ESCUELA SUPERIOR POLITECNICA DEL LITORAL

Facultad de Ingeniería Mecánica y Ciencias de la Producción.

Programa de Maestría en Biotecnología Agrícola

"Generación de Marcadores Moleculares en tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.) para estudios de diversidad genética de germoplasma ecuatoriano"

TESIS DE GRADO

Previo la obtención del Título de:

MAGISTER EN BIOTECNOLOGÍA AGRÍCOLA

Presentada por

Marisol Enríquez Delgado

GUAYAQUIL - ECUADOR

Año: 2011

AGRADECIMIENTOS

Mi reconocimiento a la Universidad Central del Ecuador por medio de las Facultades de Ingeniería Química y Ciencias Agrícolas, Insitucion donde me inicié y me otorgó el auspicio para continuar mi formación profesional. No menos importante es el auspicio económico que me otrogró la actual SENESCYT (anterior SENACYT), gracias Katherine, Adriana y Dora, quienes además de su apoyo técnico me brindaron su amistad. Un abrazo fraterno, mis sinceras felicitaciones y agradecimientos al Programa de Maestría en Biotecnología Agrícola, a todos los profesores, Jackeline y Luis, quienes compartieron conmigo su conocimiento y experiencia. A mis profes miembros del tribunal de Tesis, Dr. Efrén Santos y Dr. Raúl Castillo, por ayudarme por todos los medios en este trabajo, muchas gracias por su voto de confianza. Este trabajo no podría existir sin la valiosa contribución de dos personas excepcionales quienes me han acompañado durante media vida: Alberto Ortega y Franklin Pérez. Alberto aprovecho para reiterarte mis sinceros agradecimientos por ser u gran ser humano y profesor, por ser quien gentilmente me escucha y tiene una palabra justa y sabia, millón de gracias otra vez.

Franklin gracias por apoyarme y compartir pacientemente su valioso conocimiento aún en medio de sus multiples ocupaciones y su falta de tiempo.

No quiero olvidar a mis queridos amigos que me apoyaron en el camino de subida, los quiero y los llevo en mi corazón aunque ya no estemos juntos, gracias Julio, Elisa, Cristina, Adela, Judy, Leo, Gabriel, José, Paulina, Carolina, Christian, Vivi, Luis, Valdano, Paul, Alicia, Wendy, Paty, Richard, Carlos, Iván …. Gracias: Maria, Amparito, Martín, Rita, Rocío, Dany, Tomás, Mateo, Gabriel, Israel, Antonela, Majo, Dome, Chris, quienes cada dia muestran amorosamente la belleza de la vida.

Muchas gracias Graziano, sin tu ternura y fortaleza la historia sería diferente….

DEDICATORIA

A mis padres

Clemencia y Luis

quienes me concedieron el

don de la vida.

Graziano tesoro

Gracias por Existir

Prajnaparamita, sarva-dukhka prasamanah, satyam amithyatvat.

DECLARACIÓN EXPRESA

"La responsabilidad del contenido de esta Tesis de Grado, me corresponde exclusivamente; y el patrimonio intelectual de la misma a la Escuela Superior Politécnica del Litoral".

(Reglamento de graduación de la ESPOL)

_____

Marisol Enríquez Delgado

RESUMEN

Ecuador dispone de alta variabilidad genética sub utilizada o no utilizada pero con gran importancia nacional e internacional por ser fuente de alimentos principalmente; este material amerita ser estudiado, mejorado y proyectado al desarrollo nacional, por eso se buscó introducir técnicas de genotipeado como herramienta de apoyo al desarrollo de variedades económicamente importantes.

Se utilizaron 30000 secuencias de EST de papa (***S. tuberosum***) de los bancos de datos DEL GeneBanck del NCBI, mediante el programa SSr primer se encontraron las secuencias no redundantes, se determinó si estas secuencias codifican a proteínas mediane el programa BLAST y a partir de esta información se diseñaron 200 primers o iniciadores para probar su anclaje o amplificación en 9 entradas o líneas de tomate de árbol. Se obtuvieron 34 microsatelites, de los cuales 22 presentaton amplificación monomórfica y 12 polimórfica, 14 loci fueron identificados en este estudio.

Los resultados mostraron que el 3,4% de los primers sintetizados presenta amplificación en el ADN de tomate de árbol.

ABSTRACT

Ecuador owns genetic plant variability as a resource of gene and food with value national and international. This varibility must be studied with finger printing genetic tools to be used in breeding programs as a source to develop economically important varieties.

There were downloaded 30000 secuences of potato (***S. tuberosum***) from GeneBank of NCBI, by SSr Primer program were obtained all not redundant secuences. BLAST program made the codification to proteins EST secuences and Primer Premier 5 Program was used to design 200 microsatellite markers. Those markers were evaluated in 9 seed lines of tamarillo In order to determine amplification of this secuences. A set of 34 microsatellite markers showed amplification, 22 monomorfic and 12 polymorfic, 14 microsatellite loci derived from regions in and around genes.

The results showed that 3.4% of synthesized primers show amplification in DNA of tree tomato or tamarillo

ÍNDICE GENERAL

Páginas

RESUMEN

ABREVIATURAS

ÍNDICE DE CUADROS

ÍNDICE DE FOTOGRAFÍAS

ÍNDICE DE FIGURAS

INTRODUCCIÓN..... **1**

Objetivo general..... 3

Objetivos específicos..... 3

CAPÍTULO 1 **4**

1. ANTECEDENTES **4**

1.1 Origen del Tomate de árbol..... 5

1.2 Distribución Geográfica..... 5

1.3 Clasificación Taxonómica..... 6

1.4 Nombre Científico..... 7

1.5 Nombre Vernacular..... 8

1.6 Variedades, Accesiones y Ecotipos o Razas 8

1.7 Morfología..... 11

1.8 Plagas..... 18

1.9 Fenología del Cultivo..... 26

CAPÍTULO 2 **31**

2. ANÁLISIS DE LAS VARIACIONES EN LA SECUENCIA DE ADN **31**

2.1 Extracción de Ácidos Nucleicos..... 33

2.2 Marcadores utilizados para el Mejoramiento Genético..... 35

2.3 Reacción en Cadena de la Polimerasa, PCR..... 41

2.4 Electroforesis..... 43

CAPÍTULO 3 **47**

3. MATERIALES Y MÉTODOS **47**

3.1 Data Minig o Evaluación de Secuencias y Diseño de Primers..... 48

3.2 Evaluación de Primers…… 49

CAPÍTULO 4 **57**

4. RESULTADOS Y DISCUSION **57**

4.1 Data Minig…….. 58

4.2 Evaluación de Primers Tipo Microsatélite…… 59

CAPÍTULO 5 **69**

5. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

5.1 Conclusiones

5.2 Recomendaciones

APÉNDICES

APÉNDICE A. Secuencias EST-SSR derivadas de Data Mining

APÉNDICE B. *Primers* tipo Microsatélite Foward and Reverse, diseñados con PRIMER PREMIER 5

APÉNDICE C. Secuencias Formato Fasta. Amplificación Monomórfica

APÉNDICE D. Secuencias Formato Fasta. Amplificación Polimórfica

APÉNDICE E. Principales Resultados (Blast Hits) de las Secuencias Amplificadas Monomórficas

APÉNDICE F. Principales Resultados (Blast Hits) de las Secuencias Amplificadas Polimórficas

BIBLIOGRAFÍA

ABREVIATURAS

µM: Unidad de concentración química, 10^{-6} molar.
ADN: Acido desoxirribonucleico.
AFLP's: Polimorfismo en la longitud de los fragmentos amplificados)
BLAST: Basic Local Alignment Search Tool (BLAST), programa que permite encontrar similitud entre secuencias en regiones del ADN.
bp: Base pairs, en español pares de bases.
cADN: ADN sintetizado o clonado a partir de mARN maduro mediante una reacción catalizada por la enzima transcriptaza reversa.
°C: Unidad de temperatura denominada grados Celcius o Grados Centígrados.
CTAB: Cetil trimetil ammonio bromuro, detergente utilizado en la extracción de ADN.
DDBJ: Base de Datos de ADN de Japón
dNTPs: Niveles de Desoxirribonucleótidos trifosfato intracelulares de reserva o, conjunto o mezcla de nucleótidos en suspensión utilizados para la síntesis de la cadena complementaria de ADN durante la PCR. De acuerdo a la base nitrogenada tenemos: dATP, dCTP, dGTP, dTTP.
DTPA: Sal Pentasódica del Acido Dietilen Triaminopentaacético.
ECU: Ecuador.
EDTA: Ácido etilendiaminotetraacético. Agente quelante para atrapar y estabilizar iones metálicos.
EMBL: Laboratorio de Biología Molecular Europeo.
EST: Expresed Sequence Tags.
INIAP: Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias.
ISSR: Inter simple sequence repeats.
M&S: Medio de cultivo basal desarrollado por Murashige y Skoog en 1962.
mARN: Ácido ribonucleico mensajero.
mM: Unidad de concentración química, 10^{-3} molar.
Mpx: Mega pixels.
NCBI: Centro Nacional para la Información Biotecnológica.
PCR: Reacción en Cadena de la Polimerasa
RAPD: Random Amplified Polymorphic DNA
SDS: Sodio dodecil sulfato, detergente utilizado en la extracción de ADN.
sp.: Especie no determinada.
spp.: Todos los individuos de una especie comprendidos en un género.
SSR: Secuencias Repetitivas Simples (Simple Sequence Repeats).
SYBR: Agente intercalante utilizado en la tinción de ADN para el análisis por electroforesis de productos de PCR, es una cianina asimétrica.
Taq: Enzima Polimerasa extraída del microorganismo ***Thermus aquaticus***.
TBE: Buffer para conservación de pH, constituido de 40 mM Tris Base, 20 mM de ácido bórico y 0,5 M de EDTA pH 8,0.
TE: Solución buffer comúnmente utilizada en biología molecular para procedimientos de extracción de ADN o ARN, su formulación consta de: 10 mM Tris-Cl, pH 7.5. 1 mM EDTA.

TEMED: Tetra metil etilen diamina, es una sustancia utilizada conjuntamente con persulfato de amonio para catalizar la polimerización de la acrilamida para la elaboración de geles de poliacrilamida para la separación de proteínas y ADN mediante electroforesis.

UPGMA: Método estadístico que utilizado en estudios genético permite relacionar a los individuos de una población y determina cuan distantes o relacionados genéticamente están.

ÍNDICE DE FIGURAS

FIGURA		Página
1.	Esquema de un microsatélite en el ADN Genómico…	39
2.	Esquema de la actividad de PCR indicando las fases de desnaturalización y alineamiento y alargamiento de la cadena sintetizada……..	42
3.	Reacción de Polimerización de la Poliacrilamida…….	45
4.	Secuencias Polimórficas Amplificadas en tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.)…….	63
5.	Dendrograma de relaciones genéticas entre 9 entradas de tomate de árbol colectadas en Ecuador (INIAP). Datos obtenidos con microsatélites generados en el presente trabajo. Distancias generadas con las fórmulas de Smouse y Peakall (1999) y agrupamiento obtenido mediante cluster analysis y UPGMA…….	67

ÍNDICE DE FOTOGRAFÍAS

FOTOGRAFÍA		Página
1.	Frutos cosechados de tomate de árbol en que muestran la variación en el color de la corteza y tamaño en un mismo lote de producción……...	11
2.	Planta de tomate de árbol en condiciones in vitro……	50

ÍNDICE DE CUADROS

CUADRO		Página
1.	Variedades de tomate de árbol cultivadas en cinco provincias productoras de Tomate de árbol……..	10
2.	Características del sistema radicular de tomate de árbol en diferentes tipos de suelo……	12
3.	Características de los frutos de cinco variedades de Tomate de árbol…….	15
4.	Composición Mineral del Tomate de Árbol, (mg/100g mucilago fresco)……	16
5.	Composición Vitamínica del tomate de Árbol, (□g/100g de mucílago fresco)……..	16
6.	Composición Proximal del tomate de Árbol, (g/100g de mucilago fresco)……..	17
7.	Etapas fenológicas del tomate de árbol, ecotipo Anaranjado Puntón……	26
8.	Composición del fertilizante 1 utilizado para incrementar la germinación de tomate de árbol……...	28
9.	Composición del fertilizante 2 utilizado para incrementar la germinación de tomate de árbol……...	28
10.	Características fenológicas de floración y fructificación de tomate de árbol, cultivar puntón amarillo……	29

11. Fenología y Rendimiento de cinco cultivares de tomate de árbol…….. 30

12. Fenología y Rendimiento de cinco cultivares de tomate de árbol…….. 30

13. Material vegetal de Tomate de Árbol silvestre (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt)…….. 50

14. Medio de cultivo para germinación y desarrollo de plántulas de tomate de árbol en condiciones ***in vitro*** (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt) desarrollado en el Laboratorio de Biotecnología de la Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad Central del Ecuador…….. 51

15. Condiciones de ciclaje para amplificación microsatélites……. 54

16. Pasos para la tinción con nitrato de plata……. 55

17. Porcentaje de tipo de repeat de las 1000 secuencias no redundantes que se utilizaron para diseño de *primers*…….. 58

18. Porcentaje de Secuencias Monomórficas y Polimórficas Amplificadas en tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt…… 59

19. Porcentaje de Secuencias Monomórficas y Polimórficas Amplificadas en tomate de árbol, relacionadas con el tipo de repeat que presentan (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.)……. 59

20. Secuencias Monomórficas Amplificadas en tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.)……. 60

21. Secuencias Polimórficas Amplificadas en tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.)…….. 61

22. Porcentaje de Locus monomórficos amplificados en ADN de tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.)…….. 64

23. Porcentaje de Locus polimórficos amplificados en ADN de tomate de árbol (Solanum betaceum Cav. sin Cyphomandra betacea Sendt.)……. 64

24. Distancias genéticas obtenidas mediante la estadística de Smous e y Peakall (1999) en un set de 9 entradas de tomate de árbol. (Solanum betaceum Cav. sin Cyphomandra betacea Sendt.)…… 66

INTRODUCCIÓN

Pese a que el tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. = ***Cyphomandra betacea*** Sendt.), se ha integrado a la dieta de la población de la zona andina y de los ecuatorianos en general, la investigación ha sido muy limitada. La Universidad Central del Ecuador mediante investigaciones ha realizado colecciones de germoplasma (1), estudios fisiológicos (2) y el establecimiento de parámetros de cultivo para complementar con la difusión de alternativas tecnológicas orientadas a mejorar la productividad del cultivo (3, 4, 5, 6, 7).

Los estudios incluyen evaluaciones del ataque de nemátodos en entradas silvestres (8); regeneración de plantas de tomate de árbol resistentes a ***Meloideogyne incógnita*** usando la técnica del cultivo de Protoplastos (9); regeneración de plantas de tomate de árbol a partir de embriones somáticos (10, 11); determinación de la variabilidad genética inducida en el cultivo in Vitro (12); diferenciación molecular en variedades cultivadas de tomate de árbol (***Solanum betaceum* Cav.**) mediante la técnica molecular de AFLP's (13); evaluación de la variabilidad genética de tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav.) en los cultivos de tres provincias del Ecuador por medio de marcadores microsatélites (14).

Sin embargo estas investigaciones han sido puntuales y su aplicación en programas de selección y mejora genética en Ecuador aún se encuentra en espera. También existen esfuerzos internacionales en mejoramiento genético, conservación de germoplasma, manejo en post cosecha, cultivo de tejidos, estudios de manejo de plagas y enfermedades, citándose a países como Colombia, Venezuela, Nueva Zelanda, Estados Unidos, Brasil, Bolivia, (14, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25).

Para la ejecución de un programa de mejoramiento de cualquier especie animal o vegetal es necesaria la determinación de variabilidad genética del material, la que tradicionalmente se basó en la caracterización fenotípica de los posibles candidatos. En la actualidad, los marcadores moleculares basados en las secuencias del DNA, han permitido medir cuan distintos son los individuos de una comunidad o la variabilidad presente en líneas o entradas en una colección de germoplasma. Conocimiento que permitirá planificar la generación de poblaciones basadas en la selección, por lo que los marcadores moleculares son vistos como un complemento de la evaluación fenotípica en el conocimiento de las especies y desarrollo de variedades en programas de mejora genética.

La investigación aquí expuesta muestra los resultados en el desarrollo de marcadores moleculares tipo microsatélite y su utilización en la caracterización genotípica de nueve diferentes entradas de tomate de árbol. La información generada puede considerarse como un paso para la implementación de técnicas moleculares en procesos de selección genética de la especie tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. = ***Cyphomandra betacea*** Sendt.)

OBJETIVO GENERAL

Establecer técnicas de genética molecular basadas en microsatélites derivados de secuencias EST de papa, para la especie local ***Solanum betaceum*** Sendt. en Ecuador.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

1. Realizar un minado de datos de las secuencias publicadas en el NCBI de solanáceas (papa).
2. Determinar las secuencias que contienen secuencias tipo microsatélites.

Generar un set de 5 microsatélites útiles en ***Solanum betaceum*** Sendt.

CAPÍTULO 1

1. ANTECEDENTES

1.1. ORIGEN DEL TOMATE DE ÁRBOL

Existen dos teorías sobre el origen del tomate de árbol. En la primera teoría Albornoz (1) y Patiño (26), afirman que el origen se sitúa en la región montañosa de la Cordillera de los Andes, en los bosques de clima templado de Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia y Chile.

Y la segunda teoría sustentada por Lynn Bohs (27), sitúa el origen en selvas y bosques de montaña del sur de Bolivia y noroeste de Argentina conocidos como "Yungas", en base a los estudios de campo realizados, que demostraron las relaciones morfológicas y moleculares con los taxones bolivianos.

1.2 DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA

Según Soria (28) el cultivo del tomate de árbol se desarrolla de manera óptima en temperaturas que van de 14 a 20°C y en altitudes comprendidas desde los 600 hasta los 3300 msnm, el pH del suelo comprende el rango de 6 – 6,5 y precipitaciones anuales de 1500 – 2000 mm.

El tomate de árbol es producido en Sudamérica de manera comercial por Ecuador y Colombia. La superficie cultivada de tomate de árbol en Ecuador es de 14748 hectáreas con un rendimiento promedio de 7,12 TM/ha, la provincia del Tungurahua 8300 hectáreas y se constituye en la mayor área de cultivo. Las provincias donde se

cultiva esta fruta son: Carchi, Imbabura, Pichincha, Tungurahua, Chimborazo, Bolívar, Cañar, Azuay y Loja (6).

La producción colombiana nacional tiene un rendimiento promedio de 16,616 toneladas de fruta por hectárea y un área de cultivo de 6446 hectáreas en el año 2008 (29).

En los últimos 5 años, Estados Unidos, España y Chile, son los principales destinos de las exportaciones ecuatorianas Estados Unidos capta el 53% de la exportación de la fruta y se constituye el principal socio comercial ecuatoriano (30).

1.3 CLASIFICACIÓN TAXONÓMICA

Reino	:	Plantae
División	:	Magnoliophyta / Fanerógamas
Subdivisión	:	Angiospermas
Clase	:	Magnoliopsida / Dicotiledóneas
Subclase	:	Lamiidae
Orden	:	Solanales
Familia	:	Solanaceae

Género : ***Solanum***

Especie : ***Solanum betaceum*** Cav. = ***Cyphomandra betacea*** Sendt.Nombre Común : Tomate de Árbol

Nombre Común: : Tomate de Árbol

1.4 NOMBRE CIENTÍFICO

Solanum betaceum Cav. = ***Cyphomandra betacea*** Sendt. (31, 32)

Según Contreras (33), Cavanilles en 1977 afirma que fue originalmente nombrado como ***Solanum betaceum***, luego. Sendtner en 1845 trasfirió al tomate de árbol al género ***Cyphomandra***. Bohs (27) en sus estudios lo transfiere nuevamente al género ***Solanum***. Los estudios moleculares realizados por varios investigadores durante los años de 1992 hasta 1998 ratifican que el tomate de árbol pertenece al género ***Solanum*** (34, 33).

Según Meadows (35) la comparación de los datos de secuenciación realizados por Lynn Bohs en el 2001, indica que estas especies asignadas a grupos, necesitan dividirse otra vez como dos secciones adicionales para ser transferidos los géneros ***Cyphomandra*** al género ***Solanum***.

1.5 NOMBRE VERNACULAR

Los nombres vernaculares reportados por León (6) para el tomate de árbol en diferentes países del mundo, son: Tree tomato - Estados Unidos e Inglaterra, tomate en arbre - Francia, Straiktomaad, terong blanda - Holanda, tomate de ají - España, tamarillo - Nueva Zelanda e Inglaterra, Tomatobaun - Alemania. En Latinoamérica toma los siguientes nombres: tomate de agua, tomate cimarrón, tomate chimango, tomate de Lima, tomate del monte, tomate de palo, tomate de Castilla, tomate de la paz", tomate del serrano", tomate silvestre, tomate francés (28).

1.6 VARIEDADES, ACCESIONES Y ECOTIPOS O RAZAS.

Según Albornoz (1), existen 5 tipos de ecotipos nativos cultivados en Ecuador y una variedad introducida de Nueva Zelanda. Debido a las características alógamas se ha producido una polinización cruzada intravarietal y se han mezclado los ecotipos ecuatorianos con el ecotipo neozelandés rico en antocianinas que le confieren el color morado intenso, ya que los agricultores han mantenido en un mismo huerto varios ecotipos (Cuadro 1).

Las frutas de pulpa color rojo oscura (denominadas tomate mora o negras) lideran las plantaciones comerciales en nueva Zelanda y fueron obtenidas por selección en 1970. Una re selección resultó en la obtención de una variedad grande, de gran calidad con una pulpa y semillas de color rojo (36, 37).

No se registra un sistema de clasificación en Ecuador para los ecotipos de tomate de árbol, y solamente se los ha clasificado fenotípicamente en base al color y forma del fruto (38).

Las variedades nativas se pueden clasificar según Albornoz (1), de la siguiente manera:

1. Amarilla o conocida como Oro del Inca (Tungurahua)
2. Negra o tomate de altura
3. Tomate puntón
4. Tomate redondo
5. Tomate rojo o mora

Duque (39), realizo una evaluación del cultivo mediante una encuesta realizada a 110 productores de tomate de árbol en cinco provincias productoras del país. En su trabajo llegó a la conclusión que el ecotipo de tomate de árbol anaranjado gigante tiene un mayor área de cultivo, debido a la productividad relacionada con un mayor promedio en el peso del fruto (130g) en comparación al peso del fruto del resto de

Un dato relevante es que el 50% de los productores de tomate de árbol entrevistados no conoce o determina el ecotipo que cultiva y lo denominan “Mezclas”. La mezcla varietal constituye un los factores que podría interferir en los rendimientos del cultivo y su posible exportación.

Cuadro 1. Variedades de tomate de árbol cultivadas en cinco provincias productoras de Tomate de árbol

	% de Ecotipos Cultivados por Provincia					Total
Ecotipos	**Imbabura**	**Pichincha**	**Tungurahua**	**Azuay**	**Loja**	
Anaranjado gigante	7.3	0.9	7.3	0.9	1.8	18.1
Anaranjado Puntón	0.9	1.8	2.7	6.4	2.7	14.5
Anaranjado Redondo	0.9	-	6.4	-	0.9	8.1
Morado Neozelandés	-	-	1.8	-	-	1.8
Morado Gigante	-	-	0.9	-	-	1
Otros Ecotipos	1.8	-	1.8	0.9	0.9	7.0
Mezclas	18.2	4.5	15.4	10	10.9	50
Total	20	7.5	36.3	18.2	18.2	100

FUENTE: Duque, 2005.

Fotografía 1. Frutos cosechados de tomate de árbol en que muestran la variación en el color de la corteza y tamaño en un mismo lote de producción. **FUENTE:** Duque (2005).

1.7 MORFOLOGIA

1.7.1 RAICES

El sistema radicular del tomate de árbol presenta una coloración marfil cremoso que depende de la textura del suelo donde se desarrolla, es fasciculado, superficial, tiene un segmento pivotante poco desarrollado, la raíz principal es poco extendida y presenta numerosas raíces secundarias y terciarias. Bazante (40), afirma que el desarrollo del sistema radicular depende del origen de la planta, es decir, si proviene de semillas o de segmento de tallo tipo estaca o esqueje además de de la textura del suelo.

Martínez (41) llego a la conclusión que el sistema radicular del tomate es muy superficial y poco profundo y en el mejor de los casos llego a los 100 cm de profundidad, los suelos Franco arenosos favorecen el crecimiento de un buen sistema radicular ayudado por un sistema de riego por surco; resalta que el tipo de suelo ideal para su desarrollo es el del tipo Franco.

Cuadro 2. Características del sistema radicular de tomate de árbol en diferentes tipos de suelo.

	Tipo de suelo					
Descripción	**Franco**		**Franco Arcilloso**		**Franco Arenoso**	
Diámetro raíz, mm	menor a 2	mayor a 2	menor a 2	mayor a 2	menor a 2	mayor a 2
Profundidad máxima, cm	100	50	50	25	50	25
Radio y Profundidad de mayor densidad de raíces, cm	50-50	25-25	25-25	25-25	75-25	100-25
Distancia al eje de la planta, cm	100	100	75	75	mayor a 100	100
Características del sistema radicular	Distribución horizontal y vertical		Muy pobre		Distribución horizontal	

FUENTE: Martínez, 2002.

1.7.2 TALLO

Según Albornoz (1), el tallo del tomate de árbol en sus estadíos iniciales se presenta suculento y es de color verde claro, aparecen lenticelas, este color se torna

verde oscuro o pardo cuando el xilema se torna leñoso a medida crece y ramifica llegando a una altura de 1.8 a 2.4 metros.

1.7.3 HOJAS

Romero (42), reporta en sus estudios que el tomate de árbol presenta dos tipos de hojas: las de crecimiento y las de producción. Las hojas de crecimiento se ubican a lo largo del fuste joven, son cordiformes, alternas, de 10 a 40 cm de largo y de 4 a 12 cm de ancho, finas, pubescentes y con las venas visibles avanzada a la madurez fisiológica la planta presenta hojas de menor tamaño color verde claro, verde obscuro e incluso una coloración púrpura obscura en los brotes juveniles del ápice o copa del árbol.

1.7.4 INFLORESCENCIA

Las flores del tomate son perfectas, con las estructuras bien diferenciadas, hermafroditas (43). La inflorescencia del tomate es del tipo cimosa-di-escorpioidea y presentan un ovario súpero de color crema de forma ovoide globular del tipo baya con numerosos óvulos y que permite la polinización autogámica y alogámica–entomófila (abejas).

Presenta flores pediceladas, pentámeras de pétalos blanquecinos, rosado pálido o lila, pedúnculos cortos, el androceo presenta cinco estambres y las anteras forman una columna alrededor del estilo, en cada una de las flores el cáliz y corola están

soldados. El cáliz es de color verde violáceo El gineceo bicarpelar presenta dos hojas carpelares soldadas con un solo estilo (1, 41).

De acuerdo al reporte de la revista electrónica Science behind your garden (44), las flores de la inflorecescencia cuajan en promedio el 12,3%, pero solo el 3,3% se desarrollan hasta la madurez.

1.7.5 FRUTOS

Los frutos del tomate son una baya que presenta formas: elipsoides, ovoides, esféricas, puntiagudas entre otras; suspendidos en racimos de tres a cinco frutos en los pedúnculos restantes de la inflorescencia.

De acuerdo a los cultivares o al estado fisiológico varían las tonalidades de la epidermis del fruto, verdes, amarillas, anaranjados, rojizos y purpuras. Al igual que la pulpa, el mesocarpo o mucílago presenta colores amarillos, anaranjados, rojizos o purpuras e incluso se presenta incoloro. Las semillas son de forma lenticular aplanada, con vellosidades, son blancas y anaranjadas en su estado inmaduro, y rojizas, negras y café claro, cuando están maduras (45, 46).

León (6) reporta los siguientes datos que permiten una visión panorámica de las características fenotípicas de los frutos de los cinco cultivares que utilizo en su estudio pomológico:

Cuadro 3. Características de los frutos de cinco variedades de Tomate de árbol.

Caracte-rística	CULTIVARES					
	Gigante Anaranjado	**Morado**	**Neozelandés**	**Puntón anaranjado**	**Redondo anaranjado**	**Promedio entre cultivares**
Longitud, cm	7.92	7.85	6.26	6.02	5.36	6.68
Ancho, cm	5.53	5.60	4.45	4.31	4.69	4.92
Peso Total, g	130.21	125.68	87.36	74.90	74.54	98.54
% Corteza	15.35	14.49	15.08	16.35	15.71	15.40
Peso Pulpa, g	122.18	117.80	78.96	66.99	66.98	90.58
% Sólidos Solubles	13.59	14.50	15.49	14.58	14.42	14.52
% Acidez Titulable	3.46	2.48	2.01	2.52	3.71	2.84
Peso semillas, g	1.44	1.26	1.25	1.28	1.26	1.30
Nº semillas	308	295	215	196	243	251.40
% Germinación	92	80	88	85	83	85.60
Color del mucílago alrededor de la semilla*	Amarillo 60, Magenta 50, Cian 00	Amarillo 60, Magenta 99, Cian 30	Amarillo 60, Magenta 99, Cian 30	Amarillo 60, Magenta 50, Cian 00	Amarillo 60, Magenta 50, Cian 00	-

FUENTE: León, 2002.

En Nueva Zelanda se estudió la composición Proximal, Mineral y Vitamínica de los frutos de tomate de árbol de color amarillo y rojo, como se expresa en los siguientes cuadros:

Cuadro 4. Composición Mineral del Tomate de Árbol, (mg/100g mucilago fresco).

Elementos		Color de la Fruta	
		Rojo	**Amarillo**
Sodio	Na	1.6	1.3
Potasio	K	320	290
Calcio	Ca	11	10
Magnesio	Mg	21	20
Fósforo	P	39	40
Azufre	S	17	20
Cloro	Cl	29	14
Cobre	Cu	0.05	0.07
Hierro	Fe	0.60	0.45
Manganeso	Mn	0.11	0.20
Zinc	Zn	0.10	0.18

FUENTE: Ministry of Agriculture and Fisheries of New Zealand, 1994. (47)

Cuadro 5. Composición Vitamínica del tomate de Árbol, (μg/100g de mucílago fresco)

Vitamina	Color de la Fruta	
	Rojo	**Amarillo**
Caroteno	560	780
Tiamina	53	98
Riboflavina	6.4	9.9
Piridoxina B6	190	400
Vitamina E	1860	2010
Vitamina C	31	21
Niacina	230	600

FUENTE: Ministry of Agriculture and Fisheries of New Zealand, 1994. (47)

Cuadro 6. Composición Proximal del tomate de Árbol, (g/100g de mucilago fresco)

Composición Proximal	Color de la Fruta	
	Rojo	Amarillo
Azucares Solubles totales	5.3	3.5
Nitrógeno	0.32	0.32
Proteína 6.25 x N	2.0	2.0
Energía kJ/100g parte comestible	150	110
Energía Cal/100g parte comestible	36	27

FUENTE: Ministry of Agriculture and Fisheries of New Zealand, 1994. (47)

Según Mertz (48) por su contenido de carotenoides y polifenoles, se considera una fruta antioxidante, estas sustancias están posiblemente ligadas a la reducción del riesgo de cáncer, enfermedades cardiovasculares. La pectina y fibra que contiene se asocia con la reducción del nivel de colesterol en la sangre, y la prevención del resfrío.

1.7.6 SEMILLA

Las semillas están cubiertas por un arilo de diferente color dependiendo de la variedad y su peso varía entre 5 y 6 miligramos. Estas poseen un color amarillo a pardo obscuro, pubescentes, circulares o reniformes (43, 49).

1.8 PLAGAS

En el estudio desarrollado por Duque (39), el 23.6% de agricultores asegura que tiene problemas con nemátodos y el 10.9 % problemas con chinches, es preocupante que el resto de productores desconoce o no contesta sobre las plagas de su cultivo, esto demuestra el desconocimiento por parte del agricultor de la epidemiologia de su cultivo y por tanto, dependerá de los productos del mercado para el control de sus plagas.

Este cultivo presenta serios problemas fitosanitarios provocados por complejas asociaciones de hongos y bacterias, en el estudio de Duque (39), al 39.1% de los agricultores reporta el ataque de un complejo fúngico compuesto por: (***Collectotrichum*** sp.*),* alternaria (***Alternaria*** sp.), fusarium (***Fusarium solani*** = ***Haematonectria haematococca***), oidio (***Oidium*** sp), lancha (***Phytophthora*** sp.) y virus. Un segundo grupo de agricultores que corresponde al 27.3% reporta como problema principal a (***Collectotrichum*** sp.) y el 20% de los agricultores reporta como principal problema a la lancha (***Phytophthora*** sp.).

Cuando los cultivares presentan problemas fitosanitarios en el campo, los microorganismos atacan también a los frutos durante el almacenamiento. Portella (20) afirma que los microorganismos que enferman los frutos de tomate de árbol durante el almacenamiento son: ***Colletotrichum acutatum***, ***C. gloeosporioides***, ***Diaporthe phaseolarum***, ***Phoma exigua*** y ***Phomopsis*** sp., pero no desarrollan hasta que comienza a envejecer el fruto durante el almacenamiento.

1.8.1 *Alternaria* sp **- ALTERNARIOSIS O MANCHA OBSCURA**.

Producen necrosis en las hojas del tomate de árbol, esta enfermedad ataca la haz y el envés indistintamente, se presenta como manchas de color café obscuro a manera de anillos concéntricos sin la presencia de halos amarillentos que en el interior de la hoja son regulares y en los bordes son alargadas, al final invaden toda la hoja tornando el tejido seco y quebradizo (4, 50).

1.8.2 *Aphis gossypii* **- PULGON VERDE**; *Myzas ornatus* **-PULGON NEGRO**.

Estos insectos chupan la savia de las hojas tiernas de tomate de árbol en la haz y el envés, provocando defoliación y enrollamiento en las hojas, mediante esta acción permiten la transmisión de enfermedades virales al cultivo (4, 51).

1.8.3 *Cercospora sp* - MANCHA PARDA

La mancha parda puede ser observada por la necrosis del envés de las hojas infectadas, inicia con la aparición de manchas color café claro en la haz de las hojas y un halo amarillento clorótico definido (4, 52).

1.8.4 *Colletotricum gloesporoides* - OJO DE POLLO O ANTRACNOSIS.

La antracnosis ataca a las hojas y frutos del tomate de árbol, en el follaje produce manchas grises irregulares que luego aparecen con un polvo blanquecino o rosado que constituye las esporas del hongo (conidios), la propagación de la enfermedad es favorable en épocas lluviosas y alta humedad relativa (95%) y temperaturas de 13 a 15ºC. Ataca al fruto en cualquier estado fisiológico, produce manchas circulares negras que forman depresiones hasta invadir toda la superficie, momificando el fruto que luego se desprende del árbol (52, 53).

Esta es la enfermedad más importante del cultivo del tomate de árbol, ocasiona pérdidas de hasta el 90% de la cosecha si no se controla, los costos del control son altos y una solución para los agricultores ha sido la sustitución o abandono de los cultivos después de dos o tres años de producción (54, 55).

Sin embargo, el costo del control continuo con fungicidas tiene el orden de 10 y 25% de pérdida (56).

Viera (57) determinó que las variedades amarillas de tomate de árbol son las menos suceptibles a la antracgnosis, mientras que la más susceptible es la variedad Neozelandesa.

1.8.5 *Conotrachelus* sp **- GORGOJO DEL TOMATE DE ARBOL**

Herrera (4) citando a Tigrero (1987), expresa que el daño que este insecto provoca, se localiza en los frutos, mediante la excavación que produce con un pico corto y grueso del insecto utilizado para alimentarse. Las hembras ovipositan los huevecillos en el fruto. Luego de la eclosión de los huevecillos o de la alimentación del insecto, se forman de 1 a 5 pústulas secas dificultando la comercialización de la fruta.

1.8.6 *Fusarium solani* = *Haematonectria haematococca* **MANCHA NEGRA DEL TRONCO** (58).

La mancha negra del tronco se presenta en un inicio como lesiones de coloración parda que a medida que pasa el tiempo se transforman en manchas negras brillosas que se extiende en la corteza de las partes bajas de los troncos generalmente en el momento de la floración, León (6) además llega a la conclusión de que la variedad Amarillo es menos susceptible al ataque de ***Fusarium solani*** **comparado** los ecotipos amarillo puntón y mora o neozelandés.

1.8.7 *Leptoglosus zonatus* Dallas. **CHINCHE DE LOS FRUTOS**

Este insecto polífago afecta la calidad del fruto al perforar la epidermis. Utiliza su pico largo y encorvado a manera de estilete, se atribuye a su saliva el

endurecimiento de la zona afectada como un eventual mecanismo de resistencia mecánica al deterioro del fruto (1, 59).

1.8.8 *Melodeogyne incognita* - NEMÁTODOS.

Este nemátodo se encuentra parasitando las raíces de babaco, tabaco, frijol, papaya, tomate de riñón, entre otros cultivos. Los rangos de altitud en los que se desarrolla en Ecuador van desde el nivel del mar hasta los 3000msnm y presentan poca actividad en temperaturas iguales o mayores a 40ºC e iguales o menores a 5ºC (60).

Morales (61) en el muestreo que realizó a los suelos de unidades productoras de tomate de árbol de 200 agricultores de las provincias de Imbabura, Pichincha, Tungurahua y Azuay, determinó que el 100% de los suelos tenia presencia de poblaciones de nemátodos especialmente del género ***Meloydeogine*** sp.

La reducción del crecimiento y clorosis en las hojas asociadas a una producción reducida de frutos son los síntomas más comunes que presenta el ataque de nemátodos en los cultivares de tomate de árbol (62).

Este tipo de nematodos forman nudos en las raíces del tomate de árbol, dentro de este género se han encontrado ***Meloydeogine incógnita, Meloydeogine javanica y Meloydeogine. hapla***, que al colonizar las raíces de la planta reducen su vida productiva y disminuyen la eficiencia de los fertilizantes, además suelen asociarse con bacterias que provocan la muerte de la planta (60).

Estos se reproducen logarítmicamente por varias generaciones durante el crecimiento de la planta, es decir, si existen 25 huevos, luego del primer ciclo de reproducción estos serán 625, 15625 y 390625 individuos al tercer ciclo de reproducción (63).

La incidencia del ataque de nemátodos en suelos agrícolas del Ecuador afecta hasta en un 50% los rendimientos del cultivo (60).

Un estudio realizado en las provincias de Imbabura, Pichincha, Cotopaxi y Tungurahua, revela la existencia de ***Meloydeogine incógnita*** raza 2 en los suelos de estas cuatro provincias productoras de tomate de árbol, llegó a la conclusión de que la variedad Anaranjado Puntón es la que presentó menor índice de reproducción de este nemátodo y es calificada como suceptible tolerante (64).

1.8.9 *Oidium* sp. - CENICILLA O MILDIU POLVOSO.

La cenicillia se presenta mediante la necrosis de los pedúnculos del fruto que producen su caída. Se presenta en el envés de la hoja como manchas irregulares grasosas y cubiertas de un polvo blanquecino, mientras que en la haz de la hoja aparecen manchas cloróticas que paulatinamente invaden toda la lámina (4, 33).

1.8.10 *Phytophtora infestans* - TIZON TARDIO, LANCHA TARDIA O MAL NEGRO.

Según Velasteguí (65), este patógeno es considerado el patógeno mayor importancia a nivel mundial, patógeno cosmopolita que afecta a la mayoría de las solanáceas y a varios cultivos hortícolas.

Aparece a manera de manchas redondeadas, que en un principio son de coloración verde con bordes difusos y ondulaciones concéntricas, color café y a medida que avanza la enfermedad se tornan negras y húmedas. En condiciones de alta humedad la enfermedad se observa con un borde de polvillo blanquecino. De acuerdo al grado de agresividad esta invade los brotes jóvenes, hojas y los tallos tiernos (66, 55, 67).

1.8.11 *Phoma* sp. - MUERTE DESCENDENTE EN HOJAS, RAMAS Y TALLOS.

Se presenta en las hojas como manchas café obscuro con puntos negros que corresponden a las esporas del hongo, se observan además deformaciones en los bordes y puntas. Los tejidos mueren al secarse, lo que concluye con una defoliación de la planta (65).

1.8.12 *Ralstonia solanacearum* = *Pseudomona solanacearum* - MARCHITES BACTERIAL.

Esta plaga es de naturaleza bacteriana, las hojas presentan un color amarillento producto de la marchites, debido a que la bacteria impide el transporte de la savia a lo largo de la planta, por taponamiento de los vasos conductores. La falta de irrigación interna conduce a la defoliación y la muerte de la planta (68, 69).

1.8.13 *Sclerotinia* sp. - ESCLEROTINIOSIS O MOHO NEGRO.

Es transmitida por el uso de navajas, tijeras o cuchillos a través de las podas y cortes que se realizan en el cultivo, se evidencia por la pérdida de vigor, turgencia y decaimiento de la planta, en el tallo se alojan las estructuras del hongo y este termina hueco, por lo que finalmente produce la muerte de la planta (36, 65).

1.8.14 *Xanthomonas axonopodis vignicola* = *Xanthomona phaseoli* - MANCHA PLATEADA.

Se presenta inicialmente en las hojas bajeras de la planta, presenta un desarrollo ascendente de la bacteria que invade totalmente la planta causando su muerte. Los síntomas principales son fisuras en la haz de las hojas que se

entrecruzan hasta cubrir buena parte del área foliar, dando un aspecto plateado y suberoso (4, 70).

1.8.15 VIROSIS.

En Nueva Zelanda se han reportado seis diferentes virus en cultivos de tomate de árbol. TaMV o Virus del Mosaico del Tomate de Árbol, el virus más frecuente en Nueva Zelanda, PAMV o Potexvirus del Mosaico aucuba de la Papa que está asociado con TaMV mediante su transmisión por medio de áfidos, CMV o Virus del Mosaico Cucumovirus, AlMV o Virus del Mosaico de la Alfalfa, ArMV o Mosaico Arabis Nepovirus, es un virus transmitido por nemátodos, TSWV o Tospovirus de la Marchitez del tomate (tomato spotted wilt tospovirus) (71, 72, 73).

1.9 FENOLOGÍA DEL CULTIVO

La propagación del tomate de árbol se puede realizar por semillas y estacas, la planta tiene una vida aproximada de 3 a 4 años (74, 75, 76).

Cuadro 7. Etapas fenológicas del tomate de árbol, ecotipo Anaranjado Puntón.

Trimestre	Etapa Fenológica
1	Crecimiento Vegetativo
2	Floración y Floración máxima
3	Fructificación
4	Fructificación máxima y Cosecha

FUENTE: Chávez, 2008.

En el estudio realizado por León (6) los resultados de las pruebas de germinación de entre 5 variedades o ecotipos se encuentran un promedio de germinación del 85.6% para frutos cosechados con el 90% del color de madurez, ver Cuadro 2. La semilla fue extraída directamente de frutos seleccionados por su estado fitosanitario, se retiró el mucílago con la ayuda de un cedazo y agua corriente, el secado se realizo en papel periódico bajo sombra, el tiempo se estableció en función de la facilidad de desprendimiento de la semilla de los dedos al manipularla (Conv. pers. León, J., 6).

El método sugerido por Román (59), consiste en cosechar el fruto seleccionado en el estado total de madurez, luego es colocado en una funda plástica negra durante un periodo de 15 a 21 días, se extrae la semilla, y se la coloca con algo de mucílago en un recipiente durante dos días para su fermentación, se aprecia durante este proceso la aparición de manchas blancas correspondientes al microorganismo (***Sacharomyces*** sp.), luego de este proceso se lavan las semillas con agua corriente y se secan a temperatura ambiente en un periodo de 5 a 8 días.

Con este procedimiento Chávez (77) a los 21 días después de la siembra de las semillas, determinó una germinación del 90.6% de semillas de tomate de árbol frente al 85.6% en promedio que obtuvo León (6) en su ensayo (Cuadro 2).

Tradicionalmente se desinfectaba la semilla con la mezcla de dos fungicidas (Captan 20% + Carboxin 20%), pero cambió el uso de la mezcla de fungicidas por dos fertilizantes (Cuadro 8 y Cuadro 9) que ayudaron a incrementar el porcentaje de germinación al 97.5% (77).

Cuadro 8. Composición del fertilizante 1 utilizado para incrementar la germinación de tomate de árbol (5g/kg).

Composición fertilizante 1	Concentración
Materia seca	95%
Materia orgánica	45 – 55 %
Ceniza	45 – 55 %
Nitrógeno total	1,2 – 2,0 %
Acido Fosfórico (P205)	1,0 – 2,0 %
Potasio soluble (K2O)	14,0- 16,0 %
Azufre (S)	1,0 – 2,0 %
Magnesio (Mg)	0,3 – 0,6 %
Zinc (Zn)	50 – 80 ppm
Calcio (Ca)	0,1 – 0,2 %
Sodio (Na)	3,0 – 5,0 %
Hierro (Fe)	150 – 250 ppm
Manganeso (Mn)	8 – 12 ppm
Cobre (Cu)	30 – 50 ppm

FUENTE: QUIFATEX. Hojas técnicas de manejo fisionutricional, 2010. (78)

Cuadro 9. Composición del fertilizante 2 utilizado para incrementar la germinación de tomate de árbol (1.5 g/kg).

Composición fertilizante 2	Concentración
Hierro (Fe), DTPA	4,00%
Zinc (Zn), EDTA	2,00%
Manganeso (Mn), EDTA	1,50%
Boro (B) Sol. en agua	1,20%
Cobre (Cu), EDTA	0,10%
Molibdeno (Mo), EDTA	0,10%
Cobalto (Co), EDTA	0,10%
Magnesio (MgO)	4,00%
Vitamina B1	0,13%

FUENTE: QUIFATEX. Hojas técnicas de manejo fisionutricional, 2010. (78)

BERNAL (43) afirma que el desarrollo del fruto desde la fecundación, el cuajado y maduración del fruto dependerá de factores bióticos y abióticos como la variación de la temperatura, lluvias, vientos e inclusive la aplicación de fertilizantes y fungicidas en un periodo de 24 a 32 semanas.

Cuadro 10. Características fenológicas de floración y fructificación de tomate de árbol, cultivar puntón amarillo.

Descripción	Promedio
Número de flores / inflorescencia	18
Número de frutos / inflorescencia	3
% Amarre / Inflorescencia	6
Peso de Frutos(g)	68.79
Peso de Frutos(g) / inflorescencia	30

FUENTE: Ortega, 2000.

Citando a Viera (57), se presenta en el siguiente cuadro la fenología de cinco variedades de tomate de árbol.

Cuadro 11. Fenología y Rendimiento de cinco cultivares de tomate de árbol

	FENOLOGÍA		RENDIMIENTO*		
Variedades de Tomate de Árbol	**Inicio de Floración**	**Inicio Cosecha**	**kg/árbol**	**kg/ha**	**Peso Fruto, g**
Amarillo Puntón	6 meses	11 1/2 meses	2.7	8.9	55
Amarillo Redondo	6 meses	11 meses	5.7	18.8	70
Amarillo Gigante	6 meses	12 meses	5.3	17.5	85
Morado Neozelandés	6 meses	11 1/2 meses	4.8	15.8	92
Morado Puntón	5 1/2 meses	12 meses	6.7	22.1	72

FUENTE: VIERA, 2002. *Rendimiento en $3^{1/2}$ meses de cosecha

Román (59) distancias de siembra de tomate de árbol reportadas son 1.5m x 1.5m, 1.5m x 2m y una distancia de 2m x 2m. y un rendimiento promedio de 7.8 tm/año

Chávez (77) realizó un estudio donde evaluó distancias de siembra con aplicación de fertilizantes de manejo fisionutricional y llego a los siguientes resultados:

Cuadro 12. Fenología y Rendimiento de cinco cultivares de tomate de árbol

Distancia de siembra	**Plantas / ha**	**Producción**	**Rendimiento**
m	#	(frutos/año/ha)	(kg/ha/año)
2 x 2	2500	118020	20.06
3 x 3	1111	89040	15.14

FUENTE: Chávez, 2008**.**

CAPÍTULO 2

ANÁLISIS DE LAS VARIACIONES EN LA SECUENCIA DE ADN

Los procesos de evolución originados entre otros factores por los cambios climáticos que experimentó el planeta, permitieron desarrollar en el tiempo una alta variabilidad genética y variación génica en poblaciones silvestres.

El hombre en los inicios de la agricultura, comenzó con la domesticación de especies silvestres, y a medida que se desarrollaron los sistemas de producción a lo largo de la historia, se produjo un mejoramiento vegetal por la selección de cultivares con caracteres especiales, el poder de adaptación que permitió su desarrollo en condiciones diferentes a las naturales y la recombinación de genes por cruzamiento de especies emparentadas (79).

Es conocido que el fenotipo, es el resultado de la combinación de factores ambientales y genéticos, pueden existir casos en los que dos individuos sean genéticamente iguales pero morfológicamente diferentes y viceversa, de allí que herramientas que brinda la biología molecular para el análisis de variabilidad genética mediante el uso de marcadores moleculares ha permitido eliminar los errores de una selección basada en el análisis exclusivo del fenotipo (80).

Un marcador molecular es cualquier fenotipo molecular producto de la expresión de un gen o de segmentos específicos de ADN, que pueden ser detectados y su herencia monitoreada. Si un marcador molecular se comporta de acuerdo a las leyes básicas de la herencia mendeliana, entonces recibe el nombre de marcador genético (81).

La caracterización de la variación genética entre poblaciones y entre líneas mejoradas es crucial para la conservación y explotación de recursos fitogenéticos en programas de mejoramiento. Los marcadores moleculares han permitido la determinar de la variación genética de colecciones de germoplasma (18, 82).

Los marcadores o secuencias de ADN ligados a genes de interés agronómico se pueden utilizar para realizar selección genotípica temprana en plántulas, así, se evita manejar cientos o miles de plantas en la selección fenotípica en invernáculo o campo. En el análisis de variantes somaclonales por el cultivo in vitro de banano permite la detección temprana y la eliminación de variantes inducidos mediante el uso de marcadores RAPD, una de las variantes inducida es el enanismo, los resultados demostraron que existe una banda específica presente en las plantas normales y ausente en las plantas enanas del grupo Cavendish (83, 84). Con análisis RAPD, ISSR o fingerprint se pueden identificar diferentes variantes con una banda específica (85).

2.1 EXTRACCIÓN DE ÁCIDOS NUCLEICOS

Para realizar el análisis de las características de un individuo, aislar un gen de interés, comprobar la presencia de una secuencia determinada para estudios filogenéticos, o para verificar la eficacia de un proceso de transformación, la extracción del ADN de alto peso molecular, libre de proteínas y otros contaminantes, constituye el primer paso principal.

Este proceso consiste en eliminar todos los componentes celulares mediante principios de separación físicos. Se inicia eligiendo un tejido vegetal joven, el primer paso es la ruptura de las estructuras celulares (pared celular, membrana celular, citoplasma y membrana nuclear) (86).

Estas estructuras son degradadas por acción de un detergente (CTAB, SDS). Las proteínas hidrofóbicas son retiradas mediante solubilización o afinidad química de mezclas de solventes orgánicos como cloroformo, fenol, octanol, alcohol isoamílico, entre otros (87).

Las nucleasas son inactivadas por agentes quelantes (EDTA) que capturan los cationes Mg^{++} y Ca^{++}, requeridos por estas enzimas para su actividad, o mediante agentes reductores (β-mercaptoetanol) que rompen los puentes disulfuro que mantienen unidas a las subunidades de nucleasas multiméricas (88).

La separación del ADN del resto de contaminantes se realiza mediante centrifugación de la mezcla de buffer de extracción y solvente orgánico, lo cual genera dos fases, estando el ADN disuelto en la fase acuosa. Con el uso de sales o alcohol se logra la precipitación del ADN de la fase acuosa. El ADN se conserva en un buffer apropiado como TE (Tris EDTA) o agua destilada libre de nucleasas (86).

2.2 MARCADORES UTILIZADOS PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO

El mejoramiento de especies vegetales se baso exclusivamente en el fenotipo, el cual es producto de los genes del individuo bajo la influencia del ambiente. Condiciones que permitieron logros considerables en el mejoramiento de maíz, papa, entre muchas otras especies, pero que requerían de largos periodos de prueba para la detección de las características agronómicas de interés que se expresaban bajo la influencia positiva o negativa del ambiente (89,90).

De acuerdo al avance tecnológico, se desarrollaron diversas técnicas para permitir resultados a corto y mediano plazo, así la evolución de los marcadores a lo largo de la historia es:

- Marcadores Morfológicos
- Marcadores Proteicos o Bioquímicos
- Marcadores de ADN o moleculares

2.2.1 MARCADORES PROTEICOS O BIOQUÍMICOS

Los marcadores proteicos o bioquímicos son conocidos también como isoenzimas, y presentan la ventaja de la codominancia de los alelos en un determinado locus. Comprenden un grupo de múltiples formas moleculares de una misma enzima

presente en una especie, la cual es codificada por uno o más genes. Entonces estos pueden ser rastreados de una manera indirecta, al extraer las enzimas del tejido, en base a su tasa de migración mediante la electroforesis en un gel de almidón (91, 92).

Los patrones de bandas obtenidos (zimograma) en una cámara de electroforesis son reproducibles, si el análisis del individuo se realiza en la misma madurez fisiológica, concentración del gel de corrida y el mismo proceso de tinción. Estos marcadores permiten diferenciar individuos homocigotos de los heterocigotos (carácter codominante) y sirven de complemento a los marcadores morfológicos en la evaluación de germoplasma y mediante el cálculo de frecuencias génicas comparar poblaciones (93, 94).

Una de las limitaciones del uso de isoenzimas es que el análisis no se extiende a todo el genoma del individuo, sino se direcciona a genes estructurales que codifican proteínas solubles con actividad enzimática. La actividad enzimática está influenciada por el estado fisiológico y presencia de aminoácidos con la misma carga y tamaño, no se detectan las mutaciones (95).

2.2.2 MARCADORES MOLECULARES

Los marcadores moleculares son segmentos de ADN que se pueden relacionar con un rasgo genético que no está influenciado por el ambiente. Los marcadores moleculares pueden ser en codominantes y dominantes.

Un marcador genético codominante puede detectar los dos alelos en un locus de un individuo heterocigoto, esta característica permite el estudio de la segregación mendeliana (96). En cambio un marcador genético dominante detecta solo uno de los dos alelos de un individuo heterocigoto.

Los marcadores genéticos codominantes y dominantes también pueden ser monomórficos y polimórficos. Un marcador molecular se denomina monomórfico cuando sus dos alelos son iguales. En cambio cuando presenta diferencias en el peso molecular, actividad enzimática, estructura, o sitios de restricción, se denomina polimórfico (81).

Existen dos categorías principales de marcadores moleculares.

La primera generación o categoría de marcadores tienen funciones desconocidas y especificas para el individuo estudiado. Estas técnicas no precisan mayor información de la secuencia del genoma a investigar, es decir, se usan primers, cebadores o iniciadores universales y son de carácter dominante.

Como ejemplo de este tipo de marcadores, se pueden mencionar a los RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA por sus siglas en inglés), esta técnica utiliza iniciadores universales (97). En los AFLP (Amplified Fragment Lengh Polymorphism) también pertenecen a este tipo de marcadores, el DNA es digerido con dos enzimas de restricción, los adaptadores son ligados y los iniciadores están formados por una parte común comprendida entre el adaptador y el sitio de restricción, y una parte única correspondiente a las bases selectivas (98).

La segunda generación o categoría son los marcadores moleculares con identidades funcionales conocidas (ESTs, intrones, microsatélites-ESTs) (99).

2.2.2.1 SECUENCIAS EST

Microsatélites o SSR (Simple Sequence Repeats) son marcadores moleculares codominantes, consisten en regiones del genoma que contienen secuencias simples repetitivas con motivos de 2 a 10 nucleótidos que se ubican uno tras otro y que son amplificadas a través de PCR mediante el uso de un par de primers o cebadores específicos y que son complementarios a secuencias únicas. Estas regiones son altamente polimórficas, ricas en formas alélicas que permiten un análisis genético (100).

Los EST o Expresed Sequence Tags son generados a partir de la secuenciación de uno o de los dos extremos del gen expresado y pueden ser secuencias codificantes o no codificantes. Como el mARN es la copia fiel de una zona codificante de un gen, un EST es un fragmento del gen (101).

El mARN (ácido ribonucleico mensajero) migra del núcleo celular con la información codificada del ADN y por traducción, dirigirá la síntesis de polipéptidos (102). Para obtener EST, se extrae el ARN maduro de las células. Mediante la ayuda de primers y la enzima transcriptasa reversa se obtiene su secuencia complementaria, es decir

el cADN, a partir de esta información se construye una librería y se secuencia el cADN (103).

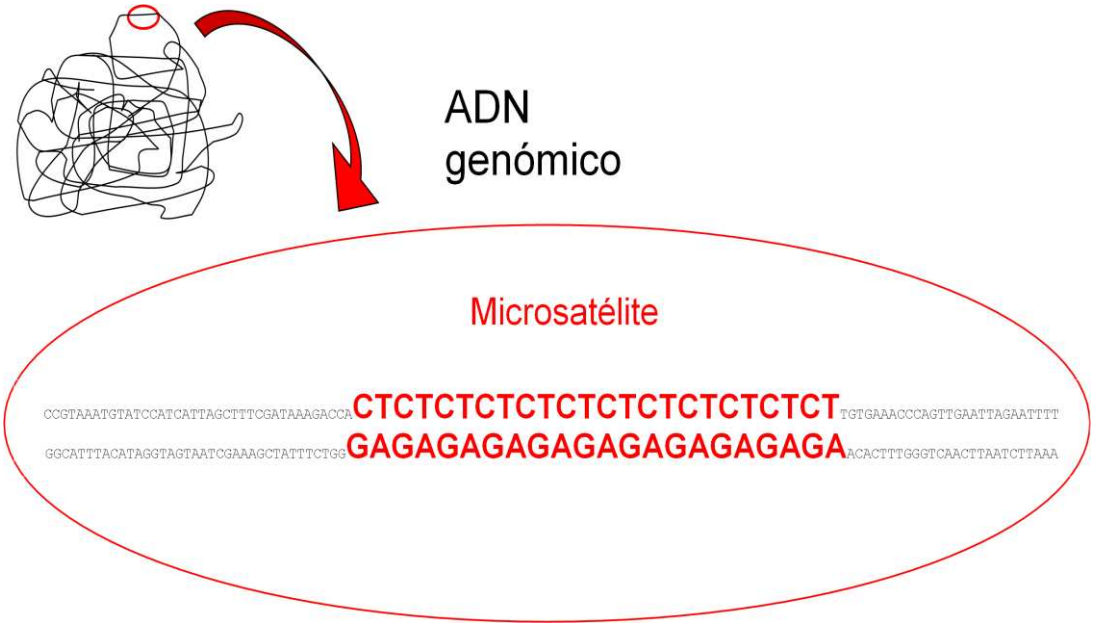

Figura 1. Esquema de un microsatélite en el ADN Genómico.

Estos marcadores son útiles debido a su alto grado de transferibilidad entre especies relacionadas y estos pueden ser usados para el mapeo comparativo, estudios de evolución, estudios de genética de poblaciones, búsqueda de genes responsables de crecimiento, resistencia a enfermedades (104, 105).

Mediante el uso de este tipo de marcadores, se han desarrollado exitosamente programas agrícolas (106, 107, 108, 108, 110, 111, 112).

El Banco de Genes (Gen Bank) es una base de datos de secuencias públicas de ADN, es parte de la Base de Datos Internacional de Secuenciamiento de Nucleótidos, los datos publicados son generados en colaboración de tres instituciones: la Base de Datos de ADN de Japón (DDBJ, por sus siglas en inglés), el Laboratorio de Biología Molecular Europeo (EMBL, por sus siglas en inglés) y el Banco de Genes del Centro Nacional para la Información Biotecnológica (NCBI, por sus siglas en inglés). Esta información se encuentra disponible en la página web del NCBI y existen aproximadamente 106,533,156,756 bases en 108,431,692 archivos de secuencias grabados hasta agosto de 2009 (113).

Debido a que las secuencias EST permiten evidenciar la transferencia de la información genética entre diferentes cruses o familias, las secuencias EST son identificadas a través de una búsqueda electrónica y su función indirecta (putativa) puede ser asignada mediante comparación con bases de proteínas en maíz, sorgo, papa, café entre otras especies para estudios genéticos (107, 96).

Luego del tratamiento de datos para la obtención de secuencias EST no redundantes para estudios genéticos, se requiere del diseño de primers para amplificar las zonas del ADN de la especie emparentada en estudio, con esta técnica se obtienen marcadores microsatélites a bajo costo (114).

2.3 REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA, PCR

La Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR por sus siglas en Inglés), es una técnica utilizada para incrementar exponencialmente el número de copias de una región específica de ADN para ser examinado, con la ayuda de la enzima Taq polimerasa, técnica in vitro que imita la habilidad natural de la célula de duplicar el ADN, y fue inventada en 1985 por Kary Mullis (115).

La PCR se compone de tres procesos que se realizan a diferentes temperaturas que son: Desnaturalización, alineamiento y elongación de la cadena de ADN. Estos tres pasos se repiten en el termociclador permitiendo incrementar de manera exponencial el fragmento o los fragmentos sintetizados a partir del molde de ADN, debido a que la enzima ADN Taq polimerasa resistente a las variaciones bruscas de temperatura durante el proceso (81).

La PCR requiere un molde de ADN, moléculas iniciadoras llamadas cebadores o primers, ADN Taq polimerasa, una mezcla de desoxirribonucleótidos trifosfato (dATP, dCTP, dGTP, dTTP), cloruro de magnesio (MgCl2), un amortiguador o buffer de reacción apropiado y un termociclador equipo que tiene la capacidad de realizar cambios de temperatura (12).

Inicia con la desnaturalización, proceso que consiste en desenrollar y separar mediante la temperatura (94º C) la molécula doble de ADN a filamentos sencillos. El alineamiento de las moléculas iniciadoras puede variar en longitud, en composición de bases nitrogenadas y en especificidad para parearse con la secuencia blanco

(original) y dependiendo de esto la temperatura de alineamiento puede variar desde 25º C a 65º C. La activación de la enzima ADN polimerasa es a 72º C y esta permite el alargamiento o elongación de la molécula iniciadora (116).

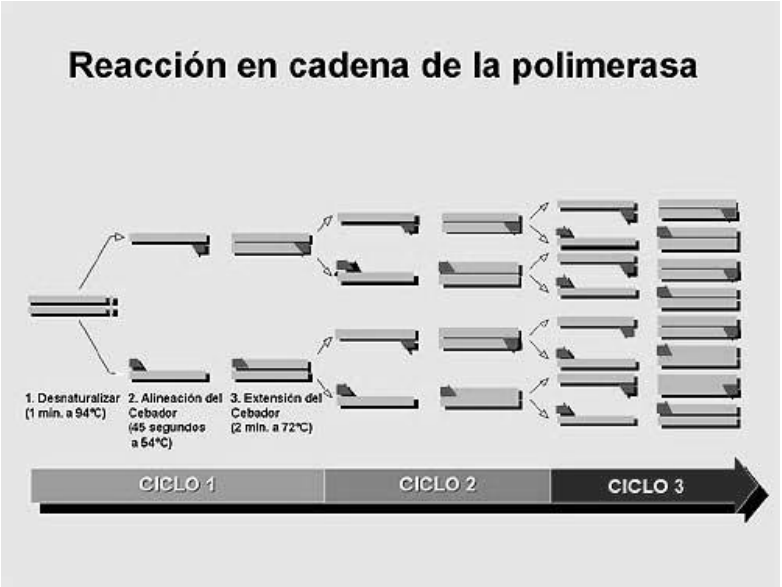

Figura 2. Esquema de la actividad de PCR indicando las fases de denaturalización y alineamiento y alargamiento de la cadena sintetizada. (Fernández, et al. s.f)

La temperatura es la primera variable de importancia en optimización de PCR que influye en el plegamiento de los iniciadores. Temperaturas altas presentan plegamientos mas específicos y temperaturas bajas derivan en alineamientos no específicos. Para incrementar la especificidad se inicia el proceso a temperaturas altas el molde de ADN correcto elegido tendrá la preferencia en ser amplificado y

gradualmente bajar la temperatura para favorecer la amplificación de las cadenas inicialmente amplificadas, esta estrategia es conocida como “touch down” (117).

La segunda variable, el ión magnesio (Mg^{+2}) influye en la desnaturalización del ADN y compacta los dNTPs. Es el cofactor que permite la actividad enzimática de la ADN Taq polimerasa. La cantidad de Mg^{+2} puede producir un exceso de productos no específicos. La falta de Mg^{+2} puede reducir la cantidad de producto amplificado (118).

2.4 ELECTROFORESIS

Es un proceso físico de separación de moléculas de acuerdo a su carga eléctrica punto isoeléctrico, tamaño y la configuración de su estructura o forma. Se realiza en un medio líquido que permite el flujo de electrones de la corriente eléctrica y la migración de las moléculas en un campo eléctrico a través de una matriz porosa (119, 120, 121).

Esta técnica tiene variantes de acuerdo al instrumental y a los principios fisicoquímicos que utiliza para realizar la separación, y son:

- Electroforesis en papel
- Electroforesis en geles de agarosa
- Electroforesis en geles de poliacrilamida

- Isoelectroenfoque
- Electroforesis capilar
- Electroforesis bidimensional

Las moléculas más grandes, con estructuras ramificadas o circulares, se mueven más lentamente que aquellas de menor tamaño, peso molecular y la forma de su estructura. Así, por ejemplo el ADN en forma de Superhélices Circulares (forma I), ADN Circulares Cortados (forma II), y ADN Lineares (forma III) del mismo peso molecular migran a través de geles (agarosa) a diferentes rangos (122).

También influye en la migración de las moléculas la fuerza iónica, viscosidad, temperatura del medio, colorantes presentes en la electroforesis y tamaño de poro de la matriz (123).

Mientras mayor sea la concentración del polímero utilizado para la formación de la matriz porosa, mayor será la tortuosidad o dificultad de la sustancia para migrar en el proceso de electroforesis. Los polímeros mas utilizados para la separación y posterior visualización de los ácidos nucleicos son la agarosa y la poliacrilamida (124, 125)

La agarosa es un polímero que se utiliza para separar moléculas desde 0,1 Kb (100 pares de bases) hasta 60 Kb y su concentración de trabajo está en el orden del 0,3 al 2% en concentración peso/volumen (126).

La poliacrilamida presenta un tamaño de poro de menor diámetro comparado con el tamaño de poro formado por la polimerización de la agarosa, capaz de separar

fragmentos de ADN o productos de PCR desde 6 a 2000 pb bases y moléculas que difieren en su configuración en un solo nucleótido. Los geles de poliacrilamida, están compuestos por una mezcla compleja de acrilamida y bisacrilamida en diferentes proporciones y los rangos de concentración de trabajo varían del 3.5 al 20% en concentración peso /volumen (127).

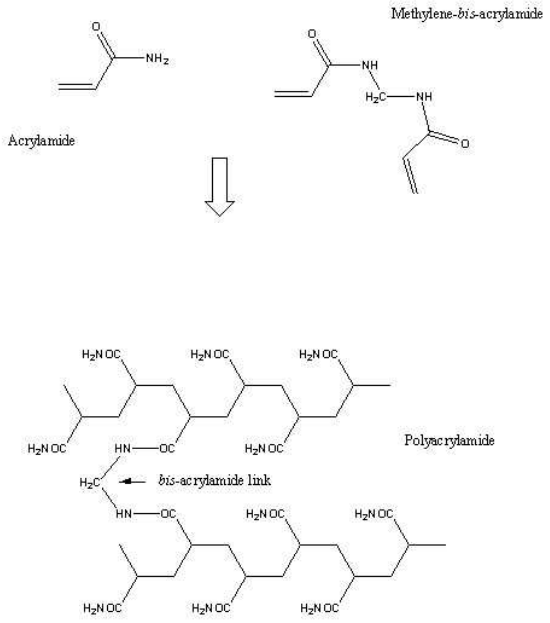

Figura 2.3 Reacción de Polimerización de la Poliacrilamida (Jorrin & Alconada. s.f**)**

Los colorantes utilizados para la visualización de los ácidos nucleicos o los productos de la PCR son: bromuro de etidio, SYBR, nitrato de plata, fluorescencia, (secuenciadores o PCR tiempo real) (128).

El bromuro de etidio y la tinción con nitrato de plata son los métodos de tinción de los geles de agarosa y poliacrilamida respectivamente, para la visualización de ácidos nucleicos durante o después del proceso de electroforesis.

El bromuro de etidio es una sustancia fluorescente que se intercala entre las bases adyacentes del ADN y que reaccionan el exponerse a la luz ultravioleta permitiendo una visualización indirecta del ADN estudiado y se utiliza en la tinción de geles de agarosa. El colorante SYBR, presenta una sensibilidad mayor que el bromuro de etidio y permite la visualización del ADN bajo el mismo principio.

Los productos de la PCR son analizados mediante electroforesis (116) en geles de poliacrilamida para determinar tamaño de bandas y polimorfismo (presencia de alelos distintos).

El individuo es homocigoto si la muestra amplificada muestra una sola banda ese individuo presenta dos copias del mismo alelo y por otro lado, si en el gel se visualizan dos bandas en la muestra, el individuo es heterocigoto por la presencia de dos alelos en su genomio.

La comparación entre distancias de migración de las bandas presentes en un grupo de muestras permite determinar que individuos presentan los mismos alelos (129) Este es el principio por el que se pueden diferenciar similitudes y diferencias entre individuos.

CAPÍTULO 3

MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 DATA MINIG O EVALUACIÓN DE SECUENCIAS Y DISEÑO DE PRIMERS

Se recopilaron 30000 secuencias EST ***Solanum tuberosum*** publicadas en los bancos de datos de NCBI (National Center for Biotechnology Information) (http://www.ncbi.nlm.nih.gov), de ***Solanum tuberosum***, las cuales fueron descargadas y almacenadas en formato FASTA, las secuencias almacenadas se exportaron a archivos de Word (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucest/HO059652.1?report= fasta&log$ =seqview).

Para el procesamiento de estos datos para el análisis se utilizó el programa SSR finder (http://www.maizemap.org/bioinformatics/SSRFINDER/SSR_FinderDownload.html), que permite el diseño de los pares de primers para la amplificación de las regiones complementarias, y además eliminar las secuencias redundantes. Los 3000 datos resultado de este proceso se exportaron a archivos de Microsoft Excel® junto con la información de posición de los repeats.

La información archivada en Microsoft Excel®, fue procesada con el programa BLAST, que permite la ubicación de las secuencias repetidas mediante la identificación y comparación de las posibles proteínas que se generarían a partir del EST, todas las secuencias cuyo producto era redundante fueron eliminadas.

Un total de mil secuencias conteniendo repeats tipo microsatélite provenientes de la fase anterior fueron analizadas con el programa Primer Premier 5.0 (Premier Biosoft International, Palo Alto, California). Primer Premier permite el diseño de iniciadores o primers para PCR. A partir de estos datos se sintetizaron pares de *primers* para su análisis en las muestras de ADN (http://www.premierbiosoft.com/).

Para el diseño de primers, se varió la condición de longitud del primer: longitud mínima de 18 y máxima de 25 pares de bases y de 2 a 6 repeats como parámetros básicos de detección, el resto de parámetros corresponden a las condiciones de referencia del programa, la información exportada en pares de bases (bp), fue codificada de acuerdo al formato requerido para cada software mediante Microsoft Excel®.

Las secuencias resultantes constituyen los primers, iniciadores o cebadores para el estudio con las muestras de ADN y fueron sintetizadas por la Shanghai SBS Zipper Manufacturing Co., Ltd.

3.2 EVALUACIÓN DE PRIMERS

3.2.1 MATERIAL BIOLOGICO

El material biológico evaluado corresponde a 9 entradas seleccionadas al azar de la colección de germoplasma ecuatoriano de tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.), donadas por el INIAP (Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias).

Cuadro 13. Material vegetal de Tomate de Árbol silvestre (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt)

N	CODIGO	PROVINCIA	LOCALIDAD
1	ECU 5542	Napo	Archidona
2	ECU 5554	Morona Santiago	Méndez
3	ECU 6231	Morona Santiago	Palora
4	ECU 6239	Morona Santiago	Palora
5	ECU 12778	Loja	Saraguro
6	ECU 12780	Loja	Saraguro
7	ECU 12819	Loja	Catamayo
8	ECU 12888	Azuay	Sevilla de oro
9	ECU 12889	Azuay	Sevilla de oro

El material fue germinado en condiciones in vitro, para la obtención de plántulas libres de contaminación y aptas para la extracción de ADN de calidad para evitar la interferencia en la amplificación de los *primers*.

Fotografía 2. Planta de tomate de árbol en condiciones in vitro.

Cuadro 14. Medio de cultivo para germinación y desarrollo de plántulas de tomate de árbol en condiciones ***in vitro*** (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt) desarrollado en el Laboratorio de Biotecnología de la Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad Central del Ecuador.

SUSTANCIA	CONCENTRACIÓN
Sales M&S	100%
Vitaminas M&S	100%
Thiamina HCl	0,4 ppm
IBA	0,6ppm
Sucrosa	3%
Agar	0,80%
pH	5,7

3.2.2 EXTRACCIÓN DE ADN

Se aisló DNA a partir de segmentos de hoja proveniente de líneas cultivadas en condiciones in vitro por el Laboratorio de Biotecnología de la Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad Central.

Para la extracción de ADN se utilizó el método de extracción con CTAB (Karp, et al. 1998).

Para la extracción de ADN se empleo 200 mg de tejido foliar ***in vivo***. Este protocolo consta de una fase que incuba a las muestras con 800 μL el detergente CTAB (Cetyl trimethyl ammonium bromide) y proteinasa K en un tubo Eppendorf de 1.5 ml a 60º C por 60 minutos.

Luego de este proceso se macera nuevamente a la mezcla en baño maría durante 12 horas. Posteriormente se añade fenol-cloroformo y que permite la separación de los componentes por afinidad química por centrifugación a una velocidad de 13.000 rpm durante 7 minutos, se recupera el sobrenadante, se adiciona cloroformo para separar los ácidos nucleicos suspendidos y se centrifuga nuevamente a 13.000 r.p.m. durante 10 minutos para separar la fase que contiene los ácidos nucleicos que corresponde al sobrenadante. A esta fase se adicionan V/V fenol cloroformo, se centrifuga nuevamente a 13.000 r.p.m. durante 10 minutos, se recupera el sobrenadante; adicionar V/V de cloroformo y centrifugar nuevamente a 13.000 r.p.m. durante 10 minutos, se recupera el sobrenadante, adicionar al sobrenadante 500 μl de isopropanol, este se almacena esta a -20º C durante tres horas, para precipitar los ácidos nucleicos. Para recuperar el DNA se centrifuga a 13.000 rpm durante 5 minutos, el pellet obtenido se lava con alcohol al 70%, a temperatura ambiente se seca el pellet durante aproximadamente una hora para luego ser suspendido en TE 1X (Buffer Tris EDTA) y almacenado –20ºC para su preservación y posterior uso.

El ADN resultante se llevo a la concentración de 50 ηg/ μl, la cuantificación de se realizó en el espectrofotómetro JENWAY Genova 1714.

3.2.3 AMPLIFICACIÓN DE MICROSATÉLITES

La amplificación del ADN se realizó usando los *primers* diseñados en este estudio tipo microsatélite. El cóctel de reacción comprende los siguientes reactivos:

- Cloruro de Magnesio 2 mM
- Buffer o tampón para PCR 1x (PROMEGA)
- dNTP's 200 mM
- TAQ polymerasa 0,008 µl / microlitro de reacción (5 U/ µl, PROMEGA)
- Primer forward y reverse y 0.4 µM

Cada reacción consto de la mezcla de 6 µl del coctel de reacción y 0,75 µl de muestra de DNA a una concentración de 50 ηg/µl.

Cada *primer* fue añadido al coctel de reacción en un formato de 11 amplificaciones por primer y de forma duplicada que permitió el manejo repetitivo con las pipetas multicanal. Se realizó un screening inicial del set total de primers en bajo un protocolo de PCR tipo Towch Down (Don, et al. 1991) en el termociclador: Gene Amp 9600 de ABI.

Se planteó la evaluación de 11 amplificaciones por primer, las muestras de ADN de tomate de árbol fueron sembradas en forma duplicada. Las muestras fueron sembradas en placas de 96 agujeros utilizando pipetas multicanal de 8 salidas, Las placas de PCR una vez sembradas con el coctel de reacción y las muestras fueron selladas con film de PCR y rodillo.

Cuadro 15. Condiciones de ciclaje para amplificación microsatélites.

Pasos		Temperatura °C	Tiempo	Ciclos
Desnaturalización inicial		94	3 min.	-
Loop 1	Desnaturalización	90	30 s.	40
	Anillamiento	72°C - 50°C (1°C menos en cada ciclo)	43 s.	
	Extensión	72	1 min.	
	Desnaturalización	92	-	-
Extensión Final		72	5 min.	-
Almacenamiento		-20	-	-

Fuente: Pérez, et al. 2005.

Los Primers que amplificaron, es decir, fueron transferidos de ***S. tuberosum*** a ***S. betacea*** a partir de secuencias EST, fueron evaluados en las muestras de ADN de tomate de árbol cultivadas in vitro, con la finalidad de determinar las distancias genéticas de estos individuos.

