

**IDENTIFICAÇÃO DE NOVOS TRANSCRITOS  
HUMANOS ATRAVÉS DA EXPLORAÇÃO RACIONAL  
DO BANCO DE DADOS DO PROJETO GENOMA DO  
CÂNCER HUMANO (HCGP)**

**BARBARA PEREIRA DE MELLO**

**Dissertação apresentada à Fundação Antônio  
Prudente para obtenção do título de Mestre em  
Ciências.**

**Área de Concentração: Oncologia**

**Orientador: Dr. Luiz Fernando Lima Reis**

**Co-Orientador: Dra. Helena Brentani**

**São Paulo**

**2007**

# **Livros Grátis**

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

## **FICHA CATALOGRÁFICA**

**Preparada pela Biblioteca do Centro de Tratamento e Pesquisa  
Hospital do Câncer A. C. Camargo**

Mello, Barbara Pereira

**Identificação de novos transcritos humanos através da exploração racional do banco de dados do projeto genoma do câncer humano (HCGP) / Barbara Pereira de Mello -- São Paulo, 2007.**

101p.

Dissertação (Mestrado)-Fundação Antônio Prudente.

Curso de Pós-Graduação em Ciências-Área de concentração: Oncologia.

Orientador: Luiz Fernando Lima Reis

Descritores: 1. GENOMA HUMANO. 2. PROJETO GENOMA HUMANO.  
3. GENES/genética. 4. CÂNCER. 5. CDNA ARRAY.

*Somewhere over the rainbow skies are blue, and  
the dreams that you dare to dream really do  
come true. If happy little bluebirds fly beyond  
the rainbow, Why, oh why can't I?*

*(Harold Arlen e E.Y. Harburg, 1939)*

## DEDICATÓRIA

*Aos meus pais,  
por acreditarem no meu sonho,  
por me incentivarem a buscá-lo,  
pelo interesse no meu mundo,  
pelo amor durante toda a jornada,  
por estarem felizes junto comigo.*

## AGRADECIMENTOS

Ao meu orientador, Luiz Fernando, por ter me acolhido quando pensei ter as portas fechadas para realizar meu mestrado no Instituto Ludwig, pela confiança depositada em mim para a realização de um trabalho diferente dos que costumam ser feitos no laboratório, pela orientação e por tudo que me ensinou, pelo carinho e cuidado, por me fazer ver um amigo em um chefe.

À minha, co-orientadora, Helena, por ter acompanhado de perto e participado de todas as etapas desse trabalho.

Ao Alex, por ter estado presente em todas as discussões a respeito dos experimentos, do andamento do trabalho e dos passos a serem seguidos para conseguirmos os resultados e por toda a paciência em se juntar a mim na bancada, após essas discussões, para me mostrar como fazer.

Às pessoas do LABRI que diretamente colaboraram com a realização desse trabalho, Cham e Sarah; e a Mari, que não faz mais parte do laboratório, mas que ajudou muito nas etapas iniciais desse trabalho.

Ao Laboratório de Bioinformática do Hospital, Artur, Daniel, Luiz Paulo, César, Eduardo Abrantes e Dra. Helena, pelo envolvimento de cada um em diferentes etapas desse trabalho. Ao Rogério por ter dado o passo inicial desse trabalho em sua tese de mestrado.

Ao Deptº de Anatomia Patológica do Hospital, Dr. Fernando Soares, Isabela e Hugo, pelo auxílio com o Banco de Tumores e pelas análises histológicas e semi-microdissecção das amostras incluídas nesse estudo. Ao Severino, pela confecção das lâminas.

À Dra. Dirce e à Louise, pelo auxílio com o Banco de RNAs.

Ao Dr. Luiz Fernando Lopez e ao Daniel, pelas amostras de medula óssea e pela ajuda com os protocolos para lidar com essas amostras.

A todos os amigos do LABRI, pessoas que, de certa forma, fizeram parte desse trabalho, mas principalmente pessoas que fizeram parte da minha vida: Aline, Alex, Ana Pagotto, Anna Coló, Chamberlein, Kátia, Lara, Letícia, Nair, Sarah, Tatiana e Waleska. Às meninas que estão longe, mas que não são menos amigas, Patrícia e Bianca.

À Adriana e suas meninas, Andréa, Graziela, Juliana e Mariana e ao Vlad, pelo companheirismo dentro do laboratório.

À Bianca pela ajuda indireta com os relatórios e tese.

À Coló e Wal, pela ajuda com experimentos e sugestões.

À Lara e Pat, pelos momentos de diversão.

À Aline, pela amizade, carinho, cuidado, pela ajuda em tudo.

À Ana, Andréa, Lelê, Nair e Tati, pelos diversos “eventos sócio-culturais”, fundamentais para manter a saúde mental no dia-a-dia do laboratório e mais uma vez pela amizade.

À Ana, Lelê e Nair, por tantas coisas... pela amizade, pelas conversas, pela diversão, pela ajuda com experimentos, relatórios, apresentações, tese,... por tudo.

À Nair, amiga pré-Ludwig, por ter me ajudado durante todo o meu mestrado: a fazer parte do LABRI, dividindo seu apartamento comigo, em conversas e desabafos sobre o laboratório e sobre a vida, na bancada, nos cálculos, nas horas-extras de trabalho, nas apresentações, nos relatórios, na tese, em tudo.

Aos amigos dos outros laboratórios do Instituto Ludwig, pelos momentos de diversão, pelas sugestões nesse trabalho. Em especial, à Ana Paula Lepique, pelas conversas e pela amizade.

Aos funcionários do Instituto Ludwig e do Hospital, especialmente à tia Conceição, à Bel e à Léia.

Ao suporte de informática do Instituto Ludwig, especialmente ao Marcelo, pela paciência e prontidão para resolver problemas computacionais.

Às colaboradoras da biblioteca, Su, Fran, Janaina, Elaine e Rosi, pela ajuda incansável com artigos, aulas e tese.

Ao Deptº de Pós-Graduação, Ana Maria e Luciana.

Ao Dr. Brentani e à Dra. Luisa, pela direção exemplar do Hospital A. C. Camargo e do Instituto Ludwig e pela oportunidade.

À Fundação Antônio Prudente, ao Instituto Ludwig de Pesquisa sobre o Câncer e ao Hospital A. C. Camargo, pela possibilidade de realização desse trabalho.

À FAPESP, pela credibilidade e suporte financeiro.

Aos integrantes da Banca de Qualificação, pelo acompanhamento do trabalho, críticas e sugestões.



Aos meus amigos de casa (Kiki, Lud, Marta, Flá, Van, Marcy, Juliane, Ju e muitos outros), da faculdade (Truta, Fê, Carol, Fê) do NIB (Gi, Dani, Cláu) e ex-ludwiganos (Márcia, Mari Brait, Dani Filippini), pelo incentivo e interesse no meu trabalho.

À Dag, tio Luiz, tia Zeni, tio Zé, tia Ivana, tia Helena, tio Pedro, por saberem o valor do meu trabalho, por acreditarem e se orgulharem de mim.

Aos meus avós, Mathilde, Tereza e Ditinho, pelo cuidado, interesse e preocupação com o meu presente e com o meu futuro. Ao meu avô, por presenciar o resultado do meu trabalho.

À minha tia D'Euacy, meu tio Renato e minhas primas Nana e Nina, por também serem minha mãe, meu pai e minhas irmãs, não somente enquanto morei com eles, mas antes e depois também, para sempre.

Ao meu pai, minha mãe e meu irmão, pela confiança, interesse, cuidado, carinho, orgulho, amor. Por fazerem questão de nos vermos pelo menos uma vez por semana, por proporcionarem o conforto que tenho para viver e trabalhar, por se interessarem e valorizarem tanto o meu trabalho, pela companhia nos finais de semana de trabalho assistindo e ajudando nos experimentos, pela presença e conforto nas apresentações, pelas palavras de incentivo nos momentos de desespero, por acreditarem em mim, pelo orgulho e amor que sentem por mim.

## RESUMO

Mello, BP. **Identificação de novos transcritos humanos através da exploração racional do banco de dados do Projeto Genoma do Câncer Humano (HCGP).** São Paulo; 2007. [Dissertação de Mestrado-Fundação Antônio Prudente].

Para o entendimento das bases genéticas do desenvolvimento humano e dos mecanismos envolvidos na fisiopatologia das doenças, é importante que se conheça o nosso genoma e os genes nele contidos. Isso vêm sendo possível graças à tecnologia de seqüenciamento que permitiu que surgissem os projetos genomas. O Projeto Genoma do Câncer Humano gerou dados de seqüências de 1.190.044 fragmentos de cDNA, pela metodologia ORESTES, a partir de extratos de RNA de 24 diferentes tipos de tecidos normais ou tumorais. Cerca de 30% das seqüências obtidas neste projeto não se alinharam com seqüências de cDNA (ESTs) geradas por outros projetos e depositadas nos bancos de dados públicos até o momento. Acreditando na existência de uma parcela dessas ESTs que possam representar novos transcritos humanos, por exemplo com baixa expressão, foi desenvolvido um trabalho no laboratório de Bioinformática do Hospital A. C. Camargo para maximizar a chance de identificação *in silico* destes novos transcritos. A partir dos dados gerados com a utilização desse algoritmo, construímos um microarranjo de cDNA com seqüências ORESTES com maior probabilidade de representarem novos transcritos. Este arranjo foi hibridizado contra 56 cDNAs derivados de tecidos humanos normais ou tumorais de regiões topográficas distintas. Os dados gerados foram analisados por diversas ferramentas de matemática e estatística, adotando critérios rigorosos para eliminação de possíveis resultados falso-positivos. Ao final das análises, identificamos, pelo menos, 3.194 seqüências (889 seqüências sem Hs e 2.305 seqüências com Hs, mas sem suporte de outros projetos) que podem representar novos transcritos humanos. Identificamos ainda seqüências que podem representar transcritos tecido-específicos normais ou tumorais e seqüências diferencialmente expressas entre tecidos normais e tumorais.

## SUMMARY

Mello, BP. [**Identification of new human transcripts through rational exploitation of the Human Cancer Genome Project database (HCGP)**]. São Paulo; 2007. [Dissertação de Mestrado – Fundação Antônio Prudente].

To understand the genetic basis of human development and the mechanisms involved in the pathophysiology of the diseases, it is important to know our genome and their genes. For the last 5 years, development in high-throughput sequencing technology, together with bioinformatics, lead to the complete sequencing of various genomes. The Human Cancer Genome Project (LICR/FAPESP) generated sequence data from 1,190,044 cDNA's fragments through ORESTES methodology, from RNAs extracts from 24 different tissues. About 30% of the sequences produced in this Project did not align to cDNA sequences (ESTs) generated by other projects kept in public databases. Supposing that part of these ESTs could represent new human transcripts, for example expressed at low levels, an algorithm was developed in the Bioinformatics Laboratory from the A. C. Camargo Hospital in order to maximize the chances of *in silico* identification of these new transcripts. Taking the data generated by this algorithm, we constructed a cDNA microarray containing 4,355 ORESTES sequences with high probability of representing new transcripts. This array was hybridized against 56 cDNAs from normal or tumoral tissues from different topographic regions. The data generated was analyzed by several mathematic and statistical tools, using strict criteria to eliminate possible false-positive results. At the end of the analyses, we identified, at least, 3,194 sequences that might represent new human transcripts. We also identified sequences that may represent normal or tumor, tissue-specific transcripts as well as sequences that are differentially expressed between normal and tumor tissues.

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1</b>	Passos seguidos pelo algoritmo para selecionar as seqüências que não mostraram nenhuma identidade com transcritos conhecidos com maior probabilidade de representarem novos transcritos	10-11
<b>Figura 2</b>	Amplificação linear de RNA	20-21
<b>Figura 3</b>	Fluxograma com os passos seguidos na reavaliação das seqüências ORESTES immobilizadas na lâmina	32
<b>Figura 4</b>	Representação dos critérios de definição de seqüências com e sem suporte	33
<b>Figura 5</b>	Perfil eletroforético do RNA total de algumas amostras	35
<b>Figura 6</b>	Perfil eletroforético do RNA total extraído de medula óssea	40
<b>Figura 7</b>	Perfil eletroforético do RNA total das linhagens celulares do RNA referência	43
<b>Figura 8</b>	Perfil eletroforético do RNA amplificado de algumas amostras	46
<b>Figura 9</b>	Perfil eletroforético da amplificação do RNA referência	47
<b>Figura 10</b>	Lâmina hibridizada contra uma amostra representante de um adenocarcinoma de estômago, após leitura em leitor confocal a <i>laser</i>	51
<b>Figura 11</b>	Imagem do programa ScanArray Express durante a quantificação de uma lâmina	52
<b>Figura 12</b>	Gráficos MA gerados para demonstrar o efeito da normalização pelo método de Lowess sobre os dados não normalizados	54
<b>Figura 13</b>	Gráficos MM gerados para controle de qualidade das hibridizações	55-56
<b>Figura 14</b>	Gráfico MM gerado para controle de qualidade dos diferentes tipos de normalização de dados da hibridização	57
<b>Figura 15</b>	Gráfico <i>box plot</i> gerado para controle de qualidade da confecção das lâminas	58
<b>Figura 16</b>	Gráfico <i>box plot</i> gerado para controle de qualidade dos diferentes tipos de normalização de dados da hibridização	59
<b>Figura 17</b>	Agrupamento hierárquico não supervisionado de todas as amostras (lâmina inicial e réplica) baseado na expressão de todas as seqüências da lâmina	62

<b>Figura 18</b>	Gráficos <i>box plot</i> e <i>violin plot</i> gerados para avaliar a qualidade dos dados gerados nas hibridizações	64
<b>Figura 19</b>	Gráficos <i>box plot</i> e <i>violin plot</i> gerados para comparação dos valores de intensidade dos tipos de seqüências ORESTES contidas na lâmina	66
<b>Figura 20</b>	Gráfico de densidade gerado para avaliar a distribuição dos elementos válidos para o canal 1 e para o canal 2	67
<b>Figura 21</b>	Fluxograma representando os passos seguidos para a obtenção do número de potenciais novos transcritos humanos	69
<b>Figura 22</b>	Gráfico <i>scatterplot</i> mostrando possíveis seqüências diferencialmente expressas em tecidos normais ou tumorais específicos	71-74
<b>Figura 23</b>	Gráfico MM mostrando as seqüências diferencialmente expressas entre tecidos normais e tumorais	76
<b>Figura 24</b>	Gráfico MA da média dos valores de intensidade dos elementos de todas as lâminas, gerado para a seleção das seqüências que serão submetidas à validação por RT-PCR	78
<b>Figura 25</b>	Perfil eletroforético do produto de amplificação utilizando o par de iniciadores para o gene p53	81-83
<b>Figura 26</b>	Perfil eletroforético do produto de amplificação utilizando o par de iniciadores para a seqüência que não sofre processamento AW850825	88-90

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1</b>	RNAs provenientes do Banco de RNAs do Hospital A. C. Camargo que seguiram no estudo	37-38
<b>Tabela 2</b>	RNAs provenientes de tecidos do Banco de Tumores do Hospital A. C. Camargo que seguiram no estudo	39
<b>Tabela 3</b>	Linhagens celulares selecionadas para compor o RNA referência	42
<b>Tabela 4</b>	Seqüências diferencialmente expressas entre tecidos normais e tumorais que apresentaram valor de $p < 0,05$ e razão $> 2$	77
<b>Tabela 5</b>	Amostras de RNA total selecionadas para validação dos dados obtidos utilizando microarranjos de cDNA que previamente à síntese de cDNA passaram por purificação	80
<b>Tabela 6</b>	Iniciadores desenhados especificamente para as 12 seqüências que não sofrem processamento selecionadas para validação por RT-PCR que mostraram maior intensidade de sinal nos microarranjos de cDNA	85
<b>Tabela 7</b>	Iniciadores desenhados especificamente para as 8 seqüências que sofrem processamento selecionadas para validação por RT-PCR que mostraram maior intensidade de sinal nos microarranjos de cDNA	86

## LISTA DE ABREVIATURAS

<b>µg</b>	micrograma
<b>µL</b>	microlitro
<b>Amplif.</b>	amplificado
<b>aRNA</b>	<i>amplified RNA</i> , RNA amplificado
<b>ATCC</b>	<i>American Type Culture Collection</i>
<b>BLAST</b>	<i>Basic Local Alignment Search Tool</i>
<b>BLAT</b>	<i>BLAST-like Alignment Tool</i>
<b>BSA</b>	<i>bovine serum albumin</i> , soro fetal bovino
<b><i>C. elegans</i></b>	<i>Caenorhabditis elegans</i>
<b>cDNA</b>	<i>complementary DNA</i> , DNA complementar
<b>CEP</b>	Comitê de Ética em Pesquisa
<b>Cot1 DNA</b>	<i>repeat-blocking nucleic acids</i> , bloqueador de seqüências repetitivas de DNA
<b>Ctl.-</b>	controle negativo
<b><i>D. melanogaster</i></b>	<i>Drosophila melanogaster</i>
<b>dbESTs</b>	<i>data base ESTs</i> , banco de dados de ESTs
<b>dbORESTES</b>	<i>data base ORESTES</i> , banco de dados de ORESTES
<b>Dept°</b>	departamento
<b>DMSO</b>	dimetilsulfóxido
<b>DNA</b>	<i>deoxyribonucleic acid</i> , ácido desoxirribonucléico
<b>dNTP</b>	<i>deoxynucleotides triphosphate</i> , desoxinucleotídeos trifosfato
<b>dUTP</b>	<i>deoxyuridine triphosphate</i> , desoxiuracila trifosfato
<b>EMBL</b>	<i>European Molecular Biology Laboratory</i>
<b>EST</b>	<i>Expressed Sequence Tags</i>
<b>FAPESP</b>	Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo
<b>FW</b>	<i>forward</i> , sentido senso
<b>H/E</b>	<i>haematoxylin and eosin</i> , hematoxilina e eosina
<b>HCGP</b>	<i>Human Cancer Genome Project</i> , Projeto Genoma do Câncer Humano
<b>HGP</b>	<i>Human Genome Project</i> , Projeto Genoma Humano
<b>ID</b>	<i>identification</i> , identificação
<b>IHGSC</b>	<i>International Human Genome Sequencing Consortium</i>
<b>INCA</b>	Instituto Nacional do Câncer

<b>LB</b>	Luria-Bertani
<b>LICR</b>	<i>Ludwig Institute for Cancer Reserach</i> , Instituto Ludwig de Pesquisa sobre o Câncer
<b>log</b>	logarítmo
<b>Lowess</b>	<i>Locally Weighted Scatterplot Smothing</i>
<b>m</b>	<i>main</i> , inicial
<b>M</b>	molar
<b>M13</b>	iniciador universal
<b>mg</b>	miligrama
<b>MgCl<sub>2</sub></b>	cloreto de magnésio
<b>mL</b>	mililitro
<b>mM</b>	milimolar
<b>mRNA</b>	<i>messenger RNA</i> , RNA mensageiro
<b>nm</b>	nanômetro
<b>N°</b>	número
<b>ORESTES</b>	<i>Open Reading Frame EST Sequences</i>
<b>pb</b>	pares de bases
<b>PCR</b>	<i>polymerase chain reaction</i> , reação em cadeia da polimerase
<b>pd(N)6</b>	iniciador hexâmero randômico
<b>pmoles</b>	picomoles
<b>poli-A</b>	cauda de resíduo de adenina
<b>poli-T</b>	cauda de resíduo de timina
<b>poli-U</b>	cauda de resíduo de uracila
<b>p</b>	probabilidade
<b>Qtd.</b>	quantidade
<b>Ref.</b>	referência
<b>RefSeq</b>	<i>Reference Sequences</i>
<b>RGH</b>	Registro Geral do Hospital
<b>RNA</b>	<i>ribonucleic acid</i> , ácido ribonucléico
<b>RNase</b>	ribonuclease
<b>rpm</b>	rotação por minuto
<b>RT</b>	<i>reverse transcription</i> , transcrição reversa
<b>RTase</b>	transcriptase reversa
<b>RT-PCR</b>	<i>reverse transcription polymerase chain reaction</i> , PCR a partir da transcrição reversa



<b>RV</b>	<i>reverse</i> , sentido antisenso
<i>s</i>	<i>swap</i> , réplica
<b>SDS</b>	<i>sodium dodecyl sulfate</i> , dodecil sulfato de sódio
<b>SSC</b>	<i>saline-sodium citrate</i> , solução salina com citrato de sódio
<b>Tm</b>	<i>melting temperature</i> , temperatura de fusão
<b>U</b>	unidade
<b>UV</b>	ultravioleta

# ÍNDICE

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b>	<b>1</b>
1.1	Projeto Genoma Humano (HGP)	1
1.2	ESTs	2
1.3	ORESTES	5
1.4	Estratégia para a Identificação de Novos Transcritos	7
<b>2</b>	<b>JUSTIFICATIVA</b>	<b>13</b>
<b>3</b>	<b>OBJETIVOS</b>	<b>15</b>
3.1	Geral	15
3.2	Específicos	15
<b>4</b>	<b>MATERIAIS E MÉTODOS</b>	<b>16</b>
4.1	Produção do Microarranjo de cDNA	16
4.2	RNAs	17
4.3	RNA Referência	18
4.4	Análises de Quantidade e Qualidade dos RNAs	18
4.5	Amplificação do mRNA	19
4.6	Marcação do cDNA	21
4.7	Pré-Hibridização e Hibridização	22
4.8	Digitalização das Imagens e Quantificação dos Dados	23
4.9	Análises Matemáticas e Estatísticas	24
4.10	Validação por RT-PCR	27
<b>5</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b>	<b>30</b>
5.1	Produção do Microarranjo de cDNA	30
5.2	RNAs	34
5.3	RNA Referência	41

5.4	Amplificação do mRNA	44
5.5	Marcação e Hibridização	48
5.6	Digitalização das Imagens e Quantificação dos Dados	50
5.7	Análises Matemáticas e Estatísticas	52
5.7.1	Normalização	52
5.7.2	Identificação de Novos Transcritos	63
5.8	Validação por RT-PCR	77
<b>6</b>	<b>CONCLUSÃO</b>	<b>91</b>
<b>7</b>	<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b>	<b>92</b>

## **ANEXOS**

**Anexo 1** Lista dos 3.194 novos transcritos humanos

**Anexo 2** Figuras do restante das validações das seqüências específicas

# 1 INTRODUÇÃO

## 1.1 PROJETO GENOMA HUMANO (HGP)

Desde o surgimento da tecnologia de seqüenciamento e dos projetos genoma, o entendimento das bases genéticas do desenvolvimento humano e dos mecanismos implicados na fisiopatologia das doenças sofreu importantes avanços. Para tanto, contribuiu de forma importante o esforço de identificação de todos os genes do genoma humano (MAXAM e GILBERT 1977; SANGER et al. 1977; HILLIER et al. 1996; STERKY e LUNDEBERG 2000; LANDER et al. 2001; QUACKENBUSH 2001; VENTER et al. 2001; YU et al. 2001; BRENTANI et al. 2003). A estimativa mais recente (2007) é de 38.630 genes humanos, um genoma composto por apenas alguns milhares de genes a mais do que organismos simples, como *C. elegans* (21.056 genes) ou *D. melanogaster* (21.160 genes) (National Center for Biothecnology Information-NCBI 2007).

Enquanto o conhecimento do genoma é fundamentalmente dependente do esforço em se obter seqüências de alta qualidade, o conhecimento funcional dos genes esbarra na obtenção de dados que possam representar o transcriptoma da célula em diferentes estados fisiológicos ou patológicos. Entretanto, a complexidade do genoma humano é grande: seqüências codificadoras compreendem somente 3% do genoma e são compostas por pequenos éxons, normalmente interrompidos por numerosos e longos íntrons e por grandes regiões intergênicas (STERKY e LUNDEBERG 2000; ROGIC et al. 2001; FERREIRA et al. 2004). A partir dessa

estrutura, têm origem diversos fenômenos não menos complexos, como por exemplo, o processamento alternativo e suas variantes (HILLIER et al. 1996; SCHULER et al. 1996; DE SOUZA et al. 2000; LIANG et al. 2000b; KAN et al. 2001; LANDER et al. 2001; MODREK et al. 2001; ROGIC et al. 2001; SHOEMAKER et al. 2001; BRENTANI et al. 2003; FERREIRA et al. 2004; LARSSON et al. 2005).

Em 1990, o Projeto Genoma Humano (*Human Genome Project* – HGP) foi lançado mundialmente com o objetivo de mapear e seqüenciar todo o genoma humano (ADAMS et al. 1995; STERKY e LUNDEBERG 2000). Hoje, existem dois seqüenciamentos completos do genoma humano, um proveniente de um consórcio público, o *International Human Genome Sequencing Consortium* – IHGSC (LANDER et al. 2001), que usou a metodologia de clonagem hierárquica (*hierarchical shotgun sequencing*), e outro que provém da empresa privada *Celera Genomics* (VENTER et al. 2001), que utilizou a estratégia de seqüenciamento genômico completo por fragmentos aleatórios (*whole-genome shotgun sequencing*).

## 1.2 ESTs

ESTs, ou *Expressed Sequence Tags*, são seqüências parciais de cDNA que refletem a expressão de genes nos tecidos em um determinado momento (ADAMS et al. 1991; HILLIER et al. 1996; BAILEY et al. 1998; STERKY et al. 1998; KAN et al. 2001; SHOEMAKER et al. 2001; FERREIRA et al. 2004). Essas seqüências são compostas por poucas centenas de nucleotídeos (200-500 pb), obtidas de apenas um ciclo de seqüenciamento, a partir das extremidades 3' (65% das ESTs) ou 5' (26% das ESTs) de insertos de clones de cDNA selecionados aleatoriamente, provenientes

de amostras teciduais diferentes (ADAMS et al. 1991; BOGUSKI et al. 1994; LIEW et al. 1994; ADAMS et al. 1995; VASMATZIS et al. 1998; WOLFSBERG e LANDSMAN 1997; BAILEY et al. 1998; Sterki et al. 1998; DIAS NETO et al. 2000; LIANG et al. 2000a; STERKY e LUNDEBERG 2000; CAMARGO et al. 2001; VENTER et al. 2001; FERREIRA et al. 2004). Os cDNAs são produtos da transcrição reversa da fita de mRNA e representam uma fonte direta para se observar regiões transcritas do genoma livres de íntrons e formas alternativas de processamento gênico (BOGUSKI et al. 1994; BRODY et al. 1995; HILLIER et al. 1996; DE SOUZA et al. 2000; STERKY e LUNDEBERG 2000; CAMARGO et al. 2001; YU et al. 2001; CAMARGO et al. 2002; BRENTANI et al. 2003). Além disso, o número de ESTs correspondentes a um mesmo gene em uma biblioteca pode estimar seu nível de expressão naquele tecido do qual essa biblioteca foi derivada (VASMATZIS et al. 1998; BRENTANI et al. 2003).

As ESTs são extremamente valiosas pela vasta aplicabilidade dentro de contextos funcionais distintos, tais como: identificação e caracterização de novos genes, representação do nível e da complexidade da expressão gênica de uma amostra tecidual, caracterização de transcriptomas tecido-específicos, mapeamento físico de genes, compreensão de limites éxon-íntron, detecção de poliadenilação e processamento alternativo e detecção de polimorfismos de nucleotídeos, além de localização de éxons, comparação de genomas de diferentes organismos, descoberta de novos membros de famílias gênicas, estudos de expressão gênica em larga escala e reconstrução de vias metabólicas (Para uma revisão do tema, ver SCHULER et al. 1996; NAGARAJ et al. 1997; STERKY e LUNDEBERG 2000; CAMARGO et al. 2002).

As ESTs representam a maior parte da porção transcrita do genoma humano (SCHULER et al. 1996; LIANG et al. 2000a; LIANG et al. 2000b; STERKY e LUNDEBERG 2000; YU et al. 2001; LEE et al. 2002; BABENKO et al. 2006). Os resultados de LARSSON et al. (2005) mostraram que 94% dos transcritos humanos RefSeq são corroborados por ESTs. O dbEST contém seqüências parciais de mais da metade dos genes humanos (DERISI et al. 1996; HILLIER et al. 1996; SCHULER et al. 1996; MAO et al. 1998). Entretanto, como os mRNAs estão presentes em diferentes concentrações nas células, essas diferenças são refletidas na composição das bibliotecas de cDNA. Portanto, estratégias que utilizam amostragem randômica, como no caso da geração de ESTs, resultam em mRNAs abundantes sendo representados por muitas ESTs e em uma cobertura incompleta de genes pouco expressos ou expressos em condições específicas (ADAMS et al. 1995; HILLIER et al. 1996; BAILEY et al. 1998). A utilização de bibliotecas normalizadas (SOARES et al. 1994; BONALDO et al. 1996; SCHEETZ et al. 2004) pode, pelo menos em parte, facilitar a identificação e seqüenciamento de genes menos expressos. Além disso, existem mais dois problemas relacionados ao fato do favorecimento em obter seqüências provenientes das extremidades 3' e 5' dos clones: primeiro, a diferença na porcentagem de seqüências provenientes das duas extremidades (65% são ESTs 3' e 26% são ESTs 5'), que resulta em uma representação tendenciosa das seqüências de genes expressos (DIAS-NETO et al. 2000); e segundo, a utilização das extremidades 3' produzem bibliotecas de cDNAs utilizando iniciadores que se ligam especificamente à cauda poli-A do transcrito para sintetizar a primeira fita de DNA, que é freqüentemente associada à regiões não codificadoras dentro do gene (OKUBO et al. 1992; ADAMS et al. 1995; SCHULER et al. 1996), enquanto as

extremidades 5' geralmente não são alcançadas pelos clones de cDNAs devido à perda de eficiência da enzima ao longo do processo de polimerização, ou a truncagens na transcrição reversa causadas por eventuais estruturas secundárias do mRNA (BAILEY et al. 1998; STERKY e LUNDEBERG 2000; CAMARGO et al. 2001; KAN et al. 2001).

De acordo com DE SOUZA et al. (2000), o valor do conjunto de dados de ESTs pode ser significativamente aumentado com a geração de ORESTES, uma vez que a capacidade da estratégia ORESTES para descoberta de genes e geração de seqüências de transcritos completos excede significativamente as metodologias convencionais de geração de ESTs (DIAS NETO et al. 2000; CAMARGO et al. 2001). O banco de dados de ORESTES pode representar cerca de 60% de todos os genes humanos (DE SOUZA et al. 2000; DIAS NETO et al. 2000). Através dessa técnica já foram amostrados mais de 80% dos genes humanos expressos em níveis alto e moderado e 40% e 50% dos genes humanos expressos raramente (CAMARGO et al. 2001).

### **1.3 ORESTES**

ORESTES (*Open Reading Frame Expressed Sequences Tags*) é uma técnica de geração de ESTs. Esta tecnologia é particularmente importante porque, ao contrário dos métodos convencionais de geração de ESTs, os quais favorecem as regiões 3' ou 5' do transcrito, este método apresenta uma tendência para representar regiões centrais do transcrito (DIAS NETO et al. 2000). ORESTES utiliza iniciadores aleatórios em condições de baixo rigor, para a síntese de cDNA, cobrindo



regiões de transcritos menos representadas em banco de dados públicos (DIAS NETO et al. 2000)

A técnica de ORESTES, por utilizar iniciadores aleatórios, apresenta maior sensibilidade, sendo capaz de representar transcritos de forma independente dos níveis de expressão. Isto confere vantagens na anotação e representatividade de mRNAs menos abundantes, além do efeito normalizador. Essa característica, dada pelo seu efeito normalizador, ocorre por causa da pequena porcentagem de transcritos altamente abundantes gerando a minoria das ampliações, levando a um aumento imediato da abundância relativa dos produtos derivados de transcritos raros (DIAS NETO et al. 2000; CAMARGO et al. 2001). A identificação de genes pouco expressos que representam a maioria dos nossos genes é um dos mais importantes desafios dos estudos de genômica funcional (SARGENT 1987; WOLFSBERG e LANDSMAN 1997; MAO et al. 1998; BORTOLUZZI et al. 2000; STERKY e LUNDEBERG 2000; YU et al. 2001).

O Projeto Genoma do Câncer Humano (Human Cancer Genome Project – HCGP) (FAPESP/LICR - HCGP) foi lançado em 1998, financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) e pelo Instituto Ludwig de Pesquisa sobre o Câncer, objetivando contribuir para a anotação de genes no genoma humano e identificar genes diferencialmente expressos em tecidos tumorais. Este projeto, baseado na metodologia ORESTES (DIAS NETO et al. 2000) produziu 1.190.044 ESTs geradas a partir de 5.515 mini-bibliotecas, produzidas de mRNA de 24 tecidos normais ou tumorais (CAMARGO et al. 2001; BRENTANI et al. 2003). Após a remoção de seqüências que possam ser provenientes de DNA mitocondrial, RNA ribossômico, elementos repetitivos, DNA genômico, ou seqüências altamente

similares a genomas bacterianos conhecidos, restaram 939.685 seqüências, das quais 717.059 foram mapeadas no genoma humano. Quinhentas e noventa e oito mil e cinco seqüências mostraram alta similaridade com seqüências de transcritos de diversos bancos de dados públicos e 341.680 seqüências (quase 30%) não mostraram nenhuma identidade com transcritos conhecidos. Isso significa que estas seqüências não se alinham com nenhuma seqüência oriunda de transcritos completos ou ESTs gerados por outros projetos e depositadas nos bancos de dados públicos até o momento.

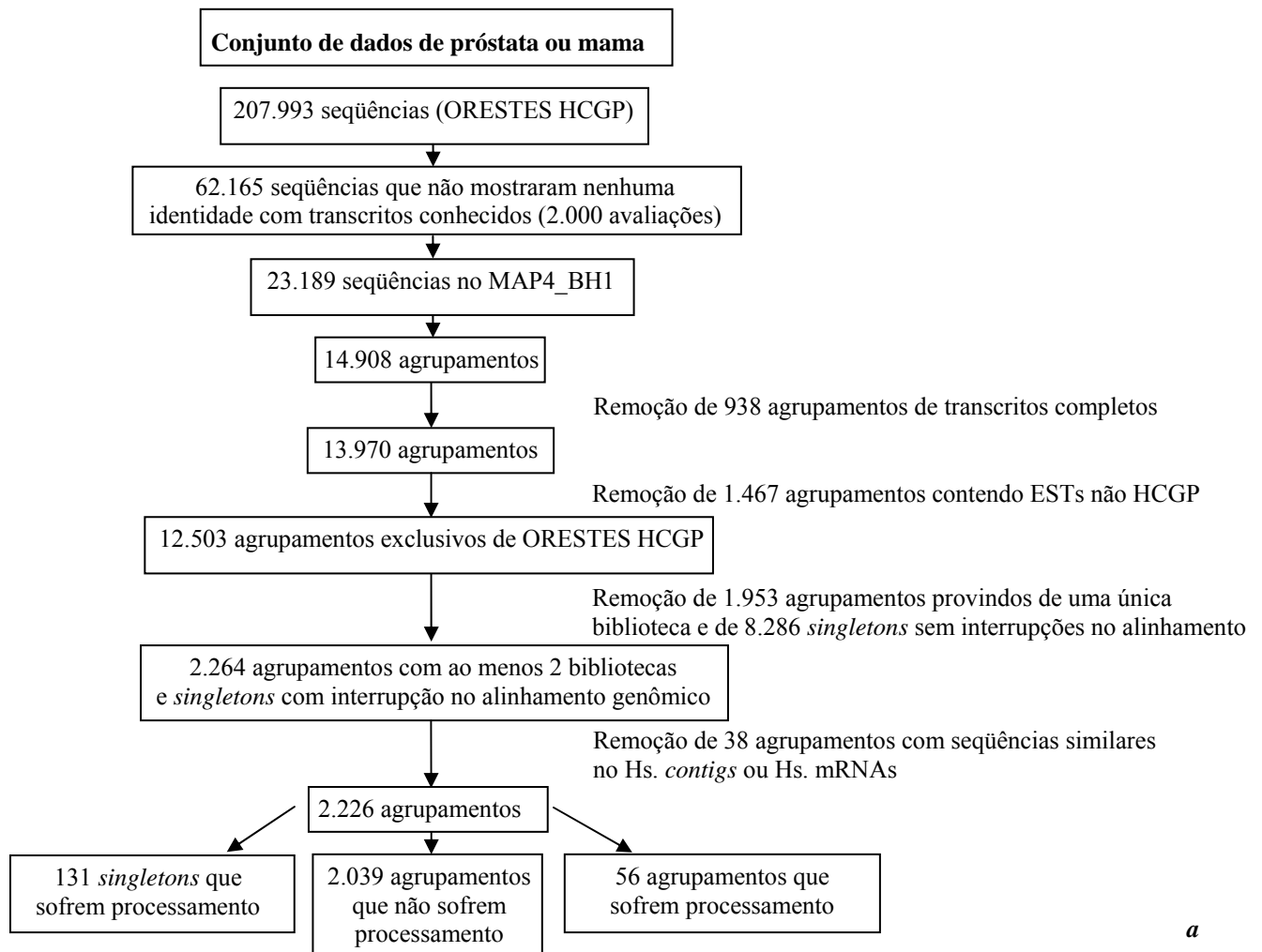
Algumas dessas seqüências, que não mostraram identidade com seqüências conhecidas, podem representar transcritos humanos de baixa abundância, extensões de éxons já descritos, novos éxons para genes já conhecidos, novos transcritos, ou RNAs não codificadores e, portanto, não foram identificadas até agora por outras estratégias experimentais.

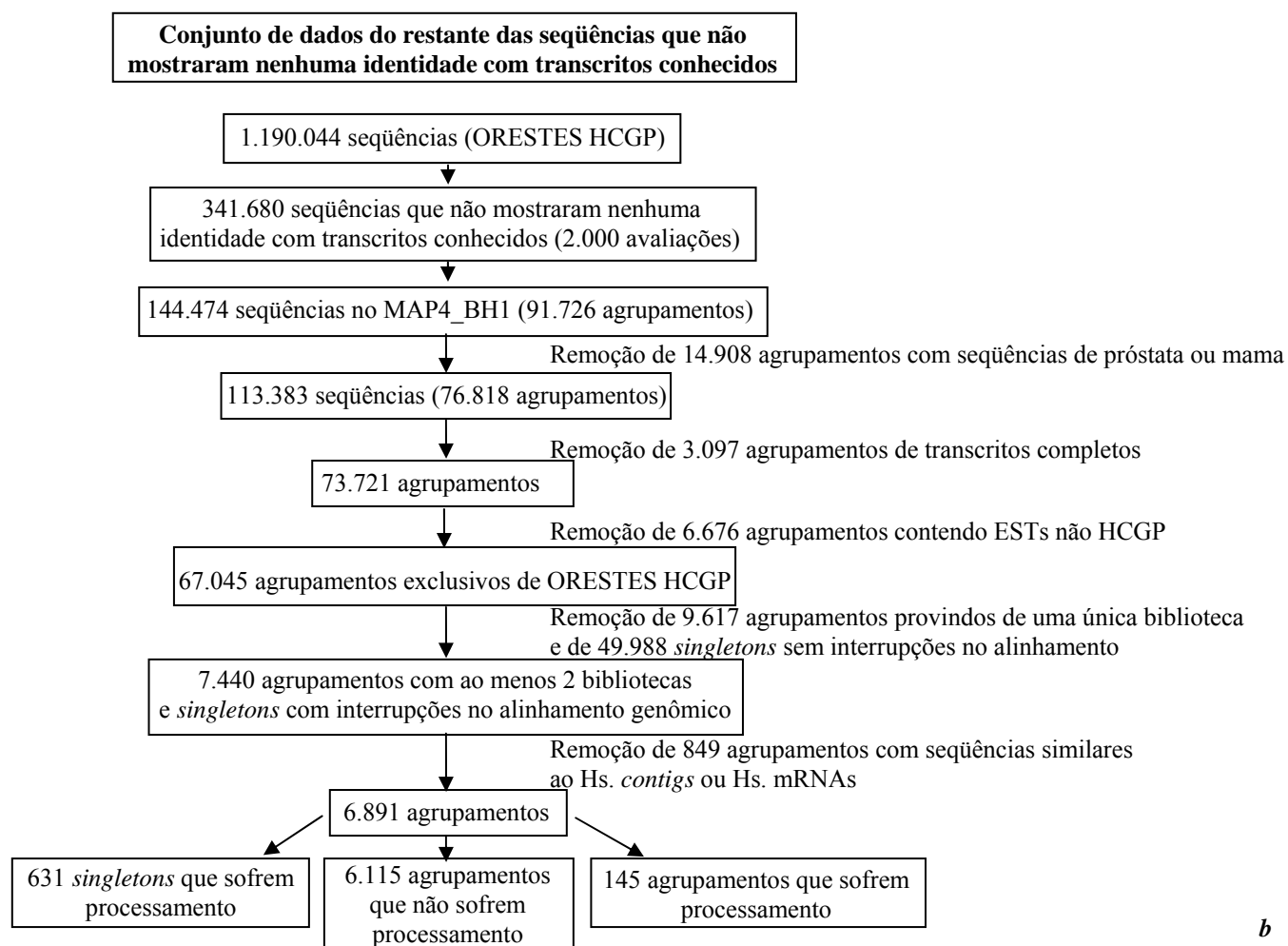
#### **1.4 ESTRATÉGIA PARA A IDENTIFICAÇÃO DE NOVOS TRANSCRITOS**

Objetivando determinar o potencial inexplorado destas 341.680 seqüências ORESTES resultantes do HCGP, uma reavaliação de um subgrupo destas seqüências foi realizada pelo Laboratório de Bioinformática do Hospital A. C. Camargo, coordenado pela Dra. Helena Brentani. Para esse estudo foi criado um algoritmo que adotou critérios para maximizar a chance de identificação *in silico* de novos transcritos (FONSECA 2005).

Foram selecionados apenas os agrupamentos de seqüências, determinados por alinhamento genômico, que possuíssem pelo menos uma seqüência ORESTES sem nenhuma identidade com transcritos conhecidos, oriunda de próstata ou mama, os quais são os dois tecidos com maior incidência de câncer em homens e mulheres, respectivamente, no Brasil, segundo o Instituto Nacional de Câncer (Ministério da Saúde 2005). Uma vez definido o conjunto de dados, os critérios de seleção usados no estudo de FONSECA (2005) para indicar seqüências com alta probabilidade de representarem novos genes foram: alinhamento com o genoma humano; identidade entre éxons; seqüências provenientes de pelo menos duas amostras teciduais (quanto maior for a variedade de bibliotecas, menor é a probabilidade do agrupamento ser fruto de contaminação), entretanto, os *singletons* que apresentam interrupções em seus alinhamentos foram mantidos, isso porque algumas seqüências desse tipo podem representar transcritos raros, principalmente quando apresentam interrupções ao longo de seus alinhamentos com seqüências genômicas, uma consequência natural de eventos de processamento (BAILEY et al. 1998; MODREK et al. 2001); agrupamentos contendo pelo menos uma seqüência apresentando interrupções durante seu alinhamento com o genoma humano, o que sugere evento de processamento; e seqüências que sofrem processamento com a presença de seqüências canônicas GT-AG nas bordas de seus íntrons, isto porque tais seqüências são encontradas em cerca de 98% dos transcritos de mamíferos (CLAVERIE1997; BURSET et al. 2000; KAN et al. 2001; LANDER et al. 2001; MODREK et al. 2001; SOREK e SAFER 2003; WANG et al. 2003), conferindo ainda mais confiança de que a interrupção em seu alinhamento é verdadeiramente reflexo de um evento de processamento (Figura 1). Os dois últimos critérios foram considerados os mais

importantes para definir um novo gene, uma vez que eventos de processamento são característicos de transcritos eucariotos (CLAVERIE1997; KAN et al. 2001; LANDER et al. 2001; SOREK e SAFER 2003; WANG et al. 2003; FONSECA et al. 2006), aumentando a probabilidade dessas seqüências representarem verdadeiros transcritos. A porção doadora da seqüência que sofre processamento tem o dinucleotídeo GT logo após o término da extremidade 5' das seqüências intrônicas, e a porção receptora tem o dinucleotídeo AG antes do início da extremidade 3' (BURSET et al. 2000; LANDER et al. 2001; MODREK et al. 2001; SOREK e SAFER 2003). A verificação das seqüências doadoras e receptoras foi feita sobre todas as seqüências que sofrem processamento dos agrupamentos selecionados, checando-se 5pb para o interior da EST (suposto éxon) e 5pb para o exterior (suposto íntron) na seqüência genômica. Esta margem interna e externa é necessária uma vez que o alinhamento da EST com a seqüência genômica não é perfeito, sendo que as bordas das seqüências são muitas vezes deslocadas a montante ou a jusante de seu local real (BURSET et al. 2000; FONSECA et al. 2006). Junções de regiões para processamento que apresentam seqüências não-canônicas ocorrem raramente (BURSET et al. 2000).





b

**Legenda:** A partir das seqüências ORESTES geradas no Projeto Genoma do Câncer Humano, foram analisadas, através do algoritmo, uma parte das seqüências resultantes que não mostraram nenhuma identidade com transcritos conhecidos. Uma parcela destas seqüências analisadas encontrava-se armazenadas no banco map4\_bh1, o que significa que foram mapeadas no genoma humano. Daí foram removidos os agrupamentos que apresentavam transcritos completos incorporados. Dos agrupamentos restantes foram retirados agrupamentos mistos contendo ESTs de outros projetos. Os agrupamentos cujas seqüências provinham todas de apenas uma biblioteca e os *singletons* que não apresentavam interrupções em seus alinhamentos foram retirados dos agrupamentos exclusivos de ORESTES-HCGP. As seqüências dos agrupamentos restantes foram submetidas a alinhamento do tipo BLAST contra o banco Hs *contig* e de Hs mRNA, resultando na remoção de agrupamentos contendo seqüências similares a um ou ambos os bancos. Os agrupamentos restantes foram separados em agrupamentos que sofrem processamento, *singletons* que sofrem processamento e agrupamentos que não sofrem processamento. *a*- conjunto de dados de próstata ou mama que não mostraram nenhuma identidade com transcritos conhecidos. *b*- conjunto de dados do restante das seqüências que não mostraram nenhuma identidade com transcritos conhecidos.

**Figura 1** - Fluxogramas com os passos seguidos pelo algoritmo, desenvolvido pelo Laboratório de Bioinformática do Hospital A. C. Camargo, para selecionar seqüências que não mostraram nenhuma identidade com transcritos conhecidos, dos conjuntos de dados estabelecidos, com maior probabilidade de representarem novos transcritos.

Depois de aplicado o algoritmo, foi possível confirmar experimentalmente que 5 de 8 seqüências ORESTES representavam novos transcritos humanos. A especificidade dos produtos amplificados foi confirmada através da ferramenta BLAT, em um alinhamento de cada arquivo de seqüenciamento FASTA nos dados genômicos e do transcriptoma. Além disso, algumas dessas seqüências foram diferencialmente expressas entre tecidos tumorais e normais por uma análise *in silico* (FONSECA et al. 2006).

## 2 JUSTIFICATIVA

A complexidade do genoma humano representa um importante desafio para a conclusão do principal objetivo do HGP, a correta identificação de todos os genes e seus transcritos (LIANG et al. 2000b; CAMARGO et al. 2001; FERREIRA et al. 2004). Nessa era pós-genômica, para atingir esse objetivo maior e entender as bases moleculares da fisiologia dos organismos complexos, as análises dos dados gerados até agora são tão importantes quanto continuar a geração de dados por seqüenciamento (HUMINIECKI e BICKNELL 2000; LIOTTA e PETRICOIN 2000). Os resultados de LIEW et al. (1994), assim como os de outros grupos, mostraram que 50-60% das ESTs contidas em bancos de dados públicos que não mostraram nenhuma identidade com transcritos conhecidos nos bancos de dados GenBank/EMBL representam novos transcritos humanos não caracterizados anteriormente. Uma vez que muitas ESTs e ORESTES são derivadas de genes ainda não caracterizados, há uma grande probabilidade de encontrar evidências de novos transcritos, especialmente para regiões identificadas como possíveis genes por algoritmos de predição gênica (LARSSON et al. 2005). Motivados pelo grande número de transcritos ainda não descobertos, presentes em dbESTs e dbORESTES, pesquisadores têm explorado estes bancos de dados como uma fonte para a identificação de novos genes (BOGUSKI et al. 1994; BOGUSKI 1995; BOGUSKI e SCHULER 1995; HILLIER et al. 1996; WOLFSBERG e LANDSMAN 1997; BAILEY et al. 1998; LIANG et al. 2000a e b; LARSSON et al. 2005). Portanto, completar a lista de genes humanos, especialmente aqueles com baixos níveis de



expressão ou de expressão temporariamente e/ou espacialmente restrita, necessitam de esforços contínuos (WOLFSBERG e LANDSMAN 1997; MAO et al. 1998; LIANG et al. 2000b; STERKY e LUNDEBERG 2000; LEE et al. 2002; AOUACHERIA et al. 2006; BABENKO et al. 2006). Atualmente, a identificação de novos genes depende da eficiência de estratégias disponíveis para identificar tais seqüências dentro da extensão do genoma humano (CAMARGO et al. 2002). A utilização de algoritmos que contemplem critérios rigorosos para a identificação de novos transcritos parece ser uma ferramenta indispensável para a exploração de bancos de dados de ESTs (BAILEY et al. 1998; ROGIC et al. 2001; VENTER et al. 2001). Assim, a exploração criteriosa dos dados gerados pelo HCGP, aliada à tecnologia de microarranjos de cDNA que vem sendo desenvolvida por nosso grupo poderá levar à identificação em larga escala de novos transcritos. A partir dos resultados obtidos com a utilização do algoritmo criado pelo Laboratório de Bioinformática do Hospital A. C. Camargo (FONSECA 2005), esse trabalho tem como objetivo a validação biológica de genes encontrados *in silico* e a confirmação de um conjunto verdadeiro de cDNAs que representem novos transcritos humanos.

### **3 OBJETIVOS**

#### **3.1 GERAL**

Utilizar as seqüências ORESTES depositadas nos bancos de dados públicos para identificar novos transcritos humanos.

#### **3.2 ESPECÍFICOS**

- Construir um microarranjo de cDNA em lâmina de vidro, com 4.800 seqüências ORESTES com probabilidade de representarem novos transcritos.
- Hibridizar este microarranjo com cDNA derivado de amostras de tecidos normais ou tumorais provenientes de 12 regiões topográficas distintas, num total mínimo de 112 hibridizações.
- Identificar, através de ferramentas de matemática e estatística, os fragmentos que produziram sinal fluorescência significativamente maior que a fluorescência de fundo, determinando sua variância entre as amostras normais ou tumorais.
- Validar, por RT-PCR, um conjunto de seqüências com maior intensidade de sinal em tecidos normais ou tumorais.

## **4 MATERIAIS E MÉTODOS**

### **4.1 PRODUÇÃO DO MICROARRANJO DE CDNA**

Os elementos que compõem a lâmina foram selecionados a partir dos resultados gerados com a utilização do algoritmo criado pelo Laboratório de Bioinformática do Hospital A. C. Camargo para indicar seqüências com probabilidade de representarem novos transcritos, utilizado no trabalho de FONSECA (2005), selecionando apenas os agrupamentos de seqüências determinados por alinhamento genômico que possuíssem pelo menos uma seqüência ORESTES que não mostrasse nenhuma identidade com transcritos conhecidos.

A lâmina utilizada neste projeto foi produzida no nosso laboratório. Quatro mil e oitocentos fragmentos ORESTES, provenientes do Projeto Genoma do Câncer Humano (FAPESP/LICR), foram imobilizados em lâmina de vidro (EISEN e BROWN 1999; BRENTANI et al. 2005). Os clones bacterianos contendo as seqüências ORESTES foram crescidos em meio LB contendo ampicilina (250mg/mL) e, para cada clone, o inserto de cDNA foi amplificado por PCR, em placas de 96 poços, usando iniciadores M13 complementares à seqüência nos sentidos senso e antisense do cDNA, em um volume final de 100 $\mu$ L. Foram submetidos a gel de agarose 1% 2 $\mu$ L de todos os 4.800 produtos de PCR, para controle de qualidade dos produtos de DNA e os 98 $\mu$ L restantes foram purificados com o kit de purificação Sephadex G50 (GE Healthcare, UK). Os DNAs purificados foram imobilizados uma única vez às lâminas de vidro (Corning, USA) com o

auxílio do robô Flexys (Genomic Solutions, USA), usando 96 agulhas em 96 blocos de 7x7 elementos. As lâminas foram tratadas e submetidas a fixação por luz UV para fixar estavelmente o DNA à superfície e minimizar ligações não específicas de sondas a lâmina (EISEN e BROWN 1999).

## 4.2 RNAs

Neste trabalho foram utilizados RNAs de tecidos normais ou tumorais, provenientes do Banco de RNAs do Hospital A. C. Camargo. Estes RNAs foram extraídos utilizando o método de Trizol (Invitrogen, USA), de acordo com as instruções do fabricante, com o auxílio de um homogenizador (Polytron<sup>®</sup>, Kinematica AG, Switzerland). Do mesmo modo, também foram extraídas novas amostras de RNA de tecidos provenientes do Banco de Tumores do Hospital A. C. Camargo, para se atingir o número mínimo de amostras proposto. A utilização dos tecidos provenientes do Banco de Tumores foi devidamente autorizada, sob aprovação deste trabalho pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Hospital A. C. Camargo (CEP 675/05).

Previamente à extração destes RNAs, os tecidos foram submetidos à confirmação do diagnóstico histológico através da análise de lâminas confeccionadas a partir de um corte por congelamento de cada fragmento de tecido, coradas com H/E. Posteriormente, estas lâminas serviram como guia para a realização da semi-microdissecção manual dos tecidos congelados (GOMES et al. 2003). Os procedimentos de confirmação do diagnóstico histológico e semi-microdissecção

manual dos tecidos foram realizados em colaboração com o Dept<sup>o</sup> de Anatomia Patológica do Hospital A. C. Camargo, coordenado pelo Dr. Fernando Soares.

### **4.3 RNA REFERÊNCIA**

Foi utilizada uma referência comum, composta por um conjunto de 15 linhagens celulares distintas, equivalente aos tipos celulares utilizados na construção da referência utilizada por ROSS et al. (2000). Estes tipos celulares foram escolhidos a fim de maximizar a diversidade de expressão gênica, como previamente demonstrado em estudos em gel bi-dimensional (MYERS et al. 1997). As linhagens foram cultivadas segundo instruções da ATCC (<http://www.atcc.org>) e o RNA total foi extraído, quando atingida 80-90% de confluência, do mesmo modo que foram extraídos os RNAs das amostras normais e tumorais. Quantidades equivalentes de RNAs de cada uma das linhagens foram misturadas a fim de se obter o RNA referência comum ideal.

### **4.4 ANÁLISES DE QUANTIDADE E QUALIDADE DOS RNAS**

A concentração dos RNAs extraídos foi estimada através de leitura de absorbância em espectrofotômetro (GeneQuant, France) a 260 e 280nm, levando em consideração que uma unidade de densidade óptica (260nm) de RNA equivale a 40µg de RNA por mL, corrigidos pelo fator de diluição. A integridade foi verificada através de eletroforese a partir de 0,5µg de cada RNA em gel de agarose 1%, sob

condições desnaturantes (tampão 7M uréia 2x), corado com 0,5mg/mL de brometo de etídio.

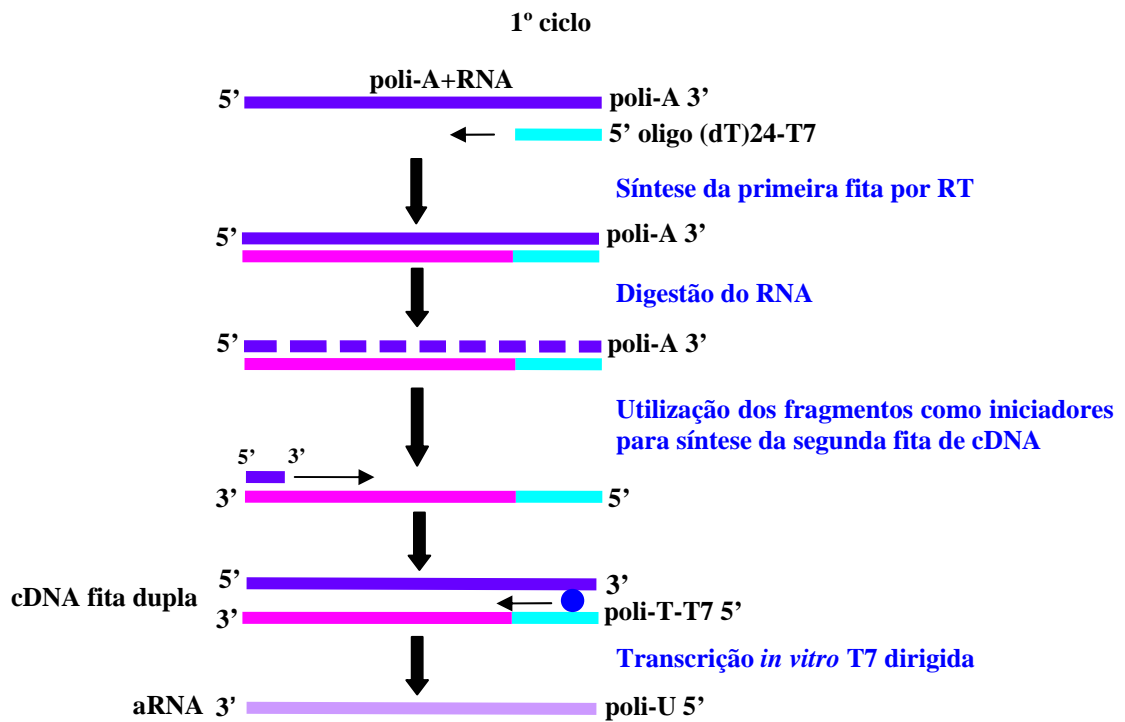
#### 4.5 AMPLIFICAÇÃO DO MRNA

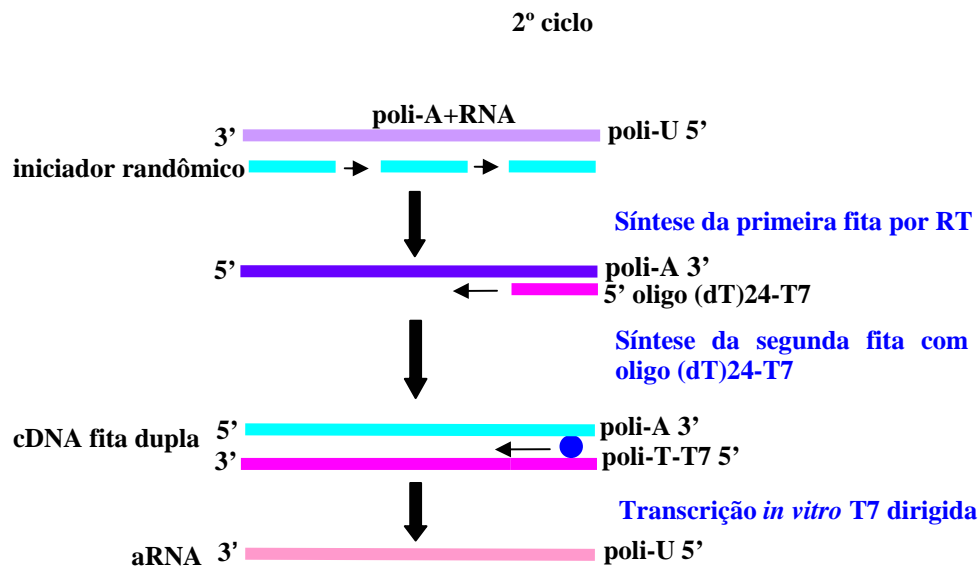
O protocolo de amplificação dos mRNAs baseou-se no método de Eberwine, descrito por VAN GELDER et al. (1990), com algumas modificações estabelecidas pelo nosso grupo (GOMES et al. 2003). Esse procedimento consistiu na transcrição reversa de aproximadamente 3µg de RNA total na presença de Oligo (dT)24-T7 (T7 RiboMax™ Large Scale RNA Production System, Promega, USA), que possui uma seqüência promotora de T7 RNA polimerase em sua extremidade 5', e posterior digestão do RNA e síntese da segunda fita de cDNA, utilizando os fragmentos gerados como iniciadores, seguida de transcrição *in vitro* dirigida pela enzima T7 RNA polimerase (Figura 2). Essa etapa foi realizada tanto para os RNAs das amostras normais e tumorais quanto para o RNA referência.

Para aumentar o rendimento da reação, o RNA referência passou ainda por um segundo ciclo de amplificação, iniciado pela transcrição reversa de aproximadamente 1µg do produto do primeiro ciclo, na presença de 2µg de iniciador randômico [pd(N)6 – GE Healthcare, UK], seguindo as mesmas etapas do primeiro ciclo. No momento da síntese da segunda fita de cDNA, algumas modificações foram feitas, adicionando 1U de RNase H (Invitrogen, USA) à reação e incubando a 37°C por 10 minutos, 95°C por 2 minutos, e resfriado em gelo. Em seguida, 0,5µg de Oligo (dT)24-T7 (T7 RiboMax™ Large Scale RNA Production System, Promega, USA) foi adicionado à reação e incubado a 42°C por 10 minutos, seguindo com a

adição dos demais reagentes para síntese da segunda fita nas condições usadas no primeiro ciclo. Os passos seguintes foram realizados de acordo com o primeiro ciclo de amplificação.

### Amplificação Linear do RNA total





Fonte: Adaptado de BARRETO (2005).

**Figura 2** - Esquema da amplificação linear de RNA. Amplificação baseada no método de Eberwine, utilizada para o RNA total das amostras e da referência.

Mais uma vez, a concentração dos RNAs, agora amplificados, foi estimada através de leitura de absorvância em espectrofotômetro (GeneQuant, France) e a integridade foi verificada com a separação dos produtos em gel de agarose 1%, como citado anteriormente para a avaliação da concentração e integridade do RNA total das amostras e da referência.

#### 4.6 MARCAÇÃO DO CDNA

Os RNAs amplificados foram submetidos a um protocolo de marcação indireta, baseado no método descrito por DERISI (2003), o qual utilizou cerca de 3µg de RNA de cada amostra e 6µg de RNA referência. Este protocolo é composto essencialmente por 2 etapas: na primeira, procede-se à síntese da primeira fita de



cDNA na presença de iniciador randômico [pd(N)<sub>6</sub> – GE Healthcare, USA], da enzima transcriptase reversa e de aminoallyl-dUTP (Sigma, USA); e na segunda etapa, após a degradação do RNA utilizado como molde, ocorre o acoplamento, onde os fluorocromos Alexa Fluor<sup>®</sup> 555 carboxylic acid, succinimidyl ester ou Alexa Fluor<sup>®</sup> 647 carboxylic acid, succinimidyl ester (Invitrogen, USA) reagem com o aminoallyl-dUTP presente no cDNA recém sintetizado. Após purificação em coluna QIAquick (Qiagen, USA), a eficiência da marcação foi determinada através de leitura em NanoDrop<sup>®</sup> (ND-1000 Spectrophotometer, USA). Os cDNAs da amostra e da referência, marcados com fluorocromos diferentes, foram misturados e então realizada a inversão dos corantes, ou seja, para cada ensaio, os dois corantes foram invertidos para a segunda hibridização (YANG e SPEED 2002; GOMES et al. 2003), resultando em duas lâminas a serem hibridizadas para cada amostra.

#### **4.7 PRÉ-HIBRIDIZAÇÃO E HIBRIDIZAÇÃO**

As lâminas foram pré-hibridizadas em tampão apropriado (5x SSC; 0,2% SDS; 1% BSA e solução 5x Denhardt's) por cerca de 12 a 24 horas a 42°C e então foram lavadas em água, centrifugadas para secagem e montadas na estação de hibridização. A mistura dos cDNAs marcados, provenientes da amostra e da referência foi concentrada e misturada ao tampão de hibridização, previamente aquecido a 70°C, composto por: 5x SSC; 0,1% SDS; 4µg polyA DNA; 2µg Cot1 DNA; solução 5x Denhardt's; 10µg esperma de salmão; e 40% formamida deionizada. A reação foi mantida a 45°C até ser utilizada. As hibridizações ocorreram no sistema Gene TAC<sup>™</sup> Hybridization Station (Genomic Solutions, UK), por cerca

de 15 a 20 horas a 42°C. Previamente à aplicação da mistura sobre a lâmina, a reação foi aquecida a 95°C por 5 minutos e mantido a 70°C. Lavagens sucessivas das lâminas (2x SSC/0,1%SDS; 0,1x SSC/0,1%SDS; enxaguar em 0,1x SSC; 0,1x SSC; enxaguar lâminas individualmente em 0,1x SSC, por 4 minutos a 42°C, seqüencialmente e sob agitação), seguidas de centrifugação (5 minutos a 1.000 rpm), finalizam o processo de hibridização, para posterior submissão a leitor confocal a *laser*.

#### **4.8 DIGITALIZAÇÃO DAS IMAGENS E QUANTIFICAÇÃO DOS DADOS**

Para a digitalização das imagens provenientes das hibridizações foi utilizado leitor confocal a *laser* (ScanArray Express - Perkin Elmer, USA), com fotomultiplicação de 70 e 60% para os canais 1 e 2, respectivamente. Os valores de intensidade dos elementos foram extraídos com o auxílio do programa ScanArray Express (Perkin Elmer, USA), pelo método de histograma, utilizando a mediana dos valores dos *pixels* e percentis de 80 a 95 para o sinal e 5 a 20 para fluorescência de fundo. Este método constrói um histograma dos valores dos *pixels* de cada elemento e permite fixar os percentis que serão utilizados para os cálculos de intensidade de sinal e da fluorescência de fundo.

## 4.9 ANÁLISES MATEMÁTICAS E ESTATÍSTICAS

A análise dos dados foi realizada em colaboração com o Laboratório de Bioinformática do Hospital A. C. Camargo buscando identificar novos transcritos a partir das amostras de tecidos normais ou tumorais que foram submetidas ao estudo.

As tabelas geradas com a conversão da intensidade de sinal em valores numéricos foram depositadas no banco de dados Array Manager (<http://www.lbhc.hcancer.org.br/arraymanager>), criado pelo grupo de bioinformática. Após a correção dos elementos, realizada pela subtração do valor da fluorescência de fundo local de um elemento (ruído adicional ao sinal que pode ser produzido, por exemplo, a partir da preparação da amostra, do modo de lavagem da lâmina ou de ligações não específicas) do sinal de intensidade desse mesmo elemento (para cada elemento individualmente), foi calculada a razão entre a amostra de interesse e a amostra referência (para todos os elementos de todas as lâminas) e então realizada uma transformação nesses valores aplicando logaritmo na base dois ( $\log_2$ ), fazendo em seguida a normalização das réplicas com inversão de corantes, através da média aritmética, para todos os genes, sob a fórmula  $(\text{lâmina inicial} + \text{réplica})/2$ . Foi realizada a normalização dos dados gerados através da aplicação do método de regressão polinomial local de Lowess (*Locally Weighted Scatterplot Smothing*), utilizando *span* 0,4 e grau 1.

Em seguida, através de programas computacionais foram realizados os controles de qualidade das lâminas hibridizadas. A visualização direta desses controles é feita individualmente para cada lâmina, através de gráficos *scatterplot*. Foi também gerado um agrupamento hierárquico não supervisionado, com distância

Euclidiana, utilizando o método completo, que toma o máximo das distâncias entre todos os elementos que compõem um subgrupo. Foi realizado o cálculo das médias das lâminas inicial e réplica para cada elemento de cada lâmina [sob a fórmula:  $R = (\log_2 \text{canal1} - \log_2 \text{canal2})_m + (\log_2 \text{canal2} - \log_2 \text{canal1})_s / 2$ , ou  $R = (\text{amostra/referência})_m + (\text{amostra/referência})_s / 2$ ], previamente ao agrupamento, assumindo a similaridade da mesma amostra utilizada na hibridização contra as lâminas em duplicata.

