

UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

E. A. P. DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

**Identificación de genes candidatos para la biosíntesis y
degradación de glucosinolatos mediante herramientas
bioinformáticas**

TESIS

para optar el título profesional de Biólogo con mención en Biología
Celular y Genética

AUTOR

Kelvin Huamaní Parado

Lima – Perú

2009

AGRADECIMIENTOS

Agradezco al Gobierno de Japón, que mediante el JICA (Japan International Cooperation Agency) me permitió participar en el curso de Agrobiotecnología II (2006). En la elaboración de la presente tesis, utilicé herramientas bioinformáticas aprendidas en el referido curso; además, me permitió aprender muchísimo acerca de las nuevas tendencias en la biotecnología agrícola, como también me permitió hacer muchos amigos. El HIC (Hyogo International Center), fue realmente un hogar muy acogedor, tanto para mí como y para otros becarios del JICA; agradezco a todo el personal del HIC, al “Furonto desu ko no hito tachi” (recepción), a la gente del “shokudo” (comedor) y a la coordinadora del curso de Agrobiotecnología: Shirahata san.

Agradezco a los profesores (“sensei tachi”) de la Facultad de Agricultura de la Universidad de Kobe; en especial al Dr Kengo Kanamaru, que me acogió en su laboratorio (Laboratorio de Bioquímica Funcional) y compartí momentos gratos junto con sus estudiantes: Nose san, Inagaki san, Okuyama san, Eri san, Emi san, Okamoto san, Okui san, Amao san y Suita san. Inagaki san, Nose san, y Amao san fueron mis grandes maestros respecto a la utilización de las herramientas bioinformáticas utilizadas en la presente tesis: Sokan, Perl, y Pajek.

Agradezco también a mi madre, que me ha brindado su apoyo económico y moral en todo momento, lo que jamás podré compensar. A mi padre, que desde el cielo ha sido un guía para afrontar a la adversidad.

Asimismo de manera muy especial a la profesora Margarita Velásquez, mi asesora de tesis, quien hizo una revisión detallada de la tesis, me hizo las correcciones pertinentes y en un tiempo prudencial.

ABREVIATURAS

AGI	Arabidopsis. Genome Initiative
BAC	Bacterial Artificial Chromosome
BGAL	Beta Galactosidase
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool
GBP	Glucosinolate Biosynthetic Process
GBP-F	Glucosinolate Biosynthesis From Phenylalanine
GBP-M	Glucosinolate Biosynthesis From Homomethionine
GBP-W	Glucosinolate Biosynthesis From Tryptophan
GCP	Glucosinolate Catabolic Process
GH	Glycoside Hidrolase
GUS	Genomics Unified Schema-Beta Glucoronidase gene reporter System
IAOx	Indol-3 acetaldoxima
IGBP	Indole Glucosinolate Biosynthetic Process
MBP	Mirosinase Binding Protein
NCBI	National Center for Biotechnology Information
OxPD	Oxidoreductase activity, acting on Paired Donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors
OxSD	Oxidoreductase activity, acting on Single Donors with incorporation of molecular oxygen, incorporation of two atoms of oxygen
QTL	Quantitative Trait Loci
RGBP	Regulation of Glucosinolate Biosynthetic Process
TAIR	The Arabidopsis Information Resource

ÍNDICE

RESUMEN.....	3
I. INTRODUCCIÓN.....	5
II. ANTECEDENTES	6
II.1. Arabidopsis thaliana, como planta modelo de estudio.....	6
II.2. Glucosinolatos.....	7
II.2.1. Importancia de los glucosinolatos.....	8
II.2.2. Bioquímica de los glucosinolatos.....	8
II.2.2.2. Formación de la estructura básica de glucosinolatos.....	10
II.2.2.2.1. Conversión de aminoácidos a aldoximas.....	11
II.2.2.2.2. Conversión de aldoximas a ácido tiohidroxímico.....	12
II.2.2.2.3. Conversión de ácidos tiohidroxímicos a glucosinolatos.....	15
II.2.2.3. Modificación en la estructura de los glucosinolatos.....	15
II.2.2.4. Regulación en la síntesis de glucosinolatos.....	16
II.2.2.4.1. Productos de hidrólisis	19
II.2.2.4.2. Fisiología y Bioquímica de las mirosinasas.....	19
II.2.3. Relación evolutiva de los glucosinolatos con los glucósidos cianogénicos.....	21
II.3. Bioinformática: un conjunto de herramientas para el estudio de las Ciencias Biológicas.....	22
II. 3.1. Programas utilizados en la presente investigación.....	24
II.3.1.1. Sokan.	24
II.3.1.2. Perl.	24
II.3.1.3. Pajek.	24
II.3.1.4. Editor Sakura.	25
II.3.1.5. Primer3.....	25
II.3.1.6. BLAST (Basic Local Alignment Search Tool).....	25
II.3.2. Tecnología microarray.....	26
II.3.3. Sistema affimetrix.....	27
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	29
III.1. Diagrama de la bioquímica de los glucosinolatos.....	29
III.2. Búsqueda de genes en el TAIR.....	29
III.3. Obtención de datos microarray.....	32
III.4. Análisis de correlación AA y AB entre listas de genes para cada etapa del proceso de síntesis y degradación de glucosinolatos.....	35
III.5. Alineamiento BLAST y diseño de iniciadores de anclaje en zonas conservadas.....	37
IV. RESULTADOS.....	37
IV.1. Correlación entre los niveles de expresión de genes involucrados en la síntesis de la estructura básica de los glucosinolatos (Core structure biosynthesis).....	39

IV.2. Degradación de los glucosinolatos.....	41
IV.3. Relación entre distintas etapas del metabolismo: Biosíntesis de la Estructura Básica - Degradación de los Glucosinolatos.....	43
IV.4. Iniciadores para posibles genes reguladores y de importancia en el metabolismo de glucosinolatos.....	44
V. DISCUSIÓN.....	48
VI. CONCLUSIONES.....	50
VII. RECOMENDACIONES.....	51
VIII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	52
IX. WEBGRAFÍA.....	64
X. ANEXOS.....	65

RESUMEN

Los glucosinolatos son compuestos cianogénicos naturales que se degradan por la acción de tioglucosidasas endógenas (mirosinasas) para dar lugar a isotiocianatos, tiocianatos y nitrilos; muchos de ellos han captado la atención por sus diversas propiedades biológicas, entre otras, como agentes preventores del cáncer, biopesticidas, antiafrodisiacos. Luego del secuenciamiento del genoma de *Arabidopsis*, se ha elucidado mejor la ruta de biosíntesis de los glucosinolatos, identificándose los primeros reguladores de la ruta, estudios de su función, así como relaciones evolutivas entre rutas parecidas. A fin de identificar genes con posible efecto regulador en el metabolismo de glucosinolatos, se realizó un análisis de correlación entre todos los datos de expresión de genes disponibles de la base de datos NASCarrays(<http://affymetrix.Arabidopsis.info/narrays/help/helpindex.html>). Para ello se consideró las 3 etapas del proceso de biosíntesis de los glucosinolatos: elongación de la cadena de aminoácidos, biosíntesis de la estructura de los glucosinolatos y modificación en la estructura de los mismos; además, como una cuarta etapa se consideró a la degradación de la estructura de los glucosinolatos. En el análisis de correlación entre genes de cada etapa, y entre genes de dos etapas (en todas las combinaciones posibles), se consideró el coeficiente de correlación de Pearson $r = 0,8$, como valor mínimo, empleando los programas Sokan, Perl y Pajek. Se obtuvo resultados significativos en 3 análisis de correlación: biosíntesis, degradación y la correlación entre ambas. En la biosíntesis de los glucosinolatos, se encontró un cluster de correlación que incluye a 4 genes considerados para la síntesis de homometionina, además 2 genes no documentados previamente para este proceso: el del factor de transcripción Myb28 (At5g61420) y el de la aminotransferasa 4 (At3g19710); la elevada correlación (0,932) de este último con el CYP83A1 (At4g13770) indica que las respectivas enzimas estarían formando un complejo, y que la referida aminotransferasa podría ser la encargada de ligar un aminoácido de cisteína a la forma oxidada de aldoxima resultante de la acción de CYP83A1. En la degradación de los glucosinolatos, se encontró un cluster de 8 genes, donde el gen de una oxidorreductasa (At5g54000) está correlacionado con los demás genes, lo cual sugiere un cierto nivel de control en la expresión génica,

asimismo se encontró otros clusters: de 4, 3 y 2 genes. En la correlación entre la expresión de genes para la biosíntesis y la degradación de glucosinolatos, se encontró que CYP79C2 (At1g58260), variante de una función desconocida de la enzima que inicia la biosíntesis de glucosinolatos, se correlaciona con una β -galactosidasa (At4g38590) y una giberelina 2-oxidasa (At2g34555); las que, a su vez, se correlacionan entre sí. Se sugiere que la CYP79C2 participaría en el metabolismo de las giberelinas.

Estos posibles genes involucrados en el control de la biosíntesis y degradación de los glucosinolatos, constituyen una base para la identificación de los respectivos genes ortólogos en cultivos que acumulan glucosinolatos, como la “mashua” (*Tropaeolum tuberosum* R&P). Por tanto, se han diseñado iniciadores específicos para regiones conservadas de los genes de *Arabidopsis* involucrados en el metabolismo de los glucosinolatos; con lo que se pretende, en un futuro trabajo y mediante la tecnología de la PCR inversa, encontrar la secuencia completa de los respectivos genes ortólogos en especies que acumulan glucosinolatos.

Palabras Claves: Análisis de correlación, Microarrays de *Arabidopsis*, Bioquímica de Glucosinolatos, Bioinformática.

ABSTRACT

Glucosinolates are natural cyanogenic compounds that are broken down by the action of endogenous thioglucosidases (myrosinases) to produce isothiocyanates, thiocyanate, and nitriles; many of them call the attention to researchers by diverse biological properties, such as cancer preventing, biopesticides, anti-aphrodisiacs. After the sequencing of Arabidopsis genome was completed, the glucosinolates biosynthetic process has been better elucidated, identifying the first regulators of the pathway, function research, and also the evolution relationship between similar pathways.

With the aim to identify genes that works as regulator in glucosinolates metabolism, a correlation analysis among all concerning available genes expression from the database NASCarrays (<http://affymetrix.Arabidopsis.info/narrays/help/helpindex.html>) was done. Thus, the three steps for glucosinolates biosynthesis were considered: amino acid chain elongation, biosynthesis of core structure, modification of glucosinolate structure, and also degradation of glucosinolate structure.

In the correlation analysis between genes from both different steps and inside one step (considering all the possible combinations, a Pearson correlation coefficient (cut off= 0.8) was considered, by using the softwares Sokan, Perl, and Pajek. Three-correlation analysis produced results: biosynthesis, degradation and the correlation among them. In the glucosinolate biosynthesis, a cluster correlation that includes 4 genes considered for the homomethionin synthesis, and also 2 genes not previously documented for this process: the transcription factor Myb28(At5g61420) and the aminotransferase4 (At3g19710); the high correlation (0.932) of the last with the CYP83A1(At4g13770) says that the respective enzymes would make a complex, and the referred aminotransferase would work linking one cysteine amino acid to oxidize state of aldoxime, that result of the action of CYP83A1.

In glucosinolate degradation, a 8 genes cluster was found, in which the oxidoreductase gene(At5g54000) is correlated with all the remaining genes, that

suggest there would be sort of control in the gene expression; and also, another 4,3, and 2 genes cluster were found. In the correlation between gene expression for biosynthesis and degradation of glucosinolates, it was found that CYP79C2 (At1g58260), unknown function variant of the enzyme that starts the biosynthesis of glucosinolates, which correlates with a beta galactosidase (At4g38590) and one gibberellin 2-oxidase (At2g34555); they correlate each other as well. It is suggested that CYP79C2 would work in the metabolism of gibberellins.

These possible genes involved in the control of the biosynthesis and degradation of glucosinolates, constitute one baseline for the identification of the respective orthologous genes in cultures that accumulate glucosinolates, such as Andean “Mashua” (*Tropaeolum tuberosum* R&P). Therefore, specific primers were designed for the conserved regions of *Arabidopsis* genes involved in the glucosinolate metabolism; then, a future work, based on inverse PCR technology, it would be possible to find out the complete sequence of the respective orthologous genes in species that accumulate glucosinolates.

Keywords : Correlation analysis, *Arabidopsis* Microarrays, Biochemistry of Glucosinolates, Bioinformatics.

I. INTRODUCCIÓN

Los glucosinolatos son productos aniónicos naturales, ricos en azufre, que por hidrólisis mediante tioglucosidasas endógenas, denominadas mirosinasas, resultan en diferentes moléculas: isotiocianatos, tiocianatos y nitrilos (Halkier *et al.*, 2006). Constituyen un grupo de metabolitos secundarios característico del orden Capparales, encontrado principalmente en la familia Brassicaceae (Rask *et al.*, 2000), en el brócoli, nabo, coliflor, en el cultivo andino de mashua (*Tropaeolum tuberosum*), en la maca (*Lepidium meyenii*) y en la planta modelo *Arabidopsis thaliana*. Frente al daño del tejido de las plantas, los glucosinolatos son rápidamente hidrolizados para resultar en productos de degradación biológicamente activos (isotiocianatos, tiocianatos y nitrilos).

La función de estos productos de degradación, en las plantas, son en defensa contra hongos e insectos (Fenwick *et al.*, 1983, Chew *et al.*, 1988) y también sirven como atrayentes de algunos insectos consumidores especialistas en Brassicaceas (Stadler, 1978). Los productos de degradación presentan tanto efectos tóxicos como efectos protectores en los animales superiores, incluido el hombre (Fenwick *et al.*, 1983). La actividad anticarcinogénica ha sido bastante documentada por estudios farmacológicos de algunos productos de degradación de glucosinolatos; por ejemplo sulforafan, un producto de degradación del 4-metilsulfinilglucosinolato encontrado en los repollos de brócoli (Zhang *et al.*, 1992).

Hace aproximadamente 30 años, los glucosinolatos tuvieron un impacto muy importante en la agricultura; específicamente en la colza, cultivares de *Brassica napus*, *B. rapa* y *B. juncea* como cultivos aceiteros en las áreas templadas y subtropicales del mundo. Estas especies presentan glucosinolatos en todos sus tejidos, sin embargo, los programas de mejoramiento han reducido drásticamente su contenido en las semillas, a fin de incrementar el contenido de proteínas en el “seed cake” (el residuo que resulta después de triturar y exprimir las semillas para obtener aceite), y poder ser vendido como suplemento alimenticio de animales (Halkier *et al.*, 2006).

La biosíntesis de los glucosinolatos se divide en tres fases. En la primera, algunos aminoácidos alifáticos y aromáticos son alargados por la inserción de grupos metileno dentro de sus cadenas laterales. En la segunda, las moléculas de aminoácidos, elongados o no, son reconfigurados para dar lugar a la forma básica

de los glucosinolatos. En la tercera fase, los glucosinolatos inicialmente formados son modificados por varias transformaciones secundarias (Mithen *et al.*, 2001; Halkier *et al.*, 2006).

De acuerdo a la información bibliográfica, se identificó a los genes que intervienen en cada uno de los referidos procesos (incluyendo la modificación en la cadena de glucosinolatos).

En el modelo biológico de *Arabidopsis*, con miras a encontrar los respectivos genes ortólogos en especies que acumulan glucosinolatos, se construyó clusters de correlación a fin de identificar genes (reguladores o estructurales) importantes, para la síntesis y degradación de glucosinolatos, en el metabolismo de *Arabidopsis thaliana*.

Se han identificado regiones conservadas en los extremos de cada posible gen regulador; de manera que, se tendrá garantía de que los iniciadores diseñados amplifiquen realmente genes ortólogos en las especies que acumulan glucosinolatos. Asimismo, se han diseñado iniciadores para una porción de los posibles genes reguladores de la biosíntesis y degradación de glucosinolatos, en *Arabidopsis*, los que podrían utilizarse para encontrar los respectivos genes ortólogos, en futuros trabajos.

II. ANTECEDENTES

II.1. *Arabidopsis thaliana*, como planta modelo de estudio

Arabidopsis es una planta pequeña de la familia de las Brassicaceae, que carece de importancia como cultivo, pero es tremendamente importante como planta modelo en el desarrollo de las ciencias biológicas; debido a que reúne ciertas características que lo catalogaron como tal: 1) su genoma es el mejor caracterizado entre las plantas; 2) dispone de recursos y herramientas de genética reversa y sentido mas comprensibles; 3) la comunidad internacional de investigación que usa esas herramientas y recursos está entre las más activas y cooperativas; 4) la solución de la mayoría de problemas en la biología de plantas, tanto básica como aplicada,

puede ser lograda rápidamente, y a bajo costo, mediante *Arabidopsis* (MASC, 2005).

A finales del año 2000 se ha completado la secuenciación del genoma de *Arabidopsis*, gracias al proyecto AGI (*Arabidopsis* Genome Identification). Con lo que, a partir del año 2001, se dio inicio a esfuerzos multinacionales que resultaron en la formación de la *Multinational Arabidopsis Steering Committee* (MASC); la cual busca determinar la función de cada gen de *Arabidopsis* y obtener un conocimiento detallado de los procesos moleculares involucrados en el desarrollo, metabolismo e interacción con el ambiente de las plantas con flor.

Si bien es cierto, que muchos rasgos fenotípicos caracterizan a las especies de vegetales, las diferencias entre los genomas son menores. Así, la vasta información genética de *Arabidopsis* constituye un punto de partida para los estudios genéticos en plantas superiores. Por ejemplo, la detección a gran escala de elementos cis (elementos regulatorios) entre *A. thaliana* y *Brassica oleracea*, que emplea tanto la co-expresión como la conservación de secuencias (Haberer *et al.*, 2006); puede ser aplicable a otras especies. Recientemente, en la página de “The *Arabidopsis* Information Resource” (<http://www.Arabidopsis.org>) se dispone del “Vista plots”, que es una herramienta que permite hacer análisis de genómica comparativa.

Los cambios genéticos que permiten la especiación, y que comprenden mutaciones puntuales, deleciones e inversiones; se dan básicamente en cualquier lugar del genoma. Si dichos cambios afectan a regiones de importancia vital, es muy probable que el individuo resulte inviable. De este modo, la selección permite la ocurrencia de regiones genómicas conservadas, que por lo general son secuencias codificantes. En la presente tesis, se asume que las secuencias nucleotídicas que codifican para las enzimas que participan en la síntesis y degradación de los glucosinolatos son muy semejantes tanto en *Arabidopsis* como en cultivos que acumulan glucosinolatos.

II.2. Glucosinolatos

Los glucosinolatos son compuestos cianogénicos naturales que se encuentra en las plantas, especialmente en el orden Capparales; y que, mediante hidrólisis, dan lugar a isotiocianatos, tiocianatos y nitrilos. Dicha hidrólisis es producida por las tioglucosidasas o mirosinasas.

II.2.1. Importancia de los glucosinolatos.

Los productos de degradación de los glucosinolatos se han caracterizado por múltiples propiedades biológicas, muchas de ellas bastante importantes para la humanidad. En la década pasada, algunos glucosinolatos han sido identificados como potentes preventores del cáncer en un rango de modelos animales; debido a la habilidad de ciertos productos de hidrólisis para inducir a las enzimas de la fase II de detoxificación, tales como la quinona reductasa, glutathion-S-transferasa y glucoronosil transferasa (Holst & Williamson, 2004; Hemm *et al.*, 2003). El sulforafan, isotiocianato derivado del 4-metil sulfinil glucosinolato, que se encuentra en el brócoli y en la coliflor, ha sido objeto de esos estudios (Zhang *et al.*, 1992). Es así que Lund (2003) reporta que el sulforafan y otros isotiocianatos podrían prevenir el crecimiento tumoral por el bloqueo del ciclo celular y promover la apoptosis. Asimismo, el sulforafan también es de uso potencial para el tratamiento de la gastritis causada por *Helicobacter pylori* y para el cáncer al estómago (Fahey *et al.*, 2002). Estos resultados han motivado a los investigadores incrementar el contenido de este producto a través del mejoramiento genético.

Los glucosinolatos, contenidos en los tejidos de las plantas, sufren degradación al provocarse una herida (que lo pone en contacto con la mirosinasa endógena); y brindan protección natural a la planta frente al ataque de plagas y enfermedades. Esta característica ha suscitado mucho interés por la posibilidad de desarrollar insecticidas orgánicos aplicables a muchos cultivos, así como también la posibilidad de transferir genes mayores para la síntesis de glucosinolatos a otros cultivos.

II.2.2. Bioquímica de los glucosinolatos

La biosíntesis de glucosinolatos puede ser dividida en tres fases: 1) algunos aminoácidos, aromáticos o alifáticos, son elongados por la inserción de grupos metileno en sus cadenas laterales; 2) la molécula de aminoácido por si misma, sea elongada o no, es metabólicamente reconfigurada para dar lugar a la estructura de glucosinolato; 3) el glucosinolato inicialmente formado es modificado por varias transformaciones secundarias (Mithen, 2001; Halkier *et al.*, 2006). Sin embargo, para los análisis de correlación llevados a cabo en la presente investigación, se

consideró, como una cuarta fase, el paso de la degradación de los glucosinolatos, el cual resulta en diversos productos: isotiocianatos, tiocianatos y nitrilos.

II.2.2.1. Elongación de la cadena

La secuencia de la elongación de la cadena de aminoácidos que participan en la biosíntesis de los glucosinolatos ha sido obtenida de estudios *in vivo*, de la demostración por actividad enzimática *in vitro* y del aislamiento de intermediarios claves (Halkier *et al.*, 2006). Las primeras evidencias de la ruta fueron reportadas a comienzos de la década del 60 (Chisholm & Wetter, 1964). En primer lugar, los aminoácidos alifáticos o aromáticos son desaminados para formar los correspondientes 2-oxo ácido (Figura 1a). En seguida, esta última molécula es condensada con un acetyl-CoA mediante la actividad de la isopropil malato sintasa, para formar 2 malato derivado (Figura 1b), que luego se isomeriza mediante 1,2-hidroxiomol, para formar el 3-malato derivado (Figura 1c). Curiosamente, los genes candidatos para el control de la elongación de la cadena son dos secuencias adyacentes con alta similaridad al de la referida enzima isopropil malato sintasa (Halkier *et al.*, 2006). A continuación, ocurre la oxidación y descarboxilación (Figura 1d), aquí se produce la pérdida del grupo carboxilo del aminoácido inicial, y da lugar a una molécula 2-oxo ácido elongada. Esta última puede entrar nuevamente al ciclo de elongación o, mediante transaminación, formar un aminoácido elongado (Figura 1e).

La primera información acerca de las bases genéticas de la elongación de la cadena viene de la identificación de un locus en *Arabidopsis* y *Brassica napus* que controla la longitud de la cadena de los glucosinolatos derivados de metionina (Magrath *et al.*, 1994). Este locus fue mapeado en *Arabidopsis* usando un cruce entre dos ecotipos, Columbia y Landsberg erecta, cuyos principales glucosinolatos son derivados de dihomometionina y homometionina respectivamente (Campos de Quiros *et al.*, 2000).

El mapeo a escala fina identificó a uno de los dos genes *MAMI* (Metil tio Alquil Malato sintasa) como responsable en el polimorfismo de la elongación de la cadena en Columbia y Landsberg erecta (Kroymann *et al.*, 2001).

El producto del gen *MAM1* lleva a cabo la reacción de condensación de sólo los primeros dos ciclos de elongación de la metionina (Textor *et al.*, 2004) (Figura 1b), lo cual sugiere que la segunda secuencia, denominada *MAM-L* (*MAM* like), podría

codificar la proteína para las actividades restantes. Asimismo, una línea MAM-L *knockout* fue recientemente reportada como carente de glucosinolatos de cadena larga derivados de metionina, pero ello fue restaurado después de una transformación con un gen funcional MAM-L (Field *et al.*, 2004). Recientemente, a este gen se le conoce como MAM3 y se ha comprobado que cataliza la formación de todos los glucosinolatos alifáticos (Textor *et al.*, 2007).

En un análisis de muchos ecotipos de *Arabidopsis* se reveló la presencia de un tercer gen MAM-L, designado como MAM2 en el mismo locus (Kroymann *et al.*, 2003). La mayoría de los ecotipos examinados poseen copias funcionales tanto de MAM1 o MAM2, pero no ambos. Una secuencia funcional MAM1 fue correlacionada con la acumulación de glucosinolatos que atraviesan dos rondas de elongación de la cadena, mientras que un gen funcional MAM2 fue correlacionado con la acumulación de glucosinolatos que atraviesan un solo ciclo de elongación (Halkier *et al.*, 2006).

II.2.2.2. Formación de la estructura básica de glucosinolatos

La biosíntesis de la estructura de glucosinolatos involucra intermediarios comunes en todos los glucosinolatos. El conocimiento de cómo los aminoácidos son convertidos en la estructura básica de los glucosinolatos se ha incrementado, a la par como la investigación ha avanzado desde los estudios tradicionales *in vivo* y la caracterización bioquímica de las actividades enzimáticas en los extractos de plantas; hacia la identificación y caracterización de los genes biosintéticos que codifican para las enzimas. La presencia de glucosinolatos en la planta modelo *Arabidopsis*, en gran medida ha facilitado el proceso. Los intermediarios en la ruta, desde los aminoácidos hacia la estructura básica incluyen N-hidroxi aminoácidos, aldoxinas, *aci* -nitro o componentes óxido de nitrilo (estos últimos son muy reactivos para ser aislados), S- alquil tiohidroximatos, ácido tiohidroxímico y desulfoglucosinolatos (Figura 1g-l). Los genes responsables para todos esos pasos, con excepción de la S-alquilación, han sido identificados a partir del año 2000, cuando se completó el secuenciamiento del genoma de *Arabidopsis*.

II.2.2.2.1. Conversión de aminoácidos a aldoximas

Las citocromo P450, que pertenecen a la familia CYP79, son responsables de catalizar la conversión de los aminoácidos a aldoximas (Wittstock & Halkier, 2002) (Figura 1g). La mayoría de los siete CYP79 en la ruta de los glucosinolatos, en *Arabidopsis*, fueron identificados mediante procedimientos de genómica funcional (Halkier *et al.*, 2002). Los trabajos se basaron en la similitud de las rutas biosintéticas de los glucosinolatos y glucósidos cianogénicos, otro grupo de productos naturales con aldoximas como intermediarios (Jones *et al.*, 2000). Los homólogos de CYP79, identificados en el proyecto genoma de *Arabidopsis*, fueron heterológamente expresados y caracterizados con respecto a la especificidad del sustrato (Halkier *et al.*, 2002).

La función de algunos genes CYP79 fue identificada mediante otras metodologías: Una búsqueda por cDNA que confiere resistencia al 5-fluoroindol (el precursor de un derivado de triptófano tóxico) permitió el aislamiento del CYP79B2 (Hull *et al.*, 2000), el que junto con el homólogo CYP79B3 catalizan la conversión de triptófano a indol-3-acetoaldoxima (IAOx) (Hull *et al.*, 2000). Un doble *knockout* *cyp79B2/cyp79B3* es completamente carente de indol glucosinolato (Zhao *et al.*, 2002), lo cual demuestra que no hay otra fuente de IAOx que contribuya de manera significativa a la biosíntesis de indol glucosinolato. De acuerdo a ello, la conversión de triptófano a IAOx, peroxidasa dependiente de unión a membrana plasmática (Ludwig-Muller *et al.*, 1990), e IAOx producidos de la ruta YUCCA (Zhao *et al.*, 2001), no están incluidos en la biosíntesis de glucosinolatos.

En procedimientos genéticos independientes, dos mutantes, *busby* (Reintanz *et al.*, 2001) y *supershoot* (Tantikanjana *et al.*, 2001), con algunas alteraciones morfológicas incluyendo algunos cientos de brotes axilares, fueron mostrados como CYP79F1. Esos mutantes carecen completamente de glucosinolatos alifáticos de cadena corta (Reintanz *et al.*, 2001). Basados en estos hallazgos, se ha sugerido que CYP79F1 metaboliza la cadena corta de los derivados de metionina (con uno a 4 grupos metileno adicionales), y que el homólogo CYP79F2, que es 88% idéntico a nivel de aminoácido, metaboliza los derivados de metionina de cadena larga (Reintanz *et al.*, 2001). Sin embargo, la caracterización bioquímica de CYP79F1 y CYP79F2, muestra que el CYP79F1 metaboliza mono a hexahomometionina, que resulta en glucosinolatos tanto de cadena corta como de cadena larga, mientras que

el CYP79F2 exclusivamente metaboliza penta y hexa-homometioninas (Chen *et al.*, 2003). Las especificidades del sustrato de CYP79F1 explica la ausencia de glucosinolatos alifáticos de cadena corta en un mutante *knockout* de CYP79F1: el nivel de glucosinolatos alifáticos de cadena corta no es afectado en un mutante *knockout* CYP79F2, mientras que el nivel de glucosinolatos alifáticos de cadena larga es sustancialmente reducido (Chen *et al.*, 2003). Los resultados enfatizan la importancia de la caracterización bioquímica de las proteínas, porque la asignación de funciones basada solamente en los datos genéticos, puede conducir a error.

II.2.2.2. Conversión de aldoximas a ácido tiohidroxímico

La enzima que metaboliza la aldoxina, CYP83B1 (Figura 1h), en la vía de los glucosinolatos de *Arabidopsis* ha sido identificada por varios investigadores (Delarue *et al.*, 1998; Barlier *et al.*, 2000; Bak *et al.*, 2001; Hansen *et al.*, 2001; Smolen & Bender, 2002). Los mutantes *knockout* de CYP83B1 tienen un fenotipo de alta auxina característico. La caracterización bioquímica de CYP83B1 y su homólogo CYP83A1, muestra que las aldoxinas alifáticas son principalmente metabolizadas por CYP83A1 (Naur *et al.*, 2003), mientras que las aldoxinas aromáticas, derivadas del triptófano, fenilalanina y tirosina, son metabolizadas por ambas enzimas. CYP83B1 tiene mayor afinidad por las aldoxinas aromáticas que CYP83A1, particularmente por IAox, donde existe una diferencia de 50 veces el valor del *K_m* (Bak & Feyereisen, 2001), lo cual indica que CYP83A1 y CYP83B1 no son redundantes bajo las condiciones fisiológicas en la planta. Resulta interesante que un mutante *knockout cyp83A1* fue identificado, tanto de plantas que presentan fenilpropanoides alterados y/o que tengan niveles reducidos de algunos fenilpropanoides, tales como sinapoyl malato; lo que sugiere un enlace metabólico entre la síntesis de los glucosinolatos y el metabolismo de los fenilpropanoides (Hemm *et al.*, 2003).

Como era de esperarse, los mutantes *knockout cyp83A1* presentan niveles disminuidos de glucosinolatos alifáticos, pero también niveles incrementados de indol glucosinolatos, lo que puede ser consecuencia de la regulación positiva por parte de CYP79B2 y CYP79B3 en la planta metabólicamente estresada (Hansen *et al.*, 2001).

Los productos de degradación de las enzimas CYP83 vienen a ser componentes denominados aci-nitro u óxido de nitrilo; los cuales, a consecuencia de su alta inestabilidad, no se han logrado extraer. Sin embargo, *in vitro*, reaccionan con los donadores nucleofílicos S para formar S-alquil tiohidroximatos (Hansen *et al.*, 2001).

In vitro, los conjugados S- (hidroximoil)-1-l-cisteína rápidamente atraviesan una ciclización interna para producir 2-sustituidos tiazolina -4- ácido carboxílico. Esto sugiere que la siguiente enzima en la ruta (Figura 1i), la C-S liasa que cliva S-alquiltiohidroximato para producir el ácido tiohidroxímico, es fuertemente acoplada a la enzima donadora de S, que a su vez esta fuertemente enlazada a las enzimas CYP83, formando un complejo para llevar a cabo esta reacción de azufre, sin pérdida de intermediarios sulfurados reactivos hacia el medio. Una C-S liasa involucrada en la biosíntesis de glucosinolatos en *Arabidopsis* fue identificada por medios bioinformáticos (Mikkelsen *et al.*, 2004). La elucidación del metabolismo del mutante *knockout* mostró completa ausencia de glucosinolatos aromáticos y alifáticos. Esto no había sido previamente reportado en ningún mutante con la biosíntesis de glucosinolatos alterado, y sugiere que la C-S liasa constituye un único gen en la familia.

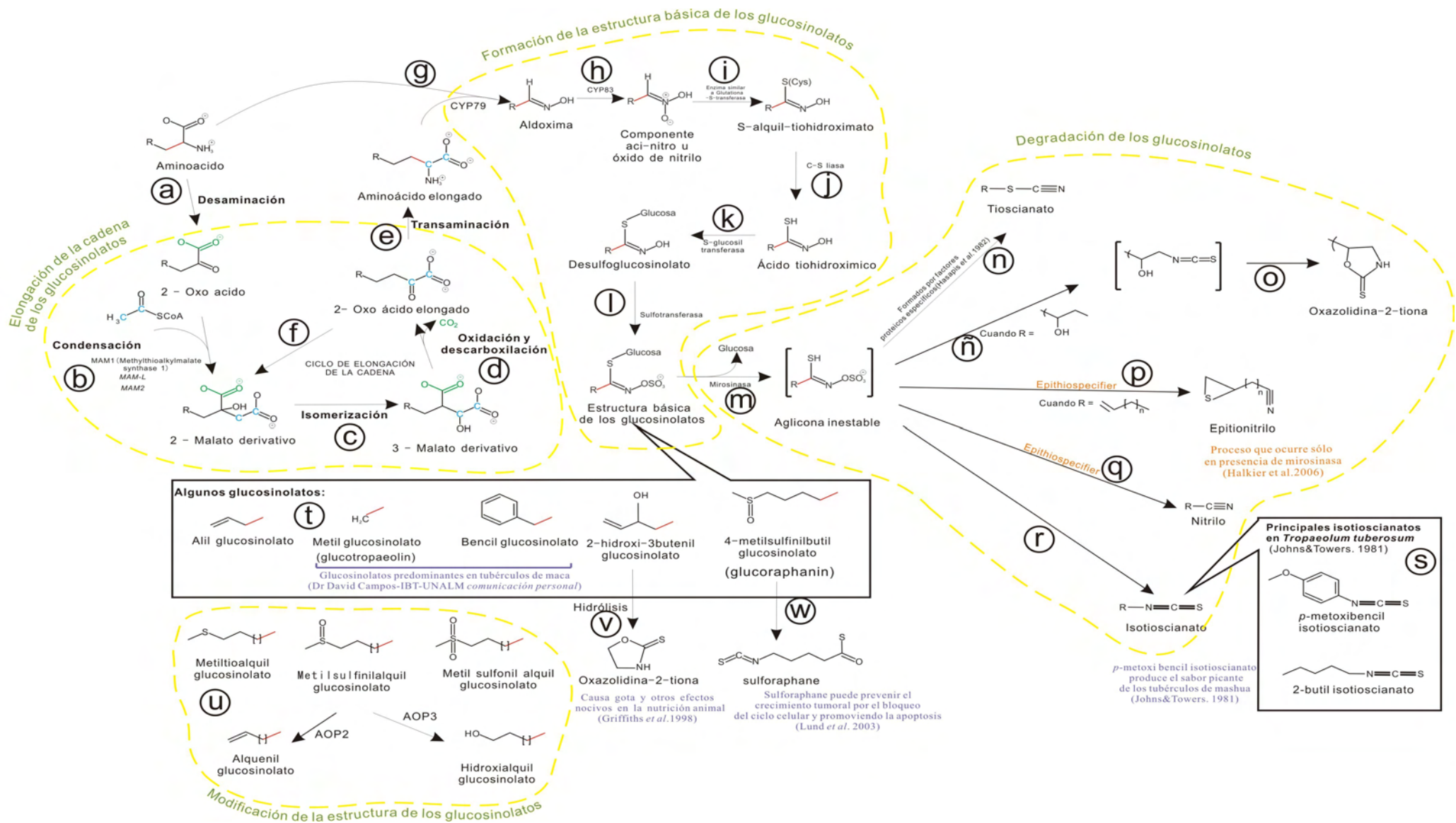


Figura 1.-Via metabólica de los glucosinolatos. Los pasos se indican en el texto (Elongación de la cadena, formación de la estructura básica, modificación de la estructura y degradación de los glucosinolatos).

II.2.2.2.3. Conversión de ácidos tiohidroxímicos a glucosinolatos

Un ácido tiohidroxímico UDP-glucosa S-glucosiltransferasa (Figura 1-l), UGT74B1 codificado por el gen At1g24100, que glucosila ácido fenilacetohidroxímico para producir el correspondiente desfosfogluco-sinolato, fue identificado en *Arabidopsis* basado en su homología a un ortólogo patentado de *Brassica napus* (Grubb *et al.*, 2004). Los mutantes *knockout* de UGT74B1 disminuyeron significativamente la producción de glucosinolatos, sin embargo hubo acumulación de dichos productos; lo que sugiere que existe una fuente alternativa de UGT en la ruta metabólica. El PAPS, desulfogluco-sinolato sulfotransferasa (Figura 1-l), AtST5a (codificado por At1g74100), que cataliza el último paso de la síntesis de la estructura básica fue recientemente identificado por “diferencial RNA display” de genes regulados por coronatina (Piotrowski *et al.*, 2004). La caracterización bioquímica de AtST5a y su homólogo cercano AtST5b (At1g74090) y AtST5c (At1g18590) muestra que AtST5a prefiere desulfogluco-sinolatos derivados de triptófano y fenilalanina, mientras que AtST5b y AtST5c desulfogluco-sinolatos de cadena larga (Piotrowski *et al.*, 2004).

II.2.2.3. Modificación en la estructura de los glucosinolatos

Las formas parentales de glucosinolatos inicialmente formadas, están sujetas a un amplio rango de modificaciones posteriores en el grupo R. Esas reacciones son tanto de interés biológico como bioquímico, debido a que influyen sobre la dirección de la hidrólisis de glucosinolatos y resultan en la actividad de los productos de hidrólisis. El grupo R de los glucosinolatos derivados de metionina y sus homólogos de cadena elongada, están especialmente sujetos a modificaciones posteriores (Figura 1-u); tales como la oxidación paso a paso del átomo de azufre en la cadena lateral del metiltioalquil conduciendo, sucesivamente, a las moléculas de metilsulfinilalquil y metilsulfonilalquil. Las cadenas laterales del metilsulfinilalquil pueden ser modificadas mediante clivajes oxidativos para lograr cadenas alquenal o hidroxialquil (Figura 1-u). Los loci genéticos que controlan esas conversiones han sido identificados en las especies de *Brassica* y *Arabidopsis*

(Parkin *et al.*, 1994; Mithen *et al.*, 1995; Giamoustaris *et al.*, 1996; Hall *et al.*, 2001).

En *Arabidopsis*, el mapeo usando líneas de híbridos recombinantes de cruces interecotipos implicaron un cluster de 3 genes en el control de la oxidación de la cadena lateral (Hall *et al.*, 2001; Kliebenstein *et al.*, 2001). Todos esos genes codifican dioxigenasas 2-oxo ácido dependientes, miembros de una larga familia de enzimas no membranosas, sin grupo hemo pero con hierro, que cataliza muchas reacciones de hidroxilación, epoxidación y desaturación del metabolismo de las plantas (Prescott & John, 1996). Por ello, dos de los clusters han sido funcionalmente caracterizados (Kliebenstein *et al.*, 2001a). El producto del gen *AOP2*, que es expresado sólo en los ecotipos que acumulan alquenil glucosinolatos, convierte el metilsulfinilalquil a alquenilglucosinolatos cuando es heterológamente expresado en *E. coli*. Por otro lado, el producto del gen *AOP3*, que es expresado solo en ecotipos que acumulan hidroxialquil glucosinolatos, convierten un metilsulfinilalquil a hidroxialquil glucosinolato (Figura 1-u). La diferencia en la actividad AOP entre los ecotipos son el resultado de las diferencias de la región promotora de *AOP2* y *AOP3* y una deleción en el marco de lectura del *AOP2*, que da lugar a una proteína trunca (Kliebenstein *et al.*, 2001a). Estudios de herencia y secuenciación de clones BAC, indican que analogos de clusters de genes dioxigenasa 2-oxoácido-dependiente están presentes en *Brassica oleracea*, que también controla la oxidación de la cadena lateral (Gao *et al.*, 2004; Li *et al.*, 2001). Poco se conoce acerca de las bases moleculares y bioquímicas de otras transformaciones secundarias, tales como la esterificación de los grupos hidroxilos libres por ácido benzoico, excepto que esas reacciones sigan la formación del esqueleto básico de los glucosinolatos (Graser *et al.*, 2001).

II.2.2.4. Regulación en la síntesis de glucosinolatos

En brasicáceas de importancia económica, algunas especies producen entre 30 y 40 glucosinolatos diferentes; en el que la forma alifática, derivada de homometionina, son las más diversas. El análisis de loci para caracteres cuantitativos (QTL) es una herramienta muy poderosa para el estudio de la variación cuantitativa y cualitativa en los perfiles de glucosinolatos. Mediante esta estrategia, se han identificado de 4 a 6 QTLs que controlan la concentración de

glucosinolatos en las semillas de *B. napus* (Toroser *et al.*, 1995; Uzunova *et al.*, 1995). En *Arabidopsis*, mediante un experimento de mapeo QTL en el que se empleó líneas híbridas de Landsberg *erecta* (Ler) X Cape Verde Islands, se ha identificado algunos QTLs que controlan la acumulación de glucosinolatos alifáticos, aromáticos e indoles, en hojas y semillas (Kliebenstein *et al.*, 2001a). En esas condiciones, sólo 6 QTLs determinan la acumulación de glucosinolatos alifáticos totales, dos de ellos son loci biosintéticos *GS-Elong* y *GS-AOP*, seis QTL controlan la totalidad de indol glucosinolatos, y tres loci regulan a los glucosinolatos menos dominantes. Cinco loci adicionales fueron específicos a los subgrupos de indol glucosinolatos. Con excepción del locus *GS-Elong*, que controla tanto los glucosinolatos alifáticos totales en la hoja, como los aromáticos totales en la semilla, no se encontró correlación entre los QTL para los diferentes tipos de glucosinolatos, lo que sugiere que las clases son independientemente reguladas (Kliebenstein *et al.*, 2001b).