3.2.4 ELECTROFORESIS

Las muestras fueron separadas en geles no denaturantes de poliacrilamida-bisacrilamida al 6% [arcrilamida:bisacrilamida 29:1, TBE (40 mM Tris Base, 20 mM de ácido bórico y 0,5 M de EDTA pH 8,0), persulfato de amonio (10%) y TEMED] (Sambrock, et al. 1989).

Los geles fueron fundidos en placas de vidrio, con espaciadores de 1 mm, polimerizados por 1 hora y pre-corridos por 15 minutos. A los productos amplificados

mediante PCR se adicionó 1.2 µl de tampón 6X [0,25% de Azul de Bromofenol, 0,25% de Xilenocianol y 40% (w/v) de sucrosa en agua destilada] y cargados en 2µL de muestra para cada locus.

Para el cálculo de tamaño de bandas se cargó en el gel una escalera de talla de 20 bp en volumen de 1 µL. Las muestras cargadas en los geles se corrieron en cámaras de electroforesis CBS con tampón de llenado TBE 1X durante 12 horas a 350 V.

3.2.5 TINCION DE PLATA

La visualización de los productos de ADN se realizó mediante tinción de plata siguiendo el protocolo del Cuadro 16

Cuadro 16. Pasos para la tinción con nitrato de plata.

Paso	Reactivo	Fórmula	Concentración	Tiempo exposición
Fijación	Etanol	C2H5-OH	10%	10 min.
	Ácido Acético	CH3-COOH	0,5%	
Impregnación	Nitrato de Plata	AgNO3	0,01 M	25 min.
Enjuague	Agua bidestilada	H2O	-	30 s.
Revelado	Hidróxido de Sodio	NaOH	0,75 M	10 min.
	Formaldehido	CH2O	0,085 M	
Stop o Parada	Carbonato de Sodio	NaCO3	0,07 M	3-5 min.

FUENTE: Dinesh, et al. 1995.

3.2.6 VISUALIZACIÓN, FOTOGRAFÍA Y DETERMINACION DE TAMAÑO DE BANDA

La fotodocumentación de los geles se los hizo con una cámara digital de 5 Mpx (mega pixels) a la máxima resolución en formato Tiff en un transiluminador de luz blanca.

Las fotografías fueron transformadas a una escala de blanco y negro y modo 16 bit con el programa Adobe Photoshop 6,0.

En el perfil molecular de bandas de ADN de cada individuo, el cálculo y asignación de alelos se realizo tomando como referencia el marcador o escalera molecular utilizado que separaba cada uno de los sets de individuos amplificados con un mismo primer, el tamaño molecular de la banda más pequeña fue tomado como alelo inicial, se asigno el valor del alelo de referencia a todas las bandas identificadas mediante el análisis de imagen, todo este análisis fue procesado mediante el programa GenProfiler 4.05 Scanalytics®. La información fue exportada en bp y alelos al programa Microsoft Excel®, para su posterior análisis.

Para el análisis de frecuencias alélicas y distancias genéticas, se utilizó el programa Genalex. Para la generación de las distancias genéticas se utiliza el principio de comparación pareada entre individuos generando una matriz NxN a partir de los datos codominantes utilizando el método de Smouse y Peakall (1999).

CAPÍTULO 4

RESULTADOS Y DISCUSION

4.1 DATA MINIG.

4.1.1 SECUENCIAS RESULTANTES DEL PROGRAMA BLAST.

Un total de mil secuencias conteniendo repeats tipo microsatélite se obtuvieron luego del procesamiento de los datos con el programa BLAST (Apéndice A).

Cuadro Nº 17. Porcentaje de tipo de repeat de las 1000 secuencias no redundantes que se utilizaron para diseño de *primers*.

Repeat	NÚMERO	PORCENTAJE
Di nucleótido	18	1,8
Tri nucleótido	546	54,6
Tetra nucleótido	109	10,9
Penta nucleótido	327	32,7
Total	**1000**	**100**

Se puede observar que las secuencias de tri nucleótidos constituyen el 54,6% de la muestra total, mientras que las secuencias di nucleótido representan a penas el 1,8% de la muestra total.

4.1.1 *PRIMERS* RESULTANTES PARA EL ESTUDIO

Se obtuvieron 200 pares de primers para obtenidos a partir del programa Primer Premier 5.0 para las pruebas de amplificación en el ADN de tomate de árbol mediante PCR (Apéndice B).

4.2 EVALUACION DE PRIMERS TIPO MICROSATELITE

Se realizaron las pruebas con los 200 pares de primers diseñados en las 9 muestras de ADN de tomate de árbol, pero se generaron perfiles en sólo 34 loci. De los cuales 22 loci corresponden a amplificaciones monomórficas y 12 polimórficas.

Cuadro Nº 18. Porcentaje de Secuencias Monomórficas y Polimórficas Amplificadas en tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.

TIPO DE AMPLIFICACIÓN	NÚMERO	PORCENTAJE
Monomórficos	22	64.7
Polimórficos	12	35.3
Total	**34**	**100.0**

El mayor porcentaje corresponde a las secuencias amplificadas monomórficas con un valor del 64,7%, mientras que las secuencias con amplificación polimórfica representan el 35,35% de la muestra.

Cuadro Nº 19. Porcentaje de Secuencias Monomórficas y Polimórficas Amplificadas en tomate de árbol, relacionadas con el tipo de repeat que presentan (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.)

AMPLIFICACIÓN SECUENCIAS	MONOMÓRFICAS		POLIMÓRFICAS	
Repeat	**Frecuencia**	**Porcentaje**	**Frecuencia**	**Porcentaje**
di nucleótido	0	0.0	0	0.0
tri nucleótido	9	40.9	6	50.0
tetra nucleótido	4	18.2	1	8.3
penta nucleótido	9	40.9	5	41.7
Total	**22**	**100.0**	**12**	**100.0**

Las amplificaciones monomórficas presentaron una amplificación igual en motivos tri nucleótidos y penta nucleótidos del 40,9 %.

Las secuencias que mayor porcentaje de amplificación poli mórfica fueron las tri nucleótido presentando un valor del 50% del total de la muestra, seguidas de las penta nucleótido con el 41,7%, lo que se podría decir que los motivos tri nucleótidos son mas polimórficos que los motivos penta nucleótidos, lo que se sustenta en el número de Alcivar-Warren (1999) que indica que mientras más pequeño es el motivo de microsatélite mayor polimorfismo se espera.

Cuadro Nº 20. Secuencias Monomórficas Amplificadas en tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.)

Nº	LOCUS	Repeat	n	ALELO	FRECUENCIA
1	>gi|39831744|gb|CK274766.1|CK274766	4	7	10	1
2	>gi|14645876|gb|BI180065.1|BI180065	3	3	11	1
3	>gi|18257084|gb|BM405497.1|BM405497	4	3	10	1
4	>gi|16216135|gb|BI920107.1|BI920107	3	6	11	1
5	>gi|39823751|gb|CK266773.1|CK266773	3	2	15	1
6	>gi|13612977|gb|BG594825.1|BG594825	5	8	10	1
7	>gi|10448763|gb|BE922687.1|BE922687	3	5	11	1
8	>gi|53698021|gb|CV473245.1|CV473245	5	4	10	1
9	>gi|15258433|gb|BI433743.1|BI433743	3	8	12	1
10	>gi|15185654|gb|BI406240.1|BI406240	3	8	11	1
11	>gi|20166677|gb|BQ114715.1|BQ114715	4	6	11	1
12	>gi|53776243|gb|CV493895.1|CV493895	5	1	12	1
13	>gi|62951790|gb|DN941519.1|DN941519	5	3	25	1
14	>gi|37820894|gb|CF802497.1|CF802497	5	7	10	1
15	>gi|53698055|gb|CV473279.1|CV473279	5	3	13	1
16	>gi|53697113|gb|CV472337.1|CV472337	5	5	10	1
17	>gi|53700222|gb|CV475446.1|CV475446	5	2	11	1
18	>gi|12587114|gb|BG097079.1|BG097079	3	1	19	1

Continua de la pagina 60….

.

Nº	LOCUS	Repeat	n	ALELO	FRECUENCIA
19	>gi|13180406|gb|BG351664.1|BG351664	3	5	15	1
20	>gi|53786465|gb|CV504108.1|CV504108	4	2	12	1
21	>gi|21371235|gb|BQ512366.1|BQ512366	3	1	12	1
22	>gi|46296003|gb|CN216661.1|CN216661	5	8	11	1

Cuadro Nº 21. Secuencias Polimórficas Amplificadas en tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.).

Nº	LOCUS	Repeat	n	ALELOS	FRECUENCIA
1	>gi|39800363|gb|CK249342.1|CK249342	5	5	10	0,6
				11	0,4
2	>gi|21364002|gb|BQ505133.1|BQ505133	3	4	10	0,625
				11	0,375
3	>gi|17069828|gb|BM109155.1|BM109155	5	5	16	0,9
				17	0,1
4	>gi|13180582|gb|BG351840.1|BG351840	3	8	10	0,75
				12	0,25
5	>gi|53694840|gb|CV470064.1|CV470064	3	4	12	0,75
				45	0,25
6	>gi|53776950|gb|CV494602.1|CV494602	5	4	46	0,5
				53	0,5
7	>gi|62893658|gb|DN908895.1|DN908895	5	7	10	0,286
				15	0,714
8	>gi|53695251|gb|CV470475.1|CV470475	5	5	10	0,2
				14	0,8
9	>gi|10447500|gb|BE921328.1|BE921328	4	6	12	0,75
				15	0,25

Continua de la pagina 61…..

Cuadro Nº 21. Secuencias Polimórficas Amplificadas en tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.).

Nº	LOCUS	Repeat	n	ALELOS	FRECUENCIA
10	>gi|21919061|gb|BQ118697.2|BQ118697	3	6	10	0,417
				11	0,167
				16	0,417
11	>gi|53694382|gb|CV469606.1|CV469606	3	9	10	0,111
				12	0,389
				13	0,111
				18	0,389
12	>gi|16214973|gb|BI919329.1|BI919329	3	5	12	0,2
				15	0,2
				16	0,4
				17	0,2

En los Cuadros Nº 20 y 21, se presentan los datos de los loci amplificados en tomate de árbol incluyendo datos de número de individuos amplificados, alelos identificados y frecuencia de los mismos

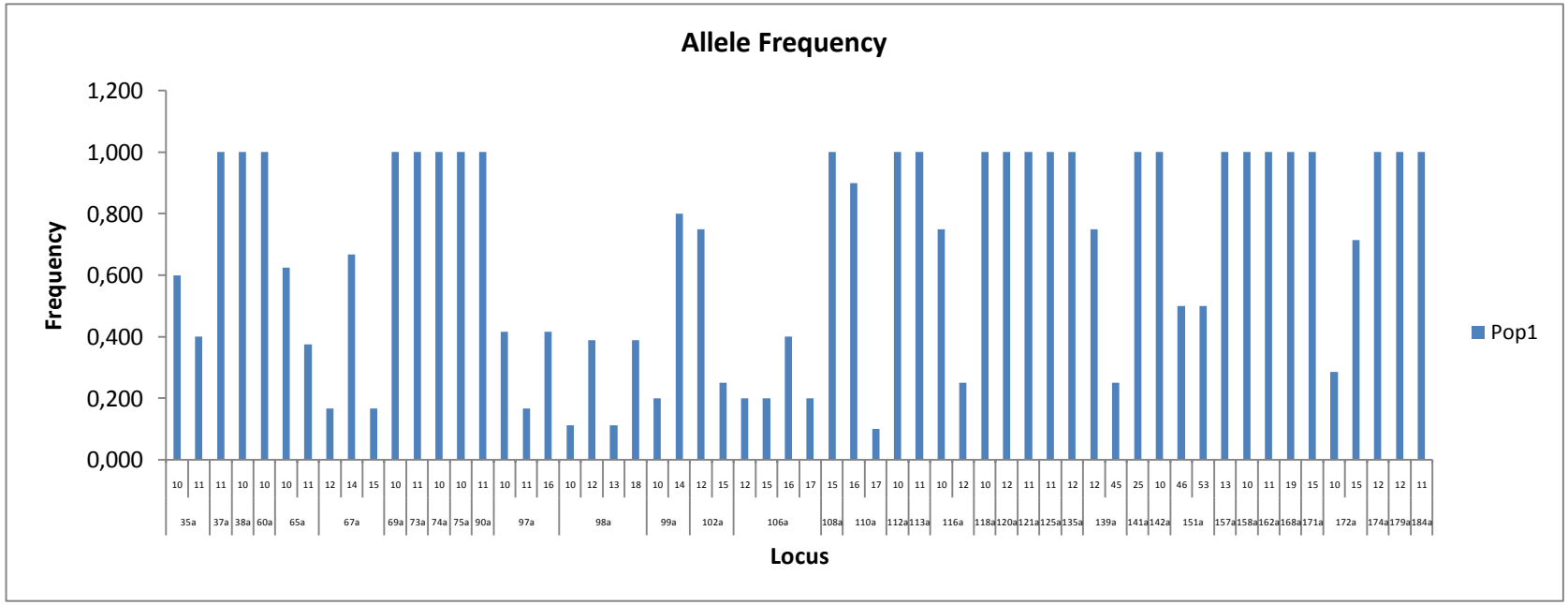

Figura 4. Distribución de la frecuencia de amplificación de *primers* tipo microsatélite en alelos de ADN de tomate de árbol.

Cuadro Nº 22. Porcentaje de Locus monomórficos amplificados en ADN de tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.)

Nº	LOCUS	FRECUENCIA AMPLIFICACIONES	PORCENTAJE	Nº PRIMER AMPLIFICA
1	10	6	27,3	1,3,6,8,14,16
2	11	7	31,8	2,4,7,10,11,17,22
3	12	4	18,2	9,12,20,21
4	13	1	4,5	15
5	15	2	9,1	5,19
6	19	1	4,5	18
7	25	1	4,5	13
Total		**22**	**100**	**-**

Cuadro Nº 23. Porcentaje de Locus polimórficos amplificados en ADN de tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.)

Nº	LOCUS	FRECUENCIA AMPLIFICACIONES	PORCENTAJE	Nº PRIMER AMPLIFICA
1	10	7	23,3	1,2,4,7,8,10,11
2	11	3	10	1,2,10
3	12	5	16,7	4,5,9,11,12
4	13	1	3,3	11
5	14	1	3,3	8
6	16	3	10	7,9,12
7	16	3	10	3,10,12
8	17	2	6,7	3,12
9	18	1	3,3	11
10	45	2	6,7	5
11	46	1	3,3	6
12	53	1	3,3	6
Total		**30**	**100**	**-**

En el cuadro 22 se presentan los primers que amplificaron en las muestras pero que eran monomórficos, locus 11 (31,8%), 10 (27,3%), los locus 12,13, 15, 19 y 25 presentan una frecuencia menor al 20% de amplificación.

En el cuadro 23, se puede notar que los locus 10 y 12 presentan los mayores porcentajes de amplificación polimórfica con el 23,3% y 16,7 % respectivamente, los otros diez locus presentaron valores iguales o menores al 10%.

Los datos generados muestran en general que alrededor del 3,4% de *primers* obtenidos a partir de secuencias EST que contienen SSR no redundantes es capaz de generar marcadores moleculares en solanáceas. Sin que la investigación se haya visto afectada, algunos problemas de amplificación observados en el proceso, pudieron originarse en el tiempo de almacenamiento de los *primers*. Concentraciones menores a 15 uM diluidas en TE tienen una vida útil promedio de un año a temperaturas de -20º C (http://www.genedetect.com/oligonucleotide.htm). Esta vida útil depende también de la secuencia del oligonucleótido, acidez del medio de dilución, presencia de nucleasas e inclusive el ataque de bacterias. Finalmente un factor importante es el número de ciclos de congelamiento y descongelamiento que sufren los *primers* diluidos (http://www.eurofinsdna.com/service-corner/faqs/faqs-oligonucleotides/techni cal-questions/what-is-the-shelf-life-of-oligonucleotides.html)

Cuadro Nº 26. Distancias genéticas obtenidas mediante la estadística de Smouse y Peakall (1999) en un set de 9 entradas de tomate de árbol. (***Solanum betaceum*** Cav. sin ***Cyphomandra betacea*** Sendt.)

	Archidona	**Méndez**	**Palora**	**Palora**	**Saraguro**	**Saraguro**	**Catamayo**	**Sevilla de oro**	**Sevilla de oro**	
ECU5542	0									**Archidona**
ECU5554	10,4	0								**Méndez**
ECU6231	14,5	15,3	0							**Palora**
ECU6239	13,9	16,5	5,8	0						**Palora**
ECU12778	10	9,3	19,1	17,4	0					**Saraguro**
ECU12780	10,4	10,4	13,9	13,9	10,4	0				**Saraguro**
ECU12819	10	8,3	19,6	20	5,5	10,4	0			**Catamayo**
ECU12888	10,9	9,2	16,8	17,1	8	11,3	6	0		**Sevilla de oro**
ECU12889	10,4	8,9	19,5	19,4	4,3	10,4	2,2	7	0	**Sevilla de oro**
	ECU5542	**ECU5554**	**ECU6231**	**ECU6239**	**ECU12778**	**ECU12780**	**ECU12819**	**ECU12888**	**ECU12889**	

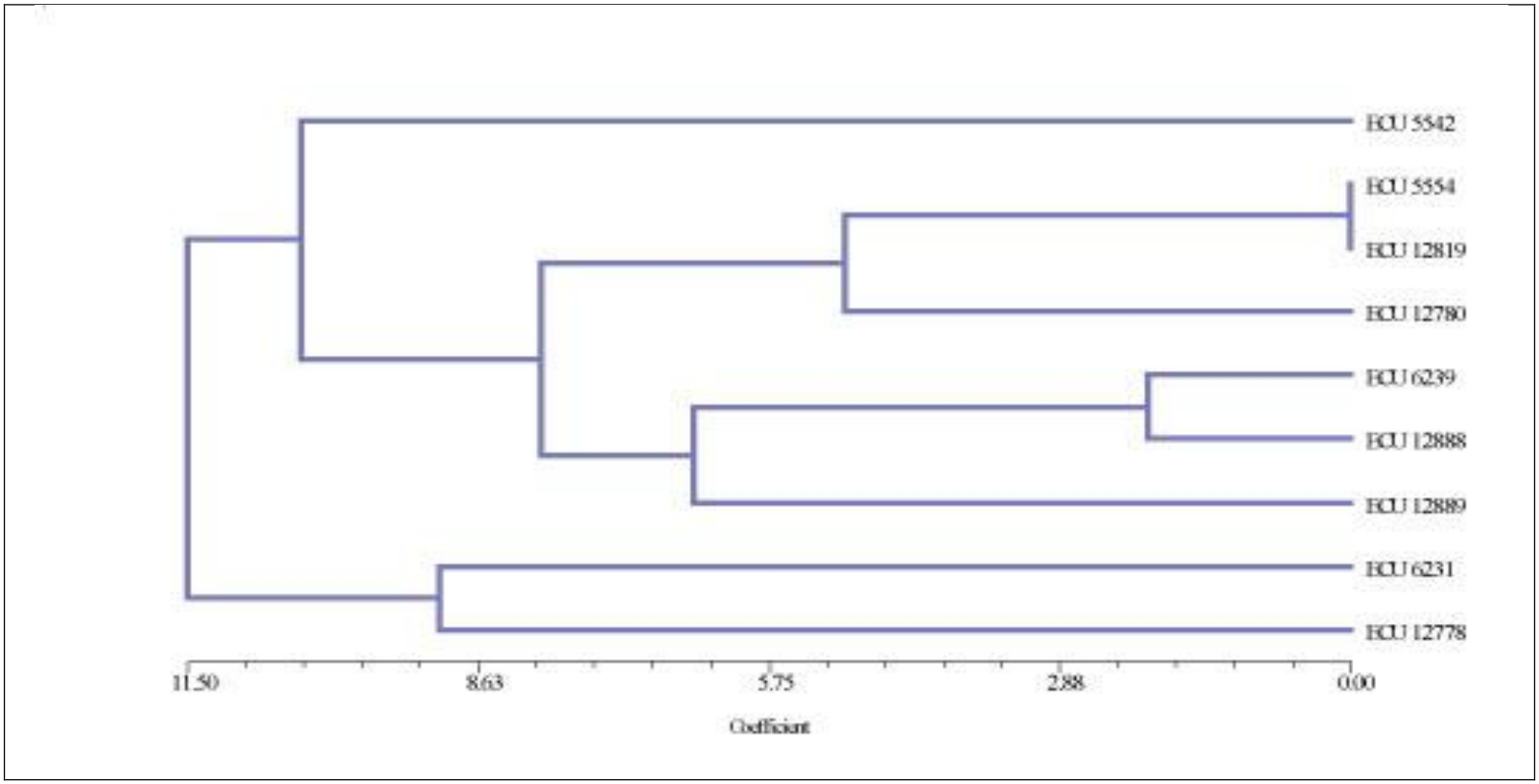

Figura. 5 Dendrograma de relaciones genéticas entre 9 entradas de tomate de árbol colectadas en Ecuador (INIAP). Datos obtenidos con 12 microsatélites generados en el presente trabajo. Distancias generadas con las fórmulas de Smouse y Peakall (1999) y agrupamiento obtenido mediante cluster analysis y UPGMA

CAPÍTULO 5

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

5.1 CONCLUSIONES.

1. Las secuencias tri nucleótidos presentaron el 50,4% de ESTs de los datos colectados y además presentaron el mayor porcentaje de amplificación polimórfica con el 50% de los *primers* microsatélites resultantes.
2. Las secuencias pentanucleótidos fueron las segundas en frecuencia de 32% de ESTs de los datos colectados del NCBI y además presentaron la misma frecuencia de amplificación polimórfica con el 41,7% de los *primers* microsatélites resultantes.
3. En este estudio se concluye que los *primers* trinucleótidos son mas polimórficos que aquellos que presentan un repeat de pentanucleótido.
4. No se observo amplificación en *primers* microsatélites con presencia de repeat dinucleótido, así, representaron el menor número de secuencias ESTs de los datos colectados del NCBI (1,8%).
5. El total de primers sometidos a amplificación fue de 200 pero se generaron perfiles en sólo 34 loci. De los cuales 22 loci corresponden a amplificaciones monomórficas (64,7%) y 12 polimórficas (35,35%).
6. El número de alelos en los microsatélites polimórficos generados fue mínimo 2 y máximo de 4 en tomate de árbol.
7. Las amplificaciones mono mórficas presentaron una amplificación igual tanto en tri y pentanucleótidos del 40,9 %.
8. El locus 11 presenta la mayor frecuencia de amplificación con el 31,8%, seguida por el 27,3 del locus 10 y el locus 12 presenta el 18,2%. Los locus

13, 15, 19 y 25 presentan una frecuencia menor al 10% de amplificación monomórfica.

9. Los locus 10 y 12 presentan los porcentajes mayores de amplificación polimórfica con el 23,3% y 16,7 % respectivamente, los otros diez locus que presentaron amplificación tienen valores iguales o menores al 10%
10. El 3,33% de las secuencias EST colectadas de las bases de Datos del NCBI, corresponden a las secuencias no redundantes.
11. El 8,9% de las secuencias no redundantes fueron seleccionadas con el programa primer premier para ser sintetizadas como marcadores tipo microsatélite.
12. El 3,4% de primers obtenidos a partir de secuencias EST que contienen SSRs no redundantes es capaz de generar primers microsatelites en solanáceas.
13. El 38,30% de los marcadores microsatelites sintetizados y probados en ADN de 9 entradas de tomate de árbol presentaron amplificación polimórfica (13,48%) y mono mórfica (24,72%).
14. El 0,11% de los datos obtenidos a partir de secuencias EST de las bases de datos del NCBI genero primers microsatelites en que amplificaron en ADN de 9 accesiones de tomate de árbol.
15. El grado de diferenciación en el material evaluado de tomate de árbol demuestra que existe variabilidad genética entre las 9 entradas estudiadas,de acuerdo al dendrograma resultante

5.2 RECOMENDACIONES

1. Los primers microsatelites generados son candidatos para evaluaciones extensivas de germoplasma de solanáceas de las colecciones de INIAP, incluidas las utilizadas en el presente trabajo

2. Se recomienda evitar largos periodos de almacenamiento de los *primers*. Concentraciones menores a 15 uM diluidas en TE tienen una vida útil promedio de un año a temperaturas de -20º C (http://www.genedetect.com/oligonucleotide.htm). Ya que la vida útil depende además de la secuencia del oligonucleótido, acidez del medio de dilución, presencia de nucleasas e inclusive el ataque de bacterias. Finalmente un factor importante es el número de ciclos de congelamiento y descongelamiento que sufren los *primers* diluidos. (http://www.eurofinsdna.com/service-corner/faqs/faqs-oligonucleotides/technical-questions/what-is-the-shelf-life-of-oligonucleotides.html).

3. Se recomienda una evaluación de los *Primers* que mostraron amplificación monomórfica mediante un protocolo de SSCP (producto amplificado de PCR más formamida corrido en geles no denaturantes a 4º C) con el fin de determinar existencia de polimorfismo a nivel de nucleótidos simples.

4. Se recomienda identificar marcadores moleculares para diagnosticar la presencia de diferentes patógenos en etapas tempranas de su desarrollo y del cultivo.

5. Identificar marcadores moleculares que exploren la presencia correlacionada con la expresión de genes de resistencia a diferentes enfermedades o plagas.

6. Elaborar un mapa de ligamiento para la identificar genes de resistencia a diferentes enfermedades o plagas del tomate de árbol.

APÉNDICES

APÉNDICE A.

Secuencias EST-SSR Derivadas de Data Mining

APÉNDICE A. Secuencias EST-SSR Derivadas de Data Mining

Número de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Secuencia Forward	Secuencia Reverse	Tamaño de Producto
1	>gi|13607715|gb|BG589575.1|BG589575	tri nucleótido	GGCGGCGGCGGC	80	91	12	GGCTACGGAGGTGGCAGAC	CTCCACCGTAACCACCTT	100
2	>gi|53698071|gb|CV473295.1|CV473295	penta nucleótido	TTTTCTTTTCTTTT	147	160	14	ATGGAATCCGAGTTGTTGTA	TCTCAGATTCAGAGTGGAAGA	100
3	>gi|13614056|gb|BG595916.1|BG595916	penta nucleótido	TCGGGTCGGGTCGG	98	111	14	TCTGACGAAGAACCTCAAGT	GTTTGCAGTCCGAACAGTAT	100
4	>gi|15260587|gb|BI435897.1|BI435897	tri nucleótido	AATAATAATAAT	129	140	12	TGAACATATGGTACGTGGAA	TGTTTACTTATGATGTGTAAGGG	100
5	>gi|11035620|gb|BF153680.1|BF153680	tri nucleótido	CAACAACAACAA	63	74	12	AAGAGGCCAAGAGAGGAA	GGAGATGACTCCTCTTTCTCA	101
6	>gi|39802631|gb|CK250498.1|CK250498	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTTAT	56	71	16	GACGACTCTTCAAACTCCTAAA	TGAGGGAGCCATTAGAGAT	101
7	>gi|53774195|gb|CV491847.1|CV491847	tetra nucleótido	TAAATAAATAAAT	148	160	13	GGCTCTCTTGATGATTTCAC	AGTTTAGCCACGACCAACTA	101
8	>gi|42509494|gb|CK717780.1|CK717780	penta nucleótido	TGGAGTGGAGTGGA	128	141	14	GAGGGAGAAGAATCATGTTG	GTGGGTGTAGCTCATCAAGT	101
9	>gi|12586819|gb|BG096784.1|BG096784	tri nucleótido	TCATCATCATCA	68	79	12	CAACATCTATGGTCCCATTT	AATATTGTTCACAAGGATCA	101
10	>gi|13179399|gb|BG350657.1|BG350657	tri nucleótido	CGCCGCCGCCGC	46	57	12	AGAGAAATGGACGCAGGT	AAGCATGACATCAGTGTGAA	102
11	>gi|62908309|gb|DN921976.1|DN921976	tri nucleótido	GTAGTAGTAGTA	210	221	12	ATCAAATGAAGCAAGAGCAT	TAGAGCATTTCCACATCACA	103
12	>gi|53779708|gb|CV497351.1|CV497351	tetra nucleótido	ACCGACCGACCGA	88	100	13	GAATCCTAGCCGGTTACAG	AGAAGTAATCAACGGCGATA	103
13	>gi|62908308|gb|DN921975.1|DN921975	tri nucleótido	TACTACTACTAC	473	484	12	TAGAGCATTTCCACATCACA	ATCAAATGAAGCAAGAGCAT	103
14	>gi|42509030|gb|CK717316.1|CK717316	tri nucleótido	AGCAGCAGCAGCA	245	257	13	CCGACTGAGGTCACTAGAAC	AGGAGAAGGAAGAGCAGAGT	104
15	>gi|53779876|gb|CV497519.1|CV497519	tetra nucleótido	TATTTATTTATTT	175	187	13	GCGATGTATATTTGGGCTAC	GTGCGAGTAGTTTCGTTACC	104
16	>gi|10446849|gb|BE920773.1|BE920773	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	69	80	12	ACTCAAACACCATGATCAAA	TCAAATTCTTGGTCGAAAGT	106
17	>gi|53699182|gb|CV474406.1|CV474406	penta nucleótido	TGTTATGTTATGTT	71	84	14	TAGCCTGCCTGTAGTCTAGC	AATTTATTAAGAAAGCCATGC	106
18	>gi|53778820|gb|CV496463.1|CV496463	penta nucleótido	TTTTGTTTTGTTTTGTTT	244	261	18	ATTGTGTTAGCCCTTGAAGA	AAACATCAAGATGAGGATTCA	106
19	>gi|66838056|gb|DR036161.1|DR036161	tri nucleótido	CCACCACCACCA	220	231	12	CACCACCAACTCCAGTTTAC	TGGTGGTGGAGATTTGTACT	107
20	>gi|39818085|gb|CK261107.1|CK261107	tetra nucleótido	GAATGAATGAATG	493	505	13	GGAGCTGAAACTTGACACTC	GTGGTTGGCTAAGGAGAAGT	107

Número de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Secuencia Forward	Secuencia Reverse	Tamaño de Producto
21	>gi|10446475|gb|BE920399.1|BE920399	penta nucleótido	CTCTCCTCTCCTCT	67	80	14	AATGGCATCTTCTCCAATAA	AGGTATGAAGGAAAGGGAAG	108
22	>gi|9252285|gb|BE342753.1|BE342753	penta nucleótido	ATCTCATCTCATCT	89	102	14	ATGCATGTTTCCCTACATTC	ACCGATTACAGTAGGCAAGA	109
23	>gi|40950746|gb|CK565172.1|CK565172	tri nucleótido	CCACCACCACCAC	63	75	13	CAGTATCCTCCACGTCGTC	GTGGTGGATATGGACGTG	109
24	>gi|10447118|gb|BE921042.1|BE921042	tri nucleótido	ATGATGATGATG	52	63	12	AGTGGGAGAATCTTCCTGAT	ATGGTTGAATTCATTCTTGG	110
25	>gi|53783762|gb|CV501405.1|CV501405	penta nucleótido	GGGTCGGGTCGGGT	710	723	14	GTATAACGATTCCTTGGTCG	CCAGTCACTACCTCCATGTT	110
26	>gi|10448763|gb|BE922687.1|BE922687	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCT	80	91	12	TGATTGTGTTATCTCCGATG	CCAGAGAAGACCTAACGAAA	111
27	>gi|9562005|gb|BE471514.1|BE471514	penta nucleótido	ACCCGACCCGACCCG	73	87	15	CTCTCCATCTTCTCACTCCA	CCGACAGTATACTCGGAAAG	112
28	>gi|39837051|gb|CK280073.1|CK280073	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAAG	489	501	13	CGATGGAATAAGCAACTTTC	TTGGAAGTCATTTCGTTTCT	114
29	>gi|53779442|gb|CV497085.1|CV497085	tetra nucleótido	TTTGTTTGTTTGT	344	356	13	AGAGGAAGTGAATTCAAGCA	CCAACTACTCCCACACAGTT	116
30	>gi|62949052|gb|DN938793.1|DN938793	tri nucleótido	ACGACGACGACG	172	183	12	CAACTCTACCGGTACCTTCA	CAGATCTACTCTCTCCGTCG	116
31	>gi|62892015|gb|DN907252.1|DN907252	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGA	424	435	12	CCAACAACGAAGAAGGATAG	TCAAGCTAGCAAAGAACTCC	116
32	>gi|40950746|gb|CK565172.1|CK565172	tri nucleótido	CCACCACCACCAC	84	96	13	TCCATATCCACCACCACC	AAGCCCAATATGGAGGATA	116
33	>gi|66839536|gb|DR037641.1|DR037641	tri nucleótido	AGTAGTAGTAGTA	124	136	13	AAGTTCAAGGTGAGCAATTC	TGCACCCTTCATAAACTCTT	117
34	>gi|42511697|gb|CK719983.1|CK719983	tri nucleótido	TTATTATTATTAT	55	67	13	ATTGTCGAGAACGAATCAGA	TTCAGTTTGTCATGGTTTGA	117
35	>gi|9252002|gb|BE342471.1|BE342471	penta nucleótido	TTTTCTTTTCTTTT	213	226	14	CACCAATCTGTACAAACCCT	CGTCTACGCAACAACCTAA	117
36	>gi|52844697|gb|CV435407.1|CV435407	tetra nucleótido	TTGTTTGTTTGTT	229	241	13	CCAACTTATTTGGGACTGAG	CCCTCTTTCTCTAAGCCTTC	117
37	>gi|52844859|gb|CV435569.1|CV435569	tetra nucleótido	AACAAACAAACAA	443	455	13	CCCTCTTTCTCTAAGCCTTC	CCAACTTATTTGGGACTGAG	117
38	>gi|53700260|gb|CV475484.1|CV475484	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTTA	111	125	15	AATTGGTATTTCCGTGAGTG	TGTGGATCTACTCCATTTCC	118
39	>gi|66838050|gb|DR036155.1|DR036155	tri nucleótido	AATAATAATAATA	59	71	13	ATGAAGGCTGTGCATTTG	CTCTATGTTCAGGCAGCTTT	118
40	>gi|47510656|gb|CN745659.1|CN745659	penta nucleótido	TCTCCTCTCCTCTC	40	53	14	TTTCTCTCTCATCACCATCC	GTTGGGTGATGGTTCATATC	119
41	>gi|53781876|gb|CV499519.1|CV499519	penta nucleótido	GGGTCGGGTCGGGTC	134	148	15	TCTATATTTGAGTCGCCGTT	CAACACAACAACCAATTACG	120
42	>gi|53774286|gb|CV491938.1|CV491938	tetra nucleótido	TTCCTTCCTTCCT	424	436	13	TCCTTGCTTCTTCATCATCT	GTTTCTCCTACACAAGCAGG	121

Número de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Secuencia Forward	Secuencia Reverse	Tamaño de Producto
43	>gi|18257084|gb|BM405497.1|BM405497	tetra nucleótido	TTTCTTTCTTTCT	87	99	13	CCTGCATGGATTACGATTAT	TTACACCATGTTCAACAACAA	122
44	>gi|42512215|gb|CK720501.1|CK720501	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCTT	432	444	13	TACCGATATCAGGATGAACC	GAAGAAGCTCCCAAAGGAT	122
45	>gi|14645876|gb|BI180065.1|BI180065	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	245	256	12	GGAATGTGCTATAGTTTGCC	CTTAATAGGGTTCTTGCCCT	123
46	>gi|9253077|gb|BE343545.1|BE343545	tri nucleótido	GCCGCCGCCGCTGCCGCCG	91	109	19	GAGCAGGCAAGAGAAGTAGA	AAGCATGACATCAGTGTGAA	123
47	>gi|66839107|gb|DR037212.1|DR037212	tri nucleótido	CGCCGCCGCCGCC	58	70	13	TCACCTCCTAGTGCTACTCC	GGTGGATCAGGAATCACTAA	123
48	>gi|9250132|gb|BE340601.1|BE340601	tri nucleótido	GCCGCCGCCGCTGCCGCCG	94	112	19	ATAGCAGGCAAGAGAAGTTG	AAGCATGACATCAGTGTGAA	124
49	>gi|15185654|gb|BI406240.1|BI406240	tri nucleótido	CAACAACAACAA	68	79	12	CAAGAGAGGAAGAAGCAGAA	GAACCATCCAGGTAAACAGA	124
50	>gi|39813677|gb|CK256697.1|CK256697	penta nucleótido	ACCCGACCCGACCC	116	129	14	ACTGAAACCCGAAGCAAC	ATAGATGCTTGTCGGTCATT	125
51	>gi|39822500|gb|CK265522.1|CK265522	penta nucleótido	TCTTCTCTTCTCTT	101	114	14	TCTTCAATACAATTTCTAGTCCC	CAACGATTATTGGGAGTGAT	125
52	>gi|39814832|gb|CK257852.1|CK257852	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAA	83	96	14	CACGAAGAAACGTGGAAC	GCGGTACAGGATAACAAATC	126
53	>gi|62908476|gb|DN922143.1|DN922143	penta nucleótido	AAATAAAATAAAATAAAATAAAA	133	155	23	TATCCAGCATTACTCCAACC	CGGTTTAGATACGGAAGTTG	126
54	>gi|52826828|gb|CV431706.1|CV431706	penta nucleótido	ATATCATATCATATCA	40	55	16	ACAATGAGGGTGAACAATTC	ACCAGTTCCAATGATGAAAG	128
55	>gi|78748824|gb|DV625227.1|DV625227	tri nucleótido	GTCGTCGTCGTCG	256	268	13	AAGCAATACCATAAGAGGCA	TCATCAAATTCCGTTAGCTC	128
56	>gi|53699147|gb|CV474371.1|CV474371	penta nucleótido	AACATAACATAACATA	58	73	16	ATTAAGAAACGCATGCTAAA	AATAATGCCTGCAGCTAGAC	128
57	>gi|66839598|gb|DR037703.1|DR037703	tri nucleótido	CATCATCATCATC	203	215	13	CACTTAATCCACCTCCTCAA	GCAATCCCATAATTGCTAAG	128
58	>gi|53700201|gb|CV475425.1|CV475425	tetra nucleótido	TTTATTTATTTAT	70	82	13	GATTCTGTAGATAACTTCCATGT	TTGGCATAGCAAATAGACTG	128
59	>gi|66839597|gb|DR037702.1|DR037702	tri nucleótido	GATGATGATGATG	192	204	13	GCAATCCCATAATTGCTAAG	CACTTAATCCACCTCCTCAA	128
60	>gi|53774785|gb|CV492437.1|CV492437	penta nucleótido	TTAAGTTAAGTTAA	91	104	14	GCTAGTAAATTGAACAGCCAA	CCTGTTCTCATACACCCACT	129
61	>gi|53779611|gb|CV497254.1|CV497254	tetra nucleótido	TATTTATTTATTT	214	226	13	TAGATCTCGCTCCTTCCATA	TTCACTAACACAACACACCTAA	129
62	>gi|53697514|gb|CV472738.1|CV472738	penta nucleótido	AACATAACATAACATA	59	74	16	TATTAAGAAAGCCATGCTAA	AATAATGCCTGCAGCTAGAC	129
63	>gi|39834712|gb|CK277734.1|CK277734	tri nucleótido	CATCATCATCATC	148	160	13	AGGACTTAATCGACCTCCTC	GCAATCCCATAATTGCTAAG	130
64	>gi|53694840|gb|CV470064.1|CV470064	penta nucleótido	AACATAACATAACATA	60	75	16	TTATTAAGAAAGCCATGCTAA	AATAATGCCTGCAGCTAGAC	130

Número de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Secuencia Forward	Secuencia Reverse	Tamaño de Producto
65	>gi|52826693|gb|CV431571.1|CV431571	penta nucleótido	AACTCAACTCAACTCAACTC	36	55	20	GGGTATAGTTAAACCGTCTGC	AGTGGATCCATCTCCTTCTT	131
66	>gi|53698055|gb|CV473279.1|CV473279	penta nucleótido	TATGTTATGTTATGTT	270	285	16	AATAATGCCTGCAGCTAGAC	TTTATTAAGAAAGCCATGCTAA	131
67	>gi|10450025|gb|BE923949.1|BE923949	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTT	35	48	14	CTGTAGTTGACGAGGGATTT	CTCAGTCCAATGAAACCAAC	132
68	>gi|40951069|gb|CK565495.1|CK565495	tri nucleótido	GTGGTGGTGGTGG	50	62	13	GATATGGACGTGGTGGTG	GGTACCGGCAGTATCCTC	132
69	>gi|62891815|gb|DN907052.1|DN907052	tri nucleótido	CCACCACCACCA	105	116	12	TAGCTCTATTTAACGGTCGC	CAGGTGAAACATGAGGATCT	132
70	>gi|15260901|gb|BI436211.1|BI436211	penta nucleótido	AGAGAAGAGAAGAGAA	672	687	16	ATAGAAGATGCAAACCTGGA	GGGTTAAGCCTTGTGACATA	132
71	>gi|66837892|gb|DR035997.1|DR035997	tri nucleótido	GATGATGATGAT	281	292	12	CAGAAAGTCACTGCAAACAA	CCCTCTTACGGATTAGACCT	133
72	>gi|53701508|gb|CV476732.1|CV476732	tetra nucleótido	TATGTATGTATGT	575	587	13	GATTAGGAAGGATTGCAAGA	CGTACGCAGACTTTACTCCT	133
73	>gi|9253546|gb|BE344014.1|BE344014	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAGGAAGAAG	193	211	19	TCGTATACAGGCAAAGGAGT	TCTCGATCTTTCTTCTTTCG	133
74	>gi|62892735|gb|DN907972.1|DN907972	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	206	217	12	AATTGTCCTCACAACTCTGG	TGGAAATATCAGCTCCAACT	134
75	>gi|39815200|gb|CK258220.1|CK258220	tetra nucleótido	TGGGTGGGTGGGT	103	115	13	ACGTCACACACCTAATTTCC	GAAGAAGAACCGAAAGAACC	134
76	>gi|53694382|gb|CV469606.1|CV469606	penta nucleótido	TATGTTATGTTATGTT	536	551	16	AACAAATAATGCCTGCAGAT	TTATTGAGAAAGCCATGCTA	134
77	>gi|62948650|gb|DN938391.1|DN938391	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	382	393	12	TCAATGTATGCCCATGTTTA	TTTGATGATGGGAAGAAGTC	134
78	>gi|53700816|gb|CV476040.1|CV476040	penta nucleótido	AAATCAAATCAAAT	94	107	14	TCCAAAGGGACATTAGAGAA	AGGTTCTTCCAAACAGGATT	134
79	>gi|62908778|gb|DN922445.1|DN922445	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTT	434	447	14	GTGGTAAGACCATCTGGAAA	GTTTAGAAGGCTGTGATTGG	135
80	>gi|53775879|gb|CV493531.1|CV493531	tetra nucleótido	TTTATTTATTTAT	146	158	13	GCTACTGGTCCCAATATCAG	ACCGAATATGTTGTTGATTT	136
81	>gi|45239913|gb|CK851303.1|CK851303	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAAG	79	91	13	GGGATTCATCAACACAATTT	CGACGCTAAGAACTCTGTCT	136
82	>gi|62893943|gb|DN909180.1|DN909180	tri nucleótido	TCATCATCATCA	49	60	12	GTGTCGCTTCAATTACCAAC	TGTCTGCTTTGAGACTTGTG	136
83	>gi|78750400|gb|DV626803.1|DV626803	penta nucleótido	AACATAACATAACATA	77	92	16	ATTTATTGAGAAAGCCATGC	AACAAATAATGCCTGCAGAT	136
84	>gi|12587114|gb|BG097079.1|BG097079	tetra nucleótido	AAAGAAAGAAAGA	45	57	13	GGAACTAGTAAGTCAAAGACCAA	TGACGAATCTAAAGTGGACC	136
85	>gi|53701022|gb|CV476246.1|CV476246	penta nucleótido	TTGACTTGACTTGA	682	695	14	CTGCATGATACATCAACGTC	ACCAGTCTCGTCCATGTTT	137
86	>gi|10446085|gb|BE920009.1|BE920009	tetra nucleótido	AATTAATTAATTA	373	385	13	GTTTATTTAGGGCGGATCTT	ATCGCATACCTCAGAATCAT	137

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
87	>gi|53782317|gb|CV499960.1|CV499960	penta nucleótido	ATTTTATTTTATTT	174	187	14	CACCAATGGGTTCCTACTAA	ACTGCAAGGTACTGGAGAAA	138
88	>gi|66837685|gb|DR035790.1|DR035790	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	844	855	12	CATTTGGTCTCCCATCTTTA	ATGAAGCTGCTACTGAAAGC	138
89	>gi|53697041|gb|CV472265.1|CV472265	penta nucleótido	TATGTTATGTTATGTT	730	745	16	GTTAACCAAATAATGCCTGC	TTAAGAAAGCCATGTTTAAGA	138
90	>gi|21371235|gb|BQ512366.1|BQ512366	tetra nucleótido	CCACCCACCCACC	53	65	13	CATTATCCGTACAAGCGAAC	GGTTTGAATGACACGAATTT	138
91	>gi|62891726|gb|DN906963.1|DN906963	tri nucleótido	TGATGATGATGA	186	197	12	AACTTACCATGATGCTTTGG	AACCTTTACATGTCGGAGAA	140
92	>gi|13179203|gb|BG350461.1|BG350461	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	75	86	12	TTCAATCATTCTTTGGTGGT	CTTCTTTGATGTCCCATTGT	140
93	>gi|39834572|gb|CK277594.1|CK277594	tri nucleótido	ATCATCATCATCA	71	83	13	ATGGAACGTTCAAACTCATC	GTTATCAACATGTTTCCGGT	140
94	>gi|53694516|gb|CV469740.1|CV469740	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTT	478	491	14	TATCACGAATGTGCATGTTT	ACCTACAGTTGCTGATGAAGA	140
95	>gi|53697426|gb|CV472650.1|CV472650	tetra nucleótido	AAGGAAGGAAGGA	776	788	13	GATGGACCGTGTCTACCTTA	CATTGAATTGGCTTTCTTTC	141
96	>gi|66837317|gb|DR035423.1|DR035423	di nucleóotido	CTCTCTCTTTCTCTCTCT	110	127	18	GGCGGCACTACTATATCACT	TGGCTCTCTACTTCACCACT	141
97	>gi|62893834|gb|DN909071.1|DN909071	tri nucleótido	ATTATTATTATT	442	453	12	GCCAGATAACCAAGTGTGAT	TGATGAGATGATGATGTTGG	142
98	>gi|66836365|gb|DR034473.1|DR034473	tri nucleótido	ATCATCATCATC	293	304	12	GATTGGCAAAGAATGAATGT	CAGAACTCATGAAGTCAGCA	143
99	>gi|45240276|gb|CK851666.1|CK851666	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAGA	336	348	13	GCGATGGACTAATTATTTGC	CATTATCTGTTCGTCCTGGT	143
100	>gi|53697113|gb|CV472337.1|CV472337	penta nucleótido	ATGTTATGTTATGTT	738	752	15	AGTAACCAAATAATGCCTGC	TTTATTGAGAAAGCCCATGT	143
101	>gi|42511016|gb|CK719302.1|CK719302	tri nucleótido	GATGATGATGATG	386	398	13	TATCAGACTCAGGCGAAGAT	CTTCATCAAAGTCCGAAATC	144
102	>gi|9252999|gb|BE343467.1|BE343467	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCCTTCTTCT	53	71	19	TCTCTCTCTTTCTGCTGCC	GTGGGAACCAAAGTTGTAAA	144
103	>gi|62893518|gb|DN908755.1|DN908755	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGA	522	533	12	GGGTCCTCTCTTCTTTGACT	TTCTCAGCTTCTGACTGGAC	145
104	>gi|39821951|gb|CK264973.1|CK264973	penta nucleótido	TATTTTATTTTATTTT	235	250	16	CATGACATATAATTTGAGACGC	AGTCACTTTCTCCAACCAAA	146
105	>gi|62952225|gb|DN941954.1|DN941954	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	227	238	12	ATAGGGCTTATCCTTGAACC	AGAAGCCTAGGAAGATGACC	147
106	>gi|66839218|gb|DR037323.1|DR037323	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTCT	53	65	13	GATTTCTCTTTCCACCCATA	TTTCTTCGGCATATTTGTTT	147
107	>gi|39835722|gb|CK278744.1|CK278744	tri nucleótido	CACCACCACCACC	45	57	13	TCTCTTCATAGTCATAAGAATCG	AGTTTACCGATTTGCTCAAG	147
108	>gi|78750674|gb|DV627077.1|DV627077	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTCT	779	791	13	GCTCTTCAATCTCAACCAAG	AAGTGCGATTTCACGTAGTT	149

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
109	>gi|42509062|gb|CK717348.1|CK717348	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAGA	184	196	13	AAAGCAGGGAAGAAGTTACC	AGATTTGCTTGAGATACCGA	150
110	>gi|39818125|gb|CK261147.1|CK261147	penta nucleótido	AAGCCAAGCCAAGCCAAG	67	84	18	CAAACATCACTTGCGAATAA	ATATGGGCATTGATTGACAT	150
111	>gi|78750054|gb|DV626457.1|DV626457	tri nucleótido	AGTAGTAGTAGAGTAGTA	196	213	18	ACAAACAGCAATAGAGGCAT	TATTAGGCATAGTCGCCATT	151
112	>gi|66837537|gb|DR035643.1|DR035643	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	552	563	12	AGATGGAAATGGTGAGTGAG	GAAGAAGGAGCATTGACAAG	151
113	>gi|16216135|gb|BI920107.1|BI920107	tri nucleótido	GTTGTTGTTGTT	151	162	12	TATGCTTGGTAGGCTCTCAT	AGTATTCATCCTCTTGCGAA	151
114	>gi|62893216|gb|DN908453.1|DN908453	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	567	578	12	GCAACAAGGACTTTGGTTAG	AACGAAATTCACCATTGAAG	151
115	>gi|46467753|gb|CN462027.1|CN462027	tetra nucleótido	GAGGGAGGGAGGG	87	99	13	GGCTGAGCTTCTCATTAGTC	TTACCGATTTGCTCAAGATT	152
116	>gi|53701173|gb|CV476397.1|CV476397	penta nucleótido	TTTTCTTTTCTTTT	130	143	14	GGTTATTCAGTCAACTGATGG	AGCTAGCCTTGAATACCTCA	152
117	>gi|10447429|gb|BE921437.1|BE921437	tetra nucleótido	TTTGTTTGTTTGT	45	57	13	TACGCATCCACCCTTACA	TGACGATAGACTCAACCACA	152
118	>gi|53702602|gb|CV477826.1|CV477826	penta nucleótido	TATGTTATGTTATGTT	103	118	16	TCCCGGAAGTCTATTAACAA	AATTTATTAAGAAAGCCATGC	152
119	>gi|53698823|gb|CV474047.1|CV474047	tetra nucleótido	AAACAAACAAACA	245	257	13	AGATGTAATGGTCCACGAAG	GTCGACAAACCAAGTTCTCT	153
120	>gi|39823643|gb|CK266665.1|CK266665	tri nucleótido	ACCACCACCACC	458	469	12	CTCCTCCACTACCATATCCA	GAGGTTCAGGAGGAGGTACT	153
121	>gi|78749915|gb|DV626318.1|DV626318	penta nucleótido	CAAAACAAAACAAA	592	605	14	ATGCTGTTAATGGAGTTGCT	CACTAAGAGGAGGATTGCAG	153
122	>gi|53782395|gb|CV500038.1|CV500038	tetra nucleótido	ACCGACCGACCGA	123	135	13	TCCGATCCAATTATGTCAAT	AGAAGTAATCAACGGCGATA	153
123	>gi|62907659|gb|DN921326.1|DN921326	penta nucleótido	CCCCACCCCACCCCACCCC	124	142	19	TCTTTGACAAGAAGAGGCTT	ATACCAACAGCTCAAATTCC	153
124	>gi|62951487|gb|DN941216.1|DN941216	tri nucleótido	TTGTTGTTGTTG	251	262	12	AGAACCTGGATTAGACTCCC	GAGGAGGCTTAGGATACCAT	154
124	>gi|62951487|gb|DN941216.1|DN941216	tri nucleótido	TTGTTGTTGTTG	251	262	12	AGAACCTGGATTAGACTCCC	GAGGAGGCTTAGGATACCAT	154
125	>gi|62951847|gb|DN941576.1|DN941576	tri nucleótido	CCACCACCACCA	268	279	12	ATCATCCCACACCAGTGTAT	ATGGTATGGCTTGTTCTGG	154
149	>gi|39821572|gb|CK264594.1|CK264594	tetra nucleótido	AGACAGACAGACA	172	184	13	AGCCCACATATAATGATGCT	AGGCTTAGTTGTTGATTGGA	165
150	>gi|39821571|gb|CK264593.1|CK264593	tetra nucleótido	TGTCTGTCTGTCT	836	848	13	AGGCTTAGTTGTTGATTGGA	AGCCCACATATAATGATGCT	165
151	>gi|62948271|gb|DN938016.1|DN938016	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	361	372	12	TCTGGATCAGGATGATCTGT	GGAGCAGAAGTAGAAGCAGA	165
126	>gi|53781091|gb|CV498734.1|CV498734	penta nucleótido	GTGATGTGATGTGA	330	343	14	CGTAACTAAAGCTCCTCCAA	ATCCATTCCAACACAAGAAT	154

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
127	>gi|62949039|gb|DN938780.1|DN938780	penta nucleótido	CCCATCCCATCCCATCC	663	679	17	TCATCCATCATCTCTTCTCC	AGATGATGTGAACGGGATAG	154
128	>gi|62950333|gb|DN940068.1|DN940068	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	69	80	12	AGTCCACCACGTAGAGAAGA	CCAAACTGAGAAAGAACCTG	155
129	>gi|53775186|gb|CV492838.1|CV492838	tetra nucleótido	AAACAAACAAACA	160	172	13	CCAACTTCTAAAGTCCAAACA	TACGGGACCTAAGATTGAAG	155
130	>gi|42510706|gb|CK718992.1|CK718992	di nucleóotido	CTCTCTCTTTCTCTCTCT	99	116	18	TAAGAGACTTTGGCGGACTA	CACCTTGGCTCTTACTTCAC	155
131	>gi|39834551|gb|CK277573.1|CK277573	tri nucleótido	GTGGTGGTGGTGG	384	396	13	TATAGACTGGAGTTGGTGGC	GGAGCAACACCTATAGCAAC	155
132	>gi|53774644|gb|CV492296.1|CV492296	tetra nucleótido	TGAATGAATGAAT	205	217	13	ATAATCCACAGGCAGTGAAG	ACAACAGTACTGGTACACAACAA	156
133	>gi|19820519|gb|BQ046533.1|BQ046533	penta nucleótido	TTTAGTTTAGTTTA	303	316	14	AGTTCTTGAGAGGACCAACA	CACATCACCGTCCACTATAC	156
134	>gi|66836816|gb|DR034923.1|DR034923	tri nucleótido	TGATGATGATGA	185	196	12	TCTCTCTGACCTCTCCGATA	TCAACGGGAAGAGAAATAGA	156
135	>gi|9252503|gb|BE342971.1|BE342971	penta nucleótido	AAGGAAAGGAAAGGAA	74	89	16	AATGCTATTGCCAAGTGAGT	TCTTTGAACAATCTTGCCTT	157
136	>gi|53782886|gb|CV500529.1|CV500529	penta nucleótido	TTTTGTTTTGTTTCGTTTTGTTTT	147	170	24	AGATGATGGTAGGCATATCG	ATTTCAATTCAACATGCACC	157
137	>gi|66838982|gb|DR037087.1|DR037087	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGGT	243	255	13	CGTTTCCGGTTTAGAATATG	TCATCATCATCATCGTCATT	157
138	>gi|66838983|gb|DR037088.1|DR037088	tri nucleótido	ACCACCACCACCA	75	87	13	TCATCATCATCATCGTCATT	CGTTTCCGGTTTAGAATATG	157
139	>gi|9251175|gb|BE341644.1|BE341644	penta nucleótido	GGGTCGGGTCGGGT	136	149	14	TCGCTACGGATATCTATGTG	TGGAAGTACAGCTTTGAACA	158
140	>gi|78749550|gb|DV625953.1|DV625953	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCTT	263	275	13	GTGAATTTGGGTAGGAATGA	TGCTTTCAAACTAAACCCAT	159
141	>gi|53777908|gb|CV495560.1|CV495560	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTT	202	215	14	AAAGGTGACACAAATATGCC	AACAGACATGCACTGTGAAG	160
142	>gi|39832637|gb|CK275659.1|CK275659	penta nucleótido	CATCTCATCTCATC	344	357	14	CGCACTAAACATTTACACCA	GGAGCAGGAGCTATATGATG	160
143	>gi|10447500|gb|BE921328.1|BE921328	tetra nucleótido	TTTGTTTGTTTGT	52	64	13	CTCTTTCCTACGCATCCAC	TGACGATAGACTCAACCACA	160
144	>gi|16214973|gb|BI919329.1|BI919329	tri nucleótido	TGATGATGATGA	515	526	12	AGAACATCTCGTGCAAGTTT	AACCTTCCCGAACTAAGAAG	160
145	>gi|62951555|gb|DN941284.1|DN941284	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	424	435	12	AAAGCTCATCAAAGTACCCA	CAACTCCATAGCTTCCTTTG	161
146	>gi|53700257|gb|CV475481.1|CV475481	tetra nucleótido	TATGTATGTATGT	157	169	13	CTTGATGTCTTATTCCAGGG	ATTTATTGAGAAAGCCATGC	162
147	>gi|8071347|gb|AW907137.1|AW907137	tri nucleótido	AGAAGAAGAAAAAGAAGAA	59	77	19	GAAATCTGCTGAAACAGAGG	GGTTTCTGATTCATCCTCAA	163
148	>gi|39823751|gb|CK266773.1|CK266773	penta nucleótido	AATCAAATCAAATCAAATCAAATCAA	87	112	26	TTTCCTCAAACTCATATCATCA	GTGGTCCAATGACAAGCTAT	164

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
149	>gi|39821572|gb|CK264594.1|CK264594	tetra nucleótido	AGACAGACAGACA	172	184	13	AGCCCACATATAATGATGCT	AGGCTTAGTTGTTGATTGGA	165
150	>gi|39821571|gb|CK264593.1|CK264593	tetra nucleótido	TGTCTGTCTGTCT	836	848	13	AGGCTTAGTTGTTGATTGGA	AGCCCACATATAATGATGCT	165
151	>gi|62948271|gb|DN938016.1|DN938016	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	361	372	12	TCTGGATCAGGATGATCTGT	GGAGCAGAAGTAGAAGCAGA	165
152	>gi|42511602|gb|CK719888.1|CK719888	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGCT	104	116	13	ACTGGTGGAACATGATGAAT	CATGAAGCAGCAGTAGATGA	166
153	>gi|62892755|gb|DN907992.1|DN907992	tri nucleótido	TATTATTATTAT	46	57	12	CCTTTGCAAGGTAGCAACTA	AAAGCAAGTGATGAGGAAAG	166
154	>gi|62908337|gb|DN922004.1|DN922004	tri nucleótido	CCTCCTCCTCCT	634	645	12	TCTTTCTTTGCCTCATGTTT	GAAACACCACCACCACCT	166
155	>gi|10448796|gb|BE922720.1|BE922720	penta nucleótido	CGGGTCGGGTCGGGTC	94	109	16	AACACTCCTCCTTCTTCTCC	ACTGAGGTTCTGAGGTGAAA	167
156	>gi|62949856|gb|DN939597.1|DN939597	tri nucleótido	CAACAACAACAA	55	66	12	ACACTCCAAAGTTGGAAGAA	GTGTTGGTGTTCCAAGAAAT	167
157	>gi|39835118|gb|CK278140.1|CK278140	tri nucleótido	GGAGGAGGAGGAG	597	609	13	GATGATGAAGATAAGGAGCG	TTCATCACTTGATTCAGCAG	167
158	>gi|10448537|gb|BE922461.1|BE922461	tri nucleótido	CCACCACCACCA	111	122	12	TACAAATCACCACCAGTGAA	TGACGCAACTATTGTCTGAA	167
159	>gi|62949685|gb|DN939426.1|DN939426	penta nucleótido	TCTAATCTAATCTAAT	111	126	16	CCCACGCTAATTATCACTTC	CAGGAAAGTAACGGTGAGAG	168
160	>gi|66836542|gb|DR034650.1|DR034650	tri nucleótido	AACAACAACAAC	662	673	12	CGATCTCATCCGCTTACTAC	GAATCTTCGTTCTGTATCGC	168
161	>gi|62907874|gb|DN921541.1|DN921541	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGC	87	98	12	GGAGATGAAGCTAATGCTGT	GTAGAGTTTGCCTTGTCGTC	168
162	>gi|53699567|gb|CV474791.1|CV474791	tetra nucleótido	TAAATAAATAAAT	113	125	13	TCGAGCAGATAGGACTCTGT	ACTTGTCCTCTCCACACATC	168
163	>gi|53699685|gb|CV474909.1|CV474909	penta nucleótido	TATGTTATGTTATGTT	355	370	16	CCTCTTGACGTCTTATTCCA	AATTTATTAAGAAAGCCATGC	169
164	>gi|13612977|gb|BG594825.1|BG594825	penta nucleótido	AGTTGAGTTGAGTT	431	444	14	AAGGCTACTAAGCCCAACTT	ATAACCACCATCATTTGGTC	169
165	>gi|66838056|gb|DR036161.1|DR036161	tri nucleótido	CCACCACCACCA	88	99	12	GTACAAATCTCCACCACCAC	TTTGTACTTATAGACAGGCGG	169
166	>gi|53702180|gb|CV477404.1|CV477404	tetra nucleótido	CAATCAATCAATC	653	665	13	GAGCAGCAACAACAACAGTA	CCACAATGCTATGAACATGA	169
167	>gi|53693808|gb|CV469032.1|CV469032	tetra nucleótido	CCACCCACCCACC	100	112	13	AAGAGAGGAAGATGTGTTGC	GGTTTGAATGACACGAATTT	170
168	>gi|53782697|gb|CV500340.1|CV500340	penta nucleótido	TTGTTTTGTTTTGT	150	163	14	CCTTGTCAGATATTTGGCTC	AATCTTTCATGCTGGTGAGT	170
169	>gi|53699542|gb|CV474766.1|CV474766	tetra nucleótido	AAATAAATAAATA	290	302	13	GAAGGTAGAAGCTCGTAGCA	AATTATTGGGAAGCATGTTG	170
170	>gi|53785040|gb|CV502683.1|CV502683	tetra nucleótido	AATTAATTAATTA	154	166	13	ATTGTTGGTGGAAAGAGATG	ACTGCACATATATCCTTACTTGA	171

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
171	>gi|8070219|gb|AW905956.1|AW905956	tri nucleótido	GCGGCGGCGGCGG	221	233	13	CGAATATTGGTTCACGAAGT	CACATTGATCGTACCCTGTA	171
172	>gi|15258433|gb|BI433743.1|BI433743	tri nucleótido	TTATTATTATTA	98	109	12	GGGTTGAAACAGACTTCAGA	GACTGCAAGGGTAATGTTTC	171
173	>gi|62893836|gb|DN909073.1|DN909073	penta nucleótido	ACAATACAATACAATA	86	101	16	TCAGAGTCAACTCCTAGATATGG	CATTATGTGCAGAATGGTTG	171
174	>gi|53698722|gb|CV473946.1|CV473946	penta nucleótido	TGTTATGTTATGTT	200	213	14	TCTGGATGTCTTATTCCAGG	AATTTATTAAGAAAGCCATGC	171
175	>gi|10449878|gb|BE923802.1|BE923802	penta nucleótido	AAAAGAAAAGAAAA	264	277	14	AAGAACAAGCAAAGATTTCG	TTTAACAACCCATTGTGATTT	172
176	>gi|42509944|gb|CK718230.1|CK718230	tri nucleótido	CTCCTCCTCCTCC	180	192	13	CTCCTCGAAGATTTCACAAC	GTTCATTTGGGTATGAGGAA	172
177	>gi|9251530|gb|BE341999.1|BE341999	penta nucleótido	TTTCTTTTCTTTTCTTTT	84	101	18	CAGGTACCATTCTCAGTTCC	AAAGAATCAGCACAAGGAAA	173
178	>gi|53699103|gb|CV474327.1|CV474327	penta nucleótido	AACATAACATAACA	111	124	14	AATTTATTAAGAAAGCCATGC	TCCTCTTGATGTCAAATTCC	174
179	>gi|78747949|gb|DV624352.1|DV624352	tri nucleótido	GATGATGATGATG	687	699	13	ATGTCAGCTATGATCCCAAC	GAGTAACTACCCAATGCAGC	174
180	>gi|53787160|gb|CV504803.1|CV504803	penta nucleótido	TGTAATGTAATGTAAT	278	293	16	TGAGTTTGGACTGATTGACA	GCTGAGGCTATACACTTTGG	174
181	>gi|62950647|gb|DN940378.1|DN940378	tri nucleótido	TCCTCCTCCTCC	595	606	12	CAAACTTGAAACCACCAGAT	ATTGGAAACCTTCAGAGTCA	175
182	>gi|66839464|gb|DR037569.1|DR037569	tri nucleótido	GGAGGAGGAGGAG	724	736	13	GCAGCTGTTTATTGATCTCC	TACCACCAACCTGCAATTAT	175
183	>gi|39824006|gb|CK267028.1|CK267028	penta nucleótido	TGTAATGTAATGTAAT	795	810	16	ATGAGTTTGGACTGATCGAC	GCTGAGGCTATACACTTTGG	175
184	>gi|53776243|gb|CV493895.1|CV493895	penta nucleótido	AAGTCAAGTCAAGT	72	85	14	TTTGCTAGTAAAGCAGCCC	ATCATTCAAGGCCTATAGCA	175
185	>gi|66837623|gb|DR035728.1|DR035728	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGC	74	85	12	ACTGTGACTGAGGTGGAAGA	TTAGCTGTCCAGGTGAATTT	177
186	>gi|78751243|gb|DV627646.1|DV627646	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTTC	69	81	13	GAAACTTGGAAGTCATTTCG	GGAAATCCTAAGGTACCACC	177
187	>gi|62951847|gb|DN941576.1|DN941576	tri nucleótido	CCACCACCACCA	199	210	12	TATAAGTCACCACCACCTCC	AGACTTGTATACGGGTGCAG	177
188	>gi|46296003|gb|CN216661.1|CN216661	penta nucleótido	GAAAAGAAAAGAAAA	108	122	15	GGACAGGCATGACAAACTAT	GGTGTCTGGTGTTTCACTTT	177
189	>gi|53699496|gb|CV474720.1|CV474720	penta nucleótido	TGCTGTGCTGTGCTGT	45	60	16	AACAATTGCCCGTGATCT	GCTGCTGAGAAATGGTATTC	178
190	>gi|62951255|gb|DN940984.1|DN940984	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	178	189	12	AGGATTCCAAACAGGAGACT	AGATAGCGAGGAGGAAGACT	178
191	>gi|18258190|gb|BM406560.1|BM406560	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTT	577	590	14	AAGGAAGAGGTGAAGAAACC	CAGGTCATACCAACTAGGGA	178
192	>gi|46468055|gb|CN462329.1|CN462329	tetra nucleótido	AGTCAGTCAGTCA	444	456	13	CGTGGACTTCGAATAGTAGG	GTAGAGCTTGCCATCACAAT	178

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
193	>gi|78749045|gb|DV625448.1|DV625448	tri nucleótido	ACGACGACGACGA	86	98	13	CTACCGATGACGATTTCCT	TCATCATCATCATCATCGTC	178
194	>gi|53784087|gb|CV501730.1|CV501730	tetra nucleótido	TTTGTTTGTTTGT	321	333	13	AACGCCTCTTAGTCATTGAA	GAAGGTTCAATCCTGTAGCA	179
195	>gi|62892058|gb|DN907295.1|DN907295	tri nucleótido	GCCGCCGCCGCC	753	764	12	CCCAATGGCTATTGACTTAC	ATCCTCCTAGGATCAATGGT	179
196	>gi|39818564|gb|CK261586.1|CK261586	penta nucleótido	ATATAATATAATAT	194	207	14	TCGATCATGTTTGCTTCATA	AAATCAAGGACAAGATCCCT	179
197	>gi|53778151|gb|CV495803.1|CV495803	penta nucleótido	CCCCACCCCANCCANCCCANCCC	141	163	23	GGCTTCTGTGTAGTGCTTCT	AAGTTGATTGGACAGACTGC	180
198	>gi|62908949|gb|DN922616.1|DN922616	tri nucleótido	ACCACCACCACC	133	144	12	GTCGAGAAGAGTTTCCACCT	TCCGACCATAACTATCATCC	180
199	>gi|39803753|gb|CK251071.1|CK251071	tri nucleótido	TTATTATTATTTTATTAT	89	106	18	CACACCATTTCTCTCTCTCC	TTGATGAATCGGTACTCTCC	181
200	>gi|52844389|gb|CV435099.1|CV435099	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTT	207	220	14	CAGTAAGGGAACAATTCAGC	GGTTAAAGCACAAGAATTGG	181
201	>gi|53701281|gb|CV476505.1|CV476505	penta nucleótido	ATTTGATTTGATTT	266	279	14	GCTGTCTTCACATGCACTAA	GCTCTAGTACAGAGGCTGAAA	181
202	>gi|53700151|gb|CV475375.1|CV475375	penta nucleótido	GAAAAGAAAAGAAA	180	193	14	GCAGTGTGATGATTGTGAAG	GAAGAAATCAAATAAGTACGCA	182
203	>gi|15256508|gb|BI431818.1|BI431818	tri nucleótido	GATGATGATGAT	152	163	12	GGTTGTGGAAGAGGTTTATG	TCTGATCTCTTGCATGTTGA	182
204	>gi|53776950|gb|CV494602.1|CV494602	penta nucleótido	TTGTATTGTATTGTATT	103	119	17	AAGGAATTTGGTTATGTGGA	ACCAAATCGACCGTTACATA	182
205	>gi|53697509|gb|CV472733.1|CV472733	tetra nucleótido	CAAACAAACAAAC	38	50	13	AGAGCACTCTCCATTATCTGA	AATTCGCCATAGAAACTTCA	183
206	>gi|39834552|gb|CK277574.1|CK277574	tri nucleótido	CCACCACCACCAC	303	315	13	GGAGCAACACCTATAGCAAC	TAAACATAGTGGGTTGGTGG	183
207	>gi|17075807|gb|BM112759.1|BM112759	tetra nucleótido	CTTTCTTTCTTTC	99	111	13	TGTGCTGGTTCATAACAACT	CTGAAGCAAAGAAATCATCC	183
208	>gi|62908264|gb|DN921931.1|DN921931	tri nucleótido	AACAACAACAAC	319	330	12	CCTCCATCCTCATTAGTACCT	ATTTGGTTGTTCATGGTGAT	184
209	>gi|53698021|gb|CV473245.1|CV473245	penta nucleótido	AATCAAATCAAATC	276	289	14	AGCACTAAACCATCCTCGTA	GTTCTTTGAACCAACTTTGC	184
210	>gi|78749602|gb|DV626005.1|DV626005	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTTC	152	164	13	CAACTTGTCGTCGGTAAACT	TTTGGTGACTGTGATTCTGA	185
211	>gi|42509399|gb|CK717685.1|CK717685	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCTT	376	388	13	CGTCTTTCACTCTTTCAACC	ATTCTTTACCGCATCTTGAA	185
212	>gi|9251534|gb|BE342003.1|BE342003	penta nucleótido	AAAACAAAACAAAACAAAA	43	61	19	GATTACCCGCTGAGTTTAAG	AGATGGTTCAAGACCAAATG	185
213	>gi|53778140|gb|CV495792.1|CV495792	tetra nucleótido	TGTATGTATGTAT	132	144	13	GGAACAGTCGCTGTAGTTTG	GCTGATGGTTGTAGGCTTTA	185
214	>gi|62950978|gb|DN940707.1|DN940707	tri nucleótido	TTATTATTATTA	155	166	12	GCTGGATCCTCTCTCCTATT	TATTGTGGAGTGCTTGAACA	186

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
215	>gi|62907815|gb|DN921482.1|DN921482	tri nucleótido	GTAGTAGTAGTA	810	821	12	TCATGCTTGTAGCATTTCTG	TAAGGATTTGTTTCACGCTT	186
216	>gi|61239106|gb|DN588700.1|DN588700	penta nucleótido	ATGGTATGGTATGG	244	257	14	TTCTTCATATTCAGGCCAAC	CAGCCAGTGAGTCCTTATTC	187
217	>gi|10449158|gb|BE923082.1|BE923082	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	288	299	12	CCAAATGAGGATTCTGGATA	AACCTCAGTTTCCTCCTCTC	187
218	>gi|62907869|gb|DN921536.1|DN921536	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGA	124	135	12	TAGGAATTATCTGAGGCTGG	GTGAAGTGCCAAGTTTCTTC	187
219	>gi|62892459|gb|DN907696.1|DN907696	tri nucleótido	CTGCTGCTGATGCTGCTGC	115	133	19	CACAGAGGAGGAGCTGTATC	GGAAAGCATGCTGTATCTTC	188
220	>gi|78749626|gb|DV626029.1|DV626029	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGAA	119	131	13	CGTGAATCCATTGGTAAAGT	TGACCTCGATCCAATCTTAC	188
221	>gi|62893232|gb|DN908469.1|DN908469	tri nucleótido	TCATCATCATCA	564	575	12	CTCATTTCATCAGGATGGTT	GATTTCAAGAAACGCTATGG	188
222	>gi|66838057|gb|DR036162.1|DR036162	tri nucleótido	GGTGGTGGTGGTG	323	335	13	CTCTGGTCCTTGTTCGATAG	CACCTCCTCCAGTTTACAAG	188
223	>gi|62893231|gb|DN908468.1|DN908468	tri nucleótido	TGATGATGATGA	466	477	12	GATTTCAAGAAACGCTATGG	CTCATTTCATCAGGATGGTT	188
224	>gi|42508092|gb|CK716378.1|CK716378	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAGA	176	188	13	TAAACATCTCAACAATGGCA	GATCTTGTAGGTTTCAACGC	188
225	>gi|62950515|gb|DN940246.1|DN940246	tri nucleótido	AGCAGCAGCAGC	553	564	12	TAAGCTCGCTGATTCTAACC	TCCTCAACAGAAAGAACCAC	188
226	>gi|52824504|gb|CV429382.1|CV429382	di nucleóotido	CACACACAGACACACACA	98	115	18	AAACGAGAGGAACATATGTAAT	ATCAATGCTACTCAATGGCT	189
227	>gi|66839831|gb|DR037936.1|DR037936	tri nucleótido	ACTACTACTACTA	412	424	13	ATTGGATTTGCAATCTTCAC	TTTCCCAACTTGTCTTTGTT	189
228	>gi|53699259|gb|CV474483.1|CV474483	tetra nucleótido	CAATCAATCAATC	179	191	13	CGCTAATTGCTACAATGCTT	ACAGATACAGCTGAGGGAGA	189
229	>gi|42509501|gb|CK717787.1|CK717787	tri nucleótido	TCCTCCTCCTCCT	146	158	13	GAGACCTGTTCGAAGATTTG	GGAGCAGAAGTTTCAGATTG	189
230	>gi|10445629|gb|BE919553.1|BE919553	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	337	348	12	GTTTGTAGGAAGATTGGCAC	ATAAATTTGCCAGTACCAGG	189
231	>gi|53699087|gb|CV474311.1|CV474311	penta nucleótido	GTACCGTACCGTAC	113	126	14	GATCTGTATTTCCGGGATCT	AGTACACCTGGGTGAGAGTG	190
232	>gi|53784908|gb|CV502551.1|CV502551	penta nucleótido	GATATGATATGATATGATAT	133	152	20	GGTTTGGTTTAACGGTGATA	CGCAATATGCGAAGTTAGTC	191
233	>gi|39821438|gb|CK264460.1|CK264460	penta nucleótido	ACATTACATTACAT	47	60	14	AAAGGGCAGAAAGGTCCC	TCATGGAATACCTGCCTATC	192
234	>gi|42510471|gb|CK718757.1|CK718757	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGAA	172	184	13	ATAGGTACCGTGATGACGAC	ATCTTTGTCATTGATGGCTC	192
235	>gi|39835994|gb|CK279016.1|CK279016	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGAA	102	114	13	AATTTCTTCAAATGGGTGAG	ACACCTTCAAAGTGACGAAC	193
236	>gi|78746917|gb|DV623320.1|DV623320	tri nucleótido	GATGATGATGATG	564	576	13	CGAAGATTTCTCAGGTGAAG	ATCTTCCTCCTCGTCTTCTT	193

