagggtatac aaaattcagc tattgaacct tgcattttcc tgaacggctt tcattcattt	240
	tttttcatct gacagcaagc ggaggcacia ataaagagaa gaatgggcat cggcagccac	300
	atatccgagc gacggctgat tgatgatcta aaccggatgg ggatgaatga atccatcgta	360
60	ggaaccctgt catcgaatct tagaactgaa actatggttt tcaagtaaga cccgttcgtt	420

	tttctgacaa tatcttgcac actttgtttc aggtcagaag agcccttctg atcatgcatc	480
5	aaagggacga ggtggagtac aagagagagc gccacgtgat cgtccgaaag gcttgaggtg	540
	gagaggccag tcagattcac ggcatacaac gtacactgga ggcggtcctt cctcttcgga	600
	cgtgtgtata cc	612
10	<210> 99 <211> 664 <212> ДНК <213> Zea mays	
15	<400> 99	
	ttcctctata agtaccgcc ccacatctgc gccattttct catcgcagaa atcctccgca	60
20	acttcacagc gtatcatcgt tttccatcgc tcctactcct atcatccaga aaatctgagc	120
	ggtattgatg gcgcccaagg cggagaagaa gccggcggcg aagaaggtgg cggaggagga	180
	gccctcggag aaggcggtc cggcgagaa ggccccgcg gggaagaagc ccaaggcgga	240
25	gaagcggcta cctgcgggca agtccgccg caaggagggc ggcgacaaga agggtaggaa	300
	gaaggcgaag aagagcgtgg agacctaca gatctacatc ttcaagggtcc tgaagcaggt	360
30	gcaccccgac atcggcatct cctccaaggc catgtccatc atgaactcct tcatcaacga	420
	catcttcgag aagctcgccg cggaggccgc caagctcgcc cggtaacaaca agaagcccac	480
	catcacctcc cgcgagatcc agacctccgt ccgcctcgtc ctccccggcg agctcgccaa	540
35	gcacgccgtc tcggagggta ccaaggccgt caccaagttc acctcgtctt agccgccttg	600
	ttgtaggcgt cgttgttgtc tgcttctcaa gcaagcactg tcatgtgccg cttctcatgg	660
40	cagt	664
	<210> 100 <211> 680 <212> ДНК <213> Zea mays	
45	<400> 100	
	aaacaacaca gtcattctgat cgtcataaaa tgatataatc tgtctataacc gcacccaagt	60
50	gtttcagtct ttcagagttc caaaacgttc gaatcttttc tttagccatc ttcttcctcc	120
	cgacgccgcc gcggctatga ccgcgtatga gttccaacac tcgagtgagg tgtagagtgt	180
55	agacttaccg aaatgatatg tatacttgta gtaatacatg acaaaacgac ggttaattct	240
	tgtgtaacaa tgcgatacga gcagggccga tgtactacaa cggcatgtac catctcttct	300
	accagtacaa cccgcacggc gcgctctggg gcgttgga cctctcctgg ggccactccg	360
60	tttccggcga cctcgtgaac tgggccgcc tggacacggc gctggaccg acgtcgccct	420

	tcgacgccaa	cggtctgtgg	tcgggctccg	ccaccatcct	ccccggcggc	accccggccca	480
	tcctctacac	gggcatcgac	gccaacgggg	agcaggtgca	gaacgtggcg	ttccccaggg	540
5	acccggcgga	cccgctcctt	cgccgggtggg	acaagcccgg	ctacaacccc	gtcatcccgc	600
	tccccgccga	cgtcccgggc	gacaagttcc	gggacccttc	gacggcgtgg	ctcggccgcg	660
10	acgggctgtg	gcgcgtcgcg					680
	<210> 101						
	<211> 935						
	<212> ДНК						
15	<213> Zea mays						
	<400> 101						
	ctgtcatcca	tgtccaggag	gtctgttgct	gcacaccctt	ggcatgatct	ggagataggt	60
20	attgtacacg	ctctagcttg	acaaatggtc	agccgttgat	ctctgctatt	tgcaaccaga	120
	gcttaagttc	atcttggaat	catgcaggtc	ctgggtgctcc	aaccatattc	aactgcgtaa	180
	ggccaccctg	tcatgcttga	ctggtcctct	tgtgatatgt	tcatgttaat	agcatgatgt	240
25	cttttgttct	attggaaaat	aaaaagtctc	cctggactct	aaaatcaatg	cctgtgaaca	300
	catgaactgt	ttgtgtcacc	catgttcctc	tgctccttgg	cactttctga	tgcatgctca	360
30	aatgcttaag	aaagactcat	agaagcgact	cctattccta	tgccagggtca	ttgagatacc	420
	aaggggcagc	aagggttaa	atgaacttga	caagaaaact	ggactgatca	aggtaaagca	480
	atgttgtttt	cctcccgtg	aagtcttatt	gtgaagctat	atctcttgcc	agttctaata	540
35	tttactcctt	tccgtttcaa	tctgtgtgca	tgtgcagggtg	gaccgtgtgc	tgtattcatc	600
	agttgtttac	cctcacaact	atggattcat	tcctcgcacg	ctttgtgaag	acagtgatcc	660
40	tttggatgta	ctgggtataa	tgcaggatg	cttctttttt	atatatatca	ttgggattca	720
	caaaatggta	catcagtagt	gatctgagta	tccttgggca	taagttgagc	taattttcaa	780
	atcttgtcat	tttccatttc	tgggaatgg	cgagaacatg	tctataaact	gttacttcca	840
45	agcatgtagg	agccagtc	tttccatttc	tgtttatagt	tgccatgctg	ggaacatgta	900
	tgtaaactgt	tacttccgtg	catgcaggag	cctgt			935
50	<210> 102						
	<211> 805						
	<212> ДНК						
	<213> Zea mays						
55	<400> 102						
	ggatccatac	aaggtgcttt	tttttcgatt	tagaattctt	tcttcatcga	ttttgccta	60
	tgtgctagat	cctcaaata	attccgcac	ttgtttccgc	ccttgattga	tgcattcgct	120
60	cgtctgactt	gattgatgcg	ctcgatctgg	gggactcttc	gttcttgcag	caccgcccgt	180



	ctagtgggag caactccagc ttctggacca ccaactccgg cgccccgctc tggaacaaca	240
5	actctgccct caccgtcgga cagcgaggct agaccacaac ccctctctct gtttatcctg	300
	tagctgacat gctgctgcct tcatttgtct cgtctctcca tcccggttcc attttccctt	360
	gcacgatcct gtatgtactc actatgtatg tagcatatat gttcttgatt tgtgcgagac	420
10	ccatccgagg cataaatgat ctgttctagc tttgctttga ggcctattat tgcaccgtgg	480
	aagccagagg atttcgcttc ccatccattc aaagcttgca tcttgatgtg cttttaatta	540
15	atttccagtg actaattttg cctgctctgt acatgcgggg tgtcgttgat tcacctgtcc	600
	gaatatcgctc aatgaatttg agacttgccc aaaggactta ttccttgatc cagctgtaag	660
	gtgaagcttt tgtcctgata tttttgccag tcgctgtcga accattacgt tacttaaggg	720
20	aaagaaagca cattcccggg acgaaatgcc atcatggagt catagtgata atcctaggtg	780
	agggacactt ggagagtagt aaagt	805
25	<210> 103 <211> 1582 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 103 gtacctccta ttcttagcca gctagcgaga gagaccaaat cctggcctca catgagatcg	60
	actggttcct gggctccttc tctcctcccc ccgttaagtt gcccgtcgga ggaggatcct	120
35	gagcacatcg atcagtcgcg tgtctaggtt tcctctctca ccatagcgcc cgctctgtcg	180
	cccttcgttc acctctcctt cctctcgtcc ctgcctgcca gggagagggg aagtcagagg	240
40	cacggagtgg cgcagagcag acgcccgtga accattgtag ctgtccctgt cgtcgtcgtc	300
	gtcaacgaac ccacacaagg aaaggatgga gaagaagccg accatcctca tgaacaggta	360
	cgagctcggg cgcacgctcg ggcagggcac cttcgccaag gtgtaccacg gccggaacct	420
45	cgcgccggc gagagcgtgg ccatcaaggt catcgacaag gagaaggtga tgcgcgtcgg	480
	catgatcgac cagatcaagc gcgagatctc cgtcatgcgc ctcgccgcc accccaacgt	540
50	cgtgcagctg cacgaggtga tggccagcaa gagcaagata tacttcgcca tggagtacgt	600
	ccggggcggc gagctcttcg cccgcgtcgc ccgcgccgg ctcaaggagg acgccgcgag	660
	aaggctactt caccagctcg tcggcgccgt cgacttctgc cacagccgcg gcgtctacca	720
55	ccgcgacctc aagcccgaga acctcctcgt cgacgagcac ggcaacctca aggtctccga	780
	cttcggcctc agcgcgtca gggagtgcc gaagcaggac ggctgtctgc acaccacctg	840
60	cggcaccccc gcgtacgtcg cgccggagat catcaacaag aagggctacg acggggccaa	900
	ggccgacatc tggtcctgcg gcgtcatcct cttcgtgctc ctgcgccggt acctccggtt	960