El análisis QTL demuestra que un gran número de loci variable controla la acumulación de glucosinolatos. Aparte de *GS-Elong* y *GS-AOP*, ningún otro loci ha sido clonado y caracterizado. Sin embargo, el indol glucosinato que es controlado por el locus *DF119L* sobre el cromosoma V, se mapea en la vecindad al *ATRI*, el factor de transcripción *AtMyb34*, que ha sido identificado como un regulador (Bender & Fink, 1998).

El mutante *atr1D* posee una regulación del triptofano alterada (Altered Tryptophan Regulation) y causa una elevada expresión de genes para la síntesis de indol glucosinolatos: *CYP79B2*, *CYP79B3* y *CYP83B1*; y el gen biosintético del triptófano: *ASAI* (Bender & Fink, 1998). Los mutantes *atr1D* presentan elevados niveles de indol glucosinolatos; mientras que los mutantes *atr1* producen niveles muy reducidos de los referidos glucosinolatos. Lo cual implica que el ATR1 puede ser manipulado para coordinadamente controlar las enzimas que sintetizan los indol glucosinolatos.

El nivel y composición de los glucosinolatos en plantas refleja tanto factores ambientales como genéticos, desde que algunos glucosinolatos pueden estar constitutivamente presentes y otros pueden ser inducidos. La inducción de *CYP79*

específica se correlaciona con la acumulación de los respectivos glucosinolatos, indicando que esta regula a nivel transcripcional (Mikkelsen *et al.*, 2003).

Algunos estudios, donde emplean diferentes especies de plantas, han mostrado que el metil jasmonato y las heridas provocadas inducen indol glucosinolatos específicos (Mikkelsen *et al.*, 2003).

CYP79B2 y *CYP79B3* parecen tener diferentes funciones debido a que el primero es principalmente inducido durante la producción de camalexina (Glawischnig *et al.*, 2004); mientras que el segundo por el metil jasmonato (Brader *et al.*, 2001). El ácido salicílico, un inductor menos pronunciado, induce específicamente al 4-metoxi indol-3-metil glucosinolato en algunos ecotipos de *Arabidopsis* (Mikkelsen *et al.*, 2003). En las hojas de *B. napus*, el ácido salicílico incrementa los niveles totales de glucosinolatos; en donde el 2-fenil metil glucosinolato muestra el nivel mas alto de acumulación (Kiddle *et al.*, 1994).

El clonamiento y la caracterización de los genes relacionados con los QTL dará lugar a un mejor entendimiento de las bases moleculares y bioquímicas de los perfiles de glucosinolatos. Hirai y colaboradores integraron la metabolómica y la transcriptómica para elucidar las redes gen a gen y metabolitos a gen de *Arabidopsis* bajo condiciones deficientes de azufre (Hirai *et al.*, 2005). De acuerdo a ello, tres posibles genes para sulfotransferasa fueron identificados: At1g74100, At1g18590 y At1g74100; denominados *AtSOT16*, *AtSOT17* y *AtSOT18*, respectivamente; dentro del grupo de los genes clasificados para la biosíntesis de glucosinolatos. Este también fue el caso de At1g24100, el cual se había asumido que codifica para S-glucosiltransferasa involucrado en la biosíntesis de glucosinolatos (Petersen *et al.*, 2001).

II.2.2.5. Degradación de los glucosinolatos

La degradación de los glucosinolatos es activada frente al daño en la planta y resulta en una diversidad de isotiocianatos, tiocianatos y nitrilos. Comienza cuando la enzima tioglucósido glucohidrolasa (mirosinasa) rompe el enlace tioglucósido del glucosinolato, de donde se origina glucosa y una aglicona inestable (Bones &

Rossiter, 1996) (Figura 1-m). Dependiendo del tipo de cadena lateral de glucosinolato, se forman productos de hidrólisis específicos.

II.2.2.4.1. Productos de hidrólisis

Los productos de hidrólisis predominantes en muchas especies son los isotiocianatos (Figura 1-r), que son formados de una aglicona, mediante reconfiguración estructural en el que están involucrado iones de Fe^{2+} (Galletti *et al.*, 2001). Sin embargo, los factores proteicos pueden estar involucrados en la formación de nitrilo *in vivo*, como es el caso de la proteína epitiospecifier (ESP) (MacLeod & Rossiter, 1985) (Figura 1-p). En caso de que la cadena lateral de glucosinolatos tenga un doble enlace, ESP promueve la reacción del átomo de azufre del enlace tioglucósido con el doble enlace para formar un anillo tirano, originándose el epitionitrilo (Figura 1-p). El proceso ocurre sólo en presencia de mirosinasa; mientras que no se conoce si ESP posee habilidad catalítica por sí mismo. El reciente aislamiento de un gen de *Arabidopsis* que codifica un ESP mostró que esta proteína no sólo promueve la formación de epitionitros, sino también la formación de nitrilos simples a partir de una gran variedad de glucosinolatos (Lambrix *et al.*, 2001). Otros productos de la hidrólisis incluyen los tiocianatos, que están formados a partir de tres glucosinolatos: bencil, alil y 4 metil sulfinil butil glucosinolato; todos ellos forman cationes de cadenas laterales estable (Figura 1-t). Así como la formación de nitrilos, la producción de tiocianatos también está asociado con factores protéicos específicos (Hasapis & MacLeod, 1982) (Figura 1-n), que se desconoce hasta la fecha. Los productos de hidrólisis de los indol glucosinolatos son algo diferentes con respecto a otros tipos de glucosinolatos, debido a que los isotiocianatos recientemente formados son inestables a pH neutro o ligeramente ácidos, y subsecuentemente son convertidos en otros metabolitos, incluyendo indol metanoles, conjugados de ácido ascórbico y mezclas de oligómeros (Buskov *et al.*, 2000).

II.2.2.4.2. Fisiología y Bioquímica de las mirosinas

Los primeros productos de degradación de los glucosinolatos han sido objeto de muchas investigaciones a nivel molecular (Rask *et al.*, 2000). Como miembro de la

familia glucósido hidrolasa, las mirosinasas tienen una estructura tridimensional y propiedades como las de la O-glucosidasas (Burmeister *et al.*, 1997). La abundancia de los puentes de salinos, enlaces disulfuro, y puentes de hidrógeno aparentes en la estructura pueden promover la estabilidad en ambiente extracelular, en el cual las mirosinasas deben funcionar a raíz del daño en el tejido de la planta. Las mirosinasas también están fuertemente glucosidadas con carbohidratos, lo que contribuye hasta el 20% de su peso molecular. La glucosinación puede permitir la estabilidad de la proteína, como para proteger a la enzima de ser inactivada por productos de hidrólisis reactivos. La cristalografía de rayos X de la mirosinasa reveló un rol para el ascorbato como un cofactor esencial (Burmeister *et al.*, 2000). Este hallazgo tiene relación con muchas experiencias previas que indicaban el rol del ascorbato, a bajas concentraciones (mM), en la estimulación de la mirosinasa. Como el único grupo de β -tioglucosinolatos conocidos en la naturaleza, las mirosinasas usan sólo glucosinolatos como sustratos; sin tener actividad, *in vitro*, sobre los O-glucósidos y otros S-glucósidos. Sin embargo, entre los diferentes tipos de glucosinolatos, el rango de sus sustratos es variable. Por lo que muchas mirosinasas hidrolizan múltiples glucosinolatos (Chen & Halkier, 1999), algunos son altamente específicos (Bernardi *et al.*, 2003). En todas las plantas investigadas, las mirosinasas son codificadas por una familia de multigenes. En el caso de *Arabidopsis*, se tienen 4 genes que codifican mirosinasas funcionales (Xu *et al.*, 2004); mientras que en *B. napus* y *Sinapis alba* cada uno presenta 20 o más (Rask *et al.*, 2000), muchos de los cuales, tienen distintos patrones de expresión tejido-específico (Lenman *et al.*, 1993).

La ubicación celular y subcelular de las mirosinasas, ha sido una interrogante de prolongado interés en la investigación de los glucosinolatos; debido a que se supone que este sea una estrategia para evitar la reacción glucosinolato-mirosinasa dentro de la planta intacta, pero que permite el contacto y la activación frente al daño de la planta (Luthy & Matile, 1984).

Por más de 100 años, se ha reportado que las mirosinasas son localizadas en los idioplastos con alto contenido de proteína vacuolar, denominadas células mirosinas, que están dispersas en todos los órganos de las especies de Brassicaceae. Esto se confirma mediante métodos histológicos, inmunocitoquímicos, e

hibridización *in situ*; y más recientemente, a través del uso de líneas de *Arabidopsis* que contienen constructos GUS con los promotores de los genes de mirosinasa (Tierens *et al.*, 2001). De acuerdo a las últimas investigaciones, se ha encontrado mirosinasa en los idioblastos del parénquima floema de las hojas, tallos e inflorescencias (Andreasson *et al.*, 2001) y también en las células guardia (Husebye *et al.*, 2002). Cuando esos resultados fueron confrontados con el reciente reporte de que los glucosinolatos en los primordios florales de *Arabidopsis* se ubican en “células S”, situadas en la posición distal del floema (Koroleva *et al.*, 2000), sugirieron de que los glucosinolatos son segregados en estas especies en células separadas pero adyacentes. Sin embargo, la disposición puede ser diferente en otras especies debido a que, en las especies de *Brassica*, las células de mirosinasa están ampliamente distribuidas fuera del sistema vacuolar.

Los extractos de plantas que contienen mirosinasas poseen un número de otras proteínas que coprecipitan como anticuerpos para mirosinasa, que se conocen como Proteínas de unión a la mirosinasa (*Mirosinase Binding Proteins*) o Proteínas asociadas a la mirosinasa (*Mirosinase Associated Proteins*) (Rask *et al.*, 2000). Muchas de esas proteínas son producidas por el daño ocasionado por insectos (Pontoppidan *et al.*, 2005), pero su relación con la hidrólisis de los glucosinolatos es desconocida.

II.2.3. Relación evolutiva de los glucosinolatos con los glucósidos cianogénicos

Los glucósidos cianogénicos son ampliamente distribuidos en el Reino Plantae, habiéndose encontrado en helechos y gimnospermas, así como en angiospermas. Los glucosinolatos son evolutivamente más recientes y se muestran sólo en el orden Caprales y un extra grupo (*outgroup*), el género *Drypetes* de las Euphorbiaceae. Debido a que ambos productos son derivados de aminoácidos y tienen aldoxinas como intermediarios; se ha planteado la hipótesis que los glucosinolatos se desarrollaron basados en su predisposición para hacer glucósidos cianogénicos. Esta teoría fue sostenida por la demostración que los homólogos de CYP79 catalizan la conversión de aminoácidos en ambas vías. Consistente con las relaciones evolutivas entre las rutas metabólicas de los glucósidos cianogénicos y

glucosinolatos, las enzimas que metabolizan las aldoxinas pertenecen a la misma familia CYP, como CYP71E1 metaboliza *p*-hidroxifenilacetaldoxima en la biosíntesis de los glucósidos cianogénicos en *Sorghum bicolor* (Bak *et al.*, 1998), y las enzimas CYP 83, que debería ser asignado a la familia CYP71 basado en la homología de secuencias, metaboliza aldoxinas en la vía de los glucosinolatos (Hansen *et al.*, 2001). En contraste a la familia CYP79 de aminoácido *N*-hidroxilasa, la familia CYP71 representa citocromo P450 con actividades enzimáticas muy diversas, solo alguno de ellos están involucrados en el metabolismo de las aldoximas. Un posible escenario para la evolución de los glucosinolatos es que una mutación en las enzimas aldoximetabolizadoras, en la vía cianogénica, resultó en la producción de un componente tóxico en lugar del esperado hidroxinitrilo, del cual la planta subsecuentemente tuvo que protegerse (Hansen *et al.*, 2001). Desde esta perspectiva, las enzimas postaldoximas de la vía de los glucosinolatos pueden ser vistas como enzimas reclutadas de los procesos de detoxificación para metabolizar componente aci-nitro u óxido de nitrilo. Consistente con esta hipótesis, ambas glucosiltransferasas y sulfottransferasas representan mecanismos de detoxificación ampliamente usados en la naturaleza.

II.3. Bioinformática: un conjunto de herramientas para el estudio de las Ciencias Biológicas

La bioinformática, un área de revisión actual, con frecuencia es definida como la aplicación de las técnicas computacionales para entender y organizar la información asociada con las macromoléculas biológicas. Esta unión inesperada entre los dos sujetos es ampliamente atribuida al hecho de que la vida, en si misma, es una tecnología de información; la fisiología de un organismo está ampliamente determinada por sus genes, y en su forma más básica, puede verse como una información digital (Luscombe *et al.*, 2001).

La creciente información de macromoléculas biológicas, que provienen de experimentos llevados a cabo en todo el mundo, se almacena, en forma digital, en las bases de datos mundiales; para el caso de secuencias nucleotídicas, se tiene la International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC,

<http://www.insdc.org/page.php?page=home>), que fue desarrollada y mantenida colaborativamente entre la DNA Bank of Japan (DDBJ, <http://www.ddbj.nig.ac.jp/>), European Molecular Biology Laboratory (EMBL, <http://www.ebi.ac.uk/embl/>) y el Genbank de Estados Unidos (National Center for Biotechnology Information-NCBI, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), por más de 18 años. Dichas bases de datos comparten más de 61 millones de secuencias entre al menos 240, 000 nombres de organismos; donde cada 18 meses se duplica la cantidad de información (Benson *et al.*, 2006).

Asimismo, los esfuerzos colaborativos han permitido secuenciar genomas completos de virus, bacterias, plantas, e incluso de la especie humana. Contar con genoma totalmente secuenciado de un organismo es un gran avance; por cuanto puede procederse con la identificación de los genes, estudiar su funciones, y los distintos niveles de interacción entre ellos. Este conocimiento permitiría controlar la expresión génica en un sistema biológico, al igual que lo hacemos con un sistema informático.

La inmensa cantidad de información generada en las investigaciones, así como la disponibilidad de las primeras herramientas computacionales, ha resultado en el desarrollo de una inmensa cantidad de herramientas computacionales (*software*) en todo el mundo.

Mediante el uso de comandos (u órdenes) basado en un lenguaje de programación, dentro de un programa, pueden crearse aplicaciones (o programas) que permiten llevar a cabo una o múltiples tareas. De hecho, los programas que conocemos como el MS Office, Corel Draw, Messenger, entre otros; han sido creados bajo un lenguaje de programación.

Existen muchos lenguajes, algunos más amigables que otros, pero los usados con frecuencia en las Ciencias Biológicas son el Perl, Phyton, R, entre otros.

II. 3.1. Programas utilizados en la presente investigación

II.3.1.1. Sokan.

Es un programa creado en lenguaje Java J2SE, por el *Kazuza DNA Research Institute* del Japón el año 2005. Permite calcular análisis de correlación entre los valores de expresión de genes (*signal values*), editados en MS Excel, con la generación de un archivo de correlación en formato de texto. El programa tiene la opción para seleccionar el coeficiente de correlación mínimo o máximo (*cut off*).

El programa no está disponible en internet, y fue amablemente facilitado por Dr Kengo Kanamaru Facultad de Agricultura de la Universidad de Kobe-Japón.

II.3.1.2. Perl.

Es un lenguaje de programación de alto nivel, de múltiple aplicación y muy dinámico. Fue originalmente desarrollado por Larry Wall, un lingüista que trabajaba como administrador de sistemas para la NASA en 1987, como un lenguaje de propósito general para procesar los reportes de manera más fácil (<http://en.wikipedia.org/wiki/Perl>) . Desde esa fecha, se ha hecho muchos cambios y revisiones, hasta llegar a ser un programa muy popular entre los programadores. Perl toma elementos de otros lenguajes de programación: C, shell, AWK, sed y Lisp.

En diciembre del 2007 fue el 20vo aniversario de Perl 1.0; y a la vez fue liberado Perl 5.10.0, el cual incluye muchas mejoras, entre ellas *swith statements* (denominado “dado/cuando”), expresiones regulares, actualizaciones, el *smart match operator*, entre otros (<http://en.wikipedia.org/wiki/Perl>).

II.3.1.3. Pajek.

Este es un programa para MS windonws que interpreta gráficamente las redes grandes, a partir de archivos *Network*. En el idioma eslovaco, la palabra *Pajek* significa araña. La última versión del programa puede ser obtenido en : <http://vlado.fmf.uni-lj.si/pub/networks/pajek/>. El desarrollo de Pajek se comenzó en 1996. Pajek fue implementado en lenguaje de programación Delphi (Pascal); disponible desde la página : <http://www.thefreecountry.com/compilers/pascal.shtm>.

La principal motivación para la construcción de Pajek fue la existencia de varias fuentes de redes grandes, que ya estaban en una forma leible por la máquina. El programa debía proveer de herramientas para el análisis y visualización de tales redes: redes de colaboración, moléculas orgánicas en química, redes de interacción protenina-receptor, genealogías, redes de internet, redes de citas bibliográficas, redes de difusión (SIDA, noticias, innovaciones), *data mining*, etc..

II.3.1.4. Editor Sakura.

Es un editor de texto Japonés para MS Windows. Requiere de MS windows Japonés Windows 95/98/NT/XP/Vista. La mayoría de los caracteres de doble bite no se muestran apropiadamente en versiones de MS Windows de otros lenguajes. El editor puede obtenerse en <http://sakura-editor.sourceforge.net/>

II.3.1.5. Primer3.

El Primer 3 es una aplicación que permite diseñar iniciadores a partir de una secuencia nucleotídica. El programa permite seleccionar, previamente, varias opciones en forma de rango: Temperatura de *melting*, longitud de los iniciadores, posiciones de anclaje. EL programa puede accederse desde <http://frodo.wi.mit.edu/>

II.3.1.6. BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*).

Es un programa informático de local de secuencias, el cual puede ser DNA o de proteínas. El programa es capaz de comparar una secuencia problema (también denominada secuencia *query*) contra una gran cantidad de secuencias que se encuentren en una base de datos. El algoritmo encuentra las secuencias de la base de datos que tienen mayor parecido a la secuencia problema. Es importante mencionar que BLAST usa un algoritmo heurístico por lo que no nos puede garantizar que ha encontrado la solución correcta. Sin embargo, BLAST es capaz de calcular la significación de sus resultados, nos provee de un parámetro para juzgar los resultados que se obtienen. Puede accederse a este programa mediante los sitios de los 3 grupos que conforman el INSDC: Genbank

(<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), EMBL(<http://www.ebi.ac.uk/Tools/blast/>), DDBJ (<http://blast.ddbj.nig.ac.jp/top-j.html>).

II.3.2. Tecnología microarray.

La tecnología microarray permite medir los niveles de expresión de miles de genes al mismo tiempo a partir de una muestra de mRNA proveniente de un tejido, y/o células libres. El microarray de DNA consiste en pequeños soportes sólidos en el cual las secuencias de miles de genes diferentes son inmobilizados o fijadas en posiciones específicas. Los soportes en si mismo son laminillas de vidrio; aunque también puede ser láminas de silicona y fibras de nylon. En un experimento típico, parte del organismo es congelado y extraído el RNA para ser colocados en los referidos “chips”(Figura 2).

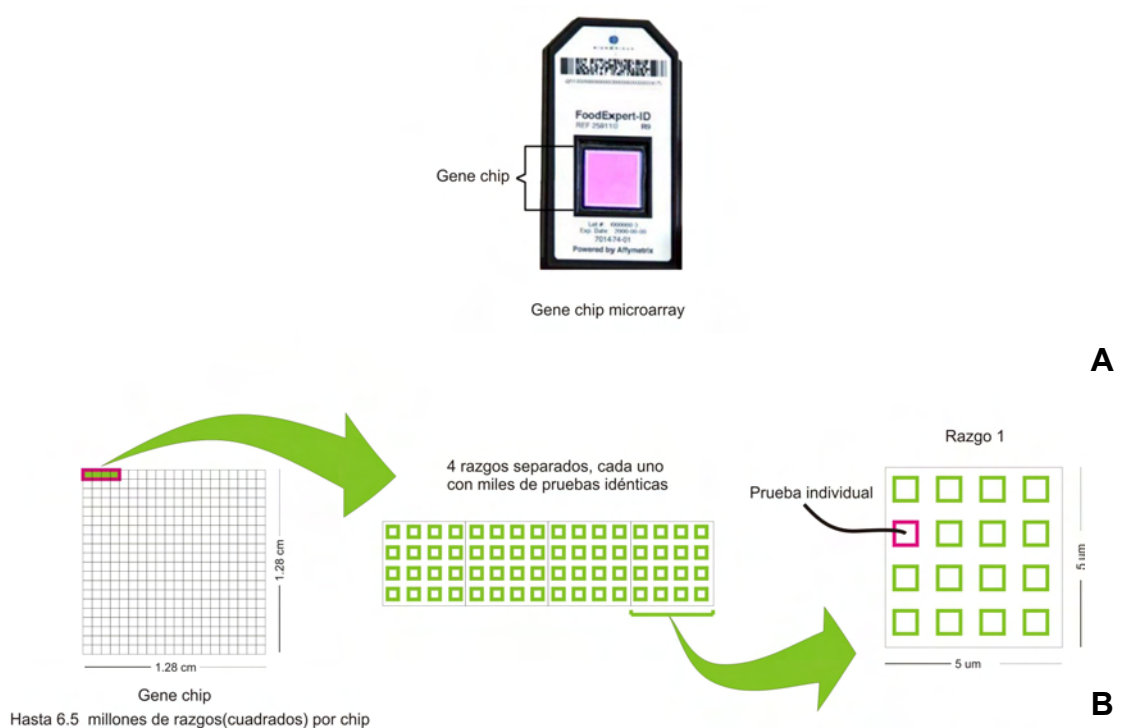


Figura 2.- (A) Chip microarray, en la parte rosada se encuentran las pruebas para 8200 genes. (B) las que, para permitir su visibilidad, se presenta el diagrama para 400 genes; sin embargo, las medidas mostradas si son reales.

El RNAm correspondiente a un gen dado, reacciona positivamente con el respectivo oligonucleótido complementario; el cual se ubica en una celda

específica del chip. El nivel de esta asociación se refleja mediante la intensidad de color que se genera en la respectiva celda.

Las intensidades de color de una prueba microarray son escaneadas y leídas por un programa de computadora; el cual puede ser convertido en valores de expresión (*signal values*).

II.3.3. Sistema affimetrix

El sistema affimetrix es una plataforma de microarray confeccionado por la Corporación Affimetrix. El sistema consiste en láminas (*gene chips*), que son producidas en un único proceso. Esto resulta en puntos cuadrados, lo que se denomina oligonucleótidos sintetizados *in situ* (*oligos*). En un chip Affimetrix, existen algunos oligonucleótidos por gen; estos están diseñados para hibridizarse a varias partes del mRNA para el respectivo gen (*perfect match oligos*). También existen lo que son conocidos como "*mismatch oligos*"; que son prácticamente lo mismo que los "*perfect match oligos*", con la excepción de que existe diferencia en una base. Mediante el uso de algoritmos, que comparan las intensidades de un chip control (*mismatch oligos*) con el chip de tratamiento (*perfect match oligos*) se encuentran los valores de expresión (*signal values*), que muestran la intensidad de expresión de 8200 genes al mismo tiempo. Los valores de expresión son medidas cuantitativas calculadas para cada set de prueba (*probe set*) (oligonucleótidos complementarios a varias regiones de RNA para un determinado gen en un chip microarray); el cual representa el nivel relativo de la expresión de un transcripto (experimento con respecto al nivel básico de expresión). Son calculados mediante el estimado de Tukey Biweight en un paso, que lo hace prácticamente insensible a los valores extremos que posiblemente incluyen error (*outliers*), incluso si son extremos.

Para cada gen representado en el chip, existe una serie de pares de prueba (el número varía dependiendo del tipo de chip). Un par de prueba se ancla en el terminal 3' del transcripto de mRNA (Figura 3).

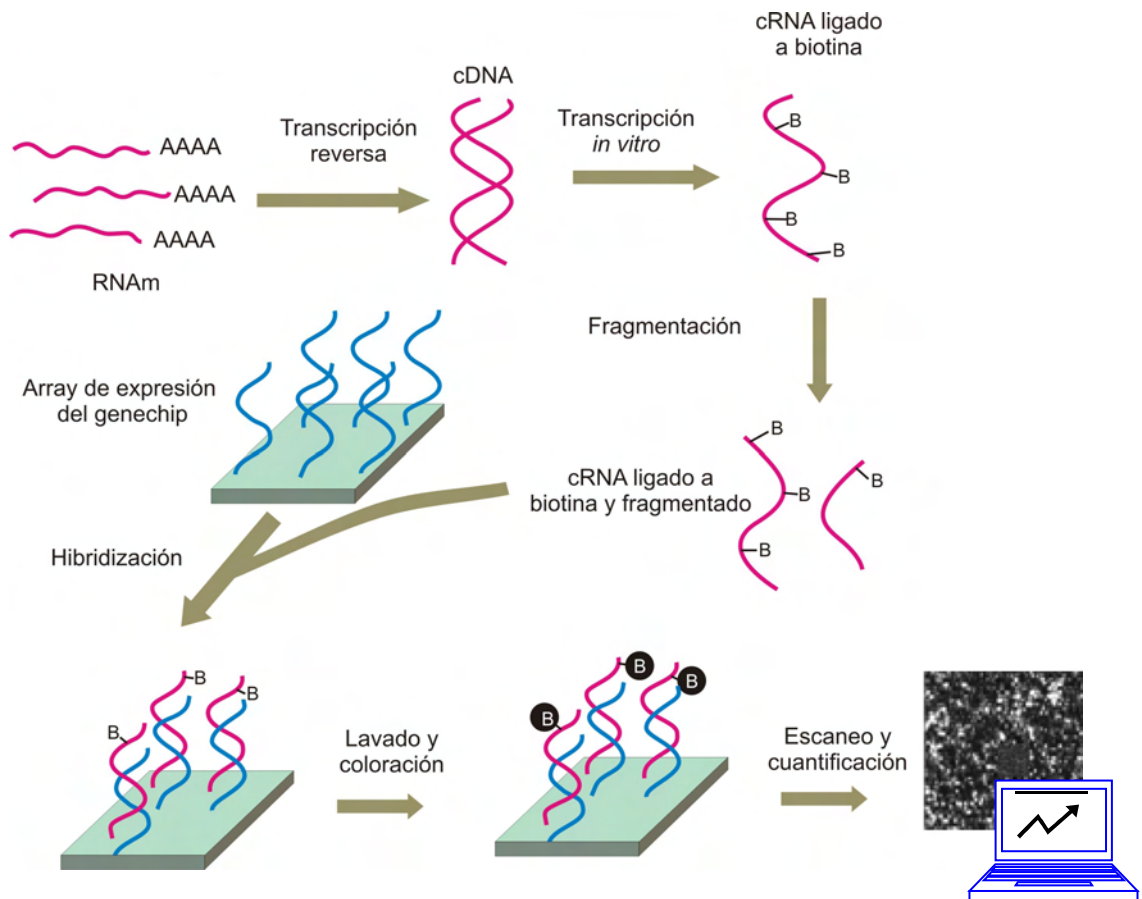


Figura 3.- Pasos para la obtención de datos microarray: El RNA es extraído de un determinado tejido es retrotranscrito para formar el DNA complementario (cDNA), el cual se emplea para la transcripción *in vitro*. Los transcritos (cRNA) son ligados a biotina y fragmentados, para ser colocados en el array de expresión del gene chip, el cual tiene oligonucleótidos complementario a varias porciones de un mRNA (probe set). De acuerdo a la cantidad de cRNAs que son ligados a los pares de prueba, se presenta una diferente intensidad de oscuridad, que puede ser cuantificado por intensidad; el cual se interpreta como nivel de expresión del gen.

El sistema Affimetrix es conocido como la coloración en un paso, que se diferencia de otros microarrays, que son dos o más colores. Los chips para los análisis de expresión de genes de todo el genoma de *Arabidopsis* contiene 8200 genes, que todavía no son todos los genes de la especie.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

III.1. Diagrama de la bioquímica de los glucosinolatos

En base a la información bibliográfica, se ha procedido a diagramar la ruta bioquímica de los glucosinolatos; la que básicamente comprende 3 pasos (Halkier *et al.*, 2006): Elongación de la cadena de los aminoácidos, biosíntesis de la estructura básica (*Core Structure Biosynthesis*) y la degradación de los glucosinolatos, al que fue incluido el paso de la modificación en la estructura de los mismos.

Se hizo una búsqueda por los números de acceso (código AGI, por ej At1g26000), en la página web del TAIR (The *Arabidopsis* Information Resource. <http://www.Arabidopsis.org>), por los referidos genes. De donde se pudo encontrar, además, otros genes relacionados; para cada uno de los pasos de la ruta bioquímica de los glucosinolatos. Asimismo, se contó con la información del “AraCyc Metabolic Pathways” del TAIR a fin de incluir genes en cada una de las referidas etapas.

Debido a la existencia de abundante información bibliográfica referente a la bioquímica de los glucosinolatos, se procedió a diagramar las rutas bioquímicas empleando el programa de diseño CoreDRAW X3; con la finalidad de facilitar el entendimiento y la difusión.

III.2. Búsqueda de genes en el TAIR

Empleando la herramienta Seq Viewer del TAIR (<http://www.Arabidopsis.org/servlets/sv>) se procedió a buscar los respectivos códigos AGI. Se encontró genes relacionados al usar frases claves como: “Glucosinolate Biosynthetic Process”. De esta búsqueda se tomó todos los genes. Un ejemplo detallado se muestra a continuación (Figura 4).

Se trata de la búsqueda del código AGI para MAM1 (Metiltioalquil malato sintasa1), que lleva a cabo la reacción de condensación en el ciclo de elongación de

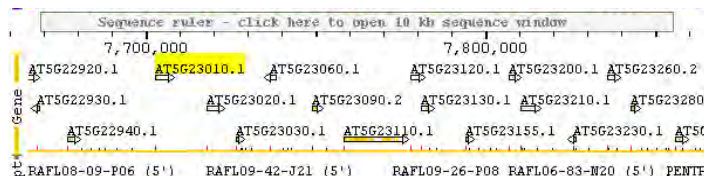
la cadena de los glucosinolatos. De acuerdo a las opciones de búsqueda, se requiere colocar un asterisco seguido del nombre del gen, en este caso MAM1; de modo que no sea entendido como un código AGI (Figura 4 A).

En la figura 4 B, haciendo clic sobre dicho código, se muestra una ventana con información referente al gen; además, en la parte de anotaciones, se tiene un enlace en la columna “keywords”, que son procesos bioquímicos relacionados. Uno de ellos es el de “glucosinolate biosynthetic process”.

De todos esos genes se ha tomado los códigos de acceso para efectos de hacer los respectivos análisis de correlación de la expresión de los genes.

<http://www.Arabidopsis.org/servlets/>

A



B

C

D

Figura 4.- (A) Herramienta del TAIR (Seq Viewer Whole Genome View), que permite ubicar genes en el genoma de *Arabidopsis thaliana*. (B) Ubicación del gen correspondiente, que se simboliza con su código AGI (At5g23010 como ejemplo). (C) Información que se muestra al hacer click en el gen At5g23010. (D) Dentro de ello, en “data associated to this term” se tiene 21 genes y 24 anotaciones; mientras que en “data associated to children’s terms” (genes que tienen un comportamiento entre parentales y progenie), se tiene 5 genes y 5 anotaciones.

Los genes fueron agrupados por las palabras claves y por etapas de síntesis y degradación de los glucosinolatos. Se han mantenido las palabras claves en inglés, a fin de evitar múltiples interpretaciones que dificultarían el acceso a través de la página web del TAIR.

El catalogar a los genes dentro de cada etapa no pretende ser determinante; en la naturaleza existen genes que participan en múltiples rutas metabólicas. La finalidad es ordenarlos, de alguna manera, en base a la información bibliográfica, y la que se puede encontrar en la base de datos del TAIR.

Se hizo el análisis de correlación de genes dentro de cada una de las 4 etapas de síntesis y degradación de los glucosinolatos; asimismo, se llevó a cabo los análisis entre etapas.

III.3. Obtención de datos microarray

Empleando la lista de los genes seleccionados (205 genes) se procedió con la obtención de datos de expresión (Affimetrix data) de *Arabidopsis thaliana*, a partir de la página web NASCAccays

(<http://affymetrix.Arabidopsis.info/narrays/help/helpindex.html>). Mediante la opción “Bulk Gene Download” se descargó los respectivos datos de expresión de genes. Sólo se consideró los datos de expresión de 172 genes en los análisis de correlación (Figura 5), debido a que en los restantes 33 genes aún no se ha desarrollado pruebas en el chip de microarray.

NASCArrays [start again](#), [selection](#), [spot history](#), [gene browser](#), [lwd gene scatterplot](#), [digital norther](#), [bulk gene download](#), [tutorial](#), [help](#), [Affymetrix site](#), [NASCA home](#)

NASCArrays Help

Welcome to the help pages. These pages contain detailed descriptions on all of the various features of NASCArrays. They are laid out as roughly one page per feature, and aim to describe:

1. What that feature is for
2. How that feature can be used
3. How that feature performs any calculations it uses

There are also pages that describe this website and the Affymetrix system in general.

A

Gene bulk download

This page allows you to submit up to 300 AGI codes and download related data from all the experiments in the database.

Type or paste into the box below all of the AGI codes you wish to download. Put each code on a new line. After pressing submit, you will be taken to the standard download page.

Paste your list of AGI codes here

```

AT1G02400
AT1G04350
AT1G04380
AT1G06570
AT1G06620
AT1G06640

```

B

Figura 5.- Descarga de datos de expresión de los genes de *A. thaliana* seleccionados del NASCArrays. Esta manera de descarga permite obtener todos los experimentos existentes hasta la fecha, donde se incluya los genes de la lista, que en este caso son 205. (A) Página web NASCArray (<http://affymetrix.arabidopsis.info/narrays/help/helpindex.html>); donde se indica, mediante un círculo rojo, la opción de búsqueda “Gene Bulk Download”; la cual nos conduce a (B) la referida opción de búsqueda. En ella, puede colocarse una lista de genes de los que se requiere datos de expresión.

La opción de descarga fue sólo valores de expresión (previamente conocido como “para agrupamiento”), anotación básica (sólo nombres de genes), y formato CSV (delimitado por comas). El archivo CSV fue editado en MS Excel, lo cual consistió en dejar sólo los valores de expresión, los códigos AGI de los genes, y los nombres para cada prueba.

	A	B	C	D
1	>Glucosinolate genes			
2	>AGI code	Viz cay-Barre	Viz cay-Barre	Viz cay-Barre
3	AT1 G02400	66,2	27,2	31,8
4	AT1 G04350	92,9	94,6	141,1
5	AT1 G04380	16,1	13,9	15,3
6	AT1 G06570	103,9	234,6	300,5
7	AT1 G06620	39,8	40,3	26,7
8	AT1 G06640	50	29,1	27,6

Figura 6.- Distribución de los datos de expresión de los genes en formato Excel. En la columna “A” se tiene los códigos AGI para cada gen, en la fila “2” se tiene los diferentes nombres de las pruebas microarray. Es muy importante colocar el símbolo “>” para indicar que se trata de un título, como se tiene en las celdas “A1” y “A2”.



Figura 7.- Obtención del archivo de correlación mediante el programa Sokan. El archivo descargado del NASCArray tiene formato CSV, que fue editado mediante Excel (Figura 6). El programa Sokan, empleando la opción de corte (*cut off*) al nivel de correlación de 0.8, produjo el archivo de correlación “OUT (ge 0.8)Glucosinolate”; el cual fue colocado dentro del archivo del programa Perl, para llevar a cabo las correlaciones entre listas de genes dentro y entre etapas del proceso de síntesis y degradación de los glucosinolatos.

Luego de que el archivo de los datos de expresión de los genes fuera editado como se indica en la figura 6, se guardó una copia en formato de texto delimitado por tabulaciones; con la finalidad que sea compatible con el programa Sokan, el cual fue empleado para obtener un archivo de correlación a partir de los datos de expresión.

III.4. Análisis de correlación AA y AB entre listas de genes para cada etapa del proceso de síntesis y degradación de glucosinolatos

Dentro de la carpeta del programa Perl, se colocó 4 archivos de texto; que corresponden a los genes de las etapas del proceso de síntesis y degradación de los glucosinolatos. Además, se colocó el archivo de correlación de los genes “OUT (ge 0.8)Glucosinolate”, como se indica en la (Figura 7 y 8).

Se trabajó con el ícono multi AA-AB del Perl, de manera como se indica en la figura 8. El cual resulta en archivos “AA” y “AB”. Los archivos “AA” corresponden a la correlación entre genes dentro de una etapa de biosíntesis o degradación de los glucosinolatos. Los archivos “AB” corresponden a correlaciones entre genes de dos etapas.

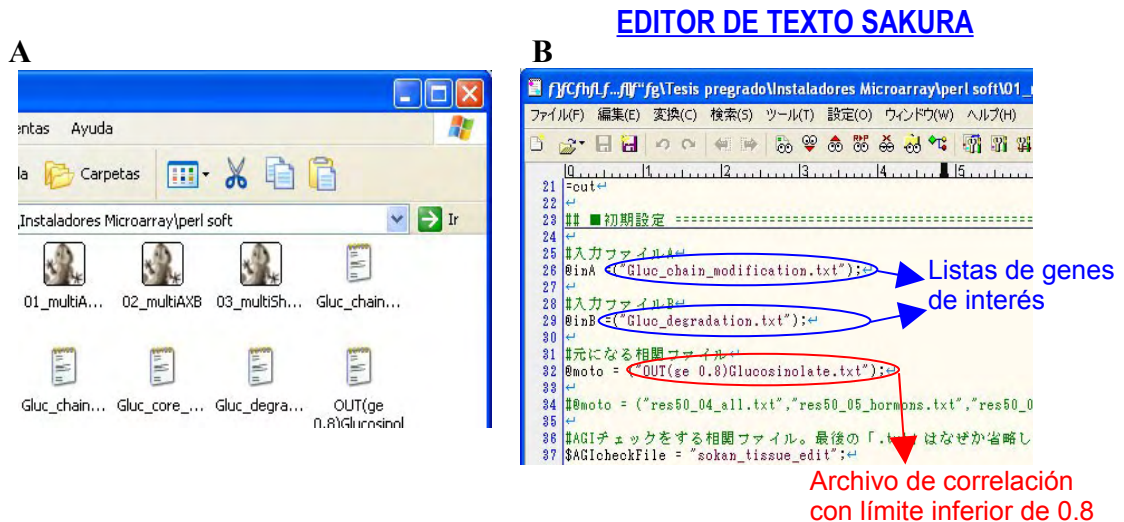


Figura 8.- Proceso de una aplicación del programa Perl para llevar a cabo las correlaciones “AA” y “AB”. **(A)** se tiene 4 archivos de texto que contienen listas de genes que corresponden a etapas del proceso de biosíntesis y degradación de los glucosinolatos (Gluc_chain_elongation, Gluc_chain_modification, Gluc_core_structure y Gluc_chain_degradation). Un quinto archivo de texto, en la misma carpeta, corresponde al archivo de correlación de los genes (producido por el programa Sokan). Si arrastramos el ícono multi AA-AB del Perl, sobre el editor de textos Sakura **(B)**, podemos ver que puede especificarse el nombre del archivo (“A” o “B”); además del archivo de correlación.

Cada vez que se cambió la lista de genes, mediante el editor Sakura, se hizo doble click sobre el ícono multi AA-AB del Perl, con el fin de ejecutar el programa. En la figura 8, se tiene la lista de genes “Gluc_chain_modification.txt” en la entrada “A” (@inA); mientras que “Gluc_degradation.txt” en la entrada “B” (@inB). En la entrada @moto, se tiene el archivo de correlación “OUT (ge 0.8)Glucosinolate.txt”, obtenido mediante el uso del programa Sokan. Así, la ejecución del programa Perl, mediante el ícono “multi AA-AB”, produjo los archivos:

- AA.(Gluc_chain_modification).OUT (ge 0.8)Glucosinolate.
- AB.(Gluc_chain_modification-Gluc_degradation).OUT(ge 0.8)Glucosinolate.

De esta manera, se obtuvo un tipo de archivo “AA” (Gluc_chain_modification) y un tipo de archivo “AB” (Gluc_chain_modification-Gluc_chain_degradation). Con 4 listas de genes, “Gluc_chain_elongation”, “Gluc_core_structure”, “Gluc_chain_modification” y “Gluc_degradation”; pueden generarse 4 archivos

“AA” y 6 archivos “AB”. No hay diferencias con respecto al orden en los archivos “AB”.