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
237	>gi|53782759|gb|CV500402.1|CV500402	penta nucleótido	TTCCATTCCATTCCATTCCATT	704	725	22	GAATGCTATTTGTGGAGAGC	ACAGAATGAATCCAATGCAC	193
238	>gi|62949377|gb|DN939118.1|DN939118	tri nucleótido	AATAATAATAAT	377	388	12	TCATATTAATTGGCCTCCAT	ATTGATCTGACGCACTTCTT	193
239	>gi|62951647|gb|DN941376.1|DN941376	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	44	55	12	TCCTCTTCAATCTTCGTCTC	TTTCTCCTTGTTTACCCTGA	193
240	>gi|62892016|gb|DN907253.1|DN907253	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCT	720	731	12	TCAAGCTAGCAAAGAACTCC	CTTTCCGAGAGTGAGATGAG	194
241	>gi|78747926|gb|DV624329.1|DV624329	tri nucleótido	GATGATGATGATG	439	451	13	TCCCTCAAATTATTCACCAG	AAACCTTCAGGAAGTGTGG	194
242	>gi|62908833|gb|DN922500.1|DN922500	penta nucleótido	ACATTACATTACAT	49	62	14	ACATACACTATCATTCCTGCAA	GCTAACCTTGCTAAGCTGAA	195
243	>gi|53781612|gb|CV499255.1|CV499255	penta nucleótido	ATGTAATGTAATGT	266	279	14	GCTAACCTTGCTAAGCTGAA	ACATACACTATCATTCCTGCAA	195
244	>gi|9562601|gb|BE472110.1|BE472110	penta nucleótido	TGCTTTGCTTTGCTT	256	270	15	GGGACTCGTCCTACTTTCTT	CCCATCTGTAGTTCGTAAGC	195
245	>gi|62908170|gb|DN921837.1|DN921837	tri nucleótido	ATTATTATTATT	392	403	12	TACAGTTACGTGGACACCAA	ACACCCAGGTTAACAGATTG	195
246	>gi|53780917|gb|CV498560.1|CV498560	tetra nucleótido	ATCAATCAATCAA	398	410	13	AGAGGGAATCATGTGTTCTG	TTCCACTTCCTAGAAATTGTTT	196
247	>gi|62908867|gb|DN922534.1|DN922534	tri nucleótido	CCACCACCACCA	487	498	12	CAACATCAACCTTGAGGAAT	ATCTGAGGAAGGACAAGTGA	196
248	>gi|53699345|gb|CV474569.1|CV474569	tetra nucleótido	TTTGTTTGTTTGT	94	106	13	CTCATGAGCAATCCCAAG	ACCTTATTTACCACGAGCAA	196
249	>gi|39822720|gb|CK265742.1|CK265742	tetra nucleótido	CCTACCTACCTAC	618	630	13	TCAAATTAACCTACCCATGC	CAACAGATTAAGCTTGAGGG	196
250	>gi|62949177|gb|DN938918.1|DN938918	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTG	571	582	12	AAGGCTGGTATCGTAGTGAA	TATAGGAGTATGTGGCCCAG	197
251	>gi|62908866|gb|DN922533.1|DN922533	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	158	169	12	ATCTGAGGAAGGACAAGTGA	CAACATCAACCTTGAGGAAT	197
252	>gi|10448067|gb|BE921991.1|BE921991	tri nucleótido	TGTTGTTGTTGT	262	273	12	GAACCCATTTATGGAACTCA	TGTATTCTTGCAAGTGCATC	197
253	>gi|66839665|gb|DR037770.1|DR037770	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTCT	182	194	13	GGTGGATGTAGGAAGAACAA	GGGTTAAGATGATTTGGTGA	197
254	>gi|45239588|gb|CK850978.1|CK850978	tri nucleótido	CAACAACAACAAC	42	54	13	TAAATACCCACATCTCCCTG	GTTAAACTGGGCTTTACCCT	197
255	>gi|53695099|gb|CV470323.1|CV470323	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAA	146	159	14	TCGAGGGAAATACATCAAAC	AAGGAAGAGGTGAAGAAACC	197
256	>gi|62909494|gb|DN923161.1|DN923161	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGC	147	158	12	AAGCTCTACGAGCATTGAGT	ATAGATTTGGATCCTGAGCA	198
257	>gi|53698297|gb|CV473521.1|CV473521	penta nucleótido	AACCAAACCAAACCA	197	211	15	ACAAATATCGATCCAAGGAA	CAGTTACTAAGGGAACCCAA	198
258	>gi|10448891|gb|BE922815.1|BE922815	penta nucleótido	ATTTTATTTTATTTT	374	388	15	AAGACTCAATGTGATCCGAC	GCTCCTTCTCCTTCTATGGT	199

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
259	>gi|62950048|gb|DN939789.1|DN939789	tri nucleótido	ATTATTATTATT	51	62	12	GCAATTGATAATTTAATTGAAGA	ACAGGCTCAAGCATATCAAT	200
260	>gi|62893295|gb|DN908532.1|DN908532	tri nucleótido	AGCAGCAGCAGC	238	249	12	TCGAAGATAGGAAGTTGCAT	AAGTTGGCTGAACCAAGTAA	200
261	>gi|9563398|gb|BE472907.1|BE472907	penta nucleótido	CTCTTCTCTTCTCTT	294	308	15	AATTGGATGCTGTAGCAAGT	GATCAGAACTCTCCAATCCA	201
262	>gi|66838837|gb|DR036942.1|DR036942	tri nucleótido	CCTCCTCCTCCTC	542	554	13	GCGTTTAAGTTACGTGGTTC	TGAACTCGGCCTATCAGTAT	201
263	>gi|52826441|gb|CV431319.1|CV431319	penta nucleótido	TTGTTTTGTTTTGTT	133	147	15	TCTTCTATTGGGTGATTTGG	TCACTCTTAGTCTCCCAAGC	201
264	>gi|53696793|gb|CV472017.1|CV472017	penta nucleótido	GTACGGTACGGTAC	732	745	14	AGTACACCTGGGTGAGAGTG	CGGACGATCCTGGTATTT	202
265	>gi|78746816|gb|DV623219.1|DV623219	tri nucleótido	GGTGGTGGTGGTG	679	691	13	CTTTCTTTGCCTCATGTTTC	TTCTCCATAGTCATAAGAATCG	202
266	>gi|62909163|gb|DN922830.1|DN922830	penta nucleótido	AAGGAAAGGAAAGG	502	515	14	GTCTACAAGTTCTTGCCCAG	AGACCTTCAGGATAGAAGGG	202
267	>gi|52827090|gb|CV431968.1|CV431968	penta nucleótido	CAAACCAAACCAAAC	176	190	15	AACAGAACACAAATCCCAAC	CATCTGTTTGGGAGAGTAGC	203
268	>gi|45241775|gb|CK853175.1|CK853175	tri nucleótido	GTGGTGGTGGTGG	85	97	13	ATTCTTCTCTGCTTCCATCA	TACCTCCTTACTCCCTCCTC	203
269	>gi|62949056|gb|DN938797.1|DN938797	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTG	436	447	12	GTGCCTAAAGATGTGGTCAT	ACAATTGCAAGGACAAAGAT	203
270	>gi|39834903|gb|CK277925.1|CK277925	tri nucleótido	GTGGTGGTGGTGG	310	322	13	CACCTTGACTTTGGCTCTAC	CAAACAATGTCAGCAACATC	204
271	>gi|10448185|gb|BE922109.1|BE922109	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTT	35	48	14	CTGTAGTTGGCGAGGGTT	ATTTCAGCTCCATTCTTTCA	204
272	>gi|6528807|gb|AW217933.1|AW217933	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCT	400	411	12	GGACGTCCATGAGTTATGTT	ATATGTCCAGCAACGCTATT	205
273	>gi|62948461|gb|DN938206.1|DN938206	tri nucleótido	ACAACAACAACA	196	207	12	GTAAGGTTGTAATGGCCAAG	ACAATATCTATCGCGCATTT	205
274	>gi|53780767|gb|CV498410.1|CV498410	penta nucleótido	TTTGCTTTGCTTTG	368	381	14	TATGATCCCAGTTTCTTTGG	TGGATCCAATACGAATATCA	205
275	>gi|62907598|gb|DN921265.1|DN921265	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTTAT	313	328	16	TATTATAAGGGCCGGGTTAT	ATGCATCTAGCCAAACTAGC	205
276	>gi|10446389|gb|BE920313.1|BE920313	tri nucleótido	GCAGCAGCAGCA	506	517	12	AATGCTCCGAAATGATCTTA	ACATATGCTGATGAATTGTCC	206
277	>gi|10445925|gb|BE919849.1|BE919849	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	337	348	12	ACAAAGGCAAATGAGTTGTT	ATAAATTTGCCAGTACCAGG	206
278	>gi|10449987|gb|BE923911.1|BE923911	penta nucleótido	TATTTTATTTTATTTTA	95	111	17	GCAATTCTTCTCTTTCCGAT	TGCAGTCACACTTGGATTAG	206
279	>gi|39822524|gb|CK265546.1|CK265546	tetra nucleótido	ATTAATTAATTAA	155	167	13	GCTTCATTAACACAACCCAT	CAGATGCATCAATTCTGTTG	206
280	>gi|62948986|gb|DN938727.1|DN938727	tri nucleótido	CTCCTCCTCCTC	549	560	12	TACTCGTGCATCATCAGAAG	ACGGGATGACTAATCAGATG	206

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
281	>gi|53775329|gb|CV492981.1|CV492981	tetra nucleótido	TAAATAAATAAAT	153	165	13	TCCTTGGTGTCTGGTATTTC	ACTTGTCCTCTCCACACATC	206
282	>gi|62949631|gb|DN939372.1|DN939372	tri nucleótido	GAGGAGGAGGAG	234	245	12	AAGAATAGGGAGCACATGAA	CCTGATCGAATCATCATCTT	207
283	>gi|78748824|gb|DV625227.1|DV625227	tri nucleótido	ATCATCATCATCA	120	132	13	AGGCTAAATCCATGGAGAA	TGCCTCTTATGGTATTGCTT	207
284	>gi|62948354|gb|DN938099.1|DN938099	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	128	139	12	ATAGCTCTCCCTTCTTGCTT	TCTGAGTGATGGGTCTCTTC	207
285	>gi|53698063|gb|CV473287.1|CV473287	penta nucleótido	TTATTTTATTTTATGTTTATTTT	64	86	23	GGGCTGCAGGTTGGATTT	TCTGCAAACAGGGAAGTATT	207
286	>gi|62949014|gb|DN938755.1|DN938755	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	136	147	12	TCCATATCTTGTACCGGTTT	TTTCTGTCCTCCAAGTGTTC	207
287	>gi|8070154|gb|AW906023.1|AW906023	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGAA	57	69	13	AATCAACGAGAAAGGAGATG	ATAGGAGGAAGAGGCATAGG	208
288	>gi|39822808|gb|CK265830.1|CK265830	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAAT	79	93	15	AGCTCCATTTCAACTACCAA	CTGCATGAAATTGAACAAGA	208
289	>gi|52619797|gb|CV302464.1|CV302464	penta nucleótido	TTTCTTTTCTTTTCTT	495	510	16	TTGGTTTGTCGAATGTGTAA	TAACTTTGGAAATCCCTCAA	208
290	>gi|53694715|gb|CV469939.1|CV469939	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTTA	111	125	15	CAAGCAAATCTTCAACTCAA	CTCAAGACAAGGTTGGTGAT	208
291	>gi|62891231|gb|DN906468.1|DN906468	tri nucleótido	ATTATTATTATT	547	558	12	CAGTTCGACTAGGTTGTGGT	TGAACATATGGTACGTGGAA	208
292	>gi|42511329|gb|CK719615.1|CK719615	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAGA	132	144	13	GTTTGGAATTGGTTTGTGAT	TCTTTGTGAACCTGAAGGAC	208
293	>gi|62949051|gb|DN938792.1|DN938792	penta nucleótido	AAGAAAAGAAAAGAAAA	122	138	17	TCCTTTCTTCCTTCATTTAGAA	CACTGTAGTTGGGAGGAAAC	209
294	>gi|53774559|gb|CV492211.1|CV492211	penta nucleótido	TTGTTTTGTTTTGTTTTG	190	207	18	AATGTGAATCCTATTGCTGG	AGCGATTTCATTAGAACATGA	210
295	>gi|62949148|gb|DN938889.1|DN938889	penta nucleótido	AATGAAATGAAATGAA	673	688	16	ACTCACAAGCTATGTTCGGT	TTCGATCCATTACACAACAG	210
296	>gi|53776745|gb|CV494397.1|CV494397	tetra nucleótido	TATTTATTTATTT	274	286	13	TCTTGCTTGTTGGATTTCTT	AGGGATCGATTTATTCCACT	210
297	>gi|53775514|gb|CV493166.1|CV493166	penta nucleótido	AATAAAATAAAATAAA	119	134	16	AGCGACGAACTAAGAGACAC	ATATAGAGATGCCGTTCGTC	211
298	>gi|78749376|gb|DV625779.1|DV625779	tri nucleótido	CGGCGGCGGCGGC	448	460	13	CGTCAAGTTGAGCTTCTCTC	CATTCTCCACACCTTTCATT	211
299	>gi|46468219|gb|CN462493.1|CN462493	tetra nucleótido	GCAAGCAAGCAAG	359	371	13	GCCCTCAAATAATGATGGTA	GTTGCTTCTGATAAGTTGGG	211
300	>gi|62893248|gb|DN908485.1|DN908485	tri nucleótido	ATTATTATTATT	95	106	12	TGAACAATTACCTTGCAACA	AGCATGAGTTGAAGAGTGCT	211
301	>gi|10448225|gb|BE922149.1|BE922149	tri nucleótido	ACTACTACTACT	163	174	12	TGAACTTCAATGGCTTCTTC	TCATAGTTGGTCCAGGAAAC	211
302	>gi|66837438|gb|DR035544.1|DR035544	tri nucleótido	TGATGATGATGAT	367	379	13	AACCATCAGAGAAAGCTTCA	TTTACTGTTGTTCGCAAATG	212

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
303	>gi|12587737|gb|BG097702.1|BG097702	tri nucleótido	ATGATGATGATG	99	110	12	TCTTCTCCATTTAGCTCGAA	ATTGTTCAAACTCACGCTCT	212
304	>gi|53783807|gb|CV501450.1|CV501450	tetra nucleótido	AAATAAATAAATA	666	678	13	AGCCTCCAATTCACAACTAA	AAGGGCATCATTTCCTTAAT	212
305	>gi|39817977|gb|CK260999.1|CK260999	penta nucleótido	TATCATATCATATC	206	219	14	AGGCTCGAAGATACAATCAA	TAGTCCACAAGAGCCGTATT	212
306	>gi|9250034|gb|BE340503.1|BE340503	tri nucleótido	TGATGATGACGATGATGAT	246	264	19	GTTACAGCGTCACCTAGGAA	ATCTTGAACTTGTGAGGGTG	212
307	>gi|39823097|gb|CK266119.1|CK266119	penta nucleótido	ATAAAATAAAATAAAA	111	126	16	TCATGCGTAAGTTAATGTGC	CATTGAAGATCCAGGTCACT	212
308	>gi|14645803|gb|BI179992.1|BI179992	tri nucleótido	AGGAGGAGGAGG	459	470	12	CGCCAAGAAGAAGAAGTCTA	GAAATCAAGGACTCGTCAAG	213
309	>gi|62950217|gb|DN939958.1|DN939958	tri nucleótido	CAACAACAACAA	497	508	12	ATGTAATGCACCAATCCTTC	ATTGATGGATTATCACCGAG	213
310	>gi|52826960|gb|CV431838.1|CV431838	penta nucleótido	AAATAAAATAAAATAAAA	164	181	18	CAAACGCCTTTATTACTGCT	AAATTGAAGGAATGGATGTG	213
311	>gi|10449674|gb|BE923598.1|BE923598	tetra nucleótido	CCAACCAACCAAC	30	42	13	GCTCTAGCTCATTCAATTCC	GACTACCAGCTTCTAAGGCA	213
312	>gi|66836285|gb|DR034393.1|DR034393	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	263	274	12	CCAAACTATCTCAGAATCCG	CACTTCCAATGTGTGTAACG	214
313	>gi|53783426|gb|CV501069.1|CV501069	penta nucleótido	AAGAAAAGAAAAGA	239	252	14	ACATTAAAGCGGCATACACT	CCTGAAGTAGCTTTCCAAGA	215
314	>gi|53783594|gb|CV501237.1|CV501237	penta nucleótido	TCACATCACATCAC	119	132	14	AGGAAGTAGACACGAGGACA	CGTAACTAAAGCTCCTCCAA	215
315	>gi|10449981|gb|BE923905.1|BE923905	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	123	134	12	ATTTGCCAGTACCAGGATTA	ATTGTTTGGATTCACAAAGG	215
316	>gi|53780106|gb|CV497749.1|CV497749	tri nucleótido	ACCACCANCACCA	573	585	13	CTTGTTTCCACTGCCTAATC	CTCCTCCTCAATGCTCTATG	216
317	>gi|53697694|gb|CV472918.1|CV472918	tetra nucleótido	TTTATTTATTTAT	566	578	13	GCTGCTTTGATGCTCTAAAT	CCTTGCATTATATGCTTGCT	217
318	>gi|53779628|gb|CV497271.1|CV497271	penta nucleótido	ATTTTATTTTATTTT	212	226	15	ATGAGGATGAGGATCTTGTG	TACAAGCAGAAGTTGGACG	218
319	>gi|53699651|gb|CV474875.1|CV474875	penta nucleótido	TGTTATGTTATGTTATGT	164	181	18	GGTGTTGAGGGAGTGAATTA	CGTTACTTAATATAAATACCAGC	218
320	>gi|53700918|gb|CV476142.1|CV476142	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAA	75	88	14	GAATTATTGGCATTTCTCCA	AAGGAAGAAGATGCATCAAA	219
321	>gi|10448587|gb|BE922511.1|BE922511	penta nucleótido	TTTGGTTTGGTTTGGTTT	304	321	18	GTCGTGGTAGTGGAGTCTGT	TCCAAACCAAATACTATCGG	219
322	>gi|53780342|gb|CV497985.1|CV497985	tetra nucleótido	TTTGTTTGTTTGT	363	375	13	ACTCACCAATGGGTTTACTG	GTACAAATTCAACAGTGCCC	220
323	>gi|78747173|gb|DV623576.1|DV623576	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTGC	601	613	13	AGCGGAAATTAGAGATCCTT	GGTATCCCTTGTGATTGCTA	220
324	>gi|84638725|gb|DW352335.1|DW352335	di nucleóotido	CTCTCTCTCTTTCTCTCT	33	50	18	CTCTCTCTCTCTCTCTTCCC	AAAGTCCTCCTTTCTTCACC	220

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
325	>gi|53775113|gb|CV492765.1|CV492765	penta nucleótido	AAGAAAAGAAAAGAAAA	99	115	17	GATGAACAAACAAACCCACT	CTCAGCAGAAGGAAATGAAC	220
326	>gi|53696643|gb|CV471867.1|CV471867	tetra nucleótido	ACAAACAAACAAA	135	147	13	GTACAAATTCAACAGTGCCC	ACTCACCAATGGGTTTACTG	220
327	>gi|20166677|gb|BQ114715.1|BQ114715	tetra nucleótido	ATAAATAAATAAA	81	93	13	TTGGCATAGCAAATAGACTG	TAAAGAGCATCTGGAGGAGA	221
328	>gi|66836226|gb|DR034334.1|DR034334	tri nucleótido	ATAATAATAGTAATAATAA	197	215	19	CGTTCGACATAATCAACCTT	TGGATTCTCATTTGATTTCC	222
329	>gi|53781207|gb|CV498850.1|CV498850	penta nucleótido	TGATATGATATGATAT	279	294	16	CTATGCTGGTGGGATGTTAT	ACAATGAGGGTGAACAATTT	222
330	>gi|78747034|gb|DV623437.1|DV623437	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTGC	533	545	13	GCTGAATTCTCCTTTCAATG	AATGAATTCTCGCCTTTACA	222
331	>gi|53776568|gb|CV494220.1|CV494220	di nucleóotido	GAGAGAGAAAGAGAGAGA	110	127	18	GTTTAGCTGTGGATAAACGG	AAGGTAAGGAAGGGAAATTG	222
332	>gi|53701662|gb|CV476886.1|CV476886	penta nucleótido	GAAATGAAATGAAA	626	639	14	TATCAGATGGCATTCAGTCA	TTGCATAATAGAATGATAAATTG	222
333	>gi|62891477|gb|DN906714.1|DN906714	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	34	45	12	CGAGGATCATCATCTCTTCT	TCCTTCAGGGTCAATCATAC	223
334	>gi|53780331|gb|CV497974.1|CV497974	penta nucleótido	AGAAAAGAAAAGAA	126	139	14	GCGACTCCATTCATAATCTC	CCCACAAATTCACCTGTTAT	223
335	>gi|53702245|gb|CV477469.1|CV477469	penta nucleótido	ACTTGACTTGACTT	304	317	14	ACTAAATCCGTTGCATCTTT	CCACAATAAACAAATAACACCA	224
336	>gi|62949649|gb|DN939390.1|DN939390	tri nucleótido	GCAGCAGCAGCA	336	347	12	CAATTAATGCAGTTTCAGCA	ATTTGGAATGCTTCTTGGTA	224
337	>gi|53779251|gb|CV496894.1|CV496894	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTTAT	212	227	16	CATTGAAGATCCAGGTCACT	TGCATAAGTTGATGTGCTTC	224
338	>gi|62951357|gb|DN941086.1|DN941086	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCT	83	94	12	GCTGTCTCTTCTGTTTCCAG	GCTGGTAGAAGGCTTCAGTA	224
339	>gi|39816792|gb|CK259814.1|CK259814	tetra nucleótido	AATTAATTAATTA	391	403	13	TGAAACAGATCAAGCAACAG	TTTGTTCTGAGAGACGGTTT	224
340	>gi|62950257|gb|DN939998.1|DN939998	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	62	73	12	AGCCATTGAAGCAACTTATC	CATTGCTTCTCAATTCTTCC	225
341	>gi|78751050|gb|DV627453.1|DV627453	tri nucleótido	GTGGTGGTGGTGG	132	144	13	GGTGGTTGTGGAAGTATGTT	TAGGATGCCATACCATTACC	225
342	>gi|66837305|gb|DR035411.1|DR035411	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAAG	399	411	13	TAGTTTCCATCGGGACTTTA	TCCTTTCACAGATGCTTTCT	225
343	>gi|62891655|gb|DN906892.1|DN906892	tri nucleótido	ATTATTATTATT	285	296	12	AACTCAGAGAGCCAGAACAA	TATTACTTGGGTTCACGCTT	226
344	>gi|62949080|gb|DN938821.1|DN938821	tri nucleótido	TAATAATAATAA	407	418	12	AGCAGCAGAATAATGTGGAT	CCAGGAATCAAATCATCACT	226
345	>gi|10449199|gb|BE923123.1|BE923123	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	320	331	12	CAAAGAAGGAAGACTGGATG	AGTTCCTGAAGCCTAACCTC	226
346	>gi|53780218|gb|CV497861.1|CV497861	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAA	148	161	14	AAGGAGCTCAATGCTAGAAG	GCGGTACAGGATAACAAATC	227

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
347	>gi|53694411|gb|CV469635.1|CV469635	penta nucleótido	ATGTTATGTTATGTT	751	765	15	AGTTATTCCAACATGGCAAC	CATCTAGTAAGAAACCCATGC	227
348	>gi|42509348|gb|CK717634.1|CK717634	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTCT	46	58	13	CCCTTTATCCACTCACAATAA	AGGCAATTTCTTTAGCACAG	227
349	>gi|66836366|gb|DR034474.1|DR034474	tri nucleótido	TAGTAGTAGTAG	361	372	12	GATGTGCTGCGCATATATTA	AGCAACTTCAAGCATTTCAT	227
350	>gi|9253055|gb|BE343523.1|BE343523	penta nucleótido	CCCCACCCCACTCCACCCCACCCC	54	77	24	AATCTAATGTTGTTCCACGC	AATTGCAGCTTCTCTTTGAG	228
351	>gi|10448369|gb|BE922293.1|BE922293	penta nucleótido	TGAAGTGAAGTGAAG	132	146	15	ACAACATCAACTTTACTGGGA	CGATCCCAAGGAGATATACA	228
352	>gi|39821549|gb|CK264571.1|CK264571	penta nucleótido	TTCAATTCAATTCAATTCAATT	33	54	22	CCACTATCATCTATTATCTCATC	TGAAGGATGTTCAGAGAGGT	228
353	>gi|10448134|gb|BE922058.1|BE922058	penta nucleótido	GATTTGATTTGATTT	222	236	15	TATTTGAAGATCTTGCGGTT	AGCTGTAGTATCAGGAAGCG	229
354	>gi|62907338|gb|DN921005.1|DN921005	penta nucleótido	CCCCACCCCACCCCACCCC	135	153	19	GTAAGATGGCTGAAGCTGTT	ATACCAACAGCTCAAATTCC	230
355	>gi|53697765|gb|CV472989.1|CV472989	penta nucleótido	TGATATGATATGATAT	204	219	16	ACCTGGTATCTATGCTGGTG	ACAATGAGGGTGAACAATTC	231
356	>gi|10447378|gb|BE921302.1|BE921302	tri nucleótido	AGCAGCAGCAGC	154	165	12	GCTCCCTTCCTCTTCTCC	AGTGTTGCTGGTTGCTGT	231
357	>gi|45240533|gb|CK851923.1|CK851923	tri nucleótido	TAGTAGTAGTAGT	141	153	13	GTTGGATTTGGAACAAACAT	ACGCTTTAAGGAAGGAAGTT	231
358	>gi|62909583|gb|DN923250.1|DN923250	penta nucleótido	AAGAAAAGAAAAGA	83	96	14	CCATAGACAACCAGTGATGA	CAATATGGACAATGTTGCTG	233
359	>gi|10449386|gb|BE923310.1|BE923310	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	219	230	12	GAAGATCCTTGCTTCTGTTG	ATTCCTCTTTCTCTTCCACC	233
360	>gi|53702139|gb|CV477363.1|CV477363	penta nucleótido	CTTTACTTTACTTT	138	151	14	GGAATTTGTGAAGAAGGTGA	GTTTAGAGGCGAATTCAGG	233
361	>gi|39817712|gb|CK260734.1|CK260734	penta nucleótido	AATAAAATAAAATAAAA	323	339	17	GGTTGTGCCATTTAAACATT	ACCCAACTAAGCTTCAATCA	233
362	>gi|42511253|gb|CK719539.1|CK719539	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGAA	81	93	13	CGAGGGAGAGAATCTGTTTA	ATAGGAGGAAGAGGCATAGG	234
363	>gi|53780962|gb|CV498605.1|CV498605	penta nucleótido	AAACCAAACCAAAC	360	373	14	GAACTTATTGCCTGGTGTGT	ATGGTTTGGTTTGGTATTTG	234
364	>gi|11529373|gb|BF460216.1|BF460216	tri nucleótido	ACAACAACAACA	191	202	12	CGACCCTCTTTCTCTCTTCT	AACGACATGGTACCACAGAT	235
365	>gi|62909010|gb|DN922677.1|DN922677	tri nucleótido	GGAGGAGGAGGA	591	602	12	AGCGTTTACTTCGAGAACAG	AGATTCACAGCATTCTCGTT	235
366	>gi|66838137|gb|DR036242.1|DR036242	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGA	671	682	12	AGCTTTGACTTGTCGGAGTA	ACCAGTTCAACACCAGAAAC	235
367	>gi|52844562|gb|CV435272.1|CV435272	tetra nucleótido	AACAAACAAACAA	320	332	13	GAAATCCTCCAAAGAAACCT	CCAACTTATTTGGGACTGAG	235
368	>gi|62908216|gb|DN921883.1|DN921883	penta nucleótido	CAAATCAAATCAAA	394	407	14	TAATTCAAAGGCCAAGGTTA	GATGGCAAGAGAAAGCATAC	235

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
369	>gi|62907816|gb|DN921483.1|DN921483	tri nucleótido	TACTACTACTAC	207	218	12	ACACAACACTTCAGGGTCTC	TCATGCTTGTAGCATTTCTG	236
370	>gi|42508395|gb|CK716681.1|CK716681	tri nucleótido	TACTACTACTACT	409	421	13	ACTTCCTCCTCTAGACTGGC	CCACCAGCTAATAAGCAATC	236
371	>gi|53779765|gb|CV497408.1|CV497408	penta nucleótido	TGTATTGTATTGTATTGTATTGT	320	342	23	GACTTCTTGGGTGTTGTGTT	ACACACTAAATTGATTGTTCCA	236
372	>gi|78750502|gb|DV626905.1|DV626905	tri nucleótido	ACAACAACAACAA	209	221	13	CGAGCCTTCTTTCTTCTTCT	TTCTGAATTCAAGATTGCCT	237
373	>gi|53693891|gb|CV469115.1|CV469115	penta nucleótido	TTTAGTTTAGTTTA	505	518	14	GTCTCAAGTTGAAGAGTCGC	GGATTCCGATATGCTCATTA	237
374	>gi|62952226|gb|DN941955.1|DN941955	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	558	569	12	AGAAGCCTAGGAAGATGACC	AACACAAATTTCACCACCTC	238
375	>gi|53780191|gb|CV497834.1|CV497834	penta nucleótido	GACCCGACCCGACCC	119	133	15	CAACACAACAACCAATTACG	GCTGTTGGATCTAGTTCTGG	238
376	>gi|53783993|gb|CV501636.1|CV501636	penta nucleótido	GTCTTGTCTTGTCTT	172	186	15	CCTTTCCTTGGACCTCTAGT	GTTTGACACTCATGACATCG	238
377	>gi|45240836|gb|CK852236.1|CK852236	tri nucleótido	GGTGGTGGTGGTG	453	465	13	GATACCCTGGTGGTGGTC	GCAACTCATAGTTAATGCCC	238
378	>gi|53782947|gb|CV500590.1|CV500590	penta nucleótido	GGGTCGGGTCGGGTC	362	376	15	GCTGTTGGATCTAGTTCTGG	CAACACAACAACCAATTACG	238
379	>gi|53776541|gb|CV494193.1|CV494193	penta nucleótido	CCCCACCCCACCCCA	357	371	15	TCAAGTACCGTAAGATGGCT	TACCTACAGCTCAAATTCCC	238
380	>gi|62952340|gb|DN942069.1|DN942069	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	463	474	12	AATCTTCTCCTCAAGAACCC	ACCACCACCTCCCTACTACT	239
381	>gi|45239845|gb|CK851235.1|CK851235	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGGT	409	421	13	ATTATGGCACTGAGAGAGGA	TCATAGGAGCAGTATCCACC	239
382	>gi|66839184|gb|DR037289.1|DR037289	tri nucleótido	TCATCATCATCA	608	619	12	CTTCAGCTTCAGCTTCAAGT	CACAGAAAGCAATCAATCAA	239
383	>gi|53700011|gb|CV475235.1|CV475235	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTTATTTTA	439	458	20	GATTTGTACGGATTCTCGTC	TTCAAGCTGCACGAATAATA	239
384	>gi|11387520|gb|BF188278.2|BF188278	tri nucleótido	CATCATCATCAT	69	80	12	ATTATCTCAGACTCCGTCGC	AATATCCACTGCCTGAAGAA	239
385	>gi|78748036|gb|DV624439.1|DV624439	tri nucleótido	CCACCACCACCAC	380	392	13	GTGATAGATGCCAAACCATT	GGTGGTTGTGGAAGTATGTT	239
386	>gi|66838469|gb|DR036574.1|DR036574	tri nucleótido	TATTATTATTATT	262	274	13	CAAGGTCCATTTACTGTGGT	CCACCAAACAAGAACTCATT	240
387	>gi|10448672|gb|BE922596.1|BE922596	tetra nucleótido	AAATAAATAAATA	62	74	13	ACGCATTCTTCTCTCTTCAA	TAAGCAGCTCAACAAACAAA	241
388	>gi|39822312|gb|CK265334.1|CK265334	penta nucleótido	ACAAAACAAAACAA	64	77	14	ATGCTCATGAACCATCATTT	GGAAGTCAGTGAGAAACTCG	241
389	>gi|66837898|gb|DR036003.1|DR036003	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAG	645	656	12	CGCAGAGAAGAAGAAGAAGA	TCCGAGAAGTTTGGAAAGTA	241
390	>gi|10445953|gb|BE919877.1|BE919877	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	338	349	12	CTCACTGAATGAGGTCCACT	AGTGATAAATTTGCCAGTGC	241

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
391	>gi|40950710|gb|CK565136.1|CK565136	tri nucleótido	ATCATCATCATCA	115	127	13	GCTAATACGCTAGCTTCAAGA	GTATTTGCTCCATTCTTTGC	241
392	>gi|17069828|gb|BM109155.1|BM109155	penta nucleótido	AAGATAAGATAAGAT	94	108	15	GCTAGTTACCTTGTCAGCCA	CAGCGTCTTTAAGGTAGGAA	241
393	>gi|40950756|gb|CK565182.1|CK565182	tri nucleótido	TGATGATGATGAT	369	381	13	GTATTTGCTCCATTCTTTGC	GCTAATACGCTAGCTTCAAGA	241
394	>gi|39823758|gb|CK266780.1|CK266780	penta nucleótido	AAAGCAAAGCAAAG	44	57	14	CACAGTTGTCCCTCCCTC	AGAAGTGGGATGAGGGTAAT	242
395	>gi|53702140|gb|CV477364.1|CV477364	penta nucleótido	GTTGAGTTGAGTTGA	310	324	15	CTTATGGTGGAAATCGTAGC	ATTTGCAGGGTATACAGGAA	242
396	>gi|10446553|gb|BE920477.1|BE920477	tri nucleótido	CGTCGTCGTCGT	67	78	12	AAACCATTACAGTACCCACG	ATCACTAACAGCAGCCACTT	243
397	>gi|62948592|gb|DN938333.1|DN938333	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGC	802	813	12	ATCATTTGGCTCCATAGTTG	GAATTGGGAAAGTGGAGG	243
398	>gi|66838826|gb|DR036931.1|DR036931	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCTG	78	90	13	CGGCTGAAGTTAGTTCTCTC	GTTGCTTCTGTTCCAAAGTC	243
399	>gi|62949930|gb|DN939671.1|DN939671	penta nucleótido	AAACCAAACCAAAC	433	446	14	GGTACATGGAAAGATGCAAT	AATTGGTGAAGAACACAACC	243
400	>gi|62949845|gb|DN939586.1|DN939586	penta nucleótido	AAAAGAAAAGAAAA	420	433	14	ATTCACATGCCAAGTTCTTT	CTTAACCTGAGGATCTGTCG	244
401	>gi|53781663|gb|CV499306.1|CV499306	penta nucleótido	AGAGAAGAGAAGAGA	863	877	15	ATTGAAGCTGGATTCAAAGA	CTTATAGGCCGTAATTGGTG	244
402	>gi|39836439|gb|CK279461.1|CK279461	tri nucleótido	AATAATAATAATA	38	50	13	CCACCAAACAAGAACTCATT	CAAGGTCCATTTACTGTGGT	244
403	>gi|39815001|gb|CK258021.1|CK258021	tetra nucleótido	GCCGGCCGGCCGG	655	667	13	TCCTTGTTGATAACCATTCC	CTGCGACTTTAGCTCTCC	244
404	>gi|10448186|gb|BE922110.1|BE922110	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	199	210	12	TCTCACCATTATCAAGAACAAG	TCCACTCAACTGATTCTCTTC	244
405	>gi|53779765|gb|CV497408.1|CV497408	penta nucleótido	ATTGTATTGTATTGTAT	261	277	17	TTACTATCGGACCAATGACC	ACGTAACAACGGAATTTAACA	245
406	>gi|53784742|gb|CV502385.1|CV502385	tetra nucleótido	TTTCTTTCTTTCT	74	86	13	CTTTCATTCACTCTCCCATC	TTGTTGTTGTTGTTGGTGTT	245
407	>gi|53788089|gb|CV505732.1|CV505732	di nucleóotido	ATATATATGTATATATAT	70	87	18	TAACCCTAGCGAGAGAAGAA	TATAGGAGGAGCGGACATAA	245
408	>gi|62948639|gb|DN938380.1|DN938380	penta nucleótido	CCTTTCCTTTCCTT	281	294	14	GAAGAAATTCCAAAGGTTCC	TTCCCTTTAAGTTGGTTTCA	246
409	>gi|53702711|gb|CV477935.1|CV477935	penta nucleótido	ATTTCATTTCATTTC	132	146	15	AAACTTCACGTACATCAACA	TGCTTAAATCATCCTCGACT	247
410	>gi|10447242|gb|BE921166.1|BE921166	tri nucleótido	AGCAGCAGCAGC	154	165	12	AGCAGCTCCAGCAACACT	CAGTCATACTCGTGGAGAGG	248
411	>gi|62907278|gb|DN920945.1|DN920945	tri nucleótido	ATCATCATCCTCATCATCA	157	175	19	CTTCCTCTCCCTTCTCCTTA	CGATACCGATTCTACTCCTG	248
412	>gi|53700541|gb|CV475765.1|CV475765	penta nucleótido	TTTGCTTTGCTTTG	515	528	14	GTTACAAAGATTGTCCGAGC	TCAAACAGAAGAAACTCGGT	248

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
413	>gi|62908135|gb|DN921802.1|DN921802	penta nucleótido	TTTTGTTTTGTTTTG	327	341	15	AATAAGCTATTTGCTGGCTG	ATGAAGCTTGGCAGTTGTAT	249
414	>gi|53780411|gb|CV498054.1|CV498054	tetra nucleótido	AGGAAGGAAGGAA	261	273	13	AGTTGGAATGTCCAGAATTG	TTCCTATATGAGTGGATGGC	249
415	>gi|62949806|gb|DN939547.1|DN939547	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	323	334	12	GAAGTATATGCTTTGGCTGG	CCTTCTCAACAACAAGGAAG	249
416	>gi|62950691|gb|DN940422.1|DN940422	tri nucleótido	CAACAACAACAA	549	560	12	AAGATTGTTGAGAGCCAGAA	CATAGAGCATTGAGGAGGAG	250
417	>gi|78750259|gb|DV626662.1|DV626662	tri nucleótido	AGCAGCAGCAGCA	219	231	13	ACCTTTCCCATCCTAATTGT	CAATATCACAGTTGGTGTCG	250
418	>gi|78749834|gb|DV626237.1|DV626237	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGCT	508	520	13	CAATATCACAGTTGGTGTCG	ACCTTTCCCATCCTAATTGT	250
419	>gi|62950759|gb|DN940490.1|DN940490	tri nucleótido	CAACAACAACAA	434	445	12	CTCACAGGCTCCATCTACTC	TGAGCTGTTTATTCCAGGTT	250
420	>gi|66838070|gb|DR036175.1|DR036175	tri nucleótido	CCACCACCACCA	507	518	12	TCTTTGTGAAACCATGTGAA	TCTTCCAACACATCAACAGA	250
421	>gi|53699930|gb|CV475154.1|CV475154	tetra nucleótido	AGAAAGAAAGAAA	70	82	13	AAGCGTAGAAAGAGGAGGAG	CAGAGATAACAAGCTCACCC	251
422	>gi|39836827|gb|CK279849.1|CK279849	tri nucleótido	CATCATCATCATC	679	691	13	AGGTCCTGGTGCTATTGTTA	TATTATTGAGGCATGCTGTG	251
423	>gi|66835921|gb|DR034030.1|DR034030	tri nucleótido	ATGATGATGATG	724	735	12	CTTGTGTAGCTAACAGGGCT	GTAAGAATTCCATCAGCAGC	251
424	>gi|62949800|gb|DN939541.1|DN939541	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	399	410	12	GAAGAAGACTCAACGCTCAC	ACTGCTCAGGTTTAATTGGA	251
425	>gi|71037160|gb|DR751820.1|DR751820	tri nucleótido	GATGATGATGATG	67	79	13	TATTATTGAGGCATGCTGTG	AGGTCCTGGTGCTATTGTTA	251
426	>gi|21924689|gb|BQ508934.2|BQ508934	di nucleóotido	CACACACACAACACACA	52	68	17	ATGGTTCAAATAGTCATCCC	GATTCAAGATTATGCTTGGC	252
427	>gi|39821416|gb|CK264438.1|CK264438	penta nucleótido	GACCCGACCCGACCCG	458	473	16	CCTACCTGAACACTCACCAT	TACCGGAACAATACATCTCC	252
428	>gi|52826603|gb|CV431481.1|CV431481	penta nucleótido	TTTAGTTTAGTTTAGTTTAGTTTA	379	402	24	GAAGAGATCAGGCAAAGATG	AAACACCAACACATACAATTAAA	252
429	>gi|62950013|gb|DN939754.1|DN939754	tri nucleótido	CCTCCTCCTCCT	560	571	12	GATGATGACACTCTCGGTCT	GCTTCCACCAAGCTTATTTA	252
430	>gi|13180582|gb|BG351840.1|BG351840	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	380	391	12	TATGAGGTCTTGAGTGACCC	CTTCTTTGATGTCCCATTGT	252
431	>gi|53695866|gb|CV471090.1|CV471090	tetra nucleótido	AGAAAGAAAGAAA	72	84	13	ACATTGAAGGATGACGATGT	CAAACCAAGAAGTTGGAAAG	253
432	>gi|62950747|gb|DN940478.1|DN940478	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	487	498	12	AGAGTTCTGGAAGATGAGCA	CAAATGATCCACGAGTACCT	253
433	>gi|39836352|gb|CK279374.1|CK279374	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTCT	281	293	13	ATCTTTGTCATTGATGGCTC	GAAGAAGATGATGGAGGACA	253
434	>gi|62909072|gb|DN922739.1|DN922739	penta nucleótido	AAAAGAAAAGAAAA	128	141	14	CAATTTGCAGAAACAGACAA	CAAATCGGTTTCACATTTCT	253

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
435	>gi|39834215|gb|CK277237.1|CK277237	tri nucleótido	GCCGCCGCCGCCG	135	147	13	CGTAACCACCTTCACGAC	GATGCTATTGAAGGGATGAA	253
436	>gi|39836351|gb|CK279373.1|CK279373	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGAA	692	704	13	GAAGAAGATGATGGAGGACA	ATCTTTGTCATTGATGGCTC	253
437	>gi|66836982|gb|DR035089.1|DR035089	tri nucleótido	ACAACAACAACA	308	319	12	GAGCCTCCTTCTCTCTTCTC	GACACCAAAGATTTCCTCTG	253
438	>gi|39818534|gb|CK261556.1|CK261556	tetra nucleótido	TAGCTAGCTAGCT	179	191	13	CATGAAAGCAACAGCAAAT	ATGGTTCAACAAGAAGATGG	254
439	>gi|45240727|gb|CK852127.1|CK852127	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGCT	341	353	13	GTGGTAATTCGCGGTAATAG	CAAGAGCACATACAAACTGC	254
440	>gi|66838435|gb|DR036540.1|DR036540	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	307	318	12	AAATGTTCTGTAAGGAGCCA	CTGATGTTTGTCCCTTCACT	255
441	>gi|53780644|gb|CV498287.1|CV498287	penta nucleótido	CAAATCAAATCAAAT	156	170	15	AATTAGCAATTAGAGCTGCG	TGCTTAGGATTTCGATCATT	255
442	>gi|66838434|gb|DR036539.1|DR036539	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	135	146	12	CTGATGTTTGTCCCTTCACT	AAATGTTCTGTAAGGAGCCA	255
443	>gi|42510135|gb|CK718421.1|CK718421	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAGA	238	250	13	GAAGTAAGTGCCCAACTGAG	ACAGATGGCAGAACACCTAC	255
444	>gi|62949056|gb|DN938797.1|DN938797	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	212	223	12	GAGAAGGAGACACATTGGAA	ATGACCACATCTTTAGGCAC	256
445	>gi|62908896|gb|DN922563.1|DN922563	tri nucleótido	AATAATAATAAT	767	778	12	TCAGGACTGTCTTTGGAAAC	ATAGTGAAGTATGGTCTTATGAA	256
446	>gi|62893658|gb|DN908895.1|DN908895	penta nucleótido	AATACAATACAATACA	139	154	16	CAAACAGTACAGTCTAGCCAAA	CTTGAAGAAGCATTGACCTC	256
447	>gi|78747911|gb|DV624314.1|DV624314	di nucleóotido	ATATATATCATATATATA	723	740	18	AATAACTCAATCCGGAAACA	AAATGGATGGAACATTCAAC	257
448	>gi|46293690|gb|CN214348.1|CN214348	tetra nucleótido	ATTAATTAATTAA	168	180	13	TAACAACTTCCTCTGCCACT	AACGACGAGTCTCTGGACTA	257
449	>gi|53782736|gb|CV500379.1|CV500379	penta nucleótido	TTCTCTTCTCTTCTCTT	188	204	17	CCTTCCTTCAGATGCAGTAG	TCATGCAAAGAAGACAAGAA	257
450	>gi|62949368|gb|DN939109.1|DN939109	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCT	795	806	12	CGAATACGTTTGTACAGCAA	TGATTCCGGTTACCACTTTA	257
451	>gi|62950871|gb|DN940600.1|DN940600	tri nucleótido	ACAACAACAACA	104	115	12	AAACCATACCTCCTGATAGC	AATCTGAATCATCTGCTGCT	258
452	>gi|18259982|gb|BM408352.1|BM408352	penta nucleótido	GGGTCGGGTCGGGTCG	654	669	16	AGGCTTGGATGTGATTAAGA	CAACACCACACCACAATTAC	258
453	>gi|78751000|gb|DV627403.1|DV627403	tri nucleótido	GATGATGATGATG	429	441	13	CAAATACCTGGGTTGTCAGT	AAGTTCAACCAAACCTTCAG	258
454	>gi|66838103|gb|DR036208.1|DR036208	tri nucleótido	ATCATCATCATC	488	499	12	CAGAGCCAGGAGCTACTTTA	AAGTCTGCACCTGTTAAGGA	258
455	>gi|53777227|gb|CV494879.1|CV494879	penta nucleótido	CAAATCAAATCAAA	304	317	14	TATCAAGCAGGTATGGTTCC	ATTGCAGCTTGGACAATAAT	258
456	>gi|15186026|gb|BI406612.1|BI406612	tri nucleótido	GATGATGATGAT	525	536	12	AAGTCTGCACCTGTTAAGGA	CAGAGCCAGGAGCTACTTTA	259

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
457	>gi|62952339|gb|DN942068.1|DN942068	tri nucleótido	CCACCACCACCA	171	182	12	ACCACCACCTCCCTACTACT	CATTTGACCATGGAACTCTT	259
458	>gi|53778086|gb|CV495738.1|CV495738	penta nucleótido	ATTTTATTTTATTTT	382	396	15	AGGCAGATTGAAGAACTGAA	AGTTGAGAGAAAGGACAGCA	259
459	>gi|62908217|gb|DN921884.1|DN921884	penta nucleótido	TTTGATTTGATTTG	402	415	14	ATTGCAGCTTGGACAATAAT	TATCAAGCAGGTATGGTTCC	259
460	>gi|66837818|gb|DR035923.1|DR035923	tri nucleótido	GGAGGAGGAGGAG	537	549	13	CATTTGACCATGGAACTCTT	ACCACCACCTCCCTACTACT	259
461	>gi|53700159|gb|CV475383.1|CV475383	tetra nucleótido	TGAATGAATGAAT	60	72	13	GGTGCGTCAATCTTCTTATT	GGACCAGTTGTATTTGTGGT	259
462	>gi|53786465|gb|CV504108.1|CV504108	tetra nucleótido	TTAATTAATTAAT	514	526	13	GTTACAACTCCGCTCTCAAC	TGACAAACACTCCAACAAGA	259
463	>gi|62893794|gb|DN909031.1|DN909031	penta nucleótido	AATACAATACAATA	112	125	14	ACAAATCCCAAACATTCAAG	TTCAGAAATGGAGAGACGTT	260
464	>gi|62908204|gb|DN921871.1|DN921871	tri nucleótido	ACAACAACAACA	257	268	12	AGCCTCTTTCTCTCTTCTCC	CTATTTGGATAATGGAAGCG	260
465	>gi|62952494|gb|DN942223.1|DN942223	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	406	417	12	CTTGAGATGACCCAGAGAAG	CTTCTTTGATGTCCCATTGT	261
466	>gi|62908402|gb|DN922069.1|DN922069	tri nucleótido	ATCATCATCATC	620	631	12	GCTAATCTCTGCTGCACTCT	GTGAGTTTCACCAATACGGT	261
467	>gi|53781166|gb|CV498809.1|CV498809	penta nucleótido	CGATCCGATCCGATCC	147	162	16	GCTAATTGCATTTCATCCTC	AGAACTTTCTCTTTCGGGTC	262
468	>gi|62907270|gb|DN920937.1|DN920937	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAA	254	267	14	AAGCCCAAAGTCAGATTACA	TAGAGAACATGCACACTTGC	262
469	>gi|62907269|gb|DN920936.1|DN920936	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTT	185	198	14	TAGAGAACATGCACACTTGC	AAGCCCAAAGTCAGATTACA	262
470	>gi|10448726|gb|BE922650.1|BE922650	penta nucleótido	TTCATTTCATTTCATTT	61	77	17	TCTTCTTCAATATTCCTTACCAA	CCACGAGACCTAAGTAGACG	262
471	>gi|52825861|gb|CV430739.1|CV430739	penta nucleótido	TTAGTTTAGTTTAGT	250	264	15	ACGAATAAAGAAACCAAGCA	TTGAGAAATTCGAAATGAAA	263
472	>gi|62952007|gb|DN941736.1|DN941736	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCT	282	293	12	CAAATTCAGTCACAATGTCG	CCTTCAACAGTCATGGAAAT	264
473	>gi|62950828|gb|DN940559.1|DN940559	tri nucleótido	CAACAACAACAA	85	96	12	AAACCAACGAAGACATAATTT	CCTACTATGGGAAACTGCTG	265
474	>gi|53700638|gb|CV475862.1|CV475862	penta nucleótido	TTTATTTTATTTTATTT	291	307	17	CATTGAAGCCATGTTGTATG	AAACACTAGAGCACACTGATTTA	265
475	>gi|10449215|gb|BE923139.1|BE923139	tri nucleótido	CGGCGGCGGCGG	139	150	12	CAATTCATTGGTCTCCAACT	TTAAGGACTAGGCGAGTACG	266
476	>gi|71813311|gb|DR990702.1|DR990702	tri nucleótido	TCCTCCTCCTCCT	113	125	13	TATCAACACCAACAACCAAA	GCTCTTGTAGCAGAGGAAGA	266
477	>gi|52843857|gb|CV434567.1|CV434567	tetra nucleótido	TTAATTAATTAAT	617	629	13	AATTGCGTTTCTATAGTTATGT	GTCCATTGGATTGCAATTAT	267
478	>gi|53696270|gb|CV471494.1|CV471494	penta nucleótido	CAATTCAATTCAAT	312	325	14	ACTCGGAGACTTTAATGCAA	CGAATTGTCGAGTACGATTT	267

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
479	>gi|62951351|gb|DN941080.1|DN941080	tri nucleótido	TCATCATCATCA	513	524	12	ATTTCCACCTGCTCTTTGTA	ATGATGCACTTTCTACACCC	267
480	>gi|21919061|gb|BQ118697.2|BQ118697	tetra nucleótido	TTAATTAATTAAT	58	70	13	ATAAACTTCCCTTCTCCCAC	ATTCTTGATTCTCCAACAGC	267
481	>gi|39815522|gb|CK258542.1|CK258542	penta nucleótido	TGTTTTGTTTTGTT	326	339	14	GTGGTGGTGCAATTCTTTAT	CCTCTTCTTCATCTGCTCAC	267
482	>gi|39836736|gb|CK279758.1|CK279758	tri nucleótido	TTATTATTATTAT	252	264	13	TCCAAATTCATACCCAAATC	GATGTTACCAGTAAGCGGAG	267
483	>gi|45241790|gb|CK853190.1|CK853190	tri nucleótido	GTGGTGGTGGTGG	66	78	13	TCTTCTCTGCTTCCATCATT	ACCCTACTACCACCCTTCAT	267
484	>gi|53700676|gb|CV475900.1|CV475900	penta nucleótido	AACAAAACAAAAAAAACAAA	117	136	20	AAAGCTAACACCCACACAAA	ATTGAAGAAAGAGATGGCAA	268
485	>gi|39818535|gb|CK261557.1|CK261557	penta nucleótido	TTCAATTCAATTCAATTCAATT	77	98	22	ATTCACCGCTATTCCAATTT	TGAAGGATGTTCAGAGAGGT	268
486	>gi|62949601|gb|DN939342.1|DN939342	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAATAAA	305	322	18	CCAAGGGATTCAACAACTTA	TCATAACGGGTAAGGAAATG	268
487	>gi|53700173|gb|CV475397.1|CV475397	penta nucleótido	TATGTTATGTTATGTT	230	245	16	CCCTATTGTTTGTCCATTGT	TTTATTAAGAAAGCCATGCTAA	268
488	>gi|10445759|gb|BE919683.1|BE919683	penta nucleótido	ATTTCATTTCATTTCATTTC	403	422	20	CTTTGGGAAGTTTGTCATGT	TGTTGATTTCTCAAATTGTCA	268
489	>gi|62892013|gb|DN907250.1|DN907250	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCT	538	549	12	TAATCGATTCGTTACCTCGT	TACAGGCAGTCCTTCAAACT	268
490	>gi|10447484|gb|BE921492.1|BE921492	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTG	309	320	12	CCACTGTGGATGTAGGAAAT	ATGGTTGAGAATGGCAGTT	269
491	>gi|39834955|gb|CK277977.1|CK277977	tri nucleótido	CTCCTCCTCCTCC	537	549	13	TCAACCTGGAGGTAATATGG	AAGAAGGGTATTCTGGGAAG	269
492	>gi|42508527|gb|CK716813.1|CK716813	tri nucleótido	TCGTCGTCGTCGT	126	138	13	AACAACACTGAGATTCCTGC	TAACCGAGAGAGAATCCAAA	270
493	>gi|78749955|gb|DV626358.1|DV626358	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTTC	310	322	13	AGCTAATCTTGGAAACACCA	GGAATTCCTAAGGTACCACC	270
494	>gi|62907285|gb|DN920952.1|DN920952	penta nucleótido	ATAAAATAAAATAAA	172	186	15	ATTTCACAACTCCCAATCAG	CAATGAGAGAGATGTGCCTA	270
495	>gi|62907284|gb|DN920951.1|DN920951	penta nucleótido	TTTATTTTATTTTAT	116	130	15	CAATGAGAGAGATGTGCCTA	ATTTCACAACTCCCAATCAG	270
496	>gi|66837614|gb|DR035720.1|DR035720	tri nucleótido	GTGGTGGTGGTG	325	336	12	CTACCTTCACCTCACCAGAG	CTACTAAGCTCATGACCGCT	270
497	>gi|53696748|gb|CV471972.1|CV471972	penta nucleótido	CACAGCACAGCACA	703	716	14	TACCTTCTGCTGATGGTTCT	AGCACAGTCATCTTTGCTCT	270
498	>gi|78748160|gb|DV624563.1|DV624563	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAGA	110	122	13	AGAGGGAGAAGGAAGATGAC	ACACGGATTCTTCATCAGTC	271
499	>gi|62892196|gb|DN907433.1|DN907433	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTG	353	364	12	AGCACTAAGCAACGTAAAGG	TTCTGTCAATGCAAATGTGT	271
500	>gi|53695251|gb|CV470475.1|CV470475	penta nucleótido	CGGGTCGGGTCGGGT	626	640	15	GTACGCAGCCTTGTAAAGAT	GCATACTACGGCAATACCTC	271

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
501	>gi|78748725|gb|DV625128.1|DV625128	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAAG	466	478	13	GGAATTCCTAAGGTACCACC	AGCTAATCTTGGAAACACCA	271
502	>gi|62908287|gb|DN921954.1|DN921954	tri nucleótido	ATTATTATTATT	281	292	12	TACCATACTCTTTCGCCATC	TTACTTGAGCAAACAAGACTTT	271
503	>gi|10447533|gb|BE921361.1|BE921361	tetra nucleótido	TAAATAAATAAAT	155	167	13	GGAAGTAAACAACTAGCAAACC	AAGAGGAGACAAGAAGGAGC	272
504	>gi|53700222|gb|CV475446.1|CV475446	penta nucleótido	AATACAATACAATACAA	121	137	17	ACCAAATCGACCGTTACATA	GTGAAGAACACATGACATCG	272
505	>gi|78750218|gb|DV626621.1|DV626621	tri nucleótido	TACTACTACTACT	143	155	13	CCCACATTTACAAGAACACC	AATCAACCCATTATGACTGC	273
506	>gi|9563378|gb|BE472887.1|BE472887	penta nucleótido	TTTGTTTTGTTTTGTT	452	467	16	GAGTAGTTGCCAAGGTTGAG	GGTAGTGTGTACGCCAATCT	273
507	>gi|53699471|gb|CV474695.1|CV474695	penta nucleótido	AAAACAAAACAAAA	176	189	14	TCCTCCATTTAACATCCATC	TTATATTCGGACGCTCCA	273
508	>gi|66839286|gb|DR037391.1|DR037391	tri nucleótido	TGTTGTTGTTGTT	173	185	13	AGCACAACAACAACTCAACA	ACTTGCAGGTGTAAAGAGGA	274
509	>gi|62893931|gb|DN909168.1|DN909168	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	543	554	12	AGCTCAATGAAATAGGGACA	ACTTGCCCTAAACCTAAACC	274
510	>gi|62893625|gb|DN908862.1|DN908862	penta nucleótido	AACAAAACAAAACAA	99	113	15	CTATAGCACACAACGCAGAA	CTAGCTGCAATAAGAGCCAT	274
511	>gi|62948271|gb|DN938016.1|DN938016	penta nucleótido	TCTTTTCTTTTCTTT	331	345	15	ACACATCACCAAACATATCG	GGAGCAGAAGTAGAAGCAGA	275
512	>gi|66839285|gb|DR037390.1|DR037390	tri nucleótido	AACAACAACAACA	549	561	13	ACTTGCAGGTGTAAAGAGGA	AGCACAACAACAACTCAACA	275
513	>gi|53700190|gb|CV475414.1|CV475414	penta nucleótido	TCTTTTCTTTTCTT	402	415	14	CAAGAAGTTTGAAGGTGGAG	GGATAAGTGGAAACTCACCA	275
514	>gi|39816909|gb|CK259931.1|CK259931	tetra nucleótido	CTTTCTTTCTTTC	128	140	13	CAATCATAACAAGCCCAAAG	CTGAAGCAAAGAAATCATCC	275
515	>gi|52844835|gb|CV435545.1|CV435545	penta nucleótido	AGTGGAGTGGAGTG	290	303	14	CCAACATTTCTGGTCAGATT	AAGATTCGGAAACAACTCAA	275
516	>gi|53702172|gb|CV477396.1|CV477396	penta nucleótido	TTGTTTTGTTTTGTT	267	281	15	CTAGCTGCAATAAGAGCCAT	CTATAGCACACAACGCAGAA	275
517	>gi|62892207|gb|DN907444.1|DN907444	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGC	721	732	12	ATCCAAGGTTCATTTCACAG	ACTTCTCACATCACCAAAGG	276
518	>gi|39833359|gb|CK276381.1|CK276381	penta nucleótido	ATATAATATAATATA	221	235	15	GCCTTGCAAAGAATAAATTG	TTGCCAGAAGAAGTTATGGT	276
519	>gi|78749109|gb|DV625512.1|DV625512	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTTC	927	939	13	TAAGACCTTGGAACATTGCT	AAAGGATCCTAGGGAAATTG	276
520	>gi|62893930|gb|DN909167.1|DN909167	tri nucleótido	CCACCACCACCA	144	155	12	ACTTGCCCTAAACCTAAACC	AGCTCAATGAAATAGGGACA	277
521	>gi|62909017|gb|DN922684.1|DN922684	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTG	523	534	12	AAATGCAAGTTGATCTTGGT	GCTTCTACTTGTCGTGCTCT	278
522	>gi|10446151|gb|BE920075.1|BE920075	penta nucleótido	TGAAGTGAAGTGAAG	281	295	15	ATTGCTTGCTGAAACTCATT	CATTCAGTTGTTGAGGGTTT	278

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
523	>gi|62949409|gb|DN939150.1|DN939150	tri nucleótido	TTGTTGTTGTTG	567	578	12	CATAGAGCATTGAGGAGGAG	CCTGGATGAGACAAATCACT	278
524	>gi|53701930|gb|CV477154.1|CV477154	penta nucleótido	TTGTATTGTATTGTATT	210	226	17	GTGAAGAACACATGACATCG	ACCAAATCGACCGTTACATA	278
525	>gi|78750422|gb|DV626825.1|DV626825	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTGC	149	161	13	TCCTGAAAGAGCTGTTGATT	AAATTTGTGGGTTAGCTTGA	278
526	>gi|39816910|gb|CK259932.1|CK259932	tetra nucleótido	CTTTCTTTCTTTC	131	143	13	ATAGCAATCATAACAAGCCC	CTGAAGCAAAGAAATCATCC	279
527	>gi|39836273|gb|CK279295.1|CK279295	tri nucleótido	CACCACCACCACC	610	622	13	ATCACCTCCACCTCCTTACT	GGTGGAGAAGCATAAACGTA	279
528	>gi|62951494|gb|DN941223.1|DN941223	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	293	304	12	CTTCTTCCCATCCCTACTCT	AGGTAGCTCTACTTTGCACG	279
529	>gi|53781617|gb|CV499260.1|CV499260	penta nucleótido	AAGAAAAGAAAAAAAAGAAA	74	93	20	GCTGTTATCTATACTACGAGGCA	AAATGAGGAGCATTATGGTG	280
530	>gi|66836823|gb|DR034930.1|DR034930	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAG	238	249	12	AAACCATTACTTCATTCCCA	CACCTCAGATGAAGGACAAT	281
531	>gi|62893035|gb|DN908272.1|DN908272	tri nucleótido	CAACAACAACAA	231	242	12	ACATATGGCTCCACAAATTC	ACCACTGTCAGCAACCTTAC	281
532	>gi|39831744|gb|CK274766.1|CK274766	tetra nucleótido	ACAAACAAACAAA	124	136	13	ACCTTATTTACCACGAGCAA	ACTCACCAATGGGTTTACTG	281
533	>gi|53699122|gb|CV474346.1|CV474346	penta nucleótido	CAAACCAAACCAAA	83	96	14	CATGAAGTGCACAAGAATCA	GCAGGTGACTCAGGTTAGAG	281
534	>gi|41581869|gb|CK640719.1|CK640719	tri nucleótido	ATTATTATTATTA	406	418	13	GAGGAGTTGGAGGAGTTCTT	TCTTTGATTGAAACTATCCGA	281
535	>gi|46468197|gb|CN462471.1|CN462471	penta nucleótido	AAGAAAAGAAAAGAAAA	125	141	17	TCCTTTCTTCCTTCACTAGAAA	CCTTGAAAGGAACATGAATC	281
536	>gi|62891176|gb|DN906413.1|DN906413	tri nucleótido	TCATCATCATCA	253	264	12	ACAAACAGAATTCAACCCAC	TGACCACAAGTTTGATCTGA	282
537	>gi|66838221|gb|DR036326.1|DR036326	tri nucleótido	TAATAATAATAA	122	133	12	AGAAGACATGTACAATGGAGATT	TTTCCAAGTCCAATGAAAGT	282
538	>gi|52568909|gb|CV287058.1|CV287058	di nucleóotido	ATATATATGTATATATAT	122	139	18	AGGTTGAGAGACGACAACAT	CACCTCCTTAAGAACCATCA	282
539	>gi|9249387|gb|BE339856.1|BE339856	tri nucleótido	TCTTCTTCTCTCTTCTTCT	112	130	19	CCTCTCTCTCTTCTCCGACT	GTTGTTGTCGTCCGAATCT	282
540	>gi|62908336|gb|DN922003.1|DN922003	tri nucleótido	AGGAGGAGGAGG	36	47	12	GAAACACCACCACCACCT	TGTTCTTTCTTGGCATCTTT	282
541	>gi|39815496|gb|CK258516.1|CK258516	tetra nucleótido	GATTGATTGATTG	158	170	13	TCCATCATTTGTCGTTTGTA	AGTTGGCATCTTCTCTCTCA	282
542	>gi|9252377|gb|BE342845.1|BE342845	penta nucleótido	TTTTGTTTTGTTTTGTTTTGTT	189	210	22	CACTGTGATAGAGTGATCCG	GAAGGGTGTTTCCTTACTCA	283
543	>gi|62892500|gb|DN907737.1|DN907737	tri nucleótido	TTGTTGTTGTTG	173	184	12	CCGAAACTCCCATATACTGA	TCACAGAGAATAGAGCGGAT	283
544	>gi|66838388|gb|DR036493.1|DR036493	tri nucleótido	ATTATTATTATT	180	191	12	TATTTGGCAATTCCCTCTAA	CAAGTTGTTGCATCTTTGAA	283

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
545	>gi|62892501|gb|DN907738.1|DN907738	tri nucleótido	CAACAACAACAA	472	483	12	TCACAGAGAATAGAGCGGAT	CCGAAACTCCCATATACTGA	283
546	>gi|13180406|gb|BG351664.1|BG351664	tri nucleótido	GCAGCAGCAGCA	499	510	12	AATATGAGAAATGCACCACC	GTGCTCCACCGTAGTTATTG	283
547	>gi|39816076|gb|CK259096.1|CK259096	penta nucleótido	TGGATTGGATTGGA	693	706	14	CTGTTTCCTTCAAAGTCAGG	CTTAAGGATTATGGCTGCAC	284
548	>gi|62891137|gb|DN906374.1|DN906374	tri nucleótido	GAAGAAGAAAAGAAGAAG	77	94	18	CTTCTTCTTGGTTGAGTGCT	TTGGCTTGTTTCCTAACATT	284
549	>gi|53781475|gb|CV499118.1|CV499118	tetra nucleótido	ATCAATCAATCAA	242	254	13	GCAACAGGCTTCTTTAACAC	TTTACCTATTTACAAACAACAAA	284
550	>gi|62949020|gb|DN938761.1|DN938761	tri nucleótido	GGAGGAGGAGGA	147	158	12	GCGTAATTAGAGGATGTTGG	CTAGCTTGTCGAAGAGCATT	284
551	>gi|52826623|gb|CV431501.1|CV431501	penta nucleótido	GTTTGGTTTGGTTT	701	714	14	TACGTTCATTCACCGTCATA	AAGATCCGTAACCAAATAACA	284
552	>gi|66838314|gb|DR036419.1|DR036419	tri nucleótido	ATGATGATGATG	534	545	12	AATGTGAGGAAATTGGATTG	GTCGTTCCGTTTAGTACGAG	285
553	>gi|45241811|gb|CK853211.1|CK853211	tri nucleótido	GTCGTCGTCGTCG	57	69	13	CACTGCTAAATCTCCGTCTA	ACCGAACTAGGTCTTCTTCC	285
554	>gi|53694600|gb|CV469824.1|CV469824	penta nucleótido	TAAAGTAAAGTAAA	756	769	14	ATACATTACGATTTGTGGGC	TGAAGTTCCAATGAAACAGA	286
555	>gi|53776750|gb|CV494402.1|CV494402	tetra nucleótido	AAATAAATAAATA	207	219	13	CACAATCATGCCACACTTTA	CAGGTACTCCAGTGGTGAAT	286
556	>gi|53784195|gb|CV501838.1|CV501838	tetra nucleótido	TATGTATGTATGT	782	794	13	CATTTCGAGCCAGATTCTAC	GCCGCTTTACCATCATTTA	286
557	>gi|62909488|gb|DN923155.1|DN923155	penta nucleótido	TGGATTGGATTGGAT	712	726	15	CCTGTTTCCTTCAAAGTCAG	TTTCCTCCCTTCGTATGTTA	286
558	>gi|10445660|gb|BE919584.1|BE919584	tri nucleótido	GCAGCAGCAGCA	506	517	12	AAAGTAGTGAGCAAGGACCA	ATGCTGATGAATTGTCTGCT	287
559	>gi|53781575|gb|CV499218.1|CV499218	penta nucleótido	ATTTCATTTCATTTC	197	211	15	CAAACCCTAGATTTCCTCAG	TGCTTAAATCATCCTCGACT	287
560	>gi|66837479|gb|DR035585.1|DR035585	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	500	511	12	GAAGGAGGTGAGGAAAGAGT	AACTTTGCCGTTGTAGAAGA	287
561	>gi|47507038|gb|CN742134.1|CN742134	penta nucleótido	TCTCCTCTCCTCTC	37	50	14	AGGGTCTCTCTCATCACCAT	TGATAGATCCTGAGTGGCTT	287
562	>gi|62949246|gb|DN938987.1|DN938987	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAATAAAATA	153	173	21	GAGCATACCAAATGAGCACT	AAGACAAGATTGGCACCTAA	287
563	>gi|10446460|gb|BE920384.1|BE920384	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	324	335	12	GTAGAGTCATCGGACACCAT	CCAGAATCATCACCCTTGTA	287
564	>gi|21364002|gb|BQ505133.1|BQ505133	tetra nucleótido	TATTTATTTATTT	471	483	13	TTGATTTGGATCATCTCTCC	GATTCACTAACACAACACACCT	287
565	>gi|53781105|gb|CV498748.1|CV498748	penta nucleótido	TATTTTATTTTATTTTATTTT	196	216	21	AAGACAAGATTGGCACCTAA	GAGCATACCAAATGAGCACT	288
566	>gi|53784615|gb|CV502258.1|CV502258	penta nucleótido	TTCGGTTCGGTTCGGTT	453	469	17	GAAACAACAAGCAGAACTCC	ACCGAACCGAAATAACAAA	288

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
567	>gi|42508997|gb|CK717283.1|CK717283	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAGA	333	345	13	ACGGCATACCATTAGAGAAA	GGTGGAAATGATTGTAAGGA	289
568	>gi|53784901|gb|CV502544.1|CV502544	penta nucleótido	GGGGTGGGGTGGGGT	258	272	15	ATCACCCATTCACATCAAGT	CGGCCTAACAATAAATGAAG	289
569	>gi|39823974|gb|CK266996.1|CK266996	di nucleóotido	CTCTCTCTCTACTCTCTC	109	126	18	ATCTCTCACAAGTCACACCC	ATCAAAGGGAAGAGGAAGAG	289
570	>gi|62949294|gb|DN939035.1|DN939035	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGA	192	203	12	CTCTCTAACGAGACACCCAG	TCCACTAGGACCAACTTCAC	289
571	>gi|37820894|gb|CF802497.1|CF802497	penta nucleótido	ATTTTATTTTATTTTAT	113	129	17	GTCACCAAACACACACACAT	TCACTGTCTCTTGGTGTTCA	289
572	>gi|39818388|gb|CK261410.1|CK261410	tetra nucleótido	AAGAAAGAAAGAA	78	90	13	AACAATGAAGATGGAACTCG	TATCCCATTCCAATTAATGC	290
573	>gi|42508423|gb|CK716709.1|CK716709	tri nucleótido	CATCATCATCATC	593	605	13	CTGAATCGGACTCTATTTCG	CGGTACTTATTAGTGGACGG	290
574	>gi|62891824|gb|DN907061.1|DN907061	tri nucleótido	ATCATCATCATC	180	191	12	GGCAGTTGATGTATGTTGTG	GCAAAGATTGGTTGATTTGT	290
575	>gi|62948591|gb|DN938332.1|DN938332	tri nucleótido	GCAGCAGCAGCA	115	126	12	AAGCCTAATCCTAGACACCC	ATCATTTGGCTCCATAGTTG	291
576	>gi|53779761|gb|CV497404.1|CV497404	penta nucleótido	TATTTTATTTTATTTT	219	234	16	ACAGGCAGTATCATTGCTTT	CACTCACATCAACAACCAAG	291
577	>gi|45240720|gb|CK852120.1|CK852120	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAGC	255	267	13	GTCGATAACCCTAATCCTCC	ATTCTCGTCCTTAGGCTTCT	291
578	>gi|62950646|gb|DN940377.1|DN940377	tri nucleótido	GGAGGAGGAGGA	694	705	12	TATGCTCAGCTGATTGATGA	GCCCTGTTAAAGGGAGAATA	291
579	>gi|10449007|gb|BE922931.1|BE922931	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	269	280	12	TCACCATTATCAAGAACAAGAA	AGAAATGCAGTTTGTGCAG	291
580	>gi|53781463|gb|CV499106.1|CV499106	penta nucleótido	TTTTCTTTTCTTTT	556	569	14	ACATCAGAAGGGTTGTTGAC	GGCACATTAACAAAGGAAAT	293
581	>gi|62891550|gb|DN906787.1|DN906787	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	451	462	12	ATTCTCGGAATGAACGAATA	GAATTCCGATGATAAGAACG	293
582	>gi|53780746|gb|CV498389.1|CV498389	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTT	343	356	14	CCATCGTCATTATCCAAAGT	CAGGAAATCCATCAAACTGT	293
583	>gi|10448265|gb|BE922201.1|BE922201	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	192	203	12	AAGAGAAGTCAAAGAAATCCAA	TATTCTACACCACCACCTCC	294
584	>gi|39822300|gb|CK265322.1|CK265322	tetra nucleótido	AAACAAACAAACA	269	281	13	AATCCAGCATATCACCAGTT	CTCAAGTTGCTTATGGTTCC	294
585	>gi|53697370|gb|CV472594.1|CV472594	penta nucleótido	AAGAAAAGAAAAGA	585	598	14	AATGGCAGAGTATGGATGAC	TCAGCAACCTCCACTAGACT	294
586	>gi|71924666|gb|DT043007.1|DT043007	penta nucleótido	GAGTTGAGTTGAGTT	33	47	15	GAATTCCGTTGCTGTCGG	TTGACAAGCTTCTTCAGGTT	294
587	>gi|66838389|gb|DR036494.1|DR036494	tri nucleótido	AATAATAATAAT	318	329	12	CAAGTTGTTGCATCTTTGAA	ACAACTTTCCTTATTTGGCA	294
588	>gi|53785138|gb|CV502781.1|CV502781	penta nucleótido	TATTTTATTTTATT	328	341	14	CCTCTCTTCGCTATTGCTTA	AGTAAACAAAGATCCCTCCC	294

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
589	>gi|53699120|gb|CV474344.1|CV474344	penta nucleótido	TCTCCTCTCCTCTC	160	173	14	CCTCTTGCTCCTCTCTCTCT	GGAATTTGTCGATTTCGTAG	294
590	>gi|62907672|gb|DN921339.1|DN921339	tri nucleótido	GGAGGAGGAGGA	259	270	12	CCTTGGATGTCTTCATGAGT	CTTTGATGGAGAGTGGACAT	294
591	>gi|62907671|gb|DN921338.1|DN921338	tri nucleótido	TCCTCCTCCTCC	488	499	12	CTTTGATGGAGAGTGGACAT	CCTTGGATGTCTTCATGAGT	294
592	>gi|45241584|gb|CK852984.1|CK852984	tri nucleótido	AATAATAATAATA	145	157	13	GGCAAATCTCCAAGTAAAGA	ACTGGAATATCACCAAGTGC	294
593	>gi|42511257|gb|CK719543.1|CK719543	tri nucleótido	TCCTCCTCCTCCT	302	314	13	AAATACGCTCATTTAGCAGC	TCAAATCCAAGCTGAAATCT	295
594	>gi|62893698|gb|DN908935.1|DN908935	tri nucleótido	ATCATCATCATC	266	277	12	ACGTCCAAGGTATCAACAAC	CTCTGTCCTACCAAAGGATG	295
595	>gi|53702117|gb|CV477341.1|CV477341	penta nucleótido	TGTGCTGTGCTGTG	252	265	14	AGGTGCAAGTGACCATTACT	TATTTCTCTTGGTTCAAGCC	295
596	>gi|62893699|gb|DN908936.1|DN908936	tri nucleótido	GATGATGATGAT	259	270	12	CTCTGTCCTACCAAAGGATG	ACGTCCAAGGTATCAACAAC	295
597	>gi|62951790|gb|DN941519.1|DN941519	penta nucleótido	AAAGGAAAGGAAAGG	94	108	15	CACCAACATCCTTCAATTCT	AGACACCGACTGGCTTATTA	295
598	>gi|52826834|gb|CV431712.1|CV431712	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAATA	38	53	16	CAAATTCTCCACCCAATTTA	GAGGAGGTGGTGATAGTTGA	296
599	>gi|42510832|gb|CK719118.1|CK719118	tri nucleótido	TGATGATGATGAT	325	337	13	GCAGTTACGTTGGAGAAATC	GCTGGTAAATCCATCATTGT	296
600	>gi|53779714|gb|CV497357.1|CV497357	penta nucleótido	ATTAAATTAAATTAA	460	474	15	GTATACCTCGTGCATGGATT	GATTTAACGGAGCGAAAGTA	296
601	>gi|62908401|gb|DN922068.1|DN922068	tri nucleótido	GATGATGATGAT	282	293	12	AGATGATGGTAGGGTGACTG	GCTAATCTCTGCTGCACTCT	297
602	>gi|66837615|gb|DR035721.1|DR035721	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAAG	282	294	13	ATTTGGTGGTGAAAGATGAG	CACACTTTCGATGTGCATAC	297
603	>gi|39835362|gb|CK278384.1|CK278384	tri nucleótido	GCAGCAGCAGCAG	561	573	13	CAGAGGACAAATGTCTGGAT	GCTGCTTTACAGTCACATCA	297
604	>gi|66835966|gb|DR034075.1|DR034075	tri nucleótido	CAACAACAACAA	213	224	12	CTTCCTTCAGTGAAACCTTG	ATGCCATGAGTTAATCCAAC	297
605	>gi|78750142|gb|DV626545.1|DV626545	tri nucleótido	CCTCCTCCTCCTC	130	142	13	AAAGCTACTCATGAATGCAAA	CATGAAGAACACAATCAACG	298
606	>gi|39836659|gb|CK279681.1|CK279681	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAAG	302	314	13	ACAGGAAGGATGAACAGTTG	GTTTCCTTAGGCTTGTGATG	298
607	>gi|53777704|gb|CV495356.1|CV495356	penta nucleótido	GTTTGGTTTGGTTTG	602	616	15	CATCTGTTTGGGAGAGTAGC	TATGCAAAGCCAACACATAA	298
608	>gi|78750913|gb|DV627316.1|DV627316	tri nucleótido	TAGTAGTAGTAGT	145	157	13	CCTCCAAATTCTAGGGTTCT	ACGCTTTAAGGAAGGAAGTT	298
609	>gi|62949149|gb|DN938890.1|DN938890	penta nucleótido	TTCATTTCATTTCATT	100	115	16	GAACGTTCGATCCATAACAC	ATCTGGGATCACTGTTTGTC	298
610	>gi|62951140|gb|DN940869.1|DN940869	tri nucleótido	AGGAGGAGGAGG	35	46	12	GTGGAGTTGGAGGCGGAG	TATTTAAATCATCGGCCATT	298