	ccacgacgcc aacctggtgg agatgtaccg caagatcagc agagccgacg tcaagtaccc	1020
5	gcagtgggttc tcccctgagc tccggcggtt gatgcccaag ctccctcgaac cgaacccaaa	1080
	caacaggatc acgatcgaga agctggtcga gcacccctgg ttcaagaagg ggtacaggcc	1140
	ggccgtcatg ctggcacagc cgcacggctc cagcagcctc aaggatgtcc aggtcgctt	1200
10	cagcaacgcc gaccacaagg acagcagcag caaggtggaa cagccggcgg acagctcctt	1260
	gaagccggcg agcctgaacg cgttcgacat catctccac tccagagggg tgcacctgtc	1320
15	aagcctgttc gaggtggacc aagagcagaa ggccagcaac tcgcggttca tgaccagaa	1380
	gccggcgctcg gcgatagtgt caaagctgga gcagatcgct gagacagagc gcttcatggt	1440
	gaaaaaacag gacgggctgg tgaagctgca ggggtccaag caagggagga aggggcagct	1500
20	cgcgatcgac gccgagatct tcgaggtgac accggccttt cacgtcgctg aggtgaagaa	1560
	gtcggcaggc gacacgctgg ag	1582
25	<210> 104 <211> 741 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 104 gcaatgtgaa tgaatatatg acgcaccatt atgttatgtg tgacatatat tgatttctat	60
	acttctaagt attctctgat catctgggac gtgtaaacat aaaaagataa taaactaact	120
35	gcattcgaga tcatgaccag taataacaaa caaatgtaat ctgcagtgag aacagataag	180
	tggccacata accaaaacct tgagtctgca cagcatctta attgtcactt aacacaagaa	240
40	aacaatttag acagttataa gcaacatata acattgacca ttgatcattt aggttaacat	300
	ggggacaaga cataattgat tgctaaatct atctgtaagc tttattaatc ttataattca	360
	taattacaat gagttcattg caaccctcaa ggtgtaatgt tacagcaagt caaccacagc	420
45	agcacagaac aagaacatgt tgtagaccta aggttttagt ctccctttga actctattac	480
	tcagatatag agtatatatc taacaaaaat ggtacggaaa agcataccta agaaaccaca	540
50	agccacagaa ttgatgtagc ttcgagcttc aattgaatcc agacctagga caattatgtg	600
	gaactgactg tagaactcta tctctttatc ttcaatcctg caaaaatgag gaactatgtt	660
	caccctatta actcgctcca taaccctctt cgctgctact tcagccttgg acttcccaac	720
55	atcttgaact ctgtacagca g	741
60	<210> 105 <211> 628 <212> ДНК <213> Zea mays	

	<400> 105	
	gagaagcaac atgacggcaa gctcagtggc tacattcgaa taaggagcaa gacccagggg	60
5	attgcactca gcttagggga caagatcact ctcaagcaga aagggtggcag ttaactgtga	120
	caagtaatcg cagttgtatc atcatttttc gcatttagga aatccacgtg ccagagagag	180
	accagtgccg tggcattgaa ctgagtataa atgctttttt gtacaaaagg atcgatcaag	240
10	gagagagata agaggacagt tatgaggaag tcacgaagtt gtcggtcgaa gatatatggt	300
	gctgtagtaa cgaagctgtt ccaaacttcc ttgaaatagt tgtgaagttt atgttgattt	360
15	ctcgacaggt agttcaattg tgatcttgta ctactattat gaatccctct tgttttaatg	420
	ttttatttgc ctttatttta gttgtctgga cttggaaaca gaagcttgga ggcggtgttg	480
	tcacgttatt tttgtagaga tgaattggag ctcattttct gttgcatata gatttgccaa	540
20	ttgtgttagg gtacttttat ggtgtttatt taagaaatga ggtagtccat tatcttttta	600
	ctcagtttct ttggtttgtg gaataaat	628
25		
	<210> 106	
	<211> 1084	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
30		
	<400> 106	
	atagtgcгаа tctgagtgtt aaccataata acacaaatct gagtgttgca cagagaaaag	60
	gataacgcat gtagcagatc aacatattta taatcatagt gcatcgcagc ccaatattga	120
35	aacagataaa aatacattaa ccagtagaga gttgtaccaa gagagaacag aacttacttc	180
	ctgagcctga gctgggggtg cgactttgcc agttccaata gccagactg gttcataggc	240
40	aagaacaacg ttgctccagt cttgatctt ctctgtaaaa caaacagcca tttgatccat	300
	tcagcctgat ttttcgtata gggtcaaaaa acttggtaac ttcaaagcaa ggcactaaat	360
	gttcacatga acaaaacaaa gggcagaccc agctcccaca tgaatgtggg gtctttcccc	420
45	cacaaatgcy gaaaggaaaa tccagcatgt aaattcatcc aagcaacaga aacaaaaact	480
	cggccagggg aggaaagacc gccctcccg tattctatta agaagagacc gaaacatggt	540
50	cccgcccgaa aaaatccccg aaccctagcc ccccatcact agttggccga catcgcgcac	600
	tctgcaaатg ccagccgga ggggtgggtg catgacataa ccgagggcg ggcggggcac	660
	aacgaaggga ttttttaacc aagcccgaаа ttcgccccca agggggatcg aaccggggac	720
55	ctggaggtgc tacttggaag ctttaaccat tacgctaaag gccctttcgc agcgacagaa	780
	acacacataa gttgattcct aaactaaagc tgttacagaa aaacagtaat gtccgaactc	840
60	cggatatgta gattatctaa cagaactgat caccagaagc aaagggcctg ttcagtttgg	900

	gtttcagctg ctgtggctag ctgcagctag cttatgacta cagtaactct actgtgacac	960
	ctgagaggca gcagccaacg actgaataaa tgccagacga acaatctcaa ccaaagatg	1020
5	tatagctaca tttatataat gaaccaacaa ggcagcaact cttcattacc attaaaaaac	1080
	taac	1084
10	<210> 107 <211> 929 <212> ДНК <213> Zea mays	
15	<400> 107 atcaagagca gcagctgctt tgctgagaaa caggctgacc ccgcatttgc acagttgcag	60
	gcctactagc accacttgca gctgggtgac ttgccatcct atccaacaag gagaatgaag	120
20	aatgattagg tgctcccgta tacagataaa caatagcaaa catagtgatc atgggattca	180
	tggcttattt ttcactttga atcatatgca atattatggt gcacagtgtt ctttgtttgt	240
	actcagtccc tcaataaaaag agggcctcca tatgttgaca tactatactt gatgactcca	300
25	aaaggaatga gaaaatgctg ccacaaaaaa gtctacaaca caaatgatct agttacctgt	360
	tctttatctc ccctgccatg gtcatgaatg ccttctccac atttgttgca tccttggcac	420
30	tagtctcaag gaatggtatt ccgatgtcat cagcaagggc ctatgatgac aagcaacatg	480
	cagccaattt aactatcatc ccggttgaaa gaagcatgtc cagtaaaagt aattaatgca	540
	gagaaatatt accttgccag cctcgtaaga aactactctg ttctcagcca ggtcacactt	600
35	gttccccacc aaaagcttgt tcacattttc actggcatac ctatcaattt cattcagcca	660
	ctgcttgaca ttgttaaagc tctcctgggtc agttacatca tacacaacct atagaaatac	720
40	aaaagttaa acaagactca gattaacaaa gatgagataa tagcagatag gaaaaaacg	780
	aaataagaaa aagaaagctc acaataatgc catgagctcc acggtagtag ctgcttgtga	840
	tggtcctaaa gcgttcttgg ccagcagtat cccactaaat cagaagaatg tggagaaaca	900
45	taagtgtcaa agcttctaac tgtaggaa	929
50	<210> 108 <211> 850 <212> ДНК <213> Zea mays	
55	<400> 108 ctcgggcacc ggaattcccc cctgtagatc ttacggtaca tcgccatgag gttctgggtcg	60
	tggaaagggg ggtagccagc catgagcacg aacaggatga caccgcacga ccatatgtcc	120
	gccttggcgc cgtcgtagcc gcggcgcgcg agcacctccg gagcgacgta tgacggcgtg	180
60	ccacagaagg tgtggaggag gccgtcgggg tggaactggt cggcgaccgc cgagaggccg	240

	aagtcggaga ccttgaggtc gccgcgctcg tcgacgagga gattctcggg cttgaggtcg	300
5	cggtggaaga cgccgcgggc gtggcagaag ccgacggcgg agatgagctg ctggaagtac	360
	ctgcgcgcgg tgctctcctt gaggcggccc ttggcgacgc gcgcgaagag ctccccgcgg	420
	cggacgaact ccatgacgaa gtagatcttg gacctggtgg ccatgacctc gaagaggcgg	480
10	acgatgttgg ggtggcgcac gcggcggagg atggcgatct cgcgcttgat gtgctgggacg	540
	aggccgttgc gcagggcctt ctcttctgctg agcaccttga tggcgacggt ctgcgcggtg	600
15	tcgtcggcgt ggcgggcggt gtacaccttg gcgaagggtg cgtggccgag caggcggccc	660
	agctcgtagc gccccagcag gagggccccg cgcttgggcg gccccgagga ggaggccggc	720
	cgccggggct gcggtgacgc gtcccacgac ggcgggcggg tggcggccat caggtagagg	780
20	aggaggtcag gcgcgcggag aaacggagcg gaaggcagaa tggccgatta ggtggtggtg	840
	gtagcgaggg	850
25	<210> 109 <211> 606 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 109 gccaaacaag cactcttcta gttcttcctg ttctcacttt ctcttctctga gaatctcccc	60
	tttatatgaa taatataaat gtcacataag taaataaaca aataaatcaa tcaatattac	120
35	tacgaagctg tcctcaccgc cttctctctc cctccgaatc caaacgcgga cgcaaatgtt	180
	gctccacgcc ggtccctcgt tcctgctcgc accacctccg cgctttgccg ccgctccgtc	240
40	gtcagcttcg ccgaggcgat ccaggacacc gcaatcctcg ccgccgacgt cgcatttcgc	300
	gcgccccgct gatcccggtg cccaaagggg gcgtcccgtc gcgccgagga cccccatggc	360
	gacggcggag gagggcgcca gctctgacgt cggcgctcgcc gtcgccgagt ccgcacaggt	420
45	tcggccgcca ctgcccctcc tcacattcca gagtttacgc aattattatc acttgggcca	480
	ctcgtttgcc aatgattacg cgattacgcc taacctgtcg gtcgggtcta cattgtagtc	540
50	acactcacac gaatgcccc aaccgtttgt gagctcgtgg tgatgatctg tgttccacct	600
	gcacca	606
55	<210> 110 <211> 710 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 110 agcatgacca gaagcagagc ctgatggaca aggcgaaggg gttcgtcgcg gagaagatcg	60