Los archivos de texto “AA” y “AB” fueron transformados en archivos “network” mediante el uso del programa txt2pajek, de modo que pueda ser leído por el programa Pajek. En el programa Pajek, mediante la opción “draw partition”, se graficó las respectivas correlaciones.

III.5. Alineamiento BLAST y diseño de iniciadores de anclaje en zonas conservadas

Se hizo un alineamiento BLASTn (nucleotide-Basic Local Alingment Search Tool) empleando las secuencias de los genes involucrados en la biosíntesis de los glucosinolatos (obtenidos de la base de datos TAIR); dicha herramienta se encuentra en la base de datos del NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Dentro del BLASTn, se procedió con la selección de la base de datos “Nucleotide Collection” (nr/nc) (non redundant), y optimizado por “Highly Similar Sequences” (Megaglast). Basado en el resultado del alineamiento BLAST, se han identificado dos regiones conservadas por gen; a fin de diseñar los iniciadores “Forward” y “Reverse” que se anclen en dichas regiones.

IV. RESULTADOS

Los análisis de correlación entre las 3 etapas de la biosíntesis de los glucosinolatos, entre los genes de la degradación de los glucosinolatos (archivos “AA”), así como de las diferentes combinaciones entre ellas (archivos “AB”), resultó en lo siguiente: De los 4 archivos “AA”, sólo 2 fueron significativos “Gluc_core_structure” y “Gluc_chain_degradation” ; por presentar clusters con coeficiente de correlación mayor o igual a 0,8. De la misma manera, de los 6 archivos “AB” sólo uno fue significativo “Gluc_core_structure-Gluc_chain_degradation”.

De modo que se diagramaron las correlaciones que tienen que ver con la síntesis de la estructura básica (Core structure biosynthesis), degradación de los glucosinolatos y la correlación entre ambas etapas.

La mayoría de los genes considerados para los análisis de correlación, han sido ubicados en la etapa de degradación de los glucosinolatos (176 genes) seguido de la etapa de formación del “core structure” de los glucosinolatos, con 35 genes (Tabla 1A).

Tabla 1.- A).Número de genes distribuidos por palabra clave y por etapas de síntesis y degradación de los glucosinolatos. B). Genes considerados en más de una etapa simultáneamente.

A

Palabra clave	Etapas de síntesis y degradación de los glucosinolatos			
	Elongación de la cadena	Formación del core structure	Modificación de la cadena	Degradación
GBP	2 / 2 / 0	8 / 8 / 1	3 / 3 / 0	3 / 3 / 0
IGBP	----	2 / 2 / 0	----	----
GBP-M	----	10 / 8 / 4	----	----
GBP-W	----	6 / 6 / 1	----	----
GBP-F	----	6 / 6 / 2	----	----
RGBP	----	2 / 2 / 1	----	----
GCP	----	----	1 / 0 / 0	5 / 3 / 0
OxPD	----	3 / 3 / 0	3 / 3 / 0	51 / 44 / 10
OxSD	----	1 / 1 / 0	1 / 1 / 0	3 / 3 / 0
BGAL	----	----	----	17 / 16 / 5
GH	----	----	----	48 / 38 / 5
MBP	----	----	----	4 / 1 / 0
Otros	----	8 / 6 / 0	----	49 / 43 / 10
	2 / 2 / 0	35 / 31 / 6	4 / 3 / 0	176 / 147 / 30

B

Elongación de la cadena	Formación del core structure	Modificación de la cadena	Degradación
At5g23010	At5g23010		
At5g23020	At5g23020		
		At5g26000	At5g26000
	At1g06640		At1g06640
	At1g06650		At1g06650
	At1g06620		At1g06620
	At4g03050	At4g03050	At4g03050
	At4g03060	At4g03060	At4g03060
	At4g03070	At4g03070	At4g03070

En la tabla 1A, dentro de cada celda, el primer número indica el número total de genes para la respectiva categoría, el segundo indica el número total de genes con pruebas microarray disponibles, el tercero indica el número de genes que fue

graficado por el análisis de correlación de Pearson. Las líneas punteadas indican que no ha sido considerado ningún gen en la respectiva etapa y palabra clave.

IV.1. Correlación entre los niveles de expresión de genes involucrados en la síntesis de la estructura básica de los glucosinolatos (Core structure biosynthesis)

Se encontró clusters de correlación, con coeficiente mayor o igual a 0,8, dentro de los genes que fueron incluidos en la etapa de formación de la estructura básica de los glucosinolatos, degradación de los glucosinolatos y en la relación “AB” entre ambos; no habiéndose encontrado clusters en otros análisis.

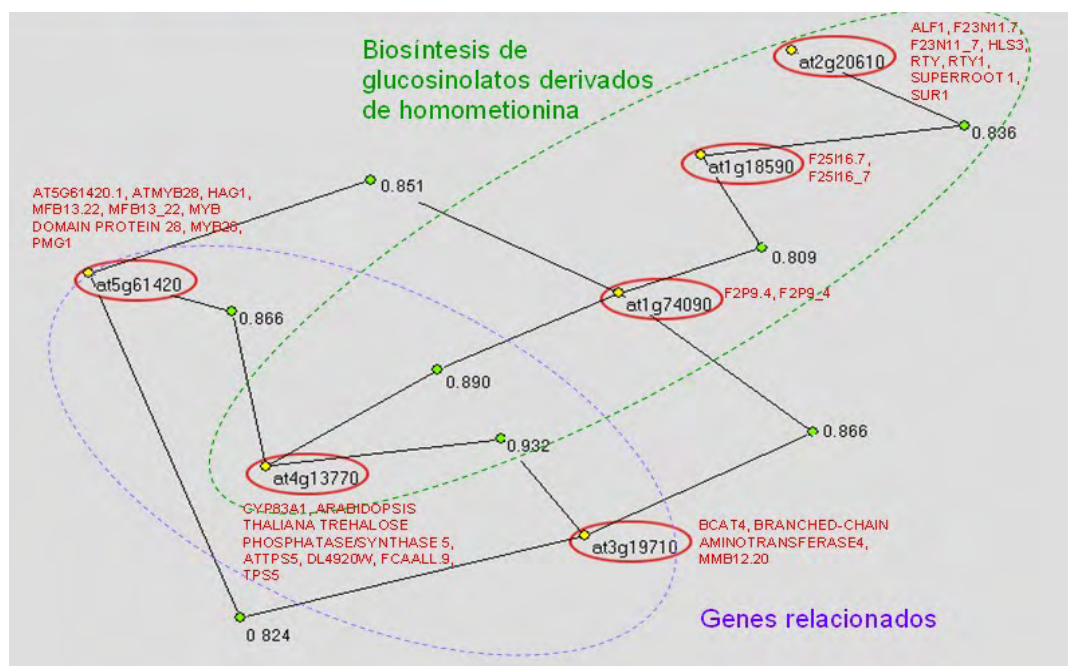


Figura 9.- Análisis de correlación “AA” dentro de los genes que participan en la síntesis de la estructura básica de los glucosinolatos (core structure biosíntesis). Los vértices amarillos encerrados por elipses rojas indica genes determinados que se correlacionan con otro gen < del mismo grupo (de la misma lista), a través de un coeficiente de correlación (< 0,8) con uno o más genes; de modo que se trata de un clúster de correlación. La elipse verde punteada encierra a los genes que han sido encontrados en el proceso de síntesis de glucosinolatos a partir de la homometionina. La elipse punteada de color lila indica otros genes que fueron encontrados como “relacionados” con la etapa de síntesis de la estructura básica de los glucosinolatos. Los textos en rojo indican los distintos nombres con los que se los identifica.

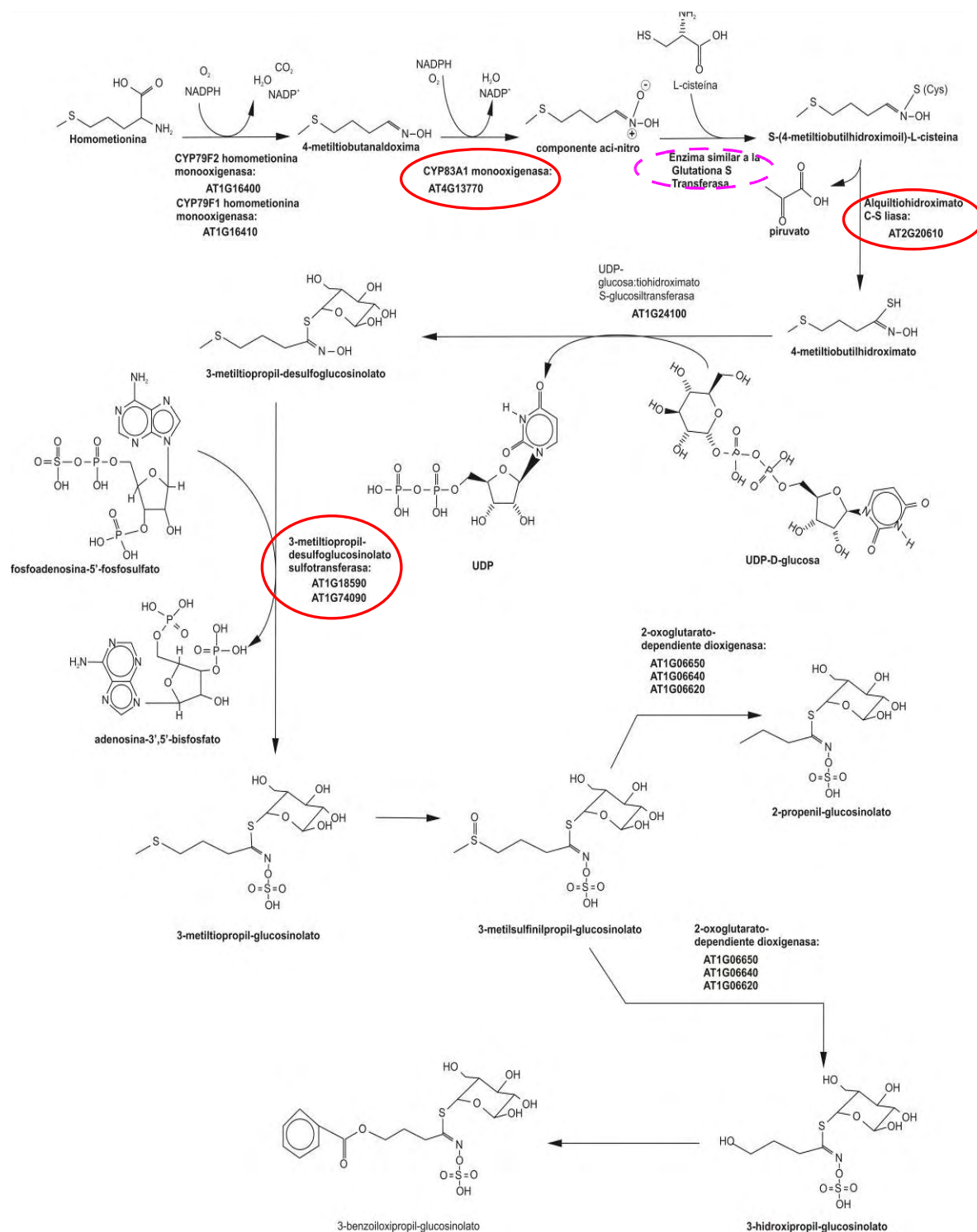


Figura 10.- Ruta bioquímica de la síntesis de glucosinolatos a partir de la homometionina. Los círculos rojos indican los genes que forman clusters de correlación en cuanto a su expresión (Figura 9). El círculo lila indica que probablemente se trate del gen At3g19710, el cual codifica una proteína que pertenece a la familia de las aminotransferasas y que se correlaciona fuertemente con el gen AT4g13770.

IV.2. Degradación de los glucosinolatos

Los resultados del análisis de correlación para genes que participan en la degradación de los glucosinolatos produjo un cluster de 8 genes (Figura 11A), uno de 4 genes, dos de 3, y seis de 2 genes (Figura 11B). En el primer cluster, se aprecia un cierto control que podría estar ejerciendo el gen At5g5400, que codifica una oxidoreductasa, sobre cada uno de los otros genes que pertenecen al clúster. 5 genes de este análisis de correlación codifican para oxidoreductasas; dos genes de la familia glicósido hidrolasa (At3g21370 y At4g22100) y un gen de la giberelina 20-oxidasa (At5g07200).

En el clúster de 4 genes, se encontró que la β -Galactosidasa 11 (At4g35010) se encuentra fuertemente correlacionada, mediante un coeficiente de 0,979, con la β -Galactosidasa 13 (At2g16730); la cual, a su vez, se correlaciona fuertemente con un pseudo gen de mirosinasa (At1g51490) (Xu *et al.*, 2004), con coeficiente de 0,957. Los tres genes referidos, conjuntamente con el de la oxidoreductasa MFJ20.17 (At3g28490), forman un clúster de correlación que abarca todas las combinaciones posibles entre ellos. Algo muy interesante de resaltar es que At1g51490 es muy similar a dos de los cuatro genes para mirosinasas funcionales encontrados en *Arabidopsis*: BGLU34 (At1g74600) y BGLU35 (At1g51470) (Xu *et al.*, 2004).

Uno de los clusters lineales de tres genes, incluye a un supuesto gen para β -galactosidasa 14 (At4g38590), con un coeficiente de 0,856, el cual se correlaciona con la giberelina-2-oxidasa 3 (At2g34555), que a su vez se correlaciona con una oxidoreductasa de la familia 2OG-FE (II) oxigenasa (At2g06960), con un coeficiente de 0,801.

El otro cluster de 3 genes incluye, una proteína de la familia de las lipoxigenasas (At1g72520), la cual se correlaciona con la lipoxigenasa LOX3 (At1g17420), la que a su vez se correlaciona con la 9-cis-epoxicarotenoide dioxigenasa (At3g14440). Esta última es una enzima clave en la biosíntesis del ácido abscísico, regulado en respuesta a la salinidad y sequía.

En relación a los 6 clusters de 2 genes, estos comprenden a giberelina oxidasas, β -galactosidasas y glicosil hidrolasas; uno de ellos asocia a dos β -galactosidasas (At3g13750 y At3g52840) y otro a dos glicósido hidrolasas (At3g60120 y At5g24540).

La importancia de estas enzimas es que podrían estar actuando como mirosinasas, degradando a los glucosinolatos.

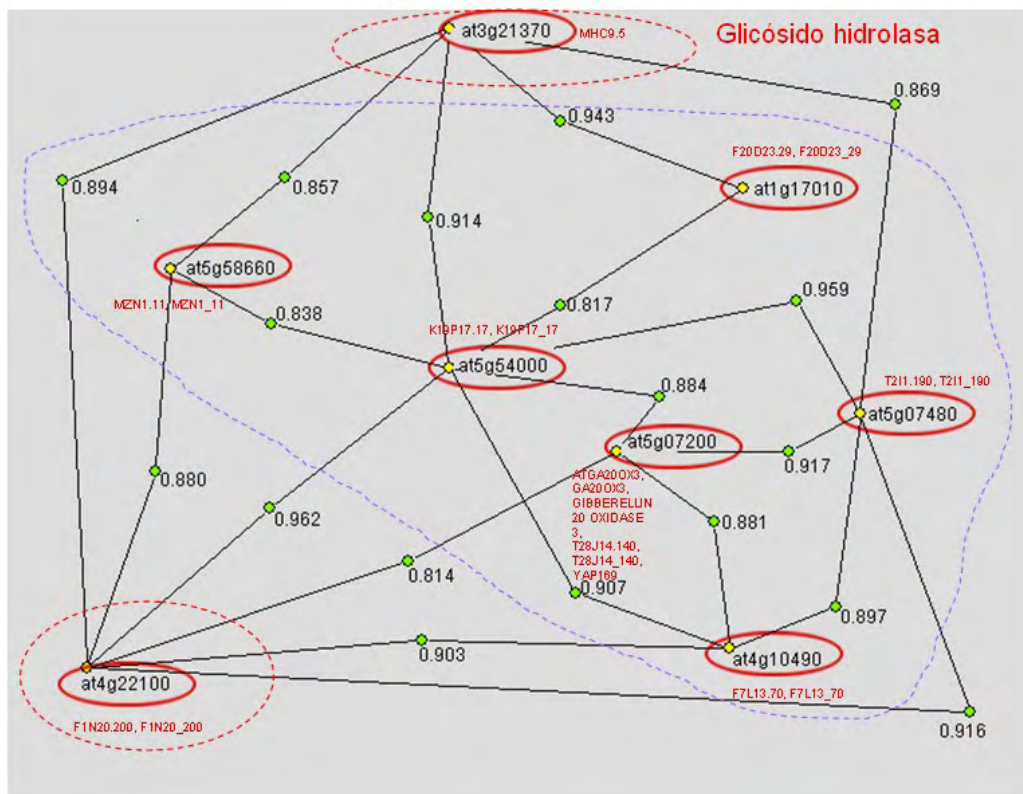
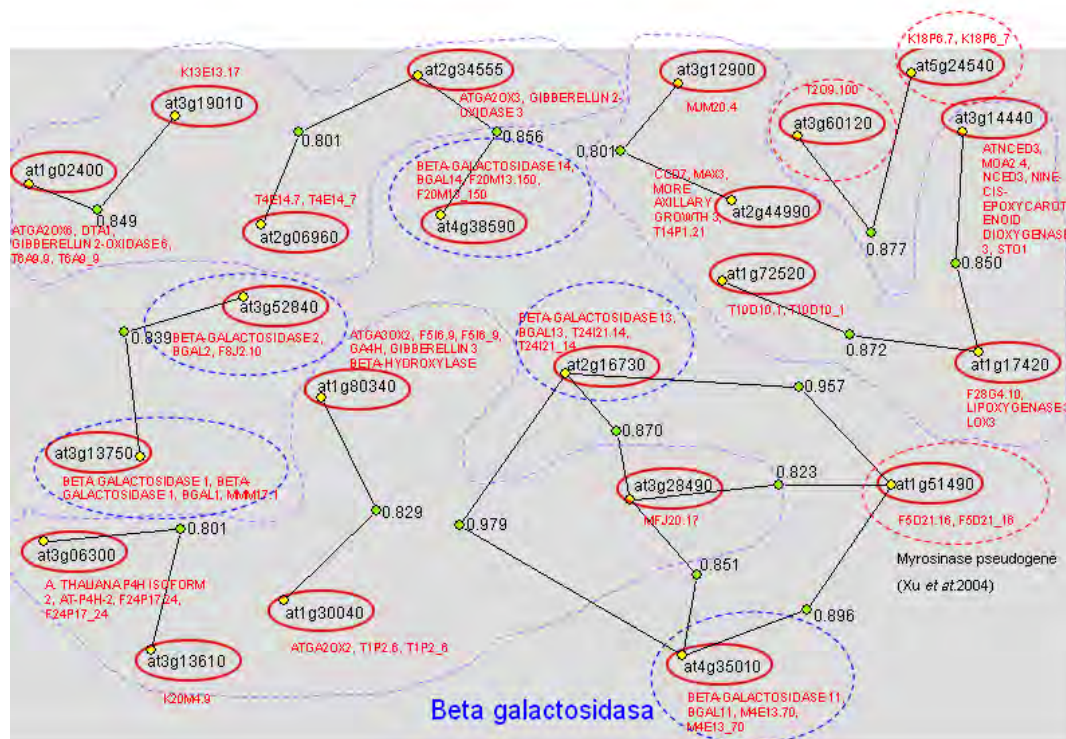


Figura 11A.- Análisis de correlación “AA” entre genes considerados para la degradación de los glucosinolatos. Cluster de 8 genes.



B

Figura 11B.- Análisis de correlación “AA” entre genes considerados para la degradación de los glucosinolatos. Clusters de cuatro (1), de tres (2), y de dos (6) genes.

IV.3. Relación entre distintas etapas del metabolismo: Biosíntesis de la Estructura Básica - Degradación de los Glucosinolatos

La única relación en la que se observó la coexpresión de genes entre distintas etapas del metabolismo de los glucosinolatos, ha sido entre la biosíntesis de la estructura básica y de la degradación de los glucosinolatos. En este caso se evidencia la correlación entre el gen que da inicio a la biosíntesis de los glucosinolatos (CYP79C2), mediante la transformación de los aminoácidos en aldoximas, y dos genes que inicialmente fueron incluidos en el proceso de degradación de los glucosinolatos (At2g34555 y At4g38590). El primero de ellos es la giberelina 2-oxidasa-3 (ATGA2OX3), mientras que el segundo es la β -galactosidasa 14 (BGAL14).

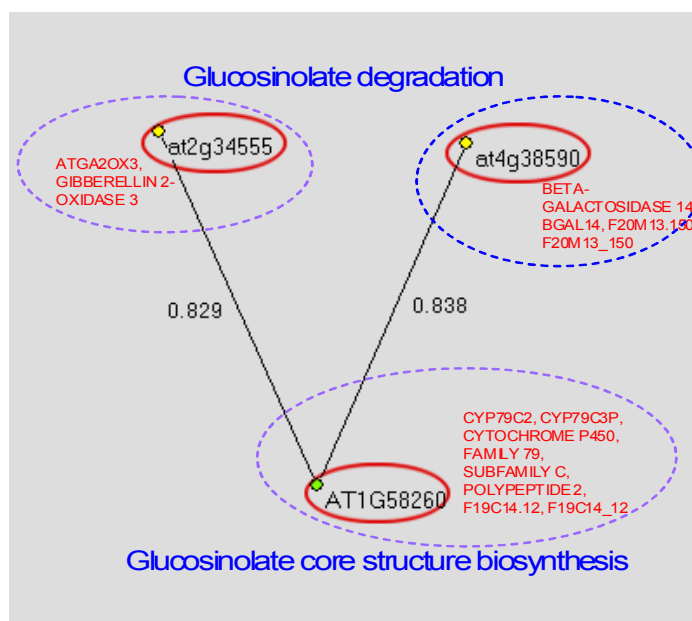


Figura 12.- Análisis de correlación “AB” entre los genes para la síntesis de la estructura básica y los genes para la degradación de los glucosinolatos.

IV.4. Iniciadores para posibles genes reguladores y de importancia en el metabolismo de glucosinolatos

Se diseñó 29 pares de iniciadores (F&R) para una porción interna conservada de posibles genes reguladores del metabolismo de los glucosinolatos. Ello supuso un previo alineamiento de secuencias BLAST (Anexo 2), a fin de dar cierta garantía de que los fragmentos amplificados sean realmente ortólogos de posibles genes reguladores y/o claves en el metabolismo de glucosinolatos. Entre ellos se incluye al MAM1 y MAM3 (Halkier *et al.*, 2006), que tienen que ver con la elongación de la cadena lateral. Asimismo, para todos los genes CYP79, por cuanto dan inicio a la síntesis de glucosinolatos y se asocian con la producción de tipos específicos de los referidos productos.

Entre los genes que resaltan en el análisis de correlación, para genes que intervienen en la formación de la estructura básica de los glucosinolatos (por presentar mayor número de enlaces), se tiene a At1g74090 (con 4 enlaces), At5g61420 (con 3 enlaces) y At4g13770 (con 3 enlaces) (Figura 9).

Adicionalmente se consideró a At5g60890, que sintetiza ATR1 (Regulador de la síntesis de indol glucosinolatos (Bender & Fink, 1998)..

Con respecto a los genes para la degradación de glucosinolatos, se tomó en cuenta a At5g54000, At4g22100, At3g21370 y At5g07480; con 7, 6, 5 y 5 enlaces de correlación respectivamente (Figura 11). Asimismo, se tomó a At1g51490 (gen similar a mirosinasa), el cual se correlaciona con At2g16730, At3g28490 y At4g35010 (Figura 11); que también fueron considerados para la síntesis de los respectivos iniciadores.

Desde que la mirosinasa es una enzima clave en la degradación de los glucosinolatos, formando parte del interesante Sistema Glucosinato-Mirosinasa, se consideró a 4 mirosinasas funcionales para *Arabidopsis* (Xu *et al.*, 2004).

Tabla 2.- Iniciadores diseñados para una porción de los posibles genes importantes del metabolismo de glucosinolatos; en donde se han elegido regiones conservadas como posiciones de anclaje de los iniciadores (Anexo 2). Los genes están catalogados por etapas: Elongación de la cadena, Biosíntesis de la estructura básica y Degradación de los glucosinolatos. Se indica los iniciadores F y R para los respectivos genes; indicándose los valores de Temperatura de Melting (TM), porcentaje de G y C (%GC), Calidad (valor obtenido mediante algoritmos empleados por el programa Fast PCR, en la opción “primer test”). Las secuencias de donde se diseñaron los iniciadores se indican en anexo2.

* El número entre paréntesis, al lado del código AGI, indica el número de genes con los que se correlaciona el respectivo gen (de acuerdo a los resultados de la presente tesis).

Nombre	Locus	Secuencia de primers	% CG	TM	Calidad	Sentido del gen	Comentarios
Elongación de la cadena							
MAM1	At5g23010	F : TCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTG	54,2	62,3	114	→	MAM1 y MAM3, que participan en la reacción de condensación del 2-oxo-ácido con una acetil coenzima A, son enzimas claves para la elongación de la cadena de los glucosinolatos
		R : CATGTGGCATGTTGATCCCTACCGT	52,0	61,8	112		
MAM-L, MAM 3:	At5g23020	F : GACGCTTCGTGACGGTGAACAAT	52,2	60,6	98	→	
		R : GAAGACAATATCATCAGCCCCTGGAGT	48,1	60,6	80		
Formación de la estructura básica de los glucosinolatos							
CYP79C2	At1g58260	F : TCCAAATGATCATCAACCGGCC	50,0	58,9	77	→	Los genes CYP79 dan inicio a la biosíntesis de los glucosinolatos; cada uno de ellos promueve la síntesis de tipos específicos. Ninguno de ellos se identificó en los análisis de correlación llevados a cabo, sin embargo se considera que las respectivas enzimas realizan un paso clave en la biosíntesis de glucosinolatos.
		R : CAGTTCATTTGTGGCTTTCTCAAGAATC	39,3	57,6	85		
CYP79C1	At1g79370	F : GTTAATGTCTACAAAGGCTTTAAACT	30,8	52,7	89	→	
		R : AACAGATTTTCTTTTGACTCGACT	33,3	53,6	43		
CYP79B3	At2g22330	F : CACTCACTTATGCTCAAAAGATTCTCT	37,0	55,7	62	→	
		R : AGGAATATGGTAACCTGCGACG	50,0	57,6	86		
CYP79B2 :	At4g39950	F : AAGTATCATGACCCAATCATCGACG	44,0	57,5	99	→	
		R : GTGAAACCTTGAAGAAGTCTCGCG	50,0	59,1	93		
CYP79A2 :	At5g05260	F : GAGCCAGTAACATGTACGTCATGGC	52,0	60,6	126	→	
		R : GTTTTCGCCACTAGACCGCTAAC	52,2	59,1	99		
CYP79A4P:	At5g35920	F : ATGTTGTGGTGGATGGTTACTTCATC	42,3	58	89	→	
		R : GGGTTTTGCCATAAAAAGATCACTCTT	37,0	56,9	75		
CYP79F2 :	At1g16400	F : GGATTTATCGTCTTCATCGCATCAA	40,0	56,2	95	→	
		R : CTCCTTCAGAGCTTTTCTAAGAATC	40,0	54,3	62		
CYP79F1 :	At1g16410	F : CATGGCATCAATCACTCTACTGGGT	48,0	59,5	120	→	
		R : GGTATGTCTGATTCTTGCACAAGCC	48,0	59,2	122		
CYP79A3P :	At5g35917	F : TGATCCCCGTGACATCCCCGAG	63,6	63,5	89	→	
		R : CAAACGAGGTGTTGCAACCGCAT	52,2	61,8	110		
F2P9.4, F2P9_4:	At1g74090 (4)*	F : ACAGGCACCACTTGGCTCAAAG	54,5	61,2	111	→	Este gen se encuentra justo después de At1g74088 en el genoma de <i>Arabidopsis</i>
		R : CCATCTATACGAGCAGCCATCTCCG	56,0	61,4	77		
ATMYB28 :	At5g61420 (3)*	F : AAGATAATTTGACCATCCCTCGAAG	40,0	55,6	53	←	
		R : AAACCTGAGATCAAAGAGGCCGA	43,5	57,2	72		
CYP83A1 :	At4g13770 (3)*	F : GACCAGTCATGACATCCATATTGATAT	37,0	55,2	54	←	
		R : TAGCTAAAGAGCTTCTCAAGACG	43,5	55	80		

Tabla 2.- Continuación.

Nombre	Locus	Secuencia de primers	% CG	TM	Calidad	Sentido del gen	Comentarios
Formación de la estructura básica de los glucosinolatos							
BCAT4 :	At3g19710 (3) *	F : AATCACAAAGATCAGAGACATCTTCAG	37,0	55,5	74	←	Este gen se encuentra justo después de At3g19720 en el genoma de <i>Arabidopsis</i> .
		R : GTCGAGCTTTTCCTAGTGGA	47,8	57,4	109		
ATR1:	At5g60890	F : GAAGAGATCTCCGATATTTACACGA	40,0	54,5	82	→	
		R : ACAAAGACTCCAACCATATTGTCAT	36,0	55,3	52		
C-S liasa (SUR1):	At2g20610 (1) *	F : ATTCTTTTGGGCACACACATCC	45,5	57,3	49	←	
		R : ACACGAAATGGTCAAAGTAGCGTT	41,7	57,8	107		
Degradación de los glucosinolatos							
K19P17.17 :	At5g54000 (7) *	F : GGACATGGAGGGTAGATGTTGAATC	48,0	58,1	67	←	
		R : AAGTTGAAGACAGTCCAAGAGGTG	45,8	57,7	53		
FIN20.200 :	At4g22100 (6) *	F : ACCTCTCGTGTCTGATCCATTCTA	48,0	59,2	76	←	Este gen se encuentra justo después de At4g22105 en el genoma de <i>Arabidopsis</i>
		R : AAACCTTCTATTTTCAGGAAACCCGG	44,0	58,1	66		
MHC9.5 :	At3g21370 (5) *	F : AATTCAGAAAGCCATTTTGC GGAT	37,5	56,9	75	←	
		R : TGGAAAGCTTTGTCAAGATGGACG	45,8	58,6	96		
T2I1.190 :	At5g07480 (5) *	F : ACTAGATGACGCCTTGGAGGTTGC	54,2	61,6	110	→	Este gen se encuentra justo antes de At5g07490 en el genoma de <i>Arabidopsis</i>
		R : TAACTGTCATGACTTGATGCCGT	44,0	59,6	89		
BGLU34 :	At1g47600	F : GACTACACAACTACGCTGAG	47,6	54,1	84	→	
		R : CGATCAGCAGGATTAGTGAATTGA	40,0	56	64		
BGLU35 :	At1g51470	F : TTCCAAAGATTCGGAGACAGGGTC	50,0	59,4	78	→	Genes para mirosinas funcionales encontrados en <i>Arabidopsis</i> (Xu <i>et al.</i> , 2004). Ninguno de ellos aparece en el resultado de los análisis de correlación, sin embargo se sabe que catalizan la ruptura de los glucosinolatos
		R : CGATCAGCAGGATTAGTGAAGTTGA	44,0	57,4	86		
BGLU37:	At5g25980	F : GAACCCTATATCGTTGCGCATAACC	48,0	58,7	92	→	
		R : TGGTACCATAAGCCAGAAGCTTTGA	44,0	58,8	109		
BGLU38 :	At5g26000	F : TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGAT	44,0	58,1	132	←	
		R : CGAAAAAGGCTTCATCTTCGGTGT	45,8	58,7	104		
F5D21.16 :	At1g51490 (3) *	F : GAATTTGGAGGAGATTCTGGA	41,7	55,6	76	→	Gen similar a mirosinasa correlacionado con los 3 genes siguientes
		R : CGATCAGCAGGATTAGTGAAGTTGA	44,0	57,4	86		
BGAL 13 :	At2g16730 (3) *	F : GATTCCCAAAGCTTGC GAATTCCACA	46,2	60,9	107	←	
		R : ACAAGGCGGTTTGAACACGATTCAG	48,0	60,7	115		
MFJ20,17 :	At3g28490 (3) *	F : AGCGGGTCGGATTCGGATAAAAC	52,2	60,1	50	←	
		R : AACTCGAACTCGAAGATTTACCCTAT	38,5	56	80		
BGAL 11 :	At4g35010 (3) *	F : CTTCTCGATGACTTGCTTTGAAACA	40,0	56,6	73	←	Este gen se encuentra justo antes de At4g35000 en el genoma de <i>Arabidopsis</i> .
		R : CTAGATACTACGATGATGCACCTCT	44,0	56	86		

V. DISCUSIÓN

Los genes correlacionados en cuanto a su expresión están involucrados en un mismo proceso bioquímico y/o forman un complejo proteico funcional. De hecho, los diagramas de correlación muestran una asociación funcional de los genes implicados, característica que fue notoria, tanto para la etapa de síntesis de la estructura básica, como para la degradación de los glucosinolatos; siendo también significativa la correlación entre ambas etapas.

Los 5 enzimas *CYP79* caracterizadas en *Arabidopsis* son responsables para la producción de aldoxima en la biosíntesis de los principales glucosinolatos derivados del triptófano (*CYP79b2/CYP79B3*), derivados de metionina de cadena elongada (*CYP79F1/CYP79F2*), así como de la fenilalanina (*CYP79A2*) (Wittstock *et al.*, 2002)). Sin embargo, el rol de *CYP79C1* (At1g79370) y *CYP79C2* (At1g58260) aún es desconocido (Halkier *et al.*, 2006). En el análisis de correlación entre la etapa de síntesis de la estructura básica de los glucosinolatos, y el de la degradación de los mismos, la enzima *CYP79C2* se correlaciona con dos genes *ATGA2OX3* (At2g34555) y *BGAL14* (At4g38590) (Figura 12); los cuales también se correlacionan entre sí (Figura 11). La actividad giberelina oxidasa de *ATGA2OX3*, y la correlación *ATGA2OX3* - *BGAL14*, lleva a pensar que ambas enzimas estarían cumpliendo un rol en la ruta de síntesis de las hormonas giberelinas. Halkier *et al.*, (2006) indica que los transcriptos de *CYP79C1* y *CYP79C2* son presentados a niveles muy bajos, por lo que el referido autor sugiere que los homólogos de *CYP79C* pueden ser responsables para la producción de aldoxima de glucosinolatos poco abundantes tales como los derivados de homofenilalanina, metionina y tirosina.

Si bien la aparente secuencia que se presenta en el diagrama de correlación de genes (Figura 9) no corresponde con la que se da en la ruta bioquímica para la síntesis de glucosinolatos derivados de la homometionina; el diagrama de correlación muestra dos genes adicionales que no son considerados en la ruta bioquímica; se trata de *At5g61420* (*MYB28*) y *At3g19710* (*BCAT4*, *Branched Chain Aminotransferase 4*). De acuerdo a la información del TAIR, el primero se trata de un factor de transcripción, mientras que el

segundo corresponde a una aminotransferasa. La fuerte correlación, de 0,932, que se presenta en la expresión de los genes At4g13770 y At3g19710, constituye un indicio de que las enzimas CYP83A1 y BCAT4 estén formando un complejo proteico, y que la segunda sería la donadora de S del componente aci-nitro inestable (producto del CYP83A1), que se evidencia en estudios *in vivo* (Wetter *et al.*, 1968). Asimismo, de acuerdo a Halkier *et al.*, (2006), las proteínas CYP83A1, Glutathion S-transferasa y C-S liasa estarían efectivamente formando un complejo proteico que permite llevar a cabo las reacciones de manera rápida. Así, la proteína BCAT4 sería la referida glutathion S-transferasa, la encargada de llevar a cabo la transferencia de un aminoácido de cisteína al oxígeno nucleofílico del componente aci-nitro, para formar S-(4-metiltiobutilhidroximoil)-L-cisteína (Figura 10).

In vitro, los conjugados S- (hidroximoil)-L-cisteína rápidamente atraviesan una ciclización interna para producir 2-sustituidos tiazolina-4-ácido carboxílico (Halkier *et al.*, 2006). Esto sugiere que la siguiente enzima en la ruta, la C-S liasa que cliva S-alquiltiohidroximato para producir el ácido tiohidroxímico, está fuertemente acoplada a la enzima donadora de S, que a su vez está fuertemente enlazada a las enzimas CYP83, formando un complejo para llevar a cabo esta reacción de azufre, sin pérdida de intermediarios sulfurados reactivos hacia el medio (Halkier *et al.*, 2006).

El perfil del metabolismo del mutante *knockout*, para la C-S liasa, muestra la completa ausencia de glucosinolatos aromáticos y alifáticos (Mikkelsen *et al.*, 2004); no se ha reportado ningún mutante con biosíntesis de glucosinolatos alterados. Por tanto, se sugiere que la C-S liasa constituye un único gen en la familia (Halkier *et al.*, 2006).

En cuanto a la degradación de los glucosinolatos, la oxidoreductasa K19P17.7 (At5g54000) se correlaciona con 7 genes; dos de ellos son glicosido hidrolasas (At3g21370 y At4g22100), una es la giberelina 20 oxidasa (At5g07200), y las cuatro restantes oxidoreductasas. Esta situación refleja cierto nivel de dependencia o control que se estaría dando por parte de la oxidoreductasa K19P17.7.

La información de correlación de genes, se complementa con la información de las rutas metabólicas e investigaciones al respecto. .

(F y R) (Anexo 2).

De esta manera, los iniciadores diseñados (Tabla 2), podrían ser utilizados en la búsqueda de genes ortólogos en cultivos que acumulan glucosinolatos, y/o que utilizan este grupo de metabolitos como defensa contra patógenos y plagas; tales como la “coliflor”, la “colza”, el “nabo”, la “maca”, la “mashua”, entre otros.

Además, los iniciadores se ubican dentro del gen, y por lo tanto, nos permitiría amplificar sólo una porción de él. Así, en un trabajo futuro, mediante PCR inversa (Ochman *et al.*, 1988; Triglia *et al.*, 1988), podría ser posible encontrar las regiones flanqueantes, con la finalidad de descubrir la secuencia completa de cada gen ortólogo.

VI. CONCLUSIONES

En la degradación de los glucosinolatos, la oxidorreductasa K19P17.7 (At5g54000) se correlaciona con 7 genes; dos de ellos son glicósido hidrolasas (At3g21370 y At4g22100), una es la giberelina 20 oxidasa, y las 4 restantes son oxidoreductasas.

Se ha diseñado 29 pares de iniciadores con anclaje en una zona conservada de un fragmento del posible gen regulador, y/o importante en el metabolismo de glucosinolatos.

La enzima C-S liasa (At2g20610) fue correlacionada, aunque de manera indirecta, con la CYP83A1 y At3g19710; a través de las enzimas 3-metil-tiopropil desulfoglucosinolato sulfotransferasa (At1g18590 y At1g74090). Las que se representan en la ruta bioquímica de la biosíntesis de homometionina.

VII. RECOMENDACIONES

En un trabajo futuro, se espera que la reacción de PCR, empleando los iniciadores diseñados, sobre varios genotipos del cultivo de mashua u otra especie que acumule glucosinolatos, permita la amplificación de un único fragmento del mismo tamaño en todos los genotipos. Si así fuera el caso, se procedería con el aislamiento y purificación de los fragmentos que forman una banda, a fin de realizar el secuenciamiento.

Conociendo una porción del gen, se tendría que proceder con un alineamiento BLASTn, a fin de verificar si la secuencia en cuestión es realmente ortóloga. En caso de resultar positivo, se tendría que proceder con la estrategia de la PCR inversa (Ochman *et al.*, 1988; Triglia *et al.*, 1988) a fin de conocer las regiones flanqueantes a la porción del gen y así tener la secuencia completa de los genes ortólogos.

Disponer de la secuencia de genes ortólogos para el metabolismo de los glucosinolatos es de múltiple utilidad en la investigación, pues permitirá el clonamiento, la transferencia de genes, identificación de los QTL, así como trabajos en selección asistida por marcador, entre otras.

VIII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Andreasson E, Jorgensen LB, Hoglund AS, Rask L, Meijer J. Different myrosinase and idioblast distribution in *Arabidopsis* and *Brassica napus*. *Plant Physiol* 2001; 127:1750–63.

Bak S, Feyereisen R. The involvement of two P450 enzymes, *CYP83B1* and *CYP83A1*, in auxin homeostasis and glucosinolate biosynthesis. *Plant Physiol* 2001; 127:108-18.

Bak S, Kahn RA, Nielsen HL, Moller BL, Halkier BA. Cloning of three A-type cytochromes P450, *CYP71E1*, *CYP98*, and *CYP99* from *Sorghum bicolor* (L.) Moench by a PCR approach and identification by expression in *Escherichia coli* of *CYP71E1* as a multifunctional cytochrome P450 in the biosynthesis of the cyanogenic glucoside dhurrin. *Plant Mol Biol* 1998; 36:393–405.

Bak S, Tax FE, Feldmann KA, Galbraith DW, Feyereisen R. *CYP83B1*, a cytochrome P450 at the metabolic branch point in auxin and indole glucosinolate biosynthesis in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 2001; 13:101–11.

Barlier I, Kowalczyk M, Marchant A, Ljung K, Bhalerao R. The SUR2 gene of *Arabidopsis thaliana* encodes the cytochrome P450 *CYP83B1*, a modulator of auxin homeostasis. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 2000; USA 97:14819–24.

Bender J, Fink GR. A Myb homologue, *ATRI*, activates tryptophan gene expression in *Arabidopsis*. *Proc Natl Acad Sci* 1998; USA 95:5655–60.