Por último, foram utilizadas abordagens matemáticas e estatísticas baseadas na ferramenta R (<http://www.r-project.org>) para determinar as seqüências ORESTES que não mostraram nenhuma identidade com transcritos conhecidos, representantes de potenciais novos transcritos.

Para avaliar a qualidade dos dados gerados nas hibridizações, utilizamos os valores de intensidade normalizados e determinamos o valor de correlação entre os elementos comuns às réplicas de cada amostra (lâminas inicial e réplica) e o número de elementos comuns às réplicas válidos para essa análise. Esses dados foram representados por gráficos do tipo *box plot* e *violin plot*. Foi realizada também, em cada lâmina, uma comparação entre os valores de intensidade das seqüências que apresentam Hs e aquelas que não apresentam Hs, ou entre as seqüências com suporte de outros projetos e aquelas sem suporte de outros projetos, utilizando o teste de Wilcoxon sobre os dados não normalizados e gerando gráficos do tipo *box plot* e *violin plot*. Essa análise foi realizada para cada canal individualmente. Para demonstrar o número potencial de novos transcritos humanos foi identificado, em cada lâmina, o elemento com menor valor de intensidade (após correção da fluorescência de fundo) e, dentre os 112 elementos identificados, adotamos como valor de corte o maior valor de intensidade encontrado para cada canal. Em todas as

lâminas, os elementos com valor de intensidade menor que este valor de corte foram descartados. Para definir o número de prováveis novos transcritos, foi calculada a mediana dos valores de intensidade de cada elemento em todas as lâminas e somente aqueles que apresentaram mediana do valor de intensidade maior que os valores de corte estabelecidos para cada canal foram considerados contendo uma seqüência de cDNA correspondente a um potencial novo transcrito. Além disso, um *scatterplot* foi construído, utilizando os dados de todos os elementos das lâminas normalizados por Lowess, para permitir a visualização das possíveis seqüências diferencialmente expressas em relação aos tecidos específicos, normais ou tumorais, estudados. Essa análise foi realizada através da comparação da média de intensidade da razão amostra/referência de cada seqüência em todos os tecidos normais ou tumorais exceto um único tecido normal ou tumoral em relação à razão das médias de intensidade da amostra/referência das seqüências naquele tecido excluído. Para identificar os transcritos que se mostraram diferencialmente expressos entre tecidos normais e tumorais, foi aplicado um teste-t e os resultados representados em um gráfico do tipo MM. Essa análise foi realizada através da comparação da média de intensidade da razão amostra/referência de cada seqüência em todos os tecidos tumorais em relação média de intensidade da razão amostra/referência de cada seqüência em todos os tecidos normais.

#### 4.10 VALIDAÇÃO POR RT-PCR

Para selecionar as seqüências com maior intensidade de sinal que foram submetidas à validação por RT-PCR, construímos um gráfico MA da média dos valores de intensidade dos elementos de todas as lâminas, mostrando a distribuição de  $\log_2$  da razão da intensidade de sinal do canal2/canal1 em relação à média de intensidade de sinal dos elementos entre os dois canais. Para identificar os elementos com maior intensidade de sinal (e por isso, com maior probabilidade de detecção por RT-PCR), foi estabelecido como valor de corte 4.096 ( $\log_2 12$ ) para o valor de A. Esta análise também foi realizada com os dados normalizados por Lowess.

A síntese de cDNA foi realizada para 2 grupos de amostras de tecidos normais ou tumorais e seus respectivos controles negativos, na ausência da enzima transcriptase reversa. O primeiro grupo compreende amostras provenientes do RNA total sem tratamento prévio com DNase, além do RNA referência; o segundo grupo compreende amostras provenientes de RNA total que foram submetidas à purificação através do ilustra RNAspin Mini Isolation Kit (GE Healthcare, USA), de acordo com as instruções do fabricante, previamente à síntese de cDNA.

Síntese de cDNA: a síntese da primeira fita de cDNA foi realizada a partir de 1 $\mu$ g de RNA, com 0,5 $\mu$ g do iniciador Oligo (dT)15, 3mM MgCl<sub>2</sub>, 1x Reaction Buffer, 0,5mM dNTP mix, 20U RNasin®, 1 $\mu$ L Reverse Transcriptase (ImProm-II™ Reverse Transcription System, Promega, USA), em um volume final de reação de 20 $\mu$ L. Primeiramente, foi adicionado ao RNA apenas o iniciador, num volume final de 5 $\mu$ L e a mistura foi aquecida por 10 minutos a 70°C no sistema Gene Amp PCR System 9700 (PE Applied Biosystems, USA), a fim de desnaturar o molde e em

seguida, mantida em gelo por 5 minutos. O restante dos reagentes foi adicionado à mistura inicial e os 20µL resultantes foram aquecidos a 25°C por 5 minutos (anelamento), a 42°C por 1 hora (extensão), a 70°C por 5 minutos (desnaturação), também no sistema Gene Amp PCR System 9700 (PE Applied Biosystems, USA) e finalmente congelados.

PCR: 1µL de cada cDNA sintetizado foi utilizado como molde em reações de PCR com 0,2mM de iniciadores específicos para cada candidato selecionado, complementares à seqüência nos sentidos senso e antiseno do cDNA, 1,5mM MgCl<sub>2</sub>, 1x PCR Buffer, 0,2mM dNTP mix, 3U Taq DNA Polymerase - Sequencing Grade (Promega, USA), 20% DMSO (Sigma, USA), em um volume final de reação de 25µL. A reação foi submetida a 94°C por 5 minutos; 40 ciclos de 94°C por 45 segundos, temperatura de anelamento 5 graus acima do T<sub>m</sub> dos iniciadores específicos por 45 segundos e 72°C por 45 segundos; 72°C por 5 minutos, finalizando o processo a 4°C, no sistema Gene Amp PCR System 9700 (PE Applied Biosystems, USA).

Os iniciadores específicos para cada gene selecionado foram construídos utilizando o programa Primer3 (<http://www-genome.wi.mit.edu/cgi-bin/primer/primer3.cgi>), com o auxílio das ferramentas BLAT (<http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgBlat>), BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>) e RepeatMasker (<http://www.repeatmasker.org>).

Para avaliar a eficiência de síntese de cDNA, o produto foi amplificado com 0,15mM dos iniciadores desenhados em diferentes éxons do gene p53 (iniciador senso - 5' GGA GGA GCC GCA GTC AGA 3' e iniciador antiseno - 5' CAA GAA GCC CAG ACG GAA AC 3') (produtos amplificados com 340pb), a fim de poder

diferenciar a amplificação de DNA genômico (produtos amplificados com 548pb). A reação partiu de 1 $\mu$ L de cada cDNA, com os mesmos reagentes que foram utilizados nas PCRs específicas para cada seqüência candidata selecionada, entretanto, utilizando 1,6mM MgCl<sub>2</sub> e 1,5U Taq DNA Polymerase - Sequencing Grade (Promega, USA), em um volume final de reação de 25 $\mu$ L, sob a ciclagem: 95°C por 3 minutos; 30 ciclos de 95°C por 45 segundos, 58°C por 45 segundos e 72°C por 1 minuto; 72°C por 5 minutos, finalizando o processo a 4°C, no mesmo sistema, Gene Amp PCR System 9700 (PE Applied Biosystems, USA). Os produtos das amplificações utilizando cada um dos pares de iniciadores para os genes selecionados foram analisados em gel de agarose NuSieve<sup>®</sup> GTG<sup>®</sup> (Cambrex, USA) 3% e para o gene p53, em gel de agarose 1%, corados com 0,5mg/mL de brometo de etídio.



## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

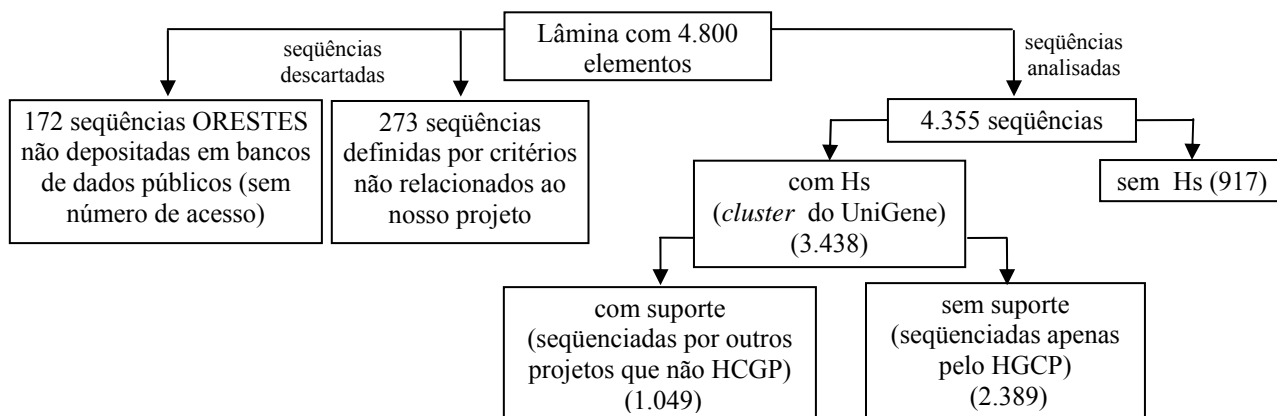
### 5.1 PRODUÇÃO DO MICROARRANJO DE CDNA

Para seleção dos fragmentos de cDNA correspondentes a seqüências ORESTES com maior probabilidade de representar novos transcritos, utilizamos os fluxogramas descritos na Figura 1. A partir do primeiro conjunto de dados (Figura 1a), foram imobilizadas 37 seqüências de 56 agrupamentos que sofrem processamento, 96 seqüências de 131 *singletons* que sofrem processamento e 1.182 seqüências de 2.039 agrupamentos que não sofrem processamento. Do segundo conjunto de dados, representado na Figura 1b, foram imobilizadas 74 seqüências de 145 agrupamentos que sofrem processamento, 350 seqüências de 631 *singletons* que sofrem processamento e 2.791 seqüências de 6.115 agrupamentos que não sofrem processamento.

Adicionalmente, foram imobilizadas 273 seqüências definidas por critérios não relacionados ao nosso projeto, que foram desconsideradas durante as análises dos dados aqui descritas. Além disso, 172 seqüências ORESTES foram descartadas das análises por não terem sido depositadas em bancos de dados públicos (não possuem número de acesso). Portanto, nesse projeto foram utilizadas 4.355 seqüências ORESTES que representam potenciais novos transcritos.

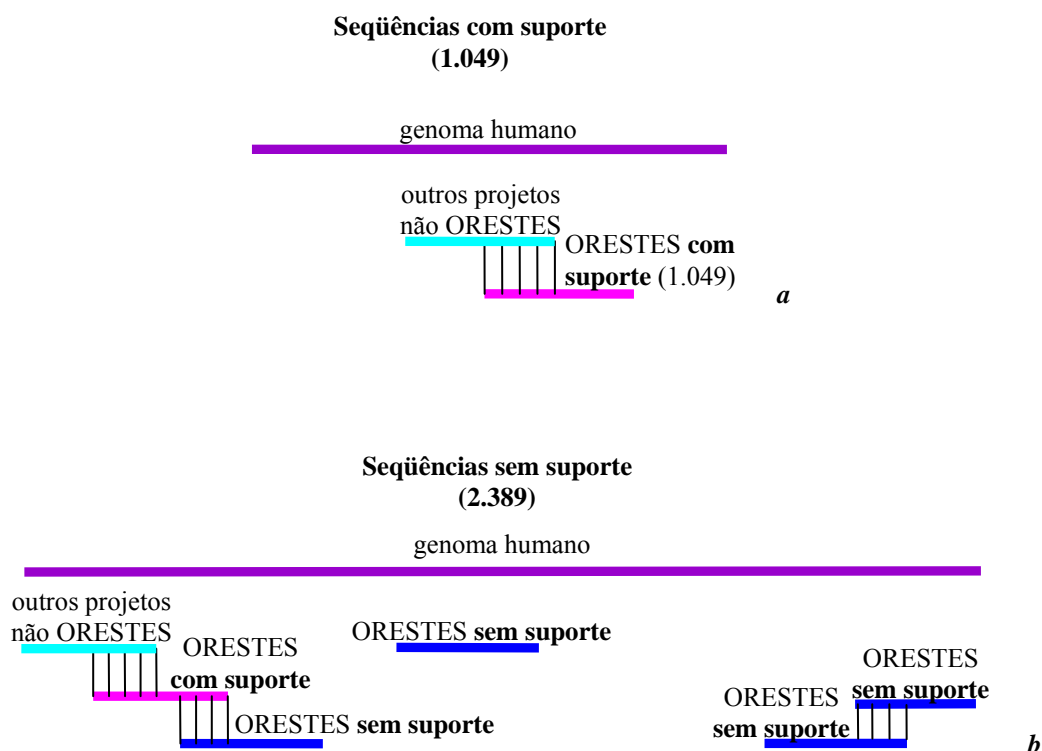
Como esperado, durante o período compreendido entre a coleta dos clones, confecção das lâminas e preparo da tese, novas ESTs e seqüências derivadas de mRNAs foram depositadas nos bancos de dados públicos. Por isso, nesta etapa foi

realizada uma reavaliação das seqüências ORESTES immobilizadas na lâmina. Nesta análise, foi utilizado como critério de agrupamento o banco de dados do UniGene, disponível no NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/UniGene>). Cada identificador do UniGene (número de acesso Hs) é um conjunto de seqüências transcritas que provavelmente vêm do mesmo *locus* de transcrição. Assim, para as análises dos dados, as 4.355 seqüências foram agrupadas em dois grandes conjuntos: a) aquelas que foram agrupadas no UniGene e, por isso, estão associadas a um agrupamento e possuem um identificador Hs (3.438 seqüências); e b) aquelas que não foram agrupadas no UniGene e, por isso, não possuem identificador Hs (917 seqüências). As seqüências com identificador Hs foram ainda divididas em dois sub-grupos (Figura 3). O primeiro, denominado com suporte, compreende as seqüências que possuem identidade, ainda que parcial, com alguma EST, que não ORESTES, depositada em bancos de dados públicos (1.049 seqüências) (Figura 4a). O segundo grupo, denominado sem suporte compreende as seqüências que possuem identidade exclusivamente com outra(s) seqüência ORESTES ou que não se alinham com nenhuma outra seqüência (2.389 seqüências) (Figura 4b). Esta análise confirmou que parte das seqüências originalmente identificadas apenas por ORESTES depositadas na lâmina hoje apresenta suporte de outros projetos, sugerindo que estas ORESTES são realmente derivadas de seqüências expressas. Este dado demonstra o potencial da metodologia ORESTES em identificar novos transcritos e do algoritmo criado para selecionar seqüências com grande probabilidade de estarem associadas a novos transcritos.



**Legenda:** A partir da lâmina composta por 4.800 elementos, foram descartadas das análises 273 seqüências definidas por critérios não relacionados ao nosso projeto e 172 seqüências ORESTES não depositadas em bancos de dados públicos (sem número de acesso). As 4.355 seqüências restantes foram divididas em dois grandes grupos: com Hs (3.438) e sem Hs (917). As seqüências com Hs foram ainda subdivididas em seqüências com suporte de outros projetos não ORESTES (1.049) e seqüências sem suporte (2.389).

**Figura 3** - Fluxograma com os passos seguidos na reavaliação das seqüências ORESTES immobilizadas na lâmina.

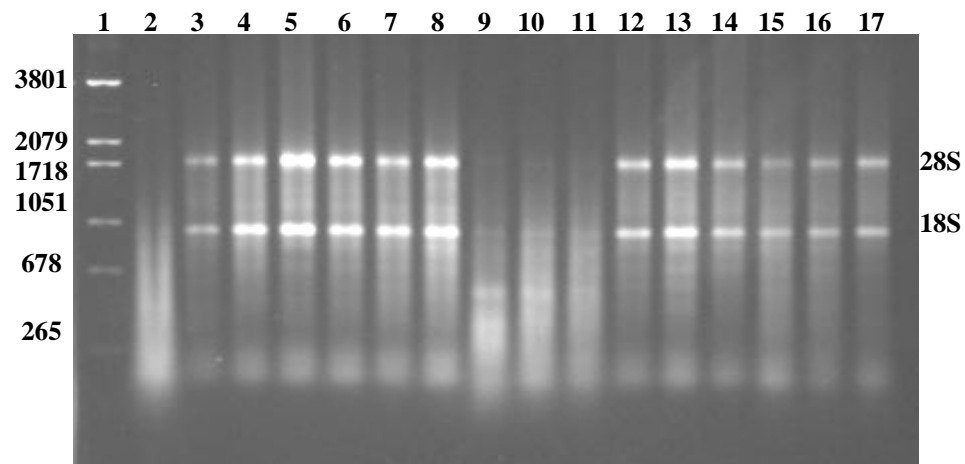


**Legenda:** Três mil quatrocentos e trinta e oito seqüências possuem Hs. Destas, somente as seqüências ORESTES (linha rosa) que se alinham diretamente a seqüências identificadas por outros projetos são consideradas seqüência com suporte (linhas azuis-clara - 1.049). Seqüências ORESTES que se alinham indiretamente a seqüências identificadas por outros projetos por meio de outras seqüências ORESTES, seqüências ORESTES que se alinham a outras seqüências ORESTES e seqüências ORESTES que não se alinham com nenhuma outra seqüência são consideradas seqüências sem suporte (linhas azuis-escura - 2.389). *a*- seqüências com suporte de outros projetos. *b*- seqüências sem suporte de outros projetos. Linhas azuis-clara- seqüências identificadas por outros projetos não HCGP. Linhas rosas- seqüências ORESTES com suporte. Linhas azuis-escura- seqüências sem suporte.

**Figura 4** - Representação dos critérios de definição de seqüências com e sem suporte.

## 5.2 RNAs

Inicialmente foram obtidos 31 RNAs de tecidos normais e 17 RNAs de tecidos tumorais, provenientes do Banco de RNAs do Hospital A. C. Camargo, que foram extraídos pelo método de Trizol (Invitrogen, USA) de acordo com as instruções do fabricante. Dezesete amostras de tecidos normais e 18 amostras de tecidos tumorais foram obtidas inicialmente a partir do Banco de Tumores do Hospital A. C. Camargo e foram submetidas à extração de RNA com o mesmo procedimento adotado para as amostras do Banco de RNAs, passando previamente pela etapa de confirmação do diagnóstico histológico e semi-microdissecção manual, a fim de certificar que as amostras incluídas no trabalho eram compostas por pelo menos 70% de células normais ou tumorais (FREEMAN et al. 1999; DE SOUZA et al. 2000), respectivamente para os tecidos normais ou tumorais a serem testados. Quatro amostras de tecidos, 3 normais e 1 tumoral, provenientes do Banco de Tumores, foram excluídas do estudo nesta etapa, pois o diagnóstico histológico não foi confirmado pelo patologista. Todas as amostras foram quantificadas, através de leitura de absorbância em espectrofotômetro (GeneQuant, France) e 0,5µg de cada RNA foi submetido a gel de agarose 1% sob condições desnaturantes (tampão 7M uréia 2x), contendo 0,5mg/mL de brometo de etídio, para análise de qualidade (Figura 5). Foram considerados RNAs de boa qualidade aqueles que apresentaram as bandas correspondentes as subunidades 28S e 18S do RNA ribossômico nítidas e a relação de intensidade  $28S/18S \geq 1$  e somente esses RNAs foram mantidos no estudo.



**Legenda:** 0,5µg de cada RNA foi fracionado por eletroforese em gel de agarose 1% sob condições desnaturantes (tampão 7M uréia 2x), contendo 0,5mg/mL de brometo de etídio. A maioria das amostras apresentou o RNA ribossômico íntegro e a relação  $28S/18S \geq 1$  e, portanto, seguiram no estudo. Já as amostras presentes nas canaletas 2, 9, 10 e 11 foram descartadas do estudo, uma vez que apresentaram degradação das moléculas de RNA. Canaleta 1- marcador pel/Hind III (DNA em dupla-fita), em pares de bases.

**Figura 5** - Perfil eletroforético do RNA total de algumas amostras, evidenciando as bandas correspondentes às subunidades 28S e 18S.

Doze amostras provenientes do Banco de RNAs não apresentaram um perfil eletroforético de seus RNAs totais adequado para prosseguirem no estudo, sendo elas: 2 amostras normais de tireóide; 3 amostras normais de testículo; 1 amostra tumoral de estômago; 3 amostras normais e 3 amostras tumorais de pulmão. Das amostras que foram extraídas dos tecidos provenientes do Banco de Tumores, 11 foram descartadas do estudo por não terem apresentado um perfil eletroforético de seus RNAs totais de boa qualidade, sendo elas: 1 amostra tumoral de testículo; 1 amostra normal e 1 amostra tumoral de pulmão; 1 amostra normal e 3 amostras tumorais do sistema nervoso central; 2 amostras normais e 1 amostra tumoral de cólon; 1 amostra normal de cabeça e pescoço.

Portanto, seguiram no estudo com o processo de amplificação e posteriormente marcação e hibridização, 32 RNAs de tecidos normais e 24 RNAs de tecidos tumorais representando 12 localizações topográficas (Tabelas 1 e 2).

**Tabela 1** - RNAs provenientes do Banco de RNAs do Hospital A. C. Camargo que seguiram no estudo.

<b>Tecido</b>	<b>Nº da amostra</b>	<b>Tipo da amostra</b>	<b>Qtd. de RNA total (µg)</b>	<b>Qtd. de RNA amplif. (µg)</b>	<b>Diagnóstico</b>
Esôfago	626	normal	36,50	7,50	mucosa normal
	GH982	normal	296,00	10,71	mucosa normal
	*GH984	normal	156,00	12,30	mucosa normal
	*GH872	normal	68,10	12,60	mucosa normal
	*64	tumoral	36,50	9,10	carcinoma epidermóide moderadamente diferenciado
	*867	tumoral	35,10	5,90	adenocarcinoma tubular
Tireóide	*1	normal	36,50	8,40	tireóide normal
	*5	normal	36,50	29,50	tireóide normal
	*2	tumoral	36,50	41,37	carcinoma papilífero variante folicular
	4	tumoral	36,50	25,50	carcinoma papilífero variante folicular capsulada
	*41	tumoral	36,50	27,50	carcinoma papilífero clássico bem diferenciado
Testículo	*267	normal	36,50	15,50	testículo normal direito
	*GF702	normal	0,00	6,76	testículo normal direito
Próstata	*286	normal	35,40	3,80	próstata normal
	938	normal	29,10	7,90	próstata normal
	*956	normal	31,10	6,20	próstata normal
	*933	tumoral	32,50	7,90	adenocarcinoma
	*946	tumoral	32,50	15,10	adenocarcinoma
	*519	tumoral	10,26	21,10	adenoma



**Cont/ Tabela 1**

Útero	GF897	normal	6,50	22,60	miométrio normal
	*GF919	normal	6,50	10,00	corpo do útero normal
	*GF923	normal	7,70	12,10	corpo do útero normal
	*GF896	tumoral	6,50	13,70	adenocarcinoma
Estômago	*57	normal	5,20	8,06	mucosa normal
	*59	normal	6,00	78,00	mucosa normal
	630	normal	4,50	4,30	mucosa normal
	*615	tumoral	4,00	7,00	tumor estromal gastro-intestinal metastático
	*629	tumoral	5,00	5,00	adenocarcinoma tubular moderadamente diferenciado
Placenta	GF249	normal	5,50	5,50	placenta humana
	*GF250	normal	5,50	4,30	placenta humana
	*GF251	normal	6,50	25,50	placenta humana
Mama	*GF93	normal	6,90	7,50	parênquima de mama normal esquerda
	GF97	normal	7,30	7,50	parênquima de mama normal direita
	*GF99	normal	4,00	23,50	parênquima de mama normal direita
	*QT31	tumoral	26,00	9,50	carcinoma ductal invasivo
	*QT71	tumoral	26,00	15,50	carcinoma ductal invasivo

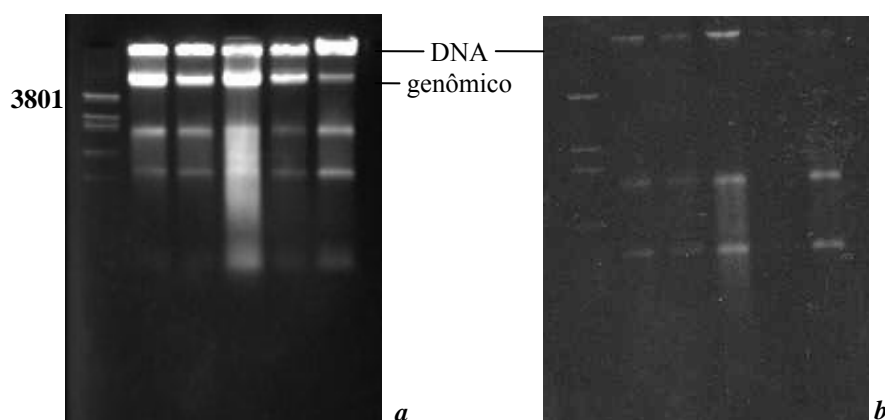
A tabela mostra o tecido de origem do RNA, o número da amostra, o tipo (normal ou tumoral), a quantidade disponível de RNA total, a quantidade disponível de RNA amplificado e o diagnóstico histológico da amostra. \*- amostras de RNA total que também foram utilizadas na etapa de validação por RT-PCR.

**Tabela 2** - RNAs provenientes de tecidos do Banco de Tumores do Hospital A. C. Camargo que seguiram no estudo.

<b>Tecido</b>	<b>Nº da amostra</b>	<b>Tipo da amostra</b>	<b>Qtd. de RNA total (µg)</b>	<b>Qtd. de RNA amplif. (µg)</b>	<b>Diagnóstico</b>
Tireóide	BA27	normal	11,11	27,50	bócio
Medula Óssea	MO11	normal	6,00	12,10	medula normal
	MO12	normal	2,40	5,60	medula normal
	MO14	normal	0,00	3,60	medula normal
	MO13	tumoral	32,10	16,30	leucemia linfóide aguda
	MO30	tumoral	0,00	7,00	leucemia mielóide aguda
	*MO33	tumoral	9,40	9,50	leucemia linfóide aguda
Testículo	*BA26	normal	264,00	4,50	testículo normal
Útero	*BA07	tumoral	40,00	29,00	adenocarcinoma
	*BA08	tumoral	10,50	16,30	adenocarcinoma
Pulmão	BA22	normal	2,00	11,50	pulmão normal
Placenta	*BA11	normal	68,00	19,50	placenta normal
Cólon	*BA04	normal	8,70	9,50	adenocarcinoma
	*BA03	tumoral	74,00	22,40	adenocarcinoma
	BA06	tumoral	138,00	49,50	adenocarcinoma
Mama	*BA10	tumoral	20,50	22,40	carcinoma ductal invasivo
Cabeça e Pescoço	*BA14	normal	9,50	23,50	palato/maxila normal
	*COLÓ1	tumoral	26,98	13,30	carcinoma epidermóide - pescoço
	*COLÓ4	tumoral	296,60	19,08	carcinoma epidermóide - língua
	*COLÓ5	tumoral	36,65	34,27	carcinoma epidermóide - língua

A tabela mostra o tecido de origem do RNA, o número da amostra, o tipo (normal ou tumoral), a quantidade disponível de RNA total, a quantidade disponível de RNA amplificado e o diagnóstico histológico da amostra. \*- amostras de RNA total que também foram utilizadas na etapa de validação por RT-PCR.

Os RNAs extraídos a partir de medula óssea foram submetidos ao RNeasy Mini Kit (Qiagen, USA), por se apresentarem contaminados com DNA genômico e em pouca quantidade. O tratamento resultou em uma diminuição significativa de contaminante das amostras, que foi verificado através da análise do gel de agarose 1% sob condições desnaturantes (tampão 7M uréia 2x) e contendo 0,5mg/mL de brometo de etídio (Figura 6), após re-leitura de absorbância das amostras em espectrofotômetro (GeneQuant, France) (Tabela 2). Somente uma das amostras (MO30) não foi submetida ao tratamento com mini colunas devido à baixa quantidade total de RNA. Observamos uma redução geral na quantidade total dos RNAs, entretanto, a quantidade final obtida foi suficiente para que se realizasse a etapa de amplificação.



**Legenda:** 0,5µg de cada RNA foi submetido à eletroforese em gel de agarose 1% sob condições desnaturantes (tampão 7M uréia 2x), contendo 0,5mg/mL de brometo de etídio. *a*- amostras de RNAs extraídos de medula óssea antes do tratamento com RNeasy Mini Kit (Qiagen, USA), apresentando grande contaminação com DNA genômico, visualizada pela presença de bandas com mais de 3.801pb. *b*- as mesmas amostras de RNAs de medula óssea após a utilização do RNeasy Mini Kit, mostrando uma redução significativa do contaminante. Canaletas 1- marcador pel/Hind III (DNA em dupla-fita), em pares de bases.

**Figura 6** - Perfil eletroforético do RNA total extraído de medula óssea, mostrando a redução da contaminação com DNA genômico após o tratamento das amostras.

### 5.3 RNA REFERÊNCIA

Todas as amostras foram co-hibridizadas com uma referência comum como proposto por POLLACK (2003), de modo a diminuir a quantidade de hibridizações, além de promover um padrão interno contra o qual a expressão gênica de cada amostra experimental é comparada (EISEN e BROWN 1999; ROSS et al. 2000), permitindo uma comparação horizontal das diferentes amostras. O RNA referência é uma mistura de moléculas utilizada como amostra controle para gerar medidas de razão para as diferentes amostras testes; sua utilização não influencia nos resultados das análises.

A amostra de referência é uma amostra de RNA marcada com um fluorocromo e hibridizada juntamente com cada um dos RNAs das amostras de interesse, por sua vez marcados com um fluorocromo distinto. Os valores de intensidade dos elementos nas amostras de interesse são divididos pelos valores obtidos na amostra referência, o que funciona como normalização indireta para as demais amostras, permitindo assim a comparação entre elas (YANG IV et al. 2002; YANG e SPEED 2002).

Em certos casos, como na medida da abundância de mRNA em diferentes amostras tumorais, em que não há uma referência natural, um mRNA referência comum pode ser utilizado (EISEN e BROWN 1999; YANG e SPEED 2002). Assim, a quantidade relativa de cada mRNA numa amostra será calculada como a razão entre a intensidade na amostra sobre a intensidade na referência; e as amostras poderão ser comparadas entre si através da razão das razões. Segundo POLLACK (2003), uma referência ideal é aquela que produz um sinal mínimo em todos os

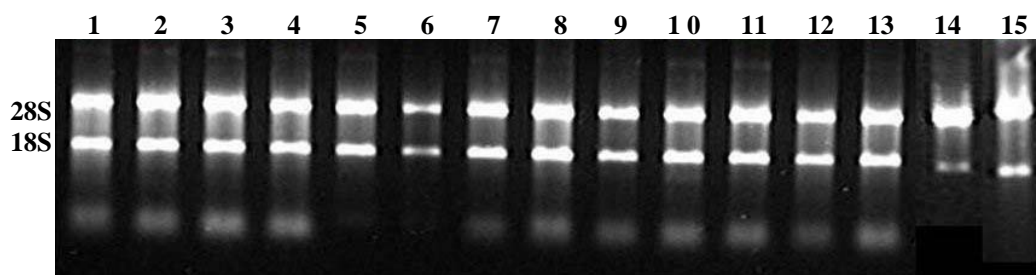
elementos do microarranjo, além de ser facilmente produzida e reprodutível, não só no tempo, mas também em diferentes laboratórios.

Dessa forma, o que mais se aproxima da referência comum ideal seria um conjunto de linhagens celulares como o utilizado na Universidade de Stanford (PEROU et al. 1999, 2000; ROSS et al. 2000). Portanto, uma referência comum ideal foi construída consistindo de um conjunto de RNAs obtidos a partir de 15 linhagens celulares distintas, equivalentes aos tipos celulares usados na construção do RNA referência utilizado por ROSS et al. (2000), escolhidos a fim de maximizar a diversidade da expressão gênica, como determinado primeiramente por estudos em gel bi-dimensional (MYERS et al. 1997) (Tabela 3).

**Tabela 3** - Linhagens celulares selecionadas para compor o RNA referência.

<b>Linhagem</b>	<b>Tipo celular</b>
Daudi	linfoma de Burkitt
DLD-1	adenocarcinoma de cólon
DU 145	carcinoma de próstata
FaDU	carcinoma epidermóide de faringe
GM 637	fibroblasto
H 146	carcinoma de pulmão
H 1080	fibrossarcoma
HB4a	epitélio luminal de mama normal
HEK	rim embrionário humano
Jurkat	leucemia aguda de células T
Sãos-2	osteossarcoma
SK-BR-3	adenocarcinoma de mama
SK-MEL-28	melanoma
T24	carcinoma de bexiga
T98G	glioblastoma

Após o cultivo dessas linhagens com base nas instruções da ATCC (<http://www.atcc.org>), o RNA total foi extraído pelo método de Trizol (Invitrogen, USA) quando uma confluência de 80-90% era atingida. A concentração do RNA obtido foi determinada através de leitura de absorbância em espectrofotômetro (GeneQuant, France) e sua qualidade foi verificada com 0,5µg de cada RNA submetido a gel de agarose 1% sob condições desnaturantes (tampão 7M uréia 2x), contendo 0,5mg/mL de brometo de etídio (Figura 7). Todas as linhagens apresentaram RNA total de boa qualidade. Esse RNA referência foi construído por alunos do nosso laboratório e será utilizado em todos os próximos trabalhos do nosso grupo realizados pela técnica de microarranjos de cDNA.



**Legenda:** 0,5µg de cada RNA foi fracionado por eletroforese em gel de agarose 1% sob condições desnaturantes (tampão 7M uréia 2x), contendo 0,5mg/mL de brometo de etídio. Todas as linhagens apresentaram o RNA ribossômico íntegro e a relação  $28S/18S \geq 1$ . Canaletas: 1- Daudi; 2- DLD-1; 3- DU 145; 4- FaDU; 5- GM 637; 6- H 146; 7- H 1080; 8- Jurkat; 9- Saos-2; 10- SK-BR-3; 11- SK-MEL-28; 12- T24; 13- T98G; 14- HB4a; 15- HEK.

**Figura 7** - Perfil eletroforético do RNA total das linhagens celulares do RNA referência, evidenciando as bandas correspondentes às subunidades 28S e 18S.

## 5.4 AMPLIFICAÇÃO DO MRNA

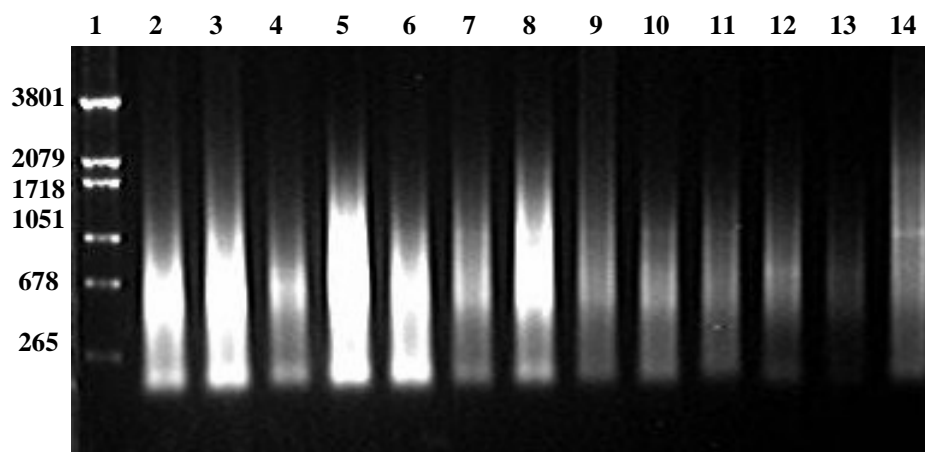
Somente os RNAs que apresentaram as bandas correspondentes as subunidades 28S e 18S do RNA ribossômico nítidas e a relação de intensidade  $28S/18S \geq 1$  foram submetidos ao processo de amplificação, pois a integridade da amostra de RNA inicial é crítica para uma amplificação confiável (FREEMAN et al. 1999; FELDMAN et al. 2002; CARVALHO et al. 2003; GOMES et al. 2003). A qualidade do RNA pode variar substancialmente dependendo do método de isolamento, presença de RNase endógena e outros fatores que podem ser introduzidos na etapa de amostragem (FELDMAN et al. 2002). Portanto, a etapa de amplificação dos RNAs foi realizada porque este procedimento resulta em uma maior quantidade e maior pureza do RNA, além de permitir a utilização de amostras teciduais mínimas e conseqüentemente, quantidades limitantes de RNA, uma situação muito freqüente quando se trabalha com microarranjos de cDNA, especialmente ao lidar com amostras de tecidos frescos (SCHENA et al. 1996; GOMES et al. 2003). GOMES et al. (2003) demonstraram, através da validação deste processo e de sua utilização em experimentos de microarranjos de cDNA, a reprodutibilidade de dados, a ausência de viés em relação à amostra de RNA não amplificado e obtenção de maior sinal dos elementos e menor de fluorescência de fundo quando comparado com RNA não amplificado. CLAVERIE (1997) também verificou que os sinais correspondentes às poucas cópias de transcritos das amostras de RNA total seriam mais afetados pelo ruído da fluorescência de fundo, sendo menos provável correlacioná-los com um certo grau de confiança, do que se utilizando material amplificado enriquecido com transcritos de alta qualidade. Além

disso, um estudo realizado por FELDMAN et al. (2002) sugeriu que a amplificação do RNA melhora a qualidade da hibridização e aumenta a capacidade de identificação de marcadores, ao demonstrar que a correlação entre duas hibridizações de RNA amplificado foi bastante superior a de duas hibridizações de RNA total e que um número maior de genes diferenciais foi identificado no primeiro caso (FELDMAN et al. 2002; CARVALHO et al. 2003; GOMES et al. 2003). Talvez, este efeito possa ser explicado por causa da melhoria da qualidade do RNA transcrito *in vitro* sob condições ótimas, que não são submetidos aos efeitos de RNases e outros fatores presentes em células e espécimes de tecidos (FELDMAN et al. 2002).

Todos os RNAs foram submetidos à amplificação a partir de aproximadamente 3µg iniciais. A média do rendimento dos produtos de amplificação foi de aproximadamente 112 vezes. O RNA referência foi submetido a um segundo ciclo de amplificação e a média do rendimento dos produtos amplificados foi de aproximadamente 33,5 e 83,5 vezes para o primeiro e segundo ciclo, respectivamente. Foi considerado para os cálculos que apenas 5% do RNA total é representado por mRNA (STERKY e LUNDEBERG 2000) e, portanto, atribui-se a variação nos rendimentos obtidos à diferenças na qualidade ou pureza do RNA total das amostras utilizadas. Todos os RNAs amplificados foram quantificados, através de leitura de absorvância em espectrofotômetro (GeneQuant, France) e 0,5µg de cada amostra foi submetido a gel de agarose 1% sob condições desnaturantes (tampão 7M uréia 2x) e contendo 0,5mg/mL de brometo de etídio, para análise de qualidade (Figuras 8 e 9). A amplificação foi considerada de boa qualidade quando observado um rastro concentrado entre 200 e 2.000pb, com o pico em torno de 500 a 1.000pb (FELDMAN et al. 2002; GOMES et al. 2003). No caso do RNA referência, após o

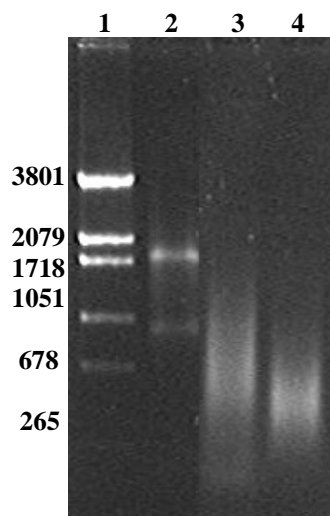


segundo ciclo de amplificação, a visualização de um rastro concentrado entre 200 e 1.000pb, com o pico em torno de 500pb, era indicativa de uma amplificação eficiente. (FELDMAN et al. 2002; GOMES et al. 2003).



**Legenda:** 0,5 $\mu$ g de cada RNA foi fracionado por eletroforese em gel de agarose 1% sob condições desnaturantes (tampão 7M uréia 2x), contendo 0,5mg/mL de brometo de etídio. Todas as amostras apresentaram o RNA amplificado em um rastro concentrado entre 200 e 2.000pb, com o pico em torno de 500 a 1.000pb apesar de exibirem diferenças em relação à eficiência da reação de amplificação ou a qualidade do RNA inicial. Canaleta 1- marcador pel/Hind III (DNA em dupla-fita), em pares de bases.

**Figura 8** - Perfil eletroforético do RNA amplificado de algumas amostras, permitindo visualizar a integridade do produto final.



**Legenda:** 0,5 $\mu$ g de cada RNA foi fracionado por eletroforese em gel de agarose 1% sob condições desnaturantes (tampão 7M uréia 2x), contendo 0,5mg/mL de brometo de etídio. O O conjunto de amostras que compõem a referência comum apresentou o RNA amplificado uma vez, em um rastro concentrado entre 200 e 2.000pb, com o pico em torno de 500 a 1.000pb. Já o segundo ciclo da amplificação, resultou em um rastro de RNA concentrado entre 200 e 1000pb, com o pico em torno de 500pb. Canaletas: 1- marcador pel/Hind III (DNA em dupla-fita), em pares de bases; 2- RNA total da referência comum; 3- RNA submetido a um ciclo de amplificação da referência universal; RNA submetido a dois ciclos de amplificação da referência comum.

**Figura 9** - Perfil eletroforético do RNA da referência, permitindo visualizar a integridade do produto final.

A redução de cerca de 50% do tamanho do rastro apresentado pelo RNA referência após o segundo ciclo de amplificação é devido a uma truncagem que não ocorre no primeiro ciclo. Tal redução é devido à utilização de um iniciador randômico durante o segundo ciclo, que não é utilizado no primeiro (FELDMAN et al. 2002; GOMES et al. 2003). Essa redução no tamanho do alvo pode ter um impacto negativo na qualidade da hibridização, levando a uma redução de intensidade de sinal, devido à diminuição do número de nucleotídeos incorporados com os corantes dentro da amostra alvo (GOMES et al. 2003). Por isso, a quantidade do RNA referência, o qual passou por dois ciclos de amplificação, foi dobrada para sua utilização no processo de marcação.

O processo de amplificação teve que ser feito em 6 amostras, pois o rendimento foi nulo ou muito baixo (9 vezes em média), não produzindo quantidade suficiente para se realizar as hibridizações em duplicata, em que seriam necessários aproximadamente 6 $\mu$ g de RNA amplificado. Apesar das amostras apresentarem diferenças no padrão do rastro, provavelmente refletindo a eficiência da reação de amplificação ou a qualidade do RNA inicial, todos eles apresentaram o tamanho esperado e, portanto, todas as amostras foram utilizadas para o seguimento do estudo.

## **5.5 MARCAÇÃO E HIBRIDIZAÇÃO**

Foi utilizado o dobro da quantidade de RNA referência em relação à quantidade dos RNAs de amostras. Isso porque o RNA referência (submetido a dois ciclos de amplificação) apresentou uma pior qualidade, quando comparado aos RNAs das amostras (submetidos a apenas um ciclo de amplificação) (FELDMAN et

al. 2002; GOMES et al. 2003), sendo necessário portanto, uma maior quantidade de RNA a ser marcado para compensar a desvantagem na qualidade. Entretanto, esse tipo de diferença não influencia no resultado final das hibridizações, uma vez que, na etapa de normalização dos dados, essa e outras diferenças são corrigidas (PENN et al. 2000; YANG e SPEED 2002; CARVALHO et al. 2003).

A eficiência da marcação foi verificada através de leitura em NanoDrop® (ND-1000 Spectrophotometer), sendo submetidas à hibridização somente as amostras cujo valor de incorporação de corantes fosse igual ou superior a 40 pmoles, que tem proporcionado sinal satisfatório nos experimentos do nosso grupo. Esse passo se faz necessário, uma vez que um importante fator para a realização de microarranjos de cDNA de alta qualidade é a eficiência da reação de marcação, além da certeza de se ter não somente quantidades iguais do alvo, mas também da equivalência de intensidade de fluorescência de cada cDNA marcado (YANG e SPEED 2002; CARVALHO et al. 2003).

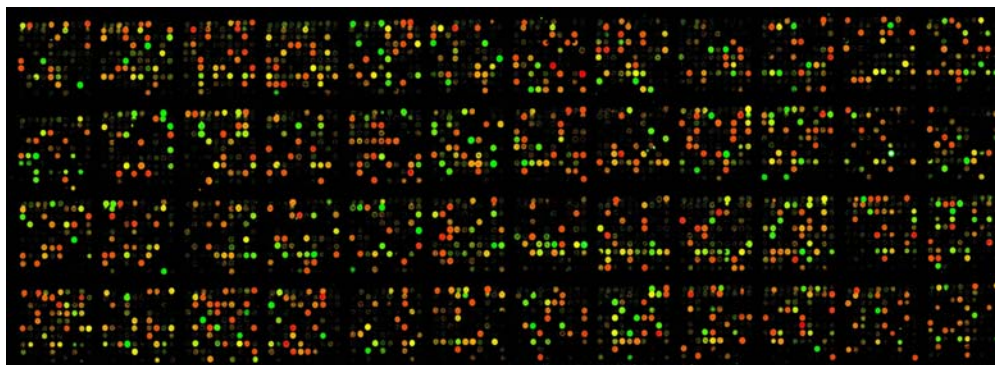
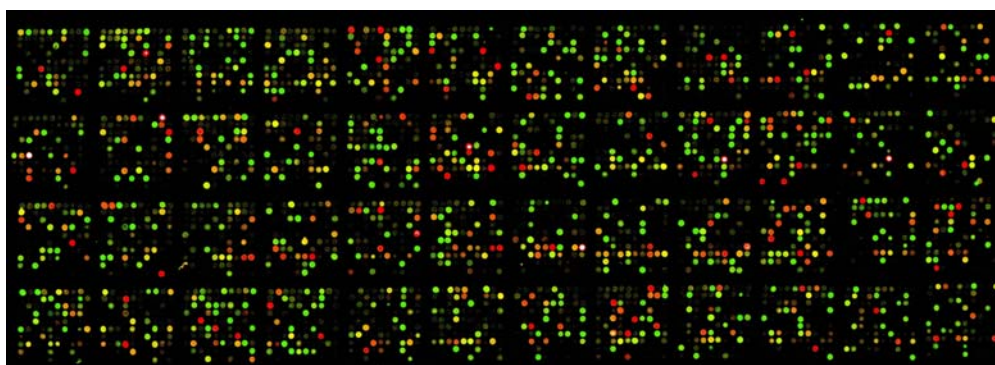
Como foi realizada a inversão dos corantes (SCHENA et al. 1995; YANG e SPEED 2002, GOMES et al. 2003), onde cada hibridização é realizada duas vezes, invertendo-se os corantes na segunda hibridização, em 56 amostras, a fim de corrigir a variabilidade da marcação dos fluorocromos, uma vez que a eficiência de marcação e a incorporação do corante Alexa Fluor® 555 (Invitrogen, USA) é maior que a de Alexa Fluor® 647 (Invitrogen, USA) e, além disso, a qualidade e confiabilidade das análises tornam-se superiores por estar sendo realizados experimentos em duplicata, desta maneira reduzindo tendências sistemáticas possivelmente introduzidas nos experimentos nas etapas de isolamento das amostras e extração de mRNA (SCHENA

et al. 1995; YANG e SPEED 2002; GOMES et al. 2003), o número de marcações e hibridizações totalizou 112.

## **5.6 DIGITALIZAÇÃO DAS IMAGENS E QUANTIFICAÇÃO DOS DADOS**

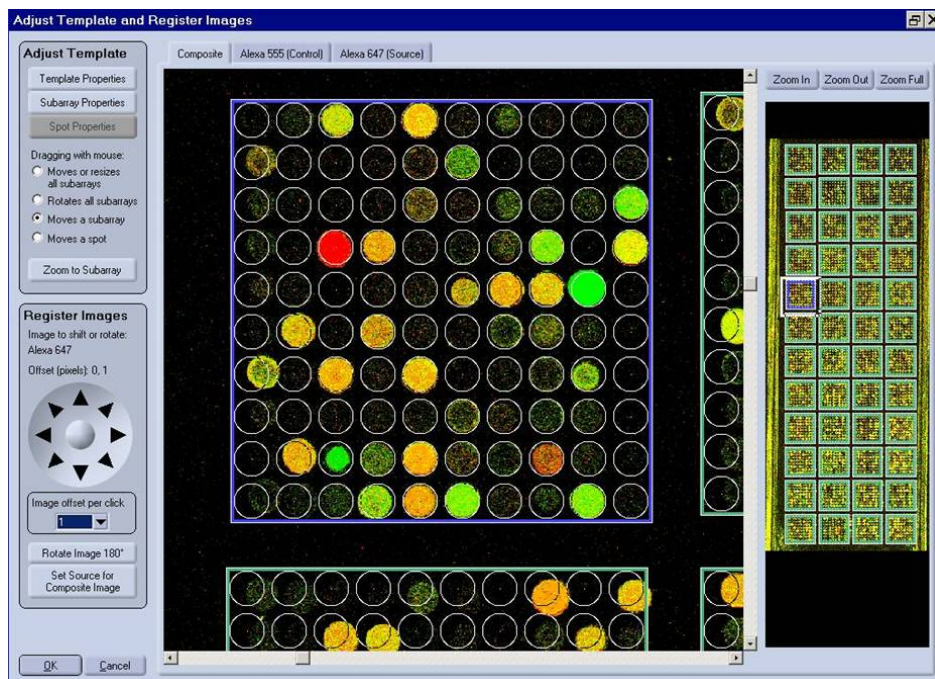
Após a hibridização, as lâminas foram lavadas e submetidas a leitor confocal a *laser*, ScanArray Express (Perkin Elmer, USA) para a obtenção de imagens digitais independentes de cada fluorocromo a serem quantificadas (Figura 10). O sinal dos corantes vermelho e verde foi amplificado utilizando fotomultiplicação de 70% e 60%, respectivamente, devido à desvantagem que o Alexa Fluor<sup>®</sup> 647 (Invitrogen, USA) possui em relação ao Alexa Fluor<sup>®</sup> 555 (Invitrogen, USA), no que diz respeito à marcação e eficiência de detecção.

A quantificação das lâminas foi realizada através do método de histograma, utilizando o programa ScanArray Express (Perkin Elmer, USA) (Figura 11) para obtenção dos valores de intensidade de sinal e de fluorescência de fundo. A fluorescência de fundo do microarranjo é subtraída dos valores de intensidades dos elementos, sendo considerados para análise apenas os elementos com valores positivos em todas as lâminas. Em geral, todas as lâminas geraram imagens de boa qualidade (Figura 10), com valores de intensidade homogêneos.

*a**b*

**Legenda:** *a*- lâmina inicial (amostra corada em verde e referência em vermelho). *b*- lâmina réplica (amostra corada em vermelho e referência em verde).

**Figura 10** - Visualização da lâmina, após leitura em leitor confocal a *laser*. Exemplo de uma das lâminas hibridizada contra uma amostra representante de um adenocarcinoma de estômago.



**Legenda:** Imagem composta da lâmina, formada pela sobreposição das imagens de cada corante obtidas separadamente.

**Figura 11** - Imagem do programa ScanArray Express durante a quantificação de uma lâmina.

## 5.7 ANÁLISES MATEMÁTICAS E ESTATÍSTICAS

### 5.7.1 Normalização

Após a quantificação das lâminas hibridizadas, as tabelas geradas com a conversão da intensidade de sinal em valores numéricos foram depositadas no banco de dados Array Manager (<http://www.lbhc.hcâncer.org.br/arraymanager>), a fim de serem analisadas pelo Laboratório de Bioinformática do Hospital A. C. Camargo.

Após a correção dos elementos realizada pela subtração do valor da fluorescência de fundo de um elemento do sinal de intensidade desse mesmo elemento (para cada elemento individualmente), foi calculada a razão entre a amostra de interesse e a amostra referência (para todos os elementos de todas as lâminas) e

então realizada uma transformação nesses valores aplicando logaritmo na base dois ( $\log_2$ ), fazendo em seguida, a normalização das réplicas, através da média aritmética, para todos os elementos, sob a fórmula (lâmina inicial + lâmina réplica)/2.

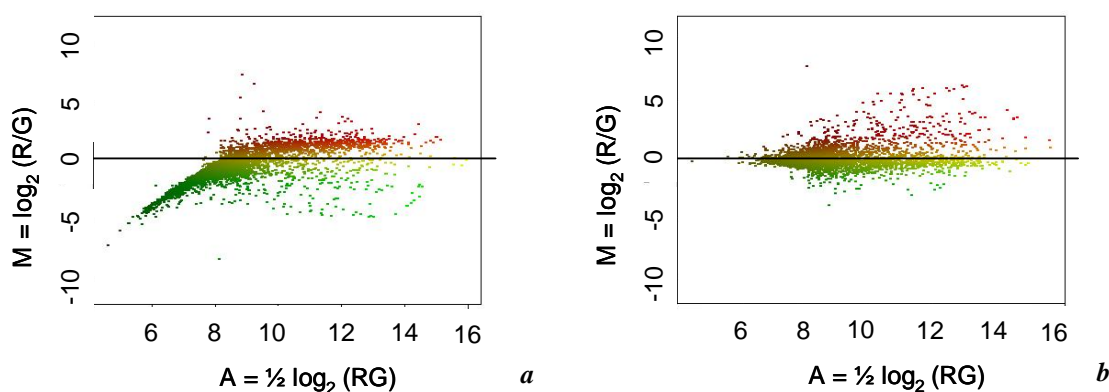
Nesta etapa foi realizada a normalização dos dados gerados pelas hibridizações, com o intuito de minimizar as variações introduzidas por, por exemplo, diferenças nas quantidades iniciais das amostras (foi utilizado o dobro da quantidade de RNA referência em relação à quantidade dos RNAs das amostras), imprecisão dos equipamentos utilizados e diferenças na marcação e na eficiência de detecção dos fluorocromos (geralmente, o fluorocromo verde é melhor incorporado à amostra e portanto detectado, quando comparado ao fluorocromo vermelho, entretanto, na etapa de aquisição dos dados, nós amplificamos o sinal do corante vermelho com uma fotomultiplicação maior do que a para o corante verde), ao longo dos experimentos (QUACKENBUSH 2001; YANG YH et al. 2002; YANG e SPEED 2002; CARVALHO et al. 2003). Esses tipos de variações podem causar um deslocamento da média das razões de intensidade dos fluorocromos, que precisam ser re-ajustadas previamente à análise apropriada dos experimentos. Existem diversas abordagens para corrigir e normalizar essas variações (QUACKENBUSH 2001; YANG YH et al. 2002; YANG e SPEED 2002). Foi aplicado o método de regressão polinomial local Lowess, que permite a correção de variações locais, assumindo uma distribuição normal dos dados (seqüências, em sua maioria, igualmente expressas) (QUACKENBUSH 2001) e utilizando *span* 0,4 e grau 1.

Adicionalmente, também nesta etapa, foram realizados os controles de qualidade das lâminas hibridizadas, permitindo a avaliação de variações aleatórias e artefatos introduzidos ao longo do processo de confecção das lâminas e de



reprodutibilidade (YANG YH et al. 2002). A visualização direta desses controles é feita individualmente para cada lâmina, através de gráficos *scatterplot*.

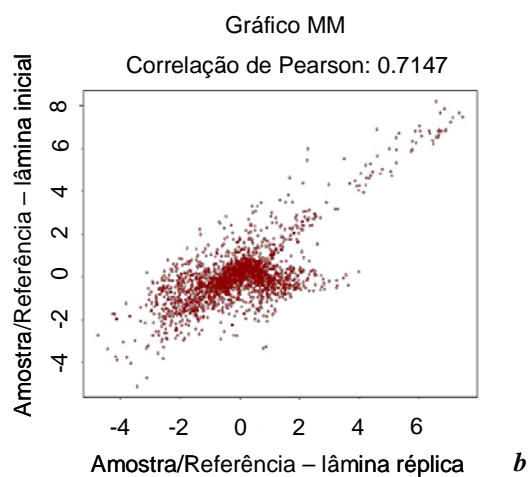
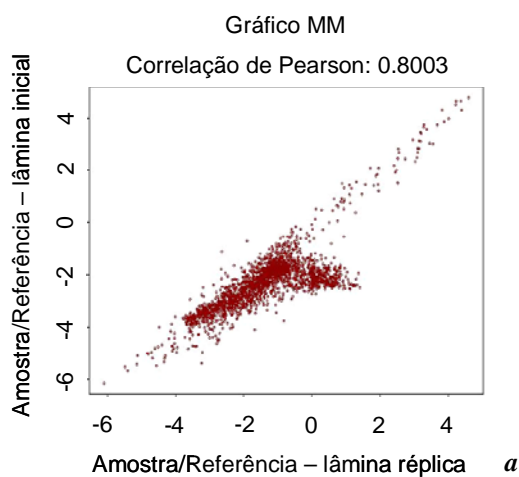
Gráficos do tipo MA foram construídos com o intuito de demonstrar o efeito da normalização pelo método de Lowess (Figura 12b) sobre os dados não normalizados (Figura 12a), possibilitando a avaliação da razão da intensidade de sinal do canal2/canal1 (Alexa Fluor<sup>®</sup> 647/ Alexa Fluor<sup>®</sup> 555) em relação à média de intensidade de sinal dos elementos com os dois canais para cada elemento. A normalização tem o efeito de trazer os pontos (cada ponto é representativo de um elemento) que se localizam abaixo de  $\log_0 = 1$  (delineado) (Figura 12a), para mais próximo à linha, onde após a correção das diferenças e variações citadas acima, proposto pela normalização, há uma tendência de localização dos elementos, uma vez que ao longo dessa reta a intensidade de sinal é considerada igual nos dois canais (Figura 12b).

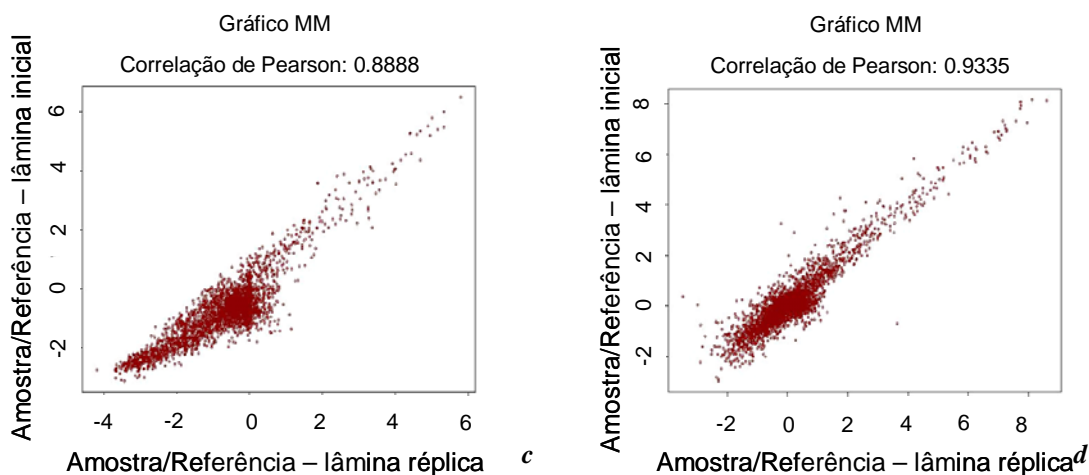


**Legenda:** Distribuição de  $\log_2$  da razão da intensidade de sinal do canal2/canal1 (Alexa Fluor<sup>®</sup> 647/ Alexa Fluor<sup>®</sup> 555) em relação à média de intensidade de sinal dos elementos com os dois canais. A normalização tem o efeito de trazer os pontos que se localizam abaixo de  $\log_0(a)$ , para mais próximo à linha, onde após a correção das variações experimentais, há uma tendência de localização dos elementos (b), uma vez que ao longo dessa reta a intensidade de sinal é considerada igual nos dois canais. a- gráfico não normalizado da amostra 2. b- gráfico normalizado da amostra 2. Normalização realizada pelo método de Lowess.

**Figura 12** - Gráficos MA gerados para demonstrar o efeito da normalização pelo método de Lowess sobre os dados não normalizados.

Com o mesmo propósito de controlar a qualidade das hibridizações, também foram gerados gráficos do tipo MM (Figura 13), a partir de um método de normalização pareada (réplicas com inversão de corantes), em que é calculada a correlação de Pearson (grau de relação linear entre duas variáveis) entre os elementos da lâmina inicial e os da lâmina réplica, demonstrando a reprodutibilidade do experimento. Quanto mais próximo de 1 for o resultado, melhor é a correlação entre as lâminas. Os resultados normalizados variaram de 0,7147 (Figura 13b) a 0,9335 (Figura 13d), demonstrando a alta qualidade das lâminas e dos dados gerados, dispensando a necessidade de refazer as hibridizações.

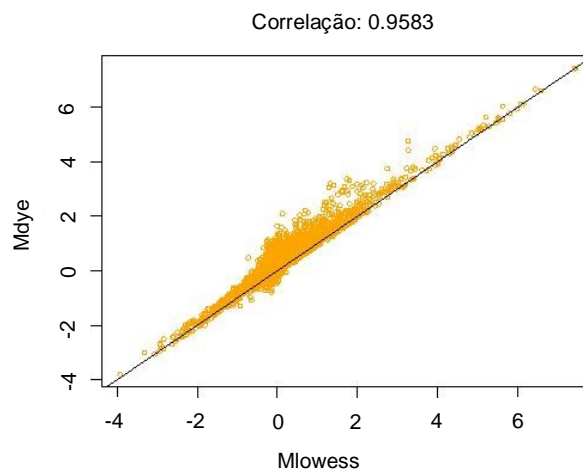




**Legenda:** Correlação entre os dados gerados pelas hibridizações das lâminas inicial e réplica, calculada dividindo-se a variação interna dos dois conjuntos de dados pelo produto do desvio padrão de cada um. *a-* gráfico não normalizado da amostra BA22. *b-* gráfico normalizado da amostra BA22 com a menor correlação entre as duplicatas. *c-* gráfico não normalizado da amostra 867. *d-* gráfico normalizado da amostra 867 com a maior correlação entre as duplicatas. Normalização realizada pelo método de Lowess.

**Figura 13** - Gráficos MM gerados para controle de qualidade das hibridizações.

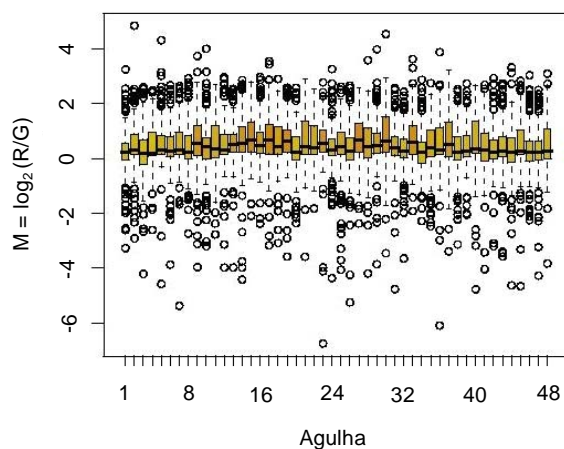
Um segundo tipo de gráfico MM foi gerado, a fim de comparar os dados normalizados pelo método de Lowess ao dado normalizado pelo método *self-normalization* (YANG YH et al. 2002) (Figura 14). A boa qualidade dos dados é atestada quando o valor do coeficiente de correlação é próximo a um, indicando a semelhança entre os dois tipos de normalização e ainda, que ambos não forçaram a correção dos dados de maneira exagerada. Nossos dados apresentaram coeficientes de correlação variando entre 0,7555 (amostra 946) e 0,9583 (amostra BA11).



**Legenda:** Comparação da normalização de dados feita pelo método de Lowess (MLowess) e pelo método *self-normalization* (Mdye). Lâmina hibridizada contra a amostra BA11.

**Figura 14** - Gráfico MM gerado para controle de qualidade dos diferentes tipos de normalização de dados da hibridização.

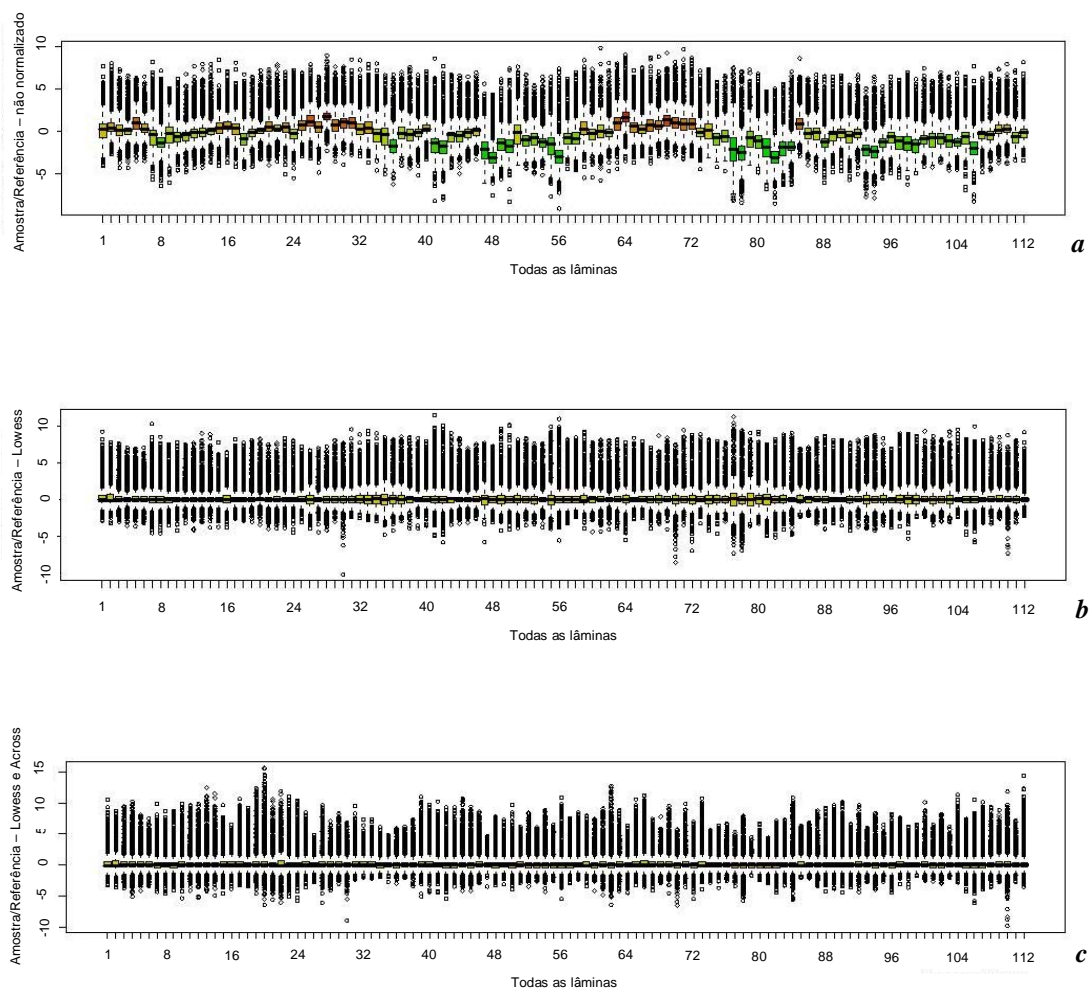
Além disso, é extremamente importante avaliar a qualidade da confecção das lâminas, com a produção de elementos regulares, por todas as agulhas do robô (QUACKENBUSH 2001; YANG YH et al. 2002). Para isso, foram gerados gráficos *box plot* para cada lâmina (Figura 15), a partir da suposição de que a maioria dos elementos hibridizados possuem um mesmo valor de intensidade de sinal nos dois canais. Esse tipo de gráfico consiste da presença de caixas referentes à distribuição de  $\log_2$  da razão da intensidade de sinal do canal2/canal1 (Alexa Fluor<sup>®</sup> 647/ Alexa Fluor<sup>®</sup> 555), de cada um dos 48 quadrantes da lâmina, ou seja, cada *box plot* representa a distribuição dos elementos desenhados por uma mesma agulha do robô. Através dessa análise foi possível atestar a qualidade da confecção de todas as lâminas hibridizadas, uma vez que não foi observada uma grande variação na distribuição dos elementos desenhados por cada uma das agulhas.



