

Instituto Tecnológico de Costa Rica
Vicerrectoría de Investigación y Extensión
Dirección de Proyectos

Informe Final
Código del Proyecto:
5401-1510-9801

Documento I

Búsqueda de Genes de Uña de Gato (*Uncaria tomentosa*) mediante diseño bioinformático de primers basados en los datos obtenidos por microarreglos heterólogos de *Arabidopsis thaliana*, (II parte).

Centro de Investigación en Biotecnología
Escuela de Biología

Enero 2013 a diciembre 2014

Contenido

Investigadores participantes:.....	3
Agradecimiento:.....	3
RESUMEN	4
INTRODUCCIÓN.....	5
Antecedentes:.....	5
Definición del problema.....	5
OBJETIVOS.....	6
OBJETIVO GENERAL.....	6
OBJETIVOS ESPECÍFICOS	6
REVISIÓN DE LITERATURA.....	7
Uso de genes constitutivos en análisis de expresión genética mediante RT-qPCR.....	8
Elicitación.....	10
MATERIALES Y MÉTODOS	11
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	14
CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....	23
APORTES Y ALCANCES.....	24
BIBLIOGRAFÍA.....	25
ANEXO 1. Análisis bioinformático para la detección de genes de importancia en la producción de alcaloides oxindólicos en <i>Uncaria tomentosa</i>	27
ANEXO 2 Secuencias obtenidas a partir de muestras de ADN de <i>U. tomentosa</i> utilizando los imprimadores diseñados en el proyecto.....	37
ANEXO 3 Protocolo de extracción de alcaloides de <i>Uncaria tomentosa</i>	41
ANEXO 4 Propiedades de los alcaloides de <i>U. tomentosa</i>	42
ANEXO 5 Secuencias de posibles genes de <i>Uncaria tomentosa</i> obtenidas a partir de ARN ..	431
ANEXO 6. Otros genes y secuencias genómicas	

Búsqueda de Genes de Uña de Gato (*Uncaria tomentosa*) mediante diseño bioinformático de primers basados en los datos obtenidos por microarreglos heterólogos de *Arabidopsis thaliana*, (II parte)

Investigadores participantes:

M.Sc. Silvana Alvarenga Venutolo
M.Sc. Alejandro Hernández Soto
MBA. Karla Valerín Berrocal
Ing. David García Gómez

salvarenga@itcr.ac.cr
alejandro.hernandez.s@gmail.com
kvalerin@itcr.ac.cr
dagarcia@itcr.ac.cr

Coordinadora

Estudiantes participantes:

Silver Ceballos Valenciano
Aldo Chaverri Juarez
Jimmy Gerardo Villalta Villalobos
Sofía Miranda Durán
Claudia Thomsen Chumpitasi
Josue Morales Chinchilla
Mariel Obando Coronado

Agradecimiento:

Agradecemos al ingeniero David García por todos sus aportes al proyecto mediante sugerencias, asesoramiento y colaboración en el trabajo de laboratorio. También al ingeniero Marcelo Solano por su trabajo en la investigación bioinformática.

Al Dr. Francisco José Torres Rojas y a MGP. Adriana Álvarez Figueroa, que en conjunto con los estudiantes Oscar Fernández, José Pablo Garbanzo y José Zheng, colaboraron con el software que facilitó el manejo y análisis de la base de datos de microarreglos. A Oswaldo Dávila Padrón que colaboró con el análisis de datos obtenidos a partir del transcriptoma.

Agradecemos a Jorge Ramírez, Lorena Chávez, José Luis Santillán y Simón Guzmán, de la unidad de Microarreglos de la Universidad Autónoma de México (UNAM) por el análisis de microarreglos.

RESUMEN

Debido a la importancia medicinal de *Uncaria tomentosa*, se han realizado varias investigaciones referentes a la producción de metabolitos secundarios de dicha planta. Con base a esto surge la necesidad de identificar a nivel genético secuencias que estuvieran relacionadas con metabolismo secundario. Gracias a un proyecto previo se contaba con mucha información que podía ser utilizada para identificar más secuencias de importancia por lo que se planteó este proyecto con el objetivo de obtener secuencias de genes de *Uncaria tomentosa* mediante diseño bioinformático de imprimadores basados en los datos obtenidos por microarreglos heterólogos de *Arabidopsis thaliana*. Para lograr los objetivos planteados, se desarrolló un software con el que se puede analizar la información obtenida mediante microarreglos de una forma más eficiente. Por otro lado, se obtuvo el transcriptoma a partir de muestras de ARN y los resultados obtenidos fueron analizados con la herramienta CLC Bio, complementando con otras como Blastx, Primer 3 y BioEdit. Con la información obtenida se diseñaron 4 pares de imprimadores para enzimas de metabolismo secundario y 2 pares de imprimadores para genes constitutivos. Con todos los imprimadores se obtuvieron amplicones que fueron secuenciados a través de la empresa Macrogen. Además, con los datos obtenidos del transcriptoma se elaboró una tabla con posibles secuencias genómicas de *U. tomentosa*, utilizando el software CLC Bio. Paralelamente se realizaron pruebas de elicitación en plantas *in vitro* y de invernadero utilizando los hongos *Trichoderma* sp y *Penicillium* sp para determinar si el estrés inducido por la presencia de estos microorganismos podría incrementar la producción de metabolitos secundarios. Se realizó una cromatografía de capa fina que parecía indicar que el estrés al que el hongo *Trichoderma* sp somete a la planta podría estimular la producción de metabolitos secundarios. Como producto de este proyecto, se cuenta con 4 posibles secuencias parciales de genes presentes en el ADN genómico de *U. tomentosa* que codifican para enzimas de metabolismo secundario así como los imprimadores respectivos para amplificarlos, además de dos pares de imprimadores para posibles genes constitutivos. Por otro lado, se facilitó el manejo de grandes bases de datos como la generada por microarreglos mediante el software E-Pathway. Se cuenta con el transcriptoma analizado y con un manual que servirá de guía para trabajar con los datos generados a partir de transcriptomas de otras especies. Además de 81 posibles secuencias genómicas de *U. tomentosa*.

Palabras clave: *Uncaria*, metabolismo secundario, imprimadores, transcriptoma.

INTRODUCCIÓN

Antecedentes:

En enero 2011, en el Centro de Investigación en Biotecnología del Instituto Tecnológico de Costa Rica, se inició una investigación enfocada a identificar secuencias genéticas de *Uncaria tomentosa* conocida comúnmente como Uña de gato. Anteriormente, se habían realizado investigaciones dirigidas a su reproducción *in vitro*, así como inducción a callogénesis y establecimiento de suspensiones celulares. Esto debido al interés por sus propiedades medicinales.

En una investigación anterior se logró obtener una base de datos de secuencias homólogas de Uña de gato con respecto al genoma de *Arabidopsis thaliana*, mediante la técnica de microarreglos. Además de dos secuencias específicas para *U. tomentosa* que corresponden a enzimas que participan en la síntesis de metabolitos secundarios. La primer secuencia identificada fue la de la enzima 3-deoxy-d-arabino-heptulosonato 7-fosfato sintasa (DAHPS) que participa en la ruta metabólica del *shikimato* donde el producto final es el *Corismato*, a partir del cual se producen fenilalanina, tirosina y triptófano que posteriormente son convertidos en metabolitos secundarios (Weaver y Herrmann, 1997). Posteriormente se identificó la secuencia de la enzima *strictosidina sintasa* (Str 1), que, participa en la ruta de la biosíntesis de alcaloides indol-terpénicos, catalizando la síntesis de strictosidina, que es considerado precursor universal en la formación de los alcaloides indol-terpénicos. (Santos & Ramos, 2009).

Además, se estableció el protocolo de extracción de ADN y ARN. Con toda esta información generada se sentaron las bases para seguir estudiando dicha especie a nivel genético.

Definición del problema.

En la literatura se puede encontrar gran cantidad de información sobre la actividad medicinal de *Uncaria tomentosa*, enfocada sobre todo en los compuestos a los que se le atribuyen dichas propiedades y la forma en la que actúan, sin embargo, a nivel de genoma es muy limitada la información existente.

Mediante estudios genéticos es posible identificar secuencias de interés, que estén relacionadas con características deseables de la planta, por ejemplo, resistencia a

enfermedades, sequías e incluso el potencial para una alta producción de oxi-indol-alcaloides, compuestos que se han analizado como posibles responsables del poder medicinal de la Uña de gato.

El Centro de Investigación en Biotecnología, ha venido trabajando con *U. tomentosa* durante varios años para su reproducción y obtención de metabolitos secundarios. Sin embargo, hasta hace 4 años se tomó la iniciativa de complementar todo este conocimiento generado con estudios genéticos que permitieran generar información no existente en la literatura que podría ser utilizada para potencializar el aprovechamiento de esta especie.

La carencia de información y de investigaciones sobre el genoma de *U. tomentosa*, motivaron el planteamiento de un proyecto inicial en esta área (2011-2012). La información generada debe ser utilizada para avanzar en esta línea con el objetivo de que a futuro los resultados obtenidos puedan ser utilizados para la identificación y/o desarrollo de materiales con características deseables.

OBJETIVOS

OBJETIVO GENERAL

- Obtener genes de *Uncaria tomentosa* mediante diseño bioinformático de primers basados en los datos obtenidos por microarreglos heterólogos de *Arabidopsis thaliana*.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Obtener imprimadores específicos para *U. tomentosa* mediante bioinformática usando los datos generados a partir de microarreglos para secuenciar parte de su genoma.
- Determinar si existe co-relación entre la presencia o ausencia de las secuencias obtenidas, con una alta o baja producción de metabolitos, mediante comparaciones genotípicas entre individuos identificados como altamente productores de aquellos que no lo son.

- Lograr la caracterización de las secuencias obtenidas mediante microarreglos utilizando diferentes herramientas informáticas disponibles en la web para facilitar el manejo de la información y poder relacionar las secuencias con las diferentes bases de datos libres como la del NCBI.
- Obtener el transcriptoma de ARNm extraído de individuos sometidos a elicitación, para inducir la activación de genes involucrados en la producción de metabolitos secundarios.

REVISIÓN DE LITERATURA

U. tomentosa conocida por su nombre común como Uña de gato, es una planta originaria del Perú, que sintetiza oxindol-alcaloides como parte de su metabolismo secundario, estos compuestos se han estudiado como responsables de las propiedades medicinales de la misma, entre las que se mencionan: actividad antileucémica, inmunoestimulante y anticancerígena (Laus *et al.*, 1997; Keplinger *et al.*, 1999; Laus, 2004; Winkler *et al.*, 2004)

En la formulación de productos naturales de uso medicinal el aspecto más importante que se debe considerar es el contenido de sustancias químicas con actividad biológica representada por los metabolitos secundarios, entre los que se encuentran alcaloides, glicósidos, taninos, esencias y resinas. Todos estos componentes (excepto las resinas), se encuentran almacenados en el interior de la célula vegetal, encerrados en vacuolas especializadas ubicadas en cualquier parte de la planta. Así se tiene que los alcaloides pueden concentrarse en hoja, corteza, tallo, raíz, etc.; su presencia depende del metabolismo de la planta y éste es variable de una especie vegetal a otra, e inclusive, de una variedad a otra (Domínguez, 2010)

La producción de metabolitos secundarios normalmente es baja (menos de 1% de peso seco) y depende en gran medida del estado fisiológico y de desarrollo de la planta (Namdeo, 2007). Los compuestos secundarios tienen una implicación ecológica como defensa contra herbívoros, virus, hongos, bacterias, como sustancias alelopáticas, fitoalexinas o disuasorios nutritivos (Bourgand *et al.*, 2001 citado por Pérez-Alonso, 2011). Otros tienen una función fisiológica, por ejemplo, las pectinas que pueden servir para el transporte de nitrógeno tóxico y compuestos de almacenamiento, mientras los compuestos fenólicos como los flavonoides realizan una función

como protectores de rayos ultravioletas (Wink, 2007 citado por Pérez-Alonso, 2011). Además, son una fuente importante de principios activos de medicamentos y de valiosos productos químicos.

Las vías de síntesis de metabolitos secundarios involucra la participación de muchas enzimas que intervienen en la síntesis de un compuesto a partir de otro, la expresión de los genes que codifican para estas enzimas depende en gran parte del ambiente y condiciones de estrés en las que se encuentre la planta. Con el empleo de diferentes técnicas como son: cromatografía, electroforesis de proteínas, Reacción en cadena de la polimesa (PCR), secuenciación de genes y de transcriptomas, se ha logrado identificar muchas de las enzimas que participan en estos procesos metabólicos.

Uso de genes constitutivos en análisis de expresión genética mediante RT-qPCR.

La transcriptómica se refiere al estudio del transcriptoma. El transcriptoma es el conjunto de ARN mensajeros presentes en una célula, tejido u organismo. El transcriptoma muestra qué genes se están expresando en un momento dado, es decir, va a variar dependiendo de las condiciones de la planta y su interacción con el entorno.

Como complemento en estudios de transcriptoma se cuenta con la herramienta de PCR Tiempo Real. La combinación de la transcripción reversa y el PCR tiempo Real (RT-qPCR) es el método más usado para caracterizar o confirmar patrones de expresión de genes y comparar los niveles de ARNm en diferentes muestras (Bustin, 2002). El RT-qPCR combina tres pasos: la transcripción reversa (RT) en la que se sintetiza ADNc a partir del ARN, el segundo paso es la amplificación del ADNc utilizando la técnica de PCR y el tercer paso implica la detección y cuantificación de los productos de amplificación utilizando un PCR-Tiempo Real (Nolan, 2006). Esta técnica es usada en estudios de expresión incluyendo estudios de splicing alternativo, verificación de los resultados de microarreglos, y para diagnóstico molecular (Brunner, 2004).

La técnica de PCR en tiempo real (qPCR) utiliza colorantes fluorescentes que funcionan como indicadores durante la reacción de PCR detectando la amplificación en el momento en que ocurre. El ensayo se basa en la medición del aumento de la señal fluorescente, que es proporcional a la cantidad de ADN producido durante cada ciclo de PCR. Además, el uso de sondas marcadas con diferentes colorantes permite la detección y cuantificación de varios

genes de interés, todo en un mismo tubo de reacción (multiplex). Durante la reacción de PCR, llega un punto en el que la fluorescencia se eleva por encima de un punto definido o patrón, este punto se conoce como el ciclo umbral o Ct (Threshold Cycle) o punto de cruce o Cp (Crossing point). Cuanto más ADN de interés hay en la muestra, menor será el Ct. Esta correlación entre la fluorescencia y la cantidad de producto amplificado es lo que permite la cuantificación, siendo más sensible y específico que el PCR convencional de punto final (Nolan, 2006).

A pesar de ser una técnica muy utilizada, se pueden obtener resultados contradictorios si no se hace un buen trabajo de normalización, ya que, las variaciones en las cantidades de muestra inicial pueden afectar la cuantificación. Debido a esto es que la expresión de los genes que se están investigando se describen en términos de proporción (ratio) de los niveles de ARNm de interés con respecto al nivel de ARNm de un gen de referencia, este gen se expresa de forma estable y su abundancia está fuertemente correlacionada con las cantidades totales de mRNA presente en cada muestra (Gutierrez *et al*, 2008) Este gen se conoce como gen constitutivo o *Housekeeping gen* (HK), el cual está relacionado con funciones vitales de la planta por lo que se espera que se exprese siempre, independientemente de las condiciones.

La expresión del gen de referencia debe permanecer constante entre las células de los diferentes tejidos y en diferentes condiciones experimentales; de lo contrario, puede dar lugar a resultados erróneos. Los genes comúnmente utilizados han sido: 18S rRNA, la ubiquitina (UBQ), actina (ACT), b-tubulina (TUB), y la gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa (GAPDH), que por estar involucrados en procesos celulares básicos funcionan como controles internos para el análisis de la expresión génica, ya que se supone que tiene una expresión uniforme. Sin embargo, se ha reportado que los niveles de expresión de estos genes varían considerablemente bajo diferentes condiciones experimentales, por lo que también es importante evaluar la expresión del gen de referencia bajo condiciones específicas (Jain *et al*, 2006)

Al utilizar la técnica de RT-qPCR se puede determinar la expresión del gen de interés esto debido a que si se trabaja con ADN genómico se estaría amplificando todo aún si los genes no se activan, mientras que al trabajar con el ARN, se está identificando únicamente lo que se expresó. Hay que tomar en cuenta que esto está muy relacionado con el ambiente por lo que

diferentes condiciones ambientales pueden inducir que un gen se exprese o no. Es importante complementar estos estudios con análisis de proteínas para completar y validar el proceso.

Elicitación.

Un elicitor es una sustancia que cuando es introducido en pequeñas cantidades en un organismo vivo, induce la producción o mejora la biosíntesis de compuestos específicos, por lo que con la elicitación se pretende producir o incrementar la producción de metabolitos al introducir trazas de elicitores.

Los elicitores en plantas desencadenan respuestas fisiológicas y morfológicas y la acumulación de fitoalexinas. Estos pueden ser de tipo abióticos tales como iones metálicos y compuestos inorgánicos o elicitores bióticos por ejemplo hongos, bacterias, herbívoros, fragmentos de la pared celular vegetal, así como sustancias químicas que se liberan en el lugar de la planta donde hubo lesión por patógenos o herbívoros. Se sabe que el tratamiento con elicitores en plantas desencadena una serie de mecanismos de defensa que incluyen la producción y acumulación de metabolitos secundarios tanto en plantas completas como en cultivos celulares (Namdeo, 2007)

Se ha visto que la presencia de metales pesados induce el estrés oxidativo en cultivos celulares favoreciendo la producción de metabolitos secundarios antioxidantes y sobre todo alcaloides. En una prueba en la que se agregó Ag^{+1} , Pb^{+2} y Butionina sufoximina (BSO) se obtuvo un incremento en la producción de flavonoides en cultivos celulares de *U. tomentosa*, y al usar dichos elicitores de forma individual, se favoreció la producción de alcaloides de tipo indólicos y oxi-indólicos. (Trujillo *et al*, S.F.)

MATERIALES Y MÉTODOS

Análisis de transcriptoma a partir de ARN total y obtención de imprimadores.

Se realizó un análisis de la información obtenida en una investigación previa basado en microarreglos de ADN de *U. tomentosa*. Esta información se complementó con datos reportados en la literatura así como en bases de datos en la web. Se hizo una selección de genes conocidos como **constitutivos**, que son aquellos genes que se expresan siempre, ya que son indispensables para las funciones normales de los seres vivos. El objetivo de localizar estos genes dentro del genoma de *U. tomentosa*, es poder utilizarlos en la validación de pruebas de PCR y qPCR. Si a la hora de realizar el análisis se logra obtener una amplificación de estos genes, se tiene mayor certeza de que la prueba funcionó adecuadamente.

Además se utilizó la información obtenida con el análisis del transcriptoma para obtener imprimadores que tuvieran mayor probabilidad de amplificar en el genoma de *U. tomentosa*. Inicialmente, se utilizó el software CLC Bio de QIAGEN para analizar el transcriptoma, posteriormente se hizo una comparación utilizando el algoritmo megablast del NCBI (National Center for Biotechnology Information) de todas las secuencias obtenidas contra la base de datos de secuencias nucleóticas (Nucleotide collection nr/nt) del reino *Viridiplantae*, específicamente, esto con el fin de encontrar homologías e identificar proteínas de interés.

El archivo obtenido con el transcriptoma se transformó en un documento FASTA mediante el software BioEdit, ya que los archivos FASTA son capaces de ser abiertos por el algoritmo de BLAST. Luego se exportó usando una extensión XML, para poder visualizar los alineamientos realizados de una forma amigable. De esta forma se pudo visualizar un cuadro con resultados que incluían: “E-value”, “Ident”, “Accession” y “Max score”. Esta información fue exportada a Excel, donde se pudo filtrar para hacer el análisis respectivo y seleccionar secuencias de interés.

El archivo FASTA debió ser fragmentado en sub-archivos con un rango de secuencias menor a 7000 bp, esto para poder ser manejado mediante los softwares disponibles. Se utilizó el algoritmo blastx para realizar el análisis de las secuencias comparándolas con *Catharanthus roseus*, *Mitragyna speciosa* y *Cinchona sp*, también productoras de oxindolalcaloides.

Debido a que se desconoce la distancia evolutiva entre *Uncaria tomentosa* y las plantas anteriormente mencionadas, se utilizó la matriz de sustitución BLOSUM 50 en lugar de BLOSUM 62 ya que es menos rigurosa y parte de una mayor distancia entre las especies, por ende, acepta un mayor número de mutaciones.

Se seleccionaron las enzimas discriminando por longitud de alineamiento, tomando en cuenta aquellos alineamientos mayores a 250 aminoácidos, lo que equivale a alineamientos mayores a 750 nucleótidos. Las secuencias seleccionadas se analizaron con el software CLC Bio, para determinar homologías con las enzimas de las especies anteriormente mencionadas. Las secuencias homólogas se convirtieron a formato FASTA y se analizaron nuevamente con blastx, se seleccionaron solamente los segmentos donde hubo alineamiento para diseñar los imprimadores. Los imprimadores fueron diseñados utilizando el programa **Primer 3**. En el anexo 1 se describe en forma detallada el procedimiento utilizado para el análisis del transcriptoma. Este manual servirá para futuras investigaciones en este campo.

Con base en la información descrita en la literatura sobre el metabolismo de *Catharanthus roseus*, se consideraron cuatro enzimas de principal importancia que podrían generar interés para futuras investigaciones en *U. tomentosa*, incluyendo cuantificación por RT-PCR (PCR tiempo real). Estas son: **strictosidina sintasa**, **strictosidina β -glucosidasa**, **triptófano descarboxilasa** y **geraniol-10-hidroxisilasa**. Además, se seleccionaron secuencias de genes constitutivos, ya que estos son necesarios para validar cualquier análisis que se haga en PCR tiempo real. Los imprimadores diseñados son específicos para las siguientes enzimas: **Factor de Remoción de Cromatina** (CRF: Cromatine Removal Factor) y un **Factor de Conjugación de Ubiquitina** (UCF: Ubiquitin Conjugation Factor)

Posteriormente se procedió a hacer una amplificación de ADN utilizando los imprimadores diseñados. El protocolo de amplificación se detalla en el cuadro 1. Se realizó una electroforesis en gel de agarosa al 1%. Las bandas fueron purificadas a partir del gel utilizando en kit de purificación QIAquick PCR® de Qiagen, estas muestras fueron enviadas a secuenciar con la empresa Macrogen en Korea. Las secuencias obtenidas fueron analizadas mediante Megablast y comparadas con las bases de datos del NCBI.

Cuadro 1. Protocolo de PCR utilizado para amplificar posibles enzimas de interés en ADN de *U. tomentosa*.

Reactivo	Volumen
Go Taq Buffer	10 ul
dNTP's	1 ul
Primer mix (10 uM)	2 ul (0,2uM con final)
Poly Taq	0,25 ul
ADN	100 ng
Agua	Hasta completar 50 ul de reacción

Base de datos de Microarreglos.

Para el manejo de la base de datos obtenida mediante microarreglos se trabajó en conjunto con estudiantes de la carrera de ingeniería en computación, los cuales desarrollaron un software que permite el manejo amigable de dicha información, este software estaba siendo desarrollado para otro proyecto de investigación denominado "Identificación de factores de transcripción putativos en *Stevia rebaudiana* y *Tagetes patula* como herramienta para posterior uso en la descripción de la rutas metabólicas de interés", el cual está enfocado en la línea de la bioinformática, por lo que se les solicitó a los estudiantes que parte de este programa se enfocara en el manejo de la base de datos de microarreglos y poder relacionarla con la información y las herramientas disponibles en la Web.

Elicitación en individuos de *U. tomentosa*.

Se tomaron plantas de invernadero de *U. tomentosa*, las cuales fueron sometidas a elicitación, inoculándolas con los hongos *Trichoderma* sp y *Penicillium* sp. con el fin de inducir "estrés" en la planta, para activar los mecanismos de defensa y un eventual incremento en la producción de oxi-indol-alcaloides.

Los hongos se crecieron en medio PDB, luego de tres días de incubación se inoculó la planta con 100 ml de medio líquido, que se agregó al follaje. Se mantuvieron en invernadero durante cuatro días y posteriormente se realizó una cromatografía de capa fina (TLC) de las plantas inoculadas y de plantas control. La metodología empleada para hacer la prueba TLC se describe en el Anexo 3.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de transcriptoma y obtención de imprimadores.

Trabajar a nivel de transcriptoma presenta la ventaja de que el ARNm incluye solamente las regiones codificantes para proteínas, es decir, está libre de intrones, mientras que si se trabaja a nivel de ADN, se estaría obteniendo tanto exones como intrones, es decir, se tendrían muchas secuencias que no codifican para ninguna proteína. El realizar inicialmente una comparación de ARNm contra una base de datos de ácidos nucleicos podría generar resultados aleatorios, sin embargo, se decidió hacer un análisis inicial de este tipo para identificar posibles proteínas de interés que pudieran estar presentes en el genoma de *U. tomentosa*. Esto serviría como una vista previa de la cual partir para realizar una investigación más profunda. En el Cuadro 2A del Anexo 5, se presenta una lista de 68 secuencias obtenidas a partir de la comparación del ARN de Uña de gato contra la base de datos de secuencias nucleóticas (Nucleotide collection nr/nt) del reino *Viridiplantae*. Se resaltan con amarillo dos secuencias que podrían ser de interés. Además, en el Anexo 6, se presenta una lista adicional de 13 secuencias.

Posteriormente, se decidió cambiar las secuencias obtenidas a partir del transcriptoma a formato FASTA, para facilitar su análisis con las herramientas libres disponibles en la Web y de esta forma hacer el análisis utilizando el algoritmo Blastx para comparar estas secuencias contra una base de datos de proteínas, ya que este algoritmo traduce secuencias de ácidos nucleicos a secuencias de aminoácidos para luego hacer comparaciones proteína-proteína. Esto debido a que las proteínas son las unidades funcionales de procesos celulares, además, se presenta mayor conservación a nivel de aminoácidos que de ácidos nucleicos y los genes pueden acumular mutaciones a través del tiempo que no necesariamente implican una variación en la función de la proteína.

Posteriormente se hizo el análisis, seleccionando solamente tres especies: *Catharanthus roseus*, *Mitragyna speciosa* y *Cinchona* sp., esto debido a que, de acuerdo a la literatura, también son productoras de alcaloides oxindólicos. Se parte de la premisa que debe existir cierto nivel de homología entre las enzimas metabólicas de estas plantas y *Uncaria tomentosa*, ya que los sustratos comparten similitud estructural. Además, los alcaloides de estas plantas comparten dos rutas metabólicas de interés, la del (i) ácido shikímico y la del (ii) triptófano (De

Luka y Benoit, 2000) (Matsuura et al, 2013). Comparar el transcriptoma de *Uncaria tomentosa* con estas tres plantas es una búsqueda más concentrada y específica.

Las rutas metabólicas y celulares para la biosíntesis de alcaloides han sido esclarecidas en *Catharanthus roseus*, mas no en *Uncaria tomentosa*. A pesar que los alcaloides de estas especies difieren en su estructura final, la biosíntesis inicial de precursores es la misma (Anh Tran , 2008), (Ramani *et al.* 2013).

Con base en análisis realizado a partir del transcriptoma en conjunto con la información disponible en las bases de datos referente a las enzimas anteriormente mencionadas se lograron diseñar los siguientes imprimadores:

Cuadro 2. Descripción de los imprimadores diseñados para amplificar los genes que codifican para las enzimas: G10H, TDC, STR y SGD.

Nombre del imprimador	Posible enzima	Secuencia	*Tm °C	%GC*	Tamaño esperado del producto
SS-F	Strictosidina Sintasa	TTTGAACCACGCTTATGCC	56.7	47.40	712 bp
SS-R	Strictosidina Sintasa	GTGAATTTGCTCAAGATGTTTCG	56.8	40.90	
SG-F	Strictosidina-β-glucosidasa	GGTCGAGGCCCAAGTATATG	57.7	55.00	654 bp
SG-R	Strictosidina-β-glucosidasa	CTGCTGAAAGTATTCTCGGTATAG	56.9	41.70	
TDC-F	Triptófano descarboxilasa	TGTACCATTTAAGCCACTTGATCC	59.2	41.70	1459 bp
TDC-R	Triptófano descarboxilasa	ATTCTCTTTAATCACAGCGTCAGC	59.9	41.70	
1_G10H-F	Geraniol-10-hidroxilasa	CATCGTGCTAGGTTTGATATTCG	57.9	43.50	1424 bp
1_G10H-R	Geraniol-10-hidroxilasa	ATGTAATGCCAACTTCTCCTCC	58.9	43.50	

*Tm: Temperatura melting.

%GC: Porcentaje de Guaninas y Citocinas

La enzima **geraniol-10-hidroxilasa (G10H)** transforma el geraniol en 10-hidroxigeraniol a partir del cual se sintetiza la secologanina, mientras que la enzima **triptófano descarboxilasa (TDC)** sintetiza triptamina a partir del aminoácido triptófano. La enzima **strictosidina sintasa (STR)** cataliza la unión de estos dos compuestos (triptamina y secologanina) para formar strictosidina. La eliminación de la glucosa que posee la strictosidina es catalizada por la enzima **strictosidine-β-glucosidasa (SGD)**. El producto resultante al eliminar la glucosa, es una

dialdehído altamente reactivo a partir del cual y dependiendo de las condiciones (como pH, solventes, etc) pueden formarse diferentes tipos de oxi-indol-alcaloides (Figura 1), por ejemplo, bajo condiciones de incubación ligeramente ácidas, el producto principal en *C. roseus* es cathenamina. (Geerlings *et al*, 2000)

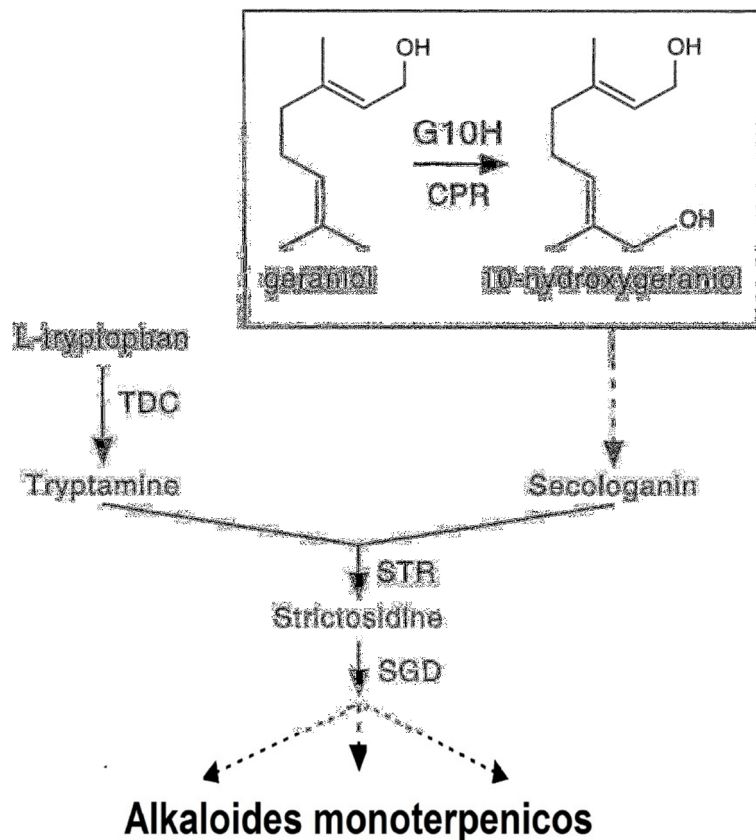


Figura 1. Esquema de la biosíntesis de Alcaloides monoterpénicos. Las flechas punteadas indican múltiples reacciones enzimáticas. (Tomado de: Collu *et al*, 2001)

En el cuadro 3 se describen los imprimadores diseñados para los genes constitutivos (HK), los cuales se expresan en todo momento, independientemente de las condiciones a las que se someta la planta esto debido a que son indispensables para los procesos vitales de la misma. Un gen de referencia debe ser considerado como válido únicamente cuando se utiliza bajo las mismas condiciones que el gen que se está estudiando (Dheda *et al.*, 2005). Por lo general, se asume que los genes HK que codifican para proteínas necesarias para actividades básicas,

tales como: traducción de proteínas o mantenimiento del citoesqueleto, se expresan de manera uniforme en los diferentes tejidos y órganos. Sin embargo, se ha encontrado que la expresión de estos genes, aunque es constante en algunas condiciones experimentales, varía considerablemente en otros casos (Gutierrez *et al.*, 2008).

Cuadro 3. Descripción de los imprimadores diseñados para amplificar los genes que codifican para las enzimas: Factor de Conjugación de Ubiquitina y Factor de Remoción de Cromatina

Nombre del imprimador	Posible enzima	Secuencia	Tm °C	%GC	Tamaño esperado del producto
UCF-F	Factor de Conjugación de Ubiquitina	TTCTATGACAAGTTTAAACATCCGCC	59.8	40.00	128 bp
UCF-R	Factor de Conjugación de Ubiquitina	AAGTTCAAATAAACGCCCTTCTCC	60.0	41.70	
CRF-F	Factor de Remoción de Cromatina	CTTCTTTGGAGGCAAACCTTTCTC	60.4	45.80	111 bp
CRF-R	Factor de Remodelación de Cromatina	TCTGGTGAGAATGATCAACAGGAG	60.3	45.80	

Un **factor de conjugación de Ubiquitina (UCF)** es una del conjunto de enzimas que intervienen en la ubiquitinación de las proteínas que van a ser degradadas. La ubiquitinación se define como la marcación selectiva de proteínas blanco o sustrato con moléculas de ubiquitina (Ub). La proteína ubiquitinada es degradada por el complejo enzimático proteosoma 26S. Este proceso, que se ha encontrado en organismos eucariotas, impide la sobreacumulación de proteínas, evitando así respuestas autoinmunes en el organismo (Huang *et al.*, 2014), (Niño, 2011).

El **factor de remodelación de cromatina (CRF)**, es una enzima que forma parte de un complejo enzimático dependiente de ATP, que se encargan de desempaquetar el ADN reestructurando el nucleosoma (que es la unidad de repetición primaria de la estructura de la cromatina). Los remodeladores de cromatina controlan el embalaje y desembalaje de modo que se ejecuten correctamente diversos procesos, tales como la transcripción de genes, la replicación, la reparación, y la recombinación. (Clapier y Cairns, 2009)

Al realizar la amplificación mediante la técnica de PCR utilizando los imprimadores diseñados se obtuvo bandas de buena intensidad, (Figura 2) esto permitió hacer una purificación a partir del gel, para poder secuenciarlas. Las secuencias obtenidas se presentan en el Anexo 2. Luego de realizar un Megablast, se determinó que había una alta similitud entre las secuencias obtenidas a partir del genoma de *U. tomentosa* y las secuencias reportadas en el NCBI. (Figura 3)

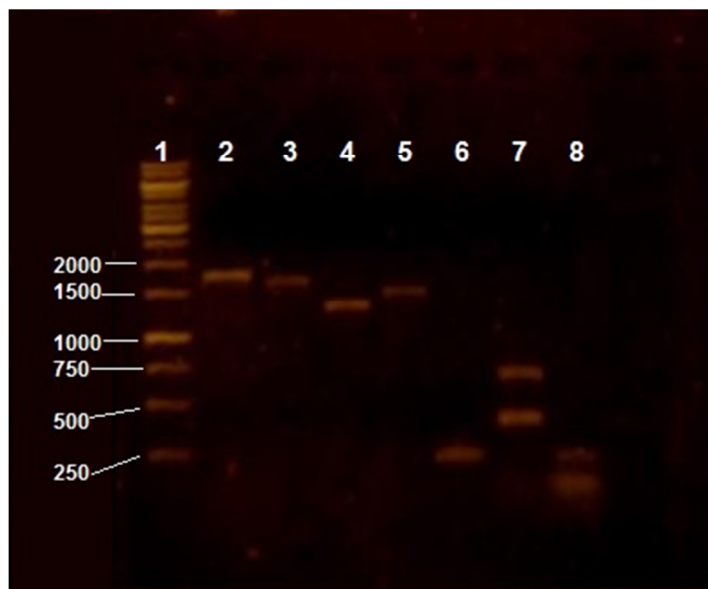


Figura 2. Amplificación de muestras de ADN de *U. tomentosa*, utilizando los imprimadores diseñados a partir del transcriptoma y la información obtenida mediante microarreglos. **1.** Marcador de peso molecular 1Kb de fermentas. **2.** Amplicón obtenido a partir de imprimadores G10H. **3.** Amplicón obtenido a partir de imprimadores SS. **4.** Amplicón obtenido a partir de imprimadores SG. **5.** Amplicón obtenido a partir de imprimadores TDC. **6.** Amplicón obtenido a partir de imprimadores UCF. **7.** Amplicones obtenidos a partir de imprimadores CRF, en este caso se obtuvieron 2 bandas, ambas fueron purificadas y secuenciadas. **8.** Marcador de bajo peso molecular de Fermentas.

Sequences producing significant alignments:

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Mitragyna speciosa tryptophan decarboxylase (Tdc) mRNA, complete cds	1334	1334	86%	0.0	89%	JN643922.1

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Cinchona calisaya geraniol 10-hydroxylase-like protein mRNA, complete cds	881	881	63%	0.0	86%	KF415104.1
<input type="checkbox"/> Ophiorrhiza pumila G10H mRNA for geraniol 10-hydroxylase, complete cds	760	760	62%	0.0	84%	LC010422.1
<input type="checkbox"/> Mitragyna speciosa geraniol 10-hydroxylase (G10H) mRNA, partial cds	246	246	18%	6e-61	85%	JF412818.1

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Cinchona calisaya geraniol 10-hydroxylase-like protein mRNA, complete cds	701	701	39%	0.0	91%	KF415104.1
<input type="checkbox"/> Ophiorrhiza pumila G10H mRNA for geraniol 10-hydroxylase, complete cds	588	735	55%	9e-164	88%	LC010422.1
<input type="checkbox"/> Catharantus roseus geraniol 10-hydroxylase (G10H) mRNA, complete cds	381	381	39%	2e-101	80%	KF561461.1

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> PREDICTED: Glycine max probable ubiquitin conjugation factor E4-like (LOC100811444), mRNA	117	117	50%	6e-23	90%	XM_003554669.2
<input type="checkbox"/> PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca probable ubiquitin conjugation factor E4-like (LOC101303727), mRNA	117	117	50%	6e-23	90%	XM_004304214.1
<input type="checkbox"/> Phaseolus vulgaris hypothetical protein (PHAVU_004G033100g) mRNA, complete cds	100	100	50%	6e-18	87%	XM_007151218.1
<input type="checkbox"/> PREDICTED: Glycine max probable ubiquitin conjugation factor E4-like (LOC100806175), mRNA	100	100	50%	6e-18	87%	XM_003543842.2

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Sorghum bicolor hypothetical protein, mRNA	69.4	69.4	9%	5e-08	92%	XM_002457791.1

Figura 3. Resultados del alineamiento de las secuencias de *U. tomentosa*, realizado mediante Megablast contra las secuencias reportadas en el NCBI

Los porcentajes de identidad obtenidos fueron bastante altos, siendo 89% para la enzima Triptofano descarboxilasa (TDC) con respecto a la secuencia reportada para *Mitragyna speciosa*. En el caso de Geraniol-10-hidroxilasa (G10H), se obtuvo un porcentaje de identidad de 91% en una secuencia y 86% en otra, ambas comparadas contra *Cinchona calisaya*; para esta misma enzima se obtuvo 85% al comparar con *Mitragyna speciosa* y 80% con *Catharantus roseus*. Con factor de conjugación de Ubiquitina (UCF) el porcentaje mayor obtenido fue de 90% en *Glycine max*, y para el caso del Factor de remodelación de cromatina (CRF), una helicasa del ARN, se obtuvo un porcentaje de identidad de 92% con una secuencia reportada como proteína de ARNm en *Sorghum bicolor*, a esta última secuencia de *S. bicolor*, se le realizó un megablast para obtener más información y se obtuvo un porcentaje de 95% de identidad con una secuencia de *Zea mays* reportada como probable factor de remodelación de cromatina.

Caracterización de secuencias y análisis de transcriptoma de ARN total.

Se logró desarrollar un software que facilita el manejo de la base de datos que contiene los resultados de los microarreglos, ya que, este programa los presenta de una forma más amigable y a su vez los relaciona con la información disponible en la WEB, permitiendo además almacenar información como imprimadores diseñados, además de que está conectado en forma directa a herramientas como Primer 3, Blast (NCBI) y KEGG para rutas metabólicas.

El link para ingresar a este programa es: www.ic-itcr.ac.cr/ePathway. (Figura 4 y 5)

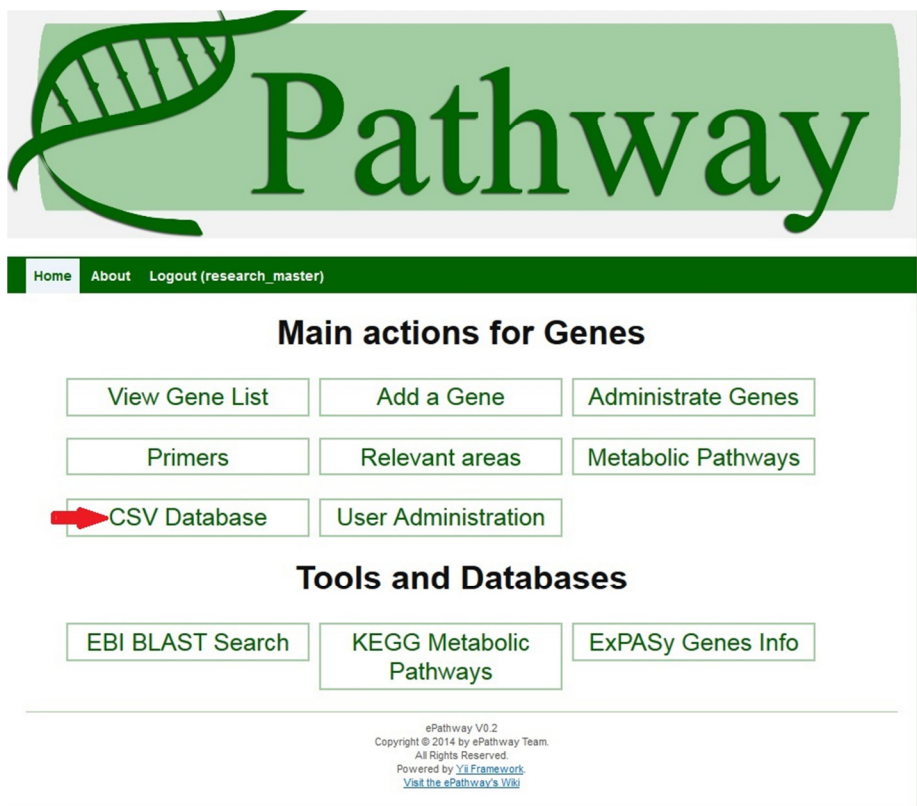


Figura 4. Pantalla de inicio del programa e-Pathway, el cual tiene una parte destinada al manejo de datos generados por microarreglos. (Señalado con flecha roja)

Home > CSV Databases > View Database

View a local information

Operations
Import CSV
List CSV Databases

[Advanced Search](#)

Displaying 1-20 of 6865 results.

ID	Gene Name	Species	COG_ONTOLOGY	GOTERM_BP_FAT
At4g16740	(E)-beta-ocimene synthase, chloroplastic	Arabidopsis thaliana		GO:0006720~isoprenoid metabolic process,GO:0006721~terpenoid metabolic process,GO:0008299~isoprenoid biosynthetic process,GO:0008610~lipid biosynthetic process,GO:0009611~response to wounding,GO:0016098~monoterpenoid metabolic process,GO:0016099~monoterpenoid biosynthetic process,GO:0016114~terpenoid biosynthetic process,GO:0019748~secondary metabolic process,
At1g48130	1-Cys peroxiredoxin PER1	Arabidopsis thaliana	Posttranslational modification, protein turnover, chaperones,	GO:0003006~reproductive developmental process,GO:0009269~response to desiccation,GO:0009414~response to water deprivation,GO:0009415~response to water,GO:0009528~response to abiotic stimulus,GO:0009719~response to endogenous stimulus,GO:0009725~response to hormone stimulus,GO:0009737~response to abscisic acid stimulus,GO:0009791~post-embryonic development,GO:0010033~response to organic substance,GO:0010154~fruit development,GO:0010162~seed dormancy,GO:0010231~maintenance of seed dormancy,GO:0010431~seed maturation,GO:0019725~cellular homeostasis,GO:0022611~dormancy

Figura 5. Visualización parcial de la base de datos de microarreglos de *U. tomentosa*, basada en el genoma de *Arabidopsis thaliana*.

Este programa permite introducir la información que se encuentra en la base de datos de microarreglos y utilizando los números de accesión, realizar los análisis correspondientes de forma más eficiente. De esta forma se puede obtener la secuencia del gen, a su vez diseñar imprimadores ya que se encuentra ligada con la herramienta Primer 3, además de correlacionar con la ruta metabólica a la que pertenece, esto mediante el botón KEGG Metabolic Pathway.

Se cuenta con un manual de usuario en el que se explica paso a paso el uso de esta herramienta bioinformática, el cual puede ser visualizado ingresando al link: http://epathway.wikia.com/wiki/Epathway_Wiki

Elicitación en individuos de *U. tomentosa*.

Al realizar la prueba TLC a las plantas *in vitro*, no se logró obtener bandas definidas que pudieran ser medidas. Se cree que esto se debe a que la concentración de alcaloides producida a nivel *in vitro* es muy baja, por lo que la prueba no las puede detectar, para solventar este problema sería conveniente realizar el análisis utilizando la técnica de HPLC, con la cual se pueden medir concentraciones más pequeñas, otra opción sería utilizar un número mayor de plantas y luego concentrarlas todas. Esta opción no fue posible, debido a que

no se contaba con suficiente material *in vitro*. Sin embargo, se realizó la misma prueba en plantas de invernadero, se logró obtener una banda en las plantas que fueron tratadas con *Trichoderma* sp, esta banda podría indicar la presencia de los compuestos de interés (Figura 6). Al calcular el Rf de la misma se obtuvo un valor de 0,50, que coincide con el Rf reportado en la literatura para el metabolito denominado Mitrafilina (presente en *U. tomentosa*) (Anexo 4, Cuadro 1A) (Lock, 1995). En las plantas tratadas con *Penicillium* sp y en las plantas control no se logró identificar ninguna banda, lo que hace suponer que *Penicillium* sp no estimula la producción de oxindolalcaloides por elicitación.