Benson A, Karsch-Mizrachi I, Lipman D, Ostell J, Wheeler D. Genbank. *Nuc Acid Res* 2006;35:D21-D25.

Bernardi R, Finiguerra MG, Rossi AA, Palmieri S. Isolation and biochemical characterization of a basic myrosinase from ripe *Crambe abyssinica* seeds, highly specific for epi-progoitrin. *J. Agric. Food Chem.* 2003; 51:2737–44.

Bones AM, Rossiter JT. The myrosinase-glucosinolate system, its organisation and biochemistry. *Physiol Plant* 1996; 97:194–208.

Brader G, Tas E, Palva ET. Jasmonate-dependent induction of indole glucosinolates in *Arabidopsis* by culture filtrates of the nonspecific pathogen *Erwinia carotovora*. *Plant Physiol* 2001; 126:849–60.

Brack, A. *Diccionario enciclopédico de plantas útiles del Perú*. Cusco: Centro de Estudios Regionales Andinos ‘Bartolomé de las Casas’, 1999.

Burmeister WP, Cottaz S, Driguez H, Iori R, Palmieri S, Henrissat B. The crystal structures of *Sinapis alba* myrosinase and a covalent glycosyl-enzyme intermediate provide insights into the substrate recognition and active-site machinery of an S glycosidase. *Structure* 1997;5:663–75.

Burmeister WP, Cottaz S, Rollin P, Vasella A, Henrissat B. High resolution x-ray crystallography shows that ascorbate is a cofactor for myrosinase and substitutes for the function of the catalytic base. *J Biol Chem* 2000; 275:39385–93.

Buskov S, Olsen CE, Sorensen H, Sorensen S. Supercritical fluid chromatography as basis for identification and quantitative determination of indol-3-ylmethyl oligomers and ascorbigens. *J. Biochem Biophys Methods* 2000; 43:175–95.

Campos de Quiros HC, Magrath R, McCallum D, Kroymann J, Schnabelrauch D. Alpha-keto acid elongation and glucosinolate biosynthesis in *Arabidopsis thaliana*. *Theor Appl Genet* 2000; 101:429–37.

Chen S, Glaswischnig E, Jorgensen K, Naur P, Jorgensen B. *CYP79F1* and *CYP79F2* have distinct functions in the biosynthesis of aliphatic glucosinolates in *Arabidopsis*. *Plant J* 2003; 33:923–37.

Chen S, Petersen BL, Olsen CE, Schulz A, Halkier BA. Long-distance phloem transport of glucosinolates in *Arabidopsis*. *Plant Physiol* 2001; 127:194–201.

Chen SX, Halkier BA. Functional expression and characterization of the myrosinase MYR1 from *Brassica napus* in *Saccharomyces cerevisiae*. *Protein Expr Purif* 1999; 17:414–20.

Chew FS. Biological effects of glucosinolates. In: Cutler HG editors. *Biologically Active Natural Products*. Washington, D.C: American Chemical Society, 1988. p155-181.

Chisholm MD, Wetter LR. Biosynthesis of mustard oil glucosides. IV. The administration of methionine-C14 and related compounds to horseradish. *Can. J. Biochem* 1964; 42:1033–40.

Delarue M, Prinsen E, Van Onckelen H, Caboche M, Bellini C. *Sur2* mutations of *Arabidopsis thaliana* define a new locus involved in the control of auxin homeostasis. *Plant J* 1998;14:603–11.

Du, L., Lykkesfeldt, J., Olsen, C., and Halkier, B. Involvement of cytochrome P450 in oxime production in glucosinolate biosynthesis as demonstrated by an *in vitro* microsomal enzyme system isolated from jasmonic acid-induced seedlings of *Sinapis alba* L. *Proc Natl Acad Sci* 1995; 92:12505–12509.

Fahey JW, Haristoy X, Dolan PM, Kensler TW, Scholtus I. Sulforaphane inhibits extracellular, intracellular, and antibiotic-resistant strains of *Helicobacter pylori* and prevents benzo[*a*]pyrene-induced stomach tumors. *Proc Natl Acad Sci* 2002; 99:7610–15.

Fenwick GR, Heaney RK y Mullin WJ. Glucosinolates and. their breakdown products in food and food plants. *Crit Rev Food Sci Nutr* 1983; 18, 123-201.

Field B, Cardon G, Traka M, Botterman J, Vancanneyt G y Mithen R. Glucosinolate and amino acid biosynthesis in *Arabidopsis*. *Plant Physiol* 2004; 135:828–39.

Gabrys B, Tjallingii WF. The role of sinigrin in host plant recognition by aphids during initial plant penetration. *Entomol Exp Appl* 2002;104:89–93.

Galletti S, Bernardi R, Leoni O, Rollin P, Palmieri S. Preparation and biological activity of four epiprogoitrin myrosinase-derived products. *J Agric Food Chem* 2001; 49:471–76.

Gao MQ, Li GY, Yang B, McCombie WR, Quiros CF. Comparative analysis of a *Brassica* BAC clone containing several major aliphatic glucosinolate genes with its corresponding *Arabidopsis* sequence. *Genome* 2004;47:666–79.

Giamoustaris A, Mithen R Genetics of aliphatic glucosinolates. 4. Side-chain modification in *Brassica oleracea* *Theor Appl Genet* 1996; 93:1006–10.

Glawischnig E, Hansen BG, Olsen CE, Halkier BA. 2004. Camalexin is synthesized from indole-3-acetaldoxime, a key branching point between primary and secondary metabolism in *Arabidopsis* *Proc Natl Acad Sci*;101:8245–50.

Graser G, Oldham NJ, Brown PD, Temp U, Gershenzon J. The biosynthesis of benzoic acid glucosinolate esters in *Arabidopsis thaliana*. *Phytochemistry* 2001; 57:23–32.

Griffiths DW, Birch ANE, Hillman JR. Antinutritional compounds in the Brassicaceae —Analysis, biosynthesis, chemistry and dietary effects. *J Hort Sci Biotech* 1998; 73:1–18.

Grubb CD, Zipp BJ, Ludwig-Muller J, Masuno MN, Molinski TF, Abel S. *Arabidopsis* glucosyltransferase *UGT74B1* functions in glucosinolate biosynthesis and auxin homeostasis. *Plant J* 2004; 40:893–908.

Haberer G, Mader MT, Kosarev P, Spannagl M, Yang L y Mayer K. Large-Scale cis-Element Detection by Analysis of Correlated Expression and Sequence Conservation between *Arabidopsis* and *Brassica oleracea*. *Plant Physiology* 2006; 142:1589-1602.

Halkier BA, Gershenzon J. Biology and Biochemistry of Glucosinolates. *Annual Review of Plant Biology* 2006; 57: 303-333

Halkier BA, Hansen CH, Mikkelsen MD, Naur P, Wittstock U. The role of cytochromes P450 in biosynthesis and evolution of glucosinolates. In *Eras*, ed. JT Romeo, RA Dixon. *Phytochemistry in the Genomics and Post-genomics*. Amsterdam: Elsevier, 2002. p.223–48.

Hall C, McCallum D, Prescott A, Mithen R. Biochemical genetics of glucosinolate modification in *Arabidopsis* and Brassica. *Theor Appl Genet* 2001;102:369–74.

Hansen CH, Du LC, Naur P, Olsen CE, Axelsen KB. *CYP83B1* is the oxime metabolizing enzyme in the glucosinolate pathway in *Arabidopsis*. *J Biol Chem* 2001; 276:24790–96.

Hasapis X, MacLeod AJ. Benzylglucosinolate degradation in heat-treated *Lepidium sativum* seeds and detection of a thiocyanate-forming factor. *Phytochemistry* 1982; 21:1009–13.

Hemm MR, Ruegger MO, Chapple C. The *Arabidopsis ref2* mutant is defective in the gene encoding *CYP83A1* and shows both phenylpropanoid and glucosinolate phenotypes. *Plant Cell* 2003; 15:179–94.

Herrera, F. Contribución a la flora del departamento del Cuzco. Primera parte. Universidad del Cuzco, Peru. 1921.

Hirai MY, Klein M, Fujikawa Y, Yano M, Goodenowe DB. Elucidation of gene-to-gene and metabolite-to-gene networks in *Arabidopsis* by integration of metabolomics and transcriptomics. *J Biol Chem* 2005; 280:25590–95.

Hodge, WH. Algunos tubérculos olvidados. Revista de la Facultad de Agronomía, Medellín, Colombia 1946; 6 (22):1–17.

Toroser D, Thormann CE, Osborn TC, Mithen R. RFLP mapping of quantitative trait loci controlling seed aliphatic-glucosinolate content in oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Theor Appl Genet* 1995;91:802–8.

Holst B, Williamson G A critical review of the bioavailability of glucosinolates and related compounds. *Nat Prod Rep* 2004; 21:425–47.

Hull AK, Vij R, Celenza JL. *Arabidopsis* cytochrome P450s that catalyze the first step of tryptophan-dependent indole-3-acetic acid biosynthesis. *Proc Natl Acad Sci* 2000; 97:2379–84.

Husebye H, Chadchawan S, Winge P, Thangstad OP, Bones AM. Guard cell- and phloem idioblast-specific expression of thioglucoside glucohydrolase 1 (myrosinase) in *Arabidopsis*. *Plant Physiol*; 2002 128:1180–88.

Johns T & Towers GHN. Isothiocyanates and thioureas in enzyme hydrolysates of *Tropaeolum tuberosum*. *Phytochemistry* 1981; 20:2687–2689.

Jones PR, Andersen MD, Nielsen JS, Hoj PB, Moller BL. The biosynthesis, degradation, transport and possible function of cyanogenic glucosides. In *Evolution of Metabolic Pathways*, ed. JT Romeo, R Ibrahim, L Varin. Amsterdam: Elsevier, 2000. p 191–247.

Kiddle GA, Doughty KJ, Wallsgrove RM. Salicylic acid-induced accumulation of glucosinolates in oilseed rape (*Brassica napus* L.) leaves. *J Exp Bot* 1994; 45:1343–46.

Kliebenstein (a) DJ, Gershenzon J, Mitchell-Olds T. Comparative quantitative trait loci mapping of aliphatic, indolic and benzylic glucosinolate production in *Arabidopsis thaliana* leaves and seeds. *Genetics* 2001; 159:359–70.

Kliebenstein (b) DJ, Kroymann J, Brown P, Figuth A, Pedersen D. Genetic control of natural variation in *Arabidopsis* glucosinolate accumulation. *Plant Physiol* 2001; 126:811–25.

Koroleva OA, Davies A, Deeken R, Thorpe MR, Tomos AD, Hedrich R. Identification of a new glucosinolate-rich cell type in *Arabidopsis* flower stalk. *Plant Physiol* 2000;124:599–608.

Kroymann J, Donnerhacke S, Schnabelrauch D, Mitchell-Olds T. Evolutionary dynamics of an *Arabidopsis* insect resistance quantitative trait locus. *Proc Natl Acad Sci* 2003; 100:14587–92.

Kroymann J, Textor S, Tokuhisa JG, Falk KL, Bartram S. A gene controlling variation in *Arabidopsis* glucosinolate composition is part of the methionine chain elongation pathway. *Plant Physiol* 2001;127:1077–88.

Lambrix V, Reichelt M, Mitchell-Olds T, Kliebenstein DJ, Gershenzon J. The *Arabidopsis* epithiospecifier protein promotes the hydrolysis of glucosinolates to nitriles and influences *Trichoplusia ni* herbivory. *Plant Cell* 2001; 13:2793–807.

Lenman M, Falk A, Roedin J, Hoeglund A-S, Ek B, Rask L. Differential expression of myrosinase gene families. *Plant Physiol* 1993; 103:703–11.

Li G, Riaz A, Goyal S, Abel S, Quiros CF. Inheritance of three major genes involved in the synthesis of aliphatic glucosinolates in *Brassica oleracea*. *J Am Soc Hortic Sci* 2001; 126:427–31.

Ludwig-Muller J, Rausch T, Langa S, Hilgenberg W. Plasma membrane bound high pI peroxidase isoenzymes convert tryptophan to indole-3-acetaldoxime. *Phytochemistry* 1990; 29:1397–400.

Lund E. Non-nutritive bioactive constituents of plants: dietary sources and health benefits of glucosinolates. *Int J Vitam Nutr Res* 2003; 73:135–43.

Luthy B, Matile P. The mustard oil bomb: rectified analysis of the subcellular organization of the myrosinase system. *Biochem Physiol Pflanz* 1984; 179:5–12.

Luscombe NM, Greenbaum D, Gerstein M, Yearbook of Medical Informatics. In Haux R, Kulikowski C editor. *What is bioinformatics? An Introduction and overview*. USA: 3 Kulikowski C, Haux R, 2001. p83-99.

MacLeod AJ, Rossiter JT. The occurrence and activity of epithiospecifier protein in some Cruciferae seeds. *Phytochemistry* 1985; 24:1895–98.

Magrath R, Bano F, Parkin I, Sharpe A, Lister C. Genetics of aliphatic glucosinolates. I. Side chain elongation in *Brassica napus* and *Arabidopsis thaliana*. *Heredity* 1994; 72:290–99.

Mikkelsen MD, Naur P, Halkier BA. *Arabidopsis* mutants in the C-S lyase of glucosinolate biosynthesis establish a critical role for indole-3-acetaldoxime in auxin homeostasis. *Plant J* 2004; 37:770–77.

Mikkelsen MD, Petersen BL, Glawischnig E, Jensen AB, Andreasson E, Halkier BA. Modulation of *CYP79* genes and glucosinolate profiles in *Arabidopsis* by defense signaling pathways. *Plant Physiol* 2003; 131:298–308.

Mithen R, Clarke J, Lister C, Dean C Genetics of aliphatic glucosinolates. 3. Side chain structure of aliphatic glucosinolates in *Arabidopsis thaliana*. *Heredity* 1995; 74:210–15.

Mithen R. Glucosinolates-biochemistry, genetics and biological activity. *Plant Growth Regulation* 2001; 34 : 91-103

Multinational *Arabidopsis* Steering Committee. The Multinational Coordinated *Arabidopsis thaliana* Functional Genomics Project. 2005; Annual report.

Naur P, Petersen BL, Mikkelsen MD, Bak S, Rasmussen H. *CYP83A1* and *CYP83B1*, two nonredundant cytochrome P450 enzymes metabolizing oximes in the biosynthesis of glucosinolates in *Arabidopsis*. *Plant Physiol* 2003;133:67–72.

Oblitas, E. *Plantas medicinales de Bolivia*. Cochabamba: Editorial los Amigos del Libro, 1969.

Ochman H, Gerber AS, Hartl DL. Genetic applications of an inverse Polymerase Chain Reaction. *Genetics* 1988; 120: 321-623.

Parkin I, Magrath R, Keith D, Sharpe A, Mithen R, Lydiate D. Genetics of aliphatic glucosinolates. II. Hydroxylation of alkenyl glucosinolates in *Brassica napus*. *Heredity* 1994; 72:594–98.

Pérez Arbelaez, E. *Plantas útiles de Colombia*. Bogotá, Colombia: Ensayo de botánica colombiana aplicada. Imprenta Nacional, Bogotá, Colombia; 1947.

Petersen BL, Andreasson E, Bak S, Agerbirk N, Halkier BA Characterization of transgenic *Arabidopsis thaliana* with metabolically engineered high levels of p-hydroxybenzylglucosinolate. *Planta* 2001; 212: 612-618.

Piotrowski M, Schemenewitz A, Lopukhinat A, Mueller A, Janowitz T. Desulfoglucosinolate sulfotransferases from *Arabidopsis thaliana* catalyze the final step in the biosynthesis of the glucosinolate core structure. *J Biol Chem* 2004; 279:50717–25.

Pontoppidan B, Hopkins R, Rask L, Meijer J. Differential wound induction of the myrosinase system in oilseed rape (*Brassica napus*): contrasting insect damage with mechanical damage. *Plant Sci* 2005; 168:715–22.

Prescott AG, John P. Dioxygenases-molecular structure and role in plant metabolism. *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 1996; 47:245–71.

Rask L, Andreasson E, Ekbom B, Eriksson S, Pontoppidan B, Meijer J. Myrosinase: gene family evolution and herbivore defense in Brassicaceae. *Plant Mol Biol* 2000; 42:93–113.

Rea, J. Germoplasma boliviano y calidad bromatológica de *Tropaeolum tuberosum*. Pp. 381–386 in *Memorias: 4. Congreso internacional de cultivos andinos*, Instituto Colombiano Agropecuario (ICA); Centro Internacional de Investigacion para el Desarrollo (CIID). 1984. Pasto, Colombia.

Reintanz B, Lehnen M, Reichelt M, Gershenzon J, Kowalczyk M. *Bus*, a bushy *Arabidopsis CYP79F1* knockout mutant with abolished synthesis of short-chain aliphatic glucosinolates. *Plant Cell* 2001; 13:351–67.

Smolen G, Bender J. *Arabidopsis* cytochrome p450 *cyp83B1* mutations activate the tryptophan biosynthetic pathway. *Genetics* 2002; 160:323–32.

Stadler E. Chemoreception of host plant chemicals by females of *Delia* (*Hylemya*) brassicae. *Entomol Exp Appl* 1978; 24: 711-720.

Tantikanjana T, Yong JWH, Letham DS, Griffith M, Hussain M. Control of axillary bud initiation and shoot architecture in *Arabidopsis* through the *SUPERSHOOT* gene. *Genes Dev* 2001; 15:1577–88.

Textor S, Bartram S, Kroymann J, Falk KL, Hick A. Biosynthesis of methionine derived glucosinolates in *Arabidopsis thaliana*: recombinant expression and characterization of methylthioalkylmalate synthase, the condensing enzyme of the chainelongation cycle. *Planta* 2004; 218:1026–35.

Textor S, de Kraker JW, Hause B, Gershenzon J y Tokuhsa J. MAM3 Catalyzes the Formation of All Aliphatic Glucosinolate Chain Lengths in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.* 2007;144 (1): 60–71.

Tierens K, Thomma BPH, Brouwer M, Schmidt J, Kistner K. Study of the role of antimicrobial glucosinolate-derived isothiocyanates in resistance of *Arabidopsis* to microbial pathogens. *Plant Physiol* 2001; 125:1688–99.

Toroser D, Griffiths H, Wood C, Thomas DR. Biosynthesis and partitioning of individual glucosinolates between pod walls and seeds and evidence for the occurrence of PAPS:desulphoglucosinolate sulphotransferase in seeds of oilseed rape (*Brassica napus* L.). *J Exp Bot* 1995; 46:1753–60.

Triglia T, Peterson MG, Kemp DJ. A procedure for in *vitro* amplification of DNA segments that lie outside the boundaries of known sequences. *Nuc Acid Res* 1988; 16: 8186.

Uzunova M, Ecke W, Weissleder K, Robbelen G. Mapping the genome of rapeseed (*Brassica napus* L).1. Construction of an RFLP linkage map and localization of QTLs for seed glucosinolate content. *Theor Appl Genet* 1995; 90:194–204.

Wetter LR, Chisholm MD. Sources of sulfur in thioglucosides of various higher plants. *Can J Biochem* 1968; 46:931–35.

Wittstock U, Halkier BA. Glucosinolate research in the *Arabidopsis* era. *Trends Plant Sci* 2002; 7:263–70.

Xu Z, Escamilla-Trevino LL, Zeng L, Lalgondar M, Bevan DR. Functional genomic analysis of *Arabidopsis thaliana* glycoside hydrolase family 1. *Plant Mol Biol* 2004;55:343–67.

Zhang Y, Talalay P, Cho C-G, Posner GH. A major inducer of anticarcinogenic protective enzymes from broccoli: isolation and elucidation of structure. *Proc Natl Acad Sci*. 1992; 89:2399–403.

Zhao Y, Christensen SK, Fankhauser C, Cashman JR, Cohen JD. A role for flavin monooxygenase-like enzymes in auxin biosynthesis. *Science* 2001; 291:306–9.

Zhao Y, Hull AK, Gupta NR, Goss KA, Alonso J. Trp-dependent auxin biosynthesis in *Arabidopsis*: involvement of cytochrome P450s *CYP79B2* and *CYP79B3*. *Genes Dev* 2002; 16:3100–12.

IX. WEBGRAFÍA

DNA Bank of Japan (DDBJ)

<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>

(accedido el 29 de marzo del 2008).

European Molecular Biology Laboratory (EMBL)

<http://www.ebi.ac.uk/embl/>

(accedido el 29 de marzo del 2008).

International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC).

<http://www.insdc.org/page.php?page=home>

(accedido el 29 de marzo del 2008)

Microarray (Genome chips). Monitoring the genome on a chip. <http://www.gene-chips.com/>

(accedido el 2 de enero del 2008)

Networks Pajek. Program for Large Network Analysis.

<http://vlado.fmf.uni-lj.si/pub/networks/pajek/>

(accedido el 23 de diciembre del 2007)

National Center for Biotechnology Information (NCBI)

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> (accedido el 17 de julio del 2008)

Nottingham *Arabidopsis* Stock Centre's microarray database (NASCArrays)

<http://affymetrix.Arabidopsis.info/narrays/experimentbrowse.pl> (accedido el 4 de diciembre del 2007)

Primer3. <http://frodo.wi.mit.edu/> (accedido el 2 de enero del 2008)

The *Arabidopsis* Information Resource (TAIR) <http://www.Arabidopsis.org>

(accedido el 4 de diciembre del 2007)

X. ANEXOS

VIII.1 Anexo 1

Genes de *Arabidopsis* considerados para los análisis de correlación por expresión (microarray). Las palabras claves, los nombres y las descripciones se mantienen en Inglés; para evitar posibles interpretaciones equívocas. Las palabras que no aparecen en siglas son los que forman parte de otros genes relacionados con la síntesis y degradación de los glucosinolatos (Tabla 1). En la columna “código AGI”, las celdas que indican “*También en ..*” se refieren los pasos de elongación de la cadena (1), formación de la estructura básica de los glucosinolatos, etc. Asimismo, las celdas que indican “sin prueba microarray” indican que efectivamente los chip affimetrix no consideran al referido gen. Las regiones resaltadas de azul son las que aparecen correlacionadas en los gráficos de correlación.

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(1) Elongación de la cadena	GBP	At5g23010 <i>También en (2)</i>	2- ISOPROPYLMAL ATE SYNTHASE 3, IMS3, MAM1, T20O7.3, T20O7_3	Encodes a methylthioalkylmalate synthase, catalyzes the condensation reactions of the first two rounds of methionine chain elongation in the biosynthesis of methionine-derived glucosinolates.
	GBP	At5g23020 <i>También en (2)</i>	IMS2, MAM-L, MAM3, METHYLTHIOAL KYMALATE SYNTHASE-LIKE, MYJ24.1, MYJ24_1	methylthioalkylmalate synthase-like. Also known as 2-isopropylmalate synthase (IMS2). encodes a methylthioalkylmalate synthase involved in the biosynthesis of aliphatic glucosinolates which accepts all the omega-methylthio-2-oxoalkanoic acids needed to form the known C3 to C8 glucosinolates in <i>Arabidopsis</i> .
	GBP-M	At1g06620 <i>También en (4)</i>	F12K11.24, F12K11_24	encodes a protein whose sequence is similar to a 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase
	GBP-M	At1g06640 <i>También en (4)</i>	F12K11.27, F12K11_27	encodes a protein whose sequence is similar to a 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(2) Formación de la estructura básica de los glucosinolatos	GBP-M	At1g06650 <i>También en (4)</i>	AT1G06650.1, F12K11.26, F12K11_26	encodes a protein whose sequence is similar to 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase
	GBP	At1g07640	AT1G07640.1, F24B9.30, F24B9_30, OBF BINDING PROTEIN 2, OBP2	A member of the DOF transcription factors. Prominently expressed in the phloem of leaves and other organs. Expression is induced by wounding, MeJA and insect feeding. Upregulates glucosinolate biosynthesis.
	chloroplast, 2-isopropylmalate synthase activity, leucine biosynthetic process, whole plant	At1g18500	F15H18.3, F15H18_3, IPMS1, MAML-4, METHYLTHIOAL KYLALATE SYNTHASE-LIKE 4	Encodes an active <i>Arabidopsis</i> isopropylmalate synthase IPMS1. Involved in leucine biosynthesis. Do not participate in the chain elongation of glucosinolates. Expressed constitutively throughout the plant. Loss of IPMS1 can be compensated by a second isopropylmalate synthase gene IPMS2 (At1g74040).
	GBP-M	At1g18590	F25I16.7, F25I16_7	sulfotransferase family protein; similar to sulfotransferase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G74090.1); similar to Flavonol 4'-sulfotransferase (F4-ST) (GB:P52837); contains InterPro domain Sulfotransferase; (InterPro:IPR000863)
	GBP-M, GBP-F, GBP-W	At1g24100	F3I6.2, F3I6_2, UDP-GLUCOSYL TRANSFERASE 74B1, UGT74B1	Encodes a UDP-glucose:thiohydroximate S-glucosyltransferase, involved in glucosinolate biosynthesis
	electron transport, oxygen binding, endomembrane system	At1g58260	CYP79C2, CYP79C3P, CYTOCHROME P450, FAMILY 79, SUBFAMILY C, POLYPEPTIDE 2, F19C14.12, F19C14_12	member of CYP79C subfamily of cytochrome p450s. Encodes a putative xylan endohydrolase. similar to some closely linked pseudogenes.
	chloroplast, 2-isopropylmalate synthase activity, leucine biosynthetic process, whole plant	At1g74040	F2P9.9, F2P9_9, IMS1, IPMS2, MAML-3	Encodes an active <i>Arabidopsis</i> isopropylmalate synthase IPMS2. Involved in leucine biosynthesis. Do not participate in the chain elongation of glucosinolates. Expressed constitutively throughout the plant. Loss of IPMS2 can be compensated by a second isopropylmalate synthase gene IPMS1 (At1g18500).
	GBP-M	At1g74090	F2P9.4, F2P9_4	sulfotransferase family protein; similar to sulfotransferase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G18590.1); similar to Flavonol 4'-sulfotransferase (F4-ST) (GB:P52837); contains InterPro domain Sulfotransferase; (InterPro:IPR000863)
	GBP-F, GBP-W	At1g74100	F2P9.3, F2P9_3	sulfotransferase family protein; similar to sulfotransferase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G74090.1); similar to Sulfotransferase [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE89261.1); contains InterPro domain Sulfotransferase; (InterPro:IPR000863)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
	electron transport, oxygen binding, endomembrane system	At1g79370	CYP79C1 , CYTOCHROME P450, FAMILY 79, SUBFAMILY C, POLYPEPTIDE 1, YUP8H12R.1, YUP8H12R 1	member of CYP79C
	C-S liasa, SUR1, GBP-M, GBP-F, GBP-W	At2g20610	ALF1, F23N11.7, F23N11_7, HLS3, RTY, RTY1, SUPERROOT 1, SUR1	Confers auxin overproduction. Mutants have an overproliferation of lateral roots.
	GBP-W	At2g22330	CYP79B3 , CYTOCHROME P450, FAMILY 79, SUBFAMILY B, POLYPEPTIDE 3, T26C19.1	Encodes a cytochrome P450. Involved in tryptophan metabolism. Converts Trp to indole-3-acetaldoxime (IAOx), a precursor to IAA and indole glucosinolates
	GBP	At3g09710	F11F8.30, IQ-DOMAIN 1, IQD1	Ca (2+)-dependent calmodulin-binding protein. Targeted to the nucleus. Involved in glucosinolate metabolism in response to biotic challenge. Expressed in vascular tissue.
	GBP	At3g19710	BCAT4 , BRANCHED-CHAIN AMINOTRANSFERASE4, MMB12.20	Belongs to the branched-chain amino acid aminotransferase gene family. Encodes a methionine-oxo-acid transaminase. Involved in the methionine chain elongation pathway that leads to the ultimate biosynthesis of methionine-derived glucosinolates.
	IGBP	At3g56400	ATWRKY70, T5P19.50, WRKY DNA-BINDING PROTEIN 70, WRKY70	member of WRKY Transcription Factor; Group III. Function as activator of SA-dependent defense genes and a repressor of JA-regulated genes. WRKY70-controlled suppression of JA-signaling is partly executed by NPR1.
	OxPD	At4g03050 <i>También en (4)</i> <i>También en (3)</i>	2- OXOGLUTARATE ?DEPENDENT DIOXYGENASE 3, AOP3, AT4G03050.1, T4I9.7, T4I9 7	encodes a 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase that catalyzes the conversion of methylsulfinylalkyl glucosinolates to hydroxyalkyl glucosinolates. involved in glucosinolate biosynthesis and secondary metabolism

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(2) Formación de la estructura básica de los glucosinolatos	OxPD, OxSD	At4g03060 <i>También en (4)</i>	ALKENYL HYDROXALKYL PRODUCING 2, AOP2, T4I9.6, T4I9_6	encodes a 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase that catalyzes the conversion of methylsulfanylalkyl glucosinolates to alkenyl glucosinolates. involved in glucosinolate biosynthesis and secondary metabolism.
	GBP-M	At4g03070 <i>También en (3)</i>	2- OXOGLUTARATE ?DEPENDENT DIOXYGENASE 1.1, AOP, AOP1, AOP1.1, T4I9.5, T4I9_5	Encodes a possible 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase that is involved in glucosinolate biosynthesis. The gene is expressed in all ecotypes examined but the enzymatic activity has not been determined experimentally. In Col, there is one copy of this gene (aka AOP1.1) but Ler contains two copies, AOP1.1 and a tightly linked AOP1.2.
	GBP-M, GBP-F	At4g13770	CYP83A1, CYTOCHROME P450 83A1, F18A5.160, F18A5_160, REF2	Encodes a cytochrome p450 enzyme that catalyzes the initial conversion of aldoximes to thiohydroximates in the synthesis of glucosinolates not derived from tryptophan. Also has a role in auxin homeostasis
	endoplasmic reticulum, NADPH- hemoprotein reductase activity, response to oxidative stress, phenylpropanoid metabolic process	At4g24520	AR1, <i>ARABIDOPSIS</i> CYTOCHROME REDUCTASE, ATR1, F22K18.280, F22K18_280	Encodes a cyp450 reductase likely to be involved in phenylpropanoid metabolism.
	GBP-F, GBP-W	At4g31500	ATR4, CYP83B1, CYTOCHROME P450 MONOOXYGENA SE 83B1, F3L17.70, F3L17_70, RED1, RNT1, SUR2	Encodes an oxime-metabolizing enzyme in the biosynthetic pathway of glucosinolates. Is required for phytochrome signal transduction in red light. Mutation confers auxin overproduction.
	GBP-W	At4g39950	CYP79B2, CYTOCHROME P450, FAMILY 79, SUBFAMILY B, POLYPEPTIDE 2, T5J17.120, T5J17_120	Belongs to cytochrome P450 and is involved in tryptophan metabolism. Converts Trp to indo-3-acetaldoxime (IAOx), a precursor to IAA and indole glucosinolates.
	GBP-F	At5g05260	CYP79A2, CYTOCHROME P450 79A2, K18I23.6, K18I23_6	Encodes cytochrome P450 CYP79A2.

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(2) Formación de la estructura básica de los glucosinolatos	RGBP	At5g07690	ATMYB29, MBK20.15, MBK20_15, MYB DOMAIN PROTEIN 29, MYB29, PMG2	Encodes a putative transcription factor (MYB29).
	GBP	At5g23010 <i>También en (1)</i>	2-ISOPROPYLMALATE SYNTHASE 3, IMS3, MAM1, T20O7.3, T20O7_3	Encodes a methylthioalkylmalate synthase, catalyzes the condensation reactions of the first two rounds of methionine chain elongation in the biosynthesis of methionine-derived glucosinolates.
	GBP	At5g23020 <i>También en (1)</i>	IMS2, MAM-L, MAM3, METHYLTHIOALKYLALATE SYNTHASE-LIKE, MYJ24.1, MYJ24_1	methylthioalkylmalate synthase-like. Also known as 2-isopropylmalate synthase (IMS2). encodes a methylthioalkylmalate synthase involved in the biosynthesis of aliphatic glucosinolates which accepts all the omega-methylthio-2-oxoalkanoic acids needed to form the known C3 to C8 glucosinolates in <i>Arabidopsis</i>
	cellular component unknown, iron ion binding, monooxygenase activity, electron transport, heme binding	At5g35920	CYP79A4P , CYTOCHROME P450, FAMILY 79, SUBFAMILY A, POLYPEPTIDE 4 PSEUDOGENE, F14A1.7, F14A1_7	a cytochrome P450 pseudogene
	IGBP	At5g60890	ALTERED TRYPTOPHAN REGULATION, ATMYB34, ATR, ATR1 , MSL3.10, MSL3_10, MYB DOMAIN PROTEIN 34, MYB34	Myb-like transcription factor that modulates expression of ASA1, a key point of control in the tryptophan pathway; mutant has deregulated expression of ASA1 in dominant allele. Loss of function allele suggests ATR1 also functions at a control point for regulating indole glucosinolate homeostasis.
	RGBP	At5g61420	AT5G61420.1, ATMYB28 , HAG1, MFB13.22, MFB13_22, MYB DOMAIN PROTEIN 28, MYB28, PMG1	Encodes a putative transcription factor (MYB28).
	GBP-M	At1g16400 (sin pruebas microarray)	CYP79F2 , CYTOCHROME P450, FAMILY 79, SUBFAMILY F, POLYPEPTIDE 2, F3O9.20, F3O9_20	Encodes cytochrome P450 CYP79F2

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
	GBP-M	At1g16410 (sin pruebas microarray)	BUS1, CYP79F1, F3O9.21, F3O9_21, SPS1, SUPERSHOOT 1	member of CYP79F
	cellular component unknown, iron ion binding, monooxygenase activity, electron transport, heme binding	At1g58265 (sin pruebas microarray)	AT1G58265.1	cytochrome P450-related; similar to CYP79C2 (cytochrome P450, family 79, subfamily C, polypeptide 2), oxygen binding [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G58260.1); similar to cytochrome P450 [<i>Brassica napus</i>] (GB:AAN76810.1); contains InterPro domain E-class P450, group I; (InterPro:IPR002401); contains InterPro domain Cytochrome P450; (InterPro:IPR001128)
	iron ion binding, monooxygenase activity, electron transport, heme binding	At5g35917 (sin pruebas microarray)	CYP79A3P, CYTOCHROME P450, FAMILY 79, SUBFAMILY A, POLYPEPTIDE 3 PSEUDOGENE	a pseudogene with cytochrome P450 domain
(3) Modificación de la cadena de los glucosinolatos	GBP,OxPD	At4g03050 <i>También en (2)</i> <i>También en (4)</i>	2-OXOGLUTARATE ?DEPENDENT DIOXYGENASE 3, AOP3, AT4G03050.1, T4I9.7, T4I9_7	encodes a 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase that catalyzes the conversion of methylsulfinylalkyl glucosinolates to hydroxyalkyl glucosinolates. involved in glucosinolate biosynthesis and secondary metabolism.
	OxPD	At4g03060 <i>También en (2)</i> <i>También en (4)</i>	ALKENYL HYDROXALKYL PRODUCING 2, AOP2, T4I9.6, T4I9_6	encodes a 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase that catalyzes the conversion of methylsulfinylalkyl glucosinolates to alkenyl glucosinolates. involved in glucosinolate biosynthesis and secondary metabolism.
	OxPD	At4g03070 <i>También en (2)</i> <i>También en (4)</i>	2-OXOGLUTARATE ?DEPENDENT DIOXYGENASE 1.1, AOP, AOP1, AOP1.1, T4I9.5, T4I9_5	Encodes a possible 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase that is involved in glucosinolate biosynthesis. The gene is expressed in all ecotypes examined but the enzymatic activity has not been determined experimentally. In Col, there is one copy of this gene (aka AOP1.1) but Ler contains two copies, AOP1.1 and a tightly linked AOP1.2.
	GCP	At5g26000 (Sin prueba microarray) <i>También en (4)</i>	TGG1, THIOGLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE 1 BGLU38 (Mirosinasa funcional, Xu <i>et al.</i> , 2004)	member of Glycoside Hydrolase Family 1. encodes one of two known functional myrosinase enzymes in <i>Arabidopsis</i> . The enzyme catalyzes the hydrolysis of glucosinolates into compounds that are toxic to various microbes and herbivores.

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	response to red or far red light, gibberellin catabolic process, gibberellin 2-beta-dioxygenase activity	At1g02400	ATGA2OX6, DTA1, GIBBERELLIN 2-OXIDASE 6, T6A9.9, T6A9_9	Encodes a gibberellin 2-oxidase
	GH	At1g02850	AT1G02850.1, F22D16.15, F22D16_15	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G22100.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G27830.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85054.1); contains InterPro domain 6-phospho-beta-galactosidase, eukaryotic; (InterPro:IPR011580); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	cellular component unknown, biological process unknown, 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase activity	At1g04350	F19P19.22, F19P19_22	encodes a protein whose sequence is similar to 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase
	cellular component unknown, biological process unknown, 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase activity	At1g04380	F19P19.18, F19P19_18	encodes a protein similar to a 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase
	chloroplast, cytosol, 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase activity, carotenoid biosynthetic process, vitamin E biosynthetic process, plastoquinone biosynthetic process	At1g06570	F12K11.9, F12K11_9, HPD, PDS1, PHYTOENE DESATURATION 1	Mutation of the PDS1 locus disrupts the activity of p-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase (HPPDase), the first committed step in the synthesis of both plastoquinone and tocopherols in plan

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	cellular component unknown, biological process unknown, 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase activity	At1g06620 <i>También en (2)</i>	F12K11.24, F12K11_24	encodes a protein whose sequence is similar to a 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase
	cellular component unknown, biological process unknown, 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase activity	At1g06640 <i>También en (2)</i>	F12K11.27, F12K11_27	encodes a protein whose sequence is similar to a 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase
	cellular component unknown, biological process unknown, 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase activity	At1g06650 <i>También en (2)</i>	AT1G06650.1, F12K11.26, F12K11_26	encodes a protein whose sequence is similar to 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase
	OxPD	At1g14120	F7A19.20, F7A19_20	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase, putative; similar to 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase, putative [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G14130.1); similar to 2-oxoacid-dependent dioxygenase [<i>Prunus mume</i>] (GB:BAE48659.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At1g14130	F7A19.21, F7A19_21	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase, putative; similar to 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase, putative [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G14120.1); similar to 2-oxoacid-dependent dioxygenase [<i>Prunus mume</i>] (GB:BAE48659.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	gibberellin 3-beta-dioxygenase activity, transcription factor binding, gibberellin biosynthetic process, response to red or far red light, response to gibberellin stimulus, response to red light, root vascular system, fruit, embryo, cotyledon, embryo axis, root, flower, filament, ovary placenta, receptacle, leaf, shoot apical meristem, stem, stem node, rosette leaf, 0 germination, seedling growth, terminal floral bud, sepal vascular system	At1g15550	ATGA3OX1, GA REQUIRING 4, GA4, T16N11.6, T16N11_6	Involved in later steps of the gibberellic acid biosynthetic pathway. Activated by AGAMOUS in a cal-1, ap1-1 background
	OxPD	At1g17010	F20D23.29, F20D23_29	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to SRG1 (SENESCENCE-RELATED GENE 1), oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G17020.1); similar to Os01g0351800 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001042986.1); similar to putative ethylene-forming enzyme [<i>Oryza sativa</i>] (GB:AAL79802.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At1g17020	ATSRG1, F20D23.28, F20D23_28, SENESCENCE-RELATED GENE 1, SRG1	Encodes a novel member of the Fe (II)/ascorbate oxidase gene family; senescence-related gene

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
4) Degradación de glucosinolatos	chloroplast, iron ion binding, lipoxygenase activity, defense response, jasmonic acid biosynthetic process, response to wounding, growth	At1g17420	F28G4.10, LIPOXYGENASE 3, LOX3	Lipoxygenase
	OxPD	At1g20270	F14O10.12, F14O10_12	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G17720.1); similar to putative prolyl 4-hydroxylase [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:BAD23054.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	GH	At1g26560	T1K7.7, T1K7_7	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G54570.1); similar to Os03g0212800 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001049358.1); similar to beta-glucosidase, putative [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE90952.1); similar to Putative beta-glucosidase [<i>Oryza sativa</i>] (GB:AAK92581.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	response to red or far red light, gibberellin catabolic process, gibberellin 2-beta-dioxygenase activity, response to red light, shoot apical meristem, leaf primordium	At1g30040	ATGA2OX2, T1P2.6, T1P2_6	Encodes a gibberellin 2-oxidase. AtGA2OX2 expression is responsive to cytokinin and KNOX activities.
	thylakoid, abscisic acid biosynthetic process, 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase activity, seed, flower	At1g30100	9-CIS EPOXYCAROTENOID DIOXYGENASE 5, ATNCED5, NCED5, NINE-CIS-EPOXYCAROTENOID DIOXYGENASE 5, T2H7.10, T2H7_10	Encodes 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase, a key enzyme in the biosynthesis of abscisic acid. The expression of this gene increases during the first 6h of imbibition.