**Legenda:** Distribuição de  $\log_2$  da razão da intensidade de sinal do canal2/canal1 (Alexa Fluor<sup>®</sup> 647/ Alexa Fluor<sup>®</sup> 555) em relação a cada quadrante da lâmina. Lâmina inicial hibridizada contra a amostra 4.

**Figura 15** - Gráfico *box plot* gerado para controle de qualidade da confecção de cada lâmina.

Outro tipo de *box plot* foi gerado para comparar a qualidade de diferentes métodos de normalização (YANG YH et al. 2002) (Figura 16). Nesse gráfico é mostrada a distribuição da razão da intensidade de sinal da amostra/referência de todas as lâminas individualmente e comparada à visão geral do total de lâminas não normalizado (Figura 16a), normalizado pelo método de Lowess (Figura 16b) e normalizado pelo método de Lowess juntamente com Across (Figura 16c). É possível perceber que o método de normalização adotado foi capaz de minimizar as variações experimentais, permitindo a comparação entre as lâminas.



**Legenda:** Distribuição da razão da intensidade de sinal da amostra/referência de todas as lâminas individualmente. *a*- gráfico não normalizado. *b*- gráfico normalizado pelo método de Lowess. *c*- gráfico normalizado pelo método de Lowess juntamente com Across.

**Figura 16** - Gráfico *box plot* gerado para controle de qualidade dos diferentes tipos de normalização de dados da hibridização.

Ainda como controle de qualidade um agrupamento hierárquico não supervisionado com distância Euclidiana foi realizado, utilizando o método completo, que toma o máximo das distâncias entre todos os elementos que compõem um subgrupo (QUACKENBUSH 2001) (Figura 17).

Foi realizado o cálculo das médias das lâminas inicial e réplica para cada elemento de cada lâmina [sob a fórmula:  $R=(\log_2\text{canal1}-\log_2\text{canal2})_m+(\log_2\text{canal2}-\log_2\text{canal1})_s/2$ , ou  $R=(\text{amostra/referência})_m+(\text{amostra/referência})_s/2$ ], previamente ao agrupamento, assumindo a similaridade da mesma amostra utilizada na hibridização contra as lâminas em duplicata.

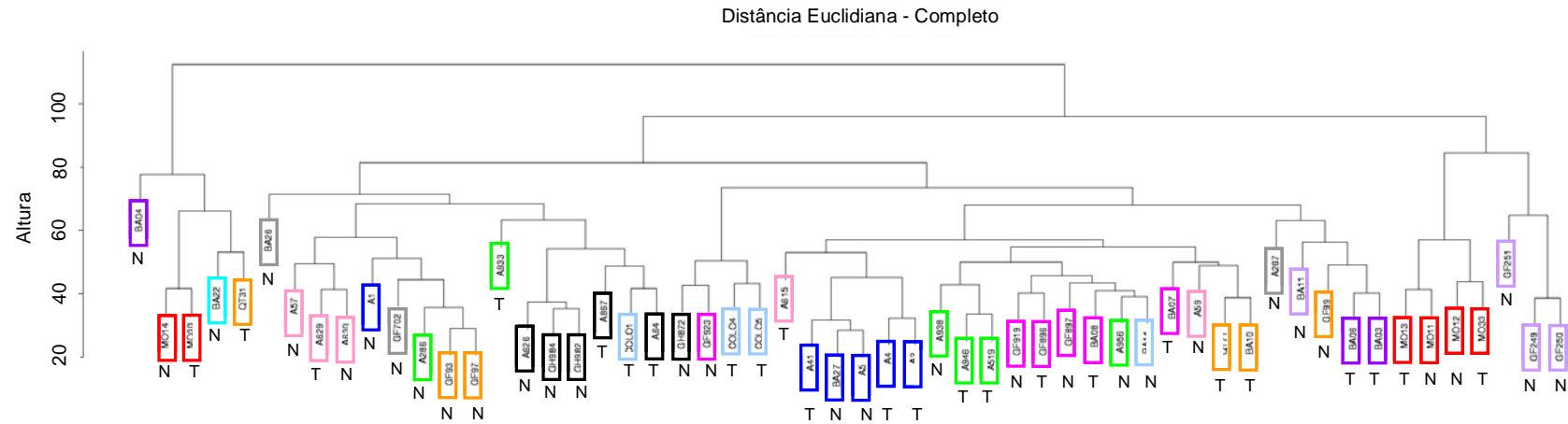
O agrupamento hierárquico é uma abordagem aglomerativa (ou seja, começa com grupos de membros únicos e gradualmente todos são fusionados juntos) e uma maneira simples e facilmente acessível de apresentar e visualizar relações entre perfis de expressão gênica através de diversos espécimes. O agrupamento hierárquico tem se tornado uma das técnicas mais amplamente usadas para a análise de dados de expressão gênica e é baseada em uma matriz de distância par a par, a partir da qual as amostras mais semelhantes são reunidas duas a duas, sucessivamente, formando uma única árvore hierárquica, sendo que os braços terminais representam espécimes intimamente relacionados. Entretanto, a análise de agrupamentos, em que genes situados em um mesmo grupo precisam dividir algum tipo de elemento comum, não dá uma resposta absoluta, é somente uma técnica que permite a exploração dos relacionamentos dos dados (QUACKENBUSH 2001; PUSZTAI et al. 2003).

Na análise não supervisionada a busca de relação entre seqüências ou amostras é realizada sem informação adicional, ou seja, baseada apenas na expressão gênica dos dados obtidos no experimento, ao contrário da análise supervisionada que utiliza informações biológicas pré-existentes sobre genes específicos funcionalmente relacionados para selecionar um grupo de genes para guiar o algoritmo de agrupamento (QUACKENBUSH 2001; RAMASWAMY e GOLUB 2002; PUSZTAI et al. 2003). O método não supervisionado apresenta menos tendências e é uma

técnica melhor para revelar subtipos de tumores previamente irreconhecíveis dentro de um conjunto de cânceres morfológicamente similares, que podem ou não refletir diferenças biológicas ou relevância clínica, baseada em perfis de expressão gênica global (RAMASWAMY e GOLUB 2002; PUSZTAI et al. 2003).

É possível observar uma tendência de agrupamentos de lâminas hibridizadas contra amostras de mesma origem tecidual, indicando que há uma semelhança no padrão de expressão gênica dessas amostras.



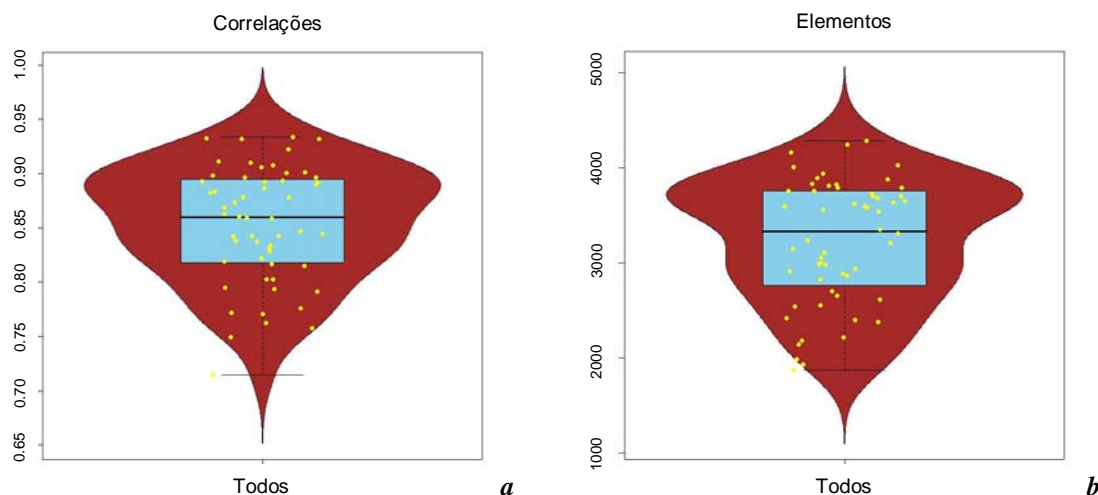


**Legenda:** As lâminas foram normalizadas e agrupadas utilizando a distância de correlação Euclidiana como métrica. Grupos de hibridizações realizadas contra amostras de: \_\_\_ - esôfago; \_\_\_ - tireóide; \_\_\_ - medula óssea; \_\_\_ - testículo; \_\_\_ - próstata; \_\_\_ - útero; \_\_\_ - estômago; \_\_\_ - pulmão; \_\_\_ - placenta; \_\_\_ - cólon; \_\_\_ - mama; \_\_\_ - cabeça e pescoço. N- tecido normal; T- tecido tumoral.

**Figura 17** - Agrupamento hierárquico não supervisionado de todas as amostras (lâminas inicial e réplica) baseado na expressão de todas as seqüências da lâmina.

### 5.7.2 Identificação de Novos Transcritos

Para avaliar a qualidade dos dados gerados nas hibridizações, utilizamos os valores de intensidade normalizados e determinamos o valor de correlação entre os elementos comuns às réplicas de cada amostra (lâminas inicial e réplica). Os dados, representados por gráficos do tipo *box plot* e *violin plot*, (Figura 18a) mostram que os valores de correlação variaram entre 0,70 e 0,95, com um pico em torno de 0,90, indicando que, em geral, as lâminas inicial e réplica tiveram uma boa correlação. Na Figura 18b, representamos o número de elementos comuns para cada uma das amostras nas hibridizações duplicatas (lâminas inicial e réplica). Esses valores variaram entre aproximadamente 2.000 e 4.000 elementos, indicando o número de elementos com intensidade de sinal maior que a fluorescência de fundo, válidos para a análise. O *violin plot* é um tipo de gráfico de densidade construído de maneira espelhada que mostra a real distribuição dos pontos da análise. Ele adiciona a informação disponível das estimativas de densidade local às estatísticas resumidas básicas inerentes a um *box plot*, fazendo uma combinação sinérgica do *box plot* e do *density trace* em uma visualização única que revela a estrutura encontrada dentro do dado (HINTZE e NELSON 1998).

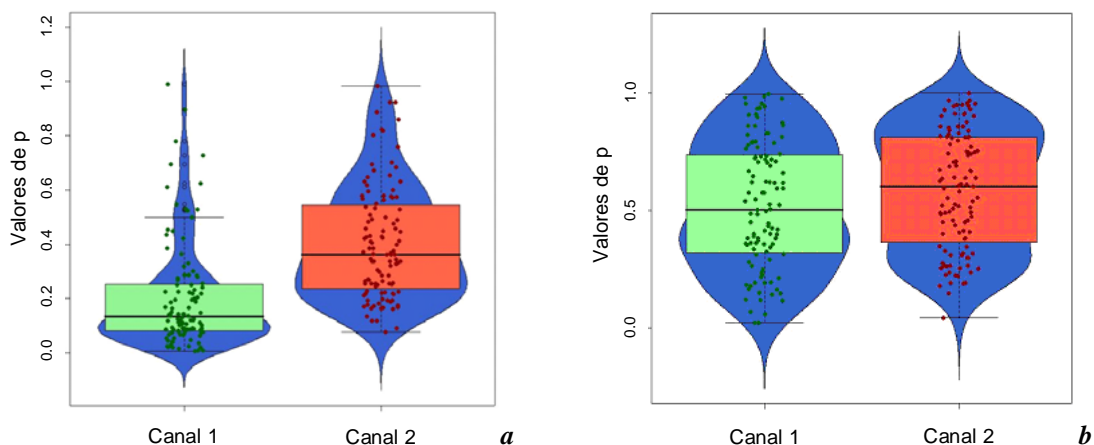


**Legenda:** *a*- distribuição de cada par de lâminas (lâminas inicial e réplica) em relação ao seu valor de correlação. *b*- distribuição de cada par de lâminas (lâminas inicial e réplica) em relação ao número de elementos comuns às duas lâminas.

**Figura 18** - Gráficos *box plot* e *violin plot* gerados para avaliar a qualidade dos dados gerados nas hibridizações.

Foi realizada também, em cada lâmina, uma comparação entre os valores de intensidade das seqüências que apresentam Hs e aquelas que não apresentam Hs (Figura 19a); ou entre as seqüências com suporte de outros projetos e aquelas sem suporte de outros projetos (Figura 19b). Para isso, um teste de Wilcoxon foi aplicado sobre os dados não normalizados e gráficos do tipo *box plot* e *violin plot* foram construídos (Figura 19). O teste de Wilcoxon é uma alternativa não-paramétrica ao teste-t pareado. Este assume que há informação nas magnitudes das diferenças entre as observações pareadas, bem como nos sinais. A partir das observações pareadas são calculadas as diferenças, que são então ordenadas pelo valor absoluto (<http://mathworld.wolfram.com>). Uma vez que esta análise foi realizada com os dados não normalizados, os dois canais foram analisados individualmente, uma vez que poderia haver um viés introduzido pelas diferenças na incorporação dos corantes.

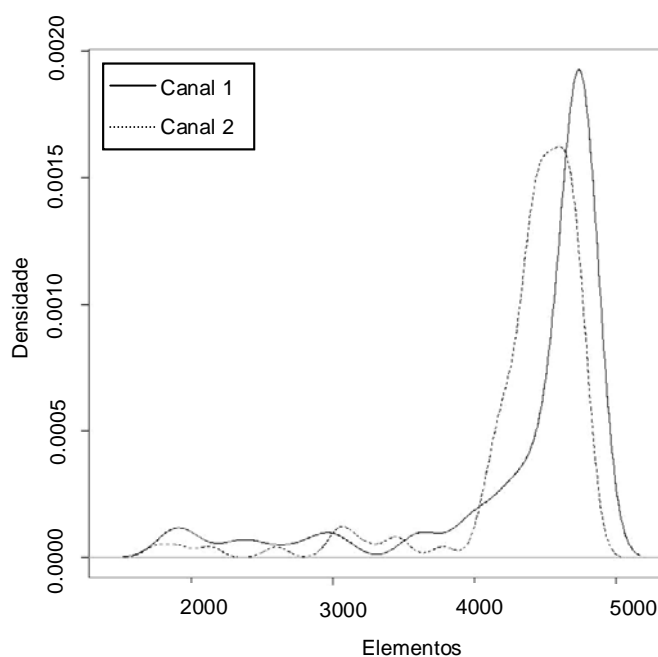
Na Figura 19a, é possível observar que a diferença entre a intensidade dos elementos que representam as seqüências com Hs e as que não apresentam Hs não é estatisticamente significativa (valor de p maior que 0,05). Já na Figura 19b, observa-se que os valores de intensidade são próximos entre os grupos de seqüências ORESTES que apresentam suporte de outros projetos e os de seqüências que não apresentam, com uma distribuição homogênea entre os valores de p 0 e 1 nos dois canais, indicando que os dois grupos se comportam de maneira semelhante. Através dessas análises, é possível observar que não existe viés nos dados referentes ao sinal das seqüências sem Hs ou das seqüências sem suporte, permitindo comparar todos os grupos de seqüências contidas na lâmina na questão da probabilidade das seqüências que não possuem Hs e das seqüências que não apresentam suporte de outros projetos representarem novos transcritos, assim como ocorreu com as seqüências inicialmente não agrupadas no UniGene (sem Hs) que ao longo desse projeto obtiveram um Hs e também foram identificadas por outros projetos. Essas seqüências que inicialmente não possuíam Hs e que no decorrer do trabalho obtiveram seus Hs e também foram identificadas por outros projetos, exerceram um papel fundamental como controle interno positivo, ou seja, ao longo das hibridizações nós fomos capazes de observar a expressão desses transcritos, o que resultou em uma maior confiabilidade aos dados obtidos através da análise das seqüências sem Hs e sem suporte.



**Legenda:** *a*- seqüências que possuem Hs *versus* seqüências que não possuem Hs. *b*- seqüências com suporte de outros projetos *versus* seqüências que não possuem suporte de outros projetos. Canal 1- análises para o corante verde (Alexa Fluor<sup>®</sup> 555). Canal 2- análises para o corante vermelho (Alexa Fluor<sup>®</sup> 647).

**Figura 19** - Gráficos *box plot* e *violin plot* gerados para comparação dos valores de intensidade dos tipos de seqüências ORESTES contidos na lâmina.

A fim de demonstrar o número de potenciais novos transcritos humanos, adotamos um critério mais rigoroso para eliminar aqueles elementos cujo valor de intensidade que, apesar de terem sinal maior que a fluorescência de fundo, poderiam levar a resultados falso-positivos. Para isso, identificamos, em cada lâmina, o elemento com menor valor de intensidade (após correção da fluorescência de fundo) e, dentre os 112 elementos identificados, adotamos como valor de corte o maior valor de intensidade encontrado para cada canal (196 para o canal 1, Alexa Fluor<sup>®</sup> 555; e 65 para o canal 2, Alexa Fluor<sup>®</sup> 647). Assim, em todas as lâminas, os elementos com valor de intensidade menor que este valor de corte foram descartados. Após o estabelecimento desse critério foi construído um gráfico de densidade, demonstrando que, como esperado, o número de elementos válidos no canal 1 é maior que o do canal 2 (Figura 20). A porcentagem de lâminas que tiveram mais de 4.000 elementos válidos foi de 90% e 82% nos canais 1 e 2, respectivamente.



**Legenda:** Após correção da fluorescência de fundo, o elemento com menor valor de intensidade em cada lâmina foi identificado e, dentre os 112 valores, adotamos o maior valor de intensidade como ponto de corte. Em todas lâminas, os elementos com intensidade menor que este valor de corte foram descartados.

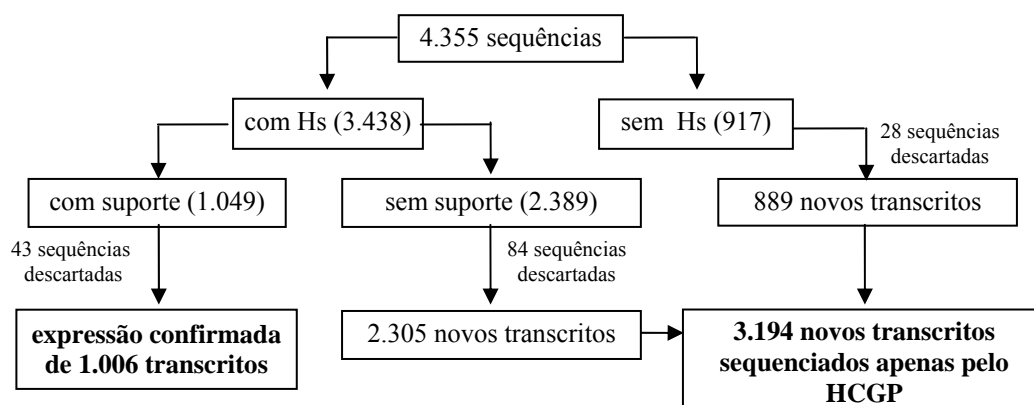
**Figura 20** - Gráfico de densidade gerado para avaliar a distribuição dos elementos válidos para o canal 1 (Alexa Fluor® 555) e para o canal 2 (Alexa Fluor® 647).

Para definir o número de prováveis novos transcritos, foi calculada a mediana dos valores de intensidade de cada elemento em todas as lâminas e somente aqueles que apresentaram mediana do valor de intensidade maior que os valores de corte estabelecidos para cada canal foram considerados como contendo uma seqüência de cDNA correspondente a um potencial novo transcrito. Assim, ao final desta análise, foram descartadas em todas as lâminas 155 seqüências, sendo 127 delas representantes de seqüências com Hs (43 seqüências com suporte de outros projetos e 84 seqüências sem suporte) e 28 de seqüências sem Hs. Esses dados indicam que, dos 4.355 potenciais candidatos identificados por algoritmos de bioinformática,

4.200 apresentam sinal de hibridização que obedeceram a critérios rigorosos de análise e devem representar novos transcritos humanos (Figura 21).

Considerando apenas as seqüências identificadas classificadas como sem Hs ou com Hs mas sem suporte, nossos dados apontam para, pelo menos 3.194 novos transcritos humanos (889 e 2.305 seqüências, respectivamente) que ainda não foram descritos por nenhum outro projeto de seqüenciamento de ESTs (Anexo 1). Essa conclusão é corroborada pela confirmação da expressão de 1.006 transcritos que possuem Hs e são suportados por outros projetos não HCGP.

É importante ressaltar que esses novos transcritos podem representar extensões de éxons já descritos, novos éxons para genes já conhecidos, novos transcritos, ou RNAs não codificadores. Essa categorização exige agora, estratégias computacionais de alinhamentos e análise de seqüências, que não são objetivos deste trabalho (Figura 21).



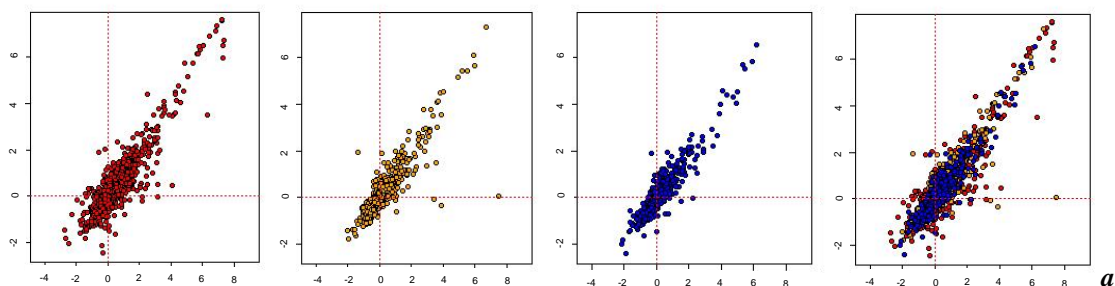
**Legenda:** Foram descartadas 155 seqüências (127 com Hs e 28 sem Hs) em todas as lâminas. Das seqüências com Hs, foram descartadas 43 seqüências com suporte de outros projetos e 84 seqüências sem suporte. A expressão de 1.006 transcritos com Hs e com suporte foi confirmada. Dos 4.355 candidatos a novos transcritos humanos, 4.200 apresentam grande probabilidade de representarem verdadeiros novos transcritos humanos. Considerando apenas as seqüências classificadas como sem Hs e com Hs mas sem suporte, identificamos, pelo menos, 3.194 novos transcritos humanos (889 e 2.305 seqüências, respectivamente) que ainda não foram descritos por nenhum outro projeto de seqüenciamento de ESTs.

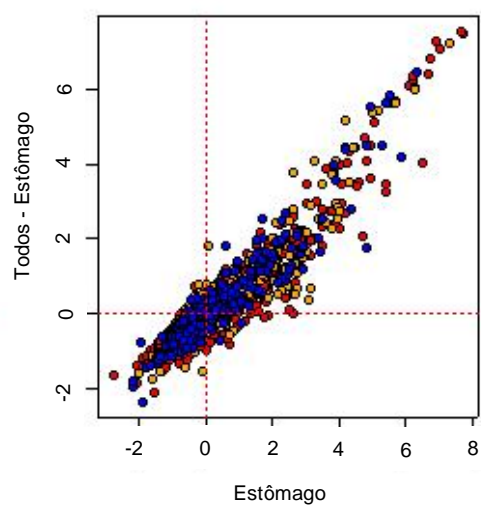
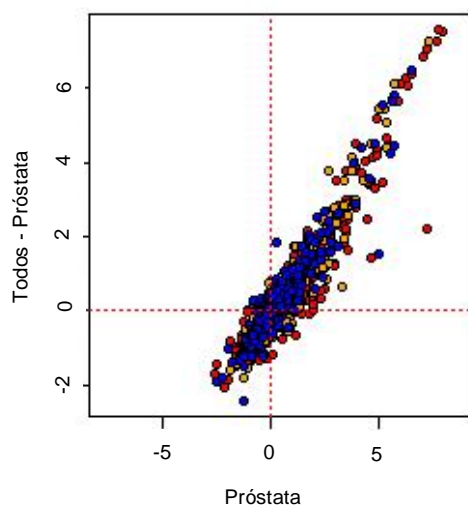
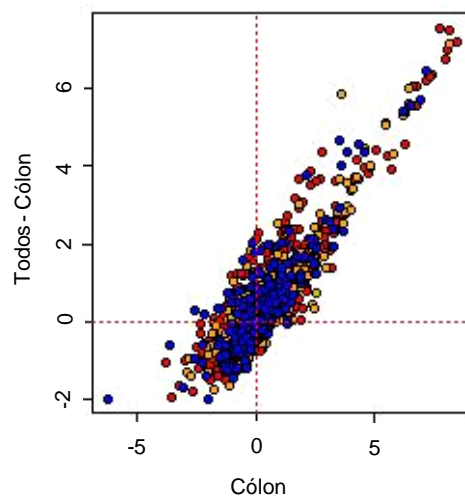
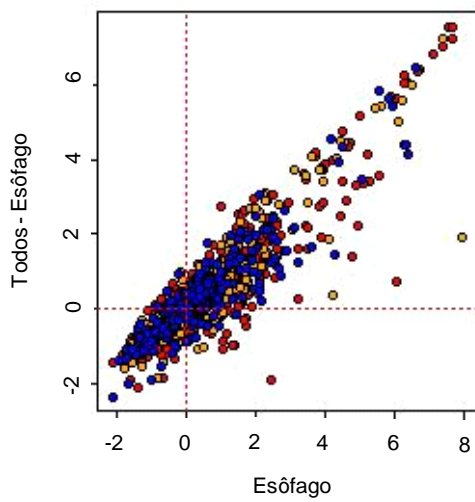
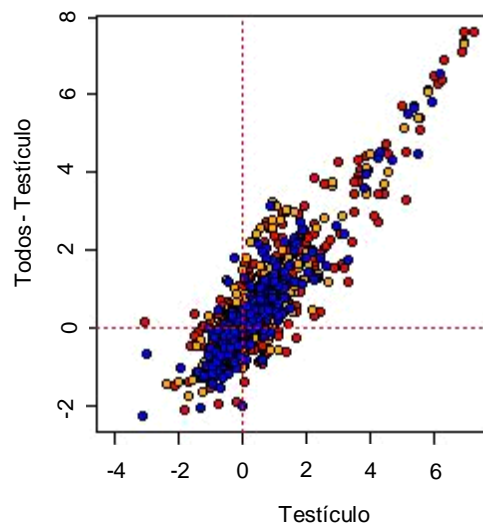
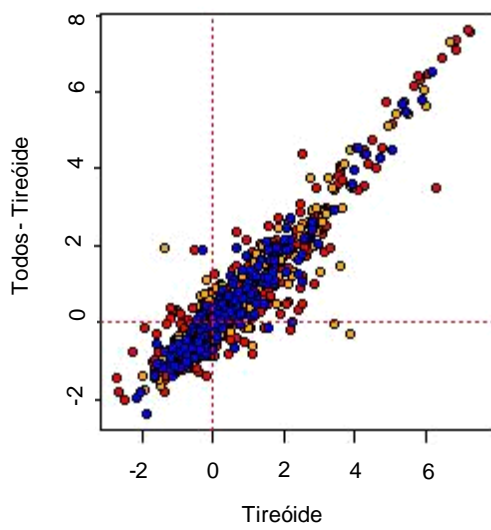
**Figura 21** - Fluxograma representando os passos seguidos para a obtenção do número de potenciais novos transcritos humanos.

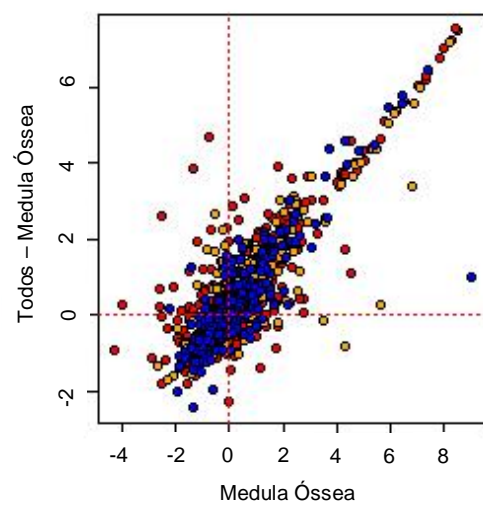
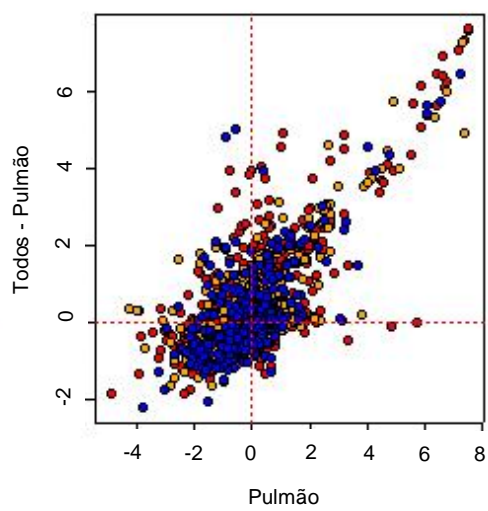
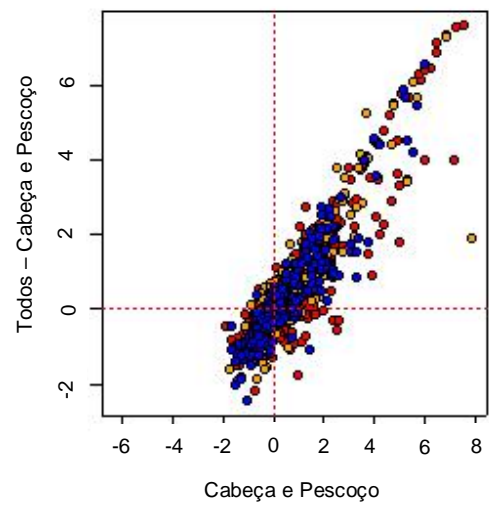
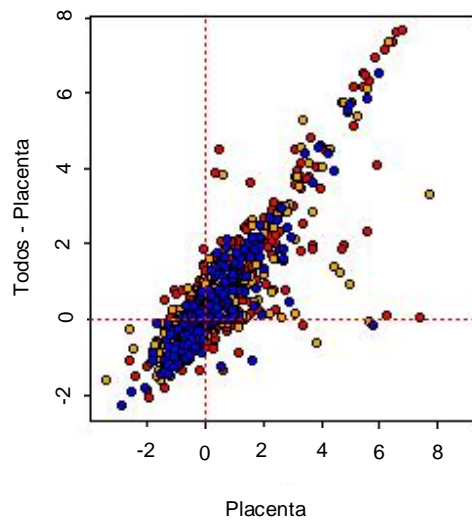
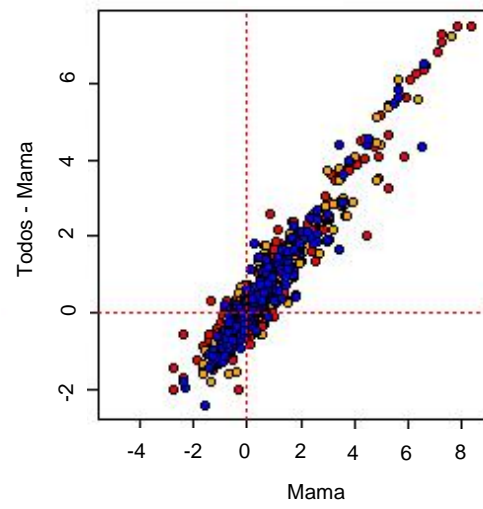
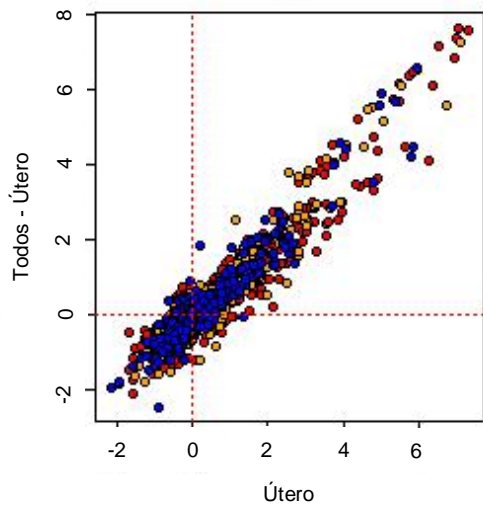
Além disso, um *scatterplot* foi construído para permitir a visualização das possíveis seqüências tecido-específicas (Figura 22). Estas análises foram realizadas em relação aos tecidos normais (Figura 22b) ou aos tecidos tumorais (Figura 22c) estudados. Nesta análise, foram utilizados os dados normalizados por Lowess e, por isso, todos os elementos das lâminas foram considerados. Entretanto, a consideração de todos os elementos da lâmina, inclusive daqueles que foram descartados por apresentarem valor de intensidade menor que o valor de corte estabelecido (196 para o canal 1 e 65 para o canal 2), não teve influência nessa análise, pois estes pontos localizam-se no início dos gráficos e não satisfazem os critérios considerados para identificação de transcritos diferencialmente expressos. Essa análise foi realizada

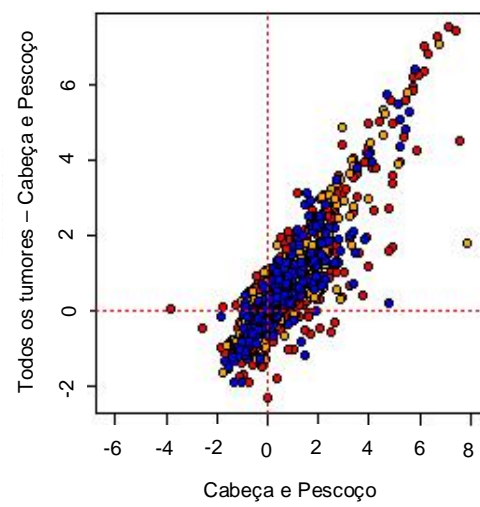
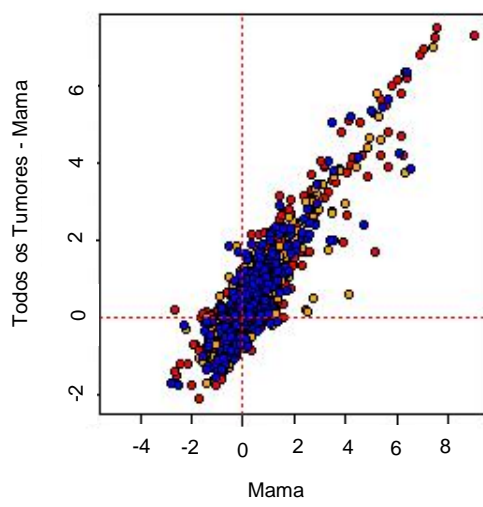
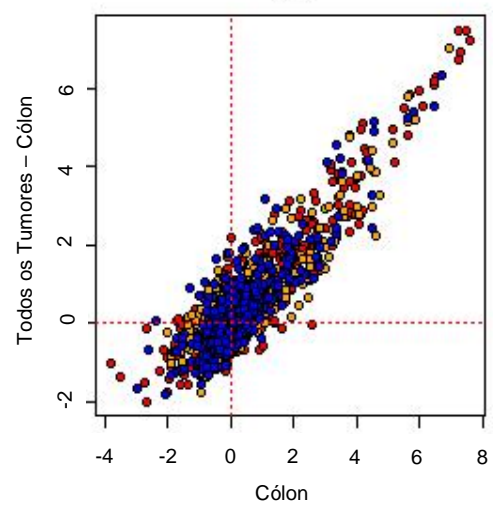
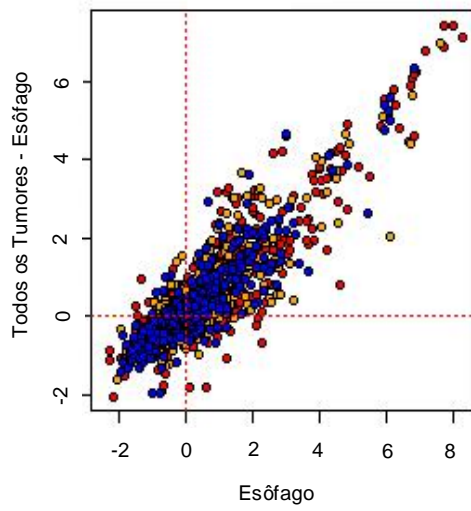
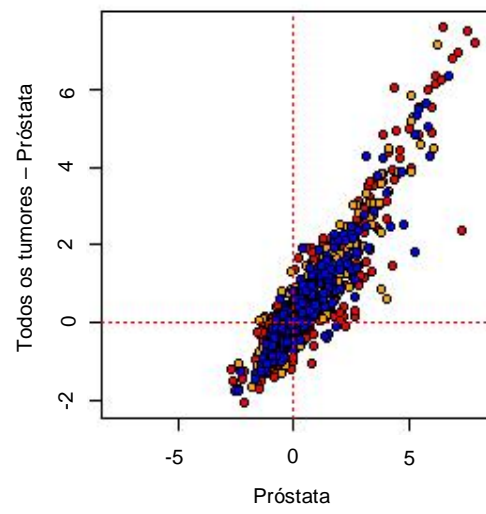
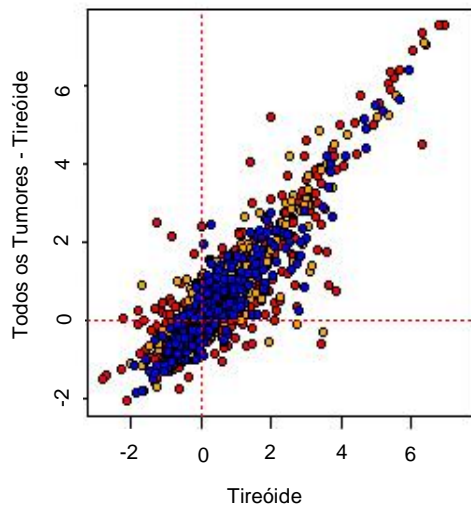


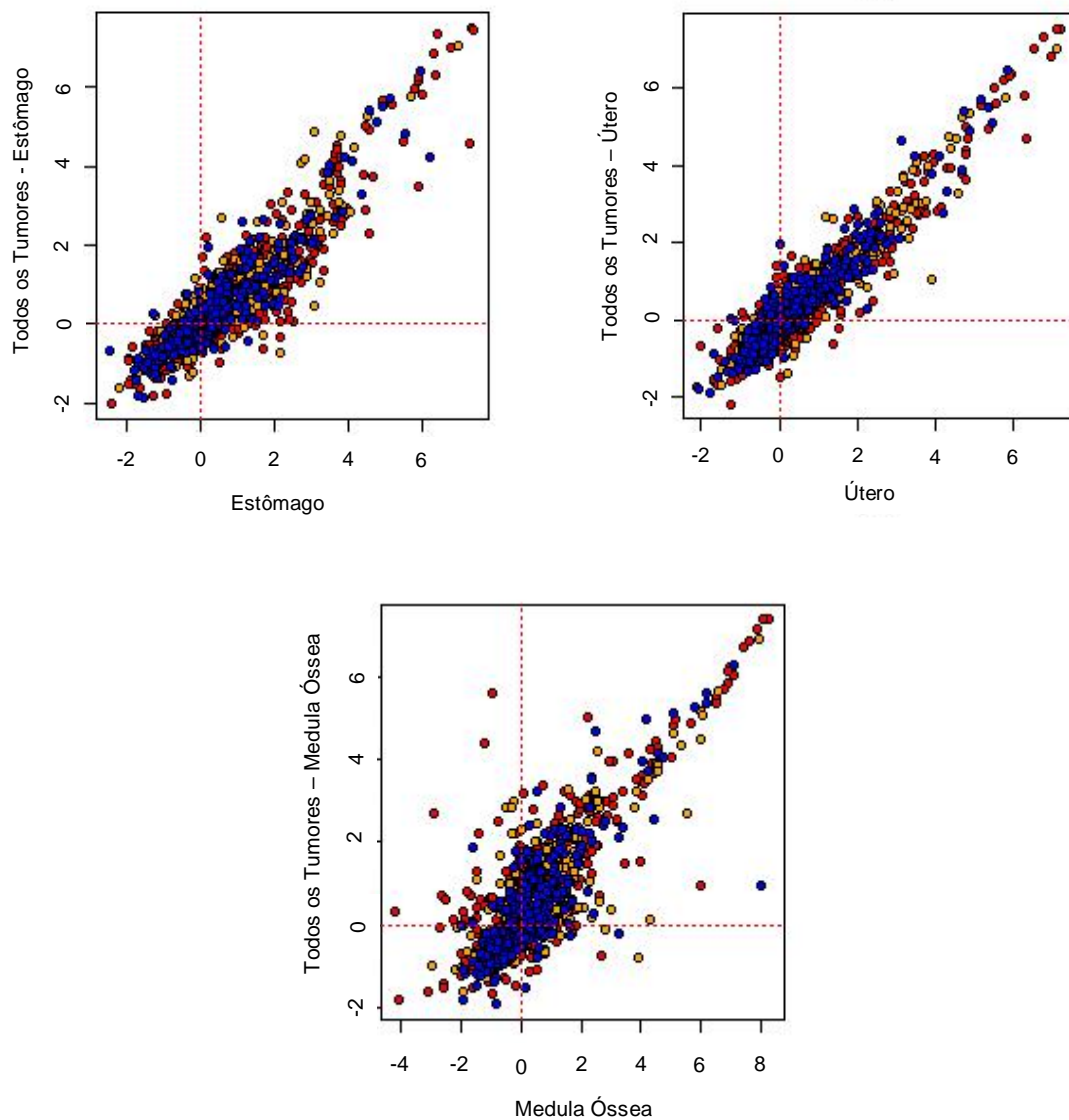
através da comparação da média de intensidade da razão amostra/referência de cada seqüência em todos os tecidos normais (Figura 22b) ou tumorais (Figura 22c) exceto um único tecido normal ou tumoral em relação à razão das médias de intensidade da amostra/referência das seqüências naquele tecido excluído. Na Figura 22, a dispersão de pontos em relação à linha a 45° formada pela maioria dos outros pontos indica as possíveis seqüências diferencialmente expressas nesses tecidos normais ou tumorais específicos, representadas principalmente por seqüências com suporte de outros projetos não ORESTES (pontos amarelos) e seqüências sem suporte (pontos vermelhos). Entretanto, algumas seqüências que não possuem Hs também aparecem deslocadas, indicando tanto maior quanto menor expressão em tecidos normais ou tumorais específicos. Esta análise demonstra o potencial de descoberta de transcritos diferencialmente expressos dentro dos subtipos de seqüências contidas na lâmina, mostrando que tanto as seqüências que não possuem Hs, quanto as que não tem suporte de outros projetos não ORESTES, podem ser diferencialmente expressas dentro das classes analisadas. Além disso, esta análise ainda demonstra que, mesmo para as seqüências que já possuem Hs e são suportadas por outros projetos, existe a novidade da descoberta de transcritos tecido-específicos em tecidos normais ou tumorais.





*b*





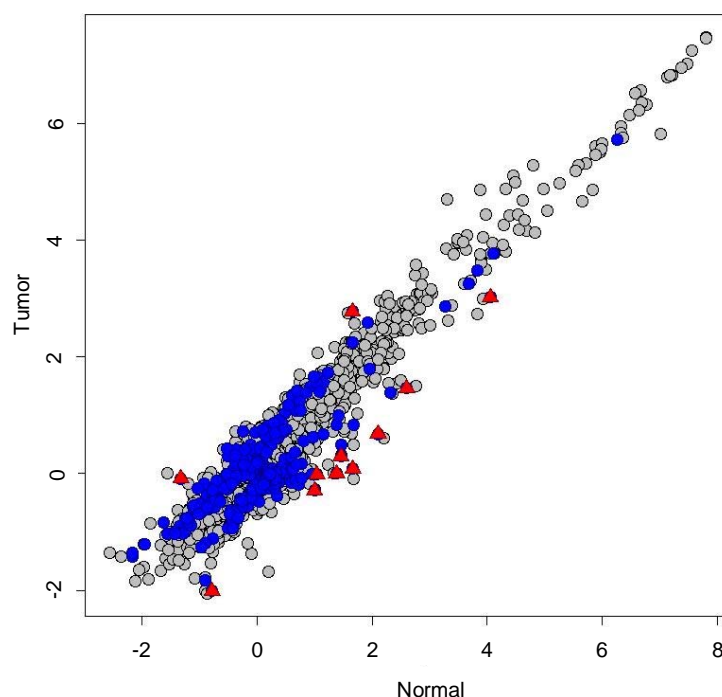
c

**Legenda:** Foi realizada uma comparação da razão das médias de intensidade da amostra/referência das seqüências em todos os tecidos normais ou tumorais exceto um único tecido normal ou tumoral em relação à razão das médias de intensidade da amostra/referência das seqüências nesse tecido excluído. *a*- representação da construção das figuras *b* e *c* para cada comparação: primeiro foram distribuídos os valores de intensidade das seqüências sem suporte de outros projetos (pontos vermelhos - ●), seguido das seqüências com suporte de outros projetos não ORESTES (pontos amarelos - ●) e por último, das seqüências que não possuem Hs (pontos azuis - ●). *b*- tecidos normais específicos. *c*- tecidos tumorais específicos.

**Figura 22** - Gráfico *scatterplot* mostrando possíveis seqüências diferencialmente expressas em tecidos normais ou tumorais específicos.

Para identificar transcritos que, em nosso conjunto de dados, se mostraram diferencialmente expressos entre tecidos normais e tumorais, foi aplicado um teste-t, e os resultados representados em um gráfico do tipo MM (Figura 23). O teste-t é capaz de determinar se as médias dos valores de intensidade de cada seqüência em todas as amostras de tecidos normais e em todas as amostras de tecidos tumorais possuem uma diferença estatística significativa (valor de  $p < 0,05$ ) (<http://mathworld.wolfram.com>). Nesta análise, também foram utilizados os dados normalizados por Lowess e, por isso, todos os elementos das lâminas foram considerados. Como foram realizados testes-t independentes, as seqüências que apresentaram valor de intensidade menor que o valor de corte (196 para o canal 1 e 65 para o canal 2) puderam ser identificadas e eliminadas desses resultados, caso apresentem valores estatisticamente significativos. Essa análise foi realizada através da comparação da média de intensidade da razão amostra/referência de cada seqüência em todos os tecidos tumorais em relação média de intensidade da razão amostra/referência de cada seqüência em todos os tecidos normais. Novamente, na Figura 23, a dispersão de pontos em relação à linha a 45° formada pela maioria dos outros pontos (em cinza), indica os transcritos diferencialmente expressos nos tecidos normais ou tumorais. As seqüências representadas por pontos em azul (valor de  $p < 0,05$ ), sobrepostos por triângulos em vermelho (razão  $> 2$ ) apresentaram diferença estatística significativa de expressão entre tecidos normais e tumorais (valor de  $p$  variando de 0,034 a 0,009), sendo expressas com uma diferença de pelo menos 2 vezes entre os dois tipos de tecidos (razão variando de 2,04 a 2,99) (Figura 23). A razão de 2 vezes foi adotada, uma vez que a maioria dos trabalhos envolvendo microarranjos de cDNA definem seqüências diferencialmente expressas através

desse valor maior ou igual a 2 (SCHENA et al. 1995; SCHENA et al. 1996; QUACKENBUSH 2001; YANG IV et al. 2002). Totalizando, 11 seqüências obedeceram aos critérios de valor de  $p < 0,05$  e razão  $> 2$ , sendo que 8 delas já foram agrupadas no UniGene e portanto, possuem uma anotação (seqüências com ou sem suporte de outros projetos não ORESTES) e 3 delas não possuem Hs (Tabela 4).



**Legenda:** Foi realizada uma comparação da média de intensidade da razão amostra/referência de cada seqüência em todos os tecidos tumorais em relação à média de intensidade da razão amostra/referência de cada seqüência em todos os tecidos normais. Pontos cinzas (●)- seqüências sem diferença estatística significativa de expressão entre tecidos normais e tumorais. Pontos azuis (●)- seqüências que apresentaram valor de  $p < 0,05$ . Triângulos vermelhos (▲)- seqüências que apresentaram razão  $> 2$ .

**Figura 23** - Gráfico MM mostrando as seqüências diferencialmente expressas entre tecidos normais e tumorais.

**Tabela 4** - Seqüências diferencialmente expressas entre tecidos normais e tumorais que apresentaram valor de  $p < 0,05$  e razão  $> 2$ .

ID	Símbolo	Localização cromossômica	Descrição	Razão	Valor de p
BF380117	EXT1	8q24.11-q24.13	<i>exostoses (multiple) 1</i>	2,433	0,007
BF996594	BACE2	21q22.3	<i>beta-site APP-cleaving enzyme 2</i>	2,195	0,009
BG997314	IYD	6q25.1	<i>iodotyrosine deiodinase</i>	-2,372	0,007
BG011399	EXOC6	10q23.33	<i>exocyst complex component 6</i>	2,076	0,01
BF894609	CKAP4	12q23.3	<i>cytoskeleton-associated protein 4</i>	2,040	0,028
BF869935	PBX4	19p12	<i>pre-B-cell leukemia transcription factor 4</i>	2,347	0,004
CV347512	LRRC37A	17q21.31	<i>leucine rich repeat containing 37A</i>	2,684	0,007
CV351985	EPAS1	2p21-p16	<i>endothelial PAS domain protein 1</i>	2,992	0,008
AS-01-36		sem Hs		2,238	0,006
AS-03-149		sem Hs		-2,185	0,015
MR2-GN0157-111100-003-d01		sem Hs		2,604	0,034

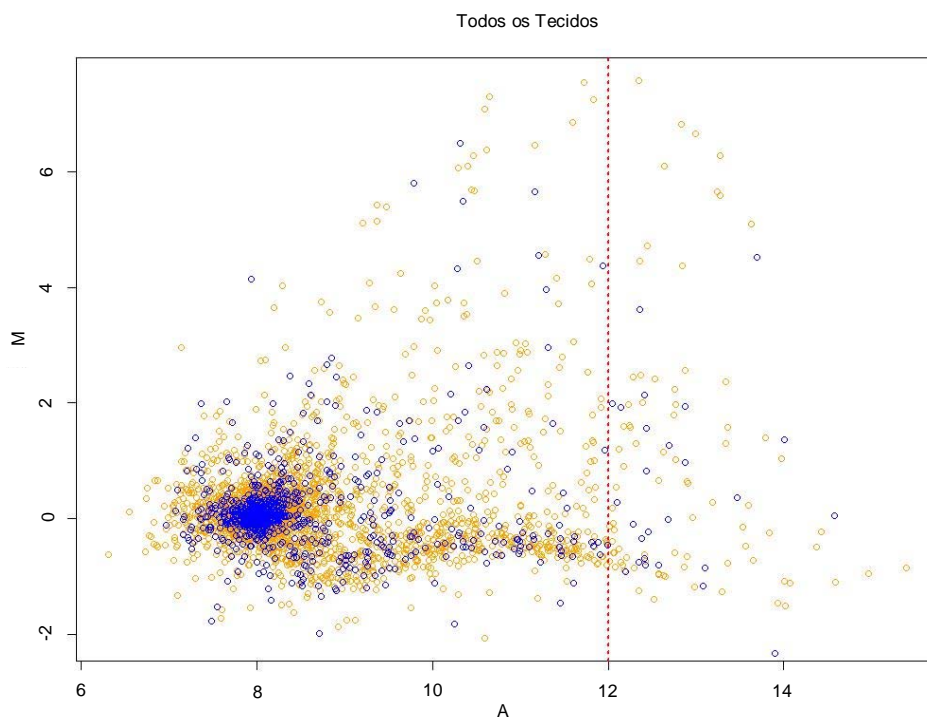
A tabela mostra a identificação da seqüência e a anotação, de acordo com o UniGene, das seqüências que possuem Hs, quanto ao símbolo, localização cromossômica e descrição, além da razão e do valor de p para todas as seqüências.

## 5.8 VALIDAÇÃO POR RT-PCR

Para selecionar as seqüências com maior intensidade de sinal a serem submetidas à validação por RT-PCR, construímos um gráfico MA da média dos valores de intensidade dos elementos de todas as lâminas, mostrando a distribuição de  $\log_2$  da razão da intensidade de sinal do canal2/canal1 em relação à média de intensidade de sinal dos elementos entre os dois canais. Para identificar os elementos com maior intensidade de sinal (e por isso, com maior probabilidade de detecção por RT-PCR), foi estabelecido como valor de corte 4.096 ( $\log_2 12$ ) para o valor de A, ou seja, os elementos com a média de intensidade de sinal entre os dois canais maior do



que o valor de corte possuíam intensidade de sinal pelo menos 20 vezes maior do que o maior valor de intensidade entre os valores mínimos encontrado para o canal 1 (196) (Figura 24). Esta análise também foi realizada com os dados normalizados por Lowess, entretanto, a consideração de todos os elementos da lâmina, inclusive daqueles que foram descartados por apresentarem valor de intensidade menor que o valor de corte estabelecido (196 para o canal 1 e 65 para o canal 2), não teve influência nessa análise, pois a localização dos pontos referentes a esses elementos tendem ao início do MA que não alcança o valor de corte dessa análise. Totalizando, 117 seqüências apresentaram a média do valor de intensidade superior ao valor de corte e 20 delas foram selecionadas para a validação por RT-PCR (Tabelas 6 e 7).



**Legenda:** Círculos azuis (○)- seqüências que possuem Hs. Círculos laranjas (○)- seqüências que não possuem Hs.

**Figura 24** - Gráfico MA da média dos valores de intensidade dos elementos de todas as lâminas, gerado para a seleção das seqüências que serão submetidas à validação por RT-PCR (com valor de intensidade maior que 12).

Métodos de verificação de dados independentes dos microarranjos de cDNA, devem ser considerados como seguimento dos resultados experimentais obtidos com o último (YANG e SPEED 2002). A confirmação final dos dados vem de RT-PCR, utilizando iniciadores que se anelam as extremidades das seqüências selecionadas para demonstrar a existência de transcritos completos nos tecidos (FERREIRA et al. 2004).

RT-PCR representa uma ferramenta sensível e poderosa para analisar RNA. É um método altamente sensível e específico, podendo ser usado para a detecção de transcritos raros ou para a análise de amostras de RNA disponíveis em quantidades limitantes. RT-PCR é capaz de detectar cópias únicas de um RNA em particular em amostras altamente complexas, permitindo que dois alvos que diferem apenas por um único nucleotídeo sejam distinguidos. Essa abordagem é extremamente satisfatória para análises rápidas de grandes números de amostras e/ou de muitos genes diferentes em um mesmo experimento (FOLEY et al. 1993; FREEMAN et al. 1999; MARONE et al. 2001).

O passo inicial da RT-PCR é a produção de uma cópia de fita simples de cDNA a partir do RNA total através a ação da enzima RTase. Iniciadores oligonucleotídeos consistindo de resíduos deoxitimidina [oligo (dT)], os quais são efetivos em iniciar a síntese de cDNA e adicionam a vantagem de permitir que múltiplos RNAs sejam trabalhados em uma única preparação, se anelam a cauda poliadenilada 3', encontrada na maioria dos RNAs. Em seguida, o cDNA é estendido em direção a extremidade 5' do mRNA, através da atividade da enzima DNA polimerase dependente de RNA (RTase). Essa etapa do processo é a fonte da maioria da variabilidade em um experimento de RT-PCR (FREEMAN et al. 1999).

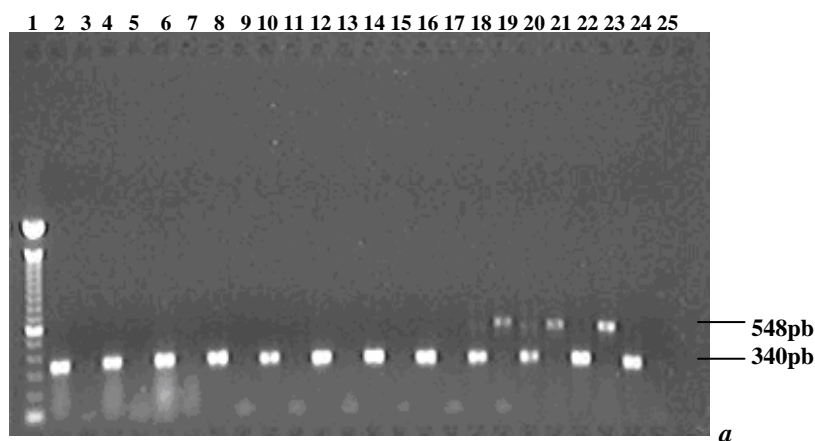
O seguimento do processo de PCR é iniciado a partir de uma alíquota da reação de RT. Esta etapa geralmente envolve 3 passos: desnaturação, anelamento e extensão, com temperaturas variáveis e outras considerações que podem ser determinadas empiricamente; o número de ciclos depende da quantidade de alvo presente e da eficiência da reação (FREEMAN et al. 1999).

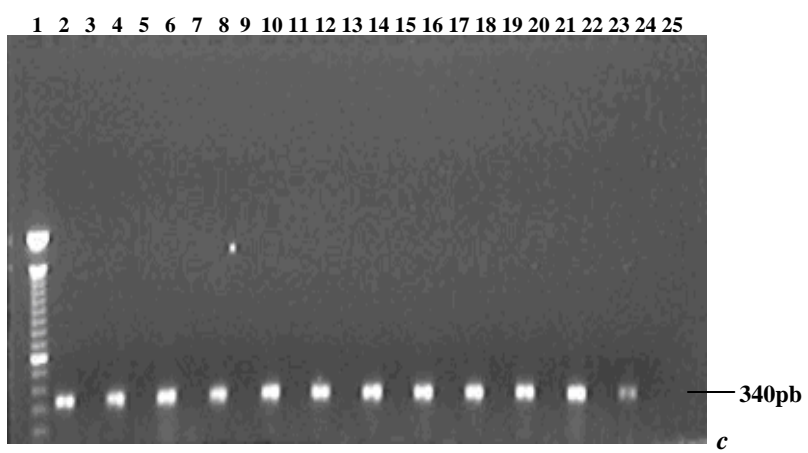
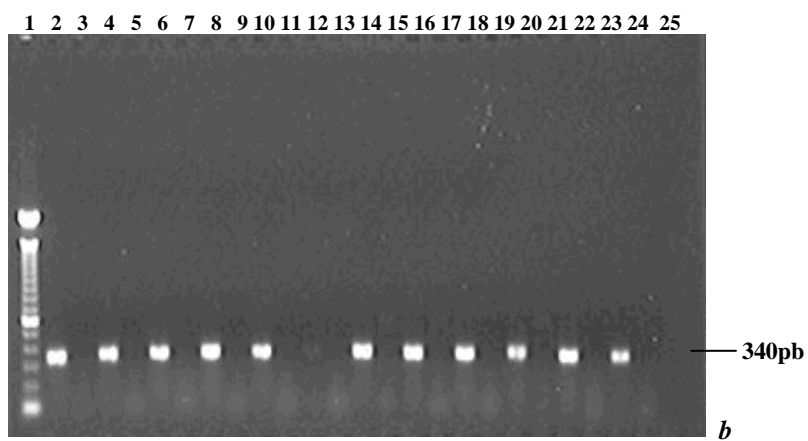
A síntese de cDNA foi realizada para 2 grupos de amostras de tecidos normais ou tumorais (que foram utilizados nas hibridizações) e seus respectivos controles negativos, na ausência da enzima RTase. O primeiro grupo compreende amostras provenientes de RNA total sem tratamento prévio com DNase (Tabelas 1 e 2), além da amostra referência. E o segundo grupo compreende amostras provenientes de RNA total que foram submetidas à purificação através do ilustra RNAspin Mini Isolation Kit (GE Healthcare, USA), de acordo com as instruções do fabricante, previamente a síntese de cDNA (Tabela 5). Esse grupo contém algumas amostras que não haviam sido utilizadas nos experimentos de hibridização.

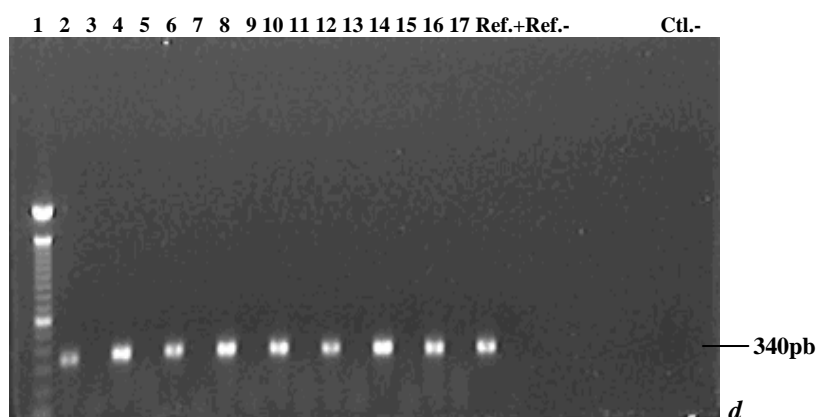
**Tabela 5** - Amostras de RNA total selecionadas para validação dos dados obtidos utilizando microarranjos de cDNA que previamente à síntese de cDNA passaram por purificação através do ilustra RNAspin Mini Isolation Kit (GE Healthcare, USA).

<b>Tecido</b>	<b>Nº da amostra</b>	<b>Tipo da amostra</b>	<b>RGH</b>	<b>Diagnóstico</b>
Esôfago	GH982	normal	9005629-9	mucosa normal
Tireóide	BA27	normal	9903346-1	bócio
	GH77	tumor	0202451-9	carcinoma micropapilífero
Útero	GH898	tumor	0100371-2	carcinoma epidermóide
				moderadamente diferenciado ulcerado
Estômago	GH866	normal	0102892-8	mucosa normal
Placenta	GF249	normal	UNIFESP	placenta humana
Mama	GF97	normal	1011260	parênquima de mama normal direita

Três amostras do grupo 1 apresentaram contaminação com DNA genômico quando seus produtos foram amplificados utilizando o par de iniciadores para o gene constitutivo p53, com posterior análise em gel de agarose 1% corado com 0,5mg/mL de brometo de etídio (Figura 25), evidenciada pela presença de uma banda de 548pb nos controles negativos (ausência de RTase) e foram então descartadas. Além disso, não foi possível obter cDNA de uma amostra do grupo 1, evidenciado pela ausência da banda de 340pb correspondente à amplificação do cDNA utilizando o par de iniciadores para o gene p53 e essa amostra também foi descartada. Portanto, 40 amostras do grupo 1 (Tabelas 1 e 2) e 7 amostras do grupo 2 (Tabela 5), provenientes de tecidos normais ou tumorais seguem na etapa de validação dos novos transcritos encontrados utilizando os microarranjos de cDNA, totalizando 47 amostras para validação.







**Legenda:** 5µl de cada produto amplificado foi fracionado por eletroforese em gel de agarose 1% contendo 0,5mg/mL de brometo de etídio. Quarenta e sete amostras seguem na etapa de validação dos novos transcritos encontrados utilizando microarranjos de cDNA. Todos os cDNAs equivalentes as amostras presentes nas canaletas 12/13 do gel *c* foram descartadas dessa etapa, pois não foi possível observar na canaleta 12 (com RTase) a banda de 340pb, correspondente a amplificação do cDNA utilizando o par de iniciadores para o gene p53, indicando a ausência de cDNA. Todos os cDNAs equivalentes as amostras presentes nas canaletas 18/19, 20/21 e 22/23 do gel *a* foram descartadas dessa etapa, pois apresentaram contaminação com DNA genômico, evidenciada pelas bandas de 548pb presentes nos controles negativos das reações (canaletas ímpares). Canaletas: números pares- reação de síntese de cDNA com a adição de RTase; números ímpares (exceto 1)- reação de síntese de cDNA na ausência de RTase (controle negativo); 1- 100bp DNA Ladder (Invitrogen, USA); Ref.+ - reação utilizando cDNA proveniente do RNA referência, com adição de RTase; Ref.- - reação utilizando cDNA proveniente do RNA referência, na ausência de RTase; Ctl.- - controle negativo da reação de PCR na ausência de cDNA.

**Figura 25** - Perfil eletroforético do produto de amplificação utilizando o par de iniciadores para o gene p53, evidenciando a presença ou ausência de bandas de 340pb, correspondentes ao tamanho do produto amplificado produzido e a banda de 548pb nas amostras contaminadas com DNA genômico.

Além disso, iniciadores específicos para 12 seqüências que não sofrem processamento e que tiveram intensidade de sinal nos microarranjos de cDNA maior que o valor de corte estabelecido ( $\log_2 12$ ) (Figura 24) foram desenhados para esta etapa de validação (Tabela 6). Destas, 4 representam seqüências que possuem Hs e têm suporte de outros projetos, selecionadas com o objetivo de confirmar suas expressões e de dar confiabilidade aos novos resultados; 4 representam seqüências que possuem Hs mas que não têm suporte de outros projetos; e 4 representam seqüências que não possuem Hs, prováveis novos transcritos. Essas seqüências

selecionadas não sofrem processamento, uma vez que 3.838 seqüências depositadas na lâmina representam seqüências desse tipo e, por isso, foi tomado o cuidado de selecionar seqüências representativas da maior parte da lâmina. Entretanto, 8 seqüências que sofrem processamento, também com intensidade de sinal nos microarranjos de cDNA maior que o valor de corte estabelecido ( $\log_2 12$ ) foram selecionadas adicionalmente para confirmar a presença de transcritos verdadeiros provenientes dessas seqüências e não de contaminação com DNA genômico, sendo possível desenhar os pares de iniciadores específicos para esse tipo de seqüências em éxons diferentes, desta forma, tornando possível distinguir a amplificação do DNA genômico pelo seu tamanho (FOLEY et al. 1993; FREEMAN et al. 1999; MARONE et al. 2001) (Tabela 7).

**Tabela 6** - Iniciadores desenhados especificamente para as 12 seqüências que não sofrem processamento selecionadas que mostraram intensidade de sinal nos microarranjos de cDNA maior que o valor de corte estabelecido ( $\log_2 12$ ).