	cgcacatccc caagcccagag gcgacgctgg acggcgtgac gttcaagggc ctgagccggg	120
	agtgcacac gctgcacagc agcgtgaacg tgtccaaccc ctacgaccac cgcctcccca	180
5	tctgcgaggt gacctacacg ctccggtgcg ccggcaagga ggtggcgtcc ggcaccatgc	240
	cggaccccgg ctggatcgcc gccagcggct ccaccgcgct ggagatcccc gccaaaggtgc	300
10	cctacgactt cctcgtctcc ctcgtcaggg acgtcggccg ggactgggac atcgactacg	360
	agctccaggt cgggctcacc gtcgacctcc ccatcgtcgg caacttcacc atcccgtctt	420
	ccacctctgg cgagttcaag ctccccaccc tcaaggactt gttctgatct agtagtagct	480
15	cgcttgccctt gtgttctgtg cgggcgcgca ccagcgatct gtacgacgag cttttgcaaa	540
	taaacgacgc agctcctctg ttctatatat ctcaatgaat gcctaagcta aggggatgga	600
20	tggtttaatt tgactgcaaa taaagagctg gatttcgttc aggttcctgt ctctaagctg	660
	gatttcattc gggcatccac catgatgtgg atgtgcctgc cgcgtccgtc	710
25	<210> 111 <211> 838 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 111 acgacgatgg cggcgtaccc cttggggatc tccgcgacgc cggagaagcc gaacttggcg	60
	ccgatgagggc tgcccacgac gatctggcac gcgagcatct gggtgccgcc ctgcaggaaac	120
35	agcttgccggc ggccgagggc gtcgacgggtg acgatggaca cgaaggtggc gaagacgttg	180
	acgaggcccc tgatgacggc ggacatgagg gaggcgtcgt ccgcgaagcc cagcgtcttg	240
	aagaggaccg gggcgtagaa catgatgacg ttgatgcccg tgagctgctg gaacatgggg	300
40	atggcgatgg ccatgacgag ctgcgggagg tagcgcgga gcaggatgtt ggcgcagggg	360
	tgcgccacca gcttgactc gtcgctggcg gccaccaggt cgctgtactc ctctccacg	420
45	tcgtcgggtgc cccggacgcg cttgagcatc cgcttgccgg cgtcgggtgta gccgcggtcg	480
	atgagggagt tgggtgtgtc gggcaggaag agcgcgcca cggcgatgat ggccgcccgc	540
	acggccgcga gcgcgaggct gacgcgccag cccagccgc ccctgatctt ggcggtgccg	600
50	tagttgatga ggttgccgca gaggatgccg atggtgacca tgagctggaa gccgatgttg	660
	agcatcccgc ggaggcgcgc cggcgccatc tccgagaggt agacgggcac ggactgggtg	720
55	gcgaagccga cgcgcacgcc gaggaggacg cggccgagga tgagcatgcc cacgtccttg	780
	gcggcgccgt tgagcgccgc gccgaccagg aacgtgacgc cgcgcgcaa catggacc	838
60	<210> 112 <211> 821 <212> ДНК	

<213> Zea mays

<400> 112

5	ccagttcaag acagaggaga tgaccaacat catgaaggac ttcgacgagc ccggggttcct	60
	ggccccgacc ggccctcttcc tcggccccac caagtacatg gtcattccaag gcgagccccg	120
	cgctgtcatc cgcgggaaga aggtactgat ccgtcgtcgt ctatgctccc cctctcgatc	180
10	tcccaatata atgcacgtcg atcatctttc tcttgtttcc ctagggatct ggaggcataa	240
	ctgtgaagaa gacagggcaa gcgatgggtg tcggcatcta cgacgagccc atgacccccg	300
15	gccagtgcaa catgggtggc gagaggctcg gcgactacct cgtagagcaa ggccctgtgaa	360
	tggattcatt taacctcgct cgctcgcttg tccatgggtc gagcatccag cagcaacgat	420
	accaacatca gcattattta attggtagcc tcctctagct acgcacgcat tttagtcccc	480
20	tacacgccct tggattgtgc gtggctctgt taatcatctc tcattccttcg tctgccattt	540
	ctccccctgcc cgtcgccgat caccagagat ttttgttcct tgttggtacc atgcattttg	600
25	gcaaataatt ttgtaattcc acccccaa taaagtttg tttgctgatg gtttgtaaac	660
	ccagaacaat atatatatgt gtgtgattga actgttcctg tctattcttt ttgtaaacgg	720
	gaatatatat gtatgcattt tgtgtgatgc atgccttcca gggcgacgac taattaatgt	780
30	gcaaccagtc ctccatccat gtatggtgaa gggctaaagg c	821

<210> 113

<211> 652

35 <212> ДНК

<213> Zea mays

<400> 113

40	gtggaagccg ccgcggttt cttgaacaaa gccgtcaagc cagtgcctgt aggtgggcca	60
	aagatgaggg tgtccaaagc atgggaagcc ttggcagagc tggcagatgc ctgcggttat	120
	cccgttgccg tgatgccttc tgcgaagggg ctagtgccag tgcaccactc taggttcatt	180
45	ggcacgtact ggggtgcggt gagcactcca ttctgtgctg agatcgtcga gtctgccgat	240
	gcctacctat ttgctggccc cgtattcaac gactacagct cggttgggta ctgctgctc	300
50	ctcaagaagg agaaggccat cattgtccaa ccagagcggg tgggtggctcg gcattggacc	360
	gcgtttgggt gtgttctgat gaaggatttc cttcatgccc ttgcaaccg tctgaagaag	420
	aacactgtcg cgtatgagaa ctaccgtcga atttatgtgc ctccaggcga accactttca	480
55	tctgaacctg gcgagccgtt gagagtgaac gtgctcttca agcatattca ggcaatgctg	540
	tccggcgaca tggctgtcat cgcagagact ggggactcgt ggtttaactg ccagaagctg	600
60	aagctaccgg aaggatgtgg gtaagctcct ctttcgaatc atgattttgc tg	652

	<210>	114	
	<211>	646	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
5	<400>	114	
	ccaacagatg	ctcaggtgaa ccagtccagc agcataggct tctaaaccta ctattagggg	60
	aaaaagaaat	aacttatggc gtcgaccaca aacacactga tgcacgagaa gtattttctag	120
10	ctgtttgttat	ctgtgaggtt gatcctgcgg cggcggcggg ctcgacacga tgtgaccata	180
	aacgaactgg	ttccacgtgt ccggcacgcc ggggaggcac cagtggatgc aatccgcgaa	240
15	cttcctcggg	ttcgctttct gctcgggcgt caggagcttc cctgcccga gcgtgtgcac	300
	ggaggtgtgc	gcgtccttgc ggatctccga cagcgcggtc acgtcgacga agcgcaccgg	360
	caccttctcc	atcgacctcg tcacgcgctg ggcgcccgcg aagaggtccc agtccgtgcc	420
20	cacctccagt	ttcttcgtgt agttgatcgc cggctgcgtc tcggagaagc attttacggc	480
	gttggggctg	ccccagcctt cactcctgga ccacaacaag acagtgagtg actgtggagg	540
25	ggcagaaatt	ctgcatatca agcaaggtac ggatggatac ttactgcata tgtaccggtg	600
	acacgctcat	gaataggacc gtgcttctct tgggatcaat gtgcgc	646
30	<210>	115	
	<211>	603	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
35	<400>	115	
	ggatctggac	aatattttcac aagccaaaaa gacaaaaaaa aaaaaaatca agtacctgtc	60
	ttccatccaa	gcaacactgt acaggtctcc caaacaagtg tcatactccg gtggagggct	120
40	cgggaactcg	ccagggcagt acgtccccc a gctgctctcg tctgcatttg acgcggtggt	180
	cgcatacaca	ttgatgtcat tcggcaggag gccctcaaag atgctcccag attcgcgatgc	240
	ttcaaggtaa	aagacctaca aaaggtgaaa gaatacgcac atacctcaag cccttgcttg	300
45	acatatcaca	aaatttcaga gcagaactga acaaacagct aacggtacca ggcttttgta	360
	ggccccggca	gcatgcttct tcttcaggac atctacgagg tcatcaccat agagatatgg	420
50	atacgtaggc	attcctgaat tttttacaga gtaagtaact gtgtctattt tgggttctaca	480
	tgcatgtacg	aactgatatt ttatctaaga aacatctaac ctgaatgaaa tcagtagcaa	540
	ttagttgcga	gtacagacca aggacaccag gacccccatg gtcactgtag aaaacaaaga	600
55	tat		603
60	<210>	116	
	<211>	841	
	<212>	ДНК	



<213> Zea mays

<400> 116

5 taactgctaa taactatagg cgggattatc atctgggttc aaatatttgg acttatgtgc 60

tcctttgagg cggcgaggca gccacacca cacgcagtgg cctgtggcgc ctgggcggtg 120

agtcgccta tgactgcgaa tgttataatt ttattgggca tccttttagt tgattgaatt 180

10 gggtgtagcc tgaaccttat ctaccatttt atctcccctg cttgtcgtgt tctatgtccc 240

tgttcagcag ctataccaca gtcttttatg ctcacagagg cagacattag tggcttgaag 300

tgagccaaa cggcttaggt ttatctatct cttctgagat atgaaatggg acattgtagg 360

15 tttatgcata ttcagccacc tttgctagtt attatgtgat tttgtaaatt tcctgagcct 420

gcgactaaat tatttcaaca tatttagtaa tgcgctggga gtatatgcag aacttaagta 480

20 ccttttctgt ttgttttgtc aacaaagtga gcaaaaaaca atgctttgtt atgtgtggcc 540

atgttgcag agtgaagaag cacgtgtttc tttcttttca cctgaaaagt aaaatagttc 600

tgcaagcaga atctctagtt atggaatgtt atttctgaat ccgcagttca catcatgttc 660

25 agtcaagtac tagcactgac ggttgcttcc tttttgatat gtgcagaaag cacttgcagg 720

tctgagaaga atcaatttag atgggcttcg atggcgcgta tttgatgcta agggtcagg 780

30 taggattgtt tttctagctt gagtagcatg gatgaactta tctcaagaag gatagaggct 840

a 841

35 <210> 117

<211> 459

<212> ДНК

<213> Zea mays

40 <400> 117

atcaacgtgc agaacaagaa ctgctcctac ttcgtggagt ggatcccaa caacgtgaag 60

tccagcgtgt gtgacatccc gccgaggggc ctgtccatgg cgtccacctt cgtcggcaac 120

45 tcaacttcca tccaggagat gttccggagg gtgagcgagc agttcactgc catgttcagg 180

aggaaggctt tcttgactg gtacacgggc gagggcatgg acgagatgga gttcaccgag 240

gccgagagca atatgaatga cctcgtgtcg gaggaccagc agtaccagga tgcgactgct 300

50 gatgacgatg aggaggccga gtatgaggac gaggaggagc cagctgatgg catgtgaggg 360

gaggctgtta aatgtgaagc ctggtgatgt cccctttcgt gttgtcgcca tgttatacta 420

55 gtacactagc ataccaccct cgtggcccat tccgtcgat 459

<210> 118

<211> 24

60 <212> ДНК

<213> Zea mays

	<400> 118 ctagggtcct gctacaagag atcg	24
5	<210> 119 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 119 ggtccagccc agtcgcc	17
15	<210> 120 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 120 gaagagaagc accctggacg	20
25	<210> 121 <211> 27 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<220> <221> misc_feature <222> (18)..(18) <223> y e c a б o t	
35	<400> 121 aacggacaat caaatatytg ttgtcag	27
40	<210> 122 <211> 26 <212> ДНК <213> Zea mays	
45	<400> 122 tcaacaaaatc agaacacact cacagt	26
50	<210> 123 <211> 25 <212> ДНК <213> Zea mays	
55	<400> 123 caagcgttcc agtggtattg agtct	25
60	<210> 124 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	