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	OxPD	At1g35190	T32G9.27, T32G9_27	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G46480.1); similar to Os01g0188100 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001042255.1); similar to 2OG-Fe (II) oxygenase [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE81241.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	BGAL	At1g45130	BETA-GALACTOSIDAS E 5, BGAL5, F27F5.20, F27F5_20	beta-galactosidase, putative / lactase, putative; similar to BGAL1 (B-GALACTOSIDASE 1), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G13750.1); similar to BGAL3 (beta-galactosidase 3), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G36360.2); similar to BGAL12 (beta-galactosidase 12), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G26140.1); similar to beta-galactosidase [<i>Cicer arietinum</i>] (GB:CAA10128.1); similar to putative beta-galactosidase BG1 [<i>Vitis vinifera</i>] (GB:AAK81874.1); similar to β -galactosidase [<i>Vigna radiata</i>] (GB:AAF67342.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 35; (InterPro:IPR001944); contains InterPro domain Galactose-binding like; (InterPro:IPR008979)
	gibberellin catabolic process, gibberellin 2-beta-dioxygenase activity, shoot apical meristem, leaf primordium	At1g47990	ATGA2OX4, GIBBERELLIN 2-OXIDASE 4, T2J15.10, T2J15_10	Encodes a gibberellin 2-oxidase. AtGA2OX4 expression is responsive to cytokinin and KNOX activities.
	OxPD	At1g49390	F13F21.18, F13F21_18	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G20400.1); similar to ethylene-forming-enzyme-like dioxygenase [<i>Prunus armeniaca</i>] (GB:AAB88878.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	chloroplast, gibberellin biosynthetic process, gibberellin 2-beta-dioxygenase activity, gibberellin 20-oxidase activity	At1g50960	ATGA2OX7, F8A12.18, F8A12_18, GIBBERELLIN 2-OXIDASE 7	Encodes a protein with gibberellin 2-oxidase activity which acts specifically on C-20 gibberellins.
	GH	At1g51490	F5D21.16, F5D21_16	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G47600.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G51470.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85996.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
	GH	At1g52400	BETA-GLUCOSIDASE HOMOLOG 1, BGL1, F19K6.15, F19K6_15	encodes a member of glycosyl hydrolase family 1
	GCP	At1g54040	AT1G54040.1, EPITHIOSPECIFIER PROTEIN, ESP, ESR, F15I1.12, F15I1_12, TASTY	Epithiospecifier protein, interacts with WRKY53. Involved in pathogen resistance and leaf senescence.
	lipoxygenase activity, defense response, jasmonic acid biosynthetic process, response to wounding, defense response to bacterium, incompatible interaction, membrane disassembly, growth, response to abscisic acid stimulus, response to jasmonic acid stimulus	At1g55020	LIPOXYGENASE 1, LOX1	lipoxygenase, a defense gene conferring resistance <i>Xanthomonas campestris</i>
	OxPD	At1g55290	F7A10.24, F7A10_24	encodes a protein whose sequence is similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase
	GH	At1g60090	T2K10.15, T2K10_15	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G45191.2); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G22100.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G27830.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85054.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At1g60260	T13D8.15, T13D8_15	pseudogene, glycosyl hydrolase family 1, contains Pfam PF00232 : Glycosyl hydrolase family 1 domain; TIGRFAM TIGR01233: 6-phospho-beta-galactosidase; similar to amygdalin hydrolase isoform AH I precursor (GI:16757966) (<i>Prunus serotina</i>); blastp match of 60% identity and 6.4e-121 P-value to GP 12746303 gb AAK07429.1 AF321287_1 AF321287 beta-glucosidase { <i>Musa acuminata</i> }

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	GH	At1g60270	T13D8.16, T13D8_16	pseudogene, glycosyl hydrolase family 1, contains Pfam PF00232 : Glycosyl hydrolase family 1 domain; TIGRFAM TIGR01233: 6-phospho-beta-galactosidase; similar to hydroxyisourate hydrolase (GI:19569603) (Glycine max); blastp match of 57% identity and 2.8e-127 P-value to GP 12746303 gb AAK07429.1 AF321287_1 AF321287 beta-glucosidase { <i>Musa acuminata</i> }
	gibberellin biosynthetic process, gibberellin 20-oxidase activity	At1g60980	ATGA20OX4, GIBBERELLIN 20- OXIDASE 4, T7P1.12, T7P1_12	ATGA20OX4 (GIBBERELLIN 20-OXIDASE 4); gibberellin 20-oxidase; similar to YAP169 (Gibberellin 20 oxidase 3), gibberellin 20-oxidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G07200.1); similar to (GB:AAR83346.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	GH	At1g61810	BGLU45, T13M11.19, T13M11_19	BGLU45; hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds; similar to BGLU46, hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G61820.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE77795.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At1g61820	BGLU46, F8K4.3, F8K4_3	BGLU46; hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds; similar to BGLU45, hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G61810.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE77795.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	chloroplast, lipoxygenase activity, growth	At1g67560	F12B7.11, F12B7_11	lipoxygenase family protein; similar to LOX3 (Lipoxygenase 3), iron ion binding / lipoxygenase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G17420.1); similar to lipoxygenase, putative [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G72520.1); similar to LOX2 (LIPOXYGENASE 2) [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G45140.1); similar to lipoxygenase [<i>Zantedeschia aethiopica</i>] (GB:AAG18376.1); similar to lipoxygenase [<i>Nicotiana attenuata</i>] (GB:AAP83138.1); similar to lipoxygenase [<i>Sesbania rostrata</i>] (GB:CAC43237.1); contains InterPro domain Lipoxygenase, LH2; (InterPro:IPR001024); contains InterPro domain Plant lipoxygenase; (InterPro:IPR001246); contains InterPro domain Lipase/lipoxygenase, PLAT/LH2; (InterPro:IPR008976); contains InterPro domain Lipoxygenase; (InterPro:IPR000907)
	OxPD	At1g68080	T23K23.7, T23K23_7	oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors; similar to Os03g0238700 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001049501.1); similar to hypothetical protein SwitDRAFT_3374 [<i>Sphingomonas wittichii</i> RW1] (GB:ZP_01607997.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	chloroplast, iron ion binding, lipoxygenase activity, defense response, jasmonic acid biosynthetic process, response to wounding, growth	At1g72520	T10D10.1, T10D10_1	lipoxygenase, putative; similar to lipoxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G67560.1); similar to LOX3 (Lipoxygenase 3), iron ion binding / lipoxygenase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G17420.1); similar to LOX2 (LIPOXYGENASE 2) [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G45140.1); similar to lipoxygenase [<i>Nicotiana attenuata</i>] (GB:AAP83138.1); similar to lipoxygenase [<i>Sesbania rostrata</i>] (GB:CAC43237.1); similar to 13-lipoxygenase [<i>Solanum tuberosum</i>] (GB:CAA65269.1); contains InterPro domain Lipoxygenase, LH2; (InterPro:IPR001024); contains InterPro domain Plant lipoxygenase; (InterPro:IPR001246); contains InterPro domain Lipase/lipoxygenase, PLAT/LH2; (InterPro:IPR008976); contains InterPro domain Lipoxygenase; (InterPro:IPR000907)
	BGAL	At1g72990	BETA-GALACTOSIDASE 17, BGAL17, F3N23.19, F3N23_19	glycosyl hydrolase family 35 protein; similar to BGAL3 (beta-galactosidase 3), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G36360.2); similar to Os05g0539400 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001056172.1); similar to putative beta-galactosidase [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:AAV59405.1); similar to Galactose-binding like [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABD28499.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 35; (InterPro:IPR001944); contains InterPro domain Galactose-binding like; (InterPro:IPR008979)
	OxSD	At1g73680	F25P22.10, F25P22_10	pathogen-responsive alpha-dioxygenase, putative; similar to ALPHA-DOX1 (ALPHA-DIOXYGENASE 1) [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G01420.1); similar to TPA: TPA_exp: alpha-dioxygenase 3 [<i>Lycopersicon esculentum</i>] (GB:DAA01542.1); similar to alpha-dioxygenase 2 [<i>Solanum lycopersicum</i>] (GB:CAH64542.1); similar to alpha-DOX2 [<i>Lycopersicon esculentum</i>] (GB:AAR05647.1); contains InterPro domain Animal haem peroxidase; (InterPro:IPR002007); contains InterPro domain Haem peroxidase; (InterPro:IPR010255)
	GH	At1g75940	<i>ARABIDOPSIS thaliana</i> ANTH27, ATA27, T4O12.15, T4O12_15	encodes a protein similar to the BGL4 beta-glucosidase from <i>Brassica napus</i> . The ATA27 protein is predicted to have an ER retention signal and an acidic isoelectric point, suggesting that it may be localized to the ER lumen.

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	BGAL	At1g77410	BETA-GALACTOSIDAS E 16, BGAL16, F2P24.12, F2P24_12	beta-galactosidase, putative / lactase, putative; similar to BGAL6 (beta-galactosidase 6), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G63800.1); similar to BGAL11 (beta-galactosidase 11), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G35010.1); similar to BGAL13 (beta-galactosidase 13), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G16730.1); similar to D-galactoside/L-rhamnose binding SUEL lectin; Galactose-binding like [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85265.1); similar to Galactose-binding like [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE79804.1); similar to Galactose-binding like [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE79284.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 35; (InterPro:IPR001944); contains InterPro domain Galactose-binding like; (InterPro:IPR008979); contains InterPro domain D-galactoside/L-rhamnose binding SUEL lectin; (InterPro:IPR000922)
	chloroplast stroma, abscisic acid biosynthetic process, 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase activity, seed	At1g78390	9-CIS EPOXYCAROTENOID DIOXYGENASE 9, ATNCD9, F3F9.10, F3F9_10, NCD9, NINE-CIS-EPOXYCAROTENOID DIOXYGENASE 9	Encodes 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase, a key enzyme in the biosynthesis of abscisic acid. The expression of this gene increases during the first 6h of imbibition.
	gibberellin catabolic process, gibberellin 2-beta-dioxygenase activity, shoot apex	At1g78440	ATGA2OX1, F3F9.5, F3F9_5, GIBBERELLIN 2-OXIDASE 1	Encodes a gibberellin 2-oxidase.
	gibberellin 3-beta-dioxygenase activity, gibberellin biosynthetic process, fruit, seed, embryo, flower, outer integument	At1g80330	ATGA3OX4, F516.8, F516_8, GIBBERELLIN 3-OXIDASE 4	Encodes a protein with gibberellin 3-oxidase activity. The enzyme, expressed and purified in E.coli, was shown to catalyze the 3 β -hydroxylation of GA20 into GA29.
	gibberellin 3-beta-dioxygenase activity, gibberellin biosynthetic process, seed germination	At1g80340	ATGA3OX2, F516.9, F516_9, GA4H, GIBBERELLIN 3 BETA-HYDROXYLASE	Encodes a protein with gibberellin 3 β -hydroxylase activity. The protein was heterologously expressed in E. coli and shown to catalyze the hydroxylation of both GA9 and GA20.

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	OxPD	At2g06960	T4E14.7, T4E14_7	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G36690.1); similar to putative dioxygenase [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:BAD46601.1); similar to Os09g0570800 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001063989.1); similar to Os08g0560000 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001062506.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	BGAL	At2g16730	BETA-GALACTOSIDAS E 13, BGAL13, T24I21.14, T24I21_14	putative beta-galactosidase (BGAL13 gene)
	OxPD	At2g17720	T17A5.10, T17A5_10	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G35810.1); similar to 2OG-Fe (II) oxygenase [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE81866.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	GH	At2g25630	F3N11.8, F3N11_8	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G44640.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G42260.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G44450.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE83886.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	cellular component unknown, biological process unknown, metal ion binding, heteroglycan binding, acireductone dioxygenase [iron (II)-requiring] activity	At2g26400	ACIREDUCTONE DIOXYGENASE, ARD, ATARD3, T9J22.7, T9J22_7	Encodes a protein predicted to belong to the acireductone dioxygenase (ARD/ARD')family.

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	BGAL	At2g28470	BETA-GALACTOSIDAS E 8, BETA-GLACTOSIDASE 8, BGAL8, T17D12.3, T17D12_3	putative beta-galactosidase (BGAL8 gene)
	BGAL	At2g32810	B-GALACTOSIDAS E 9, BETA-GALACTOSIDAS E 9, BGAL9, F24L7.5, F24L7_5	putative beta-galactosidase
	GH	At2g32860	AT2G32860.1, T21L14.20, T21L14_20	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to DIN2 (DARK INDUCIBLE 2), hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G60140.1); similar to OSIGBa0106G07.1 [<i>Oryza sativa</i> (indica cultivar-group)] (GB:CAH67305.1); similar to putative prunasin hydrolase isoform PHA precursor [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:BAD61620.1); similar to OSJNBa0022H21.3 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:CAE05483.2); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	gibberellin catabolic process, gibberellin 2-beta-dioxygenase activity, shoot apex	At2g34555	ATGA2OX3, GIBBERELLIN 2-OXIDASE 3	ATGA2OX3 (GIBBERELLIN 2-OXIDASE 3); gibberellin 2-beta-dioxygenase; Identical to Gibberellin 2-beta-dioxygenase 3 (EC 1.14.11.13) (Gibberellin 2-beta-hydroxylase 3) (Gibberellin 2-oxidase 3) (GA 2-oxidase 3) (GA2OX3) [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (GB:O64692); similar to ATGA2OX2, gibberellin 2-beta-dioxygenase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G30040.1); similar to (GB:BAD99507.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At2g36690	F13K3.9, F13K3_9	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G60290.1); similar to putative dioxygenase [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:BAD46601.1); similar to Os09g0570800 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001063989.1); similar to Os08g0560000 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001062506.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At2g43080	<i>A. thaliana</i> P4H ISOFORM 1, AT-P4H-1, MFL8.6	Encodes a prolyl-4 hydroxylase that can hydroxylate poly (L-proline), the collagen model peptide (Pro-Pro-Gly) ₁₀ and other proline rich peptides.

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
4) Degradación de glucosinolatos	GH	At2g44450	F4I1.26	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G44640.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G42260.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G25630.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE83886.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At2g44460	F4I1.27	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G24550.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G44470.1); similar to DIN2 (DARK INDUCIBLE 2), hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G60140.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE86373.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At2g44470	F4I1.28	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to DIN2 (DARK INDUCIBLE 2), hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G60140.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G44460.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85996.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At2g44480	F4I1.29	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G44450.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE86373.1); contains InterPro domain 6-phospho-beta-galactosidase, eukaryotic; (InterPro:IPR011580); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At2g44490	F4I1.30, PEN2, PENETRATION 2	Encodes a glycosyl hydrolase that localizes to peroxisomes and acts as a component of an inducible preinvasion resistance mechanism. Required for mlo resistance.
	OxPD	At2g44800	F16B22.29	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G60290.1); similar to Fe ²⁺ dioxygenase-like [<i>Capsella rubella</i>] (GB:AAR15457.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	chloroplast stroma, plastid, carotene catabolic process, xanthophyll catabolic process, auxin polar transport, 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase activity, secondary shoot formation, fruit, root, flower, leaf, petiole, stem	At2g44990	CCD7, MAX3, MORE AXILLARY GROWTH 3, T14P1.21	More Axillary Branching; carotenoid cleavage dioxygenases.
	lipoxygenase activity, cell death, response to oxidative stress, fatty acid alpha-oxidation	At3g01420	ALPHA-DIOXYGENASE 1, ALPHA-DOX1, DOX1, T13O15.6, T13O15_6	Encodes an alpha-dioxygenase involved in protection against oxidative stress and cell death. Induced in response to Salicylic acid and oxidative stress. Independent of NPR1 in induction by salicylic acid.
	GH	At3g03640	BETA-GLUCOSIDASE HOMOLOG, GLUC, T12J13.8, T12J13_8	Encodes beta-glucosidase (GLUC).
	OxPD	At3g06300	<i>A. thaliana</i> P4H ISOFORM 2, AT-P4H-2, F24P17.24, F24P17_24	Encodes a prolyl-4 hydroxylase that can hydroxylate poly (L-proline) and other proline rich peptides, including those with sequences corresponding to those in arabinogalactan proteins and extensins.
	GH	At3g06510	F5E6.16, F5E6_16, SENSITIVE TO FREEZING 2, SFR2	Encodes a protein with beta-glucosidase activity, mutants show increased sensitivity to freezing
	GH	At3g09260	F3L24.13, PHOSPHATE STARVATION-RESPONSE 3.1, PSR3.1, PYK10	Encodes beta-glucosidase. The major constituent of ER bodies. One of the most abundant proteins in <i>Arabidopsis</i> seedlings. Exist in an soluble (inactive) and non-soluble (active) form, most probably formed in a polymerization process.
	OxPD	At3g12900	MJM20.4	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G55290.1); similar to 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase [<i>Solanum lycopersicum</i>] (GB:BAD98961.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At3g13610	K20M4.9	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G55290.1); similar to 2OG-Fe (II) oxygenase [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE88764.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	BGAL	At3g13750	B-GALACTOSIDASE 1, BETA-GALACTOSIDASE 1, BGAL1, MMM17.1	beta-galactosidase, glycosyl hydrolase family 35
	GCP	At3g14210	EPITHIOSPECIFIER MODIFIER 1, ESM1, MAG2.6	A semidominant QTL which has an epistatic effect on the Epithiospecifier gene. Represses nitrile formation and favors isothiocyanate production during glucosinolate hydrolysis. The functional allele deters the insect herbivory T. ni.
	chloroplast stroma, chloroplast thylakoid membrane, abscisic acid biosynthetic process, response to water deprivation, response to osmotic stress, 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase activity, hyperosmotic salinity response, guard cell, seed, root cortex, pericycle, flower, root tip	At3g14440	ATNCED3, MOA2.4, NCED3, NINE-CIS-EPOXYCAROTENOID DIOXYGENASE3, STO1	Encodes 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase, a key enzyme in the biosynthesis of abscisic acid. Regulated in response to drought and salinity. Expressed in roots, flowers and seeds. Localized to the chloroplast stroma and thylakoid membrane.
	MBP	At3g16440	ATMLP-300B, MATERNAL EFFECT EMBRYO ARREST 36, MEE36, MYROSINASE-BINDING PROTEIN-LIKE PROTEIN-300B, T2O4.19	myrosinase-binding protein-like protein (AtMLP-300B) mRNA,
	GH	At3g18070	MRC8.6	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G18080.1); similar to beta-mannosidase enzyme [<i>Lycopersicon esculentum</i>] (GB:AAL37714.1); similar to beta-mannosidase 3 [<i>Oncidium Gower Ramsey</i>] (GB:ABC55716.1); similar to beta-mannosidase 1 [<i>Oncidium Gower Ramsey</i>] (GB:ABC55718.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	GH	At3g18080	MRC8.20	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G18070.1); similar to beta-mannosidase enzyme [<i>Lycopersicon esculentum</i>] (GB:AAL37714.1); similar to beta-mannosidase 3 [<i>Oncidium Gower Ramsey</i>] (GB:ABC55716.1); similar to beta-mannosidase 2 [<i>Oncidium Gower Ramsey</i>] (GB:ABC55717.1); contains InterPro domain 6-phospho-beta-galactosidase, eukaryotic; (InterPro:IPR011580); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	OxPD	At3g18210	MRC8.21	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G22950.1); similar to hypothetical protein DDBDRAFT_0190977 [<i>Dictyostelium discoideum</i> AX4] (GB:XP_646715.1); similar to Os01g0502400 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001043135.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At3g19000	K13E13.13	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G19010.1); similar to putative oxylase protein [<i>Pinus pinaster</i>] (GB:CAC83305.1); similar to Os08g0249900 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001061373.1); similar to Os03g0618300 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001050669.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	cellular component unknown, flavonoid biosynthetic process, flavonol synthase activity	At3g19010	K13E13.17	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G19000.1); similar to putative oxylase protein [<i>Pinus pinaster</i>] (GB:CAC83305.1); similar to Os03g0618300 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001050669.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	GH	At3g21370	MHC9.5	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to BGL1 (BETA-GLUCOSIDASE HOMOLOG 1), hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G52400.1); similar to ATA27 (<i>Arabidopsis thaliana</i> anther 27), hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G75940.1); similar to PYK10 (phosphate starvation-response 3.1), hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G09260.1); similar to beta-glucosidase [<i>Brassica nigra</i>] (GB:AAB38784.1); similar to beta-glucosidase [<i>Brassica napus</i>] (GB:CAA57913.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	cellular component unknown, lipoxygenase activity, root development, lateral root primordiu	At3g22400	LOX5, MCB17.13	lipoxygenase, putative; similar to LOX3 (Lipoxygenase 3), iron ion binding / lipoxygenase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G17420.1); similar to LOX1 (Lipoxygenase 1), lipoxygenase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G55020.1); similar to lipoxygenase, putative [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G72520.1); similar to lipoxygenase [<i>Fragaria x ananassa</i>] (GB:CAE17327.1); similar to lipoxygenase [<i>Corylus avellana</i>] (GB:CAD10740.1); similar to lipoxygenase-9 [<i>Cucumis sativus</i>] (GB:CAB83038.1); contains InterPro domain Lipoxygenase, LH2; (InterPro:IPR001024); contains InterPro domain Plant lipoxygenase; (InterPro:IPR001246); contains InterPro domain Lipase/lipoxygenase, PLAT/LH2; (InterPro:IPR008976); contains InterPro domain Lipoxygenase; (InterPro:IPR000907)
	chloroplast stroma, chloroplast thylakoid membrane, abscisic acid biosynthetic process, response to red or far red light, 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase activity, response to red light, seed, endosperm, chalazal cyst, flower, chalazal and micropylar domain establishment	At3g24220	9-CIS EPOXYCAROTENOID DIOXYGENASE 6, ATNCED6, MUJ8.12, NCED6, NINE-CIS-EPOXYCAROTENOID DIOXYGENASE 6	A member of gene NCED-related gene family, encodes 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase, a key enzyme in the biosynthesis of abscisic acid. The expression of this gene declines during the first 12h of imbibition
	OxPD	At3g28480	MFJ20.16	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G28490.1); similar to Metridin-like ShK toxin; 2OG-Fe (II) oxygenase [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE78638.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620); contains InterPro domain Metridin-like ShK toxin; (InterPro:IPR003582); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At3g28490	MFJ20.17	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G28480.1); similar to Metridin-like ShK toxin; 2OG-Fe (II) oxygenase [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE78638.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620); contains InterPro domain Metridin-like ShK toxin; (InterPro:IPR003582); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	GCP	At3g44320	NIT3, NITRILASE 3, T10D17.110	Nitrilase (nitrile aminohydrolase ,EC 3.5.5.1) catalyzes the hydrolysis of indole-3-acetonitrile (IAN) to indole-3-acetic acid (IAA). It is the only one of the four <i>Arabidopsis</i> nitrilases whose mRNA levels are strongly induced when plants experience sulphur deprivation.
	chloroplast thylakoid membrane, response to water deprivation, jasmonic acid biosynthetic process, response to wounding, response to jasmonic acid stimulus, response to other organism	At3g45140	ATLOX2, LIPOXYGENASE 2, LOX2, T14D3.80	Chloroplast lipoxygenase required for wound-induced jasmonic acid accumulation in <i>Arabidopsis</i> . Mutants are resistant to <i>Staphylococcus aureus</i> and accumulate salicylic acid upon infection.
	OxPD	At3g46480	F12A12.1	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G35190.1); similar to Os01g0188100 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001042255.1); similar to 2OG-Fe (II) oxygenase [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE81241.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At3g46490	F12A12.10	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G35190.1); similar to Os01g0188100 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001042255.1); similar to 2OG-Fe (II) oxygenase [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE81241.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	flavonoid biosynthetic process, naringenin 3-dioxygenase activity	At3g51240	F24M12.280, F3'H, F3H, TRANSPARENT TESTA 6, TT6	Encodes flavanone 3-hydroxylase that is coordinately expressed with chalcone synthase and chalcone isomerases. Regulates flavonoid biosynthesis.

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	BGAL	At3g52840	BETA-GALACTOSIDAS E 2, BGAL2, F8J2.10	beta-galactosidase, putative / lactase, putative; similar to BGAL1 (B-GALACTOSIDASE 1), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G13750.1); similar to beta-galactosidase, putative / lactase, putative [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G56870.1); similar to BGAL12 (beta-galactosidase 12), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G26140.1); similar to pear beta-galactosidase I [<i>Pyrus communis</i>] (GB:BAE72073.1); similar to beta-D-galactosidase [<i>Pyrus pyrifolia</i>] (GB:BAB21492.1); similar to beta-galactosidase precursor [<i>Carica papaya</i>] (GB:AAC77377.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 35; (InterPro:IPR001944); contains InterPro domain Galactose-binding like; (InterPro:IPR008979)
	GH	At3g60120	T2O9.100	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to PEN2 (PENETRATION 2), hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G44490.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE86373.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At3g60130	T2O9.110	glycosyl hydrolase family 1 protein / beta-glucosidase, putative (YLS1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G44640.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G42260.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G44450.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE83886.1); similar to OSIGBa0135C13.7 [<i>Oryza sativa</i> (indica cultivar-group)] (GB:CAH66812.1); similar to OSJNBa0022H21.3 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:CAE05483.2); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At3g60140	DARK INDUCIBLE 2, DIN2, SRG2, T2O9.120, T2O9_120	Encodes a protein similar to beta-glucosidase and is a member of glycoside hydrolase family 1. Expression is induced after 24 hours of dark treatment, in senescing leaves and treatment with exogenous photosynthesis inhibitor. Induction of gene expression was suppressed in excised leaves supplied with sugar. The authors suggest that the gene's expression pattern is responding to the level of sugar in the cell.
	OxPD	At3g60290	F27H5.80	oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G44800.1); similar to Fe ²⁺ dioxygenase-like [<i>Capsella rubella</i>] (GB:AAR15457.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	GH	At3g62740	F26K9.170	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G27820.1); similar to hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G62750.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G27830.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85054.1); contains InterPro domain 6-phospho-beta-galactosidase, eukaryotic; (InterPro:IPR011580); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At3g62750	F26K9.180	hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G27820.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G27830.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G62740.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85054.1); contains InterPro domain 6-phospho-beta-galactosidase, eukaryotic; (InterPro:IPR011580); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	cytoplasm, carotene catabolic process, carotenoid catabolic process, response to water deprivation, xanthophyll catabolic process, 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase activity, fruit, root, flower, leaf, petiole, stem	At3g63520	ATCCD1, ATNCED1, CAROTENOID CLEAVAGE DIOXYGENASE 1, CCD1, MAA21.150, NCED1	Encodes a protein with 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase activity. The enzyme was shown to act on a variety of carotenoid including β -carotene, lutein, zeaxanthin, and all-trans-violaxanthin. When those compounds are used as substrates, the major reaction product detected is a C14 dialdehyde: 4,9-dimethyldodeca-2,4,6,8,10-pentaene-1,12-dial. The enzyme did not cleave as efficiently carotenoids containing 9-cis-double or allenic bonds.
	GBP,OxPD	At4g03050 <i>También en (2)</i> <i>También en (3)</i>	2-OXOGLUTARATE ?DEPENDENT DIOXYGENASE 3, AOP3, AT4G03050.1, T4I9.7, T4I9_7	encodes a 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase that catalyzes the conversion of methylsulfinylalkyl glucosinolates to hydroxyalkyl glucosinolates. involved in glucosinolate biosynthesis and secondary metabolism.
	GBP,OxPD, OxSD	At4g03060 <i>También en (2)</i> <i>También en (3)</i>	ALKENYL HYDROXALKYL PRODUCING 2, AOP2, T4I9.6, T4I9_6	encodes a 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase that catalyzes the conversion of methylsulfinylalkyl glucosinolates to alkenyl glucosinolates. involved in glucosinolate biosynthesis and secondary metabolism.

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
4) Degradación de glucosinolatos	GBP,OxPD	At4g03070 <i>También en (2)</i> <i>También en (3)</i>	2- OXOGLUTARATE ?DEPENDENT DIOXYGENASE 1.1, AOP, AOP1, AOP1.1, T419.5, T419_5	Encodes a possible 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase that is involved in glucosinolate biosynthesis. The gene is expressed in all ecotypes examined but the enzymatic activity has not been determined experimentally. In Col, there is one copy of this gene (aka AOP1.1) but Ler contains two copies, AOP1.1 and a tightly linked AOP1.2.
	OxPD	At4g10490	F7L13.70, F7L13_70	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G10500.1); similar to H0303A11-B0406H05.3 [<i>Oryza sativa</i> (indica cultivar-group)] (GB:CAH67943.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At4g10500	F7L13.80, F7L13_80	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G10490.1); similar to Os04g0581100 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001053652.1); similar to H0303A11-B0406H05.3 [<i>Oryza sativa</i> (indica cultivar-group)] (GB:CAH67943.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At4g16330	DL4195C, FCAALL.60	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G38240.1); similar to naringenin 3-dioxygenase like protein [<i>Brassica napus</i>] (GB:CAC14568.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At4g16770	DL4410C, FCAALL.233	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G16765.1); similar to hypothetical protein [<i>Capsella rubella</i>] (GB:CAB96197.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
(4) Degradación de glucosinolatos	chloroplast stroma, chloroplast thylakoid membrane, abscisic acid biosynthetic process, 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase activity, guard cell, seed, root cortex, pericycle, flower, root tip	At4g18350	9-CIS EPOXYCAROTEN OID DIOXYGENASE 2, ATNCED2, F28J12.10, F28J12_10, NCED2, NINE- CIS- EPOXYCAROTEN OID DIOXYGENASE 2	Encodes 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase, a key enzyme in the biosynthesis of abscisic acid. The expression of this gene declines during the first 12h of imbibition.
	cellular component unknown, gibberellin 2-beta-dioxygenase activity	At4g21200	ATGA2OX8, F7J7.140, F7J7_140, GIBBERELLIN 2- OXIDASE 8	Encodes a protein with gibberellin 2-oxidase activity which acts specifically on C-20 gibberellins.

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
	GH	At4g21760	BETA-GLUCOSIDASE 47, BGLU47, F17L22.220, F17L22_220	BGLU47 (Beta-glucosidase 47); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds; similar to BGLU45, hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G61810.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE77795.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At4g22100	F1N20.200 , F1N20_200	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G60090.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G45191.2); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G27830.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85054.1); contains InterPro domain 6-phospho-beta-galactosidase, eukaryotic; (InterPro:IPR011580); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	cytoplasm, gibberellin 3-beta-dioxygenase activity, gibberellin biosynthetic process, gibberellic acid mediated signaling, gibberellin 20-oxidase activity	At4g25420	AT2301, ATGA20OX1, GA REQUIRING 5, GA20OX1, GA5, T30C3.90, T30C3_90	Encodes gibberellin 20-oxidase that is involved in the later steps of the gibberellin biosynthetic pathway. Regulated by a circadian clock. Weak expression response to far red light.
	OxPD	At4g25600	M7J2.30, M7J2_30	ShTK domain-containing protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G28480.1); similar to prolyl 4-hydroxylase [<i>Dianthus caryophyllus</i>] (GB:AAT84604.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620); contains InterPro domain Metridin-like ShK toxin; (InterPro:IPR003582)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	BGAL	At4g26140	BETA-GALACTOSIDAS E 12, BGAL12, F20B18.250, F20B18_250	putative beta-galactosidase
	GH	At4g27820	T27E11.60, T27E11_60	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G62750.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G27830.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G62740.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85054.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At4g27830	T27E11.70, T27E11_70	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G27820.1); similar to hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G62750.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G62740.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85054.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	OxSD	At4g32810	CAROTENOID CLEAVAGE DIOXYGENASE 8, CCD8, MAX4, T16I18.20, T16I18_20	Encodes a protein with similarity to carotenoid cleaving deoxygenases, the enzymes that cleave beta-carotene. Involved in the production of a graft transmissible signal to suppress axillary branching. Protein is localized to chloroplast stroma and expressed primarily in root tip. Mutants in the gene exhibit increased shoot branching, and light-dependent defects in hook opening and hypocotyl/root elongation. Only upregulated by auxin in the root and hypocotyl, and this is not required for the inhibition of shoot branching.
	OxPD	At4g33910	F17I5.100, F17I5_100	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G23096.1); similar to prolyl 4-hydroxylase [<i>Nicotiana tabacum</i>] (GB:BAD07294.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	BGAL	At4g35010	BETA-GALACTOSIDAS E 11, BGAL11, M4E13.70, M4E13_70	putative beta-galactosidase (BGAL11 gene)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
	OxPD	At4g35820	F4B14.90, F4B14_90	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G35810.1); similar to Os10g0497800 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001064962.1); similar to putative prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:AAL58274.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	BGAL	At4g36360	BETA-GALACTOSIDAS E 3, BGAL3, F23E13.200, F23E13_200	putative beta-galactosidase (BGAL3 gene)
	BGAL	At4g38590	BETA-GALACTOSIDAS E 14, BGAL14, F20M13.150, F20M13_150	putative beta-galactosidase (BGAL14 gene)
	gibberellin biosynthetic process, gibberellin 20-oxidase activity	At5g07200	ATGA20OX3, GA20OX3, GIBBERELLIN 20 OXIDASE 3, T28J14.140, T28J14_140, YAP169	Encodes a gibberellin 20-oxidase
	OxPD	At5g07480	T2I1.190, T2I1_190	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G60290.1); similar to Fe ²⁺ dioxygenase-like [<i>Capsella rubella</i>] (GB:AAR15457.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	cellular component unknown, flavonoid biosynthetic process, flavonol synthase activity	At5g08640	FLAVONOL SYNTHASE, FLS, T2K12.5	Encodes a flavonol synthase that catalyzes formation of flavonols from dihydroflavonols
	OxPD	At5g12270	AT5G12270.1	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G13610.1); similar to putative flavanone 3-hydroxylase [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:AAL58118.1); similar to Os04g0581000 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001053651.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	GH	At5g16580	MTG13.2, MTG13_2	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G22100.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85054.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	OxPD	At5g18900	F17K4.150, F17K4_150	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to AT-P4H-2 (A. <i>thaliana</i> P4H ISOFORM 2), oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors / procollagen-proline 4-dioxygenase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G06300.1); similar to prolyl 4-hydroxylase [<i>Dianthus caryophyllus</i>] (GB:AAT84604.1); similar to Os05g0489100 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001055890.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620); contains InterPro domain Metridin-like ShK toxin; (InterPro:IPR003582); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At5g20400	F5O24.290, F5O24_290	encodes a protein whose sequence is similar to flavanone 3 hydroxylase from <i>Malus</i> .
	OxPD	At5g20550	F7C8.140, F7C8_140	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G20400.1); similar to ethylene-forming-enzyme-like dioxygenase [<i>Prunus armeniaca</i>] (GB:AAB88878.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
(4) Degradación de glucosinolatos	BGAL	At5g20710	BETA- GALACTOSIDAS E 7, BGAL7, T1M15.110, T1M15_110	BGAL7 (beta-galactosidase 7); beta-galactosidase; similar to BGAL1 (B-GALACTOSIDASE 1), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G13750.1); similar to beta-galactosidase, putative / lactase, putative [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G31740.1); similar to BGAL8 (beta-galactosidase 8), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G28470.1); similar to Beta-galactosidase precursor (Lactase) (GB:P49676); similar to beta-galactosidase [Man (GB:CAJ09953.1); similar to D-galactoside/L-rhamnose binding SUEL lectin; Galactose-binding like [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE78217.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 35; (InterPro:IPR001944); contains InterPro domain Galactose-binding like; (InterPro:IPR008979); contains InterPro domain D-galactoside/L-rhamnose binding SUEL lectin; (InterPro:IPR000922)
	OxPD	At5g24530	K18P6.6, K18P6_6	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G10490.1); similar to 2OG-Fe (II) oxygenase [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85154.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	GH	At5g24540	K18P6.7, K18P6_7	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G24550.1); similar to DIN2 (DARK INDUCIBLE 2), hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G60140.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G44460.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85996.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At5g24550	K18P6.8, K18P6_8	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to DIN2 (DARK INDUCIBLE 2), hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G60140.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G44460.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G24540.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE85996.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At5g28510	T26D3.6, T26D3_6	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to beta-glucosidase (PSR3.2) [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G66270.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G66280.1); similar to PYK10 (phosphate starvation-response 3.1), hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G09260.1); similar to beta-glucosidase [<i>Brassica nigra</i>] (GB:AAB38784.1); similar to beta-glucosidase [<i>Brassica napus</i>] (GB:CAA57913.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	GH	At5g36890	MLF18.1, MLF18_1	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G26560.1); similar to latex cyanogenic β -glucosidase [<i>Hevea brasiliensis</i>] (GB:AAP51059.1); similar to Os01g0897600 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001045089.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	cellular component unknown, biological process unknown, metal ion binding, acireductone dioxygenase [iron (II)-requiring] activity	At5g43850	ATARD4, MQD19.21, MQD19_21	ATARD4; acireductone dioxygenase (Fe ²⁺ -requiring)/ metal ion binding; Identical to 1,2-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 4 (EC 1.13.-.-) (Acireductone dioxygenase 4) (ARD4) [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (GB:Q8H185;GB:Q8LCE2;GB:Q9FG79); similar to ATARD2, metal ion binding [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G14710.2); similar to ARD-like protein [<i>Brassica juncea</i>] (GB:AAR03591.1); contains InterPro domain Cupin, RmlC-type; (InterPro:IPR011051); contains InterPro domain Cupin region; (InterPro:IPR007113); contains InterPro domain Acireductone dioxygenase, ARD; (InterPro:IPR004313)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	circadian rhythm, gibberellin biosynthetic process, response to red or far red light, response to gibberellin stimulus, gibberellin 20-oxidase activity, fruit, seed, embryo, inflorescence, outer integument	At5g51810	AT2353, ATGA20OX2, GA20OX2, GIBBERELLIN 20 OXIDASE 2, MIO24.5, MIO24_5	Encodes gibberellin 20-oxidase. Involved in gibberellin biosynthesis. Up-regulated by far red light in elongating petioles. Not regulated by a circadian clock.
	OxPD	At5g51880	MJM18.3, MJM18_3	oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors; similar to Unknown protein [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:AAO15289.1); similar to Os03g0119000 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001048776.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620)
	OxPD	At5g54000	K19P17.17 , K19P17_17	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G20400.1); similar to ethylene-forming-enzyme-like dioxygenase [<i>Prunus armeniaca</i>] (GB:AAB88878.1); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	cellular component unknown, homogentisate 1,2-dioxygenase activity, L-phenylalanine catabolic process, tyrosine catabolic process	At5g54080	HGO, HOMOGENTISATE 1,2-DIOXYGENASE, MJP23.6, MJP23_6	homogentisate 1,2-dioxygenase
	GH	At5g54570	MRB17.7, MRB17_7	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G26560.1); similar to Os10g0323500 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001064347.1); similar to Os03g0212800 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001049358.1); similar to beta-glucosidase, putative [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE90952.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	BGAL	At5g56870	BETA-GALACTOSIDAS E 4, BGAL4, MPI10.3, MPI10_3	beta-galactosidase, putative / lactase, putative; similar to BGAL1 (B-GALACTOSIDASE 1), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G13750.1); similar to beta-galactosidase, putative / lactase, putative [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G52840.1); similar to BGAL12 (beta-galactosidase 12), beta-galactosidase [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G26140.1); similar to pear beta-galactosidase1 [<i>Pyrus communis</i>] (GB:BAE72073.1); similar to beta-galactosidase [<i>Pyrus communis</i>] (GB:CAH18936.1); similar to beta-galactosidase precursor [<i>Carica papaya</i>] (GB:AAC77377.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 35; (InterPro:IPR001944); contains InterPro domain Galactose-binding like; (InterPro:IPR008979)
	OxPD	At5g58660	MZN1.11, MZN1_11	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G47190.1); similar to H0321H01.3 [<i>Oryza sativa</i> (indica cultivar-group)] (GB:CAH66494.1); similar to Os04g0407800 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001052718.1); similar to OSJNBa0042115.12 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:CAE04890.3); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	cellular component unknown, flavonoid biosynthetic process, flavonol synthase activity	At5g63580	MBK5.4, MBK5_4	encodes a protein whose sequence is similar to flavonol synthase
	cellular component unknown, flavonoid biosynthetic process, flavonol synthase activity	At5g63590	FLAVONOL SYNTHASE, FLS, MBK5.5, MBK5_5	FLS (Flavonol synthase); flavonol synthase; similar to FLS (FLAVONOL SYNTHASE) [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G08640.1); similar to Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (FLS) (CitFLS) (GB:Q9ZWQ9); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	cellular component unknown, flavonoid biosynthetic process, flavonol synthase activity	At5g63600	AT5G63600.1, MBK5.7, MBK5_7	encodes a protein whose sequence is similar to flavonol synthase
	BGAL	At5g63800	BETA-GALACTOSIDAS E 6, BGAL6, MBK5.28, MBK5_28	member of Glycoside Hydrolase Family 35
	BGAL	At5g63810	BETA-GALACTOSIDAS E 10, BGAL10, MGI19.1, MGI19_1	member of Glycoside Hydrolase Family 35

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
	OxPD	At5g66060	K2A18.14, K2A18_14	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G17720.1); similar to 2OG-Fe (II) oxygenase [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE81866.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At1g22950 (sin pruebas microarray)	F19G10.24, F19G10_24	oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors; similar to oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G18210.2); similar to hypothetical protein DDBDRAFT_0190977 [<i>Dictyostelium discoideum</i> AX4] (GB:XP_646715.1); similar to Os01g0502400 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001043135.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	BGAL	At1g31740 (sin pruebas microarray)	BETA-GALACTOSIDAS E 15, BGAL15	Encodes a putative β -galactosidase
	GH	At1g45191 (sin pruebas microarray)	AT1G45191.2	
	GH	At1g47600 (sin pruebas microarray)	F16N3.11, F16N3_11, BGLU34 (Mirosinasa funcional, Xu <i>et al.</i> , 2004)	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G51490.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G51470.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE86373.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	OxPD	At1g48700 (sin pruebas microarray)	F1114.12, F1114_12	oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors; similar to oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G43660.1); similar to hypothetical protein DDBDRAFT_0190977 [<i>Dictyostelium discoideum</i> AX4] (GB:XP_646715.1); similar to Os01g0502400 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001043135.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620)
	OxPD	At1g48740 (sin pruebas microarray)	F1114.9, F1114_9	oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors; similar to oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G43660.1); similar to hypothetical protein DDBDRAFT_0190977 [<i>Dictyostelium discoideum</i> AX4] (GB:XP_646715.1); similar to Os01g0502400 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001043135.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620)
	GH	At1g51470 (sin pruebas microarray)	F5D21.17, F5D21_17 BGLU35 (Mirosinasa funcional, Xu <i>et al.</i> , 2004)	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G51490.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G47600.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE86373.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	MBP	At1g52030 (sin pruebas microarray)	AT1G52030.1, F-ATMBP, F5F19.9, F5F19_9, MBP1.2, MBP2, MYROSINASE-BINDING PROTEIN 2	Similar to myrosinase binding proteins which may be involved in metabolizing glucosinolates and forming defense compounds to protect against herbivory. Also similar to lectins and other agglutinating factors. Expressed only in flowers.
	MBP	At1g52040 (sin pruebas microarray)	ATMBP, MBP1, MYROSINASE-BINDING PROTEIN 1	Encodes myrosinase-binding protein expressed in flowers.
	GH	At1g66270 (sin pruebas microarray)	T6J19.2	beta-glucosidase (PSR3.2); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G66280.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G28510.1); similar to PYK10 (phosphate starvation-response 3.1), hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G09260.1); similar to beta-glucosidase [<i>Brassica nigra</i>] (GB:AAB38784.1); similar to beta-glucosidase [<i>Brassica napus</i>] (GB:CAA57913.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	GH	At1g66280 (sin pruebas microarray)	T27F4.3, T27F4_3	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to beta-glucosidase (PSR3.2) [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G66270.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G28510.1); similar to PYK10 (phosphate starvation-response 3.1), hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT3G09260.1); similar to beta-glucosidase [<i>Brassica nigra</i>] (GB:AAB38784.1); similar to beta-glucosidase [<i>Brassica napus</i>] (GB:CAA57913.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	MBP	At3g16400 (sin pruebas microarray)	ATMLP-470, MYROSINASE-BINDING PROTEIN-LIKE PROTEIN-470, T2O4.9	myrosinase-binding protein-like protein (AtMLP-470) mRNA,
	cellular component unknown, biological process unknown, metal ion binding, acireductone dioxygenase [iron (II)-requiring] activity	At4g14710 (sin pruebas microarray)	AT4G14710.1, ATARD2, DL3395C, FCAALL.141	ATARD2; Identical to 1,2-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 3 (EC 1.13.-.-) (Acireductone dioxygenase 3) (ARD3) [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (GB:Q8W108;GB:O23327); similar to ATARD1, acireductone dioxygenase (Fe ²⁺ -requiring)/ metal ion binding [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G14716.1); similar to ARD-like protein [<i>Brassica juncea</i>] (GB:AAR03591.1); contains InterPro domain Cupin, RmlC-type; (InterPro:IPR011051); contains InterPro domain Cupin region; (InterPro:IPR007113); contains InterPro domain Acireductone dioxygenase, ARD; (InterPro:IPR004313)
	cellular component unknown, biological process unknown, metal ion binding, acireductone dioxygenase [iron (II)-requiring] activity	At4g14716 (sin pruebas microarray)	ATARD1	ATARD1; acireductone dioxygenase (Fe ²⁺ -requiring)/ metal ion binding; Identical to 1,2-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 2 (EC 1.13.-.-) (Acireductone dioxygenase 2) (ARD2) [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (GB:Q8GXE2;GB:O23327); similar to ATARD2, metal ion binding [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G14710.2); similar to ARD-like protein [<i>Brassica juncea</i>] (GB:AAR03591.1); contains InterPro domain Cupin, RmlC-type; (InterPro:IPR011051); contains InterPro domain Cupin region; (InterPro:IPR007113); contains InterPro domain Acireductone dioxygenase, ARD; (InterPro:IPR004313)
	cellular component unknown, vacuole organization and biogenesis, anthocyanin biosynthetic process, proanthocyanidin biosynthetic process, leucocyanidin oxygenase activity	At4g22880 (sin pruebas microarray)	ANS, F7H19.60, F7H19_60, LDOX, TANNIN DEFICIENT SEED 4, TDS4, TT18	encodes leucoanthocyanidin dioxygenase, which is involved in proanthocyanin biosynthesis. Mutant analysis suggests that this gene is also involved in vacuole formation.