<b>ID</b>	<b>Tamanho do produto amplificado</b>	<b>Tamanho genômico</b>	<b>Seqüência FW</b>	<b>Seqüência RV</b>	<b>Localização cromossômica</b>
AW835512	242	523	TTGCGTGCTGGACAAGG	CGACACAGCCCATCCTG	16
AW845910	339	586	CACTTGTCCCAGATCAGCAA	CGACAAAGCACACCAAACA	1
AW854429	266	645	GACAGGCCCTCCACAG	CAGGCCCAGGAGTCAGG	11
BE063444	223	466	CCAGAAACGTGAAGGGTGA	CCACCCCAACCAGCTCT	4
BF368776	113	362	CGAGCCATCATGTCAGAAGT	GGGACCTTCGCCTTTGA	X
CV310734	179	268	TCTGTGGGCCCTTTCTGTC	GGAGGGAGATGCTCTGGAC	17
AW892990	109	314	AAAGCTGCCATATCACATAATAAAA	AGGCTTTGAGAGGTTAAGGAAG	3
AW850825	321	434	CTGGCTTTCTGCCACTCTTT	TTACGGGACTTGGGTTGG	3
BE153472	341	599	CGAACACAGCCCGACAG	TGCAGCCCATCTCTGCT	16
BE181694	114	380	CGCATACTGGGCCAATG	CGCTTCTCTGGGGAGGA	17
BF371013	257	421	GCCACCACCACCTCTCC	GCGAGCAGAATGGCTCA	22
BF833254	245	433	CGCTACAAATGGTCTCACACA	TCAAGCAAAAAGTTCTGGTCCT	11

A tabela mostra a identificação da seqüência, o tamanho esperado para o produto amplificado, o tamanho da seqüência genômica, a seqüência dos iniciadores complementares à seqüência nos sentidos senso e antisense do cDNA e a localização cromossômica da seqüência.



**Tabela 7** - Iniciadores desenhados especificamente para as 8 seqüências que sofrem processamento selecionadas que mostraram intensidade de sinal nos microarranjos de cDNA maior que o valor de corte estabelecido ( $\log_2 12$ ).

<b>ID</b>	<b>Tamanho do produto amplificado</b>	<b>Tamanho genômico</b>	<b>Seqüência FW</b>	<b>Seqüência RV</b>	<b>Localização cromossômica</b>
BG006000	206	2.307	GCTGAAAGGATGCACAGTGA	TCCTGTTGGAATTTGGTAGGA	1
BE151634	163	646	AAGGCGAGTGATGAGTGTC	AGGATGCCAAGAGGGAGATT	13
CV423975	213	914	GCCAACCTTGCCTTCAATCT	TTCCCTCAAATCCAGACACC	2
BE166641	195	1.370	GGCTGGAGAGGGTACATTCA	GGAAGCGCTATGAGTTCCAG	1
BE085704	104	1.277	TGACCAAGACTGTGGTGTGG	AATCTGCCACCACAATTCC	22
BF353251	231	1.906	AGGTCCCAAACCCTAAGCAC	GCGAGGTTGGGTAGAGCTAA	8
BQ347026	183	2.395	GATAGGCTGCCAGGAAGGAG	TGTAGGTTCTGGGGAATTGA	3
BF738916	101	1.183	AGATTTTCGCCACGGAAG	CTCAACCTCATCAGGCAGGA	22

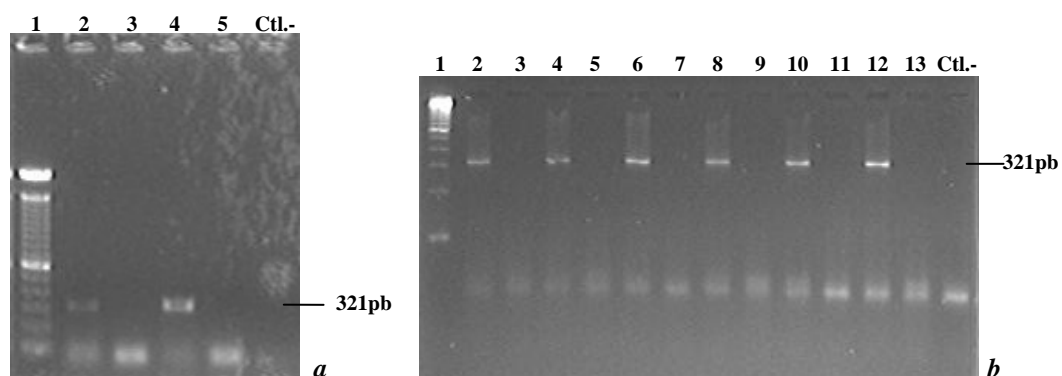
A tabela mostra a identificação da seqüência, o tamanho esperado para o produto amplificado, o tamanho da seqüência genômica, a seqüência dos iniciadores complementares à seqüência nos sentidos senso e antisenso do cDNA e a localização cromossômica da seqüência.

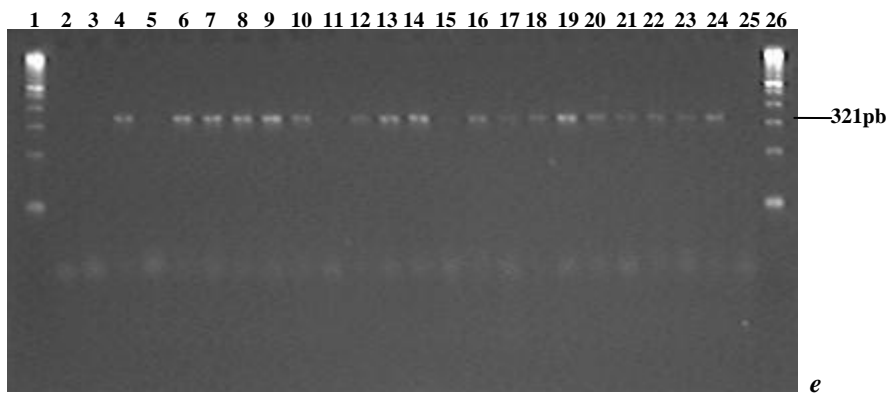
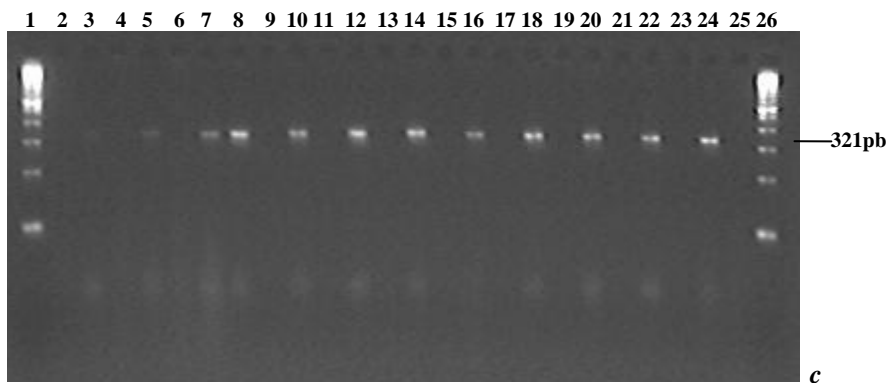
Os iniciadores para as seqüências que não sofrem processamento foram desenhados com seus tamanhos variando entre 16 e 25 nucleotídeos, com Tm entre 58,24°C e 61,21°C, com o conteúdo GC entre 28% e 70,59% e com ausência de elementos repetitivos. Já os iniciadores desenhados para as seqüências que sofrem processamento, tiveram seu tamanho variando entre 19 e 21 nucleotídeos, com Tm entre 59,42°C e 62,41°C, com conteúdo GC entre 42,86% e 60% e também com ausência de elementos repetitivos.

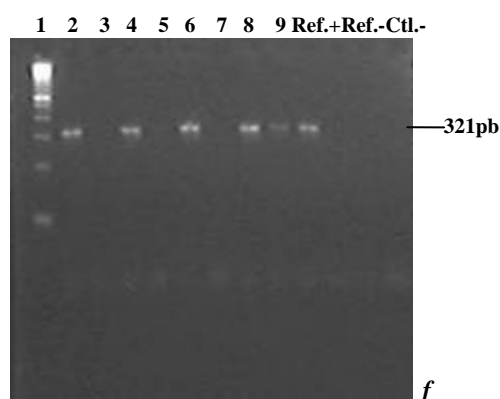
A padronização das reações de PCR utilizando iniciadores específicos para as seqüências selecionadas foram realizadas a partir do cDNA da linhagem celular FaDu, representante de carcinoma de células escamosas de faringe, do RNA referência utilizado nas hibridizações e do RNA total, tratado com DNase, da amostra GH982, representante de uma amostra normal de esôfago.

Onze de 12 seqüências que não sofrem processamento foram validadas nos 2 grupos de amostras normais ou tumorais (exceto a seqüência CV310734) (Anexo 2). Em média, essas seqüências foram validadas em 39 amostras, além da linhagem celular FaDu. A Figura 26 mostra a validação da seqüência que não sofre processamento AW850825. A presença desse transcrito foi confirmada em 32 amostras que compõem o grupo 1, nas 7 amostras que compõem o grupo 2 e na linhagem celular FaDu. Mesmo após o descarte das amostras contaminadas por DNA genômico, reveladas pela amplificação com iniciadores para o gene p53 (Figura 25), algumas das amostras utilizadas na validação das seqüências específicas apresentaram contaminação com DNA genômico, evidenciada pela presença de uma banda de mesmo tamanho nos controles negativos das reações de RT (ausência de RTase). Acreditamos que essas amostras, mesmo apresentando contaminação com

DNA genômico, refletem também a amplificação a partir de RNA, uma vez que é possível observar que as bandas correspondentes aos cDNAs sintetizados com RTase (canaletas pares) apresentam maior intensidade quando comparadas com as bandas correspondentes aos controles negativos (canaletas ímpares). Para os casos em que observamos amplificação nos controles negativos, é possível que a banda que vemos é proveniente apenas de DNA genômico, com ausência de cDNA competindo pela amplificação. Por isso, a banda que observamos tem maior intensidade. Já nas respectivas reações com RTase, existe uma competição do DNA genômico com o cDNA, não favorecendo a amplificação do DNA genômico. Além disso, nesses casos também podemos considerar uma ausência ou menor quantidade de RNA, o que provavelmente não acontece quando visualizamos as bandas correspondente as reações de cDNA com RTase mais intensas do que seus controles negativos, por apresentarem uma maior quantidade de RNA.







**Legenda:** 5µl de cada produto amplificado foi fracionado por eletroforese em gel de agarose NuSieve® GTG® (Cambrex, USA) 3% contendo 0,5mg/mL de brometo de etídio. *a-* padronização da reação de PCR utilizando a linhagem celular FaDu (canaletas 2 e 3) e a amostra do grupo 2, GH982 (canaletas 4 e 5). *b-* demais amostras que compõem o grupo 2. *c, d, e e f-* amostras que compõem o grupo 1. Canaletas: números pares (exceto 26)- reação de síntese de cDNA com a adição de RTase; números ímpares (exceto 1)- reação de síntese de cDNA na ausência de RTase (controle negativo); 1 e 26- 100bp DNA Ladder (Invitrogen, USA); Ref.+ - reação utilizando cDNA proveniente do RNA referência, com adição de RTase; Ref.- - reação utilizando cDNA proveniente do RNA referência, na ausência de RTase Ctl.- - controle negativo da reação de PCR na ausência de cDNA.

**Figura 26** - Perfil eletroforético do produto de amplificação utilizando o par de iniciadores para a seqüência que não sofre processamento AW850825, evidenciando as bandas de 321pb, correspondentes ao tamanho do produto amplificado produzido.

Além disso, uma de oito seqüências que sofrem processamento (BF738916) foi validada em 19 amostras de tecidos normais ou tumorais (Anexo 2).

## 6 CONCLUSÃO

- Identificamos, pelo menos, 3.194 (889 seqüências sem Hs e 2.305 seqüências com Hs, mas sem suporte de outros projetos) novos transcritos que ainda não foram identificados por nenhum outro projeto de seqüenciamento de ESTs. Estes transcritos podem representar extensões de éxons já descritos, novos éxons para genes já conhecidos, novos transcritos, ou RNAs não codificadores.
- Considerando os gráficos de dispersão na comparação entre os tecidos normais e entre os tecidos tumorais (Figura 22), nossos dados mostram a possível expressão tecido-específica de novos transcritos humanos.
- Identificamos 11 seqüências diferencialmente expressas entre tecidos normais e tumorais, sendo expressas com uma diferença estatisticamente significativa de pelo menos 2 vezes entre os dois tipos de tecidos (valor de  $p < 0,05$  e razão  $> 2$ ) (Figura 23). Oito delas já foram agrupadas no UniGene e portanto, possuem uma anotação e 3 delas ainda não possuem Hs (Tabela 4).
- A existência de transcritos referentes a 11 de 12 seqüências que não sofrem processamento e 1 de 8 seqüências que sofrem processamento foi validada em amostras de tecidos normais ou tumorais.

## 7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Adams MD, Kelley JM, Gocayne JD, et al. Complementary DNA sequencing: expressed sequence tags and human genome project. **Science** 1991; 252:1651-6.

Adams MD, Kerlavage AR, Fleischmann RD, et al. Initial assessment of human gene diversity and expression patterns based upon 83 million nucleotides of cDNA sequence. **Nature** 1995; 377:3-174.

Aouacheria A, Navratil V, Barthelaix A, Mouchiroud D, Gautier C. Bioinformatic screening of human ESTs for differentially expressed genes in normal and tumor tissues. **BMC Genomics** 2006; 7:94.

Babenko VN, Basu MK, Kondrashov FA, Rogozin IB, Koonin EV. Signs of positive selection of somatic mutations in human cancers detected by EST sequence analysis. **BMC Cancer** 2006; 6:36.

Bailey LC Jr, Searls DB, Overton GC. Analysis of EST-driven gene annotation in human genomic sequence. **Genome Res** 1998; 8:362-76.

Barreto BD. **Identificação de assinaturas moleculares preditoras de resposta à quimio e radioterapia combinada em tumores localmente avançados de laringe e hipofaringe**. São Paulo; 2005. [Dissertação de Mestrado-Fundação Antônio Prudente].

Boguski MS, Tolstoshev CM, Bassett DE Jr. Gene discovery in dbEST. **Science** 1994; 265:1993-4.

Boguski MS, Schuler GD. ESTablishing a human transcript map. **Nat Genet** 1995; 10:369-71.

Boguski MS. The turning point in genome research. **Trends Biochem Sci** 1995; 20:295-6.

Bonaldo MF, Lennon G, Soares MB. Normalization and subtraction: two approaches to facilitate gene discovery. **Genome Res** 1996; 6:791-806.

Bortoluzzi S, d'Alessi F, Danieli GA. A novel resource for the study of genes expressed in the adult human retina. **Invest Ophthalmol Vis Sci** 2000; 41:3305-8.

Brentani H, Caballero OL, Camargo AA, et al. The generation and utilization of a cancer-oriented representation of the human transcriptome by using expressed sequence tags. **Proc Natl Acad Sci USA** 2003; 100:13418-23.

Brentani RR, Carraro DM, Verjovski-Almeida S, et al. Gene expression arrays in cancer research: methods and applications. **Crit Rev Oncol Hematol** 2005; 54:95-105.

Brody LC, Abel KJ, Castilla LH, et al. Construction of a transcription map surrounding the BRCA1 locus of human chromosome 17. **Genomics** 1995; 25:238-47.

Burset M, Seledtsov IA, Solovyev VV. Analysis of canonical and non-canonical splice sites in mammalian genomes. **Nucleic Acids Res** 2000; 28:4364-75.

Camargo AA, Samaia HP, Dias-Neto E, et al. The contribution of 700,000 ORF sequence tags to the definition of the human transcriptome. **Proc Natl Acad Sci USA** 2001; 98:12103-8. Erratum in: **Proc Natl Acad Sci USA** 2004; 101:414. Melo, M [corrected to Melo, MB].

Camargo AA, de Souza SJ, Brentani RR, Simpson AJ. Human gene discovery through experimental definition of transcribed regions of the human genome. **Curr Opin Chem Biol** 2002; 6:13-6.



Carvalho AF, Neves EJ, Hirata Junior R, Reis LF. Glass slide-based agarose gel electrophoresis for determining the efficiency of RNA amplification and cyanine dye incorporation during RNA labeling. **Biotechniques** 2003; 35:688-92.

Claverie JM. Computational methods for the identification of genes in vertebrate genomic sequences. **Hum Mol Genet** 1997; 6:1735-44.

DeRisi J, Penland L, Brown PO, et al. Use of a cDNA microarray to analyse gene expression patterns in human cancer. **Nat Genet** 1996; 14:457-60.

DeRisi J. Indirect Fluorescent Labeling of DNA with Amino-Allyl Dyes. In: Bowtell D, Sambrook J, editors. **DNA microarrays: a molecular cloning manual**. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press; 2003. p.187-93.

de Souza SJ, Camargo AA, Briones MR, et al. Identification of human chromosome 22 transcribed sequences with ORF expressed sequence tags. **Proc Natl Acad Sci USA** 2000; 97:12690-3.

Dias Neto E, Correa RG, Verjovski-Almeida S, et al. Shotgun sequencing of the human transcriptome with ORF expressed sequence tags. **Proc Natl Acad Sci USA** 2000; 97:3491-6.

Eisen MB, Brown PO. DNA arrays for analysis of gene expression. **Methods Enzymol** 1999; 303:179-205.

Feldman AL, Costouros NG, Wang E, Qian M, Marincola FM, Alexander HR, Libutti SK. Advantages of mRNA amplification for microarray analysis. **Biotechniques** 2002; 33:906-14.

Ferreira EN, Pires LC, Parmigiani RB, et al. Identification and complete sequencing of novel human transcripts through the use of mouse orthologs and testis cDNA sequences. **Genet Mol Res** 2004; 3:493-511.

Foley KP, Leonard MW, Engel JD. Quantitation of RNA using the polymerase chain reaction. **Trends Genet** 1993; 9:380-5.

Fonseca RS. **Avaliação das ORESTES NO MATCH geradas pelo Projeto Genoma Humano do Câncer (LICR/FAPESP-HCGP)**. São Paulo; 2005. [Dissertação de Mestrado-Fundação Antônio Prudente].

Fonseca R da S, Carraro DM, Brentani H. Mining ORESTES no-match database: can we still contribute to câncer transcriptome? **Genet Mol Res** 2006; 5:24-32.

Freeman WM, Walker SJ, Vrana KE. Quantitative RT-PCR: pitfalls and potential. **Biotechniques** 1999; 26:112-25.

Gomes LI, Silva RL, Stolf BS, et al. Comparative analysis of amplified and nonamplified RNA for hybridization in cDNA microarray. **Anal Biochem** 2003; 321:244-51.

Hillier LD, Lennon G, Becker M, et al. Generation and analysis of 280,000 human expressed sequence tags. **Genome Res** 1996; 6:807-28.

Hintze JL, Nelson RD. Violin plots: a box plot-density trace synergism. **Am Statistician** 1998; 52:181-4.

Huminiecki L, Bicknell R. In silico cloning of novel endothelial-specific genes. **Genome Res** 2000; 10:1796-806.

Kan Z, Rouchka EC, Gish WR, States DJ. Gene structure prediction and alternative splicing analysis using genomically aligned ESTs. **Genome Res** 2001; 11:889-900.

Lander ES, Linton LM, Birren B, et al. International Human Genome Sequencing Consortium. Initial sequencing and analysis of the human genome. **Nature** 2001; 409:860-921. Erratum in: **Nature** 2001; 412:565. **Nature** 2001; 411:720. Szustakowki, J [corrected to Szustakowski, J].

Larsson TP, Murray CG, Hill T, Fredriksson R, Schioth HB. Comparison of the current RefSeq, Ensembl and EST databases for counting genes and gene discovery. **FEBS Lett** 2005; 579:690-8.

Lee Y, Sultana R, Pertea G, et al. Cross-referencing eukaryotic genomes: TIGR Orthologous Gene Alignments (TOGA). **Genome Res** 2002; 12:493-502.

Liang F, Holt I, Pertea G, Karamycheva S, Salzberg SL, Quackenbush J. An optimized protocol for analysis of EST sequences. **Nucleic Acids Res** 2000a; 28:3657-65.

Liang F, Holt I, Pertea G, Karamycheva S, Salzberg SL, Quackenbush J. Gene index analysis of the human genome estimates approximately 120,000 genes. **Nat Genet** 2000; 25:239-40. Erratum in: **Nat Genet** 2000b; 26:501.

Liew CC, Hwang DM, Fung YW, et al. A catalogue of genes in the cardiovascular system as identified by expressed sequence tags. **Proc Natl Acad Sci USA** 1994; 91:10645-9.

Liotta L, Petricoin E. Molecular profiling of human cancer. **Nat Rev Genet** 2000; 1:48-56.

Mao M, Fu G, Wu JS, et al. Identification of genes expressed in human CD34(+) hematopoietic stem/progenitor cells by expressed sequence tags and efficient full-length cDNA cloning. **Proc Natl Acad Sci USA** 1998; 95:8175-80.

Marone M, Mozzetti S, De Ritis D, Pierelli L, Scambia G. Semiquantitative RT-PCR analysis to assess the expression levels of multiple transcripts from the same sample. **Biol Proced Online** 2001; 3:19-25.

Maxam AM, Gilbert W. A new method for sequencing DNA. **Proc Natl Acad Sci USA** 1977; 74:560-4.

Ministério da Saúde. Secretaria de Atenção à Saúde. Instituto Nacional de Câncer. **Estimativa 2006: incidência de câncer no Brasil**. Rio de Janeiro: INCA; 2005.

Modrek B, Resch A, Grasso C, Lee C. Genome-wide detection of alternative splicing in expressed sequences of human genes. **Nucleic Acids Res** 2001; 29:2850-9.

Myers TG, Anderson NL, Waltham M, et al. A protein expression database for the molecular pharmacology of cancer. **Electrophoresis** 1997; 18:647-53.

[NCBI] National Center for Biotechnology Information. **Entrez gene: gene statistics**. These statistics last updated Fri Apr 20 05:05:53 2007. Available from: <URL: [http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/Gene/gentrez\\_stats.cgi](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/Gene/gentrez_stats.cgi)> [2007 abril 18]

Nagaraj SH, Gasser RB, Ranganathan S. A hitchhiker's guide to expressed sequence tag (EST) analysis. **Brief Bioinform**. 2007; 8:6-21.

Okubo K, Hori N, Matoba R, et al. Large scale cDNA sequencing for analysis of quantitative and qualitative aspects of gene expression. **Nat Genet** 1992; 2:173-9.

Penn SG, Rank DR, Hanzel DK, Barker DL. Mining the human genome using microarrays of open reading frames. **Nat Genet** 2000; 26:315-8.

Perou CM, Jeffrey SS, van de Rijn M, et al. Distinctive gene expression patterns in human mammary epithelial cells and breast cancers. **Proc Natl Acad Sci USA** 1999; 96:9212-7.

Perou CM, Sorlie T, Eisen MB, et al. Molecular portraits of human breast tumours. **Nature** 2000; 406:747-52.

Pollack JR. RNA. Common Reference Set. In: Bowtell D, Sambrook J, editors. **DNA microarrays: a molecular cloning manual**. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press; 2003. p.168-72..

Pusztai L, Ayers M, Stec J, Hortobagyi GN. Clinical application of cDNA microarrays in oncology. **Oncologist** 2003; 8:252-8.

Quackenbush J. Computational analysis of microarray data. **Nat Rev Genet** 2001; 2:418-27.

Ramaswamy S, Golub TR. DNA microarrays in clinical oncology. **J Clin Oncol** 2002; 20:1932-41.

Rogic S, Mackworth AK, Ouellette FB. Evaluation of gene-finding programs on mammalian sequences. **Genome Res** 2001; 11:817-32.

Ross DT, Scherf U, Eisen MB, et al. Systematic variation in gene expression patterns in human cancer cell lines. **Nat Genet** 2000; 24:227-35.

Sanger F, Nicklen S, Coulson AR. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. **Proc Natl Acad Sci USA** 1977; 74:5463-7.

Sargent TD. Isolation of differentially expressed genes. **Methods Enzymol** 1987; 152:423-32.

Scheetz TE, Laffin JJ, Berger B, et al. High-throughput gene discovery in the rat. **Genome Res** 2004; 14:733-41.

Schena M, Shalon D, Davis RW, Brown PO. Quantitative monitoring of gene expression patterns with a complementary DNA microarray. **Science** 1995; 270:467-70.

Schena M, Shalon D, Heller R, Chai A, Brown PO, Davis RW. Parallel human genome analysis: microarray-based expression monitoring of 1000 genes. **Proc Natl Acad Sci USA** 1996; 93:10614-9.

Schuler GD, Boguski MS, Stewart EA, et al. A gene map of the human genome. **Science** 1996; 274:540-6.

Shoemaker DD, Schadt EE, Armour CD, et al. Experimental annotation of the human genome using microarray technology. **Nature** 2001; 409:922-7.

Sorek R, Safer HM. A novel algorithm for computational identification of contaminated EST libraries. **Nucleic Acids Res** 2003; 31:1067-74.

Soares MB, Bonaldo MF, Jelene P, Su L, Lawton L, Efstratiadis A. Construction and characterization of a normalized cDNA library. **Proc Natl Acad Sci U S A** 1994; 91:9228-32.

Sterky F, Regan S, Karlsson J, et al. Gene discovery in the wood-forming tissues of poplar: analysis of 5, 692 expressed sequence tags. **Proc Natl Acad Sci USA** 1998; 95:13330-5.

Sterky F, Lundeberg J. Sequence analysis of genes and genomes. **J Biotechnol** 2000; 76:1-31.

Van Gelder RN, von Zastrow ME, Yool A, Dement WC, Barchas JD, Eberwine JH. Amplified RNA synthesized from limited quantities of heterogeneous cDNA. **Proc Natl Acad Sci USA** 1990; 87:1663-7.

Vasmatazis G, Essand M, Brinkmann U, Lee B, Pastan I. Discovery of three genes specifically expressed in human prostate by expressed sequence tag database analysis. **Proc Natl Acad Sci U S A** 1998; 95:300-4.

Venter JC, Adams MD, Myers EW, et al. The sequence of the human genome. **Science** 2001; 291:1304-51. Erratum in: **Science** 2001; 292:1838.

Wang Z, Lo HS, Yang H, et al. Computational analysis and experimental validation of tumor-associated alternative RNA splicing in human cancer. **Cancer Res** 2003; 63:655-7.

Wolfsberg TG, Landsman D. A comparison of expressed sequence tags (ESTs) to human genomic sequences. **Nucleic Acids Res** 1997; 25:1626-32.

Yang IV, Chen E, Hasseman JP, et al. Within the fold: assessing differential expression measures and reproducibility in microarray assays. **Genome Biol** 2002; 3:research0062.

Yang YH, Dudoit S, Luu P, et al. Normalization for cDNA microarray data: a robust composite method addressing single and multiple slide systematic variation. **Nucleic Acids Res** 2002; 30:e15.

Yang YH, Speed T. Designed issues for cDNA microarray experiments. **Nat Rev Genet** 2002; 3:579-88.

Yu Y, Zhang C, Zhou G, et al. Gene expression profiling in human fetal liver and identification of tissue-and developmental-stage-specific genes through compiled expression profiles and efficient cloning of full-length cDNAs. **Genome Res** 2001; 11:1392-403.



***ANEXOS***

---

**Anexo 1 - Lista dos 3.194 novos transcritos humanos**

Número ORESTES	Número de acesso	Intensidade (A)	Tipo de seqüência
MR3-UT0050-120900-008-d09	BF380117	7,310638014	sem_Hs
MR0-HT0559-060600-030-d11	BF351854	7,388045321	sem_Hs
QV0-BN0042-050500-216-b07	AW995667	7,463480064	sem_Hs
RC0-HT0859-080800-022-f09	CV405288	7,46366478	sem_Hs
MR0-HT0157-021299-004-h04	BE142727	7,501237658	sem_Hs
RC2-GN0135-041000-011-g06	BF986673	7,515289314	sem_Hs
RC0-EN0080-061200-032-a02	BF851872	7,568970925	sem_Hs
QV1-DT0069-110200-067-d06	AW939148	7,57147264	sem_Hs
MR0-GN0024-290800-005-e04	CV341130	7,606010566	sem_Hs
QV0-EN0058-261000-442-f10	BF846766	7,607038899	sem_Hs
IL3-CT0219-160200-063-G08	AW850672	7,618757967	sem_Hs
MR1-SN0063-050500-003-b06	AW868606	7,626916088	sem_Hs
RC3-BT0333-250200-015-f01	BE066432	7,63416616	sem_Hs
RC0-TN0078-310700-031-g03	BF376796	7,634637318	sem_Hs
PM2-HT0338-131299-001-c01	BE153439	7,637228047	sem_Hs
MR0-SN0037-270400-007-g01	AW867638	7,656533085	sem_Hs
MR0-SN0040-080600-006-c09	BF374059	7,656755994	sem_Hs
RC0-LT0001-131299-031-h06	AW834818	7,659608523	sem_Hs
MR3-ST0192-201199-017-g06	AW813302	7,660841295	sem_Hs
RC2-BN0033-170300-019-h12	AW993495	7,665931222	sem_Hs
QV2-BT0635-311000-441-a07	BF744858	7,670858201	sem_Hs
QV0-HT0103-091199-050-c12	BE141760	7,671717864	sem_Hs
CM0-MT0150-091100-699-f01	BF893093	7,677187631	sem_Hs
RC1-CT0295-241199-011-d11	AW856581	7,686479017	sem_Hs
MR0-HT0209-260400-109-d02	BE146271	7,695530875	sem_Hs
QV0-HT0807-160600-267-f12	BF354932	7,697826076	sem_Hs
MR2-HT1048-151200-001-b06	BF843159	7,698465792	sem_Hs
QV0-ST0247-030200-104-c11	AW817183	7,69949808	sem_Hs
QV1-MT0132-081100-443-c07	BF892973	7,70833112	sem_Hs
PM3-FT0024-240500-001-h04	BF372263	7,716348692	sem_Hs
MR0-NT0038-210400-002-h04	AW890062	7,717085347	sem_Hs
QV0-NT0148-231000-451-a05	BF918783	7,721877144	sem_Hs
CM1-CI0032-191200-630-d09	BF818416	7,727067691	sem_Hs
QV0-CT0225-021099-030-h01	AW851867	7,728601162	sem_Hs
RC0-CT0204-240999-031-a07	AW847295	7,728603098	sem_Hs
RC3-CI0043-111100-023-b09	BF808028	7,730182406	sem_Hs
MR2-GN0158-051100-002-a08	BF995494	7,732647269	sem_Hs
MR2-NN1111-080800-009-g10	CV349636	7,742474761	sem_Hs
MR0-HT0165-030200-007-f09	BE144087	7,745980625	sem_Hs
RC5-GN0046-080800-031-F07	CV424886	7,752371777	sem_Hs
CM3-BN0380-251000-413-c09	BF750287	7,756704139	sem_Hs
QV0-HT0366-131299-074-a03	BE155893	7,758161449	sem_Hs
MR1-TN0020-040900-006-f06	CV346131	7,760514118	sem_Hs
MR0-HT0240-171299-003-f08	BE148296	7,761802451	sem_Hs
CM0-GN0099-031100-573-g09	BF994569	7,762575494	sem_Hs
RC0-CT0204-240999-021-b11	AW847261	7,763141292	sem_Hs
MR2-GN0157-111100-003-f05	BF999539	7,767326812	sem_Hs
RC5-BT0377-030200-012-B04	BE068976	7,770873037	sem_Hs
RC0-TN0078-310700-031-e10	BF376795	7,77138168	sem_Hs
CM1-TN0134-041100-438-c04	BF887708	7,774318633	sem_Hs
QV4-NN0040-070400-160-a10	BF361912	7,783058142	sem_Hs
CM1-CN0060-201200-664-c01	BF767869	7,786422013	sem_Hs
QV1-MT0132-201100-498-g04	BF894921	7,786628241	sem_Hs
MR4-TN0112-120900-102-d05	BF377339	7,788865237	sem_Hs
QV2-NN0045-220800-323-a06	CV391892	7,791037406	sem_Hs

MR0-HT0407-060300-011-f02	BE159486	7,793475465	sem_Hs
MR2-HT1048-151200-002-g02	BF843236	7,795066323	sem_Hs
CM0-NN0005-140300-287-e02	AW892842	7,796802944	sem_Hs
QV2-OT0062-180300-092-d09	AW882566	7,801176437	sem_Hs
QV2-NN0045-131100-414-f12	BF954358	7,80412741	sem_Hs
RC2-ST0164-051099-011-g03	AW811749	7,809840703	sem_Hs
QV4-GN0143-271100-579-a08	CV399804	7,811693371	sem_Hs
QV1-GN0065-140800-318-c09	BF368718	7,813942855	sem_Hs
QV1-BN0398-031000-404-f06	BF748622	7,814164686	sem_Hs
RC0-TN0079-220800-032-f05	CV406670	7,815029896	sem_Hs
MR4-NN0203-271100-201-d07	CV356092	7,815575644	sem_Hs
RC0-CN0025-010200-012-g11	AW842020	7,817023286	sem_Hs
QV1-GN0320-051200-552-e04	BG010297	7,822961988	sem_Hs
QV0-HT0809-210700-308-d05	BF354962	7,823526904	sem_Hs
QV3-SN0054-230800-308-f09	CV397827	7,824023677	sem_Hs
MR0-SN0039-300300-001-f07	AW867841	7,825621299	sem_Hs
PM0-BN0144-280300-001-a08	BE007608	7,828584891	sem_Hs
RC1-HT0623-290300-011-h03	BE180490	7,829607731	sem_Hs
RC1-HT0229-160300-019-h01	BE147713	7,831583966	sem_Hs
QV0-ST0294-070400-186-d06	AW820102	7,831652694	sem_Hs
QV3-KT0015-171100-476-b11	BF736302	7,832452964	sem_Hs
CM1-HT0950-181000-477-g10	BF831936	7,832509951	sem_Hs
PM3-BT0583-170200-001-a03	BE074990	7,833330304	sem_Hs
QV1-CI0175-211100-496-e01	BF812246	7,833993747	sem_Hs
CM1-HT0876-031000-462-h09	BF831220	7,836423508	sem_Hs
QV2-BT0685-090800-298-e08	BQ309886	7,83732889	sem_Hs
MR0-HT0157-040500-011-f04	BE142962	7,843880112	sem_Hs
CM4-LT0057-140100-080-h05	AW838776	7,846562554	sem_Hs
MR0-AN0083-110900-001-c10	CV338191	7,847287558	sem_Hs
RC1-GN0073-160800-021-c09	BF368951	7,848817693	sem_Hs
MR0-HT0559-200400-015-b04	BE173012	7,852595807	sem_Hs
PM0-EN0064-181000-001-f06	BF846222	7,853215007	sem_Hs
QV2-NN0045-060900-353-e12	BF362046	7,855235291	sem_Hs
MR3-CT0465-310800-007-f11	CV351099	7,855404939	sem_Hs
QV3-GN0061-160800-296-e05	BF368585	7,855805754	sem_Hs
QV3-ET0173-011200-512-h03	BF880723	7,855919438	sem_Hs
PM3-HT0909-190900-006-c10	CV374689	7,861712049	sem_Hs
RC2-BT0522-090800-013-e07	CV411423	7,863599799	sem_Hs
PM2-ET0256-180301-006-g08	CV368538	7,865333709	sem_Hs
QV0-ST0215-300300-177-c03	AW815573	7,866431196	sem_Hs
MR2-EN0092-261200-003-e12	BF854307	7,868608494	sem_Hs
CM1-BT0601-180200-121-b07	BE076758	7,869609427	sem_Hs
QV1-MT0132-201100-498-e10	BF894918	7,871290766	sem_Hs
QV3-CT0560-270900-367-d09	BF336908	7,871756798	sem_Hs
QV0-NT0150-031100-477-d05	BF919924	7,872255397	sem_Hs
RC3-CT0347-220300-015-b04	AW858892	7,872562626	sem_Hs
QV2-NN0045-201200-577-b09	BF963333	7,872721452	sem_Hs
PM3-SN0017-280500-006-f06	BF373874	7,873338205	sem_Hs
RC5-NT0182-081200-011-G12	BF929875	7,873544243	sem_Hs
RC1-UT0033-091000-025-a03	BF908007	7,874487061	sem_Hs
QV4-NN1149-021000-443-e09	CV401210	7,874535465	sem_Hs
RC2-CS0018-270900-014-f10	BF229859	7,875198064	sem_Hs
QV1-NN0104-260600-257-d03	CK327142	7,875655986	sem_Hs
QV0-EN0058-261000-442-d04	BF846755	7,878625515	sem_Hs
CM1-MT0245-191200-654-e04	BF903795	7,880279288	sem_Hs
MR2-GN0123-051100-006-e06	BF995639	7,882666668	sem_Hs

PM0-OT0202-010301-002-h11	BI043296	7,884376825	sem_Hs
CM0-GN0101-031100-575-c08	BF994910	7,884534113	sem_Hs
QV2-NN0045-050900-351-c01	BF362002	7,884637867	sem_Hs
CM1-UT0038-140900-414-e02	BF379712	7,885160246	sem_Hs
MR0-NN1120-310700-201-f11	CV342474	7,886299134	sem_Hs
PM0-BN0173-310500-003-A08	BF328367	7,887903498	sem_Hs
PM3-GN0012-280800-001-f12	CV373529	7,88872592	sem_Hs
IL3-CT0213-131299-037-H02	BF334019	7,889576327	sem_Hs
PM0-HT0335-050400-007-C12	BE153195	7,889767002	sem_Hs
QV2-NN0045-140900-375-e09	CV391690	7,889792942	sem_Hs
PM3-HT0925-200101-005-a07	BG989695	7,890344197	sem_Hs
RC3-BN0036-260400-015-f03	AW994462	7,891799345	sem_Hs
MR3-ST0192-180100-109-g07	AW813395	7,892766274	sem_Hs
QV4-NN1148-291100-616-f08	BF958387	7,894448523	sem_Hs
IL3-CT0219-160200-060-D08	AW850591	7,895131044	sem_Hs
QV0-EN0059-261000-444-g06	BF846689	7,897507884	sem_Hs
MR4-BN0389-181000-001-c03	BF749689	7,898513408	sem_Hs
QV1-ET0183-031200-530-e08	BF881466	7,900130379	sem_Hs
RC4-OT0072-090300-011-a06	AW885794	7,900514646	sem_Hs
MR3-KT0050-220101-003-d08	CV353081	7,900549324	sem_Hs
PM0-GN0197-081100-002-d02	BF997196	7,900614118	sem_Hs
CM0-CS0042-301000-638-e04	BF763956	7,901250351	sem_Hs
RC0-HT0862-250700-031-b12	BF355484	7,901313506	sem_Hs
QV0-BT0703-120500-225-g04	BE089659	7,902558527	sem_Hs
CM3-CT0310-180200-098-h04	AW857472	7,904073471	sem_Hs
QV3-EN0009-170700-261-e07	BF358286	7,904508536	sem_Hs
PM0-BT0547-210300-004-E01	BE072810	7,905598036	sem_Hs
CM3-GN0049-080900-336-d02	BF368166	7,906209993	sem_Hs
QV1-BT0681-280300-127-c02	BF332301	7,907170774	sem_Hs
RC0-PT0006-220200-012-g05	AW875198	7,908241555	sem_Hs
QV2-LT0051-260300-111-h11	AW838174	7,908768911	sem_Hs
QV3-ET0171-081200-532-d06	BF883197	7,910413464	sem_Hs
CM1-HT0759-290500-227-d09	CV314681	7,910980863	sem_Hs
QV0-EN0058-261000-441-g12	BF846569	7,911709704	sem_Hs
RC5-BN0158-190400-031-C01	BE008575	7,911895197	sem_Hs
CM1-CI0132-201100-571-c10	BF811833	7,912099983	sem_Hs
MR3-NN0217-031100-005-g09	BF949830	7,912243875	sem_Hs
IL3-HT0618-150600-177-B12	CV332241	7,91378055	sem_Hs
PM3-ET0272-300301-002-g07	BI017093	7,914976572	sem_Hs
CM0-CN0164-160401-814-d03	BG985044	7,915397862	sem_Hs
QV3-KT0016-241100-486-e02	BF736780	7,915814834	sem_Hs
RC4-NT0054-120600-015-c01	BF365784	7,916599298	sem_Hs
PM2-ST0303-230301-011-f06	BI048066	7,91811412	sem_Hs
CM0-UT0003-031100-582-f04	BF910899	7,921634613	sem_Hs
QV0-FN0181-100800-335-e05	CV383047	7,922271436	sem_Hs
RC2-CS0017-041000-018-a06	BF761277	7,922555552	sem_Hs
QV0-HT0809-070700-297-d04	BF354942	7,922933725	sem_Hs
PM2-NN0088-100201-004-a04	BI033229	7,923655989	sem_Hs
CM0-BN0181-290400-353-g12	BE010237	7,924653567	sem_Hs
CM0-CT0815-090401-812-a09	BG960452	7,924718758	sem_Hs
CM1-CT0039-031000-451-g10	BF753617	7,925019806	sem_Hs
CM3-CT0511-080900-330-a08	BF336383	7,926167849	sem_Hs
QV3-ET0176-061200-515-h07	BF882790	7,927377305	sem_Hs
QV3-GN0061-160800-296-c01	BF368582	7,931253942	sem_Hs
RC0-ST0280-271199-011-C08	AW818830	7,931377025	sem_Hs
PM3-GN0182-090101-011-h07	BI051003	7,933931989	sem_Hs

QV4-NN1149-231100-577-d10	BF957014	7,937005797	sem_Hs
MR3-AN0027-080800-004-d02	BF325828	7,937496134	sem_Hs
QV1-HT0638-230500-212-f03	CV387995	7,937568618	sem_Hs
MR3-NN0220-281000-005-a04	CV353463	7,938670955	sem_Hs
CM0-CI0139-311000-656-d01	BF802590	7,939437561	sem_Hs
MR0-SN0040-050500-002-c03	CV342710	7,93958137	sem_Hs
RC2-CN0051-210200-015-h07	AW844519	7,939783611	sem_Hs
RC2-UT0087-130900-011-g09	CV414536	7,939947638	sem_Hs
QV2-NN0045-051000-408-e12	BF943407	7,940395862	sem_Hs
QV3-HT0513-150300-117-a12	BE168024	7,945265756	sem_Hs
MR1-RT0079-260101-013-h05	BI007499	7,946086765	sem_Hs
QV3-GN0335-131200-541-b08	BG012013	7,946633481	sem_Hs
QV1-MT0225-251100-510-e12	BF896657	7,946782701	sem_Hs
MR2-MT0125-310800-007-b07	CV349455	7,948534832	sem_Hs
RC2-DT0007-120200-016-a11	AW935512	7,948721458	sem_Hs
CM3-BT0696-170300-122-e09	BE089058	7,950024747	sem_Hs
MR4-CT0539-210201-011-e03	BG956680	7,950117955	sem_Hs
PM0-ET0155-230101-002-c06	BI013807	7,95167291	sem_Hs
MR2-HN0036-211100-005-g08	BF826381	7,952818764	sem_Hs
RC3-CT0254-230300-028-h06	AW854088	7,953115021	sem_Hs
QV1-LT0036-150200-070-e01	AW836817	7,95353142	sem_Hs
PM0-BT0582-310100-001-f08	BE074959	7,955901211	sem_Hs
RC4-NT0054-120600-015-h09	BF365791	7,956150104	sem_Hs
QV0-BT0041-240999-028-f12	BE060994	7,956545205	sem_Hs
RC5-NN1065-040800-034-H10	CV425519	7,959684641	sem_Hs
QV3-NN1023-010600-199-f11	CV397173	7,960821774	sem_Hs
PM3-UT0058-240800-001-f09	BF380356	7,960993576	sem_Hs
MR0-BN0115-250800-004-e12	CV338601	7,962025761	sem_Hs
QV0-OT0033-070300-152-f08	AW880866	7,962040458	sem_Hs
CM2-HT0283-121199-031-a07	BE151326	7,962877024	sem_Hs
RC0-BT0522-071299-011-c11	BE071803	7,963306939	sem_Hs
QV2-NN0045-011200-499-e02	BF959172	7,96455236	sem_Hs
QV0-NN0183-210700-311-b05	BF363731	7,964833365	sem_Hs
RC1-HT0229-131199-012-h08	BE147363	7,965065464	sem_Hs
QV2-LT0051-260300-111-b01	AW838162	7,96584717	sem_Hs
RC3-GN0089-121100-021-d02	BG000086	7,967920117	sem_Hs
PM3-ET0268-040501-004-a08	CV372803	7,968279302	sem_Hs
QV2-BT0635-060500-199-f03	BE081715	7,968723583	sem_Hs
MR3-SN0066-040500-006-d02	AW869137	7,969529459	sem_Hs
MR2-SN0008-150600-003-c08	BF373821	7,970804131	sem_Hs
RC0-BN0329-210600-021-g01	BF330222	7,971316084	sem_Hs
QV1-ET0180-051200-555-d02	BF882015	7,971420414	sem_Hs
MR0-HT0166-271199-005-d04	BF349626	7,974074015	sem_Hs
MR3-ST0192-211199-016-d09	BF375123	7,976931422	sem_Hs
MR3-NN0220-281000-005-b11	CV353464	7,978098487	sem_Hs
QV0-CT0383-030300-139-h10	AW860610	7,979500593	sem_Hs
PM3-MT0110-281000-011-e10	BF891605	7,979523066	sem_Hs
MR2-BT0590-210200-102-g08	BE075510	7,980123243	sem_Hs
RC0-BN0121-210300-031-d02	BE005966	7,980786846	sem_Hs
MR4-TN0114-130900-102-c03	BF377426	7,980888687	sem_Hs
MR3-UT0129-071200-009-e08	BF915731	7,980923276	sem_Hs
PM2-HT0927-290900-005-h04	CV369513	7,981271488	sem_Hs
RC1-MT0135-171100-021-f06	BF894533	7,981504437	sem_Hs
RC0-BT0626-100800-011-f07	CV403064	7,982122702	sem_Hs
CM0-GN0110-081100-577-g05	BF997589	7,982408421	sem_Hs
CM1-HB0002-141200-651-g10	BF741235	7,982547294	sem_Hs

CM1-MT0238-141200-653-b11	BF902618	7,984469782	sem_Hs
MR2-BN0387-290900-002-f12	CV346953	7,984586277	sem_Hs
PM0-BN0167-120400-001-d05	BE009347	7,98467403	sem_Hs
QV2-NN0045-151200-556-d12	BF962591	7,985066932	sem_Hs
PM0-CI0109-181000-001-g05	BF800563	7,985269793	sem_Hs
QV2-NN0045-140900-373-f12	CV391660	7,986692414	sem_Hs
PM2-BN0254-310500-001-f05	BF329143	7,987212328	sem_Hs
PM3-MT0205-300101-005-e06	BI024564	7,988152818	sem_Hs
CM0-UM0042-020300-261-h06	AW797827	7,989093307	sem_Hs
RC5-GN0194-271100-023-E07	BG006762	7,989529788	sem_Hs
CM1-HT0843-070800-344-g01	BF355407	7,990887154	sem_Hs
CM0-CI0095-041100-600-d06	BF804703	7,992541051	sem_Hs
QV1-BT0632-280800-341-h03	BF331916	7,993159157	sem_Hs
PM3-HT0925-011100-013-d05	BF833630	7,996000651	sem_Hs
PM3-KT0044-180101-013-b09	BG946595	7,99913742	sem_Hs
MR2-SN0005-290500-006-g07	CV350251	7,999517981	sem_Hs
CM2-NN0005-180300-118-g12	AW892924	8,000428818	sem_Hs
QV2-BT0616-051200-519-g09	BF747646	8,000736137	sem_Hs
PM0-HT0911-200301-020-h02	BG997519	8,00112717	sem_Hs
PM2-ST0231-141299-002-d12	AW816287	8,001202337	sem_Hs
QV3-NN1023-010600-199-d12	CV397169	8,002085029	sem_Hs
MR4-HT1051-080501-011-g01	CV355633	8,002719348	sem_Hs
QV3-BN0046-220300-129-h10	AW996546	8,002750953	sem_Hs
QV3-BT0815-200900-350-a01	CV394689	8,003075464	sem_Hs
RC3-BT0502-110300-014-e12	BE070965	8,004815253	sem_Hs
RC2-UT0087-111100-012-f05	BF911935	8,005048124	sem_Hs
MR4-HT1051-150301-004-a06	CV355657	8,006910256	sem_Hs
MR3-GN0031-180900-003-d09	BF367475	8,007645868	sem_Hs
CM0-ET0122-311000-659-h07	BF871388	8,007828166	sem_Hs
MR3-GN0186-201100-011-h10	BG003956	8,00841893	sem_Hs
CM1-NT0270-271200-678-f07	BF935438	8,008470195	sem_Hs
MR4-RT0048-170401-007-a11	CV356971	8,008712671	sem_Hs
CM1-FN0106-100700-305-c08	BF371036	8,008864158	sem_Hs
PM0-CN0150-200301-008-a08	CV359055	8,009084	sem_Hs
RC5-CI0147-011200-031-C12	BF815373	8,010314727	sem_Hs
RC5-NT0053-100500-031-A01	AW890789	8,010419378	sem_Hs
QV3-NN1023-260400-169-d08	AW902262	8,01095347	sem_Hs
MR0-TN0106-200900-201-g06	CV342868	8,010953828	sem_Hs
QV2-NN0045-131100-429-d03	BF954278	8,011230901	sem_Hs
MR4-ST0124-261099-015-f04	AW809660	8,012301665	sem_Hs
PM0-BN0144-280300-001-b12	BE007616	8,014760994	sem_Hs
RC5-OT0078-150300-021-E04	AW886153	8,014789687	sem_Hs
RC1-GN0269-111200-021-e05	BG011815	8,018976096	sem_Hs
MR3-FN0206-020201-006-c09	CV351487	8,020213949	sem_Hs
QV4-BT0407-240200-115-h09	BE070407	8,020917606	sem_Hs
PM2-NN0088-180500-002-f12	BF362893	8,020994604	sem_Hs
PM3-ET0207-090101-004-d01	CV372539	8,02138116	sem_Hs
MR3-GN0151-031100-002-f02	BF995169	8,022458628	sem_Hs
MR0-SN0040-250500-004-b09	CV342742	8,024075267	sem_Hs
RC5-BN0192-100500-021-D07	BE010910	8,02559807	sem_Hs
CM3-GN0092-230900-368-a06	CV321607	8,02632563	sem_Hs
PM1-HT0628-310800-009-c02	BF353179	8,02648404	sem_Hs
PM0-NT0074-160500-001-F03	CV362179	8,026535311	sem_Hs
QV0-FN0182-140700-305-d08	BF371781	8,027529546	sem_Hs
PM0-CT0263-201099-003-a12	AW854920	8,028845851	sem_Hs
MR4-ST0125-170400-007-f02	AW810560	8,029216621	sem_Hs

CM3-CT0513-250800-308-h11	BF336405	8,029343649	sem_Hs
QV3-HT0636-160800-299-g03	BF353223	8,034175157	sem_Hs
QV3-BN0047-140400-153-a07	AW997022	8,034860184	sem_Hs
PM0-BN0173-181000-006-h12	BF749766	8,034954161	sem_Hs
QV2-HT0698-020800-295-a11	CV390736	8,035662025	sem_Hs
MR1-ET0144-101100-007-g08	BF874987	8,037427834	sem_Hs
PM3-CT0645-220101-001-d01	BG953430	8,037747277	sem_Hs
QV3-OT0065-260400-167-h01	AW884572	8,038125718	sem_Hs
PM2-TN0101-070900-001-a04	CV370935	8,038993317	sem_Hs
RC5-BT0624-180400-014-F08	BE079594	8,039442148	sem_Hs
RC0-TN0079-010800-031-d12	CV406629	8,040553713	sem_Hs
MR2-HT1161-180101-005-g03	BG988938	8,041696559	sem_Hs
RC2-BN0032-160200-012-d09	CV411074	8,041727108	sem_Hs
CM1-CI0092-141100-547-c12	BF808556	8,042509028	sem_Hs
QV3-ET0171-231100-487-b10	BF879194	8,042521207	sem_Hs
RC5-BN0282-020600-031-F12	BF329800	8,044164825	sem_Hs
QV4-HT0536-020300-127-g08	BE170175	8,044845275	sem_Hs
MR2-BN0387-290900-001-h06	CV346933	8,045071106	sem_Hs
MR1-HT1136-221200-009-h07	CV345108	8,04515611	sem_Hs
CM0-OT0211-200401-822-a11	BI044617	8,045189117	sem_Hs
MR1-RT0038-181200-006-d07	BF823320	8,045554539	sem_Hs
PM0-BN0144-240500-003-h07	CV358610	8,046838877	sem_Hs
RC0-UT0028-080800-021-h01	BF379410	8,047036669	sem_Hs
MR3-HT0713-080600-023-c04	CV352639	8,047229585	sem_Hs
CM0-ET0121-311000-658-d01	BF871129	8,047791984	sem_Hs
RC0-ET0070-290500-031-b03	BF359236	8,04804375	sem_Hs
QV1-CT0417-070800-297-e09	BF335117	8,049191765	sem_Hs
RC4-NN0025-150400-012-e12	AW893787	8,050488807	sem_Hs
QV2-NN0042-160800-309-b03	BF361922	8,051156589	sem_Hs
RC1-BN0413-041000-021-g11	CV407066	8,052069627	sem_Hs
MR3-ST0220-261199-011-f05	AW816006	8,052126334	sem_Hs
RC4-ET0134-151100-011-a05	BF877003	8,05218479	sem_Hs
QV2-ST0296-150200-028-f09	AW820323	8,052639672	sem_Hs
PM0-TN0162-130900-001-d12	CV362825	8,055013019	sem_Hs
RC4-OT0071-170300-012-a12	AW885635	8,055698417	sem_Hs
MR1-NT0179-171100-004-f09	BF921593	8,057534697	sem_Hs
QV2-LT0038-270300-108-f10	AW837356	8,058975466	sem_Hs
MR3-ST0191-040100-023-g05	CV353812	8,06081763	sem_Hs
MR4-GN0228-040501-001-f06	CV355250	8,061032041	sem_Hs
CM0-HT0916-070900-521-e05	BF356898	8,062979879	sem_Hs
RC1-BT0314-030500-016-d03	BE065387	8,063000597	sem_Hs
MR1-CT0355-180200-006-e11	CV343995	8,063140939	sem_Hs
QV2-NN0045-131100-424-f05	BF954224	8,063956833	sem_Hs
QV2-NN0045-211100-495-h11	BF956316	8,065661475	sem_Hs
MR4-TN0111-110900-201-g07	CV357691	8,066628423	sem_Hs
QV0-HT0101-061099-032-d10	CV383366	8,06861173	sem_Hs
QV3-NN1023-260400-168-e08	AW902204	8,069225101	sem_Hs
MR0-UT0049-021100-109-f01	BF910617	8,069897865	sem_Hs
PM2-FT0025-280500-001-d10	CV368793	8,071455809	sem_Hs
RC3-GN0271-091200-021-e09	BG011332	8,071629098	sem_Hs
IL3-CT0219-271099-022-H04	AW850176	8,071817326	sem_Hs
PM2-UM0053-200401-018-d02	BI049104	8,072274145	sem_Hs
MR3-FN0209-060201-012-c05	BI046360	8,073034124	sem_Hs
QV4-HT0538-170300-142-e02	BE170535	8,073264438	sem_Hs
RC5-NT0035-260400-021-C06	AW889845	8,073673796	sem_Hs
QV3-BN0047-210300-124-e01	AW996964	8,074728917	sem_Hs



RC2-CT0304-080100-011-e08	AW857197	8,0748203	sem_Hs
PM3-UT0058-221000-011-g09	BF909946	8,075983902	sem_Hs
CM0-GN0101-181100-567-g06	BG003529	8,076518455	sem_Hs
QV1-HT0638-070500-191-g07	BE181659	8,076702089	sem_Hs
MR0-HT0078-231199-006-g05	BE141364	8,077217161	sem_Hs
QV1-BT0631-210300-120-g07	BE081048	8,077222415	sem_Hs
QV1-BT0631-180200-078-f10	BE080841	8,077876486	sem_Hs
MR1-BT0404-080300-002-f06	BE069953	8,078455705	sem_Hs
MR1-HT1184-181200-001-b10	BF843852	8,079108876	sem_Hs
MR2-ST0129-300999-006-c03	AW810690	8,079446606	sem_Hs
RC2-UT0023-040800-012-g07	BF379346	8,079758041	sem_Hs
MR1-RT0029-131100-002-e09	BF819894	8,081985469	sem_Hs
MR2-CI0186-050101-011-c03	BG977621	8,084422065	sem_Hs
PM3-MT0034-050800-001-a07	CV375175	8,086814901	sem_Hs
QV0-LT0014-250200-130-d09	AW835367	8,087091419	sem_Hs
CM1-AN0080-011100-523-d07	BF735279	8,087665064	sem_Hs
CM4-BT0266-091199-039-d03	BE063106	8,087985083	sem_Hs
MR2-BN0364-280800-005-c10	CV346777	8,090014066	sem_Hs
PM0-HT0913-280201-009-d08	CV361080	8,090051221	sem_Hs
PM3-CN0153-190301-001-h02	BG984105	8,090061241	sem_Hs
MR3-NN1124-310700-015-h06	BE704324	8,090204353	sem_Hs
RC2-CT0298-150200-015-b01	AW856840	8,090320732	sem_Hs
QV1-BT0681-040400-134-h01	BE087759	8,091165251	sem_Hs
CM3-GN0049-151100-359-b11	BG001769	8,09181739	sem_Hs
MR0-HT0162-131299-008-b11	CV341438	8,091869797	sem_Hs
PM0-HT0911-030201-009-d09	CV360710	8,092181024	sem_Hs
PM0-TN0030-210800-001-g10	CV362752	8,093724764	sem_Hs
RC1-CT0414-260700-011-d06	BF335040	8,094501713	sem_Hs
MR0-HT0559-020800-032-c05	BF351830	8,095530131	sem_Hs
MR3-ST0220-261199-011-c09	AW816004	8,096154727	sem_Hs
RC3-GN0089-121100-021-d05	CV416676	8,099209282	sem_Hs
MR0-AN0083-150900-002-c02	BF326180	8,099545867	sem_Hs
QV2-NN0045-290800-337-d08	CV392054	8,100175226	sem_Hs
MR3-GN0186-241100-008-d10	BG005528	8,100358068	sem_Hs
CM1-ST0182-261099-025-e07	AW812576	8,100505165	sem_Hs
PM0-HT0339-210600-013-e09	CV360598	8,100515749	sem_Hs
QV3-NN0199-041000-374-c10	BF943280	8,100854389	sem_Hs
RC4-NT0257-060201-021-g11	BI040466	8,10339441	sem_Hs
MR0-NT0039-290600-005-f06	BF365582	8,10416318	sem_Hs
QV1-CS0007-031000-405-f11	BF761038	8,104479243	sem_Hs
QV2-NN0054-220800-329-h11	CV392307	8,105043963	sem_Hs
QV0-HT0216-011199-043-g06	BE146492	8,105751552	sem_Hs
PM3-ET0268-240501-014-b12	CV373007	8,106332468	sem_Hs
CM0-HT0919-310800-526-c06	CV311380	8,108883039	sem_Hs
QV4-BN0090-300300-158-a08	BE002809	8,110062633	sem_Hs
QV2-NN0045-050900-351-e05	BF362005	8,110929505	sem_Hs
PM2-ST0303-030200-005-c12	AW821166	8,11100096	sem_Hs
MR4-RT0045-220201-002-c09	BI009129	8,112119309	sem_Hs
QV4-FT0004-200700-301-d02	BF371924	8,112557603	sem_Hs
MR2-NT0138-081200-006-d03	BF929588	8,113472642	sem_Hs
QV4-GN0143-271100-579-b10	BG001374	8,113645759	sem_Hs
CM0-GN0101-031100-579-d02	BF994732	8,114197249	sem_Hs
RC1-CT0198-220999-012-D06	AW847005	8,115953194	sem_Hs
RC1-UT0063-091000-014-f04	BF907963	8,116100483	sem_Hs
RC2-ET0019-200600-017-f03	BE827719	8,117635969	sem_Hs
QV4-HT0893-180800-359-f03	CV400463	8,117855014	sem_Hs

MR1-CT0528-260900-004-h12	CV344078	8,119159949	sem_Hs
QV0-LT0014-250200-130-f08	AW835371	8,119445799	sem_Hs
QV4-NN0039-070400-161-c09	AW895754	8,121062917	sem_Hs
RC3-GN0089-121100-021-a10	BG000076	8,122221758	sem_Hs
MR0-HT0241-200100-006-a12	BE148443	8,124181606	sem_Hs
MR4-CT0537-191000-001-f08	BF755130	8,127886928	sem_Hs
MR2-GN0027-040900-001-f12	CV347871	8,128583611	sem_Hs
QV3-GN0061-310800-315-b12	CK327196	8,129637493	sem_Hs
QV2-NN0045-151200-554-c09	BF962471	8,130005021	sem_Hs
PM2-BT0828-041100-003-e01	BF745952	8,133532761	sem_Hs
RC0-BN0312-080600-021-h09	BF330168	8,134394433	sem_Hs
MR1-CI0181-061100-001-e09	BF805302	8,135328329	sem_Hs
RC1-HT0939-160800-022-a04	CV409647	8,137084626	sem_Hs
MR1-CT0528-140900-002-a08	CV344045	8,138943074	sem_Hs
RC5-BN0192-010900-025-B06	BF328575	8,141387684	sem_Hs
QV2-NN0045-201200-574-h03	BF963246	8,141777254	sem_Hs
PM3-NT0312-250501-010-b12	CV376012	8,141877366	sem_Hs
PM3-BN0257-150600-003-c10	CV371549	8,143150587	sem_Hs
MR2-BN0386-051000-011-g12	BF748997	8,145894346	sem_Hs
RC1-HT0623-290300-011-a04	BE180475	8,146859129	sem_Hs
QV1-BT0681-290400-181-g05	BE087845	8,147569924	sem_Hs
RC5-NT0182-081200-011-H03	BF929876	8,149502116	sem_Hs
RC2-FN0094-060600-011-e11	CV412925	8,150013248	sem_Hs
RC4-CN0048-140100-011-a01	AW844083	8,153350232	sem_Hs
CM1-HN0016-081100-554-c05	BF824887	8,15345875	sem_Hs
CM0-GN0163-311000-649-f11	BF990952	8,155107949	sem_Hs
QV3-GN0205-301000-433-g05	BF992055	8,156880504	sem_Hs
RC0-FN0081-010600-021-e02	CV404494	8,156898504	sem_Hs
QV2-NN0045-071200-528-f11	BF960812	8,158945999	sem_Hs
MR4-ST0124-040500-007-h07	AW810169	8,159753177	sem_Hs
QV0-CT0225-100400-187-h04	AW852297	8,160404249	sem_Hs
QV2-BT0685-270600-257-f07	CV389455	8,160877939	sem_Hs
QV0-ST0294-070300-151-b12	AW819853	8,162155744	sem_Hs
MR4-CT0537-230101-006-b01	BG953552	8,162310679	sem_Hs
CM1-GN0161-181000-473-e04	BF988738	8,163654757	sem_Hs
PM0-BN0173-200101-011-e04	BG949867	8,16369371	sem_Hs
IL3-CT0219-281099-024-G08	AW850211	8,164040967	sem_Hs
PM3-BT0584-190100-001-h05	BE075010	8,165127337	sem_Hs
CM3-CT0483-080900-339-g07	CV320583	8,165400649	sem_Hs
QV1-GN0199-071100-466-e07	BF996341	8,166798313	sem_Hs
QV0-CT0225-280700-316-h05	CV382570	8,167805123	sem_Hs
MR0-HT0157-270800-013-c12	BF349493	8,167928523	sem_Hs
MR1-CI0182-071100-001-g09	BF806006	8,168377394	sem_Hs
RC2-AN0062-290700-011-g04	BF326068	8,170077257	sem_Hs
MR3-UT0106-231100-003-e12	BF913096	8,170298146	sem_Hs
QV4-OT0069-290200-118-e10	AW885434	8,171924434	sem_Hs
PM0-HT0425-170100-002-c10	BE161174	8,172305332	sem_Hs
QV2-NN0045-241100-510-h07	BF957355	8,173002635	sem_Hs
RC5-NT0053-100500-021-D03	AW890867	8,174003343	sem_Hs
CM3-HT0806-070700-233-e05	BF354926	8,17406813	sem_Hs
CM0-NN1155-271000-634-h11	BF946128	8,174675017	sem_Hs
CM1-NN0033-040400-175-g12	AW894836	8,175387323	sem_Hs
MR1-RT0041-041200-006-c02	BF821878	8,175502922	sem_Hs
CM3-GN0049-160900-351-d10	BF368227	8,176315982	sem_Hs
CM1-DT0049-060300-136-f11	AW938140	8,178521228	sem_Hs
QV1-FT0169-170700-279-g07	CV386881	8,17859991	sem_Hs

MR0-BN0070-070800-033-d04	BF327184	8,178829778	sem_Hs
PM3-ET0153-271200-005-e07	BF884731	8,182308287	sem_Hs
PM0-GN0210-230101-003-h06	BI053210	8,184375398	sem_Hs
QV4-HT0492-280100-089-b11	BE166325	8,185241959	sem_Hs
PM0-CT0642-240401-007-C04	BG961605	8,185973754	sem_Hs
CM1-BN0324-080800-346-d11	BF330208	8,188105101	sem_Hs
PM0-GN0197-081100-002-h02	BF997215	8,188844012	sem_Hs
MR0-BN0070-270500-026-b06	BF327294	8,189407439	sem_Hs
RC3-GN0076-170800-011-f01	BF369157	8,189491098	sem_Hs
RC0-AN0041-110700-021-b07	BF325869	8,192512834	sem_Hs
MR3-ST0203-131299-111-c05	AW814226	8,195284221	sem_Hs
CM1-NN0063-280400-203-e03	AW897783	8,199193609	sem_Hs
CM1-HT0950-031000-467-e08	CV315396	8,199787839	sem_Hs
MR2-OT0079-100500-002-d11	AW886345	8,200972026	sem_Hs
RC2-CT0432-310700-013-a07	BF335226	8,202834692	sem_Hs
CM0-TN0037-070900-531-e06	BF376255	8,203519985	sem_Hs
MR2-ST0129-191199-003-d01	AW810894	8,204069749	sem_Hs
QV4-UM0095-100300-134-h07	AW805027	8,20679559	sem_Hs
QV3-BT0537-221299-048-g01	BE072349	8,207385602	sem_Hs
MR1-HT1064-271200-012-b12	BF845241	8,207733484	sem_Hs
PM0-HT0425-170100-002-e10	BE160994	8,208482065	sem_Hs
QV0-HT0368-040100-082-g11	BE156465	8,211785096	sem_Hs
MR4-HR1000-080501-003-g08	CV355534	8,212089003	sem_Hs
QV0-BT0847-250900-410-e06	BF333281	8,212750943	sem_Hs
RC3-CT0347-220300-015-e01	AW858894	8,215943991	sem_Hs
CM3-BN0380-251000-413-d04	BF750288	8,217452967	sem_Hs
MR4-RT0045-300301-005-d11	BI009632	8,218403012	sem_Hs
QV2-BT0636-060500-198-f02	BE082110	8,219125538	sem_Hs
QV4-ST0023-160400-172-a10	AW806883	8,221908608	sem_Hs
MR4-GN0191-210501-104-e12	CV355214	8,223168818	sem_Hs
MR0-BN0189-170400-002-g01	BE010744	8,223426297	sem_Hs
PM1-HT0628-310800-009-f10	CV365117	8,224212995	sem_Hs
RC5-NT0182-081200-011-B11	BF929852	8,225956011	sem_Hs
MR0-RT0037-061200-003-h07	BF822500	8,226055404	sem_Hs
MR4-LT0077-030400-205-d01	AW840227	8,226646895	sem_Hs
MR3-SN0067-240400-006-d03	AW869326	8,226754399	sem_Hs
QV4-CT0491-240800-378-c12	CV398930	8,226896407	sem_Hs
CM3-GN0049-080900-336-e10	CV321368	8,228345012	sem_Hs
RC2-CT0434-310700-012-c03	BF335249	8,229653935	sem_Hs
QV1-HT0474-070300-098-b10	BE165446	8,233009303	sem_Hs
QV2-BT0684-220800-325-f04	CV389378	8,233267105	sem_Hs
RC1-BT0814-200900-012-e02	CV407392	8,233478737	sem_Hs
QV3-DT0045-210100-063-h01	AW937739	8,233561406	sem_Hs
QV2-NN0054-150800-319-c06	BF362413	8,237572257	sem_Hs
QV1-FT0202-071100-465-e07	BF857841	8,238930948	sem_Hs
MR2-CI0127-291100-005-a08	BF814573	8,241160887	sem_Hs
QV1-LT0036-150200-074-h06	AW836922	8,244099139	sem_Hs
MR3-UT0106-271100-006-b02	CV354238	8,244953428	sem_Hs
CM3-GN0047-160900-358-g03	BF368133	8,247679217	sem_Hs
QV4-TT0008-161199-033-g06	AW833632	8,249028659	sem_Hs
RC0-CT0084-090999-001-E02	AW176743	8,251891012	sem_Hs
RC2-CT0304-120200-012-f06	AW861328	8,254307382	sem_Hs
CM3-NN0061-140400-147-h09	AW897643	8,257571106	sem_Hs
QV4-BN0090-040500-195-a07	BE003186	8,260585662	sem_Hs
CM0-BN0272-100600-419-e12	CV309419	8,261285105	sem_Hs
PM3-ET0153-070101-007-b11	BI012683	8,262965497	sem_Hs