	<400> 124 ggcgcatagg acatcgtaa	19
5	<210> 125 <211> 25 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 125 gtgattaaag gcttccgagt aacac	25
15	<210> 126 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 126 agtcgttttc cccacccttt	20
25	<210> 127 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 127 cacacgatgt tgccccatac	20
35	<210> 128 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 128 agctgacggg cggatgt	17
45	<210> 129 <211> 21 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 129 tgccattggt gaacacgaac a	21
55	<210> 130 <211> 21 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 130 catgcctcag atcgtcaaac a	21
60	<210> 131 <211> 23 <212> ДНК	

	<213> Zea mays	
5	<400> 131 cgccaacaag ggaagaaatt aaa	23
10	<210> 132 <211> 21 <212> ДНК <213> Zea mays	
15	<400> 132 aagaaagaca atgttggtgg g	21
20	<210> 133 <211> 21 <212> ДНК <213> Zea mays	
	<400> 133 ttcaacaacc tgcagaactt g	21
25	<210> 134 <211> 23 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 134 gccataccct gcagaatcag ttc	23
35	<210> 135 <211> 21 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 135 ccatcaggtg agcagcatct g	21
45	<210> 136 <211> 21 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 136 cattcgcagc cattcctaca g	21
55	<210> 137 <211> 24 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 137 ccgatggatt ggactcctgt ttag	24
	<210> 138	

	<211> 23		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
5	<400> 138		
	tgggcagaaa ctgtggaaga aaa		23
	<210> 139		
10	<211> 22		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 139		
15	tgagggtagag gtgattctcg at		22
	<210> 140		
	<211> 19		
20	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 140		
25	tcaccgagtt gagcagcag		19
	<210> 141		
	<211> 15		
	<212> ДНК		
30	<213> Zea mays		
	<400> 141		
	cggctgacgc tgctg		15
35	<210> 142		
	<211> 26		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
40	<400> 142		
	aaatgttgtag attttcaggc caagac		26
45	<210> 143		
	<211> 20		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
50	<400> 143		
	tgctgtgagt agtgcttgca		20
	<210> 144		
55	<211> 22		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 144		
60	aggtcgaaga tgaggacgtt ct		22

	<210>	145	
	<211>	20	
	<212>	ДНК	
5	<213>	Zea mays	
	<400>	145	
		gtcatgcgca tcatcaacga	20
10	<210>	146	
	<211>	24	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
15	<400>	146	
		ggacttgtag tagacgttga cgta	24
20	<210>	147	
	<211>	16	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
25	<400>	147	
		cgggctcctg gtctgg	16
30	<210>	148	
	<211>	26	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
35	<400>	148	
		gtgatcgctc tgaatgttta atgtgt	26
40	<210>	149	
	<211>	25	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
45	<400>	149	
		ttcaacacct cagtacatcg ctaaa	25
50	<210>	150	
	<211>	27	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
55	<400>	150	
		gctttcgaat gtgttcatga tgtaagt	27
60	<210>	151	
	<211>	17	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
	<400>	151	

	ccccagccct ggatcac	17
5	<210> 152 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 152 tgatggaact gcacaaatg	19
15	<210> 153 <211> 18 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 153 caccctgctc aaggtcat	18
25	<210> 154 <211> 27 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 154 aggagaagga tgttgactta attagaa	27
35	<210> 155 <211> 24 <212> ДНК <213> Zea mays	
	<400> 155 tagatgtcct catcctgaaa cacg	24
40	<210> 156 <211> 22 <212> ДНК <213> Zea mays	
45	<400> 156 ccctggtaac tcgtccccta ac	22
50	<210> 157 <211> 22 <212> ДНК <213> Zea mays	
55	<400> 157 gatgccctgc tgttcttcag tc	22
60	<210> 158 <211> 24 <212> ДНК <213> Zea mays	

	<400> 158 caagcagtct ccagattggt agtg	24
5	<210> 159 <211> 25 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 159 catctagtct tgtgagaggc catgt	25
15	<210> 160 <211> 25 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 160 tggtaccagt agagcatctc ctgat	25
25	<210> 161 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 161 gcatcaccat cctccttgct	20
35	<210> 162 <211> 30 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 162 gctaatactt gaatacagaa ggatggatgat	30
45	<210> 163 <211> 25 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 163 gccaaacatat tgtcatccga ggata	25
55	<210> 164 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 164 acgcatcaac tgcagagaca	20
60	<210> 165 <211> 23	



	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
5	<400> 165 gaaaaggac cattcaggta tgc		23
10	<210> 166 <211> 25 <212> ДНК <213> Zea mays		
15	<400> 166 tctgcattgg aagttcgctt ataca		25
20	<210> 167 <211> 25 <212> ДНК <213> Zea mays		
25	<400> 167 gctcgacagc atccaaaata atctg		25
30	<210> 168 <211> 25 <212> ДНК <213> Zea mays		
	<400> 168 gcgaattgca ctggagattt gattg		25
35	<210> 169 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays		
40	<400> 169 ctgaagatcg ggctgcaatg		20
45	<210> 170 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays		
50	<400> 170 tgctggtacg aagacaagac		20
55	<210> 171 <211> 24 <212> ДНК <213> Zea mays		
60	<400> 171 aaaacaaaag aacaaaagaa ctac		24

	<210> 172	
	<211> 21	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
5	<400> 172	
	aagcgaaccg ggatcaaaga t	21
10	<210> 173	
	<211> 25	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
15	<400> 173	
	cctacacgtg acttatcccc aaaag	25
20	<210> 174	
	<211> 19	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
25	<400> 174	
	gctggacaag atcaaggag	19
30	<210> 175	
	<211> 20	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
35	<400> 175	
	gctgaattac aatacgcaac	20
40	<210> 176	
	<211> 19	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
45	<400> 176	
	cctgcaggct cacgagtag	19
50	<210> 177	
	<211> 18	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
55	<400> 177	
	gtgtctgagg cggaaggt	18
60	<210> 178	
	<211> 15	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
65	<400> 178	
	ccgccaccgg aacct	15

	<210> 179		
	<211> 16		
5	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 179		
10	agcagctcgc ccttcc		16
	<210> 180		
	<211> 15		
	<212> ДНК		
15	<213> Zea mays		
	<400> 180		
	cccaccgcac gacca		15
20	<210> 181		
	<211> 21		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
25	<400> 181		
	agtctgagcc atcaccttcc t		21
30	<210> 182		
	<211> 24		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
35	<400> 182		
	ggtcgttctt cacattgggtt agca		24
40	<210> 183		
	<211> 17		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 183		
45	caccgccgct acagtct		17
	<210> 184		
	<211> 25		
50	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 184		
55	cagaaaacgc aacaaactac aacca		25
	<210> 185		
	<211> 25		
	<212> ДНК		
60	<213> Zea mays		

	<400> 185 agtaagcatt gctcgttttag gatgt	25
5	<210> 186 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 186 acacgatcga gcacacaag	19
15	<210> 187 <211> 22 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 187 cgtagcataa acagtacacg ga	22
25	<210> 188 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 188 gctccaaggc gcattttctg	19
35	<210> 189 <211> 25 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 189 cactctacag gcattctctac atctg	25
45	<210> 190 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 190 caggtcacac aggacaacca	20
55	<210> 191 <211> 22 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 191 ccgagaaatg cgacgtctat gg	22
65	<210> 192 <211> 22 <212> ДНК	

	<213> Zea mays	
5	<400> 192 ccatcgtagg aaccctgtca tc	22
10	<210> 193 <211> 23 <212> ДНК <213> Zea mays	
15	<400> 193 gatgcatgat cagaagggt ctt	23
20	<210> 194 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	
25	<400> 194 aggccgtcac caagttcac	19
30	<210> 195 <211> 18 <212> ДНК <213> Zea mays	
35	<400> 195 gccatgagaa gcggcaca	18
40	<210> 196 <211> 24 <212> ДНК <213> Zea mays	
45	<400> 196 acccaagtgt ttcagtcttt caga	24
50	<210> 197 <211> 15 <212> ДНК <213> Zea mays	
55	<400> 197 cccaccggcg aagga	15
60	<210> 198 <211> 21 <212> ДНК <213> Zea mays	
	<400> 198 atctgcctct ccctgatcaa t	21
	<210> 199	

	<211> 21		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
5	<400> 199		
	ctgtagaagc cgtgaaggag a		21
	<210> 200		
10	<211> 25		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 200		
15	tgtaaggtga agcttttgtc ctgat		25
	<210> 201		
	<211> 22		
20	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 201		
25	tgactccatg atggcatttc gt		22
	<210> 202		
	<211> 16		
	<212> ДНК		
30	<213> Zea mays		
	<400> 202		
	acggagtggc gcagag		16
35			
	<210> 203		
	<211> 22		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
40			
	<400> 203		
	tgctccagct ttgacactat cg		22
45			
	<210> 204		
	<211> 25		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
50	<400> 204		
	tctgcacagc atcttaattg tcact		25
	<210> 205		
55	<211> 27		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 205		
60	gttcaaaggg agactaaaac cttaggt		27