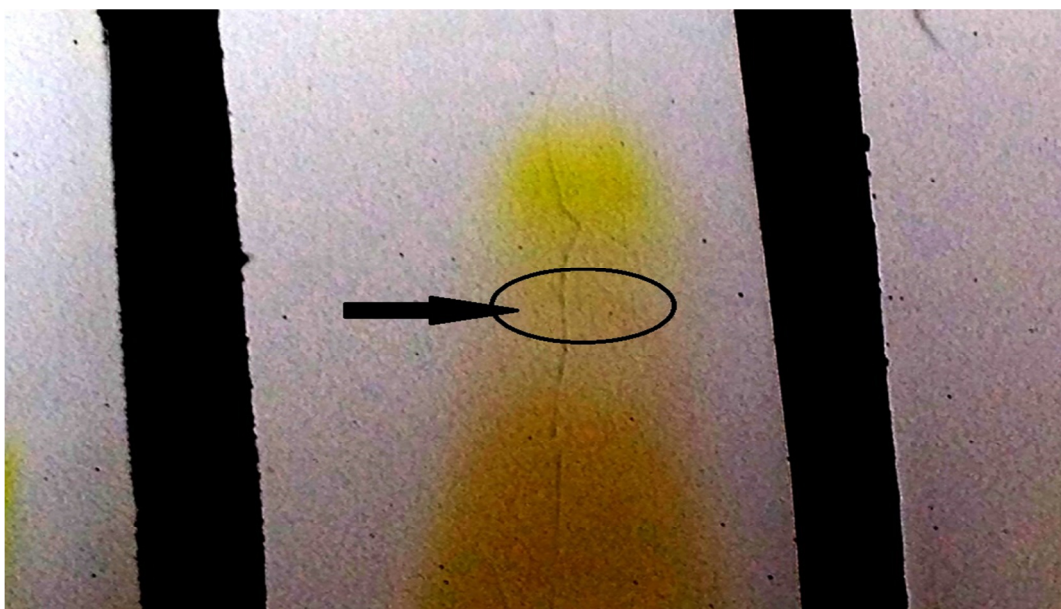


Figura 6. Prueba de TLC realizada a plantas de invernadero sometidas a elicitación. Se señala la banda obtenida en plantas tratadas con *Trichoderma*.

CONCLUSIONES

1. Existe probabilidad muy alta de que las secuencias amplificadas en el ADN de *U. tomentosa* correspondan a las enzimas Triptofano descarboxilasa, Geraniol-10-hidroxisilasa, un factor de Ubiquitinación y una enzima del complejo de remodelación de cromatina.
2. Se obtuvo amplificación con los imprimadores diseñados para las enzimas anteriormente mencionadas utilizando ADN extraído de *U. tomentosa*, lo que permite tener secuencias genómicas parciales de dichas proteínas. De igual forma se obtuvo amplificación con los imprimadores diseñados para genes constitutivos (HK genes)
3. El uso del transcriptoma es una herramienta más efectiva para el diseño de imprimadores específicos y en consecuencia para la obtención de secuencias proteicas, en comparación con el uso de microarreglos.
4. Según la banda obtenida por TLC, existe probabilidad de que el hongo *Trichoderma* sp funcione como elicitador, favoreciendo la producción de metabolitos secundarios en *Uncaria tomentosa*.

RECOMENDACIONES

1. Se recomienda hacer más pruebas de elicitación sólo con *Trichoderma* sp aumentando el número de individuos para verificar su efectividad como elicitador.
2. Se recomienda hacer pruebas por Cromatografía líquida de alta eficiencia (HPLC) para cuantificar la producción de metabolitos secundarios obtenidos por elicitación.
3. CLC Bio de Qiagen, es un software necesario para facilitar el análisis de transcriptomas, por lo que se recomienda a la institución adquirir la licencia del mismo.
4. Se recomienda diseñar nuevos imprimadores específicos para hacer pruebas de PCR Tiempo Real, basados en las secuencias obtenidas a partir de los amplicones de *U. tomentosa*.
5. Una vez diseñados los imprimadores para PCR tiempo real, se recomienda hacer estandarizaciones para poder usar los imprimadores de HK en pruebas de cuantificación.

APORTES Y ALCANCES

1. Se cuenta con una metodología para análisis de transcriptoma usando las diferentes herramientas bioinformáticas.
2. Se logró diseñar cuatro pares de imprimadores para *U. tomentosa*, que amplifican posibles genes de enzimas de metabolismo secundario. Además de dos pares de imprimadores que amplifican para genes constitutivos de *U. tomentosa*.
3. Se cuenta con el software E-Pathway para el manejo más eficiente de la información obtenida mediante microarreglos.
4. Se lograron identificar secuencias correspondientes a proteínas obtenidas a través del transcriptoma de *U. tomentosa*, complementado con la información disponible en la base de datos del NCBI.
5. Toda la información descrita en este documento, sirve de base para futuras investigaciones más amplias, que den continuidad al presente proyecto y con el que se pueda llegar a hacer selección de individuos de interés o secuenciación del genoma de *U. tomentosa*.
6. El conocimiento generado se ha incorporado a la docencia no solo en los cursos que se imparten sino también en el aprendizaje de todos los estudiantes asistentes que participaron en la investigación.
7. Como producto de esta investigación, se cuenta con una tabla de 81 posibles secuencias de genes de *U. tomentosa*, además de toda la información obtenida a través del transcriptoma, a la cual se le puede sacar mucho provecho. Es importante recalcar este último punto, ya que esta investigación surgió debido a la carencia de información a nivel genético de una planta considerada como de gran importancia por sus propiedades medicinales, con toda la información obtenida en este proyecto se llena el vacío que había existido hasta ahora.

BIBLIOGRAFÍA

Brunner, A.M., Yakovlev, I.A. & Strauss, S.H. 2004. Validating internal controls for quantitative plant gene expression studies. *BMC Plant Biology*, 4(14):1-7. doi:10.1186/1471-2229-4-14. <http://www.biomedcentral.com/1471-2229/4/14>

Bustin, S.A. 2002. *Quantification of mRNA using real-time reverse transcription PCR (RT-PCR): trends and problems*. *Journal of Molecular Endocrinology*. **29**: 23–39 <http://www.endocrinology.org>

Clapier, C.R. y Cairns, B.R. 2009. The Biology of Chromatin Remodeling Complexes. *Annual Review of Biochemistry*. 78:273–304 doi:10.1146/annurev.biochem.77.062706.153223

Collu, G., Unver, N., Peltenburg-Looman, A.M.G., van der Heijden, R., Verpoorte, R., Memelink, J. 2001. *Geraniol 10-hydroxylase, a cytochrome P450 enzyme involved in terpenoid indole alkaloid biosynthesis*. *Federation of European Biochemical Societies*. 215-220

De Luca, V. y Benoit, S.P. 2000. The cell and developmental biology of alkaloid biosynthesis. *Trends in Plants Science*. 5(4):168-173

Dheda, K., Huggett, J.F., Chang, J.F., Kim, L.U., Bustin, S.A., Johnson, M.A., Rook, G.A.W., Zumla, A. 2000. *The implications of using an inappropriate reference gene for real-time reverse transcription PCR data normalization*. *Analytical Biochemistry*. 344: 141–143. doi:10.1016/j.ab.2005.05.022

Domínguez, G., García, J.J., Guzmán, D., Alanoca, R. 2010. *Contenido de alcaloides en corteza de Uncaria tomentosa (Wild.) DC procedente de diferentes hábitats de la región Ucayali-Perú*. *Revista de la Sociedad Química del Perú*. 76 (3) http://www.scielo.org.pe/scielo.php?pid=S1810-634X2010000300008&script=sci_arttext

Geerlings, A., Martínez-Lozano Ibañez, M., Memelink, J., Van der Heijden, R., and Verpoorte, R. 2000. Molecular Cloning and Analysis of Strictosidine β -D-Glucosidase, an Enzyme in Terpenoid Indole Alkaloid Biosynthesis in *Catharanthus roseus*. *THE JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY*. 275 (5) 3051–3056

Gutiérrez, L. Mauriat, M., Guénin, S., Pelloux, J., Lefebvre, J.F., Louvet, R., Rusterucci, C., Moritz, T., Guerineau, F., Bellini, C. and Van Wuytswinkel, O. 2008. *The lack of a systematic validation of reference genes: a serious pitfall undervalued in reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) analysis in plants*. *Plant Biotechnology Journal*. 6. pp. 609–618 doi: 10.1111/j.1467-7652.2008.00346.x

Huang, Y., Minaker, S., Roth, C., Huang, S., Hieter, P., Lipka, V., Wiermer, M. & Li, S. 2014. An E4 Ligase Facilitates Polyubiquitination of Plant Immune Receptor Resistance Proteins in Arabidopsis. *The Plant Cell*. 26: 485–496.

Jain, M., Nijhawan, A., Tyagi, A.K., Khurana, J.P. 2006. *Validation of housekeeping genes as internal control for studying gene expression in rice by quantitative real-time PCR*. *Biochemical and Biophysical Research Communications*. 345: 646–651 doi:10.1016/j.bbrc.2006.04.140

Lock, O. 1995. *Revisión del Género Uncaria. Uncaria tomentosa y Uncaria guianensis. Las Uñas de Gato*. Revista de Química. 9(1):49-61

Matsuura, H.N., Porto, D.D. y Fett-Neto, A.G. 2013. *Bioactive Alkaloids from South American Psychotria and Related Rubiaceae*. Natural Products. 119-147. DOI 10.1007/978-3-642-22144-6_101,

Keplinger, K.; Laus, G.; Wurm, M.; Dierich, M. P.; Teppner, H. 1999. *Uncaria tomentosa (Willd) D.C. Ethnomedicinal use and new pharmacological, toxicological and botanical results*. Journal of Ethnopharmacology; 64: 23-34.

Laus, G.; Brössner, D.; Keplinger, K. 1997. *Alkaloids of Peruvian Uncaria tomentosa*. Phytochemistry; 45: 855-860.

Laus, G. (2004) *Advances in chemistry and bioactivity of the genus Uncaria*. Phytotherapy Research; 18: 259-274.

Namdeo A. G. 2007. *Plant Cell Elicitation for Production of Secondary Metabolites: A Review*. Pharmacognosy Reviews. 1(1) 69-79 <http://www.phcogrev.com>

Niño, C.A. 2011. *Análisis de la ubiquitinación de proteínas en la diferenciación de Giardia intestinalis*. Tesis doctoral. Universidad Nacional de Colombia. 89p

Nolan, T., Hands, R. & Bustin, S.A. 2006. *Quantification of mRNA using real-time RT-PCR*. Nature Protocols. 1(3), 1559-1582. doi:10.1038/nprot.2006.236

Pérez-Alonso, N., Jiménez, E. 2011. *Producción de metabolitos secundarios de plantas mediante el cultivo in vitro*. Biotecnología Vegetal. 11(4):195-211.

Ramani, S., Patil, N., Nimbalkar, S. y Jayabaskaran, C. 2013. *Alkaloids Derived from Tryptophan: Terpenoid Indole Alkaloids*. Natural Products. 575-604. DOI 10.1007/978-3-642-22144-6_21

Santos, Y., Ramos, A. 2009. *Actividad de la strictosidina sintasa y 1-deoxi-d-xilulosa-5 fosfato sintasa en raíces de Uncaria tomentosa productoras de alcaloides oxindólicos*. VII Simposio Internacional de Producción de Alcoholes y Levaduras. México, DF: SIPAL.

Tran, A.T. 2008. *The Occurrence, Biological Activity, Biosynthesis, and Synthesis of Pteropodine*. Chemistry 150.

Trujillo, M.N., Cerda, C.M., Dendooven, L., Ponce, M.T., Ramos, A. S.F. *Efecto del estrés oxidativo sobre la producción de metabolitos secundarios en cultivos de Uncaria tomentosa*. Pág 1.

Winkler, C.; Wirleitner, B.; Schroecksnadel, K.; Schennach, H.; Mur, E.; Fuchs, D. 2004. *In vitro effects of two extracts and two pure alkaloid preparations of Uncaria tomentosa on peripheral blood mononuclear cells*. Planta Medica; 70(3): 205-2010.

ANEXO 1.

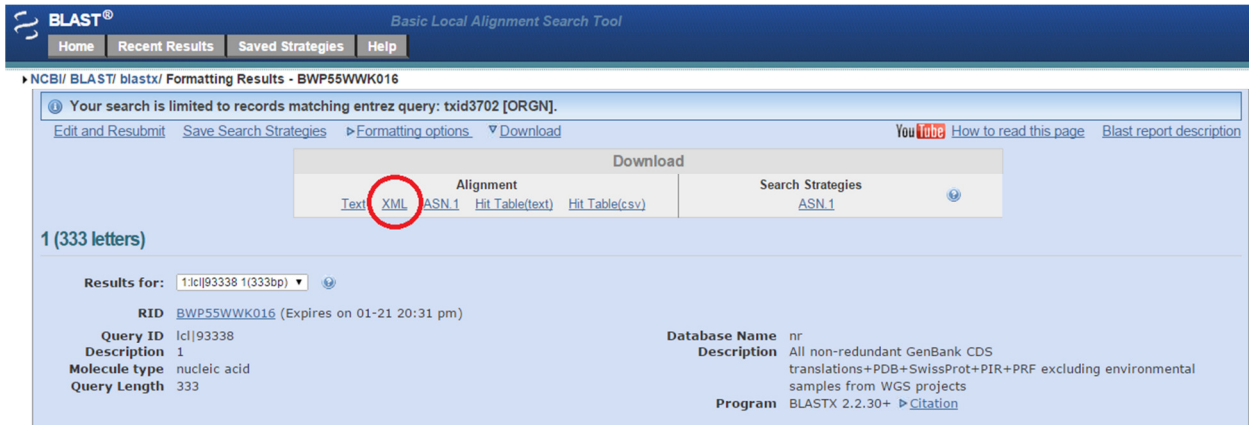
Análisis bioinformático para la detección de genes de importancia en la producción de alcaloides oxindólicos en *Uncaria tomentosa*

- A. El archivo del transcriptoma con extensión “.gb” se logró abrir con el software BioEdit y transformar en un archivo FASTA de la siguiente manera:
1. Abrir BioEdit
 2. File -> Open...
 3. Escoger el archivo con terminación “.gb”
 4. File -> Save as...
 5. Escoger en tipo “Fasta (*.fas, *.fst, *.fsa)”
 6. Guardar en ubicación de preferencia

El archivo generado se guardó con el nombre de “UNCARIA”.

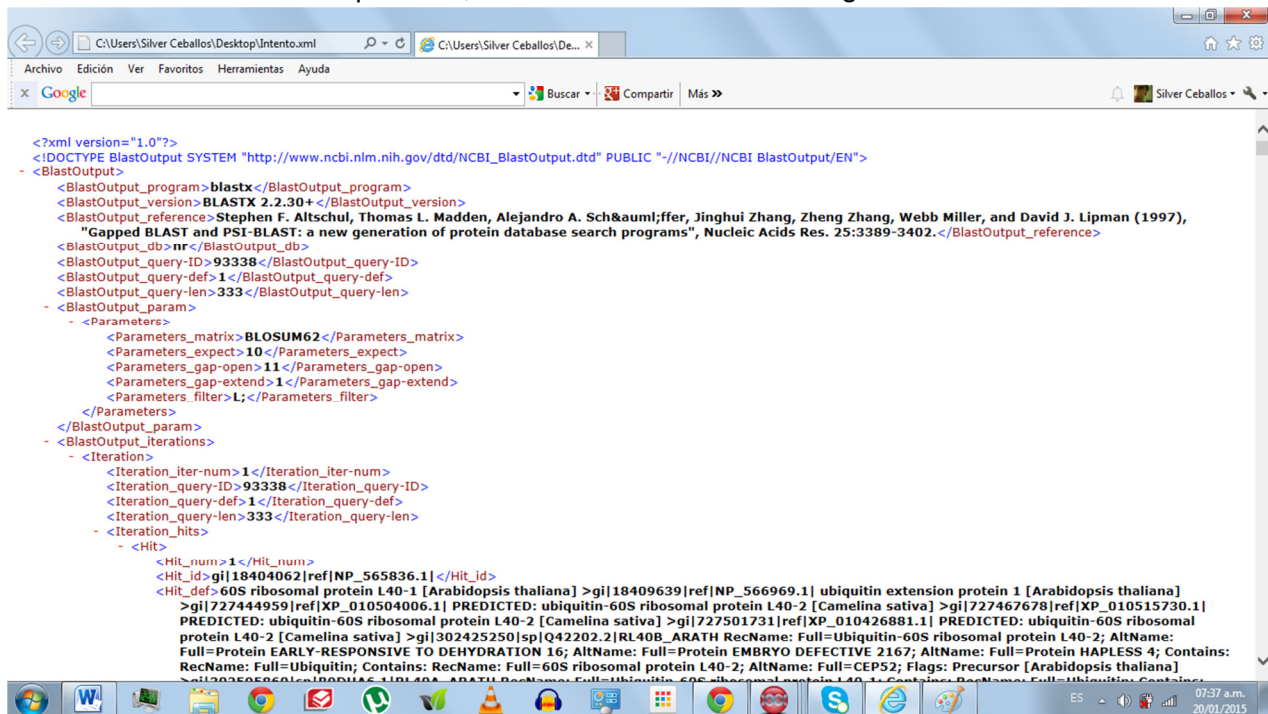
- B. Los archivos FASTA son capaces de ser abiertos por el algoritmo de [BLAST](#) de la siguiente manera:
1. Click en el hipérvinculo de BLAST
 2. Escoger el algoritmo de preferencia
 3. En “Or, upload file”, dar click en “Seleccionar archivo”
 4. Escoger parámetros de preferencia
 5. BLAST!
- C. Los resultados de BLAST pueden ser exportados en una extensión XML, la cual es muy utilizada por desarrolladores de páginas web, además de ser capaz de visualizarla mediante exploradores de Internet (e.g. Google Chrome, Internet Explorer, etc.) de la siguiente manera:
1. Abrir BLAST
 2. Escoger el algoritmo de preferencia
 3. Subir el archivo FASTA de preferencia
 4. Escoger parámetros
 5. BLAST!

- Una vez obtenidos los resultados, escoger en el panel superior la opción "Download", dar click en "XML" y guardar en la ubicación de preferencia.



- Abrir con un explorador web como Internet Explorer

Una vez abierto con un explorador, debería visualizarse de la siguiente manera:



La siguiente imagen, muestra la forma en cómo se traduce la información de interés a nivel informático:

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments Download GenPept Graphics

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
60S ribosomal protein L40-1 [Arabidopsis thaliana]	74.3	74.3	29%	3e-17	100%	NP_565836.1
anthranilate phosphoribosyltransferase-like protein [Arabidopsis thaliana]	28.9	28.9	28%	1.8	41%	BAF01685.1
AT3g57880/T10K17_90 [Arabidopsis thaliana]	28.5	28.5	28%	1.8	41%	AAK53020.1
C2 domain-containing plant phosphoribosyltransferase-like protein [Arabidopsis thaliana]	28.5	28.5	28%	1.8	41%	NP_191347.1
calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) plant phosphoribosyltransferase family protein [Arabidopsis thaliana]	28.5	28.5	30%	1.8	35%	NP_175568.1
calcium-dependent lipid-binding domain-containing plant phosphoribosyltransferase-like protein [Arabidopsis thaliana]	28.1	28.1	35%	2.6	36%	NP_196801.1
FT-interacting protein 1 [Arabidopsis thaliana]	28.1	28.1	35%	2.6	38%	NP_568175.2
AT5g06850/MOJ9_2 [Arabidopsis thaliana]	27.7	27.7	29%	3.6	42%	AAL15320.1
anthranilate phosphoribosyltransferase-like protein [Arabidopsis thaliana]	26.9	26.9	25%	5.0	39%	BAD95264.1
triose phosphate/phosphate translocator TPT [Arabidopsis thaliana]	26.9	26.9	41%	6.4	35%	NP_001032017.1
triose phosphate/phosphate translocator TPT [Arabidopsis thaliana]	26.6	26.6	41%	9.1	35%	NP_851138.1
triose phosphate/phosphate translocator TPT [Arabidopsis thaliana]	26.6	26.6	41%	9.2	35%	NP_001078720.1
phosphate/triose-phosphate translocator precursor [Arabidopsis thaliana]	26.6	26.6	41%	9.3	35%	AAM65042.1

Esto tiene una gran ventaja ya que muestra datos relevantes como “E-value”, “Ident”, “Accession” y “Max score”. El archivo XML puede ser convertido a un archivo Excel, el cual permite filtrar la información de varias maneras, como se verá más adelante.

- D. El archivo FASTA que se generó mediante BioEdit, nombrado como “UNCARIA”, consta de más de 50 mil secuencias. Esto trae complicaciones a la hora de subir un archivo al BLAST ya que (i) la plataforma es incapaz de subir archivos con tantas secuencias (estos no deben exceder las 7000 secuencias, 6000-6500 secuencias es un rango recomendable), además de que (ii) un proceso de tal magnitud consumiría demasiados recursos de la computadora. Por lo que se dividió el archivo en 9 documentos denominados “UNCARIA subset 1 al 9”.
- E. Se utilizó el algoritmo de BLAST llamado **blastx** para realizar el análisis de las secuencias. El algoritmo de BLAST **blastx** traduce secuencias de ácidos nucleicos a secuencias de aminoácidos para luego hacer comparaciones proteína-proteína.
- F. Los datos se compararon contra las especies *Catharanthus roseus*, *Mitragyna speciosa* y *Cinchona sp.* debido a que son plantas productoras de alcaloides oxindólicos, se parte de la premisa que debe de existir cierto nivel de homología entre las enzimas metabólicas de estas plantas y *Uncaria tomentosa*, ya que los sustratos comparten similitud estructural. Además, los alcaloides de estas plantas comparten dos rutas metabólicas de interés, la del (i) ácido shikímico y la del (ii) triptófano.

G. Se seleccionaron cuatro enzimas que participan en la síntesis de oxindolalcaloides en las especies anteriormente citadas. Estas son: strictosidina sintasa, strictosidina β-glucosidasa, triptófano descarboxilasa y geraniol-10-hidroxilasa.

H. Debido a que se desconoce la distancia evolutiva entre *Uncaria* y las plantas anteriormente mencionadas, se recomienda utilizar la matriz de sustitución BLOSUM 50 en lugar de BLOSUM 62 ya que es menos rigurosa y parte de una mayor distancia entre las especies, por ende, acepta un mayor número de mutaciones.

Los parámetros utilizados para la búsqueda en el BLAST fueron:

- Database: *non-redundant protein sequences (nr)*
- Organism: *Catharanthus roseus (taxid:4058)*, *Mitragyna speciosa (taxid:170351)*, *Cinchona (taxid:43462)*.
- Max target sequences: 10
- Expect threshold: 1*
- Matrix: BLOSUM 50

*en caso de que una secuencia no generara resultados, el expect threshold se aumentó a 10, 20, 50 y 100, respectivamente.

I. Los resultados obtenidos fueron recopilados en archivos XML, que posteriormente se convirtieron a documentos de Excel, los datos obtenidos se copiaron y pegaron de forma manual en un solo archivo llamado “*Uncaria – Cinchona – Completo*”.

La información en el documento Excel se visualiza de la siguiente manera:

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
1	/BlastOutput											
2	/BlastOutput /BlastOutput /BlastOutput /BlastOutput /BlastOutput /BlastOutput /BlastOutput /BlastOutput /BlastOutput /BlastOutput /BlastOutput /BlastOutput /BlastOutput											
3	nr	1	1	AHX24365	CYP76A26-like protein [Cinchona calisaya]	26	26	24.0489	24.0489	0.55891	0.55891	0
4	nr	2										
5	nr	3										
6	nr	4	2	CAB90052	ATP synthase beta subunit [Cinchona pubescens]	25	25	20.1507	20.1507	0.912252	0.912252	0
7	nr	5										
8	nr	6										
9	nr	7										
10	nr	8										
11	nr	9										
12	nr	10										
13	nr	11	3	CAB64911	NADH dehydrogenase, putative [Cinchona pubescens]	33	33	24.6058	24.6058	0.0954294	0.0954294	0
14	nr	11	4	ADI46534	NADH dehydrogenase subunit F [Cinchona calisaya]	33	33	22.6567	22.6567	0.382703	0.382703	0
15	nr	11	5	AGX93057	7-deoxyloganic acid 7-hydroxylase-like protein [Cinchona calisaya]	40	40	22.3782	22.3782	0.421459	0.421459	1
16	nr	11	6	AGX93045	secologanin synthase-like protein, partial [Cinchona calisaya]	23	23	22.0998	22.0998	0.522063	0.522063	0
17	nr	12	7	AGX93057	7-deoxyloganic acid 7-hydroxylase-like protein [Cinchona calisaya]	32	32	24.3273	24.3273	0.00540433	0.00540433	0
18	nr	12	8	AGX93045	secologanin synthase-like protein, partial [Cinchona calisaya]	31	31	19.5938	19.5938	0.244969	0.244969	0

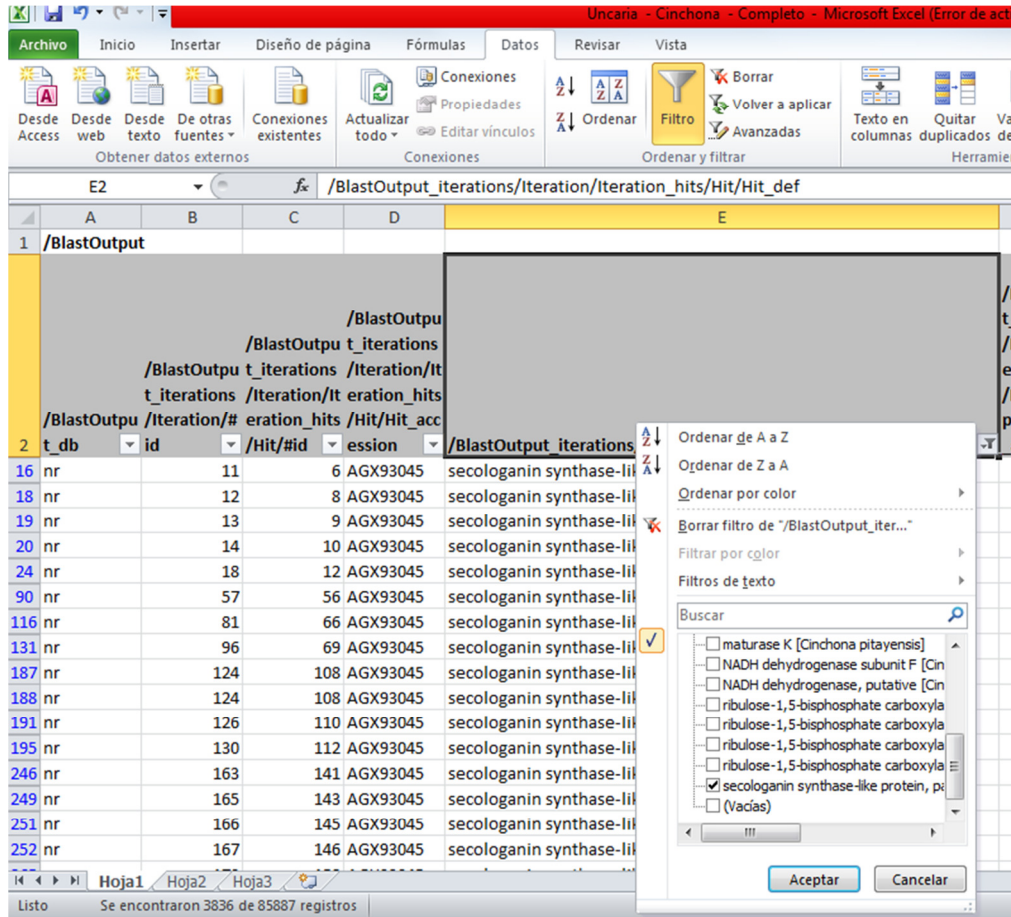
	score/#align	ion/iteration_hits	Hit/Hit_id	/Hit/Hit_len	#agg	m	/Hit/Hit_num	#agg	num	num/#agg	ery-def	ery-ID	ery-ID/#agg	ery-len
3	69	gi 613399376 gb AHX24365.1		516	516	1	1	1	1	1	1 comp0_c0_seq1 len=3846 path=[0:0-453 454:454-	61989	61989	3846
4									2	2	2 comp10000_c0_seq1 len=700 path=[0:0-699]	61990	61990	700
5									3	3	3 comp10001_c0_seq1 len=720 path=[0:0-719]	61991	61991	720
6	55	gi 7708256 emb CAB90052.1		490	490	1	1	4	4	4 comp10002_c0_seq1 len=567 path=[0:0-566]	61992	61992	567	
7								5	5	5 comp10003_c0_seq1 len=1457 path=[0:0-67 1512	61993	61993	1457	
8								6	6	6 comp10004_c0_seq1 len=684 path=[0:0-683]	61994	61994	684	
9								7	7	7 comp10005_c0_seq1 len=232 path=[0:0-231]	61995	61995	232	
10								8	8	8 comp10006_c0_seq1 len=524 path=[0:0-442 443:u	61996	61996	524	
11								9	9	9 comp10006_c0_seq2 len=477 path=[0:0-442 944:u	61997	61997	477	
12								10	10	10 comp10007_c0_seq1 len=961 path=[0:0-960]	61998	61998	961	
13	71	gi 6687321 emb CAB64911.1		714	714	1	1	11	11	11 comp10008_c0_seq1 len=1080 path=[0:0-534 100	61999	61999	1080	
14	64	gi 297557437 gb ADI46534.1		681	681	2	2	11	11	11 comp10008_c0_seq1 len=1080 path=[0:0-534 100	61999	61999	1080	
15	63	gi 350826677 gb AGX93057.1		519	519	3	3	11	11	11 comp10008_c0_seq1 len=1080 path=[0:0-534 100	61999	61999	1080	
16	62	gi 350826653 gb AGX93045.1		518	518	4	4	11	11	11 comp10008_c0_seq1 len=1080 path=[0:0-534 100	61999	61999	1080	
17	70	gi 350826677 gb AGX93057.1		519	519	1	1	12	12	12 comp10008_c0_seq2 len=979 path=[0:0-534 535:!	62000	62000	218	
18	53	gi 350826653 gb AGX93045.1		518	518	2	2	12	12	12 comp10008_c0_seq2 len=979 path=[0:0-534 535:!	62000	62000	218	

- J. Una vez realizado el archivo de Excel que contempla a todos los subarchivos, se seleccionaron únicamente las enzimas de interés. Este es un proceso manual y se realizó de la siguiente manera:
1. Abrir el archivo de Excel completo. Cabe destacar que en total, son dos de estos archivos, uno para cada organismo: *Cinchona* y *Mitragyna*.
 2. Seleccionar la celda en la columna E denominada como “/BlastOutput_iterations/Iteration/Iteration_hits/Hit/Hit_def”. Esto equivale a la columna de “Description” en el BLAST.
 3. En la pestaña “Datos”, dar click en “Filtro”.
 4. Seleccionar la flecha que aparece en la esquina inferior derecha de la celda.
 5. Seleccionar únicamente la enzima de interés*

*Nota importante: Es necesario hacer un estudio metabólico antes de iniciar con el análisis genético ya que se necesita conocer cuáles son las enzimas de interés para la investigación para luego poder filtrar los resultados.

6. Seleccionar la celda en la columna F denominada como “Hsp_align-len”. Esto equivale a la longitud del alineamiento.
7. Ordenar de mayor a menor.
8. Seleccionar las filas de únicamente aquellas secuencias con alineamientos mayores a 250 aminoácidos. Esto equivale a alineamientos mayores a 750 nucleótidos.
9. Copiar

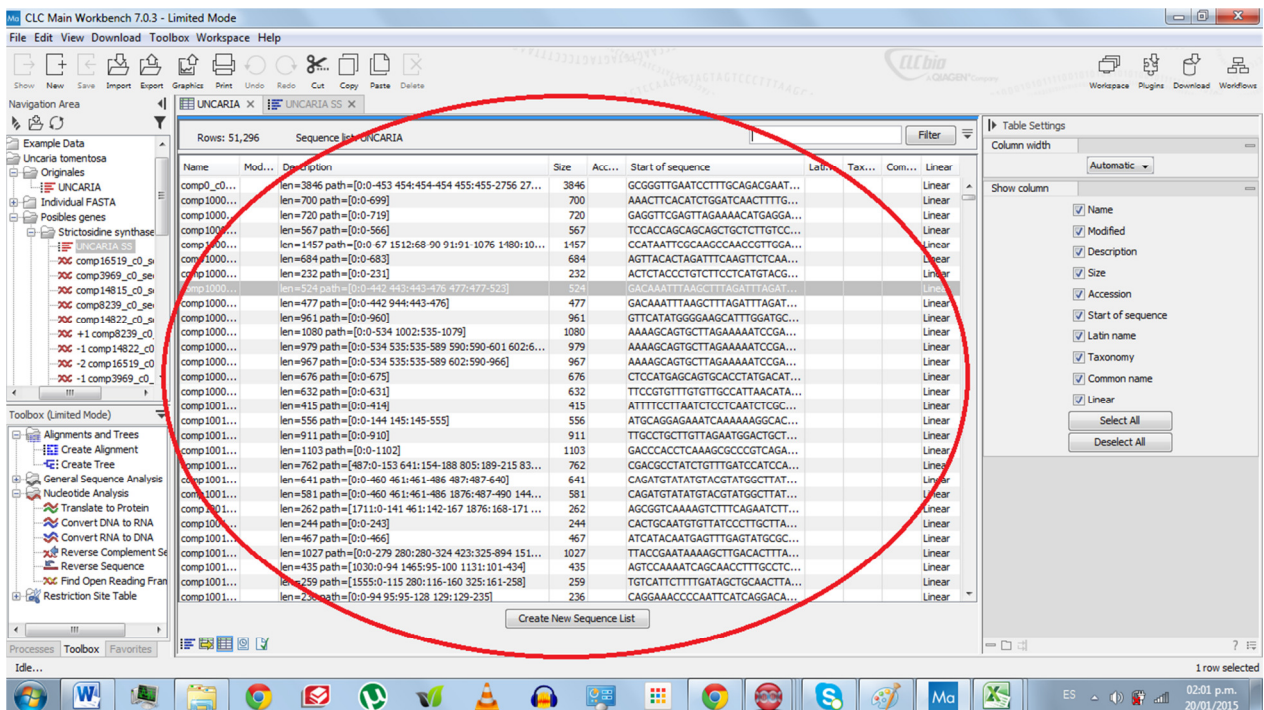
10. Pegar en un documento de excel nuevo.
11. Repetir los puntos 6-10 para cada una de las enzimas de interés, tanto de *Mitragyna* como de *Cinchona*.



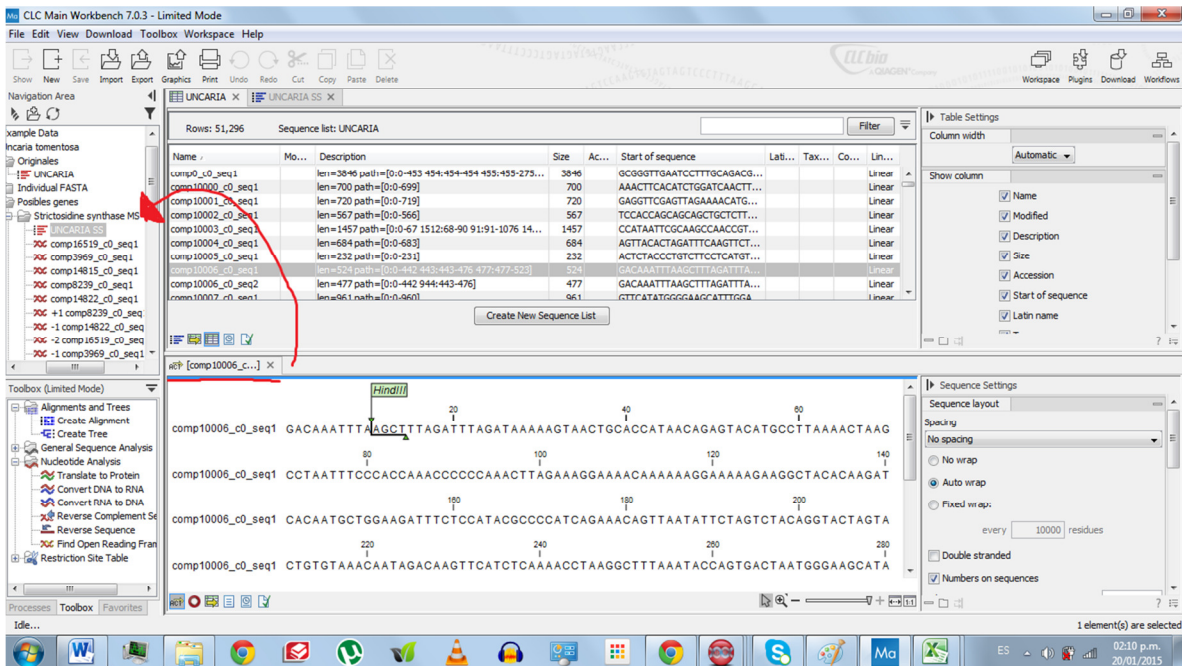
De esta manera, se logró recopilar todos los resultados que cumplieran las características anteriores en un documento nuevo. Estas se distribuyeron en hojas de cálculo, una hoja por cada enzima.

K. La columna AK se denomina como “/BlastOutput_iterations/Iteration/Iteration_query-def” y contiene la secuencia del transcriptoma que genera el alineamiento descrito ya en la fila de la hoja de cálculo, en las celdas hacia la izquierda. Estas se analizaron mediante el software CLC Bio de la siguiente manera:

1. Abrir el CLC Bio
2. Dar click en “File” y luego en “Import...”
3. Abrir el archivo FASTA denominado “UNCARIA”, el cual contiene el transcriptoma.
4. En el panel de navegación denominado “Navigation Area” aparecerá el archivo FASTA. Abrir con un doble click. Esto generará una pantalla donde se puede visualizar todas las secuencias.

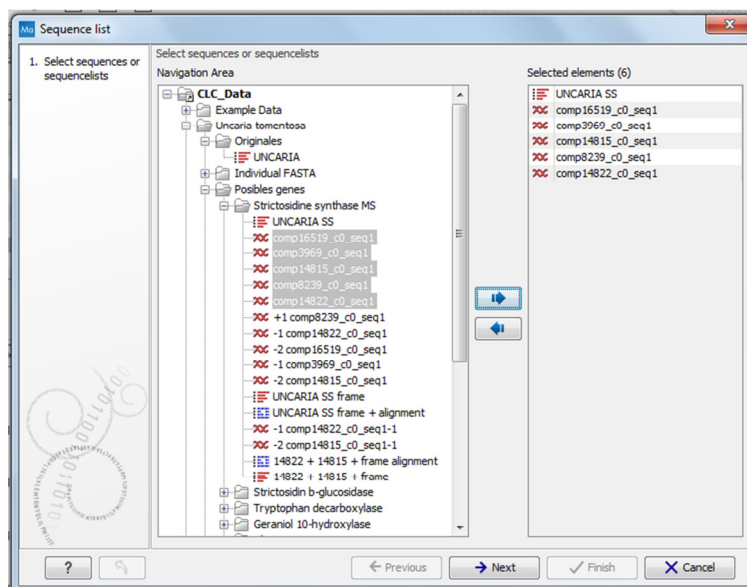


5. En el mismo panel, crear un folder llamado “Posibles Genes” y una subcarpeta llamado como la enzima. Para este caso, “*Strictosidine synthase*”.
6. En el archivo Excel con el recopilado de enzimas, dirigirse a la columna AK y anotar las secuencias del transcriptoma cuyos resultados presentan homología con la enzima *strictosidine synthase*.
7. El CLC Bio presenta un filtro en una esquina superior derecha. Insertar el código de las secuencias anotadas y dar doble click sobre la secuencia. Esto abrirá la secuencia en una ventana aparte.
8. Arrastrar la pestaña hacia el subfolder ya creado.
9. Repetir 6-8 con todas las secuencias.



L. Una vez seleccionadas apartadas las secuencias de interés dentro del folder, realizar una lista de secuencias de la siguiente manera:

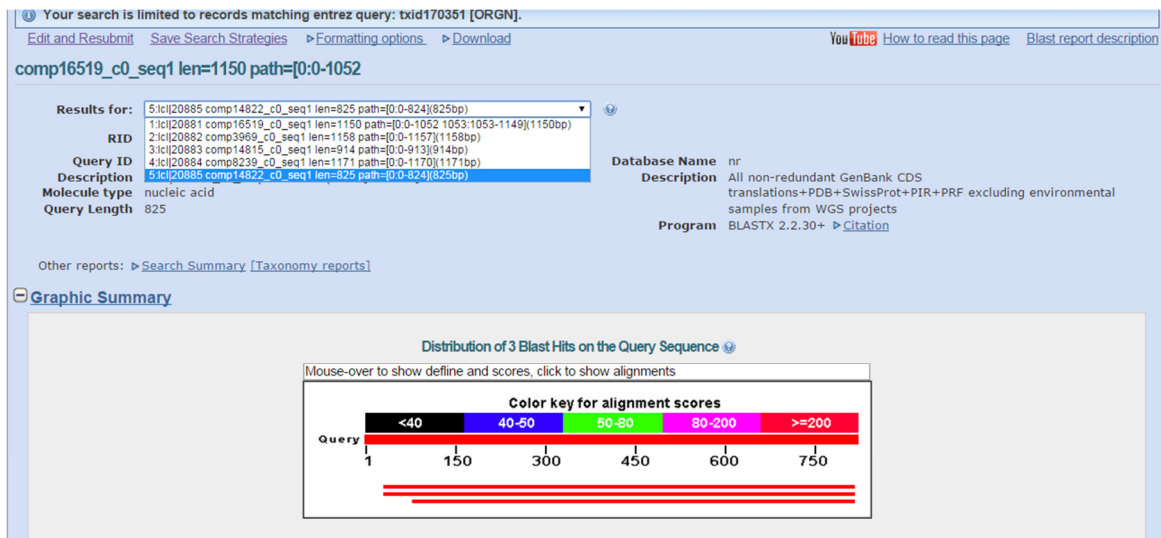
1. Dar click en “New”, sobre el “Navigation Area”.
2. Click en “Sequence list”
3. Seleccionar las secuencias y desplazar al panel de la derecha mediante la flecha azul.
4. Click en “Next”.
5. Verificar que la casilla de “Save” esté seleccionada.
6. Escoger la carpeta creada para almacenar ahí.
7. Click en “Finish”.



Las listas de secuencias pueden ser exportadas en formatos FASTA, lo cual facilita un análisis posterior en BLAST mucho más detallado. Para ello:

1. Click en “Export”.
2. Seleccionar formato FASTA
3. Escoger la lista de secuencias deseada
4. Click en “Next”.
5. Click en “Next”.
6. Seleccionar la ubicación de preferencia.

M. Una vez exportada la lista de secuencias, se analiza mediante **blastx**, nuevamente, siguiendo la metodología anteriormente descrita.



En el panel de “Alignments” en los resultados del BLAST se despliega información detallada del alineamiento. Es importante considerar el “frame” de la secuencia ya que indica en qué posición inicia el ORF en la secuencia obtenida tras la secuenciación.

Download [GenPept](#) [Graphics](#)

strictosidine synthase [Mitragna speciosa]
Sequence ID: [gb|ABZ79473.1](#) Length: 352 Number of Matches: 1

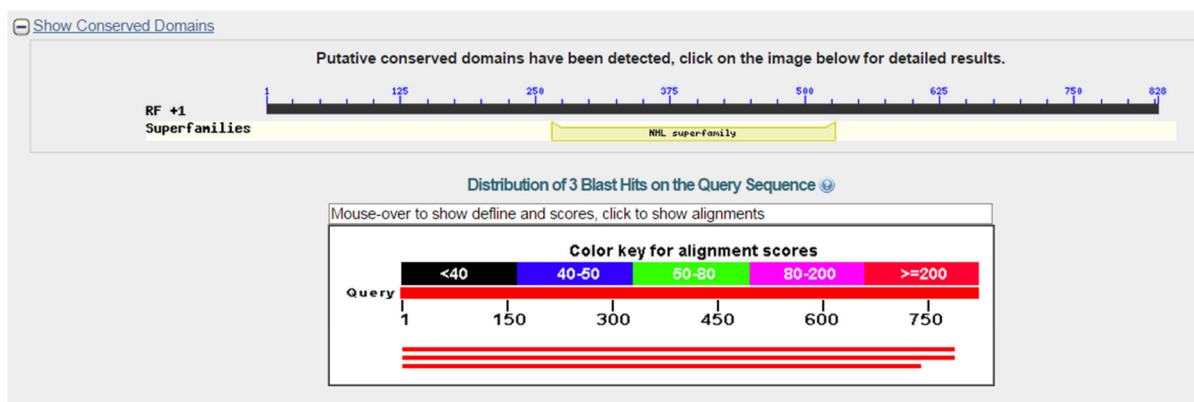
Range 1: 65 to 324 [GenPept](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Frame
348 bits(1235)	3e-123	Compositional matrix adjust.	164/263(62%)	207/263(78%)	3/263(1%)	-1
Query 822	GGSGIVFLNHAYASPFWINETLCKSKNATIEPHLKPICGRVYDLGFNYATKKLYIVDGYG				643	
Sbjct 65	G S F HA ASPFWN +C++ E +LKP CGR YDLGF+Y T++LYI D YYG				121	
Query 642	LGMVGPDDGLAIQVANGADGADFkWLYALVDQRTGIVYFTEVSSVYDDRGVQDMDTND				463	
Sbjct 122	LG+VGP+GG A QVA ADG DFKWLYAL VDQ+TG VY+T+VS YDDRGVQDI+ ND				181	
Query 462	TTGRLLKYDPLTKKVTVLMKGLNVPGGTEGSKDSTFVLVAEYLGKILKYHLGPKANSS				283	
Sbjct 182	TTGRLLKYDPTNEARVLMGLNVPGGTEVSKDGSFLVVAEFLSHRILKYHLGPKANTS				241	
Query 282	EILLIIPGPNIKRTPAGDFIWPSTDENAPILTSIGVRFNEFGRIETVDLPQPYKNEHL				103	
Sbjct 242	E+LL+ GPNIKRT AG+FW S+D N +T ++F+FG IL+ V +P PYK EHH				301	
Query 102	EQIHEHNLVYVGSFLHNFIVGL 34					
Sbjct 302	EQAEHNGSLYIGTLFHDVIGIL 324					

N. Cuando se realizan los imprimadores sobre la secuencia es importante tomar únicamente la región donde existe alineamiento para de esta manera, asegurar que los imprimadores realizados puedan amplificar con éxito. Además, si el “frame” es negativo (ver imagen anterior), se recomienda cambiar la dirección de la secuencia en el CLC Bio de la siguiente manera:

1. Abajo del “Navigation Area”, abrir la carpeta de “Nucleotide Analysis”.
2. Click en “Reverse Complement”.
3. Seleccionar la(s) secuencia(s) deseadas.
4. Verificar que la casilla “Save” esté seleccionada.
5. Escoger la ubicación de preferencia para guardar.
6. Exportar la secuencia y repetir el análisis.