MR2-GN0157-111100-003-h03	BF999544	8,264341525	sem_Hs
QV3-GN0061-140800-276-g02	BF368572	8,265186141	sem_Hs
MR1-RT0041-041200-006-b04	BF821875	8,266353022	sem_Hs
QV4-EN0040-250500-226-f01	BF358517	8,267367974	sem_Hs
MR1-ST0206-130400-023-g04	AW814941	8,268064705	sem_Hs
RC5-NN1055-260400-021-D08	AW904484	8,269783891	sem_Hs
MR2-SN0005-250500-009-g07	CV350243	8,270496591	sem_Hs
QV2-UT0054-200900-382-c12	CV393899	8,270784749	sem_Hs
PM0-ET0208-200101-004-h06	BI013239	8,273877946	sem_Hs
MR1-ET0144-011100-002-h07	CV344314	8,274202359	sem_Hs
QV4-FT0004-180500-222-d12	BF371907	8,277464266	sem_Hs
RC2-CN0085-311200-110-d11	BF768361	8,277764147	sem_Hs
RC2-FN0094-100700-018-b06	CV412929	8,279999683	sem_Hs
QV1-MT0132-081100-443-b09	BF892971	8,280979409	sem_Hs
CM0-CS0042-301000-638-d12	BF763955	8,280989736	sem_Hs
PM2-SN0013-180300-002-d10	AW864030	8,281301758	sem_Hs
MR2-CN0037-240200-102-b01	AW842889	8,282223658	sem_Hs
RC0-MT0059-200600-021-b06	CV406065	8,282899757	sem_Hs
CM1-UT0038-210900-425-d12	CV316598	8,284236003	sem_Hs
CM2-HT0244-081199-029-e12	BE148859	8,285885852	sem_Hs
QV2-NN0045-130900-368-b05	CV391509	8,287179953	sem_Hs
QV0-TT0009-161199-052-e02	AW833941	8,287704288	sem_Hs
CM0-GN0080-150900-557-a10	CV310833	8,28814792	sem_Hs
RC1-CT0409-270700-021-c11	BF334909	8,291340402	sem_Hs
QV0-BT0041-090999-018-g02	AW175718	8,294281433	sem_Hs
QV0-CT0225-210700-313-c09	CV382552	8,294942666	sem_Hs
MR4-ST0125-021199-017-d05	AW810202	8,296922532	sem_Hs
QV0-CT0225-100400-187-g05	CV382542	8,303465264	sem_Hs
CM0-CT0507-310800-529-c04	CV310299	8,304137693	sem_Hs
CM3-GN0053-180800-295-b12	CV321555	8,304792794	sem_Hs
MR0-HT0157-310300-010-g03	BE142912	8,30688568	sem_Hs
QV3-GN0107-111100-424-a09	BF999170	8,309113481	sem_Hs
QV2-NN0045-121200-547-a06	BF961716	8,312636674	sem_Hs
MR3-SN0066-020500-001-c09	AW869085	8,314005445	sem_Hs
QV4-FT0004-250500-231-e11	CV399373	8,320102921	sem_Hs
PM3-BT0278-271099-001-f03	BF330706	8,323752813	sem_Hs
MR0-HT0157-040500-012-d07	BE143000	8,327543953	sem_Hs
QV2-HT0577-230500-214-c01	BF352253	8,328025992	sem_Hs
RC2-ST0158-091099-011-c04	AW811631	8,329579659	sem_Hs
PM0-HT0911-080201-011-e03	BG993514	8,331825799	sem_Hs
CM3-GN0047-160900-358-h10	BF368135	8,334514014	sem_Hs
CM1-HT0878-031000-455-g11	BF831083	8,335243386	sem_Hs
CM1-NT0243-051200-614-c03	BF927923	8,33927584	sem_Hs
RC0-GN0090-150900-021-b10	CV404836	8,341501809	sem_Hs
QV1-BT0678-130400-156-h05	BE086696	8,351142511	sem_Hs
RC5-NT0182-211200-012-A08	BF934036	8,353383124	sem_Hs
QV1-ET0008-060600-226-e09	BF358657	8,353398255	sem_Hs
MR3-GN0185-201100-008-d07	BG003820	8,353684255	sem_Hs
PM3-CT0645-160501-004-g03	CV372070	8,354340638	sem_Hs
QV1-GN0065-120900-314-c01	CV387019	8,3586435	sem_Hs
QV0-ST0247-270100-098-a09	AW817109	8,359220951	sem_Hs
RC2-ET0019-200600-017-f11	CV412615	8,360738914	sem_Hs
MR0-CT0453-061100-001-b04	BF757544	8,367275212	sem_Hs
PM2-GN0014-251100-004-e02	BG005979	8,369487652	sem_Hs
PM3-CT0805-230501-010-f07	CV372227	8,371378234	sem_Hs
CM1-CS0038-251000-497-b07	BF763341	8,372710212	sem_Hs

RC4-BT0644-160200-011-b07	BE083368	8,37707847	sem_Hs
MR3-NN0216-031100-003-b05	BF950026	8,383583548	sem_Hs
QV3-IT0007-311000-404-b05	BQ315542	8,385374658	sem_Hs
PM3-CI0112-111200-005-d06	BF817300	8,401460421	sem_Hs
PM3-ET0153-100101-008-a09	BI012752	8,404843667	sem_Hs
RC3-BT0316-220300-015-b07	BE065583	8,414759396	sem_Hs
CM3-NN0004-100300-111-e05	AW892595	8,415172967	sem_Hs
MR3-HT0446-260300-202-h06	BE161676	8,424212425	sem_Hs
PM0-CT0263-261099-004-e05	AW854951	8,425488776	sem_Hs
CM3-CI0003-081100-367-d03	BF806504	8,425766296	sem_Hs
QV4-GN0143-271100-579-c03	BG006554	8,4276531	sem_Hs
MR2-NN1111-080800-009-h08	CV349637	8,42909541	sem_Hs
MR0-BT0659-090300-004-g12	BE084755	8,429291409	sem_Hs
PM1-HT0340-151299-003-b09	BE154117	8,436002425	sem_Hs
MR1-TN0045-060900-005-a12	BF376345	8,437043413	sem_Hs
PM0-HT0335-070600-010-a11	CV360506	8,439696808	sem_Hs
RC5-ST0178-081099-011-C09	AW812160	8,440841128	sem_Hs
PM0-HT0911-030201-009-e12	BG992652	8,449612334	sem_Hs
RC0-EN0023-300500-031-e08	BF358427	8,449684399	sem_Hs
MR1-RT0079-151200-003-c01	BF823136	8,454296887	sem_Hs
IL3-CT0219-131299-032-H12	AW850397	8,455240028	sem_Hs
RC5-NN1165-131000-031-C10	BF944433	8,456889201	sem_Hs
MR2-ST0130-290999-001-g10	AW810929	8,458835257	sem_Hs
MR3-HT1100-020201-002-e03	BG992410	8,462426078	sem_Hs
QV0-HT0368-030100-080-a02	BE156404	8,462447522	sem_Hs
RC3-ST0197-151099-011-e01	AW813540	8,465410072	sem_Hs
RC0-HT0295-141199-011-g11	BE151492	8,46552315	sem_Hs
CM3-GN0052-151100-360-h07	BG002072	8,47216051	sem_Hs
QV3-BN0046-270700-282-e10	CV393993	8,473288477	sem_Hs
QV2-NN1073-101100-428-e02	BF952601	8,476105838	sem_Hs
QV0-ST0236-171299-075-e01	AW816500	8,487196767	sem_Hs
PM0-IT0018-151200-003-d10	BF773229	8,487515788	sem_Hs
RC2-GN0037-140800-014-e06	BF367830	8,490739168	sem_Hs
MR2-CI0127-121200-010-g09	BF817669	8,49427653	sem_Hs
MR3-ST0220-091299-022-g10	AW816024	8,498948332	sem_Hs
CM1-NN0001-310500-226-e02	BF361647	8,499367381	sem_Hs
QV1-GN0065-140800-323-c08	CV387048	8,505056533	sem_Hs
MR1-BT0404-080300-002-d08	BE070117	8,508887049	sem_Hs
QV1-HT0413-010200-059-h08	BE160192	8,509320388	sem_Hs
CM0-MT0150-091100-699-b12	CV311563	8,509904124	sem_Hs
MR1-MT0282-191200-006-c01	BF903896	8,51035209	sem_Hs
PM3-LT0032-231299-001-d01	AW836463	8,513057619	sem_Hs
QV0-BT0041-140999-020-e04	CV381690	8,514359668	sem_Hs
MR2-TT0014-301199-110-d04	AW834672	8,516644824	sem_Hs
QV1-BT0631-210800-337-h05	BF331869	8,518862836	sem_Hs
CM3-CT0511-080900-331-a10	BF336385	8,528408945	sem_Hs
MR0-TN0106-041000-302-d09	BF885107	8,531601214	sem_Hs
QV4-BN0044-110200-108-e12	AW995835	8,53353121	sem_Hs
PM2-HT0190-081099-001-a04	BE145001	8,536526823	sem_Hs
CM3-GN0047-160900-357-f10	BF368120	8,548812714	sem_Hs
QV0-GN0216-011100-466-h06	BF993476	8,553265038	sem_Hs
MR1-SN0033-120400-002-f02	AW867069	8,557632555	sem_Hs
PM2-CT0292-151299-002-h08	AW861087	8,562496922	sem_Hs
CM3-HT0528-010200-086-b04	BE169847	8,565337091	sem_Hs
CM0-HT0916-070900-521-g09	CV311322	8,569163156	sem_Hs
RC3-MT0162-281100-011-g11	BF898475	8,577871885	sem_Hs

IL3-HT0059-270899-010-G03	AW177870	8,581350722	sem_Hs
QV4-CI0151-251100-601-c08	BF813311	8,593518003	sem_Hs
PM0-UM0018-210700-005-C08	CV362912	8,600632482	sem_Hs
RC0-BT0332-141299-011-E07	BE066264	8,616071013	sem_Hs
QV2-BT0685-010700-259-e09	BF332339	8,62244417	sem_Hs
MR4-GN0192-031200-002-g04	BG009614	8,623408236	sem_Hs
QV3-FT0210-031100-456-g04	BF857048	8,629326872	sem_Hs
RC0-TN0080-220800-025-a02	CV406722	8,630961331	sem_Hs
QV3-SN0021-130500-184-h01	AW865849	8,635576903	sem_Hs
QV3-NT0022-220800-304-f03	CV397284	8,668614035	sem_Hs
MR1-TN0046-280800-001-b07	BE938068	8,671312033	sem_Hs
PM0-BN0167-050700-004-E05	BF328285	8,675166656	sem_Hs
CM1-HT0877-190900-421-b05	CV315104	8,684675266	sem_Hs
CM2-CN0039-110100-069-h08	AW843422	8,685966199	sem_Hs
RC2-ST0168-290999-011-f07	AW811810	8,688270694	sem_Hs
CM2-CI0135-101100-491-a05	BF807346	8,688345018	sem_Hs
MR3-GN0029-290800-001-g04	CV351695	8,69197826	sem_Hs
CM1-NN1006-050400-177-b10	AW900615	8,704000006	sem_Hs
MR3-FN0209-300101-004-a05	BI045873	8,705629185	sem_Hs
MR0-UT0047-170900-202-g07	CV343053	8,712943873	sem_Hs
PM0-HT0911-270101-008-d05	BG991259	8,71428394	sem_Hs
PM2-OT0092-050401-008-g02	BI044147	8,715589992	sem_Hs
QV4-GN0250-271100-596-d02	BG006209	8,7177886	sem_Hs
QV2-NN0045-051200-516-f09	BF959920	8,721472686	sem_Hs
IL3-CT0220-160200-072-F01	AW851226	8,723320709	sem_Hs
MR2-CT0222-261099-004-a03	BF334114	8,725547487	sem_Hs
QV3-IT0006-311000-411-e10	BF768383	8,731823863	sem_Hs
CM3-GN0053-180800-295-a11	BF368319	8,75693567	sem_Hs
PM3-HT0605-270200-001-b11	BE178611	8,758663631	sem_Hs
RC2-BN0243-220500-012-c03	BQ312807	8,769715103	sem_Hs
QV2-NN0045-211100-494-g10	BF956234	8,770224573	sem_Hs
CM0-HT0747-190600-433-g07	CV311269	8,778516212	sem_Hs
MR4-ST0121-060200-002-a01	CV357155	8,781870683	sem_Hs
MR0-HT0165-121199-003-e05	BE143918	8,789457751	sem_Hs
MR3-FN0206-070201-009-f02	BI045338	8,797481471	sem_Hs
CM1-UT0038-060900-399-e02	CV316532	8,800812776	sem_Hs
CM3-CT0513-250800-308-b01	CV320737	8,804025734	sem_Hs
RC1-MT0135-171100-021-h07	BF894537	8,821741905	sem_Hs
QV4-UM0095-100300-134-f05	AW805023	8,822722429	sem_Hs
MR1-HT1136-220101-012-b04	BG989963	8,832053438	sem_Hs
RC0-ET0078-050600-031-a03	BE829939	8,835361402	sem_Hs
PM3-HT0909-241000-022-b02	CV374743	8,845889145	sem_Hs
QV4-HT0894-290900-399-h10	CV400637	8,851962735	sem_Hs
CM1-UT0040-290800-378-c03	CV316775	8,855113791	sem_Hs
MR4-BN0389-181000-001-c10	BF749694	8,860758906	sem_Hs
MR3-HN0066-080101-009-b07	BI000417	8,869230687	sem_Hs
MR3-GN0186-171100-001-b12	BG002507	8,875823286	sem_Hs
QV0-CT0224-221199-057-b04	AW851796	8,876299064	sem_Hs
QV3-ET0102-111100-401-h10	BF875589	8,877490105	sem_Hs
QV0-NT0150-231000-447-f11	BF918801	8,887725301	sem_Hs
RC2-LT0007-120200-012-b09	AW835027	8,889115567	sem_Hs
QV0-NT0152-231000-448-d07	BF918814	8,920309672	sem_Hs
RC2-BT0522-090800-013-c06	CV411420	8,925786148	sem_Hs
RC0-BT0561-210100-032-h05	BE073747	8,926736805	sem_Hs
QV4-GN0122-031000-412-h06	BF986504	8,935073933	sem_Hs
CM0-TN0032-070900-534-c02	CV312158	8,935157137	sem_Hs

MR1-RT0038-281100-003-f10	BF821390	8,96151227	sem_Hs
MR0-GN0024-290800-005-c03	BE929453	8,963918705	sem_Hs
IL3-CT0219-221199-029-F12	AW850337	8,981281601	sem_Hs
QV4-BT0407-280100-090-f12	BE070267	8,988284965	sem_Hs
QV2-BT0616-051200-521-a12	BF747673	8,989007189	sem_Hs
CM1-HT0877-190900-421-d03	BF355905	9,00344312	sem_Hs
RC0-HT0771-090700-023-a09	CV405051	9,007168377	sem_Hs
MR1-ET0144-011100-001-e06	BF872338	9,007238435	sem_Hs
MR3-GN0185-141100-006-d12	BG001557	9,007592211	sem_Hs
MR2-GN0158-101100-004-c01	BF998244	9,020142594	sem_Hs
IL3-CT0219-160200-063-A04	AW850678	9,023657884	sem_Hs
IL3-CT0220-111199-028-E08	AW850848	9,036727341	sem_Hs
IL3-CT0213-280100-056-F02	AW847663	9,046718554	sem_Hs
QV2-NN0045-151200-556-g12	BF962610	9,077574725	sem_Hs
RC6-ST0198-261099-011-c06	AW814005	9,080972885	sem_Hs
RC0-HT0862-080800-032-h02	CV405340	9,10160289	sem_Hs
RC2-HT1079-011200-011-a05	BF841124	9,11107025	sem_Hs
QV3-DT0043-090200-080-b08	AW937443	9,116127742	sem_Hs
RC5-OT0078-100400-023-H01	AW886320	9,133047335	sem_Hs
MR0-ST0016-141199-002-f01	CV342807	9,133367655	sem_Hs
CM0-HT0919-310800-527-f03	CV311407	9,143134606	sem_Hs
MR2-GN0127-091100-005-a01	BF997818	9,151752361	sem_Hs
CM0-NT0189-181100-703-h10	BF921688	9,175976924	sem_Hs
PM2-ST0231-291099-001-f01	AW816267	9,186780207	sem_Hs
CM0-ET0124-091100-680-d06	BF874760	9,192399235	sem_Hs
QV2-NN0045-300800-341-g07	CV392090	9,209241664	sem_Hs
PM0-BT0340-211299-003-c12	BE066976	9,216873046	sem_Hs
RC2-CT0298-300100-014-g05	AW861131	9,217033319	sem_Hs
QV0-NN1021-180800-344-g10	CV383909	9,231611255	sem_Hs
PM0-CT0807-140301-002-d11	BG958786	9,236450318	sem_Hs
PM0-BT0275-291099-002-e10	BE063379	9,242450368	sem_Hs
RC1-CT0251-141099-012-e07	AW853337	9,247584884	sem_Hs
QV3-BT0537-221299-048-a06	BE072334	9,25166801	sem_Hs
CM1-HT0877-190900-421-g03	BF355911	9,253214143	sem_Hs
MR3-EN0089-131200-002-a04	BF852622	9,254355348	sem_Hs
MR1-HT1185-020101-005-g05	BG986520	9,274836436	sem_Hs
MR1-TN0045-110900-007-g04	CV346299	9,288403674	sem_Hs
CM3-CT0510-010900-319-g09	BF336381	9,294865912	sem_Hs
QV3-TN0167-111100-388-d04	BF888008	9,313215712	sem_Hs
RC4-BT0337-180500-015-e02	CV419152	9,316921695	sem_Hs
PM0-TN0030-181000-004-g04	BF886211	9,319280446	sem_Hs
MR2-EN0092-261200-002-h08	BF854031	9,331953954	sem_Hs
PM3-SN0017-240500-003-d05	BF373757	9,335791885	sem_Hs
MR2-NT0135-161100-001-h04	BF921016	9,351864877	sem_Hs
MR3-GN0187-271100-014-g10	BG006451	9,37127782	sem_Hs
MR4-ST0240-150200-002-h10	AW816582	9,371946002	sem_Hs
IL3-HT0619-240800-254-F03	CV333027	9,383586057	sem_Hs
QV3-HT0513-060400-148-c08	BE168467	9,408849867	sem_Hs
PM0-BT0340-211299-003-e03	BE066983	9,432957277	sem_Hs
QV0-ET0151-031100-473-e10	BF873482	9,44106487	sem_Hs
MR3-GN0152-101100-003-a09	BF998864	9,450473199	sem_Hs
PM3-ET0272-020401-003-h07	BI017350	9,464359744	sem_Hs
MR2-OT0079-230500-009-g10	CV350163	9,465621037	sem_Hs
QV3-BT0570-030200-077-e08	BE074306	9,472563581	sem_Hs
MR1-HT1064-281100-004-a04	CV344927	9,497397308	sem_Hs
MR0-HT0165-121199-003-a11	BE143901	9,507409313	sem_Hs

PM0-BT0670-130300-001-d11	BE085704	9,517036623	sem_Hs
RC0-BT0505-221199-031-A11	BF331366	9,518614141	sem_Hs
QV0-DT0047-170200-122-c09	AW937934	9,53494497	sem_Hs
PM3-HN0076-130101-001-f12	BI001426	9,541791116	sem_Hs
RC4-CI0194-111200-022-h10	BF817568	9,552916994	sem_Hs
IL3-CT0219-271099-022-C04	AW850159	9,553922972	sem_Hs
CM1-NT0242-271200-667-f10	BF935202	9,5607932	sem_Hs
MR3-UT0106-041200-005-c12	BF915357	9,567085711	sem_Hs
MR1-ET0145-071100-003-f08	BF874212	9,569357781	sem_Hs
RC5-OT0078-100400-023-E12	AW886309	9,58502097	sem_Hs
QV3-ET0176-220101-531-h06	BI013431	9,599174477	sem_Hs
QV2-LT0051-130400-134-f11	AW838254	9,611781396	sem_Hs
CM2-CT0311-301199-043-h04	AW857536	9,615010734	sem_Hs
QV0-OT0033-120500-221-e10	AW881320	9,627691485	sem_Hs
MR0-HT0241-150500-011-c07	BE148684	9,628051716	sem_Hs
PM0-CT0263-051199-005-E03	AW854969	9,68368555	sem_Hs
MR0-SN0040-220500-005-e03	CV342735	9,686490767	sem_Hs
RC2-FN0094-200600-014-d05	CV412988	9,695145392	sem_Hs
CM3-CT0484-110800-285-f02	CV320647	9,731155291	sem_Hs
PM0-HT0349-101299-002-B07	BE155034	9,74847834	sem_Hs
QV3-OT0065-260400-167-c06	AW884558	9,755996371	sem_Hs
QV3-NN0101-270600-246-a10	CV397110	9,768960121	sem_Hs
QV0-HT0494-020300-137-a02	BE166570	9,775029684	sem_Hs
RC2-BN0332-270600-012-b01	BF330259	9,777528944	sem_Hs
MR1-TN0045-130900-010-e03	CV346322	9,794879713	sem_Hs
QV2-BT0636-291000-445-c09	BF744514	9,805672249	sem_Hs
MR1-ST0206-290100-011-d02	AW814580	9,81247006	sem_Hs
MR0-HT0157-310300-010-e08	BE142908	9,827525933	sem_Hs
MR1-MT0282-191200-006-b05	BF903884	9,848003369	sem_Hs
MR4-ST0121-261099-014-d07	AW809355	9,857548229	sem_Hs
QV3-ET0103-101100-402-g11	BF875190	9,859512295	sem_Hs
RC4-HT0251-151100-021-e04	BF835561	9,894731749	sem_Hs
RC2-BN0074-010400-016-e08	BE000964	9,916730538	sem_Hs
CM4-CT0106-240899-008-d06	AW177067	9,928172318	sem_Hs
MR1-HT1068-011200-006-e03	BF840620	9,935578514	sem_Hs
MR2-CT0222-281099-006-b03	AW851700	9,939786876	sem_Hs
CM1-MT0244-201200-660-g11	BF904103	9,942584453	sem_Hs
RC2-BT0522-090800-013-f10	CV411426	9,948059413	sem_Hs
MR3-NN0220-281000-007-e09	BF947470	9,948509517	sem_Hs
QV2-NN0045-121200-531-e11	CV391458	9,955860965	sem_Hs
RC0-ET0130-161100-031-h02	CV404453	9,96121649	sem_Hs
PM0-HN0078-080201-004-a05	BI003339	9,9678432	sem_Hs
PM3-HT0909-151000-012-e06	BF831878	10,01190043	sem_Hs
PM0-HT1311-270401-002-C04	BG999158	10,03343324	sem_Hs
PM3-ET0207-090201-008-f04	BI014164	10,06015211	sem_Hs
MR2-CI0186-301100-009-d01	BF814207	10,09180804	sem_Hs
PM2-HT0353-211100-007-b08	BF837401	10,12449815	sem_Hs
MR2-CI0186-301100-009-e08	BF814068	10,12483126	sem_Hs
MR2-TT0014-241199-014-g06	AW834561	10,12794114	sem_Hs
MR1-HN0069-261200-010-c11	BF829948	10,14259202	sem_Hs
PM2-EN0066-201100-001-g12	BF850620	10,15362039	sem_Hs
QV2-CT0121-301199-003-h12	AW845902	10,16513842	sem_Hs
RC0-AN0041-200700-032-d01	CV402494	10,18625546	sem_Hs
RC4-NN1178-201100-012-h11	BF956074	10,190645	sem_Hs
RC1-GN0198-171100-012-b09	BG003184	10,19583149	sem_Hs
PM0-HT0913-200101-004-c08	BG989860	10,21826948	sem_Hs



PM3-LT0032-301299-005-a12	AW836513	10,26366855	sem_Hs
MR2-HN0035-171100-003-f07	BF825885	10,26373417	sem_Hs
MR3-GN0185-241100-010-d03	BG005504	10,26655944	sem_Hs
PM0-CN0150-050301-003-f04	CV359035	10,27667137	sem_Hs
MR2-HT0787-210700-001-a01	BE717880	10,27993161	sem_Hs
QV2-NN0045-140900-366-a08	CV391597	10,2864867	sem_Hs
QV1-LT0035-200300-116-f06	AW836762	10,30571086	sem_Hs
QV1-BN0001-301199-038-d01	AW991271	10,35389082	sem_Hs
CM0-GN0111-181100-568-b03	BG003585	10,38391002	sem_Hs
CM1-NN1003-200300-153-f04	BQ337685	10,40631762	sem_Hs
QV3-DT0019-140200-086-g11	AW935955	10,40991773	sem_Hs
QV3-BT0379-310100-071-f12	AW749353	10,41495436	sem_Hs
MR4-RT0048-110501-011-f07	CV356928	10,44247654	sem_Hs
MR0-HT0559-120400-010-b06	BE172761	10,49263108	sem_Hs
IL3-CT0213-190200-040-C11	AW847788	10,50080073	sem_Hs
MR0-BN0070-130300-004-g08	AW999186	10,50352237	sem_Hs
RC2-CS0017-041000-019-e11	BF761305	10,52674231	sem_Hs
MR3-AN0025-040800-005-e10	CV350550	10,53243167	sem_Hs
QV4-HT0539-240800-381-b02	CV400380	10,53323647	sem_Hs
PM3-HN0076-130101-001-b08	BI001409	10,56368001	sem_Hs
MR2-HN0036-211100-005-b12	BF826370	10,59467928	sem_Hs
IL3-CT0219-210100-058-B05	AW850406	10,67672685	sem_Hs
RC3-ST0197-051099-011-b04	AW813528	10,71783911	sem_Hs
QV0-NN1071-050600-255-f12	BF364433	10,75732857	sem_Hs
MR0-SN0004-070500-002-b10	AW862818	10,78042349	sem_Hs
MR2-SN0005-290500-006-a03	CV350247	10,78296804	sem_Hs
MR3-HT0713-220500-002-h03	CV352687	10,7840167	sem_Hs
MR0-ET0107-191100-002-f09	CV340659	10,79309799	sem_Hs
IL0-BT0168-040899-100-c03	AW062277	10,79682417	sem_Hs
CM3-TN0070-080900-337-e01	CV323210	10,8119693	sem_Hs
RC0-HT0439-120100-011-g12	AW580301	10,83394885	sem_Hs
PM0-IT0018-091100-001-g03	BF768854	10,88858882	sem_Hs
RC2-BN0130-150400-013-a08	BE006594	10,89697531	sem_Hs
MR1-TN0023-280800-001-d03	CV346209	10,97062358	sem_Hs
RC1-BT0254-100500-111-c09	BE062284	10,97448594	sem_Hs
QV4-BT0407-190100-082-b12	BE070197	11,04496324	sem_Hs
RC2-LT0007-120200-012-h04	AW835045	11,04911633	sem_Hs
RC4-CT0525-121100-013-f11	BF758227	11,06144777	sem_Hs
CM0-BT0755-080400-324-g03	BE093626	11,06849568	sem_Hs
RC2-FN0164-070700-012-a07	BF371640	11,09192228	sem_Hs
RC4-CN0081-091200-011-a05	BF767032	11,10477533	sem_Hs
MR2-HT1162-240101-010-c12	BG990170	11,11009194	sem_Hs
MR0-HT0162-261199-004-d12	BE143423	11,12414946	sem_Hs
MR3-NN0218-031100-005-d01	BF949874	11,15495462	sem_Hs
MR2-CN0037-210200-202-f11	AW842849	11,19854492	sem_Hs
MR4-CT0539-210201-012-g09	BG956641	11,20910323	sem_Hs
MR0-SN0040-310500-007-a04	CV342755	11,22631895	sem_Hs
QV2-HT0698-180700-273-b03	CV390818	11,27534901	sem_Hs
QV3-CT0637-141200-539-d04	BF759624	11,28225544	sem_Hs
QV4-ST0023-160400-172-b02	AW806886	11,28293968	sem_Hs
QV4-NN1148-291100-617-b05	BF958368	11,29198151	sem_Hs
PM0-MT0202-210301-010-c06	BI029929	11,3007736	sem_Hs
QV0-HT0366-270100-087-f09	BE155922	11,30936767	sem_Hs
QV0-CT0224-221199-057-f04	AW851808	11,3417592	sem_Hs
QV1-EN0051-231000-429-b02	BF846502	11,36822444	sem_Hs
MR1-ET0144-011100-001-f11	BF872158	11,41020775	sem_Hs

CM0-CS0042-101000-590-d11	BF761805	11,4333544	sem_Hs
QV2-NN0198-270600-256-f11	BF363819	11,43593405	sem_Hs
CM0-GN0163-311000-653-a11	BF992887	11,44843624	sem_Hs
MR2-HT1162-190101-016-c11	CV349306	11,45811814	sem_Hs
QV0-GN0213-101100-486-g03	BF998764	11,46474954	sem_Hs
PM3-UM0089-170300-002-e11	AW804250	11,50559846	sem_Hs
MR0-HT0559-270300-006-e07	BE172304	11,52771293	sem_Hs
RC5-OT0078-100400-023-B12	AW886295	11,54120297	sem_Hs
MR3-GN0185-241100-011-a07	BG005492	11,59644365	sem_Hs
RC2-LT0007-300800-013-a06	CV414000	11,60070161	sem_Hs
MR2-EN0091-261200-007-a09	CV347592	11,61359459	sem_Hs
QV4-NN1149-220900-414-g06	CV401232	11,62193624	sem_Hs
IL3-CT0219-210100-058-H04	AW850429	11,68448932	sem_Hs
QV2-OT0062-010400-115-c04	CV393615	11,68691856	sem_Hs
QV1-EN0053-081100-426-c10	BF848880	11,70832051	sem_Hs
QV3-BN0047-160300-123-c04	AW996885	11,76887329	sem_Hs
MR0-CT0452-031100-304-d06	BF757204	11,8339947	sem_Hs
CM0-CS0042-301000-638-f07	BF763967	11,84653777	sem_Hs
QV2-NN0045-301100-501-h05	BF958680	11,8837112	sem_Hs
QV3-GN0108-031000-361-f06	BF986350	11,92218414	sem_Hs
RC4-GN0067-310800-012-g04	BF368776	11,9569022	sem_Hs
MR2-HN0035-171100-003-c09	BF825880	11,9860126	sem_Hs
RC2-GN0264-271100-014-g11	CV413450	12,02013795	sem_Hs
QV4-GN0248-251100-593-h10	BG005967	12,03770566	sem_Hs
CM1-TN0134-210900-427-e01	CV316294	12,04259339	sem_Hs
MR2-HN0035-171100-002-c06	BF825802	12,08250107	sem_Hs
QV2-NN0045-081200-535-d04	BF960932	12,12655547	sem_Hs
MR2-EN0093-110101-007-a11	BI010810	12,16613001	sem_Hs
QV0-LT0015-180200-127-d05	AW835512	12,24096346	sem_Hs
CM3-TN0070-080900-337-a10	CV323207	12,24628785	sem_Hs
CM3-FT0179-070700-237-g06	BF373653	12,28340865	sem_Hs
QV0-ET0031-220500-235-d08	CV382943	12,31503291	sem_Hs
MR3-HT1277-090201-009-g05	BG994000	12,34981729	sem_Hs
RC3-CT0255-060200-025-h12	AW854429	12,36508441	sem_Hs
CM3-NN0006-110300-113-g02	AW892985	12,40861273	sem_Hs
CM0-ET0121-311000-658-a08	BF871121	12,43201273	sem_Hs
QV4-GN0122-031000-412-d06	CV399610	12,44962523	sem_Hs
RC2-ET0019-170500-013-d09	CV412594	12,526911	sem_Hs
MR3-GN0185-211100-009-h03	BG004492	12,57140104	sem_Hs
MR1-CI0181-061100-002-b02	BF805385	12,5744848	sem_Hs
MR4-GN0191-210501-104-d09	CV355210	12,62683773	sem_Hs
RC0-BT0522-071299-011-b05	BE071798	12,65050189	sem_Hs
IL3-CT0220-091199-026-D05	AW850825	12,77268436	sem_Hs
IL3-CT0220-111199-028-E09	AW850849	12,90088243	sem_Hs
PM0-BN0082-140300-001-e11	BE001753	12,99374741	sem_Hs
CM2-UM0038-290400-172-c09	AW797359	13,18364277	sem_Hs
CM0-BN0267-300500-400-h03	BF329553	13,2787775	sem_Hs
PM3-HT0909-290900-007-a03	CV374749	13,83914974	sem_Hs
CM3-FT0179-070700-237-d01	BF373652	14,00917217	sem_Hs
PM0-FT0057-100600-001-b07	BF372596	14,58841088	sem_Hs
MR0-HT0165-030200-007-f11	BE144088	6,872420287	sem_suporte
MR0-BN0115-200600-005-a04	BF327582	7,109739148	sem_suporte
CM1-NT0270-271200-691-g07	BF935391	7,168371597	sem_suporte
RC3-BT0333-250200-015-e08	BE066429	7,18722107	sem_suporte
CM0-CT0815-200401-816-h01	CV310450	7,255506694	sem_suporte
CM0-ET0124-091100-680-h06	BF874785	7,274035517	sem_suporte

MR4-ET0138-070501-009-d10	BQ331496	7,284631136	sem_suporte
MR0-HT0166-191199-004-a05	BE144355	7,333440122	sem_suporte
RC2-FN0094-200700-019-h10	CV413008	7,356806812	sem_suporte
RC0-BT0812-250900-033-e12	BF333073	7,362921913	sem_suporte
CM0-HN0206-100401-818-d06	BI005453	7,367617224	sem_suporte
RC2-CS0017-250900-016-a03	BF333787	7,403609565	sem_suporte
RC0-EN0023-300500-031-g09	BF358429	7,423929909	sem_suporte
RC3-CI0043-021000-021-b08	BF798143	7,428494569	sem_suporte
RC0-HT0859-080800-022-a12	CV405273	7,438573462	sem_suporte
CM0-CS0041-281000-635-c05	BF763728	7,445731921	sem_suporte
RC2-BN0120-250400-012-a09	BE005826	7,44873164	sem_suporte
MR4-MT0255-040101-202-f02	BI018793	7,45376347	sem_suporte
MR0-HT0162-261199-004-e09	BE143428	7,465014509	sem_suporte
QV1-UT0094-121000-420-b04	BF908880	7,467761536	sem_suporte
QV0-ET0148-231000-456-d11	BF869442	7,482014683	sem_suporte
CM2-PT0048-060300-112-g12	AW876907	7,482915758	sem_suporte
RC0-CN0028-090800-011-h12	BF333578	7,485281052	sem_suporte
QV0-HT0493-020300-136-c07	BE166450	7,488037689	sem_suporte
RC4-NN0088-160500-013-h07	BF362899	7,508490172	sem_suporte
MR2-EN0092-050101-008-b09	BI010486	7,522305424	sem_suporte
CM0-CS0042-041100-606-f02	BF764797	7,524267903	sem_suporte
MR1-RT0041-041200-005-c05	BF821940	7,551515629	sem_suporte
QV0-CT0387-180300-167-b05	AW860953	7,558538829	sem_suporte
RC6-BT0252-151099-011-a05	BE061609	7,57157336	sem_suporte
RC1-BT0254-271100-121-a06	BF747287	7,573337054	sem_suporte
RC5-NT0182-211200-012-E06	BF933860	7,576746129	sem_suporte
RC0-BN0329-210600-031-h07	BF330234	7,580026594	sem_suporte
RC0-CT0472-080800-031-f02	BF335761	7,580882245	sem_suporte
MR3-GN0186-171100-005-h03	BG002574	7,582472387	sem_suporte
MR0-HT0559-020800-033-a09	BF351839	7,584369272	sem_suporte
MR2-MT0126-280800-009-b09	BE935435	7,590462048	sem_suporte
PM2-ST0231-141299-002-h02	AW816298	7,594271826	sem_suporte
PM1-HT0452-060100-002-d12	BE162447	7,596176023	sem_suporte
QV0-NN1022-100400-190-g08	AW901960	7,596783436	sem_suporte
QV0-OT0031-100300-157-f04	BF360517	7,597315683	sem_suporte
RC2-FN0200-161100-017-d07	CV413206	7,599361007	sem_suporte
MR0-HT0165-191199-004-c11	BE144013	7,599823809	sem_suporte
IL3-CT0220-150200-068-A04	AW850948	7,60539764	sem_suporte
QV0-HT0101-240999-022-c10	BE141698	7,608482155	sem_suporte
PM0-BT0340-211299-003-h05	BE066992	7,614514499	sem_suporte
MR2-CI0127-291100-005-h06	BF814604	7,622866833	sem_suporte
QV2-BT0635-060500-199-b09	BE081711	7,624753394	sem_suporte
RC2-CT0320-120100-014-d12	AW861508	7,624802364	sem_suporte
RC1-IT0012-241100-021-d01	BF770553	7,630745285	sem_suporte
CM1-NN1006-130400-185-c11	AW900731	7,632396678	sem_suporte
QV3-ET0063-190700-271-d08	CV395408	7,633834614	sem_suporte
MR0-BN0070-030800-032-a04	BF327158	7,634030639	sem_suporte
QV3-BN0046-050700-255-f09	BF326879	7,635484123	sem_suporte
QV2-NN0045-041000-400-b05	BF943152	7,635727413	sem_suporte
RC2-BN0332-270600-013-e07	BF330274	7,638751423	sem_suporte
MR0-HT0080-211299-004-a04	BE141513	7,63929336	sem_suporte
CM3-NT0006-090600-210-d01	CV322767	7,64354736	sem_suporte
RC5-BT0708-220300-031-C11	BE089950	7,644053593	sem_suporte
QV0-OT0030-300300-178-f05	AW880255	7,646297435	sem_suporte
QV2-NN0045-241100-510-f04	BF957343	7,648117026	sem_suporte
RC3-CI0043-111100-023-f09	BF808044	7,6510248	sem_suporte

RC0-GN0134-171100-022-a01	BG003342	7,660629871	sem_suporte
MR4-KT0047-040501-001-h03	CV355787	7,660673786	sem_suporte
QV1-FT0169-170700-279-e04	BF373528	7,661759888	sem_suporte
MR2-HT0380-160200-104-b05	BE158287	7,663014278	sem_suporte
MR0-BN0115-150300-002-c03	BE005124	7,663159708	sem_suporte
QV1-CI0175-021100-450-g05	BF803450	7,663907489	sem_suporte
IL3-HT0616-180800-239-B12	CV331556	7,666840103	sem_suporte
CM0-NN0033-310300-316-g11	AW894641	7,672794692	sem_suporte
MR4-RT0048-170401-007-b04	BI009813	7,672967171	sem_suporte
CM1-AN0080-011100-523-d09	BF735280	7,674107219	sem_suporte
QV1-BT0679-280300-124-b01	BE087006	7,677016943	sem_suporte
RC3-TN0094-110800-021-g03	CV418492	7,680620225	sem_suporte
MR4-EN0074-271100-001-a07	BF851207	7,68064685	sem_suporte
QV0-FT0038-260500-243-c01	CK327041	7,683843878	sem_suporte
CM0-EN0046-281000-642-f04	BF847010	7,684138322	sem_suporte
RC5-BN0158-190400-031-G04	BE008588	7,688609737	sem_suporte
QV0-TN0084-180800-341-g02	CV384670	7,691388439	sem_suporte
MR2-HT0757-290600-010-g03	CV348938	7,691719763	sem_suporte
PM3-EN0004-210500-006-e08	CV372475	7,692110356	sem_suporte
MR3-OT0009-150900-103-g01	BF360583	7,698114343	sem_suporte
PM3-HT0228-221099-002-b08	AW378888	7,698669169	sem_suporte
RC0-CI0040-021000-031-h11	BF798399	7,699031841	sem_suporte
CM3-HT0484-120100-071-d02	BE165715	7,699316182	sem_suporte
QV1-ET0005-220500-208-b12	BF358650	7,701728903	sem_suporte
IL3-CT0214-301299-043-A06	AW848082	7,705086175	sem_suporte
QV0-BT0074-130999-014-g04	BF330594	7,708207713	sem_suporte
RC3-BT0333-281100-122-f12	BF747378	7,708655287	sem_suporte
RC5-ET0027-190600-022-C03	BF358914	7,710380617	sem_suporte
MR0-MT0124-050900-103-a05	BF360278	7,711078685	sem_suporte
PM2-DT0042-100900-003-e04	BF348888	7,711194589	sem_suporte
MR4-CT0539-220101-006-d04	BG953067	7,71183701	sem_suporte
QV3-GN0109-301000-449-b09	BF992187	7,71187386	sem_suporte
CM2-BN0302-100700-259-g03	BF330047	7,712017637	sem_suporte
RC4-GN0088-200900-011-b08	CV420935	7,712218509	sem_suporte
PM1-HT0628-310800-009-d02	CV365107	7,71384956	sem_suporte
QV3-BN0047-230200-102-g09	AW996810	7,717606821	sem_suporte
MR3-NN0219-301000-008-g02	BF947831	7,718186326	sem_suporte
RC0-BT0561-070100-011-e07	BE073674	7,721651217	sem_suporte
MR0-HT0165-121199-003-d08	BE143914	7,722157254	sem_suporte
PM0-HT0425-170100-002-f02	BE160997	7,722524666	sem_suporte
PM2-GN0015-051000-002-A12	BF987214	7,723659801	sem_suporte
RC5-GN0194-271100-012-E08	BG006182	7,723880925	sem_suporte
RC3-MT0162-281100-011-d02	BF898450	7,725014002	sem_suporte
QV3-ET0103-111100-386-e03	BF875753	7,726430758	sem_suporte
PM0-GN0513-020401-001-b04	BI058423	7,733206095	sem_suporte
RC2-FN0119-200600-011-a02	CV413021	7,734519143	sem_suporte
MR0-KT0009-091100-001-g09	BF734834	7,734952462	sem_suporte
RC0-NT0031-260400-021-h10	AW889573	7,738824869	sem_suporte
MR4-GN0192-170401-007-e06	BI059053	7,739578055	sem_suporte
RC4-NN0025-050500-014-d05	AW893872	7,739581361	sem_suporte
QV3-BT0571-030200-078-c08	BE074362	7,739982928	sem_suporte
QV0-HT0103-091199-050-h09	BE141776	7,740124892	sem_suporte
QV3-ET0171-081200-532-h09	CV395560	7,740680103	sem_suporte
PM3-KT0001-100201-010-d04	CV374947	7,740979018	sem_suporte
RC2-BT0642-150200-011-d01	BE082671	7,741267988	sem_suporte
CM0-HN0205-060401-808-e06	BI005311	7,741492396	sem_suporte

MR0-CT0453-021100-004-c12	BF757142	7,741963898	sem_suporte
QV2-LT0038-270300-108-e04	AW837350	7,74337097	sem_suporte
QV2-BT0635-160400-142-f11	BF331967	7,743379703	sem_suporte
RC5-FT0193-211100-012-F11	CV424787	7,745636595	sem_suporte
RC1-HT0229-011199-012-d02	BE147348	7,747801075	sem_suporte
RC5-RT0054-170101-021-D02	BI007019	7,748815913	sem_suporte
CM1-CI0132-081100-552-g12	BF806340	7,750575355	sem_suporte
MR3-SN0066-040500-004-e04	BF374108	7,752019948	sem_suporte
QV4-SN0024-080400-167-h12	AW866321	7,752963155	sem_suporte
QV1-BT0678-130400-156-c05	BE086677	7,753446397	sem_suporte
MR0-HT0078-081299-007-f01	BE141387	7,754256833	sem_suporte
RC2-TN0125-150800-011-c11	CV414296	7,755641642	sem_suporte
QV2-BT0635-311000-442-a07	BF744800	7,757010604	sem_suporte
PM0-HT0339-060400-009-C05	BE153988	7,758910735	sem_suporte
CM3-NN0006-110300-113-c08	AW892969	7,759808917	sem_suporte
RC2-CT0201-071099-022-f04	AW847167	7,760743411	sem_suporte
RC0-ST0199-221099-011-g02	BF375162	7,761158989	sem_suporte
RC0-BN0310-050700-022-e10	BF330145	7,761270336	sem_suporte
MR0-AN0084-170900-004-d07	CV338294	7,762233128	sem_suporte
CM0-GN0038-150900-548-b04	BF367838	7,764111715	sem_suporte
RC0-HT0232-211099-011-e04	BE148180	7,764690755	sem_suporte
RC2-CT0523-200900-014-e09	CV412435	7,764917435	sem_suporte
CM0-ET0123-021100-683-c09	BF873198	7,76560544	sem_suporte
QV3-BT0379-161299-040-c11	BE069025	7,765650731	sem_suporte
QV0-OT0030-070300-148-h01	AW880028	7,765737545	sem_suporte
RC4-CI0167-281100-011-b07	BF813973	7,767423273	sem_suporte
CM1-UT0038-210900-425-a11	CV316585	7,767461498	sem_suporte
CM1-FN0111-110700-313-g11	BF371181	7,767634511	sem_suporte
QV0-OT0033-170300-166-f11	AW880994	7,767926716	sem_suporte
PM0-HT0339-050600-012-c05	BF350534	7,76875389	sem_suporte
RC0-UT0028-240800-022-c09	BF379427	7,769147444	sem_suporte
CM0-BT0792-140600-415-h06	BF332937	7,771339665	sem_suporte
QV2-BT0636-070500-196-h02	BE082233	7,772682142	sem_suporte
MR4-ST0124-100400-006-d07	AW810108	7,773069449	sem_suporte
MR3-HT1104-230101-002-h07	BG990131	7,774368537	sem_suporte
MR2-HT1160-110101-004-d06	CV349108	7,774523625	sem_suporte
QV3-CT0195-011099-001-c09	AW846856	7,775204604	sem_suporte
RC0-BN0037-060200-011-e07	AW994527	7,775536389	sem_suporte
RC0-FN0204-221200-022-f10	BF856434	7,776112035	sem_suporte
RC5-FT0194-271100-012-B01	BQ373440	7,778355549	sem_suporte
RC0-BN0312-110700-023-d05	CV402926	7,778860415	sem_suporte
PM3-HN0076-210501-009-d12	CV374351	7,779097835	sem_suporte
QV0-BT0263-111199-054-b08	BE062665	7,779893133	sem_suporte
RC3-GN0089-121100-021-a11	CV416672	7,779894099	sem_suporte
RC2-BT0642-280200-015-d01	BE082895	7,780655077	sem_suporte
QV0-ET0001-140700-301-b03	BQ330297	7,781303432	sem_suporte
MR1-UM0111-030400-003-a11	AW806217	7,781694653	sem_suporte
MR3-TN0164-101000-001-g10	BF885684	7,782386121	sem_suporte
PM0-BT0274-211099-001-f04	BE063341	7,783704633	sem_suporte
MR2-GN0126-200201-006-h03	CV348353	7,784114144	sem_suporte
QV0-ST0247-280400-209-f12	BF375447	7,785909005	sem_suporte
MR2-ST0129-191099-011-b06	AW810786	7,786518344	sem_suporte
MR3-GN0029-310800-003-b04	CV351710	7,787388641	sem_suporte
RC2-GN0037-140800-012-a06	BF367794	7,78765634	sem_suporte
QV3-KT0017-241100-489-d09	BF736883	7,787819981	sem_suporte
MR0-NT0039-010500-002-a12	AW890294	7,788116498	sem_suporte

PM3-NN0167-260700-001-h06	BF363445	7,789915134	sem_suporte
MR1-MT0282-191200-005-a11	BF904000	7,792118776	sem_suporte
MR0-CT0453-271000-002-b12	BF753379	7,792265175	sem_suporte
RC0-FN0204-051200-021-a10	BF856330	7,792535253	sem_suporte
CM3-BN0323-300600-223-e10	CV320164	7,793429923	sem_suporte
PM0-BN0260-120600-001-E05	CV358779	7,794443502	sem_suporte
MR4-NT0141-280201-212-a11	BI041393	7,794798143	sem_suporte
PM3-TN0154-180900-002-e08	CV376403	7,794907844	sem_suporte
QV0-GN0140-181000-431-f07	BF988744	7,794912896	sem_suporte
CM1-AN0080-011100-521-e08	CV312680	7,795141439	sem_suporte
MR3-HT0736-180700-002-a06	BF354278	7,795524539	sem_suporte
RC2-BT0548-200300-013-c08	BE072933	7,796206989	sem_suporte
QV0-NN1021-180800-344-h09	BF364004	7,796541779	sem_suporte
RC2-HT0826-250700-015-c06	BF355067	7,799247865	sem_suporte
RC0-CN0028-090200-031-a10	AW842260	7,799280979	sem_suporte
CM1-ST0283-071299-061-h02	AW819203	7,799309782	sem_suporte
MR2-GN0157-091100-004-d07	BF998004	7,800065468	sem_suporte
CM2-BT0366-131299-054-c02	BE068006	7,802130104	sem_suporte
RC5-GN0194-071200-013-F09	BG010965	7,804254095	sem_suporte
PM3-TN0105-221000-003-g05	BF886375	7,806418432	sem_suporte
RC5-CT0598-061100-021-D08	BF757635	7,806760966	sem_suporte
QV3-IT0006-311000-406-g07	BF768459	7,807468065	sem_suporte
MR4-RT0045-220201-002-f02	CV356824	7,807531712	sem_suporte
RC4-GN0088-131100-012-g05	BG000627	7,811794397	sem_suporte
QV4-ST0023-160400-172-g05	AW806915	7,812173828	sem_suporte
QV0-BT0041-261199-059-f08	BE061154	7,813910724	sem_suporte
MR2-NT0138-121200-005-d08	BF930370	7,814584179	sem_suporte
QV3-EN0030-050700-252-b04	BF358468	7,814630705	sem_suporte
PM3-KT0006-270501-006-a06	CV375038	7,814923545	sem_suporte
MR4-NT0141-310101-207-d02	CV356472	7,815346371	sem_suporte
PM2-BT0828-081100-001-b02	BF746386	7,815621528	sem_suporte
CM1-HN0016-141100-549-f01	BF825259	7,817476086	sem_suporte
MR0-HT0241-270100-007-g03	BE148485	7,81818305	sem_suporte
QV1-HT0311-210200-080-g07	BE151960	7,818490112	sem_suporte
QV3-ET0099-101100-382-g06	BF875229	7,819369643	sem_suporte
PM3-NN0129-310700-003-g12	CV375522	7,82009723	sem_suporte
QV3-HT0636-160800-299-f05	CV396661	7,820816111	sem_suporte
QV2-NN0045-211200-570-h06	BF963651	7,822978237	sem_suporte
MR3-NN1124-210700-004-e12	BF364823	7,823645674	sem_suporte
PM3-BN0257-150600-003-g07	CV371557	7,82367826	sem_suporte
MR0-CT0451-180900-009-b10	CV340300	7,824785052	sem_suporte
PM3-HT0909-130900-004-b06	BF356746	7,825928664	sem_suporte
RC4-HT0888-130900-013-h04	BQ353765	7,82637521	sem_suporte
MR0-HT0241-030200-008-b07	BE148540	7,828057952	sem_suporte
PM3-HT0925-011100-013-f08	BF833640	7,82861679	sem_suporte
CM1-CT0424-011100-522-d12	BF756962	7,828900122	sem_suporte
QV0-NN1021-180800-344-d06	CV383901	7,830501944	sem_suporte
MR0-FN0100-060700-006-h05	CV340791	7,83123596	sem_suporte
MR4-TN0111-180900-101-a09	BF377317	7,831632754	sem_suporte
PM2-HT0927-270900-006-a02	BF357203	7,831714341	sem_suporte
PM2-NN0088-210201-006-e11	BI033704	7,831829137	sem_suporte
QV1-HT0573-290200-092-d01	BE174231	7,832191261	sem_suporte
CM3-GN0092-160900-353-a08	BF369500	7,833667498	sem_suporte
MR0-NN0087-080500-003-h11	AW899592	7,833924593	sem_suporte
CM0-ET0121-021100-679-g03	BF873289	7,833977753	sem_suporte
QV4-HT0894-170800-362-a02	BF356420	7,835359477	sem_suporte

PM0-SN0019-280300-001-H03	CV362703	7,83577666	sem_suporte
RC1-GN0073-110900-014-d04	CV408606	7,837051771	sem_suporte
PM0-BN0139-050500-003-b09	BE007247	7,837094466	sem_suporte
CM3-NT0090-040500-173-e08	AW891887	7,837821213	sem_suporte
RC0-HT0934-280800-032-g03	CV405911	7,837882368	sem_suporte
QV1-HT0471-280300-121-f03	BE164923	7,838795874	sem_suporte
MR0-SN0040-220500-005-b11	BQ364914	7,83928418	sem_suporte
MR3-FN0206-300101-004-c09	BI045689	7,840257485	sem_suporte
QV0-BN0148-050500-215-g04	BE007902	7,840524897	sem_suporte
MR2-HT0377-150200-202-g01	BE157983	7,840578505	sem_suporte
MR1-HT1068-051200-008-b10	BF841640	7,840774748	sem_suporte
IL3-HT0619-080700-204-D09	BQ352054	7,842166131	sem_suporte
RC2-FN0094-100700-018-c06	CV412931	7,842542574	sem_suporte
QV0-CT0386-170200-120-f07	AW860748	7,843124435	sem_suporte
PM0-GN0210-101100-001-c01	BF998170	7,843269578	sem_suporte
CM0-NN1010-130300-281-e09	AW901147	7,843645028	sem_suporte
MR0-SN0004-070500-002-g02	AW862827	7,843804563	sem_suporte
MR3-CT0465-310800-006-g06	BF335604	7,844378039	sem_suporte
RC5-OT0078-150300-021-C03	AW886144	7,844552359	sem_suporte
QV3-HT0461-230200-103-g05	BE163884	7,844648213	sem_suporte
PM0-HN0073-250401-012-H11	CV360245	7,844958074	sem_suporte
QV2-NN1075-310500-234-a02	BF364475	7,845099895	sem_suporte
RC2-DT0007-120200-016-h02	AW935521	7,845475751	sem_suporte
RC2-CT0432-060800-014-h10	BF335182	7,846117714	sem_suporte
CM3-BN0383-201000-420-c05	BF749901	7,846429019	sem_suporte
RC5-BT0624-180400-014-E03	BE079589	7,848101393	sem_suporte
QV0-AN0012-260600-274-h04	CV381329	7,84877285	sem_suporte
QV4-BT0407-190100-082-a05	BE070194	7,848794447	sem_suporte
PM0-FT0057-300600-002-b09	BF372616	7,848805835	sem_suporte
PM2-BT0828-101100-004-f01	BF746487	7,850524693	sem_suporte
MR3-GN0187-201100-010-b11	BG003882	7,850831715	sem_suporte
QV1-ET0008-130600-236-g07	BF358689	7,851019497	sem_suporte
MR0-BN0115-250900-011-e05	CV338615	7,85171329	sem_suporte
RC3-FT0151-290600-021-a09	CV416065	7,852172678	sem_suporte
QV3-GN0061-270900-323-f10	BF368607	7,852296842	sem_suporte
PM0-NN1173-231000-001-c08	BF945350	7,852382743	sem_suporte
PM2-CT0265-170401-014-d03	CV368070	7,852787911	sem_suporte
RC4-NN0025-250400-013-e07	AW893833	7,853247565	sem_suporte
RC5-NN1055-260400-021-B11	AW904475	7,853428786	sem_suporte
CM1-HT0877-190900-421-a10	BF355899	7,853443293	sem_suporte
RC0-BN0312-080600-021-f05	BF330166	7,853604893	sem_suporte
RC5-NN1055-260400-021-B02	AW904473	7,855216101	sem_suporte
RC4-HT0785-100700-014-h01	BF354812	7,855442136	sem_suporte
QV3-HT0636-230800-306-c03	BF353228	7,856930007	sem_suporte
CM1-FN0104-100700-306-c08	BF370980	7,857051775	sem_suporte
MR0-UT0049-271000-105-g03	BF910021	7,85712792	sem_suporte
PM0-HT1076-151200-001-E04	BF843288	7,85839977	sem_suporte
QV2-CT0227-141299-021-g10	AW852423	7,858596531	sem_suporte
PM0-HT0911-200301-020-g03	BG997515	7,859093536	sem_suporte
RC2-BT0548-200300-013-g06	BE072907	7,860664236	sem_suporte
PM0-HN0078-080101-001-g07	BI000534	7,861527326	sem_suporte
QV3-OT0065-280600-250-g03	CV397637	7,861712196	sem_suporte
CM1-MT0103-260900-435-e04	BF359965	7,861748666	sem_suporte
MR3-NN0215-281000-004-g04	BF947245	7,86193273	sem_suporte
MR2-BN0114-240500-030-c11	BF327554	7,862403587	sem_suporte
QV3-BN0150-310800-317-a09	BF328128	7,863700053	sem_suporte

RC0-ET0130-161100-031-b09	BF877618	7,864369635	sem_suporte
PM0-HT0911-200301-020-a08	BG997492	7,865404991	sem_suporte
RC5-OT0078-100400-023-D07	AW886302	7,867514994	sem_suporte
QV3-BN0379-140900-343-a07	CV394567	7,867846186	sem_suporte
RC1-HT0441-290100-012-c08	BE161474	7,868072501	sem_suporte
MR1-TN0020-050900-008-g02	CV346160	7,868376424	sem_suporte
QV0-EN0058-101100-495-e12	BF849114	7,868640683	sem_suporte
PM3-ET0268-260501-018-h08	CV373056	7,868644545	sem_suporte
RC4-NN0025-150400-012-e07	AW893784	7,869060215	sem_suporte
MR0-UT0049-041000-201-c05	BF907349	7,869348331	sem_suporte
RC2-CN0051-290100-011-f06	AW844313	7,869624056	sem_suporte
RC5-BN0158-190400-031-A03	BE008569	7,870145284	sem_suporte
MR2-EN0092-191200-007-f04	BF853212	7,870482921	sem_suporte
PM0-UM0018-060700-004-h09	BF378372	7,870926198	sem_suporte
MR0-RT0033-090301-103-h06	BI009205	7,871060472	sem_suporte
RC2-HT0252-120200-014-d07	BE149231	7,871448583	sem_suporte
MR0-FT0176-040900-202-d01	BF373632	7,871733422	sem_suporte
MR4-RT0044-310101-001-f07	BI007646	7,872172241	sem_suporte
QV1-ET0183-041200-554-g03	BF881918	7,872223881	sem_suporte
RC4-CT0477-170800-012-b05	BF335791	7,872265233	sem_suporte
MR0-HT0158-030200-003-b09	BE143068	7,872629761	sem_suporte
MR3-GN0031-180900-003-h05	BF367476	7,872782535	sem_suporte
MR3-UT0106-271100-006-e01	BF913656	7,874530151	sem_suporte
PM3-FN0213-131100-001-g07	BF855478	7,875443765	sem_suporte
MR3-GN0187-161100-006-f07	BG002187	7,875605437	sem_suporte
QV2-NN0045-071200-530-f08	BF960872	7,875849251	sem_suporte
QV4-OT0067-040500-198-b02	AW885092	7,876090859	sem_suporte
IL3-CT0214-231299-051-A03	AW847996	7,876864848	sem_suporte
RC3-BT0333-030700-019-a09	CV414999	7,877082685	sem_suporte
CM1-UM0040-230200-127-h12	AW797580	7,877320338	sem_suporte
PM3-NT0312-220501-008-d12	CV375979	7,877906872	sem_suporte
QV0-DT0020-210100-095-d07	AW936100	7,878112748	sem_suporte
RC2-CN0085-091200-013-a12	CV411785	7,878676077	sem_suporte
CM3-HT0806-070700-233-d04	CV321915	7,878754571	sem_suporte
RC5-BT0377-030200-012-H05	BE068995	7,879034505	sem_suporte
QV1-HT0413-110200-068-f12	BE160330	7,879531806	sem_suporte
RC5-NN1163-131100-022-D07	BF954016	7,880612256	sem_suporte
QV3-GN0203-301000-431-f01	BF991923	7,881182439	sem_suporte
RC3-CI0043-121100-024-h05	BF808423	7,881383459	sem_suporte
PM0-HT1169-080301-005-b02	BG996949	7,881409083	sem_suporte
IL3-CT0214-301299-048-A05	AW848109	7,881459831	sem_suporte
PM2-AN0089-050900-004-c07	BF326334	7,882126101	sem_suporte
QV4-BN0090-200700-299-h11	CV398104	7,882881652	sem_suporte
QV0-CT0581-021000-421-d07	BF753352	7,882946158	sem_suporte
QV2-BT0635-210400-156-e06	BE081576	7,884511079	sem_suporte
PM3-FN0058-270600-004-c07	CV373366	7,885462004	sem_suporte
QV4-NT0249-271100-595-b03	BF924077	7,885524372	sem_suporte
QV1-ET0008-290500-220-d12	BF358703	7,885799527	sem_suporte
MR3-GN0185-201100-004-e12	BG003806	7,885887056	sem_suporte
RC0-BN0037-060200-011-h04	AW994530	7,886512497	sem_suporte
PM2-SN0013-120400-003-h03	AW864069	7,888139104	sem_suporte
MR3-GN0187-201100-010-g07	BG003890	7,889029559	sem_suporte
PM0-HT0339-241199-002-B10	BE153521	7,88906412	sem_suporte
MR3-GN0351-020201-001-a05	BI054723	7,889201689	sem_suporte
CM0-GN0038-150900-549-b06	BF367860	7,89009974	sem_suporte
QV2-BT0685-020800-297-b04	BF332348	7,890243843	sem_suporte



MR3-NN1124-240700-006-g07	BF364831	7,891262298	sem_suporte
RC5-NN1089-200600-022-B04	BF364604	7,891605431	sem_suporte
CM1-TN0141-260900-430-f03	CV316445	7,892195829	sem_suporte
CM1-UT0038-140900-414-f11	CV316560	7,892780841	sem_suporte
CM0-BN0316-130700-474-c07	CV309427	7,893165043	sem_suporte
CM1-FN0046-190600-274-c02	BF370302	7,893362495	sem_suporte
IL3-CT0219-261099-023-E03	AW376868	7,894842533	sem_suporte
QV1-MT0132-131100-473-c06	BF893554	7,894902983	sem_suporte
CM0-CT0508-090900-545-c02	CV310327	7,895676789	sem_suporte
CM0-PT0048-200100-155-a12	AW876843	7,896363009	sem_suporte
MR3-GN0031-180900-003-e03	BF085643	7,89722783	sem_suporte
RC0-HT0859-250700-031-c04	BF355290	7,897602033	sem_suporte
CM0-NN0058-150400-339-b02	AW897486	7,897713608	sem_suporte
MR1-RT0025-171100-001-g12	CV345437	7,897860722	sem_suporte
MR3-GN0187-201100-010-g04	BG003889	7,898560269	sem_suporte
IL3-CT0220-150200-070-E03	AW851104	7,898609841	sem_suporte
PM0-HT0335-070600-010-d08	BF350493	7,899033249	sem_suporte
PM3-HT0925-200101-006-f02	BG989794	7,899385299	sem_suporte
MR2-HT1161-050101-003-h08	BG987171	7,899750608	sem_suporte
QV3-BT0379-010300-105-g08	BE069201	7,900957132	sem_suporte
MR2-EN0092-261200-001-e07	BF854167	7,901093778	sem_suporte
MR2-EN0092-110101-006-b08	BI010856	7,901100418	sem_suporte
MR3-MT0327-201200-002-g12	BF904260	7,901499932	sem_suporte
RC5-LT0054-140200-013-A12	AW838603	7,901572905	sem_suporte
PM3-HT0909-251100-031-e04	BF838621	7,901601244	sem_suporte
MR3-HN0062-100101-007-d08	BI001097	7,902431963	sem_suporte
QV3-CT0558-121000-377-c03	BF754634	7,902850887	sem_suporte
PM0-MT0108-270700-001-c07	BF360104	7,90327919	sem_suporte
CM1-NN1003-200300-153-g07	CV315893	7,903330577	sem_suporte
PM0-BT0340-211299-003-h12	BE066994	7,904096242	sem_suporte
QV0-CT0225-221099-036-f03	AW851934	7,90419203	sem_suporte
IL3-CT0213-261199-035-G10	AW847567	7,904994442	sem_suporte
IL3-CT0219-280100-062-B11	AW850510	7,905011584	sem_suporte
MR0-HT0448-060300-002-e07	BE161959	7,905162192	sem_suporte
CM0-GN0101-031000-581-g09	BF986626	7,905348854	sem_suporte
CM1-HT0876-031000-459-c12	BF831282	7,906045373	sem_suporte
QV4-FT0004-200700-306-d03	BF371947	7,906737578	sem_suporte
RC3-NN0071-270400-011-a11	AW898384	7,906776372	sem_suporte
RC3-BT0333-250200-015-a06	BE066410	7,908074391	sem_suporte
CM2-BT0306-171199-034-f06	BE064251	7,909804781	sem_suporte
QV1-BT0678-130400-156-c03	BE086676	7,910613512	sem_suporte
QV2-NN1073-220400-160-b07	AW905394	7,910666576	sem_suporte
CM0-ET0124-091100-681-g06	CV310600	7,910864258	sem_suporte
PM0-BN0173-181000-006-a10	BF749768	7,911016005	sem_suporte
MR1-RT0025-191100-004-d11	CV345448	7,911641423	sem_suporte
QV2-NN0045-221200-575-e03	BF963826	7,913007024	sem_suporte
PM2-OT0204-190201-001-g12	BI043226	7,913423361	sem_suporte
RC2-FN0119-200600-011-f07	CV413029	7,913775808	sem_suporte
QV4-SN0024-080400-167-a09	AW866285	7,914249457	sem_suporte
MR3-ST0192-290100-023-g07	AW813403	7,914983598	sem_suporte
QV0-GN0140-101100-492-g01	BF998835	7,915566757	sem_suporte
RC5-HT0580-200300-031-H06	BE175462	7,916089919	sem_suporte
QV2-BT0636-291000-445-g07	BF744521	7,916563197	sem_suporte
MR3-FN0206-070201-010-e05	BI046574	7,916896514	sem_suporte
MR1-RT0079-040101-005-f07	BI006116	7,917217822	sem_suporte
QV3-BN0047-210300-124-d11	AW996963	7,917302299	sem_suporte