	<210>	206	
	<211>	23	
	<212>	ДНК	
5	<213>	Zea mays	
	<400>	206	
		ccaggggaatt gcactcagct tag	23
10	<210>	207	
	<211>	23	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
15	<400>	207	
		ctctggcacg tggatttcct aaa	23
20	<210>	208	
	<211>	20	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
25	<400>	208	
		cccagctccc acatgaatgt	20
30	<210>	209	
	<211>	25	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
35	<400>	209	
		ggaccatggt tcggtctctt cttaa	25
40	<210>	210	
	<211>	20	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
45	<400>	210	
		cgtgggattt cccatctctc	20
50	<210>	211	
	<211>	20	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
55	<400>	211	
		ccacatttgt tgcattccttg	20
60	<210>	212	
	<211>	20	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
	<400>	212	

	gccatcagca cgaacaggat	20
5	<210> 213 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 213 tcgctaccac caccacctaa	20
15	<210> 214 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 214 ccgagtccgc acagggtt	17
25	<210> 215 <211> 21 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 215 ccgacagggtt aggcgtaatc g	21
35	<210> 216 <211> 22 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 216 agcaaaagtt cagttctcta gc	22
45	<210> 217 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 217 acgacgaagc tggagatac	19
55	<210> 218 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 218 ggcacgcgag catctg	16
65	<210> 219 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	



	<400> 219 ccaccttcgt gtccatcgt	19
5	<210> 220 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 220 gcccggcgct gtca	14
15	<210> 221 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 221 ccatcgcttg ccctgtctt	19
25	<210> 222 <211> 23 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 222 tctaggttca ttggcacgta ctg	23
35	<210> 223 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 223 cccagtctct gcgatgaca	19
45	<210> 224 <211> 26 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 224 ctgttggttat ctgtgaggtt gacct	26
55	<210> 225 <211> 22 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 225 acacgtggaa ccagttcggt ta	22
60	<210> 226 <211> 28	

	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
5	<400> 226 gatatggata cgtaggcatt cctgaatt		28
	<210> 227		
	<211> 33		
10	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 227 tgctactgat ttcattcaga ttagatgttt ctt		33
15			
	<210> 228		
	<211> 20		
	<212> ДНК		
20	<213> Zea mays		
	<400> 228 tggccatggt gcatgagtga		20
25			
	<210> 229		
	<211> 21		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
30			
	<400> 229 tcagacctgc aagtgccttc t		21
35	<210> 230		
	<211> 20		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
40	<400> 230 ccgaggccga gagcaatatg		20
45	<210> 231		
	<211> 19		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 231 gcagtcgcat cctggtact		19
50			
	<210> 232		
	<211> 15		
55	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 232 ctggaatggc agatc		15
60			

	<210> 233	
	<211> 16	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
5	<400> 233	
	ctggaatgac agatct	16
10	<210> 234	
	<211> 15	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
15	<400> 234	
	acagctttga aggca	15
20	<210> 235	
	<211> 14	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
25	<400> 235	
	acagctgtga aggc	14
30	<210> 236	
	<211> 13	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
35	<400> 236	
	cgctctcggt ctc	13
40	<210> 237	
	<211> 13	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
45	<400> 237	
	cgctctcagt ctc	13
50	<210> 238	
	<211> 14	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
55	<400> 238	
	atgcatgcmc gcag	14
60	<210> 239	
	<211> 16	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
65	<400> 239	
	catatgcatg cagcmc	16

	<210>	240	
	<211>	14	
5	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
	<400>	240	
10		acgagcaaca acca	14
	<210>	241	
	<211>	14	
	<212>	ДНК	
15	<213>	Zea mays	
	<400>	241	
		acgagcaaca gccca	14
20	<210>	242	
	<211>	23	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
25	<400>	242	
		caaagaacaa acttagtact aca	23
30	<210>	243	
	<211>	17	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
35	<400>	243	
		acaaacttgg aactaca	17
40	<210>	244	
	<211>	20	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
	<400>	244	
45		tctttcaggt attccacaaa	20
	<210>	245	
	<211>	20	
50	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
	<400>	245	
55		atctttcagg tcttccacaa	20
	<210>	246	
	<211>	16	
	<212>	ДНК	
60	<213>	Zea mays	

	<400> 246 atttgagcac cttgtg	16
5	<210> 247 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 247 agatttgcac cttgtg	16
15	<210> 248 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 248 aaaacattca taaagatct	19
25	<210> 249 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 249 aaaacattca tgaagatct	19
35	<210> 250 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 250 aagctcatca aagaat	16
45	<210> 251 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 251 aagctcatcg aagaat	16
55	<210> 252 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 252 agcttgtcgt tccaata	17
65	<210> 253 <211> 18 <212> ДНК	

	<213> Zea mays	
5	<400> 253 agcttgtcat tccaataa	18
10	<210> 254 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
15	<400> 254 aaaggctcaa tataactg	17
20	<210> 255 <211> 18 <212> ДНК <213> Zea mays	
25	<400> 255 caaaggctca ctataactg	18
30	<210> 256 <211> 21 <212> ДНК <213> Zea mays	
35	<400> 256 catgattatt gacactagtg t	21
40	<210> 257 <211> 21 <212> ДНК <213> Zea mays	
45	<400> 257 catgattatt gacactaatg t	21
50	<210> 258 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays	
55	<400> 258 caacggctgc actc	14
60	<210> 259 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
	<400> 259 cttcaacgtc tgcactc	17
	<210> 260	

	<211> 14		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
5	<400> 260		
	ctcggcccca cctt		14
	<210> 261		
10	<211> 13		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 261		
15	tcggcccgac ctt		13
	<210> 262		
	<211> 16		
20	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 262		
25	aacgagccta ctctga		16
	<210> 263		
	<211> 16		
	<212> ДНК		
30	<213> Zea mays		
	<400> 263		
	aacgagccaa ctctga		16
35			
	<210> 264		
	<211> 17		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
40	<400> 264		
	atgaacggga accacga		17
45	<210> 265		
	<211> 17		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
50	<400> 265		
	atgaacggga accaaga		17
	<210> 266		
55	<211> 13		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 266		
60	ccatgcagct gtc		13

	<210> 267	
	<211> 13	
	<212> ДНК	
5	<213> Zea mays	
	<400> 267	
	ccatgcagct ctc	13
10	<210> 268	
	<211> 19	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
15	<400> 268	
	caagaaaatc gtgttgaag	19
20	<210> 269	
	<211> 20	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
25	<400> 269	
	ccaagaaaat cgtattgaag	20
30	<210> 270	
	<211> 13	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
35	<400> 270	
	cgatggccgc ggc	13
40	<210> 271	
	<211> 16	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
45	<400> 271	
	atgcatagc cgcggc	16
50	<210> 272	
	<211> 17	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
55	<400> 272	
	actccatcag gcagtgg	17
60	<210> 273	
	<211> 17	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 273	



	actccatcaa gcagtgg	17
5	<210> 274 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 274 catgcgcgtg tcct	14
15	<210> 275 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 275 aatcatgcgc ctgtcct	17
25	<210> 276 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 276 ctggagaagg aaagta	16
35	<210> 277 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 277 cctggagaat gaaagta	17
45	<210> 278 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 278 cagaaagtgc cttatatt	17
55	<210> 279 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 279 cagaaagtgg cttatatt	17
65	<210> 280 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	

	<400> 280 atgatctctg agcccgg	17
5	<210> 281 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 281 atgatctctg ggcccgg	17
15	<210> 282 <211> 21 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 282 cttttgattt cctttatttg t	21
25	<210> 283 <211> 21 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 283 cttttgattt ccttcatttg t	21
35	<210> 284 <211> 18 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 284 ttgtaacatc tggttcct	18
45	<210> 285 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 285 tgtaacatgt gcttcc	16
55	<210> 286 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 286 ctgatgagta tcgtgttac	19
60	<210> 287 <211> 15	

	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
5	<400> 287 tggcgtacgt gttac		15
10	<210> 288 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays		
15	<400> 288 aacgacagat tcgg		14
20	<210> 289 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays		
25	<400> 289 aacgacggat tcgg		14
30	<210> 290 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays		
	<400> 290 ctgttgccat tccatt		16
35	<210> 291 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays		
40	<400> 291 ctgttgccgt tccatt		16
45	<210> 292 <211> 15 <212> ДНК <213> Zea mays		
50	<400> 292 aatgcaagca ttaat		15
55	<210> 293 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays		
60	<400> 293 caatgcaaac attaatt		16

	<210> 294	
	<211> 15	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
5	<400> 294	
	cctccagact gatcc	15
10	<210> 295	
	<211> 14	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
15	<400> 295	
	ctccaggctg atcc	14
20	<210> 296	
	<211> 15	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
25	<400> 296	
	cggcgagatt gtcaa	15
30	<210> 297	
	<211> 17	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
35	<400> 297	
	aacggcgaaa ttgtcaa	17
40	<210> 298	
	<211> 16	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
45	<400> 298	
	tagcagcagg tcatgt	16
50	<210> 299	
	<211> 17	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
55	<400> 299	
	ctagcagcag atcatgt	17
60	<210> 300	
	<211> 15	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
65	<400> 300	
	tccaaggcgc tgtat	15

	<210>	301	
	<211>	17	
5	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
	<400>	301	
10		tctccaaggc actgtat	17
	<210>	302	
	<211>	14	
	<212>	ДНК	
15	<213>	Zea mays	
	<400>	302	
		ccggcaatag ccca	14
20	<210>	303	
	<211>	14	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
25	<400>	303	
		ccggcagtag ccca	14
30	<210>	304	
	<211>	16	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
35	<400>	304	
		ctactccaca gttagc	16
40	<210>	305	
	<211>	15	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
	<400>	305	
45		ctccacacag ttagc	15
	<210>	306	
	<211>	14	
50	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
	<400>	306	
55		caatgccagg tctc	14
	<210>	307	
	<211>	15	
	<212>	ДНК	
60	<213>	Zea mays	

	<400> 307 ccaatgcctg gtctc	15
5	<210> 308 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 308 caagttgttc taaatat	17
15	<210> 309 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 309 ctccaagttg ttctatatat	20
25	<210> 310 <211> 15 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 310 ccaagtgagc ctaac	15
35	<210> 311 <211> 15 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 311 ccaagtgaac ctaac	15
45	<210> 312 <211> 18 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 312 cttattcatg gatttatc	18
55	<210> 313 <211> 18 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 313 cttattcatg ggtttatc	18
65	<210> 314 <211> 14 <212> ДНК	