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
(4) Degradación de glucosinolatos	OxPD	At4g25300 (sin pruebas microarray)	F24A6.140, F24A6_140	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G25310.1); similar to putative ethylene-forming enzyme [<i>Oryza sativa</i>] (GB:AAL79802.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At4g25310 (sin pruebas microarray)	F24A6.150, F24A6_150	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT4G25300.1); similar to putative ethylene-forming enzyme [<i>Oryza sativa</i>] (GB:AAL79802.1); contains InterPro domain Isopenicillin N synthase; (InterPro:IPR002283); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	OxPD	At4g35810 (sin pruebas microarray)	F4B14.80, F4B14_80	oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein; similar to oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G17720.1); similar to 2OG-Fe (II) oxygenase [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE81866.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	GCP	At5g25980 (sin pruebas microarray)	AT5G25980.1, GLUCOSIDE GLUCOHYDROL ASE 2, T1N24.18, T1N24_18, TGG2 BGLU37 (Mirosinasa funcional, Xu <i>et al.</i> , 2004)	Myrosinase (thioglucoside glucohydrolase) gene involved in glucosinolate metabolism.
	GCP	At5g26000 (sin pruebas microarray) <i>También en (3)</i>	TGG1, THIOGLUCOSIDE GLUCOHYDROL ASE 1 BGLU38 (Mirosinasa funcional, Xu <i>et al.</i> , 2004)	member of Glycoside Hydrolase Family 1. encodes one of two known functional myrosinase enzymes in <i>Arabidopsis</i> . The enzyme catalyzes the hydrolysis of glucosinolates into compounds that are toxic to various microbes and herbivores.
	GH	At5g42260 (sin pruebas microarray)	K5J14.7, K5J14_7	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G44640.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G44450.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G25630.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE83886.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)

	Palabras claves	Código AGI	Nombres	Descripción de los genes del alineamiento BLAST para
4) Degradación de glucosinolatos	OxPD	At5g43660 (sin pruebas microarray)	K9D7.3, K9D7_3	oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors; similar to oxidoreductase, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, 2-oxoglutarate as one donor, and incorporation of one atom each of oxygen into both donors [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT1G48740.1); similar to hypothetical protein DDBDRAFT_0190977 [<i>Dictyostelium discoideum</i> AX4] (GB:XP_646715.1); similar to Os01g0502400 [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)] (GB:NP_001043135.1); contains InterPro domain Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit; (InterPro:IPR006620)
	cellular component unknown, biological process unknown, flavonol synthase activity	At5g43935 (sin pruebas microarray)	AT5G43935.1	flavonol synthase, putative; similar to FLS (FLAVONOL SYNTHASE) [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G08640.1); similar to Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (FLS) (GB:O04395); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)
	GH	At5g44640 (sin pruebas microarray)	K15C23.9, K15C23_9	glycosyl hydrolase family 1 protein; similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G42260.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G44450.1); similar to glycosyl hydrolase family 1 protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT2G25630.1); similar to Glycoside hydrolase, family 1 [<i>Medicago truncatula</i>] (GB:ABE83886.1); contains InterPro domain Glycoside hydrolase, family 1; (InterPro:IPR001360)
	thioglucosidase activity, stamen, petal	At5g48375 (sin pruebas microarray)	TGG3, THIOGLUCOSIDE GLUCOSIDASE 3	Is a myrosinase pseudogene that codes for a truncated and frameshifted protein. Although TGG3 apparently is a pseudogene, its mRNA is expressed specifically in stamen and petal according to RT-PCR analysis. Western analysis shows no band of the size expected for a TGG3 protein.
	cellular component unknown, flavonoid biosynthetic process, flavonol synthase activity	At5g63595 (sin pruebas microarray)	AT5G63595.1	flavonol synthase, putative; similar to FLS (FLAVONOL SYNTHASE) [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (TAIR:AT5G08640.1); similar to Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (FLS) (GB:O04395); contains InterPro domain 2OG-Fe (II) oxygenase; (InterPro:IPR005123)

VIII.2 Anexo 2

Secuencias de donde se diseñaron los iniciadores indicados en la tabla 2. : codón de inicio (**ATG**) y de terminación (**TAA**), exón (**CCG**), intrón (**cac**), región no transcribible (UTR) (**gat**), posición de anclaje del iniciador F (**ctg**), y posición de anclaje del iniciador R (**ctg**). Las respectivas secuencias se indican por pasos en el metabolismo de glucosinolatos.

Elongación de la cadena de glucosinolatos

MAM1

: **At5g23010** Tamaño del gen = 3597 pb

cataggatatacacttatatatatatatgtatcacagctaaaattttatgtaaaaatgtaaacatcacgaaactgtttatagaagataaatattcttaa
ataagatatcaaacacagcagataaatattttaaagaaactactatgttggctttaaagttttcatcgaataaatttttattccgtaactcaaat
gtttattatttttaaacatcaaaatgtttcttaactaaaagtttaataaataaaaaaatctctctataaatagataaatatatatcgtataatgttcaaa
acaattcccacactatcttctccacattaaagtaagatctctctcttcttctctcactacgtaccatagtg**ATCGCTTCATCGCTTCTGACATCTT**
CCGTTATGATCCCTACCAACCGGTTCCACCGTGGTTGGCCGGTCAGTGTACCCCTTTCAACTCTCCCTGCACCTCTCCGGCTGACCCATTCCGTACAAGAA
CCCCGCAATTGTTTCATCTCATGTTGCTCTTCTGTGTCCAAAATGCGGCAACTAGTCTACTGA**CTCAAACCGTGTGGAAACGGTG****GCCGGAGTACATA**
CCGAACAAGCTTCCCGACGGAAACTATGTGCGTGTATTCGACACGACGCTCCGTCAGCGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACGCCGCGAGAAGC
TAGAGATTGCCCGACAGCTCGCTAAACTCCGATCGACATCATGGAAGTCGGTTTTCCGGGATCATCTGAAGAAGAGTTAGAAACCATTAAAGACCATCGC
CAAGACTGTGGGAATGAGgttttttctttatttcttcaactaaatgattatgtacatatattaacacacaaaaaactgtatataatattatgttc
aaactataatataatgattgataaattgcacatgaccctataatgtttagcggcaaaataaagaacacaaattatgtgtttagaatttttcaaaacggct
aatgaataatataatgaccttattgtcttaattataaaatgtattatttaaatttaactactaatttttgcgcttattattatttttaatttaatacog
ttgtgttagcctgctgctttttttgttttcttcaactggatgtagttttatctgtgtttttttctaccatctattctctagttatagtttt
tataattagccaggttcaacgggttagagaaagcacatgcacatgattagtttagacggctcgtatagtttaagttttttttgtgacataatata
caaaattatgttaaaagtgaagaatcccatatatacagaatacaaatcttagcatacaaatatagtttaattttgtttttgtttttgattttttgttc
ttttgtgttagcctcagtgtttttttgttttcttcaactggatgtagttttatctgtgtttttttctaccatctattctctagttatagtttt
tataattagccaggttcaacgggttagagaaagcacatgcacatgattagtttagacggctcgtatagtttaagttttttttgtgacataatata
caaaattatgttaaaagtgaagaatcccatatatacagaatacaaatcttagcatacaaatatagtttaattttgtttttgtttttgattttttgttc
ttttgtgttagcctcagtgtttttttgttttcttcaactggatgtagttttatctgtgtttttttctaccatctattctctagttatagtttt
ATGAGGAACAGGTTACGTCCCTGTGATATGCCCATAGCTCGATGCAACATAGAGACATTGAGGCGACTTGGGAGCGCTGAAGTACGCGAAGAGGCC
AAAGGACTACTCGTATTCACATCTACTAGTGACATTCACATGAAATATAAGTTGAAAAAGACTCAAGAAGAGTGAATGAGATGGCCGCTGAGTAGTATTAGG
TTTGCCTAAAAGCTTGGGCTTCATGACATCCAGTTTTGGGTGCGAAGATGGCGGCAGgtccaaatctttaaactttatataatctcaatgtttctctggt
ttttgttttagtttttttagttttgtatttaccacaaatattttgttagtaactttatgtttgtttgacatattgggtataattttttggcaagat
aatctcaacacaaaagcagatgattgttgaatt
aaatagaanaatagataagttgggaaaaaattgtatgttaagaattttgttcaggaagaaggaagacacaaatagatttttttttttttttttttttttttt
attgttaagatcttcaaacactagatttctagatcacaatagaagagggttttagctgttactagatagtttatggattttgtgcaaatttcacata
atgacatgacatataatataatataatattgatttttaaaataatgattgtttcaag**GTCGGACAAGGATTTCCTATGCAAGATTCTAGGAGAAAGCCATA**
AAAGCCGGTGTTCAGGTGGTGACCATCGGTGAT**ACGGTAGGGATCAACATGCCACA****TGAATACGGGGAACCTCGTGACTTATCTCAAGAACAAACCCCTCG**
GAATTCACGATGTTTGTTCATGTTGTCACAACGACCTTGGTCTTCAACACGCGCCAACTCAATCGCCGTacggaactaaactttttttttttgtgtgt
gtgttagatataatattcatatataatatttactaaatagatttctcaatgtgacaaaaatatacaacataaaaaacgaatttacaatgataatata
gggtATACGTGCCGGAGCAAGCAGGTCAAGTAACTATCAACGGAAATGGTGAAGAAGTGGCAATGCGTCGCTTGGAGAGgtatcatcatattttgttt
ccataatctcaatcaactaacatgacatgacatgacatgacatgacatgacatgacatgacatgacatgacatgacatgacatgacatgacatgacatgacat
CATATGTGATCAATGGGTTTACACAAAAATAGACACACGCCAAATCATGGTACCAGCAAGATGgtatataattcacacatgacataatatacacatata
atatata
GAGCGACTGTTTGTTCATGAGAGCGGCTTTCATCAGgtttcgttaatttctgtaactttttacacaggaatataaagaatataaagaatattttgttt
tttaaaatccctttaaaccacactaactgaaatattctagatgtacactataactaaaataaacaatttacaattatataatgtgataaaaaatataacag
gattaaattgatttataatgattttgttccaattttttcag**GATGGAATATTGAAAAATAGGAGTACTTATGAGACTTATCACAGAAAGATATTGGGA**
TTGTAAAATCTCAAAATTCGGGCTTGTCTTGGAAAGCTTAGgttaatttctatatttagtgatactttttacacaggaatataaagaatattttgttt
tataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatata
agattacactctcagataaaatattagatgacatataactatcttattgttataattttctattttcag**TTGGGATATGAACTCGATGATGAGAATTT**
GAGCGCTGTTTGTTCATGAGAGCTTTCAGGATTTAACCAAGAATAAAAAGgttttcaatttctataattttgtatctctcgtgcaactgttcaaacggt
ttactaacacaaatttataatataatgataaaagattgaaagcgaactgattttaaagttagaaaagaaaaatctcaaacctttattttgaaaaaat
atctcgaacttaagtttttcaattgtcgaattttcaag**AGAAATCACGGATGCTGATTTGAAGGCATTAGTAACATCTAGCGATGAAATCTCTTTGGAG**
AAATTAACCGCCCTAACGGTTTAAAGTCTAACGGCTATATACCAGTTCCTCAGGTTTCATCGAATGTC**TAA**acacggtgtatctctgttatattgtgt
accacagtaaatcaatttccatttgataatgcccgtttttgtgtaagtattaaaaacagattaaataaaggaaactgctttatttcttaatacatca
atattttttgatgcacaaatataaaaaacaggtttttgataatagtttcaactagtagtttttttagttgttttttaaatagtatataaataaataaata
tgaagaaggtatattcttacataactcgcaatgctctgtttcaaacctttcaaatgagatattgttttactacaattaaaaaagcaactgtttttagaatt
tcaattttagcatataatagctataccctccaactatataagaacatgaaagtccaacatcaagcttatttttttattttttattttatagttacttaa
taagcacttactcataatctatgacagtttaaaataaaattaccgattgttgacacaaatgattgtatagcattagaacaaagtgacagaata
tgcaagtaaaaatgaacaaaggtcaactacgtacactcctggaggtcacaacaaactctctgccaactggagttgcaagtacccacgctgctctct
gtatattactttcaaaaaacagaatatagaacaaactggaagatttgcttctcataaaagagataatataatcgaactatataactatgaa
gatcgtgtctccttttttttttttacttcaaaaaacaaactttgctttaacaaaaatgatgaaaaatcaaaaattttcaaacctatgaaga
tgtttattctcattaaaaaagagtgtaagtttatctcaattttagcgttaagtaaacataaatcaaatcccttgaagaagtaactcaactcaaatatc
taaaacaaatttcttaactgttcaagacaaaaataaaacattttcaaaatattctgtagacgttccaatgcaaaaataactctttttatatacaaca

At5g23010 F

Alineamiento BLAST de At5g23010 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador “F”

Query	543	TG-CGGCA-CTAGTCTACTGAT CTCAAACCGTGTGGAAACGGTG GCCGGAGTACAT-	599
NM_122207	249	TG-CGGCA-CTAGTCTACTGATCTCAAACCGTGTGGAAACGGTGCCGGAGTACAT-	305
AY149926	168	TG-CGGCA-CTAGTCTACTGATCTCAAACCGTGTGGAAACGGTGCCGGAGTACAT-	224
AY070471	246	TG-CGGCA-CTAGTCTACTGATCTCAAACCGTGTGGAAACGGTGCCGGAGTACAT-	302
AY054203	240	TG-CGGCA-CTAGTCTACTGATCTCAAACCGTGTGGAAACGGTGCCGGAGTACAT-	296
AJ131517	12369	TG-CGGCA-CTAGTCTACTGATCTCAAACCGTGTGGAAACGGTGCCGGAGTACAT-	12425

AY049037	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AB026660	11759	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	11815
BX829913	227	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	283
AJ486887	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486886	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486885	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486884	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486888	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486882	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AM180572	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486883	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
BX833420	156	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	212
BX829914	226	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGTTTTTTTT	283
AJ486898	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486897	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486896	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486895	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486894	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486893	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AM180569	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACTT-	224
AJ486892	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACTT-	224
AJ486891	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACTT-	224
AJ486890	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACTT-	224
AJ486889	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACTT-	224
AJ486888	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACTT-	224
AJ133892	257	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACTT-	313
AM180571	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACTT-	224
AJ486899	168	TG-CGGCA-CTAGTTCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACTT-	224
AM180577	168	TG-GGGCA-CTAATGCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AM180583	168	TG-GGGCA-CTAATGCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AM180574	168	TG-GGGCA-CTAATGCTACTGATCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AM180580	168	-GACTGCA-CTAATGCTACTGACCTCAAACCCGTTGTGGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AM180579	168	GG-TGGTA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCGTGAACGGTGGCCGGAGTACAA-	224
AM180582	168	GG-CTGCA-CTAGTGCTACTGACCTCAAACCCATCGTGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AM180581	168	AG-CGGCA-CTAGTGCTACTGACCTCAAACCCATCGTGAACGGTGGCCGGAGTACAT-	224
AM180585	168	GG-TGGTA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCGTGAACGGTGGCCGGAGTACTT-	224
AM180576	168	GG-TGGTA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCGTGAACGGTGGCCGGAGTACTT-	224
AM180578	168	GG-TGGCA-AGTAG---TGCTGATCTCAAACCTGCCGTTGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	221
AM180575	168	GG-TGGCA-AGTAG---TGCTGATCTCAAACCTGCCGTTGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	221
AM180584	168	GG-TGGCA-AGTAG---TGCTGATCTCAAACCTGCCGTTGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	221
AM180570	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCGTGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486953	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCGTGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486952	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCGTGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486944	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCGTGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486938	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCGTGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ131518	250	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCGTGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	306
AM180573	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486951	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486950	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486949	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486948	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486943	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486941	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486940	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486947	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
NM_122208	250	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	306
BT008874	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AY099549	249	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	305
AF327648	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AB006708	8343	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	8399
AJ486946	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486945	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486942	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486939	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ486937	168	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	224
AJ421793	237	GG-TGGCA-CTAGTGCTACTGATCTCAAACCTATCATGGAACGGAGGCCGGAGTACAT-	293
AC149635	66116	CG-CCG-AGACTAGTGGTACTGACCTCAAACCCATCGTGAACGGTGGCCGGTAGTACAT-	66172

At5g23010 R

Alineamiento BLAST de At5g23010 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	2314	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGA	2371
NM_122207	842	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGA	899
AM180572	1931	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGA	1988
AY070471	839	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGA	896
AY054203	833	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGA	890
AJ131517	14140	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGA	14197
AY049037	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGA	818
AB026660	13530	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGA	13587
BX829914	822	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGA	879
AJ486888	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGA	818

AJ486887	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486886	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486885	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486884	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486883	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486882	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AY149926	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
BX829913	820	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	877
BX833420	749	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	806
AM180571	2020	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	2077
AJ486899	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486898	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486897	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486896	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486895	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486894	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486893	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486892	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AM180569	2064	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	2121
AJ486891	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486890	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ486889	761	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	818
AJ133892	850	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	907
AM180583	1844	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	1901
AM180574	1893	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	1950
AM180580	1803	CGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	1860
AM180577	1730	TGGT-GGTGACCATCG-GTGATACGGTAGGGATCAACATGCCACATGAATACGGGGAAC	1787
AM180585	1384	C-TTCGGTGTGCATCGCG-GACACGGTAGGGATCACCATGCCACATGAATTCGGGGAAC	1441
AM180576	1380	C-TTCGGTGTGCATCGCG-GACACGGTAGGGATCACCATGCCACATGAATTCGGGGAAC	1437

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At5g23010

AB006708.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	genomic DNA, chromosome 5, P1 clone:MYJ24....
AB026660.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	genomic DNA, chromosome 5, BAC clone:T2007....
AC149635.1		Genomic sequence for broccoli [<i>Brassica oleracea</i> L. (<i>Italica</i> group)]...
AF327648.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	2-isopropylmalate synthase (IMS2) mRNA, comple...
AJ131517.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	MYB37 homologue gene and ORF1....
AJ131518.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for hypothetical protein derived from MYJ...
AJ133892.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for putative elongase....
AJ421793.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for 2-isopropylmalate synthase (IPMS gene...
AJ486882.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam1 ...
AJ486883.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam1 ...
AJ486884.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam1 ...
AJ486885.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam1 ...
AJ486886.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam1 ...
AJ486887.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam1 ...
AJ486888.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam1 ...
AJ486889.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
AJ486890.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
AJ486891.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
AJ486892.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
AJ486893.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
AJ486894.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
AJ486895.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
AJ486896.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
AJ486897.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
AJ486898.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
AJ486899.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
AJ486937.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486938.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486939.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486940.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486941.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486942.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486943.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486944.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486945.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486946.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486947.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486948.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486949.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486950.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486951.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486952.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AJ486953.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
AM180569.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mam2 gene for methylthioalkylmalate synthase 2...
AM180570.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mam-L gene for methylthioalkylmalate synthase ...
AM180571.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mam2 gene for methylthioalkylmalate syntase 2,...
AM180572.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mam1 gene for methylthioalkylmalate synthase 1...
AM180573.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mam-L gene for methylthioalkylmalate synthase ...

AM180574.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* mama gene for methylthioalkylmala...
 AM180575.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* mamb gene for methylthioalkylmala...
 AM180576.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* mamc gene for methylthioalkylmala...
 AM180577.1 *Arabidopsis cebennensis* mama gene for methylthioalkylmalate synthas...
 AM180578.1 *Arabidopsis cebennensis* mamb gene for methylthioalkylmalate synthas...
 AM180579.1 *Arabidopsis cebennensis* mamc gene for methylthioalkylmalate synthas...
 AM180580.1 *Boecheira divaricarpa* mama gene for methylthioalkylmalate synthase a...
 AM180581.1 *Boecheira divaricarpa* mamb gene for methylthioalkylmalate synthase b...
 AM180582.1 *Boecheira divaricarpa* mamc gene for methylthioalkylmalate synthase c...
 AM180583.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *lyrata* mama gene for methylthioalkylmalat...
 AM180584.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *lyrata* mamb gene for methylthioalkylmalat...
 AM180585.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *lyrata* mamc gene for methylthioalkylmalat...
 AY049037.1 *Arabidopsis thaliana* 2-isopropylmalate synthase (IMS3) mRNA, comple...
 AY054203.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g23010/T2007_3 mRNA, complete cds....
 AY070471.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g23010/T2007_3 mRNA, complete cds....
 AY099549.1 *Arabidopsis thaliana* 2-isopropylmalate synthase-like protein (At5g2...
 AY149926.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g23010/T2007_3 mRNA, complete cds....
 BT008874.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g23020 mRNA, complete cds....
 BX829913.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX829914.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX833420.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 NM_122207.3 *Arabidopsis thaliana* MAM1 (2-isopropylmalate synthase 3); 2-isoprop...
 NM_122208.3 *Arabidopsis thaliana* IMS2/MAM-L/MAM3 (METHYLTHIOALKYLMALATE SYNTHASE...)

MAM-L, MAM 3: At5g23020

Tamaño del gen = 3432 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (G), y posición de anclaje del iniciador R (Cg).

aagtctaaactatcattttatggttataaaacttaattaaaaccaactgacaatgaattgaaaaataatgtgagattccaacattatattaattttgggt
 tgtaaaaatcccaaaaggtatattttaccgctttaaataaaaactaatgaaagcaatttaaattgtttctgtgtattctcatcattcccctcaactttt
 acaattcccaacgtagaacgcatcattcactcgcgtaaaattgttt
 attt
 agatattcatctgacatgctcaccctcattgcaaaaactttccccactctctatcctccataatatagtattctctctctctctctctctctct
 tagtaATGGCTTCGTACTTCTCACATCGTCGAGTATGATAACCACCTAGCTGTCGCTCCATGGTTCCTCCGGTCAGGGTTACCCATCGGATCTTCTTTTCC
 CTCTCTTCGCTGACCCCGTCCATACGCAAGGGCAGCTCTGTTTCGCTCATGTTGCTCCGCTGAGTCCAAAAAGGTGGCACTAGTGTCTACTGATCTCAAA
 CCTATCATGGAACGGAGGCGGAGTACATTCCGAACAAGCTTCCCCACAAGAAGCTATGTCGGTGTATTAGACACATCCGCTTCGCGAGCGGTGAACAACTC
 CCGGTGCAGCACTTACTCCCGCAGAGTTAGAGATTGCCAGGCAGCTAGCTAAACTCCGAGTAGACATCATGGAAGTTGGTTTTCCGGTGTGCTGTA
 GGAAGAATTGCAAGCTATTAACCCATCGCCAGAGCCGTTGGGAAACGAGgttaagtcttcttatttccctcaactcaagaataataataatgattatgt
 tcaactatataatagatataataaaatagatgtgcaaaagtgttagttaagaatctcaactagaataagaagataataatctactagcatttaaa
 aatatggccaactctactcaataaaatgatttttttttacttgaagctcatgaatgcttacagaaaattacaacacatatattagtaattgtccaa
 aattgacaggaacgaaaaataaactactatattgtgttttctttagtggatgaggaacccggttacgttccctgtgatgacggccattgacagatgca
 AAAAGAGAGACATTCGAGGCAACTTGGGAGGCAGCTGAAGTATGCGAAGAGCCGAGGTAATGCTATTCACATCTACTAGTGAATTCACATGAAATTC
 GTTGAAAAGACTAAAGAAGAAGTGCATCGAGATGGCCGTGAACAGTGTAAAGTACGCTAAAAGCTTGGGCTTCAAAGACATCCAATTTGGGTGCGAAGAT
 GGCGGCAGgtatcttgaaccttagtataaactcgtatgttcttttttccggcaactaggtttaacgttaacaaaatctttgttagtaaaccttaacttttt
 ttttaattacgtactgttttcttttacaagaataatgaaaatgtttttgttaatt
 taaattcaacgctgaaataatataatctcaataatcaaacgcttttagctgattgtttgtgaaatttaaaattttgtttttgaaagtgtttttata
 taaggtatgagaatgaaaaataaaggtgtgcttatacagtttactcggccagttttgtatcagtcataatagatttttagtatactagttttgtgta
 ttcaagGACGGAGAAGATTTTATATGTAAGATTCTAGGAGAATCGATAAAAAGCGGGTGAACCCAGTGGGGTTTGGCGAACCGGTCGGGATCAACATGC
 CGCAAGAAATTCGGAGAAGTCTGTCATAGAAAACATCCGAGGGGCTGATGATAATGTCCTTCGCCATTCATTGTCATAACGACCTTGGTGTGTC
 TACCGCCAACACAAATTCGtactgtaattgtctcctttgtctgagtttagatatacaacaaaattccgaacaaaattaaattatcgaggtgacaaga
 ttataaaataaaaacaaatgatatgtagGGTATATGTCGGGAGCAAGACAAGTGAAGTGAACGGAATTTGGTGAAGGAAGTGGGATCGCCG
 GCTTGAAGAGgtaagaatgctgctgtagtatttctttgtatgtgtcggcaggtatgtaaaagcaaaaatttagaagtgtgcttacaactctctc
 ctattttatcataaattaaaagactaaaaaaagtgtcgttaaaactaaagttaaaacacataaacggtacgctagctagtaaatattttaaagtagta
 cgccataaaaagtataataataaattaaactacaataagaccaactatacaactagaagcgtttatgtgttaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaataca
 ctagaagtaggtcaaatggaattgacacaggaagagaggaattgaaatcgaaatgcttcaactaacctacataaagtatttcaaacgtagccac
 caaaaagttagtaattgtaccctcaaatgtcgtatttaaattgtgacagtagactacatgcttcaatgtgctttatgaaagactggtctctgtagttga
 tgtagTTCGTTGGCTTTGAAATGTCGAGGAGAATCTCTGATGGATGGTGTTCACAAAAATAGACTCACGCCAAATTTAGGCTACAAGAAAGATGCT
 acgtacaacaaactagatattgaaatttcgataatttatagaaacaatgagcttaatttggcctttatataataaattgactaaaacgtaaatctctg
 cgcagGTTCAAGAGCATACCGGCATGTATGTTCAACCACATAAGCCAATAGTTGGAGACAACCTGTTTGTTCATGAGAGCGGCATTCACCCAGgtccata
 tatatatatatatatattacttatgaaaattgtatagagattgtgagttgtatgtgataattgtccaaacattttgcagGATGGAATTTGAAAA
 ATCGAAGTACATATGAGATCTTATCACCGAAGATGTTGGGATCGTAAAACTGAAAAATTTGGCATTTGTTCTTGGAAAGCTTAGgttaattattctatta
 agttatgtttctgttttttagataaactataagcttaaaactatgtaccctcgtcgtataaatttatttcaaacactatgaaataatgcaagCGGACGTCA
 CFTGTAAGAGACCGGCTTAAGAGgttaccacacacacacacagtagtataattgtcgtctcgtactattttttagtcttactataataatacaacacaca
 catatataatgggacattggcacaatagagactttatagagataaaatattgattagtcataatgttttttttttttttttttttttttttttttttt
 AAATCAGTGTAGAAATTCACGACATCTTCTCACGATACAGAGAATTAACGAAGGACAAAAAGgttttcaatataatattttgtatcttctcaattaca
 tctgctcaaatgtgaaatttagttatacaaaaacgaaatagattataaaattctaccacacacataaaccccactactactgtattcaattcaatt
 gttaaactccacagAGAAATCACAGACGCTGATCTGAAGGCATTAGTGGTGAACCGGTGCTGAAATCTCATCAGAAAAATTAACAGTAAAGGAATTAACGA
 CTTATGTCAGCCCTCAGATTTCCGCTGTGTAAggtttgggaagacattgtgtaattttgtactacgattgattaaagtcaacttttgtttttactgt
 tttgtgtaactatataactgacctttttgttt
 ctttttttataatgattttccaaaagtattggaatttaaacaaacataccatattccatggaagattcaacaaagtattgtttcattttcaggtgtgat
 cattattctctcactactgacttaaaattgttaatacaaatgtccgctacgacactactataaattactgttaactaagcatttaaaaaattttg
 atcatccogttaaactataaaacatgaattgcctcatagtaagagctgatttttttccaggggtgtgtatagctatattgtcgttctctat
 gtggacatgttaccctaaacgaaaagtattgtgtttctcttcaactatttgggaataaaattgctttaaattagtaacctttgttagcctattg
 gcttctctctgctccactcttggaaacaaacttttgattccactcgtacttgagagtgtaattgcccgtcctaattgaggtgtccagcataagcggccgta

At5g23020 F

Alineamiento BLAST de At5g23020 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Query	774	C ACGCTTCGTGACGGTGAACAA CTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	832
NM_122208	351	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	409
BT008874	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AY099549	350	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	408
AF327648	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AB006708	8444	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	8502
AJ486946	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486945	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486942	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486937	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486947	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ421793	338	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	396
AJ486939	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486951	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486950	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486949	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486948	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486941	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486940	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AM180570	269	CAACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486953	269	CAACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486952	269	CAACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486944	269	CAACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486938	269	CAACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ131518	351	CAACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	409
AM180573	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AJ486943	269	CGACGCTTCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGTTA	327
AM180578	266	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGCTA	324
AM180575	266	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGCTA	324
AM180584	266	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCACTTACTCC-ACCGCAGAAGCTA	324
AM180581	269	CGACACTCCGTGACGGTGAACAATCTCCCGGTGCAGCTTACTCC-ACCGCAGAAGCTA	327
AM180585	269	CGACACTTCGTGAGGGCGAACAAGCTCCAGGTGGATCCCTTACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AM180576	269	CGACACTTCGTGAGGGCGAACAAGCTCCAGGTGGATCCCTTACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AM180580	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCCGGTGGATCCCTTACTCC-GCCACAGAAGCTA	327
AM180579	269	CGACACTTCGTGAGGGCGAACAAGCTCCAGGTGGATCCCTTACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AM180583	269	CAACGCTCCGAGACGGTGAACAAGCTCCCGGTGGATCCCTTACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AM180577	269	CAACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCAGGTGGATCCCTTACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AC149635	44994	CGACGCTCCGTGACGGCGAACAATCTCCCGGTGCAGCCCTTACTCC-ACCGCAGAAGATA	45052
AF399834	1192	CGACGCTCCGTGACGGCGAACAATCTCCCGGTGCAGCCCTTACTCC-ACCGCAGAAGATA	1250
AM180574	269	CAACGCTCCGCGACGGTGAACAAGCTCCCGGTGGATCCCTTACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AM180572	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AJ486888	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AJ486883	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AJ486882	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
NM_122207	350	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	408
AY149926	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AY070471	347	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	405
AY054203	341	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	399
AJ131517	12470	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	12528
AY049037	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AB026660	11860	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	11918
BX829913	328	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	386
AJ486898	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCTA	327
AJ486897	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCTA	327
AJ486896	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCTA	327
AJ486895	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCTA	327
AJ486894	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCTA	327
AJ486893	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCTA	327
AJ486887	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AJ486886	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AJ486885	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
AJ486884	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	327
BX833420	257	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	315
AM180569	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCTA	327
AJ486892	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCTA	327
AJ486891	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCTA	327
AJ486890	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCTA	327
AJ486889	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCTA	327
AJ133892	358	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCTA	416
AM180571	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCAA	327
AJ486899	269	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAAGCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-ACCGCAGAAGCAA	327
BX829914	330	CGACGCTCCGTGACGGTGAACAATCTCCTGGTGGATCCCTCACTCC-GCCGCAGAAGCTA	388
DQ226816	1	ACCGCAGAAGCTA	13

At5g23020 R

Alineamiento BLAST de At5g23020 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	2019	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC	2076
NM_122208	900	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	957
AM180573	1514	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	1571
BT008874	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AY099549	899	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	956
AF327648	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AB006708	9689	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	9746
AJ619937	495	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	552
AJ486947	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486946	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486945	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486943	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486942	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486939	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486937	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AM180570	1508	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	1565
AJ619936	497	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	554
AJ486953	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486952	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486951	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486950	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486949	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486948	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486944	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486941	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486940	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ486938	818	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	875
AJ421793	887	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	944
AJ131518	900	TCGTG-GCCTATGTCATAGAAAACACTCCAGGGGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	957
AM180578	1455	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	1512
AJ619935	491	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	548
AJ619933	491	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	548
AJ619932	491	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	548
AJ619931	491	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	548
AJ619930	491	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	548
AJ619929	491	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	548
AJ619928	491	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	548
AJ619927	491	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	548
AJ619926	491	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	548
AJ619925	491	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-GCCATTCA	548
AJ619934	491	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	548
AM180584	1471	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	1528
AJ619917	538	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	595
AJ619914	535	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	592
AJ619913	529	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	586
AM180575	1450	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	1507
AJ619924	508	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	565
AJ619923	508	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	565
AJ619918	508	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	565
AJ619916	550	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	607
AJ619915	541	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	598
AJ619922	505	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	562
AJ619921	505	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	562
AJ619920	505	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	562
AJ619919	508	TCGTG-GCCTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGAGCTGATGATATTGCTTC-ACCATTCA	565
AM180581	1535	TCATG-GCTTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGGTTTATGATATTGCTTC-GCCATTCA	1592
DQ226816	504	TCGTA-GCTTATGTCAAAAGAAAACACTCCTGGGTTTATGATATTGCTTC-ACCATTCA	561
AC149635	47396	TTGTGAG-ATACATCAAAGCAAACACTCCTGGAATTGATGATGTTATCTTCAG-CGCTCA	47453
AF399834	3594	TTGTGAG-ATACATCAAAGCAAACACTCCTGGAATTGATGATGTTATCTTCAG-CGCTCA	3651

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At5g23020

AB006708.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	genomic DNA, chromosome 5, P1 clone:MYJ24....
AB026660.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	genomic DNA, chromosome 5, BAC clone:T2007....
AC149635.1		Genomic sequence for broccoli [<i>Brassica oleracea</i> L. (Italica group)]...
AF327648.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	2-isopropylmalate synthase (IMS2) mRNA, comple...
AF399834.2	<i>Brassica oleracea</i>	isopropylmalate synthase (GSL-ELONG) gene, comple...
AJ131517.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	MYB37 homologue gene and ORF1....
AJ131518.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for hypothetical protein derived from MYJ...
AJ133892.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for putative elongase....
AJ421793.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for 2-isopropylmalate synthase (IPMS gene)...
AJ486882.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (maml ...
AJ486883.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (maml ...
AJ486884.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (maml ...
AJ486885.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (maml ...
AJ486886.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mRNA for methylthioalkylmalate synthase (maml ...

AJ486887.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam1 ...
 AJ486888.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam1 ...
 AJ486889.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
 AJ486890.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
 AJ486891.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
 AJ486892.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
 AJ486893.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
 AJ486894.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
 AJ486895.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
 AJ486896.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
 AJ486897.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
 AJ486898.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
 AJ486899.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
 AJ486901.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase (mam2 ...
 AJ486937.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486938.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486939.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486940.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486941.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486942.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486943.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486944.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486945.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486946.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486947.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486948.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486949.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486950.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486951.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486952.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ486953.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for methylthioalkylmalate synthase-like p...
 AJ619913.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *lyrata* partial mam-L gene for methylthioa...
 AJ619914.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *lyrata* partial mam-L gene for methylthioa...
 AJ619915.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *lyrata* partial mam-L gene for methylthioa...
 AJ619916.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *lyrata* partial mam-L gene for methylthioa...
 AJ619917.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *lyrata* partial mam-L gene for methylthioa...
 AJ619918.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* partial mam-L gene for methylthio...
 AJ619919.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* partial mam-L gene for methylthio...
 AJ619920.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* partial mam-L gene for methylthio...
 AJ619921.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* partial mam-L gene for methylthio...
 AJ619922.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* partial mam-L gene for methylthio...
 AJ619923.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* partial mam-L gene for methylthio...
 AJ619924.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* partial mam-L gene for methylthio...
 AJ619925.1 *Arabidopsis halleri* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-li...
 AJ619926.1 *Arabidopsis halleri* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-li...
 AJ619927.1 *Arabidopsis halleri* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-li...
 AJ619928.1 *Arabidopsis halleri* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-li...
 AJ619929.1 *Arabidopsis halleri* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-li...
 AJ619930.1 *Arabidopsis halleri* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-li...
 AJ619931.1 *Arabidopsis halleri* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-li...
 AJ619932.1 *Arabidopsis halleri* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-li...
 AJ619933.1 *Arabidopsis halleri* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-li...
 AJ619934.1 *Arabidopsis halleri* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-li...
 AJ619935.1 *Arabidopsis halleri* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-li...
 AJ619936.1 *Arabidopsis thaliana* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-l...
 AJ619937.1 *Arabidopsis thaliana* partial mam-L gene for methylthioalkylmalate-l...
 AM180569.1 *Arabidopsis thaliana* mam2 gene for methylthioalkylmalate synthase 2...
 AM180570.1 *Arabidopsis thaliana* mam-L gene for methylthioalkylmalate synthase ...
 AM180571.1 *Arabidopsis thaliana* mam2 gene for methylthioalkylmalate syntase 2,...
 AM180572.1 *Arabidopsis thaliana* mam1 gene for methylthioalkylmalate synthase 1...
 AM180573.1 *Arabidopsis thaliana* mam-L gene for methylthioalkylmalate synthase ...
 AM180574.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* mama gene for methylthioalkylmala...
 AM180575.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* mamb gene for methylthioalkylmala...
 AM180576.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *petraea* mamc gene for methylthioalkylmala...
 AM180577.1 *Arabidopsis cebennensis* mama gene for methylthioalkylmalate synthas...
 AM180578.1 *Arabidopsis cebennensis* mamb gene for methylthioalkylmalate synthas...
 AM180579.1 *Arabidopsis cebennensis* mamc gene for methylthioalkylmalate synthas...
 AM180580.1 *Boechera divaricarpa* mama gene for methylthioalkylmalate synthase a...
 AM180581.1 *Boechera divaricarpa* mamb gene for methylthioalkylmalate synthase b...
 AM180583.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *lyrata* mama gene for methylthioalkylmalat...
 AM180584.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *lyrata* mamb gene for methylthioalkylmalat...
 AM180585.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *lyrata* mamc gene for methylthioalkylmalat...
 AY049037.1 *Arabidopsis thaliana* 2-isopropylmalate synthase (IMS3) mRNA, comple...
 AY054203.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g23010/T2007_3 mRNA, complete cds....
 AY070471.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g23010/T2007_3 mRNA, complete cds....
 AY099549.1 *Arabidopsis thaliana* 2-isopropylmalate synthase-like protein (At5g2...
 AY149926.1 *Arabidopsis thaliana* At5g23010/T2007_3 mRNA, complete cds....
 BT008874.1 *Arabidopsis thaliana* At5g23020 mRNA, complete cds....
 BX829913.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX829914.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX833420.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 DQ226816.1 *Boechera divaricarpa* isolate SLW-B-G03 mRNA sequence....