RC1-HT0441-290100-012-b10	BE161472	7,917697723	sem_suporte
RC5-BN0192-010900-026-G06	CV423649	7,918194391	sem_suporte
MR1-RT0041-221100-001-f12	BF820785	7,918417674	sem_suporte
QV1-CI0175-021100-452-e06	CV385671	7,918677126	sem_suporte
IL3-ET0114-281000-319-F02	BF870555	7,919139093	sem_suporte
MR0-CT0062-011099-003-e01	AW845658	7,920549842	sem_suporte
MR3-CT0461-240800-005-f11	BF335410	7,920831764	sem_suporte
CM1-GN0161-251000-486-a04	BF990162	7,92199553	sem_suporte
PM0-MT0202-210301-010-c09	CV361761	7,922157174	sem_suporte
MR1-RT0040-171100-001-h06	BF820133	7,922424298	sem_suporte
CM3-CT0483-151100-344-f10	BF758591	7,922704048	sem_suporte
QV3-BT0297-231199-020-h08	BE064097	7,923343079	sem_suporte
MR3-CT0462-280800-004-g09	BF335503	7,92337431	sem_suporte
MR2-GN0157-101100-010-h01	BF998119	7,924917773	sem_suporte
RC3-CI0043-021000-022-e07	BF798230	7,925194271	sem_suporte
QV2-NN0045-261200-569-g11	CV392014	7,925493523	sem_suporte
RC0-BT0286-271099-011-b08	BE063619	7,925558664	sem_suporte
CM1-GN0161-011100-536-f02	BF993663	7,925643968	sem_suporte
PM1-HT0628-310800-009-a05	BF353175	7,926336772	sem_suporte
RC5-HT1035-211200-011-H06	BF844467	7,92707159	sem_suporte
QV1-LT0037-150200-069-f11	AW837061	7,927105132	sem_suporte
MR2-NN1111-030800-004-a02	BF364643	7,927223585	sem_suporte
MR4-TN0108-110900-202-g10	BF377267	7,927504625	sem_suporte
PM0-MT0433-060401-003-d05	BI031483	7,927604126	sem_suporte
QV3-ET0171-081200-532-h04	BF883200	7,927697093	sem_suporte
MR0-HT0164-070100-013-h02	BE143867	7,927920568	sem_suporte
MR0-AN0082-070900-002-g07	BF326163	7,92838068	sem_suporte
RC2-ST0168-290100-016-d06	AW811889	7,928441171	sem_suporte
CM1-NT0087-280600-291-d08	CV315997	7,929869329	sem_suporte
MR0-RT0033-210301-206-h07	BI009601	7,929897239	sem_suporte
QV1-BT0631-180200-078-e12	BE080839	7,930163132	sem_suporte
QV0-CT0225-221099-036-e08	AW851930	7,930258226	sem_suporte
RC4-NT0054-120500-012-d06	BF365781	7,930686341	sem_suporte
PM3-HT0909-140900-003-g07	BF356771	7,930844459	sem_suporte
QV2-HT0083-071299-018-h01	BE141599	7,930846528	sem_suporte
RC4-CI0167-281100-011-d07	BF813977	7,931853699	sem_suporte
RC5-NT0182-211200-012-G04	BF933867	7,932927735	sem_suporte
PM2-TN0027-011100-018-b08	BF887530	7,933656498	sem_suporte
CM2-UM0002-310100-076-g04	AW793062	7,933664829	sem_suporte
CM1-TN0135-140900-410-d05	CV316319	7,933717494	sem_suporte
MR0-BT0798-280400-001-d04	BE095198	7,933773091	sem_suporte
MR3-ST0290-290100-025-g02	AW819411	7,934296074	sem_suporte
MR3-HN0066-080101-010-f08	BI000477	7,93488746	sem_suporte
QV3-DT0043-211299-044-f12	BF348899	7,93497302	sem_suporte
QV0-CT0583-121000-427-h09	BF754532	7,935194429	sem_suporte
MR0-HT0208-101299-103-g11	CV341505	7,935474448	sem_suporte
MR2-HN0036-111200-010-h06	BF827985	7,935583128	sem_suporte
MR0-BT0264-221199-002-c07	BE062940	7,935650663	sem_suporte
CM1-FN0104-170700-316-c05	BF370996	7,935878857	sem_suporte
PM2-MT0106-281000-005-g06	BF891683	7,936225329	sem_suporte
CM1-FN0047-190600-275-b05	CV314149	7,937255085	sem_suporte
RC3-CT0254-230300-028-h03	AW854087	7,937608686	sem_suporte
PM0-MT0202-010201-003-g01	BI024876	7,937815283	sem_suporte
RC2-BN0243-200600-016-e08	BF329036	7,937893706	sem_suporte
CM1-NN0062-280400-202-e12	AW897685	7,937927478	sem_suporte
QV1-CI0170-061100-463-f12	BF805116	7,937986748	sem_suporte

PM3-GN0375-150101-001-g08	CV373644	7,937995484	sem_suporte
CM1-HT0764-310700-322-c10	CV314762	7,93801735	sem_suporte
QV0-EN0059-101100-494-e02	BF849189	7,938695886	sem_suporte
IL3-CT0220-051199-027-H06	AW850813	7,938787189	sem_suporte
QV3-BT0537-060100-057-a04	BE072411	7,938899693	sem_suporte
PM0-MT0202-010201-003-g10	BI024877	7,939444682	sem_suporte
RC2-ET0020-290400-012-d12	AW946542	7,939728336	sem_suporte
MR0-HT0166-191199-004-a03	BE144353	7,941807068	sem_suporte
PM3-SN0017-170800-013-d06	CV376145	7,942486475	sem_suporte
QV1-NN0012-250400-169-b08	BF361711	7,942571068	sem_suporte
MR0-BT0798-280400-001-c12	BE095195	7,942689158	sem_suporte
MR1-TN0020-040900-004-h03	BF375829	7,943079434	sem_suporte
QV1-UM0105-300400-185-f04	AW805881	7,943255577	sem_suporte
QV0-HT0493-020300-136-c06	BE166449	7,944493033	sem_suporte
QV4-GN0247-251100-598-d10	BG006120	7,944520935	sem_suporte
RC5-NN0245-171100-021-C02	BF955378	7,94481915	sem_suporte
MR0-FT0175-210800-101-d10	BF373582	7,945162136	sem_suporte
RC4-ET0135-201100-011-c03	BF878676	7,945302546	sem_suporte
QV1-CT0364-260100-052-h01	AW862271	7,945656185	sem_suporte
QV1-CT0364-260100-052-g09	AW862275	7,946304106	sem_suporte
QV0-CS0010-150900-398-e06	BF333704	7,946378845	sem_suporte
MR3-UT0091-150900-007-h08	BF381297	7,946407121	sem_suporte
RC0-NT0014-110400-021-f10	AW888846	7,947092366	sem_suporte
MR0-HT0241-150500-010-b06	BE148588	7,947316442	sem_suporte
MR0-GN0024-290800-004-e07	CV341121	7,947474518	sem_suporte
QV0-BT0263-111199-054-c09	BE062668	7,947591249	sem_suporte
QV0-BT0851-290900-415-h01	CK327022	7,947767405	sem_suporte
QV3-DT0019-010300-112-d12	AW936026	7,948216375	sem_suporte
QV3-FT0212-031100-446-a02	BF857169	7,948302239	sem_suporte
QV3-KT0019-241100-491-e09	BF736899	7,948421494	sem_suporte
MR0-HT0407-280100-008-d11	BE159294	7,948556946	sem_suporte
MR3-ST0203-010200-109-b04	AW814471	7,949046664	sem_suporte
QV0-NN0183-300600-263-h04	BF363763	7,949327892	sem_suporte
RC4-NN0025-100700-018-a06	CV422439	7,949417965	sem_suporte
QV0-BT0676-280800-357-h12	CV381980	7,949490486	sem_suporte
QV0-CT0179-300999-024-e06	AW846276	7,949894239	sem_suporte
CM0-BN0269-300500-401-a06	BF329561	7,950517682	sem_suporte
MR1-TN0045-130900-011-f08	CV346344	7,950685117	sem_suporte
MR3-CI0184-201200-009-b12	BF818620	7,950767241	sem_suporte
RC3-CT0254-230300-028-b04	AW854081	7,951058198	sem_suporte
MR1-CT0528-140900-002-f02	CV344053	7,951224616	sem_suporte
MR1-FN0009-230500-001-h05	CV344395	7,95169017	sem_suporte
MR4-CT0537-230101-006-c08	BG953531	7,951741845	sem_suporte
RC0-BN0013-061299-031-d09	AW991945	7,951796064	sem_suporte
QV4-HT0536-020300-127-c09	BE170163	7,952028134	sem_suporte
RC3-CI0162-171100-021-b07	BF810859	7,952343234	sem_suporte
RC5-OT0078-150300-021-C02	AW886143	7,952663357	sem_suporte
PM0-BN0173-310500-003-C07	BF328372	7,952752033	sem_suporte
MR1-HT1136-260101-016-c04	BG990842	7,95319104	sem_suporte
CM4-LT0058-150200-096-c07	CV325746	7,953237486	sem_suporte
QV1-CI0173-061100-460-g02	BF805316	7,953275181	sem_suporte
MR1-HT1064-281100-004-a01	BF839270	7,953334933	sem_suporte
QV4-BN0090-210300-144-b10	BE002737	7,953365333	sem_suporte
MR4-HT1075-140301-003-g08	BG997187	7,953512654	sem_suporte
RC5-HT0259-241199-011-g05	BE149963	7,953610603	sem_suporte
MR3-UT0050-120900-007-a02	BF380097	7,953737293	sem_suporte

RC0-ET0130-161100-021-c04	BF877550	7,954010632	sem_suporte
MR3-FN0209-050201-007-c05	BI046115	7,954235538	sem_suporte
PM2-KT0043-020101-002-d07	BG945773	7,954484323	sem_suporte
PM3-GN0510-070601-016-e01	CV373816	7,954602259	sem_suporte
RC5-FT0194-271100-012-C10	CV424836	7,955526691	sem_suporte
QV2-NN0045-151200-556-f02	BF962599	7,955634442	sem_suporte
QV1-NN0179-080800-302-h11	BF363595	7,956023308	sem_suporte
MR0-BT0551-080300-104-b10	BE073375	7,956091464	sem_suporte
RC5-NT0182-081200-011-B09	BQ347026	7,95699833	sem_suporte
CM0-EN0046-101000-597-h01	BF845782	7,957032381	sem_suporte
MR3-NN0219-041200-011-b01	BF959709	7,957508528	sem_suporte
CM3-FN0072-030600-200-b05	BF370530	7,958239509	sem_suporte
PM0-BT0340-231199-001-a08	BE066912	7,958273699	sem_suporte
MR0-HT0407-010200-006-h04	BE159341	7,958702608	sem_suporte
RC0-GN0090-260900-032-b04	CV404871	7,958996478	sem_suporte
PM0-AN0087-130900-003-e10	CV358347	7,959060877	sem_suporte
PM0-HT0913-200101-004-b07	BG989827	7,959061299	sem_suporte
IL3-CT0219-160200-063-A09	AW850647	7,959477106	sem_suporte
PM0-CT0642-030201-002-d12	BG953963	7,961931951	sem_suporte
CM0-NN1005-160300-289-f06	AW900513	7,962194355	sem_suporte
MR3-AN0024-070800-002-e12	BF325773	7,962544704	sem_suporte
RC5-NN0245-301100-011-G03	BF958803	7,963141803	sem_suporte
CM1-NN0063-160500-222-b10	CV315732	7,963221621	sem_suporte
PM3-ET0268-040501-004-d08	CV372806	7,963381273	sem_suporte
QV1-UM0037-140300-112-f10	AW797287	7,963418681	sem_suporte
MR1-HT1136-260101-015-h05	BG990790	7,964059239	sem_suporte
MR2-NT0137-201100-006-d03	BF922995	7,964607464	sem_suporte
QV3-ET0202-061200-527-g07	BF882952	7,965055299	sem_suporte
MR2-SN0008-150600-002-d11	BF373819	7,965407026	sem_suporte
MR2-HN0034-211200-001-h07	BF829525	7,965862661	sem_suporte
CM0-BN0103-180300-296-c10	BE004244	7,966046666	sem_suporte
MR0-SN0037-240400-006-e10	AW867587	7,967436837	sem_suporte
MR0-MT0124-050900-202-c08	BF360291	7,967474833	sem_suporte
CM3-GN0092-201000-407-a02	BF989416	7,967645654	sem_suporte
QV2-NN0045-031200-511-h12	BF959481	7,968056736	sem_suporte
MR0-RT0037-221100-001-h03	BF820670	7,968296946	sem_suporte
QV0-GN0211-011100-470-a10	BF993705	7,968359005	sem_suporte
QV2-HT0577-160500-215-g06	BF352159	7,968397995	sem_suporte
MR4-HB0044-160501-004-c08	CV355355	7,968500424	sem_suporte
MR1-NN0143-260700-001-d09	CV345321	7,968910748	sem_suporte
RC1-HT0799-260600-011-g04	CV409491	7,969428352	sem_suporte
QV0-CT0387-180300-167-c11	AW860956	7,971228009	sem_suporte
CM3-BN0165-130400-145-h01	BE009271	7,971342266	sem_suporte
CM1-NN1006-150400-190-h10	AW900816	7,971743388	sem_suporte
CM1-NT0088-160500-220-c12	BF366315	7,972031229	sem_suporte
PM0-BN0173-010500-002-c08	BE009770	7,972090868	sem_suporte
QV3-IT0008-111100-405-f10	BF769089	7,972383816	sem_suporte
CM1-AN0080-011100-523-f07	BF735283	7,972811397	sem_suporte
MR2-GN0030-140900-001-g03	CV347949	7,972965385	sem_suporte
QV1-ET0008-060600-227-e01	BF358664	7,973173176	sem_suporte
QV2-HT0577-230500-217-a07	BF352258	7,973598719	sem_suporte
MR2-GN0127-231000-004-d01	BF989671	7,973924224	sem_suporte
MR4-UT0053-180900-101-b04	CV358128	7,974569004	sem_suporte
MR1-CT0355-180200-006-f07	AW859577	7,975086372	sem_suporte
QV2-NN0045-211100-495-h02	BF956311	7,975673604	sem_suporte
PM2-CN0099-250101-010-a09	BG980270	7,976487797	sem_suporte

PM2-CN0157-080501-002-h03	CV367742	7,977504128	sem_suporte
MR2-HT1160-270101-010-b06	CV349161	7,977625031	sem_suporte
RC5-NN0244-171100-011-A05	BF955356	7,977648796	sem_suporte
MR3-GN0186-201100-011-d02	BG003934	7,977958395	sem_suporte
QV0-BT0849-121000-437-f12	BF743623	7,979132225	sem_suporte
CM1-HT0876-041100-456-h06	BF833857	7,980044736	sem_suporte
QV0-NN0183-300600-263-a03	CV383767	7,980837227	sem_suporte
QV1-UM0099-020400-141-b07	AW805105	7,980961817	sem_suporte
QV2-NN0045-050900-351-e12	BF362009	7,98133159	sem_suporte
RC2-BT0642-150200-012-f01	BE082747	7,981656544	sem_suporte
RC2-BT0506-250400-017-b05	BE071446	7,981694979	sem_suporte
QV3-DT0019-081299-039-b05	CK327186	7,981796554	sem_suporte
MR1-GN0172-271000-006-f05	CV344535	7,982094164	sem_suporte
MR2-EN0091-261200-007-g12	BF854250	7,982935018	sem_suporte
PM1-HT0628-310800-009-d08	CV365108	7,983041037	sem_suporte
MR4-UT0052-271100-104-g02	BF913805	7,983200228	sem_suporte
PM3-NT0312-050601-018-a11	CV375773	7,983442989	sem_suporte
QV1-HT0313-231199-034-b07	BE152039	7,984324646	sem_suporte
PM3-KT0001-221200-003-f11	BF738975	7,98447686	sem_suporte
QV2-BT0636-220400-155-d03	BE081972	7,984991587	sem_suporte
CM0-UM0033-010300-257-e09	AW796771	7,985586988	sem_suporte
RC0-BT0626-100800-011-b02	CV403060	7,985739681	sem_suporte
MR1-RT0038-281100-003-b12	BF821377	7,985901762	sem_suporte
MR3-ST0290-170100-203-c02	AW819383	7,986412428	sem_suporte
CM1-UT0038-140900-409-b12	BF379690	7,986536488	sem_suporte
RC0-HT0295-141199-011-h02	BE151493	7,986538962	sem_suporte
QV4-GN0250-271100-596-e02	BG006226	7,986865843	sem_suporte
CM2-HT0283-121199-031-f02	BE151336	7,987116051	sem_suporte
PM0-HT0913-200900-003-d12	CV361002	7,987174222	sem_suporte
PM0-HT0349-101299-002-B09	BE155036	7,987323468	sem_suporte
PM0-HT0645-060500-002-D03	BE182395	7,987380051	sem_suporte
RC0-CT0300-131199-031-d11	AW856899	7,987748475	sem_suporte
PM0-BN0167-120400-001-d03	BE009346	7,987963637	sem_suporte
RC0-CT0301-111199-011-b08	AW856916	7,9890671	sem_suporte
CM1-CI0132-141100-565-c02	BF808672	7,989596521	sem_suporte
RC1-GN0021-240800-012-g11	BF367142	7,989875529	sem_suporte
QV1-MT0225-281100-504-d02	BF898112	7,989908006	sem_suporte
MR2-CT0596-111100-002-g03	CV347535	7,989961502	sem_suporte
MR3-GN0185-171100-007-f12	CV352009	7,99077045	sem_suporte
CM0-HT0746-190600-434-e06	CV311244	7,990959491	sem_suporte
CM0-GN0077-160900-558-c02	BF369202	7,990999067	sem_suporte
MR3-UT0050-150900-006-a12	BF380161	7,991011187	sem_suporte
MR2-GN0030-200900-018-c06	CV348151	7,991543167	sem_suporte
QV4-NT0028-150400-171-b02	AW889092	7,991711964	sem_suporte
MR0-NN1120-120800-202-e05	CV342454	7,991742148	sem_suporte
QV0-BN0040-170300-161-a04	AW994998	7,991830466	sem_suporte
QV2-NN0045-221200-575-b04	BF963807	7,992421461	sem_suporte
QV0-CI0199-161100-506-d10	BF809574	7,992654846	sem_suporte
QV3-HT0636-160800-299-d08	BF353221	7,993850325	sem_suporte
MR1-HT1068-281100-004-f06	CV345034	7,994172647	sem_suporte
MR3-GN0031-200900-004-d10	CV351750	7,994188695	sem_suporte
QV2-NN0045-051200-517-e11	BF960036	7,994190343	sem_suporte
MR3-NN1123-280700-011-e07	CV353533	7,994739713	sem_suporte
CM1-HT0921-140900-411-b01	CV315324	7,994742554	sem_suporte
RC2-BN0243-120600-015-h01	CV411169	7,994808563	sem_suporte
MR0-CT0594-021100-005-a05	BF757171	7,995410154	sem_suporte

QV1-FT0202-061100-467-a06	CV386908	7,995836278	sem_suporte
CM3-ST0179-051099-019-e10	AW812194	7,995837627	sem_suporte
PM0-BN0144-280300-001-f08	BE007629	7,995844536	sem_suporte
RC2-BN0405-021000-012-f02	BF748416	7,996672318	sem_suporte
PM3-MT0200-060101-004-a06	BI019287	7,996739209	sem_suporte
PM3-MT0200-020301-009-b03	BI028870	7,996798341	sem_suporte
RC1-BT0254-290100-015-h03	BE061968	7,997359213	sem_suporte
CM0-FN0040-170500-381-h06	CV310637	7,997424326	sem_suporte
RC1-CT0252-300999-011-a12	CV407836	7,99746559	sem_suporte
CM0-BN0154-080400-325-c09	BE008322	7,997766511	sem_suporte
MR0-BT0551-060300-103-c11	BE073317	7,998290082	sem_suporte
MR0-UT0088-110900-001-b06	CV343196	7,998423463	sem_suporte
QV3-GN0058-160800-265-c08	BF368525	7,999513335	sem_suporte
RC2-CS0017-250900-016-d04	CV411887	7,999574066	sem_suporte
MR0-HT0559-240400-016-e10	BE173174	7,999892766	sem_suporte
MR0-BN0115-200600-005-b09	CV338558	8,000838415	sem_suporte
MR3-GN0151-071100-005-b07	BF996613	8,000925045	sem_suporte
CM1-NN0063-010600-234-c12	BF362519	8,002106524	sem_suporte
QV1-MT0168-131100-487-c06	BF894032	8,00215338	sem_suporte
MR4-RT0048-040501-009-a10	CV356875	8,002283963	sem_suporte
CM1-UT0040-060900-386-h04	BF379789	8,002329939	sem_suporte
QV4-NT0028-100800-354-f01	BF365391	8,002467913	sem_suporte
PM0-KT0036-271100-001-a07	BF736977	8,002656683	sem_suporte
MR3-FN0206-300101-004-b08	BI045675	8,002708385	sem_suporte
CM2-NN0005-180300-118-b10	CV319076	8,003268707	sem_suporte
RC2-BN0247-200600-015-d02	CV411246	8,004092354	sem_suporte
QV0-TN0143-280800-367-e07	CV384740	8,004188495	sem_suporte
QV1-NN1210-201100-490-c12	BF955891	8,004222891	sem_suporte
MR1-TN0047-280800-003-b10	CV346527	8,00433924	sem_suporte
RC5-HT0582-200300-031-E05	BE175742	8,004667022	sem_suporte
QV4-SN0024-170400-176-h05	AW866476	8,004758957	sem_suporte
MR4-TN0112-060900-101-d07	BF377325	8,004954	sem_suporte
MR4-MT0255-140201-203-a02	BI027801	8,005001039	sem_suporte
RC0-EN0080-161100-021-f08	BF850129	8,005397764	sem_suporte
CM0-CN0162-200401-824-e08	BG985141	8,005940822	sem_suporte
MR0-HT0157-310300-009-f08	BE142853	8,006644275	sem_suporte
RC5-GN0194-271100-023-G10	BG006774	8,006767174	sem_suporte
RC3-GN0089-121100-021-f03	BG000094	8,007415192	sem_suporte
MR3-FN0206-070201-009-d05	BI045298	8,008192612	sem_suporte
PM0-HT0913-200900-003-b04	CV360995	8,008207181	sem_suporte
MR0-BT0798-280400-001-d02	BE095196	8,00863066	sem_suporte
RC3-NT0221-131200-011-c10	BF930932	8,008788043	sem_suporte
QV3-BN0046-270700-281-e02	BF326926	8,008864832	sem_suporte
MR3-NN1124-240700-010-b10	CV353553	8,009211353	sem_suporte
QV0-ST0247-030200-104-e09	AW817189	8,009567851	sem_suporte
MR1-HT1136-300101-022-c02	BG991720	8,009686435	sem_suporte
QV0-FT0041-190500-223-d12	CV383188	8,009722568	sem_suporte
MR0-GN0024-290800-005-e09	BF367323	8,009778869	sem_suporte
MR2-MT0126-240800-005-g08	BF360396	8,010268241	sem_suporte
PM3-ET0262-090501-020-h04	CV372677	8,010654628	sem_suporte
RC4-HT1138-131200-021-b04	BF842893	8,010657407	sem_suporte
RC3-NN0070-260400-021-e01	AW898254	8,011295624	sem_suporte
CM3-MT0113-200700-255-f01	CV322106	8,011353565	sem_suporte
PM0-BN0144-260400-002-a06	BE007673	8,011512652	sem_suporte
PM0-HT0913-120201-008-h07	BG994078	8,011777058	sem_suporte
RC2-BN0032-160200-013-b03	AW992998	8,012105443	sem_suporte

QV3-BT0295-021299-023-a08	CV394575	8,012310639	sem_suporte
QV0-GN0140-121000-430-a02	BF987704	8,012662657	sem_suporte
QV1-BT0679-280300-126-a02	BE086942	8,012855687	sem_suporte
CM1-FN0104-100700-306-a09	CV314172	8,012884152	sem_suporte
CM1-HT0245-271099-029-f03	BE148934	8,014283917	sem_suporte
CM0-GN0111-181100-568-f05	BG003604	8,014314822	sem_suporte
PM0-GN0197-301000-001-g07	CV359831	8,014567979	sem_suporte
RC2-CI0088-221100-110-a08	BF812601	8,014987335	sem_suporte
RC5-BN0234-190500-031-B01	BF328963	8,015167096	sem_suporte
RC2-BN0074-240300-015-a09	BE000898	8,015202025	sem_suporte
RC3-BT0333-110100-012-f04	BE066293	8,015236089	sem_suporte
PM2-DT0062-060100-001-h05	AW938571	8,015293734	sem_suporte
MR2-GN0027-060900-007-b06	CV347902	8,015933636	sem_suporte
MR3-FN0206-070201-011-d02	BI046979	8,016161073	sem_suporte
PM0-HT0339-301199-004-f01	BE153630	8,016334664	sem_suporte
PM0-NN1171-181000-001-b07	BF944661	8,016722065	sem_suporte
QV2-NN0054-220800-329-a07	BF362449	8,016999909	sem_suporte
MR1-ST0111-111199-011-c12	CV345986	8,017061273	sem_suporte
MR4-UM0021-170800-011-a06	CV357927	8,017105863	sem_suporte
PM3-FT0024-240500-001-c07	CV373466	8,017495841	sem_suporte
PM3-GN0510-050601-017-d12	CV373777	8,017613711	sem_suporte
PM0-CN0150-010301-001-g03	BG982821	8,017779123	sem_suporte
PM0-CT0289-291199-004-h01	AW856483	8,017901596	sem_suporte
QV2-BT0636-220400-155-b12	BF332012	8,018031121	sem_suporte
CM1-BN0116-170400-193-e04	BE005443	8,018550238	sem_suporte
IL3-CT0214-150200-074-E02	AW848274	8,018829209	sem_suporte
MR3-CT0465-300800-005-f01	BF335587	8,018925077	sem_suporte
RC1-HT0229-131199-012-e10	BF349887	8,018984621	sem_suporte
PM3-NN1174-291000-004-d10	BF947742	8,019118865	sem_suporte
QV2-NN0045-300800-342-f03	CV392110	8,019641261	sem_suporte
CM0-HT1294-160201-780-g12	BG995457	8,019750923	sem_suporte
QV2-NN0045-121200-548-g05	BF962004	8,020370739	sem_suporte
QV3-GN0058-120900-325-h03	CV395952	8,020491465	sem_suporte
CM3-GN0049-190800-302-e08	BF368244	8,020786013	sem_suporte
QV2-NN0045-051000-410-e10	BF943480	8,021082533	sem_suporte
QV1-BN0002-201299-042-e08	AW991301	8,021107586	sem_suporte
MR0-UT0049-271000-107-b01	BF910060	8,02128305	sem_suporte
MR4-TN0108-110900-202-b09	CV357563	8,02146527	sem_suporte
RC3-BT0253-111099-012-d02	BE061680	8,021821298	sem_suporte
PM0-HT0911-080201-010-c01	BG993725	8,021830105	sem_suporte
QV4-NN1149-220900-414-a06	BF365060	8,022183684	sem_suporte
QV0-EN0058-101100-495-h02	BF849137	8,022267528	sem_suporte
QV4-OT0069-160300-140-h08	AW885514	8,022342148	sem_suporte
PM3-FT0021-300500-001-f11	CV373407	8,022730128	sem_suporte
MR1-FT0200-311000-001-g12	BF856667	8,022775828	sem_suporte
MR0-UT0049-101000-102-a12	BF908217	8,022825292	sem_suporte
MR4-TN0108-280800-201-e03	CV357607	8,022879014	sem_suporte
MR4-LT0076-031200-015-f09	CV355843	8,023141507	sem_suporte
MR4-HR1000-080501-003-d12	CV355528	8,023527915	sem_suporte
MR3-AN0026-250700-001-f07	CV350560	8,023854044	sem_suporte
QV4-ST0212-120100-075-c04	AW815138	8,024008937	sem_suporte
CM0-HT0323-151299-126-b04	BE152428	8,024544469	sem_suporte
QV1-KT0023-131100-475-e02	BF736116	8,024717835	sem_suporte
RC1-UT0033-240800-012-a11	CV410840	8,0247495	sem_suporte
MR3-FN0206-300101-004-f01	BI045679	8,024985102	sem_suporte
RC2-BT0642-210200-013-h02	BE082806	8,025446887	sem_suporte

MR3-EN0089-201200-003-c08	BF853462	8,025842341	sem_suporte
QV4-GN0120-291100-613-g09	BG008434	8,026012753	sem_suporte
MR4-ST0125-180100-001-b01	AW810231	8,026682826	sem_suporte
QV4-BN0090-160300-138-c05	BE002657	8,027233232	sem_suporte
QV2-FT0010-080800-301-g07	BF372051	8,027375442	sem_suporte
CM3-BN0319-300600-226-e07	BF330193	8,027384843	sem_suporte
QV0-BN0148-260500-244-h05	CV381666	8,027535311	sem_suporte
CM0-CI0095-311000-651-c06	BF802364	8,028379089	sem_suporte
CM1-GN0161-011100-525-a06	BF993517	8,029099655	sem_suporte
RC1-GN0021-240800-012-g01	BF367139	8,029152368	sem_suporte
MR2-BT0590-090300-203-a04	BE076006	8,029840628	sem_suporte
MR3-UT0106-241100-002-a08	BF913335	8,029845874	sem_suporte
QV4-ST0212-120100-075-e12	AW815150	8,029928202	sem_suporte
MR2-MT0126-240800-005-d04	CV349480	8,030050405	sem_suporte
MR2-EN0093-191200-001-h10	BF853153	8,030456821	sem_suporte
RC5-BT0559-140200-012-E08	BE073524	8,030531954	sem_suporte
IL3-CT0219-160200-063-B05	AW850649	8,030748254	sem_suporte
RC1-CT0252-051099-012-h08	AW853376	8,031329003	sem_suporte
QV0-OT0031-100300-156-c12	AW880530	8,031332519	sem_suporte
PM0-MT0433-060401-004-g08	BI031580	8,031494395	sem_suporte
MR2-TT0012-141299-017-d06	AW834301	8,032069153	sem_suporte
QV2-BT0636-070500-196-a12	BE082219	8,032212339	sem_suporte
PM3-UT0058-050900-003-g04	BQ378500	8,03222662	sem_suporte
MR2-EN0091-261200-007-f12	CV347596	8,032310972	sem_suporte
MR4-UT0053-220101-206-f08	BI060498	8,033038261	sem_suporte
QV2-LT0051-240300-097-h11	AW838132	8,03339533	sem_suporte
QV3-NN1023-260400-168-a10	AW902188	8,033515104	sem_suporte
PM1-HT0340-151299-003-f05	BE154127	8,033678502	sem_suporte
CM2-BT0754-180400-162-h12	BE093568	8,033874651	sem_suporte
MR4-ST0124-270300-005-b11	AW810001	8,034047806	sem_suporte
MR3-GN0029-110900-004-e03	CV351679	8,034171469	sem_suporte
CM3-GN0052-140800-296-c02	CV321494	8,034500284	sem_suporte
QV0-BN0042-140900-388-c04	CV381444	8,034672891	sem_suporte
QV1-ET0181-051200-544-b07	BF882110	8,034873744	sem_suporte
MR2-EN0093-211200-003-f04	BF853719	8,034956078	sem_suporte
QV2-ST0296-190100-029-a07	AW820199	8,034960409	sem_suporte
CM1-ET0042-010600-236-c10	CV314051	8,035319674	sem_suporte
PM3-HN0076-300301-006-g07	BI005033	8,035390572	sem_suporte
PM0-HT0304-291099-001-a11	BE151654	8,035434962	sem_suporte
MR1-GN0173-071100-001-b01	BF996907	8,035486756	sem_suporte
RC4-NN0026-150900-021-h02	BF361802	8,036247218	sem_suporte
MR4-UT0051-141100-002-d08	BF912323	8,036321516	sem_suporte
MR0-HT0157-070500-013-g08	BE143022	8,036335957	sem_suporte
QV3-IT0009-011100-409-b09	BF768639	8,036909859	sem_suporte
IL3-CT0213-261199-035-B03	AW847553	8,037117568	sem_suporte
RC5-BT0624-180400-014-A12	BE079582	8,037229036	sem_suporte
RC1-BT0313-110500-017-a07	BE065042	8,038067302	sem_suporte
QV3-NT0216-081200-499-e10	BF929797	8,038775624	sem_suporte
MR0-SN0040-060400-001-h04	AW867707	8,038793442	sem_suporte
PM2-BT0828-281000-002-f04	BF744325	8,038971098	sem_suporte
QV4-NT0251-251100-599-b02	BF923919	8,039324075	sem_suporte
QV3-GN0109-290900-363-h12	CV396229	8,039385752	sem_suporte
MR2-HN0036-241100-007-d10	BF827195	8,039578838	sem_suporte
QV1-ET0180-021200-518-a09	BF881024	8,039802847	sem_suporte
MR4-BT0398-160600-202-f12	BF331301	8,040360278	sem_suporte
MR1-HT1184-181200-001-e10	BF843860	8,040744263	sem_suporte



PM3-MT0104-260800-002-b09	BF359986	8,04083983	sem_suporte
QV4-HT0893-270700-317-d05	BF356362	8,040897999	sem_suporte
PM0-BN0173-190101-010-d10	CV358690	8,041028332	sem_suporte
QV0-CT0583-031100-476-a12	BF757279	8,041106309	sem_suporte
QV2-TN0170-221100-486-e01	BF888918	8,041404734	sem_suporte
CM0-BT0665-210200-235-b08	BE085293	8,041490934	sem_suporte
PM3-NN0223-070201-011-d11	BI033158	8,041719903	sem_suporte
PM0-HT0913-200900-003-a09	CV360992	8,04193799	sem_suporte
QV1-BT0677-210800-331-c12	CV385542	8,042043984	sem_suporte
PM0-SN0014-250300-001-g09	AW864140	8,042278806	sem_suporte
MR0-BN0115-041000-013-h07	BF748805	8,042372286	sem_suporte
MR4-NT0141-241100-201-d08	CV356421	8,042482135	sem_suporte
RC1-BT0314-030500-016-f02	BE065390	8,042514156	sem_suporte
PM0-HT0425-170100-002-a06	BE161166	8,042902675	sem_suporte
CM3-CT0341-190400-152-e04	AW858605	8,042906477	sem_suporte
QV0-BT0263-111199-054-d11	BE062672	8,043290752	sem_suporte
CM0-ET0121-311000-658-c05	BF871126	8,043631486	sem_suporte
RC3-BT0333-310800-115-e08	CV415177	8,043888868	sem_suporte
MR0-HT0165-140200-008-e02	BE144288	8,044078081	sem_suporte
PM0-BT0275-211099-001-f01	BE063357	8,044123492	sem_suporte
MR0-BT0265-231199-002-g07	BE063035	8,044129005	sem_suporte
RC4-NT0054-050600-014-g01	BF365775	8,044326255	sem_suporte
MR3-CT0462-250800-005-b03	BF335490	8,044563117	sem_suporte
QV3-DT0019-120100-055-b04	AW935866	8,044713893	sem_suporte
RC2-FN0090-070700-017-d02	CV412817	8,044834629	sem_suporte
RC3-BT0333-201200-124-b07	BF747884	8,044892436	sem_suporte
RC0-ET0078-050600-031-c07	CV404404	8,045493633	sem_suporte
MR4-UT0052-180900-201-c02	BF380245	8,045565472	sem_suporte
QV4-NN1148-250900-419-e09	CV401107	8,046287523	sem_suporte
PM3-MT0110-241000-010-h03	BF891481	8,046299687	sem_suporte
RC5-FN0022-040700-032-G07	CV424635	8,046356888	sem_suporte
QV0-CS0012-150900-394-a11	BF333737	8,047261609	sem_suporte
PM0-IT0018-091100-001-a06	CV361331	8,047799888	sem_suporte
QV3-GN0061-310800-315-d09	CV396167	8,04860329	sem_suporte
QV3-ET0173-291100-505-e04	BF880516	8,049685867	sem_suporte
MR0-BT0659-090300-004-h09	BE084802	8,049952635	sem_suporte
QV3-MT0129-111100-427-c10	BF893389	8,050107167	sem_suporte
PM0-BT0547-310100-002-f07	BE072604	8,050282001	sem_suporte
CM3-CT0483-151100-344-g06	BF758592	8,05050803	sem_suporte
CM2-BT0753-180400-162-b08	BE093511	8,050599541	sem_suporte
RC0-BN0037-060200-011-c10	AW994526	8,050870714	sem_suporte
QV3-NT0023-120900-324-d08	BF365314	8,050960066	sem_suporte
MR3-CT0462-280800-002-d07	CV350963	8,05121206	sem_suporte
PM3-BT0584-190100-001-b09	BE075001	8,052213435	sem_suporte
MR3-NN1122-140700-004-e11	CV353524	8,052447497	sem_suporte
RC0-ET0129-161100-021-a12	CV404437	8,052803941	sem_suporte
CM0-CT0810-190301-794-g03	BG959343	8,052831804	sem_suporte
PM3-BN0174-160500-004-c05	CV371390	8,052934153	sem_suporte
PM3-ET0268-230501-017-f12	CV373000	8,053082213	sem_suporte
QV3-OT0029-140600-228-b10	BF360503	8,053179654	sem_suporte
PM3-FN0058-070600-001-g02	CV373336	8,053948077	sem_suporte
MR3-GN0185-141100-006-b03	BG001547	8,054059846	sem_suporte
RC4-MT0235-061200-011-b01	BF900438	8,054165534	sem_suporte
MR3-SN0009-040400-102-g01	BF373835	8,054701667	sem_suporte
PM3-ET0262-210301-002-e09	BI016927	8,054989971	sem_suporte
QV4-NN1148-241100-588-g11	BF957247	8,054998256	sem_suporte

MR0-HT0164-211199-008-h01	BE143776	8,055137046	sem_suporte
MR2-HT1162-190101-016-h01	BG989537	8,055293256	sem_suporte
MR2-MT0126-290800-011-f03	CV349560	8,055395076	sem_suporte
MR2-EN0091-151200-001-b05	BF852906	8,055609734	sem_suporte
RC4-GN0087-180900-011-g01	CV420914	8,055683004	sem_suporte
MR3-GN0187-171100-012-f09	BG003124	8,056351489	sem_suporte
RC5-NN1065-300600-022-F11	CV425578	8,056502034	sem_suporte
PM3-NT0312-190501-005-d12	CV375927	8,056666781	sem_suporte
IL3-CT0219-291099-021-C07	AW850237	8,056674908	sem_suporte
MR0-CT0453-271000-002-c08	BF753907	8,057524325	sem_suporte
QV0-CT0225-250200-134-d06	AW852148	8,057829525	sem_suporte
MR2-HT1160-110101-004-b04	BG988100	8,057998104	sem_suporte
CM1-HT0877-140900-405-e06	CV315085	8,058056377	sem_suporte
MR2-BN0364-180800-004-e02	BF330439	8,058099857	sem_suporte
PM3-UT0058-050900-003-h08	BF380341	8,058940252	sem_suporte
CM0-ET0122-021100-673-c12	BF873097	8,059001911	sem_suporte
RC5-HT1035-211200-011-F05	BF844461	8,059177642	sem_suporte
RC0-ET0078-310700-023-e02	BF359439	8,059206392	sem_suporte
RC0-HT0149-280999-021-a09	BE142457	8,059361128	sem_suporte
CM1-BN0116-140400-187-g01	BE005317	8,059603591	sem_suporte
MR4-UT0053-151000-203-b12	BF909004	8,059675585	sem_suporte
QV1-FT0169-170700-279-d07	CV386879	8,059984338	sem_suporte
PM3-MT0104-260800-002-b10	CV375219	8,060108632	sem_suporte
RC2-GN0036-070800-012-h10	CV413307	8,060123355	sem_suporte
QV4-TT0008-161199-033-f09	AW833628	8,060740749	sem_suporte
MR4-SN0080-230800-002-f01	BF374290	8,061051028	sem_suporte
QV1-LT0036-150200-070-c11	AW836835	8,061332423	sem_suporte
MR0-ET0109-191100-004-g08	BF878512	8,061815228	sem_suporte
CM1-FN0107-120600-262-f07	BQ371876	8,061936711	sem_suporte
MR2-HT1162-180101-006-f07	BG989056	8,062034808	sem_suporte
QV0-EN0102-081100-457-d07	BF848822	8,06218409	sem_suporte
QV3-BT0815-200900-350-h06	CV394712	8,062197034	sem_suporte
CM1-HT0482-210100-101-c01	BE165678	8,063680557	sem_suporte
PM3-FN0058-140700-005-c07	BF370376	8,06411203	sem_suporte
MR0-FT0093-140700-006-b02	BF372910	8,06444529	sem_suporte
QV2-PT0010-010400-117-c01	CV393724	8,064860855	sem_suporte
QV1-HT0640-150500-204-h05	CV388040	8,06518927	sem_suporte
MR0-AN0083-250900-005-a01	CV338227	8,06536307	sem_suporte
QV4-NT0249-191100-566-g02	BF922472	8,065568271	sem_suporte
CM1-UT0038-210900-428-c03	CV316615	8,066346469	sem_suporte
MR3-GN0186-211100-010-h04	BQ370485	8,066469294	sem_suporte
QV3-CT0560-270900-367-e10	BF336911	8,066709417	sem_suporte
MR3-GN0186-211100-008-e05	BG004679	8,067549958	sem_suporte
CM1-ET0042-130600-264-e03	BF358995	8,067576789	sem_suporte
RC0-MT0058-200600-031-f08	CV406062	8,067583449	sem_suporte
PM2-NT0072-310500-005-c09	BF366002	8,068151067	sem_suporte
PM0-HT0425-170100-002-a10	BE161168	8,068324078	sem_suporte
RC0-MT0056-200600-031-g09	BF359758	8,068622485	sem_suporte
RC3-GN0075-170800-011-g07	BF369062	8,068685305	sem_suporte
RC5-ET0027-310500-031-F05	BF358924	8,068711255	sem_suporte
QV2-NN0045-140900-373-h09	CV391666	8,069119661	sem_suporte
MR1-MT0282-121200-002-h10	BF902178	8,069319597	sem_suporte
QV0-CT0583-031100-476-d06	BF757271	8,070267286	sem_suporte
MR0-UT0049-251000-106-d06	CV343171	8,070499618	sem_suporte
MR1-AN0036-280800-001-h08	BF325702	8,071135232	sem_suporte
MR2-HT0377-150200-202-d08	BE157978	8,071381506	sem_suporte

RC1-MT0160-251200-023-h02	BF905093	8,072833628	sem_suporte
RC0-CT0205-270999-011-b02	AW847365	8,073042746	sem_suporte
CM0-UM0001-010300-258-g10	AW792775	8,074349939	sem_suporte
CM1-UT0040-110900-403-b08	BQ378444	8,07443836	sem_suporte
PM1-HT0628-310800-009-c01	BF353178	8,074962489	sem_suporte
QV0-CT0178-011099-026-b03	AW846227	8,075197994	sem_suporte
MR1-SN0060-050500-002-f10	AW868351	8,075730399	sem_suporte
RC5-BN0158-190400-031-C07	BE008577	8,075856324	sem_suporte
MR3-CT0465-310800-007-c06	CV351095	8,076318743	sem_suporte
RC5-BT0624-220200-032-C05	CV423975	8,076948251	sem_suporte
QV3-BN0047-150400-152-e01	AW997105	8,077038747	sem_suporte
MR4-LT0077-060600-210-h11	BE810579	8,077368698	sem_suporte
RC0-HT0934-120900-035-f10	CV405788	8,077958871	sem_suporte
RC0-FT0071-070600-021-g07	BF372757	8,07814573	sem_suporte
QV4-NN1148-241100-572-c06	BF957232	8,079015448	sem_suporte
RC2-GN0037-140800-012-h06	BF367808	8,079300001	sem_suporte
QV2-NN0045-300800-341-h11	CV392094	8,079833426	sem_suporte
QV0-CS0009-220900-401-d10	BF333692	8,079890967	sem_suporte
QV3-CT0556-041000-370-f11	BF753922	8,079919518	sem_suporte
MR2-NT0135-211200-017-b05	BF934152	8,080046544	sem_suporte
RC5-OT0078-150600-024-E02	BF361030	8,080641681	sem_suporte
RC2-HT0218-181099-031-d05	BE146606	8,081271067	sem_suporte
IL3-HT0618-240500-130-C12	CV332399	8,081279724	sem_suporte
MR0-BN0115-020300-001-e02	BE005054	8,081533862	sem_suporte
QV2-HT0698-070700-264-e01	CV390787	8,081876714	sem_suporte
QV1-GN0319-021200-526-h11	BG009580	8,082096335	sem_suporte
QV1-BT0681-280300-127-c12	BE087545	8,082515852	sem_suporte
PM2-TN0027-081100-017-c01	BF887931	8,082613853	sem_suporte
QV1-MT0168-211100-492-e08	BF895284	8,083625327	sem_suporte
PM3-TN0154-180900-002-f11	CV376407	8,083801944	sem_suporte
PM0-HT1167-050101-002-a12	BG987020	8,083928939	sem_suporte
QV3-GN0061-270900-323-g06	CV396138	8,083992362	sem_suporte
PM3-FT0024-250700-006-a10	BF372268	8,085244094	sem_suporte
PM0-GN0344-190201-003-a11	BI056221	8,085669915	sem_suporte
MR1-CT0528-140900-002-d08	CV344049	8,085958639	sem_suporte
QV1-UT0098-101100-408-g05	BF911674	8,086071531	sem_suporte
QV4-BN0264-010600-232-b09	CV398385	8,08688447	sem_suporte
RC5-NN1089-160500-031-D10	BF364600	8,087897329	sem_suporte
RC4-LT0011-100100-012-c07	AW835127	8,088280358	sem_suporte
CM0-BN0266-190500-386-e02	BF329540	8,088436605	sem_suporte
CM1-GN0160-301000-508-f08	BF992749	8,088864066	sem_suporte
MR3-EN0089-121200-001-b12	BF852430	8,089099978	sem_suporte
MR1-HT0852-270700-002-c09	CV344805	8,08936728	sem_suporte
MR4-RT0045-300301-005-e05	BI009633	8,089386984	sem_suporte
CM0-FN0040-190500-387-a09	CV310640	8,089478299	sem_suporte
QV1-UT0094-201100-402-g06	CK327155	8,089549132	sem_suporte
IL3-NT0105-140700-215-E07	BF366734	8,090417429	sem_suporte
CM2-UM0002-310100-076-h12	AW793063	8,091340073	sem_suporte
MR2-GN0030-150900-005-d01	CV348006	8,091629859	sem_suporte
RC3-BT0333-111100-121-d02	BF746660	8,091688211	sem_suporte
QV0-TT0009-111199-055-a03	AW833893	8,092206738	sem_suporte
QV0-BT0674-180800-348-d04	BF332182	8,092416936	sem_suporte
MR3-GN0187-171100-012-c03	BG003113	8,092586206	sem_suporte
RC2-HT0584-240400-019-d06	BE176269	8,092609622	sem_suporte
RC3-CI0043-111100-013-d12	BF807984	8,092643141	sem_suporte
PM3-HT0909-130900-004-c06	CV374617	8,092702209	sem_suporte

QV3-HT0263-271099-010-b01	BE150076	8,093798533	sem_suporte
QV3-BN0045-220300-128-b02	AW996153	8,094586785	sem_suporte
CM0-HN0209-190301-796-a09	BI004895	8,094659753	sem_suporte
QV3-KT0015-221100-482-c05	BF736558	8,095448499	sem_suporte
QV2-LT0051-240300-097-e02	CV390909	8,095775465	sem_suporte
CM1-ST0181-091199-035-g10	AW812478	8,096015948	sem_suporte
PM3-BT0339-181199-002-h12	BE066908	8,096260338	sem_suporte
PM0-HT1076-081200-002-g03	CV361086	8,096671238	sem_suporte
QV2-HT0577-190400-150-b11	BE174986	8,096952289	sem_suporte
CM0-NN0001-100300-272-d09	AW892103	8,097307971	sem_suporte
CM1-AN0080-081100-546-f06	CV312727	8,098089667	sem_suporte
RC3-GN0023-121100-017-h07	CV416120	8,098643863	sem_suporte
QV1-KT0023-131100-481-h06	BF736075	8,099113593	sem_suporte
MR2-HT1162-180101-005-a01	BG989351	8,099534649	sem_suporte
QV4-NT0249-191100-566-d02	BF922466	8,099808973	sem_suporte
RC2-CT0163-220999-001-F10	AW845993	8,100117495	sem_suporte
PM2-GN0014-050900-001-e09	BF367088	8,100447065	sem_suporte
RC0-NT0124-110700-022-g02	BF366918	8,10092781	sem_suporte
RC4-ET0131-151100-021-a04	BF876956	8,102207438	sem_suporte
QV1-HT0313-231199-034-a01	BE152035	8,103410202	sem_suporte
QV0-ST0215-140200-100-d12	AW815404	8,103627533	sem_suporte
PM2-GN0014-050900-001-b11	BF367084	8,103828113	sem_suporte
CM0-GN0101-181100-567-f07	BG003521	8,103913023	sem_suporte
QV3-DT0019-010300-112-f03	AW936030	8,104116973	sem_suporte
MR1-MT0282-181200-007-f03	BF903531	8,104453958	sem_suporte
QV4-CT0491-180800-358-f12	BF336127	8,104689578	sem_suporte
QV1-BN0001-301199-038-g02	AW991279	8,104806468	sem_suporte
PM3-BN0174-230500-006-c07	CV371403	8,105840503	sem_suporte
RC4-NT0057-160600-016-b02	BF365821	8,106108592	sem_suporte
MR2-BN0387-061100-004-g09	BF751110	8,106215691	sem_suporte
PM0-OT0202-200301-004-h07	BI043701	8,106784286	sem_suporte
CM1-NN1006-130400-185-h02	AW900748	8,107108263	sem_suporte
PM3-GN0375-010201-004-c03	BI054285	8,107296951	sem_suporte
QV3-HT0637-220800-303-g06	BF353299	8,107510675	sem_suporte
CM3-GN0050-120800-297-e06	CV321442	8,107770799	sem_suporte
QV3-GN0061-270900-323-h05	BF368611	8,107942686	sem_suporte
QV0-BT0041-061099-033-h10	BE061030	8,107972695	sem_suporte
MR2-HT0758-030700-003-f05	BF354443	8,108162107	sem_suporte
QV1-MT0166-131100-476-h03	BF893699	8,108713638	sem_suporte
PM0-HT0302-081199-002-a06	BE151634	8,108744043	sem_suporte
PM4-DT0056-221299-002-B12	BF348931	8,108894316	sem_suporte
QV3-MT0129-111100-427-d10	BF893392	8,109521085	sem_suporte
RC5-NN0245-171100-021-H10	BF955393	8,109606443	sem_suporte
QV2-NN0045-230800-322-g07	CV391963	8,110189762	sem_suporte
MR1-GN0173-071100-010-e09	BF996816	8,11046845	sem_suporte
MR4-CT0538-070501-111-h07	CV354732	8,110484039	sem_suporte
MR4-NT0142-040501-114-b06	CV356479	8,110898585	sem_suporte
CM1-GN0364-271200-689-a02	BG015661	8,11099815	sem_suporte
MR3-HN0066-090101-006-g10	BI000561	8,111065148	sem_suporte
QV0-BN0042-100400-184-c04	AW995486	8,111118487	sem_suporte
MR2-MT0126-280800-002-d07	CV349491	8,111316272	sem_suporte
PM0-HT0911-120201-016-d06	BG994216	8,111399766	sem_suporte
MR3-ST0203-131299-111-e08	AW814233	8,111818548	sem_suporte
QV2-LT0038-270300-108-f09	AW837355	8,112271655	sem_suporte
PM3-HT0344-151299-005-a01	BE154705	8,11239319	sem_suporte
QV1-HT0638-070500-191-d07	BE181654	8,112513545	sem_suporte

MR0-MT0124-170900-301-d03	CV342168	8,112740241	sem_suporte
RC4-NT0057-160600-016-b07	BF365822	8,113106108	sem_suporte
RC4-GN0139-131100-021-f08	CV421007	8,113110962	sem_suporte
QV4-CT0491-100800-347-h09	CV398755	8,113185883	sem_suporte
QV3-GN0061-300800-285-e05	CV396150	8,113860227	sem_suporte
RC2-HT0584-200300-013-h12	BE176024	8,114009897	sem_suporte
MR1-HN0069-261200-010-e11	BF829952	8,114314121	sem_suporte
PM3-HT0909-111100-027-h07	BF834867	8,11439821	sem_suporte
PM3-CT0263-241299-009-h06	AW855059	8,1144124	sem_suporte
RC0-BN0057-160200-011-a04	AW998067	8,115049212	sem_suporte
MR0-AN0083-250900-005-g02	BF326218	8,115087377	sem_suporte
MR3-GN0186-171100-007-b09	BG003240	8,115342952	sem_suporte
MR2-GN0127-091100-002-fl2	BF997782	8,11650765	sem_suporte
MR2-NT0139-121200-003-d12	BF930431	8,116957427	sem_suporte
PM0-BN0066-130600-004-g04	BF327106	8,117103209	sem_suporte
QV3-BN0047-210300-124-c05	AW996962	8,117185553	sem_suporte
PM0-MT0202-120301-008-e05	BI029537	8,11761735	sem_suporte
MR4-ST0124-261099-015-b04	AW809636	8,11772469	sem_suporte
RC1-HT0939-160800-022-a10	CV409649	8,11780435	sem_suporte
PM3-ET0268-240501-015-c04	CV373024	8,118085657	sem_suporte
RC3-BT0333-021000-119-e02	BF742574	8,118162832	sem_suporte
QV2-NN0045-131200-553-b10	BF960438	8,118693157	sem_suporte
MR2-GN0030-180900-011-b07	CV348016	8,119016226	sem_suporte
RC2-CN0051-150200-012-c06	AW844392	8,11966699	sem_suporte
QV1-UM0037-280200-088-c05	AW797232	8,119745895	sem_suporte
PM0-HT1077-081200-002-F10	BF842408	8,119932664	sem_suporte
QV1-UM0036-080300-103-b08	AW797125	8,119936712	sem_suporte
CM2-BN0020-310100-075-a02	AW992041	8,120228059	sem_suporte
QV1-BT0820-120900-373-d02	BF333231	8,120339867	sem_suporte
PM0-HT0339-190200-007-c05	BE153755	8,122437557	sem_suporte
CM0-ST0138-240999-061-h05	AW811294	8,122461398	sem_suporte
RC2-CT0298-201199-011-d05	AW856801	8,122785504	sem_suporte
CM3-MT0113-200700-255-h05	BF360199	8,122828713	sem_suporte
PM3-HT0337-051199-001-g02	BE153411	8,123300631	sem_suporte
QV3-IT0007-311000-412-c12	BF768564	8,123447179	sem_suporte
QV1-HT0638-230500-212-f10	BF353359	8,123611567	sem_suporte
MR2-CT0595-301000-009-f10	CV347529	8,123807675	sem_suporte
QV1-BT0678-290400-176-f11	BF332254	8,124086902	sem_suporte
RC0-HT0862-080800-032-c11	BF355364	8,124186038	sem_suporte
MR0-BN0115-210800-006-b07	CV338565	8,124195388	sem_suporte
PM3-HT1308-250501-003-f08	CV374886	8,124981881	sem_suporte
QV1-GN0207-131100-488-g07	BG001104	8,12498768	sem_suporte
RC0-ST0199-251099-012-c06	AW814072	8,125145217	sem_suporte
RC4-CT0628-060201-032-d03	BG954200	8,125351431	sem_suporte
CM0-GN0080-150900-557-g12	BF369259	8,125675796	sem_suporte
PM3-CT0263-141299-008-b11	AW855015	8,125761235	sem_suporte
RC0-HT0841-110900-027-e10	BF355242	8,126303926	sem_suporte
QV1-BN0397-180900-386-d03	CV385234	8,126540662	sem_suporte
PM2-HT0451-281299-001-d06	BE162308	8,127155185	sem_suporte
MR3-FN0004-070600-004-h05	CV351399	8,127428204	sem_suporte
PM0-HT0339-301199-004-a06	BE153609	8,127772723	sem_suporte
QV0-BT0041-271099-037-d05	BE061081	8,127782584	sem_suporte
MR2-ST0130-081099-004-c10	AW810973	8,128170551	sem_suporte
MR1-GN0173-161000-003-b05	BF988375	8,128414509	sem_suporte
RC4-CN0048-120200-012-g12	AW844135	8,12848043	sem_suporte
MR2-SN0006-050600-004-a02	BF373800	8,128937756	sem_suporte

PM3-BT0338-211299-002-d07	BE066884	8,129491023	sem_suporte
MR3-NN1124-240700-006-f11	BF364830	8,129737584	sem_suporte
CM1-NN0214-271000-490-d08	BF945997	8,129915643	sem_suporte
RC0-ET0078-070600-021-h12	CV404423	8,130832266	sem_suporte
MR0-GN0026-211100-001-b09	BG004550	8,131003478	sem_suporte
PM0-CT0289-271099-001-a12	AW856400	8,131572853	sem_suporte
CM0-GN0101-031000-581-b02	BF986638	8,131668301	sem_suporte
CM0-UT0003-160900-555-h04	BF379132	8,131867237	sem_suporte
PM0-HT0911-210301-018-g08	BG997640	8,132128593	sem_suporte
CM3-HT0484-200100-078-f10	CV321799	8,132134466	sem_suporte
MR2-OT0049-280300-202-h08	AW882058	8,132309972	sem_suporte
CM1-CS0039-191000-481-c10	BF762615	8,132398377	sem_suporte
MR1-HT1184-261200-003-a09	CV345160	8,132439787	sem_suporte
RC2-CI0088-211100-015-d04	BF812324	8,132880072	sem_suporte
RC2-BN0015-060200-011-g05	AW992032	8,133163511	sem_suporte
MR3-FN0206-300101-004-g04	BI045681	8,133797598	sem_suporte
RC0-HT0885-310700-021-e11	BF356212	8,134234218	sem_suporte
CM0-HT1294-160201-780-e01	BG995461	8,13435753	sem_suporte
RC5-OT0078-100400-023-H08	AW886322	8,134539	sem_suporte
MR4-TN0114-110900-101-e10	CV357816	8,13480214	sem_suporte
MR0-BT0659-090300-004-d01	BE084792	8,135037578	sem_suporte
QV2-NN1194-031100-453-e11	BF949707	8,135674637	sem_suporte
MR2-OT0079-070600-019-e03	CV350139	8,135753135	sem_suporte
QV2-NN1073-101100-431-a05	BF952698	8,135784715	sem_suporte
CM0-CT0404-130700-475-c06	BF334866	8,136040823	sem_suporte
PM1-HT0422-231299-003-a04	BE160597	8,136196098	sem_suporte
MR1-RT0025-171100-001-e05	BF820233	8,136452901	sem_suporte
MR1-SN0064-240400-002-e09	AW868657	8,136477191	sem_suporte
RC5-GN0132-211100-023-D10	BG004843	8,13679881	sem_suporte
RC3-NN0067-270400-011-b01	AW897952	8,137048287	sem_suporte
MR2-CI0127-071200-013-d09	BF816786	8,137172642	sem_suporte
MR4-ST0098-120100-001-h07	AW807618	8,137368975	sem_suporte
CM1-FN0104-100700-306-c02	BF370978	8,137796207	sem_suporte
RC2-CI0064-111100-013-f04	BF807779	8,137814868	sem_suporte
PM0-MT0202-120301-008-d07	BI029535	8,138455963	sem_suporte
CM0-ET0124-091100-681-c04	BF874715	8,138486725	sem_suporte
QV0-CT0383-300600-290-d06	BF334666	8,138717438	sem_suporte
CM1-RT0001-161100-573-g03	BF820041	8,138933724	sem_suporte
PM2-HT0686-250500-002-b04	BF353573	8,139609812	sem_suporte
QV1-CT0364-110200-065-a12	AW859951	8,140076614	sem_suporte
QV2-NN0054-050900-350-a10	BF362394	8,14115342	sem_suporte
PM2-AN0089-130900-006-c01	BF326345	8,141731425	sem_suporte
IL3-CT0219-271099-022-D02	AW850163	8,142725921	sem_suporte
MR0-ET0109-191100-002-g05	BF878432	8,143526032	sem_suporte
QV3-BN0379-130900-342-b03	CV394554	8,143641292	sem_suporte
RC0-FT0074-250500-021-h08	CV404787	8,144051898	sem_suporte
CM2-NN0005-180300-118-e06	AW892911	8,144070425	sem_suporte
QV0-NT0148-231000-451-e12	BF918809	8,144535314	sem_suporte
MR1-TN0047-280800-003-d08	BF376536	8,144696985	sem_suporte
CM3-GN0047-160900-357-a07	BF368111	8,144886606	sem_suporte
MR0-GN0176-021100-202-b03	BF994063	8,145099088	sem_suporte
PM0-HT0425-141299-001-F08	BE161151	8,145355539	sem_suporte
MR1-CT0258-040700-002-c03	CV343952	8,145453187	sem_suporte
PM0-GN0344-190201-004-b09	BI056293	8,145486624	sem_suporte
MR0-SN0037-160400-004-c08	AW867531	8,145812945	sem_suporte
CM3-CI0002-080101-352-f09	CV320358	8,146074451	sem_suporte

PM3-NN1174-281000-009-d04	BF947063	8,146223059	sem_suporte
QV0-BT0850-290900-416-c05	CV382187	8,146754767	sem_suporte
QV0-CT0581-290900-419-g04	CV382754	8,147257622	sem_suporte
CM3-GN0047-160900-358-c09	CV321321	8,147569059	sem_suporte
CM3-ET0039-240800-189-f03	BF358970	8,148147339	sem_suporte
PM0-KT0036-310101-002-d10	CV361503	8,148667276	sem_suporte
QV2-NN0045-061200-533-e01	BF960261	8,148771425	sem_suporte
MR2-GN0127-011100-003-b10	BF993362	8,1488919	sem_suporte
MR3-GN0154-101000-002-e12	CV351985	8,148918876	sem_suporte
MR3-NN0219-281000-007-g01	BF947274	8,149165211	sem_suporte
RC1-GN0268-091200-011-e11	BG011399	8,149954574	sem_suporte
QV2-NT0018-190600-243-f11	BF365228	8,150192363	sem_suporte
QV2-UT0054-260900-384-c03	CV393921	8,150199133	sem_suporte
CM3-GN0047-160900-358-c02	CV321318	8,151039789	sem_suporte
RC3-CI0163-211100-022-f03	BF812489	8,151298477	sem_suporte
PM3-BN0137-290300-002-b09	BE007054	8,151410464	sem_suporte
QV1-EN0051-231000-427-e03	BF846312	8,151423279	sem_suporte
QV0-ET0001-100800-336-b06	BF358599	8,15226047	sem_suporte
CM3-BN0320-140600-212-h03	BF330199	8,152610439	sem_suporte
CM0-CI0136-011100-668-b01	BF803207	8,153054392	sem_suporte
QV2-NN0045-221200-571-f05	BF963970	8,153258526	sem_suporte
QV2-CI0013-190900-378-e02	CV389547	8,153446806	sem_suporte
MR1-SN0065-010500-003-c04	AW868826	8,153602046	sem_suporte
RC1-IT0012-211100-012-b01	BF770318	8,1537124	sem_suporte
QV1-MT0132-201100-497-f10	BF894801	8,153741755	sem_suporte
QV0-HT0367-150200-114-d03	BE156299	8,154192603	sem_suporte
QV0-CT0583-031100-476-f05	BF757274	8,154316633	sem_suporte
QV2-LT0038-270300-108-g05	AW837358	8,154599739	sem_suporte
CM3-GN0052-151100-360-b04	BG002049	8,154639692	sem_suporte
QV0-AN0013-270600-277-g11	CV381342	8,154730123	sem_suporte
QV1-UM0105-290400-179-e09	AW805816	8,155680468	sem_suporte
MR4-PT0052-210800-212-b03	CV356689	8,15613865	sem_suporte
QV1-BT0678-290400-176-c12	BE086788	8,156711588	sem_suporte
MR0-GN0176-031100-203-d11	BF994377	8,157398471	sem_suporte
QV3-GN0058-041000-357-c02	BF986941	8,158969631	sem_suporte
QV0-BT0703-260500-239-a11	CV382077	8,159230766	sem_suporte
RC0-FT0153-050700-021-c10	BQ373712	8,159366144	sem_suporte
PM3-SN0017-140600-008-e10	BF373739	8,160064577	sem_suporte
PM2-CN0030-210100-001-d12	AW842315	8,160400346	sem_suporte
RC3-TN0093-110800-021-c02	BF377052	8,160614547	sem_suporte
QV2-NN0045-101100-411-f04	BF952192	8,160954447	sem_suporte
QV3-HT0460-230200-101-h03	BE163577	8,16124329	sem_suporte
PM0-HT0911-080201-012-h04	BG993582	8,161292055	sem_suporte
RC2-FN0090-120600-013-b12	CV412850	8,161499886	sem_suporte
QV2-NN0045-071200-528-b10	BF960799	8,161554869	sem_suporte
MR1-UM0063-080300-002-f08	AW800708	8,161830262	sem_suporte
CM3-FN0070-030600-198-e10	BF370504	8,162547091	sem_suporte
QV2-NN0045-050900-351-a02	CV391200	8,16265546	sem_suporte
CM3-BN0380-201000-402-e08	BF750149	8,162778238	sem_suporte
RC2-BT0642-290200-016-c01	BE082941	8,163219515	sem_suporte
CM2-HT0242-081199-030-b08	BE148750	8,163763204	sem_suporte
QV4-ST0023-160400-172-e10	AW806908	8,164223433	sem_suporte
MR0-HT0240-221299-004-g10	BF350016	8,164366306	sem_suporte
RC2-ST0158-091099-011-e09	AW811638	8,164895555	sem_suporte
QV1-MT0231-251100-509-g04	BF896531	8,165476892	sem_suporte
MR3-CT0176-111099-003-e06	BQ321010	8,165575565	sem_suporte