	<213> Zea mays	
5	<400> 314 ccgcactgta ccgc	14
10	<210> 315 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays	
15	<400> 315 ccgcactata ccgc	14
20	<210> 316 <211> 13 <212> ДНК <213> Zea mays	
25	<400> 316 ccgcaaagat gaa	13
30	<210> 317 <211> 13 <212> ДНК <213> Zea mays	
35	<400> 317 ccgcagagat gaa	13
40	<210> 318 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays	
45	<400> 318 cccgtggagt actt	14
50	<210> 319 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays	
55	<400> 319 cccgtcgagt actt	14
60	<210> 320 <211> 13 <212> ДНК <213> Zea mays	
	<400> 320 cagcagaagc acc	13
	<210> 321	

	<211> 14		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
5	<400> 321		
	ccagcagcag cacc		14
	<210> 322		
10	<211> 16		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 322		
15	aaagtgtgca agatat		16
	<210> 323		
	<211> 18		
20	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 323		
25	acaaagtgtg aaagatat		18
	<210> 324		
	<211> 14		
	<212> ДНК		
30	<213> Zea mays		
	<400> 324		
	cgcctacaac aagg		14
35	<210> 325		
	<211> 17		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
40	<400> 325		
	cgacgcctac tacaagg		17
	<210> 326		
	<211> 17		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
50	<400> 326		
	cactcgagtg aggtgta		17
	<210> 327		
55	<211> 17		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 327		
60	cactcgagtg aggtata		17



	<210> 328	
	<211> 15	
	<212> ДНК	
5	<213> Zea mays	
	<400> 328	
	ttccccagcg acccg	15
10	<210> 329	
	<211> 13	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
15	<400> 329	
	ccccaggac ccg	13
20	<210> 330	
	<211> 15	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
25	<400> 330	
	caggagact ttatt	15
30	<210> 331	
	<211> 17	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
35	<400> 331	
	caggagact ttttatt	17
40	<210> 332	
	<211> 19	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
45	<400> 332	
	tcgaaccatt aagttactt	19
50	<210> 333	
	<211> 18	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
55	<400> 333	
	cgaaccatta cgttactt	18
60	<210> 334	
	<211> 16	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 334	

	catacctatc gatttc	16
5	<210> 335 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 335 catacctatc aatttc	16
15	<210> 336 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 336 ctgcctaccg ctcc	14
25	<210> 337 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 337 attctgcctt ccgctcc	17
35	<210> 338 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 338 ccactgcccc tcct	14
45	<210> 339 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 339 ccactggccc tcct	14
55	<210> 340 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 340 cttgccttgt gttctg	16
65	<210> 341 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	

	<400> 341 cttgccttct gttctg	16
5	<210> 342 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 342 actcgccaga ggtg	14
15	<210> 343 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 343 actcgccgga ggtg	14
25	<210> 344 <211> 15 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 344 acagcttacg gcggc	15
35	<210> 345 <211> 13 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 345 agcttgcggc ggc	13
45	<210> 346 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 346 cttgtgtcaa tgcagga	17
55	<210> 347 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 347 ccaaggtcaa tgca	14
60	<210> 348 <211> 14	

	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
5	<400> 348 tcctccgctt tcat		14
10	<210> 349 <211> 14 <212> ДНК <213> Zea mays		
15	<400> 349 ctcctccact ttca		14
20	<210> 350 <211> 23 <212> ДНК <213> Zea mays		
25	<400> 350 caaagaacaa acttagtact aca		23
30	<210> 351 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays		
	<400> 351 acaaacttgg aactaca		17
35	<210> 352 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays		
40	<400> 352 tctttcaggt attccacaaa		20
45	<210> 353 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays		
50	<400> 353 atctttcagg tcttccacaa		20
55	<210> 354 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays		
60	<400> 354 cagaaagtgc cttattt		17

	<210> 355	
	<211> 17	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
5		
	<400> 355	
	cagaaagtgg cttattt	17
10	<210> 356	
	<211> 21	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
15	<400> 356	
	cttttgattt cctttatttg t	21
20	<210> 357	
	<211> 21	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
25	<400> 357	
	cttttgattt ccttcatttg t	21
30	<210> 358	
	<211> 17	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
35	<400> 358	
	acgatgactg ccaccca	17
40	<210> 359	
	<211> 18	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
45	<400> 359	
	cacgatgact accaccca	18
50	<210> 360	
	<211> 17	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
55	<400> 360	
	ссaaасaa cgaagag	17
60	<210> 361	
	<211> 17	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
65	<400> 361	
	ссaaасga cgaagag	17

	<210> 362	
	<211> 17	
5	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 362	
10	cctttaatgg cctttttt	17
	<210> 363	
	<211> 18	
15	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 363	
	tcctttaatg gacttttt	18
20	<210> 364	
	<211> 16	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
25	<400> 364	
	ctgttgccat tccatt	16
30	<210> 365	
	<211> 16	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
35	<400> 365	
	ctgttgccgt tccatt	16
40	<210> 366	
	<211> 17	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 366	
45	cagtagcacg attcata	17
	<210> 367	
	<211> 17	
50	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 367	
55	cagtagcacg cttcata	17
	<210> 368	
	<211> 15	
	<212> ДНК	
60	<213> Zea mays	

	<400> 368 aatgcaagca ttaat	15
5	<210> 369 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 369 caatgcaaac attaат	16
15	<210> 370 <211> 20 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 370 ttcacaccta cattaaagat	20
25	<210> 371 <211> 18 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 371 cacacctaca tcaaagat	18
35	<210> 372 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 372 atgcagcata tacttt	16
45	<210> 373 <211> 17 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<400> 373 catgcaacat atacttt	17
55	<210> 374 <211> 15 <212> ДНК <213> Zea mays	
60	<400> 374 cagacgcacg tgaac	15
65	<210> 375 <211> 15 <212> ДНК	

	<213> Zea mays	
5	<400> 375 cagacgcccg tgaac	15
10	<210> 376 <211> 13 <212> ДНК <213> Zea mays	
15	<400> 376 ccgacgccgg ttt	13
20	<210> 377 <211> 13 <212> ДНК <213> Zea mays	
25	<400> 377 ccgacgccgg ctt	13
30	<210> 378 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
35	<400> 378 attgcaaccg tcaagg	16
40	<210> 379 <211> 18 <212> ДНК <213> Zea mays	
45	<400> 379 tcattgcaac cctcaagg	18
50	<210> 380 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
55	<400> 380 cttgagagta atcttg	16
60	<210> 381 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
	<400> 381 cttgagagtg atcttg	16
	<210> 382	



	<211> 15		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
5	<400> 382		
	aagcaacaga aacaa		15
	<210> 383		
10	<211> 16		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 383		
15	caagcaacaa aaacaa		16
	<210> 384		
	<211> 16		
20	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 384		
25	acaccacagg accata		16
	<210> 385		
	<211> 16		
	<212> ДНК		
30	<213> Zea mays		
	<400> 385		
	acaccacacg accata		16
35			
	<210> 386		
	<211> 17		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
40	<400> 386		
	tcgatctccc agtataa		17
45	<210> 387		
	<211> 17		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
50	<400> 387		
	tcgatctccc aatataa		17
	<210> 388		
55	<211> 16		
	<212> ДНК		
	<213> Zea mays		
	<400> 388		
60	taggcatccg cagact		16

	<210> 389	
	<211> 16	
	<212> ДНК	
5	<213> Zea mays	
	<400> 389	
	taggcacg cagact	16
10	<210> 390	
	<211> 15	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
15	<400> 390	
	acgtgctctt caagc	15
20	<210> 391	
	<211> 16	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
25	<400> 391	
	aacgtgctat tcaagc	16
30	<210> 392	
	<211> 17	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 392	
35	tcgacacgat gtgacca	17
40	<210> 393	
	<211> 18	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 393	
45	ctcgacacga tttgacca	18
50	<210> 394	
	<211> 16	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
	<400> 394	
	atgcatgtac gaactg	16
55	<210> 395	
	<211> 17	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
60	<400> 395	

	catgcatgta agaactg	17
5	<210> 396 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
10	<400> 396 aagcaaccat cagtgc	16
15	<210> 397 <211> 16 <212> ДНК <213> Zea mays	
20	<400> 397 aagcaaccgt cagtgc	16
25	<210> 398 <211> 19 <212> ДНК <213> Zea mays	
30	<400> 398 aatgacctcg tatcggagt	19
35	<210> 399 <211> 18 <212> ДНК <213> Zea mays	
40	<400> 399 atgacctcgt gtcggagt	18
45	<210> 400 <211> 663 <212> ДНК <213> Zea mays	
50	<220> <221> misc_feature <222> (24)..(641) <223> n e a, c, g, або t	
55	<220> <221> misc_feature <222> (83)..(83) <223> y e c або t	
60	<220> <221> misc_feature <222> (119)..(119) <223> m e a або c	
	<220>	