Cuando se analiza la secuencia con un ORF + por individual, el algoritmo de BLAST presenta la información de forma que se visualiza la presencia de dominios y motivos dentro de la secuencia, además de brindar información detallada al respecto.



NCBI

Conserved Domains

HOME SEARCH GUIDE NewSearch Structure Home 3D Macromolecular Structures Conserved Domains Pubchem BioSystems

Conserved domains on [lcl|3834] View [Standard Results]

comp14822_c0_seq1-1 len=825 path=[0:0-824]

Graphical summary Zoom to residue level show extra options

RF +1

Non-specific hits

Superfamilies

Multi-domains

Str_synth

NHL superfamily

COG3386

Search for similar domain architectures Refine search

#	Name	Accession	Description	Interval	E-value
[+]	Str_synth	pfam03088	Strictosidine synthase; Strictosidine synthase (E.C. 4.3.3.2) is a key enzyme in alkaloid ...	265-528	3.45e-20
[+]	COG3386	COG3386	Glucanolactonase [Carbohydrate transport and metabolism]	178-699	2.11e-04

Blast search parameters

Data Source: Live blast search RID = BXH-R05B013

User Options: Database: CDSEARCH:cd v3.13 Low complexity filter: yes Composition Based Adjustment: no E-value threshold: 0.01 Maximum number of hits: 500

References:

ANEXO 2

Secuencias obtenidas a partir de muestras de ADN de *U. tomentosa* utilizando los imprimadores diseñados en el proyecto.

G10H-F 1282 bp

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCTANTCTATCANGAAGAGCAAAGAGCTATCCTCCAGGGCCAACCCATTACCCATTATC
GGTAGCCTCCATTTGCTGGGCGACCAACCGCACAAAGTCTTGGCCAAACTTGCCAAAACCTCATGGCCCACTCATGAGTCTAAAA
CTAGGCCAAATTACCACTATTGTAGTTACTTCTCAGGAATGGCGAAAGAAGTTCTCCAAAAGCAAGATTTAGCCTTCTCCAGC
AGATCAATTCCTGATGCACTCCATGCCACAATCAATATAAAATATTCCGTGGTGTGGTTGCCGGTGCATCTCGTTGGAGAAGC
CTGCGTAAAATCTTGAACCTAACATGTTCTCGGGCAATAGGCTGGATGCTAACCAGCACCTACGGGCTAAGAAGATTAGGA
GCTCATTGCTTATTGTGAAAGAATTCTAACTGGAGAGGCAGTAGATGTTGGCCGAGCAGCGTTTAAAGACTTCACTCAATTT
ATTGTCCAATACCCTTTTCTCCAAGGACTTGACCGATCCTTATTCTGATTCTGCCAAAAGAAATTTAAGGACTTGGTGTGGCAGGTT
ATGTTGGAAGCTGGTAAACCAATCTGGTTGATTTCTCCCTGTGCTCGAAAAAATTGATCCCAAGGTATCAGGCGTCGTATG
ACCATTCAATTTGGAAAGATACTTAAGATGTTCCGTGGCCTGGTCGATGAAAGATTGGAGCGCGGGAAATCACCAAGTGAA
ACAGTGATGTGTTGGATGTCATGCTTGCTACAGGTGAAGAAGCACCTGAAGAGATTGACAGGACTCATATCGAGCGCTTGTGC
TTGGTTTGTACCATTCTATTCTTCTCCTACCTTAAAGTTAGAACATCAGATAATGACCTGTTTCTTGCAATTTCTGCTTGTCTGA
TTTTTTTTCATTATTTACTAATTTGTTTTCACTTCTATAGTTGGGTTCTTGACTATGTTCTTAACTATTTTGTACCAACAGANAT
ATTCAAATAAACGATCATGATGGAAACATGGATTTCTTTCTTTGATTANTGACTGAAACATCTTGAAGAAAGNNNANNATTT
GATGACTTGACTACNTTCTCATTTANANTGNNNNNTTACACGNNTNNNCAACNTTTCNNAACGTAAANANGNTANNGAC
TNNNTNNNANNGNNNTGNNNNNNNNANNNCNTTNNNNNNNGNNNGTNCNTNNNNNNNNNNNGAANNCCANC
NNGACNGNNNNNNNNNCNNNTCGNNAANNNNN

G10H-R 1301 bp

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNGANGNNNCNCCTCAGCTTCCAGTCAAATGAATTCAGCAGGGATCCAAGCATTACAGGAA
CCATCCTAACAGCCAATGGCAAACCTGGGCAAATCTTCTCCAGCACCGAATGGAATCAGCTCAAATCTCGGCCCTTATGT
CAAGTTCAGACTCCAGAACCTCTCGGGCTTAAATCCTAAAGGATTCTCCAAACCGTCTCATCACGGCCAATTGCCATGCATT
CACTAGCACCTGTGAGTCTTAGGCACATTGTAGCCACAAACCTCAACATCTTGCTCCACTCGGCGTGGGATCAAGAATGGAAC
CGGTGGATGTATCCTAAGGTTTCTTTCACAATGCATCGCAAGTAAGGCAGGCGAGGAATATCAGCTTCTCTATTAGCCTCCC
TTTTCCGATGACTTCAGCAAGCTCAGCTTTGGCTTCTTCAATTTCTCTGGGTTTTGAAGTACCTTGCCATGGCCATTCTAATG
TGTTTGATGTCGTATCAGTCCCGCTACAAAGAGGTCCTGTAACATATTTTACGTTTGAGAAAAACGTTGCAACAATGCCGTGT
AAATTTGGAACAACCTTCTAAAATGAGAAACGTAGTCAAGTCATCAAATATGCCTTCTTCTTCAAGATGTTTCAGTCAATAA
TCAAAGAAAGAAATCCATGTTTCCATCATTGATCGTTTTATTGAATATCTTCTGTTTGGTACAAAATAGTTTAAAGAACATAGTC
AAGAACCAACTATAGAAGTAAAAACAAAATTAGTAAATAATGAAAAAAATCAAGACAAGCAGAAAAATGCAAGAAACAG
GTCATTATCTGATGTTCTAACTAAAGGTAGGAAGAAGAATAGAATGGTACAAACCAAGCACAAGCGCTCGATATGAGTCTGT
TCAATCTCTCAGGTGCTTCTCACCTGTAGCAAGCATGACNTCCAACACATCACTGTTTCCACTTGGNGATTTCCCGCTCCA
ATCTTTCATCGACCAGGCCACCGAACATCTTAAGTATCTTCCCAAATGAATGNCNTTACNACGCCTGANNACCTGGGGATC
AATTTTTCGAGCACNGNNNGAANNNNNNNGATTGGNTTACNANCTCANNNNACNGCCACCCAGTTCNNATCNTGNNA
ATCNNAANTAAGNATCGNCAGTCTNNNAAANNNNATNNNNCCAATNANTGNNNNANNNNTNNNNGCTNGGNNNNNNN
NNNNNNNNCNNNNNANNANNTTNNNNAATANNANNGNCCNNNNNGTAANN

SS-F 404 bp

GNNNNNNNNNNNNANNNNNNNNNCNCNNNNNNATATACAAAATCTCGTGCCAAAATATGCGTATTAAGTAAATAAATTGGTTG
TTCCNATTGTTTTAGGAATGAGACACTTTGCAAGTGAAGAATACCATGATGGAAGCACACCTAAAGCCCATTTGTGGGAGG

GTATACAACCTGGGATTCAATTATGCCACAAAGAACCTTCATATAGATGATGGCTCTTATGGTCTCGGCCTGGTTGGCCCTGAT
GGATGACTTGCCCTACAAANTGCCATGATGCTTACCGAAATGATTACACTGTCTTTTACCTTAACTGTTNATCACCTAACTA
GAATCNCATACCCNCGGAAATTAGNNNCGTCTTTAACCCTGGTTCCCATGCTCACTGCAACACATCCTGA

SS-R 1088

GNNNNNTNNNNNNGANNNNNAANNNGNNTTCNNTATTCTTGCCAATTCGGTTGAGCCTTACTCCTGTGGATGTAAGTATTGG
TGCATTTTCATCCGTGGATGGGACCCAAAGATCTCCAGCTGGAGTCCCTCTTTATGTTCCCTGGACCTGGAATTTCCAATAAAATC
TCTGAAGAAATTTGCTTCAGGACCTCTAGCCAATACTTGAGAATTTTGTGCCCAAATATTCAGCAACAAGAACAAGGTGCTA
TCTTTGCTGACTTCTGTACCACCTGGTACATTTAATCCTTTTCATCAAAACTGTCACCTTTCTTAGTTAAGGGATCATACTTCATTAAT
CTTCCGGTTGTGCTGCTGTATCCATTATATCCTGCACACCTCTAACATGAAAGGAATTGGTTTTAGGGAATGAATTGAAAAA
GTAATCCTCAGTTTTCATTTGAATATATTATTTTTTCCCTTTTCTCGAATCATCTTTCTCCGGGTTAATTCTAATTTACCTATTC
TGGCAAACCTTTATTGGTTAATCCGAAATAACCAGGGAAATAAAGGCCACTGGAAACCCTAAATAAGGAAAAAGGGAAAAAT
AAACAAAAACCTTATCCCTTCTGCCTATTAATTAATAAAATTTAAACGATAATGGTAAATCTTAGGTAACCTTTCCATTTTACCT
AGCCAGGGTTACCACCAAGAATTTGGTTAANGGGNAAGGTTCTCCCACTGCACAAGTTTGGAGTTCAAACCTCCACCTGTAA
CAGTTAATATGATATTTCTTCAAACATTTAAAAAGGTGCAATAGTGCTTTTTCTGTCAAACGGTAGCTTATTTCTCATCAACCT
TCCAAGTCTAATTGAACCATCTACTATAATGTGTTAGGAGTAAATTAATGNTGAACTTAATAAAAAAATNATGGAAAAAG
GTATGACATTTNTTTCCANAAACNAANGANCAATCATTTCTNTTGTGTTGATAGATCCATTNNGTTTCNTCCACTCATTTNNAN
NNGGNACTATCTTTGNNTCGGATCAAACCTANTCNAACCATCAATCCNCNCNTTAAAGGAAGGGGNNNGATAACN

SG-F 1296 bp

NNNNNNNNNNNNNNCTCCTGNNAGATTGTAGATGGCAGCAATGGAAATGTGGCTGTGGATCAATATCATCTATAACAAGGTA
TATTAGTCTGTTCAACTATAATTATCATATGTATTGACAGAAAAATGGATGAGTTGCAACAGTGGAAGTTAGACTGTGAAAATG
ATTCCAATATAGGTTCTGTTACATATTCAAATCTTGCAAGGAAGATGTGAAAATAATGAAGAAAATTGGTTTAGATGCCTACAG
ATTTTCAATTTTCATGGCCTAGAGTATTGCCTGGTAAGCTAGAATCAAGATTTGAAATGCATCAATTTTCTCTCAATAAAAAAAG
TCAATTCACTAATCAATAAATGACACATCCACGTTTCAAATTGAAATATTAGGTGGAAGATTAAGTGCCGGTGTAACAAAGCA
GGAATTGATTACTATAACAATCTTATCAACGAGCTTCTGGCAAACGGTAAATTTCTGTCAAGTTTTTATCTGACAAAATAATTCA
CACAATACAATATTTTGCCTCTTGGACTCATTTACAAACCATGCAGATATCCAGCCATTGTAACCTTTTTCCACTGGGATGTTCC
CCAAGCTCTAGAGGATGAATATGGTGGTTTCTTAAATCGGAAAATTGTGTAAGTAGCTCAACCGCATAATTGAAAACATCCTCG
TTTGCAATAAAGTAAGAATCTAACATAGAGGAGCAGAAAAGTTTCTATTTGTAGACATGATAAAGAAAATTGCAGAGATACCGAC
TTAATTGAGTATCTTCTGTCGAATACTTGTGTTTGAATACTTGACTGTAACGAATACCATTCTTTATTTTAAATAAAAGCCACCAT
GAGATGATTTAACAAGTTGATTAGGGAAAAACAGATCTGCTCTTGATTGATTAACATATTTCACTAAAAATAAGAAAAGTTAACAC
TATTGAAAAGTCCAATCGAATTACACCTTTTTTCTTTTTTTTACCCAAATTCAAATCTAATTGCAGGAATGACTTCCGTGAATT
TGCTGAACTCTGTTTTGGGAATTTGGANATCGAGTGAAAATTTNGGATCACATTGAATGAACCTGGGCTTTTGCCTCGCAGC
TACGCAACTGGNNNATATCCACCNNNGCAGGNGCAGCNCGACTGNNNTATGAAANNNGCATCNCAGCNNNNANATGCATT
NNTTACNNCCNNGGGNNNGTGANCAGGANANCNNNNNNNNNCCNCTNNNNCCANCNNNCNNNNNNNNNNNGNTNANN
NNNNNTANNNNNNNANANNNNNNNTNTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

SG-R 1265 bp

NNNNNNNNNNNNANGNCAGTAGCAATGGTGTGCTACCAAGTATGGCTCTGTGCCAGGATCTCCTGCTTACAATCCCCCG
CGAGTAAACAATGGCATCTGTGCTGAGGAATGGCATCTTTCATATGCTCAGTCGTGGCTGCACCTCGACCAGGTGGATATGTG
CCAGTTGCGTAGCCTGCGGAGGCAAAGGCCAGGTTTCATTCAATGTGATCCAATTTTTCACTCGATCTCAAATTTCCAAAAA
CAGAGTTCAGCAAATTCACGGAAGTATTCTGCAATTAATTTGAATTTGGGTAAAAAAAAGGAAAAAAGGTGTAATTCGA
TTGGACTTTCCAATAGTGTTAATCTTTATTTTTAGTAAATATGTTAATCAATCAAGAGCAGATCTGTTTTCCCTAATCAACTT
GTTAAATCATCTCATGGTGGCTTTTATAAAAATAAAGAATGGTATTGTTACAGTCAAGTATTCTAAAACAAGTATTTCGACAG
AAGATACTCAATTAAGTCGGTATCTCTGCAATTTCTTATCATGTCTACAAATAGAACTTTCTCCTCTATGTTAGATTCTTA

CTTTAATGCAAACGAGGATGTTTTCAATTATGCGGTTGAGCTACTTACACAATTTCCGATTTAAGAAACCACCATATTCATCCT
CTAGAGCTTGGGGAAACATCCCAGTGGAAAAGAGTTACGAATGGCTGGATATCTGCATGGTTTGTAATGAGTCCAAGAGGCA
AAATATTGTATTGTGTGAATTATTTTGTACAGATAAAAACCTTGACAGAAATTTACCGTTTGCCAGAAGCTCGTTGATAAGATTGTT
ATAGTAATCAATTCCTGCTTTGTTTACACCGGCACTTAATCTCCACCTAATATTTCAATTTGAAACGTGGATGTGCATTTATTG
ATTAGTGAATTGACTTTTTTTTTATTGAGAGAAAATTGATGCATTTCAAATNCTTGATTCTAGCTTACCAGGCANTACTCTAGGCC
ATGAAATTGAAAATCTGTAGGCATCTAAACNATTTTCTTCATTATTTTACATNNTCCTGCANGATTTGANATGTANNNNNNN
NNNTNGNNCATTTTCNCNGNNTACTNCCNGTGNACTCATTTTTCTGTANACNNTGANANNNNNNNNANNGACTN
NNNNNNNNNNGAATGAATTGATCCNANNNNNNNCNTNGCNGNCNNTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNTGNNNNNN

TDC-F 793 bp

NNNNNNNNNNNNNNANANANCNNTNAATGGGGCNCCTANCTGATTATTACGACAGTTTCGAGGTTATCCTGTCGTGACG
ANNAGTTGACTTGGGACTCCCANTTTTATTAATACGGGAGATAGCCCCCTGTCTGCTGGAGCAAATTGAAAACATTCTGAAAA
AATATTCTTAAAGATAACTNNTGGAATGACCATCTGGTTAAGCCCCAATTCTTAGCCCCCTTCCCTGAAAAAGATAGCTCTG
CTGCTTTTCTACATAAATGATGTGAAAAGGCTTTAATTCTGTTTTTGAACNAAAAGTTGCTTCCCCCCCCCTTCGAGCTCG
CCCCGATCGCGATGGATTGCATGGTAAACTGGATTGCTCTACTAAATCCTTCATGTTCTCTGGTATTGCCGGCGGTGTTTTCCA
AGGAACCACCAATGAGGCCCTTTGAACCTTTTACGGCCAGCAACCGGGATTTGAGAAATTCTGTGCAGACAACATTGC
AAAGCTGGTTGNCTATGCTTCTGATCTACTACACCGTTTTCTGTCTAGACTTGCAAATTGNNAGGTATTTCCACGCAATATA
AGATTAATCCCTACNCCGCTGCAGACTACTTTCCATGTCCCCGAGGCTGTAGCCAAAACCAATTAAGCTGACTTGGAAGT
TGGGTTGATCCCGCTTTCTCTGTGCTACCGTGGGAACAATTCCACCACTGCCATAGATTCACTGAGTCATCTAGCCGATAN
TGCAAATGAATTCAACGTGTGGATTCCNGNNGATGGNGC

TDC-R 1220 bp

NNNNNGNCNNTNANNNNNNNNAGCAGCATAACATGCCGATCCTCTGTTAGTGTAGCCCCACTGCAAATCTCAGCACG
TATACTTCAGCAGCCTTGGTGTGAGTCATGTATGCTCGGCCGTTGAGTTGACCCGCTCGAGTAGCTTCTATTTAAAAGCTCC
AAGTGTGCTTCACTGGATCCTTCAGAAGGATTAAGCCTGAAACATACAAGTGAAAATGCACGAGGAAGTACGATTTCAAATCT
TGGGTCAGATCTCACAACCCTTCGAACATCTTGCCATTTGAACGTCGGATCTAATGTGGCTTTGTAGGTTGGCAACTCCATA
ACAACGCATGACAAGCCATAATCGCAGTGCTCTGAATTTTTTACCTGTACCAATTTGCAATCTTTGTAATCCACAACCGAGTGC
AACTCACTTCTTTATTTCTCAAGTACTCGGGATTGGTGGCTAATGCCTTACCAACAAGTCTGTTTTCTTGACCCACAAGCAAC
AACAATCCAATAACAAAGCAGCCACTTATGAGGGCTCAGACTCAACGAGTCAACTCGCTCAACCCCTTCAAATATTGCCTGA
ACTCGGGACATATGCATGCACTGCCCGGTAAGCACCATCAACGTGAATCCACACGTTGAATTCATTTGCAATATCGGCTAGCT
GACTCACTGAATCAATGGCAGTGGTGAAGTTGTTCCACGGTAGCACAGAGGAAAAGTGGGATCAGCCATTTTCCACGTCA
GCTTGAATTTGTTTGCGTACAGCCTCGGGGGACATGGAAAAGTAGTCTTCAACAGTGGTAGGGATTATCTTATATTGCGTGG
GAAAATACCTGCCAATTTGCAAGTCTTGACAAAAAACTGTGTGTTTGATCAGAAGCATAGACAACAGCTTTCCAATGTCGTC
TGCACCGAATTTCTCGAAAGCCCGGTCGCGGGCGGCGATGAGGGTGCAAAGAATGGCCTCACTGGNGGTTTCTTGGAGANA
CACCGCCAGTCCCAGANAACATGAAAGGACTTAGGAGATCAGCATGTTAGCCATCCAATCCATCACGATCATTTNAGCTNGN
CGCGNNNGGNAANCAAGNCANNNNANCNTANGANTAAANNNNNNNCANAANNTTCTCCGANAAAGCANCNANCTAAC
NNNANNNNNNNNGCAANANNNGGNNTACCNNNNGGNCNNTNCCNGGGNNTNATC

UCF-F 434 bp

ANNNNNNCTTTGATATCTATGGCAAGTCCCAGTCACCGAAATGCATGGAGACAGGTGTATCTTGTGACTGAATTCTT
TGAACTTTGCTACTAGTTTCAGTAAAATTGTGTGCTAACATCCTGTATGCTGTACAGATTGCTAAAGAGGAGGAGAAGGGCG
TTTATTTGAACNTNAANNAGCATTGGAAGGGCATTAGNCTTTTTCNCAAATCCCCAATAAACNAAAAATTTAAAAATAACGA
GAAACCCACATGGGATTTGCAAAAAATTTGAAAAAATATGGCGCAAACATTACAATTTTTGCCCCCTTTTCAAATGTACCCC
GTGCCTCCCCGTGTGCCTTTAAAGGAATTCTCACCTATAAANGGAAAAGGAAAATATATCCCCGAAAAGTTTAAACA
TTGCCAAAGTTTGAAA

CRF1-F. 470 bp

NNNNNNNNNTTNCNNNNNTANNANTGTATGGCAGTTCNTATTTCTGAAACCACGGAACAGTCCCCTTGCACCGACT
CCTTCGCTCTATTACTACCCTTTTATTANNTGAGTGCTAACATCCTGTATGCTGNCCGATTGCTCCNAGGATGAGAAGGGAT
TTNTTTGAACTTGCTCTACCATGATCGGATATACTTCCAACGCNNAANCCCCATNTTANAAAAACAATTTAATCCCNGAGG
ACCACCTTGGGAATTTGAAAAAATTGATAAAAANGTTCGGAACACATATGAGTATTTTGACCACATTTTGCATGTGNCCCGTG
AACCCACAGCGTGACCGTTAAAGTGAATATCACACAAATAAAGGAAAAGGAAATGAACTATATCCTGCAAGGTTTTATTATA
TCGCAGTGATTGAATACCGCCTTTCAAANNTTGAACGGATTTCAATCAANAT

CRF1-R. 157 bp

NNNNNNNNNNNTTCCANACTCTCGTAACCNCCCCACTTTTCTGAACCTTAATAATGTTTNANTATTCATCCAACCTACA
CCTGTCTCCATGNTTTCNNGTTGGGAACCTGTATANNCTTTAGACGCCTTCAATATTATGGCGGATGTTAACT

CRF2-F 513 bp

NNNNNNNTACTTCTGANAGAATGGCCGCAGAACCTAATATTGCAGGAATGAAAGTAAATAACCTGAATAAAAGACAAAGA
ATACCAACGGCCATATAAACATTTTCTGAGCTAATAAGAGGAAAAAGGGGCTTTCCCAAATGTGGAGTAAAGCAATATAGTCG
TAATCCAGCAACAGAAGAATAATTAACAGTTGAACCTATAATCATACCAACATATTGCAATAACACTACTTTTGTCTGTTTGGCT
GCTCATTGACCTTCAGTTCAAATGCACTATTACCAAATAATACATGAACTTTTGCCAACATACCTTGTGAAGCTGCTGGACAACC
TCCTGTTGATCATTCTACCAGAAAACTGAATTCACCCACTTAGGGAAACGGGAATGCAACATATTCCTGAAAGCTTTAAT
TATATGGAAAAATTTTAAACCCNCTTTCAAATTAAGAACGCATACTNACAAAACGGAATTTGGGAATANAATNAAAAATGA
TACCGCATTNNN

ANEXO 3.

Protocolo de extracción de alcaloides de *Uncaria tomentosa*

Plantas de invernadero

1. Se toman hojas frescas del invernadero (apices)
2. Se pesa 1 gramo de planta.
3. Se macera la planta utilizando un pistilo y mortero con nitrógeno líquido.
4. Se coloca el macerado en un tubo Falcon de 50 ml.
5. Se agrega 1 ml de solución de Hidróxido de amonio al 10%.
6. Se incuba por 5 minutos.
7. Se centrifuga la muestra a 14 mil rpm y se transvasa la solución de amonio a un tubo falcon de 50 ml nuevo.
8. Se agregan 5 ml de metanol a ambos tubos por separado.
9. El tubo con el precipitado se centrifuga y se transvasa el metanol a un tubo nuevo.
10. Se corren en una placa de TLC 40 ul de cada muestra.
11. Se observan bandas referentes a alcaloides de *U. tomentosa* en el metanol extraído del precipitado.

Plantas *in vitro*.

1. Se toman las hojas y se maceran utilizando pistilo y mortero con nitrógeno.
2. El macerado es colocado en tubos de 2 ml. Se pesa el macerado para uniformar las muestras.
3. Se agrega 300 ul de amoniaco 10%
4. Se incuba por 5 minutos
5. Se centrifuga por 20 minutos a 14 mil rpm
6. Se descarta el amoniaco.
7. Se agrega al pellet de células 300 ul de metanol
8. Se incuba por 10 minutos
9. Se centrifuga la muestra por 20 min a 14 mil rpm
10. Se pasa sobrenadante a un tubo nuevo (se descarta pellet)
11. Se incuba a 65 C hasta evaporar
12. Se agregan 25 ul de metanol
13. Se colocan los 25 ul de muestra en placa de TLC.
14. La placa de TLC se corre en una cámara cerrada con 10 ml de fase móvil (etil acetato-isopropanol-Hidróxido de amonio en proporción 100:2:1)
15. Se rocía la placa con reactivo Dragendof y nitrato de sodio al 1%

ANEXO 4

Cuadro 1A. Propiedades de los alcaloides de *U. tomentosa*. En el recuadro se señalan los Rf correspondientes a cada oxindolalcaloide. (Fuente: Lock, 1995)

	Isoperopodina o Uncarina E	Pteropodina o Uncarina C	Esomitrafilina A (isomitrafilina occidental A)	Mitrafilina	Isorrinchofilina	Rinchofilina o Uncarina D	Uncarina F	Especiofilina o Uncarina D
Fórmula Molecular	C ₂₁ H ₂₄ N ₂ O ₄	C ₂₁ H ₂₄ N ₂ O ₄	C ₂₁ H ₂₄ N ₂ O ₄	C ₂₁ H ₂₄ N ₂ O ₄	C ₂₂ H ₂₈ N ₂ O ₄	C ₂₂ H ₂₈ N ₂ O ₄	C ₂₁ H ₂₄ N ₂ O ₄	C ₂₁ H ₂₄ N ₂ O ₄
Peso Molecular	368.432	368.432	368.432	368.432	384.474	384.474	368.432	368.432
P.°C	204-209 209-211	214-219 212-213	96-105	264-268 265-266	138-141 144	214-216 214	amorfo	183-184 185-186
[α] _D ²⁴ C	-85.1 (c0.55/4/CHCl ₃)		+14.5 (c0.758/CHCl ₃)	-4.3 (c0.758/CHCl ₃)	+7.8 (c0.420/CHCl ₃)	-15.1 (c0.55/4/CHCl ₃)	+85 CHCl ₃	+91 (c0.21/CHCl ₃)
IR (cm ⁻¹)	208,243,283h	208,243,283h	208,243,283h	208,243,283h	208,243,283h	208,243,283h		
Actividad farmacológica atribuida	fagocitogénico	fagocitogénico	fagocitogénico	hipotensivo vaso dilatador, depresante	fagocitogénico	antipirético hipotensivo sedativo		
Origen Natural	<i>Mitragyna parvifolia</i> , <i>Uncaria</i> spp.	<i>U. isoperopoda</i> , <i>U. orientalis</i> , <i>U. longiflora</i>	<i>Mitragyna</i> spp., <i>Uncaria</i> spp.	<i>Mitragyna tomentosa</i> , <i>Mitragyna</i> spp., <i>Uncaria</i> spp.	<i>Mitragyna</i>	<i>U. isoperopoda</i> , <i>Mitragyna</i> spp., <i>Cephaanthus occidentalis</i>	<i>Uncaria</i> spp., <i>Mitragyna</i> spp.	<i>Mitragyna</i> spp.

	Valores de Rf			Configuración de los carbonos asimétricos				
	CHCl ₃ :Acetona 5:4	CHCl ₃ :EtOH 95:5	EtOH: isop: NH ₃ 100:2:1	3S.	7S.	15S.	19S.	20S
Isoteropodina	0.73	0.48	0.83	3S.	7S.	15S.	19S.	20S
Pteropodina	0.72	0.47	0.81	3S.	7R.	15S.	19S.	20S
Isomitrafilina	0.71	0.47	0.80	3S.	7S.	15S.	19S.	20R
Isorrinchofilina	0.71	0.42	0.70					
Mitrafilina	0.55	0.39	0.50	3S.	7R.	15S.	19S.	20R
Rinchofilina	0.36	0.25	0.31					
Sistemas								
Uncarina F				3R.	7R.	15S.	19S.	20S
Especiofilina				3R.	7S.	15S.	19S.	20S

ANEXO 5

CUADRO 2A. Secuencias de posibles genes de *Uncaria tomentosa* obtenidas a partir de ARN

IDENTIFICACION	SECUENCIA	SIMILAR A	DETALLE	SCORE	COVERA GE	E	MAX IDENTI DAD
12	TTTATATAGTTTCGTTTTAGCCCAAGTTTTCTGTGCATGGAATTC AAGGTTT TACACGTTCTAGCCATATTCATAATCCAATGATTCCTGATTAAGAAAGCGT GATATTGGTACATCCACAAAACCGAATCAACAATTAAGCCAAAAGGCAAA GTAATCACACATCAATATCAGAGCTTTGATGGATTAAGACACCCATATCAT CTCCAGTTC AATTGCACGTAAGAAAATTGGAACATGACAAAGACGATAAA AGGAGCTCTCACGTGTAGTTTTCTAAGAAGTACATCACACACTTAAGTTC ATGTTTCATGTTATATTTATGTAAGTACTGCTCTTAACATAGACTTTAGTT ACTCGTGGTAATATAGTGATGCAACCGTTTTCCAGTCAACCGTAACTTAT ATTATGCAGCAGCAAGGCCTTCTTCTGCGGGCTTTGATTAAGATGCAGCTG GTGCTTCTTCTGTGGGCTTTGATTCAGGTGCAGCTGGTGTCTTCTCCAG AAGAAGTCTTCTTCCGGTTTTGAAACAGTCTGAAGGACTGCTTCCGGCT GTACATTACCTTTACTGTCACTTTCTGCTCCTTAAGGTCAATGTCAAAG ATTCCACACCTTCCATTTTGCCTAGCACCTTATTCACAGCTCCAACACAAC CTTGGCAGCAGATGCCAAGTTGAGGACAACAGTCTGAGACATGATTGATA ATGGGTTTTCTGAAATAAAGATCAAAGCAATTTATGCAAAATAGTAGAAGA AGAGAAAGCAGATAGATGAGATGTTTTGGGCGTTCCGGCTGTACATTACC CTTACTGTCACTTTCTGCTCCTTA	FJ619048 .1	Jatropha curcas copper chaperone (CCH) mRNA, complete cds "genetic determinants capable of conferring abiotic stress tolerance in Jatropha curcas"	242	0.28	2E- 60	0.82
23	TTTTGTTACGCATATTTTTTCCACTCTTAAGTTTAAACCAACCACTAGCCC ACCCCAATTGAACTCTGTGCACTGCATTATTGAAATCGAGAGGTGAAAAA TATTACAACAAAAACCTTGAAACAATGGCTTCCATGACTATGACAGCCCCA TTCTGAGTGGCTCATCTGCAACCATCACAAAGAAGTCAAAACCGCCACC GCCGGCCGCCGCGGACCAGTCAATGGTCAAGGCGTCAAAGGTGTGTGAAGCT GAAAAGATGGTAATGAACAAGGAAGAAAGAAGCAACGGAAGGAGGGATTTG GTATTTGCTGTTGCAGCAGCTGCTGCATGCACCCCTTGCTAAAGCTGCCTTG GCTGACGAAGTAGAGCCAAAACCTGGAACCTCCTGAAGCAAAGAAGATAT GCACCTGTCTGTGTTACGATGCCTACTGCAAAAATTTGCCGCAAAATGAGAA GATTGTTGATTGTAGTAATCTATTTTTTATGCTCATTGTTGGTGATTGG AAGCCGTAATGCTTACTCTTCCCTATAATGCTAATCGTTTCTCATTCTAGA GAAATTTTTCTCATGTTCTTCTGTCATCAATTCATAGTGGAACAATTGTT TAGAAACCTTTTGGACATTACAATATTCGGTTAGTTCACCCCTAGTGATTAA ATCTTTAGTTTCACTTATATCAAGTTTGGATAGAATTGTAAGACCATGTC CACCCACACAGCATTGACATGAAGAATCGACGTCCAATTTTGGAAATTGAA TTCTCTAACACTCAATGCAAGTTAAATTTTCTAAGTCCCATCACGGCA AGACCTCTGAATACTCAGTCCCTTTTATTTGTTTAAACGAATTATCTTT GTCCTTCGGGCTTGGTCAATGAAAGTAGGCAGAGGATTACCTGCTGAAGG	XM_00251 3448.1	Ricinus communis Photosystem II 5 kDa protein, chloroplast precursor, putative, mRNA	152	0.29	4E- 33	0.7

	AGTGCCCTTCTCTGCCCGGTGAGCACTGCATTTCTTCTTCTGGCT ATCTAAGATCACTTCTTCCAGGACTAGTAGTTGGTGCAAGTCTTCCCT AGTTCAAGCCATTTCTAAGTTCATAGTAGCGATTACAACAAACCCGCTG TGTAACCGTGCCATTCATCGAACAAATCCACTGTGTAATCGTG						
53	TTTTTTTTGAAACAATCTGAGCTGAATCTTGAGTAATAAAAACTCAAGATT ATCTATTAATGCACATGGAAAAATATTCAGAAGCAATCAAATCTGAACCT GATCAAAATGCTTGACAACCTAAAAGCCCTAATTTTTAAAAATAATAAGTT CCTCAAAATATCACAACTTGAATAATCAAACCACAAATAAGATTAATA TCACAACAACATTATAACAATCAAACCACCAATAAGATTGAGGAGAACAAC CGCTTAGTCAACCTCCTCAATCTTGGGTCCAGCTCCACTACCACCGCTGGG AGTCGGACCATCATCATCCATGGAACCACCCGTGTCACCACCAGCACCCCTG GTACATCTTAGCAATGATAGGGTTGCAGATGCTCTCCAGTCTTCAATTTT GTCCTCAAACCTCATCAGCCTCAGCTAGTTGGTTGCCATCCAGCCACTGGAT GCACTGCTCAATGGCATCTTCAATACTTTTCTTATCAGCTGGTGGAAGTTT GGAACCAATCTTCTCGTCTTCACTGTGTTCTCATATTGTATGCATAGTT CTCCAGAGCATTCTTGGCCTCAACCTTTTTCTGTGTTCTTCACTCAGA CTTGACTTCTCTGCTTCCCTGAACCATCTTCAATATCCTCCTTAGAGAG TCTACCCTTGTCAATGGTGATGGTGATCTTATTCTTCTGCCAGTAGTCTT GTCCTCAGCAGACATTCAGGATACCATTAGCATCAATGTCAAAGCACAC TGTGATCTGAGGAACCTCCTCTTGGAGCAGGAGGAATCCCAGAGAGCTCAA CTTACCAAGCAAGTTATTGTCCTGGTCTTGTCTCTCACCCCTCATAGAC CTGAATCAACTCCAGGTTGATTGTCCGAGTAGGTAGAAAAAACTTGCTC CTTCTTGGTGGGATGGTGGTGTCTTGGGAATCAAACAGTCATGACACC ACCAGAGTTTCAAACCAAGAGAGAGTGGGTGACATCCAACAACAGGAG ATCTTGCACCTTCTCATTACCCTCACCGCTCAATATGGCAGCCTGAACAGC AGCACCGTAAGCAACAGCCTCATCCGGATTAATACTCTTGACAGAGCTCCTT CCCATTAAAAAGTCTGCAACAATTGCTGAACCTTTGGGAATTCTAGTGGA ACCACCGACAAGTACAACATCATGTACGGAACTCTTATCCATCTTAGCATC CCTCAAACATTTTTCTACAGTTCCATACACTTTCTGAATAGATCCATGTT GAGCTCCTCAAACCTGGCACGGGTAATGGTGGAGTAGAAATCAATGCCCTC GTATAGAGAATCAATCTCAATAGTTGTCTGAGCAGTGGATGACAGAGTCTT CTTGGCCCTCACAAGAAGTCTCAACCTTCGAAGAGCCCTAGGGTTACC GCTAATATCTTTCTTATGTTTCTCTTAAATTCCTGGACAAAGTGATTAC CATTCTGTTGTCAAAGTCTTCCCCCAAGGTGGGTGTCTCCAGCAGTGGC CTTACCTCAAAGATACCTTCCCTCAATGGTGAGAAGGGAACATCAAAGT TCCCCCAAGATCGAATATCAACACATTTTTCTCACCACACTGGTTGC CTTCTTGTCCAGACCATAAGCTATGGCAGCAGCTGTGGGTTCAATAAAT TCGCATGACATTGAGAC	XM_00252 7690.1	Ricinus communis heat shock protein, putative, mRNA "heat shock protein 70 mRNA"	1520	0.85	0	0.86
70	GTTCTTGTGACGCTCAGCTCTTCTTCCATAATCCCATTGTC AGGGTTTATCTCCATGGTCTTTTTGCTAGACATGTAGGAGCTCATGCTGCT GTCTCTTAGAGCCTGAGCCTTTCATGATCCTTTCCATGTTTGCCGTCCATCC ATACTCACCGGTCAACAAACAGCATGGAGAGTCCACAATCCTATCAGAGAC CACCACCTTCTGACCTTGTCTCCAAGAATGTCCTTGATGACCTTGCAGAG ATTCTCAAAGGACTTCTTTTTCTGCTCTTTTTCTCCTTCTCATCCTCACT CTCATCATCAAGTTTTCAGACCCTCCTTGGTAGCAGAAACCAGCTTCTTGCC TTCAATTTCTTCAATTGTCCAACGGCATATTCATCAATTGCATCCACCAT GAAGAGCACTTCATAGCCCTTCTTCCCTCAGTCGCTCAAGGAACGGAGAGTT CTCAACGGCCTTCTTGGCTTTCGCCGTAATGTAGTAGATATCCTTCTGGCC ATCTTTCATCCTCGTCACATAGTCTTTAAGACTCGTCAACTCATCACCCT	AF521007 .1	Hevea brasiliensis heat shock protein mRNA, complete cds Plant-pathogen interaction, organism- specific biosystem Protein	1225	0.99	0	0.86

	<p>CTTGGTTGAGTGGTAACGGAGAAGTTTCAGCCAATTTAGCTCTGTTTTGGCT GTCCTCATGGATTCCCAATTTAAGGTTCTTAGAGAAAGCTTCATAGAATTT GTTGTAATCCTCCTTATTCTACGAATCTCATTAAACATCTCAATGCATTT CTTCACAAGATTTTTCTGATGACCTTGAGAACTTGTCTGCTGCAGCGT CTCACGAGAGATGTTAAGTGGCAAGTCATCAGAATCAACAAACCCCTTGAC AAAATGAGGTATTTCAGGAATGAGTTCCTCGCAGTTGTCCATAATAAATAC CCTCCTCACATACAGCTTGATGTTGTTGAGCTTTTTGCGGGTGTCAAAGAG ATCAAACGGAGCCCTCTTCGGAACAAAGAGAATTGCTTTGAATTCAAGCTG ACCTTCCACAGAGAAGTGCTTGACAGCAAGATGGTCTCCAGTCATTGGT CAAGCTCTTATAGAAAGAGGCATACTCTTCTTGGTGATCTCTCAGGCTT GCGCAACCAGATGGCTTCTGCTTGTGATAAGCTGCCACTCATGAGAAAC TTCTTGATCTTC</p>		<p>processing in endoplasmic reticulum, organism- specific biosystem</p> <p>N.tabacum mRNA for heat shock protein 82</p>				
91	<p>CTATTTTGAAGGCCCGAAATTTTCTTGCCACAGATAAACTCTACATCCA CTCCACCCCCACACAAGCCAACCCCTCATCCACAACAGTTCTTCTTCACTTC CTCCCTTCAACTTCACTCTTCCATTCCCAACCCCACTCTCCATCTCTCA AATCTTCAATTCTCCATAGCCCACCAAAAAGGATATGGCTTCAATTTTCAGC AACTACAGCAACGTCATCTACATCCTCCACAAAATTCATCTACCCATATAC CCCTTCTTCTCTGCTTCTACCACCACTTCTTCAGTTTTCAATTTTGACCCC AAAACCCACAAAAGTTATCTTATCCTCATCCTTATTTTCACTCTCTTCAAC CCTTTTCACTCCACTCACCCCTCCACTGTTCCCCACCGCGGCCGCCGCTTCC TGTAAGGCTGCCAGGGGAAGTTTGAGAGGAAGAAACCCCATGTCAATAT TGGTACTATTGGCCATGTTGACCATGGAAGACAACCTCTCACCGCTGCTTT GACTATGGCCTTGGCAGCTATGGGAACTCCGCTCCCAAGAAATATGATGA GATTGATGCTGCCCTGAAGAAAGGGCTCGTGGGATTACTTAAACACGGC TACCGTGGAGTATGAAACTGAGAACCGGCATTATGCCCATGTTGATTGTCC AGGACATGCTGATTATGTCAAGAATATGATTACTGGTGCTGCCGAGATGGA TGGTGGCATTCTTGTGGTTCCGGGGCGGATGGGCCGATGCCGAGACGAA AGAGCATATTTTGTGGCTAAGCAAGTTGGAGTACCTAATATGGTTGTTTT CTGAATAAACAGGACCAGGTTGATGATGAGGAGTTGCTTCAGCTTGTGTA GATGGAGGTAAAGGAGCTTTTGTCTTCTTATGAATTTCCCGGTGATGATAT TCCTATTATTTCCGGTTCGGCTTGTGGCTTTGGAAGCTTTGATGGCTAA TCTTGGTATTAATAGGGGTGAAAATCAATGGGTTGATAAGATTTATGAGCT AATGGATTCTGTTGATAGTTATATCCTATCCACAAAGGCAGACTGATTT GCCATTTTTGTGGCTGTTGAAGATGTGTTTTCAATTACGGGAAGAGGGAC AGTGGCTACTGGGAGGTTGAGAGAGGACTGTTAAGGTTGGGGAAACTGT TGATCTAGTGGGTTGAAGGAACTAGGAATACTACTGTTACTGGGGTTGA GATGTTTCAGAAAGATTTTGGACGAGGCAATGGCTGGGGATAATGTGGGTT GTTGTTGAGAGGTATTCAGAAGGCTGATATTCAGAGAGGGATGGTGTTAGC AAAGCCTGGGACAATTACGCCCTACTACTAAGTTCGAGGCTATAGTTTATGT GTTGAAGAAAGAGGAGGGTGAAGACATTCTCCCTTTTTCCGAGGGTACAG GCCGCAGTTTTACATGAGGACTACTGATGTTACTGGGAGAGTGACACAGAT TATGAATGATAAGGATGAGGAATCAAAGATGGTGATGCCTGGTGACCGTGT GAAGATGGTGGTTGAGCTCATTATGCCTGTTGCTTGTGAGCAGGGCATGAG GTTTGCTATTTCGAGAAGGGGGGAAGACTGTTGGAGCTGGTGTATTCAATC CATTATCGAGTGATATGGGTCGATTGTCTCACATTTGCTTCATATGGTCT GCTTATCCATTCAAAAATCGGTATTTCAATTGTCGTATATGATGAAGTCTTTG TTACTTCTTTATCTTTTATGTGTTAGCTTAGTTAAGAACTGCTGTTG TGATCAATGCAAGTAAACTTCTTATGCTTAGCTGTTTTTATTTTCCCTT TACTATTTGCTTCTGTTTAGTGCTTCAGGTGCTGTGTAGGACTATCTTAAC CTTTCTGATATGGTGTTCACAGCTTGTAAATAAGAAGTCTCTGCTGCTA TTTGAATTTAGTTTTCCATCAGTGAATTCATGCTTATCTCGTGCCAAA</p>	M94204.1	<p>Nicotiana tabacum translation elongation factor EF-Tu gene, complete cds Plant-pathogen interaction, organism- specific biosystem</p>	1252	0.63	0	0.84

	TTTATTTAG						
92	CAAGCTCCTCAAGAGGAGAATCCCACCAGCTGTTCTGGAATCATGTTCTT ATCTGGTGGGCAATCTGAAGTTGAAGCGACCTTAAACTTGAATGCCATGAA TCAAGCTCCCAACCCATGGCATGTCTCCTTTCATACGCCAGGGCACTCCA GAACACCTGCTTGAAGACATGGGGTGGACGTCTGAGAATGTTAAGGCTGC TCAGGAGACTTTGCTTATCAGGGCGAAAGCGA	XM_00251 2947.1	Ricinus communis fructose- bisphosphate aldolase, putative, mRNA D-fructose 1,6- bisphosphate = glycerone phosphate + D- glyceraldehyde 3-phosphate.	255	0.94	7E- 65	0.88
141	CAATCAAAAGAGTTGAAAAACCAAAATAAAATTTAAAACGGGTGTAGTATCC ATCATGTAACCAACAAGCTCAAAGGAGAATTGGGCAGGCCAATTTACCCAT GAAAACAAAAAGGCAGGCAATAATATCCATCCATACAACTTAAATTTCTGTG ACCTCAAGCTAAAAATAGTACCATTTCCAATAACATGGGAGTTTACTGCTG AACTGATAAGTTTTGATTGGACAAAAAGAAGCAAGCTTACAGCCTTCTTCC CCGTCTGCCACCTTTTCGGCGAGTGCTATCAGTAGGAATTGGAGTTACATC CTCTATACGACCAATTTTCATTCCTGAACGAGCAAGGGCACGAAGAGCAGA CTGAGCACCAGGCCTGGAGTCTTTGTCTTGTACCGCCAGTGGCTCGGAG CTTAATATGAAGAGCAGTGATGCCAAGCTCCTTGATCTTTGAGCAATATC TTGTGCTGCAAGCATAGCTGCATATGGAGATGATTCATCTCTATCAGCCTT AACTTTCATACCACCAGTAATGCGAACCATGGTTTCTCGTCCAGACAAATC AGTTACATGAATGAAGGTGTCATTGAAGGAGGCGAAAAATATGGCGACCCC AAAAACATGCTCTCCTTCCCTCGTAGCTGGTCCGAGGGTACATTCTCTTC CTTTGGTTCCCTTGTCTTTCTCTTCGACATTTTCAACGATAGCTAAGCTAG GAGATAGCTCGAGAGGGGGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATAATGGAATC CTTGCCGGGCAACAATCGTCCTTATGATCAATTCGCAATGAAAGGTGGAGA TGACGAGTTTAGCTACACAAGAATTCCATCCATCAGAGAGATGCAATTGA AGCAACCAAATTACTCATTCAAGAGGCTGTAGCTGAGAAGCTTGACATCAG TAACTTTTGTGAAAGGCATTTTGCATTGCTGATTTGGGATGCTCAGTTGG ACCTAACACTTTGATAGCAATGCAGAACATTGCTGAAGCGGTGAAGCTTAA ATTCCGAAATCGAAAAGGATTCAATTTTCCCAACATCCCTGAAATTTCAAGT CTTCTTTAATGATCATACGATGAATGATTTCAATACCCTCTTAGATCTCT CCCAACTGGTCAATGACAAGAGCTATTATGGTGTGGGGTCCAGGTTCCCTT TTACGGTCGATTATTTCCCTTGTGACACTATCCATATAATGCACACTTCATT TTCTACTCCGTTTCTTCTCAAGTACCAAAAAGAGGTGATGGAAAAAATTC AGCTGCCTGGATAAAGGAAGGATTCATTACAACCATGCTAAAGAAGAAGT ATTCAAGGCTTATGAAGCCCAACACGCTGAGGATATGGACTGCTTTTTTCAT GGCTAGAGCTAAAGAACTGGTCCATGGAGGATTAATGATGATTGTGACTTC	DQ222492.1	Solanum tuberosum clone 099H05 ribosomal protein S14-like mRNA, complete cds 40S ribosomal protein S14-like	490	0.22	2E- 134	0.86