QV1-HT0639-150500-198-h03	BE181736	8,166523002	sem_suporte
MR4-ST0098-090300-003-c05	AW807771	8,166714854	sem_suporte
QV3-NN1023-130500-178-e02	AW902425	8,166965785	sem_suporte
PM0-HT0349-101299-002-A11	BE155033	8,166987096	sem_suporte
CM1-UT0041-150800-359-c12	CV316793	8,16745573	sem_suporte
MR2-EN0092-261200-004-g10	BF854399	8,167801457	sem_suporte
QV0-HT0368-030100-080-a07	BE156407	8,167848528	sem_suporte
PM2-UM0053-240300-005-d12	AW799671	8,167937072	sem_suporte
IL3-HT0619-180700-218-D06	CV332911	8,169543535	sem_suporte
QV1-HT0638-230500-207-h02	BF353350	8,169925074	sem_suporte
QV2-HT0577-160500-216-c06	BF352166	8,170058852	sem_suporte
MR2-CI0128-051200-003-b08	BF816101	8,170098281	sem_suporte
QV4-BN0044-220200-109-d12	AW995943	8,170269554	sem_suporte
RC2-CT0304-080100-011-f12	AW857200	8,170344807	sem_suporte
QV1-HT0313-121199-027-d09	BE152011	8,170445246	sem_suporte
RC0-HT0372-241199-031-b08	BE157392	8,171089825	sem_suporte
QV0-NN1021-020800-330-e05	BF363954	8,171307598	sem_suporte
CM3-BN0165-130400-145-c05	BE009253	8,171365157	sem_suporte
PM3-EN0067-311000-001-a05	BF847520	8,171721568	sem_suporte
CM1-BN0179-270600-285-b05	CV312864	8,172325328	sem_suporte
RC0-ET0026-220500-021-f02	CV404384	8,172380216	sem_suporte
QV2-OT0034-290600-246-h10	CV393613	8,172825694	sem_suporte
QV1-NN0228-091100-440-b10	BF951965	8,173384618	sem_suporte
CM0-CT0810-190301-794-c11	BG959329	8,173868993	sem_suporte
QV4-OT0067-040700-278-f06	CV401877	8,174081837	sem_suporte
MR3-HT0736-180700-002-b10	CV352769	8,174440643	sem_suporte
CM1-UT0040-060900-386-c09	BF379785	8,17485059	sem_suporte
MR2-EN0091-151200-001-f06	BF853030	8,17497002	sem_suporte
QV1-NN0104-260600-257-f02	BF363248	8,175134266	sem_suporte
RC5-BN0282-310500-021-F04	BF329823	8,176184015	sem_suporte
MR0-UT0048-021000-102-f12	BF907086	8,176548177	sem_suporte
QV4-BT0536-271299-059-d04	BE072251	8,176831048	sem_suporte
MR4-ET0140-190201-007-h06	BI015138	8,177753413	sem_suporte
QV1-MT0132-201100-499-h09	BF895204	8,177974613	sem_suporte
RC3-BT0608-200100-011-a10	BE077462	8,178000888	sem_suporte
PM2-HT0224-291099-002-b07	BF349855	8,178572119	sem_suporte
MR3-FN0209-070201-011-d06	BI046681	8,179507761	sem_suporte
QV4-NN1149-291100-611-e02	BF958255	8,179702974	sem_suporte
RC2-BT0389-120400-014-e04	BE069675	8,17974316	sem_suporte
QV1-HT0573-290200-092-e01	BE174233	8,180369704	sem_suporte
CM0-CS0042-281000-646-b11	BF763861	8,180625803	sem_suporte
QV0-CT0225-131099-034-d10	AW753003	8,18104454	sem_suporte
QV2-NN0045-081200-540-g04	BF960987	8,181686321	sem_suporte
MR3-AN0025-030800-004-c02	BQ292836	8,181808427	sem_suporte
QV1-HT0572-280200-089-d01	BE174039	8,182016251	sem_suporte
QV0-BN0148-070700-293-h08	CV381621	8,182492352	sem_suporte
QV3-NT0216-061200-517-d09	BF928653	8,18260366	sem_suporte
RC0-ET0070-130600-021-h05	CV404400	8,183152845	sem_suporte
QV3-LT0048-270100-068-h02	AW837930	8,183812049	sem_suporte
PM2-BN0084-290300-006-a10	BE002422	8,185040534	sem_suporte
MR3-FN0206-070201-014-c10	BI047058	8,18507432	sem_suporte
QV2-NN0045-131100-424-f10	BF954226	8,185266017	sem_suporte
QV1-MT0227-251100-511-f04	CK327140	8,185413968	sem_suporte
MR0-NN1120-120800-202-g01	CV342457	8,185474135	sem_suporte
MR1-AN0036-150900-004-d11	BF325688	8,185980663	sem_suporte
QV3-GN0109-121000-379-g01	BF987818	8,18755901	sem_suporte



MR3-GN0185-041200-015-f10	BG010127	8,187725261	sem_suporte
MR3-FN0209-020201-005-d08	BI046066	8,188551826	sem_suporte
RC4-OT0072-090300-011-f08	AW885799	8,188817523	sem_suporte
MR3-GN0151-071100-005-a09	BF996612	8,190218914	sem_suporte
QV0-BT0703-230600-280-f02	BF332457	8,190411731	sem_suporte
QV0-TN0086-180800-339-f08	BF377036	8,19144109	sem_suporte
QV0-HT0494-030300-144-d10	BE166641	8,191986708	sem_suporte
PM3-SN0020-040700-011-d02	BF373908	8,192572433	sem_suporte
QV2-NN0054-180800-320-h11	CV392272	8,192912749	sem_suporte
QV2-NN0045-201200-577-a07	BF963329	8,193170378	sem_suporte
CM3-NN0060-190400-155-h04	AW897616	8,193177705	sem_suporte
MR2-HN0061-180101-001-f11	BI002033	8,193179394	sem_suporte
PM3-GN0510-250501-008-f07	CV374001	8,193569737	sem_suporte
IL3-CT0219-160200-060-C04	AW850584	8,194225102	sem_suporte
RC0-GN0090-150900-021-d12	CV404842	8,194374073	sem_suporte
MR1-TN0004-090800-001-e08	BF375813	8,194498663	sem_suporte
CM4-ST0134-290999-018-g04	AW811238	8,195162489	sem_suporte
CM0-GN0101-230900-563-g01	CV310931	8,195181806	sem_suporte
QV1-HT0312-260100-051-b01	BE151991	8,196022181	sem_suporte
QV1-GN0065-120900-314-g01	BF368716	8,196244694	sem_suporte
MR2-GN0158-101100-004-g02	BF998252	8,196726093	sem_suporte
QV4-NN1148-291100-616-c11	BF958371	8,196951039	sem_suporte
PM3-HT0925-040900-001-h11	BF357158	8,19712399	sem_suporte
QV3-ET0171-231100-492-a02	BF879265	8,197505365	sem_suporte
QV0-EN0059-261000-444-a11	BF846679	8,198738684	sem_suporte
CM0-HT1296-160201-778-b02	BG995368	8,198967864	sem_suporte
QV2-MT0130-081100-472-c05	BF892717	8,199537905	sem_suporte
QV1-FT0083-060600-228-g03	BF372870	8,199833906	sem_suporte
MR3-ST0203-130100-025-f10	AW814410	8,201226907	sem_suporte
QV0-BN0042-051000-423-d05	BF749176	8,20175897	sem_suporte
RC3-NN0052-150400-011-d05	AW896806	8,201804564	sem_suporte
PM3-AN0085-290800-002-e04	BE925307	8,201804991	sem_suporte
QV2-NN0045-191200-568-a06	CV391831	8,201861809	sem_suporte
QV0-ST0247-090200-105-f02	AW817255	8,202488439	sem_suporte
QV2-NN0045-270900-394-c11	BF362264	8,203031448	sem_suporte
RC4-ET0131-151100-021-e02	BF876966	8,203516442	sem_suporte
MR4-ST0124-241199-026-e12	AW809699	8,204948269	sem_suporte
MR2-EN0092-191200-007-g10	BF853202	8,205140469	sem_suporte
RC0-CI0035-031000-021-d07	BF798633	8,206308791	sem_suporte
RC1-BT0567-301299-011-g02	BE074193	8,206361828	sem_suporte
PM3-TN0154-180900-002-d08	BF378079	8,207206406	sem_suporte
QV0-FT0038-260500-243-e03	BF372439	8,207635937	sem_suporte
QV1-GN0207-131100-474-h10	BG000849	8,209043839	sem_suporte
MR3-HT0737-060700-004-f10	CV352793	8,209147018	sem_suporte
QV2-NN0045-300800-342-d08	CV392102	8,209368182	sem_suporte
CM0-BN0266-010600-406-g12	BF329533	8,210220453	sem_suporte
MR0-TN0106-200900-201-f09	CV342866	8,21037172	sem_suporte
PM0-BN0167-120400-001-f05	BE009353	8,210416377	sem_suporte
IL3-HT0618-110500-136-F07	BE179550	8,210496686	sem_suporte
CM0-CS0041-051000-591-e11	BF761548	8,210885873	sem_suporte
CM1-HT0877-150800-356-a10	CV315093	8,211889392	sem_suporte
MR1-TN0045-130900-011-b11	CV346334	8,212095267	sem_suporte
CM1-ST0181-091199-035-b11	AW812472	8,21420383	sem_suporte
MR4-TN0112-171100-106-h10	BF888579	8,214619781	sem_suporte
CM1-CS0038-251000-492-a05	BF763431	8,214730852	sem_suporte
QV0-EN0058-261000-442-d06	BF846756	8,215105618	sem_suporte

RC6-ST0170-061099-021-c05	AW389705	8,215750517	sem_suporte
MR1-ST0206-170400-024-b09	AW814971	8,2175104	sem_suporte
MR1-HT1068-291100-005-g09	BF840042	8,219073065	sem_suporte
PM3-EN0004-180500-005-f11	CV372465	8,219553723	sem_suporte
MR1-RT0038-281100-003-g01	BF821391	8,221014428	sem_suporte
MR1-BT0800-030700-002-c10	BF333016	8,221063599	sem_suporte
MR0-GN0131-291000-101-a09	BF991653	8,221578338	sem_suporte
PM2-NN1085-040500-001-a02	AW905761	8,22158075	sem_suporte
QV3-BT0297-231199-020-c08	BE064076	8,221665284	sem_suporte
QV3-IT0007-311000-404-f06	BF768514	8,222514359	sem_suporte
MR4-UT0053-271100-103-f09	BF913724	8,223162937	sem_suporte
QV3-TN0167-011100-428-b05	BF887408	8,224319176	sem_suporte
RC2-FN0090-060600-011-a11	BF370676	8,225023791	sem_suporte
RC4-NT0058-270600-015-h01	CV423097	8,225626381	sem_suporte
MR2-GN0158-101100-004-h02	BF998256	8,22632958	sem_suporte
MR3-UT0106-301100-004-a05	BF913874	8,226800202	sem_suporte
CM3-TN0068-140800-286-g07	BF376636	8,227598554	sem_suporte
CM3-BN0022-030200-087-f12	AW992141	8,227665023	sem_suporte
MR4-TN0111-110900-201-g12	CV357692	8,228458771	sem_suporte
PM3-NN0129-260700-002-b04	BF363357	8,228704965	sem_suporte
QV0-CI0018-220900-406-c02	CV382267	8,229783158	sem_suporte
QV4-NT0028-200400-179-c06	AW889322	8,229969381	sem_suporte
QV3-BT0295-260100-066-d06	BE063792	8,230008314	sem_suporte
MR1-BT0796-160600-001-g05	CV343663	8,230508988	sem_suporte
MR4-UT0053-151000-203-b05	BF909000	8,231481951	sem_suporte
MR1-TN0020-280800-001-a02	CV346172	8,231614699	sem_suporte
RC0-ET0129-060201-032-d08	BI014611	8,231744048	sem_suporte
QV4-GN0120-250900-420-e02	CV399501	8,23267458	sem_suporte
QV2-NN0045-131100-414-e05	BF954349	8,232807722	sem_suporte
CM0-ET0098-121000-611-e05	BF868771	8,234158977	sem_suporte
RC1-CT0252-031099-011-g06	CV407789	8,234480537	sem_suporte
RC2-HT0861-070800-014-b05	CV413708	8,236543073	sem_suporte
RC3-FN0143-060700-021-h09	BE839380	8,238747038	sem_suporte
RC4-TN0130-170800-011-a11	BF377756	8,239071796	sem_suporte
PM0-CT0802-090301-004-a03	BG958392	8,239215649	sem_suporte
QV1-BT0820-120900-372-a06	BF333219	8,239407097	sem_suporte
RC0-BN0333-050700-031-b02	CV402947	8,239549156	sem_suporte
QV4-GN0143-021000-438-a11	BF985178	8,239627202	sem_suporte
MR1-TN0046-060900-004-b05	BF376478	8,240540816	sem_suporte
PM2-HT0353-211100-007-e03	BF837381	8,241707499	sem_suporte
QV4-NN0040-070400-160-c02	AW896066	8,243326627	sem_suporte
CM0-ET0123-021100-682-b05	BF873127	8,243502185	sem_suporte
QV2-NN0054-220800-328-g05	CV392286	8,2445932	sem_suporte
RC2-UM0050-070400-018-d05	AW798895	8,244721222	sem_suporte
MR1-BT0800-030700-002-c06	BF333015	8,244808922	sem_suporte
CM1-NT0285-170101-724-c03	CV316197	8,244855792	sem_suporte
QV4-OT0069-160300-140-a12	AW885506	8,244914884	sem_suporte
QV3-BN0047-270700-283-c05	BF327014	8,245025882	sem_suporte
QV0-CT0383-150200-116-h11	AW860461	8,245165535	sem_suporte
CM0-HT0916-070900-521-f09	BF356901	8,246126972	sem_suporte
MR0-BT0265-070100-005-c12	BE063077	8,248348256	sem_suporte
RC3-BT0319-240200-015-a10	BE066073	8,248400568	sem_suporte
QV2-NN0045-140900-372-b02	CV391627	8,250950401	sem_suporte
PM0-ET0208-031200-002-c05	BF881396	8,251046468	sem_suporte
MR2-BN0114-020500-006-b07	BE004829	8,251350391	sem_suporte
MR3-CT0465-300800-006-e02	BE927897	8,251402532	sem_suporte

QV0-ST0247-090200-105-f07	AW817265	8,251827784	sem_suporte
QV3-CT0556-200900-349-b03	CV394843	8,252700232	sem_suporte
QV3-CT0560-121000-378-d07	BF754591	8,252898715	sem_suporte
CM0-GN0112-041000-578-a05	BF986911	8,253138732	sem_suporte
QV2-NN0045-101100-409-c10	BF952237	8,253140048	sem_suporte
RC5-LT0054-140200-013-G05	AW838613	8,25668784	sem_suporte
QV4-ST0023-160400-172-e06	AW806907	8,25688196	sem_suporte
PM0-BN0167-120400-001-g04	BE009356	8,256960778	sem_suporte
QV2-HT0698-080800-293-h03	CV390795	8,257700999	sem_suporte
MR3-NN0216-031100-002-g01	BF949943	8,257809399	sem_suporte
MR0-BT0264-221199-002-a06	CV338696	8,257899831	sem_suporte
MR3-UT0050-180900-011-d11	CV354134	8,259478657	sem_suporte
CM0-ET0124-091100-680-a10	BF874724	8,262163451	sem_suporte
CM1-HT0950-260900-432-b05	BF357651	8,262942441	sem_suporte
CM3-GN0049-160900-351-a12	CV321414	8,26297409	sem_suporte
MR2-EN0093-191200-001-b10	BF853133	8,26320714	sem_suporte
QV1-MT0168-131100-486-h10	BF893995	8,263791731	sem_suporte
QV2-NN0045-051200-515-e09	BF960202	8,264584101	sem_suporte
MR1-RT0029-131100-002-f05	CV345472	8,265376675	sem_suporte
QV2-LT0038-180300-080-h03	AW837283	8,266524641	sem_suporte
RC1-HN0003-220300-021-a08	AW983847	8,267362901	sem_suporte
MR2-GN0157-111100-003-d01	CV348418	8,268224401	sem_suporte
MR4-ET0138-240401-005-c09	BI017995	8,268558364	sem_suporte
CM1-CT0309-071299-057-d08	AW754053	8,269475605	sem_suporte
RC4-CN0048-150400-013-d03	AW844185	8,269728035	sem_suporte
QV4-OT0067-130700-293-d07	CV402038	8,270623866	sem_suporte
MR3-GN0031-150900-001-b03	CV351721	8,271707304	sem_suporte
MR2-UT0089-051000-001-e03	BF907810	8,271974753	sem_suporte
QV2-UT0054-200900-382-d03	BQ380439	8,272562852	sem_suporte
QV4-HT0538-250900-404-f09	CV400293	8,27327808	sem_suporte
RC3-BT0661-310800-022-d08	CV415238	8,274208747	sem_suporte
CM3-CT0511-160900-355-g02	BF336391	8,274484296	sem_suporte
PM0-MT0202-130301-007-c02	BI029661	8,275817847	sem_suporte
RC2-BN0123-170300-011-d01	BE006098	8,275822262	sem_suporte
RC3-MT0136-121100-012-a01	BF893618	8,276996502	sem_suporte
MR1-ET0144-011100-001-a09	BF872179	8,278068515	sem_suporte
MR4-UT0053-290900-102-h03	CV358201	8,278673268	sem_suporte
QV4-OT0067-090600-253-e03	BF360923	8,279489339	sem_suporte
QV4-FT0004-180500-220-g07	CV399260	8,28026442	sem_suporte
MR2-CI0127-071200-013-g02	BF816803	8,280393963	sem_suporte
QV4-HT0538-130300-128-d12	BE170462	8,281721762	sem_suporte
RC1-BT0254-100500-111-a02	BE062271	8,282490513	sem_suporte
QV3-BN0047-210300-124-g10	AW996969	8,282557088	sem_suporte
CM1-FN0047-190600-275-d10	CV314153	8,282685818	sem_suporte
PM0-GN0210-200101-002-b07	BI052396	8,282839678	sem_suporte
CM0-NT0133-281000-640-g04	BF919170	8,28476215	sem_suporte
CM3-HT0192-071099-022-f11	BE145084	8,28554912	sem_suporte
MR3-GN0187-271100-016-c07	BG006336	8,286373433	sem_suporte
MR0-CT0451-180900-009-d11	CV340305	8,28665731	sem_suporte
RC5-OT0078-150300-021-C09	AW886145	8,286948602	sem_suporte
PM3-HT0909-251100-031-c04	BF838634	8,287191686	sem_suporte
MR4-HN0054-120401-006-h02	BI005499	8,287896582	sem_suporte
MR3-GN0190-301100-004-c09	BG008868	8,288163603	sem_suporte
QV2-LT0038-180300-079-h03	AW837321	8,289220339	sem_suporte
MR2-SN0005-250500-009-g06	BF373784	8,290431788	sem_suporte
RC2-CT0304-120200-012-d12	AW861327	8,290568835	sem_suporte

PM0-CT0289-091199-002-d03	AW856428	8,291765337	sem_suporte
CM3-GN0049-151100-359-h04	BG001784	8,293171396	sem_suporte
QV2-NN0053-160800-315-c09	CV392208	8,294064236	sem_suporte
RC3-GN0075-170800-011-f03	BE930879	8,294122118	sem_suporte
CM0-HT0919-310800-526-d12	BF356953	8,294462257	sem_suporte
CM1-CT0605-141200-637-g05	BF759729	8,297259802	sem_suporte
QV3-BT0295-260100-066-e03	BF330713	8,298554525	sem_suporte
MR3-HT1100-260101-001-d03	BG990939	8,299261709	sem_suporte
IL3-HT0060-200899-008-A01	AW177961	8,299526938	sem_suporte
RC5-NN1065-271200-028-B09	BF964338	8,300121108	sem_suporte
PM0-HT0911-080201-011-c01	BG993491	8,301263262	sem_suporte
RC2-HT0825-190700-012-f09	CV413635	8,301535493	sem_suporte
MR3-ST0203-130100-026-f01	AW814379	8,303293896	sem_suporte
QV0-FT0039-220500-237-g09	BF372445	8,305597255	sem_suporte
QV1-GN0320-021200-523-b08	BG009499	8,305626302	sem_suporte
CM3-CT0485-230900-361-d02	BF335920	8,305783955	sem_suporte
QV4-OT0067-240700-308-d10	CV402123	8,308401494	sem_suporte
PM2-HT0303-281099-001-e12	BE151649	8,311436196	sem_suporte
CM0-ET0121-021100-679-e07	BF873286	8,312711917	sem_suporte
RC5-OT0078-100400-023-C01	AW886296	8,313413042	sem_suporte
MR4-UM0022-240400-003-d09	AW795821	8,313710908	sem_suporte
QV2-NN0045-011200-508-g03	BF959025	8,314195708	sem_suporte
MR1-BT0404-080300-002-f09	BE069954	8,31467605	sem_suporte
QV2-NN0045-101100-409-e04	BF952244	8,315303408	sem_suporte
RC3-CT0347-100500-017-c05	AW858968	8,315554318	sem_suporte
MR2-CT0595-061100-001-a03	BF757688	8,316451423	sem_suporte
PM0-BN0173-181000-006-g03	BF749757	8,316713743	sem_suporte
QV3-GN0203-081100-439-h05	BF997288	8,316791585	sem_suporte
QV1-BN0398-031000-404-e10	BF748615	8,319530728	sem_suporte
QV2-NN0045-221200-575-a12	BF963806	8,321729028	sem_suporte
CM1-UT0038-140900-409-e01	CV316543	8,322721403	sem_suporte
MR4-SN0078-171100-004-f12	BF906970	8,322759712	sem_suporte
QV4-CT0491-240800-378-a08	BF336150	8,322792851	sem_suporte
CM3-GN0049-160900-349-b10	CV321402	8,323325113	sem_suporte
MR3-ST0220-010200-105-d08	AW816158	8,32502411	sem_suporte
MR4-ST0125-021199-017-a09	AW810196	8,325264528	sem_suporte
MR0-UT0049-151000-104-c04	BF909080	8,326708883	sem_suporte
QV1-GN0207-131100-477-d04	BG000798	8,327275001	sem_suporte
MR1-GN0173-161000-003-f02	BF988386	8,330018617	sem_suporte
MR4-UT0053-151000-203-c03	BF909006	8,330620978	sem_suporte
MR2-EN0092-261200-002-h03	BF854029	8,330884023	sem_suporte
RC2-IT0047-211100-011-b04	BF770398	8,332540769	sem_suporte
QV1-HT0413-010200-059-c07	BE160165	8,33369531	sem_suporte
RC2-HT0826-030700-012-h11	CV413651	8,334861204	sem_suporte
RC0-HT0934-280800-032-f02	CV405907	8,335446098	sem_suporte
CM0-GN0079-150900-546-e09	BF369227	8,335696304	sem_suporte
CM0-BN0266-190500-386-e09	BF329542	8,335745166	sem_suporte
CM3-BN0383-201000-420-a04	BF749672	8,337089937	sem_suporte
QV0-NN0184-070700-295-e03	CV383779	8,337750426	sem_suporte
CM3-CT0483-151100-344-c11	BF758582	8,339176747	sem_suporte
PM0-FT0057-300600-002-e10	BF372620	8,339276732	sem_suporte
RC4-GN0088-200900-011-g03	CV420953	8,340279816	sem_suporte
MR0-GN0176-021100-202-a04	BF994058	8,343160619	sem_suporte
QV4-BN0091-160300-139-g01	BE003340	8,343190537	sem_suporte
QV0-CT0225-180400-198-h04	CK327032	8,343410459	sem_suporte
RC2-ET0018-150500-015-a01	BF358765	8,343890703	sem_suporte

QV0-BN0041-030300-145-a10	AW995092	8,343932897	sem_suporte
MR1-MT0282-121200-002-g08	CV345289	8,34495436	sem_suporte
QV1-BT0631-280200-084-c05	BE080890	8,345576335	sem_suporte
CM0-GN0101-181100-567-g10	BG003544	8,345751947	sem_suporte
RC2-FN0090-120600-012-e07	BF370721	8,347315995	sem_suporte
MR0-HT0241-150500-011-b10	BE148678	8,347807172	sem_suporte
RC1-GN0073-160800-021-g04	BF368958	8,348163163	sem_suporte
CM3-ET0041-130500-184-a12	AW947489	8,348732334	sem_suporte
MR0-BN0070-130300-004-b07	AW999196	8,351037672	sem_suporte
CM0-CI0138-021100-672-a01	BF803851	8,353307726	sem_suporte
RC2-CS0018-250900-011-b10	CV412019	8,355005331	sem_suporte
CM3-BN0380-201000-402-g04	BF750160	8,356256994	sem_suporte
QV4-HT0894-170800-362-a12	BF356421	8,356487982	sem_suporte
QV3-NN1023-260400-168-b09	AW902193	8,356893884	sem_suporte
MR3-ST0191-020200-207-d04	AW813238	8,357055854	sem_suporte
PM0-BT0274-201099-001-f05	BE063327	8,357098473	sem_suporte
MR3-ST0203-221299-023-a09	AW814276	8,363544432	sem_suporte
PM3-ET0262-220501-029-h07	CV372784	8,364473843	sem_suporte
RC0-BN0416-261000-021-f12	BF750352	8,366370643	sem_suporte
PM1-HT0628-310800-009-b08	BF353177	8,367896752	sem_suporte
RC0-UT0028-080800-031-b01	CV406899	8,368032314	sem_suporte
PM2-NN0127-130700-004-a09	CV370122	8,368480091	sem_suporte
RC4-HT0276-281100-021-e01	BF839490	8,369153809	sem_suporte
RC4-NN0024-120500-012-f06	AW893691	8,370235717	sem_suporte
QV2-EN0098-020201-597-h11	BI011745	8,372455606	sem_suporte
QV0-CT0225-210700-313-e03	CV382554	8,372639489	sem_suporte
CM1-CS0038-251000-500-h06	BF763398	8,37401039	sem_suporte
QV2-LT0051-240300-097-e09	AW838124	8,374859927	sem_suporte
RC2-ST0168-071299-013-f10	AW811870	8,374938366	sem_suporte
CM1-CI0032-191200-630-b03	BF818398	8,375562244	sem_suporte
QV0-CT0225-100400-187-a11	AW852276	8,376656685	sem_suporte
RC2-ET0023-150500-014-b02	CV412656	8,376722342	sem_suporte
RC1-HN0003-220300-021-h11	AW983872	8,376834729	sem_suporte
QV3-BT0379-010300-105-c09	CV394604	8,378154105	sem_suporte
RC0-HT0862-310700-021-d12	BF355499	8,378504301	sem_suporte
CM0-NN1156-131000-608-b06	BF944221	8,3791021	sem_suporte
QV3-GN0061-160800-296-f05	BF368587	8,37913586	sem_suporte
PM0-MT0111-290800-002-E01	BF360163	8,379747735	sem_suporte
CM3-FN0070-030600-198-g12	CV321082	8,379839644	sem_suporte
MR3-ST0192-290100-015-b06	AW813411	8,380835951	sem_suporte
QV1-MT0229-281100-508-g08	BF898292	8,380925027	sem_suporte
MR0-FT0175-050900-203-d08	BF373566	8,381102224	sem_suporte
RC4-CT0477-140800-011-f07	BF335789	8,381710109	sem_suporte
CM1-ST0277-161299-070-g07	AW818158	8,382042135	sem_suporte
RC2-ST0158-091099-011-e07	AW811637	8,382816932	sem_suporte
RC0-AN0041-310700-034-f04	CV402513	8,383849283	sem_suporte
MR0-BN0070-080400-012-e07	AW999890	8,391230362	sem_suporte
MR1-CI0021-161000-004-g11	BF800087	8,392024655	sem_suporte
RC2-HT0252-120200-014-d06	BE149230	8,395625962	sem_suporte
CM1-HT0878-031000-461-d10	BF831123	8,396009627	sem_suporte
MR1-HT0852-010800-003-e02	BF355445	8,39620542	sem_suporte
MR0-SN0040-220500-005-c05	CV342733	8,396394602	sem_suporte
QV0-BN0042-220900-402-a07	CV381478	8,396617046	sem_suporte
QV2-NN0044-300800-340-g04	CV391096	8,396675982	sem_suporte
QV1-NN0037-080500-194-g09	AW895241	8,397456168	sem_suporte
QV4-ST0023-160400-172-b03	AW806887	8,398353828	sem_suporte

PM0-HT0913-210201-010-g06	BG996344	8,398739923	sem_suporte
CM3-NT0089-040500-174-g07	AW891633	8,402246566	sem_suporte
QV2-HT0698-070700-264-g12	CV390790	8,404759219	sem_suporte
MR1-UM0009-090600-022-h05	CV346597	8,405230464	sem_suporte
MR2-SN0006-050600-004-f03	CV350271	8,405701046	sem_suporte
CM0-GN0101-031000-581-h06	BF986630	8,407190193	sem_suporte
IL3-ET0114-281000-319-G05	BF870561	8,407226986	sem_suporte
PM3-ET0272-190401-004-h08	CV373171	8,408904598	sem_suporte
QV1-UM0105-290400-179-h06	AW805818	8,410273721	sem_suporte
MR1-ET0144-071100-004-d06	BF874059	8,412287224	sem_suporte
RC3-BT0333-300300-017-f01	BE066545	8,412533768	sem_suporte
PM3-BN0257-130700-007-d10	CV371542	8,413293867	sem_suporte
PM0-HT0911-120201-016-d11	BG994217	8,415360428	sem_suporte
RC4-OT0071-090300-011-a12	AW885528	8,415729682	sem_suporte
MR2-HN0036-241100-006-d12	BF827247	8,416532246	sem_suporte
PM4-HT0191-281099-002-h02	BE145046	8,41733072	sem_suporte
PM2-DT0062-060100-001-f07	AW938558	8,421573549	sem_suporte
RC4-BT0335-011200-014-b11	BF747486	8,421830024	sem_suporte
MR3-GN0153-181000-008-a05	BF988655	8,425219008	sem_suporte
RC2-HT0826-150800-016-g12	CV413657	8,426750479	sem_suporte
PM0-OT0019-180400-003-a06	AW879469	8,426856203	sem_suporte
QV1-BT0631-030400-130-f11	BE081091	8,428577028	sem_suporte
MR0-SN0042-140400-002-b06	AW867896	8,429836016	sem_suporte
QV0-HT0368-150200-113-g02	BE156622	8,430427641	sem_suporte
RC2-FN0090-120600-012-a07	BF370715	8,430606458	sem_suporte
QV4-GN0120-250900-420-g10	CV399506	8,431941848	sem_suporte
MR4-ST0124-270300-005-g03	AW810019	8,43314447	sem_suporte
CM1-HT0877-011100-376-f03	BF833671	8,436559211	sem_suporte
MR3-GN0151-031100-002-a12	BF995160	8,438230846	sem_suporte
MR1-BT0404-080300-002-f11	CV343633	8,438307954	sem_suporte
QV2-NN0045-131100-414-d04	CV391539	8,44035361	sem_suporte
QV2-NN0045-071200-532-f03	BF960693	8,441158636	sem_suporte
PM0-BN0173-310500-003-B04	BF328368	8,441948858	sem_suporte
QV0-ST0247-200100-092-b03	AW817027	8,442919224	sem_suporte
CM3-HT0926-021000-393-h12	CV321919	8,445318442	sem_suporte
QV4-ST0023-160400-172-d02	AW806900	8,451428153	sem_suporte
QV3-GN0108-031000-361-d05	BF986360	8,456906285	sem_suporte
MR0-NT0038-070500-003-g05	AW890156	8,457856317	sem_suporte
MR2-GN0158-091100-003-a02	BF997929	8,46028146	sem_suporte
QV0-CT0179-300999-024-c10	AW846267	8,460494174	sem_suporte
MR3-SN0011-010400-101-g07	AW863816	8,460588217	sem_suporte
QV2-PT0010-280300-112-e09	AW877069	8,461520052	sem_suporte
IL0-HT0205-131199-143-a03	BE145674	8,46277893	sem_suporte
QV2-NN0042-210800-310-d10	CV390988	8,464106185	sem_suporte
QV1-LT0036-280200-087-c08	AW836994	8,464207264	sem_suporte
MR3-GN0349-070201-004-h05	BI055566	8,465711023	sem_suporte
MR2-EN0092-110101-006-a02	BI010877	8,467481531	sem_suporte
CM3-FN0067-010600-194-g07	CV321049	8,467628065	sem_suporte
MR2-CN0037-240200-102-b04	AW842899	8,469769809	sem_suporte
CM0-MT0033-150600-428-b06	CV311559	8,471141556	sem_suporte
CM3-CT0313-291199-046-d08	AW857405	8,471393188	sem_suporte
MR2-BN0386-051000-015-g06	BF749113	8,474015865	sem_suporte
QV2-NN0045-081200-536-e07	BF961099	8,475267578	sem_suporte
MR2-NT0138-281200-008-e05	BF935726	8,476356357	sem_suporte
QV4-NN1149-231100-577-f04	BF957019	8,476856327	sem_suporte
QV2-NN0045-031200-514-g06	BF959617	8,477690398	sem_suporte

RC1-TN0150-190900-011-e11	CV410665	8,480486275	sem_suporte
MR4-CT0537-141100-002-c05	BF758523	8,480744016	sem_suporte
MR1-NT0179-171100-004-c06	BF921585	8,481430533	sem_suporte
PM0-HT0911-240800-001-g04	CV360891	8,484082548	sem_suporte
MR4-TN0112-310101-208-d04	BI048566	8,487766196	sem_suporte
MR2-HN0036-171100-002-a05	BF825836	8,490086503	sem_suporte
RC4-HT0785-160600-012-d11	BF354820	8,490339519	sem_suporte
QV3-DT0043-180100-061-a04	AW937373	8,490397263	sem_suporte
QV1-MT0132-081100-443-f11	BF892964	8,494272714	sem_suporte
RC3-NN0070-260400-021-h04	AW898263	8,498559041	sem_suporte
QV2-PT0011-260300-110-d06	AW877169	8,49857378	sem_suporte
CM1-UM0031-080300-138-g06	AW796453	8,500164129	sem_suporte
QV1-NN0228-091100-440-g07	BF951992	8,500987543	sem_suporte
QV1-UM0104-050900-356-a01	CV388848	8,502650508	sem_suporte
MR4-ST0121-261099-014-d05	AW809353	8,50557993	sem_suporte
QV3-BT0815-200900-350-c04	CV394695	8,512533318	sem_suporte
PM1-HT0628-310800-009-a12	CV365103	8,512625059	sem_suporte
CM1-CT0605-141200-632-d01	BF759550	8,513779273	sem_suporte
RC3-CI0163-201100-021-a07	BF812012	8,518589019	sem_suporte
MR4-ST0125-021199-017-h08	AW810220	8,519424686	sem_suporte
QV2-LT0051-060500-189-d07	AW838341	8,521631773	sem_suporte
MR0-HT0408-220300-001-h11	BE159785	8,526074909	sem_suporte
CM3-CT0513-250800-308-b05	CV320738	8,526187273	sem_suporte
MR2-HT1162-240101-015-b03	BG990330	8,526214173	sem_suporte
PM0-HN0078-280201-005-c06	BI004351	8,527450316	sem_suporte
RC5-ST0171-201099-012-a05	AW812042	8,532479362	sem_suporte
QV3-DT0044-010300-107-c05	AW937635	8,532785619	sem_suporte
QV2-NN0045-261200-572-b08	BF964219	8,534706541	sem_suporte
MR1-BT0796-290600-005-c01	BF333001	8,536781154	sem_suporte
QV2-NN0045-181200-560-h07	BF962766	8,538165884	sem_suporte
MR1-RT0029-131100-001-a04	BF819833	8,542593923	sem_suporte
QV1-UT0095-121000-421-c11	BF908857	8,542932723	sem_suporte
QV1-CI0170-061100-463-g03	BF805117	8,543782624	sem_suporte
RC5-BT0503-010200-031-g08	BE071205	8,545538547	sem_suporte
RC0-UM0051-210300-032-g02	AW799337	8,54570735	sem_suporte
MR1-KT0058-211100-001-d06	BF736474	8,545968533	sem_suporte
QV4-NT0028-270700-315-c03	BF365429	8,546902955	sem_suporte
MR0-HT0407-010500-017-b06	BE159707	8,546989156	sem_suporte
RC0-MT0057-160600-031-d09	CV406058	8,548787056	sem_suporte
MR1-CI0181-061100-001-a12	BF805291	8,55015561	sem_suporte
QV1-LT0036-150200-070-g11	AW836831	8,551721163	sem_suporte
QV3-BN0046-060700-256-e06	CV393957	8,552544078	sem_suporte
MR1-RT0041-041200-005-f10	BF821966	8,553352089	sem_suporte
RC2-NT0110-060600-014-c08	BF366770	8,553479999	sem_suporte
QV4-UM0095-180800-360-b08	BF378960	8,556097943	sem_suporte
QV2-BT0817-260900-389-b08	CV389493	8,559118656	sem_suporte
PM3-HT0642-290300-001-h02	BE182144	8,560709968	sem_suporte
MR2-GN0030-210900-019-g06	CV348194	8,561586682	sem_suporte
CM1-HT0877-210900-418-f09	CV315172	8,563652942	sem_suporte
PM0-BN0167-210500-003-a01	BF328289	8,566446176	sem_suporte
RC4-IT0015-291100-011-g01	BF771740	8,568962459	sem_suporte
CM0-OT0043-250300-307-a06	AW881803	8,570319097	sem_suporte
PM0-BN0173-071100-008-h02	BF751434	8,570576247	sem_suporte
MR0-HT0241-270100-007-a11	BF350032	8,571826435	sem_suporte
QV2-NN0045-131200-551-a01	BF962129	8,573937213	sem_suporte
QV4-FT0004-200700-306-h05	BF371956	8,575299121	sem_suporte

MR3-SN0066-030500-007-c10	CV353754	8,576074672	sem_suporte
PM0-HT1167-120101-001-C06	BG988276	8,578142338	sem_suporte
QV2-NN0045-051200-515-g08	BF960211	8,584147367	sem_suporte
QV4-DT0021-301299-071-c01	AW936364	8,58438224	sem_suporte
CM3-GN0052-151100-360-c11	BG002056	8,585430234	sem_suporte
PM0-SN0014-260400-002-c12	AW864181	8,590164537	sem_suporte
RC5-BN0282-010600-031-F01	CV423807	8,591358942	sem_suporte
CM3-BN0380-041100-371-h11	BF751064	8,591880434	sem_suporte
MR1-TN0020-040900-005-g11	CV346115	8,593356545	sem_suporte
QV3-BT0537-270100-069-c10	BE072471	8,595836837	sem_suporte
MR1-MT0282-191200-004-c12	BF903940	8,596055711	sem_suporte
IL3-CT0215-020300-090-D01	AW849290	8,59689653	sem_suporte
PM0-HT1167-120101-001-C01	BG988261	8,597049229	sem_suporte
CM1-AN0080-301000-516-h12	BF734931	8,597140171	sem_suporte
MR2-GN0158-101100-004-a08	BF998215	8,598318863	sem_suporte
CM3-BN0164-190400-149-e10	BE009125	8,603830907	sem_suporte
MR2-GN0158-101100-004-g11	BF998254	8,606565443	sem_suporte
MR2-HT0757-260600-002-c07	BF354430	8,608256928	sem_suporte
MR3-NN0217-031100-010-a08	BF949979	8,609431153	sem_suporte
QV0-BT0703-280400-211-d12	BE089577	8,610295188	sem_suporte
CM0-HT0634-270300-309-h07	BQ350248	8,611110097	sem_suporte
MR3-FN0209-070201-011-b09	BI046679	8,612264103	sem_suporte
PM2-GN0014-211100-003-c01	BG004797	8,618015818	sem_suporte
CM1-NT0244-201200-674-c12	BF932883	8,619109075	sem_suporte
QV4-HT0893-180800-359-f02	CV400462	8,622250216	sem_suporte
PM0-OT0216-200401-003-a12	BI044588	8,622937314	sem_suporte
PM3-HT1308-210501-001-c07	CV374866	8,625933131	sem_suporte
QV3-DT0019-140200-086-d05	AW935941	8,626022759	sem_suporte
RC1-HT0939-160800-022-b04	BQ358240	8,626170511	sem_suporte
IL3-CT0220-150200-069-E01	AW851037	8,626292496	sem_suporte
PM0-NT0074-160500-001-H05	CV362184	8,628254018	sem_suporte
MR0-UT0048-041000-103-c01	BF907382	8,62852793	sem_suporte
MR1-GN0173-111200-021-f05	BG011658	8,62864268	sem_suporte
QV3-IT0007-311000-412-a04	BF768558	8,62894403	sem_suporte
MR4-BT0357-020200-002-h06	BE067507	8,635021025	sem_suporte
IL3-HT0618-110500-136-C11	BE179545	8,640342981	sem_suporte
CM3-CT0511-250800-309-f10	BF336394	8,640379337	sem_suporte
CM3-BN0381-021000-384-a02	BF748287	8,64083818	sem_suporte
CM4-CT0343-301199-052-b05	AW858632	8,64136431	sem_suporte
RC2-CS0017-260900-012-b03	CV411911	8,643441387	sem_suporte
RC1-HT0229-131199-012-g01	BE147360	8,644125472	sem_suporte
CM0-FT0044-120600-423-a02	CV310732	8,644125776	sem_suporte
MR4-CT0539-310101-009-a10	BG953821	8,6461241	sem_suporte
CM0-ST0181-081099-073-g12	BF374965	8,650060244	sem_suporte
MR2-BN0387-290900-001-a12	CV346913	8,652370819	sem_suporte
MR0-HT0157-310300-010-g05	BE142913	8,659899928	sem_suporte
RC3-BT0333-250200-015-h07	BE066439	8,660113317	sem_suporte
CM1-ST0182-261099-025-c01	AW812573	8,660130395	sem_suporte
QV0-NN1022-170400-193-g09	AW902039	8,660140244	sem_suporte
RC5-HT0259-071199-031-d02	CV425214	8,661867005	sem_suporte
MR2-EN0091-191200-004-f07	CV347561	8,662661586	sem_suporte
MR2-CT0222-281099-006-a09	AW851702	8,662727826	sem_suporte
MR3-HT0999-050201-004-e09	BG992964	8,663963396	sem_suporte
QV1-UT0096-101100-395-c10	BF911814	8,664331168	sem_suporte
QV3-IT0007-311000-404-e02	BF768529	8,664382656	sem_suporte
CM1-HT0760-120600-256-h07	CV314699	8,664559516	sem_suporte



CM1-HT0877-260900-440-g10	CV315237	8,665482904	sem_suporte
CM2-HT0393-301199-044-h11	BE158600	8,669043254	sem_suporte
PM2-CT0804-150201-001-e09	BG956013	8,6725007	sem_suporte
RC0-ET0129-060201-032-g08	BI014621	8,672901612	sem_suporte
CM3-CT0483-180800-291-e11	CV320622	8,677893445	sem_suporte
QV2-NN0045-121200-531-e12	BF961765	8,684209186	sem_suporte
CM3-GN0049-021000-383-d10	CV321359	8,686827164	sem_suporte
MR3-NN0218-011100-007-h10	BF949071	8,68736035	sem_suporte
MR3-ST0220-091299-024-g01	AW816020	8,700608126	sem_suporte
RC0-CT0473-080800-031-c10	BE697903	8,700642042	sem_suporte
CM1-CS0038-251000-497-b06	BF763337	8,702302394	sem_suporte
MR2-HT1161-180101-002-a08	BG988714	8,708451928	sem_suporte
QV0-FN0180-170700-303-h04	BF371714	8,709071124	sem_suporte
MR3-HT0737-180700-001-b02	BE715198	8,711012456	sem_suporte
MR3-GN0029-290800-001-d09	BF367355	8,71117878	sem_suporte
QV3-ET0202-081200-523-c10	BF883338	8,712105809	sem_suporte
QV3-HT0636-240500-203-d12	CV396686	8,72012374	sem_suporte
MR3-AN0025-080800-006-c08	BF325801	8,725912262	sem_suporte
MR3-UT0091-150900-007-g07	CV354209	8,728030383	sem_suporte
MR0-BN0115-101000-012-h09	BF749440	8,728769103	sem_suporte
CM0-NN1004-100300-277-g11	AW900208	8,728898795	sem_suporte
QV0-CT0179-090200-090-d06	AW846366	8,737355713	sem_suporte
QV3-OT0065-260400-167-h11	AW884575	8,73926219	sem_suporte
IL3-CT0220-111199-028-D07	AW850844	8,740870162	sem_suporte
QV4-GN0122-031000-412-b11	BF986487	8,742491925	sem_suporte
QV1-ET0183-021200-529-e06	BF881286	8,743224842	sem_suporte
QV1-UT0096-260900-399-c02	BF381350	8,744032421	sem_suporte
PM3-ET0207-250101-009-f12	BI013987	8,747400976	sem_suporte
QV1-MT0168-211100-492-g07	BF895292	8,760221943	sem_suporte
QV4-CT0492-310800-392-h09	BF336218	8,760583342	sem_suporte
MR2-HT1162-240101-010-f03	BG990179	8,761906226	sem_suporte
MR4-ST0121-041199-019-e02	AW809423	8,763301727	sem_suporte
QV3-CT0555-200900-354-b02	CV394821	8,764432772	sem_suporte
MR1-TN0045-110900-008-c10	BF376373	8,764600927	sem_suporte
CM3-CT0310-180200-098-f07	AW857378	8,764682213	sem_suporte
QV0-NN1142-031100-483-b11	BF950103	8,76572104	sem_suporte
QV4-MT0049-050700-281-c08	CV400812	8,767382039	sem_suporte
CM1-FT0052-130600-267-h09	CV314326	8,76750028	sem_suporte
MR3-UT0106-281100-007-f01	BF913919	8,768525202	sem_suporte
MR4-TN0112-310101-208-h03	BI048573	8,773082354	sem_suporte
MR1-CT0528-140900-002-a06	CV344043	8,775631341	sem_suporte
PM0-KT0041-031200-001-e10	BF737137	8,778183921	sem_suporte
PM3-GN0375-050201-005-d06	BI055266	8,785683333	sem_suporte
RC4-ET0135-201100-011-d01	BF878688	8,790997845	sem_suporte
RC5-HT0982-151200-011-C01	BF843119	8,791639879	sem_suporte
MR0-GN0176-021100-202-c10	BF994086	8,792875059	sem_suporte
MR1-TN0004-090800-001-e04	BF375811	8,795726741	sem_suporte
MR2-BT0590-020300-109-c09	BE075784	8,797546894	sem_suporte
RC2-HT0252-120200-014-a12	BE149221	8,799479457	sem_suporte
MR1-TN0045-060900-005-c02	CV346264	8,802300975	sem_suporte
PM1-HT0340-091199-001-g07	BE154090	8,80475615	sem_suporte
MR3-ST0203-180100-107-a06	AW814428	8,806030319	sem_suporte
MR1-HT1068-051200-009-e09	BF841700	8,81091173	sem_suporte
MR3-NN0218-031100-001-f12	BF949465	8,813431898	sem_suporte
RC1-BT0314-030300-014-h08	CV407281	8,81484004	sem_suporte
CM3-BN0155-180500-188-d10	BF328142	8,816042421	sem_suporte

RC0-ET0129-060201-032-e01	BI014613	8,818091313	sem_suporte
MR2-HN0061-180101-002-f05	BI002081	8,818297095	sem_suporte
QV0-BT0041-011199-039-h07	BE061122	8,822746215	sem_suporte
PM3-MT0034-050800-001-h11	CV375182	8,831802808	sem_suporte
MR1-MT0282-151200-003-g02	BF903184	8,832716349	sem_suporte
RC0-CT0205-131099-012-c03	AW847409	8,836136744	sem_suporte
MR2-ST0130-071099-003-d09	AW810961	8,839412915	sem_suporte
CM1-HN0016-081100-554-h05	BF824903	8,842633374	sem_suporte
RC0-HT0292-061199-031-d08	BF350354	8,848885363	sem_suporte
MR4-ST0121-261099-014-g10	AW809374	8,852550029	sem_suporte
QV1-CN0002-200300-114-d11	BF333492	8,857930694	sem_suporte
QV2-HT0685-040700-260-c11	CV390692	8,861143761	sem_suporte
RC2-TN0082-070800-013-e04	CV414268	8,862210183	sem_suporte
PM0-HN0073-150201-006-c02	BI003899	8,862837844	sem_suporte
MR3-CT0458-050900-001-g08	BF335366	8,873883398	sem_suporte
RC2-BN0033-280200-017-b11	AW993403	8,880051331	sem_suporte
MR0-KT0009-091100-001-g07	BF734833	8,881041747	sem_suporte
MR1-SN0064-150500-004-g06	AW868736	8,881835832	sem_suporte
QV3-BT0537-060100-057-f04	BE072422	8,882091353	sem_suporte
QV2-NN0045-301100-501-g05	BF958668	8,886977149	sem_suporte
CM1-HT0950-260900-432-g05	BF357660	8,887180767	sem_suporte
MR2-CI0128-071200-010-g10	BF816664	8,888989644	sem_suporte
QV0-BT0041-261199-059-c04	BE061138	8,890092725	sem_suporte
CM0-HT0917-280800-519-e09	CV311330	8,894839835	sem_suporte
MR2-HT0815-170700-003-f11	BE718698	8,897346897	sem_suporte
MR0-ET0107-171100-001-f03	CV340653	8,906298294	sem_suporte
MR1-KN0008-300101-003-a07	BG945625	8,907152183	sem_suporte
MR0-NN1081-091100-001-a09	BF951612	8,907955594	sem_suporte
MR0-TN0107-040900-004-g01	CV342891	8,922653112	sem_suporte
IL3-HT0619-240800-254-F10	CV333030	8,924782529	sem_suporte
MR0-HT0240-191199-002-d12	BE148254	8,926907311	sem_suporte
CM1-TN0134-041100-438-h08	BF887718	8,928212186	sem_suporte
QV4-CI0153-081100-521-d07	BF806710	8,929388515	sem_suporte
RC1-GN0073-290800-013-f12	CV408662	8,934202797	sem_suporte
PM3-CT0817-190501-005-f07	CV372312	8,934752004	sem_suporte
QV1-UT0098-031000-400-f02	BF907253	8,940560172	sem_suporte
RC0-ET0129-161100-021-d06	BF877476	8,947486608	sem_suporte
QV4-FT0004-200700-301-d04	BF371925	8,947668321	sem_suporte
CM3-NT0005-190400-153-b05	AW888418	8,948680427	sem_suporte
RC5-BT0562-140200-013-B07	BE073953	8,950310332	sem_suporte
QV4-ST0023-160400-172-c11	AW806898	8,954518704	sem_suporte
PM0-CT0807-280201-001-f12	BG957226	8,957182339	sem_suporte
QV3-NN1023-130500-178-d02	AW902422	8,959088174	sem_suporte
CM1-MT0245-211200-662-a04	BF904458	8,959554389	sem_suporte
QV0-ST0247-200100-093-d04	AW817082	8,959905233	sem_suporte
PM0-HT0224-181099-001-e03	BE147098	8,962577925	sem_suporte
RC2-CT0163-230999-003-D11	AW846011	8,963038193	sem_suporte
PM2-CT0328-281299-003-g12	AW861660	8,963229627	sem_suporte
RC2-HT0218-181099-031-b04	BE146595	8,965767378	sem_suporte
MR0-ET0109-171100-001-d01	BF877960	8,976665584	sem_suporte
RC1-HT0229-131199-012-f01	BF349888	8,97761794	sem_suporte
MR2-HT1162-180101-009-h01	BG989470	8,978785948	sem_suporte
CM0-HT0917-280800-519-g09	BF356919	8,982763012	sem_suporte
MR2-GN0123-071100-001-a10	BF996480	8,985072128	sem_suporte
RC4-MT0161-091200-011-a11	BF901648	8,989480234	sem_suporte
PM0-ET0208-280201-008-e11	BI015629	8,998935295	sem_suporte

RC0-CT0472-080800-031-d09	BF335758	9,009154765	sem_suporte
MR4-ST0121-060200-002-c07	AW809585	9,009556137	sem_suporte
MR0-HT0405-160300-202-f08	BE159063	9,017514439	sem_suporte
RC1-MT0135-171100-021-e11	BF894531	9,022145191	sem_suporte
MR1-CI0140-161000-001-a04	BF798748	9,022618676	sem_suporte
CM1-CI0092-271000-499-f06	BF801626	9,036857287	sem_suporte
PM3-HT0909-040900-001-a08	CV374572	9,048528087	sem_suporte
MR4-NN0205-210201-103-d12	BI033733	9,052936369	sem_suporte
RC2-CT0298-300100-014-g08	AW856812	9,060079054	sem_suporte
IL3-CT0220-111199-028-G07	AW850856	9,062238704	sem_suporte
RC0-PT0006-271199-011-H04	AW875173	9,064569852	sem_suporte
CM3-ET0040-180500-186-e06	CV320982	9,064692988	sem_suporte
RC5-BT0639-180200-031-A09	BE082405	9,065002524	sem_suporte
RC1-TN0150-190900-011-b08	CV410655	9,06615293	sem_suporte
QV0-ST0236-171299-075-b02	AW816498	9,066938374	sem_suporte
PM2-CT0402-270700-002-e03	BF334844	9,071604166	sem_suporte
MR2-CI0128-141200-013-b08	BF818064	9,072880576	sem_suporte
QV3-FT0212-031100-446-h05	BF857201	9,084920702	sem_suporte
CM3-CI0003-081100-367-d08	BF806505	9,08848164	sem_suporte
QV1-HT0574-130300-105-b06	BE174320	9,090636745	sem_suporte
PM2-CI0157-161100-001-g03	BF809902	9,092796153	sem_suporte
MR0-BN0070-290200-002-b08	AW999048	9,095872503	sem_suporte
MR2-HT1163-180101-006-a01	BG989382	9,102994343	sem_suporte
QV4-GN0250-281100-608-g04	BG007641	9,106088459	sem_suporte
PM0-HT0339-050600-012-a03	BF350531	9,106781463	sem_suporte
MR0-CI0075-291000-002-d09	BF801844	9,115349759	sem_suporte
PM0-CI0049-181000-001-C06	BF800542	9,120522858	sem_suporte
CM1-MT0244-020101-707-a06	BI018138	9,120891277	sem_suporte
RC5-ST0293-190100-012-G01	AW819515	9,126284851	sem_suporte
MR1-RT0023-091100-001-f12	CV345409	9,149966323	sem_suporte
QV0-UM0093-250800-360-b05	CV384859	9,150831625	sem_suporte
RC2-NT0110-220500-012-c12	BE766861	9,151585862	sem_suporte
RC1-BT0385-301299-012-h07	BE069408	9,158104602	sem_suporte
CM1-HT0878-031000-463-b08	CV315265	9,15928085	sem_suporte
RC2-CT0201-290999-012-f03	AW847127	9,167983119	sem_suporte
CM3-CI0003-081100-367-f04	BF806509	9,17083596	sem_suporte
MR0-HT0166-191199-004-e02	BE144370	9,172204156	sem_suporte
PM0-TN0030-200900-003-e03	CV362737	9,173169257	sem_suporte
QV1-BT0823-120900-364-c08	CV385611	9,179576199	sem_suporte
CM1-GN0287-051200-615-g11	BG010572	9,181063197	sem_suporte
RC5-BT0377-030200-012-G11	BE068993	9,182060062	sem_suporte
RC0-BN0227-250500-031-g05	BF328897	9,183171606	sem_suporte
CM0-UT0005-140800-504-d08	BF379168	9,1935706	sem_suporte
QV0-UM0093-250800-360-g01	CV384866	9,195360359	sem_suporte
MR1-HN0070-151200-003-g06	BF829136	9,198337602	sem_suporte
PM3-BN0174-120400-001-c08	BE009835	9,202664335	sem_suporte
QV0-OT0030-120500-219-b10	AW880465	9,203336809	sem_suporte
MR2-OT0079-010600-008-c02	BF361034	9,206016213	sem_suporte
QV2-OT0062-140400-137-f09	AW882977	9,209478574	sem_suporte
CM1-UT0041-150800-363-b10	CV316800	9,217965524	sem_suporte
RC0-TN0079-220800-032-g11	CV406673	9,223299871	sem_suporte
RC1-MT0160-251200-013-a05	BF904967	9,229731063	sem_suporte
IL0-HT0205-011199-138-e01	BE145633	9,234094613	sem_suporte
PM3-HT0627-270300-001-d01	BE180919	9,237742873	sem_suporte
QV2-NN0045-011200-505-e08	BF959132	9,242935269	sem_suporte
QV1-ET0181-041200-537-d09	BF881688	9,246915743	sem_suporte

PM0-HN0132-080101-002-g07	BG999338	9,248052876	sem_suporte
CM0-TN0038-150900-550-b03	BF376295	9,257096696	sem_suporte
RC2-ST0301-240300-015-a09	AW821033	9,26338889	sem_suporte
QV0-ST0294-030300-146-e02	AW819781	9,267665497	sem_suporte
MR2-SN0005-110500-001-a07	AW862919	9,270329686	sem_suporte
QV2-NN0045-300800-343-e04	CV392131	9,27097226	sem_suporte
CM1-CS0039-191000-481-f10	BF762618	9,275617461	sem_suporte
MR1-ET0145-071100-003-h07	BF874259	9,281232996	sem_suporte
PM3-KT0044-080101-004-f01	BG946197	9,285334541	sem_suporte
QV2-NN0045-301100-507-g03	BF958602	9,286523795	sem_suporte
PM3-HT0344-071299-003-g08	BE154659	9,288906883	sem_suporte
MR2-EN0091-191200-002-h11	CV347558	9,289391105	sem_suporte
RC0-GN0275-060201-032-a02	BI055431	9,291565926	sem_suporte
CM3-GN0050-151100-366-g04	BG001939	9,294127067	sem_suporte
MR2-HN0036-211100-003-b04	BF826265	9,296043505	sem_suporte
RC0-BT0561-070100-011-e05	BE073673	9,302628123	sem_suporte
RC4-ET0131-230101-023-g12	BI013703	9,304233682	sem_suporte
MR4-ST0240-270900-016-a01	CV357480	9,310866379	sem_suporte
MR0-HT0164-081199-006-f05	BE143600	9,313377102	sem_suporte
MR1-CT0529-270900-004-a07	BF336727	9,320429527	sem_suporte
PM3-UT0058-060900-004-e11	BF380350	9,32140367	sem_suporte
CM3-CT0485-151100-362-f12	BF758644	9,321835124	sem_suporte
IL3-CT0213-280100-056-C09	AW847657	9,32833606	sem_suporte
IL3-CT0214-291299-052-E05	AW848055	9,330109489	sem_suporte
QV0-BT0851-021000-420-e12	BF742179	9,335612995	sem_suporte
PM0-FT0057-100600-001-a02	CV359700	9,336421784	sem_suporte
QV0-CT0181-240999-027-a02	AW846607	9,337337349	sem_suporte
CM0-MT0151-181100-707-h08	BF894609	9,347879836	sem_suporte
MR1-BT0405-080300-001-g08	BE070021	9,350052422	sem_suporte
MR2-OT0079-120500-001-e03	AW886403	9,352047632	sem_suporte
RC0-UM0051-210300-032-e04	AW799333	9,353874208	sem_suporte
CM3-GN0052-080900-334-a03	CV321469	9,356163786	sem_suporte
MR3-GN0349-020201-003-a03	BI054769	9,364917223	sem_suporte
RC2-ET0019-200600-016-a08	CV412596	9,367312305	sem_suporte
MR0-BT0659-300500-008-f09	BF332125	9,369863276	sem_suporte
CM3-GN0053-151100-343-b06	BG001865	9,380564955	sem_suporte
QV2-BT0635-311000-442-d04	CV389334	9,386117527	sem_suporte
CM3-BN0380-251000-413-b09	BF750282	9,41051678	sem_suporte
MR3-GN0187-171100-011-c06	BG003033	9,417626716	sem_suporte
MR0-HT0208-101299-103-f07	CV341504	9,422711326	sem_suporte
RC0-MT0070-030700-021-a09	BF359892	9,426842726	sem_suporte
MR0-HT0164-191199-010-e03	BE143730	9,427987772	sem_suporte
QV1-CI0175-201100-500-g10	BF811956	9,43215602	sem_suporte
RC0-HT0934-120900-025-d03	CV405760	9,446022416	sem_suporte
PM3-ET0268-240501-014-c04	CV373008	9,446455606	sem_suporte
MR4-UT0052-101100-101-h06	BF911779	9,446745934	sem_suporte
CM1-ST0182-261099-025-f06	AW812577	9,454978521	sem_suporte
QV0-OT0031-100300-158-e03	AW880631	9,468011364	sem_suporte
MR3-UT0106-301100-004-a06	BF913873	9,469189021	sem_suporte
QV0-BN0148-070700-293-c09	BF327949	9,472479243	sem_suporte
QV3-GN0108-031000-361-c05	BF986339	9,482496715	sem_suporte
QV3-GN0061-270900-323-g10	CV396139	9,48415802	sem_suporte
PM0-CT0248-131099-001-f12	AW852926	9,493025134	sem_suporte
MR1-GN0172-271000-006-b08	BF991117	9,493046392	sem_suporte
MR3-FN0004-070600-004-b02	BQ371841	9,495828866	sem_suporte
PM2-BT0727-270300-001-a12	BE091255	9,496767914	sem_suporte

RC2-UT0087-130900-015-d12	CV414541	9,498287721	sem_suporte
CM0-ET0124-091100-680-g04	CV310599	9,503975072	sem_suporte
QV4-BN0090-070400-163-c01	BE002882	9,505682828	sem_suporte
MR1-HN0070-201200-004-g06	BF829460	9,508823966	sem_suporte
QV2-BT0635-311000-442-g04	BF744815	9,509581085	sem_suporte
MR2-GN0157-111100-003-b10	CV348417	9,514701253	sem_suporte
MR2-HN0035-201100-005-c09	BF826161	9,516950365	sem_suporte
PM3-NT0312-210501-007-a01	CV375954	9,518967601	sem_suporte
MR2-GN0157-061100-001-b01	CV348400	9,546719913	sem_suporte
PM0-HT0911-240800-001-a03	BE934091	9,555740847	sem_suporte
MR3-GN0185-211100-009-h09	BG004495	9,556903869	sem_suporte
MR2-UT0089-051000-001-f02	BF907814	9,565469696	sem_suporte
CM0-CS0042-301000-638-g04	BF763961	9,567570344	sem_suporte
QV3-BT0537-280100-070-e03	BE072494	9,573975752	sem_suporte
PM3-GN0182-250101-016-a07	BI053555	9,602328387	sem_suporte
MR0-GN0176-021100-202-h03	BF994093	9,605972131	sem_suporte
CM3-LT0079-300300-133-g03	AW840570	9,60920989	sem_suporte
RC0-FT0073-250500-021-f11	BF372789	9,610930452	sem_suporte
MR4-HT1051-150301-003-d05	BG997314	9,61523938	sem_suporte
QV2-NN0045-251100-506-h05	BF957558	9,630568631	sem_suporte
PM0-KT0036-271100-001-b11	BF736969	9,63584953	sem_suporte
RC1-CT0251-290999-011-b05	AW853301	9,651019898	sem_suporte
PM0-HN0073-250401-012-H04	BI005754	9,664339665	sem_suporte
CM0-HT0325-151299-126-g04	BE152488	9,665586339	sem_suporte
RC0-HT0905-080800-031-b08	BF356552	9,673486114	sem_suporte
IL3-CT0220-160200-066-G08	AW851251	9,676756329	sem_suporte
PM0-HT0335-211299-004-g05	BE153028	9,693446667	sem_suporte
PM3-CT0645-130201-002-f10	BG955873	9,695027746	sem_suporte
MR1-ET0144-011100-002-b08	BF872170	9,69904129	sem_suporte
MR1-RT0041-271100-002-d03	BF821019	9,703729159	sem_suporte
PM3-ET0262-220501-029-h08	CV372785	9,703777442	sem_suporte
PM3-HT1308-210501-001-d04	CV374868	9,705868724	sem_suporte
MR2-HT1162-050101-002-f07	BG987252	9,710634196	sem_suporte
CM1-MT0244-030101-700-b08	BI018419	9,72331592	sem_suporte
MR4-MT0255-080501-213-f04	CV355978	9,724164544	sem_suporte
RC4-GN0321-020201-021-d03	BI054525	9,729048211	sem_suporte
MR3-HT0446-260300-202-b03	BE161668	9,740640698	sem_suporte
CM3-CI0002-230900-364-b08	CV320362	9,746434452	sem_suporte
MR3-HT0737-100700-006-c08	BE715125	9,750358316	sem_suporte
RC2-HT1079-011200-011-h08	BF841140	9,751623137	sem_suporte
QV2-NN0045-300800-343-d04	CV392127	9,751703106	sem_suporte
MR2-EN0091-191200-002-f08	CV347556	9,755100558	sem_suporte
QV2-NN0045-131200-553-a10	BF960441	9,7553835	sem_suporte
MR0-CT0453-211100-008-c10	BF758861	9,759075529	sem_suporte
QV2-NN0045-051200-515-c09	BF960102	9,761475525	sem_suporte
MR4-ST0121-261099-014-h10	AW809378	9,764552445	sem_suporte
MR3-FN0206-020201-008-a08	BI045936	9,765145021	sem_suporte
RC4-CN0007-090300-013-h09	AW840674	9,767541044	sem_suporte
MR2-BT0590-250200-105-d10	BE075721	9,774928414	sem_suporte
RC0-CT0205-270999-011-f01	AW847379	9,775995696	sem_suporte
MR1-AN0037-280800-003-f12	CV343418	9,776812987	sem_suporte
QV4-NN0039-040500-196-e11	AW895900	9,781769769	sem_suporte
MR3-GN0229-031100-001-f12	BF995122	9,78711994	sem_suporte
RC5-OT0078-150300-021-E08	AW886156	9,788989809	sem_suporte
RC1-HT0879-210800-021-b07	CV409503	9,795176825	sem_suporte
PM3-GN0510-200501-003-f11	CV373885	9,799006801	sem_suporte

MR4-UM0021-140900-012-h08	CV357926	9,802641861	sem_suporte
MR1-TN0046-290800-003-g02	CV346512	9,802771329	sem_suporte
RC4-HT0888-011200-014-g06	BF841281	9,812403764	sem_suporte
CM0-CT0100-020899-035-g04	AW062661	9,812780312	sem_suporte
MR0-HT0209-280300-106-e05	BE146072	9,817229052	sem_suporte
QV0-HT0570-250800-352-c04	CV383504	9,821000463	sem_suporte
MR3-FN0206-300101-004-f10	BI045680	9,833692432	sem_suporte
CM1-UT0040-240800-365-d10	CV316751	9,839140601	sem_suporte
MR1-UM0009-130600-024-d02	CV346610	9,840443143	sem_suporte
RC0-HT0955-270900-021-e04	BF357677	9,840700282	sem_suporte
MR3-GN0186-171100-001-a03	BG002503	9,843616188	sem_suporte
QV4-NN0039-270400-191-h09	AW895840	9,849341033	sem_suporte
MR1-GN0173-071100-010-a10	CV344584	9,853544566	sem_suporte
MR2-CI0128-071200-011-e07	BF816723	9,858101793	sem_suporte
QV2-BT0817-260900-387-g08	BF333192	9,871682071	sem_suporte
RC0-CT0205-240999-021-a08	AW847335	9,894904617	sem_suporte
IL3-CT0220-150200-071-G08	AW851184	9,898924445	sem_suporte
RC5-CI0147-251100-012-D03	BF813229	9,916518488	sem_suporte
RC0-ET0130-161100-021-g04	CV404447	9,918971929	sem_suporte
MR2-BN0387-290900-003-f12	CV346976	9,932476123	sem_suporte
MR1-RT0028-101100-002-h10	BF819658	9,943462923	sem_suporte
PM0-NN1173-071100-002-d08	BF951294	9,951822935	sem_suporte
RC0-ST0199-221099-011-f02	AW814065	9,964053204	sem_suporte
MR2-HT1162-190101-016-d07	CV349307	9,966488076	sem_suporte
CM0-TN0034-150900-554-e04	BF376198	9,975745349	sem_suporte
QV3-BT0537-221299-048-d10	BE072342	9,983540022	sem_suporte
MR0-UT0048-290900-201-d09	CV343103	9,987458588	sem_suporte
MR1-RT0038-291100-004-g04	BF821466	9,992746682	sem_suporte
CM0-GN0079-150900-546-a04	CV310814	9,994416355	sem_suporte
CM1-CI0092-141100-547-c09	BF808555	9,998023734	sem_suporte
RC4-HT0278-291100-021-c11	BF840134	10,00715614	sem_suporte
CM3-NT0006-260400-158-b12	AW888556	10,00983294	sem_suporte
QV2-NN0045-181200-561-d04	BF962798	10,01549977	sem_suporte
QV0-OT0033-010400-182-d02	AW881123	10,02297316	sem_suporte
QV1-BN0398-190900-381-e11	CK327092	10,02303038	sem_suporte
MR3-ST0192-290100-211-g06	CV353892	10,02734353	sem_suporte
CM2-LT0066-030100-109-c07	AW839072	10,02874849	sem_suporte
IL3-CT0219-161199-031-F02	AW850278	10,02975195	sem_suporte
RC3-NT0221-131200-011-a01	BF930910	10,0395857	sem_suporte
MR1-BT0796-160600-001-g07	CV343664	10,05186399	sem_suporte
QV3-ET0174-081200-508-b10	BF883217	10,05218338	sem_suporte
CM0-CS0042-281000-637-f04	BF763779	10,05411358	sem_suporte
MR1-SN0064-240400-002-h05	AW868664	10,06661415	sem_suporte
PM0-HT0018-170899-001-h02	AW177735	10,07342286	sem_suporte
PM0-HT0171-290999-001-e08	AW367950	10,08202319	sem_suporte
CM0-NN0249-181100-710-h12	BF955570	10,08923406	sem_suporte
MR2-EN0091-211200-003-f10	BF853658	10,09205831	sem_suporte
RC2-GN0264-271100-011-b04	BG007093	10,09650475	sem_suporte
PM0-HT0913-200900-003-b01	CV360994	10,10300521	sem_suporte
MR2-HT1162-310101-012-a06	BG992141	10,10337354	sem_suporte
QV3-ET0176-220101-531-f05	BI013426	10,10496432	sem_suporte
PM3-LT0031-301299-002-d01	AW836413	10,1061949	sem_suporte
IL3-CT0220-170200-066-C10	AW851416	10,11447869	sem_suporte
CM4-BT0266-091199-039-d02	BE063105	10,11579634	sem_suporte
PM3-BT0343-120100-001-h10	BE067106	10,12347644	sem_suporte
RC0-CN0025-270100-011-a03	AW842001	10,13189407	sem_suporte