<221> misc\_feature  
<222> (601)..(601)  
<223> w e a a b o t

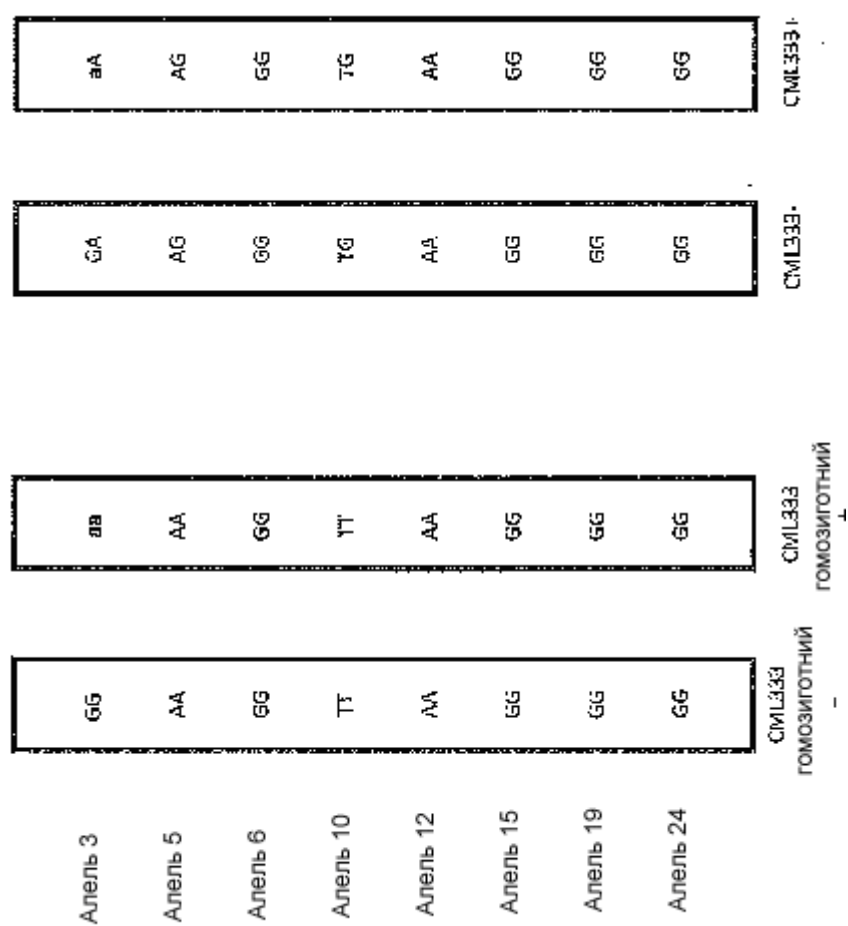
5 <400> 400  
ttcctctata agtaccgcgc ccanatctgc gccattttct catcgagaa atcctccgca 60  
cttcacagcg tatcatcggt ttycatcgct cctactccta ncatccagaa aatctgagmg 120  
10 gtattgatgg cgcccaaggc ggagaagaag ccggcggcna agaaggtggc ggaggaggag 180  
ccctcggaga aggcgggtcc ggcgagaaag gccccgcgg ggaagaagnc caaggcggag 240  
aagcgggtnc cngcgggcaa gtcngcnggc aaggagggcg gcgacaagaa gggaggaag 300  
15 aaggcgaaga agagcgtgga gacctacaag atctacatct tcaaggctct gaagcaggtg 360  
caccgagaca tcggcatctc ctccaaggcc atgtccatca tgaactcctt catcaacgac 420  
20 atcttcgaga agctcgccnc ggaggccgcc aagctcgccc gntacaacaa gaagcccacc 480  
atcacctccc gcgagatcca gacctcgtc cgcctcgtcc tccccggcga gctcgccaag 540  
cacgccgtct cggaggggtac caaggccgtc accaagttca cctcgtcnta gccnccttgt 600  
25 wtaggcgtc gttgtnnnct gcttctcaag caagcactgt natgtgccgc ttctcatggc 660  
agt 663  
30  
<210> 401  
<211> 664  
<212> ДНК  
<213> Zea mays  
35 <400> 401  
ttcctctata agtaccgcgc ccacatctgc gccattttct catcgagaa atcctccgca 60  
acttcacagc gtatcatcgt tttccatcgc tcctactcct atcatccaga aaatctgagc 120  
40 ggtattgatg gcgcccaggc cggagaagaa gccggcgggc aagaaggtgg cggaggagga 180  
gccctcggag aaggcgggtc cggcgagaa ggccccgcg gggaagaagc ccaaggcggg 240  
45 gaagcggcta cctgcgggca agtccgccgc caaggagggc ggagacaaga agggtaggaa 300  
gaaggcgaag aagagcgtgg agacctacaa gatctacatc ttcaaggctc tgaagcaggt 360  
gcaccccgac atcggtatct cctccaaggc catgtccatc atgaactcct tcatcaacga 420  
50 catcttcgag aagctcgccg cggaggccgc caagctcgcc cggtagaaca agaagcccac 480  
catcacctcc cgcgagatcc agacctcgt ccgcctcgtc ctccccggcg agctcgccaa 540  
55 gcacgccgtc tcggagggta ccaaggccgt caccaagttc acctcgtctt agccgccttg 600  
ttgtaggcgt cgttggtgtc tgcttctcaa gcaagcactg tcatgtgccg cttctcatgg 660  
cagt 664  
60

	<210> 402	
	<211> 22	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
5	<400> 402	
	agaaatcctc cgcaacttca ca	22
10	<210> 403	
	<211> 19	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
15	<400> 403	
	cttgggcgcc atcaatacc	19
20	<210> 404	
	<211> 25	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
25	<400> 404	
	caacttcaca gcgtatcatc gtttt	25
30	<210> 405	
	<211> 16	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
35	<400> 405	
	gccgccggct tcttct	16
40	<210> 406	
	<211> 19	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
45	<400> 406	
	aggccgtcac caagttcac	19
50	<210> 407	
	<211> 18	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
55	<400> 407	
	gccatgagaa gcggcaca	18
60	<210> 408	
	<211> 18	
	<212> ДНК	
	<213> Zea mays	
65	<400> 408	
	tcatcgtttt tcatcgct	18

	<210>	409	
	<211>	18	
5	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
	<400>	409	
10		tcatcgtttt ccatcgct	18
	<210>	410	
	<211>	18	
	<212>	ДНК	
15	<213>	Zea mays	
	<400>	410	
		aaaatctgag aggtattg	18
20	<210>	411	
	<211>	17	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
25	<400>	411	
		aaatctgagc ggtattg	17
30	<210>	412	
	<211>	14	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
35	<400>	412	
		cgcctacaac aagg	14
40	<210>	413	
	<211>	17	
	<212>	ДНК	
	<213>	Zea mays	
	<400>	413	
45		cgacgcctac tacaagg	17

Алень 1	G	G	G	C	A	G	C	A	T	T	C	A	C	A	G	G	T	D	G	C	G	G	G	G	C	G	NP2391
Алень 2																											CML333
Алень 3																											CML322
Алень 4																											Cateto SP VII
Алень 5																											Confile Moradito
Алень 6																											Tuxepeto VEN 692
Алень 7																											NP2460
Алень 8																											
Алень 9																											
Алень 10																											
Алень 11																											
Алень 12																											
Алень 13																											
Алень 14																											
Алень 15																											
Алень 16																											
Алень 17																											
Алень 18																											
Алень 19																											
Алень 20																											
Алень 21																											
Алень 22																											
Алень 23																											
Алень 24																											
Алень 25																											
Алень 26																											
Алень 27																											