	ACTCCGCCAGATGGCGTCCACATACTCGTGTCTTGACTAACATAGGAAT GGAGGTGTTGGGATCTTGCCATGGAGTTAGCTAAGAAGGGACTGATTGA TGAAGAAAATGTGGATTCGTTCAACGCCCCAGTTTATCTTGAATCTCCTGA AGAGTTGAAACAAGCTATTCAAAGGAACAAATATTTAGCATAGAAAAAT GGAGACCGTGCCTATGATTATGGATTGAGATATTTCTTGACAGCTCAACA ATATTCGTTGGCCATCAGGGCTGTAATGGAGGATGTTGTTGAGAGCAATT TGGAGCGGAGATATTGGATCAACTCTTTGATTGTTCAAGAAGAACTTGA AGAGCATCCTAACTTTGCATCAGCAGTTGTACTTGACTGTTTGTGCTCCT TAAACGCAATGCAGAGGATTGAGACTTACAAGCCAAAGTCAACAATAAAGG AACTGAGACTAGAATTGCGACTCTTGATTATTATGTATTATGAATAATTT TACTACTAGTATTTTGGTTAATCTCCACTTCATAAGTTGAGTGCCTGG TATTTTCGTCAGGTTCCCTATTTTAGATGTGATTTGTATTCTCGTCAAT AAATCTGAGCAGTTTTTATGAATTTAAAGGGGTAAATCC						
164	GAGCCCATGACTCCTGGTCAGTGCAACATGATTGTCGAAAGGCTGGGTGAT TACCTTATTGACCAGGGTTTCAAGTCTTGTGGTATGCTGCTTGCTTTAC TCTTTTTTTTCCCCCTTTTTGTCTCTTCATGTCATTATCTGGATGAGATT TTGGATCGTCTTACCTTTTTCTCTTGCCATTTCCAGTTCCTATTTTCT GTTACCACCCTTGAGTTGGAATTATTGCAGGGTATGATATTGACATTATG AAAATCTTGGCCAAGTCTGCGTGTGCTTCAACCTCAAAAAGTGAGGATAIG TAGTATTTTTCTTGTATCAACTATCCATCATTGATTTTTCTCTTTCCCTAT GATGAGCGTTCCTTCCGTTTTAATGGTGATATTTATACTTAATGGATTTG ATTGGGATATCTGGGCTTCTAAATGCAAGTTGTTTTTGTAAATGTGTGTC CTTAATAAACAGTATGCTATGCTGCTTGTCTTG	XM_00363 1743.1	PREDICTED: Vitis vinifera profilin-1- like, transcript variant 2 (LOC100261121) , mRNA	98.7	0.13	4E- 17	0.91
169	AAAAGATCCGAATAGATCTAGATCGATAGATAGTGGTTGACACGAGTATAT AAGGCATGTTATACTGTTGAATAACAAGCCTTCCATTTTCTATTTCTATTT ATAGAGAATTTGTGTGCTTGGGAGTCCCTGATATTTAAATAATTAATAAAA CCAAGATTTTACCATGACTGCAATTTTAGAGAGACGCGAAAGCGAAAGCCT ATGGGGTTCGCTTCTGTAACCTGATAAACCAGCACCAGAAAATCGTCTTTACAT TGGATGGTTTTGGTGTTTTGTATGATCCCTACCTTATTGACCGCAACTTCCGT ATTTATTATCGCCTTTCATTGCTGCTCCTCCAGTAGATATTGATGGTATTTCG TGAACCTGTTTTCTGGATCTTTACTTTACGGAAACAATATTTTTCAGGTGC CATTATTTCTACTTCTGCAGCTATAGGTTTGCACCTTTTACCCAATATGGGA AGCGGCATCCGTTGATGAATGGTTATACAACGGTGGTCTTATGAACTAAT CGTTCTACACTTCTTACTTGGTGTAGCTTGTACATGGGTCGTGAGTGGGA GCTTAGTTTTCCGCTGCGGTATGCGACCTTGGATTGCTGTTGCATATTCAGC TCTGTGTCAGCTGCTACCGCTGTTTTCTTGATCTATCCAATTTGGTTCAGGG AAGTTTTTCTGATGGTATGCCCTAGGAATCTCTGGTACTTTCAACTTCAT GATTGTATTCCAAGCTGAGCACAACATCCTTATGCACCCATTTTCACATGTT AGGCGTAGCTGGTGTATTCCGCGGCTCCCTATTCAGTGTATGATGTTTC CTTGGTAACCTCTAGTTTTGATCAGGGAAACCACAGAAAATGAATCTGCTAA TGAAGGTTACAGATTCCGTCAGAGGAAGAACTTATAATATCGTAGCTGC TCATGGTTATTTGGCCGATTGATCTTCCAATATGCTAGTTTCAACAACCTC TCGTTCAATTACACTTCTTCTAGCTGCTTGGCCTGTAGTAGGTATTTGGTT CACCCTTTAGGTATTAGCACTATGGCTTTCAACCTAAATGGGTTTAAATTT CAACCAATCTGTAGTTGATAGTCAAGGTCGTGAATTAACACTTGGGCTGA TATCATTAATCGTGCTAACCTTGGTATGGAAGTTATGCATGAACGTAATGC TCATAACTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATAGATGCTCCATCTATAAATGG ATAAGACCTTGGTCTTATTGTATAGGAGTTTTTGAATAAATAAGGAGCAAT AATTTCTTCTTCTTTTATAAGATAGATAAGAGGGCTTTATTGCTCCTT TATTTTTCAAAA	EF044213 .1	Coffea arabica chloroplast, complete genome (1300- 1500) trnH-psbA intergenic spacer, partial sequence; PsbA (psbA) gene, complete cds; and psbA- trnK intergenic spacer, partial sequence; chloroplast	2108	0.98	0	0.96

214	GCTAAGGTTGGAGTTCACCATTACAATGGAACAATGTTGATCTTGGAAACAGCATGCGGCAAGTATTTTCGGGTGTCCTGCCTTAGTATCGTTGATCCTGGTGATTTCGGATAATCATCAAGTCTCTTCCCGGGGATCACTGATTTTGGTTGATGACACCACGAGGATCAGAAATGACAGATTCCAAGGATGAGAGGATTTTATGTTGTCACCTTATGCCTTGTATTAGGAACATTAGTCGTTAAAATTGCATGTAATAGAATCATATATCTCAGTTTTTTGGTCTCTTTTATGGCATTGAGTTTGAGATTGGGTAATTGAATTAATCTTCTATGTTTACCGTACAAGCATTGAGCTGGTTTTCCAGCATGATTTTCAGACCATGGTTTCTACGTTTGGTTCGGTATTGACTTTGATTATGAG	XM_002528945.1	Ricinus communis 60S ribosomal protein L30, putative, mRNA Ribosomal_L7Ae ; Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family	163	0.33	9E-37	0.86
270	TTCATACTTCTTTGCATTCTCTACAGAATCATAAATCAATCCAAGCCAGTATGGACTTTCAGCATTGGAATATCACTTTACGAAAAGGCAAGCCAGTGGGTCTTTGACCTCATAACCTAGCCAAATTTCTCCTTCAACTCGGCCCTTGGAAACGTTAGGCCGTCCTGGATGCAAAACATCGATCAGCAATTGCTTTCTGGAAAGAAGACGATTAGTCATAAACTTCTGGTCTAATAGTCACAGCCTTGTCCGCCATTTCTCCGCGCAACTACCGATTCTTCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCGTCTTCTCTAGCTCTCACGTTTGCAGAGTGAAGCGCTAAAATTA GGGTTTTCCACCC	XM_003632286.1	PREDICTED: Vitis vinifera 40S ribosomal protein S24-2-like (LOC100853567) , mRNA	286	0.72	9E-74	0.83
273	AATGCCTTCGAAACAACCTTCCAACCCAATCTGCTGAGGACTTTGGTGGCATGGACTTTATCAGCATTGGAATATCACTTTACGAAAAGGCAAGCCAGCAAAGACTCCTCAAACAGGGTCAGGCTTTAAATTTTCATAAGGTAATCTCCCATGGACAAAGCTATTATAATCATCATAGTCAAAAATCATAACCAATTGCCCTAAGGCCCGCCATTGTGGTCCCGTAATTTTGTACAGAAGGTTGCACAAATCAGGGATTTGGTCTTTTCTATCCCAAGCTTTTCAACCATATAATCTTGAATATTTTGGAGGCATGCAGCTGCCAGACCAGAACTCAAAGGATAAAGAGTATCATCCAGTCAAATAAAAAGGCAGTCGTACTTTTGCCTTTGAACCTGTCCATAGCGGCCCTCGAACTCCATCTTGATATGGAACAACAGAAATTGCAATGAA AACCCCGAACAGCAAGGAGAGAGAGAGAGAGAGATTAATTGCGTCTGTACAGAGAAATTGAAAGACACAAAAGGAGAAAAGAGAAGGAGCAGAGGGGAAGTCATGGGGAAAGATGTTAGTAGGAGAGGTTTTTGGCAGTTGCTGTCGGCTTAAGGGTCTGACACTATGACCAAGTTCATGATTGTTTTGCATAATGCGATTGGA GGCCAGGATACTGATAAATTCCTTTTTTCATTTTTTGAAGTGAACGGGAAA TATGTGCAAGCTCTCTGACGGCTAATAAGAGGGTCAACATGGATGGCCAGAGTATTGGAGCCTTCTGTTTTGTGCAGATTGCGAGTCCGTAATTGCAGCAA GCCTTAAAACCTCAGAGGCAACAGGAAAAGAAGTGCTTTTTCAAGGATGAAA GAGTTGGCTTACATTTGTGTCAGGAAATAAAGAATCCATTGAGTGGCATAACGC TTTACTAATTCCTCTTGGAAAGCTACAGATTTAACAGAAGACCAAAGGCAG TTTGTTGAGACAAGTCTGCTTGTGAGAAGCAGATGTTAAAGATCACAAAGA GATGTTGATTTGGAAAACATTGAGGATGGTTTTTTTGGCAGTTCATTAGAA CTTGAGAAATCAGAATTCCTACTAGGAAGTGAATTGATGCTGTTGTTAGC CAAGTAATGTTGTTGCTGAGGGAAAGGGTCTGCAATTGATCCGGGATATT CCAGAGGAAATCAAACGCTAGCTGTCTATGGTGATCAAGTGAAGTTCAG CAGGTATTGGCAGATTTTTGTTGAATATGGTGCATTATGCACCCTCTCCG GAAGTTGGGTGGAATTCACCTAAGACCAAGTCTGAAGCAAATTTCTGTT GGGATAAACATTTTGCACATTGAATTTAGGATTTGTGTGCCCGGTGAAGGT CTTCTCCTGAACTTGTTCAAGACATGTTCCATATCAGTCGATGGGTGACC CAAGAAGTCTGGGCTGAGCATGTGCAGGAAAATCTGAGGCTTATGGAT GGAGAAGTTCAGTATATTAGGGAGTCTGAACGATCCTATTTCTTGATTAAC CTTGATTTACCTATGCAGCAGAGAGGTTCAAAGAATCTGGCTTAGTCTATG AGCAGCTAGGATTGACACTCAATTTTCAGCATTGACCTGGAAGTAAATAC TGTCAAGCCAAGCTCTGTAAGGTCAGTCACTGGGCAATTAGTAACCGCTTA	M65023.1	Tobacco phytochrome B (phyB) mRNA, 3' end	973	0.52	0	0.81

	ACATGCATTTTCAGCTAGTTGGACCGGTTTTCTTGCCGTTGGTGTGCACCA TGTTAGCTGTTTGCCAAGCTGGGTTTTAAATCGAACCTGATGTTTCATATG GAGCTGGTAAGTTGCAGTGTGACGCTGTCTTGTAGTATAACAGTGATAGGT CATCAATGATCTCAAGTTCCCTGATGTACTGCACGTGTTATAGTACACTGG GCCCGAAGATCAGTTCAGATGTTTGTAGTCCATAGCATAAAGATATCACCG GTGATATGGTTCTA						
305	CGAAAATGAACATATTAGCAAAGCATATCCTGCCTGTATATGCAGTAGAT GTGGGGATTTCTTTGTTTTCCAGAGACAGGAATCCAATTTGAACGAGAGA AAGAAGATATATTTATAAACATATCCACAAAGAGTTTCAAGCTAGGCAACC ATCAACAGTTTGAACACAATCTCAGTAACAGTACTGAAACAGCTTCAAAC TTGCTAATGTGATAAATTAGACACACGGTTGAAACCCATACATAGAATTT GTAACCAACTTTCAGATCATTCTTAAGATGGGGAAAGCATGTAGACAGAT CAGCTTTAGGTTGTTTTGCTTCAGCATGTTCCCTGCACCTTCGCCCTGAGG TAGTACACATGAATGTCTGCATGCAAACCTTGCACTGGATGGTCATGGCCT TTTTGTTGGTTCCAGCTGACTTCCCTTTGGCAGCGTTTTTTCATCTTGCCA AGTTCCCTCTCACGGGCCATCTGGACTTTTGGCCATTGCCTCCACCCATGG CTGCTGCAGCTGCTGGCTCCTCTCTTGATAGAATTCCTCTCACTTAA CCCTTGAAGGCAGATTTGGGAATTCTATCAAGAGAGGAGG	FQ397092 .1	Vitis vinifera clone SS0AEB7YN18	253	0.39	9E- 64	0.84
377	GGACACAGTCTTCAACCGTTACAAACCACTCACTAATGTCCATCTAGACAC ACTTCACTTATATTAATATATATACACACATCATCAGACAGCCAAAATAAA GAAACAAAAGAAGAAGAAGCCATGGCCATTCAGGAGTCTACAACAT CTGGTTCCATCTCTTCATCCTCATCTCCATCTTACCATTTCTAGATCTGC AGTAAGCTATCTTTCACATCTCTAGATCCCATTTTCACATCTTCTTTCTCA TTTTCGTAGCTTTATTTTTCGTGGGTCGTGTACCTTTTCTTGACTTTAGTG TGTGTTGTTGTTGTAACATATAAATGCATGCA	XM_00246 6741.1	Sorghum bicolor hypothetical protein, mRNA	44.6	0.1	0.46	0.88
395	AGAGTTCCTTAATCTTACTGGATTAATGAGGACTCTACTTACAAGTACTAT GAGGTAATATGGTTGATCCAGCCCATGCCGCAATCCGCAATGACCCTAGG ATCAACTGGATGTGTAATCCAGTCCACAAGCACAGAGAACTTCGTGGGCTT ACATCTGCTGGGAAAAGTACAGGGGTCCTCGAGGAAAGGACACTTGAAC CACAAAGCACGACCATCGAGAAGGGCTACCTGGAAGAGGAATCAAACCTCTC TCCCTTCGACGCTATCGCTGATCTTAGATACTTGTAGGGTGTTCAGTTG GCTATTTTCATTTTTGGTAATCCAGTTATCTTGTGGAAGTGCTTAATTTTG CCGATTCCATGGCTTTGAGTTTTAAGCTTTGTTGCTTGGAACATGTTATCA TATTGTACTGTCTGATGATTATATGCGTGGAGCAACGGTTGAGAATATTAT CAATCTTTTGTACCTTTAGCATCCTGGTCTGATAATTTAACATTATGGCT CTTGAAAGTATGGCTTCGTGTACCTGAA	XM_00253 0615.1	Ricinus communis ribosomal protein L15, putative, mRNA	211	0.5	4E- 51	0.81
417	AGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGTGTACTACTAACAAGCAGGTGAAGTAA ACGCCGCCACGCATTCAGTCATTCACACACACTCACGCACACATTCTTAGC CGCATTTCACTACGTTTTCACTCGCCGCCGAAAACCCAAATGAGTCTCCGGT AGATCGTGGCCGGGTAGCGATTAGGATCCGAGAGTCTGTCGACCTAGGGTTC CGCGGATTTTAAATTTAATTTCTTTCGGAGGAAGTGTGGATTGATTTAAAGT AGTAATTAGTTTTTTATGGCATCGGAGGATGTGAAGACGAGTGAATCGGCG GTGTCGAAGATTGTGAATTTGCTGAAGAAGCGAAGCTTGCTAGAGAAGAA ATTAAGCCTACTAGTCATGCTGTTCTCAGTATATGCAAGTCTCTCGTCCGCC GGTGGTGTGCTGCTGGTGGCGTATCACGTACTGCTGTAGCCCGTGGAAACGG CTGAAAATTTTACTTTCAGGTTCAAAAATCCGCATAACATAAAGTACAGCGGT ACAGTTTCAGGGCTTGAATATATTTGGAGAACTGAGGGTTTTAGGGGATTG TTCAAAGGCAATGGAACATAATGTGCTCGCATTGTCCAAATTCAGCAGTA AAGTCTTTCAGCTATGAGCAAGCTTCCAAGGTATACTGTGGCTATATCGG CAGAAAACCGGCAATGAGGACGCTGAACTAAGTCTGTATTGCGGCTTGGGA GCAGGAGCCTGTGCTGGAATAATTGCCATGTCTGCAACTTATCCAATGGAC	XM_00253 2617.1	Ricinus communis Grave disease carrier protein, putative, Mrna "mitochondrial carrier-like protein mRNA, complete cds; nuclear gene for mitochondrial product"	1006	0.6	0	0.83

	<p>ATGGTACGAGGAAGATTAACGGTGCAGACAGAGAAGTCTCCTTACCAGTAC AGGGGAATGTTTCATGCTTTATCTACTGTTCTCCGGGAGGAAGGTTACGG GCTCTTTACAAGGGTTGGCTTCTTCTGTGATTGGAGTTATCCATATGTG GGTCTCAACTTTGCTGTGTATGAATCATTAAAAGATTGGTTGATTAAGGCC AAACCCCTTTGGGCTCATTGAAGACTCGGAATTAAGTGTTACAAGTGGCTT GCATGTGGGGCTGCTGCTGGGACTGTTGGTCAAAGTGTAGCTTACCCTCTT GATGTTATTTCGAGAAGAATGCAGATGGTGGGATGGAAAGATGCTGCTTCT GTAGTCACTGGTATGGGAGGAGCAAAGCTCCTCTTGAGTATACTGGCATG ATTGATGCCTTACAGAAAACGTGAAGGCATGAGGGTTTCAGAGCTTTGTAC AAGGGTCTGGTCCCAACTCAGTGAAGGTTGTCCCTCAATAGCTATTGCC TTTGTGACATATGAGCAAGTGAAGGGCTTACTCGGCGTTGAGATCAGAATA TCAGACTGACTCAGTGAAGCATTGCATAGTTTTTTTATTGCATATGAGATT TTGTAGGTAAC TAAGAGTGATTGCAACTGGCGGTCTTGTCTCTCTGTCCA AGAGAGTGAGAGACCTGCTCTGGCCCGTGTCCGTATGTTGCTTCTCTGTT AGTCGTGTATGTTTTCAATTCTGATTTATTAGCATGTAGCTGCCATTGAGT GGATGTGTCAATAATGACTTCTGAGGAATACTGCAATAATTGCTTTGGGTG TCCGCTAATGGTCTGATAAAGCATAAGTCATCAGATACATTGTGTGTCCTA ATGTTTCATTGAAAATCTTTGCTGAAAATTTGATGGCTCTTTTCATTAAT TTGTGTGAGAAATTACTCATTGACAGCATGACTAGGCTGCCTGGCTCTCTT TTAAATTGGGAG</p>						
425	<p>TGGCAGCAAAGGGCAGCATCATATTCTTTTTTCCCTTTGGATCTTTACTCT TCTCATGATTAGTACTGTGTACAAGTAGTATCTTAATTGAATCCTGTGC AGTTCAAATAAATGGAGGATACCTTGCTCAGTTGGCCTCTACAAAAAGGAA CTCACATCTAATATATACCCTATTTACATATGCAACAACAAATGATGAAA GCCAAATCTCTGGAGCTAGGTCTAGGGCCCTGATTATTCTTGTGAGTCAAT GAGAGCATATCCAAATCACAGGTCCGAGTGTGGTTGAACACCTAGCAAATT GAACCCGTGAAAAGGGAGGAAATATGTCTTGACAAAATCTAGCATGTAGG TCAGCTAGAGCCAACAATTGACGCCTTTTTCTACAACCTTTATCCAACCTTT TCAAGAGCAGCTGCCATTGAGGCTGATGCCCTCTCAAGTGTCTTCTCTTT TCCACTGTGTTAAAGGCCTCAAGAACATCCCTTCCACCCACTCATTGAAG CCTTCGACTACTATTCCACACTCTAGTCCGGCACTAACCTCTTTCACAAGT TCCTTAACTCGTTCGTAATGAATCAAGTTTGCCAACATAGACTTCTCTTCT TTTCTCAGAACC GAATTCCACAGTCTTTCAAAAATTTTCTTCTGTTACC ATGCATCCAGCAGCATTCCCACTCCCACTTTTGAACACAGCTCGTACTTCT GCTGAACCAATTGGCTCTTGTTCCTCGACAAGGTCCAGCAGTCCCTCCATT GCATTTCCGACATCATCAATAAGTTTCATAGATAAATTTGTACAGCCGAATC TCAACACTCTGCTCTCTGCA TAGCTCTTACAGAACCAGGAACCTTGACA TTAAATCCAAATATAATGGCTCTACTTGCCACAGCAAGATCAACATCACTG GTGCTAACATCCCAGTTGCTTGTAACAGGAACCTCAGAGTCACGTTATCT TGTGGGAGGACCTGAAGGGCTTGTTTAAACAGCTTCTATAGATCCCTGAACA TCAACCTTTAGAATAACATTCAATTGGTGCAAGTCCACCCCTGCTTGCTTT CCTGCTGAAACAGCAGAAGCCAAGGAAGAAAGGGTACCTTCCATCTCCA GCTTTTGTGATAGACGTTCAATTTCTCAATGTCTCAGCCCGTAACTCCGCT TTTTACGAGCAAGGTCAAGGGAACCAACACCTCAAACCTATCACCAGCA AAAGGGACATTATTCAATCCAATGACCTGCACAGGTATAGAGGGCCCCACT TCATCAACACGTTTCCACCATCATCGAATAAAGCCCTAACCTTTCCAAAA GCTTCCCCGAAACTACTACATCTCCTTCTTAAAGTTCCATTTTGCACA ATGAATGTAGCAACAGGTCTTTAGATTTTTCAAGACCAGCTCTATAACT GTGCCCTTTGCATTTCTCTGAGGATTAGCCTTCAGCTCTTGCAACTCAGCA ACAAGCATGATAGTTTCCAATAAATCATCGACGTTCTCTCTTTAAGGGCA CTGATCTTAACCATTGGGGTGCACCACCCAGTCTTCTGGCATCAAACCA</p>	XM_00253 2781.1	Ricinus communis mitochondrial translational initiation factor, putative, mRNA	1415	0.52	0	0.8

	<p>ATTGAAGAAAGATCTTGCATTACTCTATCTGGATTAGCTCCATCTTTATCA GTTTTATTGATAGCAATAACAATTGGCACTCCAGCTGCTTTGGCATGAGCA ATGGCCTCTTCTGTTTGGAGTTCATCCCATCATCAGCAGCAACTACAATA ACGGCAATGTCGGTACTCTTGCTCCACGAGCTCTCATTGCTCCAAATGCC TCATGTCCAGGAGTATCAAGGAAAACGCAAGTCTGTGGCTTGCCATCAATA GGTACTTGTACCTTGTATGCCCTATGCCTTGAGTTATCCCACCTGCTTCA GATGCAGCCACTTGCTCTTCCCTTATGTAATCCAAAAGCGTGGTTTTCCCA TGGTCCACGTGCCCCATGATAGTAAGAACAGGAGCCTGTCTTCCAACCTG TCCAAGTCATCTCGTCAAAAATTTCTTTCTCTTTGGCATTCTCTCCACT TTGACAGGGACAGCATCTATAACTTCCACATCATACTCCTGACAGATCATC TTCACCATGTCTTTGCTAAGAGTTTGCACACCATCAGGTTTGATTCCCTTC GAGTACAAAGATCCAAAAATTCACCTTCACTAATGACCAAGTTGTAGGCC AACTCCTCAGTTAGCATACCTTCCCTCGCCAACTCCAGGATTTCAACCCTA ACAGGTGCAGCATCTTTAGCCGCTGGAGTCGAGCAGCTTACGACTTGCC TTAGTCCATTTCTTCCCTTTCCTTGCCTGGAAGCGCCAGGAATAGAAACA TCAAGCTCTGGAAATCCTCATCAGAAATATCATCAGCATCAACCATACGC TTGCGTAGACTTCCAGAAAGCACACCCTTTTACGAAATTCATCCTTGGAC TTTTCTCCTTGGACTTCCCATCCTTCCACTTTCAGCTGCACGGCCCTTT CCTGGTTTTGGAGGGGCTAAAACAGCTTGAGCAATCAAAGGATCAACCACT GACTTCTTAGAAGCAAATTTGTCAATCAATATTGGCTTTCTTTTGGTC TTTGCAGAAGGGTCAGTTACATCGGAGGTCAAGGGCTTTGGGGCTGCTCCT ATATCCTTTCAGAATAACTGGTTTCTTAACCATAGGGGGAGGAGCAGCGGAA GGCTTTGCTTGTAACTTGGTTGAACCTTTCGAGGTGGCTGAGGGGTCCT AGAGGAGAAAAGAGTCTGAGATTCAATCTTCCCTGCACCATTAGTTTTTGGC TCTTGCTTTGGAGTTCCACAACCTTCTGTACAGTTCCAACCTGGATTCCCC TTCCGCCACACACTTCTACTGTCTTAGACTTCTGATTGGAATTGGACGTT GAATTGACAACCTTACCTTCATTTTTCTTAGCACCACCATTGATGGTGAT CTATTAAGTGACACGCTAACCTTCTTACTTGTCTTAGCTTCTCTGCCTTC TCCAATACCTCGCCAAGTGACTCAATCACTTTATTTCTCTCCTCCTCATCA TTGTTACCTTTTCATCATCAGAATCTGAACATAATTTGGAACATATCCCAA TCAAGCGAATCCATTCCCTAGAAGGGTCTCAGCTCTAGAATCAGATTTTCCAG TGAGGTTTTGGAGCTGGCTTAAGTACAAGATCAGCACCATCGTCACTATT CCTCTAAATGTGGAATCAAGGATATTGAAGTACCCTGATCAGCAATGAAA TCAGTGGTAACAGAGTATCTACACACAGACACATATCTCCATCTCCTACCA ATCCAAAACCGGGGAAAGGTCCAAAACCTCTAGAATAAGTAGCCCTCCTA TACAATGAAAATGAGCCTTCAAATTTCCAGAAAGAAACAAGTGCAAGTGCAA CCACTTCCAAAGTTCACCAGGGAAGCAATAGCAGCCATTGTCTTTCTACA CTATCTTAATGCTACCATGGACCTTAACAGCCTCTAAAAATTACCCTCCAA TTCAGCAATCCAAAGAAACCTTCACCAATTGTCGTCTAAAAAATCAGGCA CCTTTGCAAAACTTTGTTTTCTCAGAAGAGTTCACCTGGGACTGACTGGCT TTGGGTTTATGTTTTGAGCTTTTCAGCTCATGTTGGTCTTGAATAAGGTG TCTGTTTGAAGTGAAGGAAGAGAATTATGAAAAGGAAATTCAAAGAGGTGT GTGTTGAAGGGGAAAATCCAAAGTATGGGACAGTGGTTTTGTGGCTGCC TC</p>						
430	<p>AACGTCGTCATACCAAGCTCCGCTCGACAAGGACCGCAAGTCACTGCTC GATCGTAAGGCTAAGGGACGGCTGCTGCTGATAAGGATAAGGGTACTAAG TTCAGTCTGAGGATATTAATGAGAGTGTGATTAGTTCTTTTGGCCATT TTAATTTGCTGTTGTTTTTATAGATATTGGGAGAGAGAATGGAATTTGCTGA TGGGATTATTATATCTTTTTGATTTAATCAAATGCTGATAGTTTATGCTT GATATTTGGTTTCGGTTGAATTTAT</p>	AK336416 .1	Lotus japonicus cDNA, clone: LjFL1-002- DE10, HTC 60S ribosomal protein L26-1-	168	0.48	1E-38	0.88

			like				
495	<p>CTGCAACTGATCTTTTCTGCTTTTGTACATCAAATTTATCATACAAGAAA ATCCCCTGATTCCTCAACATCATCATCTGAAAAAATGGCAGGTGAGAAA GTGGTTCTGTTGGATAGCTATGTGAGCATGTTTGGCATGAGGATCAGAGTG GCTCTAGCTGAGAAGGGTATTGAGTACGAGTACAAAGAAGAAAACTTGGGT GACAAGAGCCCACTTCTTCTTGAGATGAATCCAGTTCACAAGAAAATCCCA GTTCTGATTCATAATGGAAAGCCTGTTTGTGAGTCCCTTGCATTCTTCAG TACATAGATGAGGTGTGGCATGACAAAAATCCACTTTTGCCATCTGATCCT TACCAGAGAGCTCAAGCTAGGTTCTGGGCTGACTTCATTGACAAAAAGATT TATGATGCTGGAAGAAGGATCTGGACTACCAAGGGAGAAGACAGGAGAAT GCCAAGAAAGAATTCATAGAGGTTACAAGACTTTAGAAGGACAACCTTGGG GATAAGCCGTACTTTGGAGGTGAAAACCTTTGGATTTGTAGATGTAGCTTTG ATTCCTTTCAACACTTGGTTTTATACCTACGAGACTTGTGGGAATTTCAAG ATGGAACCGAGTGTCCAAGCTGGTGGCATGGCCCAAGATGCATGGAG AGGGAGGCTGTGGCTAAGTCCCTTGCTGATCCTCACAAGATTTATGACTTT GTTCTGTTTCATGAAGAAGAGGCTTGGGATCGAATAGTCTTTTTGTCTTTTA CTTTTGGCTAAATGGTGTGCAATAAAGTCTAGTCATGATGAATATTTAAT GGGATTGCTTGTGTTTTGTTTTAGAATCTGAGTTGTTTTGCTTGGCTTGGCAG AATAAAGGTTACTTAGCTTTGTGTTCTTGATATGGTGGACTGGTAGTAAAT GATGTTTACTACCACAAGATATTATAGGTGGGATGCTCATTGTCTGATTT GTGTTTACCAATTGGGGGAGACTTTGTTTTCTCAATTTGACTATGATCA CACAGTGTGAAAAATATGTGTTTGTGAAAATCTATTTTAGGCTTCTTGT GAATATTTACCTCTCCACATGATGGTGAT</p>	XM_00226 2608.2	<p>PREDICTED: Vitis vinifera probable glutathione S- transferase- like, transcript variant 1 (LOC100259478) , mRNA</p> <p>GST_N_Tau; GST_N family, Class Tau subfamily; GSTs are cytosolic dimeric proteins involved in cellular detoxification by catalyzing the conjugation of glutathione (GSH) with a wide range of endogenous and xenobiotic alkylating agents, including carcinogens</p>	298	0.53	6E- 77	0.77
530	<p>ACAAAATCACGAAGTGAAGTGAAGTCAAAATAGACCAGTCGTCCTCATTTTCAA AAAAACCAACCAACATCTCTGAGATAACAGTAATCAAAGTGGTCCCTCCTAT TATCAATAATAGATAGCAAAGCAAAAAAAAAAGGAAATAAAAAATAAAAAGG CAGCCCGGCTTGGGTAACGGGTCGGGTCGGTTGCCCGGATCAGACTAGAAC CTGAGCTTGGTGAAGAACCAGCGGTTTTTACCAGACTTGAACCTCTCCTCA AAGCGGGCCTTGGTCTGCTTAGCGGCGTTGACCTTCTTGTGCGGGGACTGG AGGCAGTCCGGGGCGACGACGTCCTTGAGGTGACGTCGAGGGTGTAGCGA GTGGGCATGATGTGGTTGTAGTTGACCAACTTGATGAAGCATTTACCCGA GACTTCTTCGCTGCTTCTTCGCCGAGTCCTTTCGGATCACCTTCTTCGGG TACTTTGATATCCAGCCACCAAACAGTGCCCGTAGGGGCGGTACAGAGTT CCCTCGTCGAAGGACCTCACTATCACACCTTTACGTCCGGCGTAACGCCCC TGGAGGACTATCACCGCTTTGTTTGGCTTCAGGAACCTTTACCATTTTGTCT GGCTGGCCGGCTTGGCTGCTTCAGAGCTCCTCCTCCTCCTCCTCCGCAACT CTTTCTCTGCTTTCTCGATAAATAAAACCTTAGCAAAGCGGAGGAGGAGG AGGAG</p>	FP100644 .1	<p>Phyllostachys edulis cDNA clone: bphyst008f16, full insert sequence "60S ribosomal protein L27- like "</p>	272	0.57	2E- 69	0.79

570	GAAAATTCTTTTCCAGAATCAGATATGAGAACGTTATAAGGGATATTGGT GTCTTGAAGGCAGATGCAGGAATCAGAGACAACATTGGACAAAATCCTCCAG AGTATTTCCACCCTCAAAAACAAGGCCCTGACTGGGTAATTCAGAATTC TGAGATTTTCCACACCCTTTCGTGGTGGTTATCTTCTCAGAGGGAGCTTT TCAATAGGAAATGGCACAGACAGGTAATAGGCCTGGAAGTGAAGGTGATT AATGGTGGCAAATGCACCCAAGCTGTTGTAAACCAATCGGAAGTATGGGT TCCAGCCTCA	EF379384 .1	Actinidia chinensis VTC2-like protein mRNA, complete cds GDP-L- galactose phosphorylase (GGP)	334	0.96	2E- 88	0.84
602	ACCTGGCTGACTACAACAGCCAGAAGGAGTCCACCCTCCACCTCGTCCCTC CGCCTCCGCGGTGGCGCCAAGAAGCGTAAGAAGAAGACCTACACCAAGCCC AAGAAGATTAAGCACAAGAAGAAGAAGGTCAAGCTTGCCGTCCTGCAGTTC TACAAGGTGACGACTCCGGTAAGGTCCAGAGGCTCAGGAAGGAGTGCCTT AATGCCGAGTGGGTGCCGGTACTTTTCATGGCTAACCATTTTCGATAGGCAC TATTGCGGCAAGTGTGGCCTCACCTATGTTTACCAGAAGGCCGGCGGTGAC TGATTGACTGCCTGCTTGAGATGAGTGATTATATCCCCATAATTAATTGG TCATGCCCCCTAATGAAATCCCTCACTTCAAAAACCTTTATATTAGTACG AGTACTTGTGCTAATTCGATATCATTAGCCTGTTTGTATTTTCAAGCATC TTGTTTTACTTTCTTTTAAATACTCCTCCATGATACTGTTGGATTTTGT TCTAGAATTATATTTTATGGCTGGTTTTCATTCCAAA	XM_00363 2511.1	PREDICTED: Vitis vinifera ubiquitin-40S ribosomal protein S27a- like, transcript variant 2 (LOC100247863) , mRNA	381	0.55	3E- 102	0.89
645	ATTTTAAAAGGGTCGGTATCAATTTATGTCCAATTTGCTCCACATGTAGTT CCTCGAGAGCGCAACTTTTACGAAGGCTGGGTCCGGGGCTATAAAAAATC ATGCCATCTTGTACGACTGCGATTTGACGTGAAGTTGTTTTACTTGTGTAC AGGGGTGGTATTCTCGATCCTCGTGCCCATATAACTAACACCCCTAAGTT TAGCAAGGTTATCGGATGATGATGATGGCTAGCTCACTTGTGAAGATGGTC TCAATGGATTTTCTCTACAGCCCTGTTTCTCTAGCAGCACTTTTCTATCT CTTGCCCTTACTGTTTTTGGCTATTCTGTGTAATCACTAGTAAAATTCAAGAA AAGCATGGAAGAAGAAGAAGAGGTACCATCCCATAGCTGGCACCATGTTT AATCAGCTGATGAACCTCAATAGGTTGCACCACTACATGATGATCTGGCT AGAAAGCATAAAAACCTTACAGATTGATCAGCCCTTTTAGAAAATGAAGTGTAT ACTTCTGATCCAGCTAATGTGGAGTATATGCTCAAAAACAACTTTGAGAAT TATGGCAAGGGATTGTACAATTATACCATATTAAGGACCTATTAGGTGAT GGGATTTTACAGGTTGATGGTGACAAATGGCGGGAACAGAGAAAGATATCA AGCTTTGAATTCTCGACAAGGGTATTGAGGGAGTTTAGCAGCGTTATCTTC AGAAGAAATGTGGAAGAAGCTAGCCAACATTATCTCTGAATCTGCAAATTC AAAAAAGTAATTGACATTCAGATCTCTTCAATGAAATCAACGTTAGATTCT ATATTCAGAGTAGCATTGGGGTTGAATTAGACAGCATGTGTGGTTCAAGC GAAGAAGGCAAAAAGTTTAGCAATGCATTTAATGATGCAAGTGCTCTGAGT CTTAGACGATATGTTGATATTTCTTGGAAAGTCAAAAAGCTCTTAATAT GGATCAGAAGCCAAGTTGAAGGAGGACATAAGAGAGATTGATGATTTTGT TTAAGTTGATTCGTAACAAGACTGAGCAAATGCACACGTCACCTGATGAT TCTTGCTGGAAAAAGGACGACCTTTTGTGAGATTCTTGCAAGTGACTGAA CCAGATTCAAAAGTACTTGCGAGATATAATATAAATTTTCAATGCTGGT AAAGACACGACTGCAGGCACTCTCTCCTGGTTTTTTTATATGCTTTGCAAA CATCCAGACACTCAGGAGAAGACTGCACAAGAAGTAAAAGAAAGTAACAGAT AGTCATGAGATAACAGACATTGCAGAATCACTGCCAACTTAAGTGAAGAA GCACTTGAAAAGATGCACATCTTTCATGCAGCATTGACCGAGACTCTTAGA CTGTATCCTGCAGTTCCAGTGGTAATGAAAATTTTTCAGTGTATATGTGCTG ACATGTTTATATCTGAGGAGTGGTTTACCTCTAGATTCTAATTTTACTTT CTTTCTCCAGAAAAAAGAAAGAAAAATTTCTGTCTCATTTTCTAACT	DQ099542 .1	Petunia x hybrida cytochrome P450 monooxygenase (CYP704A14) mRNA, complete cds Cytochrome P450 [Secondary metabolites biosynthesis, transport, and catabolism]	856	0.48	0	0.82

	<p>ATGATACTTCGAGCAGAATTCTAGTATAAATAAGTTTCCAGTGTGGGAGATATCTCTTTCAAGATTTTTTTTAAAGAACTGCCCTAACCTTTCCCTTGCTGTCTTTTTGACTTCATTTAACAGGGTTTTCAATCTATATGGCATCCCTTTTATATGCTTATCTATGGGTATGCTGCTTAATTTTGATACTCAGCTTTTCTGGATAAAATGATCTGGGAACATGTAGTTTCTTTACATAAAGTCTTAGTAAGAAGA AAACAACCTGGGGAAGTTTCATGGCCTTCAGGTTCAAGGATCTTAGATATCAAGATGGACTTACAAAATTCTGGTTTCCTTTGTTTTGATACCTACGTTCTTCTGGTCTTAATTTTCACTACTATTTCCCGAAATTTGTTTGGATAGATGCCAAATATGTGCCAAAGTATGAATGCTTACCATGCTACAACCTTTGATCTAGGATGCAAAAATGTGCTTGTGATGACGATGCGGATGGATTCTGTGTGAAGAAAAGGAGACATGGTGTGTTACCAACCATATGCAATGGGTAGAATGAAATTCATCTGGGGTATGATGCTGAAGACTTTAGACCAGAGAGATGGCTTGATGAGAATGGTTGCTTCCGGCCAGTGAGCTCAATTAATTTACAGCCTTCAGGCAGGACCAGAAATTTGCCTGGGAAAGGAATTTGCTTATAGGCAAATG AAGATTTTTGACAGCTTCTATGCGTTTCTTTGCTTCAAAAATGAATGATGAGAAAAAGGCTGTGAAGTACAGGACGATGCTTAATCTGCACATTGATGGTGGATTACATAATCGTGTCTTCCACAGATTGGGCTGCTAGAGTCTCTGAAATACATAAGATCTCCAATCTTACATCAATGAACCCATGCCTGTGTCTCACATAGCATGCTACAAGCCTCTTGCATAAGATATATGCTTCCACTTCACTAIGCATGGCAAAATGAAAAACAAC TAGAATATTTCCAAGAAATGAATCATGCATTGTGCAGGTGGAGAAAATATGGTACTTTGATACATTCTAATAAAGGATCGAG AATGATATGTATGATATGGTCTTTGTGTATGGAGCGAATGAAAAGTTGCA CCACTACAGTGCCAAAAATTTAGAAGTTGCCATCTCCGGTCACGAGACAAGCTCGCCATTAAGTTTATTTGCCGAAGTCTGTTGAGAAATCTTATATGAATTTGTGTGGTTTAAACGGTTTCATGTGTGGATTTTGTAGTTTAAAATA AATATAATGATGCATATTAATATCAGAGATTGATGTA AAAATGCTTATGTGATTCTATTTAGATCACAAAATTTATATTGAGAACC GAATTCATGTAAAAAATTTTACCGTTTAGGACATCAAAAATAAA</p>						
665	<p>TTTCATTGTAGAATTCTCCAACAAAAAAGCTTCTCCCTTTCTTGCTTGGTCTCAAAAACCCAAAAAGGAAAAAAGATAGTCCCTTTTTTATTCAGAGATT TTGAGATCCTGCCAAGCGGTTCTTCTCACTCCAGCAAACCTGCTGAAGAACCTCAACTTTAAAACCCCAAGCACTGAAAAATAAAGGTTAAATAAGAAACATAGTAATGGCAACAGCATCTTCTTTGGGCTCATCAACTCTACTTCAATCACAAA TTTCTGGCCTTGGTGGTGGTCTTATGCTTCAGAAACCTTGTCTCTCCAATCCAGTTTACCAATTTTACCAGGAGAAAAATCTCGAAGTGTGCTGAAGGCAA CTCTCGGGTTGACAAGTTCTCAAAAACCCGACATAAATGTTTCGCCATCTA TCCTTTCTGCTAATTTTGCAAAGTTAGGAGAGCAGGTA AAGCAGTTGAGGTGGCAGGCTGTGATTGGATTGATGTCGATGTCATGGATGGTCGTTTCGTTTCAAATATAACTATTGGACCTCTAGTTGTTGATGCCTTACGCCCGTCCACAGACCTTCCATTGGATGTGCACCTGATGATCGTTGAACCTGAGCAGCGAGTGCCTGATTTTATAAAGGCTGGAGCTGATATAGTTAGTGTTCAATGTGAGCAGTCTTCCACCATCCATTTGCATCGTACGCTTAAATCAAAATCAAAGTCTGGGATCTAAAGCTGGAGTTGTTCTGAACCTGCTACCCATTGAGTGCAATAGAATGTGACTTGATGTGGTTGATCTAGTGTTAATCATGCTCGGTGAATCTGGATTTGGTGGACAGAGCTTTATTGAGAGCCAAGTCAAGAAAATCTCTGAATTACGAAGATTATGCGTCCGAGAAGGGGGTGAATCCGTGGATTGAGGTAGATGGTGAGTTGGTCTAAAAATGCTTATAAGGTGATTGAGGCTGGAGCCAATGCTTAGTTGCTGGTCTGCGGCTTTGGTGCTCCAGATTATGCAGAAGCTATTA AAGGAATTA AACAGTAAAAGGCCGTTAGCAGTTGCTGTCTAAAGTTGCTGGCTTAGGATGTGTTTTAAGTCAAGTGTGGGTTTCAAGCTGTTTCAATCCC ATATAATGCACAGACGGACCATTA AAGCAGGAAAAATGCAGTTTCAAAGTTG</p>	XM_002284736.2	<p>PREDICTED: Vitis vinifera ribulose- phosphate 3- epimerase, chloroplast- like (LOC100267206) , mRNA</p> <p>Pentose phosphate pathway, non- oxidative phase, fructose 6P => ribose 5P Pathway module; Carbohydrate and lipid metabolism; Central</p>	776	0.51	0	0.86