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
611	>gi|66838227|gb|DR036332.1|DR036332	tri nucleótido	GTGGTGGTGGTG	602	613	12	TCCATAAACAGGAACCTGAC	GATTAATTACCCACAGCAGC	298
612	>gi|53784186|gb|CV501829.1|CV501829	penta nucleótido	GATCTGATCTGATCT	252	266	15	AGAATGGACTGAATCAATGG	AATGATGAACCGATCCTAAA	299
613	>gi|42509043|gb|CK717329.1|CK717329	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAGC	81	93	13	GAAGACGTCGTGAAGACAC	TGTTTGTTGTTGCTGTTAGC	300
614	>gi|52825775|gb|CV430653.1|CV430653	penta nucleótido	CACAGCACAGCACA	37	50	14	AATGTCGTGAATTAACTAATGG	ATCTTTGTTAGGTTGGCAGA	301
615	>gi|39822246|gb|CK265268.1|CK265268	penta nucleótido	TACATTACATTACAT	73	87	15	ACAGGTGTTCTTGAAAGCAT	ATGAATGAAATTTGGTTTGG	301
616	>gi|62951590|gb|DN941319.1|DN941319	tri nucleótido	TGTTGTTGTTGT	441	452	12	AGTAGAGCTAACAGCAACCG	CAATGTAGGCAGCAGTATCA	301
617	>gi|62951589|gb|DN941318.1|DN941318	tri nucleótido	ACAACAACAACA	189	200	12	CAATGTAGGCAGCAGTATCA	AGTAGAGCTAACAGCAACCG	301
618	>gi|62951558|gb|DN941287.1|DN941287	tri nucleótido	GTAGTAGTAGTA	414	425	12	CCAGTGTATCGAAACTAGGC	CTCCATAGCAGTGTTTCCTC	301
619	>gi|53779705|gb|CV497348.1|CV497348	penta nucleótido	TTTATTTTATTTTATTTTA	114	132	19	GATTAACAACGTCCGTATCG	CAAGCCCTTAGCTTATGTTC	301
620	>gi|62948303|gb|DN938048.1|DN938048	penta nucleótido	ACAATACAATACAA	206	219	14	ATGGCTGAAGTAAGGATGAA	GGGCTTCTAATTGAGGATCT	302
621	>gi|62892208|gb|DN907445.1|DN907445	tri nucleótido	GCAGCAGCAGCA	167	178	12	CAGTTCAAAGTTGTTGAGGG	ATCCAAGGTTCATTTCACAG	302
622	>gi|46470052|gb|CN464326.1|CN464326	di nucleóotido	CTCTCTCTTTCTCTCTCT	37	54	18	CTGCAAGCTTTGATTGAAC	GATAAGCGAGCTGTATGCTT	302
623	>gi|42509931|gb|CK718217.1|CK718217	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGCT	504	516	13	TCTCGAGAAAGCTGAGAAAC	AATATCGTGAAACAAGTCCG	302
624	>gi|62950823|gb|DN940554.1|DN940554	tri nucleótido	AGGAGGAGGAGG	72	83	12	AATCGATCTGATGGAGGAG	TGTTCTTTCTTGGCATCTTT	303
625	>gi|52844010|gb|CV434720.1|CV434720	tetra nucleótido	ACAAACAAACAAA	640	652	13	GAGGAGAAGGAAATGGAAGT	ATTGTGTAATTGGTTCCTGG	304
626	>gi|42508423|gb|CK716709.1|CK716709	tri nucleótido	TCGTCGTCGTCGT	166	178	13	GATGGCAAGAACCAATAAAT	CGAAATAGAGTCCGATTCAG	304
627	>gi|62892301|gb|DN907538.1|DN907538	tri nucleótido	GGCGGCGGCGGC	353	364	12	TAAGAAATGGATTTCCGATG	CTACCAAAGCCTACTACGGA	304
628	>gi|62893047|gb|DN908284.1|DN908284	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	358	369	12	CAGTATAGCTACCCATTGCC	CTTCACCCTTCTTGTTATCG	305
629	>gi|62908546|gb|DN922213.1|DN922213	penta nucleótido	AACAAAACAAAACAA	95	109	15	TACCATTGATGTGGTAAGCA	CTAGCTGCAATAAGAGCCAT	306
630	>gi|62893593|gb|DN908830.1|DN908830	penta nucleótido	ATTATATTATATTAT	486	500	15	AGTTCTTTGAGGCATACCAA	TTCCATTCATGAACCCTATC	307
631	>gi|62909727|gb|DN923394.1|DN923394	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGC	810	821	12	CACAATATCCTCCTGTTGGT	TTCCGGTATTCAGAGAAGAA	307
632	>gi|53701342|gb|CV476566.1|CV476566	penta nucleótido	TTTTGTTTTGTTTTG	259	273	15	AACCTTCAAATCATCCTCCT	GGAGCTAATAGGGTCTGGTT	308

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
633	>gi|54647760|gb|CV651430.1|CV651430	tri nucleótido	CACCANCANCANCANC	358	373	16	AAGCAGTACGGAACTTCTCA	ACATCACTGTTAACGAAGCC	308
634	>gi|10448111|gb|BE922035.1|BE922035	tetra nucleótido	ACTCACTCACTCA	202	214	13	CAGAGAGATGAGAGGCAAAT	TTGATGGGTTTAAATGGAAG	308
635	>gi|53781673|gb|CV499316.1|CV499316	tetra nucleótido	TTCTTTCTTTCTT	184	196	13	CCACCTGCTAACTCCTACAG	CTGGTGCATAGGACTAAACC	308
636	>gi|62907991|gb|DN921658.1|DN921658	tri nucleótido	AGCAGCAGCAGC	634	645	12	CCTCCTAACAGGAAGAACCT	ATATCTCGAACTGGGTCTCA	308
637	>gi|39836700|gb|CK279722.1|CK279722	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGAA	366	378	13	CTGATCCAAATCGAAAGAAC	TTTCCTTTGATCTCAGCACT	308
638	>gi|53778005|gb|CV495657.1|CV495657	penta nucleótido	TTTTGTTTTGTTTTG	308	322	15	AGAAGCCATTGACAGGATAA	AGTGCAATAACTAATAAACAACA	309
639	>gi|39815748|gb|CK258768.1|CK258768	penta nucleótido	GGGTTGGGTTGGGTTG	628	643	16	AGAGCTCCAAATTTACCACA	TGTGTACCAGGATGTGTCTG	309
640	>gi|78747034|gb|DV623437.1|DV623437	tri nucleótido	GATGATGATGATG	406	418	13	ATATCAGACTCAGGCGAAGA	TGAATTCTCGCCTTTACATT	309
641	>gi|10447856|gb|BE921780.1|BE921780	penta nucleótido	AAATCAAATCAAAT	243	256	14	ATGTCGAAGAAGAAGTCGAA	GTATCTTGCTGAGGATCTCG	309
642	>gi|39792856|gb|CK245875.1|CK245875	penta nucleótido	TCTCCTCTCCTCTCC	47	61	15	GACGAGAACCAGAGGAGAG	TGTTGCTGATATCGTAGTCG	309
643	>gi|53779766|gb|CV497409.1|CV497409	tetra nucleótido	CAACCAACCAACC	208	220	13	TCATATGAAGATGCCATCAA	AAATTGCATCCGTTTAATGT	309
644	>gi|39836309|gb|CK279331.1|CK279331	tri nucleótido	GATGATGATGATG	218	230	13	ACCACCTGAGACTCAACAAC	CCAAGAGTTCCCTTTATCCT	310
645	>gi|39835223|gb|CK278245.1|CK278245	tri nucleótido	CCACCACCACCAC	520	532	13	CTAGGAACAACACTTCCTGC	AAATGAAGTACATGAAGCCG	310
646	>gi|66836990|gb|DR035097.1|DR035097	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	49	60	12	TCTCATCCTCCTTGAAGAAA	CCACGTATTAGTGCCTTCTC	310
647	>gi|66836991|gb|DR035098.1|DR035098	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	625	636	12	CCACGTATTAGTGCCTTCTC	TCTCATCCTCCTTGAAGAAA	311
648	>gi|62950930|gb|DN940659.1|DN940659	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGA	205	216	12	TCAACATTGAGAAGTTGCAG	CTTCCCGACAACGTAATAAG	311
649	>gi|66837548|gb|DR035654.1|DR035654	tri nucleótido	ATCATCATCATC	301	312	12	AAATAATACTTCCGCGTTCA	GAAGCTGAACTAGCTTTGGA	312
650	>gi|42508152|gb|CK716438.1|CK716438	tri nucleótido	AATAATAATAATA	438	450	13	AAATATACCCTCCAATGGGT	TTCGAAATCTTTCAGCTCTT	312
651	>gi|66837313|gb|DR035419.1|DR035419	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAGA	176	188	13	AGAAGAAGGCTGAGGAAGTT	GTAGCACAAGTCTGACAGCA	312
652	>gi|53782973|gb|CV500616.1|CV500616	penta nucleótido	AAAAGAAAAGAAAA	402	415	14	AGAGAGGAAGGTTGATGGAT	TTTCCTTCTTGGCTTTCTTT	312
653	>gi|62909726|gb|DN923393.1|DN923393	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	44	55	12	AGATTGGTTACCCAGTGATG	CTTTCCTCAGCTCTGATGTC	312
654	>gi|62950418|gb|DN940149.1|DN940149	tri nucleótido	TCATCATCATCA	659	670	12	ATGTCAAGGTGAGGACAATC	CTCATCTTCTTGATGACAGC	312

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
655	>gi|9252022|gb|BE342491.1|BE342491	tri nucleótido	ACCACCACCTCCACCACCA	91	109	19	CTCAAATCAGGAATTAGAAAGG	ATCCAGAAGATTGTGAGGTG	312
656	>gi|66837314|gb|DR035420.1|DR035420	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCTT	390	402	13	GTAGCACAAGTCTGACAGCA	AGAAGAAGGCTGAGGAAGTT	312
657	>gi|62952061|gb|DN941790.1|DN941790	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCT	116	127	12	AAGTTCAGATGCGATGAGAT	ATCTGATCAAATATGGCAGG	313
658	>gi|62891727|gb|DN906964.1|DN906964	tri nucleótido	TCATCATCATCA	285	296	12	ATAGAGCATGGATTCAGCAT	AACTTACCATGATGCTTTGG	313
659	>gi|62952060|gb|DN941789.1|DN941789	tri nucleótido	AGCAGCAGCAGC	301	312	12	ATCTGATCAAATATGGCAGG	AAGTTCAGATGCGATGAGAT	313
660	>gi|62891517|gb|DN906754.1|DN906754	tri nucleótido	TTGTTGTTGTTG	846	857	12	GGATCCACCTGTGAAACTAA	GAAGAGTTATTGCAACTGCC	313
661	>gi|42509907|gb|CK718193.1|CK718193	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTCT	43	55	13	TCACAATAACATAGCAGCTCTC	TCCAACACTACATTCCTTCC	313
662	>gi|62908754|gb|DN922421.1|DN922421	tri nucleótido	TGATGATGATGA	265	276	12	AAGCTGACTTTCAGCACTTC	AGCTTCATCAGGAAAGTTCA	314
663	>gi|10445502|gb|BE919342.1|BE919342	penta nucleótido	AAATGAAATGAAAT	173	186	14	CAAAGTTATTCCATCTCCGT	TGATCCATCATCCTTCTTTC	314
664	>gi|66838067|gb|DR036172.1|DR036172	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCT	370	381	12	CCAAGCTTTAATGGTCAAAC	AAAGAAGGTTCAGTGCAAGA	314
665	>gi|39817106|gb|CK260128.1|CK260128	penta nucleótido	CTTCTCTTCTCTTCTCT	588	604	17	GAAGGAGCAACTTGAAACAC	TTCAAGGACTCCGAAGAATA	314
666	>gi|62949925|gb|DN939666.1|DN939666	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	159	170	12	TAAAGATGTGTGCCTGTCAA	GTGCATTATTGTTTGGGAGT	314
667	>gi|53784035|gb|CV501678.1|CV501678	penta nucleótido	AAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG	100	122	23	TCGTCGTTGCCCTAGTTA	ATTCTGAAGCTTGATGAGGA	314
668	>gi|62949876|gb|DN939617.1|DN939617	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	89	100	12	AGAGAACCTTCCGATTCAA	AACATTAACCTCCCTTAGGC	315
669	>gi|62892014|gb|DN907251.1|DN907251	tri nucleótido	AGCAGCAGCAGC	504	515	12	CACAAAGCTCTTCAGAATCC	ATGGGTATCTGAAATTCGTG	315
670	>gi|62950333|gb|DN940068.1|DN940068	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCT	204	215	12	CAGGTTCTTTCTCAGTTTGG	TCCAAAGCTAGTTTCTGCTC	315
671	>gi|66836218|gb|DR034326.1|DR034326	tri nucleótido	CTCCTCCTCCTC	489	500	12	CTCTTCCTGCATAGCTCCTA	GAATTTCTCCTGATTTGACG	315
672	>gi|42508258|gb|CK716544.1|CK716544	tri nucleótido	TAATAATAATAAT	232	244	13	TCTCTCTCTCTCCCAAACAA	CGAGGTGTAGAGAAAGTGCT	315
673	>gi|53699540|gb|CV474764.1|CV474764	penta nucleótido	TGATCTGATCTGAT	147	160	14	AGTTGGTGGTGCTACTGGT	ACATCAGGAGCTATATGCGT	316
674	>gi|8070160|gb|AW906029.1|AW906029	tri nucleótido	TAGTAGTAGTAGT	183	195	13	CCTCCAAATTTCTAGGGTTT	ACGCTTTAAGGAAGGAAGTT	316
675	>gi|10447955|gb|BE921879.1|BE921879	tri nucleótido	TGATGATGATGA	224	235	12	CTTCTTCTTCTTCCCTCCAT	AAAGGCAAATTACCAACAAA	316
676	>gi|53700854|gb|CV476078.1|CV476078	tetra nucleótido	TTTGTTTGTTTGT	475	487	13	CTTCCAACAGCTAATTCACC	AACACGAATGACAATCAATG	317

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
677	>gi|39816269|gb|CK259289.1|CK259289	penta nucleótido	CTTCGCTTCGCTTC	502	515	14	GTCAGGGAGCGTGAGATAC	GTCCGGAGAAAGAACTCG	317
678	>gi|39816270|gb|CK259290.1|CK259290	penta nucleótido	GAAGCGAAGCGAAG	169	182	14	GTCCGGAGAAAGAACTCG	GTCAGGGAGCGTGAGATAC	317
679	>gi|12587888|gb|BG097853.1|BG097853	di nucleóotido	TGTGTGTGTGCTGTGTGT	233	250	18	AATCATCGATTGTCAGGTTC	AAATTACACAACGTTGGACC	318
680	>gi|66835920|gb|DR034029.1|DR034029	tri nucleótido	CATCATCATCAT	476	487	12	AGCCACATAAGACCTTTGAA	CTTGTGTAGCTAACAGGGCT	318
681	>gi|21919689|gb|BQ119814.2|BQ119814	tri nucleótido	GAAGAAGAAAAGAAGAAG	208	225	18	CCCACTAGTGTCATTGTCCT	TTGAATAATAGTGGCAGCCT	318
682	>gi|62949855|gb|DN939596.1|DN939596	tri nucleótido	ATCATCATCATC	482	493	12	GTCGGGTGTAGCTTGTTTAG	AGTTAAACCCTGAATGCAAA	318
683	>gi|78747417|gb|DV623820.1|DV623820	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAGC	147	159	13	TAACTTTGGTGTTGCCTCTT	TCACCAGATCCAGATTTACC	318
684	>gi|62951994|gb|DN941723.1|DN941723	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	64	75	12	CCCATCTCTCATTTCACTCT	CAATCAACACGAACAACAAC	319
685	>gi|62909748|gb|DN923415.1|DN923415	tri nucleótido	ATTATTATTATT	230	241	12	CTCGCCTTTCTCCCTATATT	ATGTTTCGCCAACTTGTACT	319
686	>gi|62950446|gb|DN940177.1|DN940177	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTG	752	763	12	GAAGGAAGGTAGGATTGACC	TTTGTTGTGCGTCTTTCC	319
687	>gi|62949513|gb|DN939254.1|DN939254	penta nucleótido	AAGAAAAGAAAAGAAAA	117	133	17	TATCCTTTCCTCCTTCACAA	GTACTGGGTCTGTCAAGTGG	319
688	>gi|39818552|gb|CK261574.1|CK261574	penta nucleótido	TTAATTTAATTTAA	308	321	14	CCAATATTATTCCGCACTTC	GCAACTTTAGAAGGCTGATG	320
689	>gi|39835270|gb|CK278292.1|CK278292	tri nucleótido	AACAACAACAACA	431	443	13	GCTGGATTAAAGTGTCCAAG	TGCTCATGAGAGAAGTGATG	320
690	>gi|66839786|gb|DR037891.1|DR037891	tri nucleótido	CTCCTCCTCCTCC	43	55	13	GGCCATTAACACTGAATGTA	ACTGATTCAATCCAAACCAG	320
691	>gi|62950447|gb|DN940178.1|DN940178	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAG	213	224	12	GTTCGTTGTGCGTCTCTC	GAAGGAAGGTAGGATTGACC	320
692	>gi|45240779|gb|CK852179.1|CK852179	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTCT	49	61	13	TCCACTCACAATAACATAGCA	TCCAACACTACATTCCTTCC	320
693	>gi|53779207|gb|CV496850.1|CV496850	penta nucleótido	TATGTTATGTTATGTT	518	533	16	AGTGTCGCTTGATTGAGTCT	AATTTATTAAGAAAGCCATGC	321
694	>gi|78750760|gb|DV627163.1|DV627163	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGGT	108	120	13	CTCAATCCACCTCTTCCTC	GATCTGAACCCGAATAATCA	322
695	>gi|66837647|gb|DR035752.1|DR035752	tri nucleótido	TCATCATCATCA	231	242	12	AAACATTCAGAAAGGATTGC	CGTCTTAGCCTTTACAGCAT	323
696	>gi|62907628|gb|DN921295.1|DN921295	penta nucleótido	AATAAAATAAAATAAAATAA	67	86	20	AAATTACAGTGGCAAAGGG	CTACAGAATGGTTTGGAAGC	323
697	>gi|10445700|gb|BE919624.1|BE919624	tetra nucleótido	ACATACATACATA	59	71	13	AAGCCGCTTTACATCATTA	GTGGTTCCTCCAGCATATTA	323
698	>gi|39809057|gb|CK253787.1|CK253787	penta nucleótido	ACCACACCACACCAC	445	459	15	TTGCTTTAACTTTCTCTGGC	GGTGTGTCTCAAGGCTAAAG	323

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
699	>gi|10449300|gb|BE923224.1|BE923224	tri nucleótido	CTCCTCCTCCTC	98	109	12	GCATTGACTTCTCTTCGTCT	ATATCCTTTGGCCTTAAACC	323
700	>gi|39815311|gb|CK258331.1|CK258331	penta nucleótido	GTGGTGTGGTGTGG	581	594	14	GGTGTGTCTCAAGGCTAAAG	TTGCTTTAACTTTCTCTGGC	323
701	>gi|66837881|gb|DR035986.1|DR035986	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAG	520	531	12	AAACAAATCCGATGAGAATG	CCTCGATTCCTAACACTACG	324
702	>gi|53776085|gb|CV493737.1|CV493737	penta nucleótido	TCTTTTCTTTTCTT	71	84	14	CACTTTGGGTCAAGATTCAT	GTCCTTCACAACCTATCCAA	324
703	>gi|62948416|gb|DN938161.1|DN938161	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	709	720	12	GGAAAGCATTCTGAGTCAAG	GTTCGGTTACTCCCTTCTTT	324
704	>gi|39815321|gb|CK258341.1|CK258341	penta nucleótido	TGTGGTGTGGTGTGGTGTGG	309	328	20	ATACTACAGGAACGGCTGAA	AGTGGTCAAGTAAGTGGTGG	325
705	>gi|10446379|gb|BE920303.1|BE920303	penta nucleótido	TTCTTTTCTTTTCT	50	63	14	CCACCCACCCTAATACCC	GGAACATTACGGATCAAAGA	325
706	>gi|62949367|gb|DN939108.1|DN939108	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGA	311	322	12	TGAAGAAACAGAGGAAGGAA	CGAATACGTTTGTACAGCAA	325
707	>gi|39821824|gb|CK264846.1|CK264846	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAAT	112	126	15	AAGGCTAGAAGAATATTGAAA	AATTAGCCATCAATGTCACC	326
708	>gi|62909749|gb|DN923416.1|DN923416	tri nucleótido	AATAATAATAAT	609	620	12	ATGTTTCGCCAACTTGTACT	CTCGCCTTTCTCCCTATATT	326
709	>gi|62893835|gb|DN909072.1|DN909072	tri nucleótido	AATAATAATAAT	631	642	12	CCCTCATTTAGAAATCCCTT	GCCAGATAACCAAGTGTGAT	326
710	>gi|53776601|gb|CV494253.1|CV494253	penta nucleótido	TAAAATAAAATAAA	448	461	14	GAGAACCTTGGGTATGTTGA	GGTTGTCATGTCTATCGGTT	326
711	>gi|66836679|gb|DR034786.1|DR034786	tri nucleótido	AACAACAACAAC	161	172	12	TATAGGAATTGCAGGGTCAC	TTTCCAGGAATCGAAGATTA	326
712	>gi|62907312|gb|DN920979.1|DN920979	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTG	181	192	12	TCGATCCTGATAGATCTGTTG	ATGTAGGCGGTAAGTTTCAA	326
713	>gi|45239869|gb|CK851259.1|CK851259	tri nucleótido	GTAGTAGTAGTAG	258	270	13	GAAGGAGGAGATGATGATGA	AAGAAGTTCATTTGGTCTGC	327
714	>gi|62950679|gb|DN940410.1|DN940410	tri nucleótido	GCGGCGGCGGCG	64	75	12	AATTCTCGATCAACGGACTA	ATAGCGTTTCACATTCTCGT	328
715	>gi|62949398|gb|DN939139.1|DN939139	tri nucleótido	AACAACAACAAC	568	579	12	GATGAAAGACCTTTGTTTGC	AAGTTTGAGGGAACATGAGA	328
716	>gi|45240452|gb|CK851842.1|CK851842	tri nucleótido	GCCGCCGCCGCCG	93	105	13	GCGATAAGTCAGCAGGAGT	TTATGATGAGGTCTGGCTTT	328
717	>gi|10445631|gb|BE919555.1|BE919555	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAG	211	222	12	GTCCTTTCAAGTTGTGAAGC	CCTGAAGAAGATACAGTGCC	328
718	>gi|62892076|gb|DN907313.1|DN907313	tri nucleótido	GGTGGTGGTGGT	364	375	12	ACTCACAGAAGCGTGAGATT	ACCAGTACCTTCACAACCAG	329
719	>gi|78749629|gb|DV626032.1|DV626032	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAGC	131	143	13	CTAGCAGCCAGCAGTCAG	TCCGTAGAATCAGCCATACT	329
720	>gi|39836699|gb|CK279721.1|CK279721	tri nucleótido	TTGTTGTTGTTGT	440	452	13	ACAACGGACACTCAAATACC	TTTGAGACTTTCCAATGCTT	330

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
721	>gi|52827065|gb|CV431943.1|CV431943	tetra nucleótido	ATCGATCGATCGA	466	478	13	AGCATGTACTTGCCTCAAAT	CAACCACCAAGGTTCATTAC	330
722	>gi|53782618|gb|CV500261.1|CV500261	tetra nucleótido	GAGGGAGGGAGGG	110	122	13	CACATGAATGGATAATCGAA	CGCCAGATATTATTCTCCAG	330
723	>gi|10448008|gb|BE921932.1|BE921932	tri nucleótido	TCCTCCTCCTCC	43	54	12	CTAAGGCTACCCGCTCTC	TATCGCTTCCCATATAGCAT	330
724	>gi|62950991|gb|DN940720.1|DN940720	tri nucleótido	CACCACCACCAC	492	503	12	CCTATTGCAACCATTACCAT	AAATGAAGTACATGAAGCCG	331
725	>gi|66837373|gb|DR035479.1|DR035479	tri nucleótido	CCACCACCACCA	54	65	12	TCAAACTCTGCAAGACTCAA	ATAAGGAAACAGGCTCAACA	331
726	>gi|52568578|gb|CV286893.1|CV286893	penta nucleótido	TGAGCTGAGCTGAG	603	616	14	TGTGAGTGTTGCTGAAAGAG	CATACCAGGTGAAAGTCTGG	332
727	>gi|39836156|gb|CK279178.1|CK279178	tri nucleótido	CACCACCACCACC	269	281	13	GAGCCATACTATCCTCCACA	GACTTGTAAACTGGAGTCGG	332
728	>gi|45240111|gb|CK851501.1|CK851501	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAGC	213	225	13	GCTAGCAAACGAAACCTAAA	TTTCTTGATGATTCCATCGT	332
729	>gi|45240617|gb|CK852013.1|CK852013	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCTG	105	117	13	AAGTGCTGCTCTCTTGGAT	CCTGTTCTGAGAGTTCCTTG	333
730	>gi|62948235|gb|DN937980.1|DN937980	tri nucleótido	CCACCACCACCA	261	272	12	AGTCACCACCGAAGTCATAC	GGGACTTATAAACGGGAGTT	333
731	>gi|78750197|gb|DV626600.1|DV626600	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAAG	586	598	13	CAAATCCTAAGGTACCACCA	CACTCAAGATAACCGAGGAG	333
732	>gi|62909729|gb|DN923396.1|DN923396	tri nucleótido	ATCATCATCATC	521	532	12	CAGAAAGTTTGCTTTCCAAC	GCCAGGCATATAATCTATCG	333
733	>gi|42511197|gb|CK719483.1|CK719483	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCTG	103	115	13	GAAAGTGCTGCTCTCTTGAT	CCTGTTCTGAGAGTTCCTTG	333
734	>gi|62893884|gb|DN909121.1|DN909121	penta nucleótido	TTCTTTTCTTTTCT	376	389	14	GTTTATACCAATGCCACCAT	ATTATCCATGTTTGGAGTGC	333
735	>gi|62950853|gb|DN940582.1|DN940582	tri nucleótido	AGGAGGAGGAGG	54	65	12	TAGATGGAGGAGGAGAAACA	TTAGAAGAGGTGGTGGTGAC	333
736	>gi|66838615|gb|DR036720.1|DR036720	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCT	321	332	12	AATCCCAAATGCATAGACAC	AGCAGATATGGATATGGGTG	334
737	>gi|66838614|gb|DR036719.1|DR036719	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGA	293	304	12	AGCAGATATGGATATGGGTG	AATCCCAAATGCATAGACAC	334
738	>gi|39836599|gb|CK279621.1|CK279621	tri nucleótido	CTCCTCCTCCTCC	377	389	13	ATTATCACCACAAGCTCCAC	TGCTGTTCACAGTGATTCAT	334
739	>gi|62951713|gb|DN941442.1|DN941442	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	197	208	12	CCTGATCTTGAGAAACAAGC	CTGTATAGTTTGCGTCCTCC	334
740	>gi|78748057|gb|DV624460.1|DV624460	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTTC	381	393	13	CGACCGATCTAGAATAAGGA	TTTAGTCTTGCCGAATTGAT	334
741	>gi|78749031|gb|DV625434.1|DV625434	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCTG	441	453	13	CTGGTTAGATCTTTCGCATC	AGTTCAAGTGTCACGGAATC	334
742	>gi|53778076|gb|CV495728.1|CV495728	penta nucleótido	TAAATTAAATTAAA	163	176	14	GTACTGGATGCTCCACAAAT	CATAACTTGCCACTTTCTCC	334

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
743	>gi|66836543|gb|DR034651.1|DR034651	tri nucleótido	GTTGTTGTTGTT	516	527	12	ATCTCTTCGTCTTGCTTCTG	GTACCAATCTCATCACCGAC	335
744	>gi|62908699|gb|DN922366.1|DN922366	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	245	256	12	CTGGATGGATTTCAGTGAGT	TCATATCAATGATGCAGCTC	335
745	>gi|62908700|gb|DN922367.1|DN922367	tri nucleótido	CCACCACCACCA	191	202	12	TCATATCAATGATGCAGCTC	CTGGATGGATTTCAGTGAGT	335
746	>gi|62908819|gb|DN922486.1|DN922486	penta nucleótido	AAAAGAAAAGAAAA	560	573	14	GACTGATGAAGAATCCGTGT	GTTCTTCTGGGTCTCTCCTT	336
747	>gi|62907683|gb|DN921350.1|DN921350	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCT	204	215	12	GCGGGAGACCTAGAAAGTAT	TACTTCCTCCAGATGTTGCT	336
748	>gi|66839638|gb|DR037743.1|DR037743	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCTT	491	503	13	TAGGCTTCTTATTGTAGCGG	ATTCAAGAGAAACAATGGCA	336
749	>gi|78747925|gb|DV624328.1|DV624328	tri nucleótido	TGATGATGATGAT	149	161	13	ACACCATGAAGATGGAGAAA	AAGAAACTATCCGATGCAAA	337
750	>gi|66836122|gb|DR034231.1|DR034231	tri nucleótido	TCCTCCTCCTCC	442	453	12	ATGGAATATCACCCATACCA	TTATCGTTGACTGGAGCTTT	337
751	>gi|39792689|gb|CK245791.1|CK245791	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTTAT	802	817	16	TGTCAGCCTTCCTAGATGTT	TCATGGAGAGGGTACTTGTT	337
752	>gi|45239533|gb|CK850923.1|CK850923	tri nucleótido	GTGGTGGTGGTGG	360	372	13	TAGCTAAGGAGTTGGCTGAG	GAGTATCTACCACCACCACG	337
753	>gi|53783937|gb|CV501580.1|CV501580	penta nucleótido	AAAACAAAACAAAA	184	197	14	AAACACTCACTAAATATTCCAA	AAGATCTTCGTTGTTGCAGT	338
754	>gi|78749354|gb|DV625757.1|DV625757	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCTG	657	669	13	AATCAATTCCGATGTACTGG	ACGGAATCATCAGAATCAAG	338
755	>gi|10447223|gb|BE921147.1|BE921147	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	389	400	12	ATCATCAGGTACCGTTTCAG	GAGTCCATGAAGATCCAGAA	338
756	>gi|39834689|gb|CK277711.1|CK277711	tri nucleótido	GGTGGTGGTGGTG	304	316	13	ATGTCCAATTAACTCATGCC	ATAAGGTGAAGGAGGGTTGT	338
757	>gi|62891212|gb|DN906449.1|DN906449	tri nucleótido	TTATTATTATTA	294	305	12	CAAACCTCAAATGAACTTCC	CAGAATCTTCATAAATCGGG	338
758	>gi|52826882|gb|CV431760.1|CV431760	penta nucleótido	AAGCAAAGCAAAGC	183	196	14	AGTTTATCCAACCAACCCTT	GCCAATTTAAATCTCGTTTG	339
759	>gi|62891825|gb|DN907062.1|DN907062	tri nucleótido	TGATGATGATGA	357	368	12	ATGAACTCCATTGCCATAAG	TTTGGCAATTCAGAAGAAGT	339
760	>gi|62893594|gb|DN908831.1|DN908831	penta nucleótido	ATAATATAATATAAT	218	232	15	CAAGAATAGAGAGGAAGGCA	CATGGTGCAACATTTGATAG	339
761	>gi|53702101|gb|CV477325.1|CV477325	penta nucleótido	ATTATATTATATTAT	481	495	15	CATGGTGCAACATTTGATAG	CAAGAATAGAGAGGAAGGCA	339
762	>gi|53784762|gb|CV502405.1|CV502405	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAA	129	142	14	TCAACTACAAATCAACCCAA	CTAGAACATCATCAGCGACA	339
763	>gi|10449943|gb|BE923867.1|BE923867	tri nucleótido	AATAATAATAAT	327	338	12	TCATGTCGTGTGGAGTTCTA	TGGGTACTTTGACATGATGA	339
764	>gi|62907979|gb|DN921646.1|DN921646	tri nucleótido	TTATTATTATTA	342	353	12	CACCAACCTTAAAGACTCCA	TGGGTAGGGTACAGGTAAGA	340

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
765	>gi|62909702|gb|DN923369.1|DN923369	tri nucleótido	TTGTTGTTGTTG	295	306	12	CGGTGTTGTCTTATGTGTTG	TGACTCTGATGGCCACTTAT	340
766	>gi|39818419|gb|CK261441.1|CK261441	penta nucleótido	ACATTACATTACAT	49	62	14	GCAATAAAGCCAATGCATAC	AGATGACACGTGAAGGATTC	340
767	>gi|39817836|gb|CK260858.1|CK260858	penta nucleótido	TCTAATCTAATCTAAT	357	372	16	ACGTACTTTCCTTGCACAAT	ACGGTGAGAGTGAAGAGAGA	341
768	>gi|39800363|gb|CK249342.1|CK249342	penta nucleótido	AAAAGAAAAGAAAA	121	134	14	TTTGCAAGTCTGCGGAAA	GTTCACATCTTCTCGTGGAT	341
769	>gi|66837667|gb|DR035772.1|DR035772	tri nucleótido	TGATGATGATGA	422	433	12	AATGTTGTTGCTCTAGCCAT	CATGCAGCAATAGAAGTGAA	342
770	>gi|66838686|gb|DR036791.1|DR036791	tri nucleótido	ATTATTATTATT	347	358	12	AGGACCAAATGTCTTCAATG	AGAGAATTCAAGCATCCAAA	342
771	>gi|39807403|gb|CK252944.1|CK252944	penta nucleótido	TAACTTAACTTAAC	184	197	14	AAACCTTACTGCCTTTGTTG	ACAAGTGAAGGCAAGACAAT	342
772	>gi|62949865|gb|DN939606.1|DN939606	tri nucleótido	CCACCACCACCA	483	494	12	ATTGGTTGAATTGGAATTTG	TAATTTGTCCAAAGAAAGGC	342
773	>gi|62893269|gb|DN908506.1|DN908506	tri nucleótido	CCACCACCACCA	339	350	12	CAACCGATAATCCAATGTTT	CTGCTCTTGCTTCTGACTCT	342
774	>gi|62891974|gb|DN907211.1|DN907211	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	315	326	12	CGGTCTAGGACAAATAAACG	TCTACTCCCTTCTGCATTGT	342
775	>gi|39821811|gb|CK264833.1|CK264833	penta nucleótido	AAATTAAATTAAATT	205	219	15	CGTGACTGATATGTCTTCCA	GTGGCTGATACCGATAGTGT	342
776	>gi|62893268|gb|DN908505.1|DN908505	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	252	263	12	CTGCTCTTGCTTCTGACTCT	CAACCGATAATCCAATGTTT	342
777	>gi|62908764|gb|DN922431.1|DN922431	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCT	229	240	12	CTGAATGGAGTGGACCTAAA	AACATTGAACCAACTGAACC	343
778	>gi|39814998|gb|CK258018.1|CK258018	penta nucleótido	TTTGTTTTGTTTTGTT	439	454	16	GTTCCCGTCCTATATCCTTT	CAAACACAACAAATAAGGCA	343
779	>gi|10449466|gb|BE923390.1|BE923390	tri nucleótido	CCACCACCACCA	165	176	12	TCTGTCACTCCATTTCTTCC	CTCATCCATGAAACAGGACT	343
780	>gi|78746970|gb|DV623373.1|DV623373	tri nucleótido	CCGCCGCCGCCGC	216	228	13	AACTTCAGAGGAAGCAGACA	CGTTAAGAACACAAAGACCC	344
781	>gi|62948235|gb|DN937980.1|DN937980	tri nucleótido	CCACCACCACCA	360	371	12	ACCAACACCATACCATCCTA	GTGTCGGTGGAGACTTGTAT	344
782	>gi|39817285|gb|CK260307.1|CK260307	penta nucleótido	TACATTACATTACA	143	156	14	TCCGCTCAAGTAAGTCAAAT	GTTATGGGTGATAATCGGAA	344
783	>gi|39836420|gb|CK279442.1|CK279442	tri nucleótido	TCGTCGTCGTCGT	99	111	13	ACCTCCCTTAACTTTAACGAC	AGGAGATGATGAAAGTGTGG	345
784	>gi|39835890|gb|CK278912.1|CK278912	di nucleóotido	CTCTCTCTTTCTCTCTCT	28	45	18	ACCTCTTTGATTGAACCC	GTTAGCTTGGTATGGAGCAC	345
785	>gi|53780684|gb|CV498327.1|CV498327	tetra nucleótido	TTTCTTTCTTTCT	565	577	13	AGGGATTCTAACCCAATCAT	CGTTTCCCTTGAATTACTCTT	345
786	>gi|53776506|gb|CV494158.1|CV494158	penta nucleótido	CTTTTCTTTTCTTT	493	506	14	GCATGAATTCGTTAGTTTCC	AGGCTGCTAGACACGAGTAG	345

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
787	>gi|66838966|gb|DR037071.1|DR037071	tri nucleótido	GCGGCGGCGGCGG	560	572	13	GCCACTGTTGCTAATCTAGG	ATCAACACTCAACTTCCGTC	345
788	>gi|78747757|gb|DV624160.1|DV624160	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGCT	576	588	13	TGAACATCATGAACAATTCG	CGCTTGATCCTCTTATCATC	345
789	>gi|62907279|gb|DN920946.1|DN920946	tri nucleótido	TGATGATGAGGATGATGAT	495	513	19	GTCCGCAACATTATAACCAT	TCTTTGGTCTCAGCCATAAC	346
790	>gi|9562103|gb|BE471612.1|BE471612	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAGGAAGAAG	289	307	19	TACGCAGAACTCAACACTTG	TCTCGATCTTTCTTCTTTCG	347
791	>gi|10446018|gb|BE919942.1|BE919942	tri nucleótido	AATAATAATAAT	94	105	12	ATGATGAGTTATCGGAGTCG	AGGAAGAGAGCAACAGAACA	348
792	>gi|53785065|gb|CV502708.1|CV502708	tetra nucleótido	CCTTCCTTCCTTC	821	833	13	CACCAATGTATTGAGACCCT	GGATTCCTGAGATGATTTGA	348
793	>gi|66837300|gb|DR035406.1|DR035406	tri nucleótido	CCACCACCACCA	343	354	12	AATCGAAGTGTTATAGCCCA	TAGGCTTGTAAGTAGGTGGC	349
794	>gi|62908156|gb|DN921823.1|DN921823	penta nucleótido	CCAGTCCAGTCCAG	119	132	14	CACTTCCCTTCCCACTTC	CTTTCACCAATGGTCTTGAT	349
795	>gi|52844623|gb|CV435333.1|CV435333	tetra nucleótido	AAACAANCAAACAA	438	451	14	CAGAAACAACCTCCGACTAC	ATAAATCATAACAATGGCCG	349
796	>gi|53698101|gb|CV473325.1|CV473325	penta nucleótido	TAATCTAATCTAATC	346	360	15	TCGTCCTATGTATGATGCTG	TAATCCTAGCGTCATGGTTT	349
797	>gi|10447089|gb|BE921013.1|BE921013	tetra nucleótido	TTGGTTGGTTGGT	571	583	13	GCAATAATACTTGCTTCGCT	ACCAAATGGATCATCTGAAT	350
798	>gi|9252685|gb|BE343153.1|BE343153	penta nucleótido	TTTCTTTTCTTTTCTTTT	64	81	18	GGTTCTAATTGTTGAAGGCA	GTCGTACAAATTAGGCCAAG	350
799	>gi|53702809|gb|CV478033.1|CV478033	penta nucleótido	AAAACAAAACAAAA	487	500	14	AAAGCCAGAACAGTTAGCAC	AGAGTGCTCTGGTTTGTGTT	351
800	>gi|62950149|gb|DN939890.1|DN939890	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	500	511	12	AGAAGATGAAACGAGCTGAG	CCTGCTCAATATTTCCTTTG	351
801	>gi|53774718|gb|CV492370.1|CV492370	penta nucleótido	AGTAAAGTAAAGTAAA	235	250	16	ATGGGTAAGACGTTGTATCG	AAAGCTGACAAGCAGATGAT	351
802	>gi|62949531|gb|DN939272.1|DN939272	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTG	391	402	12	CACCAGGTACGGTTCTAAAG	CAGCAGCAGAAATCAACATA	351
803	>gi|62951519|gb|DN941248.1|DN941248	tri nucleótido	GGTGGTGGTGGT	97	108	12	GAGGTTCAGGAGGAGGTACT	GGTAAGAGCAAATGGTGATT	351
804	>gi|62950594|gb|DN940325.1|DN940325	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	237	248	12	GATCGTGGTTTGTTTGATTT	TTCTCCTCTGTTTCCTCGTA	351
805	>gi|53781402|gb|CV499045.1|CV499045	penta nucleótido	ACCCTACCCTACCC	180	193	14	GTTCCACTTATGTCCCATGT	GTTGAGTAACAAGCTGAGGG	351
806	>gi|53775618|gb|CV493270.1|CV493270	penta nucleótido	TTTTCTTTTCTTTT	434	447	14	ACAGGATGTCCAATCAGAAG	TGCAGTACATGGGATAACAA	352
807	>gi|53695433|gb|CV470657.1|CV470657	penta nucleótido	ATACAATACAATACAAT	48	64	17	ACTCGAACTTCATTTATTCCT	TGCTAGATGCAACTGTGTTC	352
808	>gi|39820528|gb|CK263550.1|CK263550	penta nucleótido	TTTAATTTAATTTA	179	192	14	CACCATAATGATAGCCTGGT	ACGTCAAATATTGATCACCC	352

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
809	>gi|10447504|gb|BE921332.1|BE921332	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	74	85	12	CTCTCTCTTCACCTAACCGA	CCTTCTTAATTGCCACAGTC	352
810	>gi|53776517|gb|CV494169.1|CV494169	penta nucleótido	TATGTTATGTTATGTT	302	317	16	GAACCATAGGCAAGCAATAC	ATTTATTGAGAAAGCCATGC	352
811	>gi|39836156|gb|CK279178.1|CK279178	tri nucleótido	CACCACCACCACC	185	197	13	GTCACTTAGCTTAGCTTCCG	GTATACTGGTGCAGGATGGT	352
812	>gi|53700337|gb|CV475561.1|CV475561	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAA	188	201	14	TATGATTGCACGCATTTAAG	GCTTTGTTGAAGACTGATCC	352
813	>gi|52844131|gb|CV434841.1|CV434841	penta nucleótido	GTACCGTACCGTAC	116	129	14	AAACTATCCGATCTGCTTCA	TCTTCACCTTCATCTCCATC	353
814	>gi|39815500|gb|CK258520.1|CK258520	penta nucleótido	AATAAAATAAAATA	60	73	14	CCCAAGTTATTTCATATAGAGAG	TCCCTATCCCTTTCTTTCTC	353
815	>gi|66837232|gb|DR035338.1|DR035338	tri nucleótido	GGTGGTGGTGGTG	374	386	13	CTCCGTTTCTTCAATTTCTG	CCAGTCCAGATGGTATAGGA	353
816	>gi|53783092|gb|CV500735.1|CV500735	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTT	476	489	14	GCTGACTTTCCAACAAGTTC	AACAAAGCCCATAAGAACAA	353
817	>gi|62948510|gb|DN938255.1|DN938255	tri nucleótido	CCTCCTCCTCCT	282	293	12	GGGAGGAAGAAGATGGTATC	ACCTCCCAATCAAGGTAGTT	353
818	>gi|62907512|gb|DN921179.1|DN921179	di nucleóotido	TATATATATANA	278	289	12	TACGTCTCACACACCTCTCA	CTTTACAGGGAGACACACCT	353
819	>gi|53777622|gb|CV495274.1|CV495274	tetra nucleótido	AGTTAGTTAGTTA	326	338	13	TAGCTCACAACCCTGTTCTT	AAGATGATTCTAGAAGATGGAAA	353
820	>gi|42510075|gb|CK718361.1|CK718361	di nucleóotido	CTCTCTCTTTCTCTCTCT	32	49	18	CTACCTCTTTGATTGAACCC	TATTGATTTGCCCAGAAAGT	354
821	>gi|45241747|gb|CK853147.1|CK853147	tri nucleótido	CCACCACCACCAC	262	274	13	GCCTGAGTATCTACCACCAC	TTAGCTAGGATTGGCTTGAG	354
822	>gi|53702049|gb|CV477273.1|CV477273	tetra nucleótido	ATTAATTAATTAA	274	286	13	GGAGAGAAGATCCACCTCTT	CAGATGCATCAATTCTGTTG	354
823	>gi|10446374|gb|BE920298.1|BE920298	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	111	122	12	TCCCTGAAGAAGAACAGAAA	GGTCATTCATAGCCATTGTT	354
824	>gi|39817288|gb|CK260310.1|CK260310	penta nucleótido	TACATTACATTACA	143	156	14	ACCTTACATCCTCAGCTCAA	GTTATGGGTGATAATCGGAA	355
825	>gi|66838123|gb|DR036228.1|DR036228	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAG	436	447	12	CTGCAGAGACCACCTAAGTC	CATACCCAGATAATCCCAAA	355
826	>gi|42509960|gb|CK718246.1|CK718246	tri nucleótido	GGAGGAGGAGGAG	348	360	13	GAGTGAGAGTTCTGATTCCG	TTTCTCCTCCTCCTCTTCTC	355
827	>gi|66838142|gb|DR036247.1|DR036247	tri nucleótido	AAGAAGAAGATGAAGAAGA	237	255	19	TCCTCCTTCCTCCTCTTATC	CACAAAGGCAAATCCTCTAC	355
828	>gi|39834542|gb|CK277564.1|CK277564	tri nucleótido	CCTCCTCCTCCTC	325	337	13	ATTAACCACAACAACTTGGG	GAATTAGCCCTTGGTCCTAC	356
829	>gi|62952258|gb|DN941987.1|DN941987	tri nucleótido	CCACCACCACCA	57	68	12	AACACCATACCACCCTACAC	CCAAAGAACTTCGTCTTCTG	357
830	>gi|78749551|gb|DV625954.1|DV625954	tri nucleótido	TAATAATAATAAT	120	132	13	ATTCCAGAACTTGCGAATAA	TAGCATCCAATTCTGGAGAC	357

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
831	>gi|78750538|gb|DV626941.1|DV626941	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTTC	349	361	13	GCGAACCACTCAAGATAAAC	GGAAATCCTAAGGTACCACC	357
832	>gi|66838959|gb|DR037064.1|DR037064	tri nucleótido	AATAATAATAAT	72	83	12	TACCTATGCCACAACACAAA	AATTACAAGTGGCAAGGAAA	357
833	>gi|62948417|gb|DN938162.1|DN938162	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	389	400	12	TCTGATGCCTGTCATTATCA	AAAGGAGTAACAGACACGGA	357
834	>gi|66837817|gb|DR035922.1|DR035922	tri nucleótido	CTCCTCCTCCTCC	342	354	13	ATCTCCTCCTCCACCATACT	CATTTGACCATGGAACTCTT	358
835	>gi|10447487|gb|BE921495.1|BE921495	tetra nucleótido	CACCCACCCACCC	347	359	13	CAGAGAGATGACAGGCAAAT	TTTCTGTAGCAAGATCGAAA	358
836	>gi|62949473|gb|DN939214.1|DN939214	tri nucleótido	CACCACCACCAC	444	455	12	CGAGTCAAGGGTACTACTGC	GTGGAAACTGTGGTGGAC	358
837	>gi|62893867|gb|DN909104.1|DN909104	penta nucleótido	AAAAGAAAAGAAAA	582	595	14	GAAGTTGTACTCCCTTGCAG	CGGATGCGTTAAACTATAGAA	358
838	>gi|62907567|gb|DN921234.1|DN921234	penta nucleótido	TATTTTATTTTATTTT	207	222	16	TCTCCTCCTTCTCTCTACCC	CAAGGTTTGATCTTGACCAT	358
839	>gi|53702488|gb|CV477712.1|CV477712	penta nucleótido	AAAACAAAACAAAACAAAA	465	483	19	AAGATAACACCATCAGGCAC	CTACCAGCAACACATTTATGA	359
840	>gi|66836352|gb|DR034460.1|DR034460	tri nucleótido	AGTAGTAGTAGT	790	801	12	CACCACACCACCTCTTCTAT	TATCTCTCTCTGCAGCGGT	359
841	>gi|62891153|gb|DN906390.1|DN906390	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	232	243	12	CTTCCTCTTCATCTCCCTCT	TTCTTTATCCTCGACATCGT	359
842	>gi|53784615|gb|CV502258.1|CV502258	tetra nucleótido	TTTATTTATTTAT	573	585	13	GAAAGACGGATCTGTTGAGA	AACAAGCGTAAATTTCAATG	359
843	>gi|62948849|gb|DN938590.1|DN938590	penta nucleótido	ATGAAATGAAATGA	73	86	14	AGCGCATATCCATAAACAAT	GGAATGATGTTTGGAACCTA	360
844	>gi|10449220|gb|BE923144.1|BE923144	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTT	240	253	14	ATCACCACCCATAAACTGAG	CGGGATTCACACTTTACATC	360
845	>gi|10447542|gb|BE921370.1|BE921370	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	327	338	12	GCATGGGAAATTACTCAAAG	TACAGCCTCAGTTTCCTCAT	360
846	>gi|53701645|gb|CV476869.1|CV476869	tri nucleótido	GCGGCGGCGGNGG	1364	1376	13	GCCCAGGTTAACTACAGAAG	TACCACGCTGGCTTATCTAT	360
847	>gi|62949637|gb|DN939378.1|DN939378	penta nucleótido	GTTTCGTTTCGTTT	171	184	14	CACATCTACCAGCAACACAT	AAGATAACACCATCAGGCAC	361
848	>gi|62949961|gb|DN939702.1|DN939702	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	137	148	12	CCTACTTCCTCCCTTGTTCT	CATCACAAGCCTAACCTTTC	362
849	>gi|39814862|gb|CK257882.1|CK257882	penta nucleótido	TTTTCTTTTCTTTT	53	66	14	AGGACTACCACACCCAATTT	GTTTGGGTTTGGATTTGTT	363
850	>gi|45241672|gb|CK853072.1|CK853072	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGGT	260	272	13	AGGAGATTATGGAGGAGGAG	AACGAATTGAAGCTATTGGA	363
851	>gi|10448673|gb|BE922597.1|BE922597	tetra nucleótido	TTACTTACTTACT	150	162	13	CTTCTTCGTGTTTGGTGATT	TCTGCTCCAATTAAACCACT	363
852	>gi|53776281|gb|CV493933.1|CV493933	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTT	313	326	14	GCTGTCTCACTTTCCTCTTC	CGAAACAGTGACCCTTTCTA	363

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
853	>gi|10445587|gb|BE919511.1|BE919511	tri nucleótido	GCAGCAGCAGCA	167	178	12	TGAACAGAAACCATTGAACA	GTGAGAGCCACTGGTTAGAG	363
854	>gi|39818198|gb|CK261220.1|CK261220	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAA	67	80	14	AAATTGGAGCTTTACAAATTACA	TGGAGAATCTGTGGTAGCTT	364
855	>gi|78746396|gb|DV622799.1|DV622799	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAAG	164	176	13	ATATGATCCTGCAGAAATGG	GTGAGGTCCATCAAGGTTTA	364
856	>gi|66838136|gb|DR036241.1|DR036241	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCT	219	230	12	ATCTTTCACACTCTTAGCCG	AGCTTTGACTTGTCGGAGTA	364
857	>gi|39815979|gb|CK258999.1|CK258999	penta nucleótido	TCTTCTCTTCTCTT	314	327	14	CTTTCCCTCCTCTTTCTCC	CCGGAACTCTTGTTTCTTTA	364
858	>gi|52824519|gb|CV429397.1|CV429397	di nucleóotido	TGTGTGTGTCTGTGTGTG	558	575	18	GAGCTGTACGATTCCTTCAC	ACAACTCTAGAACGAGAGGAAC	364
859	>gi|10445799|gb|BE919723.1|BE919723	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAG	104	115	12	TCAGGTTTCTGGAAGTGAAT	TTTCTGTGAAGTGATGCTTG	364
860	>gi|39835844|gb|CK278866.1|CK278866	tri nucleótido	TCATCATCATCAT	309	321	13	TCATGACTCTAATGCTGCTG	ATGATGACATCTATGGAGCC	364
861	>gi|66837286|gb|DR035392.1|DR035392	tri nucleótido	GAGGAGGAGGAG	767	778	12	TCATTATGTTCCTCCTCCAC	ATTCCAGACATTTGGTGCT	364
862	>gi|42508968|gb|CK717254.1|CK717254	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGCT	335	347	13	TCTAAGCGGCATCTTCTTAC	TTCCGTACTACCTTGGGTTA	364
863	>gi|62892310|gb|DN907547.1|DN907547	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	779	790	12	ACCCATGTACCTTCTTGTTG	TCTTCCTTTGATATTTCCCA	365
864	>gi|53778741|gb|CV496384.1|CV496384	penta nucleótido	TTTTCTTTTCTTTT	316	329	14	CAGACCAGCTTCTACTTTGG	AGCTAGCCTTGAATACCTCA	365
865	>gi|39835916|gb|CK278938.1|CK278938	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCTG	659	671	13	CTGTAGGTCTACTCGCTGCT	CGAAACAGGTATTCTTCCAG	365
866	>gi|10445705|gb|BE919629.1|BE919629	penta nucleótido	TTCATTTCATTTCA	292	305	14	CTTCATGCTCTCTTAGGGAA	CAATGGTATTTGTGCAGATG	365
867	>gi|62892309|gb|DN907546.1|DN907546	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAG	43	54	12	TCTTCCTTTGATATTTCCCA	ACCCATGTACCTTCTTGTTG	365
868	>gi|66837538|gb|DR035644.1|DR035644	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	345	356	12	AATTGCAATGACAGACACAA	AGATGGAAATGGTGAGTGAG	366
869	>gi|66838113|gb|DR036218.1|DR036218	tri nucleótido	TTGTTGTTGTTG	79	90	12	CAAGGAGAAAGATGAAGACG	AATTGGACTTTGCAACAGAG	366
870	>gi|10449066|gb|BE922990.1|BE922990	tri nucleótido	TGGTGGTGGTGG	243	254	12	GGAGATTGGTGATAAGGTGA	TCTTGTTGGCAGTCTCTAGC	366
871	>gi|53783909|gb|CV501552.1|CV501552	tetra nucleótido	TCAATCAATCAAT	373	385	13	AGAAATGGACACTTGGTCAC	GGAAGGTCTACCATCAAACA	367
872	>gi|53702729|gb|CV477953.1|CV477953	tetra nucleótido	TTAATTAATTAAT	451	463	13	TACTGAGAGCAGAAGTGGGT	AGGAAGTTGCACATAATTCAA	367
873	>gi|39823751|gb|CK266773.1|CK266773	tri nucleótido	TCCTCCTCCTCC	202	213	12	AGGCATCAATCAAATCAAAT	GTTGCATTGCTTATTTCCTC	368
874	>gi|62907518|gb|DN921185.1|DN921185	tri nucleótido	CAACAACAACAA	175	186	12	ATTTCATTGAGCAGGAAGAA	CTGAACAGAAAGGACTCTGG	368

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
875	>gi|62909549|gb|DN923216.1|DN923216	penta nucleótido	TTCCCTTCCCTTCC	271	284	14	CGTAAACCCAAACTTCAAAC	GATCATCGGAAACATAATGC	368
876	>gi|66835819|gb|DR033928.1|DR033928	tri nucleótido	GTAGTAGTAGTA	252	263	12	CTCCAAAGAAATATGATGGC	CCATTATCCATTCATCATCC	368
877	>gi|62907519|gb|DN921186.1|DN921186	tri nucleótido	TTGTTGTTGTTG	399	410	12	CTGAACAGAAAGGACTCTGG	ATTTCATTGAGCAGGAAGAA	368
878	>gi|10447018|gb|BE920942.1|BE920942	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	397	408	12	GACTTGCTCATTCTCTCAGC	ACTGCTCAGGTTTAATTGGA	368
879	>gi|45240765|gb|CK852165.1|CK852165	tri nucleótido	ATGATGATGATGA	543	555	13	TAAGGATCCAAACAAGCCTA	TCAAACAAGCCTTACCTGAT	368
880	>gi|10449136|gb|BE923060.1|BE923060	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	269	280	12	TCTTCTTCTTCTCTTCACAACA	CAACTGATTCTCTTCTTGCTG	368
881	>gi|52825454|gb|CV430332.1|CV430332	tetra nucleótido	GTTGGTTGGTTGG	243	255	13	AGGTTGGTTGAAAGGGTAAC	CCAGTAGTCTTGTCCTCAGC	369
882	>gi|62949356|gb|DN939097.1|DN939097	tri nucleótido	GCAGCAGCAGCA	273	284	12	TCATCTTCTTCGTCTTCCTC	GAGGTTGAGCTTTGTTGAAG	369
883	>gi|39834795|gb|CK277817.1|CK277817	tri nucleótido	AGCAGCAGCAGCA	244	256	13	ACTTGCTTGTCTTGGATCAT	CTGAGAAACAGCCCAATATC	370
884	>gi|62949560|gb|DN939301.1|DN939301	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAAT	84	98	15	AGTCTTCCTTCTTCCATTTGT	CTCAAATGTTTGGGAATGTT	370
885	>gi|62893012|gb|DN908249.1|DN908249	tri nucleótido	TTATTATTATTA	493	504	12	ATAATTCACCGAATTTCCAA	CAAAGGTGGAAGGAAAGTAA	370
886	>gi|53781580|gb|CV499223.1|CV499223	penta nucleótido	ATTTGATTTGATTT	559	572	14	GCAGTGTTCTACAGCATCAA	TCCAAAGGGACATTAGAGAA	370
887	>gi|66838685|gb|DR036790.1|DR036790	tri nucleótido	AATAATAATAAT	640	651	12	GCCAGGAAGAACAGATAATG	TTGCTCACTTTGATGACTTG	370
888	>gi|53776849|gb|CV494501.1|CV494501	tetra nucleótido	GCAAGCAAGCAAG	395	407	13	GCTGCTCAACAACGTACATA	CAGTGAAGAACACACACCTG	370
889	>gi|10449586|gb|BE923510.1|BE923510	tri nucleótido	CAACAACAACAA	260	271	12	GGGAATTGGTCAAATTACAA	ACCCTGTACTGGATGTGAGA	371
890	>gi|62951239|gb|DN940968.1|DN940968	tri nucleótido	GGCGGCGGCGGC	404	415	12	GATGCTATTGAAGGGATGAA	GCGACAACAAATCTAATTCC	372
891	>gi|10447740|gb|BE921664.1|BE921664	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	249	260	12	AGCCACAATCTTTGAAGAAA	GCAACAACTCCTTCAAGTTC	373
892	>gi|53696384|gb|CV471608.1|CV471608	penta nucleótido	ATTTCATTTCATTT	208	221	14	ATGTTACTGCTGGACTGCTT	CTACCGTGCCTAATGATTTC	373
893	>gi|53784900|gb|CV502543.1|CV502543	tetra nucleótido	TCTTTCTTTCTTT	50	62	13	GCCACTTCTCTATTTGCATT	CTCAAGTCCCATGACAATCT	373
894	>gi|62908957|gb|DN922624.1|DN922624	penta nucleótido	ACCCGACCCGACCCG	529	543	15	TCAAGAGAGTTCTCCATGCT	CGAGAAGCTTCAACGAGTC	373
895	>gi|9562383|gb|BE471892.1|BE471892	penta nucleótido	ACCCGACCCGACCCGACCCG	68	87	20	CATCTTCGCACTCCATACTT	TGATATTTGCAAGAGCATTG	374
896	>gi|53782034|gb|CV499677.1|CV499677	penta nucleótido	AGAAGAGAAGAGAA	243	256	14	CTTTAATAATCCGATCACCG	GCCCAGTTCACAGACTTTAG	374

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
897	>gi|10446573|gb|BE920497.1|BE920497	tri nucleótido	GCCGCCGCCGCC	134	145	12	TCCAATTCAAATCGTTTCTC	ATAACATCAGGGTGTTGCTC	374
898	>gi|62892812|gb|DN908049.1|DN908049	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	160	171	12	TCGCAAGTCTATCTCTAGCC	AAGCTTTGATCTTGTCGGTA	374
899	>gi|66837203|gb|DR035309.1|DR035309	tri nucleótido	TTGTTGTTGTTGT	459	471	13	AATCTCGTGTCACTCAATCC	CTCCGAGAAATATAACCACG	375
900	>gi|52826963|gb|CV431841.1|CV431841	tetra nucleótido	TTGTTTGTTTGTT	97	109	13	AGCATTTGGTAGTTGAAGATTT	TGAACGTTGAGTGCTTGTAG	375
901	>gi|62948992|gb|DN938733.1|DN938733	tri nucleótido	ACCACCACCACC	384	395	12	AGCCACGAAACACTACAGAT	GATAACGGTGATGGAGACAG	375
902	>gi|62891430|gb|DN906667.1|DN906667	tri nucleótido	AACAACAACAAC	474	485	12	ATCCTCTTCCAAAGGAAGTC	GGTTTATTGGAAATTGCTGA	375
903	>gi|9562041|gb|BE471550.1|BE471550	penta nucleótido	ATCTTATCTTATCT	154	167	14	CTCATCGAAACCCTAAATTG	TTGTCAGTGTGCTTGACATT	375
904	>gi|66836349|gb|DR034457.1|DR034457	tri nucleótido	TAGTAGTAGTAG	495	506	12	CTTCGAAAGAATCGAAGAGA	CATCTTCCTGTTCACATCCT	375
905	>gi|62948761|gb|DN938502.1|DN938502	tri nucleótido	CCACCACCACCA	612	623	12	TAGAAGAAACCGACAACTGC	ATGGTTTACCGATATGTTGC	375
906	>gi|42511753|gb|CK720039.1|CK720039	tri nucleótido	GATGATGATGATG	467	479	13	AGAGCACGTTGAAACAGAAT	AAGTTCAACGAAACCTTCAG	376
907	>gi|53697796|gb|CV473020.1|CV473020	tetra nucleótido	ATTTATTTATTTA	70	82	13	GCATAGCGAGAGCTTTAGTG	GTATTCGACAGGTGGAGAAG	376
908	>gi|62891366|gb|DN906603.1|DN906603	tri nucleótido	TTGTTGTTGTTG	195	206	12	ACACCTCTTTAGATCTCTGGTT	AGACGATCCTCATCTGTGTC	377
909	>gi|62893493|gb|DN908730.1|DN908730	tri nucleótido	CAACAACAACAA	199	210	12	GACTTACTGAACGGAACTCG	CGAGGTAGTGGTAAGGTCTG	377
910	>gi|66837611|gb|DR035717.1|DR035717	tri nucleótido	GCTGCTGCTCCTGCTGCTG	400	418	19	GATCACTGTTTCGGATGATT	CATGGCAAGATTTCCTAGAG	377
911	>gi|78747896|gb|DV624299.1|DV624299	tri nucleótido	CAGCAGCAGCAGC	633	645	13	GTGAAGTTTGTGAAAGGAGC	GAGCAAATGAAGGAACTTTG	377
912	>gi|78747188|gb|DV623591.1|DV623591	tri nucleótido	GGTGGTGGTGGTG	442	454	13	TAAATGTGGAGGTTGTCCTT	CTGAAATCTTGCTGCTTCTT	377
913	>gi|53784886|gb|CV502529.1|CV502529	penta nucleótido	AAAACAAAACAAAA	149	162	14	TCAAGATGACAATATCTCTTAAT	AAGATCTTCGTTGTTGCAGT	378
914	>gi|53778898|gb|CV496541.1|CV496541	tetra nucleótido	TTCTTTCTTTCTT	292	304	13	TCAGGATCTACCATTCCAAC	GCAGGGATCAGATTCTTCTA	379
915	>gi|53700554|gb|CV475778.1|CV475778	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTTATTT	60	77	18	TCTGGTAGACCCACTTCATC	GCACGGGATACATAGGTAAA	379
916	>gi|53702354|gb|CV477578.1|CV477578	penta nucleótido	CAAAACAAAACAAA	87	100	14	ACAGCCTGAAGCTTTCATT	GTTATCACATGGCCAAGACT	380
917	>gi|42508451|gb|CK716737.1|CK716737	tri nucleótido	GATGATGATGATG	371	383	13	AGAAGTTGGCTGAGCAGTT	TTACAAGAGAGATCGGAGGA	380
918	>gi|39834214|gb|CK277236.1|CK277236	tri nucleótido	CGGCGGCGGCGGC	681	693	13	AGATCTGTTTGGATCTGACG	CGTAACCACCTTCACGAC	380

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
919	>gi|39815381|gb|CK258401.1|CK258401	tetra nucleótido	ATCAATCAATCAA	77	89	13	CATCGTCAAGTTGCAGTGTA	GGGAGGAGGACTTGTTTAGT	380
920	>gi|62949412|gb|DN939153.1|DN939153	penta nucleótido	AAAAGAAAAGAAAA	435	448	14	TCCCACAAGTAGCTTTCATT	GTGATCAGATCCAGACAACC	380
921	>gi|10448821|gb|BE922745.1|BE922745	tri nucleótido	AGCAGCAGCAGC	98	109	12	TCCTTTCTCTCCAACGATAA	CCTCTCAACACTTAGCCAAC	380
922	>gi|42511509|gb|CK719795.1|CK719795	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTCT	40	52	13	TCCAGTACGTTCTAGTTTCTACA	TCAGATCATTAGCCATGTCA	381
923	>gi|39835925|gb|CK278947.1|CK278947	tri nucleótido	GGTGGTGGTGGTG	406	418	13	AACTACGTGAAGTCAATGGC	CCACCACCTCCAGTCTATAA	382
924	>gi|10448607|gb|BE922531.1|BE922531	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCT	82	93	12	AAGGCCAACAATACATTCAT	TCAAACACTGCTGTTATCCA	382
925	>gi|9253848|gb|BE344316.1|BE344316	penta nucleótido	TCTTATCTTATCTTATCT	157	174	18	CTCTTATGCTCATCGAAACC	TGTCAGTGTGCTTGACATTT	382
926	>gi|66838056|gb|DR036161.1|DR036161	tri nucleótido	CCACCACCACCA	154	165	12	ATACAAGTCTCCACCACCAC	TGTACTTGTAGACGGGTGCT	383
927	>gi|62893447|gb|DN908684.1|DN908684	penta nucleótido	GGAGGGGAGGGGAG	357	370	14	CATCCACCTACAACTCCAAT	CATTCTTCTTTATTCGTGGG	383
928	>gi|8070278|gb|AW906068.1|AW906068	tri nucleótido	GCCGCCGCCGCCG	159	171	13	CTTCATTGTTTCATTCCACC	ACTTCCTTCTCCCAACTTTC	383
929	>gi|62952356|gb|DN942085.1|DN942085	tri nucleótido	ACAACAACAACA	216	227	12	TCCCTCTCCTCTATTCTCCT	TAGCTTTGAGCCATACAGGT	383
930	>gi|62892434|gb|DN907671.1|DN907671	tri nucleótido	ACAACAACAACA	449	460	12	AATGTTTCTTTGTTGGTGCT	AAGGTAACATCACGACAACA	384
931	>gi|39836955|gb|CK279977.1|CK279977	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTTC	706	718	13	AGTTTGACGAATGGAAGAAA	CTGCAGTGCAAACTGATCTA	384
932	>gi|62890607|gb|DN905844.1|DN905844	di nucleóotido	ATATATATTTATATATAT	640	657	18	CTCTGGCTATGTAAGGGATG	TTGTGAGAACACACAACATCT	384
933	>gi|66836219|gb|DR034327.1|DR034327	tri nucleótido	GAGGAGGAGGAG	568	579	12	GTCACGTTTCATCCCATAGT	CAAGCTTTAACTGCTTGGTT	384
934	>gi|39815747|gb|CK258767.1|CK258767	penta nucleótido	CAACCCAACCCAACCC	747	762	16	CCGTATATTTGTTGGTGGTT	ATCTTTGAGCTCATCTACGC	385
935	>gi|66838472|gb|DR036577.1|DR036577	tri nucleótido	ATGATGATGATG	455	466	12	CAATCCATGAAAGGATAGGA	GGAGCTGAAGTTTATGATCG	386
936	>gi|78747332|gb|DV623735.1|DV623735	tri nucleótido	CCGCCGCCGCCGC	55	67	13	CACCGTCGAGGATATTCA	CCTCAAATACGATCTTCCAG	386
937	>gi|66837882|gb|DR035987.1|DR035987	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTG	536	547	12	TAATACATCACGCCACCATA	GAGTAGCGTGGATGAAGAAG	386
938	>gi|62951089|gb|DN940818.1|DN940818	tri nucleótido	AATAATAATAAT	95	106	12	TCAAGCTAGCAATTCAGTCA	ACCAGACTTTGCTTTGTGTT	386
939	>gi|62891436|gb|DN906673.1|DN906673	tri nucleótido	CTACTACTACTA	471	482	12	GGACATAAAGCTAGTCACCG	CCTTCTTTAACCTCATCCCT	387
940	>gi|62950262|gb|DN940003.1|DN940003	tri nucleótido	TACTACTACTAC	48	59	12	GGCACGCAACTTATTATTATC	ACCAGCACTACTCCTTGAGA	388

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
941	>gi|66837480|gb|DR035586.1|DR035586	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTC	418	429	12	CTCTGAAAGAGAAAGAGGCA	TTGAATATTGGAGGATGAGG	389
942	>gi|62948671|gb|DN938412.1|DN938412	penta nucleótido	AAAGCAAAGCAAAG	29	42	14	CTTCCTCCCTCCATCTTC	GACGTATTGAACACCCACTT	389
943	>gi|39816245|gb|CK259265.1|CK259265	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTTATT	850	866	17	GATTTCTAAGGCCTTCCATT	ATTTAGGACATGTTGCCATC	389
944	>gi|62949100|gb|DN938841.1|DN938841	tri nucleótido	AACAACAACAAC	653	664	12	GTTTCCGGTAGTTCCTTTCT	TAGGAAATCCAATCAACGAC	389
945	>gi|42508905|gb|CK717191.1|CK717191	tri nucleótido	CTCCTCCTCCTCC	42	54	13	TCTTTCTTCTCTCTTTCTCTCTC	TATTAGGAGGCAACAAGGAA	389
946	>gi|66839637|gb|DR037742.1|DR037742	tri nucleótido	AAGAAGAAGAAGA	158	170	13	AAGAAGCCAGCTGAGAAAG	GAATTTGGTAACAGCCTTTG	390
947	>gi|62909016|gb|DN922683.1|DN922683	tri nucleótido	TACTACTACTAC	114	125	12	AAGGCACGCAACTTATTATT	ACCAGCACTACTCCTTGAGA	390
948	>gi|66838142|gb|DR036247.1|DR036247	tri nucleótido	CTCCTCCTCCTTCCTCCTC	60	78	19	ATTGAATTAGCAGCATCCTC	CACAAAGGCAAATCCTCTAC	390
949	>gi|62891152|gb|DN906389.1|DN906389	tri nucleótido	GAAGAAGAAGAA	388	399	12	CACCTTCGTGTAGTGTCCTT	ACTGCTCAGGTTTAATTGGA	390
950	>gi|66837202|gb|DR035308.1|DR035308	tri nucleótido	ACAACAACAACAA	508	520	13	CATCACCGGACTTTAATGAT	GCCATTGTTGTTCTCAGAGT	390
951	>gi|52844146|gb|CV434856.1|CV434856	tetra nucleótido	TCTTTCTTTCTTT	751	763	13	GAAGATCTTGCATTCTCTGG	CTTCTGTCCTATTGCTCACC	390
952	>gi|42512214|gb|CK720500.1|CK720500	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCTT	432	444	13	GAATTTGGTAACAGCCTTTG	AAGAAGCCAGCTGAGAAAG	390
953	>gi|62948920|gb|DN938661.1|DN938661	penta nucleótido	GGGTAGGGTAGGGT	586	599	14	GTTGAGTAACAAGCTGAGGG	TTGTTCTCACACTGCACATT	390
954	>gi|66835990|gb|DR034099.1|DR034099	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGC	602	613	12	ACTTCCTCCTCTAGACTGCC	CATCCACTCCAGATGTTTCT	391
955	>gi|39815718|gb|CK258738.1|CK258738	penta nucleótido	TCTCCTCTCCTCTCC	84	98	15	AGTTTCCGATGAGAACCAG	GAAATACTTTGTGGATTCGC	391
956	>gi|66837097|gb|DR035204.1|DR035204	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTTC	121	133	13	CCAAAGTCCAACCAATACAT	TTATGCCCTTTCTGAGAGTC	391
957	>gi|62950459|gb|DN940190.1|DN940190	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGA	98	109	12	CCCTCTCTCTTAACCAACAA	TCAAACTCCGATTCTGTCTT	391
958	>gi|39822931|gb|CK265953.1|CK265953	penta nucleótido	AAATGAAATGAAAT	373	386	14	GAAAGAACATGCTGAAGACC	TCTTGCTACTCTTCTCTGGC	392
959	>gi|62908992|gb|DN922659.1|DN922659	tri nucleótido	TGCTGCTGCTGC	376	387	12	AAAGGTTGACGATGAAGAAA	ACCAGCTTAGCATTTACTGG	393
960	>gi|62892435|gb|DN907672.1|DN907672	tri nucleótido	GGTGGTGGTGGT	200	211	12	AAGGTAACATCACGACAACA	AATGTTTCTTTGTTGGTGCT	393
961	>gi|53697449|gb|CV472673.1|CV472673	penta nucleótido	TGTTATGTTATGTT	713	726	14	ACAATTTGGAAAGTCGGTAA	TTAAGAAACCAATGCTTAAA	393
962	>gi|10447911|gb|BE921835.1|BE921835	penta nucleótido	AAAATAAAATAAAATA	58	73	16	CCTCTTCTGAGATCATCCTG	TAAATGTTCCATCTACGCCT	393