Fig. 1



Фіг. 2



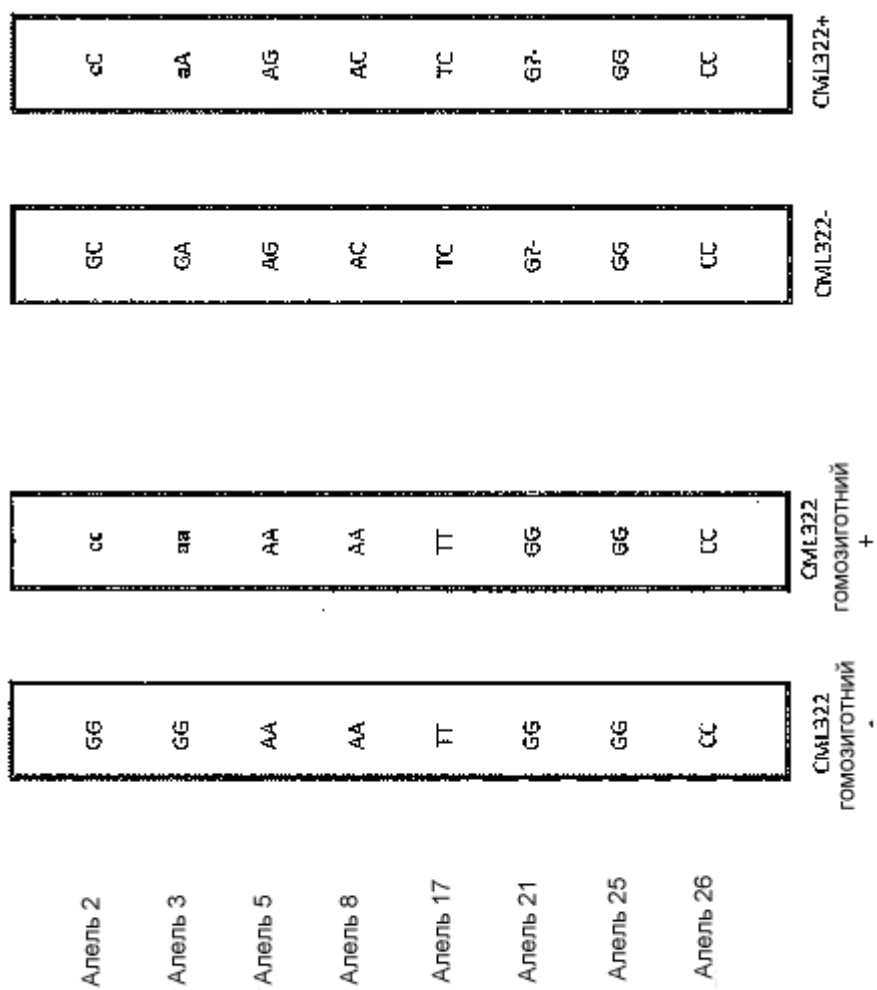


Fig. 3

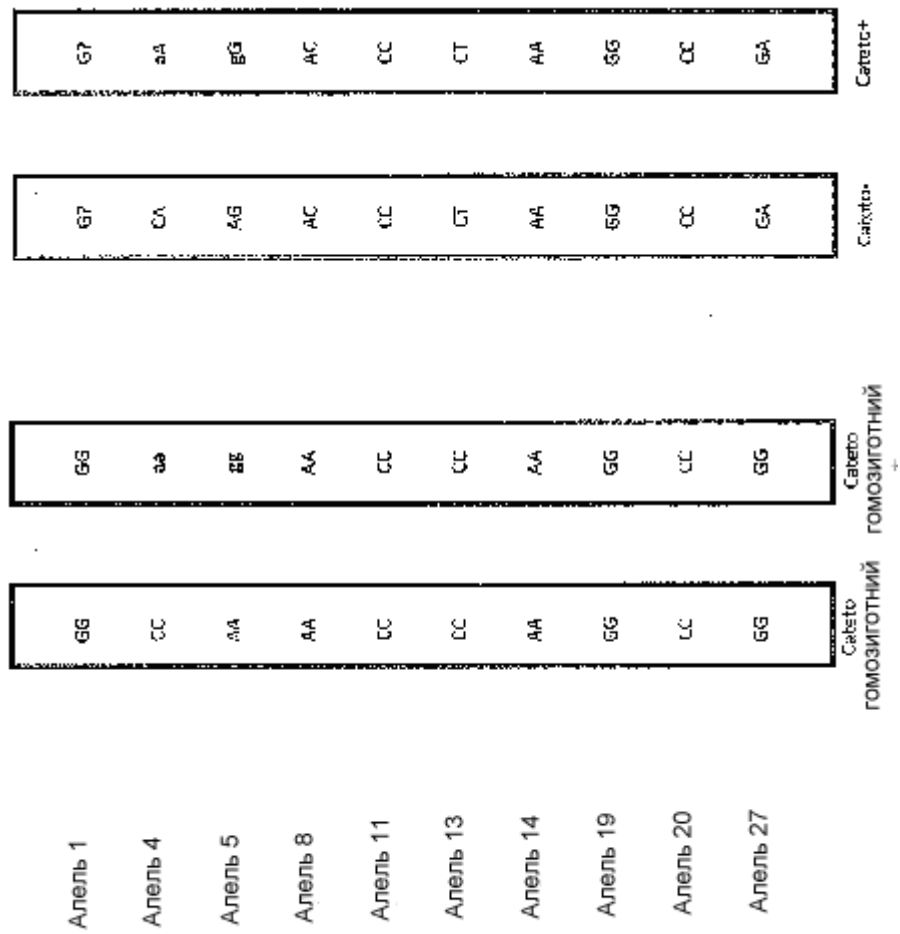
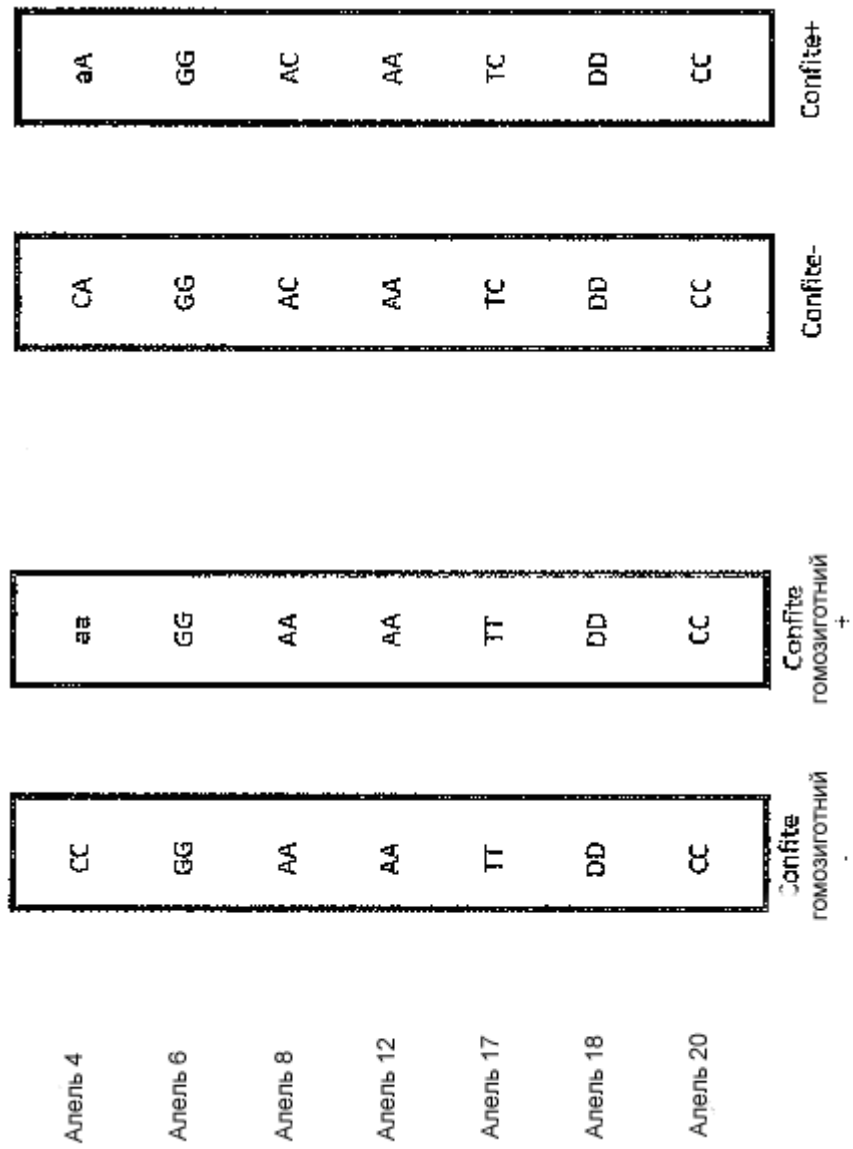
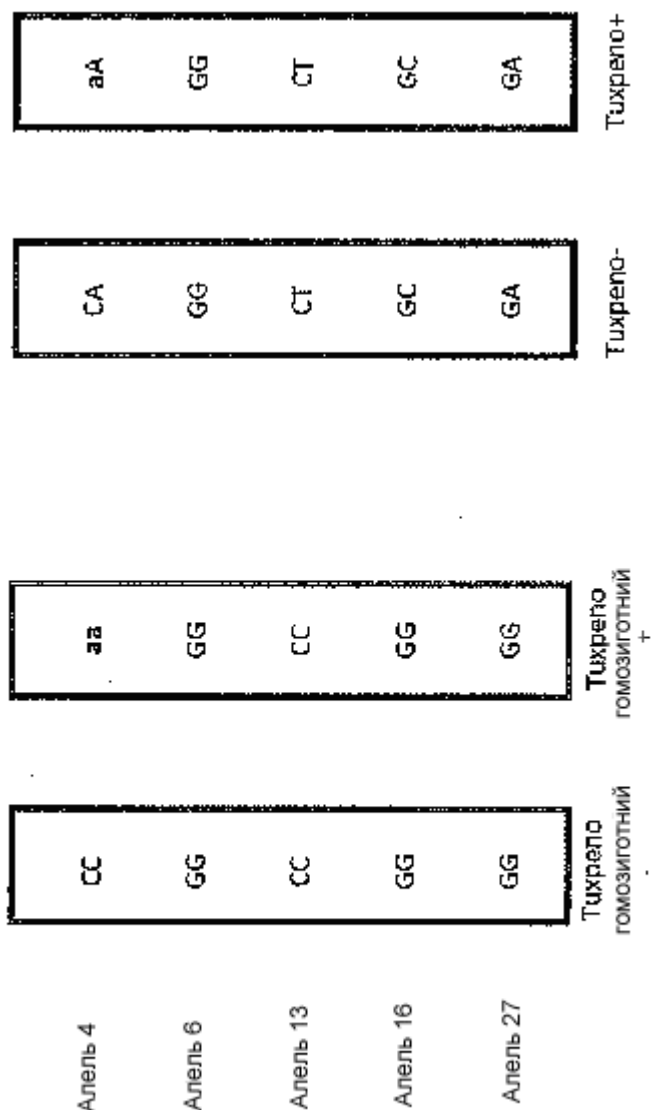


Fig. 4



Фиг. 5



Фіг. 6

## ФОРМУЛА ВІНАХОДУ

- 5 1. Спосіб виявлення рослини *Zea mays*, яка містить щонайменше один алель, асоційований з оптимізацією водоспоживання, що включає:
  - а) виділення ДНК із рослини *Zea mays*;
  - б) виявлення в виділеній ДНК послідовності, що являє собою гаплотип А, що містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 115 послідовності SEQ ID NO: 1, нуклеотид A в позиції, яка
  - 10 відповідає позиції 270 послідовності SEQ ID NO: 1, нуклеотид T в позиції, яка відповідає позиції 301 послідовності SEQ ID NO: 1, і нуклеотид A в позиції, яка відповідає позиції 483 послідовності SEQ ID NO: 1; і
  - в) виявлення рослини *Zea mays*, яка містить щонайменше один алель, асоційований з оптимізацією водоспоживання.
- 15 2. Спосіб за п. 1, де поліпшена оптимізація водоспоживання забезпечує збільшений або стабільний врожай в оточуючому середовищі, що піддається водному стресу, у порівнянні з контрольною рослиною.
3. Спосіб за п. 1, де рослина *Zea mays* є гібридною або інбредною рослиною.
4. Спосіб за п. 1, де поліпшена оптимізація водоспоживання забезпечує збільшену урожайність
- 20 зерна при стандартному відсотку вологості (YGSMN), у порівнянні з контрольною рослиною.

5. Спосіб за п. 1, де виявлення в виділеній ДНК послідовності, що являє собою гаплотип А, що містить нуклеотид G в позиції, яка відповідає позиції 115 послідовності SEQ ID NO: 1, нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 270 послідовності SEQ ID NO: 1, і нуклеотид А в позиції, яка відповідає позиції 483 послідовності SEQ ID NO: 1, досягають з застосуванням методики, вибраної із групи, яка складається із: аналізу поліморфізму довжини рестрикційних фрагментів, аналізу поліморфізму довжини ампліфікованих фрагментів, ампліфікації мікросателітів, визначення послідовності нуклеїнової кислоти або ампліфікації нуклеїнової кислоти.
6. Спосіб за п. 5, де ампліфікацію нуклеїнової кислоти здійснюють з застосуванням пар праймерів, що містять SEQ ID NO:118 або SEQ ID NO:119.
7. Спосіб за п. 1, який додатково включає стадію відбору зазначеної рослини *Zea mays*, якщо виявлено присутність вказаного гаплотипу А, асоційованого з підвищеною посухостійкістю.

---

Комп'ютерна верстка Г. Паяльніков

---

Державна служба інтелектуальної власності України, вул. Урицького, 45, м. Київ, МСП, 03680, Україна

---

ДП "Український інститут промислової власності", вул. Глазунова, 1, м. Київ – 42, 01601