	TTGTTAGATATACTGTTTCATAATTTGAATTTTGGCTGGGTTCAAAGTGAAA ATCTGTAATAAGCAAAAGACGAATGGTAAGTCCATAACTAAGCTTGTGAAA AGATGACAGCGTAACATCATCTTGCAGTAATAGTTCATGTACACAGCTTATTT TATTTGTCCTTTTAAACAATCTTCTCCAATTTGGTGCCCACTTCAATAACGA AGCATGTAATTTTGTAATCTAGTATTTCTTCTAGTTTTCTCATATACCC TTGTTCTGAG		carbohydrate metabolism				
671	TACATGCGTTCTTGGACAGGAACCATAATTTGGTCCACATAATACTGTGCAT GAAAGCCGTATTTATCAACTGAAGCTCTTCTGTGACAAAGATTATCCGGAA AAGCCGCCAAGTGTTCGCTTCCACTCACGCATCAACATGACTTGTGTGAAT CCAGAGACTGGAGTGGTTGAATCGAAGAAGTTGGTATGCTGGCAAATTTGG CAGCGACAGTTCACCATGGAAGACATATTGACTCAGTTGAGAAAAGAAATG GCAGTTTACATAACCGTAAGCTTGTCCAACCTCCTGAGGGTACCTTTTTTC TAATTGAACGTGTCATCAGAAGACCTGTTATAACAAGGAAAGGAGGACATGC AAGCTTATATATGTCGTATGCCAGTAAATATTTCTTACTTGCATCTTTTA ACAGATGTTTATCTGGAGTTTGTGGATTTTCTTGTGTTTTTATTAATGCA CCTCTGATTGCTTGGGACTAATCAAGGGTACATGCATACCTTTCTAAATAC ACGCAACTCATTGTTAAATGTGCCTTTATTTCCAACACTGTAGAAGAAGAGT ATGGGGAAGACGAAACTGCAGATCCTTGTCTATTAATAAACAATGTTTAAA CTGTTTATGATTTGCTTCTTGGACATCATATTGGAGCACTCACTTTGGA	XM_00227 1736.1	PREDICTED: Vitis vinifera ubiquitin- conjugating enzyme E2 variant 1D- like, transcript variant 1 (LOC100248369) , mRNA	375	0.47	2E- 100	0.88
696	AAGCATACTTATGTTTCTGTAACCTCAGAAGGGATACTGGCAGTTTGAATG GGAGACTTTCTTGTGGGAACGTTTCAACAGGCTTTTGGCAAGGAGGCTGT GCTGCTATTGTGGATTCTGGAACATCCTTGGTGGTCCAACTACTGTT GTAACCTCAAATTAACCATGCCATTGGAGCCGAAGGAGTGGTTAGCACAGAA TGTAAGAAATTTGTTTACAGTATGGAGACCTGATATGGGATCTCCTTGTG TCAGGGGTACTACCTGACAAAGTTTGTGCACAAGCAGGTTTATGTGCCTTC GGTGGACCTCAGCATGAGAGTTCTCATATCAAGTCAGTTGTTGATGAGGAG AACAGGGAAGAAGCTTCTGTTGGCGAGTCCCAATGTGTACTGCTTGTCAA ATGGCTGTTGTTGGATTGAGATCAGCTGAAACAGAAGGGAACCAAGGAG AAAGTGCTTGCATATGTGAATCAGCTTTGTGAGAGCATAACCAAGTCCCATG GGAGAATCCGTTGTCGACTGCAATAGTTTATCAACCATGCCAACGTTTCA TTCACCATTTGAAAATAAAATTTTCGAGCTAAACCCTGAGCAGTATATTCTT CAAAGTGGAGAAGGCTTTGCTAAAGTTTGCATCAGTGGATTGATGGCTTTG GATCTGCCGCCACCCCGTGGTCTCTCTGGATTCTTGGAGATGTGTTTCATG GGTGTGTACCACACTGTGTTTGGATTTTGGTAATCTCCAAATTTGGTTTCGCA AGAGCTGCTTAGTCGATGCTTTACAGTTTCGCACTCGATGAGTGATCAAAGA AAAGCTGAATGTGTACCTTTTCAATTAGGACCAATGCTGTTTGGCTGGCT TTAATGTTGTGTATGTTTGTAACTTAAAGCCCTAAGCTATTAGTTATCTTG GATGTAGATATGTATGCGGATTTGCTATGCCCTTTTCTATAAAAGGAAAC TGCTCTCTGCACTTGTATCATGTTATCATGCTACGCTATAATGTAACATGAA ATGATGTTTTGATAATGTTTAGGGAAGCGTTTGGCCTTCGATGCAACTTAC AACCAGCAAGCTGCAACATGTATATGTAAGGCCAATCAATGTGTGCTTT CTAAGAACTTAAAC	GU144571 .1	Nicotiana tabacum aspartic protease 1 mRNA, complete cds	569	0.65	1E- 158	0.81
728	TTTTACTTCTTGTACTAGCTTTTCAATTTCTTATGACAAAATTATGCA AATTGCAAAATACACTGACGATTTATTTCTATCCAACGTTTTTGAATGACT GGTGAAGGTGCTTCAATGCATCTTGGTCCCTATTCCATCTGGTGTGGTG CATTGACGAAGTGAGCATATAACTTATTATTGCACTGTTACTGATATCA AGCTGTGAGCCCAAGTCCATCAATCTCATAGTCGTAATATACTTGTCCAT TCTCATCCTGTCTCATTGATGCAACACTATCTGCACTAGCAATAAGGT CTTGACGATTAACATCTGATAAAGCCAAGTTGTTCAAGACAACATCTTTCC	XM_00227 5716.2	PREDICTED: Vitis vinifera thylakoid lumenal 19 kDa protein, chloroplastic- like	470	0.86	1E- 128	0.74

	GAGCCAGTTGCCGAAAACCAGCAAGATAAGTCAAGTATTCCCTTCTCTGCCT TCTTTTTTGGATTGTAGAATTCGCTGTCTGTTCCATTTGTTCCCTTCTCAA CCTTGGATACTAGCCTCTCTTTCCATCCATCCGGGACGTCGTAACGTACT CTGCTGATGCTTTCTTGTCTGAGTTACCGCCGTAGCCGCGTAATTGGCTG CACTAGCAGCTGTGCCATAGTATACGAAGAAATTTGAGGGTGCATCTGCAG CTAGCGAAGGTGGTGTGAGGTGGTAAGGATTTGTTGTGGCCAGAGCTGTGG CAGTCAATGTGGTGGTTAAGTTAGTTAAGACTGTTTTGGGAGGTGGAATTG TGAGTTGGGATTTGAATGGTGGAGGAAGTGGTGGTTTTGGAGAAGATG GAGTGGAGTTGGAGGAGGATGAGAGGATGGCTGAGGTAGAGAAAATAGTGG CCATGGATTGGATTGGAGATGCACTGGAACAAGTGG		(LOC100261871) , mRNA				
778	AACAACATTAACACTTCAAGTGGCCTCCACTATAGTTTTAGAGGTGCGCACT GACTTACTAAGCCTTGTCAATGAAAACCCAAATTAATTATGACTTCAAGAGC GGTGAATCAAGAAGTGGATACTGCCTACCATCATAAACAACAAAACACAA TGATTTCTACTCAAAAAGAACAACAAAACAACTTGGGGATCCTTTTGGTGAT TCTTCACTAACCTGAATAAGTAGTTTACTAGTTAAACAGTTAAACATCAA TTGAACATTAACAACAGAAAAGAGAAATGGAACAAAAGGAAAAGACAATTGAA AGTGCAGGCCAGACGTCCTATATAGTCTCCAGAGCCTGAAGGATATCAGCC TTCAGGTCCTCAAAGCCTTCGACTCAAAGCTGAACCTAACCAAGTTATCC AGAATCCATACTTGGCCCTGTCTGACTGGGGAAGGTCCCAATAAGACATA ATTGCTGGTTGATCCACAATGCTCTCGCAGCCTCAAAGATGGGGCAATA TAAGGGATTCTAAGTGCATCAACGAATTTTGGCGTTGTGGTTAAGTCTCCA TCAATCTCAAACCTAACACACCACAAAACAGTCATTTGCCGCTTTGCA AGGTTATGTTCTGGATGACTTGCTAGGCCCTGGATAATAGACACGCTCTCACC TTAGGATGTGCCTCTAAAATCTCGGCCATCCTCAATGCTGTTGAATTTTGT TGCTGTACACGAAGTTCCAGCGTCTTCATGCCTCGAATGATCAGATAAGCG GCATTAGGATTGAGGGTACCTCCCAAAATATGATGCATATCAGTACTACT GAGACCAATTTCTCTGGACCACTGATACAACCTCCAAGCATCATTATGG CCTGCAATGTATTTTGTAAATGAATGTAGAACAAGATCGGACCAAGAGCA AGAGCCTTTTGGTTGATAGGAGATGCAATGTTCCGTCAACACAGACCAAG GCTCCTTTTGGATGGCAAAGCTTTGAAACCAGCCCAATGTCACACATCTC AAGAACGGATTGGTTGGAGACTCTGTAAGAAAAGTGCCACTTGCTTCTCA TTCAATGCAGCCTTCAAAGCTCCAATATCAGCAGGGTCAATGACTGTAACC GTGATTCCCCTTTTGGCATTAGCACTCTCTCAATAAATATCCGAGTTTTT CTATAGCAGTCTGTGGTTGTCACAATATGCCCTCCAGCAGGGACCAATGCC CACAGCATGCAAGTACTCAGGCACATTCAGAGGCAGTTATCAAGGTTGAT TCAGTCTTCCAGTGCCTTATTTTCTCCTCCGCTACAATAGTTGTTGGA TTTCCATAGCGTCCATACTCAAACCTTACATGGCGTTTCTCCTTGAATCA AT	AF097180 .1	Nicotiana tabacum cystathionine gamma-synthase precursor (metB) mRNA, complete cds "cystathionine gamma- synthase, chloroplast- like " CGS_like: Cystathionine gamma-synthase is a PLP dependent enzyme and catalyzes the committed step of methionine biosynthesis	889	0.77	0	0.82
789	CTGAAGTGTATCATAAAAAGACAACAGGAAACCATATATGAATGGAAGGAT TCCTTGGTGATTTAGTTGTTACAAAAGAAGAGTCAAAGTACCAAAAAGAAA TAAACGTAAAAATGATCATATAAACTGCTTGATCCATGTTTATCTGACGC CCCAATAAACACACTTCCAAACAGAGGGACAGCAATCAATTAATTGTAGAC CATATACTTTGGTGTGCACTGAATTTTGTAGCCCTTGATGACTTTTAT CACGGCATCTAGAAAGTCTTCTCAGTAACTGTCTTCTCCTTCTGCTCGAAT GGCGTACATTCCAGCCTCGGTACACACACTTCTGATGTCGCCCCCGGTAGA ATTTGGGCAGAGGCGAGCAAGAAGTTCAAACCGAATTTCTCTTTCACAATT CATGGTTCGCGTATGAATCTTGAATATCTGTGTCGACTTCCAAATCTGG CAAACCAAACCTCAACTTTGGCATCTAGCCGTCCAGGTCCGAATAATGCTGG ATCTAACGTATCAGGTCTGTTAGTCGCCATGAGAACCTTAAATATTTCCAG AGCATCAAATCCATCAAGCTGATTCACAATTTCAAGCATAGTACGCTGAAC CTCATTATCCCACCCACCATCATCAAACCGCGCACCCCAATGGCATC	XM_00226 3790.1	PREDICTED: Vitis vinifera 26S proteasome regulatory subunit (LOC100233125) , mRNA	545	0.73	1E- 151	0.85

	TACTTCATCAAAAAACACAATGCAAGCTTTCTTGGAGCGGCCATCTGAAA CAGTTCACGAACCATCCGAGCTCCCTC						
790	G TTCACACATCACCTACAAGAACGGCCCATTTTTTCTCTACATGTTATAC ACTTTCCCTTTGCCGAAACATTTTACTTCAACTCAAAAATATATGCATGT GCATACCCCTTTTCATCCAACATGCATGGATCTTTGACTTGAAAACAGAGGAT CTTCAATATTTCTGGCCACTCCTCCTAGCTTTTTATAGGTTATTCTCAACA GAGTTACTCTTGTTTTTCATCAATTTCTTGTCTGACTTTTCAGAAATTCGAT CAGGGATAGTTCTTAATAGTACAATATCTACAGTAAATTTTGGTTTTTGT TCTGGAATTTAGGATGGTGGTATCATTTTTCTGTTGGTGGTTCATCGCTGAC TGATTGGCCCTAGTTGGCCATGCTTATGTTTGGATGCTCTGCCTTCATGCAA TTTAAGTAGTGAGATCTCATTATGAATAGGAATTTGATAAGTAGGAAGCA TATGCCAAGACCTGCTGGCTCATTGCAGTTGAGCAGTTCATTTCTTGATTC GGTGAAAGCTCTTCTGGTAGTACAAGTTTGGAGGACACCGAAAAAATAG AAGTTTCAAGATTGTGTGTGAAGTTGCTGGACAATACGAGGATAGCTTTGC GGATGTTAAAGCAACAATTTAAACTATTTACGTACAAAGCCGTAAGGAC TGTTCTAAACCAGCTCTATGAGATGAACCCGCCACAATACCGGTGGTTTTA TGACTATGTTGCTACTCATAAGCCTAGTGATGGGAAACAATTCATTCCGCTG CCTTGCCAAGGAGAAGCGTGAACCTTGCCGAAAAGATCATGGTAAACACGACT TCACCTTACAGAAAATGGATTAAGAAAATGGATCATGCTGCAATATATCA AGAAAATCTCCGATCAAAAATTTGGATTTGATGCGTGAACGGCTAATGGAGAC AGTTATTTGGCCCTCTGATGATACGAACACGAGAGATCCGGTGAAGCCG CTGCAACTTTCAACAGTGTCTTTCTCTCTGGTCTTTTCCCTTGTGTTGTG ATCCTTACTTGTGTTAGCAAAATAGTTGGAAAATTCATTTATCTTATTTATT ACTTTTGTGTTGATGTAAGAGTTCTTATGTTTTACGTTATATATATGA GATAACATTTCTTTAGGAAAG	XM_00229 8366.1	Populus trichocarpa predicted protein, mRNA The RBCX protein has been identified as having a possible chaperone-like function. The rbcX gene is juxtaposed to and cotranscribed with rbcL and rbcS encoding RuBisCO in Anabaena sp. CA. RbcX has been shown to possess a chaperone-like function assisting correct folding of RuBisCO in E. coli expression studies and is needed for RuBisCO to reach its maximal activity	255	0.32	4E- 64	0.8
990	TCTGTCTTTATGTCCAACATATATTTAAGTTCTATCAAGTCAGAAGGTGTT CATAATGCCAAAGTTAATGAACTTAATGACTGAGTACTGTTACAGTTGA TGACTCTAGCAATGACAAAATAAAGATGTTTATACTTCACTGAACGCTGGC CAAGGAGGTACAAAAGTGAGAAGGTTGCCATGTCCTTGCATCTGATTAGAG AACCTTGTCTCTCTTTCTATTGAAGCTGTCTTTTCTTACATTTGATTTCA CATTTTTTGGTTAAATGATAGGACTATAAATACATTAACATAATTTGGTA CCACAAGCAAAAAGAAATAGATATATGACAGAAGAATCTTGAATTTTTCTC TTACTTGGTGAAATTTGACATCTGGATTCCCTTATGCTTGGCCACATATC AGCCATTACTCGTGAGGAAATGCTCCACAAAATGTCCTGTCCCTTGGTGGC CTGACGCTTTCCCTTTTTCCCTGCTTTCCAAACCCATATGCTACTAGCCA	XM_00227 3091.2	PREDICTED: Vitis vinifera uncharacterize d LOC100244427 (LOC100244427) , mRNA	1572	0.85	0	0.74

	<p>CTGCATAGCTGTCAGCCTCTGCTTCTCGGAGTCCCAGTGAGTTTTGGAGCC TCCAGTCCCTGGCTTTTAAACCCCTCCACATGCAAATTTATCACTTTGAACAT CCTTTCCCTCGTATTTTCCAGGCTTACATCAACAGAATTGATTGGAT AAGTGCTATCATAGGACCTCCAAGTGCCTCATATTGCCTCAGGGGATCCCG CAGTTGGACAACACAGAAATGTTATGGCTGCTGAATCAGCATCCTCATG AGCAGAATCTCCAGGGCCTTAGTTCTTATCCAATCCTCAAGTGAATTC AGAAGCCAGCAGATGGCTACTCGGCCATCATTATCAGGGTTAACTTTGT AGCAAGTGGGGAAACGTCAAATGGGGCTTCTTTCAGCTATATCTGCCTG AATTTTTAGAGCTTCAACTGCCATGACCTCCAGCTTCTGCATTGAGAATGC CAGAATCTCATCAACTATGACAGGATCTTCACTCAAATTCATATTCTGT TGAATTTCTTTCCTTCCCTCCGAGCCATTGCAGTTACCATGGATTTAAC AGAAGCAATCGTACGAGCAGCACTTGAGCTGGCTCCTTCTTGTTCCTTCC CTGGATAATTGAGAAGCAATTCCTTCAAAGCCATCTGTTCTGCTGTTTT ACCCTGAAGTTCATCCATAGGCATCAAGGACAAAATTTCCAGAGCCAAGTTC TCAAGGCCAATAGCTGCCATCTCTGAAATAGCTCAAATCCATTTGTTGC TTTAGATGGAAAGAAATGACGGGTTTGGAAATCTGCATTGCCAGTTTTGGGGT GTCCTTTCTGTCAACTGCAATATCCAGAGGATTCATGGCTGCCAAGTAGCC CCCATTTCTGTCTGAACTACACAGCCCAATCCCTTTCCGAGATCTGGTAT ATAGACGTTTCGATTCAACTTCTCGGAGTTTCATCTCCTTCCAACCTCAG TTGAGGGATTCATGATCGTGAAGCTTTAGTTCATTACTTCTGAATCCTC TAGCAGCTGAAGAACTCCCTGTACGGTTCTTCTTCTGCATCCAACCTT TTGTGATTCAGTTTCTTCACTGTTTTTCTCTGGCTTCTCCTTTTCATCAT CGTTTTCAAGAGCTTTTATCTGCTGAGCAATCGAATCAAGCTCTGTCAGTCT TGTGAGGTGGAATTGTTCTGTTGACGATTTCTTTTACAACCTCACTTGAGAC TAACTTTTCTCGGAGTTATCTTCAAGATACTGCTTCTTCTCGGTTCCATC TTTTTCTGGATCTCTACTCCTTTGTCCACTACTTCAAATCTGGGAGATC ATCCTCTGTCTTGCATCTGGAACCTCAGACTTCTGTGGAGGTGGAGAAGT CTGAGGTAGAGGAGCTGTGGTTTCAAGATTCAAGGTTCAATATCTTG AAGGTCTGCTCTGCTCGTGTCTGTGAAGGAGTCCAAGCTTCTGCTCTGCT GGACAACCTGGGGCTAGGGATACTGAAGGATGATTTTGACTGATTACGGGC AATTGAAGATGAGTTGTTCTTGTCTTTTACTGATTTTTGTCCTCAGCCTG GCTATAAATCCCAATACCACCATCTTCTCCATAATCTGAAATCCCAATTT CAGGACAAGTTCTCCTCCCTTGGCCTTACCCGAAAGATTTAAAGTCGTATC CCATTGCTTAAACACGCGTGCCTTGGAAAGCTTCTCAATGGACTCCTTAAT GAGATGACTTAAATCCACAGAACTTCTCCAAAATCAAGTTCTCCAGCGTC GACTGCAAACACATAGATTAAGAAAAGGACGCGGTTTCAATTTTCAATGTGTGT TCCACTCCCAGGAGTGAATAACACATGGCACCTTATAAACAAGGTCTCTTC GAAATCAGCAGCTCCCTGTTGAACTCTTGATGGCATGGTCTGCACAGCTCC ATCCTTGGTTTTGTTTTCTTCCCTAACACAGACGACAGGCGAAGACCATTCA AGAGGCCGGAAAGCCCTTGAAGTGTAAACGACCTCAACAGAGAAACAAACAGCT CAGCTTCTGCATGCCAATGTGGGAGAGGGCCGAATTGGCTTCCAGCTCCA AAGCCCTTCTGTGAGAAGTATCTGCTGCTTTGTTCATCGTCGAGCTTCTT GAAGTGGTCTTCTTAGGGAGAGTTTCTTTCTGGCCGTCGTCGTCAGCAGA ATCAAGCTTTGGGCGAGAGGCCAGGGAGAGAGGGACATGCGGCGTGAGCG AGGCTTGGGATTGAGTTGTTTGTCTGGTCAATTTTTAAGTCGTTGTTGTC AGCAGAGGAGATGGAAGGAAATGAGGTTCTGGGGAGAGCAAGAGAGGCAGT TCTACGGGTAGTTGACGTGGAAGTGTGGGAATGGTAGAGGGAGTGACTCAG AGCTTCAAGTTCTTCCAAGAGTTGGGTGTTGGAATTTTTGGTGCCTGTATA TTCTGCTGCCATGATTAGTGAAGAAGCTGTGAAAATGGCAGGTTTAGGAAG AAGAATAAAGTTGGATAGATAGTAAGTGGTCTATATGCTAGCTAATA</p>						
--	--	--	--	--	--	--	--

1023	CAACTCCCACGAAACATAAAGGTAAGTAACTACTCAAAGCAAACCAGCCAGCTC AAAAAGTTGCCCTCCCTCTCTTTCAAGTCCCGAATCATGATGTTCAAGTGCT GCTAAACCCTTTTCTCTTTCTATTATTTAATTTATTTACACTGGAGCCTG CTCTTCAGTAGCTACAGTGTGCACCTGCTGTGTTTCTGGAATCTGGGGGT TGTTCACTACTGCCTTCACTCTTTTCTCTGAGTGGTAACTAAAATGTCTGA AGATATCAGCGCCAAATTTGTTGAGAAATGTTGAACAGAGTGAAGAACATGA TAACGAGGAAGACAAACTCAAAAACAGGATCTGGAATGAATCAAAAAAAT GTGGATTGTTGCAGGTCCAGCAATATTTACTAGATTTTCAACATTTGGGAC TAGTGTATCACCAGGCATTTGTTGGTCATATTGGAGCTACACAGCTTGC TGCTTACTCTTTGGTCCAGACTGTCCTTCTGAGATTCGTAATGGCATACT GTTGGGCATGGCTAGCGGATTGAAAACCTTTTGTGGGCAAGCCTATGGTGG GAAGCAATATCACATGCTTGGAGTATATCTGCAGAGGTCATGGATTATCTT ATTTGTAACATCAACTGCCTTCTACCCGTTTTCAATTTTCACTGCCCAAT TTAAGAGCTTTAGGACAGGATGAAGCTATTTCAAGAGTGGCAGGAACCAT TGGTCAATGGTTAATTCCTGTGATCTACTCATTATCTCATTACCTG CCAAATGTTCCCTTCAAGCACAAAGCAAGAATATGATTATTCATATTTAGC AGCTTTTTCTCTATCAATCCAGTGTCTCCTCTCATGGCTTTAACAGTGAA ATACAAGTATGGAGTCCCCGGTGCCATGATATCTACAATCATGGCTTTTTG GATCCCAATGTTGGCAACTTCTATTTGTCATTTGTGGAGGATGCCGAGA AACCTGGAAAAGTTTTTCCCTCCATGGCTTTCAAGGATCTTTTGCCAATAAT TTGGCTTTCTTTGTCATCTGGTGTATGGTATGCTTTGAGCTCTGGTACAA CACCATATTGATTTCTTAACTGGAAAACATGAAGAATGCAGAGGTTGCAAT TGATGCTCTTGCTATTTGCTAAACATTAATGGTTGGGAGATGATGATATC TCTTGGTTTTCTTGGCAGCAGCAAGTGTTCGAGTTGCGAACGAACCTGGGAG GGGAGTGCTAAAGCAGCAAAATTTTCGATATGGGTTACAGTGTAAACATC TTTGGCCATTTGACTTATCCTATTCATATTTCTTCTGTTTTTTCGGGAACG TCTAGCTTACATATTCACCACAAGTCATGATGTGGCTGTAGCAGTTGGTCA GTTATCGCCTTTATTAGCATTTCATATACTTCTGAACAGTGTCAACCGGT TCTTTCTGGGGTTGCTGTTGGGGCTGGATGGCAGAGCAGTGGCATATGT CAACGTGGGTTGCTATTATTAATTGGCATTCCAATTTGGAGTGGTGTCTGG TTACATTATTAATTGCAAGTACAAGGTGTTGGATTGGAATGCTAATTGG CACACTGGTTCAAACATTTGTAATCATTATAATTACATGCAGAACGATTG GGATAAACAGGTATTAGTTGCTCAACAACGAATCAATAGGTGGTGTATACC ATCTGAGAGTAGCCCTCAATCTCAGTGATCAATCAGATGTTTCTTCCCTTT TATCTTTTGGAGCTAAATGAAATGCCTGATTGCAATAGCTGTGAGCTTCTTA TAGTATGGTACGTTTGAGTTGCTTGCAGGGGTGAGAAATGGATGTTCAAAT AAATTGCATACTGGATTGTTATTAATAATCTTCCCTAAACGGATATACATT CTACTTTCACGGGGAACCTTTTATCCCAATCAGCAAAATGTATCACTATTAC ATTATTTGGAACAATGCATATGATTGAAAAAGGAAGCACTTATTGAG	XM_00253 0909.1	Ricinus communis multidrug resistance pump, putative, mRNA	875	0.67	0	0.75
1082	GTAATAATTTGGAACATACGTCATTAATCCATTCTTTTTGTTGCTTCCTCT GGTGCAAATTTAGATTGCTTGCCTTACCTTCTATGACATTATTTGTTCT CAAGCGAATATATTTCAACTAACAAAATCTAGAATGATCCACTAACAGGA CATTGTTTTTTCAAAAACCTTGAGAGACGAAAAGCTGTATTGCTGGAAGCTA ATTATGATAAAATGTTAAAAACACAGATATAAGAAACACAATTTATCTGCTG TAATGCTACTTTAGATTGCTTCTTCTGATATGCTAATGACGTTGGCTGCTT TCTGAATGAAGTAAATATGCCTTGGGGGTGAGCAAGCAAGCAGGAAAATG CCAGTCCACTCCTTGTCTCGCTTAAACAAGAAGACGTTTCTACTACTAGG TTTTAAAACATTTTTGTCAGGGAAGAGCTCCAATTTCAATTTTATGAAGG AAATCCCCTTTTGGATGCTGATTGCCAGCTCTTCTTTGCTTTCTCCAGAC CAACCCTCTCACTACTCATTACCCGGTCTAGTTGATAGACCTTTCAGCTC CAGTACGGCCAAGTCGTACCTTGGTGGCAAAGAACGGGAGTTCTGTGACCT	AK321134 .1	Solanum lycopersicum cDNA, clone: LEFL1019DH06, HTC in leaf "glyoxisomal malate dehydrogenase (gMDH)" MDH is one of the key enzymes in the	183	0.27	1E- 42	0.86

	GGAAGCT		citric acid cycle, facilitating both the conversion of malate to oxaloacetate and replenishing levels of oxalacetate by reductive carboxylation of pyruvate				
1097	CACGAATAAAACCCCTTTTGTCTTCTACATTTGGCTTCCTCCTCCGCTCTGT AACGGCTTGAAGTTCTAAGCCAACCGAAAAAGCTGAAACTAAATCAAATCC GGATCCTGATCCTGGCCCGGAGTAGTATCCGCAAATCAAATAGTAATGGA TCCGGATCAGTTGGCGAAGGCGTTCGTGGAGCATTACTATCAACCTTCGA CACGAATCGGAGCGGGTTGGGAAACCTGTATCAAGACGGGTCGATGCTGAC ATTTGAAGGCCAGAAGATTCAAGGGTCCCAGAGCATCGTTGCCAAATTGAC CAGCCTGCCCTTCCAGCAGTGCCAGCACACATCTCCACTGTCGATTGCCA GCCCTCTGGACCCGCGGTGGCATGCTCGTCTTT	AY705500 .1	Coffea canephora x Coffea congensis microsatellite CofEST-SSR05 sequence. = "moisture-stressed leaf tissue" Nuclear transport factor 2 (NTF2) domain plays an important role in the trafficking of macromolecules, ions and small molecules between the cytoplasm and nucleus.	217	0.62	4E-53	0.8
1174	CGTAACATTAATAAAACAAAAATCAAACGGAAAAATAGTTATCTAATTCACCTC AGCCTCCAAGAACTAATATCATCGTTAATTTCCATATTATAAGCATGCCTT AAAGACATGGGTCAAATTTATAGCTACTTTCAAATTCAGTTTCAAGCACA ACTACTCGTTACTTTTCAGAAAAAAGACGAAAAAGAAAAAACAAGAAG TACATTAGCTCATTGCAACAAGAATCTCCTTTCAATGCGTTAATTCATCT TACTCAGCAACTCGTTGATGTCATCCTTACGATCTCCAGAATCACCCCGT CCTTGTACCGTCTCTTCTTGCCTGCAAGACCTTTTCTGGCTTGTGAGTG CAAAAGGGCAAAGAAAATTAGAGACCTCTTAAAGTGTGGACCGACATTTG CAATCTCAGTCACAATATCTTCTAGACATATAATGTTATGCTGGCCCAATG CCTGTTCAATGATGTTGTTGCTGTTAAAGGAACCTCTGTTTTTCAAAT TTTCCACACCTTTCTTGTAAATCAAATCCTTTACACTCTTGAGATTAGGAT	DQ294270 .1	Solanum tuberosum clone 145H06 putative 60S ribosomal protein L7-like protein mRNA, complete cds	610	0.66	6E-171	0.79

	ATCCATATGTGATATAAAGGCTCCACTTTTTGCAAGATCTCCATTATTTCGTT CATTGTCCTTAAGAAAGACACCATTGAACACTCTCCTCAATCTCAAGGAGT ACAAAGTTTTCCGTGTTTTTGGATGCACATCATTCTTTTCTCCTATGCGTA TGACAAATAGAGCTTGGATTTCGGGTATCACACCACTCTGTCTATGTTGCT TCTTCTGTTTTTCATTTGGACAAGGTCCATCTCCCTGTGCGGATACTCTC TGATGAACTGCTCGGGCTTCTAATAACGAAATATCAGACTTGAGCTTCT TAACTCTCTGTCCAACCTGCTGCTTTCTCTAATTGCCCACTCCTCATTGT TCTCCTCTCTTCAATATCACCTCAGGTATATAATTCAACGGCTTCGGCT CCTCTTCCGCCATTTTTACGAATCTCTACACCACTTCAATAACGGAGAGGT AAGCGGTGGTGGCGATGGAGATGTGGCGGAGAGCGGGTTCGGAGCAAAAGT GAGAAGGGAATTAATACTGCACGAGATAGAACTTAAAC						
1255	CTTCAGCCAAATTTAAATCCACCAGGTGGAAGTTGCATATCATTCCCTCCA AAGTTGAATCCAGGCTGACCTCCATCACCAGTTGGCAACGTTTCATCCTCC TCTCCAACCAAGTATGTTTCTAGAATTTTGAAGTCTTTTTTCATAAATTTCA TTATTGTCATGGCTCTGCAAGTCTCAATCTTTTCTAACCTTCAGCTTCA TCAATCAACTGGGCAAAGTAATTAACATCTCCACTGTTGCCAAGATTTTTTC TCTACTTCCCAACCTTCAAAATATTCTCAAGCCCTTCTAAACAAACAGCA ATGATTCTTGGATCAGGGCACACGAGGAGATCACACAATGGCTTTATACAG CCTTGAGAAACCAAGTACTTGATTTGTTTATGAGTTCACCAGAGGTAGCA TTTGAAATAGCCCATGCAGCTTCTTTCTTTATGTCAAACCTCAGCAGTTTGA AGCAAATTGACCAAAGGGCAAATTAAGTGAAGTCTATCACTGCCTGAATC TGCTCCTTATTTCCAGCAGTAATATTGGAAATGGTCCAGCAAGCTTCTTTC TTGATGCTCTTTTTATGATTATGAGTCAATAAGCTCAGCAAACAAGGAAGT GCTCCATGGTCAATATACACTGAGTCTGAAAATCATCTCCTGTAACAATA TTCCCAACTGTGCGAAGTGCAGGAATCAGCACCGAGGGAGAGGGATGCACG AGTAGCTCCACAAGTCTTGGACAGACACCTGCCTCAATCAGCAGTTGAATT TTGTCGTTTGTACCATCAGAGAGATAGGAAAGAGCCAGCATGCATCAGTC AGCACTTCTTCATCATTTGAATGAACAAGACGCTGAAGTGTGGAAGGGCT GGCCTCACCTGCTCAAATGGAGGTTGTGGTTTGCCCTGCAGAAGTTTGAC AATGTCCAGGTAGCATTTTCGACAGATTGAAAGCTTGGCGTCTCATTCAAC TGTGCCAGCAAAGGAATTAAGC	XM_00227 5557.1	PREDICTED: Vitis vinifera importin subunit alpha- 1-like (LOC100248248) , mRNA [Intracellular trafficking and secretion]	987	0.99	0	0.84
1282	CTACATATCACATTTCCATTTACACTCTTCAGTCATGCAGCTTGACAAACA GACAAGTGCACCAAAGGCTTATGCCAGTATATGCAAATGAACTAATCAA GCTGAGAACCCAAGTATGGCGCATAGAATTAACCAGATTGTTTTCAAACA GATTTTTTTTCTTCCACATGAAAAAGAAACATTTAAAAAGACGAGCCAAA AGCCCCAATAAACAATAAAGTTTATGACAACCTGAGGGAAGTA ACACAATTGACCATGCTATGAACCAAGTTATCATCACATGTAGAGTCTTTC TGGAACCCCTCTTTCTTCTTGAACATAACTTTGTCTTTTGCCCTCTTGAA ATCCACATGCGTTACCTTCATACGACGCTCTTAAAGCAAGCAATCCAGC TTCAGTACATATTGCCCTTAATATCAGCACCGGAAACTCGTCTTTAGTCAT AACAAATCTTCCAATTCACGTCATCAGCCAATGTCATCTCGGATGTATG TATCTGGAAAATACGCTCCTCGTCTTAATATCTGGAAGAGGGAACCTCAAT CTTCCGGTCTATCTACCTGGCCGAAAGCAGTGCAGGATCAAGACTCTCAAT TTGTTTGTGCAAGAATCACTTTGACATCTCCTCGTGAATCAAACCATC TAATTGGTTCAGCAGTTCCAACATGGTCTCTGAATCTCACGTTACCACC AGAGTGGGCATCATACCTTTTGTACCAACTGCATCAATTTTCATCAATAAA GACAATAGAGGGTGA	XM_00226 3298.2	PREDICTED: Vitis vinifera 26S proteasome regulatory subunit 4 homolog A-like (LOC100244194) , mRNA	593	0.63	5E- 166	0.88

1306	AGATGTTCTTCCAGTTTTGCCACCCAGATTTTCATGGCCGGTGATGAACAA CATCCACAGTGCCGTGGATTGTTGCCGTCTTATATGGATCGCTGGCTCC CCATAATGGGTTCCATTGAGTGGGAAGGGCTTGCTTTTTGGATAACAAAGC CAGGGTTGAGTTCACCAGTTCGGCGATCGGAACATCGGCGGCCGCTTAT TCATCTCTCGACTGGTGCAGTCCACAGCTGGACATGTATGGATTTGTATGT ATTCGCAACGCCCTATAGGGTAACATGGGATTATTACTTTTCTGCTCGAGA ACATACATTGAAAATAGAATCTTGGGAGGAGTCTGCCGAAGAAGAATATGT AAAGCAACATGGGATTTCTGTATTTCTCATGCCATCAGGAATGCTTGGGAC ATTACTTTCATTAGTTGATGTATTGCCTTTATCTCCAACACAGTTTGGGG TCAGAATGCTAACCTGGCTTTTCTGAAAAACACATGGGTGCAACATTTGA AAGACGTCCTCAGCCATGGCGTGCAGACTATAAATCCGGATGATGTTTATT TGGTGATTTTCTAGCTGTGTGCGAAGATCCGTGGTTCGATGGGGTGGATTGA AACACTTGAGAAGTGGGTCACGGGTGCCTTTGCTGGTCACACAGCAGTTT TTTGAAAGATGAACTGGGTAATCTTTGGGTTGGAGAATCAGGACATGAGAA TGAAAAGGGAGAAGAAATTATGTATAATCCCATGGGATGAATGGTGGGA ATTGACACTTAAGGATGATTCCAATCCTCATATAGCATTGCTGCCCTTACA TCCAGATATTCTGCGAAATTTAATTCTACTGCTGCGTGGGAGTATGCAAG GGGAATGTCAGGCAAAACCATATGGTTATCATAATATGATTTTAGTTGGAT TGATACTGTAGCCGACAACACTATCCACCACCTCTTGATGCTCACTTGGTGAT TTCTGTCTATGTATGTGGACTAGAGTGCAGCCAACCTTATGCTGCAAATAT GTGGAATGAGGCTCTGAATAAGCGTCTTGACACTGAGGAACTAGACTTATA CGGGATTCTGACTGAGACTGAAAGGCGTGGGTTAAGCTTTGATCAGCTGCT TACAATCCAGAACAAGATGAATGGATATACAGTGATGGGAAATCAACGC TTGTGTTGCTTTTATTTTGGCAATGTATAAGGAAGCTGGAGTCTTTGGTCC TGTTTCTGACTCCATTCAAGTACTGAGTTCATTTCCGAGATGCCTATAT GCTCAAAATCTTTGAGAATAATCAAACGCAGATTCCAAAGTGGTGCAACAG TGGGGATGATAAACTCCCATTTGCCAGATTCTTGGTGAGTATAAAATGGA ATTGCCACAGTACAACACTTTAGAGCCATATGCCAACATGAACGAGAATTG TCCTTCGCTCCCTCCAACCTTATGAGAGGCCTATCCGTTGCTAGACTTGAGC TTCAGTCTGTATGTATTTATGTTCTCGTATGTATTTCTGTTCTCTAGTT TATTGTTTACATAGCTTTCATAAACATGCTCTACGTGTTGTGTTTGGATACT TACTGATATATCAGCCGTCGTATATAGTTTCATTTGAAATGCTCTCTTCAA CATTTGGATGTTTATTGTACCAGCATTGCAATAAATATGGAGTATCCCACT GTGGGTGGAACAATTGTCTACCTTCTGTTTTTGTCTAGTGATGCTGACAA AGGTAGC	AC225121 .2	Solanum lycopersicum chromosome 05 clone C05SLe0077B22, complete sequence	346	0.21	3E- 91	0.84
1337	TCCTCCATGTCGATTCCCCAATCCTACTACTAGTACTTCACTATTCTTACT TAAGTATCCGCGTATGTCGGCCCTATGTTACGCCAAAGAAGGAAAACTC CAAATTTTTTAAAACCCAGCAGCAGCAGCAGCACAACAAGCGGCCCCAGA TCCTTCTTCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTCAAGACAAGTCCCCAACTGCA AACCCTTGTCAGGAGGTTCTGGAAGTTGCTGCTCCATATGTTGCTACTCCTC GGATGACAAAGTGCAGGCCAGATGGAGGCTGCTTGTGATTTTCTCTCAC TTAGCAACCACCGGTATCAGTGTGGTTTTCAATTTCTCGCCGCTGACTT CTATAATGCTCTTGCCAACAAGGATCAGGAGCAGTTTACCAAGCAATTGCT ATACTACCTTGTGCTGTTTTTTCGGTTCGGAATTCGTTTTTTCGTTTTGCGAGA TTATGCAAGAGATATGCTTTTCACTAAGATGGCGGTCTTGGATGACTAGCTT TTACATGGAACGATATCTGAAGAATCGGACATTTTACAAGATACAATCTCA GTCAATAATTGACAACCCAGATCAAAGGATTGTTGATGACTTAAGTTCTTT CACGGGAACAGCTCTTTCTTTTTCATTGACAATCTTCAATGCTGCTGTAGA CTTGATTTCTTTTAGCAACATCTTGATGGCATCTATCCACCCTTTTTGT TGTTCTTCTGTCTACTCACTTGCTGGGACAGCCATAAGTATTTTCTGGG AAAGGGTTGGTGACCTTGAACCTTCTGCAAGAGAAAAAGAGGCTGATTT	XM_00231 5061.1	Populus trichocarpa peroxisomal membrane ABC transporter family, PMP family, mRNA "ABCD_peroxiso mal_ALDP; Peroxisomal ATP-binding cassette transporter (Pat) is involved in the import of	739	0.39	0	0.81

	TCGCTATGGGCTTGTACGGGTACGAGAAAATGCAGAATCAATTGCGTTTTA TGGTGGAGAGGAGAATGAGATGCAGCTGCTGCTGCTACGTTTCAGAAGCGC ATTTGAAAATCTAACTCAACTATTGATATCTCCAGAAAATTTGGAGTTCTT CACCAATGGCTACCGCTATCTTATACAGATTCTTCTGTAGCAGTTGTTGC ACCTATGTATTTCTCTGGTAAAATTGAGTTTGGGGTTATCAATCAATCTGT ATCAGCCTTCAATCACATTCTGGAGATTTCTCCCTGATTGTGTATCAGTT TCAGGCTATCAGTGCCTTTTCAGCCATCATCGATCGATTAGGTGAATTTGA TGAAATCTTGGATAGCCATAATTTAGAATGCAATCTGAATCCATGGAGAA AATTCTGCTTGAATTTCTGCAGTATAAGTGAATGGCTACCCTGGAACTAA TGGATCTTTCCCCCTGACAAGTCTATAAAGTTACTTGACATTGAGCACTT GACCTTCGGACACCAACAAGTGAACAACACTTATAAGTGACTTGTGCTAGT TGAGATATATGAGAATGATCATTGCTGGTAGCGGGTCTAGTGAAGTGG CAAACATCATTATTGAGAGCTCTAGCAGGTCTTTGGAATTTGGTTCATGG AAAAATCACATTCTACACAAGGGATGTTAGAGATCCTCAGCAATCCATTCC TCAAGAGCTAGTTTCTCATATGGTAGCTTCTACACATGAGACAGATGAAAA GCTGCAAAGCCTCAGACATAGAAGCTCTACAGGTGATTCTTCCCTTCCCTCA GAAACCATATATGGTGCTGGGAACACTTCGTCAACAATTACTTTATCCTGC TTGGACTGAAGATCCAACGCTTTTATTTGATGCTGCTAAATCTACAGGTTT TCTACCATCCCCTATTCGTGTCCCAAGCATCAACTGCCAGAGCATGAGAAC TGAATATCCCACAAACGATGATTTAAGACAAGTTCTTGAAGATGTTGGGCT TGGGTACCTATTATTACGTTTTAACAGTTTAGATTCCATAAACGAGTGGTC TAATGTACTTTCAGTGGGTGAGCAGCAACGCTTTCGATTTGGACGCTGTT GCTCTCAAACCATACTTGGCTCTATTGGATGAGGCTACAAGTGCATTGGA TGAAGTAAATGAGGCTAATTTATATCAGAAAATTTGAAGCTGCTGGTATCAC ATATATAAGCATTGGACATCGGAGGACGCTCTATAAACCCATAGGAGGGT CTTGCGTATATCTACCGTAGAACCATTCAGTGCCAGCGAAACTGGTACAT TGAACCCATCAGTCTAGATAGGGTGTATGATTTGTCAAAGCAGTAGTTATA CGGGTCCAACCGAGCAATTACTGCCCATGTTATGTGGACGCAGAAAATAGT AGAGTCTTGAGACGAAGTTGTACGTGGAAAATGTAGAGATAAAGCTGCGTT ATGTCCTTTTTTATTGGTTCCATATTTGCAACAGCAACTAGGTGGGTACAT TTGTAGGAGTACTATTGGTTTCCCTTCACTCAATTATTAAACCCTGTTAA TACTTATTCAAAAATTAAGACAAAAAATAGTCATTTTTTTTAGCAAAAATAGA TGAAGTTTATA		very long- chain fatty acids (VLCFA) into the peroxisome. The peroxisomal membrane forms a permeability barrier for a wide variety of metabolites required for and formed"				
1358	CGCACACACACACACTCTCTCTCTCTCTCAGACTTTCTTACCTAC CCGTTCAACCCTCGGCCCTCTGAAGGGTCCCTTTGTTTTCTCCTCTCT GATCTGTAGTCATTGTCTTCGGAATTCGGCAAAATATCAAGAAGAATCATC AACAACTTTCAGACCATTCTTGCACGAGAAAATTTGACATGGCATCCTTTTCG AGCTTTCTTGAACAGTCCAGTTGGTCTTAAACCACACATTTCTGGGGACC TGTAGCCAATTTGGGATTTGTTGTTGCGGGACTTGTAGACACGCAGAAACC CCCAGAGATGATATCCGGCAATATGACTGCAGCTATGTGCATATACTCTGC ACTGTTTATGAGGTTTGCATGGATGGTACAACCTCGCAACTATCTTCTTTT GGGATGCCACGCCTCAAATGAAACAGTGCAACTGTATCAACTATCACGCTG GGCAAAGGGCCAAGGGTACTTGCAGTCAAAAGAAAACAAGGCTGCATCCGA GTGATCTGGTTCTACTCTTTGCTTTCTTTCTGTATTTTTTAAGTCTTTATCAT CTGGGTGGTTCTTCGAGCTCTTTGAAACCATTTGTATATGGTTAAACATCA GACAAGCAAAACAGGGCGGCATATTCTATCGTTTTAGTGTACTGAATGTGT AATAATGAACTGGATGAGTAAAAAAGCAATGAATTTGGATTCAAGTAAAA AA	XM_00251 1173.1	Ricinus communis Brain protein, putative, mRNA	241	0.39	7E- 60	0.82