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
963	>gi|42510183|gb|CK718469.1|CK718469	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGAA	57	69	13	CTGCAGTGTCTCTCTCTCGT	GTTGAAATATCATGCCACCT	393
964	>gi|52844257|gb|CV434967.1|CV434967	penta nucleótido	GATATGATATGATA	441	454	14	AAACCGTAAATATGGGCTCT	AACATCAGTGGGCATAAATC	394
965	>gi|78750098|gb|DV626501.1|DV626501	tri nucleótido	GATGATGATGATG	459	471	13	AGTTAGCTGAGCAGTTCCAG	GTGAAGATCGGGAAACTATG	394
966	>gi|53700210|gb|CV475434.1|CV475434	penta nucleótido	TCTCCTCTCCTCTC	68	81	14	CTCTCCGCTCTCTAACTCTG	CGGTAAACAAGACATGAGGT	394
967	>gi|9562402|gb|BE471911.1|BE471911	penta nucleótido	ATTTTATTTTATTTT	304	318	15	CTTCCTTCAATTCTCTGTGC	AAATCCTTGATGCACATTTC	394
968	>gi|42509002|gb|CK717288.1|CK717288	tri nucleótido	TCATCATCATCAT	511	523	13	AAAGGCCTTCCAAGATTTAG	CAGATAAGTAACCAATAGTTCAA	395
969	>gi|62949373|gb|DN939114.1|DN939114	penta nucleótido	AACAAAACAAAACA	444	457	14	CTAATTCAGCTGGTTTGCTT	TGTTGTCTCCTCTGTTGTTG	395
970	>gi|39816128|gb|CK259148.1|CK259148	tetra nucleótido	ATGAATGAATGAA	281	293	13	GAGGAAGCACACTCTTTGAA	AACTTCAATCCAACAACCAG	395
971	>gi|10448512|gb|BE922436.1|BE922436	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTG	482	493	12	TCTTGGAGCTGGTATGAAAT	AATTGATCAGAGTAGAGGAGACA	395
972	>gi|53784758|gb|CV502401.1|CV502401	penta nucleótido	CTTCACTTCACTTCA	357	371	15	TAATGAAATGAACCCTCCAC	ACAACATCAACTTTACTGGGA	396
973	>gi|62891187|gb|DN906424.1|DN906424	tri nucleótido	GCTGCTGCTGCT	337	348	12	TAGAAGAAGGTGGGTAGTGG	AATCACATAATCAACCTCCG	396
974	>gi|53702152|gb|CV477376.1|CV477376	penta nucleótido	TTTTATTTTATTTTATT	62	78	17	TCATGTGATACTGTTTGCATC	AATCATCAATTCGGTAGTGG	396
975	>gi|39817729|gb|CK260751.1|CK260751	penta nucleótido	ACATAACATAACATAA	204	219	16	CCCTATTCTAAATGGGCATA	GGATGACAGCACAGGATAAT	397
976	>gi|62909009|gb|DN922676.1|DN922676	tri nucleótido	TCCTCCTCCTCC	438	449	12	CTCTCTCCATCACTGAAAGC	AGCGTTTACTTCGAGAACAG	397
977	>gi|10448476|gb|BE922400.1|BE922400	tri nucleótido	CTGCTGCTGCTG	351	362	12	GCTTTATTGGGCTTTATTGA	GCTTGGATTGATACTCCTTG	397
978	>gi|39817728|gb|CK260750.1|CK260750	penta nucleótido	TTATGTTATGTTATGT	784	799	16	GGATGACAGCACAGGATAAT	CCCTATTCTAAATGGGCATA	397
979	>gi|39835832|gb|CK278854.1|CK278854	tri nucleótido	GTGGTGGTGGTGG	512	524	13	GTCCACCTGGAGTGAAATTA	CAAGCACTGAGATTGACAAA	397
980	>gi|10447715|gb|BE921639.1|BE921639	tetra nucleótido	TACATACATACAT	215	227	13	TAACAGGAGGAGCTAGTGGA	ATGACACCTTTCTTTGATGG	397
981	>gi|45241685|gb|CK853085.1|CK853085	tri nucleótido	GTGGTGGTGGTGG	329	341	13	TCAAAGGCATTTCTGATTCT	GCCTGAGTATCTACCACCAC	397
982	>gi|78747899|gb|DV624302.1|DV624302	tri nucleótido	TGATGATGATGAT	519	531	13	TCAGTGAATATTGATGGCAA	TGTCATCAGAGTCGTCTTCA	397
983	>gi|53784275|gb|CV501918.1|CV501918	tetra nucleótido	TATTTATTTATTT	177	189	13	AACATACCACGTATAAAGACAT	CCTCTGAGTAGATATCAATGGTT	398
984	>gi|66839861|gb|DR037966.1|DR037966	tri nucleótido	CATCATCATCATC	629	641	13	GTTCTTTAAACATTGCCCAG	ATGGCCCTTTGTATTATTGA	398

Numero de Loci	Sequencia	Tipo de repeat	Repetición	Inicio	Terminación	Longitud	Sec. Forward	Sec. Reverse	Tamaño de Producto
985	>gi|62951939|gb|DN941668.1|DN941668	tri nucleótido	ACAACAACAACA	171	182	12	AAATCCAGTGAATGCCTAAA	GACTGGAGACTTCAACAAGC	399
986	>gi|62949231|gb|DN938972.1|DN938972	tri nucleótido	AGAAGAAGAAGA	72	83	12	AAATGCGAATTTGCCGTC	TATTCCATCTTTGTTGCCTT	399
987	>gi|62809156|gb|DN849996.1|DN849996	di nucleóotido	ATATATATCTATATATAT	586	603	18	ACGTCCTCTACACCAAGTGA	GTCACAATCATTCTTCCCAG	399
988	>gi|62908519|gb|DN922186.1|DN922186	tri nucleótido	TCTTCTTCTTCT	556	567	12	ATGCAAGTTAGGCAAGTGAT	GTCTAACAACCAGGTTACGG	399
989	>gi|78750502|gb|DV626905.1|DV626905	tri nucleótido	TTCTTCTTCTTTCTTCTTC	177	195	19	CCTCTATTCTCCTAGCAGCTC	TTCTGAATTCAAGATTGCCT	399
990	>gi|53783015|gb|CV500658.1|CV500658	penta nucleótido	AGCCCAGCCCAGCCC	514	528	15	GATCATTGACAACATCACCA	AATGTTCCAATCATAATGGC	399
991	>gi|62948489|gb|DN938234.1|DN938234	tri nucleótido	CTTCTTCTTCTT	472	483	12	GGGTGAGTAACACGTCAGTT	TGAGGTCAAGATAGCAGGTT	399
992	>gi|66836032|gb|DR034141.1|DR034141	tri nucleótido	GGTGGTGGTGGT	141	152	12	TCAAGATTCAATCAACCACA	CATCAGTCCTCCTACACGTT	399
993	>gi|53783762|gb|CV501405.1|CV501405	penta nucleótido	CGGGTCGGGTCGGG	448	461	14	TCAGGTTCATAACTGATCCC	TTATAATCACCGTCTTTCCG	399
994	>gi|53783762|gb|CV501405.1|CV501405	penta nucleótido	CGGGTCGGGTCGGG	448	461	14	TCAGGTTCATAACTGATCCC	TTATAATCACCGTCTTTCCG	399
995	>gi|62950687|gb|DN940418.1|DN940418	tri nucleótido	TGATGATGATGA	381	392	12	AAAGGGAAAGAAGAAGGCTA	CCTCAGTAATCTTTGGATGC	400
996	>gi|39816138|gb|CK259158.1|CK259158	penta nucleótido	CCTCGCCTCGCCTCGCCT	411	428	18	ACTCTAATTCCAGTCGAGGG	ACTTCACCTACACTCCATGC	400
997	>gi|10447838|gb|BE921762.1|BE921762	penta nucleótido	TTCAATTCAATTCAATT	218	234	17	CACTATTTCTTTCAGCCTCG	AAGTTCCTTCTCTGCATCAA	400
998	>gi|39813073|gb|CK256093.1|CK256093	tetra nucleótido	CCGGCCGGCCGGC	511	523	13	TTCTCATCCCTCTAGCCATA	ATCAATCCATATAACACCGC	400
999	>gi|66836740|gb|DR034847.1|DR034847	tri nucleótido	GCAGCAGCAGCA	309	320	12	GACATCAGAGCTGAGGAAAG	AGGTGGAACCACATAGTCAG	400
1000	>gi|53779361|gb|CV497004.1|CV497004	tetra nucleótido	ACGCACGCACGCA	266	278	13	TCGAACACCATGAGACTACA	TCAGTGTGAACGATAGGTGA	400

APÉNDICE B

Primers tipo Microsatélite Foward and Reverse, diseñados con PRIMER PREMIER 5

APÉNDICE B. *Primers* tipo Microsatélite Foward and Reverse, diseñados con PRIMER PREMIER 5

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
1	AW218892PPf	GGTGATTATTAGGGTTTG	18	5598.6	50.0°C	29.5	38.9%
2	AW218892PPr	GTA ACT TGA TTT GCC TTC	18	5438.6	50.0°C	30.3	38.9%
3	AW218892P3f	TAT TAG GGT TTG TTG GTT GG	20	6221.0	53.2°C	26.5	40.0%
4	AW218892P3r	ATG TAA CTT GAT TTG CCT TCA	21	6366.2	52.0°C	25.9	33.3%
5	BP891804PPf	GCT CAA CGG TCC AGT AAG	18	5491.6	56.0°C	30.0	55.6%
6	BP891804PPr	TTG GGT TGT AAC ATA AGC AC	20	6137.0	53.2°C	26.9	40.0%
7	BP891804P3f	GGA GAT GAA GAA TAA GAT GGA	21	6596.2	54.0°C	25.0	38.1%
8	BP891804P3r	TAA CAT AAG CAC CCA CCA A	19	5700.8	54.0°C	28.9	42.1%
9	AI774808PPf	TCC CAA TGG CTG AAA GGT	18	5506.6	54.0°C	30.0	50.0%
10	AI774808PPr	TTC CCT GGC ACG GTC TAT	18	5424.6	56.0°C	30.4	55.6%
11	AI774808P3f	ACA ACC CAA AGT ATC CCA A	19	5700.8	54.0°C	28.9	42.1%
12	AI774808P3r	AAT GGA GGT AAG GTC AAG GA	20	6260.0	55.3°C	26.4	45.0%
13	AW737670PPf	TTT TGC CAA ATA AGT CTC	18	5431.6	48.0°C	30.4	33.3%
14	AW737670PPr	TGG AAT GTT TTC AAG GTC	18	5527.6	50.0°C	29.9	38.9%
15	AW737670P3f	TAG GAG AGA GAC AAG AGA GCA	21	6566.2	57.9°C	25.1	47.6%
16	AW737670P3r	TTA TCA AGA GGA CCA AGA GAA	21	6476.2	54.0°C	25.5	38.1%
17	AW040411PPf	TCT TCC TAA TAA GTT CGG TGT C	22	6670.4	56.5°C	24.7	40.9%
18	AW040411PPr	TCG TCG TGT TCC GTC ATA	18	5439.6	54.0°C	30.3	50.0%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
19	AW040411P3f	GTG TCT TCG CCA TAA CTC TC	20	6000.0	57.3℃	27.5	50.0%
20	AW040411P3r	ATG CTC CTC TTT CTC CAC TT	20	5926.0	55.3℃	27.8	45.0%
21	AI895937PPf	ATG GTG ATC GGC AGT AGG T	19	5905.8	58.0℃	27.9	52.6%
22	AI895937PPr	TCC GCT CGT TTC GTT ATG	18	5430.6	54.0℃	30.4	50.0%
23	AI895937P3f	AAG GGT GAT GAT GTT TAT GGT	21	6551.2	54.0℃	25.2	38.1%
24	AI895937P3r	TAT CCG CTC GTT TCG TTA TGT	21	6349.2	55.9℃	26.0	42.9%
25	BI927440PPf	CGC CTG TTT CCA AGA AGA	18	5466.6	54.0℃	30.2	50.0%
26	BI927440PPr	TAG CAG CAT CCA AGT CAT T	19	5753.8	54.0℃	28.7	42.1%
27	BI927440P3f	TTG CTC TTC CTC TAC TTC TCC	21	6205.2	57.9℃	26.6	47.6%
28	BI927440P3r	AGC CTT CTC AAC AAC CTA AAC	21	6283.2	55.9℃	26.3	42.9%
29	AI780156PPf	CCC CTC TTT CCC TTT AGC	18	5295.6	56.0℃	31.2	55.6%
30	AI780156PPr	TTG GGT GTT GAG GTG ATT T	19	5917.8	54.0℃	27.9	42.1%
31	AI780156P3f	CCC TCT TTC CCT TTA GCC	18	5295.6	56.0℃	31.2	55.6%
32	AI780156P3r	ACT GTG GGT GTG AAC CTT T	19	5831.8	56.0℃	28.3	47.4%
33	AW036280PPf	TAG GCT CAG GGT CAG GTA	18	5562.6	56.0℃	29.7	55.6%
34	AW036280PPr	AAT GCT CTT GAA AGT GGG	18	5561.6	52.0℃	29.7	44.4%
35	AW036280P3f	TAT CGG CTA AAC ATA CCA TTT	21	6344.2	52.0℃	26.0	33.3%
36	AW036280P3r	GGG TTG AAA GAA CAA AGA GAG	21	6581.2	55.9℃	25.1	42.9%
37	AW929052PPf	GAA TCA GGC AGC ACT AAG	18	5524.6	54.0℃	29.9	50.0%
38	AW929052PPr	TGT TGT CTA CTG GCA TTT	18	5469.6	50.0℃	30.2	38.9%
39	AW929052P3f	AGC ACT AAG AGA GGC AAT AGG	21	6517.2	57.9℃	25.3	47.6%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
40	AW929052P3r	TAA GGC AAA GAA ATG AGA AA	20	6221.0	49.1℃	26.5	30.0%
41	BF097393PPf	AGG AAG GCA GAG TAT GGA	18	5644.6	54.0℃	29.2	50.0%
42	BF097393PPr	GTA CCT CAG GCT TTG ACC	18	5433.6	56.0℃	30.4	55.6%
43	BF097393P3f	AAG AGG ATG AAG ATG AGG AAG	21	6621.2	55.9℃	24.9	42.9%
44	BF097393P3r	TAC AAT AAT CAA AGC GAG GG	20	6164.0	53.2℃	26.8	40.0%
45	AI780401PPf	TCC CAC AAC AAT CAT CTA	18	5354.6	50.0℃	30.8	38.9%
46	AI780401PPr	GTT CTG TAC GGT GTC TTT	18	5485.6	52.0℃	30.1	44.4%
47	AI780401P3f	TAA ATG GGA GTA GCA AAG AAA	21	6540.2	52.0℃	25.2	33.3%
48	AI780401P3r	GCG TTA TGT TGA GAA TGT GA	20	6208.0	53.2℃	26.6	40.0%
49	BG628945PPf	TGT TGT TTA CTG GGT CTG	18	5525.6	52.0℃	29.9	44.4%
50	BG628945PPr	TAC TCA AAA GGC TTA CTA	18	5449.6	48.0℃	30.3	33.3%
51	BG628945P3f	GTC AAC TCA TTC ACA ACA ACT	21	6298.2	54.0℃	26.2	38.1%
52	BG628945P3r	TAA GCA GAT TCG TCA ACC	18	5450.6	52.0℃	30.3	44.4%
53	AI776463PPf	CGG CGT CGT CAA CAG TCA	18	5467.6	58.0℃	30.2	61.1%
54	AI776463PPr	TGG CAT CTT GGG CTT GGT	18	5535.6	56.0℃	29.8	55.6%
55	AI776463P3f	TCG TCA ACA GTC ACC GAG	18	5451.6	56.0℃	30.3	55.6%
56	AI776463P3r	TCC ATC TTC TTG GCA TCT T	19	5677.8	54.0℃	29.1	42.1%
57	BF097109PPf	TGG TAA CGG CAA AGG GAC	18	5580.6	56.0℃	29.6	55.6%
58	BF097109PPr	TGG TGG CGG AGT AGA AAC	18	5611.6	56.0℃	29.4	55.6%
59	BF097109P3f	CTT CTC TCT TCC ATT CCA TTT	21	6204.2	54.0℃	26.6	38.1%
60	BF097109P3r	GAG TCT TTG TAT GCG GAG G	19	5896.8	58.0℃	28.0	52.6%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
61	BG134120PPf	ATC ATA CTT CAC TCG CCG TCT T	22	6575.4	58.4℃	25.1	45.5%
62	BG134120PPr	GCC TCC GTC GTC CAT CTT	18	5360.6	58.0℃	30.8	61.1%
63	BG134120P3f	ATA CTT CAC TCG CCG TCT TAC	21	6272.2	57.9℃	26.3	47.6%
64	BG134120P3r	TCC ATC TTA TCT GTT GTG CTT	21	6324.2	54.0℃	26.1	38.1%
65	AW622417PPf	GCT GCT CTT ACT GTG ATG	18	5479.6	54.0℃	30.1	50.0%
66	AW622417PPr	TTC GTT ATG GGT GTT TGT	18	5540.6	50.0℃	29.8	38.9%
67	AW622417P3f	GCT GCT CTT ACT GTG ATG TTA G	22	6726.4	58.4℃	24.5	45.5%
68	AW622417P3r	TAT GGG TGT TTG TTA TCT TGG	21	6484.2	54.0℃	25.4	38.1%
69	BF050334PPf	CGT CTT TCC AGA TTC CAG CAT	21	6312.2	57.9℃	26.1	47.6%
70	BF050334PPr	AAC GCC CTG TTT CCT TGC	18	5384.6	56.0℃	30.6	55.6%
71	BF050334P3f	CGT CTT TCC AGA TTC CAG	18	5408.6	54.0℃	30.5	50.0%
72	BF050334P3r	ATA CGA AGG TGA GTT GCT T	19	5864.8	54.0℃	28.1	42.1%
73	AW041046PPf	GCC TCC CAC AAC AAT CAT	18	5355.6	54.0℃	30.8	50.0%
74	AW041046PPr	TCT TTC TCA GGG TCC AAC	18	5408.6	54.0℃	30.5	50.0%
75	AW041046P3f	CCT CCC ACA ACA ATC ATC T	19	5618.8	56.0℃	29.4	47.4%
76	AW041046P3r	TTC TTT CTC AGG GTC CAA C	19	5711.8	56.0℃	28.9	47.4%
77	AW934092PPf	GTA GAA ACA AAG AGG GTA A	19	5924.8	52.0℃	27.8	36.8%
78	AW934092PPr	TAT ACG AGG AAG TGG AAC	18	5579.6	52.0℃	29.6	44.4%
79	AW934092P3f	TTT CGC CTT GTT GTG TAA G	19	5797.8	54.0℃	28.5	42.1%
80	AW934092P3r	CCA GGT AGT CAC CAT CAC TC	20	6003.0	59.4℃	27.5	55.0%
81	BG629352PPf	TCC AAC CTA CAA ATA CCA	18	5363.6	50.0℃	30.8	38.9%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
82	BG629352PPr	ACC AGG AGA ACT TGA GCC	18	5500.6	56.0℃	30.0	55.6%
83	BG629352P3f	CAT CCA ACC TAC AAA TAC CAA	21	6276.2	54.0℃	26.3	38.1%
84	BG629352P3r	GGA GAA CTT GAG CCA GAG A	19	5892.8	58.0℃	28.0	52.6%
85	AW030506PPf	GCC GCT GCT TCA ACA ATG	18	5442.6	56.0℃	30.3	55.6%
86	AW030506PPr	TTC AAA TCT TTC GCC ACC	18	5352.6	52.0℃	30.8	44.4%
87	AW030506P3f	CGC TGC TTC AAC AAT GAC	18	5426.6	54.0℃	30.4	50.0%
88	AW030506P3r	GCA ACC AAG AAA TAC TAC AGG	21	6421.2	55.9℃	25.7	42.9%
89	AW443847PPf	AGG TGG AAG CAG ATG TCA	18	5595.6	54.0℃	29.5	50.0%
90	AW443847PPr	GCT AAT GAA TGG TGG GTG	18	5617.6	54.0℃	29.4	50.0%
91	AW443847P3f	AGT CCC TAT TGT GTA TCG TCT T	22	6661.4	56.5℃	24.8	40.9%
92	AW443847P3r	GCT AAT GAA TGG TGG GTG	18	5617.6	54.0℃	29.4	50.0%
93	BF113359PPf	TTC CCA CAA GTG AAG AGG	18	5515.6	54.0℃	29.9	50.0%
94	BF113359PPr	AGA AAC GAA ATG AGG AGC	18	5597.6	52.0℃	29.5	44.4%
95	BF113359P3f	TAC TTG TTA TTC CCA ACC AAA	21	6304.2	52.0℃	26.2	33.3%
96	BF113359P3r	AGG AGA GAG AAA GAG AAA CGA	21	6599.2	55.9℃	25.0	42.9%
97	BE450328PPf	AAC GAT CAA CGC AAG AGG	18	5533.6	54.0℃	29.8	50.0%
98	BE450328PPr	CAG AAG AAA CGC CAA ACC	18	5462.6	54.0℃	30.2	50.0%
99	BE450328P3f	GCG TCG GAT TTG TTG GAG	18	5584.6	56.0℃	29.5	55.6%
100	BE450328P3r	AAG GTG GAA ACT TGA CTT GAC	21	6474.2	55.9℃	25.5	42.9%
101	AW934084PPf	TCC CAC TAC ATC CCA TAC A	19	5618.8	56.0℃	29.4	47.4%
102	AW934084PPr	GAG AAG CCC TAG AAG AAC A	19	5845.8	56.0℃	28.2	47.4%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
103	AW934084P3f	GTC CCA CTA CAT CCC ATA CA	20	5947.0	57.3℃	27.7	50.0%
104	AW934084P3r	TAA GCC CAA GGT GAG TAA GA	20	6180.0	55.3℃	26.7	45.0%
105	BI205745PPf	ATG TGC CAT TCA CTC TAA	18	5416.6	50.0℃	30.5	38.9%
106	BI205745PPr	TGG TGT CCA AGT AAA ACT A	19	5817.8	52.0℃	28.4	36.8%
107	BI205745P3f	TAA GGT TGT TAG GGT TCG TTC	21	6478.2	55.9℃	25.5	42.9%
108	BI205745P3r	AAA TAA TGG TGT CCA AGT AAA	21	6466.2	50.1℃	25.5	28.6%
109	AI896286PPf	AAA CAA TAG GGC AAT CTG	18	5523.6	50.0℃	29.9	38.9%
110	AI896286PPr	TAC CAT AAA TCC ACC ATC	18	5354.6	50.0℃	30.8	38.9%
111	AI896286P3f	ATT CCT TCC AAC AAT CTC TTT	21	6246.2	52.0℃	26.4	33.3%
112	AI896286P3r	TAC CAT AAA TCC ACC ATC CA	20	5955.0	53.2℃	27.7	40.0%
113	AW091702PPf	GAT TTA GGA CGG TCA AGT	18	5561.6	52.0℃	29.7	44.4%
114	AW091702PPr	AAG ATA ACA GTA GCC ACA TA	20	6108.0	51.2℃	27.0	35.0%
115	AW091702P3f	TAG CAG GTT TGG AAG TGA	18	5601.6	52.0℃	29.5	44.4%
116	AW091702P3r	GAC CGA TAA GAT AAC AGT AGC C	22	6740.4	58.4℃	24.5	45.5%
117	AW650738PPf	TGT TTT GAT TAC ATT TCC TC	20	6020.0	49.1℃	27.4	30.0%
118	AW650738PPr	TTA ACG ACT CCC CTT ATT	18	5367.6	50.0℃	30.7	38.9%
119	AW650738P3f	ATC TCC TTC TTC AAC TCT TGG	21	6278.2	55.9℃	26.3	42.9%
120	AW650738P3r	TTT AGG CAT CAT CAA CAA C	19	5737.8	52.0℃	28.8	36.8%
121	CK720569PPf	TAT CCA TAA CCA GCT AAC G	19	5722.8	54.0℃	28.8	42.1%
122	CK720569PPr	TGA CTG CGG TCA ACT CTA	18	5457.6	54.0℃	30.2	50.0%
123	CK720569P3f	TGT ATC AAG GTC TGA ATG CTC	21	6416.2	55.9℃	25.7	42.9%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
124	CK720569P3r	AGC CTG TGG TTA TTG CTG	18	5519.6	54.0℃	29.9	50.0%
125	BP907987PPf	TAA AGC CAA ATC CAA CTC	18	5403.6	50.0℃	30.5	38.9%
126	BP907987PPr	CAA CAA ACA ACG CAA TCT	18	5412.6	50.0℃	30.5	38.9%
127	BP907987P3f	GGA TTC TCC TTC ATT CAT CTT	21	6293.2	54.0℃	26.2	38.1%
128	BP907987P3r	TAA ACA ACA ACA AAC AAC GCA	21	6358.2	52.0℃	26.0	33.3%
129	BG631015PPf	ATT GAG TTG GCT GGA TAA	18	5576.6	50.0℃	29.6	38.9%
130	BG631015PPr	AAG TAT GGT TCT GGT GGC	18	5568.6	54.0℃	29.6	50.0%
131	BG631015P3f	TAT TGA GTT GGC TGG ATA A	19	5879.8	52.0℃	28.1	36.8%
132	BG631015P3r	GTG CTG GTG TCC TCT CTG	18	5471.6	58.0℃	30.2	61.1%
133	AW398930PPf	AGT TAG CCG TAG GGT GGT	18	5593.6	56.0℃	29.5	55.6%
134	AW398930PPr	CTT CTT CCT TTG GCA TCA	18	5374.6	52.0℃	30.7	44.4%
135	AW398930P3f	GGG TTT GAG AAG AGA ACA A	19	5931.8	54.0℃	27.8	42.1%
136	AW398930P3r	AGA GAT TTG GAT GAG AAG AGG	21	6603.2	55.9℃	25.0	42.9%
137	BG138771PPf	CTC GCA CTG GAT TGA CCT	18	5433.6	56.0℃	30.4	55.6%
138	BG138771PPr	GGA GCG TTT GTT GCT GTC	18	5535.6	56.0℃	29.8	55.6%
139	BG138771P3f	CCT TAC ATC AAC TTC CAT CAA	21	6249.2	54.0℃	26.4	38.1%
140	BG138771P3r	GCA GCA AAT ACA AAG AGA ATG	21	6485.2	54.0℃	25.4	38.1%
141	BG139530PPf	ATG CTC TAG CTT CTC CAA CA	20	5993.0	55.3℃	27.5	45.0%
142	BG139530PPr	AAA TAC ACC GCT GCC ACT	18	5395.6	54.0℃	30.6	50.0%
143	BG139530P3f	ATT GGT AGG TAG AGA AAG GG	20	6291.0	55.3℃	26.2	45.0%
144	BG139530P3r	ACT AAC GGA AGG AGC AAA CT	20	6149.0	55.3℃	26.8	45.0%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
145	AW624303PPf	GGT CAC CCT CAA CAT AGT	18	5426.6	54.0℃	30.4	50.0%
146	AW624303PPr	AAG AGC CCC TTT CAA CAC	18	5395.6	54.0℃	30.6	50.0%
147	AW624303P3f	GCG ACA TTT ACA CTC TAC AAA C	22	6626.4	56.5℃	24.9	40.9%
148	AW624303P3r	CCC TTT CAA CAC CTC AAA	18	5330.6	52.0℃	31.0	44.4%
149	BF050616PPf	TCC CTT CCA TCA GTT CTA	18	5343.6	52.0℃	30.9	44.4%
150	BF050616PPr	GAG TTG CTG GTG TTG ACT	18	5559.6	54.0℃	29.7	50.0%
151	BF050616P3f	CTT CCC TTC CAT CAG TTC TAC	21	6223.2	57.9℃	26.5	47.6%
152	BF050616P3r	CAG CAA ACA AGC AAC AAG	18	5486.6	52.0℃	30.1	44.4%
153	BG137569PPf	AAC AAT AGA AGA TAA CAC CAT T	22	6707.4	50.9℃	24.6	27.3%
154	BG137569PPr	ATC CAA GTC AAA GAA CCT	18	5443.6	50.0℃	30.3	38.9%
155	BG137569P3f	TTC AAC AAT AGA AGA TAA CAC CA	23	6995.6	53.5℃	23.6	30.4%
156	BG137569P3r	AAA TCC AAG TCA AAG AAC CT	20	6068.0	51.2℃	27.2	35.0%
157	CK714835PPf	AAG AGC AAC TTC ATT CGT	18	5465.6	50.0℃	30.2	38.9%
158	CK714835PPr	TCA GTT TGA TTT TAG GGT	18	5533.6	48.0℃	29.8	33.3%
159	CK714835P3f	CTG TCG GTG TAA GAG CAA CT	20	6138.0	57.3℃	26.9	50.0%
160	CK714835P3r	AAA GAG AAG AAA CCA TAA AGC A	22	6790.4	52.8℃	24.3	31.8%
161	BF113821PPf	TAA CAG CCC AAA TAA CAC	18	5412.6	50.0℃	30.5	38.9%
162	BF113821PPr	TTC CAC TTT CTT CAC CCT	18	5294.6	52.0℃	31.2	44.4%
163	BF113821P3f	ACA TAA CAG CCC AAA TAA CAC	21	6325.2	54.0℃	26.1	38.1%
164	BF113821P3r	CAC TTT CTT CAC CCT TTC TCT	21	6189.2	55.9℃	26.7	42.9%
165	BI924382PPf	ACC AAA ATC AAT CTC CTC A	19	5666.8	52.0℃	29.1	36.8%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
166	BI924382PPr	AAC CTC AAT CGT AGC ACC	18	5395.6	54.0℃	30.6	50.0%
167	BI924382P3f	AAA TCA ATC TCC TCA ATC TTT	21	6279.2	50.1℃	26.3	28.6%
168	BI924382P3r	GAA CAA CCT CAA TCG TAG CA	20	6060.0	55.3℃	27.2	45.0%
169	BP907181PPf	CCC ATC AAT AGT AAC ACC C	19	5667.8	56.0℃	29.1	47.4%
170	BP907181PPr	TGG TCA TTG CCA GTA AGA	18	5521.6	52.0℃	29.9	44.4%
171	BP907181P3f	CCC TCT CAA CAA CTA TTC CA	20	5922.0	55.3℃	27.9	45.0%
172	BP907181P3r	GGT CAT TGC CAG TAA GAA GA	20	6171.0	55.3℃	26.7	45.0%
173	AI782547PPf	GAA GGC AAC AAC GAA GAC	18	5542.6	54.0℃	29.8	50.0%
174	AI782547PPr	GAT AAT ATG GGT ATG GGA TT	20	6232.0	51.2℃	26.5	35.0%
175	AI782547P3f	CAA CGA AGA CGA AGA ATA AGA	21	6494.2	54.0℃	25.4	38.1%
176	AI782547P3r	TAA AGC AAG CAA CAC CAA TAA	21	6389.2	52.0℃	25.8	33.3%
177	AW094139PPf	CTC TGA AGA ACC CAA GTC	18	5435.6	54.0℃	30.4	50.0%
178	AW094139PPr	TAG GAG CAT ACA GGC AAC	18	5524.6	54.0℃	29.9	50.0%
179	AW094139P3f	GAC TGT TGG TAA TGG TAA TGG	21	6536.2	55.9℃	25.2	42.9%
180	AW094139P3r	CAT CAT CTT GAA CTT TGG ACT	21	6351.2	54.0℃	26.0	38.1%
181	BF097393PPf	AGG AAG GCA GAG TAT GGA	18	5644.6	54.0℃	29.2	50.0%
182	BF097393PPr	GTA CCT CAG GCT TTG ACC	18	5433.6	56.0℃	30.4	55.6%
183	BF097393P3f	CAA TAA GCA GGT GGA AAG	18	5588.6	52.0℃	29.5	44.4%
184	BF097393P3r	CTT CGT CTT CAT CGT CCT C	19	5638.8	58.0℃	29.3	52.6%
185	BE434140PPf	CTC GTA GAG CCA CAA CAT	18	5435.6	54.0℃	30.4	50.0%
186	BE434140PPr	GAA AGG CAT AAA CCA CAG	18	5517.6	52.0℃	29.9	44.4%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
187	BE434140P3f	AGA AAC TGA AGG ATG AAG GTC	21	6532.2	55.9℃	25.3	42.9%
188	BE434140P3r	TAG AAA GGC ATA AAC CAC AGG	21	6461.2	55.9℃	25.5	42.9%
189	BP910084PPf	TGT CCG AAG CAC AAA CCC	18	5420.6	56.0℃	30.4	55.6%
190	BP910084PPr	TCC GAC CAT CCT GAT CCA AA	20	5987.0	57.3℃	27.6	50.0%
191	BP910084P3f	TGT CCG AAG CAC AAA CCC	18	5420.6	56.0℃	30.4	55.6%
192	BP910084P3r	GAT AAG GAA TAG GGC AGA GAA	21	6581.2	55.9℃	25.1	42.9%
193	BE462078PPf	TTG GCT AAG TTT CCT CGT A	19	5766.8	54.0℃	28.6	42.1%
194	BE462078PPr	TTG TTG CCT GGA GTT CAT	18	5494.6	52.0℃	30.0	44.4%
195	BE462078P3f	TAC AAG GTC CAG TTC AAT C	19	5753.8	54.0℃	28.7	42.1%
196	BE462078P3r	GCT CAA AGG TAG TGG TGG T	19	5905.8	58.0℃	27.9	52.6%
197	AW429043PPf	CAT CAC CTT CCC TCC TCC	18	5249.6	58.0℃	31.4	61.1%
198	AW429043PPr	CTG GCT GCT ACG CTT TGT	18	5455.6	56.0℃	30.2	55.6%
199	AW429043P3f	AAA CCC TCA ACA CCA TCA C	19	5636.8	56.0℃	29.3	47.4%
200	AW429043P3r	CTT CCT CTT CAT CTT CGT CTT	21	6220.2	55.9℃	26.5	42.9%
201	BG127945PPf	GAA GAG TGA TAT GGA AAG GGT A	22	6915.4	56.5℃	23.9	40.9%
202	BG127945PPr	GGA CGG TCA TCT GGG TTG	18	5569.6	58.0℃	29.6	61.1%
203	BG127945P3f	CTT GTT GCG TCT CTT CCC	18	5366.6	56.0℃	30.7	55.6%
204	BG127945P3r	GAG GTT CTG TTC ACT GCT TC	20	6071.0	57.3℃	27.2	50.0%
205	BG126517PPf	CAC TCG GAA AAG AAC ATT	18	5483.6	50.0℃	30.1	38.9%
206	BG126517PPr	TGG ACT AAG AGG AGG AAG	18	5644.6	54.0℃	29.2	50.0%
207	BG126517P3f	GGG TTT GAC ACT CGG AAA	18	5546.6	54.0℃	29.7	50.0%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
208	BG126517P3r	ATG GAC TAA GAG GAG GAA GT	20	6260.0	55.3℃	26.4	45.0%
209	AW618708PPf	GTC ACA TGC CAA GTA CAA A	19	5771.8	54.0℃	28.6	42.1%
210	AW618708PPr	AAC CAC GAA CAT TCT CAA	18	5403.6	50.0℃	30.5	38.9%
211	AW618708P3f	CTA CAC AGC AGC CAA CAT C	19	5692.8	58.0℃	29.0	52.6%
212	AW618708P3r	AGT AAG AAT CAC CGA ATC CA	20	6084.0	53.2℃	27.1	40.0%
213	BE458994PPf	CCA ATC CTC CCG TGG TAA	18	5402.6	56.0℃	30.5	55.6%
214	BE458994PPr	GAG CAT CAA TGG GCA AGT	18	5555.6	54.0℃	29.7	50.0%
215	BE458994P3f	ACC TAT TGT CTC TCC ACC TTT	21	6238.2	55.9℃	26.4	42.9%
216	BE458994P3r	AAG TTT GGT TGT GCT GGT	18	5574.6	52.0℃	29.6	44.4%
217	BG128807PPf	ACA AAG CAA AGC CAC TAT	18	5452.6	50.0℃	30.3	38.9%
218	BG128807PPr	TGT TCC CTC AGC ATC AAC	18	5377.6	54.0℃	30.7	50.0%
219	BG128807P3f	CAG ACA AAG CAA AGC CAC	18	5462.6	54.0℃	30.2	50.0%
220	BG128807P3r	TGT TCC CTC AGC ATC AAC	18	5377.6	54.0℃	30.7	50.0%
221	BP900257PPf	AAA TGG TAG GGT CTT CGT	18	5552.6	52.0℃	29.7	44.4%
222	BP900257PPr	AAA TCC TGC ACT CTG CTC	18	5377.6	54.0℃	30.7	50.0%
223	BP900257P3f	ATC GTA TTG TGA AGG CTA ATG	21	6480.2	54.0℃	25.5	38.1%
224	BP900257P3r	ATC CTC CTC CTG GCA AAT C	19	5665.8	58.0℃	29.1	52.6%
225	BI925196PPf	TTG CCC ATT CTT CTC ATT	18	5349.6	50.0℃	30.8	38.9%
226	BI925196PPr	CTT TGC GAT GGT GTT TAT	18	5509.6	50.0℃	29.9	38.9%
227	BI925196P3f	TTT GCC CAT TCT TCT CAT T	19	5652.8	52.0℃	29.2	36.8%
228	BI925196P3r	TGT TTA TGT AGT TGT TGT TGC C	22	6747.4	54.7℃	24.5	36.4%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
229	BG131014PPf	ATT CTT CTT CTA AGC GAC AA	20	6032.0	51.2℃	27.4	35.0%
230	BG131014PPr	AAA GTC ACC GAA CTC CTG	18	5435.6	54.0℃	30.4	50.0%
231	BG131014P3f	TTG CGA CGA GAC GAA GTG	18	5571.6	56.0℃	29.6	55.6%
232	BG131014P3r	AGT AGA AGA CAA CTC CTT GGG	21	6459.2	57.9℃	25.5	47.6%
233	AW223514PPf	CCA AAC TCC CTA CTA CCC	18	5291.6	56.0℃	31.2	55.6%
234	AW223514PPr	TAA GGC ACG CAA CTT ATT	18	5465.6	50.0℃	30.2	38.9%
235	AW223514P3f	TTT CTG ATG GAG GAC TTT G	19	5846.8	54.0℃	28.2	42.1%
236	AW223514P3r	ATG CTA AGG CAC GCA ACT	18	5475.6	54.0℃	30.1	50.0%
237	BI935331PPf	GAA CGG AGG GAT GAC AGG	18	5645.6	58.0℃	29.2	61.1%
238	BI935331PPr	GAA ATG GAG GCG AAC GAC	18	5589.6	56.0℃	29.5	55.6%
239	BI935331P3f	GTA ATC GTT CTC CTC CTC ATC	21	6263.2	57.9℃	26.3	47.6%
240	BI935331P3r	GCG TCC ATC ATA GTC ATC TC	20	6009.0	57.3℃	27.5	50.0%
241	BG137741PPf	AAA TTA TGG ACC AAA CAC C	19	5755.8	52.0℃	28.7	36.8%
242	BG137741PPr	CTT GAG CAG AAA TGA GGG	18	5595.6	54.0℃	29.5	50.0%
243	BG137741P3f	GGC AGC ATC GTA GAA GAA	18	5564.6	54.0℃	29.7	50.0%
244	BG137741P3r	GGA TTT ACA GAC GGG AGA TAG	21	6539.2	57.9℃	25.2	47.6%
245	AW035115PPf	CTT CTT GAT GAT GTT GCT TT	20	6076.0	51.2℃	27.2	35.0%
246	AW035115PPr	TCT TTT CTT TTG GGG TTT	18	5466.6	48.0℃	30.2	33.3%
247	AW035115P3f	CTT CTT GAT GAT GTT GCT TTC	21	6364.2	54.0℃	25.9	38.1%
248	AW035115P3r	TGA ACT TTG AGG TGT ATT GAT G	22	6814.4	54.7℃	24.2	36.4%
249	BG126933PPf	TGA TGT TGG GTC TTC TAC T	19	5797.8	54.0℃	28.5	42.1%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
250	BG126933PPr	TTT AGG TCC AAA CAC TCC	18	5401.6	52.0℃	30.5	44.4%
251	BG126933P3f	GTG ATG TTG GGT CTT CTA CTG	21	6454.2	57.9℃	25.6	47.6%
252	BG126933P3r	AAC TTT CTT ACG GTT CCC TTT	21	6293.2	54.0℃	26.2	38.1%
253	BP881031PPf	TGT AGC GGT GCT CAA GGA	18	5562.6	56.0℃	29.7	55.6%
254	BP881031PPr	CAG CGA TTA ACT CAT CAA AGG	21	6403.2	55.9℃	25.8	42.9%
255	BP881031P3f	CTG TAG CGG TGC TCA AGG	18	5538.6	58.0℃	29.8	61.1%
256	BP881031P3r	CTT CCT CCT CTT CCT CAA CT	20	5871.0	57.3℃	28.1	50.0%
257	BF051098PPf	CCG TAA ATC TTC TGC TAA	18	5416.6	50.0℃	30.5	38.9%
258	BF051098PPr	GTC CCA CTG TCA CTC TTG	18	5384.6	56.0℃	30.6	55.6%
259	BF051098P3f	CCC GTA AAT CTT CTG CTA A	19	5704.8	54.0℃	28.9	42.1%
260	BF051098P3r	TTC TTC CTC ACT CGT CCC	18	5295.6	56.0℃	31.2	55.6%
261	AW035051PPf	AAA TGG CTT CTT GAG GTG	18	5552.6	52.0℃	29.7	44.4%
262	AW035051PPr	GTT GGC GAT TGA AGA GTA	18	5601.6	52.0℃	29.5	44.4%
263	AW035051P3f	TAA ATG GCT TCT TGA GGT G	19	5855.8	54.0℃	28.2	42.1%
264	AW035051P3r	AGC AGG TGA TGT TGA TGA GT	20	6233.0	55.3℃	26.5	45.0%
265	AW929643PPf	AAA TCG ACG ATA AAC GAG	18	5532.6	50.0℃	29.8	38.9%
266	AW929643PPr	GTC AAC CGA AAT CAC AAA	18	5452.6	50.0℃	30.3	38.9%
267	AW929643P3f	GCG GAG GAA GAA GAA GAA	18	5662.6	54.0℃	29.1	50.0%
268	AW929643P3r	ACA AAG CAG AAA TGT GAA TGA	21	6500.2	52.0℃	25.4	33.3%
269	BP910339PPf	CTC TTT CCT CCA TCT TCG	18	5310.6	54.0℃	31.1	50.0%
270	BP910339PPr	TGG GAC AAC TCC TCG TAT	18	5457.6	54.0℃	30.2	50.0%

Counter	Sequence Name	Sequence	SequenceLength	MolecularWeight	Tm	nmol	GC Content
271	BP910339P3f	TAT CTC CTC TTT CAC CCT CTC	21	6174.2	57.9℃	26.7	47.6%
272	BP910339P3r	GGG ACA ACT CCT CGT ATG T	19	5785.8	58.0℃	28.5	52.6%
273	BE436737PPf	ACA ACA CTA CCT TCG GAT TA	20	6026.0	53.2℃	27.4	40.0%
274	BE436737PPr	CTG TCG CTT TCA TTA TCG	18	5414.6	52.0℃	30.5	44.4%
275	BE436737P3f	CAC AAC ACT ACC TTC GGA TT	20	6002.0	55.3℃	27.5	45.0%
276	BE436737P3r	AGC CAT TAC CTT CAT CTT CTT	21	6262.2	54.0℃	26.3	38.1%
277	BE436644PPf	GAA CGG CAT CTT GTT GAT	18	5512.6	52.0℃	29.9	44.4%
278	BE436644PPr	TTC TTT TGG GGT TTA GCT	18	5500.6	50.0℃	30.0	38.9%
279	BE436644P3f	GAA ATG ATA AGA ACG GCA TCT	21	6467.2	54.0℃	25.5	38.1%
280	BE436644P3r	TTT GAA CTT TGA GGT GTA TTG A	22	6789.4	52.8℃	24.3	31.8%
281	BG137372PPf	CAA GAA GGA GGA GGA CAT	18	5613.6	54.0℃	29.4	50.0%
282	BG137372PPr	TTG GTA ACG GCT TTG TAC	18	5503.6	52.0℃	30.0	44.4%
283	BG137372P3f	TGG TTT CTT TGG TAG CCC	18	5470.6	54.0℃	30.2	50.0%
284	BG137372P3r	CTG TCT CTC GTG GTT GTG A	19	5798.8	58.0℃	28.5	52.6%
285	BG133942PPf	CGC TAC CTC CTC TTC ATC	18	5304.6	56.0℃	31.1	55.6%
286	BG133942PPr	GTT CGT TCA CAA ACC CTA	18	5401.6	52.0℃	30.5	44.4%
287	BG133942P3f	GTA AAT GCC TCG CTA CCT C	19	5705.8	58.0℃	28.9	52.6%
288	BG133942P3r	TCG TTC ACA AAC CCT AAG AA	20	6035.0	53.2℃	27.3	40.0%
289	BG140307PPf	TCT TTG CTG CCT CTG TTG	18	5421.6	54.0℃	30.4	50.0%
290	BG140307PPr	TTT GGG TGA GTG AGT TGG	18	5639.6	54.0℃	29.3	50.0%
291	BG140307P3f	TTG TTG TTG CTC TTC TCT TTG	21	6346.2	54.0℃	26.0	38.1%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
292	BG140307P3r	GAT GAT TTG GGT GAG TGA GT	20	6264.0	55.3℃	26.3	45.0%
293	BE436971PPf	CCA ACA CTA CCT TCG GAT TA	20	6002.0	55.3℃	27.5	45.0%
294	BE436971PPr	CAT GCT GTC GCT TTC ATT	18	5414.6	52.0℃	30.5	44.4%
295	BE436971P3f	TAC CAC ACC AAC ACT ACC TTC	21	6219.2	57.9℃	26.5	47.6%
296	BE436971P3r	TAG CCA TTA CCT TCA TCT TGT	21	6302.2	54.0℃	26.2	38.1%
297	AI772684PPf	CTC AAA TCC AAA CCT CAC	18	5339.6	52.0℃	30.9	44.4%
298	AI772684PPr	AAC GGA ACC TAA ATG TAT CA	20	6099.0	51.2℃	27.1	35.0%
299	AI772684P3f	CAA ATC CAA ACC TCA CAC TC	20	5940.0	55.3℃	27.8	45.0%
300	AI772684P3r	CAA TAG AAC GAG ACG AAG AAA	21	6494.2	54.0℃	25.4	38.1%
301	AW031092PPf	ACC TGT TTC CTC CGA TTT	18	5374.6	52.0℃	30.7	44.4%
302	AW031092PPr	CCA TTG CTT ATC CTC CCT	18	5319.6	54.0℃	31.0	50.0%
303	AW031092P3f	TAG CAA TAA GGC AAC AAC ACT	21	6396.2	54.0℃	25.8	38.1%
304	AW031092P3r	TAT CCT CCC TCT TCA ATC C	19	5591.8	56.0℃	29.5	47.4%
305	AW931426PPf	CAA CTT TAC GGT GTC TTC	18	5423.6	52.0℃	30.4	44.4%
306	AW931426PPr	CAC ATA TTT CAG CAG GAT	18	5465.6	50.0℃	30.2	38.9%
307	AW931426P3f	TCA ACT TTA CGG TGT CTT CTC	21	6318.2	55.9℃	26.1	42.9%
308	AW931426P3r	AGC AGG ATG GTT CTG ATT G	19	5880.8	56.0℃	28.1	47.4%
309	BP883058PPf	AAA CGG AAC ATT GAA GCT	18	5523.6	50.0℃	29.9	38.9%
310	BP883058PPr	GGG CAC GAT ACA AGA ACA	18	5533.6	54.0℃	29.8	50.0%
311	BP883058P3f	TGA AAC GGA ACA TTG AAG	18	5563.6	50.0℃	29.7	38.9%
312	BP883058P3r	GCA CGA TAC AAG AAC ATA ACC	21	6381.2	55.9℃	25.9	42.9%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
313	BG132430PPf	CCG CCT CTA TCT CAA CCC	18	5298.6	58.0℃	31.1	61.1%
314	BG132430PPr	GAC GAC CAG TGG AAA CCC	18	5485.6	58.0℃	30.1	61.1%
315	BG132430P3f	GCC TCT ATC TCA ACC CGT C	19	5641.8	60.0℃	29.2	57.9%
316	BG132430P3r	CAG TGG AAA CCC TAA TAC CC	20	6036.0	57.3℃	27.3	50.0%
317	BG132255PPf	TAG CCA ACT GTC AAA CAC	18	5419.6	52.0℃	30.4	44.4%
318	BG132255PPr	GGT AAA TAA GAG GGA GGT	18	5659.6	52.0℃	29.2	44.4%
319	BG132255P3f	TAT CTT CTC TCC AAC ACC AAA	21	6249.2	54.0℃	26.4	38.1%
320	BG132255P3r	GCT CCG CTA CTT CAT AAT CTA A	22	6608.4	56.5℃	25.0	40.9%
321	BW691955PPf	CCC TCT GTT TAT CAA CGC	18	5368.6	54.0℃	30.7	50.0%
322	BW691955PPr	CTT AGA ATA CGG AAC TGC T	19	5793.8	54.0℃	28.5	42.1%
323	BW691955P3f	GTT AGC ATT TGT GGT CAT CC	20	6095.0	55.3℃	27.1	45.0%
324	BW691955P3r	ACA TTG GTA GAC TCC TTC ACC	21	6321.2	57.9℃	26.1	47.6%
325	BP891524PPf	AGC CGC AGC AAA GCA ATC	18	5469.6	56.0℃	30.2	55.6%
326	BP891524PPr	TAT CCT CGG GAG CGT CAG C	19	5786.8	62.0℃	28.5	63.2%
327	BP891524P3f	CCC ATA CGA GAG AGT GAC C	19	5788.8	60.0℃	28.5	57.9%
328	BP891524P3r	TCA ACA GGG AAC AAA TCA TC	20	6084.0	53.2℃	27.1	40.0%
329	BG141046PPf	CTC ATC TCC TTG GCC TCC TG	20	5952.0	61.4℃	27.7	60.0%
330	BG141046PPr	CGA ACC ACA ATC CCT CCC	18	5316.6	58.0℃	31.0	61.1%
331	BG141046P3f	TTG GAC TTC TCA TCT CCT TG	20	6006.0	55.3℃	27.5	45.0%
332	BG141046P3r	CAT TTC AAC AAC AAT ACC TCT C	22	6561.4	54.7℃	25.1	36.4%
333	BP875661PPf	CCA TCT CCC GTC CTT ATA	18	5328.6	54.0℃	31.0	50.0%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
334	BP875661PPr	ACG CTG GAA CAG AGT CAA	18	5524.6	54.0℃	29.9	50.0%
335	BP875661P3f	GCT ATT TAT TTG AGC ATT TGG	21	6437.2	52.0℃	25.6	33.3%
336	BP875661P3r	CTT CCT TTC CAG ACT TGG T	19	5702.8	56.0℃	28.9	47.4%
337	AW093255PPf	TAT AGA TTG TCC TTA CCC TT	20	6014.0	51.2℃	27.4	35.0%
338	AW093255PPr	GAT TCG GAA ATG AAC TGA	18	5554.6	50.0℃	29.7	38.9%
339	AW093255P3f	TCA TTC AAC TCC ATT CAT ACA	21	6264.2	52.0℃	26.3	33.3%
340	AW093255P3r	GTT TCC TCG TCT GCT TCC	18	5366.6	56.0℃	30.7	55.6%
341	AI488177PPf	CCA CCC ATA GTT CCA ACA	18	5355.6	54.0℃	30.8	50.0%
342	AI488177PPr	TTA GCA CTT CCA CCG ATT	18	5392.6	52.0℃	30.6	44.4%
343	AI488177P3f	TTC AAC ACC ACC TAT TGT CTC	21	6256.2	55.9℃	26.4	42.9%
344	AI488177P3r	CTT AGC ACT TCC ACC GAT T	19	5680.8	56.0℃	29.0	47.4%
345	AI895825PPf	GAG ATA ACG ACG AAG GAA	18	5597.6	52.0℃	29.5	44.4%
346	AI895825PPr	ATG TGG ATG AAA CGG ATG	18	5610.6	52.0℃	29.4	44.4%
347	AI895825P3f	CGA GAT AAC GAC GAA GGA	18	5573.6	54.0℃	29.6	50.0%
348	AI895825P3r	TTA GGA ACG AGT GAT AGT GGA	21	6554.2	55.9℃	25.2	42.9%
349	AI777069PPf	AAG GTG GTT GTG AGG TAG	18	5657.6	54.0℃	29.2	50.0%
350	AI777069PPr	GAA ATG CCA AAA CAA GAT	18	5516.6	48.0℃	29.9	33.3%
351	AI777069P3f	AAG GAG TTT AGA TTG AAG GTT T	22	6847.4	52.8℃	24.1	31.8%
352	AI777069P3r	TGA TGA TGT TAC TTG TCT TTG TT	23	7034.6	53.5℃	23.5	30.4%
353	BI209992PPf	GGC TAG GCT GGA GGA ACT	18	5587.6	58.0℃	29.5	61.1%
354	BI209992PPr	TTT GGC TAT CGT AAT GGT AA	20	6143.0	51.2℃	26.9	35.0%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
355	BI209992P3f	TAG GCT GGA GGA ACT AAA GAA	21	6532.2	55.9℃	25.3	42.9%
356	BI209992P3r	TTG GCT ATC GTA ATG GTA ACT	21	6431.2	54.0℃	25.7	38.1%
357	BG130984PPf	TTA TGG CCT TTC TAT CCC	18	5374.6	52.0℃	30.7	44.4%
358	BG130984PPr	TTC ACC TCC AAC ATC AGC	18	5346.6	54.0℃	30.9	50.0%
359	BG130984P3f	TGC TCT TCT TTA TCC TTC TTG	21	6275.2	54.0℃	26.3	38.1%
360	BG130984P3r	CCT CCA ACA TCA GCG TAA	18	5395.6	54.0℃	30.6	50.0%
361	AW036481PPf	AGA CTC CCA TTG AAG ACC	18	5435.6	54.0℃	30.4	50.0%
362	AW036481PPr	CCA TAA TTC CAC CAC ATT	18	5345.6	50.0℃	30.9	38.9%
363	AW036481P3f	GCT TCA TTA GGG CTT CAA TAC	21	6376.2	55.9℃	25.9	42.9%
364	AW036481P3r	TAC CTG AGC ATC TTT CCA AC	20	5993.0	55.3℃	27.5	45.0%
365	BP905970PPf	CTC CAT CAT CCC GAC TTG	18	5353.6	56.0℃	30.8	55.6%
366	BP905970PPr	ATC GTG GAA TGC TCT GTA AT	20	6128.0	53.2℃	26.9	40.0%
367	BP905970P3f	GAT TAC GAC TAC GAT TCC TCC	21	6321.2	57.9℃	26.1	47.6%
368	BP905970P3r	CTC AGG TTC TTC ACA TAC CAC	21	6281.2	57.9℃	26.3	47.6%
369	BI930462PPf	TGA GGA ATT GCA GGA TAT	18	5585.6	50.0℃	29.5	38.9%
370	BI930462PPr	CTC TTG TTG GAA AGG GTT	18	5543.6	52.0℃	29.8	44.4%
371	BI930462P3f	GTT TAT GAC TCT GGT GAT GAT G	22	6790.4	56.5℃	24.3	40.9%
372	BI930462P3r	ACT TCT CTT GTT GGA AAG GGT	21	6447.2	55.9℃	25.6	42.9%
373	BG630026PPf	GAG TAG CGG ATG GGA AGA	18	5660.6	56.0℃	29.1	55.6%
374	BG630026PPr	AAG GGA AAT GGT TGA GGC	18	5635.6	54.0℃	29.3	50.0%
375	BG630026P3f	AGT AGC GGA TGG GAA GAA	18	5644.6	54.0℃	29.2	50.0%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
376	BG630026P3r	GAA ATG GTT GAG GCA AAT C	19	5882.8	54.0℃	28.0	42.1%
377	BG136343PPf	TTT ATG GGC ATT ACG ACT	18	5487.6	50.0℃	30.1	38.9%
378	BG136343PPr	GTT CTG ATT GGA GGA AGC	18	5577.6	54.0℃	29.6	50.0%
379	BG136343P3f	TGC TGT TCC ATT GCT ACT TAC	21	6318.2	55.9℃	26.1	42.9%
380	BG136343P3r	CTA CGG TGT TTC TCG TTC TC	20	6022.0	57.3℃	27.4	50.0%
381	AI898615PPf	TCG TCG TCT TAT CCT TCT	18	5365.6	52.0℃	30.8	44.4%
382	AI898615PPr	CAT TCT GGT GTC CTC CTA	18	5399.6	54.0℃	30.6	50.0%
383	AI898615P3f	TGG TCT TGT TCT TGT TCT TGT	21	6386.2	54.0℃	25.8	38.1%
384	AI898615P3r	TCA ACT CCC TAC TCT TCT TGG	21	6263.2	57.9℃	26.3	47.6%
385	AW093255PPf	TAT AGA TTG TCC TTA CCC TT	20	6014.0	51.2℃	27.4	35.0%
386	AW093255PPr	GAT TCG GAA ATG AAC TGA	18	5554.6	50.0℃	29.7	38.9%
387	AW093255P3f	CAT TCT CCA ATC ATA ACC TCA	21	6249.2	54.0℃	26.4	38.1%
388	AW093255P3r	TCT GAA CAC TGA AAC CGA A	19	5771.8	54.0℃	28.6	42.1%
389	BP898283PPf	GCC TGA TTC TGA CCC ATT T	19	5711.8	56.0℃	28.9	47.4%
390	BP898283PPr	TAG TCC GAG CAC GTT GTG	18	5513.6	56.0℃	29.9	55.6%
391	BP898283P3f	GCC TGA TTC TGA CCC ATT	18	5408.6	54.0℃	30.5	50.0%
392	BP898283P3r	GGA CTA AGA GGA GGA AGT GTT	21	6579.2	57.9℃	25.1	47.6%
393	CD002686PPf	TTG TAT TCT TCC CTT TTC	18	5355.6	48.0℃	30.8	33.3%
394	CD002686PPr	AGT TAC CTG TTC TCA AGC	18	5432.6	52.0℃	30.4	44.4%
395	CD002686P3f	TAA AGA GAT TGA CCA CCA ACC	21	6372.2	55.9℃	25.9	42.9%
396	CD002686P3r	ACA TTG ACA CAG ACT ATT ATC AC	23	6953.6	55.3℃	23.7	34.8%

Counter	Sequence Name	Sequence	Sequence Length	Molecular Weight	Tm	nmol	GC Content
397	BP911434PPf	ACT AAG AAG GAA AGG CGT AA	20	6213.0	53.2℃	26.6	40.0%
398	BP911434PPr	CAC TGG AAA CCC TCA AAA	18	5428.6	52.0℃	30.4	44.4%
399	BP911434P3f	TAC TAA GAA GGA AAG GCG TAA	21	6516.2	54.0℃	25.3	38.1%
400	BP911434P3r	TCA TAA ATC CCA CTG TTG AAG	21	6369.2	54.0℃	25.9	38.1%

APÉNDICE C

Secuencias Formato Fasta.

Amplificación Monomórfica

Secuencias Formato Fasta. Amplificación Monomórfica

>gi|39831744|gb|CK274766.1|CK274766 EST720844 potato abiotic stress cDNA library Solanum tuberosum cDNA clone POADJ30 3' end, mRNA sequence
AGGGGCAATATTTTTGAAAAATTCAAAATACCTTATTTACCACGAGCAAAATAAAGAAAATAAATAGCAA
AAGCCGTCCGAATACACAAAGTACAAATTCAACAGTGCCCATTAAACATAGACACAAACAAACAAAGAAG
TTTACAAAGAGAAAATTAAAATTAAACAACAAGTTGATAAAATGTCACACTACTTAAAAATCTCCACTTG
GGATTTGCTCATGAGTGTGGCTAATGAAGATGAATTCATAGATAAATCCAGCAAGCCCACCACCAATAAG
TGGTCCAGCCCAGTAAACCCATTGGTGAGTCCAGGTCCAGCTAATCAAAGATGGGCCAAATGACACAGCT
GGGTTCATTGAAGCTCCAGTAAAAGCTCCACCAGCTAGAATGTTGGCACCAACAATGAAACCAATTGCAA
TTGGTGCAATCACTCCCAAATCTCCCTTCTTTGGGTCAACTGCAGTTGCGTAAACAGTGTAAACGAGACC
AAATGTCATCACTATCTCGAATACAAATGCGTTCCATACTGATACACCGGCTGACAATGCAAATGATCCA
GTGCTCATGCCACCAGTGGCGAATCCAAGGAGAGCGCAAGCAGCAGTGGATCCAAGCAACTGTGCAATGA
TGTACAAAATCCCACGGAACAAAGTGATATTTCCACCTACAAAAGCACCGAAAGTAACAGCC

>gi|14645876|gb|BI180065.1|BI180065 EST521010 cSTE Solanum tuberosum cDNA clone cSTE21D19 5' sequence, mRNA sequence
TGAACAACAGCAGCAGCCAGAGCAAGCTATGGGGAAAAGCGATGATTCCATTCAGAGAAGGAAGAATAAG
AAGACTAGAAAGAAGCAAGATGACAAGGTCTCTAATCGTATCGCCGGAATTATTGCTGCTAAGAAACGTC
GACTCTCCGGCAAACGCCGTATGTGTGAGGGAATGTGCTATAGTTTGCCTACACCTGAGGATCCATTCAA
TGAGAGGCATGGGAAAGTTGATCTTGTGAAGAAAAAGAAGAAGAAGCAGAACCTGTCGAAGAAGGGCAAG
AACCCTATTAAGAAGACTAGTTTACCACAAAATTCTGACAAATTAAAGGAAGATTTCCACATGCATGCTC
CATCTAAGTTCTTAATTCTCTGTTTGAAAACCATTCAGGATGGCCTTCAGCAGGATGGAGCCTTCAATGG
TGGAGAGGAAAAGCCTTTCTTCGTCCATGCATGGGGAATTGAATTCTGGAAATATTTTACCAGTGGCAAA
GATATAATTGGTACAAATCAAGCCCATGCTACAACTGAGCAAATTGCTTGGGTTGCAGCAACAACTGCTG
ATGCCATTTCAAGAAAGGAGAAAGAAGGTCTATCAATTAGCAACCCCTTCCTTTTATTCCTTGTTCCCTC
CCAAGAGAAAGCTGTCAAGGTGCGGAAAATATGCAAGCCTCTGAAAGCTCTTGGAATACATACAGTGAGT
CTGCATCCTGG

>gi|18257084|gb|BM405497.1|BM405497 EST579824 potato roots Solanum tuberosum cDNA clone cPRO24G5 5' end, mRNA sequence
GGAGCAAGTCCTGCATGGATTACGATTATGTTGATCAGCGTGCAGCTAAAAGTTGGATGCCAGTTTTGTA
ACATTTTTGGTTATTTTTTCTTTCTTTCTGATTTTGGTTATTGTTGTTGAACATGGTGTAATATCATCAT
TTTTATGAACTTAATAGTAGATGATATAATGTTACAAGAATGGTTCACTC

>gi|16216135|gb|BI920107.1|BI920107 EST540042 potato microtubers, in vitro-grown Solanum tuberosum cDNA clone cSTE24K23 5' end, mRNA sequence
CTTCCTTCTTCACAGGTAAGCAAAGAGAGAAAAGCAAAAATGGTGTCCGGTTCAGGAATCTCCGCAAGGA
GGATAGTGGTTGATGCTCGTCACCATATGCTTGGTAGGCTCTCATCAATTTTGGCTAAGGAATTGCTTAA
TGGACAGAGAGTTGTTGTTGTTAGGTGTGAAGAGATTTGTCTTTCTGGTGGACTTGTTCGTCAGAAAATG
AAGTATCTTAGGTTCCTTCGCAAGAGGATGAATACTAAGCCTTCTCATGGACCTATTCACTTCCGTGCTC
CGTCGAAGATCCTCTGGAGGACCATCCGTGGGATGATTCCCCACAAAACTAAGCGTGGAGCAGCTGCTCT
TGCCCGCTTGAAGGTTTATGAGGGTGTTCCACCTCCATATGACAAAATCCAGAGGATGGT

>gi|39823751|gb|CK266773.1|CK266773 EST712851 potato abiotic stress cDNA library Solanum tuberosum cDNA clone POAC669 5' end, mRNA sequence
AAAAAAGGGGTTTTGCTCTCTCTGACTCTATCTTCTTTCCTCAAACTCATATCATCATAAAATACAAGGA

AGTGTCAAAAGGCATCAATCAAATCAAATCAAATCAAATCAATCACAAAAGCAGGAGGAACCAATCAGTT
TGGAAAAGAATAAGAGAAATAATATAATGTCCTCTTCAAATAGCTTGTCATTGGACCACCTTCCTCCTCC
TCCACCACCTCCACCTCCTTCCGAACAGCTCTGCTATGTCCATTGCAACGTTTGTGACACCGTCCTCGCG
GTAAGTGTACCGTGCACAAGTTTGTTCAAAACTGTGACGGTTCGATGTGGACACTGCACTAATCTTTTGC
CTGGATGGCTTTTGCCTTCCACTAATCATCATCATTTTGGTCACACTTACTTCTCTCCTTCCCACAG
TCTTCTGGAGGAAATAAGCAATGCAACCCCAAATTTCTTGATGAATCAGAGTAACTCAGCTCATGAATTT
GTGCAGCTGCCTGCTCGACCTGGATTTGATGATCTTCCTAGACCGCCGCCCGTTATTAACAGACCTCCTG
AGAAGAGACAGCGAGTCCCTTCTGCTTACAACCGATTCATCAAGGAAGAAATCCAACGCATAAAAGCAGG
GAATCCTGATATTAGCCACAGAGAAGCCTTCAGTGCCGCTGCAAAAAATTGGGCCCACTTTCCACATATT
CAATTTGGTCTCATGCCTGATCAGACTGTTAAGAGGACTAATGTGCGTCAGCAGGATGGAGAAGATGTTC
TTATGAAAGATGGTTTGTTTAATACATCAGCCAATGTTAGTGTGT

>gi|13612977|gb|BG594825.1|BG594825 EST493515 cSTS Solanum tuberosum cDNA clone cSTS8J11 5' sequence, mRNA sequence
GCAACGGTCAGATGCTGGCTATTAATGAGATCTTCGAGAAGAACCCAACAACAATCAAGAATTATGGTAT
TTGGCTCCGTTACCAAAGTAGAACTGGATACCACAACATGTACAAGGAGTACCGTGACACCACATTGAAT
GGTGGTGTGGAGCAGATGTACACTGAGATGGCTTCTCGCCACAGAGTTCGCCATCACTGCATTCAGATCA
TAAAGACAGCAACCATTCCTGCTAAGCTGTGCAAGAGGGAGAGCACTAAGCAGTTCCATGACTCCAAGAT
CAAGTTCCCGTTGGTGTTCAAGAAAGTCAGGCCACCATCTAGGAAACTCAAGACCACATACAAGGCTACT
AAGCCCAACTTGTTCATGTAACTTGTTTGGTCATATGTGCATTGAGAAGCAACTTCAGATTTATGCAATT
TTGGTGCATTAGTTGAGTTGAGTTAAGATTCATTGTGAAAGAGATATAAGTTAAACCTTTTTGTTCTACT
GACCAAATGATGGTGGTTATTAGAGTATTTTTAATGATGGATTTCTATTTGCTTTTATCGTTGAAGTTCT
TGCTAATAAATTTTGTTAGCATTGGTGGTAAATGTGGGGTTGATTTCG

>gi|10448763|gb|BE922687.1|BE922687 EST426456 potato leaves and petioles Solanum tuberosum cDNA clone cSTB21F5 5' sequence, mRNA sequence
CAATTCACTAGTTCCTGAAGTTGACAACGTTCTTGTTCGCGTTGATTGTGTTATCTCCGATGATGAATCA
TCTTCTCCGTCTTCTTCTTCTGGTTACTCTGCTGATAAGTCCCGGCACCCCATCTCTTCCCTTTTTCGTT
AGGTCTTCTCTGGTTTACTCAAACCCTTTCAATCTATAACCCAATTCATTTCCATTTCACCTCGACGTGC
TGCCTCTTCTTCCGCTGCTGTCGTTGACGGTGATGATTTTGAGAAGAACTCCGTGACCCATCACTCCCCT
ACTCAAGTTCTGAAGAACTTTAACGAGATTAAGCTTCTC

>gi|53698021|gb|CV473245.1|CV473245 21440.1 Developing Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 21440 5', mRNA sequence
GTTGTGATGTGGCCCGGAGACGAATCCTTCTCTGGCACAAAAAAGAATGGTGGTACCTTTGAGTAGCGAA
AGGGGTGAAAACGTTGATCCTGCTGCTCAGGATGCTGCAAGTACTTGACACGAGTTGCTATCCAAAGGGG
CAGCAGAGATAATATATCTGTGATTGTGGTCGACTTGAAAGCACAGAGGAAATTCAAGAAAAAACGTAGA
GCACTAAACCATCCTCGTATTTCATTTTGTGGATGTAACATTGGAAACTTATCGTACAGGATGATAATCA
AATCAAATCGTACTCATGTTGCAGATTTTAGCTTCCTTTTTAATTAGGCTGTTACCGTACATGATGGAAG
TTATTCTGACAATAAAAATTTCAGCAAAGTTGGTTCAAAGAACAAACTACTGACTCTCAGCAGATTATTT
AAAAAAAAAAAAAAAAAA

>gi|15258433|gb|BI433743.1|BI433743 EST536504 P. infestans-challenged potato leaf, compatible reaction Solanum tuberosum cDNA clone PPCBH95 5' sequence, mRNA sequence
GACATTGATGATGGGAAGGTGGTGTTTGTTCCATGGGTTGAAACAGACTTCAGAACTGGTGATTCTCCAT
GGTGGGCTTAGAAATCCCATCTAACTTTTATTATTATTAGTATATATATTCTCTTGTATCTTTTGTTACA
TAGAAGCTTATTCCCCTTTTTATAAAGAAAAAAAATGTAACTATTGAAACATTACCCTTGCAGTCCCAAA
ATAACATTTCTCATTTGGGATACAGTTCTTTTCTGTAATTGTTTATCATCATTTTCATTTTCATTTTT

>gi|15185654|gb|BI406240.1|BI406240 157H08 Mature tuber lambda ZAP Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence
ACTGAATTGCAGTGAAGAGGCCAAGAGAGGAAGAAGCAGAAACAGAGATGGAGGCAGCCAATAACAGCAA

CAACAACAATGGTTGCAGCACCAATGAGAAAGAGGAGTCATCTCCTTATATCTCTTCTGTTTACCTGGAT
GGTTCTCTGAGATTAGCCCCCTTTGGCCTGGGGAAGCACACTCTTTGAAGGTTGAGAAGATATTGTTTCA
GGGGAAGTCTGATTACCAGAATGTCTTGGTTTTTCAGGTCCATCAAACTTTATGGAAAAGGGTGCTTGGT
TTTGGGATGGTGGTTGATCCCAAACTTACCCGAGAGGGATTGAATGTGCTTATCAAGAGATGATCACTCA
TCTTCCTCTTTGTTCAATTCCCAACCCCAAAAAGGTGCTGGTTATTGGAGGAGGAGATGGTGGTGTCCTG
CGTGAGGTATCCCGTCACTCTTCTGTCGAACAGATCGACATATGTGAGATTGACAAAATGGTAGTTGAGG
TTGCTAAACAATTTTTCCCAGATGTAGCTGTAGGATATGAGGATCCACGTGTGAATCTCCACATTGGTGA
TGGAGTTGCATTTTTGAAAAATGTTCCTGCTGGAACTTATGATGCTGTCATAGTGGATTCATCTGACCCT
ATTGGTCCAGCACAGGAGTTGTTCGAAATGCCTTTCTTTGAATCTATAGCAAAGGCTCTTCGTCCTGGAG
GGGTTGTAGCTACACAGG

>gi|20166677|gb|BQ114715.1|BQ114715 EST600291 mixed potato tissues Solanum tuberosum cDNA clone STMCV88 3' end, mRNA sequence
ATTTGGCATAGCAAATAGACTGTACAGCATTATAGACAGGTATCTCACAGACTTAAAATGCCCTTAGACT
GTTCTCCTGTATAAATAAATAAAAAATCTCTTTTTTAACATGGAAGTTATCTACAGAATCTAATTCAGAC
ACCCATTAGTGTTTTAACCAAATCCAAATCCTTCGTTGGCTTCATGAATGGCAAGCAGTAGTCTCTCCTC
CAGATGCTCTTTAGAGGGGTACTCTGGTAGATCCAACTGGTTAAAACATGTATGTGCTGAAGGCAAGTGA
TCAGCACTGCCATAAGCTTTGTGGATCTGAAATTTCTGGGAACCTGAAATTCCTTGCAGTGCACTAAACC
CTTCCAACGGCACCTTTGAGGTTCCAGTGACAAATTGAAGAAGGCGAGCTTTGTCTTCCTTGCTAAAAGC
TTGAACAACTTCCCAAAACCACTGAATAACAGGTGAAGCTGGGCTGTATCCAGAATATTCTGTATTTGCC
CTTAAGTCATC

>gi|53776243|gb|CV493895.1|CV493895 38454.1 Cold Sweetening B Solanum tuberosum cDNA clone 38454 5', mRNA sequence
CTTTTCAGATTTTGAAAAAAGGACAATTTTTTTGCTAGTAAAGCAGCCCCAGGATTTGGAAACTACAGGA
GAAGTCAAGTCAAGTTTGATGGAAAGAAGAGACACATGGACACGTCAAAATTTCCTTGCTGCCCTCTTCA
ACCTGGCTCCCATATGTCGAGCATTTTTACTCTCAATGCGGAGCTTGCTATAGGCCTTGAATGATTTCAT
CTCATCTGTGACCTTCACAAAGTTAACAGCAGGCTGCTCCCTAGTAATAGGCAGGTATGGACCCTGGACC
TGGATGGCAGTAGCAAGTTCCTCTGCACTAGAATCACCAGCCTTGACCTTCTTAGCACGCCTTGGGAAGA
TAACTAGCTTAGCCTTGTAGGTCTTAAGCCTCTGGACATTGGCTTGGAGACCTTCCAAGGATCTGTTCCT
GCGGCGATGATCAACAGCAATGCCTATGGTTGGTGCTAGATTTTTGGGAATACCAGCTGCCTTCAGT

>gi|62951790|gb|DN941519.1|DN941519 1088.3 Tuber Skin Solanum tuberosum cDNA clone 1088 3', mRNA sequence
TTTTTATTATTGTAACATATAAACGTTCAGACTGCAAAACACCAACATCCTTCAATTCTCTTCACACATC
AAACTGAAAAAACAAATTTAAAAAAAGGAAAGGAAAGGCGTAGCTGGTCCATATCAACCATATTCTTTCA
ACGGAAAAAGACAGAAGTGAAAAGGCTTAAAAGGAAAGAAATCATTAGCCTCATAAGTCATAACTGTTGG
TTGAGATAATGGTCTGGATCTGACTTCCCTCCGACAGCCAAATACCCAGCAACAGTTCCAAGAACATTTG
AAACAGTACCACTCAACCAGGAGGTACTTCGAGTTAATAAGCCAGTCGGTGTCTGCCCGACCTCTTCAAG
CATAATTCCTGGCTCTTCTGCCAACAGTATGTCAAGCCGCCGCTTAATCATATATGCCTTTACAGCTTCA
ACCCCTTCAAGTACGACTTCCTTTGGAGGTATCACAAGGGGGTTTTCGTCCAACTTAAGCACAGTTAGGT
TGTCAAGCCGGCTAATTGTGTCAGGCAGTTCATGGATCTGGTGGTCGCTCAGATCAAGTTCCTTGAGCAT
TTATCAAGTCACCAATTGTGTCAGGAAGCTTAGTTAGGTCACTAAAATTGTTGCTCAAGTTGAGGATCTC
AAGATTGGTCAAGTTCCCAAATGAAAGTGGAAGCCCATGTAGTCCATTCAAAGTGCACATCTAGAAGGCG
CAGGCACTTCATCTCAGCCAAAGGGAAGTGGGTAACGGAGCGGAGC

>gi|37820894|gb|CF802497.1|CF802497 CP54.r Solanum tuberosum young leaf Solanum tuberosum cDNA clone CP54, mRNA sequence
TCATACTTAAGTCACCAAACACACACACATGGACGCTATTGTAGTCGCATCGAGAAACAAGATATNCGAT
ACNCGGAGCTACAATATTAGCTAGCTCTAAGACTCCAACTTCATTTTATTTTATTTTATATTTTTTTTG
AAAGGGAAATAACATTCACAGTAGTAGAGAAAAGGGAACTTTATATGCTAATAGGCCAGAATACAAAAAA
ATATATAAGAATATTCAATGACAAATTAGTAAGTGAATACGAGATAGTGATAGTTAAATAGTCTTAAAAT
GAACACCAAGAGACAGTGAAATCGAACATGAAACAAACATCAGCATCACAGATATATTAGGGATTTCATG

>gi|53698055|gb|CV473279.1|CV473279 21480.1 Developing Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 21480 5', mRNA sequence
AAGCAGATAGCAGCTATTTCAAGATTGTTAAATCATCAAAATTTGGTTACATCTTATTGTATTGCCCTAT
TACTCGCCCCCCTATTGTTTGTCCATTTTGTCGTGATGATGACTTCTGTGCAAAAGTGGGTGTAGTTATT
CAAAATGGAAAAAGGCGTTTGGCTCTTGTCAACGAAAATCCTCTTGACGTCTTATTCCAGGAAGTCTAGT
AACAAATAATGCCTGCAGCTAGACTATACTATGTTTTAGCCTGCCTGCTGGCTAGCTACTATGTTATGTT
ATGTTGTAAAATAAACACCTGCTAAGGTATATCTATATATATTTTAGCATGGCTTTCTTAATAAAAAAAA
AAAAAAAAAAA

>gi|53697113|gb|CV472337.1|CV472337 45665.1 Common Scab-Challenged Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 45665 5', mRNA sequence
TAAAATCAATATGATGAAGTGTTTATTTTTGTTATGTTTGTGTTTGCTTCCCATTGTGGTGTTTTCATCA
ACTTTCACTTCCCAAAATCTCATTGACCTACCCAGTGAATCTCCTCTACCTAAGCCGGTACTTGACACAA
ATGGTAAAGAACTCAATCCTGATTCGAGTTATCGCATTATTTCCATTGGTAGGGGTGCCTTAGGTGGTGA
TGTATACCTAGGAAAGTCCCCAAATTCAGATGCCCCTTGTCCAGATGGCGTATTCCGTTACAATTCCGAT
GTTGGACCTAGCGGTACACCCGTTAGATTCATTCCTTTATCTGGAGGTATATTTGAAGATCAACTACTCA
ACATACAATTCAATATTCCAACAGTGAAATTGTGTGTTAGTTATACAATTTGGAAAGTCGGAAATCTAAA
TGCATATTTTAGGACGATGTTGTTGGAGACGGGAGGAACCATAGGGCAAGCAGATAGCAGCTATTTCAAG
ATTGTTAAATTATCAAATTTTGGTTACAACTTATTGTATTGCCCTATTACTCCCCCTTTTCTTTGTCCAT
TTTGTCGTGATGATAACTTCTGTGCAAAGGTGGGTGTAGTTATTCAAAATGGAAAAAGGCGTTTGGCTCT
TGTCAACGAAAATCCTCTTGATGTCTTATTCCAGGAAGTTTAGTAACCAAATAATGCCTGCAGATAGACT
ATACTATGCTTTTAGCCTGCCTGCTGGCTAACTACTAATGTTATGTTATGTTGTACAATAAACACCTGCT
AAGGTATATCTATATATATTTTACACATGGGCTTTCTCAATAAATTGTCTTTCCTTTAAAAAAAAAAAAA
AAA

>gi|53700222|gb|CV475446.1|CV475446 23998.1 Developing Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 23998 5', mRNA sequence
TGAGAAACTATATTAAGATAATGACGTGATCACACCAAATCGACCGTTACATAAAATAAGACTTTTCGTC
ATTATCTTAGGATAGATTTAAACGATTCGATATAGAAATATTTAACTAATAATACAATACAATACAACGG
ATAACAACGATCAAATTTAAAGACACTGAAAATAGCCAATTCTGTGTGACTTGCCTCCACATAACCAAAT
TCCTTTTCAGTCCTCAAAATACTTCTCCGGCCGTCCCATATCGCGCGATAAAAAAATCTTCAAGTTCATT
ATCATCGATGTCATGTGTTCTTCACAAAGTAGTACTCCCATTTGCCTATTAATTGCTTAGCTCTCAATTA
AAGG

>gi|12587114|gb|BG097079.1|BG097079 EST461598 potato leaves and petioles Solanum tuberosum cDNA clone cSTB45F6 5' sequence, mRNA sequence
GGAACTAGTAAGTCAAAGACCAAAACAACTGTCAAACAGAATAAAAAGAAAGAAAGACGTAGCAAAAAGG
ATTCGGATAGGTGTGTCTTTGTTGATGTGGAGGGACTGCATTTTGAGGTCCACTTTAGATTCGTCAATGA
ACCTCATATCTTGTTAGCTCAGGTTGCCCAAAAGACTGCAAAGAAAGTGTATATTAAGAACTCTGGTAAA
ATCGACCAATGCAGAATGGTCAAGTATGAAGTAACTGAAAATACTGTGATGTGGGATGAATATCAAACAA
AGCAGCAATGCCAAGATTCTGATTCTGCTTATTGGGCCCTGAAAGCAGCTGGAGTGGATTTTGGTACCTT
CTGGGAAATGCAAGATGACCTTGATGTTACTCGTATATACACGAATAATATTCGTGCTATGCTGAACACC
TAT

>gi|13180406|gb|BG351664.1|BG351664 130E02 Mature tuber lambda ZAP Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence
AGAAGCTGAGGGTGATCCTACAAGAGATGAGATTATTGATAGCTATATCAAAACACTTGCTACGATTGTC
GGAAGTGAGGAAGAAGCAAGAATGAAGATCTACTCTGTCTCGACAAGACATTACTATGCATTTGGAGCTC
TTGTATCCGAAGAACTTTCTTACAAGCTCAAAGAATTGCCCAAGGTTAGATGGGTGCTTCCTGATTCCTA
CCTGGATGTTAAAAATAAAGATTATGGAGGAGAACCTTTTATTAATGGGCAGGCTGTACCATATGACCCG
AAATACCACGAGGAGTGGGTGAGGAACAATGCCCGAGCTAATGAGAGAAACAGACGTAATGACCGACCTC
GTAACTTTGATAGGTCCAGAAATTTTGAGAGAAGAAGAGAGATGCAGAACCCTGGATCCAATATGGGTGG
TGGACCTCCCAATATGAGAAATGCACCACCCCCTAACATGGGTGGAATGCAGCAGCAGCAGCCTAACATG

AGTGGAGTGCAGCAGCAGCAACCTAACATGGGAGGTATGCAGCAGCAGCAGCCGAACATGGGAGGTATGC
AGCAGCAGCAGCCCAACATGGGCGGGATGCACCAGCCTGGCATGGGAGGGCCACCCAACATGCAGCCCAA
CATGGGAGGTGCACCGCCTAACTATGGTGGAGGGCCTCCCAGAAACTATGGTGGAGCGCCTCCCAATAAC
TACGGTGGAGCACCAAACAATCAATATTATGGTGGACCAAACAATGGGGGCATGCCTTACC

>gi|53786465|gb|CV504108.1|CV504108 70624.1 Mixed Floral Solanum tuberosum cDNA clone 70624 5', mRNA sequence
TTAGCTATATCACACATCAAAAGTTGTCATGGCCTCATCAAAAAATTTCTTGATTTTCATTTTGGCTGCA
TTAATTGCAACCCCTGTTGCAGTAGCCCAATTGGGAGGACTTCTGGGTGGCATTCTTGGCACAATAAGTA
TAGATGGGGTTCTATTTTGTAGCCTTAACGGCAAAATAGATGTCCTCAATGGAGCCACCACCCCAATTTT
CCCTAATGCATCGGTGCAATTGCGGTGTGGAGGTGGAAATGTAGTATCAAGTACAACAACAAATGGATCA
GGAGCGTTTTCGCTCTTGTTGAATCCTGTACAAAATATATTAGTATCATCATTGTTGTCTAACTGCAACA
TAGTGGTTACAACTCCGCTCTCAACATGTAATGCTACCTTACCATCCGTTGGGGTTCTGCAGGCACCTTT
GCAGATTGTTGGGAGAGCTGCTGGACTTCTTAATATAGTTACTGGTGCTTTTCAACTTATTAACTAAATG
GTACTCGTTTAATTACGTCTTGTTTAATTAATTAATATTGTCAAGTTGCATAAATAAGGATTAATGTTGT
TTGTGTCCACTGTAATTGTTTGAATGTTTTGCTTTCTTGTTGGAGTGTTTGTCATTATACCAAGTGCAAA
TTATATTTGCAGCGAAGTGTAATATTATATATATTGAAGAAATCTACTCGTAT

>gi|21371235|gb|BQ512366.1|BQ512366 EST619781 Generation of a set of potato cDNA clones for microarray analyses mixed potato tissues Solanum tuberosum cDNA clone STMHX91 5' end, mRNA sequence
TGCAACTCCCATGGCATTATCCGTACAAGCGAACCTCGTTTTCCCCTATTCTCCACCCACCCACCAACAA
TTTCTCCAAATCGTCGTCTATTTTTTCTTAACTATCCTTCGAATTATGGAGTTTTGAGGACAAAATTCGT
GTCATTCAAACCTAAATCGAACCTAAACGATGTCGTTTCATATACCGACACGGATAAGAGCTTTTACGAT
CTTCTGGGTATACCGGAAACTGGATCGTTGTTGGAAATCAAGCAAGCGTACAAGCAATTAGCAAGGAAGT
ATCACCCGGATGTTTCACCTCCGGATCGGGTTGAAGAGTATACACAGAGATTTATTAGGGTGCAGGAAGC
TTATGAAACGTTATCGGATCCTGGAATGAGAGCTTTGTATGATAGAGATATGGCTAAAGGACTTCACTTT
GGTTTCTCTGCTCGTTCACATGAGGCGATGGAGGAGAAAGGTGAGTGGAAAAATCGTTGGCAGTCTCAGC
TATCAGAGCTCAAGAGACGAAGAACGTACAAGGAATCCAGTAACAGTATGTCTTGGGGAGCACGGATGCG
CAAGCAAAGGGACGATGCATAATCTGAATCAATAATAACTAATACATCTTATTTTATTTTGGATATACGG
GAATGTTTTTAGTTTT

>gi|46296003|gb|CN216661.1|CN216661 30587 Suspension culture Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence
GAGGCAAAATTCCACACATCATTCAATTCATTTTCAGAAGGTGAAACAAATGTCCTAGATTATATTCCAT
GGACAGGCATGACAAACTATACTAGTTGAAAATTAGGGAAAAGAAAAGAAAATGGTATTTTGTATCCTAA
CAAAAATTCATTCAGAACACACTTGCATTTGACCAGAAAGTGATAATTAAGATCTGGGCTTCTCTTTCTT
CTCTTTGAAGAGAGCCAAAAGTGAAACACCAGACACCTTCACAACCTTGAACCTAACACCAGGAATATCT
CCCACAGCATGTCCTTTACGACCAAATCCAGCAATCAACACCTCATCATTCTCTTCAATGTATTCAAACA
ACCATCATTGGGTACAAATGCAGCTATCTTCTTCCCGTTCTTTATCAACTGAACTCGAGCACACTTTCTA
ATGGCAGAGTTAGGCTGCTTAGCTTCAATACCAATTTTCTCAAGAACAATCCCCTTGGCGTGAGATGATC
CTGCAAATGGCTTTTTCCATTCATTGCCAAGATGAGATTTCTTGTAAGACTTGTCAGCCACCTCTGCCTC
CGACGGTGGGACTTAAGTTTACGACAGTCCCATTCCACGTGTCTTCCCCATTGTGACAGGAAGGAAGTTG
TCTCGCTGCAGCAGCTGGAGGGCTGAGGAGCTGCGAA

APÉNDICE D

Secuencias Formato Fasta.