QV0-OT0030-070300-154-h02	AW880179	10,13636841	sem_suporte
IL3-CT0220-150200-071-G06	AW851183	10,14470047	sem_suporte
QV1-HT0474-200300-113-c05	BE165565	10,14759685	sem_suporte
QV2-NN0045-201200-577-h08	BF963348	10,15623745	sem_suporte
QV4-NT0251-251100-599-b11	BF923920	10,16083572	sem_suporte
MR3-ST0192-100100-024-g07	AW813350	10,17939468	sem_suporte
MR3-FN0206-300101-003-d12	BI045621	10,18229845	sem_suporte
MR2-EN0092-261200-004-b05	BF854378	10,18918297	sem_suporte
QV3-CT0556-200900-349-b07	CV394845	10,19627176	sem_suporte
CM2-BT0266-221199-037-e05	BE063129	10,19712737	sem_suporte
IL0-HT0205-131199-143-c09	BE145680	10,20044052	sem_suporte
MR1-RT0028-091100-001-e08	BF819464	10,20505967	sem_suporte
QV2-NN0045-081200-535-e09	BF960935	10,20905737	sem_suporte
MR2-EN0092-050101-005-b05	BI010372	10,21674719	sem_suporte
CM1-NT0087-010600-242-a06	CV315972	10,22427494	sem_suporte
PM0-UM0084-240300-001-B10	AW803984	10,22833758	sem_suporte
MR3-GN0031-150900-001-a06	CV351719	10,23224217	sem_suporte
RC4-GN0088-281100-013-b10	BG007870	10,23404575	sem_suporte
MR0-GN0024-180900-008-e11	CV341085	10,23786251	sem_suporte
QV4-NN1149-021000-443-e12	BF942831	10,24128041	sem_suporte
QV0-ST0247-300300-176-b06	AW817453	10,24237763	sem_suporte
RC2-ET0019-160500-014-h02	BF358791	10,24777293	sem_suporte
QV3-DT0019-120100-055-d01	AW935873	10,25356548	sem_suporte
QV0-BN0042-150900-389-a06	CV381451	10,25556687	sem_suporte
CM0-GN0162-271000-627-d03	BF991211	10,256313	sem_suporte
MR1-RT0025-191100-004-d10	BF820353	10,2619043	sem_suporte
MR4-GN0192-031200-002-f05	BG009611	10,26828473	sem_suporte
MR3-CT0465-310800-006-e06	CV351092	10,28746369	sem_suporte
QV3-BT0620-090300-115-h11	BE079177	10,29139943	sem_suporte
PM0-HT0224-181099-001-f03	BE147100	10,29304861	sem_suporte
QV2-OT0062-090500-205-g06	AW883850	10,29564332	sem_suporte
CM0-TN0032-070900-534-d05	BQ376265	10,2970395	sem_suporte
PM0-HT0911-080201-010-h06	BG993746	10,30818528	sem_suporte
QV2-NN0045-181200-562-c02	BF962902	10,31612845	sem_suporte
QV4-ST0023-160400-172-c12	AW806899	10,3392832	sem_suporte
PM2-BT0828-041100-003-e12	BF745954	10,34069182	sem_suporte
PM3-EN0004-080800-012-g09	CV372409	10,34135013	sem_suporte
PM2-CT0265-221099-003-c06	AW362046	10,34509572	sem_suporte
PM0-DT0065-130400-002-e11	AW938868	10,34989461	sem_suporte
RC3-BN0036-260400-015-f07	AW994475	10,35580929	sem_suporte
MR0-SN0039-300300-001-g09	BF374046	10,35999529	sem_suporte
CM0-BN0105-180300-295-e04	BE004394	10,36217376	sem_suporte
PM2-ST0303-281299-002-h10	AW821101	10,36446682	sem_suporte
MR2-EN0091-261200-006-h01	BF854094	10,36525968	sem_suporte
MR1-HN0068-121200-001-a09	BF828257	10,37145056	sem_suporte
RC0-FT0073-070600-031-c02	CV404742	10,37949304	sem_suporte
QV3-CT0560-270900-359-h03	BF336893	10,38451742	sem_suporte
MR1-HT1136-221200-009-d03	BF844872	10,40007419	sem_suporte
QV0-OT0033-070300-152-a09	AW880854	10,4118708	sem_suporte
CM0-AN0004-050800-497-c07	CV309235	10,41448533	sem_suporte
IL3-CT0220-091199-026-C03	AW850822	10,42144629	sem_suporte
QV3-IT0007-311000-404-f11	BF768515	10,43631978	sem_suporte
CM3-NN0004-100300-111-e10	AW892599	10,43849289	sem_suporte
RC2-ST0301-100400-017-h07	AW821080	10,44460749	sem_suporte
CM1-BN0111-240300-161-d02	BE004667	10,44678299	sem_suporte
PM0-HT0343-260200-004-d06	BE154568	10,46094277	sem_suporte

RC2-BN0033-180200-014-g05	AW993245	10,4617685	sem_suporte
MR1-BT0404-080300-001-h05	BE070076	10,47114935	sem_suporte
CM1-NN0214-251000-489-h08	BF945767	10,47409523	sem_suporte
MR4-NN0203-271100-101-e05	BF957966	10,48055176	sem_suporte
RC2-CT0201-071099-013-c05	CV412119	10,48512282	sem_suporte
CM3-ST0179-051099-019-e12	AW812195	10,48673536	sem_suporte
RC5-BT0640-180200-011-D06	BE082489	10,49266697	sem_suporte
RC3-BT0333-111100-121-a07	BF746647	10,5156813	sem_suporte
MR0-BN0070-260400-017-d08	BE000303	10,52405081	sem_suporte
MR2-CI0128-071200-010-c02	BF816653	10,52425665	sem_suporte
CM0-ET0122-311000-659-a08	BF871373	10,52445377	sem_suporte
MR4-EN0074-271100-002-c11	BF851153	10,52620509	sem_suporte
RC4-GN0067-210800-011-h06	CV420864	10,52941251	sem_suporte
RC2-BN0245-220500-012-b11	BE816798	10,54834201	sem_suporte
PM3-ET0262-190501-010-h07	CV372740	10,56369603	sem_suporte
QV3-BT0537-221299-048-d05	BE072340	10,56596124	sem_suporte
MR2-EN0091-191200-004-h10	BF853334	10,58284735	sem_suporte
CM1-FN0046-190600-274-c08	CV314137	10,58917832	sem_suporte
QV0-CT0225-180400-198-a11	AW852341	10,59540367	sem_suporte
QV3-GN0061-270900-323-h04	CV396141	10,59926834	sem_suporte
RC4-CN0048-120200-012-g05	AW844131	10,60466737	sem_suporte
MR2-CT0595-011100-006-b10	BF756821	10,60784499	sem_suporte
RC5-BN0283-270700-022-E06	BF329863	10,61242994	sem_suporte
QV1-EN0054-081100-428-c03	BF848956	10,61602793	sem_suporte
RC4-CI0167-281100-011-f04	BF813985	10,61799471	sem_suporte
MR2-EN0094-050101-007-b05	BI010408	10,62341794	sem_suporte
RC0-BT0509-200300-012-c03	BE071574	10,62567991	sem_suporte
QV1-EN0054-081100-428-d03	CV386278	10,62872201	sem_suporte
MR4-UT0053-220101-206-f04	CV358164	10,628746	sem_suporte
QV2-NN0045-131100-414-g11	BF954363	10,63652631	sem_suporte
MR1-RT0038-291100-004-h11	CV345506	10,64278487	sem_suporte
PM1-HT0340-151299-003-a08	BE154113	10,65264447	sem_suporte
CM0-TN0032-070900-533-c10	BF376144	10,67660223	sem_suporte
RC2-CT0201-270999-021-f01	AW847100	10,67857497	sem_suporte
PM0-HT0913-250401-015-D01	BG999044	10,67981855	sem_suporte
MR2-CI0186-050101-012-g01	BG977682	10,69114184	sem_suporte
CM1-ET0191-051200-626-c03	BF882464	10,69667586	sem_suporte
MR1-GN0173-051200-020-h09	BG010475	10,6987893	sem_suporte
MR0-CT0454-070900-001-d01	CV340563	10,71261869	sem_suporte
QV1-GN0207-201100-494-h05	BG004237	10,71744319	sem_suporte
QV4-GN0143-231100-578-d03	BG005321	10,71932069	sem_suporte
MR1-BT0405-100300-003-e08	BE070154	10,73181441	sem_suporte
PM3-EN0008-070500-001-f09	AW945498	10,74205123	sem_suporte
IL3-CT0219-210100-059-D05	AW850446	10,75244208	sem_suporte
QV3-BT0537-270100-069-c11	BE072472	10,76290307	sem_suporte
RC1-BT0254-190900-116-e12	BF330635	10,76676338	sem_suporte
RC4-NT0115-200600-013-d02	CV423168	10,76792359	sem_suporte
PM3-UM0089-170300-002-h10	AW804251	10,79154404	sem_suporte
CM3-CT0511-250800-309-h05	CV320715	10,80777451	sem_suporte
CM0-OT0207-260301-800-b05	BI043831	10,81344062	sem_suporte
QV0-BN0148-070700-293-e06	CK327003	10,82426569	sem_suporte
QV1-MT0132-201100-498-c09	BF894911	10,82799713	sem_suporte
MR1-MT0282-181200-007-h08	BF903539	10,8335845	sem_suporte
MR2-HT1162-240101-011-f06	BG990277	10,83497874	sem_suporte
MR1-CT0528-140900-002-a12	CV344046	10,87021946	sem_suporte
CM1-MT0245-211200-662-f04	BF904522	10,91300405	sem_suporte



QV0-OT0033-070300-149-e04	AW880802	10,92548605	sem_suporte
RC5-NT0181-201200-021-D12	BF932608	10,96067014	sem_suporte
CM0-CT0811-200401-823-c11	BG961264	10,96383502	sem_suporte
QV0-LT0014-250200-130-e12	AW835370	10,97472352	sem_suporte
QV4-MT0050-160600-256-c05	CV400836	10,98556867	sem_suporte
PM3-HT0909-151100-025-d09	BF835545	10,99142774	sem_suporte
MR2-HT1162-180101-007-c12	BG989189	10,99253866	sem_suporte
MR1-ST0089-180700-007-b10	BF374400	10,99909206	sem_suporte
PM0-CI0046-181000-001-H03	BF800139	11,00369909	sem_suporte
QV2-PT0012-010200-037-c01	AW875431	11,00610933	sem_suporte
CM1-CI0032-191200-630-f08	BF818418	11,00637801	sem_suporte
MR4-BT0358-270300-005-d10	BE067702	11,02821438	sem_suporte
MR0-CI0023-241000-102-a05	BF801285	11,03557734	sem_suporte
QV1-UM0104-050900-356-d11	BQ378042	11,03784888	sem_suporte
CM0-CT0810-090301-793-e01	BG958235	11,04575427	sem_suporte
RC2-BN0033-280200-016-b07	AW993341	11,05380509	sem_suporte
QV4-ST0212-091199-023-g08	AW815100	11,06449165	sem_suporte
QV2-CI0013-190900-378-e10	CV389549	11,07927597	sem_suporte
CM3-ET0040-120500-181-b12	AW947371	11,09572299	sem_suporte
CM2-CT0102-250899-006-a04	AW176798	11,10061953	sem_suporte
CM1-UT0038-140900-409-g09	BF379701	11,10140196	sem_suporte
CM2-HT0242-221199-038-c12	BE148783	11,10357823	sem_suporte
MR2-CI0128-051200-002-c04	BF815887	11,10755448	sem_suporte
RC2-CT0320-060200-017-b07	AW857699	11,11870601	sem_suporte
QV3-ET0103-111100-394-f04	BF875812	11,13129114	sem_suporte
RC5-HT0258-301099-011-c07	BE149905	11,13720784	sem_suporte
QV2-NN0045-221200-575-h05	BF963838	11,13880553	sem_suporte
MR4-GN0191-210501-104-g04	CV355218	11,14303425	sem_suporte
CM1-NT0245-271200-676-h12	BF935371	11,14322691	sem_suporte
MR3-ST0203-221299-023-h01	AW814292	11,15560453	sem_suporte
MR1-FN0007-260500-001-g02	CV344384	11,15772939	sem_suporte
MR2-HT1162-180101-004-h11	BG988805	11,15961257	sem_suporte
QV2-BT0616-311000-446-c01	BF744703	11,16857174	sem_suporte
PM2-ST0303-281299-002-g07	AW821099	11,1877677	sem_suporte
QV0-BT0220-230899-006-c04	CV381719	11,19237132	sem_suporte
CM1-BN0179-270600-284-g08	CV312860	11,19373768	sem_suporte
RC4-RT0051-271100-011-f03	BF821171	11,20182338	sem_suporte
QV1-HT0639-060600-231-c12	CV388005	11,21016176	sem_suporte
QV0-HT0366-131299-074-e11	BE155899	11,21252372	sem_suporte
MR4-ST0240-270300-004-c11	AW816703	11,2193875	sem_suporte
MR1-SN0064-240400-002-h03	CV345881	11,23224495	sem_suporte
PM0-IT0018-091100-001-b06	BF768842	11,24346651	sem_suporte
MR2-HN0036-110101-011-f07	BI001255	11,26403132	sem_suporte
RC0-BT0505-061299-031-g05	BE071253	11,26587107	sem_suporte
MR4-ST0125-140200-003-e10	AW810390	11,29183925	sem_suporte
CM0-DT0003-280100-171-c10	AW935276	11,30219527	sem_suporte
MR3-ST0203-211199-014-e08	AW814196	11,31222769	sem_suporte
CM0-GN0163-131000-622-a11	BF988108	11,3140355	sem_suporte
QV4-BN0262-060700-282-f10	CV398208	11,31545617	sem_suporte
RC4-IT0015-291100-011-b06	BF771734	11,31784847	sem_suporte
MR1-SN0063-040500-001-c01	AW868539	11,32034528	sem_suporte
PM2-BT0727-180400-003-a11	BE091335	11,32915811	sem_suporte
RC0-CT0299-131199-031-d04	AW856860	11,33322187	sem_suporte
PM2-FT0019-150600-001-g01	CV368749	11,34966945	sem_suporte
RC2-ET0023-150500-015-d01	CV412676	11,3521843	sem_suporte
QV3-ET0103-101100-402-g10	CK327189	11,35234823	sem_suporte

IL3-CT0220-051199-027-H01	AW850812	11,3727709	sem_suporte
MR3-GN0187-221100-001-c05	BG005022	11,38207149	sem_suporte
MR2-UM0012-280300-101-d02	AW794349	11,38782017	sem_suporte
MR0-BN0115-041000-013-a09	BF748813	11,39175507	sem_suporte
QV4-CT0491-310800-388-h04	CV398977	11,4230572	sem_suporte
QV2-BT0635-311000-441-c05	BF744862	11,4252143	sem_suporte
CM0-AN0004-120800-517-f07	CV309259	11,43853553	sem_suporte
QV1-MT0132-081100-435-g07	BF892822	11,43960755	sem_suporte
CM0-CI0139-311000-656-g08	BF802599	11,44469941	sem_suporte
MR3-UT0106-281100-007-d09	BF913913	11,46018617	sem_suporte
CM1-NN0214-271000-501-d10	BF945831	11,46827192	sem_suporte
QV1-ET0183-041200-557-c07	BF881970	11,47827289	sem_suporte
PM0-UM0018-120400-002-e02	AW795315	11,48572884	sem_suporte
MR1-HN0069-151200-005-f08	BF828927	11,49297842	sem_suporte
PM0-HT0425-170100-002-e01	BE160987	11,5005557	sem_suporte
QV2-NN0045-241100-510-c09	BF957300	11,50143701	sem_suporte
RC2-CT0320-060200-017-g07	AW857709	11,50863605	sem_suporte
MR3-ST0220-151299-028-a07	AW816047	11,52533957	sem_suporte
PM0-CT0263-151099-002-e04	AW854903	11,53409836	sem_suporte
RC3-BT0319-131199-011-d04	BE065918	11,59148816	sem_suporte
PM3-BN0085-310500-004-d12	CV371321	11,60487141	sem_suporte
MR1-MT0282-191200-005-f11	BF904022	11,60905689	sem_suporte
CM0-TN0039-100800-508-b06	CV312489	11,61037136	sem_suporte
RC1-HT0939-160800-022-g02	CV409660	11,61741451	sem_suporte
MR0-FT0175-310800-106-h05	BE928917	11,63167476	sem_suporte
RC3-HT0230-241099-012-h06	BE147823	11,63969513	sem_suporte
MR1-RT0041-051200-007-c05	BF822265	11,64566249	sem_suporte
MR3-GN0229-121100-007-g06	BF999966	11,65118893	sem_suporte
CM3-HT0192-071099-022-f09	BE145083	11,65848689	sem_suporte
MR2-HN0036-241100-007-h09	BF827207	11,65888863	sem_suporte
QV0-DT0020-210100-095-a03	AW936095	11,65924486	sem_suporte
QV4-BT0407-240200-115-g10	BE070405	11,66035719	sem_suporte
RC1-BT0313-110300-015-a01	BE064849	11,6919471	sem_suporte
CM3-GN0092-160900-353-f11	BF369507	11,70325485	sem_suporte
RC0-HT0885-310700-021-f02	BF356213	11,72434423	sem_suporte
MR0-HT0241-150500-011-h10	BE148699	11,74641896	sem_suporte
MR3-UT0091-050900-003-b01	CV354169	11,75073778	sem_suporte
QV0-BT0041-011199-039-a11	BE061086	11,75767167	sem_suporte
MR3-GN0349-070201-004-d05	CV352228	11,76488177	sem_suporte
IL3-CT0220-131299-033-F02	AW850878	11,80343038	sem_suporte
PM3-ET0262-070501-017-b06	CV372627	11,81476627	sem_suporte
QV4-HT0894-100800-355-b09	CV400555	11,81893998	sem_suporte
PM2-CI0111-041100-001-h06	BF804886	11,82886988	sem_suporte
QV4-EN0040-170800-366-h08	CV399140	11,82939878	sem_suporte
QV1-BT0679-280300-126-c04	BE086898	11,83479134	sem_suporte
QV0-HT0493-020300-136-f01	BE166456	11,83612347	sem_suporte
CM1-HT0877-060900-397-b03	CV315044	11,83953774	sem_suporte
QV3-HT1013-221100-477-g02	BF837612	11,8404613	sem_suporte
QV0-NN1022-120500-220-c07	AW902103	11,84471452	sem_suporte
RC3-FN0201-111100-011-e11	BF855160	11,85418033	sem_suporte
PM0-BN0144-160600-004-h07	BE815301	11,87551545	sem_suporte
PM0-BT0340-170100-004-e10	BE067015	11,87551985	sem_suporte
PM0-HT0339-060400-009-G08	CV360569	11,88395543	sem_suporte
MR2-CI0127-041200-011-c12	BF815676	11,90657648	sem_suporte
MR3-ST0218-191199-012-b01	AW815921	11,93207334	sem_suporte
QV3-GN0206-311000-434-g04	BF992855	11,93582917	sem_suporte

MR1-RT0028-101100-003-e02	BF819804	11,97509656	sem_suporte
QV3-DT0019-010300-112-f08	AW936032	11,97727796	sem_suporte
PM3-GN0375-150101-001-c07	BI051741	11,98123369	sem_suporte
QV2-HT0698-110700-268-e04	BF353718	12,01554591	sem_suporte
RC0-OT0089-130300-021-g10	CV406335	12,04302455	sem_suporte
CM3-NN0006-110300-113-g12	AW892991	12,0490817	sem_suporte
MR1-SN0065-200400-001-d12	AW868770	12,05953314	sem_suporte
MR1-RT0041-271100-003-e01	BF821083	12,06637265	sem_suporte
CM1-HT0876-031000-459-d03	CV314933	12,09226065	sem_suporte
MR2-GN0157-111100-003-g08	CV348420	12,12179907	sem_suporte
QV3-CT0558-301000-453-h01	BF756313	12,14344711	sem_suporte
RC4-GN0088-281100-013-f02	BG007879	12,14890691	sem_suporte
MR1-BT0404-080300-001-f01	BE070085	12,17294366	sem_suporte
QV2-NN0045-181200-563-d10	BF962962	12,17562559	sem_suporte
RC2-BN0033-180200-014-b08	AW993232	12,19220754	sem_suporte
PM2-BT0672-220300-005-d03	BE085998	12,19282329	sem_suporte
MR4-KT0047-160501-003-g09	CV355831	12,23429761	sem_suporte
QV2-NN0045-061200-533-e10	BF960265	12,25347193	sem_suporte
QV0-HT0366-090200-110-e03	BE156002	12,2975575	sem_suporte
RC4-RT0051-271100-011-d10	BF821182	12,3195486	sem_suporte
MR3-CT0462-250800-003-a05	CV350933	12,34351454	sem_suporte
CM3-ET0041-220600-218-f10	BF358987	12,35581703	sem_suporte
PM0-BT0277-201099-001-h05	BE063444	12,38325131	sem_suporte
CM1-FN0105-030700-295-b09	BF371013	12,41166912	sem_suporte
CM0-CI0095-311000-651-b10	BF802362	12,42104536	sem_suporte
CM3-NN0006-110300-113-g11	AW892990	12,43074108	sem_suporte
PM0-BN0066-150300-002-d09	AW998670	12,45602843	sem_suporte
MR3-FN0206-070201-011-g02	BI046981	12,51879157	sem_suporte
MR3-GN0185-121100-002-d05	BG000273	12,57632017	sem_suporte
QV1-LT0035-070300-101-b02	AW836704	12,62805359	sem_suporte
QV1-HT0638-080500-197-e02	BE181694	12,65507724	sem_suporte
IL0-BT0163-170899-101-e10	AW176131	12,74445414	sem_suporte
PM0-HT0339-081199-001-d01	BE153472	12,76320305	sem_suporte
QV0-AN0013-270600-277-a05	CV381336	12,82837685	sem_suporte
QV3-CT0556-041000-370-e06	BF753917	12,86940845	sem_suporte
MR3-EN0090-111200-009-e10	BF852175	12,87353786	sem_suporte
RC4-HT1088-260101-012-e07	BG991015	12,87611081	sem_suporte
MR1-HT1183-181200-001-a01	BF843767	12,87622766	sem_suporte
MR1-HT1064-191200-008-h06	BF844204	12,89347976	sem_suporte
QV4-GN0247-161100-553-b05	BG002371	12,91018055	sem_suporte
QV2-NN0045-051200-517-h09	BF960053	12,96334559	sem_suporte
MR1-ET0146-271000-001-g10	BF869935	12,98591797	sem_suporte
PM0-UM0084-240300-001-B11	AW803985	13,09871962	sem_suporte
RC4-NT0057-220500-014-f07	BF365844	13,24274852	sem_suporte
PM2-TN0027-150900-010-h01	CV370813	13,34294858	sem_suporte
QV2-LT0051-260300-106-e11	BF357929	13,36078291	sem_suporte
PM3-HT0344-221299-007-f04	BE154800	13,46631335	sem_suporte
QV3-BT0379-161299-040-e08	BE069036	13,53319223	sem_suporte
QV4-OT0035-240800-377-a07	CV401788	13,5644882	sem_suporte
QV2-CI0013-190900-379-e02	CV389564	13,5939577	sem_suporte
MR4-ST0125-021199-017-g09	AW388211	13,64713018	sem_suporte
MR4-NN0205-141100-101-h10	BF954506	13,6924379	sem_suporte
PM2-BN0084-290300-006-e06	BE002428	13,78735977	sem_suporte
MR0-RT0022-301100-002-h05	BF821521	13,89845411	sem_suporte
RC0-CT0135-130999-001-A02	AW845910	13,96894945	sem_suporte
CM0-FT0044-120600-423-e01	CV310734	14,42972092	sem_suporte

QV4-EN0040-250500-227-d10	CV399171	14,58060903	sem_suporte
QV1-BN0397-180900-386-a01	CV385229	14,96942131	sem_suporte
MR3-UT0050-130900-009-e09	BF380135	NA	sem_suporte

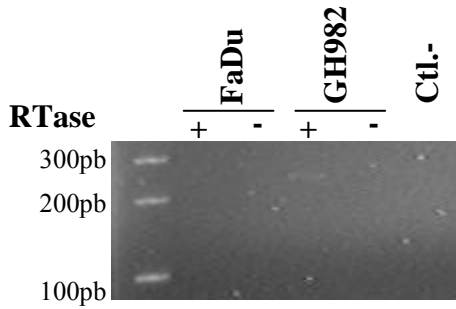
Lista dos 3.194 novos transcritos (2.305 seqüências com Hs mas sem suporte e 889 seqüências sem Hs).

**Legenda:** Lista com 3.194 novos transcritos, mostrando número da seqüência ORESTES, número de acesso da seqüência, média de intensidade de sinal entre os dois canais em todas as lâminas e tipo da seqüência.

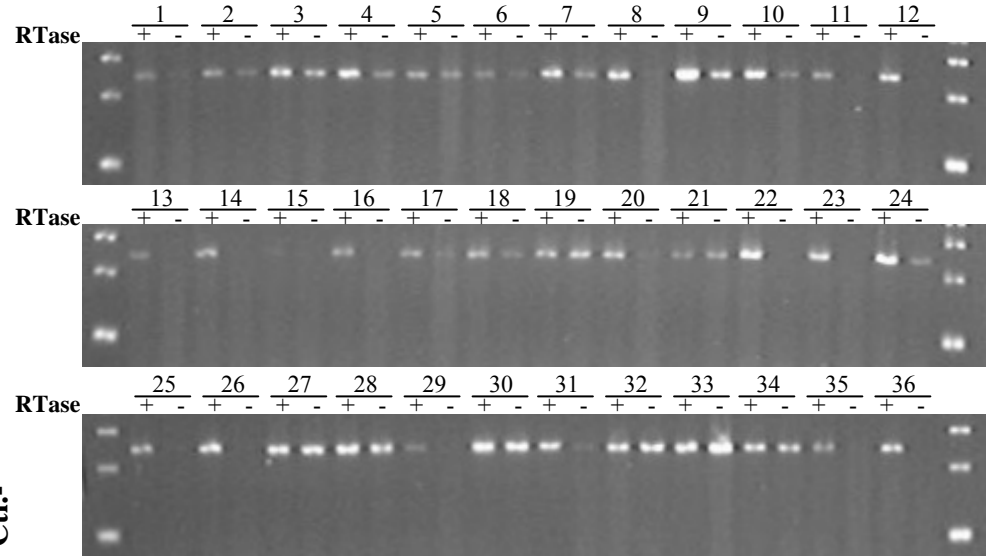
**Anexo 2** - Figuras do restante das validações das seqüências específicas

**AW835512 – 242pb**  
*sem splicing*

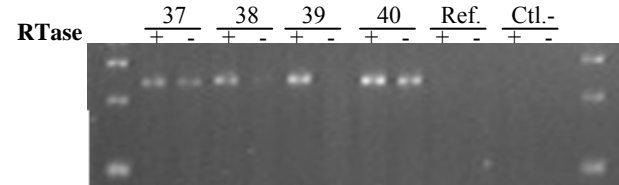
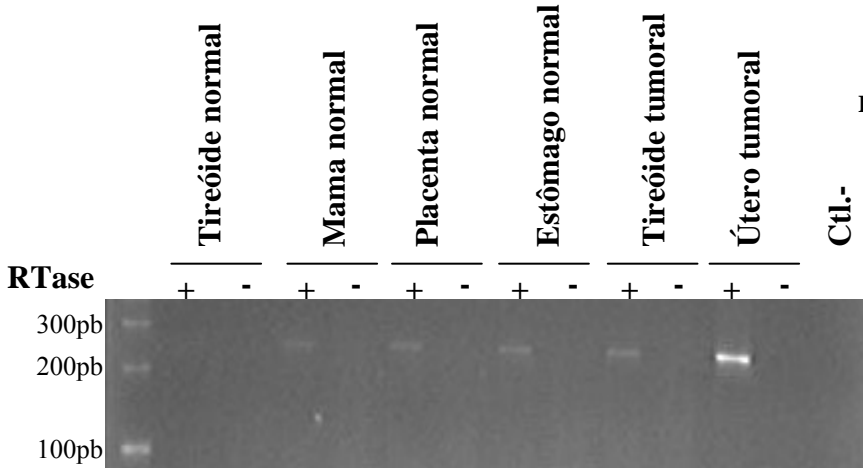
**Gel 1**



**Gel 2**

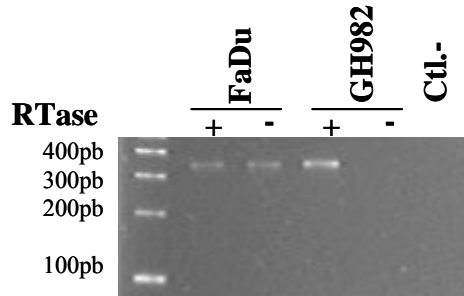


**Gel 3**

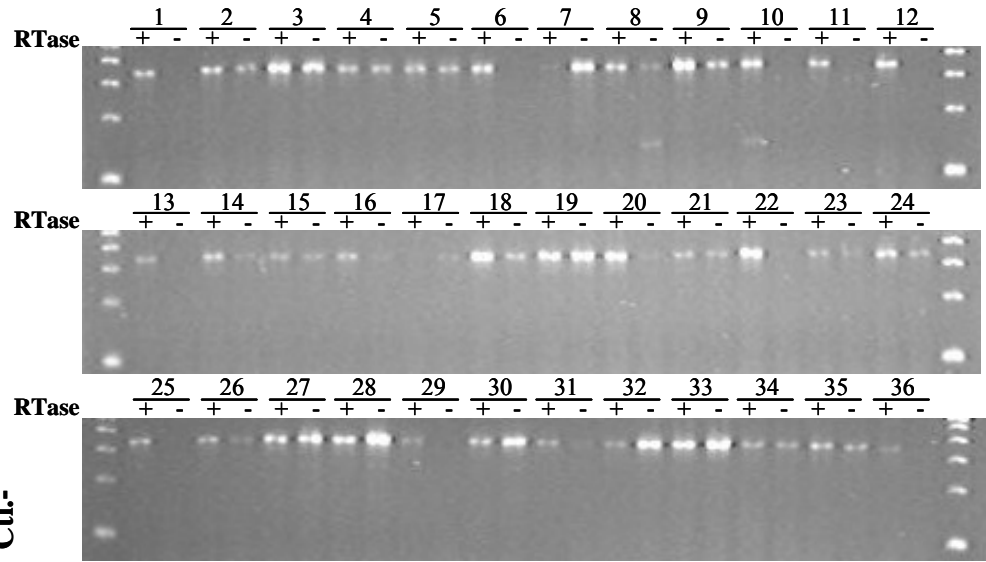


**BF845910 – 339pb**  
*sem splicing*

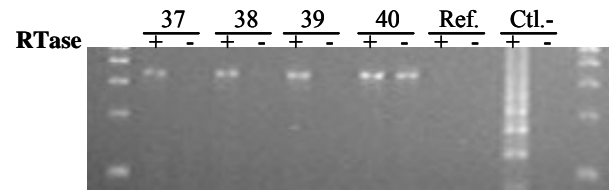
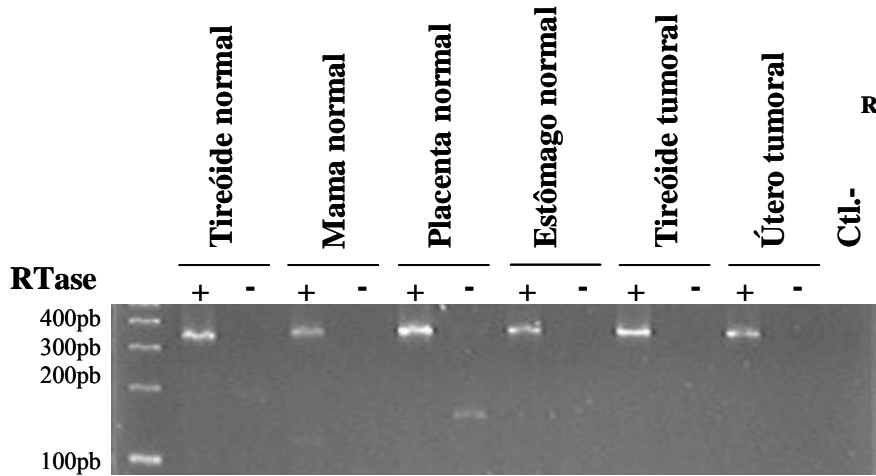
**Gel 1**



**Gel 2**



**Gel 3**

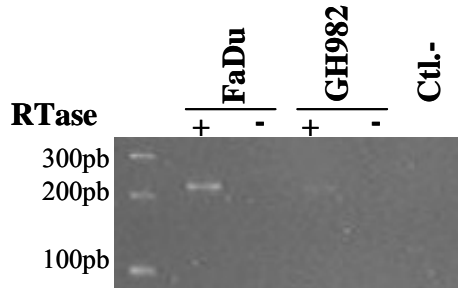




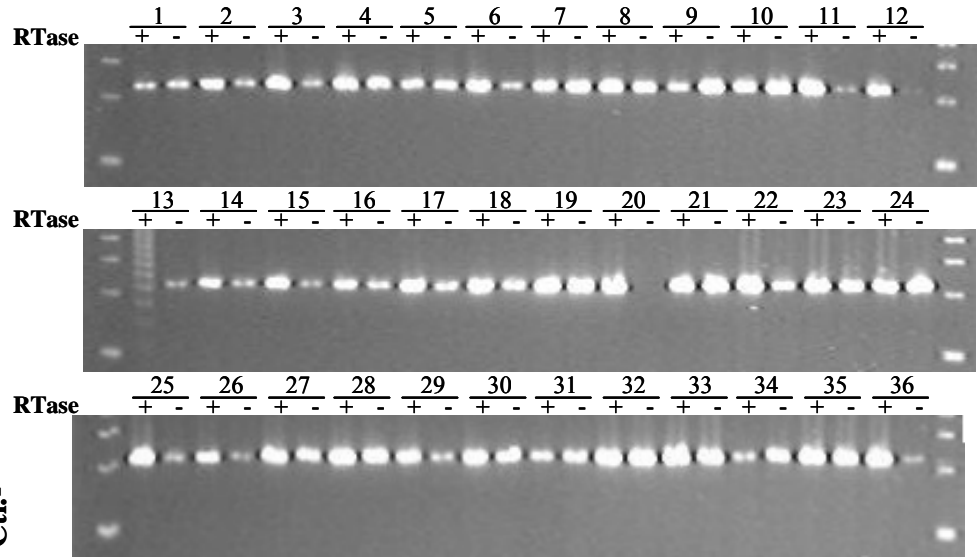


**BE063444 – 223pb**  
*sem splicing*

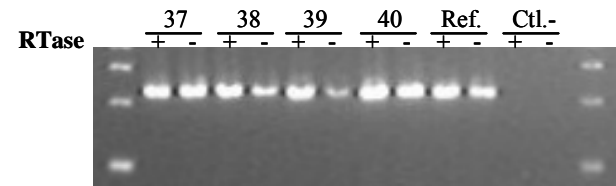
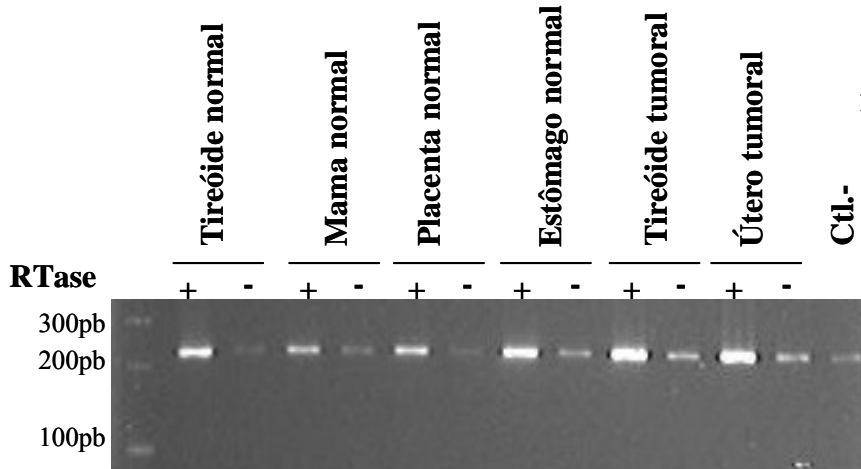
**Gel 1**



**Gel 2**

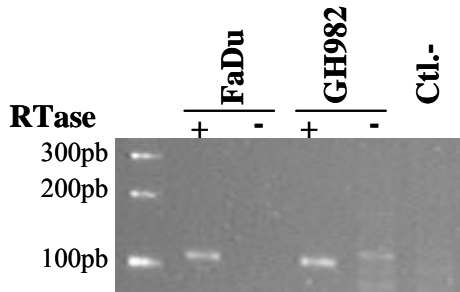


**Gel 3**

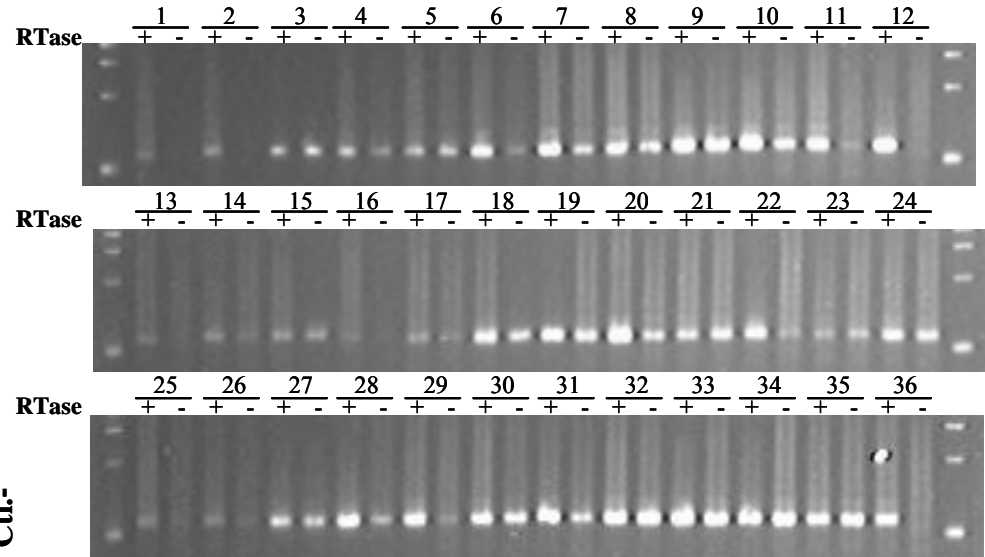


**BF368776 – 113pb**  
*sem splicing*

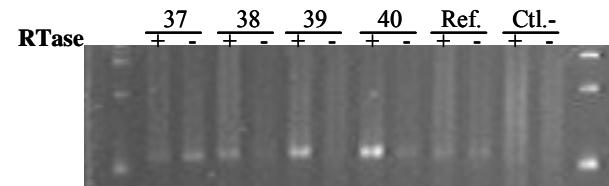
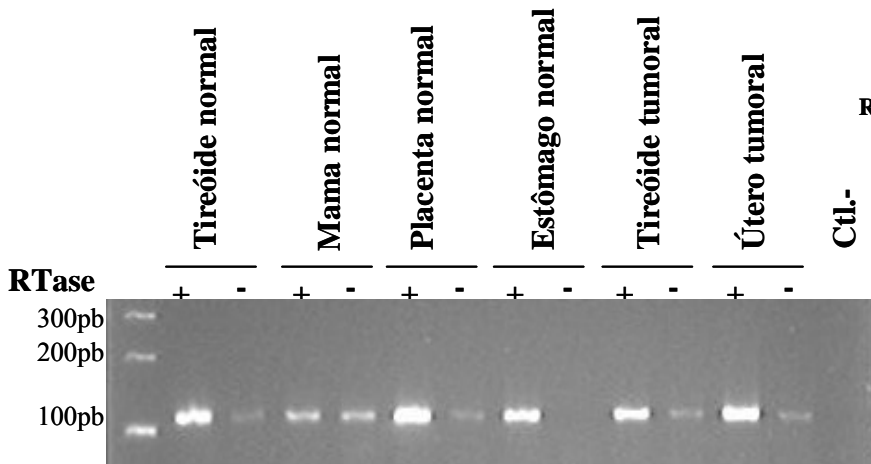
**Gel 1**



**Gel 2**

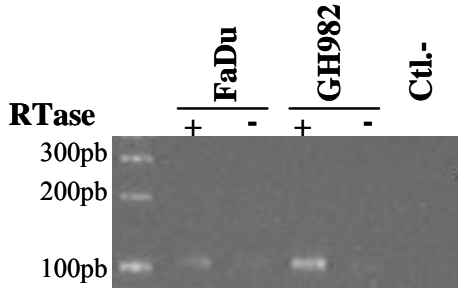


**Gel 3**

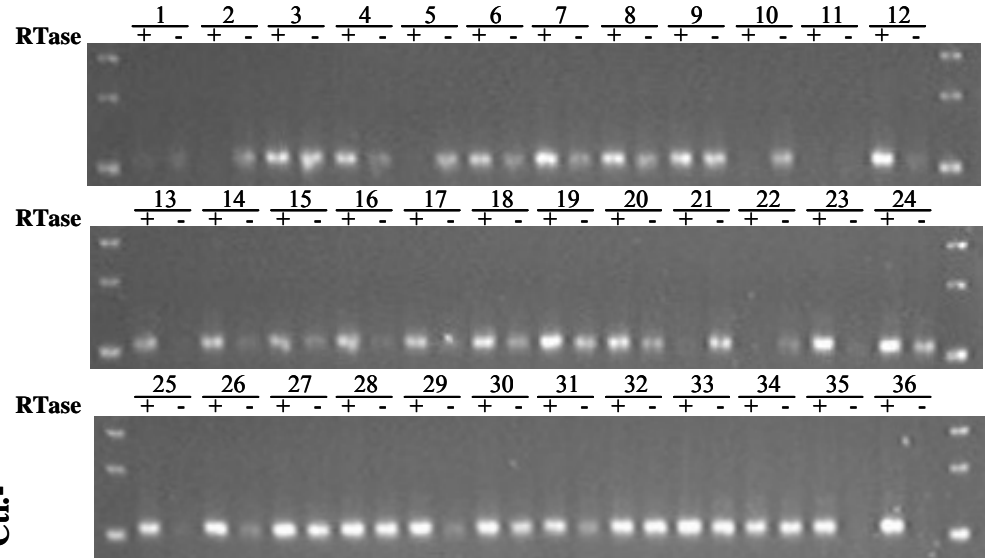


**AW892990 – 109pb**  
*sem splicing*

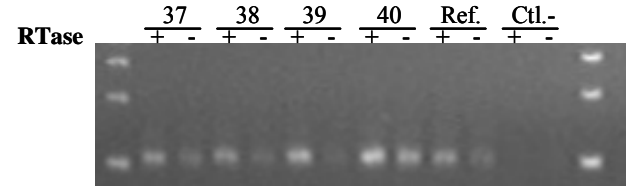
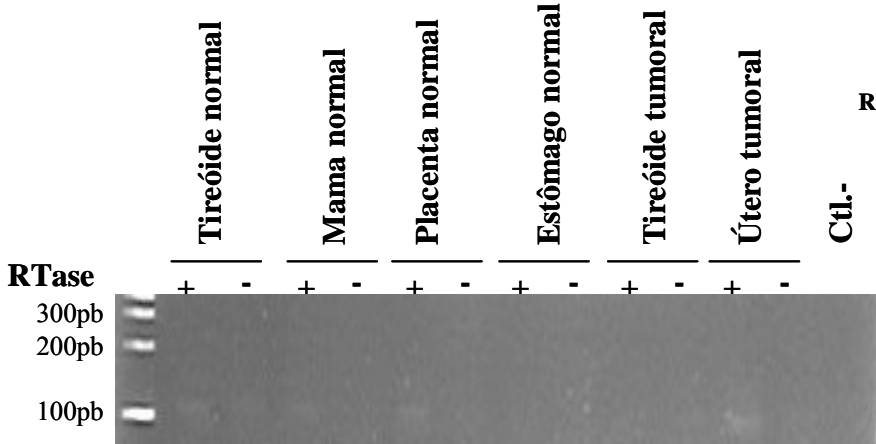
**Gel 1**



**Gel 2**

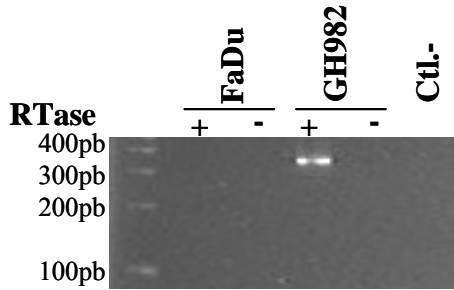


**Gel 3**

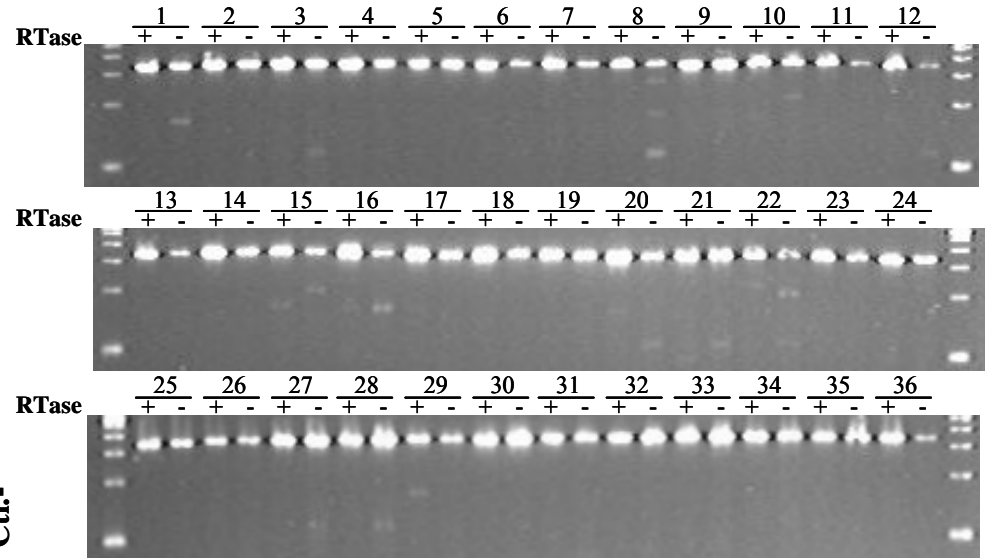


**BF153472 – 341pb**  
*sem splicing*

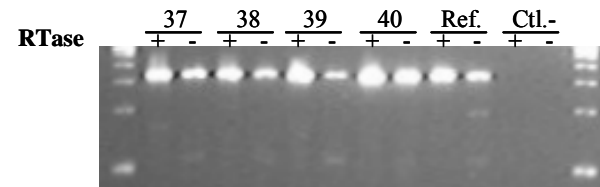
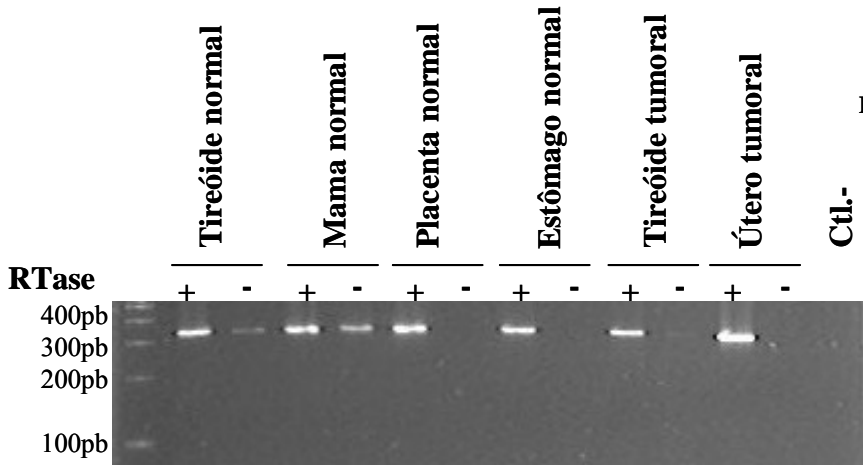
**Gel 1**



**Gel 2**

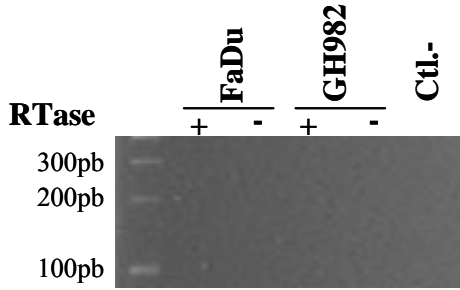


**Gel 3**

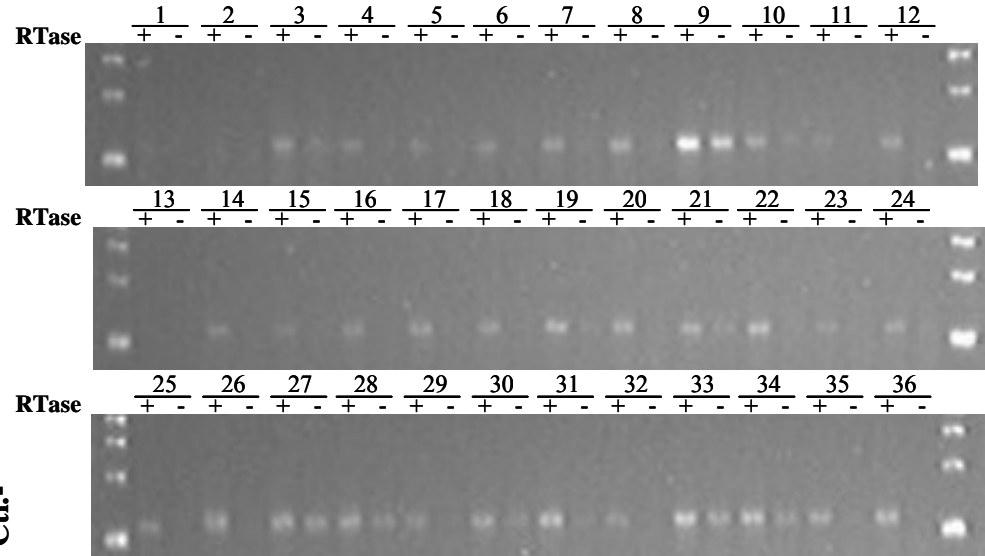


**BF181694 – 114pb**  
sem *splicing*

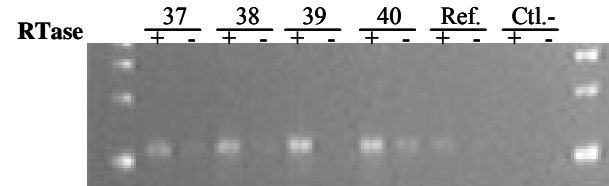
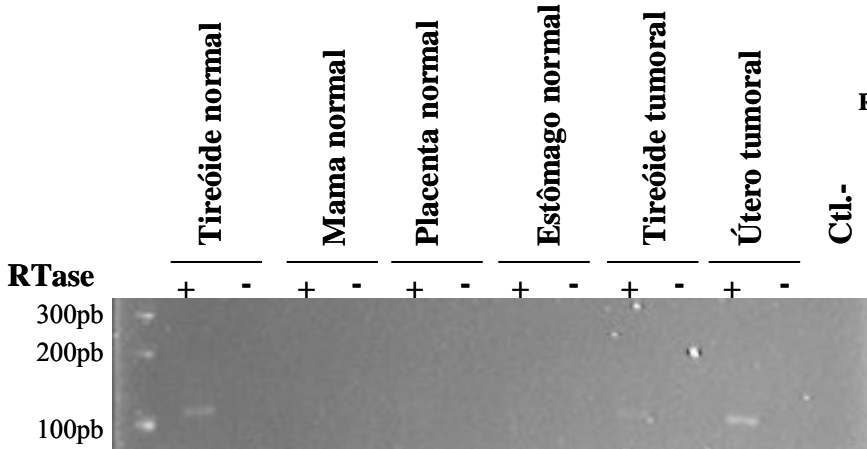
**Gel 1**



**Gel 2**

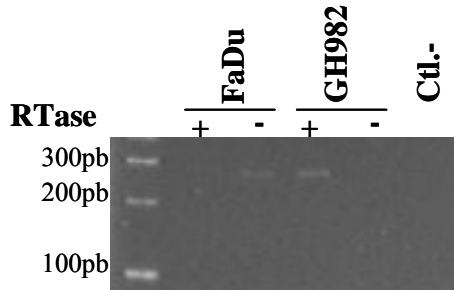


**Gel 3**

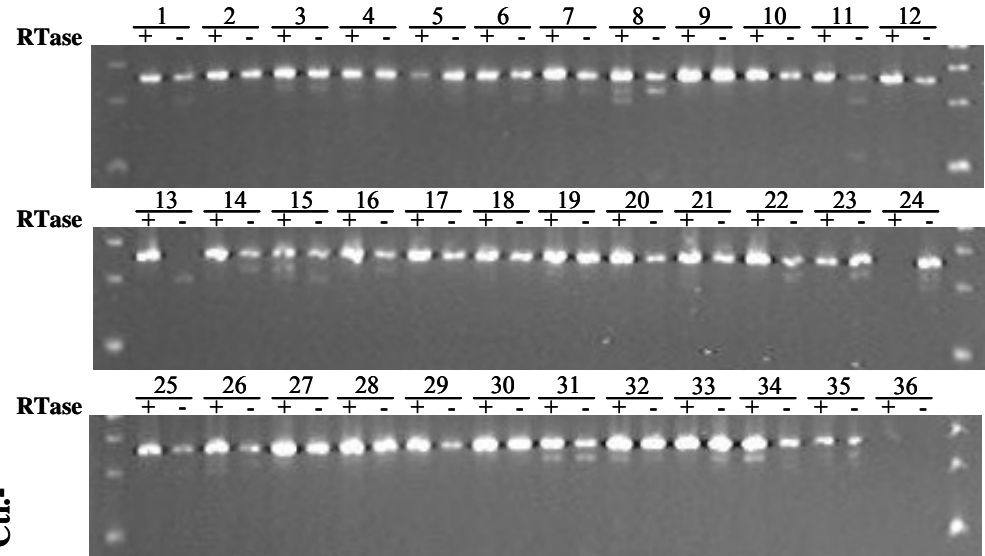


**BF371013 – 257pb**  
*sem splicing*

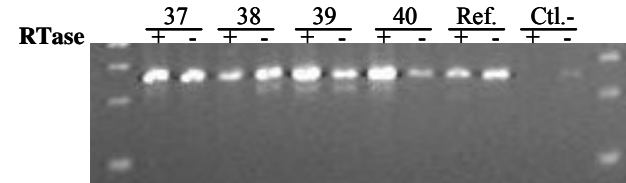
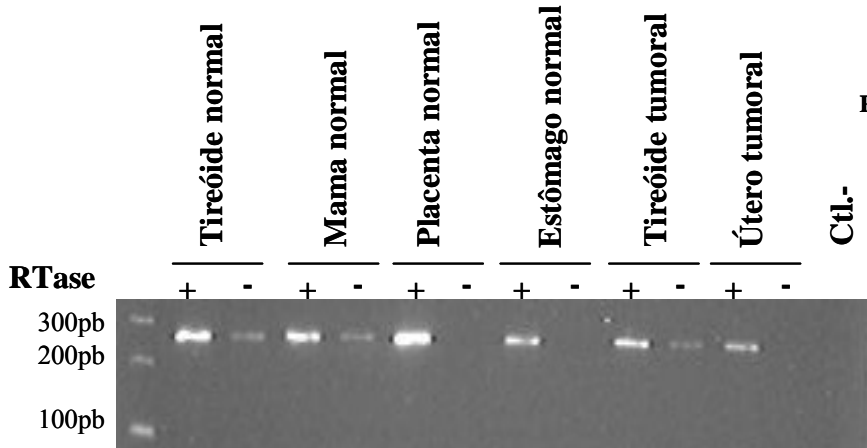
**Gel 1**



**Gel 2**

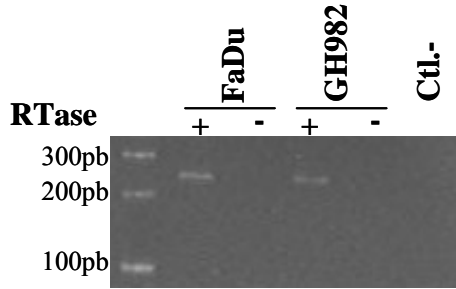


**Gel 3**

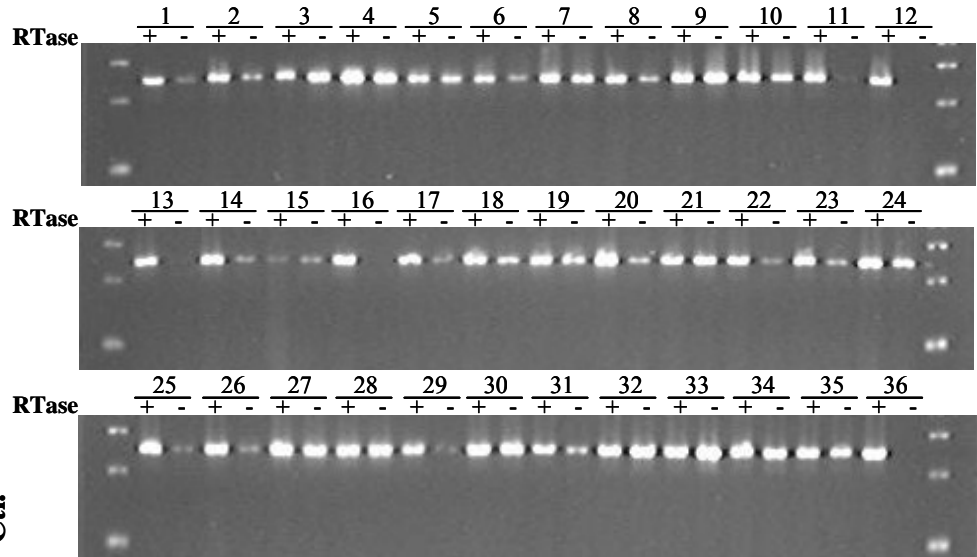


**AW833254 – 245pb**  
*sem splicing*

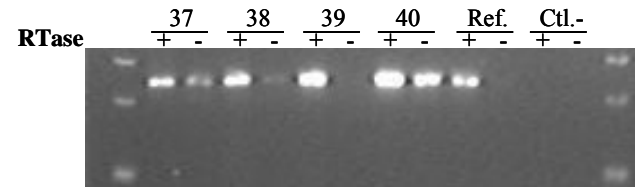
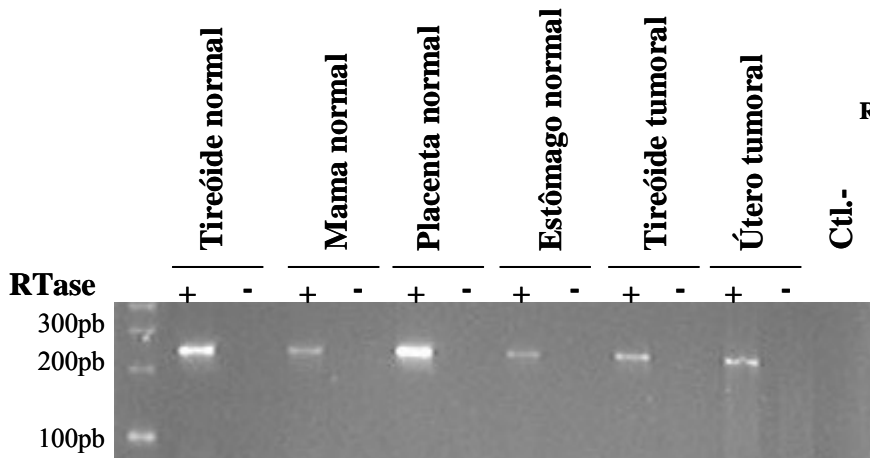
**Gel 1**



**Gel 2**

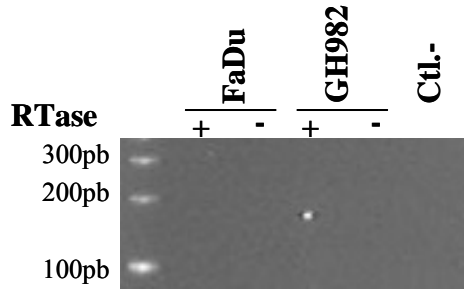


**Gel 3**

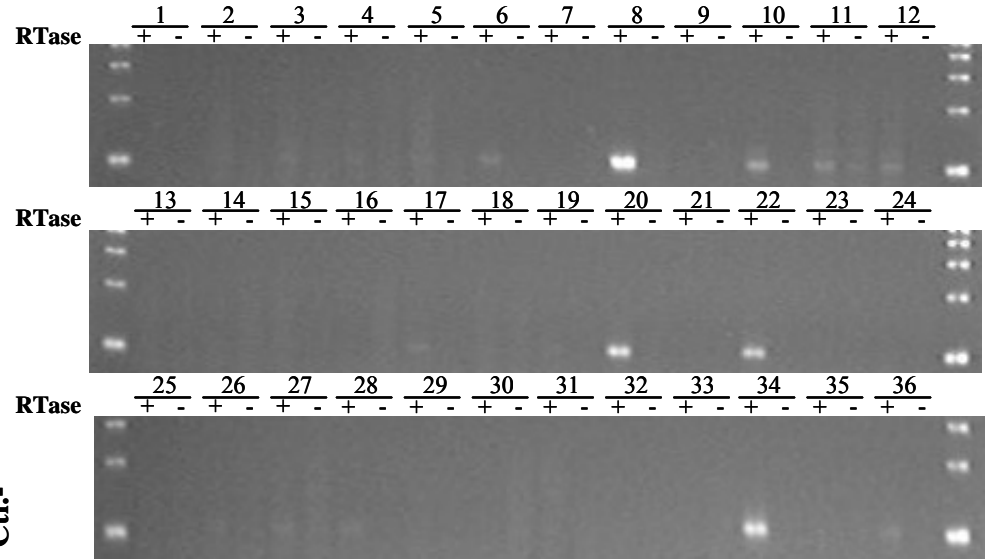


**BF738916 – 101pb**  
*com splicing*

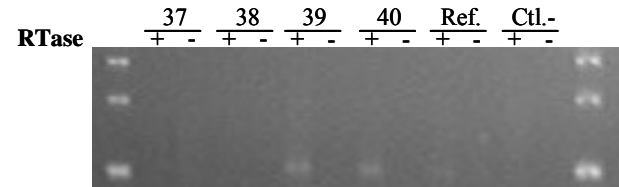
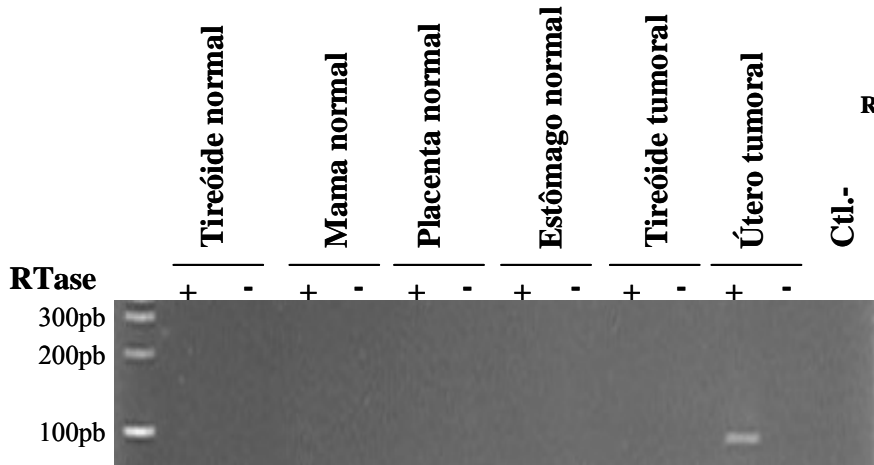
**Gel 1**



**Gel 2**



**Gel 3**





Perfil eletroforético dos produtos de amplificação utilizando os pares de iniciadores para 10 de 12 seqüências específicas que não sofrem processamento restantes e 1 de 8 seqüências que sofrem processamento (Tabelas 6 e 7).

#### Legenda:

5µl de cada produto amplificado foi submetido à eletroforese em gel de agarose NuSieve® GTG® (Cambrex, USA) 3% contendo 0,5mg/mL de brometo de etídio. Gel 1- padronização da reação de PCR utilizando a linhagem celular FaDu e a amostra do grupo 2, GH982. Gel 2- amostras que compõem o grupo 1. Gel 3- demais amostras que compõem o grupo 2. Canaletas: RTase+- reação de síntese de cDNA com a adição de RTase; RTase-- reação de síntese de cDNA na ausência de RTase (controle negativo); Ref.- reação utilizando cDNA proveniente do RNA referênciaCtl.-- controle negativo da reação de PCR na ausência de cDNA.

# Livros Grátis

( <http://www.livrosgratis.com.br> )

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)  
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)  
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)  
[Baixar livros de Matemática](#)  
[Baixar livros de Medicina](#)  
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)  
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)  
[Baixar livros de Meteorologia](#)  
[Baixar Monografias e TCC](#)  
[Baixar livros Multidisciplinar](#)  
[Baixar livros de Música](#)  
[Baixar livros de Psicologia](#)  
[Baixar livros de Química](#)  
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)  
[Baixar livros de Serviço Social](#)  
[Baixar livros de Sociologia](#)  
[Baixar livros de Teologia](#)  
[Baixar livros de Trabalho](#)  
[Baixar livros de Turismo](#)