1359	CGATGAGACCTCTCCCCTACCACCATCTACCAAAAATGGCCACCAATAATT CCCGTGCCCAAGCATATGATCCTGAACTTGCCGTCTCCTATGCTCCTTTGC CAGACCAATCTCAGCCCGAGGTCTCATCGTCCCTCAGGTCAAAGTAGACACC CCATTAAGTTCTGGCCGGCTTTTTCTCTCCTCGTTATTTGTAATTGGCT TAATTTTAAACGTATTCCAAGGACAACAAGAACCTCAAGCTGATCAATTGA CCAATGCCAATCTAGACAAGTCTGTCCCCTCAACATCTGTGTCTCCTCATG CTTTGAATCCGCGTCAAGAGGGGTGTCTCAGGGTGTCTCCGAGAAGACTT TCCGGGATGTCTGTACTAATGATATCTATCCATGGACCAATGCTATGT TAACGTGGCAAAGAACAGCTTACCATTTCCAACCCGAAAAGAATTGGATGA ATGATCCTAATGGTCCATTATATCACATGGGTTGGTACCACCTTTTCTACC AGTACAATCCGATTACAGCAATTTGGGAAACATCACGTGGGACATGCAG TCTCGAGGGACCTAATCCACTGGCTTTATCTACCTTTCCGATGGTTCCAG ATAGGTGGTTTACATAAATGGGGTCTGGACTGGTTCAGCCAGGATCCTGC CTGGTGGTAAATCGTAATTTATATACAGGGGACACTGATGATCTTGTGC AGGTGCAAAATCTGCATACCCTGCCAACCTATCTGATCTCTCCTCCTTG ACTGGATCAAGTACCCGGATAACCCGGTCACTCGTCCCTCCGCGGATTTG GTAAAAAGGACTTTAGGGACCCGACCCTGCATGGCTTGCCCGGATGGTA AAAAGTGGCTGGTTACTCGGGTCAAAGTTAATAAAACGGGCATTGCGC TGGTGTATGAAAACAGTACTTCAAAGCTACCAGTCCAGTGGGGTTC TACACGCGTTCTCATACGGGAATGTGGGAATGTGTGGATTTTACC TTCTACTGTGGAGAAAACGGGTTGGATACATCAGCTAATGGGCCTGGTA TTAAGCACCTTTGAAAGCAAGTTTAGATGACAATAAGCATGATTACTACG CACTTGGGACCTATGATCCGTATAAAAATGCATGGACTCCGACAATCCAG AACTGGACGTGGGTATCGGGTTGCGTGTGGATTATGGGAAATATTACGCGT CAAAGACATTTATGACCCGAATAAACAGAGAAGAATTCTTTGGGGTTGGA TTGGAGAAAACGACAGTGAAGCTACTGACCTCATGAAGGGTGGGCATCAG TTCAGACTATTCCAAGAAGTGTGGTCTTTGACAAGAAGACAGGTAAAAATA TACTTGAATGGCCAGTTGAGGAAGTGGAGAAATTTGAGACTGAGTGTACTG AATTTGATAACGTCAAGCTAGAACCAGGATCTATCGTACCCTGAATATAA GCCCAGCCACTCAGTTAGATATAATTTGCTTCTGTTGAAAGTGCACAACGAGA CATTAGAGGCATCGGTTGAAGCTGATGTGGATATAACTGCACCACAAGT GTGGCGCTACTGGCCGGGGCAAGTTGGGACCGTTCCGGCCTTCTAGTTTTAG CTGATGATCCCTTTCTGAGTTAACTCCTGTATACTTCTATATTTCCAAAG GCACTGATGGGAGTACCGTACTCATTTCTGCTCTGATGAATCAAGGTCAT CAGAGGCACCCGATGTTGGCAAACCTAGTTTACGGAAGCACGGTACCTGTTT TTGAAGGTGAAAATTTGTACGCGAGGTTATTGGTTGATCACTCCATAGTAG AAAGCTTTGCTCAAGGGGGCAGAGCAGTCAATCACATCAGAGTTTACCCAA CTAAAGCAATTTATGGAGCAGCAGTCTCTCTTTTTTCAACAATGCCACGG GAGTACTGTTACTGCATCTGCCAAGATATGGCACCTGGAATCAGCAGATA TTCGACCCTTTCATCTGTAGTAAATACAAACCAAGTTTTTCTCAATTCAG ATCTTGTAGTAGAATCCCCATATTTGTAGTATAGTGAGTGGTCCATTTT TGGCATAAGTCTGCCTATGCTTGACTATCCTAGCATAGGCACACTTCCAGC GGGCAAGATTTATTGTACTCCTCTCCAAAATAACACGTTGATAATATTGAT ATATAAC	DQ834315 .1	Coffea canephora vacuolar invertase (Inv2) mRNA, complete cds Differential regulation of grain sucrose accumulation and metabolism in Coffea arabica (Arabica) and Coffea canephora (Robusta) revealed through gene expression and enzyme activity analysis	1753	0.87	0	0.83
1361	AAAGCAGCAGCGAAAATGACTTCATTAATAAATGACAATACAGAATGTCA AATACCTCGCACTACCAAAAGTAAAAAAGAGAAACAAAATTAAGCAAGCA AGCAACGCAAAATAAAAAGACCTACAAGGAAGCTAAATTTGGCAGAAACCAT AGCCCTCTGAAAACATTTTCAATCGAGGGACTAACAGCAAAGACAAAAC GAAGCCTCTTCTTTTACACGATTATCTCAATCACTTTTATTCAGCTCCCT TCCAGGAACCTCGCTCAGGTCCCGCAGGCATCTACTCAACAGCCAATGGCA CAGCTTACGCAACTTGGGATACTTGGAGCATAAAAACATTTCAAGATAAC	AM087674 .1	Coffea arabica mRNA for sucrose synthase (sus1 gene)	3315	0.84	0	0.9

	<p>GACGGATCTCTTGGCGGTCAAGCTTGGAAACATATTTCCAGAATCCATAAA CTCCAGCCAGCGTCAACAACCGGTGAGAGTAAATTTGCCAGGTGACTTCT CCTGGATACGCTTCAGGCCTCCAGCTGAAATGGTGTCCCAATAAGCAGGCT CTTTCTTGCACCTTTCAAAGAAATTGACAAGGAGCTCGGCAACCTGCTCAC CATGATACGGATCAATGTGGAAACCAGATTTCCATGAACAATGATCTCAG CAGGTCCACCATGTAGTGTAGCAAATGTTGGCAAGCCACAAGTCATGGCCT CAACCACTGTCAAACCAAATGCCTCATAAAAATGCAGGTTGCACAAAAGCAC CCCCCGTGTGAGCAATGCACCGGTAGAGTTACCATTCCCTACCCTATTCA TCTGAGAAGAAATCCATCTGAATTGGCCATTTAAGTTGTAAGTTTCTATGA GCTCATAACATCTTCTTCATCTCTGCCTGCTCTTCCAAATCCTTGGATTCCCT TCCTCCGGTCTCCACCAACCACGACAAGATTGACCAATCCCTTAGCCGTG GGTTCTTAGCATACAATTCACAAGCCCTGTCAAATTTTTTACGCGGTCCA ATCTTGCCATGGTGAATAAAAATGGGCTTCTTCTGTCTTTTAGCACACACA GGTGTTCCTTATTCTCGACTCACTGAAAAGTAACTCCTCAATTTTCAGGAT GGAGAAAGTCAATCTCTTTTCTCTCTGTATGTGGGTAATAAAGTTCA TATCAGCTCCTGGAGAAACAATGTTGAATTTGGGTCAAAAACATCAATGC CATGTACAACCTGTACAATCCTGGCATTGTGAAGGCCATATGGCTTTCAT ACTGTCCAACAGTGTCTTTGCTTCCGGCTATTTCTTGGAAAGTGTAGTGA TGATGAAATCAGTATGGTTCATTGCAATAAGATCAGCAGTGAATTGGCAG AGAAGTGATACTTCTCATCAAATTTATTCAAGTAAATATCAGAATCAGGGT ACTTTGTTTTTCCAAAGCATGGGCAATGGTACACTGTGTTACACCCA TGTGAGCAAGTAAGGAGGCCAACAAAGTTACCTCACTGTAGTTACCAATA TCAAGTCTGGCTTTGCCTGTAATTCTGCAGTAACTTCTTTTGAACATCCT CAGTAAATGTTTCCATGTAAGGCCAAACTTCAAAGCGGGAGATCCATTTAC GAATAACCTTCTCAGTTCTGAAGGGAACCCTAAGGATGTGAGAATACT CTGCTCCAAATACTTTCTCAAGTCGTTGACCACAAGTGGTCCGGGTGCAT CAGGCAGCAGTCTAGTTATAATGAGTATACGCGGCTTGACATCAAGTCCTT GTTCTTTTATCCTTTTAAAGCATCTCACGCTCCAAGGCAGGAACTTGATCCA AAATGTAACAACCTGGCCACCAGTGTGAGGATAGCCCAATACATTTTCTT GGGCAAAGTATCCATGGGGTAAAAGGATAACAACATTGAAAACCATAGGTA TTCTCCCTAGGAATTTCTCAAGAGTGCAAGTCCGGGAGCCTCCAGCAGAT CCAGAAGCATACAGATCATCTCCAAGACACGCTCAGCAGTATCACCCCAAC CTCTCTCCAATCCAATTTCTTGAACCTTGTGTTCAAAGTCCGGAGTATGGTG TTTCTGAAGGGAGAGTCGTTAGATACTCCTCTGCCTTCCCTGAGGACAGCTT GGAGTGTGTTTAGTCTTGTATTCTGTCTATTGACATCATTGTCTTGGCCT TGTAATCGTGGACACGAAGAAAATCAAGAAGAGGGGCCATGCTATCCTTGT CATGGAACATTTTGCAGAGAGATGCCTGTTGAGGAACTCACTCCATTGC CAATGGACTTTGTTAGAGTTGGCTTGGGAAACGATGCAGTGAATGGTTTGA AATCCAGCTCCAGGACGAAGTTACCATTGCGGCTTCCATCCAGGACTCTT CTTTGAAGTGCAGGAACTCTGGCACAGTCAACTCCTCAACAACAAGTGCAT GAACGTTGACTCGGACATATCCCAGACACCAGGCCTAAGACGAATAGCAA GTGCAACCCAGGAGGCAACAATTTGCTTCTGAGTGGACTTCAGAACTT CTTCAAAGCATGATCATGTATTTCTGTGACCATCTTTGTTAATTTCTT CAAACCTCAGCCAACAGCTGGTGGGGTTTCAAGATTCTTTTCCATGGTTTT CAAGCCTTGACATAAACAACAAAACCTCGTTGCGGTGAGCAGCCAAAGTAG CATCAAGGCTTTCACGGAGGCTGTGAACCCGGGTGAGAACGTTCCGGCCA TGGCTGTCTGATGATCAATTAACGAACCTGAGACGAGTTTCAACTTAGGA AGGAAAAAGCAGAAAATAAGGAGCGAGAGCCAATGGGGGAGGGGAGAAGCC CCAGAAAACATGAATCAAAGGAAAAAAGAAAAAAGAAAAGAAAAGAACGAAC GAACGAACGAAAAAGAGTAACGGAGTCTCCAAAAGAGAGACGAATGAAG</p>						
--	--	--	--	--	--	--	--

1396	TTTTTGGACAATCCAAAAATAAAATCACTGTATCATAAAAAAATTGGATA ATTACATCAGAGTTTGAATTACAGCAACATCTGCCAAAAATCAATGTACGTT GTACAACATTATCGGTATACAACATTGAACAAACAATCCTTAAAAAATG TTTACTGTCTTACATACCTCTTCAAAAAAATCCCAACAATCAAAAATCCT TTAGGTCCACTTTCCTTTAAGACCACAGGCTGCTCAACCATTTAAGGCAG TATTTTGCATTTCCCGAAACTTAGGAACGCTTCTCAAGTCCACCTTAGTT CCATCTTTCAAAGTAATGATAATATCACCCCATTCACCAATAAATCTTGGC ACAACCTGGACATCTTTAATCACCTTATATGAAAAATCACTTCTATCTTGA CCAGTTAAGCCAGAAATAACTGTGACCCTCAGATTAGTAAACCTATACCTC AAGAAAAATGCCCTCAAGACAGCTGCTAAA	XM_00252 0066.1	Ricinus communis conserved hypothetical protein, mRNA	241	0.59	5E- 60	0.79
1466	CAGCAATTCATCTAATTACTATCCCTATAAGAAAGATACATCATAGCTCCA CGTTACACTCTATTAGTCATCAATGGAGCCTATCAGATAGTTTCTCAGAAC TACTATCAAGCTTCGTCAAATTTGTGTTGTAATATTAGAGGACTACTATGC CAGTTGAAGGATTTAATCTTAGTAAAAACAGCAGAAACAGTTAAAAAAT CAGCCCAATTAGAGAATATCCAGCATCTACAAGGTTATTTATTCACACAAT AAAGCAGGAAATTCGTACAAAGTTTGATGACGAAACACAAGGTCATGAGA TTGTGAAACATAGAGATTAGCCCTAAACGGAATCTCATTGCGTCCCAACC TCACCAAATGCTGCTGATGTTTTGCAGCAGCTGCTTTATCAGCGGCTTCAC GCTTCAGAGCCCTTTAGCCCTTCGCCAACTGCTACTGATTCTTTTGCAA CTGCAGCTTCTTCTTCTTAGGCTGGCGAGATGGTCCAGTGCAGGGTCCCT GGACATTAGGACGATGAACGGCCTAGCTTCTGCCTTCTGCCCGAACAT AACCATTGTCCCCCATCTTCTATTACCAATACGTAGACTCGATGAACACT CAAAGTAAACCTCATCTAGATCTTCGTATCCTCATAGGAATAAAAGTATT CCATTTTCATCGTCCACATCATACTTTTCATCCACAATCAATGGCTTAAACC ATGAGGCCCTAAGGAGGAGACACACTCTCCTCGAACATGTAATCATGAA TGCTGCCATCAAGAGAACGATGGATATTGAGAAACTCAAATGGATGTTTGC ATTGGGGGCAGGTAGGTTCCCTTCTTGTATGTTGCCAACGTAATAATGCAGG TCATACAGTAGGCATGCTCGCAACCTTTTACAAGTGCAGTTTCTGGAGCA TAATCTTATCCAAACAAATTCACAAACCCATAATGATGGAACTGTCAT TGCTAGCACTACTACTACTACTCCCACATCCACACCCACTTGGGCTA CCATTGAAGTTATTTCCCTCAGCTGTGCCTGTGATACTACTCTTCTCCTTCC TCTCATTCTGGTCTTGGATGGATAGATCTTGAAGAGAGTCCGGTGAGTTGTT CGATGGTTGTTGTAGCCATGGAAAATGAAGATAATCCTATGAGTTGCAAA GATACGATCAAATTAATAATGGTTAAATCTACCGATTTATATATGAAAAATA CTAGTGTGGTCAATATAAAGAACGGAAGAAGTTTGGCAAGAGAAAAAAGA GATGCTGACGAATTATTCTCGATTCCAGAAGGAGAGAGAAGGAGAGCGGAG GCCCTCTCGAGTTGGGAAGGGTGG	XM_00229 9945.1	Populus trichocarpa predicted protein, mRNA	298	0.44	8E- 77	0.76
1568	ATGCCATGTGTATATCCATTAATTCGTATTCGTTAGTGGTCGCATGTACA AAAACAGTCTATATCTTATCAAAAAGTTGCGTTTCATTATTTGCTCTGACA GATAATTCCTTCCCGTGCTGTCTATCACAAAATGTCTGTAGGCTGTCCCA CTTGTTTGCCTCCTAGTAATTGCTATGGAATTGCAAATACTCAAAAATAAAA CAGAACCAAGTGAAAAAAACCTCAAGAATAAAGCTCCTCCGGAAAAAAGAG CCATCCTTGACTCTTTCAATTTCCCAAACCAATCATTGTGAACAAAAATAGC CACATCAATCCATTGTAGTTGGGTTTCCCGAGAAGATTAGTCAGAAGGCC AATCATCATCTCTGGCACTACAAGTTTATCAAATTTCTTCTGACGTCAGAAC TCCAGGTTTAAAGGCAGCATCCTTCAAAGTACTTCCCTCCTTGTGGGCTTT CTTAGCAACTGCAGCAGCATTATCATACCCAATTTTAGGATTTAAAGATGT GACCAGCATGAGTGACTCGTGTAAATAATTTAGAAAATCTTCCCTGTTGGC CTGAATTTCCCTGATGCAATTTCTTCAAAGAGGATGATGCATCACCAAG CAATCTCAAGGAGTGTAGCAGACAACCTGGCAATCAGAGGCTTGAACACATT CAGCTCAAAAATGGCCATTTGATCCGCCACTGTGATGGCCACATGATTTCC	XM_00252 3087.1	Ricinus communis aspartate ammonia lyase, putative, mRNA	1185	0.62	0	0.82

	<p>CATAACCTGGGCACAGACCATGGTGAGGGCCTCACACTGGGTGGGATTTAC CTTCCCAGGCATAATACTACTGCCAGGTTCAATTTTCAGGAAGAATGAGTTC ACCCAGGCCACAACGTGGACCACTCCCCAATAAACGAATATCGTTTCCAAT CTTCATGAGAGAAGCGGCAACTGTGTTTAAAGGCTCCACTAGTTTCAACAAA TGCATCATGAGCAGCCAGAGCTTCAAACCTATTTTCAGCTGTTACAAATGG TAACTTTGTCTCCTCTGCCACTGCAGCGGCAATTTTACATCAAAAACCTTT CTTTGTGTTCAAACCAAGTCCCTACAGCTGTGCCTCCTTGGCAAGCTGATA CAGGGCAGGAAGGGTGCACAAGACTCGATCAATCCCGTACTTCACTTGCCT TGTATAACCGCTAAACTCTTGTCCAAGGGTCAAAGGTGTTGCATCTTGAGT GTGGGTACGCCCAATTTTACAATGTCTTTGAATTCATTTGACTTTGAATG CAGTGTGGTATGCAACTGCTTGAGACTTGGTATTAATCTTGAATTTACTTC CATTCCAGCTGCAATATGCATAACAGTTGGAAAAAGTATCATTGGAAGATTG AGATCGGTTTACATGGTCAATTTGGATGCACAACTTCTCGCCACACTTGTG GCCTAGGATTTACAGCAGCTCTATTTGCAATAACCTCATTGGCGTTTCATATT ACTTTGAGTACCATTCCAGTTTGCAGACCACCAGGGGAAAATGATCATT TAGTTTTCCCTTACAGCAACTTCTTGTGCAGCTTGCATTATTGCCTTCCCTAT GGAGGGATCAAGGCCATACTCTATGTTACCTTGGCAGCACATTTTTTAAG AATGCCAAATGCACGAATTTTGGTTTACAGGCAATTCGTTCTCGCTCACCACC AATATCAAAGTTTGAAGGGATCTTTGGGTTTGGCCCCCAACAATTTGTC GGAGGGAACAAGAATGGGTCCAAATGTGTCTCTTCCCTCCCTGAAAAGATGT TGAGAACCATCTCAATAACGTAGTCGTCTGTCTGTCTGTCTGATCCCCTGGA TAGTCGCCGGGACGCTATCAACATCGCCATTTTCTGAAGTCAAACAAAGAG CCGCCGGCGGTGACGTGTCCCCGATCAACAAAATCTAGGGCAGGGCACCTG ACCCAATACTGCCACAGCCACAATTCAATTCATCGGGATTACTTTTATACC CTCTTCGAATTTAAGTCTAGTCTGGGAGTTTTGATTTGGGAAGAAAGG AGCCGGTAAAAAGAGATTAATAAAAGTAAAAGGTTTACGAGAAAAAGCGGATT CACATCAGTTCGCTATCTGCATGCC</p>						
1639	<p>GCTAAATTCACGGTGTGGGCAAAACCCCGCTCCCCGTTCTGGTTCTTGA TATTTTGTCCATTCTCTCTCTCCTTTTCTCTCTTAAAAGTTGAAGCAATA TTTTTCATCATTTTGTGGGATGGCGGGGAAAGTTATGCAAGTGGTTTCGC CAGCATTTCTATGGAGGTGGAGCTGTGCTTTGAAGCATGTTGAAGTTCTT CTTCCCTTCCCGGTAAAGGTGAGATCTTGTCAAATTTGGAAGCAACAAGT CTAAATCCGATTGATTGGAAAAACAGAAAGGCATGCTCCGACCTATCATG CCTCGCAAGTTTCTTATATTCCTGCAACTGACGTAGCAGGAGAGGTAGTG GAGGTTGGACCTGGAGTAAAAGATTTCAAAGCTGGCGAGAAAAGTTGTGGCA TATCTTAATCATCTGAATGGTGGTGGATTGGCTGAGTATGCTGTTTTCAAAA GAGAGCTTGACTGTTCCAAGGCCAGCTGAAGTATCTGCTGCTGAAGGTGCA TCTCTTCCCTGTTGCTGGTCTTACAGCCCATCAGGCTCTTACCCAGTGTGCT GGCGTTAATCTTGATGGTAGTGGGCCACAGAAAAATATTCTGTACAGCT GCCTCTGGTGGGTGGGTCACTATGCTGTTCAACTGGCAAAACTGGGAAAC ACCCATGTCACCGCCACTTGTGGAGCTCGGAACATTGATTTTGTGAAGGGC TTGGGGGCTGATGAGGTTATGATTATAAGACTCCGGATGGAGCTGCTCTT ACGAGCCCATCGGGGAAAAAGTATGACGCGGTGATTCACTGCACAACGGGC ATCCCGTGGTCAATATTTGAGCCCAATTTGAGTCAAATGGCAAAAGTTATA GATCTCACTCCCGCCCAAGCGCCATGTGGACCTTTGCTGTAAGAAATTTG ACTTTTGCTAAGAAGCAATTTGGTGCCTTTGATTATGTTGCCAAGAGGGGAG AATCTGGATTGCTTGTAAAGTGGTGAAGAAGGGAAACTCAAGAGTATA ATTGACTCAAAGCATCTCTGAGCAAGGCGGAAGATGCGTGGGCAAAAATT ATGGATGGCCATGCTACTGGGAAGATCATCGTGGAGTCCATAGATGAAAAA GTTAAGTGAATTTGGGGTGTTTTAAAGTGAAGGGTTTTCTGTGCAGAAAGC ATGATAACTAGTACATGTGTTTGTGCTGTGCAAGTCAAAGAGTAGT</p>	FQ380765 .1	Vitis vinifera clone SS0ACG33YF07 "quinone- oxidoreductase homolog, chloroplast- like [Vitis vinifera] "	628	0.73	2E- 176	0.79

	ACATCTTGTCTTCTATTTGTTGACAAAAAATTTCTTTCTTTAATCGGATT ATACATTGAAG						
1670	TATTTGCGAATGCTGGTATGAATCAATTCAAGCCCATCTTCTTAGGTA TTGATCCAAACACTCCCCTTAGCAAACCTCACCCTGGGCTTGCACACCCAGA AATGCATTCGTGCCGGTGGCAAACACAATGATCTAGATGACGTTGGCAAGG ACACTTATCACCATACTTTTTTGAATGCTTGGAAATGGTCATTTGGAG ATTACTTTAAGAGGGAAGCTATCGAATGGGCTTGGGAGCTTCTCACAAAGG TTTATGAGCTACCTGCTGACCGAATTTATGTAACGTATTTGGTGGGGATG AAAAATCTGGCCTTCCCTGCTGATTTTGAAGCAAGGGATATCTGGCTCAAGT TTCTTCCAAATCAGCGAGTTTTGCCTTTTGATTTCTAAAGACAACCTTCTGGG AGATGGGTGATACTGGGCCATGTGGACCTTGCACAGAGATACACTTTGATA GGATTGGAATCGTGATGCTGCATCATTCCGTTAACAATGACGATCCTACTG TTATCGAGATATGGAATCTTGTTTTTATTCAAGTCAACAGGGAAGGTGATG GCTCTTTGAAACCTTTACCAGCAAACACGTTGATACCGGAATGGGTTTTG AAAGATTAACCTCGATTCTCCAGAACAAGATGAGCAATTTATGATACTGATG TGTTCTTGCCAACTTTGAGTTCATTCAACAGGCAACTGGTGTCTGACCTT ACTCTGGTAAAGGTTGGAGCTGATGATGTGGACAATGTGGACATGGCATA GGGTTGTGGCTGACCATATTAGAATCTATCATTGCCATTGCTGATGGAG CTTGTCCAGGTAACGAGGGTCTGAGTATGTACTGAGACGATTTCTTCGTC GAGCAGTCCGTTATGGTACTGAAGTCTCAAAGCCAAACAGGGCTTTTTTA GTGGTCTGGTAAGGGTGGTTGTGAAAGTATGGGTGATATTTCCCGGAGC TGCGGCAATATGAAGTGCACATAAGCAATACGATTGCTGCTGAGGAAGCCA GTTTTGGCAGGACCCTTCTTCATGGAATTGAGAAGTTTTAAAAGGCTGCTC AAGATGTTCAAGGAAAGACATTTAGTGGACAAGATGCATTTTTGCTATGGG ACACTTATGGCTTCCCTTTGGATCTTACTCAGTAAATGGCTGAAGAAAGAG GCTTGTGGTTGATGTCAATGGTTTCAATATTGCCATGGATGAGGCAAGGG AAAGATCAAGAAATGCTCAGAATAAGCAAGCTGGTATTGGTATTGTGATGG ATGCTGATGCTACCACAGCTTTGCGCAAGAAAGGGGTTGATGCAACAAATG ACATATTTAAGTATATATGGTTTCAGGATCATGAAAGTGTGATAAAAAGCTA TTTATAGGGGAATGAGTTCTTTGAAATTGCTTCTGGGGATTCTGAAGTTG GTATTATTATGAATCTACAAGCTTTTATGTCAGAGCAAGGTGGTCAGATAT ATGATACTGGATTTCTTGAAGTCCATCAGGATTGTTCCAAGTTAGTGATG TTCAAATCTTTGGAGGATTTGTGTTCAATTTGGGTCTTTCTGTGGAAAGG CTGATAGCTTTGGCATTGGTGATAGAGTAATTTGTAAGGTTGACTATGATA GGCGTGCCCTTATTGCTCCAAATCATACCTGTACACACATGTTAAATTTTG CTCTGAGGGAAGTACTTGGAAATCATGTTGATCAGAAAGGTTCTATTGTTT TTCTGAAAAACTGAGATTTGACTTTTCTCATGGTAAGCCTGTAAGCCTG AGGAACTTAGAAAAATGAAGGTATTGTGAATGAACAAATTAAGCTGAAA TGGATGTATACTCAAAGGAGGCAAAGTTAGCTGAGGCAAAGAGCATTAAATG GTCTACGGGCTGTTTTGGAGAAGTTTATCCTGATCCAGTTAGAATAGTTG CAATTGGTCAAAGTGTGGAAGATCTGCTGGCTGATCCAGAGAGTGA AAAAT GGTTATCAATATCTGCAGAGCTCTGTGGAGGGACGCATATTTCAAATACAC GAGAAGCCAAAGCATTGCTCTTTTATCTGAAGAAGGAATTGCTAAGGGAA TTCGTAGAATTACTGCTGTTACGAAGGATTATGCTTCTATGCTATGGAAT TGGCTTCCCTAATTGAACAGGAAGTGAATGAAACATTTAAGACTGAAGGAA GCTTACTGGAACAGAGAGTCACTAAGTTGAATGGTCGGGTGGAAGGTGCTG CTGTTCCAACAGTTAAAAGGCTGATCTTAAGGCCAAAATTTCTGTACTTC	XR_13985 8.1	PREDICTED: Vitis vinifera alanyl-tRNA synthetase- like (LOC100251111) , miscRNA	1760	0.82	0	0.79

	AGAATCAAGTCATTAAAGCTAAAAAGAAGATTGCTGAAGAGAATATCCGGA ATGCTGTTAAAGTTGCATTAGAAGAGGCAGAAGTTTCTTCATCTGATGGAA AGGCTTACTGTGTAAGTCAATGTTGCTGCAGATACTGCTGCAATCC GCGAAGCTGTTGTCAAAGTGACGGAGCAGAAGGGCATGGCAATTATGGTTG TCAGCAAAGATGAATCTGCGAACAAGGTTGTGGTCTGTGCTGGGGTTCCG AGAAATGTGAGCAGTACAAGCAGCTGGATGTAAGGAGTGGCTGACTGCAG CTTTGGTGCCTTTGAATGGAAAAGGTGGAGAAAAGGTTGTCTTGCTCAAG GCCAGGGATCTGATATATCACATGTGGCTGAAGCGATGGACATTGCGGCTT CTTTTGCTTCGATGAAACTGAATTGATAGACCACTTCACTCAATACATCAG CAGAAACCTTATGTTGGCTGATTCTGTGATAAAGGTAATTGTTGTTTATGA GTTGGGAAGCCAAAAGAATTCTTGTCAATAAGACATATTTACCTAATTA TGATGAAATTGTAAGAGTCAGCGAAGAGCCAAGAGCAACCCAGTTGTGTAT TTTTGCTACCAGCAGGAGTGCAAGAGAACAAGACATTTGGTGAATTCTTG ATCAATGTTTCTTGATTTCTAGTGAAACTTGTTCGTCTGGATCGCTTAC ATCTTAACTTGCTTTCCATGAACACTGGTGGCAACCTTTGTATTGGATTG CCAGTGAATTATTTGACTTGACATTGGGAGAAAAGATGTCTGTATTGACAT CGATGAGGTTTATCTCTGCGGAGGGCAATGTACGCTAAGACAACATATA CCCACACCTCGGAGTGCAAGGGCATTGGTATTCTAATGTATTGAATTTTGT TTTGTCTCTTTCTTTTCGGGGGCAAGTGATAAGTAACCCAGATTACTCC CTCTCTATCAGATATTATAAATTGTGAAAACGGAATAACATTTAC						
1714	TTTTTTTCAAATAACTTCCACAGACTTTAATAGAATCCAGCTAGAGGAAA GTTGCAGCAGTCTAGACAATGCAGTGGACAATTTCTCACAGTAATCCTTGT AAGGATTGGGAGTCAATCGAAAACCCACAATTACTCCAGATAGAAAAGATA ACAATTCATAAATACTTACATTTTGTTCAGCCAAAAGAGTTACCAATCAA TAAAGTATGGAAGTAAACTAGATAGCTTGTGTTGATTGGAGGCAACCA TTTTCTTGCATACAACCTCAGCCATTTTATCAGGAAGGGTAAATTTCTTCTC CAACCCTGTACTGTACCTTAATGCATACAATAACATGCTATATAAAATCGG TAACTCTGATCCAAGAAACTTGTCCCTGTAGCTAAGAACTACAAGCCACG TCCACGCCAACACCTTTACTGCCACCAGACTGCCAGCTGGTCCCTCCCTT ACCCCTGCCTCCACCTCTGGCAGCTCCATCATCAATACCAGCCCAATTCC TTTTCCCTGCTCCCCACAGCACCATCATCCCTACCTCTTCCCTTCTCCACG CCCAACACCTGGTGGTTTTCTATCTGAACGGCTCTTTGTTTCTTCTTGAAC TTTATCAATCACCTCATCTGGAAGTCAAGATACTTAATTGTATTACCACG AATATAGCATT	DQ241844 .1	Solanum tuberosum clone 183G06 glycine rich protein-like mRNA, complete cds. The eukaryotic Sm and Sm-like (LSm) proteins associate with RNA to form the core domain of the ribonucleoprot ein particles involved in a variety of RNA processing events including pre- mRNA splicing, telomere replication, and mRNA degradation	231	0.4	4E- 57	0.83
1718	TCCCACGTAATATTGGTGAACTTTTTTCATTGACATAAAATACATGTTGGT CACAGACAGTGAACGTCACCTGCTGCATAATTGCTCTTCATATCCAAGGAT CCAATGTAGAGGATAGAATTCCAACATCACTATCAAACGGTAATAGAAAT GTGTAATGATCATAGTAACAAAATCTGAAATACAAAGATATATGCGGAAG TTCAACTTCATTTGGGGTTGCTGCAACACCATTTGGAGCATCATCTGCAT	XM_00227 6673.2	PREDICTED: Vitis vinifera uncharacterize d LOC100250729 (LOC100250729)	129	0.17	3E- 26	0.83

	<p>GAAGTCGAGAAGAAACCTCGTCTATGGCAGAGTTCAACTGTGCAATCTTCT CAGTCAGTACCTTGCCTGTTCTCTGTCTCGGCAAGGCAGAAACAGTGACA ATATGAGAGATTGAGGCATAAGTTACCAATCAAAGGCACGAATCCCCTTAT AGAACTAAATAATGTTTTTCCGCTATTCTTTGTTCTGATCATTTTTTCTA TCCTGAAAACAATGGGCAGTCATTATCAGTCTAAGACAGCAGTTTCATAT CACAAAATGGAGACTAATAGATCCATACAAATCTGATTGTTGGTGAAAGAC TGTTTTGCCAGCTACAATGATGCTCGCCCCTCACACAGTTCTGAACACTTC TGGGTACAATGACAGTAAGGGTTGACACCTCAATATTAGTCAATCCAACCA AAAAGGCATCGCTTCTGAAGCAAATTCAAAGCACTTAATATAGCTATCC AGTTGTGC</p>		, mRNA				
1761	<p>TTTTTTAAACAAGATCATCATTAACAACCTTGAAGCAAATAATATTC ACAATGTAACAATTCTATACACGCCTTCAAACCTGATATGATCAATCAAGTT CATCCAAACTCAAGCAAATACACACAACCTGAATGAATAGAAATAGCAAAAAG AGAAAAAGAAACAAAGGAAAAGAAACACAATCTCCCCTAGTAATGAGTATG TAGCACAGCACTAATATACCACGCTAGCAATAAATCCACTAATGAAGACAA AACCAATCTGGAAAACAGAAAATATATCACACACTAAAGAAACTTACCCCT TCTTTGATCTCTATATTATTGCTTTCTCGTATGTTTACAGGCCTGGGAAAT TACCTAGCTTTGGACATCGTCTTTAGTTTTCAGAAAAGTGGTGGTGGTGGTGT TTTTGAATGAGATTTTCCAATAAATTGCTTTCTTTGCCTTAAACAAGTGAATG CTTCACCTTTGACAGTATGTTATTTGATTTATGTTGTTGCTTTTCTGCAAC CTCTTCTTAGGAGCTTCTTGTGTTGGATTCAAGTCATCTACTTCTTGGGA CTCTTGTCTAGCTTAGTTTTCAACTGCCTCTACCGCTTCTCTTCTTTTGT TTCTGTCTCAGGCTTTTGGAGTCTTCAACATCCACCTTCTTCTCAACTTC TGCATCCTTTCCGTTTTCAACTGAAGCTGCGGTTTTCATCTGTTTTTATTTCC AATATCAGCAGGTAATTTGATGCTCTGGAAGTTGTTTCTGCTTCTACAAC TTTTCCAGTGCTTTCAGAAGTGGAAATGGAGCTAGTTACAGGATCGACTTC CTTTGCTTCAACCTGAGTCGACTCCTCAACAATACCGACTTCTCTTCCGTT TTCTTTCAGTCTTCAAATCCTTGGCTTTGGTTTCTTTTTTCACTTTTTCCAG CGTTTCTTCTAATGGTAATTCAGCTTCAAGTTTGGCCGTCGATTCTTTTTTC TATATCCTCAGTCTTTTTCAGTAACTTCACTAGAGGGACTTCTATGTTCTC TTGGACAACCTTAGCTTCCACGGGGTTGAAGTAATGGGTTCTAAACTTTC TGTGGAAGTAGATTCCGGCGTACCTGCTTCCACTCCCTCCACCAACTTAGT ATCACTGATTTTCACTCAGTCGGAATTTCTCTATCCTTAATTGCTTCAACCTC ATTTTTCTCTCAGGTTCAACAACCTGCAGCTTCTTTTTTCACTTTGTTCCGT ACTTTCAAGTTTTCTTTTGGTGTGCTACTACTTCTGGAATTGGAGTAGA AACTTCTTCTTCTTGGGCTCTGCTGCTGAAACTTCTACAACCTTCAACCCAC TGCTGCACCTTGTCTCTGGGAAGCAACTTCTACTTGTCTCTCTTTCCG CTCAATAGCCTCACTGACTGATTCAGGAATATCAATTTTTCTTTGGTAACCTC TTCACTTGTCTCCACTTTTGTCTCAACAGCCTCGATTGCTGTTTCAAGGAGT TCCAATTTTTCTCTGCCAGCTTTTTCACTGCCTCGTCTTTTTGCTCAATAGC CTCGGTTGATGATTCAAGGATATAAGTTTTCTTCGGTGCCTCTTCTACTTGG CTCCTCTCTTTCTCAAAGCATCACTCACTGATTCAAGGAATATCGATTTT CTTTGGTATCTCATCTACTTGTCTCTTTTTTCTTCAACAGCCTCAATTAC TGATCCAGGAATATCAATTTTTCTTTGGCAGCTCCTCCTGCGGTTCCGTTGC AGGTTCTTCTTGTGGTGTTCAGGTTTTTAACTCTGCCACTTCTGGTTC ACTTTTGGAGTGAACAGAATCTTTTGTAAATCTGATTATCAGTAGAAGC AACCAAAATAGGAATATCATCAGGTTTTTAACTCTTCTGAGCAGTAGG CTCAATCTTCTTGTCTCGATCTTTTCTTCCGGTTTCACTGAAAGTGACAGG CAAACCTTGGTGGATCCTCAGCTTTTGGCTTCTCGCCACCTCAGCCTTGAA AACCTCTTCACTAGAGGTGGTTCACCTTTGTTTCTCCTCTATTTTTTCCCT TGCTTCAAGCAAAGGACTGTTGTTGTGCTAGTTAGGTTGCCACGCTTTT</p>	UNICA					

	TGGTTTTTCTTCACTTTCCTTAGGTGGAGAACAGTATCTTCTTTATTTATCTTTATCTCTCTTTTACTTCTCTCAACTTGCTCAAGGGTTGGAGTAGACTGATCTGATGAAACAGTTTCAGTAGCCATGGATGATGAACTGATAGGTAA TAATAAAATTCAGTATCCAGAATGAACTTGTAGACTGATCAGTGCAACAGTTTGTAGTAGTAGTAGTAGAAGAATAAAGAAGTGGACAAGAAAGGTAAGG AATGATGTGGTTGGCAACAACCTAAAAGGCCCTCCAAAGCAAACCTCAACAAA GTTGTAAATTAACCACACCACAAGCCCTCTACAGTCTTTGATAAAAAGGTGGG GAAAAAAGTATGCATAATGTGTG						
1805	GTCAGAATATATAAAAAATCATCATCAAGTTGCGTCAGAAGAGAGAGATAAT CTACAAGCTTTTCTCACTTGAATATGATGAAAAAATGAAATCAAATTAACCA AGACTTACAGGGTGGCAGCATTTCTACCCAGAGAAAAACAAGAACAAT TCACTATTCTCCTGAACCTACCACCTCTTCTCCAACTTCTTCACATATGC CTGCAGTGTCAATAACCAAATTCCTAGCAGGAGCCTGCAAAGTCCCAACAAC AGCTGATGCAGGACCTTCAAGGATCCCAAAATCTTAGCATAAACTTCAGC TCTTGAAGGCAAAGACTCCAAGGCCCTTAAACTCCTCAGGCCATAGAACTT CCCTTCAAAAACAGCACCCAGTGAATCATTCCCTTCCAACCTTTTCTCCTT CTGAAACTCCCTATAAAGGCTTAAATGCAGCTGGGATTTCTCACTATGGAC AAATAACCAAGCATTTCATTCCCTTCATGCATGGCTTCAATGCTTCCCATTG AGTCCCCTCAATCGCCTTATAAACGAGAGTATTTTTTGCAACTAGAAGTTT GGTGGATTTGGGAGTTGGCTTCTGAGTCTTGAACCTGTTGACAGTGAA GCCTTTATAGCCAATGCCAGCTATGAGATAGCAATCTTGAAGGTGTTGCTT CACTGATTCAACTGTTTCTTCTTCTTGGTCTGCTGATGGCTGCACGGAT TGTTAAAGTTGCGAACTTTTCTGCTGGTGGCGGTGGTGGTGGTGGTGGTGT GT	AK319521 .1	Solanum lycopersicum cDNA, clone: LEFL1030BD08, HTC in leaf	449	0.7	1E-122	0.82
1806	CATTAGATAGCACAAAAGGTAGTTATTGAGGCAAAATAGCACAAAGTGTGA AGAATCAACTATTTTACACTTGCCTTAAATTTGATTTTTCATCACTATATACG GTAACATGAGCTTCCACTTGCTCTTAAATTTGCTTTTCATCACCATACGAT AACAGGAGCTTCCATGCTTTATAGCTACACAATGAAATCATGTATCGAT CTATCACACATATATATACAATGTATCAGATCTTGTATTTTGGATGTTTAG GCTCACAATGGACATATTACGAGAAACGCAGGACATTGCCATGAATATGGA CTTCTTCAATCTCCATTCCACCAATAAGTACCAAAGAAGCTCAGTCTTCA AGTAAGTAAATTCAACTTTTTCGTGCTTTTGTGCTGAAATTCACCCGTAAGT CTTGCAAGCATTGCGCACAGATAAAAAAATCACACAGTTAAAGAACCAAA TCAGCATTATCTGTCTGAGACTTTGCTTTCTTTTGTGGAAGACGGTCCG AGGATATATCGTGAAAGCGGCTCAAAGGATCCTGGAGTCCCTCCATTTCA TAGTGCCCAAAATCGCCAATCACGCTTAAACATAAGGTTCGTCTTATGGGTTGA TCGAGACCTCCAGCATAACATCAAGCCATGTTTATTAAGTCCCGACAAAAT GGCCTTGTCTTTTCTCCTTAGCAACCATTGAAAGTTTCAATCCAAGACTGC TCCCTGTCTTCTGTGTAATTTGCCTGATTTCACTTGGAAAACAAA TAATAGGAGGGACGAGGAATCCTTTCAAGGTTGTTGGAACGGTTGACTGCT ACAAGCCCAAACCTTTGGACCATATCCATCAGCCATTCCCAGTTGTCAGAA ATGGTCCAAAACAGGTAACCAAGGATGGGAACACCCTTCATGAAACAAAAGA CAGGTTAGAACATATTACTTAATGAGAGAAGGGGCAGCCAGTCAATAAAAT TTGAGGAGTTTATAGTTGAAACCACAATCATGGCAGCATAAACTGCTAGTA AATGTTCCAGCAAATATGGGCGTCTGATCAAAATCAGTCTCATCAGAAACAC CATTTCAGTAATGACAAATGGTAAATTAAGATGCTTGTATCTTTCATGGA ACTGAACAAGCACACGATACAAGCCATCAGGATAAAACCCACGACCAGATT CACTGTATTTCATCAGTTTCAACCAGCTTTCAGTCCAGTACCGGAAACCACTT CCTGTCCATAGTAGTTTATCCCTATATAGTCTAGCTTGTGCGAAATGCTAT	XM_002280 232.2	PREDICTED: Vitis vinifera beta-glucosidase-like SFR2, chloroplastic-like (LOC100241487), mRNA	693	0.46	3E-94	0.81

	CCACGAATGGAAAGAGTGTTCATCGAACTTGTGACCTTAACTGCAGGGATGT CAAAGAGGCCATATGGACGCATAAAATGAAACATGGTGAGCCACTCCAACAA TTGCACTTGTATTGTGCTATGGCATACAAAAGACCAGAGAGGCTAGTAAG TCATCAAGGATGGTAGACACCAAAAATAAAGATTGGGGGGTGGTTAAGATG CAATAAGCAGCTAAAATTTTCAAATAAAAGTGCCTTAAAGATTGAGATATTA TACACACTCCAAGCTTAAAGTCTGATTCTAGAAAACCCCAAAACCTGGGAA AAGATTAATTTATAGTTATGCCAGTCACTTTGAAAATCCTCAACCTCTCCA CTGAAAAGAATATTTAATCAAAGGATATGTTATTCACCAAGTTAAAGCATC CAAAATACATATGCATAATAGTTTGTCTATCTTTTGACAACGATGCACA AAGAAAATCATGTAACATCTCACAGAAAAATGATTGTAACATAATTATCTCC AAGCCAG						
1817	AAATGGCAGCGTGGACGGCTGCGTCTCGCCAAAGCCGGAATCTCGCTCGAC TCTCAGCTCCCAAATCAACACTCACCACCAGACAAGCCGCAACCCTCATCC AGCGTCGCGGCTCGCCGGCGGTGGCGATCATATGGACCACAAAAGTGA ATGTGTGGGAGGACCCGTTGAATCCATCTAAATGGAAAAGAAGAGCATT TCATTGTGCTCTTACTGGATGGGGCTTGCTTGTCTATGGCGTTACAAGT TCTTACAGGGGGCAAGAAAGAGACGAAGGAAGAGAAAAGTTGCAGAATCAC ATTGACTTTGGGTTTGTATATTGATACGCAAAAATAAAATGGTTGCTTAG GCTTTTGGTCAAGGATGCTGGAGCAGAGGAAGACACTGATTGTTCTTAGA TTTTCCGATTCGAAAACACTAGTTGGACAAGAACCCTTACGGAAGAA ATATATGTAATGCGCTTTGCTTGGCTTACCTTTTGATCTGTCAATACT TTCCAATGATAAACCATTCGTTCTAATAAAAAATGGATTTTAC	AK320703 .1	Solanum lycopersicum cDNA, clone: LEFL1012BF05, HTC in leaf	257	0.53	7E- 65	0.79
1902	CTCTGGGACAGGAGAGGTGAGAGCTCTCCTCCGTTGGTAAATTAAGTA GGTACTGCTGGCCGCGACTCTTTTAAATTAATTAAGGGCAAAAATAAAGA AAAGAAACGAAATCCGGAAAAAAGAAAAAATGGCAGCGATTGGAAGAAA ACACGGCATCATAGCCATGGCTGCCAGTTTGACGAGAAAACCTTACTCGACC ACCTCTTCTCCTCCTTCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTCCT CAGCGGCGTCGAAGTCGGCGTCGGCCCGGTAATCAGCGAGATCATCACCTC CCACACCGACAAATGGATGCAGGATACGAGTAAGAAATCTCCTATGCAGCT GATAAATGAAGTTCCACCTATTAAGGTTGAAGGCAGGATTGTTGCTTGTGA AGGAGACAGCAACCCTGCGCTTGGGCATCCAATTGAATTCATATGTCTTGA TCTGGATGAACCGCTGTATGCAAGTATTGTTGGTTGCGCTATGTTTCAGGA TCATGGCAGTCAACATCAATAGGCAAGATGATTGTAGTTGCGGTGTTGG TATTCTGCAACTGTACAATGATCTCCGTTCTTCTGATTTTGTCTGTAAT TTGATGTTTGTAGTGGAGCTTTGTTAAAGCTGCCCTGCGATCAATTGAGGAAA GAATAAGAATTTGGCTTGTATGTACTTGGGACTTGTCTGTTGAAAGT TCTTTTCTTGAACCTGGTTTAAAAATAAAATGACAATAGCTAACAGATT TAAG	AC239167 .1	Carica papaya BAC clone 86B15, complete sequence	111	0.11	6E- 21	0.9
1953	GCTCGATGAGATGGTTTCTAACGGCCTCCTCAACCCGAGCTTGTCTATTCA AGTCTCGTTCAATTCGATAAGTCGATGACGGAGCTCTGGAACTCAAGT GAAGAGCAAAGTTCAAATTAAGGGACATCTCACACTTACAGATTCTGTGA CAATGTTTGGACTTTCATCTTACAAAATGCTTGTTCAGAGTGAGGAATG CCAAGAGAATGTAGCCACGTTAAGATAGTGGCATGTGACTCGAAGCTGCT TACACAGTGAGAAAGCTGCGTATGAGATTGGAAAAGTATTGAGTAATACTAG TTCCATTTCGTTAATTTACCAGATGGAGATGATGGTGTAACAGGATCTGGTT GAAGAGAATTTGAAGTTTATTCATGTAATTGTATTGTAAGCGACAGCGGA ATTGAAACCTTTGTATAATCTTATTGGACCTAAATGATTGTAATCACCGA GTGTTTCTCGACTATTTAACGTATGCATACTGCACAGTCTTC	XM_00354 4787.1	PREDICTED: Glycine max transcription initiation factor IIA subunit 2-like (LOC100810792) , mRNA	246	0.52	1E- 61	0.81