Amplificacion Polimófica

Secuencias Formato Fasta. Amplificacion Polimófica

>gi|39800363|gb|CK249342.1|CK249342 EST732979 potato callus cDNA library, normalized and full-length Solanum tuberosum cDNA clone POCB771 3' end, mRNA sequence
CAAATTAAAAAAATTCATATGTATTGTTGAAAACAAACCAAAACAAGGAACATTATGTTTTGCAAGTCTG
CGGAAAACATCCCTCAAAAACAGAACAAAATTTAAAATACTAACGTATCAAAAAGAAAAGAAAACTACTA
AAACAAAACAACAGAGCTCATAACACATCTAATGAATCAAGCCTCAACCCGCTCAGGTGCTGCCTCTTCG
GGGGCGTAAACAATAACCTTATTGGCAGGTTTTGCCAAAATATCAAAGTACTCTTGGAATGGAGATTTGG
TGAAACGAGTCTCTTTCCAAAAGTCTGGGGTCAGGAACCCGTAAGTCTTCATTAAACAATCAAAGGTAGC
CTTAACGAAGTTGCCAAGGGTTTTGGGGGATCCACGAGAAGATGTGAACACATCTTCAATACCAGCAAAC
TGAAGGACCTTCTTGGGGACACGAGCAGCAACAATACCAGCACCACGAGGAGCAGGCACCATCCTCACAG
TAACAGACCCACATTTCCCTGTAACCTTGCAAGGCACAGTATGTGGCTTACCAATCTTGTTACCCCAGTA
ACCTCTCCTCACTGGAATCACTGATAGCTTAGCCAATATAATTCCTCCACGA

>gi|21364002|gb|BQ505133.1|BQ505133 EST612548 Generation of a set of potato cDNA clones for microarray analyses mixed potato tissues Solanum tuberosum cDNA clone STMGC13 5' end, mRNA sequence
GAATCATCATGTTTTCTGAATCATCATCACCTCCAAAACCTTACTACTTCTTTCACCGCCGTCATCATTG
CTCCCACCACCAAAAATATTTCAAAATACCATCATTATTATCATCACCACCTTCAAATATTACTCGTCAG
AAAAAACATGGTCAACATGATCTTAATGATGATGATGATGAAGACGAAGACGAAGATATTAAAATGGAGA
GTATATTAATTAGTTACTCTAATTGATTTGGATCATCTCTCCTGATCAATCTCGCAAGAGTTCGAGTGAA
ACGACTCCTTCTCTTTAAAGTCACTTTTTTCCTTTGTTGGGGAATCAAGCTTCCTGGTCCGATCCCTTTG
CTATTTCAAGCAAAGTTATCACTTTTTACTACTAGATCGATCTCGCTCGTTCCATACTCAAAAACTTGAA
GAAACGTTTTGCTTATTGTTATCTGCAGGTGGGTTTGATAATTATTGTTGTATTTATTTATTTTTTTCAA
AGTTTTTAGGTGTGTTGTGTTAGTGAATCTTAAATAGATCTGTTTTATTTTAATGGTATCCATCTTTTCT
ATTTT

>gi|17069828|gb|BM109155.1|BM109155 EST556691 potato roots Solanum tuberosum cDNA clone cPRO3I20 5' end, mRNA sequence
GAAACAAGCTATCAGCTAGTTACCTTGTCAGCCACAAACTGACAAAAGGATAGAATTCGAACATTAACAT
AAGTGTGTAAATAAAATTGCAAGAAGATAAGATAAGATCGATGGAGCAGAAGCTTTCTTCAGTAGCGAAA
ACGCTAACAAGTTCACCCATACAACAACTTTCTTATCTTGCCGAAAGACGCAATGCCGTCAACCTCGCCG
AAGGTTTCCCTGATTTCCCTGCACCTTCCTACCTTAAAGACGCTGCCATTTCCGCTATCCGCTCTGACTT
CAATCAGTACAGGCATGTTCAAGCAATATGTGATTACCTCGCTTATCAACTCAAACAAATGCATGGCCTA
GATGTCGATCCCCTCACTGATATCGTCGTATGTTGTGGTCAATCTGAGGCTTTTGCTGCCGCAATGTTTG
CAATAATAAACCAGGGTGATGAAGTCATCTTATTCGATCCATCCTATGAAACATATGAAACATGCATTAG
GTTGGCTGGCGGGGTCCCAGTGTATGTAGCACTTGATCCCCCTTATTGGAGTCTGGATCCAAATAAACTA
GCAAAGTCATTTACTGCCAGGACAAAAGCTATTGTCCTCAACAGGTAAAAGTTTCTGATTCAACTCTGTA
CCTAATTCTTGTGGACTTCTGCTCTTTCTTCTACATTTTGCCACAGAAGCTGTTAGTCCTCCACTCATTC
ATTAGCTTAATTTGAACACAATGTGGGAAAAAACCTTCACATTTCCACAAAGCTAATGGGTTGACTTATG
TACTAAAAGTTATCTGGATTAACAATAGACACAAATGG

>gi|13180582|gb|BG351840.1|BG351840 133G08 Mature tuber lambda ZAP Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence
GGACTGTCAGAACCTCTCTTCTCCTCTTTTCGCCGCAACTTTCAATCGATCAATTTTTATTGACGTAGTT
GAACCGATCGAAAGATGTTGGAAGAGCACCGAAGAAGAGTGATAATACAAAGTATTATGAGATCTTAGGA
GTTCCTAAGGCTGCTTCTCAGGAAGATCTCAAAAAGGCTTATCGTAAAGCCGCCATCAAAAATCATCCTG
ATAAGGGAGGCGATCCTGAAAAGTTTAAAGAGCTTGCTCAAGCTTATGAGGTCTTGAGTGACCCAGAGAA
GCGTGAGATATATGATCAGTATGGAGAGGATGCTCTAAAGGAAGGAATGGGTGGTGGAGGTGGTGGACAT
GACCCATTTGATATATTTCAATCATTCTTTGGTGGTGGTGGAAGCCCCTTTGGTGGTGGTGGAAGCAGCA
GAGCTCGCAGACAAAGAAGAGGAGAGGATGTTATCCACCCTCTCAAGGTTTCTTTGGAGGATCTTTACAA

TGGGACATCAAAGAAGCTTTCACTATCTCGCAATGTGTTGTGCTCAAAGTGCAAGGGTAAAGGGTCCAAG
TCAGGTGCTTCAATGAAGTGTTCTGGCTGTCAAGGGTCTGGAATGAAAGTTTCTATCAGACAGCTCGGTC
CATCCATGATCCAGCAGATGCAGCACCCTCGCAATGAGTGTAAGGGTACTGGTGAGACAATCAGTGACAA
AGATAGGTGCCCTCAGT

>gi|53694840|gb|CV470064.1|CV470064 42852.1 Common Scab-Challenged Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 42852 5', mRNA sequence
TTATTAAGAAAGCCATGCTAAAATATATATAGATATACCTTAGCAGGTGTTTATTTTACAACATAACATA
ACATAGTAGCTAGCCAGCAGGCAGGCTAAAACATAGTATAGTCTAGCTGCAGGCATTATTTGTTACTAGA
CTTCCTGGAATAAGACGTCAAGAGGATTTTCGTTGACAAGAGCCAAACGCCTTTTTCCATTTTGAATAAC
TACACCCACTTTTGCACAGAAGTCATCATCACGACAAAATGGACAAACAATAGGGGGGCGAGTAATAGGG
CAATACAATAAGTTGTAACCAAATTTTGATGATTTAACAATCTTGAAATAGCTGCTATCTGCTTTCCCTA
TGGTTCCTCCCGTCTCCAACAACATAGTCCATAGATGTGTATTTAGATTTCCGACTTTCCAAATTGTATA
ACTAACACACAATTTCACTGTTGGAATATTGAATTGTATGTTAAGTAGTTGATCTTCAAAGATATTTGTA
GATAAAGGAATGAATCTAACGGGTGTACCGCTAGGTCCAACATCGGAATTGTAACGGAATACGCCATCTG
GACAAGGGGCATCTGAATTTGGGGACTTTCCTAGGTATACATCACCACCTAAGGCACCCCAAAATGTGGA
AATAATGCGATAACTCGAATTAGGATTCAGTTTTTTACCATTTGTGTCAAGTACCGGCTTAGGTACAGGA
GATTCACTGGGTAGGTTGATGGGATTTTGGGAAGTGAAAGTTGATGAAAACACCAAAATAGGAAACAAAC
ATAGACATAAGAAAAATAAACACTTCATCATA

>gi|53776950|gb|CV494602.1|CV494602 39421.1 Cold Sweetening B Solanum tuberosum cDNA clone 39421 5', mRNA sequence
CGGAGAAGTATTTTGAGGACTGAAAAGGAATTTGGTTATGTGGAGGCAAGTCACACAGAATTGGCTATTT
TCAGTGTCTTTAAATTTGATCGTTGTTATCCGTTGTATTGTATTGTATTATTAGTTAAATATTTCTATAT
CGAATCGTTTAAATCTATCCTAAGATAATGACGAAAAGTCTTATTTTATGTAACGGTCGATTTGGTGTGA
TCACGTCATTATCTTAATATAGTTTCTCATTTTATCTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAAAAAAAA
ATTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

>gi|62893658|gb|DN908895.1|DN908895 57364.3 Developing Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 57364 3', mRNA sequence
TTTTTTTTAGTAAATCTATAGATGTTAATACAATATGATACAGTCAAATCAAACAATAAAAATGTTATTA
AACAACAACAAACAGTACAGTCTAGCCAAACATTGTATGGATATCTACCATACAATACAGTACAATAGAA
TACAATACAATACACAATGGATAACAATGATTCAAACAGTGTAAAACAAATTTATTTTCATTAATTGGCC
TAACACAAGTGGCAATGCAGCCTAGCCACACATTACAAATCACATTTATCCAAACATAAAATAGAAATTA
GTAAAACATAATTTCAAATAAAATAAATCAGATCGAGGTCAATGCTTCTTCAAGAAATCTCCGGCCATCT
TCAGATAATCTCCTTTTTTACCAGATTCCGACGACTGACTCCCATCGGAATTTTTCTTCAAAAGTCCTTC
CGCCATTTTAATATACTCCCCATATCCACTTCCTGTTTTTTCATGTTTTCCTCCACCTGTATGCCCCGAT
GACTGCGTATGTGTAGTCGCGGCGGCGGTGGTGGTGGAATGATGAGAAGTTCGTATTTATGGAGATAAGT
CTCTGCTTTTCCGACGAATTTCCCGATCCCTGTCTCTTCTATTTTACCGTACTGTGAGGCGGCGTTAAGG
AGGTCAGCGGCAGCTCCGGCGAGCTCCGATTTCTCAAATGGTNTGGGATCGTGATGGAGTTTGCTTTGGC
GGCGTCAGCTACTAGCTTGGCGCTGGACATCAGCTCAGATTTGGATGGCTTCGGGTGGCTGTTGGGCTTA
TGGGTCGATGAATGACCCGATCCGGATGTGGTCTTGGCTTGTTTTGGATCCATAGAATGAACCTAGTAAG
TTTC

>gi|53695251|gb|CV470475.1|CV470475 43355.1 Common Scab-Challenged Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 43355 5', mRNA sequence
AGTAGAGATAAACACTAGTACTAAAAACCCTCCAAAAAAATGATGATGATCGGCCGATCAACTCCGACAG
TCCAAATCCCTCCTTGGGACGTCACCGATGATCCAACGGTTGATGTTTACTCCCCATTTTCCGTTAGCCC
TGATTCTGCTTTCGATGCTTTGACGGCGTTGCAGCGTTACCTGCCGTCGAATGGTAACGACGTGATTTTT
GACTCTGATGGGTTGGATATTCCGGTGGATGCTTTTTCATGTGATAACTTCCGGATGTATGAGTTTAAGG
TGAGGAAGTGTGCCCGTGGAAGGTCACATGACTGGACGGAGTGTCCGTACGCTCATCCCGGTGAGAAAGC
TCGCCGGAGGGATCCGAGGAAGTATCATTACTCAGGTACTTCTTGTCCTGATTTTCGTAAAGGTCAGTGT
AAAAAAGGTGATGCATGTGAGTACGCTCACGGCGTATTTGAGTGTTGGCTACACCCTGCTCGCTATCGTA
CGCAGCCTTGTAAAGATGGGACCCACTGCCGCCGGCGCGTGTGCTTCTTCGCTCACACGCCGGAGCAACT

CCGTGTTTTGCCTCAGAACAGTCCGAGAAGCTTCAACGAGTCGTCTGATTCGTTTGATGGGTCTCCGGGT
CGGGTCGGGTTTGAATCGTTTTCGTCGTCTCCGCCGCTTGAATCTCCTCCGATGACTCCGCGTTGGGCTG
TCGGGAATCGATGCGTAATATGCAGATTGGGATGGTGAGAGGTATTGCCGTAGTATGCAAAATGGGTTCA
CCTGGGTTTGGGTTCACCTCCGGGAGGCCCTTCAATGCTCCGAACACCGGATTCCTGAAGTGTGCCAAGC
AATTCCGAACCCGGAAGTGCATGTCCAGTGTTCGATCACTTGG

>gi|10447500|gb|BE921328.1|BE921328 EST425193 potato leaves and petioles Solanum tuberosum cDNA clone cSTB13F10 5' sequence, mRNA sequence
GCTCTTTCCTACGCATCCACCCTTACAAAATTCCAAAGAAAGTTCACATGATTTGTTTGTTTGTGAATTC
TGACTAGCAATAAGCTCAGTTTGCCATGACTACTACTACACTTGTCCTGTTGGTGGTTTCATGCTGCTTC
TTGTGGTTGAGTCTATCGTCAGCAGCAAAAGTGGTTAATCCACAGATCACTGTCATGGGTATGGTTTACT
GTGACATTTGCTCCAATAATTCCTTCTCCAGGCACAGCTACTTCATGCCAGGTGTAGAAGTGAAAATAGA
GTGCACCTTCAAGGCAATGGCGACAAGGACGGCAGAGCTAGTATCAGTGTCAGTGAACAGAACTACTAAC
AAATATGGAGTTTACAGGTTGGAGATACCTTCTGTGGATGGAATAGAGTGTGCTGCTGAGAAAGCAGTGG
GCAATTCCTGCAGGGCTAGCCTTATCGGAAGCTCATCTTCTTTCTGTAATGTACCTGGCTCTACAAGAAC
CACTACTGATGAGATTACAATCAAATCTAAACAAGCAAACATGTGCATCTATAGTCTCACT

>gi|21919061|gb|BQ118697.2|BQ118697 EST604273 mixed potato tissues Solanum tuberosum cDNA clone STMED27 5' end, mRNA sequence
GTCTGAACTTTACTAGTATAAACTTCCCTTCTCCCACGAACTCCTCACTTCTCCAATTTAATTAATTAAT
AATCAAATTATTAAACCTCTGTGCTCTAATTTCAATCTTAAGCTAACAAATTATAGTCCATAGTTCAATC
AGGTAAGTACCCCTTTTCTTCTCTTTCAATTTTGGATTTTATTTGGGGTAGTAATTTAATCTAAATTTCC
TCTTTTGGTTCCAGCATTTTTGTTTAGAGCTATTTGTCTTTAGATCTGTGCTTTGCTGTTGGAGAATCAA
GAATGTCTCATATCCTTCTGATATGTTTCTTTCTTTTCTCTGATTATTTAAAAATTAGAGCTTTTTCTAG
TGTAATCTCATTCTCTTTTCGTCCCAATCCAAGTGTTTTAGTTTGATCGGATGCAGAGTTTAAAGGAGTT
TATGAATCTTGTGGTCGCAAATTAAATAGGTAGATAGTCCTTTGATATCTTGAACATACCATGTAGAATT
GGAAAACTTGTTAAATATTAAAAAAAGTACTCCCTCTGTTCATTTTATGTGGTATTGTTTGAATTTCAAA
ATTCAACCAACTTTAATTTTTTACCTTAAGTTTTTCAT

>gi|53694382|gb|CV469606.1|CV469606 42295.1 Common Scab-Challenged Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 42295 5', mRNA sequence
CTTAGGTGGTGATGTATACCTAGGAAAGTCCCCAAATTCAGATGCCCCTTGTCCAGATGGCGTATTCCGT
TACAATTCCGATGTTGGACCTAGCGGTACACCCGTTAGATTCATTCCTTTATCTGGAGGTATATTTGAAG
ATCAACTACTCAACATACAATTCAATATTCCAACAGTGAAATTGTGTGTTAGTTATACAATTTGGAAAGT
CGGAAATCTAAATGCATATTTTAGGACGATGTTGTTGGAGACGGGAGGAACCATAGGGCAAGCAGATAGC
AGCTATTTCAAGATTGTTAAATTATCAAATTTTGGTTACAACTTATTGTATTGCCCTATTACTCCCCCTT
TTCTTTGTCCATTTTGTCGTGATGATAACTTCTGTGCAAAGGTGGGTGTAGTTATTCAAAATGGAAAAAG
GCGTTTGGCTCTTGTCAACGAAAATCCTCTTGATGTCTTATTCCAGGAAGTTTAGTAACAAATAATGCCT
GCAGATAGACTATACTATGTTTTAGCCTGCCTGCTGGCTAGCTACTATGTTATGTTATGTTGTAAAATAA
ACACCTGCTAAGGTATATCTATATATATTTTAGCATGGCTTTCTCAATAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAA

>gi|16214973|gb|BI919329.1|BI919329 EST539264 P. infestans-challenged potato leaf, compatible reaction Solanum tuberosum cDNA clone PPCCM58 5' end, mRNA sequence
GACCGTATAATACAAACCATTGCTTCAGCCATAGAGGTCCCAGATAATAACGATGTATTAGCCTACTGGT
TATGCAATACGTCCACATTGTTGATGCTGCTTCAACAAACACTTAAAGCTAGTGGGGCTGCTAATTTGAC
TCCACAGAGGCGGAGATCCAGTTCAGCCTCTTTGTTTGGAAGGATGTCCCAAGGCTTGCGAGGTTCTCCT
CAGAGTGCTGGGCTTTCAGTTCTCAATGGGCGTATGCTTGGGAGATTGGATGACTTACGTCATGTTGAGG
CCAAGTATCCTGCGCTGCTGTTCAAACAGCAGCTGACTGCCTTTTTGGAGAAAATATATGGAATGATAAG
AGACAATCTGAAGAAAGAGATCTCCCCATTGCTTGGGCTATGTATTCAGGCACCAAGAACATCTCGTGCA
AGTTTAATCAAAGGAAGATCCCAAGCTAATGCTGCTGCCCAGCAAGCTCTATTTGCTCATTGGCAAAGCA
TTGTAAAAAGTTTGAACAACTACTTGATGATGATGAAATCAAACCATGTTCCTCCCTTCTTAGTTCGGGA
AGGTTTCACTCAAA

APÉNDICE E

Principales Resultados (Blast Hits) de las Secuencias Amplificadas Monomórficas

Principales Resultados (Blast Hits) de las Secuencias Amplificadas Monomórficas

Query ID	lcl|17021
Description	gi|39831744|gb|CK274766.1|CK274766 EST720844 potato abiotic stress cDNA library Solanum tuberosum cDNA clone POADJ30 3' end, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	692
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
BAD95790.1	similar to aquaporin [Solanum lycopersicum]	333	333	71%	1,00E-89	98%
BAF95576.1	tonoplast intrinsic protein [Nicotiana tabacum]	314	314	71%	5,00E-84	90%
CAA69353.1	aquaporin 1 [Nicotiana tabacum]	314	314	71%	5,00E-84	90%
AAG44946.1	putative gamma TIP [Nicotiana glauca]	314	314	71%	7,00E-84	89%
ACY74345.1	aquaporin-like protein [Capsicum annuum]	310	310	70%	1,00E-82	93%
AAL49753.1	aquaporin-like protein [Petunia x hybrida]	300	300	71%	8,00E-80	87%
CAN69323.1	hypothetical protein VITISV_032929 [Vitis vinifera]	291	291	71%	4,00E-77	83%
XP_002267788.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	290	290	71%	8,00E-77	83%
ABH09330.1	putative aquaporin [Vitis vinifera]	287	287	71%	7,00E-76	82%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002519456.1	tonoplast intrinsic protein, putative [Ricinus communis] >gb|EEF42870.1| tonoplast intrinsic protein, putative [Ricinus communis]	283	283	71%	1,00E-74	81%
ACX37451.1	tonoplast intrinsic protein [Hevea brasiliensis]	283	283	71%	2,00E-74	81%
CAE53881.1	aquaporin [Ricinus communis]	281	281	71%	4,00E-74	80%
ADB93067.1	aquaporin [Jatropha curcas]	281	281	71%	7,00E-74	80%
ABK96489.1	unknown [Populus trichocarpa x Populus deltoides]	280	280	71%	8,00E-74	80%
XP_002326382.1	aquaporin, MIP family, TIP subfamily [Populus trichocarpa] >gb|ABK93036.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|ABK93934.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|EEE72052.1| aquaporin, MIP family, TIP subfamily [Populus trichocarpa]	280	280	71%	8,00E-74	81%
ACG25449.1	aquaporin TIP1.1 [Zea mays]	276	276	71%	2,00E-72	80%
ACP28878.1	tonoplast intrinsic protein [Gossypium hirsutum] >tpg|DAA33866.1| TPA_inf: aquaporin TIP1;3 [Gossypium hirsutum]	273	273	71%	1,00E-71	80%
NP_001104896.1	aquaporin TIP1-1 [Zea mays] >sp|O64964.1|TIP11_MAIZE RecName: Full=Aquaporin TIP1-1; AltName: Full=Tonoplast intrinsic protein 1-1; AltName: Full=ZmTIP1-1; AltName: Full=ZmTIP1;1; Short=ZmTIP1 >gb|AAC09245.1| tonoplast intrinsic protein [Zea mays] >gb|AAO86709.1| tonoplast water channel [Zea mays] >gb|ACF85770.1| unknown [Zea mays] >gb|ACF85962.1| unknown [Zea mays] >gb|ACG23904.1| aquaporin TIP1.1 [Zea mays] >gb|ACG24935.1| aquaporin TIP1.1 [Zea mays] >gb|ACN31200.1| unknown [Zea mays] >gb|ACN33327.1| unknown [Zea mays]	276	276	71%	2,00E-72	80%
ACV52008.1	tonoplast aquaporin 1;1 [Daucus carota]	275	275	70%	3,00E-72	81%
P50156.1	RecName: Full=Probable aquaporin TIP1-1; AltName: Full=Tonoplast intrinsic protein 1-1; Short=OsTIP1;1; AltName: Full=rTIP1 >gb|AAK98737.1|AC090485_16 Tonoplast intrinsic protein [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAA05017.1| gamma-Tip [Oryza sativa] >gb|ABF93961.1| aquaporin TIP-type, putative, expressed [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAY88537.1| hypothetical protein OsI_10010 [Oryza sativa Indica Group] >gb|EAZ25574.1| hypothetical protein OsJ_09399 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|ABP48112.1| water channel protein [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG96434.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG91198.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG86661.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group]	275	275	71%	3,00E-72	80%
XP_002465859.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_01g047140 [Sorghum bicolor] >gb|EER92857.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_01g047140 [Sorghum bicolor]	274	274	71%	6,00E-72	80%

Query ID	lcl|28849
Description	gi|14645876|gb|BI180065.1|BI180065 EST521010 cSTE Solanum tuberosum cDNA clone cSTE21D19 5' sequence, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	711
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details

Program	BLASTX 2.2.25+ Citation					
Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002268926.1	PREDICTED: hypothetical protein isoform 2 [Vitis vinifera]	174	251	67%	9.00E-42	82%
CAN62967.1	hypothetical protein VITISV_032271 [Vitis vinifera]	174	251	67%	9.00E-42	82%
XP_002311974.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE89341.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	37.4	37.4	9%	1.8	81%

Query ID	lcl|33217
Description	gi|18257084|gb|BM405497.1|BM405497 EST579824 potato roots Solanum tuberosum cDNA clone cPRO24G5 5' end, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	190
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation
DETAILS	No significant similarity found

Query ID	lcl|65131
Description	gi|16216135|gb|BI920107.1|BI920107 EST540042 potato microtubers, in vitro-grown Solanum tuberosum cDNA clone cSTE24K23 5' end, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	410
Database Name	Nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
AAR89618.1	60S ribosomal protein L13a [Capsicum annuum]	246	246	90%	6,00E-64	99%
ABA46790.1	60S ribosomal protein L13a-like protein [Solanum tuberosum]	246	246	90%	6,00E-64	99%
XP_002268901.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera] >emb|CAN63603.1| hypothetical protein VITISV_006449 [Vitis vinifera]	239	239	90%	1,00E-61	93%
XP_002267491.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	236	236	90%	8,00E-61	92%
XP_002518107.1	60S ribosomal protein L13a, putative [Ricinus communis] >gb|EEF44240.1| 60S ribosomal protein L13a, putative [Ricinus communis]	235	235	90%	1,00E-60	91%
ACF06488.1	ribosomal protein L13a [Elaeis guineensis]	235	235	90%	1,00E-60	92%
XP_002439183.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_09g001930 [Sorghum bicolor] >gb|EES17613.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_09g001930 [Sorghum bicolor]	235	235	90%	2,00E-60	91%
ACJ02350.1	60S ribosomal protein L13A [Vernicia fordii]	235	235	90%	2,00E-60	89%
ABK93590.1	unknown [Populus trichocarpa]	235	235	90%	2,00E-60	92%
ACN36734.1	unknown [Zea mays]	234	234	90%	4,00E-60	91%
ACN25827.1	unknown [Zea mays]	234	234	90%	4,00E-60	91%
ACG36118.1	60S ribosomal protein L13a [Zea mays]	234	234	90%	4,00E-60	91%
NP_001130808.1	hypothetical protein LOC100191912 [Zea mays] >gb|ACG24933.1| 60S ribosomal protein L13a [Zea mays]	234	234	90%	4,00E-60	91%
ACF79169.1	unknown [Zea mays]	234	234	90%	4,00E-60	91%
XP_002323772.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|ABK95932.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|EEF03905.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	233	233	90%	5,00E-60	91%
XP_002466431.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_01g007690 [Sorghum bicolor] >gb|AAM47582.1| putative 60S ribosomal protein [Sorghum bicolor] >gb|EER93429.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_01g007690 [Sorghum bicolor]	233	233	90%	5,00E-60	91%
ACU14471.1	unknown [Glycine max]	233	233	90%	9,00E-60	89%
ACU20583.1	unknown [Glycine max]	232	232	90%	1,00E-59	89%
XP_002521095.1	60S ribosomal protein L13a, putative [Ricinus communis] >gb|EEF41246.1| 60S ribosomal protein L13a, putative [Ricinus communis]	231	231	90%	2,00E-59	87%
ACG48503.1	60S ribosomal protein L13a [Zea mays]	231	231	90%	2,00E-59	90%
NP_199687.1	60S ribosomal protein L13A (RPL13aD) [Arabidopsis thaliana] >ref|NP_001078737.1| 60S ribosomal protein L13A (RPL13aD) [Arabidopsis thaliana] >sp|Q9FKC0.1|R13A4_ARATH RecName: Full=60S ribosomal protein L13a-4 >dbj|BAB09429.1| 60S ribosomal protein L13a [Arabidopsis thaliana] >gb|AAL91263.1| AT5g48760/K24G6_9 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM65734.1| 60S ribosomal protein L13a [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM67435.1| At5g48760/K24G6_9 [Arabidopsis thaliana]	231	231	90%	2,00E-59	89%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002882511.1	structural constituent of ribosome [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH58770.1| structural constituent of ribosome [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	231	231	90%	2,00E-59	90%
ACJ85949.1	unknown [Medicago truncatula]	231	231	90%	2,00E-59	87%
AAL87341.1	putative 60S ribosomal protein [Arabidopsis thaliana]	231	231	90%	2,00E-59	88%
NP_189127.1	60S ribosomal protein L13A (RPL13aB) [Arabidopsis thaliana] >sp|Q9LRX8.1|R13A2_ARATH RecName: Full=60S ribosomal protein L13a-2 >dbj|BAB02893.1| 60S ribosomal protein L13A-like [Arabidopsis thaliana] >gb|AAN12937.1| putative 60S ribosomal protein [Arabidopsis thaliana]	231	231	90%	2,00E-59	88%
XP_002863167.1	predicted protein [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH39426.1| predicted protein [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	231	231	90%	3,00E-59	88%
ACU16241.1	unknown [Glycine max]	231	231	90%	3,00E-59	87%
ACG33474.1	60S ribosomal protein L13a [Zea mays]	231	231	90%	3,00E-59	90%
ACJ83838.1	unknown [Medicago truncatula]	230	230	90%	4,00E-59	86%
XP_002883564.1	60S ribosomal protein L13A [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH59823.1| 60S ribosomal protein L13A [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	230	230	90%	6,00E-59	88%
XP_002865669.1	60S ribosomal protein L13A [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH41928.1| 60S ribosomal protein L13A [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	230	230	90%	6,00E-59	88%
NP_001150028.1	60S ribosomal protein L13a [Zea mays] >gb|ACG37566.1| 60S ribosomal protein L13a [Zea mays]	230	230	90%	6,00E-59	89%
3IZ5_K	Chain K, Localization Of The Large Subunit Ribosomal Proteins Into A 5.5 A Cryo-Em Map Of Triticum Aestivum Translating 80s Ribosome >pdb|3IZR|K Chain K, Localization Of The Large Subunit Ribosomal Proteins Into A 5.5 A Cryo-Em Map Of Triticum Aestivum Translating 80s Ribosome >gb|AAW50984.1| ribosomal protein L13a [Triticum aestivum]	229	229	90%	7,00E-59	88%
NP_001051314.1	Os03g0756000 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|AAR01683.1| putative ribosomal protein L13a [Oryza sativa Japonica Group] >gb|ABF98951.1| 60S ribosomal protein L13a-2, putative, expressed [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF13228.1| Os03g0756000 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAY91906.1| hypothetical protein OsI_13588 [Oryza sativa Indica Group] >gb|EAZ28629.1| hypothetical protein OsJ_12636 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG96308.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG97551.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAH01442.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group]	229	229	90%	9,00E-59	87%
NP_193053.1	60S ribosomal protein L13A (RPL13aC) [Arabidopsis thaliana] >sp|Q9SVR0.1|R13A3_ARATH RecName: Full=60S ribosomal protein L13a-3 >emb|CAB41927.1| ribosomal protein L13a like protein [Arabidopsis thaliana] >emb|CAB78359.1| ribosomal protein L13a like protein [Arabidopsis thaliana] >gb|AAK97733.1| AT4g13170/F17N18_60 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAL31131.1| AT4g13170/F17N18_60 [Arabidopsis thaliana]	229	229	90%	9,00E-59	88%
ABK22228.1	unknown [Picea sitchensis] >gb|ABK22389.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ABK22608.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ABK23686.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ABK23694.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ABK26243.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ABK26404.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ABR17228.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ACN40291.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ACN40454.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ACN40588.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ACN40688.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ADE77397.1| unknown [Picea sitchensis]	228	228	90%	2,00E-58	88%
NP_001030654.1	60S ribosomal protein L13A (RPL13aA) [Arabidopsis thaliana]	227	227	90%	4,00E-58	86%
NP_187367.1	60S ribosomal protein L13A (RPL13aA) [Arabidopsis thaliana] >sp|Q9SFU1.1|R13A1_ARATH RecName: Full=60S ribosomal protein L13a-1 >gb|AAF20235.1|AC012395_22 putative 60S ribosomal protein L13A [Arabidopsis thaliana] >gb|AAG40393.1|AF325041_1 AT3g07110 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAL09790.1| AT3g07110/T1B9_24 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAL32871.1| putative 60S ribosomal protein L13A [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM47908.1| putative 60S ribosomal protein L13A [Arabidopsis thaliana]	227	227	90%	4,00E-58	86%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
O65055.1	RecName: Full=60S ribosomal protein L13a >gb|AAC32117.1| probable 60s ribosomal protein L13a [Picea mariana]	226	226	90%	1,00E-57	87%
XP_002301785.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE81058.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	225	225	90%	2,00E-57	85%
ABK92693.1	unknown [Populus trichocarpa] >gb|ABK94779.1| unknown [Populus trichocarpa]	224	224	90%	4,00E-57	84%
ABQ57364.1	ribosomal protein L13A [Lupinus luteus]	223	223	90%	5,00E-57	85%
XP_001765352.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ69815.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	221	221	90%	3,00E-56	86%
XP_001774253.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ60889.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	221	221	90%	3,00E-56	86%
XP_001763759.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ71401.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	220	220	90%	4,00E-56	85%
NP_001058724.1	Os07g0109500 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAC79560.1| putative 60S ribosomal protein [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAD30642.1| putative 60S ribosomal protein [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF20638.1| Os07g0109500 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAZ02520.1| hypothetical protein OsI_24624 [Oryza sativa Indica Group] >dbj|BAG88872.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG95855.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group]	220	220	90%	4,00E-56	82%
XP_001765905.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ69226.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	218	218	90%	3,00E-55	86%
EAZ38446.1	hypothetical protein OsJ_22825 [Oryza sativa Japonica Group]	216	216	90%	6,00E-55	82%
XP_001773626.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ61514.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	216	216	90%	1,00E-54	84%
XP_002964465.1	hypothetical protein SELMODRAFT_166650 [Selaginella moellendorffii] >ref|XP_002975331.1| hypothetical protein SELMODRAFT_271136 [Selaginella moellendorffii] >gb|EFJ23532.1| hypothetical protein SELMODRAFT_271136 [Selaginella moellendorffii] >gb|EFJ34798.1| hypothetical protein SELMODRAFT_166650 [Selaginella moellendorffii]	215	215	90%	2,00E-54	83%
O49885.1	RecName: Full=60S ribosomal protein L13a >emb|CAA11283.1| ribosomal protein L13a [Lupinus luteus]	214	214	90%	4,00E-54	83%
AAX92709.1	60S ribosomal protein L13a [Picea abies]	170	170	63%	7,00E-41	90%

Query ID	lcl|45783
Description	gi|39823751|gb|CK266773.1|CK266773 EST712851 potato abiotic stress cDNA library Solanum tuberosum cDNA clone POAC669 5' end, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	815
Database Name	nr

Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details					
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation					
Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
AAR87498.1	YABBY1 [Solanum tuberosum]	226	226	45%	3,00E-57	97%

Query ID	lcl|57959					
Description	gi|13612977|gb|BG594825.1|BG594825 EST493515 cSTS Solanum tuberosum cDNA clone cSTS8J11 5' sequence, mRNA sequence					
Molecule type	nucleic acid					
Query Length	608					
Database Name	Nr					
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details					
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation					
Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
AAM65890.1	putative 60S ribosomal protein L18A [Arabidopsis thaliana]	240	240	60%	9,00E-62	93%
NP_180995.1	60S ribosomal protein L18A (RPL18aB) [Arabidopsis thaliana] >ref|XP_002881337.1| 60S ribosomal protein L18A [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >sp|P51418.2|R18A2_ARATH RecName: Full=60S ribosomal protein L18a-2 >gb|AAC26708.1| 60S ribosomal protein L18A [Arabidopsis thaliana] >gb|AAK68743.1| Unknown protein [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM14956.1| 60S ribosomal protein L18A [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM53336.1| 60S ribosomal protein L18A [Arabidopsis thaliana] >gb|AAN15395.1| 60S ribosomal protein L18A [Arabidopsis thaliana] >gb|AAP21367.1| At2g34480 [Arabidopsis thaliana] >gb|EFH57596.1| 60S ribosomal protein L18A [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	238	238	60%	3,00E-61	92%
XP_002305712.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >ref|XP_002305713.1| predicted protein [Populus trichocarpa] >ref|XP_002305715.1| predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|ABK92715.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|EEE86223.1| predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE86224.1| predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE86226.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	238	238	60%	4,00E-61	93%
ABK93213.1	unknown [Populus trichocarpa] >gb|ABK94632.1| unknown [Populus trichocarpa]	238	238	60%	4,00E-61	93%
ACU14501.1	unknown [Glycine max]	237	237	60%	6,00E-61	93%
XP_002519698.1	60S ribosomal protein L18a, putative [Ricinus communis] >gb|EEF42671.1| 60S ribosomal protein L18a, putative [Ricinus communis]	237	237	60%	8,00E-61	92%
XP_002528496.1	60S ribosomal protein L18a, putative [Ricinus communis] >gb|EEF33913.1| 60S ribosomal protein L18a, putative [Ricinus communis]	236	236	60%	1,00E-60	92%
XP_002893593.1	60S ribosomal protein L18A-1 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH69852.1| 60S ribosomal protein L18A-1 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	235	235	60%	2,00E-60	90%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002300869.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|ABK92614.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|EEE80142.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	235	235	60%	3,00E-60	91%
NP_001077626.1	RPL18AA (60S RIBOSOMAL PROTEIN L18A-1); structural constituent of ribosome [Arabidopsis thaliana]	235	235	60%	3,00E-60	90%
NP_849729.1	60S ribosomal protein L18A (RPL18aA) [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM91614.1| 60S ribosomal protein L18A, putative [Arabidopsis thaliana] >gb|AAN15378.1| 60S ribosomal protein L18A, putative [Arabidopsis thaliana]	235	235	60%	3,00E-60	90%
ACU13370.1	unknown [Glycine max]	234	234	60%	4,00E-60	90%
ACF06561.1	ribosomal protein L18a [Elaeis guineensis]	234	234	60%	4,00E-60	89%
XP_002276545.1	PREDICTED: similar to RPL18AA (60S RIBOSOMAL PROTEIN L18A-1); structural constituent of ribosome isoform 2 [Vitis vinifera]	233	233	60%	1,00E-59	90%
XP_002276512.1	PREDICTED: similar to RPL18AA (60S RIBOSOMAL PROTEIN L18A-1); structural constituent of ribosome isoform 1 [Vitis vinifera] >emb|CAN82658.1| hypothetical protein VITISV_011977 [Vitis vinifera]	233	233	60%	1,00E-59	90%
XP_002276260.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera] >emb|CAN71860.1| hypothetical protein VITISV_019859 [Vitis vinifera] >emb|CBI30856.3| unnamed protein product [Vitis vinifera]	233	233	60%	1,00E-59	90%
ADU56180.1	hypothetical protein [Jatropha curcas]	233	233	60%	1,00E-59	90%
ACS96446.1	60S ribosomal protein L18a [Jatropha curcas]	233	233	60%	1,00E-59	90%
ACU16044.1	unknown [Glycine max]	232	232	60%	2,00E-59	90%
ACF06498.1	ribosomal protein L18a [Elaeis guineensis]	232	232	60%	2,00E-59	89%
ABK94361.1	unknown [Populus trichocarpa]	232	232	60%	2,00E-59	90%
ACU14228.1	unknown [Glycine max]	232	232	60%	3,00E-59	90%
ACU14971.1	unknown [Glycine max]	231	231	60%	3,00E-59	90%
Q9ATF5.1	RecName: Full=60S ribosomal protein L18a >gb|AAK25759.1|AF334839_1 ribosomal protein L18a [Castanea sativa]	228	228	60%	3,00E-58	89%
ACJ84852.1	unknown [Medicago truncatula]	228	228	60%	5,00E-58	88%
AAG52055.1	60S ribosomal protein L18A, putative; 23187-20334 [Arabidopsis thaliana]	226	226	60%	1,00E-57	82%
XP_002440257.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_09g028590 [Sorghum bicolor] >gb|EES18687.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_09g028590 [Sorghum bicolor]	225	225	60%	2,00E-57	86%
ABK26330.1	unknown [Picea sitchensis] >gb|ABR16921.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ABR17139.1| unknown [Picea sitchensis]	225	225	60%	2,00E-57	86%
NP_001056335.1	Os05g0565000 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|AAT77404.1| putative 60S ribosomal protein L18a [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF18249.1| Os05g0565000 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAY99039.1| hypothetical protein OsI_20997 [Oryza sativa Indica Group] >dbj|BAG95664.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EEE64706.1| hypothetical protein OsJ_19561 [Oryza sativa Japonica Group]	225	225	60%	2,00E-57	86%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002449311.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_05g007540 [Sorghum bicolor] >gb|EES08299.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_05g007540 [Sorghum bicolor]	224	224	60%	5,00E-57	85%
NP_001043805.2	Os01g0666900 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EEC71234.1| hypothetical protein OsI_03189 [Oryza sativa Indica Group] >dbj|BAF05719.2| Os01g0666900 [Oryza sativa Japonica Group]	224	224	60%	7,00E-57	85%
NP_001044264.1	Os01g0752300 [Oryza sativa Japonica Group] >sp|Q943F3.1|RL18A_ORYSJ RecName: Full=60S ribosomal protein L18a >pdb|3IZ5|S Chain S, Localization Of The Large Subunit Ribosomal Proteins Into A 5.5 A Cryo-Em Map Of Triticum Aestivum Translating 80s Ribosome >pdb|3IZR|S Chain S, Localization Of The Large Subunit Ribosomal Proteins Into A 5.5 A Cryo-Em Map Of Triticum Aestivum Translating 80s Ribosome >dbj|BAB67920.1| putative ribosomal protein L18a [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAB89536.1| putative ribosomal protein L18a [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF06178.1| Os01g0752300 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAY75840.1| hypothetical protein OsI_03756 [Oryza sativa Indica Group] >gb|EAZ13560.1| hypothetical protein OsJ_03475 [Oryza sativa Japonica Group]	224	224	60%	7,00E-57	86%
BAB90499.1	ribosomal protein L18a-like [Oryza sativa Japonica Group]	224	224	60%	7,00E-57	85%
XP_002337225.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE76877.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	223	223	57%	2,00E-56	92%
ACG30921.1	60S ribosomal protein L18a [Zea mays]	223	223	60%	2,00E-56	84%
XP_002338831.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEF10711.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	222	222	55%	2,00E-56	93%
NP_001149475.1	LOC100283101 [Zea mays] >ref|XP_002458279.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_03g030600 [Sorghum bicolor] >gb|ACF85683.1| unknown [Zea mays] >gb|ACF85980.1| unknown [Zea mays] >gb|ACG29474.1| 60S ribosomal protein L18a [Zea mays] >gb|ACG35503.1| 60S ribosomal protein L18a [Zea mays] >gb|ACG35547.1| 60S ribosomal protein L18a [Zea mays] >gb|EES03399.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_03g030600 [Sorghum bicolor]	222	222	60%	2,00E-56	84%
ACF78859.1	unknown [Zea mays]	222	222	60%	2,00E-56	84%
NP_001148024.1	60S ribosomal protein L18a [Zea mays] >gb|ACG29459.1| 60S ribosomal protein L18a [Zea mays]	222	222	60%	3,00E-56	84%
ACN28455.1	unknown [Zea mays]	221	221	60%	6,00E-56	83%
NP_001152227.1	60S ribosomal protein L18a [Zea mays] >gb|ACG46491.1| 60S ribosomal protein L18a [Zea mays]	219	219	60%	1,00E-55	83%
ACG47612.1	60S ribosomal protein L18a [Zea mays]	216	216	60%	2,00E-54	81%
NP_001152434.1	LOC100286074 [Zea mays] >gb|ACG47606.1| 60S ribosomal protein L18a [Zea mays]	215	215	59%	3,00E-54	82%
XP_001762693.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >ref|XP_001768277.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ66891.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ72492.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	211	211	60%	5,00E-53	81%
XP_001760636.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ74375.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	211	211	60%	6,00E-53	81%
XP_001765218.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >ref|XP_001774990.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ60256.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ69946.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	210	210	60%	1,00E-52	80%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
ACN30573.1	unknown [Zea mays]	207	207	56%	7,00E-52	83%
3IZC_S	Chain S, Localization Of The Large Subunit Ribosomal Proteins Into A 6.1 A Cryo-Em Map Of Saccharomyces Cerevisiae Translating 80s Ribosome >pdb|3IZS|S Chain S, Localization Of The Large Subunit Ribosomal Proteins Into A 6.1 A Cryo-Em Map Of Saccharomyces Cerevisiae Translating 80s Ribosome	205	205	54%	3,00E-51	87%
AAT08714.1	ribosomal protein L18A [Hyacinthus orientalis]	195	195	60%	3,00E-48	80%
ABQ42114.1	60S ribosomal protein L18a [Sonneratia caseolaris]	136	136	35%	2,00E-30	90%
ABQ42113.1	60S ribosomal protein L18a [Sonneratia alba] >gb|ABQ42115.1| 60S ribosomal protein L18a [Sonneratia ovata] >gb|ABQ42116.1| 60S ribosomal protein L18a [Sonneratia apetala]	136	136	35%	2,00E-30	90%
ACS68696.1	60S RPL18aB [Sonneratia alba] >gb|ACS68767.1| 60S RPL18aB [Sonneratia alba]	131	131	33%	6,00E-29	89%

Query ID	lcl|41893
Description	gi|10448763|gb|BE922687.1|BE922687 EST426456 potato leaves and petioles Solanum tuberosum cDNA clone cSTB21F5 5' sequence, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	319
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
CBI30928.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	79.0	79.0	99%	2,00E-13	53%
XP_002278480.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	78.2	78.2	99%	4,00E-13	53%
CAN73778.1	hypothetical protein VITISV_042179 [Vitis vinifera]	78.2	78.2	99%	4,00E-13	53%
XP_002305042.1	f-box family protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE85553.1| f-box family protein [Populus trichocarpa]	74.3	74.3	99%	5,00E-12	52%

Query ID	lcl|44763
Description	gi|53698021|gb|CV473245.1|CV473245 21440.1 Developing Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 21440 5', mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	439
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002278167.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	43.1	101	36%	2,00E-08	92%
CBI35919.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	43.1	101	36%	2,00E-08	92%
ADN33732.1	protein phosphatase 2c [Cucumis melo subsp. melo]	42.0	75.5	26%	2,00E-06	92%
XP_002890234.1	hypothetical protein ARALYDRAFT_889163 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH66493.1| hypothetical protein ARALYDRAFT_889163 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	43.1	74.3	27%	4,00E-06	85%
XP_002304105.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE79084.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	40.4	73.9	26%	6,00E-06	92%
AAF79469.1	F1L3.26 [Arabidopsis thaliana]	42.4	73.5	27%	7,00E-06	85%
NP_173199.2	HAB2; catalytic/ protein serine/threonine phosphatase [Arabidopsis thaliana] >sp|Q9LNP9.2|P2C07_ARATH RecName: Full=Protein phosphatase 2C 7; Short=AtPP2C07; AltName: Full=Protein HYPERSENSITIVE TO ABA 2; AltName: Full=Protein phosphatase 2C HAB2; Short=PP2C HAB2; Flags: Precursor	42.4	73.5	27%	7,00E-06	85%
BAC43252.1	unknown protein [Arabidopsis thaliana]	42.4	73.5	27%	7,00E-06	85%
BAF62437.1	protein phosphatase 2C [Triticum monococcum]	39.3	73.2	25%	9,00E-06	92%
BAF62436.1	protein phosphatase 2C [Triticum aestivum]	39.3	73.2	25%	9,00E-06	92%
XP_002516100.1	protein phosphatase 2c, putative [Ricinus communis] >gb|EEF46102.1| protein phosphatase 2c, putative [Ricinus communis]	40.0	72.8	27%	1,00E-05	85%
BAI39595.1	protein phosphatase 2C ABI2 homolog [Solanum lycopersicum]	40.4	72.8	26%	1,00E-05	85%
Q0JLP9.1	RecName: Full=Probable protein phosphatase 2C 6; Short=OsPP2C06	38.5	72.4	25%	2,00E-05	92%
NP_001119448.1	ABI2 (ABA INSENSITIVE 2); protein serine/threonine phosphatase [Arabidopsis thaliana]	39.7	72.4	25%	2,00E-05	85%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002864495.1	hypothetical protein ARALYDRAFT_495797 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH40754.1| hypothetical protein ARALYDRAFT_495797 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	39.7	72.4	25%	2,00E-05	85%
NP_200515.1	ABI2 (ABA INSENSITIVE 2); protein serine/threonine phosphatase [Arabidopsis thaliana] >sp|O04719.1|P2C77_ARATH RecName: Full=Protein phosphatase 2C 77; Short=AtPP2C77; AltName: Full=Protein ABSCISIC ACID-INSENSITIVE 2; AltName: Full=Protein phosphatase 2C ABI2; Short=PP2C ABI2 >emb|CAA70163.1| ABI2 protein phosphatase 2C [Arabidopsis thaliana] >emb|CAA70162.1| ABI2 protein phosphatase 2C [Arabidopsis thaliana] >emb|CAA72538.1| ABI2 [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAA97035.1| protein phosphatase 2C ABI2 (PP2C) [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM97081.1| protein phosphatase 2C ABI2 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAP68299.1| At5g57050 [Arabidopsis thaliana]	39.7	72.4	25%	2,00E-05	85%
EEC70963.1	hypothetical protein OsI_02579 [Oryza sativa Indica Group] >gb|EEE54872.1| hypothetical protein OsJ_02363 [Oryza sativa Japonica Group]	38.5	72.4	25%	2,00E-05	92%
3NMV_B	Chain B, Crystal Structure Of Pyrabactin-Bound Abscisic Acid Receptor Pyl2 Mutant A93f In Complex With Type 2c Protein Phosphatase Abi2	39.7	72.4	25%	2,00E-05	85%
ACU01764.1	phosphatase 2C [Brachypodium distachyon]	39.7	72.0	26%	2,00E-05	85%
XP_002280195.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	37.0	71.6	25%	3,00E-05	92%
CBI20679.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	37.0	71.6	25%	3,00E-05	92%
EAY99256.1	hypothetical protein OsI_21218 [Oryza sativa Indica Group]	39.3	71.6	25%	3,00E-05	85%
NP_001056498.1	Os05g0592800 [Oryza sativa Japonica Group] >sp|Q6L4R7.1|P2C53_ORYSJ RecName: Full=Probable protein phosphatase 2C 53; Short=OsPP2C53; Flags: Precursor >gb|AAT44303.1| putative protein phosphatase 2C ABI2 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF18412.1| Os05g0592800 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG90506.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EEE64901.1| hypothetical protein OsJ_19760 [Oryza sativa Japonica Group]	39.3	71.6	25%	3,00E-05	85%
NP_001150302.1	protein phosphatase 2C ABI2 [Zea mays] >gb|ACG38580.1| protein phosphatase 2C ABI2 [Zea mays]	39.3	71.6	26%	3,00E-05	85%
ACF86234.1	unknown [Zea mays]	39.3	71.6	26%	3,00E-05	85%
XP_002441622.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_09g030600 [Sorghum bicolor] >gb|EES20052.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_09g030600 [Sorghum bicolor]	39.3	71.6	26%	3,00E-05	85%
BAG91921.1	unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group]	39.3	71.6	25%	3,00E-05	85%
XP_002455844.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_03g026070 [Sorghum bicolor] >gb|EES00964.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_03g026070 [Sorghum bicolor]	37.4	69.7	25%	1,00E-04	85%
XP_002279140.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	35.4	68.9	24%	2,00E-04	92%
XP_002514095.1	protein phosphatase 2c, putative [Ricinus communis] >gb|EEF48049.1| protein phosphatase 2c, putative [Ricinus communis]	36.2	68.9	24%	2,00E-04	85%
ABW99630.1	protein phosphatase 2C [Prunus domestica] >gb|ABW99636.1| protein phosphatase 2C [Prunus persica]	34.7	34.7	9%	4.4	92%
EEE64510.1	hypothetical protein OsJ_19361 [Oryza sativa Japonica Group]	36.6	65.5	24%	0.002	84%
CBI27871.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	35.4	68.9	24%	2,00E-04	92%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
NP_001056169.2	Os05g0537400 [Oryza sativa Japonica Group] >sp|Q6L5H6.1|P2C50_ORYSJ RecName: Full=Probable protein phosphatase 2C 50; Short=OsPP2C50 >gb|AAT39223.1| putative protein phosphatase 2C [Oryza sativa Japonica Group] >gb|AAV59393.1| putative protein phosphatase 2C [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF18083.2| Os05g0537400 [Oryza sativa Japonica Group]	36.6	65.5	24%	0.002	84%
EEC79599.1	hypothetical protein OsI_20785 [Oryza sativa Indica Group]	36.6	65.5	24%	0.002	84%
ACA58118.1	protein phosphatase 2c [Iris tectorum]	32.3	64.3	23%	0.004	85%

Query ID	lcl|55163
Description	gi|15258433|gb|BI433743.1|BI433743 EST536504 P. infestans-challenged potato leaf, compatible reaction Solanum tuberosum cDNA clone PPCBH95 5' sequence, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	278
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
Q69GY7.1	RecName: Full=Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic; AltName: Full=Plastohydroquinone:plastocyanin oxidoreductase iron-sulfur protein; AltName: Full=Rieske iron-sulfur protein; Short=ISP; Short=RISP; Flags: Precursor >gb|AAQ90151.1| putative Rieske Fe-S protein precursor [Solanum tuberosum]	63.9	63.9	28%	7,00E-09	100%
NP_001059962.1	Os07g0556200 [Oryza sativa Japonica Group] >sp|Q69S39.1|UCRIA_ORYSJ RecName: Full=Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic; AltName: Full=Plastohydroquinone:plastocyanin oxidoreductase iron-sulfur protein; AltName: Full=Rieske iron-sulfur protein; Short=ISP; Short=RISP; Flags: Precursor >gb|AAC78103.1| Rieske Fe-S precursor protein [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAD30907.1| rieske Fe-S precursor protein [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF21876.1| Os07g0556200 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAZ04309.1| hypothetical protein OsI_26450 [Oryza sativa Indica Group] >gb|EAZ22943.1| hypothetical protein OsJ_06631 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG92596.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group]	61.2	61.2	28%	4,00E-08	88%
ACU14088.1	unknown [Glycine max]	62.8	62.8	28%	2,00E-08	96%
XP_002513246.1	Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplast precursor, putative [Ricinus communis] >gb|EEF49114.1| Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplast precursor, putative [Ricinus communis]	62.8	62.8	28%	2,00E-08	96%
ADU05416.1	chloroplast Rieske-type ion-sulfur protein [Citrullus lanatus]	60.8	60.8	28%	6,00E-08	88%
CAM57107.1	Rieske iron-sulphur protein precursor [Glycine max]	62.8	62.8	28%	2,00E-08	96%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002325684.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|ABK94926.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|ABK95499.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|EEF00066.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	61.2	61.2	28%	4,00E-08	88%
Q02585.1	RecName: Full=Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit 2, chloroplastic; AltName: Full=Plastohydroquinone:plastocyanin oxidoreductase iron-sulfur protein 2; AltName: Full=Rieske iron-sulfur protein 2; Short=ISP 2; Short=RISP 2; Flags: Precursor >emb|CAA46809.1| Rieske FeS [Nicotiana tabacum]	61.2	61.2	28%	4,00E-08	92%
NP_001059962.1	Os07g0556200 [Oryza sativa Japonica Group] >sp|Q69S39.1|UCRIA_ORYSJ RecName: Full=Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic; AltName: Full=Plastohydroquinone:plastocyanin oxidoreductase iron-sulfur protein; AltName: Full=Rieske iron-sulfur protein; Short=ISP; Short=RISP; Flags: Precursor >gb|AAC78103.1| Rieske Fe-S precursor protein [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAD30907.1| rieske Fe-S precursor protein [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF21876.1| Os07g0556200 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAZ04309.1| hypothetical protein OsI_26450 [Oryza sativa Indica Group] >gb|EAZ22943.1| hypothetical protein OsJ_06631 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG92596.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group]	61.2	61.2	28%	4,00E-08	88%
CAA45705.1	Rieske Fe/S protein of cytochrome b6/f complex [Nicotiana tabacum]	60.8	60.8	28%	6,00E-08	92%
Q7X9A6.1	RecName: Full=Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic; AltName: Full=Plastohydroquinone:plastocyanin oxidoreductase iron-sulfur protein; AltName: Full=Rieske iron-sulfur protein; Short=ISP; Short=RISP; Flags: Precursor >gb|AAM88439.1| putative Rieske Fe-S precursor protein [Triticum aestivum]	60.8	60.8	26%	6,00E-08	92%
P30361.2	RecName: Full=Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit 1, chloroplastic; AltName: Full=Plastohydroquinone:plastocyanin oxidoreductase iron-sulfur protein 1; AltName: Full=Rieske iron-sulfur protein 1; Short=ISP 1; Short=RISP 1; Flags: Precursor >emb|CAA46808.1| Rieske FeS [Nicotiana tabacum]	60.8	60.8	28%	6,00E-08	92%
CBI34046.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	60.5	60.5	28%	8,00E-08	88%
XP_002265183.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	60.5	60.5	28%	8,00E-08	88%
XP_002319934.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE95857.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	60.5	60.5	26%	8,00E-08	92%
CAM57109.1	Rieske iron-sulphur protein precursor [Zantedeschia aethiopica]	60.1	60.1	28%	1,00E-07	88%
XP_002284361.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera] >emb|CAN66108.1| hypothetical protein VITISV_020089 [Vitis vinifera] >emb|CBI20394.3| unnamed protein product [Vitis vinifera]	59.7	59.7	28%	1,00E-07	88%
CAM57108.1	Rieske iron-sulphur protein precursor [Pinellia ternata]	59.3	59.3	28%	2,00E-07	88%
XP_002276770.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	58.9	58.9	28%	2,00E-07	80%
ACJ83976.1	unknown [Medicago truncatula]	58.9	58.9	26%	2,00E-07	88%
CBI18005.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	58.9	58.9	28%	2,00E-07	80%
ABD73295.1	photosynthetic electron transfer-like protein [Panax ginseng]	58.2	58.2	28%	4,00E-07	84%
P08980.2	RecName: Full=Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic; AltName: Full=Plastohydroquinone:plastocyanin oxidoreductase iron-sulfur protein; AltName: Full=Rieske iron-sulfur protein; Short=ISP; Short=RISP; Flags: Precursor	58.2	58.2	28%	4,00E-07	80%
1RFS_A	Chain A, Rieske Soluble Fragment From Spinach	58.2	58.2	28%	4,00E-07	80%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
CAA29590.1	Rieske FeS-precursor [Spinacia oleracea] >prf||1412276A rieske FeS precursor protein	58.2	58.2	28%	4,00E-07	80%
XP_002441121.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_09g020820 [Sorghum bicolor] >gb|EES19551.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_09g020820 [Sorghum bicolor]	57.8	57.8	26%	5,00E-07	84%
ACG28186.1	cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit [Zea mays]	57.8	57.8	26%	5,00E-07	84%
ACF85540.1	unknown [Zea mays]	57.8	57.8	26%	5,00E-07	84%
NP_001141265.1	iron-sulfur protein2 [Zea mays] >gb|ACF78827.1| unknown [Zea mays] >gb|ACF85909.1| unknown [Zea mays] >gb|ACG47356.1| cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit [Zea mays]	57.8	57.8	26%	5,00E-07	84%
NP_001140947.1	hypothetical protein LOC100273026 [Zea mays] >gb|ACF85031.1| unknown [Zea mays] >gb|ACG44719.1| cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit [Zea mays]	57.4	57.4	28%	6,00E-07	80%
P26291.1	RecName: Full=Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic; AltName: Full=Plastohydroquinone:plastocyanin oxidoreductase iron-sulfur protein; AltName: Full=Rieske iron-sulfur protein; Short=ISP; Short=RISP; Flags: Precursor >emb|CAA45151.1| chloroplast Rieske FeS protein [Pisum sativum]	57.4	57.4	26%	6,00E-07	84%
BAJ34370.1	unnamed protein product [Thellungiella halophila]	57.0	57.0	28%	8,00E-07	88%
AAT68200.1	putative Rieske Fe-S precursor protein [Cynodon dactylon]	56.2	56.2	26%	1,00E-06	80%
XP_002874871.1	Rieske fes protein [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH51130.1| Rieske fes protein [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	55.8	55.8	28%	2,00E-06	85%
NP_849295.1	PETC (PHOTOSYNTHETIC ELECTRON TRANSFER C); electron transporter, transferring electrons from cytochrome b6/f complex of photosystem II [Arabidopsis thaliana] >gb|AAK95282.1|AF410296_1 AT4g03280/F4C21_21 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM10350.1| AT4g03280/F4C21_21 [Arabidopsis thaliana]	54.3	54.3	28%	5,00E-06	81%
CAC03598.1	Rieske FeS protein [Arabidopsis thaliana] >gb|ADM21175.1| photosynthetic electron transfer C [Arabidopsis thaliana]	54.3	54.3	28%	5,00E-06	81%
NP_192237.1	PETC (PHOTOSYNTHETIC ELECTRON TRANSFER C); electron transporter, transferring electrons from cytochrome b6/f complex of photosystem II [Arabidopsis thaliana] >sp|Q9ZR03.1|UCRIA_ARATH RecName: Full=Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic; AltName: Full=Plastohydroquinone:plastocyanin oxidoreductase iron-sulfur protein; AltName: Full=Proton gradient regulation protein 1; AltName: Full=Rieske iron-sulfur protein; Short=ISP; Short=RISP; Flags: Precursor >gb|AAK49572.1|AF370566_1 putative component of cytochrome B6-F complex [Arabidopsis thaliana] >gb|AAD14456.1| putative component of cytochrome B6-F complex [Arabidopsis thaliana] >emb|CAB52433.1| rieske iron-sulfur protein precursor [Arabidopsis thaliana] >emb|CAB77813.1| putative component of cytochrome B6-F complex [Arabidopsis thaliana]	54.3	54.3	28%	5,00E-06	81%
CAA10988.1	cytochrome B6-F complex like-protein [Hordeum vulgare subsp. vulgare]	47.0	47.0	21%	9,00E-04	95%
ACU20677.1	unknown [Glycine max]	43.1	43.1	20%	0.013	94%

Query ID	lcl|47395
Description	gi|15185654|gb|BI406240.1|BI406240 157H08 Mature tuber lambda ZAP Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	718
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
Q9ZS45.1	RecName: Full=Spermidine synthase; Short=SPDSY; AltName: Full=Putrescine aminopropyltransferase >emb|CAA07020.1| spermidine synthase [Solanum lycopersicum]	248	334	71%	3,00E-83	100%
CAC51027.1	spermidine synthase [Solanum tuberosum]	246	332	71%	1,00E-82	100%
O48658.1	RecName: Full=Spermidine synthase 1; Short=SPDSY 1; AltName: Full=Putrescine aminopropyltransferase 1 >dbj|BAA24533.1| spermidine synthase 1 [Hyoscyamus niger]	246	331	71%	2,00E-82	97%
Q96557.1	RecName: Full=Spermidine synthase 2; Short=SPDSY 2; AltName: Full=Putrescine aminopropyltransferase 2 >emb|CAA69421.1| spermidine synthase 2 [Datura stramonium]	246	330	75%	7,00E-82	96%
BAC55523.1	spermidine synthase [Petunia x hybrida]	241	326	71%	8,00E-81	97%
O48660.1	RecName: Full=Spermidine synthase; AltName: Full=Putrescine aminopropyltransferase; Short=Aminopropyltransferase >dbj|BAA24535.1| spermidine synthase [Nicotiana sylvestris]	241	326	71%	8,00E-81	97%
AAQ14853.1	spermidine synthase [Nicotiana tabacum]	238	323	71%	7,00E-80	97%
O48659.1	RecName: Full=Spermidine synthase 2; Short=SPDSY 2; AltName: Full=Putrescine aminopropyltransferase 2 >dbj|BAA24534.1| spermidine synthase 2 [Hyoscyamus niger]	234	318	71%	2,00E-78	97%
Q96556.1	RecName: Full=Spermidine synthase 1; Short=SPDSY 1; AltName: Full=Putrescine aminopropyltransferase 1 >emb|CAA69420.1| spermidine synthase 1 [Datura stramonium]	230	315	71%	1,00E-77	97%
ABF66657.1	spermidine synthase [Ammopiptanthus mongolicus]	232	315	71%	2,00E-77	92%
XP_002534321.1	spermidine synthase 1, putative [Ricinus communis] >gb|EEF28057.1| spermidine synthase 1, putative [Ricinus communis]	231	314	71%	3,00E-77	92%
XP_002263762.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera] >emb|CAN74576.1| hypothetical protein VITISV_009109 [Vitis vinifera]	231	313	76%	5,00E-77	88%
XP_002315806.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEF01977.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	232	312	71%	1,00E-76	90%
XP_002311589.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE88956.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	228	311	71%	2,00E-76	92%
ACT21542.1	spermidine synthase [Panax ginseng]	229	311	71%	2,00E-76	89%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
CAM35497.1	spermidine synthase [Lotus japonicus]	228	311	71%	2,00E-76	92%
O82147.1	RecName: Full=Spermidine synthase; Short=SPDSY; AltName: Full=Putrescine aminopropyltransferase >dbj|BAA29033.1| spermidine synthase [Coffea arabica]	228	311	71%	2,00E-76	92%
CBI32130.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	231	311	71%	2,00E-76	89%
AAT66041.1	spermidine synthase [Cucumis sativus]	227	311	76%	3,00E-76	87%
EEC81895.1	hypothetical protein OsI_25717 [Oryza sativa Indica Group]	227	310	71%	4,00E-76	89%
NP_001059438.1	Os07g0408700 [Oryza sativa Japonica Group] >sp|Q9SMB1.1|SPD1_ORYSJ RecName: Full=Spermidine synthase 1; Short=SPDSY 1; AltName: Full=Putrescine aminopropyltransferase 1 >emb|CAB61629.1| spermidine synthase 1 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAD30581.1| spermidine synthase 1 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF21352.1| Os07g0408700 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG87616.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG94220.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EEE67009.1| hypothetical protein OsJ_23928 [Oryza sativa Japonica Group]	227	310	71%	4,00E-76	89%
BAC20171.1	spermidine synthase [Malus x domestica]	226	310	71%	7,00E-76	89%
NP_001140791.1	hypothetical protein LOC100272866 [Zea mays] >gb|ACF84629.1| unknown [Zea mays]	225	310	86%	7,00E-76	87%
ACU21202.1	unknown [Glycine max]	226	309	71%	9,00E-76	92%
ACU18320.1	unknown [Glycine max]	227	309	71%	9,00E-76	89%
NP_001149286.1	LOC100282908 [Zea mays] >gb|ACG34862.1| spermidine synthase 1 [Zea mays]	225	308	71%	2,00E-75	89%
BAF91875.1	spermidine synthase [Nicotiana benthamiana]	237	308	68%	3,00E-75	96%
XP_002890597.1	hypothetical protein ARALYDRAFT_889925 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH66856.1| hypothetical protein ARALYDRAFT_889925 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	225	305	71%	1,00E-74	87%
BAC20170.1	spermidine synthase [Malus x domestica]	225	305	71%	1,00E-74	87%
NP_173794.2	SPDS1 (spermidine synthase 1); spermidine synthase [Arabidopsis thaliana]	225	305	71%	2,00E-74	86%
XP_002888767.1	hypothetical protein ARALYDRAFT_476155 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH65026.1| hypothetical protein ARALYDRAFT_476155 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	223	305	71%	2,00E-74	89%
NP_177188.1	SPDS2 (spermidine synthase 2); spermidine synthase [Arabidopsis thaliana] >sp|O48661.2|SPD2_ARATH RecName: Full=Spermidine synthase 2; Short=SPDSY 2; AltName: Full=Putrescine aminopropyltransferase 2 >gb|AAK52993.1|AF375409_1 At1g70310/F17O7_16 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAC18808.1| Strong similarity to spermidine synthase 1, gb|Y08252 and possibly closer similarity to spermidine synthase 2 gb|Y08253 from Datura stramonium. ESTs gb|N38155, gb|T41738, gb|AA597626, gb|AA712967 and gb|AA712346 come from this gene [Arabidopsis thaliana] >emb|CAB61615.1| spermidine synthase 2 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAV85715.1| At1g70310 [Arabidopsis thaliana]	223	305	71%	2,00E-74	89%
ACN27352.1	unknown [Zea mays]	225	305	71%	2,00E-74	87%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
NP_973900.2	SPDS1 (spermidine synthase 1); spermidine synthase [Arabidopsis thaliana]	225	305	71%	2,00E-74	86%
Q9ZUB3.1	RecName: Full=Spermidine synthase 1; Short=SPDSY 1; AltName: Full=Putrescine aminopropyltransferase 1 >gb|AAC98040.1| Strong similarity to gb|AB006693 spermidine synthase from Arabidopsis thaliana. ESTs gb|AA389822, gb|T41794, gb|N38455, gb|AI100106, gb|F14442 and gb|F14256 come from this gene >emb|CAB61614.1| spermidine synthase 1 [Arabidopsis thaliana] >emb|CAB64644.1| spermidine synthase [Arabidopsis thaliana] >gb|AAL32671.1| Strong similarity to spermidine synthase [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM13359.1| strong similarity to spermidine synthase [Arabidopsis thaliana]	225	305	71%	2,00E-74	86%
Q9ZTR1.1	RecName: Full=Spermidine synthase 1; Short=SPDSY 1; AltName: Full=Putrescine aminopropyltransferase 1 >gb|AAD02231.1| spermidine synthase 1 [Pisum sativum]	223	305	71%	2,00E-74	89%
CAO02391.1	spermidine synthase [Cochlearia officinalis]	223	302	71%	1,00E-73	86%
Q9ZTR0.1	RecName: Full=Spermidine synthase 2; Short=SPDSY 2; AltName: Full=Putrescine aminopropyltransferase 2 >gb|AAD02232.1| spermidine synthase 2 [Pisum sativum]	221	300	71%	4,00E-73	85%
XP_001752964.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ82005.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	223	300	71%	4,00E-73	83%
BAA24536.1	spermidine synthase [Arabidopsis thaliana]	223	299	70%	9,00E-73	91%
2Q41_B	Chain B, Ensemble Refinement Of The Protein Crystal Structure Of Spermidine Synthase From Arabidopsis Thaliana Gene At1g23820	219	298	71%	3,00E-72	84%
2Q41_C	Chain C, Ensemble Refinement Of The Protein Crystal Structure Of Spermidine Synthase From Arabidopsis Thaliana Gene At1g23820	219	298	71%	3,00E-72	84%
1XJ5_A	Chain A, X-Ray Structure Of Spermidine Synthase From Arabidopsis Thaliana Gene At1g23820 >pdb|1XJ5|B Chain B, X-Ray Structure Of Spermidine Synthase From Arabidopsis Thaliana Gene At1g23820 >pdb|1XJ5|C Chain C, X-Ray Structure Of Spermidine Synthase From Arabidopsis Thaliana Gene At1g23820 >pdb|1XJ5|D Chain D, X-Ray Structure Of Spermidine Synthase From Arabidopsis Thaliana Gene At1g23820 >pdb|2Q41|A Chain A, Ensemble Refinement Of The Protein Crystal Structure Of Spermidine Synthase From Arabidopsis Thaliana Gene At1g23820 >pdb|2Q41|D Chain D, Ensemble Refinement Of The Protein Crystal Structure Of Spermidine Synthase From Arabidopsis Thaliana Gene At1g23820	219	298	71%	3,00E-72	84%
XP_001757204.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ78063.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	222	297	71%	5,00E-72	82%
ACZ73829.1	spermidine synthase [Olea europaea]	213	296	71%	6,00E-72	92%
ADK89558.1	spermidine synthase [Marsilea vestita]	221	295	71%	1,00E-71	84%
BAC20172.1	spermidine synthase [Malus x domestica]	226	280	66%	4,00E-67	92%
ACJ84363.1	unknown [Medicago truncatula]	197	276	70%	8,00E-66	84%
AAW30410.1	spermidine synthase X [Silene latifolia]	221	269	65%	1,00E-63	88%
ABZ01548.1	spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01549.1| spermidine synthase X [Silene latifolia]	221	269	65%	1,00E-63	88%
AAW30411.1	spermidine synthase Y [Silene latifolia]	220	267	65%	3,00E-63	88%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
ABZ01524.1	spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01525.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01526.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01529.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01530.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01531.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01532.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01533.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01534.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01535.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01536.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01537.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01538.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01539.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01540.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01541.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01542.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01543.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01544.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01545.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01546.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01547.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01550.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01551.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01552.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01553.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01554.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01555.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01556.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01557.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01558.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01559.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01560.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01561.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01562.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01563.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01564.1| spermidine synthase X [Silene latifolia] >gb|ABZ01565.1| spermidine synthase X [Silene latifolia]	221	269	65%	1,00E-63	88%
ABZ01528.1	spermidine synthase X [Silene latifolia]	221	267	65%	3,00E-63	86%
ABZ01527.1	spermidine synthase X [Silene latifolia]	221	267	65%	3,00E-63	86%
AAW30409.1	spermidine synthase [Silene vulgaris]	221	266	65%	1,00E-62	86%
ABZ01566.1	spermidine synthase X [Silene vulgaris]	221	266	65%	1,00E-62	86%
ACB86615.1	putative spermidine synthase [Silene diclinis]	225	263	63%	8,00E-62	87%
ACB86614.1	putative spermidine synthase [Silene diclinis]	224	262	63%	1,00E-61	87%
ACB86613.1	putative spermidine synthase [Silene conica] >gb|ACB86616.1| putative spermidine synthase [Silene dioica]	224	262	63%	1,00E-61	87%
ACB86617.1	putative spermidine synthase [Silene dioica]	223	260	63%	4,00E-61	86%
ACB86612.1	putative spermidine synthase [Silene noctiflora]	222	259	63%	7,00E-61	86%
AAP97136.1	putative spermine synthase [Solanum lycopersicum]	201	259	69%	9,00E-61	77%
ACU18139.1	unknown [Glycine max]	228	228	55%	7,00E-58	88%
AAV80841.1	spermidine synthase [Phaseolus vulgaris]	227	227	55%	9,00E-58	88%