NM_122207.3 *Arabidopsis thaliana* MAM1 (2-isopropylmalate synthase 3); 2-isoprop...
 NM_122208.3 *Arabidopsis thaliana* IMS2/MAM-L/MAM3 (METHYLTHIOALKYLMALATE SYNTHASE...

Formación de la estructura básica de los glucosinolatos

CYP79C2 : At1g58260

Tamaño del gen = 2244 pb

Codón de inicio (**ATC**) y de terminación (**TAA**), exón (**CCG**), intrón (**cac**), región no transcribible (UTR) (**gta**), posición de anclaje del iniciador F (**ga**), y posición de anclaje del iniciador R (**ctg**).

ttttcctacaccaacaatattttatagcgtttatatatgaaactgaaatggtggttttctacaccaacactattttatagcgtttatatgaaacttaa
 aatgtataatagatagctatggaacgttcttactactcattttgttagtaagattttcttactactatctttaaaggagatttctttcaactcccaa
 aaaaaactttttgacc**ATC**ACTATTATCACGAATCCATCCAGTTTCACTCTTGTTTTAAATTTCCATTACGTTGGTCTTGGCTTGTAGACGTTTTTCA
AGATTTCATGAAACCAAAGGTTCAGCTTCCCTCCCGGACCACGGGGATGGCCAATCGTTGGGAACATGCTCCAAATGATCATCAACCGGCC**GGCTCACTTGT**
GGATCCACCCGCTCATGGAAGAACTGCAGACGGATATAGCTTGTCTACCGCTTTGCCCGTTTCCATGTCATCACCGTGACCTCAAGCAAGATTGCCCGTGA
 AGT**GCTTAGG**GAAAAGGATGAGGTTCTCGCAGATAGGTTCAGAGTCATACGCGAGCCATCTCATAAGCCATGGCTATAAGAACATTTCTTTCTCTCC**TAC**
 GGAGAGAACTGGAAAGCTGGTAAAGAAAGT**GATGACC**CAAACTTATGTCCCGGACAACATTGAGCAAAACCCCTCGGTTATAGAAACATAGAAAGCGGATA
 ATATCGTCACATATGCTTACAATCTATGCCAACTAGGGT**CAGT**GAGGAAGCCATTAAACGTGAGAGATACGATATTAACCTATATGCCACGCCGTGATGAT
 GAGGATGATTTTGGT**CAGAGG**CAATTTT**GATGAAG**TGGT**AGAGA**ACGGCGGTCTCGGGCCAAAAGAGAAAGAGCATATGGACCAATATACCTTGCTCTT
 GAT**TGTTTTTTCAGCTTT**AACTTAACGAATTACATCCCTTTTCTAGAGGATGGAAAGCTAGATAAAGCCGAGACAGAAGTAAAGAGAAGCGGTT**CATATAA**
 TCAATATATGTAATGACCCCATCATCCAAGAAAGAAATACATTTATGGAGGAAGAAAGGTGGAAACAAATGGAAAGAACTGGCTCGATATCCTTATCAC
 GTTAAAGATGATCAAGGAATGCATTTGTT**CACATTTGATGAGAT**TAGGGCTCAATGCAAG**gttagt**gtagt**gttcacac**atgaaat**gtttacacac**aaaaat
 ataattttgtttctgaaaattgtagaacttttcaattttatatattctatctgattcccttctaaattcatctcgagatccgtagatggttttaaat**taattct**
 cttaacgcatatattatctgtatgtag**GAATCAATCTTGCA**CAAA**TGACA**TACGAT**GAATAAC**GTGGAGTGGAGCATCGCGGAGATGTTAAAT**CACC**
 CAG**ATTTCTTGAGA**AGCCCAAA**TGA**ACT**GACATA**ATAGTTGGTAAAGACAGACTTGTGCAAGAATCAGACATATCACA**ACTCAACTACATCA**AAAG
 ATGTAGCAAAGAA**CTTTTCGGCTTCA**CCAGCTAA**TGTGTT**CATG**CCCAATCATGTTG**CAAGAGAA**GATAC**TACCCTCGCGGTT**TATTTGTCC**CCAAA
 Ggttaaaaagt**cactg**atata**ggtgtagt**gtagt**tcgaag**tagctcaaatattatagatattgaaaaaaagt**tagca**atataaaaat**caattac**ct**ta**ct
 aaataaaatatt**caact**atgaaataaaat**taaac**attaaatagctgagctaa**cttca**cttttaaaat**taataaa**acgagagagcatt**aa**tt**ctg**
 acgtaagacatgtaggacaact**gtatag**tactgcatgataacaagaatatttgaaaatgca**gcga**atg**ttta**act**ttta**at**ta**aa**ca**act**aa**ttttt
 tattttgtaaaaaaa**ta**cc**ca**act**aa**catagga**ac**ggggtgtagtaactttatctgga**at**tagat**gt**ta**ttg**gat**ctag**gcat**gag**gcat**ctag**
ctagcaagctcaaaatatt**gtg**tca**ttt**at**tt**taaaatggttttagtca**ac**att**ggca**tt**gt**atgatt**ca**aa**tt**gcaatgtag**CGACTCA**AA**TTCTT**
GTGACTCGTTTGGGGCTTGGTCGGAAT**CCTAAA**ATATGGGACGAGCCTA**ACCGGTTCA**AGCCAGAAAGAT**ACCTGATGGCCATGTCGAGA**AGT**CAT**TTG
 CGCT**GACTTTGATGGA**ACCGGACAT**CGGATTCGTTACAT**TCCG**CACCGGTTCCGCGT**AGCT**GTCGGGCACTA**AGATTGGGACAT**CTATGACC**AT**CATGTT**
GTTAGCCAGGCTTATCCAAGGTT**CGAATGGACTCTCC**TATTTGGTAAAGT**TCAGTGGAGCTCATTTCGGCGGAGAGTAACTGTTTATGGCCA**AGCCT
CTACTCGCATGGCGAAACCTAGGTTGGCTTCCAAAGTTTATATCCGAAAATCCAGATCTACaatctctagaagtatttggggtgataaatcatgaa**gt**gat
 ataactctgttaaatactagtagacatccatctacggtttttatattatcaatccatgcatggtgcttttatcatctctccactcattaa**ac**ctgta
 ccgtaataaaat**tt**gtgta**ttt**ctctgtggttgaactttttatattttatattttaa**at**gttaa**at**tttaaa**at**ttttta**at**ta**act**aat**ca**gaa**at**ta
 ctatctaataaa**ca**aaat**ca**taactcatttagt**gt**gaaatctaaactaaactagtttttggtaaa**ca**ta**ac**cgacatata**ct**tattttgttacaaa
 atctaaaccataatc**ct**ttttgtgattaaatcgaca**at**taaccggtataaac**ca**act**ca**agttttggatg**ca**ggatg**gc**tcc**aa**tc**ga**tagatga

At1g58260 F

Alineamiento BLAST de At1g58260 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Query	366	GC TCCAAATGATCATCAACCGGC GGCTCACTTGTGGATCCACCGCTCATGGAAGAAC-	424
AC073943	58601	GCTCCAAATGATCATCAACCGCGGCTCACTTGTGGATCCACCGCTCATGGAAGAAC-	58659
AC008051	83973	GCTCCAAATGATCATCAACCGCGGCTCACTTGTGGATCCACCGCTCATGGAAGAAC-	83915
NM_104606	150	GCTCCAAATGATCATCAACCGCGGCTCACTTGTGGATCCACCGCTCATGGAAGAAC-	208
AC189568	135593	GTTGCAAATGGTCAAGAACCAGCAACTCACCTGTGGATCCACCGCTCATGGAAG-ACA	135651

At1g58260 R

Alineamiento BLAST de At1g58260 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	1385	GAGATGTTAAATCACCCAGAG GATTCTTGAGAAAAGCCACAAATGAACTG GACATAATAGTT	1444
NM_104606	1003	GAGATGTTAAATCACCCAGAGAT TCTTGAGAAAAGCCACAAATGAACTG GACATAATAGTT	1062
AC073943	59620	GAGATGTTAAATCACCCAGAGAT TCTTGAGAAAAGCCACAAATGAACTG GACATAATAGTT	59679
AC073943	61386	CCGATGATGAATCATCCAGAGAT TCTTGAGAAAAGCCACAAATGAACTG GACA-AA-A-T-	61441
AC008051	82954	GAGATGTTAAATCACCCAGAGAT TCTTGAGAAAAGCCACAAATGAACTG GACATAATAGTT	82895
AC008051	81188	CCGATGATGAATCATCCAGAGAT TCTTGAGAAAAGCCACAAATGAACTG GACA-AA-A-T-	81133
AC189568	136544	GAGATGTTGAATCATCCAGAGAT TATGGAGAAAAGCTACAAATGAGTTGGACATGATAGTT	136603

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At1g58260

AC008051.3 Sequence of BAC F19C14 from *Arabidopsis thaliana* chromosome 1, comp...
 AC073943.5 *Arabidopsis thaliana* chromosome 1 BAC F16M22 genomic sequence, comp...
 AC189568.1 *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* clone KBrH009I04, complete sequence...
 NM_104606.2 *Arabidopsis thaliana* CYP79C2 (cytochrome P450, family 79, subfamily...

CYP79C1 : At1g79370

Tamaño del gen = 2230 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (ft), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

attgtaaaagatgattttgatcacttctgatttatgaaaatagcacttctcctcaaatcaatcaaccagtaacatttctttaaataacacatacttacct
 ccaaatttttagatttttacataaattcatatatacatatacaaaaagatctattttaacatatataagaagattcttaccataaaacacataatagaa
 gattgtacagataataatgcatTTTTTACATatgtgattctgttttagagatatgacagtgatttctcaatattgtctcaatattcattactctgttaa
 ggaacattttacagttagctttatacttaaagcctcaaggtcattctgttataatagctctcttctgtatattggaatataagagaaacacttttac
 ttacataattccaactgagcagaggtaATCGATTATTAATCTGAATAATGTTTATCTTCAGTTGTGTCACATTTTCGATCACCTGTAATATTGTGTTCT
 CATAAAAAGCGTTGTCGCCCGTTTCTTGGTCGTCGTAAGAACTGCCTCCATGCCACGGGGATTCCCGATCATTTGGGAACCTTAGTAGGAAATGCTCAAG
 AACCGACCAACCTCAAAATGGATAGTTCGTGTAATGAACGATATGAAGACGGATATAGCTTGCTCCGGTTTGGTCGTGCCACGCTATTGTGCATAACCT
 CCGATGTGATTGCCCGAAGTCGTTGAGAGAGAAAGCCGATTTTTCGGACAGCCGATTCCTTACTCTGCCGAGTACATTAAGTCGGGtaattgtt
 attttttttttttttttgggttaattgggttaatttgaatttgatacaaaagctgaaatgttcaacttgaaatattgtaaaatataaaagcaattccta
 gaaaagcttattagctcctttagctcgaactaaacaaaactgtaatttgtttaacatatatgtttogtatattgttgcaaacctgtgtaaaagagttgtgt
 attaccaattgttaaaacgcttacaacaaactggttagGTACAATGGGGTAGTCTTCGACGAGTATGGAGAGAGACAAATGAAGATGAAGAAAGTCATGTCTG
 GGTGTTAATCTCTACAAGGCTTTAAAACCTGTTACTCAAAGTTAGAAGCTTAGAATCCGACAACTCCTCGCGTATGTTTCATAACCTATACAAAGAA
 GAGTCCAAGACAAAACACGGCGCGTGTGACCGTGAGAGATATTTGGTGACCTCACACACCAATGTGAAGATGAGACTCTTGTGTCGGAGACATT
 TCAAGGAGACGACGATGGACGGGAGTCTCGGACTTATGGAGAAAGAATTTTGACGCAATTTTCGCCGCTTTGATTGTCTTTTGGCTTTTACCGTAG
 CGATTACTACCCTTTCTTAAGAGGATGGAACCTCCAGGGAGAGAGGCTGAGTTAAGAGAAAGCCGTTGATGTGATTGCTAGGTACAAAGATGATTATC
 GATGAGAGATAGAGTGTGGAGGGGCGAGAATAAGACTTCAATCGTGCAGAGCAAGAATGATGTTTCCTATGATCAAGGATTTGGCTCGACATTCTCT
 TCACTCTTAAGAATGAGAATGGGAAGCCGTGCTTACCCCGCAAGAAATCACACATCTCTCTGTGTTCTGTGTGAATGATAAATAAATAAATTAATTA
 aattagtttgtatattatataatctgataagttatgttctttttgtttttggcagGATCTTGATGTAGTAGGGATTGATAATGCAGTGAATGTAATG
 GTGGACACTTGCAGAAATGTGAAACGAGAGAGATCTAGAAAAAGCCGTGGAGAGATCCGATATGGTGTGCGAAAAGAAGACTTGTTCAGAACTC
 CAGCTACCAAACTTCAAACTACGTCAAAGCTTGTTCAGAGAGACCTTAGGACTTACCCTTCAAACTCCTTTCTCCTCAAGTCCGACGCTGACACA
 CAACTCTCGTGCTATTTCATCCCAAAGGtatctcattttccccaaatattatgcatttagcgtatttgactccaactccttaaatgtagaatcag
 gaattctaactataatatttttggcttattgtattgagcaatatttcatattagaatatttcttcttattgtttttatttttggactgaaaagtgaaaataa
 gtagatttgaacatacgaatctttcaaatatttttatttttatttatttttttttatttttttttttttttaacttaataatatttatttattgtttttttgtagtgcag
 TGAGTCGTCGCCGTGTTTGGTTCGAAACCTAAGACATGGGATGAGCACTCATCTACAGGCTGAGCGCCATAAACCAGCAAGTGGTGTGACTGA
 ACCAGACTTACGACTTGTTCATTGGAACCTGGTAGACCGGCTCGTGGGAGCTAAAGCTTGAAGCTCCATGATTGTACCTGTTGGGTAGGCTCTCTC
 CAAGGTTTCGACTGGACCTTCTCTTGGTACGACGGACAGAGTCCGACTGTTTCGCTCAAAAGAAAATCTGTTTCATGGCTAATCCTTTGATGGCTTGTG
 TGAAGCCGAGATTAGATCCAAACATGTACCAGAACTCTGGACCGGTCAGCTTGTAaccataccggttaaaccggcaccaatttcaattgctattgtcagct
 attagtaaaaattgtaaaaagttttgtcttgaggaaaagttgaagaaatattgacctaacggttcaaaaggccagccagctattgtttctcgct
 ttttaatttgacaaagtaagcttcaagtaagaacagggttgagtgcaaaaatggagaaatattcttgcaagttgagattgacataaagaagatctc
 aattcactctttttccaaagctatttcttttagcattaatgacatatttattatcaaatctcataagactctcagtgatata

At1g79370 F

Alineamiento BLAST de At1g79370 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador “F”

Query	1094	TGTCGTCGGA	GTAAATGTCTACAAAGGCTTTAAAAC	TGTTACTCAAAGTTAGAACTTAG	1153
AC007202	79387	TGTCGTCGAGTAAATGTCTACAAAGGCTTTAAAAC	TGTTACTCAAAGTTAGAACTTAG	79328	
AC002986	1013	TGTCGTCGAGTAAATGTCTACAAAGGCTTTAAAAC	TGTTACTCAAAGTTAGAACTTAG	954	
NM_106585	425	TGTCGTCGAGTAAATGTCTACAAAGGCTTTAAAAC	TGTTACTCAAAGTTAGAACTTAG	484	

At1g79370 R

Alineamiento BLAST de At1g79370 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador “R”

Query	2524	TCTTGGTACGACGGACAGAGTCGAGCT	AGTCGAGTCAAAGAAAATCTGTT	CATGGCTAA	2583
NM_106585	1509	TCTTGGTACGACGGACAGAGTCGAGCT	AGTCGAGTCAAAGAAAATCTGTT	CATGGCTAA	1568
AC007202	77957	TCTTGGTACGACGGACAGAGTCGAGCT	AGTCGAGTCAAAGAAAATCTGTT	CATGGCTAA	77898

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At1g79370

- AC002986.1 *Arabidopsis thaliana* chromosome 1 YAC YUP8H12R sequence, complete s...
- AC007202.3 *Arabidopsis thaliana* chromosome 1 BAC T8K14 sequence, complete sequ...
- NM_106585.2 *Arabidopsis thaliana* CYP79C1 (cytochrome P450, family 79, subfamily...

CYP79B3 : At2g22330

Tamaño del gen = 2383 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (ft), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

taccttccacactgctcctcccccaccacaaaagggtactactctgctcatttccacagctacctaccgttaattaatgtgacattataaatacaaacgctga
 aagaagatccatgcagaaacaattagcataatatacaaaaacacataactaattgtttctccttctccttctccttgcaaATCGATACTTTAGCTTCAAA
 CTCTTCGGATCTCACGACCAAGTCAAGTCTCGGAATGTCGTCGTTTACCAACATGATATCTCCTCACAAACGCTTCAAGCCCTTGCGGGCCTTTGCTTCTTG
 ATGATTCTCAACAAAATAAAGTCACTTCCAGAAACAAAGAGTTCATCTCTCCGCCAGGACCCACCGGTTTTCCAAATGTTGGAATGATCCCGCGA
 TGCATAAAAACCTCCAGTTTTCGGTGGCTCCACGCTCATGAAGAGAGCTTAAACGGAGATAGCTTGTGCGCTCAGGAAAACACTCAGTGATCC
 TGTGACATGTCTAAGATTGACGCTGAGATCTTCAAGCAACAAAGCAGCTCTTTCGCTCAAGACDAGTCACTTCAAGAGATTCTCCAAAGATTCCGCTCAAGC
 CTAACGCG

TACA...ACTGCGTGCATCACACCCGTTGGCGAACAAATTCAGAAGATGAGGAAAGTGATCATGACAGAGATTGTTTGTCCAGCGGAGACCCGTTGGCTAC
ACGCAATATAGAGCTGAGGAACCCGATCACTTTGACCCGCTGGCTCTACAACATGGTTAAGAATCTGAACCAGTCTGATCTCCGTTTGTTCAGGCGCATTA
TTGTGGAATGCAATCAAGAGGCTTATGTTTCGGGACGAGGACGTTCTCGGAGAAAACCGAAGCCGATGGTGGACCCGACTTTGGAAGATATCGAGCATATG
GATGCTATGTTCCAGGGGTTAGGGTTTACGTTTTCGCTTTTGTATATCGGATTTATCTACCAGTCTTACGGGATTTGATCTAAACCGGACATGAAAAGATTA
TGAGAGAATCCAGTGCATTAATGATAAATACAGTACCTATAAATGTAGAGAGGATTAAGATGTGGAGAGAGGTAAGGACATCAGATCGAAGATTT
TCTAGACATTTTCTATCTCAAGGACGAAGCTGGCCAGCCTTTGCTTACCCTGATGAAATCAAAACCAACCATTAAGgtacataagccttttaataatatac
ttttatagtgtacattatacatttataaaatataaacaactgttacgttgcgatatataataatataatagatagttataatagatcgacgacga
gtaaatagtgttgcattttaggttgaatagtggagatttcttaataatctttgtaaaaaatagcgttgaagaqtaaatatttccacttttgcaagaaa
aatgccaataacatctattacaaaagtacctttgtctaaaaaaaacaggcaatccaccaataccgtcagattcagaogtattttttgtttaataaagaaa
gttaaatatggtgaagcgaaacaataacgtcaaaatccatgctgctgagtcagtagtccactcattggaaggggtttggctttttgaggttaa
aatggcagaacttattaggaagaaaatagtggagacacaacatctataaaataaaaagaaaaaaactgattgtgactctattttgctgtccacaaa
ttaaagaacaaaaaactttgtcttagcaattttgggagaaaaggttaaaccacaaaactctataccacaaaaactttatgtgtgagcaataagcattgt
tgacacaggtccatgcatagaaacagttaaaccgataagaatctttatcttttgggttataagataagaatcaatttataatgtcaactgtctaaacta
atgaaataattttacatatttataatgttagGAACTGTAAATGGCGCGCCAGACCCATCAACCGCGTGAATTCGGGAGATTCGGGAGATCAAAACA
AACCAGGATCCCTCCCAAAAGCTATGGAAGAGATCGATAGAGTCTGCGAAAAGAAAGATTCGTCGAAGATCCGATATACCAAACTTAACTATGTTAA
AGCTATTTATCCGAGAAGCTTCCGCTCTCATCCCGTCGCGCGCTCAACCTCCACACCGTGGCAGCTCTCTGATACGACGCTGCGAGGTACCATAATCCG
AAGAAATAGCGTTTAACTTACCGGTTCAGGCTTGGTCTGTAACCCAAAGTTTGGTCTGATCCACTTAGCTTCAAAACCGAAGGCATCTCAATGAGT
GTTCCGAAGTGCATTTGACGAGAAATGATCTCCGTTTATCTCGTTTAGTACCGGAAAGAGAGGATGTCGTCGCTCCGCGTTCAGGTCAGGCGATAACGAC
CATGATGCTAGCAGGCTTTTGAAGGGTTAAGTGGAAACTAGCAGGAAGTGAACACGCTGCGAGCTTATGGAATCGAGTCATGATATGTTTCTTTCC
AAGCCTTTGGTGTGGTTCGGAGAATTGAGATTGTCGGAGGACTTTACCCAAATGGTGAACTCGggcgacggtgacgtagcagggagataattccgtatat
actatggataacccaaagttagtgaatcacaaccaaactttgtcggttttggctctttggaacacttgatctgtgtttctctgtcttttttcta
tatgtatgtaataattttgtgtttgtttgatgattaataagaaggtattccatcgatgattctcttgacaattgtctttttttttctctgcaatgat
tgggtcgcgacaaaatactacatattaccacgcccctatatgattgaaactgaaatagaaaatgacgacttccagccataagcactttaccagttttc
ttaaactggttttagcaaaatagattcagttcttacagaatagccttttcggacaaaatgcccctacaatcgacgaatgtcacagttagttaggaaat
tttagtacagaatcttgttagctacatagtcggtttttgtttgatttatcgatgctacattgtaagaagaagaaatataaagaatataaaagattgct
gttaaatagggttttaacagcctaaacggtttacatgaacatgaccatttaaccacttaattaaatgcaaaccttaattatattatattgtatagctata
agaggttttaataaagaacacttaaaaaacaattcatatgacgaaggagatggtgagaataTGATCTTGTTTGGTACTGGAAGAGAGGATGTG
CTTCTGGCCTTAGGATGATTAACCCATGATATTTGAGGCTTTGCAATGCTTAAAGTGAATTAACCTAGCAGATTGTGAGACACTgqttg

At2g22330 F

Alineamiento BLAST de At2g22330 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Table with 5 columns: Query, Accession, Alignment, Score, E-value. Shows BLAST results for At2g22330 F with a green highlight on the query sequence.

At2g22330 R

Alineamiento BLAST de At2g22330 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Table with 5 columns: Query, Accession, Alignment, Score, E-value. Shows BLAST results for At2g22330 R with a yellow highlight on the query sequence.

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At2g22330

- List of gene descriptions from the BLAST alignment, including Arabidopsis thaliana and Brassica napus cytochrome P450 genes.

AY091437.1 *Arabidopsis thaliana* putative cytochrome P450 protein (At4g39950) m...
 BT022029.1 *Arabidopsis thaliana* At2g22330 gene, complete cds...
 BX820480.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX820606.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX821001.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX827120.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX827679.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX828232.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 NM_120158.2 *Arabidopsis thaliana* CYP79B2 (cytochrome P450, family 79, subfamily...
 NM_127798.3 *Arabidopsis thaliana* CYP79B3 (cytochrome P450, family 79, subfamily...

CYP79B2 : At4g39950

Tamaño del gen = 1974 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (ca), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

aaatgtgtgtctgtttttctcagcaaatgaatattttgtttcatagtaattcacaagtataaactcgcgcaaatcctcaaacagtgaaatataat
 agcttttaactgtttttcggctggaccgggtttttaaagtgcataataacacgaggaattttggcaggtcaccacaacaaacttttaaaatattaaaaat
 tcccatcaagaatagaaattaataaacaatgatatctctaataatagatattttgaaacgtaggaataaactgtaataatgttcaactgttggtgtg
 taactcaagatggaccctccctccacatatttctcactcctcctgtaagtcttccacgataaggttattatagtcaattccataaacactaacgactac
 tagacttgtatataaaataggaagtggaagctctctcttcatccatgcagagacaacagaaaccacaacaaaactttgagtcctcttctctctatacac
 aaacATGAACACTTTTACCTCAAACCTCTCGGATCTCACTACCCTGCAACCGAAACATCGTCTTTAGCACCTGTATCTCCCTCAACACTTCAAGCT
 TTTGGGCTATAACCTTAGTGATGCTACTCAAGAAATTGATGACGGATCCCAACAAAAGAAACCGTATCTGCCACCGGGTCCACAGGATGGCCGATCA
 TTGGAATGATCCGACGATGCTAAAGAGCCGGCCCGTTTCCGGTGGCTCCACAGCATCATGAAGCAGCTCAATACCTGAGATAGCATGCGTGAAGTTAG
 AACACTCATGTATCAACCGCTCACTGTCCTAAGATAGCACGTTGAGATCACTCAAGCAACAAAGACGCTCTCTTCGCGCTCGAGGCTTTAACTTACGCTCAG
 AAGATCCTCTCAACGGCTACAAAACCTGCGTGATCACTCCCTTTGGTGACCAATTCAAGAAATGAGGAAGTTGTGATGACGGAATCGTATGCTCCAG
 CGAGACACAGGTGGCTCCACCAGAAGAGATCAGAAGAAAACGATCATTTAAACCGCTTGGGTATACAACATGGTTAAGAACTCGGGCTCTGCTGATTTCCG
 GTTTCATGACTAGGCATTAAGTGGAATGCAATCAAGAAGCTTATGTTCCGGACGAGAAGCTTCTCAAGAACACTGCACCTGACGGTGGACCCACCGTA
 GAAGATGTAGAGCACATGGAAGCAATGTTGAAGCATTAGGGTTTACCTTCGCTTTTGTCATCTCTGATTATCTGCCGATGCTCACTGGACTTGATCTTA
 ACGGTACAGGAAGATTAGAGAAATCAAGTGCATTAATGGACAGAGAGAGACCAAAWCAACGAGAGAGGATCAAGATGTGGAGAGAAGGAAGAG
 AACTCAAATCGAAGATTTCTTGATATTTTCATCTCTATCAAAGACGAACAAGGCAACCCATTGCTTACCAGCGGATGAAATCAAACCCACCAATTAAGGta
 ttatcaacttccctttcatataaggtttgatcgtaaaataaataaagaacaacttttggtaaattttatgtgagaagaatgcatatcaaatattttat
 acacataactaactttttgataaaacattataaaagaagaagaacattttgtgtaaaagtgtattgtatcaaatattgttttttttttggta
 acaatggcttaactttttgtgtcttctttgtatcctttgtaaaagacagatgcaacttaattgtatttttttttttttaaaacaaaatttaa
 gatccaaaatataaagctggtatataatggttataatgaatagGAGCTTGTGATGGCGCCGACCAATCCATCAAACGCGTGAAGATGGCCGATGG
 CGGAGATGGTGAACAAACCGGAGATTCTCCGTAAGCAATGGAAGAGATCGACAGGCTCGGGAAGAGAGACTCGTTCAAGAAATCCGACATCCCAAA
 ACTFAACTACGTCAAAGCTTATCCFCGCGAAGCTTTCCGCTCCCTCCGCTCCGCGCTTCAACCTCCCCACGTTGGCACTTTCTGACACAAACCGTCGCC
 GGATATCACATCCCTAAAGGAAGTCAAGTCTTCTTAGCCGATAGGGCTGGGCGGTAAACCCAAAAGTTTGGGCGGACCCCACTTTGCTTTAAACCCGAGGA
 CACATCTCAACGAATGCTCCGAAGTTACTTTGACCAGAACGATCTCCGGTTTATCTTCGTTACAGTACCAGGAAAAGAGGTTGTGCGGCTCCGGCTTAGG
 AACGGCGTTGACCAGATGATGCTTCGAGACTTTCTCAAGTTTCACTTTGGAAGCTACCTGAGAATGAGACACGTTGCGAGTGATGGAGCTAGTAC
 GATATTTCTGGCTAAACCGTTGGTTTATGGTCCGTTGACCTTAGATTGCCGGAGCATCTTACCAGCGGTGAAGTGAgatgagacgagcgcttataat
 ttatgaaactcttttataatcgcccaaccaagtgttggtaaatccggttaccagaagataattgttcaaatgtgaacaacttgtgtgtgtgtgt
 cttgttcttttgggacacttgaattgtgtctctcttacccttctttgtgttttcaataaaaaacttttataacccttcaactaaataaaagatcaacaa
 attaacaaatctgctgtaatatataatgttgaatataatcaatgagaatctatgacatttggtttactgttataataaagctctgtttctg
 gttttctggtgactcaacaaacataaaaatggttattttaaatacaaaaagcccaattagagaatattgcaATGTGGTCTCTTTGAAACCCAAAT
 CTTGTTGTTACTCTACGCAAACCTCTCTTCTTCCGCAAGCTACGTCGATCATATTAGTGTGATTTCTTCGCTCAGAGCTTGGAGCTTAGAGTCTC
 TGGCCAAACACAACGCTCTTATCATACCGGAGGACTCTCGGAAAACATCTCGTGCATCGAAGCTAATTTCTATCTTACGCTTCTTACGGGAAAACCCAA
 TTTGCTTCCAGAGCTTCCATTTGGTTACTCGAAGAGATATCTTTCTTGGAAATCTTATTATCAAGCACATTTCTCCAAATGGGATTTGCTCGATCC
 TTGTTGTTTCTTCTCAATGCTCTTGTCTGGCCAATCCCTGATCATTTCACTGCTCCCATGGTTGTTCTGCTTGTGCGGAGCTTTTGGGTTTCATG

At4g39950 F

Alineamiento BLAST de At4g39950 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Query		AGAGAATCAAGTGC	GATTATGGACAGATCATGACCCAAATCATCGAGG-AGAGGATCAA	
NM_120158	882	AGAGAATCAAGTGC	GATTATGGACAAAGTATCATGACCCAAATCATCGAGG-AGAGGATCAA	940
AY091437	817	AGAGAATCAAGTGC	GATTATGGACAAAGTATCATGACCCAAATCATCGAGG-AGAGGATCAA	875
AY046017	882	AGAGAATCAAGTGC	GATTATGGACAAAGTATCATGACCCAAATCATCGAGG-AGAGGATCAA	940
AL161596	53146	AGAGAATCAAGTGC	GATTATGGACAAAGTATCATGACCCAAATCATCGAGG-AGAGGATCAA	53204
AL035708	63713	AGAGAATCAAGTGC	GATTATGGACAAAGTATCATGACCCAAATCATCGAGG-AGAGGATCAA	63771
BX828232	861	AGAGAATCAAGTGC	GATTATGGACAAAGTATCATGACCCAAATCATCGAGG-AGAGGATCAA	919
BX827679	866	AGAGAATCAAGTGC	GATTATGGACAAAGTATCATGACCCAAATCATCGAGG-AGAGGATCAA	924
BX827120	866	AGAGAATCAAGTGC	GATTATGGACAAAGTATCATGACCCAAATCATCGAGG-AGAG-ATCAA	923
AF453287	870	AGGGATTCGAGTGC	TATTATGGACAAGTATCATGACCCAAATCATCGAGG-AGGATCAA	928
AF069494	849	AGAGATTCAGTGC	TATTATGGACAAGTATCAGGATCCGATCATCGATGCA-AGGATCAA	907
AF069495	340	AGAGAATCAAGTGC	GATTATGGACAAAGTATCATGACCCAAATCATCGAGG-AGAGGATCAA	398
NM_127798	870	AGAGAATCCAGTGC	AATTTATGGATAAAATATCAGGATCCCTATAAATTGATG-AGAGGATCAA	928
AC007168	3619	AGAGAATCCAGTGC	AATTTATGGATAAAATATCAGGATCCCTATAAATTGATG-AGAGGATCAA	3561
AC006592	104863	AGAGAATCCAGTGC	AATTTATGGATAAAATATCAGGATCCCTATAAATTGATG-AGAGGATCAA	104805
BT022029	846	AGAGAATCCAGTGC	AATTTATGGATAAAATATCAGGATCCCTATAAATTGATG-AGAGGATCAA	904
BX820606	868	AGAGAATCCAGTGC	AATTTATGGATAAAATATCAGGATCCCTATAAATTGATG-AGAGGATCAA	926
BX821001	868	AGAGAATCCAGTGC	AATTTATGGATAAAATATCAGGATCCCTATAAATTGATG-AGAGGATCAA	926
AK229739	1651	AGAGAATCCAGTGC	AATTTATGGATAAAATATCAGGATCCCTATAAATTGATG-AGAGGATCAA	1709
BX820480	871	AGAGAATCCAGTGC	AATTTATGGATAAAATATCAGGATCCCTATAAATTGATG-AGAGGATCAA	929

At4g39950 R

Alineamiento BLAST de At4g39950 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	2323	CT CGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCAC TTGGAAGCTACCTGAGAATGAGACACGTGTCCGAG	2382
NM_120158	1536	CTCGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCACTTGAAGCTACCTGAGAATGAGACACGTGTCCGAG	1595
AY046017	1536	CTCGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCACTTGAAGCTACCTGAGAATGAGACACGTGTCCGAG	1595
AL161596	54148	CTCGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCACTTGAAGCTACCTGAGAATGAGACACGTGTCCGAG	54207
AL035708	64715	CTCGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCACTTGAAGCTACCTGAGAATGAGACACGTGTCCGAG	64774
BX828232	1515	CTCGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCACTTGAAGCTACCTGAGAATGAGACACGTGTCCGAG	1574
AF069495	994	CTCGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCACTTGAAGCTACCTGAGAATGAGACACGTGTCCGAG	1053
BX827679	1519	CTCGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCACTTGAAGCTACCTGAGAATGAGACACGTGTCCGAG	1578
BX827120	1510	CTCGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCACTTGAAGCTACCTGAGAATGAGACACGTGTCCGAG	1569
AY091437	1471	CTCGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCACTTGAAGCTACCTGAGAATGAGACACGTGTCCGAG	1530
AF069494	1503	CTCGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCACTTGAAGCTGCGGAGAATGAGACACGTGTCCGAG	1562
AF453287	1524	CTCGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCACTTGAAGCTGCGGAGAATGAGACACGTGTCCGAG	1583
AF528173	22	CTCGCGAGACTTCTTCAAGGTTTCACTTGAAGCTGCGTGAAGCTGAGACACGTGTCCGAG	81

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At4g39950

AC006592.6 *Arabidopsis thaliana* chromosome 2 clone F14M13 map mi238, complete ...
 AC007168.5 *Arabidopsis thaliana* chromosome 2 clone T26C19 map mi238, complete ...
 AF069494.1 *Sinapis alba* cytochrome P450 (CYP79B1) mRNA, complete cds....
 AF069495.1 *Arabidopsis thaliana* cytochrome P450 (CYP79B2) mRNA, partial cds....
 AF453287.1 *Brassica napus* cytochrome P450 (CYP79B5) mRNA, complete cds....
 AF528173.1 *Brassica rapa* subsp. pekinensis CYP79B1 mRNA, partial cds....
 AK229739.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for putative cytochrome P450, complete cd...
 AL035708.2 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, BAC clone T5J17 (ESSA projec...
 AL161596.2 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, contig fragment No. 92....
 AY046017.1 *Arabidopsis thaliana* putative cytochrome P450 protein (At4g39950) m...
 AY091437.1 *Arabidopsis thaliana* putative cytochrome P450 protein (At4g39950) m...
 BT022029.1 *Arabidopsis thaliana* At2g22330 gene, complete cds....
 BX820480.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX820606.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX821001.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX827120.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX827679.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX828232.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 NM_120158.2 *Arabidopsis thaliana* CYP79B2 (cytochrome P450, family 79, subfamily...
 NM_127798.3 *Arabidopsis thaliana* CYP79B3 (cytochrome P450, family 79, subfamily...