1958	CCAATTTGGACA AAGGCTTCATTCTAGTACTGTGGAGATTATCTGAGCAGA GACAACACCAGACCACCAGCTGAGCACAAAATAATATGTCTGGGAATATTA TTCTCTCCCAGCTACACATTTGCTAGTAACTGTATAGCAGTAAGCTTTG TGATAAGCCATTTCAGCACCTGAAAAGTGCACCTGTAAACATCAATTCCTGGTT TCAATGGTACTTTACCTTCTAAACATTATGCTGGGTATGTGACAATTGATG AGAGTCATGGGAAGAAATTGTATTACTTTGTTGTTTCTGAGAGGAACC CATCACAGGATCCAGTAGTTTTGTGGCTCAACGGTGGTCCTGGTTGCTCAA GTTTTGATGGATTTCGTCTACGAGCATGGTCCCTTTAATTTTGAGGCGGGAA AGACTCCCAGTAGCCTGCCACCTTGCATCTCAATCCATACAGCTGGTCCA AGGTTTCCAACATCGTGTATTGGACTCTCCTGCTGGTGTGGATTTTCTT ACTCGGGGAACGAGTCTGATTATATAACAGGAGACATAAAGACTGCTTCTG ATTCTCACACATTTCTTCTCAAGTGGTTTGAGCTCTACCCGAGTTTCTCT CTAACCCAGTTTATATTGTTGGGGAGTCATATGCTGGAGTATACGTGCCAA CTCTCTTTATGAAGTTGCAAAAGGAATAGATGAAGGTATAAAGCCCCTTC TCAATTTAAGGTTATATGTTGGGAAATGGAGTTACAGATGATGAGTTTG ATGGCAATGCTCTTGTCCCGTTTGCATGGGATGGGGTAAATATCAGATG ACCTATATAAGGAAGTTACTTCTGAGTGCCTGGAAATTATATAACCCAG CAAGTGAGAGCTGTGAAAGCAACCTTGAAAAGTTGATCAGAACTTGAAG GTATAACATATACGATATTCTGGAACCATGTTATCACGGTCCAATACAA TTAAGATGATAACTGACAACCAAGTTGCCCTGAGCTTCAGGAAGTTAG GTGAGACTGAAAGCCCTTCTCTGTGAGAACAAGAATGTTGGCCGTGCAT GGCCTCTGAGAGCTCCAGTAAAGATGGACTTGTCCCAACTTGGCCCCAGC TTCTCAATGGCGATAATGTCCATGCCTAGCGATGAAGTTGCTACAGCAT GGCTGAACAATGAAGCAGTTCGGCAAGCAATTCATGCTGAATCGGTAAATG TGGTAGACACTTGGGAGTTGTGCACAGACAGAATTAGGTTTTCATCATGATG CTGGGAGCATGATCAAGTATCACAAGAATCAACCTCCAAGGGGTATCGAG CACTTATATTTCAGCGGAGATCATGATATGTGTGTTCCATTTACTGGAAGTC AAGCATGGACAAGATCAGTTGGATATAAGATTGTAGATGAGTGGAGGCCTT GGTTTGTGAATGACCAGGTTGCTGGATACTTACAGGGTTATGACTATAATC TCACCTTTCTCACCATCAAGGGCGCTGGACATACTGTCCCAGAGTACAAAC CACGTGAAGCACTGGAGTTTTATACCCGGTGGTTGGATGGGAAAAATATT GAAGTTTATACTGATTGATTACATGTTAAGAGGGAAGAGAATAAGGAATGT TCATTAGATTGCTTTAGTCTATTCCAATTGCAACTTTAACGAGGTCAGAAT GAAGCGAATTTGTGTGATGGTCTCGCACACTCAAAGACACAAGGGGATAT ATATACTGGCAGAAGAATTGTAGGACACGAAAATGCTCTCTGTTGTAA ACCGTGCCCAATAATAATTTGTGATACTCTTCTTCCCTCCAAAGCATGACT GTCATCCTGTAGTTGAGTTTAACTTAATTGAATGATAACTTGTGGCT ACTTACTGCTAGTAGAAACAATCTGAAGATACATTGATATGCTGCATGCTG AATGAAAA	XM_00232 1204.1	Populus trichocarpa predicted protein, mRNA "serine carboxypeptida se-like 20- like"	1004	0.7	0	0.79
1959	GACAGCCTTTCCATTGAGGATGAAACATGTACTCTGATACTTCTCAGAAAA ATCTTGGAAGATAAGATAAGCCTCTTGTAGCTTTGAACCACCCACTGATAT ATTC AACCATGCATTTCGCGAGTTGAGTTAGAGTATGGTCTTCATCTATTTG TTGCATGATTCTCAGTTGTTTCTCTGCATAGTCTGATCTGTGCATCTTAAAG AAATATTTGGACATTC AATGCATGTAGCTCCATTGTTCCCCAGCATGGGT ATGTTTCAGAGCTTCAGTAAAGTCTCCTCATGCATGAATAATAATCCAGT AATAAGGCATAAAAATATGGTTGTTCCCAATGGCTGCATCTCCTAACCATTC CTGAAGACTTGAGATTGTTGTTTCTTGTAGCAGGGCTAGCGAGATACAT AGCGAGCAATTTGACGGCCTGAAGAGCGTAGCAGCTGAAGCGTCGATCTC ATTAATCACAAAGCTGATAACTGCCTAGGGCAATGTAAGATCTATAGACGAG AGACTCTCGTCCACGGCGTCTTCGGAGGAGAGATTAGGGACGTCGCTGTT GTTGATGGCGGCTTGATATGCACCTAAGTAGAAGTTGTTTCTTAGGCCAAA	AK320920 .1	Solanum lycopersicum cDNA, clone: LEFL1014CC06, HTC in leaf "coatomer subunit epsilon-like" Coatomer epsilon subunit This family	603	0.8	6E- 169	0.81

	CAAGGGATCGGGTCCGCCGCTGCTACTGCTGTTGCGGCCATTTTGGTTT GTTACCGGAATTGGAGTGTAGAGAAGATGAATCAGAAGTAGATCTGCCGAG AGAGAGCACAGAAGGGTGGGAGCACGGCTCTTCGTATTTATAATGGTAGGT AACTGTGAAATTG		represents the epsilon subunit of the coatamer complex, which is involved in the regulation of intracellular protein trafficking between the endoplasmic reticulum and the Golgi complex				
1968	AATTGACTGTCTCCTCCGACGCCCTCAGTCTCATCAGCGTCTACTCTAC AGCCCCCTCTGGAATTTGTGCGTCCATTTCCGATATTCACCTCACTCCACAG CTAATTTATCTGAAACTAATTACTCAAATAACATATATAGAGAGAGAGTGG AGAAATGGTGGGGATTATACCCATGGCGTCCATCAGACCTTCGCAGTG TTCTTTTAGGTCGCTGCCTTCGCTTGTCTCCACAATCTGTGTCGGGC ACTCAGTTTGTGCATCTCGGCAGTGCAGTCCGCAATCTGTCTCTTTGG CCTTAACGGTTCCAAGTTGTTTAGAGGAGGGGAAAACAACATTGCTGTTAC TGCAGCTGGTAATATGGCACAAGCAAGCACAGCTGTACACAAGAAAATGC CTTGGAGTGGGTTAAAAAGGACAAGAGAAGAATGCTGCATGTTGTTTATCG TGTTGGGGACTTGGACAGGACAATAAAATCTATACAGAATGTTTAGGCAT GAAGTTGTTGAGGAAACGTGACATTCCTGAGGAGAGATATACAAAATGCCTT CCTAGGATATGGCCCGAAGATTCTCATTTTGTATTGAACCTCACTTACAA TTATGGAGTTGACAAGTATGATATCGGAGCTGGTTTTGGTCACTTCGGCAT TGCAGTGGAGGATGTTGCAAAGACTGTAGATCTGATAAAGGCAAAGGGTGG TAAAGTTACAAGGGAACAGGTCCTGTCAAAGGTGGTAAAACAGTTATTGC ATTTATAGAAGATCCTGATGGTTATAAAATTTGAACCTTTGGAGAGGGGTCC TACTCCCAGCCATTGTGCCAAGTAATGCTCCGAGTTGGAGATCTTGAACG TTCTATAAAATTTTATGAGAAGGCTTACGGCATGGATCTTCTTCGCACAAG AGATAATCCTGAATACAAGTATACTATAGCAATCATGGGCTATGGACCTGA AGATAAAATGCGGTGATGGAGTTGACATATAAATATGGAGTTACGGAGTA TGACAAAGGAAATGCCTATGCACAGATA	XM_00233 1114.1	Populus trichocarpa predicted protein, mRNA. lactoylglutath ione lyase, Glyoxalase_I; Glyoxalase I catalyzes the isomerization of the hemithioacetal , formed by a 2-oxoaldehyde and glutathione, to S-D- lactoylglutath ione. 4.4.1..5 (R)-S- lactoylglutath ione <=> glutathione + methylglyoxal	732	0.65	0	0.86
1972	CCTGCCTTAACAATCCCAATGCATTTATCCAAGAAACAAAGGAGCATCTC TTCAAGTAATGCTGCCATCAGAGAGAGTGCTATCTTTGAGACGATAATTT CTTCAAACAGTCAATTTCCAATCTTAAAACTAAGGCAGTATATTGTATA GCAAAAGTTAAGTCCCAGCAAAGATGAGGTATAACACTATGATAAACAGTG ACCAAGTGATGAGGATAAATTATGCTGCACAGGCTGGTCAAACAGAAATTT TACAGATCAAAATTCAGGGTACTTTTCAGCACTTAACTTTGGAATCTTCGAC TCCTCAGCCAAGTTACAGCTGCAGATATCTTAAAACTCCCATTTAAGCCA GAATTCAGGTCCAATCCATTCCTTCCAAAACCTTATTAGAGCTCTGGTAGGAA GCCCTAAAAACATCATTCCCATAAAGCCTACGGGAAACAGCAAAATCCCAC GCATTTCTCCCGAAATCATAACCGGGCTCCACAGTAGTCAACCCCTCGTGA	XM_00232 1225.1	Populus trichocarpa hypothetical protein, mRNA "Plastid Outer Envelope Porin of 24 kDa"	206	0.57	2E- 49	0.68

	GTATAACTGTACTTCAACTTACAACCTACGTTTACCCGCCGAATCAAACCG TAAC TAGCCGAAACCGTGTAGCCAGTCAATCACCAAAGTCCCATCCAAC GCCGTACAGTTCCTCCCTCCAGTGCCTGACTTACGTTTCAAGTGGCCTC CCCACCACACTCAGGGTATTCATAAAATCAAACCTCACATCTCTTTGGGG AAATTGTAGTCGACGACAAAGCCGGCAGGTTTCTCAACGGAGAGAGTGAGG CCGTTTAAAGAAGGTCCGTTAACGAAGCAGGCGTCCGAGATGGAGGCTTTG AGTTTAAACATCACCCCGCTTAGGGTACTGTGCCGACGGCGCTAGTGACG TCGCTGTCGTAGCGTCTTTAAGCGAAGCTTTATCATTTTTTTTTTCCAA AAAAAATAATGATGGAGAAATGAAAACCTGAGGTGGAGGAGTGATTTTTGT GGGGTTTTATGGCGGTGGAGGGAAGAAAGGAGGAAATGATTTTGCGAGA AATTAC						
1983	GAGTGTGCAGCAAGTCTGGGTATGATCCTGCTTTGGGACATTGATTCTGG ACTTGCTCAAATTGACAAGTACTTCCACAGCACTGATACACCTGTTAAATC AGGTGCATTGTTAGGAGTTGGCATCGTGAATTGTGGTGTCAAGAGTGATAG TGATCCTGCAATGGCCCTTCTAGCTGAATATGTTGATGGAGAGGATCCTTC TATTAGAATTGGTGCAATAATGGGCCTAGGACTTGCATATGCTGGTTCTCA GAATGAGGAGATCCGGAGTAAATTAATTCCTATACTTGGAGATGCAAAGGC ATCCCTTGATGTGATTGCATTTACTGCTATCTCATTGGGCTTGGTATATGT GGGTTCTTGAATGAAGATATGCCAGACGATCATCTTGCATTAATGGA CCGGAGCGAGTCAGAACTAGGTGAACCCCTAGCACGCCTCTGCCTCTTGG TCTTGGTTTACTGTACCTTGGGAAGCAGGAAAGGTTGGAGGCTACAGCTGA GGTTTTCAAAGACTTTTAAATGAAAAAATCGGGAAGCATTGTGACATGACTCT GCTTTCTTGTGCCTATGCTGGAACGGGGAAATGTGCTTAAGTCCAACACTT CCTTGGTCAGTGGCTCAACATCTTGAGAAGGGTGAGACCTTCCAGGGTCC AGCTGTACTTGGCATAGCTATGGTAGCAATGGCTGAAGAGCTGGGCCTTGA AATGGCTATCCGCTCATTGGAGCATTTTTGCAGTATGGTGAAGAGATAT TAGAAAGGCAGTTCCTCTAGCTTTGGGCTTCTATGCATATCAAATCCAAA GGTGAATGTGATGGACACTTTAAGCAGACTCAGTCATGATTCTGACACTGA AGTTGCAATGGCTGCCATCATCTCTTTGGGATTGATAGGTGCTGGAACCAA CAATGCTAGAAATAGCTGGCATGCTTCGGAATTTGTCAAGTTACTACTACAA AGAAGCCAGCCTTCTCTTCTGTGTGCGAATGACAAAGGCTTGTCCATTT AGGAAAGGGGTTGTTGACACTCTCCCATATCATTCTGAACGGTTACTGTT GTCCCGGTTGCACTGGCCGACTAGTGACTTTGACACATGCATGTCTTGA TATGAAAGCTATCATCTAGGAAAATACCATACGTC	XM_00251 7812.1	Ricinus communis 26S proteasome regulatory subunit rpn1, putative, mRNA	835	0.99	0	0.8
comp921_c0_ seq1	TAACTTGAAG AACATATCTC TCTCTCCCTA TGGTGATTAT TGGAAAGCAAG TGAGAAGCAT GGCTGTGAAT CTGTTTCTAA ATCAGAAGAG GGTTTCAGTCG TTCCGAAGTG TAAGAGAAGA GGAAGTTTCA TTAGTGGTGG AGACAATCAA AGAATCTTGT GCTTCTTCTC CCGTAATAAG CATGAATAAG TTGTTGACAA CGTTTGCAAA TGACACAGTG TCAAGGATAA CTGTTGGGAA GAGGTACTCA GGAGAAGGTG GAAACAAAGT GGCAGAGATA TTGGTTGCAG GCACCGAGTT ATTGGGTGCT TATATGGTAT GGGACTTCTT CCCACGGCTT GCATGGATCA CCTACATAAC TGGATTGCAA GCAAAGATCA AGAAAGTCCG AAAAAGATTG GATCAAAATT TGGAGAATTT AGTTGAAGAA GAAATAAAGA GGAGCAAAAG AAGAGGCTCC GTCTCCGATG TCGGTGAAGG TGACCAAGGT AAAGACAATC AGAATTTACT CCAGGATTTG CTTGAACTCC AGAGAACCAA CTCAACTGGA TATGCTTTGG ATCGAGAATC CATTAAAGGCT ATCATAATGG ACATGATTGC CGGAGGATTT GATACAGATT CATTTTTGGA GTGGGCATTG GCATTGCTAG TAAAACATCC AGATGTCATG AAAAAATTGC	3.35E-10	AF255013	Citr us sine nsis cinn amat e 4- hydr oxyl ase CYP7 3 (C4H 1) mRNA , comp	98	135	71.8 6

	AAGATGAGTT GAAAGAAGTT ACTGGATCCA AATCGTTCAT ATCGGAGGAT GATTTAAGTA AATTGCAATA CTTGAAAGCA ATAATAAAAG AACATTCCG ATTACTCCC CGTGCATTTA TCGTAAGGGC AGCAACCAAG GATGTCAAAG TAATGGGCTA TGATATTGCT GCAGGCACTC AAGCCATTGT CAATATATGG GCAGTTGGAA GGGATCCAAC GTTGTGGGAA AAACCTGAGG AGTTTCGGCC AGAGAGGTTT TGAACAGTT CAATAGATT GAAAGGACAT CACTTTGAAC TGCTTCCATT TGGTTCAGGA AGAAGGTCTT GCCCCGGTTC TACATTTGCC TTGGTCATAG CTGAGCTTGC ACTGGCAAAT TTGGTGCGCA ACTTTAATTT TGCATTGGCC GGTGGAGCAA GAGCCGAAGA CTTGGACATT GCTGAAGCTC CTAGTGTCTT GGCTCCGTTG TTAACTCCTC TTCTACTTGT TCCATCTCTT TGTTAAACCT GCAAGCTAGC GATTTTCCGA TTTCTAATAA CGTCATATGT CTGGATGGTG TCGATTTCCC TTTAATTAAG TTGCTAAAAC CTAGTATATT TGCAATTTGA TTTGGTAGAG TTTTATGAAC GAAGCATTAT TGGCATATTG CATGTATCAC TACGCTAGCT ACAGTTTGT ATCTTTGGTA CTTTCCCCTT GCTTGCTTTA GTTCTTCAAT TATTCCCA				lete cds			
comp1571_c0 _seq1	GCCCCATATC AACGCCAGCC CACCCAACCA ATCCCAGACA ACCAAAATCT CCACTCTCAT TTGAGTCCAT CCCACACCAA CTGAGCACTA CCAGTTCCCG CCACCCATCA TGGATCTTCT CTTGCTTGAG AAGACCCTTT TGGGCGTCTT TGCAGCCATC GTAGTTGCCA CCGTTGTTTC TAAATTACGC GGCAAGAAAT TCAAGCTTCC CCCAGGCCCA ATCCCAGTTC CCATCTTCGG AAACTGGTTG CAGGTCGGTG ATGACTTGAA CCACCGTAAC CTCACAGACT ACGCCAAAAA ATTCGGAGAA ATTTCTCTGC TCAGAATGGG CCAGCGCAAC CTCGTCGTGG TCTCATCCCC TGATCTTGCT AAAGAAGTCT TGCATACTCA GGGCGTGGAG TTTGGCTCCC GCACGAGAAA CGTGGTGTTT GACATTTTCA CCGGTAAAGG CCAGGATATG GTCTTCACCG TCTACGGCGA GCATTGGAGG AAGATGAGGA GGATTATGAC TGTCCCCTTC TTTACCAACA AGGTTGTTCA GCAATATAGA CACGGTTGGG AGGAAGAGGT CGCCCCGAGT GTCGAAGATG TTAAGAAAAA TCCTGAATCC TCGACTAATG GGATTGTTTT GAGGAGGAGG TTGCAACTGA TGATGTACAA TAATATGTAC AGAATTATGT TTGATTACAG GTTTGAGAGT GAGGATGACC CTTTGTTTAA TAAGCTTAAG GCTTTGAATG GAGAGAGGAG TAGGCTGGCT CAGAGCTTTG ACTATAATTA TGGTGATTTC ATTCCCATCT TGAGGCCTTT CTTGAGGGGT TACCTGAAGA TCTGTAAGGA GGTTAAGGAG AGGAGACTGC AGCTGTTCAA GGATCATTTC GTCGAGGAAA GAAAGAAGCT CTCGAGCACA AAAAGCATGG ATAGCAACAG CCTGAAATGT GCCATAGATC ATATTCTTGA AGCACAGCAG AAGGGAGAGA TTAACGAGGA CAATGTCCTT TACATTGTTG AAAACATCAA TGTTCGGCT ATTGAGACAA CATTGTGGTC GATTGAATGG GGCATTGCGG AATTGGTTAA TCACCCACAT GTTCAGAGGA AGCTACGTGA AGAGATTGAT ACTGTGCTTG GACCTCGAGT GCAAGTCACT GAACCTGACA CCCACAAATT GCCATACCTT CAGGCTGTGA TCAAGGAGAC CCTCCGCCTT CGGATGGCAA TTCCTCTTCT GGTGCCTCAC ATGAACCTCA ACGATGCCAA GTCGGTGGT CATGATATTC	0	z32563	C.ro seus mRNA for cinn amat e 4- hydr oxyl ase (CYP 73)	90	AM11 7805	Coff ea arab ica part ial mRNA for tran s- cinn amat e 4- mono oxyg enas e (cyp 73a4 gene)	

	CTGCTGAGAG CAAGATTCTG GTCAATGCCT GGTGGCTAGC AAACAACCCA GAAAACTGGA AGAAACCAGA GGAGTTCAGA CCCGAGAGGT TTTTGAAGA GGAGTCTAAG GTTGAAGCCA ATGGCAATGA CTTCCGATAT CTTCCATTG GTGTTGGCCG GAGAAGCTGC CCCGGAATTA TCCTTGCAAT GCCAATTCTT GGTATTACTT TGGGACGCTT GGTGCAGAAT TTTGAGCTGC TGCCTCCTCC AGGGCAATCC AAGATTGATA CCGCGGAAAA AGGTGGACAA TTCAGTTTGC ACATTTTGAA GCATTCCACC ATTGTCTTGA AGCCAAGGTC CTTCTAGATG TGATCTTAAT TATGTGATAA AATTTGGCTT ATTTACAAAT TACTTTTCAG AGTGTGATTG TGGATCTTTT GATCTGTAGA CATTATTCA TAATCTTTGT ATTCGCAAAG AAGATTTTTA CCAATATTTT TCACTTTTCT						
comp2839_c0 _seq5	ATTCCAGGAG CTGGAAAATG AAGTTATCAA CTACATGGCA AAGCTTTGCC CCGTCAGGCC TGTAGGACCA TTATTAGAT ATCCTAAAGA TCCCACCTCA AATGTAAGTG TTGATATTTT GAAAGCCGATGATTGCATAG GGTGGCTTGA CTCGAAGCCA CCGTCTTCGG TCGTGTACAT CTCCTTTGGA AGCGTTGTGT CCTTGAAGCA AGAACAAGCG ACTGAGCTCG CACATGGGCT ATTGAACG	6.11E-07	XM_003631634	PRED ICTE D: Viti s vini fera cinn amat e beta -D- gluc osyl tran sfer ase- like , tran scri pt vari ant 2 (LOC 1002 4527 4), mRNA	83	XM_0 0363 1634	PRED ICTE D: Viti s vini fera cinn amat e beta -D- gluc osyl tran sfer ase- like , tran scri pt vari ant 2 (LOC 1002 4527 4), mRNA
comp3546_c0 _seq1	CTTCTTTTCGA AACATCATCG ATTTAGATAA AGTTCTCAAT TTTACATGAA ATGAAGGGGGCATTGTTTCAT ATCCTCGTAA ATTAACATGA GCTGCACACC AGAACATAAC AGATAAAAACGTTCGCCCC AGTCTAGTTT TACAAATATA GTAAATATCA TCCAAGACCA ACAACAACAACACAGACTTC TCTACATCCC AGAGCTTCCG ATACAGTTAA AAGATACAAT ATAATAGTACTAATAATCAG TGCATAATAT ATTTATGACA TCATATCACA CTCTAATCCA TGTTTCCGAGCATCCATCGT	0.019564	XM_002447027	Sorg hum bico lor hypo thet ical prot	100	XM_0 0353 1907	PRED ICTE D: Glyc ine max stric tcos

	GGTCATTCT CTGACCATAA TAACATTAAA ACCATAATCT TAAAAATATTTTAAAGAAAA AAAGGGGTAA TTTCTCTCA GAAAACAGAC TCATAGCAGA CAAACCAACAATTGACCCCA CCAATCTCAT CTCTCTCATA GCATCACCTC AGACTTTCCC TGCCTATGATCTTTCTTTTT TTTCATTTTT TTGCAAATTT TCCGGCATA CCAAAAAAAAA AAAAAGAAATCTGAGCAATT TTATCCGAAT TGTTTCGGAAA TGATACTATC ATCAGACAGA TCAGAACACC CATTAGAGGC AAAGAGCTGT GCAGTGAAGA TCCTCATCGG CATCAACATC CGCCGGCGGT GGCAAGTTGA GGTCAAACGA AAAC			ein, mRNA			idin e synt hase - like (LOC 1007 8197 1), mRNA
comp8039_c0 _seq2	TATCCAATTC TCCACGACCG AGTCAGCGGC TGACTCGTTC ACCGTGACTC GTTTGATCCA TCCGTCAACA CAACCTGTGT ATATAACTCC AGACTTGGGG TCGTAAGCTA TGTCCTCAGG AGCCAACAAT TCTCCAACCC CAATATTCTC CGCCCCTTTA AGCAAGTGAG AGTTGCGTTT CGGCACTACC ATCGGTTTCTT TCCGAGTCAA CACGTGAACA GGGTAAGGAG CAGGGTCGAA GGAGTCGAGT TGGTAGACCA CAACTGCTAG AA	0.014511	XM_002876039	Arab idop sis lyra ta subs p. lyra ta stri ctos idin e synt hase fami ly prot ein, mRNA	100	CP00 2686	Arab idop sis thala niana chro moso me 3, comp lete sequ ence
comp14822_c 0_seq1	GTATTCCTTC CGTTGATCAA GCGAAGCCCT CTCCAGAACA CCGATGAAGT TGTGGAATAA TGATCCAACA TAAAGTGCAT GATTATGCTC GTGAATTTGC TCAAGATGTT CGTTTTTATA TGGCTGTGGA AGATCCACAG TTTCCAATAT TCTGCCAAAT TCGTTGAACC TTACTCCTAT GGATGTAAGT ATTGGTGCAT TTTCATCAGT GGATGGAACC CAAAAATCTC CAGCTGGTGT CCTCTTTATG TTCCCCGGAC CTGGAATTC CAACAAAATT TCTGAAGAAT TTGCTTTAGG ACCCTCTAGC CAATACTTGA GAATTTTGTT GCCCAAATAT TCAGCAACAA GAACAAAGGT GCTGTCTTTG CTGCCTTCTG TACCACCTGG TACATTTAGT CCTTTTCATCA AAACGGTCAC TTTCTTAGTT AAGGGATCAT ACTTCAGTAA TCTTCCAGTT GTGTCGTTT TATCCATTAT ATCCTGCACA CCTCTGTCAT CGTAGACGCT GCTAACTTC GTGAAATAAA CAATCCCAGT TCGCTGATCC ACAGTTAAGG CATAAAGCCA CTTGAAATCA GCTCCGTCTG CACCATTGGC AACTTGTATT GCAAGCCCTC CATCCGGTCC AACCATGCCA AGACCATAAT AGCCATCAAC TATATAAAGC TTCTTTGTAG CATAGTTGAA TCCTAAGTCG TATACCCTCC CACAAATGGG CTTTAGGTGC GGTTC AATCG TGGCATTCTT GCTCTTGCAA AGTGTCTCAT TCCAGAAAGG AGAGGCATAA GCGTGGTTCA	2.85E-31	EU670747	Ophi orrh iza japo nica stri ctos idin e synt hase mRNA , comp lete cds	84	HM54 3187	Mitr agyn a spec iosa stri ctos idin e synt hase (Str) mRNA , comp lete cds

	AAAAACAAT GCCTGATCCT CCATA						
comp16519_c0_seq1	TGAGAGGGTA CGTGAGGGCG GAGGAAGACA ACAGAACAGA ACAGAGAGAA AGCAGAGTAA CTATGAAGGC AATATATAAC TGGTTCTTTA GTTCAATTTG TAAATTCCAA CAAAAGGCAT CAAAACAGAT CCAATCCATA ACTTCCCATC TTTCTCCTCA ACTTCACTTA TAAACCTCAA GGTCTTCCCA TCAATATCTT CCAAGACCTC CAAAACCTTC CCTCATCGC TCAGCTTTAT TGCGGTTGCA TGAGCCTGCC CTCCGACTAA AAAATGGTGC AGTTGCTTGA AGCTTAGTGG AAGCTTTAGC AAAGTCTTTT CAAACCAACA ATTAGAAAT ACCCACCTTA AAAGAAGTCC AGTCTTCGCA TGCAAAGCCA CCCAAAACCTC CCCTTTTGAA TTCCTTCTAA TGTTGTCAGG AAATCCTGGC AGCTCAGCAA AGATATCATG TTTTCCGGCG TTAGGGCCTC GAAGCCAGAA TCTCACTATT CTACAAGCAG TGGTTTCAGC CACAAGCACA AAAGAGCGGT CTTTACTCAA AGCCACACCA TTAGCAAAAAG CAAGTCCCGG AAGTAGAACT GTTACTTCTT TGCTGGATTT ATCATATTTT ATCAGTCTGC CTGTCTTGTG TTCACTTAAG ACCGCTGATA TAAATTGCCT TCGTTGGAAT ATCGTGCTTG TATCTGAGAA GTAAATCACA TCTTCATGCT CATCAATGTC CATGTCAATTT GTAAAGCGCA AAATAGCACC TTCGACCTCT GTCACTAGTG GAGTTGCTAA ACCTCCCGTT TGCCCTACCA CTTGGAGGCC CAAATAGGCA TCAGCAATAT AGAGATCTCC ATTCTTCTGA TCAAATCGAA GTCCCAATGG TCTTCCGCAT ATATGCTCCA TATGTGGTGC AAATGGATGA ACACATTCCT TCCTTTGAGT AGAGGTGAAT GCAAAATCAA CCCAACCATG TTGATGTCTT TGCCACTTGA TAATCCGACC ATCGGCAACT CCAGTATAGG GACCTTTTCC ACTGGGGTCA AAGGCAAGAC TTTCTGGCCC AACTGCACCT GGTAGATTAA TTGTTTCAGC TGTGTGCAGC AAATCTTGGG AGCCTCTTAT TGGAGGCGGT CTTAGTATAT TGGTTGTGCT GAAAGCCCAG	4.55E-35	AM851014	Nicotiana tabacum mRNA for strictosidine synthase-like protein (T221 gene)	86	FQ383133	Vitis vinifera clone SS0A BG30 YJ01
comp34457_c0_seq1	TAGGGCTTGA CACTTTCAGA TTCTCCCTCT CATGGCCAAG AATTTTGCCC AATGGAAGAA GAACTAGGGG GCCAAACAAT GAAGAGCAAG GAGTCAATAA GTTGGCCATA GATTTCTATA ATAACGTCAT TAACTTGCTC CTGGAGAATG GTATAGAGCC TAGTGTGACT CTCTTCCACT GGGATCTTCC TCAAGCCTTG GAAACTGAAT ACATGGGATT CTTAAGCGAT AAATCTGTGG CGGATTTTGT GGACTA	1.33E-11	AY059473	Davidia involucrata raucanica mRNA for strictosidine-O-beta-D-glucosidase-like protein	100	AJ302044	Rauvolfia serpentina mRNA for strictosidine-O-beta-D-glucosidase-like protein

				ein mRNA , part ial cds			ase (sgr 1 gene)
--	--	--	--	--	--	--	-------------------------------

ANEXO 6

Otros genes y secuencias genómicas.

>17082[organism=Uncaria tomentosa] putative caffeoyl-CoA O-methyltransferase EC:1.14.13.11, mRNA, partial cds (Desde 82-545 (465aa))

```
ACTACTTTTCTGTCCAAAGCTCCCTCCCTCAAATAAAAAAAAAAAGCAACAATAACATAATTCCTTTAATCACCAAAAATCATGGCTCAGAATGGAGAAGGAAAGAATGGCCAAGACCTCAGGCACCAAGAAGTTGGC
CATAAAAGCCTTTTGCAAAGTGATGCTCTCTACCAGTATATCTTGAAACCAGCGTATATCCAAGAGAGCCAGAATGCATGAAAGAGCTCAGAGAATTGACAGCCAAGCATCCATGGAATATTATGACCACCTCTGCT
GATGAAGGGCAGTTCTTGAACATGATCATCAAATTAATCAATGCCAAAAACACCATGGAGATTGGCGTTTACACTGGTTACTCACTCCTGGCTACCCTCTTGCCCTTCCAGAAGATGGAAAGATATTGGCCATGGAT
ATTAATAGAGAAAATTACGAATTGGGCTGCCCGTAATCGAAAAGGCTGGTGTGCCCATAAAATTGACTTCAGAGAAGGCCCTGCTTTGCCGGTCTTGATCAGTTGATTGAAGATGGCAAGAATCATGGA
```

>PREDICTED: 2839 [organism=Uncaria tomentosa] putative trans-cinnamate 4-monooxygenase EC:1.14.13.11 mRNA, partial cds

```
ATTCCAGGAGCTGGAAAATGAAGTTATCAACTACATGGCAAAGCTTTGCCCGTCAGGCCTGTAGGACCATTTTACAGATATCCTAAAGATCCCACCTCAAATGTAAGTGTGATATTTTGAAGCCGATGATTGCAT
AGGGTGGCTTGACTCGAAGCCACCGTCTTCGGTCTGTACATCTCCTTTGGAAGCGTTGTGCTTGAAGCAAGAACAAGCGACTGAGCTCGCACATGGGCTATTGAACG
```

>PREDICTED: 2217 [organism=Uncaria tomentosa] putative shikimate O-hydroxycinnamoyltransferase EC:2.3.1.133 mRNA, partial cds

```
GGGGATAAACATGGGAACTACGGGTGGAGCGGCGGGAAGCTGCACGGCCGGAATTGGAGCGGCGGCAGCAAGGGCTGCGTCTGCTGGAGGGGAAACGGAGTGGGAAAGTAGGTACCGGTGGAGTATGTGAATTGA
GACGACGCCGTCGAGGACGAAGCAGCAGCCGATGTAGATGACATTAGGGCAAATCGGAAGTTCTTACGACGACGTTTTGACGCAGCAAGAGAACAACAAAAATTTAGGGCTGCTCCAAACCTCTCAAGTTCTAGGAA
AGATCGATTAAGCGTGGAGAACTTTGCTTACCCTTAAAAGTAAGGCTGCCTCAAACCAAAATTACAGAGGAGAATTGAACATTCAGAACTTCAATTGGGTCTGAAAATTTCTTCGATGTTACATTAAGCCCCGCAT
CATGCCACGTGGCCACAGAATAGAGAATACAAGGGCCCAGAAGAACGAGGATTCCAG
```

>PREDICTED: 18552 [organism=Uncaria tomentosa] putative stilbene synthase [EC:2.3.1.95] mRNA, partial cds

```
ATTGTAGCGAAAGCATATTTGTTTCCATTAATGCCAAGAATGGAGGGCAAAGGTTAGTCATATTTCTAAGTAAATCATCACATGCTTGAAGTTAAACAATATTTTATCTACTAAGCTTAACCTAAAGACATTTA
TAGCAGGAACATGTGAAAATGGACAAAACAGAAAAGGAGTTGGTATGCTTCTTTGACAGAAGAAGAAACGAAACAATATTCACCTCAGAAATAATGAAGCAAGAAAAGAGAAAAGAGAGGAGCAGAATAACACAAGAG
TTGCAGGGCCACCTGGACATACACTGAATAGAAAAAGTTGGTATGGTTTCATTGACAGAAGAAGAAAAGCAATATCTACACCAA
```

>PREDICTED: 35791[organism=Uncaria tomentosa] putative p-coumaroyl 3'-hydroxylase CYP98A-C2 [EC:1.14.13.36] mRNA, partial cds

```
GCATTTGACAACATTACGAGACTTGCAATTTGGTAAAAGGTTGAAAATTCGGAAGGAGTAATGGATGAGCAAGGTAAAGAGTTCAAGGAAATAGTTGCAAACGGCTTAAAGCTTGGTGGATCTCTCGTATGGCTGAG
CATGTCCCCTGGCTAAGGTGGTTATTTCCACTGGATGAAGCTGCGTTTGCTA AGCATGGCGC TCGTCTGACTGTCTCAC
```

>PREDICTED: 3566 [organism=Uncaria tomentosa] putative quinate O-hydroxycinnamoyltransferase [EC 2.3.1.99] mRNA, partial cds

```
TAAATGGAAAAGAAATGGTATTGCATTTGCACTGATTGTTGATTAGCCATTGGTCTCCAACGGGGTCCAGTAGTACCTTTTGTATAGAAAATGGTACCTTGGAACCTTGAGGGAGGGGATTTTTCTTATTGTAGGAGTG
CTTCTGATGCTTGGCATGTCAAGTTGCTGAATTGGCACTTGACCCCTCAAGGACTTGCCCCACAAGTTGATGAATTGTGAGGCTGAAAATGCATCTCCAAGAATATGAGCCCAGCTTAAACCCTATTGATATTCCTCC
ACATTTGAACCAGGTGAACAGTAAGCACACATCGAAATCACATCTTCATCAGTTACTAATTGACAAAAC TAGGATTACCGGGAGATCCCAACAATTTCTAAAACCTGAAATGAGAGATCTCCAATAATGACAAA
GTTTAGGGCCAG
```

>7[organism=Uncaria tomentosa] putative chloroplast sequence

GGGAGGGCAGAGCTTTTGTTTTTTCATGTGTCAAAGAGTTGAACAATGAAAATAGATGGCGAGTGCCTGATCGAATTGATCAGGTCATGTAGGAACAAGGTTCAAGTCTACCGGTCTGTTAGGATGCCTCAGCTGC
ATACATCACTGCACCTTCCACTTGACACCTATCGTAATGATAAACGGCTCGTCTCGCCGTGACCTTCTTGAATTCTCAAACCTTCTGTGCTCCATCCCGCAGGGGAGAGAACCCGCTGCTGCTCGGCTGTGCT
ACCGGAGGCTCTGGGAAGTCGGAATAGGAGAGCACTCATCTTGGGGTGGGCTTACTACTTAGATGCTTTCAGCAGTATTCCGCTCCGCACTTGGTACCCAGCGTTTACCCTGGGACAGATAACTGGTACACACAGAG
GTGCGTCTTCCGCGTCTCTCGTACTAGGGAAGGTTCTCAATGCTTAACGCCACACCGGATATGGACCAAGTGTCTCACGACGTTCTGAACCCAGCTCACGTACCCTTTAATGGGCGAACAGGCCAACCC
TTGGAACATACTACAGCCAGGGTGGCGAAGAGCGGACATCGAGGTGCCAAACCTTCCCGTCGATGTGAGCTCTTGGGGAAGATCAGCCTGTTATCCCTAGAGTAACCTTTATCCGTTGAGCGACGGCCCTCCACTC
GGCACCGTTCGGATCTAAGGCCACTTTCGTCCCTGCTCGACGGGTTGGTCTTGCAGTCAAGCTCCCTTCTGCCTTGGCACTCGAGGGCAATCTCCGCTCCGCCCCGAGGAAACCTTTGCACGCTCGGTTACCTTT
TGGGAGGCTACGCCCATAGAACTGTCTACCTGAGACTGTCCCTTGGCCGTAGGTCCTGACACAAGGTAGAAATTCAGTCTTCCAGAGTGGTATCTCACTGATGGCTCGGGCCCCCGGAAGGAGGCCTTCT
TCGCCTTCCACCTAAGCTGCGCAGGAAAGGCCAAAGCCAAATCCAGGGAACAGTGAAGCTTTCATAGGGTCTTTCTGTCCAGGTGCAGGTAGTCCGCACTTTCACAGACATGTCTATTTACCGAGCCTCTCTCCGAG
ACAGTGGCCAGATCGTTACGCTTTTCGTGCGGGTCGGAACCTACCCGACAAAGGAATTCGCTACCTTAGGACCCTTATTGTTACGGCCGGCTTACCCTGGGCTCGGTCGCGGCTCCCTGTGATCAGGTACCCAA
CTTCTTGACTTCCGGCACTGGGCAAGCGTCAGCCCCATACATGGTCTTACGACTTTCGCGGAGACTGTGTTTTTGGTAAACAGTCCGCGGGCCCTGGTCACTGCGACCCCCTTTGTGAGGAGGCACCCCTTCTCC
CGAAGTTACGGGGCTATTTTGGCAGTTCCTTAGAGAGAGTGTCTCGCGCCCCTAGGTATTTCTACCTACCCACTGTGTCGGTTTCGGGTACAGGTACCTTTTGTTTACAGTCTTCGAGCTTTTCTCGGAGT
ATGGATGGTGTACTTCAGCGCCTTAGCGCTGTACTCGAACATTTGGCTGAGGCATTTCTCTACCCCTTCTTACCCTGAAAAACAAGGGCACCTTACGTTCTGAACCGATAACCATTTTCGGCTAACCTAGC
CTCCTCCGTCCTCGGACCGACAAGGGTAGTACAGGAATATTACCTGTTGTCCATCGACTACGCTTTCGGCTGATCTTAGGCCCTGACTACCCCTCCGTGGACGAACCTTTCGGGAGAAACCTTAGGTTTTTCG
GGCATTGGATTCTACCAATGTTTTGCGTTACTCAAGCCGACATTTCTCGTTCGGCTTCGTCCACCCTGCTCGCGCGGAGGCTTCTCTAAGGCGGAACGCTCCCCTACCGATGATTTTTACATCCACAGGCTTC
GGCAGATCGCTTAGCCCCGTTTATCTTCGGCGAAGAGCGCTCGATCAGTGAGCTATTACGCACCTTTCAAGGGTGGCTGTCTTAGGCAAACCTTCTGGCTGTCTCTGCACCCCTACCTCCTTATCACTGAGCGG
TCATTTAGGGCCCTTAGCTGGTGTATCCGGGCTGTTTTCCCTCTCGACGATGAAGCTATCCCCCATCGTCTCACTGGCCGACCTTGACCCTGTTATTTTGGAGTCAATCTAGTATTAGAGTTCGCCTCGATTTGGT
ACCGCTCTCGCGGGCCGACCGAAACAGTGTCTTACCCCGAGATGTCCAGTCAACTGCTGCGCCTCAACGCATTTCGGGGAGAACCAGTAGCTGTGGGTTCGAGTGGCATTTACCCCTAACCACAACCTATCCGCT
GATTCCTCAACATCAGTCCGTTCCGACCTCCACTTAGTTTTACCCTAAGCTTTCATCTGGTCATGGATAGATCACCCAGGTTCCGGTCCATAAGCAGTGAACAATGCCCTATGAAGACTCGCTTTTCGCTACGGCTCCGG
TGGGTTCCCTTAACCAAGCCTACGCTATGAGTGCGGGCTCATTTTCAACAGGCACGGCTCAGAGCCCTGGGCTCCTCCCAGTGTGGGAGCTTACGCTTTCATGTTCTATTTACTTCCCAGTGGGGTTCTCT
TTACCCCTTCCCACAGTACTACTTCGCTATCGGTACCCAGGATTTAGCCTTTCAGCTGCAAGGTGCTCCTGATGATTTACACAGGATTTCCACGCTGACGCTGCCCCAGCTAGCTAGTGTGTTTC
GGCTACTGGACTTTCCGCTTAGGTTGAGCTGCGGCTGCTTCGCCTGACAGCACGAGCTTGTATTGCTCTCCCAACCCCGTTTTACGGTTTAGGCTGCTCCCATTTCGCTCGCGGCTACTACGGGAATCG
CTTTTGGTTTCTTTTCCCTGCGCTACTAAGATGTTTTAGTTTCGCCAGGTTGCTCTTGCCTGCCATGGATTCAGCAGCAGTTCAAGGGTTGCCCTATTTCGGGAATCTCCGGATCTATGCTTATTTTCAACTCCCCG
AAGCATTTCGTCGATTACTACGCCCTTCTCGTCTCTGGGTGCTTAGGTATCCACCGTAAGCCTTTCCTCGTTTGAACCTCGCCCTCACTTTTTATTTTAAAGCTATGCCATCCTAAGGTGCTGCTAAATGGATGGAT
CTTATCAACGTCATGAATGATAAATCATAGATCGAACCGCGAAATCGGAAAATTTGGGTGCTATCATATAGCTTTGTATCGGCTAAATTCACGAGTTGGAGATAAGCGGACTCGAACCCGTGACATCCCGCGCAGGG
TAAACCACCCGCTCTCAGGTCCCCGACTGATTTTACCATAGAGGCCAACGATAGACAATAACTCCCCCGAACACAGCTTACAATTTTCATGCTACTGTGCTCTCCAAGAGCAACTCTTCTCAAAATCTCATGCT
GAGTTGGAATCCCATGCTAACTAAGGATCTTGTGGTTCCGGAGGATCCAGCTACAGGAGAACCAGGAACGGAGAGCTTTCCCCTTTTCGCCCCGACTCTTTGGTCGGTCTTAAAGACGCTGGTTTTTAAGATGAG
TGATTGCCCTTTCGGACCTTACTGCCAACCTGAGAGCGGACAGCTAATGCGTTCACCTTATTGAACAGGGTTCATGGTCGGTCCATGACCCTGGATGCCGAAGGCGTCTTTGGGCGATCTCGTAGTTCTCTAC
GGGTGGAGATGATGGGTCGGTCCATGGATTTTTCTTCCTTTTCTTTCGGCCATTTTCGATCAAAGGGTTGAAGGGAGATAGTGCATCAAGCTGTTCGAAGGGCAACTTGATCCTTCTCCGAGGGATCTCAGA
TGAGGGAACCTGGAGAGCCGCGACTCCAACCTACCATCCATGTACGATCCATACTAGATCTGACCAACTGCCATCCTACCTCCTTACGTTTCTTACAGCTTATTTGTCTCAGTAGAGTCTTTTACGTGGCATG
TTTTGGTCTTCTTCCCATTACTTAGAAAAAGTAGCCACCCGTTCCAGTACAAGATACTATCATTACCCTGGCAGCTGGCCATCCTGGACTTGAACCAGAGACTCGCCGTGAAGTAAATCATCGACCTACGGTCC
AGCTATATCCCGAGCCGAGTGGAGCATGCATGAAGTAGTCAGATGCTTCTTCTATTCTTTTCCCTGGCAGCTGGCCATCCTGGACTTGAACCAGAGACTCGCCGTGAAGTAAATCATCGACCTACGGTCC
AACCATTTGGGAGAGAAATCAATAGATTCTTTTCGGGAGCGATTCACTTCCCGAACGACGATCAACTCTCCGTTGTACTGCGCTTCCAAGTGTGCTTGTCCCCCTTCTTCTTACCCTGGCAAGTCTTTGTA
AAATAACTCCGATGAGAAAAAAAGGAAGGCCTTAAGAGACCCCCCTGGCCCCAACCTTAGACACTCTAAGATCCTTTTTCAAACTGCTCCCATTTCGAGTCAAGAGATAGATAAATAGACACATCCCATTGCACTGAT
CGGGGGCGTTCGTAGTGCATGAGGGGTGGAAGACCAAGAAGTGAAGTATTTATAACCAAGCATTCTTCTTACGGCTAGATCCAATCTCTCGGTCCTCGGAAAGGAAAAAGAAATTCACGCTCTCTCTTTTCGGGAAG
GGAGATTAGGGAATCCTATTGATTGCAGCTTTCTCCAGACTTCCGGGAAAGCATGAAAAAAACGGCTGCAATGATACGATCCCTCCGTACCCCAAGATGAAAGGGGTGATCTCGTAGTTCTTGGTCTGTGAAG
ATGCGTTGTTAGGTGCTCCATTTTTCCCATTGAGGCCAACTAAACCTGTGCTCGAGAGATAGCTGTCCATACACTGATAAGGATGTATGGATTCTCGAGAAGAGAGGAGCCGCTGGTCCCCTCCGAGCCGCGCC
GGATCCCACGAGTGAATCGAAAGTTGGATCTACATTGGATCTCACCCTAATCGCCCATCTATCCTCTGAGGAGAAGTTTGGTTTCAAAACCCGGTTCGAACAGGAGGAGTACGCCATGCTAATGTGCCTTGGATGA
TCCACATCTCAGGGTCAGGCGCCGATGAGCAGTGAATATCCATGTGGCTGAGAGCCCTCACAGCCCAGGCACAACGACGCAATATCAGGGGCGCGCTTACCCTAGGCTAATGGCCGTCGTCGAGCCCTCC
ACTGGGCCCCGCTATGCCAAAAGCGAGAGAAACCCATCCTCTCTTTCTTTTTTCCGCCATGTGCCCCACAGGGGGGGACAGGGGACGTAATAAAAGGGGATCCTATCAACTTGTTCGACCTAGGATAATA
AGCTCATGGCTTGGTCTTACTTACCCTCGAGAAAGGAAAGAAAGACTTCCATCTCCAAGTAACTCAGACGTAAGTCCCTTCTTTTTGGGTGTGAAGCGGTGTCAAAACAAAATACCCAAACAGCATTAGCTTCC
CTGAAAAGGAGGTGATCCAGCCGCACCTTCCAGTACGGCTACCTTGTTACGACTTCACTCCAGTCACTAGCCCTGCCTTCGGCATCCCCCTCTTCCGTTAAGGTAACGACTTCGGGCTAGGACGCTCCCATAGTG
TGACGGGGCTGTGTAAGGCGCCGGAACGGATTCACCCTGATGGCTGACCCGCGATTACTAGCGATTCGGCTTTCATCGAGGCGAGTTGACACTGCACTTCAACTCCGAACCTGAGGACGGGTTTTTGGGTTTAGCTCAG
CTTCCGCGGATCGCAGCCTTTGTCGGCCATTTGTAGCAGTGTGTCGCCCAGGCATAAGGGCAGTACTGACTCAGCTCACCCTCCTCCGGCTTATCACCAGGAGTGTGGTTCAGGGTTCGAGCTTCAACCTCAAC
GATGGCAACTAAACACGAGGTTCGCTTGGTTCGGGACTTAAACCAACACCTTACGGCACAGCTGACGACAGCATTGCACCACCTGTGTCCGCTTCCCGAAGGCAACCCCTCTTTTCAAGAGGGTTCCGCGCATG
TCAAGCCCTGGTAAGGTTCTTCGCTTTCGATCGAATTAACCCATGCTCCACCCTTGTGCGGGCCCCGTCATTTCTTTGAGTTTCACTTCTTGCAGACGACTCCCGAGCGGGACTTAAACCGTTAGCTACA