Query ID	lcl|53869					
Description	gi|20166677|gb|BQ114715.1|BQ114715 EST600291 mixed potato tissues Solanum tuberosum cDNA clone STMCV88 3' end, mRNA sequence					
Molecule type	nucleic acid					
Query Length	501					
Database Name	Nr					
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details					
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation					
Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
CBI19293.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	220	220	65%	6,00E-56	95%
XP_002283711.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	220	220	65%	6,00E-56	95%
XP_002527362.1	E3 ubiquitin protein ligase upl2, putative [Ricinus communis] >gb|EEF35034.1| E3 ubiquitin protein ligase upl2, putative [Ricinus communis]	219	219	65%	1,00E-55	95%
XP_002301117.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE80390.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	218	218	65%	2,00E-55	94%
CAN72160.1	hypothetical protein VITISV_019023 [Vitis vinifera]	214	214	65%	3,00E-54	93%
XP_002864007.1	predicted protein [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH40266.1| predicted protein [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	213	213	65%	9,00E-54	91%
NP_001066671.2	Os12g0428600 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF29690.2| Os12g0428600 [Oryza sativa Japonica Group]	205	205	65%	2,00E-51	89%
XP_002443156.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_08g012560 [Sorghum bicolor] >gb|EES16994.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_08g012560 [Sorghum bicolor]	205	205	65%	2,00E-51	89%
EEE53127.1	hypothetical protein OsJ_35924 [Oryza sativa Japonica Group]	205	205	65%	2,00E-51	89%
EEC69178.1	hypothetical protein OsI_38149 [Oryza sativa Indica Group]	205	205	65%	2,00E-51	89%
ABA97973.2	E3 ubiquitin protein ligase UPL1, putative, expressed [Oryza sativa Japonica Group]	205	205	65%	2,00E-51	89%
NP_001170313.1	hypothetical protein LOC100384278 [Zea mays] >gb|ACN36572.1| unknown [Zea mays]	201	201	65%	3,00E-50	86%
NP_001159256.1	hypothetical protein LOC100304346 [Zea mays] >gb|ACN25607.1| unknown [Zea mays]	194	194	65%	3,00E-48	86%
XP_002980952.1	ubiquitin-protein ligase, UPL1 [Selaginella moellendorffii] >gb|EFJ18137.1| ubiquitin-protein ligase, UPL1 [Selaginella moellendorffii]	192	192	65%	2,00E-47	81%
XP_002989307.1	ubiquitin-protein ligase, UPL1 [Selaginella moellendorffii] >gb|EFJ09581.1| ubiquitin-protein ligase, UPL1 [Selaginella moellendorffii]	192	192	65%	2,00E-47	81%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
EEE69276.1	hypothetical protein OsJ_28543 [Oryza sativa Japonica Group]	191	191	65%	2,00E-47	83%
EEC84175.1	hypothetical protein OsI_30556 [Oryza sativa Indica Group]	191	191	65%	2,00E-47	83%
BAD22340.1	putative ubiquitin-protein ligase 1 [Oryza sativa Japonica Group]	191	191	65%	2,00E-47	83%
CBI39752.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	191	191	65%	4,00E-47	81%
XP_002268896.1	PREDICTED: similar to E3 ubiquitin-protein ligase UPL1 [Vitis vinifera]	191	191	65%	4,00E-47	81%
CAN67147.1	hypothetical protein VITISV_042363 [Vitis vinifera]	191	191	65%	4,00E-47	81%
XP_002298873.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE83678.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	189	189	65%	8,00E-47	81%
XP_002522774.1	E3 ubiquitin protein ligase upl2, putative [Ricinus communis] >gb|EEF39625.1| E3 ubiquitin protein ligase upl2, putative [Ricinus communis]	189	189	65%	1,00E-46	80%
XP_002316781.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE97393.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	188	273	65%	2,00E-46	80%
BAF02172.1	hypothetical protein [Arabidopsis thaliana]	187	187	65%	3,00E-46	80%
AAC18813.1	Similar to ubiquitin ligase gb|D63905 from S. cerevisiae. EST gb|R65295 comes from this gene [Arabidopsis thaliana]	187	187	65%	3,00E-46	80%
AAF36455.1	ubiquitin-protein ligase 2 [Arabidopsis thaliana]	187	187	65%	3,00E-46	80%
Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
AAN72076.1	Unknown protein [Arabidopsis thaliana] >gb|AAP68269.1| At1g70320 [Arabidopsis thaliana]	187	187	65%	3,00E-46	80%
NP_177189.1	UPL2 (UBIQUITIN-PROTEIN LIGASE 2); ubiquitin-protein ligase [Arabidopsis thaliana]	187	187	65%	3,00E-46	80%
Q8H0T4.2	RecName: Full=E3 ubiquitin-protein ligase UPL2; Short=Ubiquitin-protein ligase 2	187	187	65%	3,00E-46	80%
XP_002894533.1	ubiquitin-protein ligase 1 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH70792.1| ubiquitin-protein ligase 1 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	186	186	65%	1,00E-45	80%
Q8GY23.3	RecName: Full=E3 ubiquitin-protein ligase UPL1; Short=Ubiquitin-protein ligase 1	186	186	65%	1,00E-45	80%
AAF36454.1	ubiquitin-protein ligase 1 [Arabidopsis thaliana]	186	186	65%	1,00E-45	80%
AAF79338.1	F14J16.10 [Arabidopsis thaliana]	186	186	65%	1,00E-45	80%
NP_175982.1	UPL1 (UBIQUITIN-PROTEIN LIGASE 1); ubiquitin-protein ligase [Arabidopsis thaliana]	186	186	65%	1,00E-45	80%
NP_001062687.1	Os09g0252800 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF24601.1| Os09g0252800 [Oryza sativa Japonica Group]	167	167	56%	3,00E-40	83%

Query ID	lcl|27659
Description	gi|53776243|gb|CV493895.1|CV493895 38454.1 Cold Sweetening B Solanum tuberosum cDNA clone 38454 5', mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	487
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
ABA46764.1	unknown [Solanum tuberosum]	204	204	69%	3,00E-51	92%
AAQ96375.1	60S ribosomal protein L13 [Solanum palustre]	203	203	69%	6,00E-51	92%
XP_002519996.1	60S ribosomal protein L13, putative [Ricinus communis] >gb|EEF42320.1| 60S ribosomal protein L13, putative [Ricinus communis]	187	187	69%	5,00E-46	81%
XP_002529265.1	60S ribosomal protein L13, putative [Ricinus communis] >gb|EEF33097.1| 60S ribosomal protein L13, putative [Ricinus communis]	184	184	69%	3,00E-45	80%
CAN84167.1	hypothetical protein VITISV_018882 [Vitis vinifera]	184	184	69%	5,00E-45	81%
XP_002277094.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera] >emb|CBI33499.3| unnamed protein product [Vitis vinifera]	182	182	69%	1,00E-44	80%
ACU14467.1	unknown [Glycine max]	181	181	69%	2,00E-44	80%
P49627.1	RecName: Full=60S ribosomal protein L13; AltName: Full=Clone 6.2.1 protein >gb|AAA72054.1| unnamed protein product [Nicotiana tabacum]	132	132	69%	2,00E-29	60%

Query ID	lcl|44269
Description	gi|62951790|gb|DN941519.1|DN941519 1088.3 Tuber Skin Solanum tuberosum cDNA clone 1088 3', mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	746
Database Name	nr

Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details					
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation					
Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002511324.1	leucine-rich repeat-containing protein, putative [Ricinus communis] >gb|EEF51926.1| leucine-rich repeat-containing protein, putative [Ricinus communis]	131	194	63%	3,00E-41	75%
XP_002321633.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEF05760.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	122	241	69%	2,00E-38	72%
XP_002530026.1	leucine-rich repeat-containing protein, putative [Ricinus communis] >gb|EEF32326.1| leucine-rich repeat-containing protein, putative [Ricinus communis]	104	254	69%	7,00E-35	71%
XP_002315667.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEF01838.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	77.8	162	51%	9,00E-26	71%

Query ID	lcl|24887					
Description	gi|37820894|gb|CF802497.1|CF802497 CP54.r Solanum tuberosum young leaf Solanum tuberosum cDNA clone CP54, mRNA sequence					
Molecule type	nucleic acid					
Query Length	350					
Database Name	Nr					
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details					
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation					
Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_001238223.2	AGAP009139-PA [Anopheles gambiae str. PEST] >gb|EAU75958.2| AGAP009139-PA [Anopheles gambiae str. PEST]	39.7	149	54%	0.14	37%
CBH18716.1	hypothetical protein, unlikely [Trypanosoma brucei gambiense DAL972]	36.6	36.6	31%	1.2	40%
XP_003147002.1	hypothetical protein LOAG_11435 [Loa loa] >gb|EFO17068.1| hypothetical protein LOAG_11435 [Loa loa]	35.8	35.8	50%	2.0	33%
XP_002004017.1	GI19857 [Drosophila mojavensis] >gb|EDW13459.1| GI19857 [Drosophila mojavensis]	35.8	35.8	49%	2.0	31%
XP_003146184.1	hypothetical protein LOAG_10613 [Loa loa] >gb|EFO17887.1| hypothetical protein LOAG_10613 [Loa loa]	34.7	34.7	55%	4.5	36%
CBX33227.1	hypothetical protein [Beta vulgaris subsp. maritima]	33.9	33.9	37%	7.7	38%

Query ID	lcl|15797
Description	gi|53698055|gb|CV473279.1|CV473279 21480.1 Developing Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 21480 5', mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	361
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
Q41480.2	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 1; Short=pA1; AltName: Full=STPIA; AltName: Full=STPID; AltName: Full=gCDI-A1; Flags: Precursor >dbj|BAA04151.1| proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	141	141	56%	3,00E-32	98%
BAA04148.1	proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	141	141	56%	3,00E-32	98%
ACS12825.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A1 [Solanum palustre] >gb|ACS12831.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A1 [Solanum stoloniferum]	131	131	56%	3,00E-29	94%
ACS12828.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A4 [Solanum palustre]	130	130	56%	8,00E-29	92%
AAZ94184.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94193.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	130	130	56%	8,00E-29	92%
AAZ94185.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	130	130	56%	8,00E-29	92%
ACS12829.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A5 [Solanum palustre]	127	127	56%	7,00E-28	91%
AAM08398.1	aspartic proteinase inhibitor precursor P1E9 [Solanum tuberosum]	127	127	56%	7,00E-28	89%
AAB23206.1	aspartic proteinase inhibitor [potato, Peptide, 220 aa]	125	125	56%	1,00E-27	89%
P17979.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 8; Short=API; Short=API-8; Short=PI-8; Short=pi8; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor; Flags: Precursor >emb|CAA37566.1| unnamed protein product [Solanum tuberosum]	125	125	56%	1,00E-27	89%
P58519.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 5; AltName: Full=PI-13; AltName: Full=pi13; Flags: Precursor	125	125	56%	1,00E-27	91%
Q43646.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 2; AltName: Full=CathIhn; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor; Short=CathDinh; Flags: Precursor >emb|CAA52919.1| cathepsin D inhibitor [Solanum tuberosum]	125	125	56%	1,00E-27	89%
P16348.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 11; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor PDI; AltName: Allergen=Sola t 2 >prf||1511092A cathepsin D inhibitor	125	125	56%	1,00E-27	89%
ACR54295.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A2 [Solanum tuberosum subsp. andigenum] >gb|ACS12826.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A2 [Solanum palustre]	125	125	56%	3,00E-27	89%
Q41448.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 7; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor p749; Flags: Precursor >gb|AAA18564.1| cathepsin D inhibitor protein [Solanum tuberosum]	125	125	56%	3,00E-27	89%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
AAZ94195.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	124	124	56%	6,00E-27	89%
AAZ94179.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94186.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	124	124	56%	6,00E-27	89%
AAZ94192.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	122	122	56%	2,00E-26	89%
ABA81855.1	kunitz-type protease inhibitor [Solanum tuberosum]	121	121	56%	4,00E-26	88%
Q43645.2	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 4; AltName: Full=API-13; Short=PI13; Flags: Precursor	121	121	56%	4,00E-26	88%
CAA44005.1	aspartic proteinase inhibitor homologue [Solanum tuberosum]	121	121	56%	4,00E-26	88%
Q03197.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 10; AltName: Full=Wound-induced aspartate proteinase CDI inhibitor; Flags: Precursor >emb|CAA48036.1| cathepsin D inhibitor [Solanum tuberosum]	120	120	56%	5,00E-26	88%
AAL99260.1	Kunitz-type enzyme inhibitor P4E1 precursor [Solanum tuberosum] >dbj|BAC23032.1| cathepsin D inhibitor [Solanum tuberosum]	119	119	56%	1,00E-25	86%
ACR54294.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A1 [Solanum tuberosum subsp. andigenum] >gb|ACR54297.1| Kunitz-type proteinase inhibitor group A4 [Solanum tuberosum subsp. andigenum]	119	119	56%	2,00E-25	85%
ACR54296.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A3 [Solanum tuberosum subsp. andigenum] >gb|ACS12827.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A3 [Solanum palustre]	117	117	56%	7,00E-25	83%
CAB94854.1	inhibitor of yeast proteinase A [Solanum lycopersicum]	110	110	55%	5,00E-23	77%
CAC00536.1	Cathepsin D Inhibitor [Solanum lycopersicum]	110	110	55%	5,00E-23	77%
AAL99261.1	aspartic proteinase inhibitor P2B4 [Solanum tuberosum]	94.4	130	59%	1,00E-22	88%
ACS12830.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A6 [Solanum palustre] >gb|ACS12832.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A2 [Solanum stoloniferum]	108	108	56%	2,00E-22	80%
CAA52164.1	cathepsin D inhibitor protein [Solanum lycopersicum]	108	108	55%	3,00E-22	76%
ACR54298.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A5 [Solanum tuberosum subsp. andigenum]	102	102	56%	2,00E-20	77%
AAG12337.1	cathepsin D inhibitor [Solanum nigrum]	101	101	56%	3,00E-20	76%
AAZ94187.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94197.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94198.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	100	100	55%	7,00E-20	70%
AAU09271.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B [Solanum tuberosum]	100	100	56%	9,00E-20	70%
AAM10744.1	putative kunitz-type proteinase inhibitor S1C1 [Solanum tuberosum]	100	100	56%	9,00E-20	72%
AAX47267.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B5 [Solanum palustre]	100	100	55%	9,00E-20	70%
AAN04125.1	Kunitz-type proteinase inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	99.8	99.8	55%	1,00E-19	70%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
CAA45723.1	aspartic proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	99.8	99.8	56%	1,00E-19	72%
P30941.2	RecName: Full=Serine protease inhibitor 7; AltName: Full=PIGEN1; Short=PIG; AltName: Full=STPIA; AltName: Full=STPIB; AltName: Full=pF4; AltName: Full=pKEN14-28; AltName: Allergen=Sola t 4; Flags: Precursor >dbj|BAA04149.1| proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	99.8	99.8	56%	1,00E-19	72%
AAZ94199.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94200.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94201.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	99.4	99.4	56%	1,00E-19	70%
AAU04570.1	Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	99.4	99.4	56%	1,00E-19	69%
AAX47263.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B1 [Solanum palustre]	99.4	99.4	56%	1,00E-19	72%
BAA04150.1	proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	99.4	99.4	56%	1,00E-19	72%
AAX47266.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B4 [Solanum palustre]	99.0	99.0	56%	2,00E-19	69%
AAM21645.1	putative Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	98.2	98.2	56%	3,00E-19	69%
Q41433.1	RecName: Full=Probable serine protease inhibitor 6; AltName: Full=AM66; Flags: Precursor >gb|AAC49602.1| Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	98.2	98.2	56%	3,00E-19	70%
P58517.1	RecName: Full=Serine protease inhibitor 4; Short=PI-4	97.4	97.4	56%	6,00E-19	70%
AAU09272.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B [Solanum tuberosum]	97.1	97.1	56%	7,00E-19	69%
P58514.2	RecName: Full=Serine protease inhibitor 1; AltName: Full=PSPI-21; AltName: Full=PSPI-21-6.3; Contains: RecName: Full=Serine protease inhibitor 1 chain A; Contains: RecName: Full=Serine protease inhibitor 1 chain B; Flags: Precursor >gb|AAM21646.1|AF495585_1 putative Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	97.1	97.1	56%	7,00E-19	69%
P58515.1	RecName: Full=Serine protease inhibitor 2; AltName: Full=PSPI-21; AltName: Full=PSPI-21-5.2; Contains: RecName: Full=Serine protease inhibitor 2 chain A; Contains: RecName: Full=Serine protease inhibitor 2 chain B	96.7	96.7	56%	1,00E-18	73%
AAM10743.1	putative kunitz-type proteinase inhibitor precursor P1H5 [Solanum tuberosum]	96.7	96.7	56%	1,00E-18	70%
AAX47264.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B2 [Solanum palustre]	96.7	96.7	56%	1,00E-18	70%
AAX47265.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B3 [Solanum palustre]	96.3	96.3	56%	1,00E-18	70%
AAZ08244.1	putative Kunitz-type proteinase inhibitor PKI1 [Solanum tuberosum]	93.6	93.6	56%	8,00E-18	69%
AAO23566.1	serine protease inhibitor [Solanum tuberosum]	92.8	92.8	56%	1,00E-17	67%
AAM21642.1	putative Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	79.0	108	61%	5,00E-16	69%
ABB72793.1	Kunitz-type protease inhibitor-like protein [Solanum tuberosum]	86.3	86.3	56%	1,00E-15	66%
Q41484.1	RecName: Full=Serine protease inhibitor 5; AltName: Full=gCDI-B1; Flags: Precursor >dbj|BAA04152.1| proteinase inhibitor [Solanum tuberosum] >gb|ABB72795.1| Kunitz-type protease inhibitor-like protein [Solanum tuberosum]	86.3	86.3	56%	1,00E-15	66%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
AAM21643.1	putative Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	72.8	72.8	42%	1,00E-11	68%
AAM10490.1	aspartic proteinase inhibitor precursor P7E9 [Solanum tuberosum]	50.1	50.1	21%	1,00E-04	88%
AAM21644.1	putative Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	46.2	46.2	25%	0.001	67%
AAQ96377.1	miraculin-like protein [Solanum palustre]	45.8	45.8	54%	0.002	43%
XP_002265535.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	45.1	45.1	44%	0.003	40%
AAC49969.1	tumor-related protein [Nicotiana tabacum]	43.5	43.5	54%	0.010	43%
BAA05474.1	tumor-related protein [Nicotiana glauca x Nicotiana langsdorffii]	43.5	43.5	54%	0.010	43%
AAM10742.1	putative kunitz-type proteinase inhibitor precursor P1D4 [Solanum tuberosum]	37.7	62.8	55%	0.010	57%
ACV52580.1	endopeptidase inhibitor [Nicotiana benthamiana]	40.8	40.8	44%	0.062	45%
ABX76298.1	sexual organ expressed protein [Nicotiana alata]	40.8	40.8	54%	0.062	41%
BAA82843.1	miraculin homologue [Solanum melongena]	40.8	40.8	44%	0.062	45%

Query ID	lcl|11103
Description	gi|53697113|gb|CV472337.1|CV472337 45665.1 Common Scab-Challenged Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 45665 5', mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	843
Database Name	Nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
P17979.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 8; Short=API; Short=API-8; Short=PI-8; Short=pi8; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor; Flags: Precursor >emb|CAA37566.1| unnamed protein product [Solanum tuberosum]	429	429	78%	2,00E-118	100%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
AAB23206.1	aspartic proteinase inhibitor [potato, Peptide, 220 aa]	427	427	78%	6,00E-118	99%
Q43646.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 2; AltName: Full=CathIhn; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor; Short=CathDinh; Flags: Precursor >emb|CAA52919.1| cathepsin D inhibitor [Solanum tuberosum]	419	419	78%	3,00E-115	98%
AAM08398.1	aspartic proteinase inhibitor precursor P1E9 [Solanum tuberosum]	409	409	78%	3,00E-112	95%
AAZ94184.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94193.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	408	408	78%	5,00E-112	95%
P58519.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 5; AltName: Full=PI-13; AltName: Full=pi13; Flags: Precursor	405	405	78%	3,00E-111	95%
ABA81855.1	kunitz-type protease inhibitor [Solanum tuberosum]	401	401	78%	6,00E-110	95%
AAZ94185.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	395	395	78%	3,00E-108	94%
Q03197.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 10; AltName: Full=Wound-induced aspartate proteinase CDI inhibitor; Flags: Precursor >emb|CAA48036.1| cathepsin D inhibitor [Solanum tuberosum]	394	394	78%	8,00E-108	93%
AAZ94179.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94186.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	387	387	78%	1,00E-105	91%
Q43645.2	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 4; AltName: Full=API-13; Short=PI13; Flags: Precursor	387	387	78%	1,00E-105	91%
P16348.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 11; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor PDI; AltName: Allergen=Sola t 2 >prf||1511092A cathepsin D inhibitor	387	387	66%	1,00E-105	98%
AAZ94195.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	386	386	78%	2,00E-105	90%
CAA44005.1	aspartic proteinase inhibitor homologue [Solanum tuberosum]	385	385	73%	5,00E-105	91%
AAZ94192.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	384	384	78%	8,00E-105	90%
Q41448.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 7; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor p749; Flags: Precursor >gb|AAA18564.1| cathepsin D inhibitor protein [Solanum tuberosum]	380	380	78%	1,00E-103	90%
Q41480.2	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 1; Short=pA1; AltName: Full=STPIA; AltName: Full=STPID; AltName: Full=gCDI-A1; Flags: Precursor >dbj|BAA04151.1| proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	380	380	78%	1,00E-103	89%
BAA04148.1	proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	378	378	78%	4,00E-103	88%
ACS12828.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A4 [Solanum palustre]	376	376	67%	2,00E-102	95%
ACS12829.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A5 [Solanum palustre]	373	373	67%	2,00E-101	94%
ACS12825.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A1 [Solanum palustre] >gb|ACS12831.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A1 [Solanum stoloniferum]	362	362	67%	3,00E-98	92%
ACR54295.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A2 [Solanum tuberosum subsp. andigenum] >gb|ACS12826.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A2 [Solanum palustre]	360	360	67%	1,00E-97	91%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
ACR54294.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A1 [Solanum tuberosum subsp. andigenum] >gb|ACR54297.1| Kunitz-type proteinase inhibitor group A4 [Solanum tuberosum subsp. andigenum]	356	356	67%	2,00E-96	90%
ACR54296.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A3 [Solanum tuberosum subsp. andigenum] >gb|ACS12827.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A3 [Solanum palustre]	354	354	67%	7,00E-96	90%
P58521.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 9; AltName: Full=Novel inhibitor of cathepsin D; Short=NID	354	354	66%	9,00E-96	92%
AAL99260.1	Kunitz-type enzyme inhibitor P4E1 precursor [Solanum tuberosum] >dbj|BAC23032.1| cathepsin D inhibitor [Solanum tuberosum]	352	352	78%	4,00E-95	85%
ACS12830.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A6 [Solanum palustre] >gb|ACS12832.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A2 [Solanum stoloniferum]	351	351	67%	6,00E-95	91%
ACR54298.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A5 [Solanum tuberosum subsp. andigenum]	350	350	67%	1,00E-94	90%
AAL99261.1	aspartic proteinase inhibitor P2B4 [Solanum tuberosum]	332	372	66%	1,00E-94	95%
CAC00536.1	Cathepsin D Inhibitor [Solanum lycopersicum]	350	350	78%	2,00E-94	82%
CAA52164.1	cathepsin D inhibitor protein [Solanum lycopersicum]	344	344	78%	7,00E-93	81%
AAG12337.1	cathepsin D inhibitor [Solanum nigrum]	333	333	64%	2,00E-89	90%
AAM10490.1	aspartic proteinase inhibitor precursor P7E9 [Solanum tuberosum]	325	325	59%	3,00E-87	95%
CAB94854.1	inhibitor of yeast proteinase A [Solanum lycopersicum]	318	318	66%	5,00E-85	81%
P58520.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 6; Short=API-6	312	312	60%	4,00E-83	90%
P58518.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 3; Short=API-3	306	306	60%	2,00E-81	89%
AAM10743.1	putative kunitz-type proteinase inhibitor precursor P1H5 [Solanum tuberosum]	300	300	73%	2,00E-79	73%
CAA45723.1	aspartic proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	298	298	73%	6,00E-79	73%
Q41433.1	RecName: Full=Probable serine protease inhibitor 6; AltName: Full=AM66; Flags: Precursor >gb|AAC49602.1| Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	298	298	73%	6,00E-79	72%
AAZ94199.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94200.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94201.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	297	297	73%	1,00E-78	72%
AAM10491.1	aspartic proteinase inhibitor precursor P8G5 [Solanum tuberosum]	297	297	61%	1,00E-78	86%
AAM21645.1	putative Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	296	296	73%	2,00E-78	72%
P58514.2	RecName: Full=Serine protease inhibitor 1; AltName: Full=PSPI-21; AltName: Full=PSPI-21-6.3; Contains: RecName: Full=Serine protease inhibitor 1 chain A; Contains: RecName: Full=Serine protease inhibitor 1 chain B; Flags: Precursor >gb|AAM21646.1|AF495585_1 putative Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	296	296	73%	2,00E-78	72%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
P30941.2	RecName: Full=Serine protease inhibitor 7; AltName: Full=PIGEN1; Short=PIG; AltName: Full=STPIA; AltName: Full=STPIB; AltName: Full=pF4; AltName: Full=pKEN14-28; AltName: Allergen=Sola t 4; Flags: Precursor >dbj|BAA04149.1| proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	296	296	73%	2,00E-78	72%
BAA04150.1	proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	296	296	73%	2,00E-78	72%
AAO23566.1	serine protease inhibitor [Solanum tuberosum]	296	296	73%	3,00E-78	72%
AAM10744.1	putative kunitz-type proteinase inhibitor S1C1 [Solanum tuberosum]	296	296	73%	3,00E-78	72%
AAZ94187.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94197.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94198.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	294	294	73%	8,00E-78	72%
Q41484.1	RecName: Full=Serine protease inhibitor 5; AltName: Full=gCDI-B1; Flags: Precursor >dbj|BAA04152.1| proteinase inhibitor [Solanum tuberosum] >gb|ABB72795.1| Kunitz-type protease inhibitor-like protein [Solanum tuberosum]	291	291	73%	7,00E-77	73%
ABB72793.1	Kunitz-type protease inhibitor-like protein [Solanum tuberosum]	290	290	73%	2,00E-76	72%
AAZ08244.1	putative Kunitz-type proteinase inhibitor PKI1 [Solanum tuberosum]	290	290	73%	2,00E-76	72%
AAX47264.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B2 [Solanum palustre]	286	286	68%	2,00E-75	75%
AAX47266.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B4 [Solanum palustre]	281	281	68%	7,00E-74	72%
AAM21642.1	putative Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	278	302	76%	1,00E-73	72%
AAX47265.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B3 [Solanum palustre]	274	274	68%	9,00E-72	72%
AAU09271.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B [Solanum tuberosum]	273	273	68%	2,00E-71	71%
AAX47263.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B1 [Solanum palustre]	273	273	68%	2,00E-71	72%
AAU04570.1	Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	273	273	68%	3,00E-71	70%
AAM21643.1	putative Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	272	272	67%	4,00E-71	73%
AAU09272.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B [Solanum tuberosum]	271	271	68%	8,00E-71	71%
AAX47267.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group B5 [Solanum palustre]	269	269	68%	4,00E-70	71%
AAN04125.1	Kunitz-type proteinase inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	268	268	68%	5,00E-70	71%
P58515.1	RecName: Full=Serine protease inhibitor 2; AltName: Full=PSPI-21; AltName: Full=PSPI-21-5.2; Contains: RecName: Full=Serine protease inhibitor 2 chain A; Contains: RecName: Full=Serine protease inhibitor 2 chain B	266	266	67%	2,00E-69	72%
AAM10742.1	putative kunitz-type proteinase inhibitor precursor P1D4 [Solanum tuberosum]	240	268	73%	4,00E-63	68%
AAM21644.1	putative Kunitz-type proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	245	245	60%	6,00E-63	72%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
P58517.1	RecName: Full=Serine protease inhibitor 4; Short=PI-4	154	154	36%	1,00E-35	73%
ABX76298.1	sexual organ expressed protein [Nicotiana alata]	129	129	73%	5,00E-28	40%
AAF15901.1	putative proteinase inhibitor [Nicotiana glutinosa]	115	115	73%	5,00E-24	38%
ABX76297.1	stigma expressed protein [Nicotiana alata]	109	109	73%	4,00E-22	37%
ACS92519.1	Kunitz-type protease inhibitor KPI-D8 [Populus trichocarpa x Populus nigra]	86.3	86.3	73%	5,00E-15	32%
ACL12055.1	Kunitz trypsin inhibitor [Nicotiana tabacum]	85.1	85.1	65%	1,00E-14	33%
AAC63057.1	Lemir [Solanum lycopersicum]	81.6	81.6	73%	1,00E-13	32%
AAQ96377.1	miraculin-like protein [Solanum palustre]	80.9	80.9	72%	2,00E-13	32%

Query ID	lcl|37981
Description	gi|53700222|gb|CV475446.1|CV475446 23998.1 Developing Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 23998 5', mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
AAA18836.1	ADG1 [Trypanosoma brucei]	34.7	34.7	62%	4.5	29%

Query ID	lcl|41503
Description	gi|12587114|gb|BG097079.1|BG097079 EST461598 potato leaves and petioles Solanum tuberosum cDNA clone cSTB45F6 5' sequence, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	423
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
BAG66036.1	RNA polymerase I largest subunit [Calibrachoa hybrid cultivar]	55.5	55.5	18%	2,00E-06	96%
BAG66034.1	RNA polymerase I largest subunit [Petunia integrifolia] >dbj|BAG66035.1| RNA polymerase I largest subunit [Petunia integrifolia]	55.5	55.5	18%	2,00E-06	96%
BAG66032.1	RNA polymerase I largest subunit [Petunia integrifolia subsp. inflata] >dbj|BAG66033.1| RNA polymerase I largest subunit [Petunia integrifolia subsp. inflata]	55.5	55.5	18%	2,00E-06	96%
BAG66028.1	RNA polymerase I largest subunit [Petunia axillaris subsp. subandina] >dbj|BAG66029.1| RNA polymerase I largest subunit [Petunia axillaris subsp. subandina]	55.5	55.5	18%	2,00E-06	96%
BAG66026.1	RNA polymerase I largest subunit [Petunia axillaris subsp. axillaris] >dbj|BAG66027.1| RNA polymerase I largest subunit [Petunia axillaris subsp. axillaris] >dbj|BAG66030.1| RNA polymerase I largest subunit [Petunia axillaris subsp. parodii] >dbj|BAG66031.1| RNA polymerase I largest subunit [Petunia axillaris subsp. parodii]	55.5	55.5	18%	2,00E-06	96%

Query ID	lcl|18949
Description	gi|13180406|gb|BG351664.1|BG351664 130E02 Mature tuber lambda ZAP Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	761
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002524267.1	DAG protein, chloroplast precursor, putative [Ricinus communis] >gb|EEF38106.1| DAG protein, chloroplast precursor, putative [Ricinus communis]	192	192	38%	3,00E-47	91%
XP_002465768.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_01g045460 [Sorghum bicolor] >gb|EER92766.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_01g045460 [Sorghum bicolor]	189	189	37%	2,00E-46	93%
NP_001149362.1	DAG protein [Zea mays] >gb|ACG35154.1| DAG protein [Zea mays]	189	189	37%	4,00E-46	92%
EAZ45317.1	hypothetical protein OsJ_29960 [Oryza sativa Japonica Group]	189	189	37%	4,00E-46	91%
NP_001063625.1	Os09g0509000 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF25539.1| Os09g0509000 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG97502.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group]	189	189	37%	4,00E-46	91%
CBI20208.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	188	188	38%	5,00E-46	90%
XP_002285388.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	188	188	38%	5,00E-46	90%
EAZ08203.1	hypothetical protein OsI_30464 [Oryza sativa Indica Group]	188	188	37%	7,00E-46	91%
NP_001062627.1	Os09g0132600 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAD22293.1| putative plastid protein [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAD34133.1| putative plastid protein [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF24541.1| Os09g0132600 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAZ43834.1| hypothetical protein OsJ_28452 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG98694.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group]	188	188	37%	7,00E-46	91%
XP_002882907.1	hypothetical protein ARALYDRAFT_478926 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH59166.1| hypothetical protein ARALYDRAFT_478926 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	186	186	38%	2,00E-45	88%
ABK26281.1	unknown [Picea sitchensis]	185	185	38%	6,00E-45	87%
XP_002316870.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE97482.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	184	184	38%	1,00E-44	87%
ABK92532.1	unknown [Populus trichocarpa]	184	184	38%	1,00E-44	87%
CAN66606.1	hypothetical protein VITISV_017553 [Vitis vinifera]	184	184	38%	1,00E-44	88%
NP_566496.1	unknown protein [Arabidopsis thaliana] >sp|Q9LKA5.1|UMP1_ARATH RecName: Full=Uncharacterized protein At3g15000, mitochondrial >gb|AAL16196.1|AF428427_1 AT3g15000/K15M2_14 [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAA97063.1| unnamed protein product [Arabidopsis thaliana] >gb|AAU94431.1| At3g15000 [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAE98564.1| hypothetical protein [Arabidopsis thaliana]	182	182	38%	5,00E-44	86%
XP_002462644.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_02g029455 [Sorghum bicolor] >gb|EER99165.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_02g029455 [Sorghum bicolor]	179	179	38%	3,00E-43	83%
XP_002894432.1	hypothetical protein ARALYDRAFT_892358 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH70691.1| hypothetical protein ARALYDRAFT_892358 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	177	177	38%	1,00E-42	84%
ADE77519.1	unknown [Picea sitchensis]	177	177	38%	1,00E-42	82%
XP_002465769.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_01g045470 [Sorghum bicolor] >gb|EER92767.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_01g045470 [Sorghum bicolor]	177	177	38%	2,00E-42	81%
AAF69548.1	F12M16.16 [Arabidopsis thaliana]	168	168	36%	8,00E-40	83%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
EAZ09699.1	hypothetical protein OsI_31983 [Oryza sativa Indica Group]	154	154	29%	9,00E-36	94%
XP_002330727.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEF09634.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	141	141	30%	8,00E-32	88%
NP_001077709.1	unknown protein [Arabidopsis thaliana]	130	130	27%	1,00E-28	82%
NP_175733.2	unknown protein [Arabidopsis thaliana] >gb|AAX55091.1| hypothetical protein At1g53260 [Arabidopsis thaliana]	130	130	27%	1,00E-28	82%
AAU44407.1	hypothetical protein AT1G53260 [Arabidopsis thaliana]	129	129	27%	4,00E-28	81%

Query ID	lcl|1459
Description	gi|53786465|gb|CV504108.1|CV504108 70624.1 Mixed Floral Solanum tuberosum cDNA clone 70624 5', mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	683
Database Name	Nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
BAJ25792.1	similar to T-phylloplanin [Nicotiana tabacum]	152	152	66%	3,00E-35	55%
BAJ25789.1	similar to T-phylloplanin [Nicotiana tabacum]	152	152	66%	3,00E-35	55%
BAJ25791.1	similar to T-phylloplanin [Nicotiana tabacum]	150	150	64%	1,00E-34	58%
BAJ25793.1	similar to T-phylloplanin [Nicotiana tabacum]	150	150	63%	2,00E-34	56%
BAJ25790.1	similar to T-phylloplanin [Nicotiana tabacum]	147	147	64%	1,00E-33	56%
Q56S59.1	RecName: Full=Phylloplanin; AltName: Full=T-phylloplanin; Flags: Precursor >gb|AAW22988.1| phylloplanin precursor [Nicotiana tabacum]	142	142	62%	5,00E-32	55%
XP_002269079.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera] >emb|CBI22995.3| unnamed protein product [Vitis vinifera]	138	138	57%	5,00E-31	59%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
BAJ25794.1	similar to T-phylloplanin [Nicotiana tabacum]	136	136	57%	2,00E-30	59%
BAJ25796.1	similar to T-phylloplanin [Nicotiana tabacum]	121	121	50%	6,00E-26	57%
BAJ25795.1	similar to T-phylloplanin [Nicotiana tabacum]	114	135	55%	7,00E-24	66%
BAB02757.1	unnamed protein product [Arabidopsis thaliana]	111	111	51%	9,00E-23	52%
NP_188288.2	unknown protein [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAC41981.1| unknown protein [Arabidopsis thaliana] >gb|AAP75801.1| At3g16660 [Arabidopsis thaliana]	111	111	51%	9,00E-23	52%
ABE03627.1	phylloplanin [Nicotiana tabacum]	102	102	39%	5,00E-20	60%
BAJ25797.1	similar to T-phylloplanin [Nicotiana tabacum]	98.6	98.6	48%	6,00E-19	51%

Query ID	lcl|20177
Description	gi|21371235|gb|BQ512366.1|BQ512366 EST619781 Generation of a set of potato cDNA clones for microarray analyses mixed potato tissues Solanum tuberosum cDNA clone STMHX91 5' end, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	646
Database Name	Nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
ABI34703.1	DnaJ-like protein isoform [Solanum phureja]	211	211	77%	5,00E-53	65%
XP_002328862.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE77629.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	209	209	72%	3,00E-52	66%
ABK95188.1	unknown [Populus trichocarpa]	207	207	72%	6,00E-52	65%
XP_002518039.1	Chaperone protein dnaJ 20, chloroplast precursor, putative [Ricinus communis] >gb|EEF44172.1| Chaperone protein dnaJ 20, chloroplast precursor, putative [Ricinus communis]	202	202	70%	3,00E-50	65%
BAF62127.1	DnaJ-like protein [Glycine max]	193	193	70%	1,00E-47	59%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002264154.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera] >emb|CAN64811.1| hypothetical protein VITISV_024996 [Vitis vinifera] >emb|CBI17284.3| unnamed protein product [Vitis vinifera]	190	190	87%	1,00E-46	53%
XP_002300151.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|ABK95463.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|EEE84956.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	189	189	70%	2,00E-46	62%
NP_228658.1	chaperone protein DnaJ [Thermotoga maritima MSB8] >sp|Q9WZV3.1|DNAJ_THEMA RecName: Full=Chaperone protein dnaJ >gb|AAD35931.1|AE001751_11 dnaJ protein [Thermotoga maritima MSB8]	75.5	75.5	31%	5,00E-12	52%
YP_308334.1	DnaJ family protein [Dehalococcoides sp. CBDB1] >ref|YP_003462944.1| chaperone DnaJ domain protein [Dehalococcoides sp. GT] >emb|CAI83418.1| DnaJ family protein [Dehalococcoides sp. CBDB1] >gb|ADC74488.1| chaperone DnaJ domain protein [Dehalococcoides sp. GT]	74.3	74.3	31%	1,00E-11	50%
YP_001214675.1	chaperone DnaJ domain-containing protein [Dehalococcoides sp. BAV1] >gb|ABQ17797.1| chaperone DnaJ domain protein [Dehalococcoides sp. BAV1]	74.3	74.3	31%	1,00E-11	50%
ZP_06303740.1	Heat shock protein DnaJ-like protein [Raphidiopsis brookii D9] >gb|EFA74310.1| Heat shock protein DnaJ-like protein [Raphidiopsis brookii D9]	72.8	72.8	31%	3,00E-11	53%
XP_001767305.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ67986.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	72.8	72.8	29%	3,00E-11	53%
YP_828676.1	chaperone DnaJ domain-containing protein [Candidatus Solibacter usitatus Ellin6076] >gb|ABJ88391.1| chaperone DnaJ domain protein [Candidatus Solibacter usitatus Ellin6076]	72.8	72.8	30%	3,00E-11	50%
YP_004102991.1	chaperone protein DnaJ [Thermaerobacter marianensis DSM 12885] >gb|ADU52264.1| chaperone protein DnaJ [Thermaerobacter marianensis DSM 12885]	72.4	72.4	31%	4,00E-11	50%
YP_002334145.1	chaperone protein DnaJ [Thermosipho africanus TCF52B] >sp|B7IFE0.1|DNAJ_THEAB RecName: Full=Chaperone protein dnaJ >gb|ACJ74804.1| chaperone protein DnaJ [Thermosipho africanus TCF52B]	72.0	72.0	31%	5,00E-11	50%
NP_622608.1	molecular chaperone [Thermoanaerobacter tengcongensis MB4] >sp|Q8RB67.1|DNAJ_THETN RecName: Full=Chaperone protein dnaJ >gb|AAM24212.1| Molecular chaperones (contain C-terminal Zn finger domain) [Thermoanaerobacter tengcongensis MB4]	72.0	72.0	31%	5,00E-11	50%
ZP_01621535.1	Heat shock protein DnaJ-like protein [Lyngbya sp. PCC 8106] >gb|EAW36519.1| Heat shock protein DnaJ-like protein [Lyngbya sp. PCC 8106]	71.6	71.6	31%	7,00E-11	52%

Query ID	lcl|36793
Description	gi|46296003|gb|CN216661.1|CN216661 30587 Suspension culture Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	667
Database Name	Nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_001763475.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >ref|XP_001771250.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >ref|XP_001779772.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >ref|XP_001780799.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >ref|XP_001783629.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ51524.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ54356.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ55456.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ63961.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ71664.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	152	255	63%	1,00E-59	100%
XP_002337575.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE77930.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	141	275	59%	3,00E-59	100%
ABR16208.1	unknown [Picea sitchensis] >gb|ABR16445.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ABR17464.1| unknown [Picea sitchensis] >gb|ACN40136.1| unknown [Picea sitchensis]	150	253	63%	5,00E-59	100%
CBI32689.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	149	252	70%	9,00E-59	100%
ABB16993.1	unknown [Solanum tuberosum]	149	252	63%	9,00E-59	100%
P46297.1	RecName: Full=40S ribosomal protein S23; AltName: Full=S12 >gb|AAA79921.1| putative 40S ribosomal protein s12 [Fragaria x ananassa]	149	252	63%	9,00E-59	100%
ACF83276.1	unknown [Zea mays] >gb|ACL53616.1| unknown [Zea mays]	142	273	59%	1,00E-58	100%
XP_002523902.1	40S ribosomal protein S23, putative [Ricinus communis] >ref|XP_002525181.1| 40S ribosomal protein S23, putative [Ricinus communis] >gb|EEF37147.1| 40S ribosomal protein S23, putative [Ricinus communis] >gb|EEF38471.1| 40S ribosomal protein S23, putative [Ricinus communis]	148	251	63%	2,00E-58	100%
ACF06519.1	40S ribosomal protein S23 [Elaeis guineensis]	148	251	63%	2,00E-58	100%
Q9M5Z9.1	RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >gb|AAF26742.1|AF220539_1 40s ribosomal protein S23 [Euphorbia esula]	148	251	63%	2,00E-58	100%
ADH84008.1	putative ribosomal S23 protein [Wolffia arrhiza]	147	251	63%	3,00E-58	100%
EEE60183.1	hypothetical protein OsJ_13124 [Oryza sativa Japonica Group]	142	271	59%	3,00E-58	98%
EAZ14059.1	hypothetical protein OsJ_03983 [Oryza sativa Japonica Group]	149	496	68%	3,00E-58	98%
CBI16256.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	147	250	64%	3,00E-58	100%
NP_001131287.1	hypothetical protein LOC100192600 [Zea mays] >ref|XP_002463634.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_01g003410 [Sorghum bicolor] >ref|XP_002458722.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_03g039010 [Sorghum bicolor] >ref|XP_002441233.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_09g022840 [Sorghum bicolor] >gb|ACF79628.1| unknown [Zea mays] >gb|ACF82890.1| unknown [Zea mays] >gb|ACF85454.1| unknown [Zea mays] >gb|ACG24871.1| 40S ribosomal protein S23 [Zea mays] >gb|ACG31194.1| 40S ribosomal protein S23 [Zea mays] >gb|ACG31648.1| 40S ribosomal protein S23 [Zea mays] >gb|ACG34489.1| 40S ribosomal protein S23 [Zea mays] >gb|ACG36181.1| 40S ribosomal protein S23 [Zea mays] >gb|ACG48307.1| 40S ribosomal protein S23 [Zea mays] >gb|ACR37180.1| unknown [Zea mays] >gb|EER90632.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_01g003410 [Sorghum bicolor] >gb|EES03842.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_03g039010 [Sorghum bicolor] >gb|EES19663.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_09g022840 [Sorghum bicolor]	147	250	63%	4,00E-58	100%
ACF06518.1	40S ribosomal protein S23 [Elaeis guineensis] >gb|ACF06555.1| 40S ribosomal protein S23 [Elaeis guineensis]	148	250	63%	5,00E-58	98%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
CAN75084.1	hypothetical protein VITISV_024242 [Vitis vinifera]	140	271	59%	5,00E-58	100%
XP_002326333.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >ref|XP_002311115.1| predicted protein [Populus trichocarpa] >ref|XP_002316341.1| predicted protein [Populus trichocarpa] >ref|XP_002323452.1| predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|ABK93759.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|ABK93919.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|ABK95615.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|EEE72003.1| predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE88482.1| predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEF02512.1| predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEF05213.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	146	249	63%	6,00E-58	100%
ACU19839.1	unknown [Glycine max]	146	249	63%	8,00E-58	100%
ACU14595.1	unknown [Glycine max]	146	249	63%	8,00E-58	100%
NP_195916.1	40S ribosomal protein S23 (RPS23B) [Arabidopsis thaliana] >ref|XP_002873070.1| 40S ribosomal protein S23 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >sp|P49201.2|RS232_ARATH RecName: Full=40S ribosomal protein S23-2; AltName: Full=S12 >emb|CAB86050.1| putative protein [Arabidopsis thaliana] >gb|AAK64160.1| unknown protein [Arabidopsis thaliana] >gb|AAK96523.1| AT5g02960/F9G14_270 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM44979.1| unknown protein [Arabidopsis thaliana] >gb|EFH49329.1| 40S ribosomal protein S23 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	146	249	63%	8,00E-58	100%
CBI31516.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	145	249	65%	1,00E-57	100%
NP_001044720.1	Os01g0834500 [Oryza sativa Japonica Group] >ref|NP_001051708.1| Os03g0818400 [Oryza sativa Japonica Group] >ref|NP_001172637.1| Os01g0834601 [Oryza sativa Japonica Group] >pdb|3IZ6|L Chain L, Localization Of The Small Subunit Ribosomal Proteins Into A 5.5 A Cryo-Em Map Of Triticum Aestivum Translating 80s Ribosome >dbj|BAB92932.1| putative 40s ribosomal protein S23 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAB92933.1| putative 40s ribosomal protein S23 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAC02683.1| putative 40s ribosomal protein S23 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAC02684.1| putative 40s ribosomal protein S23 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|AAO60034.1| 40S ribosomal protein S23 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|AAO65856.1| 40S ribosomal protein S23 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|ABF99566.1| 40S ribosomal protein S23, putative, expressed [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF06634.1| Os01g0834500 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF13622.1| Os03g0818400 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAY76400.1| hypothetical protein OsI_04329 [Oryza sativa Indica Group] >gb|EAY92355.1| hypothetical protein OsI_14082 [Oryza sativa Indica Group] >dbj|BAG91414.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG95665.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAH91367.1| Os01g0834601 [Oryza sativa Japonica Group]	147	249	63%	1,00E-57	98%
XP_002279025.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	145	248	63%	1,00E-57	100%
XP_002284863.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera] >ref|XP_002278466.1| PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	144	248	63%	2,00E-57	100%
ACU14057.1	unknown [Glycine max]	146	247	63%	4,00E-57	98%
XP_002968022.1	hypothetical protein SELMODRAFT_145246 [Selaginella moellendorffii] >ref|XP_002992424.1| hypothetical protein SELMODRAFT_162320 [Selaginella moellendorffii] >gb|EFJ06574.1| hypothetical protein SELMODRAFT_162320 [Selaginella moellendorffii] >gb|EFJ31369.1| hypothetical protein SELMODRAFT_145246 [Selaginella moellendorffii]	144	247	63%	4,00E-57	100%
ACG32843.1	40S ribosomal protein S23 [Zea mays]	144	247	63%	4,00E-57	100%
ACJ84161.1	unknown [Medicago truncatula]	144	247	63%	4,00E-57	100%
ADJ67168.1	ribosomal protein S23 [Jatropha curcas]	148	246	62%	5,00E-57	97%
ACG36826.1	40S ribosomal protein S23 [Zea mays]	142	246	53%	8,00E-57	100%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
ACJ83931.1	unknown [Medicago truncatula]	144	244	63%	2,00E-56	98%
EFN56456.1	hypothetical protein CHLNCDRAFT_59661 [Chlorella variabilis]	146	242	63%	9,00E-56	90%
NP_566351.1	40S ribosomal protein S23 (RPS23A) [Arabidopsis thaliana] >sp|Q9SF35.2|RS231_ARATH RecName: Full=40S ribosomal protein S23-1; AltName: Full=S12 >gb|AAM61055.1| putative 40S ribosomal protein S23 [Arabidopsis thaliana] >gb|ABF58920.1| At3g09680 [Arabidopsis thaliana]	137	241	63%	3,00E-55	100%
XP_001690993.1	ribosomal protein S23, component of cytosolic 80S ribosome and 40S small subunit [Chlamydomonas reinhardtii] >ref|XP_002947991.1| hypothetical protein VOLCADRAFT_79846 [Volvox carteri f. nagariensis] >gb|EDP05439.1| ribosomal protein S23 [Chlamydomonas reinhardtii] >gb|EFJ50979.1| hypothetical protein VOLCADRAFT_79846 [Volvox carteri f. nagariensis]	142	240	63%	3,00E-55	94%
XP_002884746.1	40S ribosomal protein S23 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH61005.1| 40S ribosomal protein S23 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	135	238	63%	2,00E-54	100%
AAF23298.1	putative 40S ribosomal protein S23 [Arabidopsis thaliana]	134	237	53%	4,00E-54	100%
XP_001418209.1	Ribosomal protein S23, component of cytosolic 80S ribosome and 40S small subunit [Ostreococcus lucimarinus CCE9901] >ref|XP_003079816.1| 40S ribosomal protein S23 (ISS) [Ostreococcus tauri] >emb|CAL53462.1| 40S ribosomal protein S23 (ISS) [Ostreococcus tauri] >gb|ABO96502.1| Ribosomal protein S23, component of cytosolic 80S ribosome and 40S small subunit [Ostreococcus lucimarinus CCE9901]	134	227	63%	3,00E-51	88%
XP_003062147.1	predicted protein [Micromonas pusilla CCMP1545] >gb|EEH53859.1| predicted protein [Micromonas pusilla CCMP1545]	132	227	63%	4,00E-51	86%
XP_002499765.1	predicted protein [Micromonas sp. RCC299] >gb|ACO61023.1| predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	130	225	63%	1,00E-50	86%
ABW90428.1	putative ribosomal protein S23 [Barentsia elongata]	124	244	58%	6,00E-50	90%
ABW23151.1	ribosomal protein rps23 [Arenicola marina]	121	244	58%	6,00E-50	90%
Q9GRJ3.1	RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >emb|CAC14789.1| 40S ribosomal protein S23 [Lumbricus rubellus]	121	243	58%	9,00E-50	86%
XP_002433088.1	40S ribosomal protein S23, putative [Pediculus humanus corporis] >ref|XP_002433090.1| 40S ribosomal protein S23, putative [Pediculus humanus corporis] >gb|EEB20350.1| 40S ribosomal protein S23, putative [Pediculus humanus corporis] >gb|EEB20352.1| 40S ribosomal protein S23, putative [Pediculus humanus corporis]	124	221	63%	3,00E-49	90%
XP_001656190.1	ribosomal protein S12, putative [Aedes aegypti] >ref|XP_001842887.1| 40S ribosomal protein S23 [Culex quinquefasciatus] >gb|AAV90712.1| ribosomal protein S23 [Aedes albopictus] >gb|ABF18102.1| 40S ribosomal protein S23 [Aedes aegypti] >gb|EAT35120.1| ribosomal protein S12, putative [Aedes aegypti] >gb|EDS28730.1| 40S ribosomal protein S23 [Culex quinquefasciatus] >gb|ACF72879.1| ribosomal protein S23 [Ochlerotatus taeniorhynchus] >gb|ACU30861.1| 40S ribosomal protein S23 [Ochlerotatus triseriatus] >gb|EFR22651.1| hypothetical protein AND_28981 [Anopheles darlingi]	123	220	53%	3,00E-49	90%
Q86FP7.1	RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >gb|AAP04351.1| 40S ribosomal protein S23 [Dermacentor variabilis]	120	241	58%	3,00E-49	90%
NP_001156067.1	hypothetical protein LOC100159449 [Acyrthosiphon pisum] >dbj|BAH72869.1| ACYPI000819 [Acyrthosiphon pisum]	123	220	63%	4,00E-49	90%
ABG81976.1	putative ribosomal protein S23e [Diaphorina citri]	122	219	63%	6,00E-49	90%
ABD98760.1	putative ribosomal protein S23e [Graphocephala atropunctata]	122	219	63%	6,00E-49	90%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
ABM55585.1	putative ribosomal protein S23e [Maconellicoccus hirsutus]	122	240	59%	8,00E-49	90%
XP_973351.1	PREDICTED: similar to S23e ribosomal protein [Tribolium castaneum] >emb|CAH04342.1| S23e ribosomal protein [Carabus granulatus] >emb|CAJ01862.1| ribosomal protein S23e [Sphaerius sp. APV-2005] >emb|CAJ17218.1| ribosomal protein S23e [Georissus sp. APV-2005] >gb|EEZ98852.1| hypothetical protein TcasGA2_TC004462 [Tribolium castaneum]	124	219	63%	1,00E-48	88%
ACY66586.1	putative ribosomal protein S23e [Scylla paramamosain]	122	219	63%	1,00E-48	88%
XP_001631263.1	predicted protein [Nematostella vectensis] >ref|XP_001641794.1| predicted protein [Nematostella vectensis] >gb|EDO39200.1| predicted protein [Nematostella vectensis] >gb|EDO49731.1| predicted protein [Nematostella vectensis]	117	239	58%	1,00E-48	90%
CAJ01861.1	ribosomal protein S23e [Meladema coriacea]	122	239	59%	1,00E-48	88%
ACY71268.1	ribosomal protein S23 [Chrysomela tremulae]	123	218	63%	2,00E-48	88%
ABI52808.1	40S ribosomal protein S23 [Argas monolakensis] >gb|ABR23465.1| 40S ribosomal protein S23 [Ornithodoros parkeri]	120	239	58%	2,00E-48	88%
AAX62402.1	ribosomal protein S23 [Lysiphlebus testaceipes]	118	239	58%	2,00E-48	90%
CAH04343.1	S23e ribosomal protein [Biphyllus lunatus]	122	217	63%	2,00E-48	88%
ABY62742.1	ribosomal protein S23e [Artemia franciscana]	120	238	58%	2,00E-48	90%
XP_002606537.1	hypothetical protein BRAFLDRAFT_130085 [Branchiostoma floridae] >gb|AAN86978.1| ribosomal protein S23 [Branchiostoma belcheri tsingtauense] >gb|EEN62547.1| hypothetical protein BRAFLDRAFT_130085 [Branchiostoma floridae]	117	238	58%	2,00E-48	88%
Q6EV23.1	RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >sp|Q962Q7.1|RS23_SPOFR RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >gb|AAK92191.1|AF400219_1 ribosomal protein S23 [Spodoptera frugiperda] >emb|CAH04127.1| ribsomal protein S23e [Papilio dardanus] >gb|ADT80660.1| ribosomal protein S23 [Euphydryas aurinia]	122	217	63%	3,00E-48	88%
AAX47435.1	40S ribosomal protein S23 [Crassostrea gigas]	122	217	63%	3,00E-48	86%
EFX84739.1	hypothetical protein DAPPUDRAFT_230600 [Daphnia pulex]	121	217	63%	4,00E-48	88%
EFN74123.1	40S ribosomal protein S23 [Camponotus floridanus] >gb|EFN83082.1| 40S ribosomal protein S23 [Harpegnathos saltator] >gb|EFN83098.1| 40S ribosomal protein S23 [Harpegnathos saltator]	122	216	63%	5,00E-48	90%
ACD65149.1	putative 40S ribosomal protein RPS23 [Phoronis muelleri]	118	237	58%	5,00E-48	88%
XP_002108915.1	40S ribosomal protein S23 [Trichoplax adhaerens] >gb|EDV29713.1| 40S ribosomal protein S23 [Trichoplax adhaerens]	114	237	58%	5,00E-48	88%
ACI30052.1	40S ribosomal protein S23 [Anopheles darlingi]	123	216	53%	6,00E-48	86%
NP_001037273.1	ribosomal protein S23 [Bombyx mori] >gb|AAU11821.1| ribosomal protein S23 [Bombyx mori] >gb|AAV34880.1| ribosomal protein S23 [Bombyx mori]	121	216	63%	6,00E-48	88%
XP_001900836.1	40S ribosomal protein S23 [Brugia malayi] >ref|XP_003137179.1| ribosomal protein S23 [Loa loa] >ref|XP_003145383.1| ribosomal protein S23 [Loa loa] >gb|ABC58767.1| ribosomal protein S23 [Brugia malayi] >gb|EDP30307.1| 40S ribosomal protein S23, putative [Brugia malayi] >gb|EFO18689.1| ribosomal protein S23 [Loa loa] >gb|EFO26898.1| ribosomal protein S23 [Loa loa]	120	237	58%	6,00E-48	82%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
AAR10268.1	similar to Drosophila melanogaster CG8415 [Drosophila yakuba]	119	216	63%	8,00E-48	90%
AAV91403.1	ribosomal protein 5 [Lonomia obliqua] >gb|ACY95346.1| ribosomal protein S23 [Manduca sexta]	120	216	63%	8,00E-48	88%
CAJ01860.1	ribosomal protein S23e [Hister sp. APV-2005]	120	216	63%	8,00E-48	88%
NP_610939.2	ribosomal protein S23 [Drosophila melanogaster] >ref|XP_001361764.1| GA21060 [Drosophila pseudoobscura pseudoobscura] >ref|XP_001959478.1| GF12897 [Drosophila ananassae] >ref|XP_001975664.1| GG22436 [Drosophila erecta] >ref|XP_001987305.1| GH20043 [Drosophila grimshawi] >ref|XP_002005403.1| GI20452 [Drosophila mojavensis] >ref|XP_002017629.1| GL17287 [Drosophila persimilis] >ref|XP_002033811.1| GM20223 [Drosophila sechellia] >ref|XP_002050700.1| GJ22302 [Drosophila virilis] >ref|XP_002063110.1| GK21747 [Drosophila willistoni] >ref|XP_002091277.1| GE12328 [Drosophila yakuba] >ref|XP_002081467.1| GD25696 [Drosophila simulans] >sp|Q8T3U2.1|RS23_DROME RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >gb|AAL90261.1| GM14585p [Drosophila melanogaster] >gb|AAF58277.2| ribosomal protein S23 [Drosophila melanogaster] >gb|EAL26343.1| GA21060 [Drosophila pseudoobscura pseudoobscura] >gb|EDV36300.1| GF12897 [Drosophila ananassae] >gb|EDV56064.1| GG22436 [Drosophila erecta] >gb|EDW02172.1| GH20043 [Drosophila grimshawi] >gb|EDW09338.1| GI20452 [Drosophila mojavensis] >gb|EDW35468.1| GL17287 [Drosophila persimilis] >gb|EDW47824.1| GM20223 [Drosophila sechellia] >gb|EDW61893.1| GJ22302 [Drosophila virilis] >gb|EDW74096.1| GK21747 [Drosophila willistoni] >gb|EDW90989.1| GE12328 [Drosophila yakuba] >gb|EDX07052.1| GD25696 [Drosophila simulans] >gb|ACL84824.1| RpS23-PA [synthetic construct] >gb|ACL89763.1| RpS23-PA [synthetic construct]	119	216	63%	8,00E-48	90%
XP_624651.2	PREDICTED: similar to Ribosomal protein S23 CG8415-PA [Apis mellifera]	121	236	58%	8,00E-48	90%
ACN10021.1	40S ribosomal protein S23 [Salmo salar] >gb|ACN12368.1| 40S ribosomal protein S23 [Salmo salar]	117	236	58%	1,00E-47	86%
XP_001600581.1	PREDICTED: similar to S23e ribosomal protein [Nasonia vitripennis]	120	236	58%	1,00E-47	90%
P90707.1	RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >gb|AAC47632.1| ribosomal protein S23 [Brugia malayi]	119	236	58%	1,00E-47	82%
NP_001133209.1	ribosomal protein S23-1 [Salmo salar] >dbj|BAF37942.1| Similar to ribosomal protein S23 [Oncorhynchus mykiss] >gb|ACH70999.1| ribosomal protein S23-1 [Salmo salar] >gb|ACH71000.1| ribosomal protein S23-2 [Salmo salar] >gb|ACI69612.1| 40S ribosomal protein S23 [Salmo salar] >gb|ACI69871.1| 40S ribosomal protein S23 [Salmo salar] >gb|ACN10013.1| 40S ribosomal protein S23 [Salmo salar] >gb|ACN12360.1| 40S ribosomal protein S23 [Salmo salar] >gb|ACO11726.1| 40S ribosomal protein S23 [Caligus rogercresseyi] >gb|ACO13670.1| 40S ribosomal protein S23 [Esox lucius] >gb|ACO14099.1| 40S ribosomal protein S23 [Esox lucius] >gb|ACQ57959.1| 40S ribosomal protein S23 [Anoplopoma fimbria]	117	236	58%	1,00E-47	86%
AAR09841.1	similar to Drosophila melanogaster CG8415 [Drosophila yakuba]	118	236	59%	1,00E-47	90%
XP_002165399.1	PREDICTED: similar to ribosomal protein S23 [Hydra magnipapillata] >ref|XP_002163702.1| PREDICTED: similar to ribosomal protein S23 [Hydra magnipapillata]	115	236	58%	1,00E-47	86%
XP_002412862.1	40S ribosomal protein S23, putative [Ixodes scapularis] >gb|EEC16158.1| 40S ribosomal protein S23, putative [Ixodes scapularis]	120	236	58%	1,00E-47	89%
XP_424903.2	PREDICTED: similar to yeast ribosomal protein S28 homologue [Gallus gallus]	117	235	58%	2,00E-47	86%
XP_001369461.1	PREDICTED: hypothetical protein [Monodelphis domestica]	117	235	58%	2,00E-47	86%
XP_001369433.1	PREDICTED: similar to yeast ribosomal protein S28 homologue [Monodelphis domestica]	117	235	58%	2,00E-47	86%
EFB25891.1	hypothetical protein PANDA_004337 [Ailuropoda melanoleuca]	117	235	58%	2,00E-47	86%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
EDL00975.1	mCG113987 [Mus musculus]	117	235	58%	2,00E-47	86%
BAB27102.1	unnamed protein product [Mus musculus]	117	235	58%	2,00E-47	86%
XP_001251998.1	PREDICTED: ribosomal protein S23-like isoform 1 [Bos taurus] >ref|XP_001790061.1| PREDICTED: ribosomal protein S23-like isoform 1 [Bos taurus] >ref|XP_002691398.1| PREDICTED: ribosomal protein S23-like [Bos taurus] >gb|DAA24622.1| ribosomal protein S23-like [Bos taurus]	117	235	58%	2,00E-47	86%
NP_001016.1	40S ribosomal protein S23 [Homo sapiens] >ref|NP_077137.1| 40S ribosomal protein S23 [Mus musculus] >ref|NP_511172.1| 40S ribosomal protein S23 [Rattus norvegicus] >ref|NP_001029862.1| 40S ribosomal protein S23 [Bos taurus] >ref|NP_001094078.1| predicted gene 15450 [Mus musculus] >ref|NP_001180509.1| 40S ribosomal protein S23 [Macaca mulatta] >ref|XP_517668.1| PREDICTED: similar to yeast ribosomal protein S28 homologue isoform 2 [Pan troglodytes] >ref|XP_536303.1| PREDICTED: similar to ribosomal protein S23 isoform 1 [Canis familiaris] >ref|XP_001511270.1| PREDICTED: similar to yeast ribosomal protein S28 homologue [Ornithorhynchus anatinus] >ref|XP_001504690.1| PREDICTED: similar to ribosomal protein S23 [Equus caballus] >ref|XP_002190993.1| PREDICTED: putative ribosomal protein S23 [Taeniopygia guttata] >ref|XP_002713980.1| PREDICTED: ribosomal protein S23-like [Oryctolagus cuniculus] >ref|XP_002744843.1| PREDICTED: 40S ribosomal protein S23-like [Callithrix jacchus] >ref|XP_002815760.1| PREDICTED: 40S ribosomal protein S23-like [Pongo abelii] >ref|XP_002916271.1| PREDICTED: 40S ribosomal protein S23-like [Ailuropoda melanoleuca] >sp|P62268.3|RS23_RAT RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >sp|P62266.3|RS23_HUMAN RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >sp|P62267.3|RS23_MOUSE RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >sp|P62298.1|RS23_CHILA RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >sp|Q3T199.1|RS23_BOVIN RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >pdb|2ZKQ|LL Chain l, Structure Of A Mammalian Ribosomal 40s Subunit Within An 80s Complex Obtained By Docking Homology Models Of The Rna And Proteins Into An 8.7 A Cryo-Em Map >dbj|BAA03400.1| yeast ribosomal protein S28 homologue [Homo sapiens] >emb|CAA54584.1| ribosomal protein S23 [Rattus norvegicus] >gb|AAH02145.1| Ribosomal protein S23 [Mus musculus] >dbj|BAB22198.1| unnamed protein product [Mus musculus] >dbj|BAB27050.1| unnamed protein product [Mus musculus] >dbj|BAB27058.1| unnamed protein product [Mus musculus] >dbj|BAB28238.1| unnamed protein product [Mus musculus] >dbj|BAB28969.1| unnamed protein product [Mus musculus] >dbj|BAC34329.1| unnamed protein product [Mus musculus] >dbj|BAC40136.1| unnamed protein product [Mus musculus] >gb|AAH54435.1| Ribosomal protein S23 [Mus musculus] >gb|AAH58134.1| Ribosomal protein S23 [Rattus norvegicus] >gb|AAS59430.1| ribosomal protein S23 [Chinchilla lanigera] >gb|AAH70221.1| Ribosomal protein S23 [Homo sapiens] >emb|CAG33277.1| RPS23 [Homo sapiens] >gb|AAH78418.1| Ribosomal protein S23 [Mus musculus] >dbj|BAE39173.1| unnamed protein product [Mus musculus] >dbj|BAE40456.1| unnamed protein product [Mus musculus] >gb|AAI02050.1| Ribosomal protein S23 [Bos taurus] >gb|EAW95887.1| ribosomal protein S23, isoform CRA_a [Homo sapiens] >gb|EAW95888.1| ribosomal protein S23, isoform CRA_a [Homo sapiens] >gb|EDL35122.1| mCG124496 [Mus musculus] >gb|EDM09997.1| rCG44462 [Rattus norvegicus] >dbj|BAF83821.1| unnamed protein product [Homo sapiens] >dbj|BAG34715.1| unnamed protein product [Homo sapiens] >gb|ACH44467.1| putative ribosomal protein S23 [Taeniopygia guttata] >gb|ACH46349.1| putative ribosomal protein S23 [Taeniopygia guttata] >gb|DAA27182.1| 40S ribosomal protein S23 [Bos taurus]	117	235	58%	2,00E-47	86%
XP_002578620.1	30S ribosomal protein S12 [Schistosoma mansoni] >emb|CAZ34858.1| 30S ribosomal protein S12 family member, putative [Schistosoma mansoni]	121	235	59%	2,00E-47	78%
NP_502365.1	Ribosomal Protein, Small subunit family member (rps-23) [Caenorhabditis elegans] >ref|XP_002633652.1| C. briggsae CBR-RPS-23 protein [Caenorhabditis briggsae] >ref|XP_003089194.1| hypothetical protein CRE_18329 [Caenorhabditis remanei] >ref|XP_003100735.1| CRE-RPS-23 protein [Caenorhabditis remanei] >sp|Q19877.1|RS23_CAEEL RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >emb|CAA94601.1| C. elegans protein F28D1.7, confirmed by transcript evidence [Caenorhabditis elegans] >emb|CAP24236.1| CBR-RPS-23 protein [Caenorhabditis briggsae AF16] >gb|EFO86464.1| hypothetical protein CRE_18329 [Caenorhabditis remanei] >gb|EFP08500.1| CRE-RPS-23 protein [Caenorhabditis remanei]	121	235	58%	2,00E-47	82%
ABJ98616.1	40S ribosomal protein S23 [Psetta maxima]	118	235	58%	2,00E-47	84%
NP_001103591.1	40S ribosomal protein S23 [Danio rerio] >gb|AAT45256.1| 40S ribosomal protein S24-like protein [Sparus aurata] >dbj|BAF45911.1| ribosomal protein S23 [Solea senegalensis] >gb|AAI53999.1| Zgc:171710 protein [Danio rerio] >gb|AAI71649.1| Zgc:171710 [Danio rerio] >gb|AAI71653.1| Zgc:171710 [Danio rerio] >gb|ACO08900.1| 40S ribosomal protein S23 [Osmerus mordax] >gb|ACQ99325.1| 40S ribosomal protein S23 [Perca flavescens]	117	235	58%	2,00E-47	86%
CAG10754.1	unnamed protein product [Tetraodon nigroviridis]	117	235	58%	2,00E-47	86%
CBN80657.1	40S ribosomal protein S23 [Dicentrarchus labrax]	117	235	58%	2,00E-47	86%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
ADG29194.1	40S ribosomal protein S23 [Epinephelus coioides]	117	235	58%	2,00E-47	86%
XP_001611232.1	40S ribosomal protein S12P [Babesia bovis T2Bo] >gb|EDO07664.1| 40S ribosomal protein S12P, putative [Babesia bovis]	114	234	59%	3,00E-47	86%
NP_001187084.1	40S ribosomal protein S23 [Ictalurus punctatus] >sp|Q90YQ1.1|RS23_ICTPU RecName: Full=40S ribosomal protein S23 >gb|AAK95205.1|AF402831_1 40S ribosomal protein S23 [Ictalurus punctatus]	117	234	58%	3,00E-47	86%
XP_002367901.1	ribosomal protein S23, putative [Toxoplasma gondii ME49] >gb|EEB00761.1| ribosomal protein S23, putative [Toxoplasma gondii ME49] >gb|EEE27064.1| ribosomal protein S23, putative [Toxoplasma gondii GT1] >gb|EEE34908.1| ribosomal protein S23, putative [Toxoplasma gondii VEG]	118	214	53%	3,00E-47	88%
ABX44795.1	putative 40S ribosomal protein RPS23 [Flustra foliacea]	122	234	58%	4,00E-47	82%

APÉNDICE F

Principales Resultados (Blast Hits) de las Secuencias Amplificadas Polimórficas

Principales Resultados (Blast Hits) de las Secuencias Amplificadas Polimórficas

Query ID	lcl|64465
Description	gi|39800363|gb|CK249342.1|CK249342 EST732979 potato callus cDNA library, normalized and full-length Solanum tuberosum cDNA clone POCB771 3' end, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	612
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002322713.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEF04474.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	251	251	64%	4,00E-65	90%
XP_002308954.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|ABK94437.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|EEE92477.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	251	251	64%	4,00E-65	90%
ADN33986.1	40S ribosomal protein s2 [Cucumis melo subsp. melo]	248	248	64%	5,00E-64	90%
XP_002513493.1	40S ribosomal protein S2, putative [Ricinus communis] >gb|EEF48896.1| 40S ribosomal protein S2, putative [Ricinus communis]	247	247	63%	8,00E-64	90%
XP_002513481.1	40S ribosomal protein S2, putative [Ricinus communis] >gb|EEF48884.1| 40S ribosomal protein S2, putative [Ricinus communis]	247	247	63%	8,00E-64	90%
EEE60147.1	hypothetical protein OsJ_13042 [Oryza sativa Japonica Group]	244	244	64%	4,00E-63	87%
NP_001051645.1	Os03g0807800 [Oryza sativa Japonica Group] >pdb|3IZ6|E Chain E, Localization Of The Small Subunit Ribosomal Proteins Into A 5.5 A Cryo-Em Map Of Triticum Aestivum Translating 80s Ribosome >gb|AAP21434.1| putative 40S ribosomal protein S2 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|ABF99457.1| 40S ribosomal protein S2, putative, expressed [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF13559.1| Os03g0807800 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAY92273.1| hypothetical protein OsI_13996 [Oryza sativa Indica Group] >dbj|BAG89307.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group]	244	244	64%	4,00E-63	87%
XP_002974537.1	hypothetical protein SELMODRAFT_149893 [Selaginella moellendorffii] >gb|EFJ24057.1| hypothetical protein SELMODRAFT_149893 [Selaginella moellendorffii]	244	244	63%	5,00E-63	90%
XP_002298397.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE83202.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	244	244	64%	5,00E-63	88%
NP_001059158.1	Os07g0207400 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF21072.1| Os07g0207400 [Oryza sativa Japonica Group]	244	244	63%	5,00E-63	89%
BAC83243.1	putative 40S ribosomal protein S2 [Oryza sativa Japonica Group]	244	244	63%	5,00E-63	89%
ABK23357.1	unknown [Picea sitchensis]	243	243	64%	9,00E-63	89%
ABK21813.1	unknown [Picea sitchensis] >gb|ACN40117.1| unknown [Picea sitchensis]	243	243	64%	9,00E-63	89%
XP_002283793.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera] >emb|CAN79008.1| hypothetical protein VITISV_042472 [Vitis vinifera]	243	243	63%	9,00E-63	89%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
CAC27136.1	40S ribosomal protein S2 [Picea abies]	243	243	64%	9,00E-63	89%
ABK25823.1	unknown [Picea sitchensis]	243	243	64%	1,00E-62	88%
XP_002886684.1	hypothetical protein ARALYDRAFT_475376 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH62943.1| hypothetical protein ARALYDRAFT_475376 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	241	241	63%	4,00E-62	88%
XP_002881803.1	40S ribosomal protein S2 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH58062.1| 40S ribosomal protein S2 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	239	239	61%	1,00E-61	90%
NP_001150344.1	LOC100283974 [Zea mays] >gb|ACG38751.1| 40S ribosomal protein S2 [Zea mays]	239	239	64%	2,00E-61	84%
XP_001753770.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ81522.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	239	239	61%	2,00E-61	90%
XP_001780194.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ54953.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	239	239	61%	2,00E-61	90%
XP_001784315.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ50877.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	239	239	61%	2,00E-61	90%
XP_001784592.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ50611.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	239	239	61%	2,00E-61	90%
XP_002459531.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_02g006200 [Sorghum bicolor] >gb|EER96052.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_02g006200 [Sorghum bicolor]	239	239	64%	2,00E-61	84%
NP_001169209.1	hypothetical protein LOC100383062 [Zea mays] >gb|ACN31951.1| unknown [Zea mays]	238	238	64%	5,00E-61	83%
XP_002963234.1	hypothetical protein SELMODRAFT_67484 [Selaginella moellendorffii] >gb|EFJ35105.1| hypothetical protein SELMODRAFT_67484 [Selaginella moellendorffii]	237	237	60%	6,00E-61	91%
ACN37050.1	unknown [Zea mays]	236	236	64%	1,00E-60	83%
AAM62944.1	40S ribosomal protein S2 [Arabidopsis thaliana]	235	235	61%	2,00E-60	88%
NP_181715.1	40S ribosomal protein S2 (RPS2C) [Arabidopsis thaliana] >sp|P49688.2|RS23_ARATH RecName: Full=40S ribosomal protein S2-3 >gb|AAC02764.1| 40S ribosomal protein S2 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAK82512.1| At2g41840/T11A7.6 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM91391.1| At2g41840/T11A7.6 [Arabidopsis thaliana]	235	235	61%	2,00E-60	88%
XP_002878157.1	40S ribosomal protein S2 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH54416.1| 40S ribosomal protein S2 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	235	235	61%	3,00E-60	88%
NP_191308.1	40S ribosomal protein S2 (RPS2D) [Arabidopsis thaliana] >sp|Q9SCM3.1|RS24_ARATH RecName: Full=40S ribosomal protein S2-4 >emb|CAB66106.1| 40S ribosomal protein S2 homolog [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM60846.1| 40S ribosomal protein S2 homolog [Arabidopsis thaliana] >gb|AAP12849.1| At3g57490 [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAF00015.1| 40S ribosomal protein S2 homolog [Arabidopsis thaliana]	234	234	61%	4,00E-60	88%
XP_002466245.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_01g004260 [Sorghum bicolor] >gb|EER93243.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_01g004260 [Sorghum bicolor]	234	234	64%	5,00E-60	82%
XP_002466244.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_01g004250 [Sorghum bicolor] >gb|EER93242.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_01g004250 [Sorghum bicolor]	234	234	64%	5,00E-60	82%
ABB03723.1	putative ribosomal protein [Sorghum bicolor]	234	234	64%	5,00E-60	82%
AAM67061.1	ribosomal protein S2, putative [Arabidopsis thaliana]	234	234	63%	5,00E-60	85%
BAA88264.1	RF12 [Arabidopsis thaliana]	234	234	63%	5,00E-60	85%
NP_176134.1	XW6; structural constituent of ribosome [Arabidopsis thaliana] >sp|Q8L8Y0.2|RS21_ARATH RecName: Full=40S ribosomal protein S2-1 >gb|AAG50639.1|AC082643_3 ribosomal protein S2, putative [Arabidopsis thaliana] >gb|AAK62403.1|AF386958_1 ribosomal protein S2, putative [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAA88263.1| XW6 [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAB83870.1| ribosomal protein S2 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAL66943.1| ribosomal protein S2, putative [Arabidopsis thaliana]	234	234	63%	5,00E-60	85%
AAM53281.1	ribosomal protein S2, putative [Arabidopsis thaliana]	232	232	63%	3,00E-59	84%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
NP_564737.1	40S ribosomal protein S2, putative [Arabidopsis thaliana] >ref|NP_564740.1| 40S ribosomal protein S2 (RPS2B) [Arabidopsis thaliana] >ref|NP_683443.1| 40S ribosomal protein S2, putative [Arabidopsis thaliana] >sp|Q93VB8.1|RS22_ARATH RecName: Full=40S ribosomal protein S2-2 >gb|AAK62780.1|AC027036_1 ribosomal protein S2, putative [Arabidopsis thaliana] >gb|AAK62784.1|AC027036_5 ribosomal protein S2, putative [Arabidopsis thaliana] >gb|AAL57668.1| At1g59359/T4M14_3 [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAB82426.1| ribosomal protein S2 [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAB84012.1| ribosomal protein S2 [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAB84016.1| ribosomal protein S2 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM91489.1| At1g59359/T4M14_3 [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAD94842.1| ribosomal protein S2 [Arabidopsis thaliana] >gb|ABF82630.1| At1g59359 [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAG68918.1| 40S ribosomal protein S2 [Arabidopsis thaliana]	234	234	63%	5,00E-60	85%

Query ID	lcl|32685
Description	gi|21364002|gb|BQ505133.1|BQ505133 EST612548 Generation of a set of potato cDNA clones for microarray analyses mixed potato tissues Solanum tuberosum cDNA clone STMGC13 5' end, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	565
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002580414.1	hypothetical protein [Schistosoma mansoni] >emb|CAZ36653.1| expressed protein [Schistosoma mansoni]	37.0	37.0	14%	1.3	50%
AAX25604.2	SJCHGC09113 protein [Schistosoma japonicum]	35.0	35.0	14%	5.0	46%

Query ID	lcl|63093
Description	gi|17069828|gb|BM109155.1|BM109155 EST556691 potato roots Solanum tuberosum cDNA clone cPRO3I20 5' end, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	808
Database Name	Nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002515322.1	Aminotransferase ybdL, putative [Ricinus communis] >gb|EEF47306.1| Aminotransferase ybdL, putative [Ricinus communis]	269	269	60%	4,00E-70	76%
XP_002320988.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE99303.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	268	268	60%	6,00E-70	75%
XP_002464468.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_01g018970 [Sorghum bicolor] >gb|EER91466.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_01g018970 [Sorghum bicolor]	240	240	60%	1,00E-61	70%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
ABK25321.1	unknown [Picea sitchensis]	240	240	60%	1,00E-61	69%
EAY78972.1	hypothetical protein OsI_34080 [Oryza sativa Indica Group]	238	238	60%	9,00E-61	69%
NP_001064890.1	Os10g0484700 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|AAP54338.2| aminotransferase, classes I and II family protein, expressed [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF26804.1| Os10g0484700 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAZ16468.1| hypothetical protein OsJ_31938 [Oryza sativa Japonica Group]	237	237	60%	1,00E-60	69%
AAL59039.1	putative aminotransferase [Oryza sativa Japonica Group]	237	237	60%	1,00E-60	69%
ACN25777.1	unknown [Zea mays]	231	231	60%	8,00E-59	67%
ACL54782.1	unknown [Zea mays]	231	231	60%	8,00E-59	67%
NP_001150331.1	LOC100283961 [Zea mays] >gb|ACG38673.1| kynurenine--oxoglutarate transaminase 1 [Zea mays]	230	230	60%	2,00E-58	67%
XP_001754699.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ80669.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	206	206	55%	4,00E-51	62%

Query ID	lcl|4187
Description	gi|13180582|gb|BG351840.1|BG351840 133G08 Mature tuber lambda ZAP Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	717
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
AAF28382.1	DnaJ-like protein [Solanum lycopersicum]	292	292	87%	2,00E-77	98%
AAD12055.1	DnaJ protein [Hevea brasiliensis]	281	281	87%	5,00E-74	87%
XP_002263156.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera] >emb|CBI24994.3| unnamed protein product [Vitis vinifera]	279	279	87%	3,00E-73	91%
NP_001051497.1	Os03g0787300 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|AAT75262.1| putative DnaJ like protein [Oryza sativa Japonica Group] >gb|ABF99246.1| DnaJ protein, putative, expressed [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF13411.1| Os03g0787300 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAZ28837.1| hypothetical protein OsJ_12871 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG87697.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG96593.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group]	278	278	87%	6,00E-73	87%
CAA63965.1	DnaJ protein [Solanum tuberosum]	277	277	87%	1,00E-72	91%
ABB16989.1	DnaJ-like protein [Solanum tuberosum]	276	276	87%	2,00E-72	91%
ABB16980.1	DnaJ-like protein [Solanum tuberosum]	276	276	87%	2,00E-72	91%
ABA46776.1	DnaJ-like protein [Solanum tuberosum]	276	276	87%	2,00E-72	91%
EAY92107.1	hypothetical protein OsI_13813 [Oryza sativa Indica Group]	275	275	87%	3,00E-72	87%
ABX57881.1	DnaJ [Viola baoshanensis]	275	275	87%	5,00E-72	90%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002514419.1	Chaperone protein dnaJ, putative [Ricinus communis] >gb|ABH06547.1| molecular chaperone [Ricinus communis] >gb|EEF47915.1| Chaperone protein dnaJ, putative [Ricinus communis]	275	275	87%	5,00E-72	91%
CBI28261.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	274	274	87%	7,00E-72	89%
XP_002270362.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera] >emb|CAN64692.1| hypothetical protein VITISV_030671 [Vitis vinifera]	274	274	87%	7,00E-72	89%
ABB55383.1	DnaJ-like protein-like [Solanum tuberosum]	274	274	87%	9,00E-72	90%
NP_001168650.1	hypothetical protein LOC100382437 [Zea mays] >gb|ACN29044.1| unknown [Zea mays]	273	273	87%	1,00E-71	89%
XP_002310999.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE88366.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	273	273	87%	1,00E-71	88%
XP_002313505.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE87460.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	273	273	87%	2,00E-71	86%
ABI18985.1	molecular chaperone DjA2 [Allium ampeloprasum]	272	272	87%	3,00E-71	87%
AAX95135.1	DnaJ protein, putative [Oryza sativa Japonica Group] >gb|ABF97900.1| DnaJ protein, putative, expressed [Oryza sativa Japonica Group]	272	272	87%	3,00E-71	87%
NP_001050779.1	Os03g0648400 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|AAO72551.1| DNAJ-like protein [Oryza sativa Japonica Group] >gb|AAU89194.1| DnaJ protein, putative [Oryza sativa Japonica Group] >gb|ABF97899.1| DnaJ protein, putative, expressed [Oryza sativa Japonica Group] >gb|ABF97901.1| DnaJ protein, putative, expressed [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF12693.1| Os03g0648400 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|EAY94672.1| hypothetical protein OsI_16451 [Oryza sativa Indica Group] >gb|EAZ27951.1| hypothetical protein OsJ_11911 [Oryza sativa Japonica Group] >gb|ACA50510.1| DnaJ protein [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG97073.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group]	272	272	87%	3,00E-71	87%
XP_002466747.1	hypothetical protein SORBIDRAFT_01g013390 [Sorghum bicolor] >gb|EER93745.1| hypothetical protein SORBIDRAFT_01g013390 [Sorghum bicolor]	271	271	87%	4,00E-71	87%
XP_002316479.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|ABK95315.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|EEF02650.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	271	271	87%	4,00E-71	89%
NP_001130317.1	chaperone DNA J2 [Zea mays] >gb|AAC08009.1| DnaJ-related protein ZMDJ1 [Zea mays] >gb|ACF78499.1| unknown [Zea mays] >gb|ACG32917.1| dnaJ protein [Zea mays] >gb|ACL53813.1| unknown [Zea mays] >gb|ACN34490.1| unknown [Zea mays] >gb|ACR38444.1| unknown [Zea mays]	271	271	87%	4,00E-71	87%
AAG24642.1	J1P [Daucus carota] >gb|AAG24643.1|AF308738_1 J2P [Daucus carota]	271	271	87%	4,00E-71	89%
BAA35121.1	DnaJ homolog [Salix gilgiana]	271	271	87%	7,00E-71	88%
AAF64454.1	DnaJ protein [Euphorbia esula]	270	270	87%	1,00E-70	90%
P42824.1	RecName: Full=DnaJ protein homolog 2; Flags: Precursor >emb|CAA54720.1| LDJ2 [Allium ampeloprasum]	270	270	87%	2,00E-70	86%
P43644.1	RecName: Full=DnaJ protein homolog ANJ1; Flags: Precursor	268	268	87%	4,00E-70	87%
ABI83623.1	DnaJ-like protein [Setaria italica]	268	268	87%	6,00E-70	87%
Q04960.1	RecName: Full=DnaJ protein homolog; AltName: Full=DNAJ-1; Flags: Precursor >emb|CAA47925.1| cs DnaJ-1 [Cucumis sativus]	266	266	86%	2,00E-69	90%
NP_001146715.1	hypothetical protein LOC100280317 [Zea mays] >gb|ACL54611.1| unknown [Zea mays]	265	265	87%	5,00E-69	86%
ABG78615.1	J-domain protein [Triticum aestivum]	264	264	87%	7,00E-69	88%
ADF30255.1	heat shock protein [Cucumis sativus]	263	263	86%	1,00E-68	89%
AAD51625.1	seed maturation protein PM37 [Glycine max]	263	263	87%	1,00E-68	88%
ACJ85577.1	unknown [Medicago truncatula]	263	263	87%	2,00E-68	84%
ACU23708.1	unknown [Glycine max]	262	262	87%	3,00E-68	86%
AAB49030.1	DnaJ homolog [Arabidopsis thaliana]	262	262	87%	3,00E-68	84%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
AAK74013.1	AT3g44110/F26G5_60 [Arabidopsis thaliana]	262	262	87%	3,00E-68	84%
NP_850653.1	ATJ3; protein binding [Arabidopsis thaliana]	262	262	87%	3,00E-68	84%
NP_189997.1	ATJ3; protein binding [Arabidopsis thaliana] >sp|Q94AW8.2|DNAJ3_ARATH RecName: Full=Chaperone protein dnaJ 3; Short=AtDjA3; Short=AtJ3; Flags: Precursor >gb|AAB86892.1| AtJ3 [Arabidopsis thaliana] >emb|CAB88419.1| dnaJ protein homolog atj3 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAK59592.1| putative dnaJ protein homolog atj3 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM44926.1| putative DnaJ-like protein atj3 [Arabidopsis thaliana] >gb|AAM65624.1| dnaJ protein homolog atj3 [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAE98606.1| dnaJ protein homolog atj3 [Arabidopsis thaliana]	262	262	87%	3,00E-68	84%
ACU21221.1	unknown [Glycine max]	261	261	87%	4,00E-68	84%
XP_001768102.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ66975.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	261	261	87%	6,00E-68	86%
XP_002877319.1	hypothetical protein ARALYDRAFT_905503 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH53578.1| hypothetical protein ARALYDRAFT_905503 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	261	261	87%	8,00E-68	86%
XP_002515865.1	Chaperone protein dnaJ, putative [Ricinus communis] >gb|EEF46534.1| Chaperone protein dnaJ, putative [Ricinus communis]	259	259	87%	2,00E-67	84%
XP_001755408.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ79888.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	259	259	87%	2,00E-67	82%
XP_002874044.1	hypothetical protein ARALYDRAFT_489058 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH50303.1| hypothetical protein ARALYDRAFT_489058 [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	258	258	87%	5,00E-67	83%
CAC12824.1	putative DNAJ protein [Nicotiana tabacum]	256	256	87%	1,00E-66	84%
ACN39991.1	unknown [Picea sitchensis]	256	256	87%	2,00E-66	80%
NP_568412.1	ATJ2; protein binding [Arabidopsis thaliana] >sp|P42825.2|DNAJ2_ARATH RecName: Full=Chaperone protein dnaJ 2; Short=AtDjA2; Flags: Precursor >emb|CAC34499.1| DNAJ PROTEIN HOMOLOG ATJ [Arabidopsis thaliana] >dbj|BAC42997.1| putative DnaJ protein homolog ATJ [Arabidopsis thaliana] >gb|ABH04586.1| At5g22060 [Arabidopsis thaliana]	252	252	87%	4,00E-65	80%
Q03363.1	RecName: Full=DnaJ protein homolog 1; Short=DNAJ-1; Flags: Precursor >emb|CAA49211.1| DNA J protein [Allium ampeloprasum] >prf||1914140A DnaJ protein	233	233	79%	2,00E-59	85%
AAD09517.1	NTFP2 [Nicotiana tabacum]	163	163	38%	2,00E-38	95%
ACJ85213.1	unknown [Medicago truncatula]	161	161	38%	6,00E-38	93%

Query ID	lcl|19821
Description	gi|62893658|gb|DN908895.1|DN908895 57364.3 Developing Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 57364 3', mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	844
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details

Program	BLASTX 2.2.25+ Citation					
Accession	**Description**	**Max score**	**Total score**	**Query coverage**	**E value**	**Max ident**
XP_002271911.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera] >emb|CAN63832.1| hypothetical protein VITISV_009130 [Vitis vinifera]	49.3	114	32%	1,00E-11	76%
XP_002512117.1	conserved hypothetical protein [Ricinus communis] >gb|EEF50786.1| conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	47.4	81.2	25%	1,00E-07	72%
ACH63243.1	low-temperature inducible [Rheum australe]	41.6	64.7	17%	0.010	70%

Query ID	lcl|26437					
Description	gi|53694840|gb|CV470064.1|CV470064 42852.1 Common Scab-Challenged Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 42852 5', mRNA sequence					
Molecule type	nucleic acid					
Query Length	802					
Database Name	Nr					
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details					
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation					
Accession	**Description**	**Max score**	**Total score**	**Query coverage**	**E value**	**Max ident**
Q41480.2	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 1; Short=pA1; AltName: Full=STPIA; AltName: Full=STPID; AltName: Full=gCDI-A1; Flags: Precursor >dbj|BAA04151.1| proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	439	439	82%	3,00E-121	100%
BAA04148.1	proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	437	437	82%	1,00E-120	99%
Q41448.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 7; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor p749; Flags: Precursor >gb|AAA18564.1| cathepsin D inhibitor protein [Solanum tuberosum]	400	400	82%	1,00E-109	93%
AAZ94179.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94186.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	399	399	82%	2,00E-109	92%
AAZ94195.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	398	398	82%	4,00E-109	92%
AAZ94192.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	398	398	82%	5,00E-109	92%
Q43645.2	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 4; AltName: Full=API-13; Short=PI13; Flags: Precursor	395	395	82%	3,00E-108	92%
CAA44005.1	aspartic proteinase inhibitor homologue [Solanum tuberosum]	393	393	77%	2,00E-107	92%
P58519.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 5; AltName: Full=PI-13; AltName: Full=pi13; Flags: Precursor	392	392	82%	2,00E-107	92%
AAZ94184.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94193.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	390	390	82%	1,00E-106	91%
ABA81855.1	kunitz-type protease inhibitor [Solanum tuberosum]	385	385	82%	3,00E-105	90%
AAM08398.1	aspartic proteinase inhibitor precursor P1E9 [Solanum tuberosum]	383	383	82%	2,00E-104	90%
P17979.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 8; Short=API; Short=API-8; Short=PI-8; Short=pi8; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor; Flags: Precursor >emb|CAA37566.1| unnamed protein product [Solanum tuberosum]	380	380	82%	8,00E-104	89%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
AAB23206.1	aspartic proteinase inhibitor [potato, Peptide, 220 aa]	379	379	82%	3,00E-103	88%
AAZ94185.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	377	377	82%	7,00E-103	89%
Q43646.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 2; AltName: Full=CathIhn; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor; Short=CathDinh; Flags: Precursor >emb|CAA52919.1| cathepsin D inhibitor [Solanum tuberosum]	374	374	82%	1,00E-101	88%
ACS12825.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A1 [Solanum palustre] >gb|ACS12831.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A1 [Solanum stoloniferum]	372	372	71%	4,00E-101	94%
ACR54294.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A1 [Solanum tuberosum subsp. andigenum] >gb|ACR54297.1| Kunitz-type proteinase inhibitor group A4 [Solanum tuberosum subsp. andigenum]	372	372	71%	4,00E-101	93%
ACR54295.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A2 [Solanum tuberosum subsp. andigenum] >gb|ACS12826.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A2 [Solanum palustre]	370	370	71%	8,00E-101	93%
ACR54296.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A3 [Solanum tuberosum subsp. andigenum] >gb|ACS12827.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A3 [Solanum palustre]	370	370	71%	1,00E-100	93%
Q03197.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 10; AltName: Full=Wound-induced aspartate proteinase CDI inhibitor; Flags: Precursor >emb|CAA48036.1| cathepsin D inhibitor [Solanum tuberosum]	370	370	82%	1,00E-100	88%
AAL99260.1	Kunitz-type enzyme inhibitor P4E1 precursor [Solanum tuberosum] >dbj|BAC23032.1| cathepsin D inhibitor [Solanum tuberosum]	369	369	82%	2,00E-100	87%
ACS12828.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A4 [Solanum palustre]	363	363	71%	1,00E-98	92%
ACS12829.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A5 [Solanum palustre]	358	358	71%	6,00E-97	92%
CAC00536.1	Cathepsin D Inhibitor [Solanum lycopersicum]	352	352	82%	4,00E-95	80%
P16348.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 11; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor PDI; AltName: Allergen=Sola t 2 >prf||1511092A cathepsin D inhibitor	347	347	70%	1,00E-93	89%
ACS12830.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A6 [Solanum palustre] >gb|ACS12832.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A2 [Solanum stoloniferum]	337	337	71%	8,00E-91	87%
ACR54298.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A5 [Solanum tuberosum subsp. andigenum]	332	332	71%	3,00E-89	86%
P58521.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 9; AltName: Full=Novel inhibitor of cathepsin D; Short=NID	328	328	70%	5,00E-88	86%
AAL99261.1	aspartic proteinase inhibitor P2B4 [Solanum tuberosum]	313	349	70%	1,00E-87	91%
CAB94854.1	inhibitor of yeast proteinase A [Solanum lycopersicum]	315	315	70%	3,00E-84	80%
AAG12337.1	cathepsin D inhibitor [Solanum nigrum]	315	315	68%	5,00E-84	85%
AAM10490.1	aspartic proteinase inhibitor precursor P7E9 [Solanum tuberosum]	304	304	66%	1,00E-80	89%
P58518.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 3; Short=API-3	300	300	63%	1,00E-79	87%
P58520.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 6; Short=API-6	295	295	63%	3,00E-78	86%
AAM10491.1	aspartic proteinase inhibitor precursor P8G5 [Solanum tuberosum]	277	277	69%	1,00E-72	81%

Query ID	lcl|51409
Description	gi|53695251|gb|CV470475.1|CV470475 43355.1 Common Scab-Challenged Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 43355 5', mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	883
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
CBI27968.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	290	290	66%	2,00E-76	74%
XP_002283114.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	286	286	56%	2,00E-75	78%
XP_002309525.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE93048.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	286	286	64%	2,00E-75	71%
CAN81808.1	hypothetical protein VITISV_013303 [Vitis vinifera]	286	286	56%	2,00E-75	78%
ACU23866.1	unknown [Glycine max]	286	286	58%	2,00E-75	76%
CBI20604.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	284	284	67%	1,00E-74	72%
BAJ33902.1	unnamed protein product [Thellungiella halophila]	278	278	65%	5,00E-73	70%
XP_002867421.1	zinc finger (CCCH-type) family protein [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH43680.1| zinc finger (CCCH-type) family protein [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	278	278	65%	5,00E-73	70%
ABK92961.1	unknown [Populus trichocarpa]	275	275	53%	6,00E-72	77%
XP_002324748.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEF03313.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	274	274	52%	1,00E-71	78%
EAY72862.1	hypothetical protein OsI_00733 [Oryza sativa Indica Group]	265	265	53%	5,00E-69	74%
NP_001042276.1	Os01g0192000 [Oryza sativa Japonica Group] >sp|Q9FU27.1|C3H2_ORYSJ RecName: Full=Zinc finger CCCH domain-containing protein 2; Short=OsC3H2; AltName: Full=Protein DELAY OF THE ONSET OF SENESCENCE; Short=OsDOS >dbj|BAB12694.1| CCCH-type zinc finger protein -like [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAF04190.1| Os01g0192000 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj|BAG94757.1| unnamed protein product [Oryza sativa Japonica Group]	265	265	53%	5,00E-69	74%
ADL36656.1	C3HL domain class transcription factor [Malus x domestica]	262	262	53%	4,00E-68	74%
ABR16884.1	unknown [Picea sitchensis]	249	249	53%	4,00E-64	71%
XP_001774473.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ60697.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	233	233	46%	3,00E-59	74%
XP_001781195.1	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >ref|XP_001781215.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ53980.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] >gb|EDQ54000.1| predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	229	229	46%	4,00E-58	72%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
ACF82790.1	unknown [Zea mays]	224	224	41%	2,00E-56	77%
ACU19973.1	unknown [Glycine max]	212	212	44%	6,00E-53	70%
CBI24886.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	196	196	39%	3,00E-48	71%
XP_002504751.1	predicted protein [Micromonas sp. RCC299] >gb|ACO66009.1| predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	193	193	35%	2,00E-47	75%
NP_001167953.1	hypothetical protein LOC100381668 [Zea mays] >gb|ACN26630.1| unknown [Zea mays]	187	187	34%	1,00E-45	76%

Query ID	lcl|24615
Description	gi|10447500|gb|BE921328.1|BE921328 EST425193 potato leaves and petioles Solanum tuberosum cDNA clone cSTB13F10 5' sequence, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	551
Database Name	nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_002272595.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	183	183	67%	8,00E-45	70%
CBI21319.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	183	183	67%	8,00E-45	70%
ACU14658.1	unknown [Glycine max]	181	181	65%	5,00E-44	68%
ACU17694.1	unknown [Glycine max]	174	174	65%	4,00E-42	66%
ACJ84631.1	unknown [Medicago truncatula]	171	171	67%	3,00E-41	61%
XP_002300128.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE84933.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	169	169	69%	1,00E-40	64%
XP_002300127.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE84932.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	169	169	69%	1,00E-40	64%
XP_002512897.1	conserved hypothetical protein [Ricinus communis] >gb|EEF49400.1| conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	169	169	67%	2,00E-40	66%
XP_002514867.1	hydrolase, acting on ester bonds, putative [Ricinus communis] >gb|EEF47421.1| hydrolase, acting on ester bonds, putative [Ricinus communis]	167	167	69%	6,00E-40	60%
XP_002332928.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >ref|XP_002332162.1| predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|ABK93350.1| unknown [Populus trichocarpa] >gb|EEE72172.1| predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEF12283.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	164	164	69%	5,00E-39	62%

Query ID	lcl|3199
Description	gi|21919061|gb|BQ118697.2|BQ118697 EST604273 mixed potato tissues Solanum tuberosum cDNA clone STMED27 5' end, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	598
Database Name	Nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
XP_001428605.1	hypothetical protein [Paramecium tetraurelia strain d4-2] >emb|CAK61207.1| unnamed protein product [Paramecium tetraurelia]	35.8	35.8	48%	3.4	26%

Query ID	lcl|1165
Description	gi|53776950|gb|CV494602.1|CV494602 39421.1 Cold Sweetening B Solanum tuberosum cDNA clone 39421 5', mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	326
Database Name	Nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation
DETAILS	No significant similarity found

Query ID	lcl|40787
Description	gi|53694382|gb|CV469606.1|CV469606 42295.1 Common Scab-Challenged Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 42295 5', mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	630
Database Name	Nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details

Program	BLASTX 2.2.25+ Citation					
Accession	**Description**	**Max score**	**Total score**	**Query coverage**	**E value**	**Max ident**
AAB23206.1	aspartic proteinase inhibitor [potato, Peptide, 220 aa]	330	330	74%	8,00E-89	100%
P17979.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 8; Short=API; Short=API-8; Short=PI-8; Short=pi8; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor; Flags: Precursor >emb|CAA37566.1| unnamed protein product [Solanum tuberosum]	330	330	74%	8,00E-89	100%
P16348.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 11; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor PDI; AltName: Allergen=Sola t 2 >prf||1511092A cathepsin D inhibitor	327	327	74%	6,00E-88	99%
Q43646.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 2; AltName: Full=CathIhn; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor; Short=CathDinh; Flags: Precursor >emb|CAA52919.1| cathepsin D inhibitor [Solanum tuberosum]	321	321	74%	4,00E-86	98%
AAM08398.1	aspartic proteinase inhibitor precursor P1E9 [Solanum tuberosum]	311	311	74%	4,00E-83	94%
ACS12828.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A4 [Solanum palustre]	310	310	74%	6,00E-83	94%
AAZ94184.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94193.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	310	310	74%	6,00E-83	94%
ACS12829.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A5 [Solanum palustre]	309	309	74%	2,00E-82	94%
P58519.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 5; AltName: Full=PI-13; AltName: Full=pi13; Flags: Precursor	309	309	74%	2,00E-82	94%
ACS12825.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A1 [Solanum palustre] >gb|ACS12831.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A1 [Solanum stoloniferum]	308	308	74%	4,00E-82	94%
AAZ94195.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	306	306	74%	1,00E-81	94%
AAZ94179.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum] >gb|AAZ94186.1| Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	306	306	74%	1,00E-81	94%
ACR54295.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A2 [Solanum tuberosum subsp. andigenum] >gb|ACS12826.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A2 [Solanum palustre]	306	306	74%	2,00E-81	93%
ABA81855.1	kunitz-type protease inhibitor [Solanum tuberosum]	303	303	74%	8,00E-81	94%
AAZ94192.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	303	303	74%	1,00E-80	93%
Q41448.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 7; AltName: Full=Cathepsin D inhibitor p749; Flags: Precursor >gb|AAA18564.1| cathepsin D inhibitor protein [Solanum tuberosum]	303	303	74%	1,00E-80	93%
ACR54294.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A1 [Solanum tuberosum subsp. andigenum] >gb|ACR54297.1| Kunitz-type proteinase inhibitor group A4 [Solanum tuberosum subsp. andigenum]	302	302	74%	2,00E-80	92%
ACR54296.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A3 [Solanum tuberosum subsp. andigenum] >gb|ACS12827.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A3 [Solanum palustre]	300	300	74%	8,00E-80	91%
Q41480.2	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 1; Short=pA1; AltName: Full=STPIA; AltName: Full=STPID; AltName: Full=gCDI-A1; Flags: Precursor >dbj|BAA04151.1| proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	300	300	74%	1,00E-79	91%
BAA04148.1	proteinase inhibitor [Solanum tuberosum]	300	300	74%	1,00E-79	91%
AAL99261.1	aspartic proteinase inhibitor P2B4 [Solanum tuberosum]	278	320	76%	4,00E-79	94%
AAZ94185.1	Kunitz-type protease inhibitor precursor [Solanum tuberosum]	298	298	74%	4,00E-79	92%
Q03197.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 10; AltName: Full=Wound-induced aspartate proteinase CDI inhibitor; Flags: Precursor >emb|CAA48036.1| cathepsin D inhibitor [Solanum tuberosum]	296	296	74%	9,00E-79	91%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
P58521.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 9; AltName: Full=Novel inhibitor of cathepsin D; Short=NID	296	296	74%	9,00E-79	92%
Q43645.2	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 4; AltName: Full=API-13; Short=PI13; Flags: Precursor	296	296	74%	1,00E-78	91%
CAA44005.1	aspartic proteinase inhibitor homologue [Solanum tuberosum]	296	296	74%	1,00E-78	91%
P58520.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 6; Short=API-6	290	290	74%	1,00E-76	90%
ACS12830.1	Kunitz-type proteinase inhibitor A6 [Solanum palustre] >gb|ACS12832.1| Kunitz-type proteinase inhibitor A2 [Solanum stoloniferum]	286	286	74%	2,00E-75	89%
AAG12337.1	cathepsin D inhibitor [Solanum nigrum]	285	285	74%	2,00E-75	89%
ACR54298.1	Kunitz-type proteinase inhibitor group A5 [Solanum tuberosum subsp. andigenum]	285	285	74%	4,00E-75	89%
P58518.1	RecName: Full=Aspartic protease inhibitor 3; Short=API-3	284	284	74%	5,00E-75	89%
AAL99260.1	Kunitz-type enzyme inhibitor P4E1 precursor [Solanum tuberosum] >dbj|BAC23032.1| cathepsin D inhibitor [Solanum tuberosum]	284	284	74%	6,00E-75	89%
CAB94854.1	inhibitor of yeast proteinase A [Solanum lycopersicum]	275	275	74%	3,00E-72	82%
CAC00536.1	Cathepsin D Inhibitor [Solanum lycopersicum]	275	275	74%	3,00E-72	82%
CAA52164.1	cathepsin D inhibitor protein [Solanum lycopersicum]	270	270	74%	1,00E-70	81%
AAM10490.1	aspartic proteinase inhibitor precursor P7E9 [Solanum tuberosum]	230	230	55%	1,00E-58	94%
AAM10491.1	aspartic proteinase inhibitor precursor P8G5 [Solanum tuberosum]	202	202	58%	3,00E-50	81%

Query ID	lcl|8791
Description	gi|16214973|gb|BI919329.1|BI919329 EST539264 P. infestans-challenged potato leaf, compatible reaction Solanum tuberosum cDNA clone PPCCM58 5' end, mRNA sequence
Molecule type	nucleic acid
Query Length	574
Database Name	Nr
Description	All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluding environmental samples from WGS projects See details
Program	BLASTX 2.2.25+ Citation

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
ABJ53199.1	myosin XI-K [Nicotiana benthamiana]	320	320	99%	8,00E-86	95%

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident
BAD72949.1	myosin XI [Nicotiana tabacum]	320	320	99%	8,00E-86	95%
XP_002514087.1	myosin XI, putative [Ricinus communis] >gb|EEF48041.1| myosin XI, putative [Ricinus communis]	295	295	99%	3,00E-78	87%
CBI35925.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	293	293	99%	1,00E-77	87%
XP_002274978.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	293	293	99%	1,00E-77	87%
XP_002309201.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE92724.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	289	289	99%	1,00E-76	87%
AAB71529.1	unconventional myosin [Helianthus annuus]	288	288	99%	3,00E-76	86%
CBI27864.3	unnamed protein product [Vitis vinifera]	285	285	99%	2,00E-75	85%
XP_002279028.1	PREDICTED: hypothetical protein [Vitis vinifera]	285	285	99%	2,00E-75	85%
XP_002873998.1	predicted protein [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata] >gb|EFH50257.1| predicted protein [Arabidopsis lyrata subsp. lyrata]	280	280	99%	7,00E-74	84%
ADV74830.1	myosin XI-K [Arabidopsis thaliana]	279	279	99%	2,00E-73	83%
NP_001154724.1	XIK; motor/ protein binding [Arabidopsis thaliana]	279	279	99%	2,00E-73	83%
NP_197549.3	XIK; motor/ protein binding [Arabidopsis thaliana]	279	279	99%	2,00E-73	83%
XP_002329057.1	predicted protein [Populus trichocarpa] >gb|EEE78051.1| predicted protein [Populus trichocarpa]	275	275	99%	2,00E-72	82%

BIBLIOGRAFÍA

1. ALBORNOZ, G. 1992. El tomate de árbol (***Solanum Betacea*** Cav. = ***Cyphomandra betacea*** Sendtn) en el Ecuador. EC. Fundación para el Desarrollo Agropecuario. FUNDAGRO. 89p.

2. RODRÍGUEZ, J., ORTEGA, A.1999. Estudio Histológico de cuatro entradas de tomate de árbol (***Cyphomandra betacea*** Sendtn). Tesis de Ing. Agr. Quito-Ecuador. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 120p.

3. ATARIHUANA, A. 1987. Establecimiento de colecciones vivas de tomate de árbol (***Cyphomandra betacea*** Sendt.) en tres localidades de la Sierra Ecuatoriana. Tesis de Ing. Agr. Quito-Ecuador. Universidad Central Facultad de Ciencias Agrícolas. 130p.

4. HERRERA, J. 1998. Evaluación de tres Métodos de Injertación de dos variedades de Tomate de Árbol ***Cyphomandra betacea*** Sendt. en Tabaquillo ***Nicotiana glauca*** Graham. Tesis de Ing. Agr. Quito-Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 98p.

5. GRANJA, P. 1989. Estudio de la Germinación de 3 cultivares y especies silvestres de Tomate de Árbol (***Cyphomandra*** sp). Tesis de Ing. Agr. Quito-Ecuador. Universidad Central Facultad de Ciencias Agrícolas. 114p

6. LEÓN, J. 2002. Estudio pomológico de cinco cultivares de Tomate de Árbol (***Solanum betaceum*** Cav.) en dos estados de cosecha y tres de almacenamiento. Tesis de Ing. Agr. Quito-Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 99p.

7. NEGRETE, S. 2003. Determinación de las deficiencias nutricionales en el cultivo de tomate de árbol (*Solanum betaceum* Cav.) mediante el método del elemento faltante. Tesis de Ing. Agr. Quito-Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 87p.

8. PAZMIÑO, C.; GUAMÁN, M. 1996. Evaluación de nemátodos (***Meloideogine incógnita***) en entradas silvestres de tomate de árbol (***Solanum betaceum*** Cav.). Tesis de Ing. Agr. Quito-Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 20p.

9. ----------. 1998. Proyecto: Regeneración de Plantas de Tomate de árbol resistentes a ***Meloideogine incógnita***, por cultivo de Protoplastos *in Vitro.* CONUEP - Universidad Central del Ecuador. Quito. p. 125

10. ALTAMIRANO, A. 2006. Regeneración de plantas de tomate de árbol a partir de embriones somáticos. Tesis de Ing. Agr. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 60p.

11. ARAHANA, et al. 2010. Propagación del Tomate de Árbol (***Solanum betaceum)*** vía Embriogénesis Somática. Avances en Ciencias e Ingenierías. Quito-Ecuador. Universidad San Francisco de Quito. 89p. (Publicación Periódica)

12. TELLO, I.; ORTEGA, A., 2005. Determinación de la variabilidad genética inducida en el cultivo in Vitro de tomate de árbol. Tesis de Ing. Agr. Ecuador. Quito-Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 79p.

13. ORDÓÑEZ, et al. 2009. Diferenciación Molecular en Variedades cultivadas de Tomate de Árbol (***Solanum betaceum***), Mediante la Técnica Molecular de

AFLP's. Avances en Ciencias e Ingenierías. Quito-Ecuador. Universidad San Francisco de Quito. 107p. (Publicación Periódica).

14. PEÑAFIEL, et al. 2009. Evaluación de la Variabilidad Genética del Tomate de Árbol (***Solanum betaceum*** Cav.), en los cultivos de tres provincias del ecuador por medio de Marcadores Microsatélites. Avances en Ciencias e Ingenierías. Quito-Ecuador. Universidad San Francisco de Quito. 107p. (Publicación Periódica).

15. ATKINSON, R.; EAGLES, R.; FORSTER, R.; GARDNER, R. 1993. Transformation of ***Cyphomandra betacea*** (tamarillo). In: Biotechnology in agriculture and foresty, plant protoplast and genetic engineering VI. Volume 29. New York, Springer-Verlag. Pp. 279-284

16. ATKINSON, R.; GARDNER, R. 1993. Regeneration of transgenic tamarillo plants. (en línea). Plant Cell Reports. 12:347-351. New Zealand. Consultado el 13 de dic. de 2009. Disponible en: http://www.springerlink.com/content/kq383l314078q638/.

17. MACDIARMID, R. 1994. Tamarillo mosaic potyvirus: Characterization and Resistance. (en línea). Thesis PhD. Plant Science. University of Auckland. New Zealand. Consultado el 4 de abr. de 2008. Disponible en http://hdl.handle.net/2292/2320.

18. BAJAJ, Y. 1995. Plant Protoplasts and Genetic Engineering V. (en línea).New Delhi. India. Consultado el 7 de jul. De 2010. Disponible en: http://books.google.com.ec/books?id=LqszOQ_qaaEC&printsec=frontcover&dq=Plant+Protoplasts+and+Genetic+Engineering&source=bl&ots=vZ1ACdJmDN&sig=sf426mCMs9JNHf60FfdQwEk-

daM&hl=es&ei=0ahBTeDlF4rpgAeyzoikAg&sa=X&oi=book_result&ct=result&resnum=1&ved=0CBYQ6AEwAA#v=onepage&q&f=false. 2008/04/16

19. RONDÓN, J. 1998. Estudio Biológico y Epidemiológico de la Antracnosis (***Colletotrichum gloeosporioides*** Penz), del Tomate de Árbol (***Solanum betacea***, (Cav) Sendt), y Generación de alternativas para su manejo integrado en Colombia. (en línea). CORPOICA. Bogotá. Colombia. Consultado el 16 de abr. De 2008. Disponible en: http://www.agronet.gov.co/www/docs_si2/20061127103437_Estudio%20de%20la%20antracnosis%20en%20tomate%20de%20arbol.pdf. 2008/04/16

20. PÓRTELA, S. 1999. Postharvest physiology and handling of tamarillos (***Cyphomandra betacea***). (en línea). Department of Vegetable Crops, University of California, Davis, CA 95616. USA. p. 33-43. Consultado el 16 de abr. de 2008. Disponible en: http://www.phtnet.org/research/download/pdf/wz271.pdf

21. NERA, S.; SHAAF, D.; SIDOROF, V.; STANLER, D.; YE, G. 2003. Plastid transformation of solanaceous plants. (en línea) Consultado el 16 de abr. de 2008. Disponible en: http://www.freepatentsonline.com/6541682.html.

22. CONTRERAS, I; ALMEIDA, J. 2003. Micropropagación del tomate de Árbol (***Cyphomandra betacea*** (Cav.) Sendtn.) usada en la alimentación. REVISTA FORESTAL VENEZUELA 47(2). p.9-13

23. TRILLOS, O. 2004. Evaluación del Potencial de Propagación in vitro para Tomate de Árbol Partenocárpico. (en línea) COLCIENCIAS. COLOMBIA. Consultado el 17 de abr. de 2008. Disponible en: http://scienti.colciencias.gov.co:8081/ciencia.war/search/EnProductoGr/xmlInf

o.do?nro_id_grupo=00000000002224&seq_producao=13&cod_rh_cv=00005
10270&seq_producao_cv=3.

24. MEDINA, C. 2005. Recursos Genéticos del Tomate de Árbol ***(Cyphomandra betacea*** Cav Sendt) como apoyo a la oferta de material para la siembra. (en línea). Colombia. Consultado el 17 de abr. de 2008. Disponible en: http://scienti.colciencias.gov.co:8081/ciencia.war/search-EnProductoGr /xmlInfo.do?nro_id_grupo=000000000022oducao=44&cod_rh_cv=00004420 70&seq_producao_cv=34.

25. ALARCON, J., CHAVARRIAGA, W. Diagnóstico precoz de la Antracnosis (***Colletotrichum gloeosporioides***) en Tomate de Árbol mediante el empleo de infecciones quiescentes. (en línea). Departamento de fitotecnia. Caldas. Colombia. Universidad de Caldas. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Consultado el 27 de abr. de 2010. Disponible en: http://ciagrope.tripod.com/ft02.html .

26. PATIÑO, V. 2002, Historia y Dispersión de los Frutales Andinos. (en línea). CIAT. Cali. Colombia. Consultado el 12 de ene. de 2011. Disponible en: http://books.google.com/books?id=U12m7M2VMmsC&pg=PP4&lpg=PP4&dq =Historia+y+Dispersi%C3%B3n+de+los+Frutales+Andinos+CIAT+pATI%C3 %91O+2002&source=bl&ots=Tm1HAhpSf1&sig=-SaHnTjYgrwKkPiT82LzGZwgWfc&hl=es&ei=VxI1Ta_fMlHKgQeJx63GCw&sa =X&oi=book_result&ct=result&resnum=1&ved=0CBUQ6AEwAA#v=onepage &q&f=false

27. BOHS, L. 2005. Major Clades in *SOLANUM* based on *ndh*F secuence data (en línea). Universyty of UTHA. Utha. USA. Consultado el 22 de abr. de

2008. Disponible en: http://www.nhm.ac.uk/resources//research-solanaceaesource/taxonomy/publications/Bohs2005MonSysBotMBG104.pdf.

28. SORIA, N. s.f. Tecnología del cultivo del Tomate de Árbol. (en línea). Proyecto SICA. Ministerio de Agricultura y Ganadería. Quito. Ecuador. Consultado el 14 de abr. de 2008. Disponible en: http://www.sica.gov.ec/agronegocios/productos%20para%20invertir/frutas/tomate%20arbol/tecnologia_%20cultivo.htm

29. ---------- 2009. Anuario Estadístico de frutas y Hortalizas 2004 – 2008, y sus Calendarios de Siembras y Cosechas. (en línea). Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural. Bogotá. Colombia. Consultado el 02 de ene. de 2011. Disponible en: http://www.agronet.gov.co/agronetweb/Boletines/tabid/75/Default.aspx

30. LUCAS, K; MAGGI, J, YAGUAL, M. 2010. Creación de una Empresa de Producción y Exportación de Tomate de Árbol en el Área de Sangolquí, Provincia de Pichincha. Tesis Economista. Guayaquil. Ecuador. Escuela Politécnica del Litoral, ESPOL. 100p.

31. CERÓN, C. 2003. MANUAL DE BOTANICA, Sistemática, Etnobotánica y Métodos de Estudio en Ecuador. Quito. Ecuador. Editorial Universitaria. 250p.

32. ----------. s.f. ZipcodeZoo. Consultado el 02 de ago. de 2010. Disponible en: http://zipcodezoo.com/Plants/S/Solanum_betacea

33. CONTRERAS, C. 2006. Caracterización y Pruebas de Patogenicidad cruzada entre Aislamientos de ***Collectotricum*** spp. Obtenidos de Frutos de Lulo ***(Solanum quitoense*** Lam.), Tomate de Árbol ***(Solanum betacea*** Cav.),

Granadilla ***(Passiflora ligularis*** Juss), Mango ***(Mangifera Indica*** L.) y tallos de mora ***(Rubus glaucus*** Benth) con Síntomas de Antragnosis. (en línea) Trabajo de Grado de Microbiólogo Agrícola y Veterinario. Bogotá. Colombia. Pontificia Universidad Javeriana. Consultado el 15 de ago. de 2010. Disponible en (http://www.javeriana.edu.co/biblos/tesis/ciencias/tesis239.pdf)

34. HEISSER, C.; ANDERSON, A. 1999. "New" solanums. Perspectives on new crops and new uses. (en línea) ASHS Press, Alexandria. Consultado el 16 de ago. de 2008. Disponible en: http://www.hort.purdue .edu/newcrop/proceedings1999/v4-. 379.html#treetomato.

35. MEADOWS, L. 2002. Rare Cyphomandra germplasm in New Zealand: an endangered resource and its importance. The Natural Hub website Consultado el 18 de abr. de 2010. Disponible en: (http://www.naturalhub.com/grow_fruit_type_tamarillo_relative_new_zealand. htm)

36. MORTON, J. 1987. Tree Tomato Cyphomandra Betacea Cav. In: Fruits of warm climates. Miami. USA. Consultado el 18 de abr. de 2010. Disponible en: http://www.hort.purdue.edu/newcrop/morton/tree_tomato.htmlTree tomato

37. DÍAZ, J. 2004. Descubre los frutos exóticos. Madrid. España. ARTEGRAF S.A. Consultado el 18 de sep. de 2010. Disponible en http://books.google.com.ec/books?id=DFI1ZhGk614C&printsec=frontcover&dq=origen+de+solanum+betaceum&source=gbs_similarbooks_s&cad=1#v=onepage&q&f=false.

38. REYES, M. 2004. Estudio de la “Mancha Negra del Tronco” en Ecotipos de tomate de Árbol (***Solanum betaceum*** Cav.) y Establecimiento de Diferencias

Sintomatológicas con el “Tizon Tardío” (***Phytophtora*** sp.). Tesis de Ing. Agr. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 110p.

39. DUQUE, V. 2005. Estimación de la demanda de Vitroplantas de Tomate de Árbol (***Solanum betacea*** Cav.) en las provincias de Imbabura Tungurahua Azuay y Loja. Tesis Ingeniera Agrónoma. Quito. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 102p.

40. BAZANTE, E. 1986. Cultivo de tomate de árbol. Quito. Ecuador. Ministerio de Agricultura y Ganadería. 13p.

41. MARTÍNEZ, Á. 2002. Estudio de la condición Nutricional en Cuatro Provincias (Imbabura, Pichincha, Tungurahua y Azuay) y Caracterización del sistema radicular del Tomate de Árbol (***Solanum betacea*** Cav.) en Pichincha. Tesis de Ing. Agr. Quito. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 98p.

42. ROMERO, R. 1961. Frutas silvestres de Colombia. Bogotá Colombia. Editorial Printed. V1. 70p

43. BERNAL, J.; DIAZ, C.; AMAYA, A.; TAMAYO, P.; VANEGAS, F. 2003. Tecnología para el cultivo de tomate de árbol. Antioquia, Colombia. CORPOICA. 163 p.

44. ----------. Science behind your garden. Government of New Zealand through the Science and Technology Promotion Fund. New Zealand. Consultado Agosto 2010.Disponible en http://www.gardenscience.co.nz/fruit/TGuides/tamarillo.htm)

45. ORTEGA, C. 2000. Evaluación de fitohormonas y abonos foliares, para mejorar el amarre de frutos en Tomate de Árbol (***Solanum betacea*** Cav.) Tesis de Ing. Agr. Quito. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 80p.

46. FEICAN et al. .1999. El cultivo del tomate de árbol. Gualaceo – Ecuador. Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias, Cooperación Técnica del Gobierno Suizo. INIAP – COSUDE. Estación Experimental de Chuquipata, Granja Bullcay, programa de Fruticultura 46p.

47. ---------. Ministry of Agriculture and Fisheries of New Zealand. 1994. Horticultural Produce and Practice. (Tamarillos: General Requirements). Private Bag. Wellington. New Zealand. 296p.

48. Mertz, et al. 2009. Impact of thermal treatment coupled with oxygen level on carotenoids and vitamin C degradations of tamarillo puree (***Solanum betaceum*** Cav.). Food Chemistry (in press) PAVUC. Francia. Consultado 30 de agosto de 2010 Disponible en http://www.pavuc.soton.ac.uk/fruits/fruits_factsheets/Factsheet_6_Treetomato_final_3006.pdf. Fact Sheet No 6.

49. CÁRDENAS, et al. 2008. Latencia en semillas de lulo (Solanum quitoense Lam.) y tomate de árbol (Cyphomandra betacea (Solanum betaceum) Cav. Sendt) como aspecto básico para la conservación y el monitoreo de viabilidad de las colecciones. Rionegro. Colombia. CORPOICA. Bioversity International – FAO. Consultado el 18 de ago. de 2010. Disponible en: http://www2.bioversityinternational.org/publications/pgrnewsletter/article.asp?id_article=6&id_issue=139. (Boletín Electrónico No.139)

50. ----------. 2009. Listado de Plagas cuarentenarias. (en línea) SENASA, Ministerio de Agricultura. Perú. Consultado 9 de jul. de 2010. Disponible en http://www.senasa.gob.pe/RepositorioAPS/0/2/JER/LISTADO_DE_PLAGAS/Lista%20de%20plagas%20cuarentenarias%202009%283%29.pdf

51. STARY, P.; CERMELLI, M. 1989. Parasitoides (HYMENOPTERA, APHIDIIDAE) de Áfidos en Plantas cultivadas de Venezuela. (en línea) Bol. Entomol. Venez. N.S. 5(10): 77-80. Centro Nacional de Investigaciones Agropecuarias, FONAIAP. Maracay. Venezuela. Consultado 9 de jul. de 2010. Disponible en: http://avepagro.org.ve/entomol/v05/0510b001.html

52. APONTE, A.; DEBROT, E.; ARNAL, E.; SOLORZANO, R.; RAMOS, F. 2006. Diagnóstico de las enfermedades del Tomate de Árbol en los Estados de Aragua y Miranda, Venezuela. Revista Digital del Centro Nacional de Investigaciones Agropecuarias de Venezuela INIA-CENIAP. Venezuela. Consultado 9 de jun. de 2010. Disponible en: http://www.engormix.com/MA-agricultura/cultivos-tropicales/articulos /diagnostico-enfermedades-tomate-arbol-t1055/078-p0.htm.

53. DELGADO, E., VÁSQUEZ, S. Control biológico de la Antracnosis causada por (***Colectrotrichum gloeosporioides*** Penz y Sacc.) en Tomate de Árbol (***Solanum betacea*** Cav.)mediante hongos endofiticos antagonistas. Revista de Ciencias de la Vida, Agropecuarios y Veterinarias. Universidad Politécnica Saleciana. Ecuador. 61p

54. SANCHEZ, A.; LOPEZ, I, SALAZAR, J.; FIALLOS, W. 1996. Manejo integral del cultivo del tomate de árbol. Ministerio de Agricultura y Ganadería. FAO. Quito. p 17

55. SANCHEZ, I. TAPIA, M. s.f. Cultivos Andinos. FAO. Introducción. (en línea). Consultado 06 de ene. de 2011. Disponible en: http://www.rlc.fao.org/es/agricultura/produ/cdrom/contenido/libro10/cap03_4.htm

56. SULDARRIAGA, A.; BERNAL, J.; TAMAZO, P. 1997 Enfermedades del cultivo de tomate de árbol en Antioquia. Bogotá- Colombia. CORPOICA. 15p. Consultado 25 de may. de 2010. Disponible en: http://agris.fao.org/agris-search/search/display.do?f=2000/CO/CO00007.xml;CO1999002640

57. VIERA, W. 2002. Evaluación de fungicidas in vitro y pruebas de resistencia de cinco variedades de tomate de árbol (***Solanum Betaceum*** Cav.) para Antragnosis (***Colletotrichum gloeosporoidea***) Tesis de Ing. Agr. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 40p.

58. ----------. INDEX FUNGORUM. Consultado 10 de ene. de 2010. Disponible en: (http://www.indexfungorum.org/names/Names.asp

59. ROMÁN, A. 2005. Tomate de Árbol ***(Solanum betacea*** Cav.). Método fácil para su cultivo y comercialización. Ecuador. 69p.

60. GUAMÁN, M. 1996. Identificación de fuentes de resistencia al Nemátodo ***Meloideogine*** sp. en Germoplasma de Tomate de Árbol (***Solanum betacea*** Cav.). Tesis de Ing. Agr. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 96p.

61. MORALES, J. 2001. Diagnóstico Agro socioeconómico del cultivo de Tomate de Árbol (***Solanum betacea*** Cav.) En cuatro Provincias de la Sierra Ecuatoriana. Tesis de Ing. Agr. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 91p.

62. AGRIOS, G. 1989. Fitopatología. Traducción al español Manuel Guzmán Ortiz. México. Editorial Limusa. 690p.

63. CEVALLOS, G. 2005. Evaluación de la resistencia al ataque de ***Meloideogyne incógnita***.de dos portainjertos de tabaquillo (***Nicotiana galuca***) y tomate silvestre (***Solanum hartwegii***) de tomate de árbol (***Solanum Betaceum*** Cav.) Tumbaco Pichincha. Tesis de Ing. Agr. Ecuador. Universidad Central del Ecuador 63p.

64. ----------. 1986. Informe Anual de Actividades. INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES AGROPECUARIAS. Quito. ECUADOR. 20p.

65. VELASTEGUI, J. 1988. Principales enfermedades del Tomate de Árbol. Ambato – Ecuador. Publicación Técnica. 59p.

66. ----------. 1990. INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES AGROPECUARIAS INIAP. Plagas y Enfermedades en frutales; Control químico. Ecuador. 24p.

67. CARREÑO, et al. 2007. Problemas fitopatológicos en especies de la familia Solanaceae causados por los géneros *Phytophthora*, *Alternaria* y *Ralstonia* en Colombia. Una revisión. (en línea). Programa de Maestría en Biotecnología Vegetal, Universidad de Wageningen. Colombia. Agronomía Colombia vol.25 no.2. Consultado 06 de oct. de 2010. Disponible en: http://www.scielo.unal.edu.co/scielo.php?pid=S012099652007000200015&script=sci_arttext

68. MARTIN, C.; NYDEGGER, U. 1982. Suceptibility of ***Solanum betacea*** = ***Cyphomandra betacea*** to ***Pseudomona solanacearum.*** (en línea) Consultado 06 de oct. de 2009. Disponible en:

http://www.apsnet.org/publications/PlantDisease/BackIssues/Documents/1982Articles/PlantDisease66n11_1025.PDF

69. ----------. 2010. Swiss Institute of Bioinformatics. (en línea) Consultado 18 de jun. de 2010. Disponible en: (http://expasy.org/sprot/hamap/RALSO.html).

70. ----------. Crop Genebanck. 2010. (en línea) Consultado 04 de mar. de 2010. Disponible en: http://cropgenebank.sgrp.cgiar.org/index.php?option=com_content&view=article&id=535&Itemid=727

71. EAGLES, R.; GARNER, R., FORSTER, R. 1990. Nucleotide sequence of the tamarillo mosaic virus coat protein gene. (en línea) Nucleic Acids Res. Dec 11;18(23):7166. New Zealand. Consultado 04 de mar. de 2010. Disponible en: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC332812/pdf/nar00207-0403.pdf

72. EAGLES, R.; GARNER, R. 1994. Incidence and distribution of six viruses infecting tamarillo (Cyphomandra betacea) in new Zealand. (en línea) New Zealand Journal of Crop and Horticutural Science. Vol. 22: 453-458. Consultado 04 de mar. de 2010. Disponible en: http://pdfserve.informaworld.com/423327__920076861.pdf

73. EAGLES, R., BALMORI-MELIÁN, E., BECK, D., GARDNER, R. FORSTER, R. 1994. Characterization of NTPase, RNA-binding and RNA-helicase activities of the cytoplasmic inclusion protein of tamarillo mosaic potyvirus. (en línea) Eur J Biochem. 1994 Sep 1;224(2):677-84. New Zealand. Consultado 04 de abr. de 2010. Disponible en: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/7925384

74. GILBERT, I. (1992). Estudio preliminar de la fisiología del tomate de árbol (***Solanum betacea*** Cav.). Ascazubi, Pichincha, Ecuador. Tesis de Ing. Agr. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 95p.

75. MOORE, et al. 2001. Dark green islands in plant virus infection are the result of posttranscriptional gene silencing. (en línea) Mol Plant Microbe Interact. 2001 Aug;14(8):939-46 New Zealand. PMID: 11497465 Consultado 05 de mar. de 2008. Disponible en: http://apsjournals.apsnet.org/doi/pdf/10.1094/MPMI.2001.14.8.939. 2008/03/05.

76. SÁNCHEZ, I. s.f. La agricultura andina FAO. (en línea) Universidad Nacional de Cajamarca**.** Perú. Consultado 04 de abr. de 2010. Disponible en: http://www.rlc.fao.org/es/agricultura/produ/cdrom/contenido/libro09/Cap3_5.htm#auto

77. CHÁVEZ, I. 2008. Manejo Fisionutricional de Tomate de Árbol (***Solanum betacea*** Cav.). Tesis de Ing. Agr. Quito. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 95p.

78. ----------. 2010. Hojas técnicas de Manejo Fisionutricional. QUIFATEX. Ecuador. 20p

79. ----------. (2010). El mejoramiento vegetal para la agricultura. (en línea) Agro panorama. Buenos Aires. Argentina. Consultado 22 de ene. de 2010. Disponible en: http://www.agropanorama.com/news/2010/03_Marzo/02_08al12/03_agricultura_SEEDnews_TemaCentral_Enero2010.htm

80. TOTH, G., GASPARU, Z. JURKA, J. 2000. Microsatellites in different eukaryotic genomes: survey and analysis. (en línea) Genome Res 10: 967-

81. Consultado 22 de ene. de 2010. Disponible en: http://genome.cshlp.org/content/10/7/967.abstract

81. FERREIRA, M. y GRATTAPAGLIA, D. 1996. Introducción al uso de marcadores moleculares en el análisis genético. EMBRAPA, CENARGEN. Brasilia. Brasil. 150p.

82. MITTAL, N., DUBEY, AK. 2009. Microsatellite markers- A new practice of DNA based markers in molecular genetics. (en línea) Phcog Rev [serial online] cited 2010 Nov 17];3:235-46. Consultado 22 de nov. de 2010. Disponible en: http://www.phcogrev.com/text.asp?2009/3/6/235/59523

83. DAMASCO et al. 1996. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) detection of dwarf off-types in micropropagated Cavendish (Musa spp. AAA) bananas. Plant Cell Reports, 16:118-123.

84. MANRIQUE, V. 2004. Caracterización Molecular de las Variantes Somaclonales de Banano Canvedish (Musa sp.). Tesis Ing. Agr. Quito. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 106p

85. CAETANO-ANOLLES, G. 1996. Scanning of nucleic acids by in vitro amplification: new developments and applications. In: Nature Biotechnology 14. p. 1668-1674. Consultado 22 de nov. de 2010. Disponible en: http://www.nature.com/nbt/journal/v14/n13/abs/nbt1296-1668.html

86. MOCTEZUMA, C; KAHL G. 2000. Huellas del ADN en Genomas de plantas. Teoría y Protocolos de Laboratorio. Mundi Prensa. 164p.

87. ----------. DETERMINACION DE AZUCARES REDUCTORES Consejo Superior de Investigaciones Científicas Universidad del País Vasco / Euskal Herriko Unibertsitatea Consultado 22 de sep. de 2010. Disponible en: Elsevierhttp://www.galeon.com/lactobacilo/azucares.htm

88. TEL-ZUR, et al. 1999. Modified CTAB Procedure for DNA Isolation from Epiphytic Cacti of the Genera Hylocereus and Selenicereus (Cactaceae). (en línea) Plant Molecular Biology Reporter 17: 249–254. Kluwer Academic Publishers. Printed in the Netherlands. Consultado 13 de sep. de 2010. Disponible en: http://pubs.nrc-cnrc.gc.ca/ispmb/ispmb17/17249-3.pdf

89. MOHAMMADI, SS.; PRASSANA, BM. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants – salient statistical tools and considerations. Crop Sci. 43:1235-1248. Consultado 13 de sep. de 2010. Disponible en: http://www.ndsu.edu/pubweb/~mcclean/plsc731/homework/papers/mohammadi%20and%20prasanna%20-%20analysis%20of%20genetic%20diversity%20in%20crop%20plants%20-%20salient%20statistical%20tools%20and%20considerations.pdf

90. SUKHOTU, et al. 2004. Nuclear and chloroplast DNA differentiation in Andean potatoes. (en línea) Genome 47:46-56. Consultado 13 de sep. de 2010. Disponible en: http://www.google.com/search?client=firefox-a&rls=org.mozilla%3Aes-ES%3Aofficial&channel=s&hl=es&source=hp&biw=1280&bih=610&q=http%3A%2F%2Fwww.apsnet.org%2Fpublications%2FPlantDisease%2FBackIssues%2FDocuments%2F1982Articles%2FPlantDisease66n11_1025.PDF&btnG=Buscar+con+Google#sclient=psy&hl=es&client=firefox-a&rls=org.mozilla:es-ES%3Aofficial&channel=s&biw=1280&bih=610&q=Nuclear+and+chloroplast+DNA+differentiation+in+Andean+potatoes&aq=f&aqi=&aql=&oq=Nuclear+and+chloroplast+DNA+differentiation+in+Andean+potatoes&fp=1b96046b58ad6dcc

91. LITZY, et al. 1997. Empleo de Marcadores Bioquímicos y de ADN en la Caracterizacion molecular de hongos entomopoatógenos. (en línea) Dpto. De ácaros y hongos entomopatógenos, Instituto de Investigaciones en Fruticultura Tropical. Habana. Cuba. Consultado 23 de may. de 2010. Disponible en: http://www.fao.org/docs/eims/upload/cuba/1056/cuf0019s.pdf

92. ACOSTA, et al. 2003. Efecto hemolítico de la cloroquina en estudiantes deficientes de glucosa-6-fosfato deshidrogenasa. Centro de Investigaciones Biomédicas. Rev Cubana Invest Biomed 2003:22(3):180-5. Consultado 23 de may. de 2010. Disponible en: http://bvs.sld.cu/revistas/ibi/vol22_3_03/ibi06303.pdf

93. HERNANDO, R. 2003. Uso de Isoenzimas en la Caracterizacion de Germoplasma Vegetal. (en línea). Facultad de Ciencias Agropecuarias Bogotá. Colombia. Universidad Nacional de Colombia. Consultado 23 de mar. de 2009. Disponible en: http://www.unicauca.edu.co/biotecnologia/ediciones/vol1/Art22.pdf

94. CARDENAS, Z. 2010. Identificacion de Híbridos de (Solanum quitoense Lam.) y Tomate de Árbol (***Solanum betaceum*** Cav.) Mediante el uso de marcadores moleculares COSII. (en línea) Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá. Colombia. Consultado 3 de may. de 2010. Disponible en: http://icaro.javeriana.edu.co/bitstream/10554/652/1/cien12.pdf.

95. BECERRA, V. PAREDES, M. 1999. Uso de Marcadores Bioquímicos y Moleculares en Estudios de Diversidad Genética. (en línea) Agricultura Técnica. Instituto de investigaciones Agropecuarias, Centro Regional de Investigación Quilamapu. Chillán, Chile. Consultado 29 de may. de 2010.

Disponible en: http://www.scielo.cl/scielo.php?pid=S0365-28072000000300007&script=sci_arttext

96. VASHNEY, R. 2004 Molecular maps in cereals: metodology and progress. (en línea) In Cereal Genomics. pp. 35-82, Kluwer Academia Publishers. Consultado 29 de enero de 2010. Disponible en: http://www.springerlink.com/content/x2067629280n8145/

97. DINESH, et al. 1995. RAPD markers in fishes - an evaluation of resolution and reproducibility. (en línea) Asia-pacific J Mol Biol Biotech 3: 112-118. Consultado 30 de marzo de 2010. Disponible en: http://www.cib.espol.edu.ec/Digipath/D_Papers/CC0547.pdf

98. FORY, P. 2005. Caracterización y Análisis Molecular de la Diversidad Genética de la Colección colombiana de Lulo (***Solanum quítense*** Lam.) y seis especies relacionadas de la sección lasiocarpa. Universidad Nacional de Colombia. Consultado 12 de may. de 2010. Disponible en: http://ciat-library.ciat.cgiar.org/Articulos_Ciat/TESIS%2031%2007%2005.pdf

99. HE, C., POYSA, V., YU, K. 2003. Development and characterization of simple sequence repeats (SSR) markers and their use in determining relationships among Lycopersicon esculentum cultivars. Theor Appl Genet 106:363-373. Consultado 29 de may. de 2010. Disponible en: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12582864

100. TORALES S., MARUCCI, S. s.f. Identificación Genética de Clones Utilizando Microsatélites. Instituto de Recursos Biológicos, CNIA, INTA Castelar. España. Consultado 18 de feb. de 2010. Disponible en: http://www.inta.gov.ar/ediciones/idia/forest/genetica12.pdf

101. ROBINSON, A., LOVE, C., BATLEY, J., BARKER, G., EDWARDS, D. 2004. Simple sequence repeat marker loci discovery using SSR primer. Bioinformatics. (en línea). Bioinformatics 20(9). Oxford University Press. Consultado 27 de mar. de 2010. Disponible en: http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/20/9/1475.short

102. ARESHCHENKOVA, T., GANAL, M. 2002. Comparative analysis of polymorphism and chromosomal location of tomato microsatellite markers isolated from different sources. Theor Appl Genet 104: 229-235. Consultado 23 de ene. de 2010. Disponible en: http://www.springerlink.com/content/fmyeg7820nu0chlb/

103. XIONG, J. 2006. Essential bioinformatics. Consultado 27 de mar. de 2010. Disponible en: http://books.google.com/books?id=AFsu7_goA8kC&printsec=frontcover&dq=Essential+bioinformatics&source=bl&ots=hECtvS1sle&sig=movfUXR_ce-GrgYbwZfSK96wzxY&hl=es&ei=eExCTYCIEYragAeR9PSfAg&sa=X&oi=book_result&ct=result&resnum=3&ved=0CC4Q6AEwAg#v=onepage&q&f=false

104. NIELSEN, R. 1997. A Likelihood Approach to Populations Samples of Microsatellite Alleles. (en línea) Genetics Society of America. 146: 711. Consultado 2 de mar. de 2010. Disponible en: http://www.genetics.org/cgi/content/abstract/146/2/711

105. HARRAND, L. s.f. Identificación Genética de Clones en Eucalyptus grandis Utilizando Microsatélites. (en línea) INTA Concordia. España. Consultado 2 de mar. de 2010. Disponible en: http://www.accefyn.org.co/revista/Vol_32/124/325-330.pdf

106. CARBONI, E. et al. 1999. Somaclonal variation induced by adventitious shoot regeneration in pear and apple. In: Methods and Markers for Quality Assurance in Micropropagation. (en línea) Cork. Ireland. Department of Plant Science, National University of Ireland. p. 24-27. Consultado 9 de mar. de 2010. Disponible en: http://www.actahort.org/books/530/530_22.htm

107. KANTETY, et al. 2002. Data mining for simple sequence repeats in expressed sequence tags from barley, maize, rice, sorghum and wheat. (en línea) Plant Mol Biol 48: 501-510. Netherlands. Consultado 9 de mar. de 2010. Disponible en: http://ddr.nal.usda.gov/bitstream/10113/26415/1/IND23282673.pdf

108. GUPTA, PK., RUSTGI, S., SHAMA, S., SINGH, R., KUMAR, N., BALYAN, HS. 2003. Transferable EST-SSR markers for the study of polymorphism and genetic diversity in bread wheat. (en línea) Mol Genet Genomics 270: 315-23. Consultado 13 de mar. de 2010. Disponible en: http://www.springerlink.com/content/4n1we1lmgdax7gll/

109. THIEL, T., MICHALEK, W., VARSHNEY, R., GRANER, A. 2003. Exploiting EST databases for the development and characterization of gene-derived SSR-markers in barley (***Hordeum vulgare*** L.). (en línea) Theor Appl Genet 106: 411-422. Consultado 19 de mar. de 2010. Disponible en: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12589540

110. WANG, J., MU, Q. 2003. Soap-HT-BLAST: high throughput BLAST based on Web services. (en línea) Bioinformatics 19: 1863-4. Michigan State University. USA. Consultado 25 de mar. de 2010. Disponible en:

http://ejournal.vudat.msu.edu/index.php/mmg445/article/viewPDFInterstitial/24/56

111. HAN, et al. 2004. Genetic mapping of EST derived microsatellites from the diploid Gossypum arboretum in allotetraploid cotton. (en línea) Mol. Gen. 272, 308-327. Consultado 29 de mar. de 2010. Disponible en: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15368122

112. JORDANA, et al, s.f. Los microsatélites (STR´s), marcadores moleculares de ADN por excelencia para programas de conservación: una revisión. (en línea) Facultad de Ciencias Veterinarias. Venezuela. Consultado 11 de mar. de 2010. Disponible en: microsatélites.http://www.uam.es/personal_pdi/ciencias/gpepe/g_forense/glosario_de_terminos_geneticos.pdf

113. ----------. 2010. GeneBank. NCBI. National Center for Biotechnology Information. (en línea). Consultado 9 de sep. de 2010. Disponible en: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/)

114. PÉREZ, et al. 2005. Development of EST-SSR markers by data mining in three species of shrimp: Litopenaeus vannamei, L. stylirostris and Trachypenaeus birdy. Ecuador. CENAIM. Marine Biotechnology.

115. GONZALEZ, C. Reacción en cadena de la polimerasa (PCR). (en línea) Consultado 1 de abr. de 2010. Disponible en: http://www.botanica.cnba.uba.ar/Pakete/Dibulgeneral/PCR/PCR.htm

116. FERNÁNDEZ, et al. S.f. Comprobación de colonias transformantes mediante PCR y electroforesis. (en línea) Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Campus Universitario de Rabanales. Argentina. Consultado 1 de

abr. de 2010. Disponible en: http://www.botanica.cnba.uba.ar/Pakete/Dibulgeneral/PCR/PCR.htm (http://www.uco.es/organiza/departamentos/bioquimica-biol-mol/pdfs/41%20COMPROBACI%C3%93N%20COLONIAS%20TRANSFORMANTES%20PCR.pdf)

117. McPHERSON J., HAMES D., TAYLOR R. 1995. PCR a practical Aproach. IRL Press at Oxford University Press in Oxford, New York. 253p**.**

118. NEWTON, C., 1995. PCR. Essential Data. Ed. Wiley. UK. 216p

119. BERKELMAN, T., STENSTEDT, T. 1998. 2-D Electrophoresis using immobilized pH gradients. Principles & methods. (en línea) Amersham Pharmacia Biotech Inc. Consultado 1 de abr. de 2010. Disponible en: http://genomics10.bu.edu/jtullai/proteomics_resources/2D-Principles-2nd_edition.PDF

120. MERINO, C; DE LA JARA, GÓMEZ, B. Unidad Didáctica XII: Separaciones difusionales, Extraccion, Cromatografía y Electroforesis.; "Operaciones Básicas de Laboratorio"- New York. Mc Graw Hill. 200p

121. GALVAN, et al. s.f. Comprobación de colonias transformantes mediante PCR y electroforesis. (en línea) Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Campus Universitario de Rabanales. Argentina. Consultado 18 de may. de 2010. Disponible en: http://www.uco.es/organiza/departamentos/bioquimica-biol-mol/pdfs/41%20COMPROBACI%C3%93N%20COLONIAS%20TRANSFORMANTES%20PCR.pdf

122. LOMONTE, B. s.f. Electroforesis en Gel de Poliacrilamida. Inmunologia General. Manual de Laboratorio. (en línea). Consultado 13 de may. de 2010. Disponible en:: http://www.icp.ucr.ac.cr/nuevo/pdf/electroforesis.pdf

123. ESCOBAR, J. 2003. Caracterización molecular de diez variedades de rosas usando los marcadores RAPD. Tesis de Ing. Agr. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 103p.

124. LEHNINGER, A.; NELSON, D.; COX, M. 1993. Principles of Biochemistry. 2nd edition. New York: Worth Publishers, Inc. p. 996-998.

125. HEIDCAMP, W. s.f. Biology Department, Gustavus Adolphus College, St. Peter. USA. Consultado 15 de may. de 2010. Disponible en:http://homepages.gac.edu/~cellab/chpts/chpt4/intro4.

126. ANDRARDE, R. 2005. Determinación de la Variabilidad Genética de Inchi (***Caryodendron orinocense*** Karsten). Tesis de Ingeniera Agrónoma. Quito. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 89p.

127. CHICAIZA, G. 2006. Estudio de la Variabilidad Genética de 50 entradas de Inchi ***(Caryodendron orinocense*** Karsten) Utilizando la Técnica Molecular AFLP. Tesis de Ing. Agr. Quito. Ecuador. Universidad Central del Ecuador. 67p.

128. JORRÍN & ALCONADA. s.f. Electroforesis desnaturalizante en geles de poliacrilamida. Análisis de proteínas de hojas de Arabidopsis thaliana. Consultado 9 de may. de 2010. Disponible en: http://www.uco.es/organiza/departamentos/bioquimica-biol-mol/pdfs/16%20ELECTROFORESIS%20GELES%20PAA.pdf

129. GLICK, B., PASTERNAK, J. 1998. Molecular Biotechnology. Principles and Aplications of Recombinant ADN. Ed. ASM Press. Second Edition. Pg. 522-524.