GCACTGCACGGGTTCGATACGCACAGCGCCTAGTATCCATCGTTTTACGGCTAGGACTACTGGGGTATCTAATCCCATTCGCTCCCTAGCTTTCGTCCTCAGTGTAGTGTCGGCCAGCAGAGTCTTTGCGCCGTG
GTGTCTTTCCGATCTCTACGCATTTCACCGCTCCACCGGAAATCCCCTCGCCCTACCGTACTCCAGCTTGGTAGTTTCCACCGCCTGTCGGGGTTGAGCCCTGGGATTTGACGGCGGACTTAAAAAGCCACCTA
CAGACGCTTACGCCCCAATCATTCCGGATAACGCTTGCATCCTCTGTCTTACCOCGGCTGCTGGCACAGAGTTAGCCGATGCTTATCCCCAGATAACCGTACTTCTTCTCCGGAAAAAAGAAGTTACGACCCGT
GGCCCTTCTACCTCCACCGCGCATTTGCTCCGTAGGGTTTCGCCATTCGGGAAATCCCCACCTGCTGCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCACGTCCCAGTGTGGCTGATCATCTCTCGGACCGACTACTGA
TCAATCGCCTTGGTAAGCTATTGCCTACCAACTAGCTAATCAGACGCGAGCCCTCTCCGGGCGGATTCCTCTTTGCTCCTCAGCTACCGGGTATTAGCAGCCGTTTTCCAGCTGTTGTTCCCTCCCAAGGGCAG
GTTCTTACGCGTTACTACCCGCTCCGCCACTGGAAACACCATTCCCGTCCGACTTGCATGTGTTAAGCATGCCGCCAGCGTTCATCTGAGCCAGGATCGAATCTCCATGAGATTCATAGTTGCATTACTTATAGC
TTCCTTGTTCGTAGACAAAGCGGATTCGGAATTTCTTTTCATTCCAAGGCATAACTTGTATCCATGCGCTTTCATATTCGCCCG

>2779 [organism=Uncaria tomentosa] putative chloroplast sequence

GAGCGCTCATGGCTATGTCATAATAGATCCGAACACTTGGCCCGGATCGACTTCCAGATCATAATGGCTCTAGTGAATAACTAGATAGATGTAAGATCAAAAATAGAAGAGAATAAACTAATTAGTGAATATTTT
TCACTAATTATTTGACTGTTGGCGGGTTTTCTTTGTATGTGTGTCGCGAAAGAGGAGGACTCAATGATTATTCGTCGCGGAACCAGAAGTAAAAATTTTGGTAGATAGGGATCCCGTAAAAACTTCTTCGAGGAA
TGGGCTAAACCAGGTCAATTTCTCAAGAACATAGCTAAAGGACCTGATACTACCACTTGGATCTGGAATCTCCATGCTGATGCTCAGATTTTCATAGCCATACTAGTGAATTTGGAGGAGATTTCCGAAAAAGTTTT
AGTGCCCAATTCGGCCAACTCTCCATCATCTTTCTTTGGCTGAGCGGCATGATTTCCACGGTGTCTGTTTTTCCAATTTGAAGCGTGGCTAAGTGTCCAACCTCACATTTGGTCTTAGTGCCAGGTGGTTTTGGCCA
ATAGTGGGCCAAGAAATATTGAATGGTGTATGTTGGCGGAGGTTTTCCGAGGAATACAATAACCTCTGGTTTTTTTCCAGATTTGGAGAGCATCTGGAATAACTAGTGAATTACAACCTCTATTGTACCGCAATTGGTGCA
TTGATCTTCGCAGCGTTAATGCTTTTTGGTGGTTTTATTATCATAAAGCAGCTCCAAATGGCTTGGTTTTCAAGATGTAGAATCTATGTTGAATACCATTAGCGGGGTACTAGGACTTGGGCTCTCTCTCT
TGGCGGGGACATCAAGTACATGTATCTTTACCGATTAACCAATTTCTAAACGCTGGAGTATGATCCTAAAGAGATACCACTTCTCATGAATTTATCTTGAATCGGGATCTTTTGGCTCACTTTATCCCAGTTTTGCC
GAGGAGCAACCCCATTTTACCTTGAATTTGGTCAAAAATAGCGGAATTTCTTACTTTTCTGGGAGGATTAGATCCAGTAACTGGGGTCTGTGGCTGACCGATATTGCACACCATCATTTAGCTATTGCAATTTCTT
TTCCTGATAGCAGGTCACATGTATAGGACCAACTGGGTATTGGTCATAGCCTGAAAGATATTTAGAAGCTCACAAAGTCCATTTACAGGCCAGGCCATAAAGGACTATATGAGATCCTAACACGTCATGGCAT
GCTCAATTAATCTTTAACCTAGCTAATGTTAGGATCTTTAACCAATTGTTGATGCTACCATAATGTATTCATGCCCCCTTACCATATCTAGTACTGACTATGGTACACACTGTCGTTTTTTCACACATCACATGTGG
ATTGGTGGATTTCTCATAGTCGGTGTCTGCGCATGCAGCCATTTTTATGGTAAGAGACTATGATCCAACACTCTCGATACAATGATCTATTAGATCGTGTCTTGGAGATCGTGTATCATATCACATCTCAAC
TGGGCATGTATATTTCTAGGCTTTTCATAGTTTTGGTTTTGTATATTCACAACGATACCATGAGCGCTTTAGGGCGCCCTCAAGATATGTTTTTCAGATACCGCTATCCAATTACAACCCGTTTTTGGTCAATGGATAACA
AACACCCACGCTTTAGCACCTGGTGAACGGCTCCTGGTGAACAGCAAGCACCAGTTTTAACTTGGGGAGTGGTGAATTTAGTAGCGGTGGGTGGCAAAGTGGCTTTGTTACCTATTCCATTAGGAACCCGAGATTTT
TTGGTCCATCACATTCATGCAATTTACGATTCATGTGACCGTATTGATACCTCTGAAAGGTGTTCTATTTGCTCGTAGCTCCCGTTTTGATACCGGATAAAGCAAACTTTGGTTTTTGGTTTTCTTGTGATGGACCTGGA
AGAGGAGGTACATGCAAGTATCGCTTGGGATCATGCTTCTTAGGACTATTCTGGATGTACAATGCAATTTCCGGTAGTAATATTCCATTTTCAGTTGGAAAAATGCAGTGCAGATGTTTTGGGGCAGTATAAGTGATCAA
GGGTTAGTAACTCATATCACGGGAGGAAACTTTGGCGAGAGTCTATTACTATTAATGGATGGCTACCGGATTTCTTATGGCGCAGGCATCCCAGGTAATTCAGTCTTACGGGTCTCATTATCTGCATATGGCCCTT
TTTTCTTAGTGCTCATTTTGATAGGGCTTTTAGTTTTAATGTTTTCTATTTCAGTGGACGTGGTATTGGCAAGAACTTATGAATCCATCGTTTTGGGCTCATAAATAAAAGTTTGCTCTGCTACTCAGCCGAGA
GCCTTGAGCATTTGACAAAGGACGTCCTGTAGGAGTAACCCATTAACCTCTGGGGTGAATTTGCCACAACATGGGCATTTCTTTCAGCAAGAATTTATGTCAGTAGGATAAATGGCTAGGAGATTTGAAAGGCATTATGGC
ATTAAGATTCCAAGGTTTGGCAAGGCTTAGCTCAGGACCCCACTACTCGTCTGATTTGGTTTTGGTATTGCTACCGCACATGACTTCGAGAGTCATGATGATATTACTGAGGAACGCTTTTATCAGAATATTTTTGTC
TTCTCACTTCGGTCAATTAGCAATAATTTTTCTGTGGACTTCCGAAATCTGTTTTCATGATGACTTTGGCAAGGAAATTTGAGTCATGGGTACAGGACCCTTTACACGTAAGACCTATTGCTCATGCAATTTGGGATCC
TCATTTTGGTCAACCGCTGTGGAAGCTTTTACTCGAGGGGGTGTCTTTGGCCAGTGAATATCGCCTATCTGGTGTATATCAGTGGTGGTATAACAATCGTTTTACGCAGAATGAAGACCTTTATACTGGAGCTCT
TTTTCTATTTCTTTCTGCCATATCTTAATAGCAGGTTGGTTACACCTACAACCGAAATGGAACCCGAGCGTTTTGCTGGTTCAAAAATGCCGAATCTCGTCTGAATACCATTGTGAGGACTCTTCCGGCGTAAG
TTCTTTGGCTTGGACAGGGCATTAGTCCATGTCTGATTTCTGGATCCAGAGGGGAAACGTTTCGATGGAATAAATTTCTAGATGTATTACCCTCCCAAGGGTTAGGTCCACTTTTTACAGGTGAGTGAATCT
TTAGTCTCAAAAACCCGATTCAGGCAGTCAATTTATTTGGAACCTCCAAGGACGGAACCTGCAATCTAACCTTCTCGGGGGATTCATCCACAACCGCAAAGTTTATGGCTGACTGATATTGCCCATCATCTATT
AGCTATTGCAATTTATTTCTGTTGCTGTGCATATGTATAGAACTAATTTCCGGATTTGGGCACAGTATGAAGAAGCTTTTAGATGCACATTTCTCCCGGGGGACCGTTGGGACGTGGGCATTAAGGGTCTTTATGA
TACAATTAATAATTCGCTTCAATTTCAATAGGCTTGTCTAGCTTCTTTAGGGGTTATTACTTCTTTGGTAGCTCAACACATGACTCTTACCTGCTTATGCATTTCATAGCACAAGACTTTACTACTCAAGCTGC
ATTATATACTCATACCAATATATTGCGGGATTCATCATGACAGGAGCTTTTGTCTATGGAGCTATATTTTTCTATTAGAGATTACAATCCAGAGCAAAAATGAAGATAATGTATTGGCAAGAATGTAGACCATAAAGA
AGCTATTATATCTCATTTAAGTTGGGCCAGCCCTTTCTTGGGATTTCCATACTTTGGGACTTTATGTTTATAATGATGTCATGCTTGCCTTTGGCACTCCGAGAAAGCAATCTTATGTCGAACCTATATTTGCTCAATG
GATACAATCGGCTCATGGTAAAATTCATATGGGTTGATGTACTTTTATCGTCAACGAGCGGACCAGGCATTCAATGCGGGTCGAGCATCTGGTTGCCCAGGTTGGTTAAATGCTGTTAATGAAAATAGTAATTCATT
ATTCTTAACAATAAGGTCCTGGAGACTTTTTGGTTTCATCATGCTATTGCTCTAGGTTTACATACAACACTACATTGATTCTAGTAAAAGGTGCTTTAGATGCACGCGGGTCCAAAGTTAATGCCAGATAAAAAGGATTTCCG
TTATAGTTTTCCGTCGACGGCCCGGACGAGGTGGTACTTGGCATATTTCCGCGATGGGACGCATTTTATTTAGCAGTTTTTGGATGTTAAATACTATTGGATGGGTTACTTTTTATTGGCATTGGAAGCACATCAC
ATTAAGCAGGGGAACGTTTACAAATTTAATGAATCTTCCACCTATTGTATGGCTGGTTAAGAGATTAATTTAGTAAACTCTCACAACCTATTAATGGATATAACCCCTTTGGTATGAATAGTTTATCGGCTGTG
GGCATGGATGTTCTTATTTGGACATCTGGTTGGCTACTGGATTTATGTTCTTAATTTCCCTGGGCTGGGATTTGGCAGGAATTTGATTGAAAATTTAGCCTGGGCTCATGACAGTACACCTTTAGCTAATTTGATTG
CTGGAGAGATAAACAGTGGCCCTTTCCATTGTGCAAGCAAGATTTGGTTGGATTAGCCCACTTTCTGTAGGTTATATATTTACTTATGCGGCTTTTTTAAATGGCTCTACGTGCGGCAAAATTTGGTAAATTTTTTAA
TTCATTTTTGAATGTGTGATCTGTGAAAAGATCATTCTTGGCTGGAGAGGGGCCACCTTCTTATTTCTACATCTAGGATTCGACTTGTATCATGGATACTAATAGGAACTGAACCTATAGGCAAGGAAAG

GTTTGATTACGCGGGAGAAGAAGAGGCCAAAAGTTGGAACAGAAATATCATTGATTGTCGTGATCCTTAAAAAGAAAATAAGCAAAGTTGAGTCTGTTGAATGACAAATGGAAAATTTATAGAAAGTTACAATCCCTAC
CGCGGAATAGTGCGCCTACACGCCTGCATCGACGTGTTTTGCGACCCGGAAGACCGAGAGCTAATTATCGAGACTTTGGACTATCCGGACATATACTTCGTGAAATGGTTCATGCATGTTTGTGCCAGGAGCAACAA
GATCAAAGTTGGTAATGATTAACCTTTGATTTCTATTCTATGATCACCGATCATAGGGTCCCTTTACCATTCTGTA

>0[organism=Uncaria tomentosa] putative 26S ribosomal RNA gene

GCGGGTTGAATCCTTTGCAGACGAATCGGAGCGACAAAGGGCTGAATCTCAGAGGATCGTGGCAGCAAAGGCCACTCTGCCCTTACAATACCCCGTCGCGTATTTAAGTCGTCTGCAAAGGATTCAACCCGCCCTCG
GTGTAATTGTACTTCAAGCGGCCAACACGGCTTCTGCGGTGAGGGCTTGGCCAACGACACGTGCCCTTGGGGCCAGGGGCCCTACTGCGGTCGGCAAACGGGGCGGGGCATGCGTCTGCTTAGCCCG
GATTCTGACTTAGAGGCGTTCAGTCATAATCCAGCGCACGGTAGCTTCGCGCCACTGGCTTTTCAACCAAGCGCGATGACCAATTGTGCGAATCAACGGTTCCTCTCGTACTAGGTTGAATTAATACTATTGCGACACTGT
CATCAGTAGGGTAAAACTAACCTGTCTCAGACGGTCTAAACCCAGCTCACGTTCCCTATTGGTGGGTGAACAATCCAACACTTGGTGAATTCTGCTTCACAATGATAGGAAGAGCCGACATCGAAGGATCAAAAAGC
AACGTCGCTATGAACGCTTGGCTGCCAAAGCCAGTTATCCCTGTGGTAACTTTCTGACACCTTAGCTTCAAAATCCGAAGGCTAAAGGATCGTTAGGCCACGCTTTCACGGTTCGTAATTCTGACTGGAAATCAG
AATCAAACGAGCTTTTACCCTTCTGTTCCACACGAGATTTCTGTTCTCGTTCGTATCTTAGGACACCTGCGTTATCTTTTAAACAGATGTGCCGCCCAAGCTCCACCTGACAATGTCTTCGCGCCCGAT
CGGCCCGCCGAGGCCAGCCTTGGGTCAAAAGAAAGGGGCAGAGCCCGCTCCGATTCACGGAATAAGTAAATAACGTTAAAGTAGTGGTATTACACTTTCGCTTTTCGGCTTTTCGGCTCCCCTTATCTACACTCTCAAG
TCATTTACAAGTCGACTAGAGTCAAGCTCAACAGGGTCTTCTTTCCCGCTGATTCTGCCAAGCCCGTTCCTTGGCTGTGGTTCTCGCTGGATAGTAGACAGGGACAGTGGGAATCTCGTTAATCCATTATGCG
CGTCACTAATTAGATGACGAGGCATTTGGCTACCTTAAGAGAGTCATAGTTACTCCCGCGTTTACCCGCGCTTGGTGAATTTCTTACTTTGACATTGACAGACTGGGCAGAAATCACATTGGCTTAGCATCCGC
AGGGACCATGCAATGCTTTGTAAAATTAACAGTTCGGATTTCCCTTGTCCGTACCAGTTCTGAGTCTGACTTTCGACGCCCCGGGAAAGCCCGGAGGGAGCCGTTCCAGTCCGCTCCCGCCGGCCGACGCGCGG
ACCCGCTCTCGCCGCGGGAGCAGTCTCAGCAGTCCGCCGACAGCCGACGGGTTCCGGACTGGGACCCCCGTTGCCAGCCCTCAGAGCCAATCCTTTTCGGAGGTTACGGATCCATTTTGCCGACTTCCCTTGCTAC
ATTGTTCCATCGACAGGAGCTTACCTTGGAGACCTGATGCGGTATGAGTACGACCGGGCGTGGACGGCACTCGGTCCTCCGGATTTTCAAGGGCCGCGGGGGCACCACCGGACACGCGACGTGCGGTGCT
CTTCAGCCGCTGGACCTACCTCCGGTGAAGCCGTTTCCAGGTTGGCAGGCTGTTAAACAGAAAAGATAACTTCCCAGGCCCCCGCAGCTCCCGACTCCCTAACGTTGCGCTACGCCCGCACGTCGCCG
TTCAGGAATTTTAAACCGATTCCCTTTCGGTGCACGCGCGAAGCCGCTATCTGTCCGGCTTCCCCGACCCTTAGGATCGACTAACCCATGTGCAAGTGCCGTACACATGGAACCTTCCCTCTTCGGCCTTCAA
GTTCTCATTGGAATATTTGTACTACCAAGTCTGCACCGAGCCGCTCCGCCCGGGCTCGCCGCCAGGTTTGCACGACCGCCGCGCCTCCTACTCATCGGGCCTGGCACTTGCCCCAGCGCCGGTA
TAGGTGCGCGCTTGCAGCCATCCATTTTCGGGGCTAGTTGATTCGGCAGGTGAGTTGTACACACTCCTTAGCGGATTTGACTTCCATGACCACCGTCTGTGTCTTAATCGACCAACACCCCTTGTGGTGTCT
AGGTTAGCGCGCAGTTGGGACCGTAACCCGGCTTCCGGTTCATCCGCATCGCCAGTTCTGCTTACCAAAAATGGCCACTTGGAGCTTTGATTCCGTTGGCGGGCTCAACGAAGCAGCCACGCGCTCTACCTAT
TTAAAGTTTGAATAAGTTCGAGGGCGTTGCGCCCCGATGCTTAATCATTTGCTTTTACCCGATAGAAGTCCGACGCGAGCTCCAGTATCCGAGGGAAACTTCGGAGGGAAACCAGTACTAGACGGTTCCGATTA
GTCTTTCCGCCCTATACCAAAGTACAGCAACGATTTGCACGTCAGTATCGCTGCGGGCCTCCACCAGAGTTTCTCTGGCTTCCGGCCGCTCAGGCATAGTTACCCATCTTTTCGGGTCCCGACAGGTATGCTCACAC
TCGAACCTTCTCAGAAGTCAAGTTCGGTTCGGCGGTGCACCCCGAGGGGGATCCCGCAATCAGCTTCCCTGCGCCTTACGGGTTTACTCACCCGTTGACTCGCACACATGTCAGACTCCTTGGTCCGTGTTACA
AGACGGCCGAATGGGAGCCCGTGGCCAGCACCGGAGCAGCGATGCCAGGCAGCCGAAAGCGCGCGCTGCCCGCCACGATCGAGGCAGCGGCTCCACGCGGCATATCCACAACCCGGCTTTGGCCG
CGCCCAATCCGCGCTGGTCCACGCCCGAGCCGATCGGGCGGACCGGCTGACCCGTTCCACATACGACCGGGCGCATCGCCGCCCCATCCGCTTCCCTCCCGACAATTTCAAGCACTCTTTGACTCTCTTTTCA
AAGTCTTTTCTCTTTCCTTCGCGTACTTGTGTTGCTATCGCTTCTCGCCGATTTAGCCTTGGACGGAAATACCGCCGATTTGGGGCTGCATTCCCAACAACCCGACTCGCCGACAGCGCCTCGTGGTGGCA
CAGGTTCGGGACGACGGGACTGTACCCTTCCGGTGCACCATCCAGGGACTTGGGCCCCGTCCGGCCTGAGGACGCTTCTCAGGCTACAATTCGGACAGCGGAGCCGCCGATTCTAAGCTTGGGCTGTTT
CCGGTTCGCTCGCCGTTACTAGGGGAATCCTGTTAGTTTCTTCTCCTCCGCTTATTGATATGCTTAAACTCAGCGGTAATCCCGCTGACTGGGTCGCGGTCCGGGCGCAGTGCAAAACAGATCGCGCACTAGG
GTCATCCATGGAGCCGAAAGACGACGAGCGGAAACCGGCAGCAGAAAATCGAGTCGGGGCTTCAACACCACTCGTCTGTCGACTCCCTCGCCGAGGACTCTCGTTTAGGCCGCGGCCAAAACGCGACGGGAGCCCA
ACATCCGCCGCCACACGATAGTTGGGGGCGGCAGCGGATGCGTGCAGCCCAGGACAGCTGCCCTAGGCCTGATGGCTTCCGGGCGCAACTTGGGTTCAAAGACTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTACACAC
AAGTATCGCATTTCCGTACGTTCTTACATGATGCAGAGCCGAGATACCGTTCGCCAGAGTCTTTGGATTACGACAGGCGCCACAGCACCCCGAGTACACCGGTACGGGCATCGAG

>2741[organism=Uncaria tomentosa] putative chloroplast sequence

CAAGAAGTTTGATAAGAAGTTGCAAGAAGTTGACCCCTCTAATTTTTTGGTTTTTATTTATTTGATTTCTTTTGGGACTTATATTAATTTTTAATTTTTGAATTTGAATATGTTTTACAACCGAGAAAATTTCC
GGGGGGGGGTCATTTCGTTTTTCGATCTGGAACGAATAGGTTCAAGAGATGAGAGAATAAGGATACCCACTAGAAAGACTAACCCAATCCATAATGATGACCGGAAAATATAACATTTTTTGTACTTGACCAAC
CATCAGGAGAAGCAATAACAACGGCACGCTAATCAATAAGATTAATGAAGTAGCAATTAGTGCAAAAACAGCCAAATGGAAAGCAAGAGTCACTGTTTTAATCCTCCAATTTACCAAAAATGAATATACCAATTTG
ATTCCTCTATCAGCAAAAAATGTAATAAATACATATCGAGGGATTTACTTTTACCATGAACCCCATGATTTATATAGACTTATTACGCACTGTACCACCTTATTCGTACATGGGTCGAGGGAATGGAAT
TTTTTGTAATAAAAAAATAGGCGTGTGCCTCTATATAGAAATGATAATACGACAGCGAGATTTCCACAGAGGCTTTTCTACGGATAATGTTGATTCGCCCTATCCGCTGATGAGCTGTCTATTACAGAGGA
TAAAAAATAAATTTGCTTTTCGGAGAGGTGGCTGAGTGGTTGATAGCCCCGCTTTGAAACCGGTATAGTTTTGAAACAAGAACTATCGAGGTTGCAATCCCTCTCTCTCTTTTTTGTTCATTGAATCAATTTGTT
TCTTTATTAGTTTTGCCCTACGGGTATCATAAACAAGGAGAAATGGCTCGGCTATCCACCGGACCAAGCCGAAATAATAGATTATATAAATGAGTTGAAAAATACTTTTTTAAATAAAAATGACCCGATCCCAAA
ATGGATGATGGGATGAAAGTATTCTTATTTCAAGCATTATTATTCTCAATTAAGAGGAGTCATGAAAGGACAGGTTCAAAATCACGATCAATTCCTTTTTTCAAATCCGGCTGCAGTGCACGAGCCCTCCAGCT

GCCACAAATGACCTACAAAGAAGAAGAAATCCTAGAACAAAAATGAGAGGTAGCTAACCAACTTCTAGGAGAGACATAAATTAACGATGATCTCGGTAGCTACGCCACCCACGGAATTTAAAGAACCTAAAGGAGCAT
GAGTCATATATTCTGCGGAACGCCGTCTTGTCCAAAGGTTGATGCTTTTTTTAACTACTCAAGTCCAACCCATTGGACCTCTAGAGGTTCTAACCAGGGAGCAGCTAGATCCCAAAAACGATTGTTTCTCCTC
CAAAAATGACTTCTCCGGTTGGGGAAACGCATTAGATATTTACCTAAACCCGTAGGCCCTTGAGCGGATCCCACATTAGCCCAGACGTTGGTCTCTAACTAGAAAAAGTAAATGCTTGAGCTTGAGAAGCTTCTGGCC
CAGTGGGTCGGTAAAACTACTAGGATAAGCGGTATTATTGAACAGACAAAGCAACAAGCAGTAAACCAAGATGGCTAAAGCCCTAAACTATAAGATAAGTAAGCCTCTCCAGACCATCAAGTCGCGCGCCGAG
CCCACGCAAGGGTTTAGTTAAGATATGCCAGATTCCACCAGATTCACCAAGTATACAAATGGAACTTAACCAAACATGTCTCCGATTATATCTTAAATCTGCCACAAACAATCCACCCTCCAAAGGGCGATTTTA
GTAAATAACAAATATGATACCCGGGCTAAGAGTCAAGTTGGTAAATTTTTCTTACATCTCCCCCTCCCGAGGCCAGGTATCATACACGCCAAAAATAAGAGCCTGAATACTAGAGAAGAAAGCACCTATACCTA
ACAAGATTAAGTGAATACCTAAAATTTGATGTCATTTTATTTCTATCTTTCCATACATAGCCGAAGAATGGAAAAGATTCTTCAAGTGTCTCAGGACCCAGAAATGCATGATAAATACCGCCAAAGCCAAAACGCCG
AGGAAATTAAGTGAAGTACTCCAGATACAAAGTATGAAAGGTATCTATAACTTCCCCCCAGGACCTACCCCAACCTAGAGTAGCTAGGTGGGGAAGTAAATTAATCCTTGTTCATACATAGGCTTCTCTGGTA
CGAAATGAGTACTTCAAATAGGTTCAATGTCCGGCCAGAATACGATTAACCAGCATGGGCTACATGAGTCTTAGTAATTTACCGGATAAATTGATAAGTCGGGCATTTCCGGCCCAAGCGAAACCGGTGG
TTTCTTGGTACAGCCAGCTAAAGCTAAAGTTCATTAAAGAGCGTTTTCCACGTGGTAGAACCTCCTCAGGGAATATAAGGTTTTTCATGAGGCTGATCTTGAGCCGCCATCCAAGCACGAATACCTTCGTTAAGAGA
ATATTTTGGTATAGAAAGTTCAAATCCGGATCTTCCGCTGCGCAATTTCTTGAGAAACGAAGTCAATAGGCACGTAGATTCAGGGCCAGACCCTACTCCAAGAGCACTCATCCATAAACCGGTTACCGGTACA
ATAACATAAAGAAATGTAACCAACGTTTTATTGAAAAAGCAACCCCAAGATTTGGGACAAAAGCGATTAGCCGTGACCATTTGAATAAGTTTTCTTCACTTGGGTTAAAAGCAGCGAAATGTAATTTGCACCA
TCACCATCTTCAAATAAAGTATTTCTACAGTAGCACCATGAAATAGCGCATAGCAAAAGCAGCGCCCAATACACCAGCAACTCCCATCATATGAAATGGGTTCAATGTCCAATTATGAAACCCCTGAAAAAGAGTATG
AATCGAAATATAGCTGCTACACAAAACAGCGCAAAAGCAACACAGATGACCTAGTGATATAACAGGAATACAGAAACAAAACCGCAATTTGGAGCAGAGAATGCGATTGCATTATAAGGTGCGCAATTGAAACA
GATCGAGCAAGTTCGAATTGACGTAACATGAAACCTATTAAATCCGAAAGCACCATGAGAGCAACAAGTCCACAGGCCACTAATTGACACCAACCGGTAAATCTCCTTGTGCTTCAGGACCCCATAGTAACAAC
AAAGATGTGCTAACTATTAGCAGGAGTAGAAACCGCGGCAGTTAAGAAATTGCAGCCTTCCAAATAGGAAGTCGCAATCCATGGGTATACCATGAAGTTACAAGGTTGTACCCGTGAACCAACCCCTAAAGCG
AAATAGGCACAAGGGAAGAGCAATAGACCGGACCAGCCTACAAAACGAAACCGTCCCTACGTAACCAGTCACTAATAATCAAATAAATCATTTTCCGCTTTGGTAAATTTACCAAGGGCTATAGTCAATAGTATC
CTCCTATTCAACTACTTCCGACATTTCCGAGCACCTCATAGCATTTCGGGGCGTCCGAAGATTCGATCATTTCTGTATGATTTCTTGTGCACTGCCCCACCCCAATGCAATGGGTTTCGAAGATAAAAAATCCCTTAT
TGGCCATAAACTCGCTAGATAACTAAATTTATTATTCTACTTAGTAAGTATAAGCTCGAATTTGTTCTTATGACCCATCAATGAGATAGATGATAATCTTTTCATAGATGATAATCTTTCAAAGAACTA
ACCAATCAATCCCCTCTACTCCCAATCGATCTCAGACCTAACCCCTCTTGGTTCATTAATTAATGTTAATTAATTCGATCTGTTCATGAGATTGAGAAAAAGAAAGATTTATAAATCTTTTAAATAATTA
AAGTATTTTATTTAATTTCTTTTCTTATTTGCTTTTAGCTTTTAGCTTTTCTTTGTAGTTTCTTCTTCTTCCCTTCCCTTCCCTTCCCTTCCCTTCCCTTCCCTTCCCTTCCCTTCCCTTCCCTTCCCTTCCCT
TAAAATAAAAAATAGATTGAGACTAAAATGAAAGTATCTATCACACTTTCAAAGAAAAATATCGGATGCAAAACATTTGGTACATGAAGTACAGATCTGATAGATATACATCCAAATATACATACTTATATAGATAG
AAAGTAATCTTGATCTATAATCAAAGAGAGAGAGTGAAATGGCTTTATCTTATGACTGAAAGAAACCTTTCCCTGTGAAGGAACAGAATACAGATTTATCTTATAATATAAATATAGAAAATCTAGGAACAAGA
AGATTTAATCGAAAATATCGACAAATTTCTGCGAAGTCAAAAAATGAAATAAAAAAAGATCAACTCTTCCA

>843[organism=Uncaria tomentosa] putative 26S ribosomal RNA gene, mitochondrial

GGATGCCCCGGCATTGAGAAGGAAGGACGCTTTTACAGAGCGAAAGGCCATGGGGAGATACCCTGTGATCCATGGATCTCCGATCGGGAAACCGTATCCAAGCTCCGTGGCTAGTCTGCGCTCTTTGGACTTTTCAA
ACTTAGCGAACTGAAACATCTGAGTAGCTAAAGGAAGGGAAATCAACCGAGACCCGTTAGTAGCGCGAGCGAGAGCGGATTGGGGTTTGAAGAAAAACAACACGAAAGCTTCGTTCTCTCCTTTTAGGGCAGC
TACTTCTCTCAGCTTCGTGTTCACTTATTTTCCGAGGTTTCATTGATTTGTTGTGGATTGGATGATGGAAAACCCAGCAAGCTACGGCTTCAAAGCTTACCTTATTTATGAAAAGGAGAAAGGCTTTTT
TATAGAAGAGAGGTTGAGTAAGGGGGGGGGCTTGAAGAGCGAAGCGAGCCGCTAGCCTATTACGTTTTCCAGCAGCAAGCTACGGCTAAGACCCCTAGTAGGTTGGGGCAGAAAACCTCAAACCTAGGTTTC
CAAACCTTTTAAATAAATAAGGTAAAGCTTTCAAGCCTTCTTTTACTAGAAAGTAAAGAAAGCGCAGTGAATGTAATTGTGAAAGATTGGAAGATCTGGCCAAAAGAGGTGATAGCCCTGTAGATTCCTTCCCATG
GTTCCGATCCTTCCAGTAAAACGCGACGTGTTGGAATTCGATCGCTTTACCGCAGAAAGGGGGACCACCCTTAAGCCATAAGTATTCTCAATGACCAGTACAGTACCGTGAGGGAAGGTGAAAAGAAC
CCTATTTAGGGAGTGCAATAGAAACCTGAGATCCGATCGCAACAATCAGTCGAAGGAGCGGAGCTTAGAGCCTTGACTTTCTATTAGTAAAGCGCACTACTTAACGGCGTACCTTTTGATGATGGGTCAGCGAG
GAAATGGGAAGAGCGCTTAAAGCAATTAGGTGTAGGCGCTTTCCAGAGGTGGAATCTTCTAGTTCTTCCTATTTGACCCGAAACCGATCGATAGCCATGAGCAGGTTGAAGAGAGCTAACCAGGCTTGGAGGAC
CGAACCACGATGTGGCAAAAATACGGGGATGACTTGTGCTAGGGGTGAAAGGCCAACCAAGTCCGATATAGCTGGTTTTCCCGCAAAATCTATTTCAGTAGAGCGTATGATGTCGATGGCCCCAGGTAGAGCACTC
AATGGGCTAGGGTGGCCCATTTCCGCTTACCAACCCCAAGGAAACTCCGAATACAGGCCATAGATCGTTTGTACAGACAGACTTTTTGGGTGCTAAGATCCAAAGTCGAGAGGGAAACAGCCAGATCGTACGCTAAG
GTCCCTAAGCAATCACTTAGTGAAAAGGAAGTATCGAGCGATGACAACCAGGAGGTGGGCTTGAAGCAGCCATCCTTTGAAGAAAGCGTAATAGTCACTGGTCTAGCTCCATGGCACCAGAAATGTATCAGGGC
TCAAGTGATTCACCAGCGCAGCAGACCTTGAAGCTGCTTTTTCAAGTGTGATAGCGGAACGTTCTGTCAATCGGAGAAAGGTTTTGGTGACAAAGACTGAGATATCAGAAGTGAGAAATGCTGACATGAGTAAAG
AGAAATCCTGTGAAAAACAGATCGCCTGCCAGTGAAGGTTTTTCTGCTTTCAGTCAATCTACGCAAGGTGAATCGGTCCCTAAGGAACCCCCGAAAGGGCTGCCGTCCGATGGGTACAGGAAAGTGAAGGAGTTGCT
TTGACTACAGAACCATGCCTGTCTGTTGGAGCGAATTGGATGATCGGGCCGAGGGCTGCCCCCTCTCCCTCACTTCTCTTTCCCTAATATGAACCTTGAGTCATCAAAGCTTTTCTGACTCGGCCTGGCCGGTCTG
CCCTACAGACTGCGCCTCAAAGGCGAAACTCTGTCGTAGTTTGGCAGCTATCTTCAGTAGGGCCTTTAGTCTTTTGATAGAGTAGGGGTGCGGAGAGAGCAGAGCGTACCACCCTGCCATAGTACAGAGTC
TGTTTATAGTCGCGACTGTTGTCATAGTTAAACAAGTTGAAACTTCAGGAAAAAACTTCGAATTGGGAGGCGCATCTCCCGTGAACCTGACCGTACCCCAACCGACACAGGTGAACAAGTAGAGTATACAGGGC
GCTTAGAGAACCATGTGCAAGGAACTCGGCAAAATGACCCGTAACCTCGGGAGAAAGGGT

>4550[organism=Uncaria tomentosa] putative psaA-psbB fragment, chloroplast

CCAGTATCTAATAAGTFTTTTTGACTCACCCCTCTTTTATTCTATTTTATTGATTTTGTATCTTTGCTATTTTCATTTTTTAAATTTTTTAGTTACATCAAAGTTGTATTTTGTCTGATGGTATTTGATTTTATTCACCT
AAAGCAAAATAGGTTTGAACAGGATTATTCGAACATACCAACTAGTTATGAAATCAAACCGCATTGATAGCCTCTACTCGTGCCTAGCTCGTGAAGAGCTAGATTGCTTCAATTGTTTGTCTCTTTCCCTCAG
CTTTTTTCAAATTAGCTTCCGCTATTTCAGAGTTTGTGAGCTTCTTGTGGATCAATGCTACTACCCTTCTCCGCTCATTACTAAAACAGTGATTTTATTATGCTTATTCTAGCAAACCACCCATCAAAGCCA
TCGTTAACCATTGGTCATTAAGGCGGATTCTCAAATACCTATATCTACAGCTGTGGCAATAGGGGCATGGTTGGGTAATACGCCAATTTGACCACTATTAGTAGATAAAAATTATTTCTTTCACTTCTGAATCCCAAA
CAATTCGATTAGGGGTCAGTACACAAAGATTTAAGGTCAATTTCTCAAATTTGTTCTCCATTTCTAAGTTTATAGCCTTCGCGGTAGCTTCGTCGATATTACCTACCAAATAAAAGGCTGTTCAGGAAGACCGTCTAA
TTCTCCGAAAGGATCAATTGAAATCCTCTAATTGTTTCTGCTAGACCAACATATTTCCCGGAGAACCGGTAAATACTTCTGCTACGAAAAGGGTTGTGATAAGAAACGCTCAATTTTTTCGCGCTCGTGTACGGT
TAAACGATCCTCTTCGATAAATTCGCTAACCACAGGATAGCTATAATGTCCTGAAGTTCTTTGTAACGCTGTAAGTTTGTCTTAACTCTTTGCGCAGTTTCATAATGTTCTCACCACCAATCCGAGGTTGAAGCAT
GGTTGATGTTGAATCTAAAGGATCTACTGCTGGATAGATACCTTTGGCAGCTAATCCTCTTGATAGTACGGTAGTAGCATCTAAATGTGCAAAATGTCGTAGCGGGGCGAGGTCGGTTAAATCGTCTGCAGGTACATA
AACTGCTTGAATAGAAGTTATGGACCCTTCTTTGGTAGAAGTAATCCTTTCTTGAAGTACCCATTTCCGTTACTCAGGGTGGTGGTAGCCACAGCAGAAGGCATTCTACCAATAAGGCGGAGACTTCGGATCC
TGCTTGGACGAAACGAAAAATTTGTCGATAAATAAGAAGTACGTTCTTGTTCATTAACATCTCGGAAATATCCGCCATAGTTAGGGCAGTCAAACCAACTCTCATAAGGCTCCTGGCGGTTTCATTCATCTGACCGTA
AACTAGAGCCACTTTTGAATCTGCAATATTTCTTCAATTAATCACCCAGATTCTTTCATTTCCATGTAAGATCATTTTCTTCGCGAGTACGTTCAACCACTCCGCAAAATACGGATACGCCCCCGTGAGCTTTGGC
AATATTGTTAATCAATCCATAATGAGTACTGTTTTACCACCCCGAGCTCCCCGGAAGAGTCTTATTTTTCTCCACGGCGATAAGGGGCTAAAAGATCTACTACTTTAATCCCGTTTCAAAAATGGATAATTTTGT
ATCTAACTGTATAAAGCGGGCGCAGATCTATGAATAGGAGATGTTGTACGAGTATCTACAGGACCTAAATATCAACAGGCTCTCCAAGCAGGTTGAAAATTCGTCAGAGTTGCTCCACCTACCGGAACGCTTAG
AGGAGCTCCTGTGCAATCACTTCCATTCCTCTCATTAGACCATCTGTAGCACTCATAGCTACAGCTCTAACTCGATTATTTCTAATAATTTGCTGTACCTCACAAGTTACATTAATTGATTGACCAACAGTATCTCG
ACCTTAACTACTAGGGCGTTATAAATATTAGGCATCTTCCCGCGGAAAAGCTGCATCTAGTACCGGACCGATGATTTGGACAAATACGCCCAAGGTTTTTTTTTCAAGCGTGGAAACCCAGAACCCAGAAAGTAGT
AGGATTTATCTCATAAATAATAAAGAAAAATATGTGAAATTTTTGCGAAAATATTCGAATCAAACAAATATCCGATAGCGCGTGCATCGGTTAATCAATAAGAAATGGGAGTTAACACTCCATTTGGTTGG
TACCATTCAATCGAATCCAATCAATTTCTTTTATTCAACCAATGAATTTGAAAATTAATCAACCTATTTTTCAAATTTCAAGTGGATGACTAAGAATGTTGAGAAAGTCTTTCATTTGTCTATCATTATAGACA
ATCCCATCTATATTATATTCTATGGAATTCAAACCTGAACCTATTTTACATTACGATTTCATTTTCTAGCCCATGGATTTCTTTTTTATTTTAGCATATCGATATACGCCATCCCTTTTTTATCTTATTTTTCT
TTTTTTTTTATACCCTTTCATAGACGAATTCG

>2[organism=Uncaria tomentosa] putative 18S rRNA gene

GCACGTATTAGCTCTAGAATTACCTGGTTGATCCTGCCAGTAGTCATATGCTTGTCTCAAAGATTAAGCCATGCATGTGTAAGTATGAACTAATTCAGACTGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATAGTT
TGTTTGTATGGTACCTGCTACTCGGATAACCGTAGTAATTCAGAGCTAATACGTGCAACAAACCCCGACTTCTGGAAGGGATGCATTTATAGATAAAAGGTCGACGCGGGCTCGCCGTTGCTGCGATGATTCATG
ATAACTCGACGGATCGCACGGCCCTCGTCCGCGGACGCATCAATCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTTCGATGGTAGGATAGGGGCTACCATGGTGGTGACGGGTGACGGAGAATTAGGTTTCGATTCCGGAGAGGG
AGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAAATACCATACTGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAACAATACCGGGCTCTCGAGTCTGGTAATGGAAATGAGTACAATCTAAATC
CCTTAACGAGGATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAGTTGTTGCGAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGACTTTGGGATGGGCGGCGGTCGCCCTACGG
TGTGCACCGGTCGCTTGTCCCTTCTGCCGCGATGCGCTCCTGGCCTTAACTGGCCGGGTCGTGCTCCGCGCTGTTACTTTGAAGAAATTAGAGTGTCAAAGCAAGCCTACGCTCTGGATAACATTAGCATGGGA
TAACATTATAGGATTCGGTCTTATACGTTGGCCTTCGGGATCGGAGTAAATGATTAACAGGGACAGTCGGGGCATTCGATTTTCATAGTCAGAGGTGAAATTCCTGGATTTATGAAAGACGAACAACCTGCGAAAGC
ATTTGCCAAGGATGTTTTCAATTAATCAAGAACGAAAAGTTGGGGGCTCGAAGACGATCAGATACCGTCTAGTCTCAACCATAAACGATGCGCACAGGGATCGGCGGATGTTGCTTTAAGGACTCCGCCGCGACCTTA
TGAGAAATCAAAGTTTTGGGTTCCGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTCGCGGCTAATTTGACCAACACGGGGAAACTTACCAGGTTCCAGA
CATAGTAAGGATTGACAGACTGAGAGCTCTTCTTGATTCATGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGCATTGTTCTGGTTAATTCGGTTAACGAACGAGACCTCAGCCTGTACTAGCTATGCGG
AGAATCTCTCCGCGAGTACTTCTTAGAGGGACTACGGCCTTTTAGCCGCGGGAAGTTTGAAGCAATAACAGGCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCGCACGCGCTACATGATGATTCAACGAGTCTAT
AGCCTTGGCCGACAGGCCCCGGTAATCTTTGAAATTTTCATCGTATGGGATAGATCATTGCAATTTGTTGGTCTTCAACAGGAAATTCCTAGTAAGCGCGAGTCAATCAGCTCGCGTTGACTACGCTCCCTGCCCTTGT
ACACACCGCCCGTCTCCTACCGATTGAATGGTCCGGTGAAGTGTTCGGATCGCGGCGACGCGAGCGGTTTCGCTGCCCGCAGCTCGCGAGAAGTCCACTGAACCTTATCATTAGAGGAAGGAGAAGTCGTAACAA
GGTTTCCGTAGGTGAACTGCGGAAGGATCATTGTCGAATCCTGCGAAACGACGACCGCGAACCTGTGTGAACAAATCGGGCGTCCGGCGGTAAGGGAGACTAAGCCCTCCATTTCCACCCGCGGTTCCCGCGCGCT
TGTCGCGCGGAAAACGTAACCTCAAACCCGCGCGGAACGCGCAAGGAAAACCTCAATAGGACAGCCGGGCCCTCGATGCCCGTACGCGGTGTGCTCGGGGCGCTGTGGCGCTGTCGTAATCCAA