CYP79A2 : At5g05260

Tamaño del gen = 1988 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (kf), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

cttaacaataaacctcgtaattattgaaaatactacaattatctgattatgtacaaccaataaacctcctagttatttattgtaattatttacaaccc
 aatacgaaggttttaaatccaacaagacacatcttttgcttgatttttgccttgcccaccccaaaactacctaccagactaccggtgtgattt
 gatttctgctctttcgaatcaactaaattgcaaatagaggttaataacttttcaatcctatgttttataatataaaaaaataagattataattgaaat
 tccggaactacatctataatcaatccgtaatagcttttttagaaaaactatttaacatattcattacaataatcagaaaaacgaaacataccatgac
 atacaatataatagtgcaattttcttcaactttttgctttcagtttaataatgcaatttttctagtaactctttagctctcca**TAA**GGTTGGATACACATGTGGA
 GCTAAACAGAGGTGTGGCAACCGGCTAATAAGTGGTTTGGCCATAAAAAGATCATCTCTGCTTCTCGAAATATCAATCTTATTCTTACCAGGCACGTGGTAAAC
 ACGTGAATCCTTGAATCAACC**AGCCAGTAAACATGTCAGTCAAGG**FGACCCCAATGTCACACCCATACAACTCTTCGCTCGCACTGAACGATATTA
 ATTCAGATCAGACTCGTTTAGATCCACACATGTGTTAGTGTCAAAATGCTCTCAGGGTCGAACTTATGCGGCTTGTCACACACTAGGATTTCTCCCA
 ATCCCATACAGCTAATCAATACGTGGCTTCCCTTGGGGATGAAATAACCGTCTACACAGTATCAGTGGTGGACATGTGAGGGAGGTTGAACGGTGCCA
 CGGGGTGAACCGGAATGCTTCTTCCACACAAGCCTTCACATAGTTAAGATTTGGGAGATCAGACTCAATGACAAGACGGTCTTTTCCAACCTACCCATC
 AATCTCTTCCACCGCTTTTGCATGATGCTCGGCTCGTTAATCATCTCCGCCATACCCCACTCTGCGCGGTTAGACGGAATATCAACCGTCGCCAACCATT
 AGTTCcttcataatccaacataataaaccaccaataaagtttagaggtcaccagataaaaaaaaaattcttctcaaaaataaatttaaacccttttgcttgtaa
 atgcatctatataatgcaaggattccaaactgaaatataatattagagccttaatttctcaaaaaaccccactacaatctaccatgaaactttgaggtt
 aagaagtggtttttacagtttttaacaaataactaagctactacattcactacagcatttctcctcaacaaatgagttactatgtagacatcagaccacatggtttataagagctgag
 atcactagtgccatgaaagagcaatctttcgtgttataaagaagaaaaaacctctcagatgaaactgttctataagccgattataaaaaagatatag
 tccatataataataatgcatacCGTCACTTGTGCTTTGATCTCTTCGTCGACAGAGTAGGCTTCCCGTCAGTGTCTTTAGCTATTATAAATCATGTCAAGA
 AATCTTGAAGTCTTCTCATCTTCCCATTTCCGCTTTCATGAGTCTTTTCATCAACAAAAGGGTCGTTATACTTACTTACATTTCTCATTCTACTCCA
 CAACCTTCTCATGGCCTTCCAAGTCCAAGAACCTTAGCCACGGGACATAATCTGACAAATGCAAGGGCGTAAAGATGGGTTAAACCGTAAACAAAGATTC
 CACATGTTCAACTCTTCCAACCTGGTCCCGATCCATCTTCACTTCTTTACAAAATGCCTTATACAAAACATCATCTTCCGAGCTACATTTCCACTC
 TATTCGCGTACCCCAAGCCTTAAATCAATAACCAACAAAGCATTACCACGGTTTTGGACACTACGGTTATTGATGTACCGGACTAAGTTTATCAGCCTCTT
 CGGTTCTCTTTTGTAGCATCATTTGGAAGCTCTTCTGCTGCGTACGTTGACCACTCTCCCTCATCTTCTTCCACTGCTCTCTTGTGGCTGCCA
 CGCAAGCGGTCAAGTACCCGCGGCTGCAGTACTCCGTGCCATC**TTAGCGGCTGAGTGGCGAAGG**GGAGTCTTGTCTTCTCAGAATCTCTTGCATTC
 CTCGGGATCTCACGGGGATCACGTTGAGTATTCCGAAGACGGGATACATGCAAAATATCCGGTGTGAGTCTTTTCATGAGAGAAATGATCCACCGGAAACCG
 GTTGTCTCTCCCTAGTATTCCGGTGGTTCGGATTAAGGCCAAGATTTCCGGCCGGGAGGAGAGAGGTTTCTCGTAGGGCTAATTAACATGGGT
 TTTCTTCTTCTCCTTACGCTTCAATAGTTAATGCAAGAAGAACCACTATAATAACCGGAG**CA**ttgggggtggagtaagcatttttttttaaatc
 caatttgagaaatatttgagttcgaaaaggtttttcttctatctatgtaggaaataagcattttatagccatgaaacaaatgcttttggtttaagtgta
 atctatgaaaataaattggtgctttaaattgtagaagaaacaatgtaaatgaaatccacagatcttttcaacagctcatatgtaagacatggttttttctt

```
attattcccttatacccttataaactcttggtgatgttaaattggtaatgcacattatgaaatcccttgccttttagttagcgcacatcattagaaaaacca
cgatTTTTcaacagctcatatgtctaagtattacatgttgggttttaagtaacatttctatttaattaccaactTTTTactTTTTccaaattcgtctaaat
ctaactcttaagataaaatttgcttacgatcccttaaccccttataaactcttggtgatgttaaattgtaatgctggttatgaaatctttatcc
ccttttagttagcgcacgttaaaaaaactatggacatggagatttgggcttataaaaaactgtaaatatttggcccacttaaaaaattgattcagcttctg
taaatttaacctagcagctccattcggctcgacatgcgtagcaaaaggaataccacagactatccatcaaccatgaaattaattaggaggcggaattaa
```

At5g05260 F

Alineamiento BLAST de At5g05260 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador “F”

Query	600	CACGTGAATCCCTGAATCAACC	GAGCCAGTAACATGTACGTCATGGC	TGACCCAATGTCC	659
NM_120608	1451	CACGTGAATCCCTGAATCAACC	GAGCCAGTAACATGTACGTCATGGC	TGACCCAATGTCC	1392
AB010692	11205	CACGTGAATCCCTGAATCAACC	GAGCCAGTAACATGTACGTCATGGC	TGACCCAATGTCC	11264
AF245302	1451	CACGTGAATCCCTGAATCAACC	GAGCCAGTAACATGTACGTCATGGC	TGACCCAATGTCC	1392
NM_122983	347	CACGTGAACCCCTGAATCAACC	GAGCCAGTAACATGTACGTCATGGC	TGACCCAATGTCC	288
DQ056697	347	CACGTGAACCCCTGAATCAACC	GAGCCAGTAACATGTACGTCATGGC	TGACCCAATGTCC	288
AB025602	22415	CACGTGAACCCCTGAATCAACC	GAGCCAGTAACATGTACGTCATGGC	TGACCCAATGTCC	22356

At5g05260 R

Alineamiento BLAST de At5g05260 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador “R”

Query	2109	TCAAGTACCCGGCGGTGCACTACTCCGTGCCCATC	GTTAGCGGTCTAGTGGCGAAAAACGG		2168
AB010692	12714	TCAAGTACCCGGCGGTGCACTACTCCGTGCCCATC	GTTAGCGGTCTAGTGGCGAAAAACGG		12773
NM_120608	358	TCAAGTACCCGGCGGTGCACTACTCCGTGCCCATC	GTTAGCGGTCTAGTGGCGAAAAACGG		299
AF245302	358	TCAAGTACCCGGCGGTGCACTACTCCGTGCCCATC	GTTAGCGGTCTAGTGGCGAAAAACGG		299
NM_148046	382	TCAAGTACCCGGCGGTGCACTACTCCGTGCCCATC	GTTAGCGGTCTAGTGGCGAAAAACGG		323
AB025602	15136	TCAAGTACCCGGCGGTGCACTACTCCGTGCCCATC	GTTAGCGGTCTAGTGGCGAAAAACGG		15077
AC189631	51486	TTAAGTACCCGGCGGTGCACTACTCCGTGCCCATC	GTTAGCGGTCTAGTGGCGAAAAACGG		51545

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At5g05260

- AB010692.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 5, TAC clone:K18I23....
- AB025602.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 5, BAC clone:F14A1....
- AC189631.1 *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* clone KBrS003K07, complete sequence...
- AF245302.1 *Arabidopsis thaliana* cytochrome P450 CYP79A2 (CYP79A2) mRNA, comple...
- DQ056697.1 *Arabidopsis thaliana* putative cytochrome P450 (At5g35920) mRNA, com...
- NM_120608.1 *Arabidopsis thaliana* CYP79A2 (CYTOCHROME P450 79A2); oxygen binding...
- NM_122983.1 *Arabidopsis thaliana* CYP79A4P (cytochrome P450, family 79, subfamil...
- NM_148046.1 *Arabidopsis thaliana* CYP79A3P (cytochrome P450, family 79, subfamil...

CYP79A4P: At5g35920

Tamaño del gen = 468 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (kt), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

```
tttctaaactaaaataaaactctctctctacttttgacacatcaacctttttatgtgatgagaagctgacacatcattaaaaaataaaccaatcaaaacatta
caaatactacacatcagattaatattctgccacatcagattaataatagatttattcagcttggtaaATGAAAAAATAAAAACTTTGAAAGAGGCATTCCC
GGTTACATCATGTGGGCCATTCCAACCTCCCTCACATGCCACTACTGATGTTGGTGGTGGATGGTTAGTTTCAATGCCCAAGGGAAGCCACAAGCTTATTAG
TCGTATGGGGATCGGGAGAAAACCCTAAAGTGTGGGACAAACCGCTTAAAGTTTGATCCTGAGAGACATTTTAAGCAATAACACATGTTAGAACTAAAAGAG
CTGATCTCAATATAATAACGTTCCGTTGCAGAAAGACGAGGGTGTATGGGTGCGGCACATTGGGTCAGCCATGACGTACATGTTGGTGGCTCGGTTGATTC
AAGGTTTCAGTGGTCCACAGTACCCAGTGAAAGTAAATTTGATATTTACAGTAAACAGAGTGATCTTTTATGGCAAAACCCTTAAATCGGTTTGTAAC
ACCTCGTTGGATCCAAATGTTATCCAGCCTGAtttaaaaggytaacaattacaagaaaaatgcattattattataaaaaaaaagagaaaagaaaatgcaa
tattaactgcattgtattggtattttttttttttttccggacaatacagggtaatggtagtattgtaaatagtatttctagaacaacagctattacaataaatat
aattttcaattattattcttacttaacataagattgaaaatgtattaacgctctattcgaattttaattgatttgaaagagcagaatacaaatatt
taccggtagtctggtagggttagcttggagcttggcaatggaaaattcaagtaaaaatcatgctctgttggatttaaaaatttggtttgtaataattag
```

At5g35920 F

Alineamiento BLAST de At5g35920 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador “F”

Query	249	ATGTTGTGGTGGATGGTTACTTCATC	CCCAAGGGAAGCCACAAGCTTATTAGTCGTATGG	308
NM_122983	83	ATGTTGTGGTGGATGGTTACTTCATC	CCCAAGGGAAGCCACAAGCTTATTAGTCGTATGG	142
DQ056697	83	ATGTTGTGGTGGATGGTTACTTCATC	CCCAAGGGAAGCCACAAGCTTATTAGTCGTATGG	142
AB025602	22151	ATGTTGTGGTGGATGGTTACTTCATC	CCCAAGGGAAGCCACAAGCTTATTAGTCGTATGG	22210
AB025602	16376	ATGCTGTGGTGGATGGTTACTTCATC	CCCAAGGGAAGCCACATGCTTATTAGTCGTATGG	16435
NM_148046	1172	ATGCTGTGGTGGATGGTTACTTCATC	CCCAAGGGAAGCCACATGCTTATTAGTCGTATGG	1231
AK118050	427	ATGCTGTGGTGGATGGTTACTTCATC	CCCAAGGGAAGCCACATGCTTATTAGTCGTATGG	486

At5g35920 R

Alineamiento BLAST de At5g35920 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador “R”

Query	524	CCCAGTGAAAGTAAAATTGATATTTTCAGTAAGC	AAGAGTGATCTTTTATGGCAAACC	583
NM_122983	358	CCCAGTGAAAGTAAAATTGATATTTTCAGTAAGCAAGAGTGATCTTTTATGGCAAACC		417
DQ056697	358	CCCAGTGAAGTAAAATTGATATTTTCAGTAAGCAAGAGTGATCTTTTATGGCAAACC		417
AB025602	22426	CCCAGTGAAAGTAAAATTGATATTTTCAGTAAGCAAGAGTGATCTTTTATGGCAAACC		22485
AB025602	16650	CCTGGTGAAAGTAAAATTGATATTTTCAGAAAGCAAGAGTGATCTTTTATGGCAAACC		16709
AK118050	701	CCTGGTGAAAGTAAAATTGATATTTTCAGAAAGCAAGAGTGATCTTTTATGGCAAACC		760
NM_148046	1363	CCTGGTGAAAGTAAAATTGATATTTTCAGAAAGCAAGAGTGATCTTTTATGGCAAACC		1422

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At5g35920

- AB025602.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 5, BAC clone:F14A1...
- AK118050.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for unknown protein, complete cds, clone:...
- DQ056697.1 *Arabidopsis thaliana* putative cytochrome P450 (At5g35920) mRNA, com...
- NM_122983.1 *Arabidopsis thaliana* CYP79A4P (cytochrome P450, family 79, subfamil...
- NM_148046.1 *Arabidopsis thaliana* CYP79A3P (cytochrome P450, family 79, subfamil...

CYP79F2

: At1g16400

Tamaño del gen = 2051 pb

Codón de inicio (ATC) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gtat), posición de anclaje del iniciador F (ga), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

cttatctcattttccatattcgaaatgtaagctctaaatggactcttaactgaaactaaaatatataaaaaaaaaaaatctacatttcttgaaaga
acatttttaaaatatactatagttgctaaattactattttagattgacatatataatgttagaccaactaattaaccactgaaatgcaaagagatgg
tctgaaaatcaaaacagacatctaaacggtgttacctaccaagagctcaccagcctatagatccccattccctttatattgaaacacttttagattatct
ttctctttttcatctttccaattccaactctatattaaagaatatttttaagaataaacagagatcgctattttcatcatatgccaatatggtattggat
ttaagattgttttcgaatctataataactaattaacacacacaaacatttccaaatatcgtagtgttcataacgaaacgagcacacaaactcactaaacac
tcaaacaaaaatacaaacatttaag**ATC**ATGATGAAGATTAGCTTTAACACATGCTTTCAAATCTTACTA**EGATTTATCGCTTCATCGCAATCA**TCACCTT
TACTAGGTCGAAT**AT**TTCTCAAGGCCT**TC**CAAACC**CAAG**ACCGGT**GC**GCCAGCT**T**CCCTCC**TG**CCGAC**C**AGGAT**GG**CCCAT**CT**CGGCA**AT**CTAC**CC**GA
ACT**AT**TCAT**G**ACT**CG**TCTAGG**T**CCAA**AT**AT**TT**CCAC**CT**TGCC**AT**GAAAGAG**CT**AAAA**CG**GAT**AT**CG**CA**T**GT**TT**CA**ACT**TT**TGCC**GA**ACC**CA**CC**AT**C
ACC**ATA**ACT**CC**GCAG**AT**CG**CT**AGAGA**AG**CT**TT**TAGAGAG**CG**GAG**AC**CGAG**AT**TTGG**CA**GC**CG**GC**CT**CA**ACT**TTCC**AT**CG**T**AG**AG**TCC**AT**TGGAG**ACA**
ATTCA**AA**CA**AT**GG**GA**ACC**T**CA**T**CG**T**AC**GG**TGA**AC**AT**TT**CA**T**GA**AG**AT**G**AAAA**AG**TG**AT**CA**CA**CC**GA**AA**T**AT**GT**CC**GT**AA**AA**CG**TT**G**AA**TAT**GT**
GG**AG**CT**GC**GAG**A**ACC**AT**CG**AG**CG**G**ATA**T**CT**C**AT**TC**AT**T**CAT**TC**CG**AT**G**T**AT**CA**CC**GG**T**CG**GAG**AC**GG**T**CG**AG**CT**T**AG**GA**ACT**TT**CG**AG**AG**TT**
TAT**GG**TT**AC**GC**AG**TC**AC**AT**G**AG**AA**T**G**TT**G**TT**GG**A**AG**GAG**AC**AT**G**TC**AG**CA**AA**AG**AA**CA**T**GT**TT**CC**GG**AT**G**AT**GG**GAG**AC**T**AG**GG**AA**AG**CC**G**AA**AA**AC**
ATCA**T**CT**T**AG**GG**T**G**AT**TT**CA**CA**CT**CT**AA**AC**T**G**TT**GC**CA**GG**TT**TT**AG**T**CC**CG**T**GG**AT**T**AC**G**T**GG**AC**CG**AT**G**TT**AG**GG**TT**GG**AA**T**AT**T**G**TT**G**
AGAGGAGAGCGGAAAGTGAATGTTAATCTTGTTCGTAGTTACAACAATCCCATATAGACGAGAGGGTCGAAATTTGGAGGGAAAAGTGGTAAGGCT
CTGTGGAGATTTGGCTTGATACGTTTACCTACGCTAAAAGATCAAAACGGAACTACTTGGTTACCGCAGACGAAATCAAAGCTCAATGGCTGtaaaqta
aaatgtaacttttataaaaagagtgatgttatacacagaatgtcacactaaataagcacaacagaaaaaataatggtgaaatactataattga
ctaaattgcgagatctacacatatataatcctaagtataattaattttgttattctggtgttttttaacag**GAATTTGTATAGCAGCGATCGATAATCCG**
GCAATA**AC**AT**GG**AG**TG**G**AC**ACT**TGG**GG**AA**AT**GT**TA**AG**GA**AC**CC**GG**A**GA**AT**TC**T**T**AG**AAA**AG**CT**CT**GA**AG**AT**TT**GG**AT**GA**AG**T**AG**TT**GG**AA**AG**AC**AG**CC**
TTCG**CA**AA**CA**AT**CAG**CA**TAC**GA**AA**CT**TA**AA**CT**AA**AG**CT**TG**TT**GC**AG**AA**AG**CT**CC**AT**CG**AG**AA**CT**TC**AG**GA**AT**TC**CC**CA**AG**CC**T**CA**T**AT**GT**CC**CA**CC**CT**CA**T**GT
TGCC**CG**TC**AG**AT**ACC**CC**TT**GG**GG**TT**AT**TT**AT**TC**CA**AG**g**taaaacatataggaatacacatagtttttatttacataagatttaacgtttata
gctagtaagtttatgtcagagcttcgttaacaaaaataaaacacatggtttttgtgttctggtgctacatatgatacaaacctaaatttttttgtaactttttt
gtttaaaaataccaggacaactagtaaaattatacatagtttctccgatacaaattttgcattataataaagaaatattgatgatgq
acaq**GT**AG**CC**CA**T**TCAT**GT**AT**G**CC**GC**CT**GG**CT**AG**GC**CG**AA**CC**CT**AA**AA**T**AT**G**AA**AG**AT**CC**AT**T**AG**CA**T**AC**GA**AC**CG**G**AG**CC**TC**AC**CT**CC**AA**GG**AG
AC**GG**AA**T**CA**CA**AA**AG**AG**GG**TT**ACT**CT**GG**TC**GA**AA**CAG**AG**AT**GC**GT**TT**TG**TC**AT**TT**AG**CA**CT**GG**T**AG**AC**GT**GG**CT**CG**CT**CG**GT**CG**AA**AG**T**CG**GG**AC**AA**T**
TAT**G**AT**GG**CT**AT**GAT**GT**TGG**T**AG**GG**TT**CT**CA**AG**GT**TT**TA**CT**GG**AA**CT**CC**AT**CG**AG**AT**TT**CG**GA**CC**GT**TA**AG**CC**AG**AT**GAT**GC**AT**CT**
CTTAT**GG**CT**TA**AG**CC**CT**CT**CT**TT**TG**CT**GT**T**AG**CC**AC**GC**TT**GG**CA**T**CA**AA**CT**TT**AT**CC**AA**AA**TT**CC**GT**CT**TT**AA**aaacaagacgcttgtttttctct
gtgatgtgttctgacgcttctgtttctgtattacttgactgactggtgttttagactatccattgccgaaaaacgctatattgttaaatacgtgtgt
ctgtttattctttgtatctccgtaacttaactcatgaatataactcaataccatagaggttaatgattaccggtgtaattgaaatggtgtgaaagt
taggttaactataccatagaggttaatgattaccggtttataaatgaaatggcgtgaaagttagactacatgacaccaacaagaatgtttcccttt
atcaggataaacggttccctaccgaaggtatttttttttaataatagatattggttatgtttcgcacacacacaacaacaaataataga
tgtagaataatctcactggaattcacctttcaatggtttttttagtgaaattgatagagcggagagattcaaaactttaaaagaatggttttttaaca

At1g16400 F

Alineamiento BLAST de At1g16400 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador “F”

Query	555	TTTCAAATCTTACTA AGATTATCGTCTTCATCGCATCAA	TCACTTACTAGGTCGAATA	614
NM_101506	103	TTTCAAATCTTACTAGGATTATCGTCTTCATCGCATCAATCACTTACTAGGTCGAATA		162
AY064649	25	TTTCAAATCTTACTAGGATTATCGTCTTCATCGCATCAATCACTTACTAGGTCGAATA		84
AF370512	105	TTTCAAATCTTACTAGGATTATCGTCTTCATCGCATCAATCACTTACTAGGTCGAATA		164
AF275259	25	TTTCAAATCTTACTAGGATTATCGTCTTCATCGCATCAATCACTTACTAGGTCGAATA		84
AC006341	60270	TTTCAAATCTTACTAGGATTATCGTCTTCATCGCATCAATCACTTACTAGGTCGAATA		60329
AC006341	63904	TTTCAATCTTACTAGTCTTTATCTCTCCATGGCATCAATCACTTACTGGGTCGAATA		63963
EF598776	58	TTTCAATCTTACTAGTCTTTATCTCTCCATGGCATCAATCACTTACTGGGTCGAATA		117
EF598775	58	TTTCAATCTTACTAGTCTTTATCTCTCCATGGCATCAATCACTTACTGGGTCGAATA		117
EF598770	58	TTTCAATCTTACTAGTCTTTATCTCTCCATGGCATCAATCACTTACTGGGTCGAATA		117
EF598767	58	TTTCAATCTTACTAGTCTTTATCTCTCCATGGCATCAATCACTTACTGGGTCGAATA		117
EF598764	58	TTTCAATCTTACTAGTCTTTATCTCTCCATGGCATCAATCACTTACTGGGTCGAATA		117

EF598760	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598754	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598753	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598774	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598772	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598771	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598769	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598766	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598765	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598763	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598761	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598759	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598758	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598757	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598756	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598755	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
NM_202111	89	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	148
NM_101507	89	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	148
AY114074	34	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	93
AY050890	89	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	148
EF598773	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598768	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
EF598762	58	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	117
BX814811	76	TTTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTGCGAATA	135
EU579455	46485	TTTCAAATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTTTGCTTGCCCGAATA	46544

At1g16400 R

Alineamiento BLAST de At1g16400 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	1731	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	1790
NM_101506	1102	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	1161
AY064649	1024	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	1083
AF370512	1104	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	1163
AF275259	1024	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	1083
AC006341	61446	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	61505
AC006341	65014	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	65073
NM_202111	1088	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	1147
NM_101507	1088	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	1147
AY114074	1033	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	1092
AY050890	1088	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	1147
BX814811	1074	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	1133
EU579455	47776	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTTTGAAGGAG	TTAGACGAAGTGGTGGGA	47835
AY035021	22	ATGTTAAAGAACC	CGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGGAG	TTGGATGAAGTAGTTGGA	81

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At1g16400

AC006341.2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chromosome 1 BAC F309 sequence, complete seque...
AF275259.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	cytochrome P450 CYP79F2 (CYP79F2) mRNA, comple...
AF370512.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	cytochrome P450-like protein (F309.20) mRNA, c...
AY035021.2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	putative cytochrome P450 protein (At1g16410) m...
AY050890.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	putative cytochrome P450 protein (At1g16410) m...
AY064649.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Similar to cytochrome P450 (At1g16400; F309.20...
AY114074.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	putative cytochrome P450 protein (At1g16410) m...
BX814811.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
EF598753.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS1602 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598754.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS20 supershoot 1 (SPS1) gene, partial...
EF598755.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6603 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598756.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6626 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598757.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6674 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598758.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6688 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598759.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6714 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598760.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6751 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598761.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6755 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598762.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6781 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598763.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6788 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598764.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6797 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598765.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6799 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598766.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6810 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598767.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6824 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598768.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6852 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598769.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6884 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598770.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6885 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598771.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6922 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598772.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS6926 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598773.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS8580 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598774.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS901 supershoot 1 (SPS1) gene, partia...
EF598775.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS906 supershoot 1 (SPS1) gene, partia...
EF598776.1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	isolate CS931 supershoot 1 (SPS1) gene, partia...

EU579455.1 *Brassica oleracea* clone BAC B77C13, complete sequence....
 NM_101506.2 *Arabidopsis thaliana* CYP79F2 (cytochrome P450, family 79, subfamily...
 NM_101507.2 *Arabidopsis thaliana* CYP79F1 (SUPERSHOOT 1) (CYP79F1) mRNA, complet...
 NM_202111.1 *Arabidopsis thaliana* CYP79F1 (SUPERSHOOT 1) (CYP79F1) mRNA, complet...

CYP79F1

: At1g16410

Tamaño del gen = 2257 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gtat), posición de anclaje del iniciador F (ga) y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

```
aattaagtgttcaagttttgtaaatagagtttttggttatctagcaataaaaattgaaaggaattataggataaattttttgttaattcaatatttt
ttatggataaattaatttataaaatttactctcttttttttaccggtctaaagagctttacattcaaaaatacaaaacaaaactgttttgtgacaaacta
aatcccttgaattagcagtagtagcagtagtagacattaaaaatctatagagttttactatcgctactcatcaaaactagatataaaatataaaaacg
tgattaccgtagtagctaccacaaaagcccaaacccctcagtgagcattcacagcttatcgattctataaaatataccacaacaacaacacacttccagat
atcgctagtggttcatttctaacaatgacacacctcactacacgcatacacaatcATCATGAGCTTTACCACATCATACCATACCCCTTTTCACATCCCTA
CTAGTCTTTATCCCTCTCCTGGATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATCTCTCAAGGCCACCAAAACCAAGACCCGATCTTCCAGCTTCCCTCCCTGGCC
CACAGGATGGCCCATCTCGGCAATCTACCCGAATATTCATGACTCGTCCTAGGTCCTTCCAAATATTTCCGCCCTGGCCATGAAAGAGCTAAAAACAGATAT
AGCATGTTTCAACTTTGCCCGCATCCGTGCCATCACCATAAACTCCGACGAGATCGCTAGAGAAAGCGTTTAGAGAGCGAGACGAGATTTGCCAGACCAGG
CCFCACTTTTTCATCATGGAGACAATCGGAGACAATACAAAATCAATGGGAAATTTACCCTGCGGTGAACAATTCATGAAGATGAAAAGAGTGATCACA
CGGAAATTTAGTCCGTTAAAGACGTGAAAATGTTGGAGGCTGCAAGAACCATCGAAGCGGATAATCTCATAGCTTACGTTCACTCCATGTATCAACGGTC
CGAGACGGTCGATGTTAGAGAGCTCTCGAGGGTTTATGTTTACGACGAGTCCGTAAGTGTGTTTGGAAAGGAGACATGTTACGAAAGAAAACGGTGT
TCTGATGATGAAGACTAGGAAACGGCCGAAAACATCATCTTGAAGTGTATTTCAACACTCTTAACTGTTTACCGAGTTTTAGTCCAGCGGATACGTTGG
AACGATGGTTGAGAGGTTGGAATGTGATGGTCAAGAGAAGAGGGTGACAGAGAACTGTAACAATGTTGTCGATGTTCAACAATCCCAATCCAGAGAG
GGTCCAGTTTGGAGGGAAGAGGTGGTAAGGCTGCTGTGAAGATTGGCTTGCATCGTTTACCTAAAAGATCAAAACGGGAAAGTACTTTGGTCACA
CCAGACGAAATCAAAGCTCAATGCGTAgaagtaaaatatafacttttataaaagtgtagatgcatatataataataataatatacaaaaatagacgtg
tacactaaaataagatgacatgtagtqgtttttgtcacagGAATTTGTATAGCAGCGATTGATAAATCCGGCAATAAATCAACGAGTGGAGTGGACACTTTGGGAAAT
GTTAAAGAACCCGGAGATTCTTAGAAAAGCTCTGAAGAGTGGATGAAAGTGTGAAAGACAGAGAGACTTGGTGTGAAGAACAGAGACAAATCAACTAAAC
TACTTAAAGCTTGTGTAGAGAAACATTGAAATCCACCAAGTGCCTATTATGCTCCTCCCATCTTGCCTTCAAGATACCACCTTTGGGGTTATT
TCATTTCCCAAGgtaaagaaaaaaagaaagagataatttagcattgattgtgcttaagaaacaacaacaataatgtagtqgttttattatagatcaaa
catgtaaaatctgtgtagtcttttaccgtagaatacaataatgggtataccataatagaaactgtttcaaccctacctccaatatttttagtgg
tacttttatttatataatagcctaaaatattagcctaactagctataatttttactttaaattgtcaaatactatgttaatatattattattttg
aaaaactcgtatataatgattttgtatgatttttagtctcagttaaatttttgcatacatctcaaccctaaaagcaggttcaaca
gagtagtctgttattgattggtggtgtatccacaaaactatcagatttgatccagctccggtttatatacaacaactcaatagcatcttaatatga
tatcgcttatctataaagaaatgtgtgattttttggcagctAGGCCACATTCATGATGCCCCTGGACTAGGTCGTAAACCTAAAAATGGAAAGAT
CCATTGGTATACAAACCGGAGCGTCACCTCCAAGGAGCAGGAATCACAAAAGAGGTTACTCTGGTGGAAACAGAGATGCGTTTTGTCTCGTTTAGCACCG
GTCCAGCTGGCTGCATCGGTTAAAGTCCGGGACGATCATGATGGTATTGTTGGCTAGGTTTCTCAAGGTTTTAACTGGAACCTCCATCAAGATTT
TGGACCGTTAAGCTCAGGGAAGATGATGATCATTCCTTATGGCTAACCCTTCACTTTGCTCGGTTAGGCCACGCTTGGCACCACAACTTTATCCAAAG
TCCCGTCCCTAgaagaaaaaaaacagatggtgtctaaaaaaaaaacgccttgttttctctctgttatcttctccaaagccttagtctgtttctattgtt
atgttactactcttagtctgtttatggttttttacttttactttagcagctactgctgtttgtgtgctctttcttttgaatcctcgctcaactcataataaa
caccgatcaaacattcggagtagcactaatttagtattatgatggtgtgatactcgtgtttaaattggaatggtgttttaggactagagtagtaaacag
gtgaaatccttaaaaaaaataaaaaataaaaaaatccttagtagataggaatatagcagtagtgatcttattttcccagtaagagaagaatgga
```

At1g16410 F

Alineamiento BLAST de At1g16410 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador “F”

Query	490	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	549
EF598772	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598759	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598755	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
NM_202111	90	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	149
NM_101507	90	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	149
AY050890	90	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	149
AC006341	63905	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	63964
AC006341	60271	TTCAAATCTTACTAGGATTTATCGTCTTTCATCGCATCAATCACTTTACTAGGTCGAATAT	60330
EF598776	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598775	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598770	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598768	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598767	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598764	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598760	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598754	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598753	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598773	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598771	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598761	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598757	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
BX814811	77	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	136
EF598774	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598769	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598766	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118
EF598765	59	TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTTCGAATAC	118

```

EF598763 59 TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTCGAATAC 118
EF598758 59 TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTCGAATAC 118
EF598756 59 TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTCGAATAC 118
EF598762 59 TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTCGAATAC 118
AY114074 35 TTCACATCCTACTAGTCTTTATCCTCTCCATGGCATCAATCACTCTACTGGGTCGAATAC 94
NM_101506 104 TTCAAATCTTACTAGGATTTATCGTCTTCATCGCATCAATCACTTTACTAGGTCGAATAT 163
AY064649 26 TTCAAATCTTACTAGGATTTATCGTCTTCATCGCATCAATCACTTTACTAGGTCGAATAT 85
AF370512 106 TTCAAATCTTACTAGGATTTATCGTCTTCATCGCATCAATCACTTTACTAGGTCGAATAT 165
AF275259 26 TTCAAATCTTACTAGGATTTATCGTCTTCATCGCATCAATCACTTTACTAGGTCGAATAT 85
EU579455 46486 TTCAAATCCTACTAGTCTTTATCCTTATCCATGGCATCAATCACTTTGCTTGCCGAATAC 46545

```

At1g16410 R

Alineamiento BLAST de At1g16410 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

```

Query 1659 AGAGACA GGCTTGTGCAAGAATCAGACATACC AAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 1718
NM_202111 1148 AGAGACAGGCTTGTGCAAGAATCAGACATACCAAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 1207
NM_101507 1148 AGAGACAGGCTTGTGCAAGAATCAGACATACCAAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 1207
AY114074 1093 AGAGACAGGCTTGTGCAAGAATCAGACATACCAAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 1152
AY050890 1148 AGAGACAGGCTTGTGCAAGAATCAGACATACCAAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 1207
AC006341 65074 AGAGACAGGCTTGTGCAAGAATCAGACATACCAAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 65133
AC006341 61506 AAAGACAGGCTTGTGCAAGAATCAGACATACGAAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 61565
BX814811 1134 AGAGACAGGCTTGTGCAAGAATCAGACATACCAAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 1193
NM_101506 1162 AAAGACAGGCTTGTGCAAGAATCAGACATACGAAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 1221
AY064649 1084 AAAGACAGGCTTGTGCAAGAATCAGACATACGAAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 1143
AF370512 1164 AAAGACAGGCTTGTGCAAGAATCAGACATACGAAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 1223
AF275259 1084 AAAGACAGGCTTGTGCAAGAATCAGACATACGAAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 1143
AY035021 82 AGAGACAGGCTTGTGCAAGAATCAGACATACCAAATCTAAACTACTTAAAAGCTTGTGT 141

```

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At1g16410

```

AC006341.2 Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F309 sequence, complete seque...
AF275259.1 Arabidopsis thaliana cytochrome P450 CYP79F2 (CYP79F2) mRNA, comple...
AF370512.1 Arabidopsis thaliana cytochrome P450-like protein (F309.20) mRNA, c...
AY035021.2 Arabidopsis thaliana putative cytochrome P450 protein (At1g16410) m...
AY050890.1 Arabidopsis thaliana putative cytochrome P450 protein (At1g16410) m...
AY064649.1 Arabidopsis thaliana Similar to cytochrome P450 (At1g16400; F309.20...
AY114074.1 Arabidopsis thaliana putative cytochrome P450 protein (At1g16410) m...
BX814811.1 Arabidopsis thaliana Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
EF598753.1 Arabidopsis thaliana isolate CS1602 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598754.1 Arabidopsis thaliana isolate CS20 supershoot 1 (SPS1) gene, partial...
EF598755.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6603 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598756.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6626 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598757.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6674 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598758.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6688 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598759.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6714 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598760.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6751 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598761.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6755 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598762.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6781 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598763.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6788 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598764.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6797 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598765.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6799 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598766.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6810 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598767.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6824 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598768.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6852 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598769.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6884 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598770.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6885 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598771.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6922 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598772.1 Arabidopsis thaliana isolate CS6926 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598773.1 Arabidopsis thaliana isolate CS8580 supershoot 1 (SPS1) gene, parti...
EF598774.1 Arabidopsis thaliana isolate CS901 supershoot 1 (SPS1) gene, partia...
EF598775.1 Arabidopsis thaliana isolate CS906 supershoot 1 (SPS1) gene, partia...
EF598776.1 Arabidopsis thaliana isolate CS931 supershoot 1 (SPS1) gene, partia...
EU579455.1 Brassica oleracea clone BAC B77C13, complete sequence....
NM_101506.2 Arabidopsis thaliana CYP79F2 (cytochrome P450, family 79, subfamily...
NM_101507.2 Arabidopsis thaliana CYP79F1 (SUPERSHOOT 1) (CYP79F1) mRNA, complet...
NM_202111.1 Arabidopsis thaliana CYP79F1 (SUPERSHOOT 1) (CYP79F1) mRNA, complet...

```

CYP79A3P : At5g35917

Tamaño del gen = 2006 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CGG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (ca), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

ttagaacagaccacgcttcttgatgatgagaagcctttgcaacttatatgtttctccaccaccaaccataagaggccataacctcgagaatccttttgcaac
 ttatctttctttccaacatttaaagcatttttttcaacagattacagttagacacaagcattgttccattgcccgtttcatggctataaataagcttat
 tcctcattgtttcaacagaattcaaataattttctacaaatttgagattaaaaa**ATGCTTCGACGACTCTACCTCAATGCTTGGCGTTTATCTAGGTTTGCTT**
CTCCTATCATTAACAATGAAGCGTAAGAGACGAAGAAAACCATGTTAATGACTAGCCACACGAGAAACCTCTCTCTTCCCGGGGCAAAAATCTTGGC
CTTTAGTGGAAACCTACCAGAAATACTAGGGAGGAACAACCGGTTCCGGTGGATACATTCATTGATGGAGAAGCTCAACACCGATATTGCATGTAT
CCGCTTGGCAATACTCACGTCATCGCGGTGACATCGCGCAAATTGCAAGGGAGATTCTGAAGAAGCAAGACTCCGTTTTCCGCATTAGACCGCTAACA
 ATGGGGACGGAGTATTGCAGCCCGGGTACTTGACCATTGCGGTGCAGTCACAAGGAGAGCAGTGGAAAAAGATGAGGAGAGTGGTGGCATCCACGTGA
 CAAGCAAGAAGAGCTTCAAATGATGCTTGAAGAAGAACCGAGAGGCAGATAACTTAGTCCGGTACATCAATAACCGGTGTCAAAAACCGTGGTAA
 TGGTAATGGTCTTGGCGTTATTGATTTAAGATTTTGGTACGACAATACAGCGGGAATGTAGCTCGGAAGATGATGTTGGTATACGGCATTTTGGTAAA
 GGAAGTGAAGATGAATCGGGACACGGTCCGAAGAGATTGAACATGTCGAATCTTTGTTTACGGTTTTAACCCATCTTTACGCCTTTGCATTGTCGGATT
 ATGTCCTCGTGGTTAAGGTTCTTGGACTTGGAAAGCCATGAGAAGGTTTGGTGGCTGACGCAATGAGAAATGTAAGTAAGTATAACGATCCTTTTTCGGATG
 AAGACTCATGCAATGGCGAAATGGGAAGATGAAGAAGCCTCAAGATTTTCTCGACATGTTTATAATGGCGAAAGACCAACCGGAAAGCCTACTCTATCG
 GAAGAAGAGATCAAAAGCACAAGTGAAGCGTatgcatatattggacttgcctttagtattttttttaaactaccacaataatgtagttagttagtattttttta
 taacaagaaacttctgcttcttcaatggccaatagtgatccgaactctgataatacatgtgtcatgtcgcaaaaagtaaatcagttgtccatgaatgtagta
 ctttagtagggtaaaactgtacaacacctctgcaacctcaaaagatcatggttaattgttagtggagttctcttaggaaataaagctctaaatattttcaa
 tttgaaattccatgcattagagatgtattttcaacaagcaaaatgtttaaattcttttacaacaaacgaaacaaatattccgtagatctcctaaatt
 tttttgtagtggttgattatgtttgattatgaagGAAGTAACTGTTGGCTACAGTAGATAATCCGCTCAATCGCGGGAGTGGGCTATGGCGGAGATGATTA
 ACGAGCCGAGCATCATGCAAAAAGCTGTGGAGGAGATCGATAGGtagttaggaagacacogtittgttctttagtctgaactccctagTCTAACCTACGT
 GAAAGCGTGTGTGAAGAGACATTTCCGTTTACATCCCGTGGCGCCATTCACCTCCCTCACATGTCCACTGCTGATGCTGTGGTGGATGGTTACTTCATCC
 CCAGGGGAAGCCCATGCTTATTAGTCTGATGGGGATCGGGAGAAAACCTAATGTGTGGCAAGCCGCTTAAATTTAACCTTGAGAGACATTTAGGCAA
 TAACTCATgtgtggaactaaagacctaactcaataataatcgttcaagtcatgaagacaggggtgatggtgaggaactgggagcattgggagcCATGACGT
 ACATGTTGCTGGCTCCGTTGATTTCAAGGGTTCACATGGTCCAGCTCCGTTGGTGAAGTAAAATTGATATTTCCAGAAAGCAAGAGTATCTTTTATGGC
 AAAACCTTACATCGCGTTGCAACACCTCGTTTGATCCACATGTGTATCCAACCTCA

At5g35917 F

Alineamiento BLAST de At5g35917 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Query	483	CACCGATATTGCATGTATCCGCTTGGCAATACTCACG	FGATCCCCGTGACATCCCCGAG	542
NM_148046	231	CACCGATATTGCATGTATCCGCTTGGCAATACTCACG	FGATCCCCGTGACATCCCCGAG	290
AB025602	14985	CACCGATATTGCATGTATCCGCTTGGCAATACTCACG	FGATCCCCGTGACATCCCCGAG	15044
AB010692	12865	CACCGATATTGCATGTATCCGCTTGGCAATACTCACG	FGATCCCCGTGACATCCCCGAG	12806
NM_120608	207	CACCGATATTGCATGTATCCGCTTGGCAATACTCACG	FGATCCCCGTGACATCCCCGAG	266
AF245302	207	CACCGATATTGCATGTATCCGCTTGGCAATACTCACG	FGATCCCCGTGACATCCCCGAG	266
AC189631	51637	TACCGATATTGCATGTATCCCTTCGCCAATACTAACG	TATCCCGTGACGTCCCCGG	51578

At5g35917 R

Alineamiento BLAST de At5g35917 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	2212	ATGCGGTTGCAACACCTCGTTTG	GATCCACATGTGTATCCAACCTGA	2258
NM_148046	1427	ATGCGGTTGCAACACCTCGTTTG	GATCCACATGTGTATCCAACCTGA	1473
AB025602	16714	ATGCGGTTGCAACACCTCGTTTG	GATCCACATGTGTATCCAACCTGA	16760
AB025602	22490	ATGCGGTTGTAACACCTCGTTTG	GATCCCAATGTGTATCCAGCCTGA	22536
AK118050	765	ATGCGGTTGCAACACCTCGTTTG	GATCCACATGTGTATCCAACCTGA	811
NM_122983	422	ATGCGGTTGTAACACCTCGTTTG	GATCCCAATGTGTATCCAGCCTGA	468
DQ056697	422	ATGCGGTTGTAACACCTCGTTTG	GATCCCAATGTGTATCCAGCCTGA	468

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At5g35917

AB010692.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 5, TAC clone:K18I23....
 AB025602.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 5, BAC clone:F14A1....
 AC189631.1 *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* clone KBrS003K07, complete sequence...
 AF245302.1 *Arabidopsis thaliana* cytochrome P450 CYP79A2 (CYP79A2) mRNA, comple...
 AK118050.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for unknown protein, complete cds, clone:..
 DQ056697.1 *Arabidopsis thaliana* putative cytochrome P450 (At5g35920) mRNA, com...
 NM_120608.1 *Arabidopsis thaliana* CYP79A2 (CYTOCHROME P450 79A2); oxygen binding...
 NM_122983.1 *Arabidopsis thaliana* CYP79A4P (cytochrome P450, family 79, subfamil...
 NM_148046.1 *Arabidopsis thaliana* CYP79A3P (cytochrome P450, family 79, subfamil...

F2P9.4, F2P9_4: At1g74090

Tamaño del gen = 1053 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (ca), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

CGAGCCATTCTTATTGCAAGATTGATATCAGAGCTTAAAGCACTTGAAGAGTTTGGTTTCTTATCAAGTCATTACGAAAATAGATATCTAGATACTTAC
 TTAATCAGGTTGAATCTGTGACATTAATTTGTAGACCTTATAACAGCAGCAGATTTCAGATTCTGCAAGTGAAGAGTGTAGTTTATAGTTGAATAGATTA
 CAGATAGAGCCCTA ccttttggccaattttttatagataaacaatcatatagattttaaagttataaaactctctgtctctgagtgcggttttctacttttaa
 gcatgtgacacccaacaacactgcgaatcacatattaacacgtgggtaaaaatagctgattactaaagccaactctgatctttgtccaaacacaga
 ccatcatcactcatttctacagaactcagcacaattcttttcaaatctcttttctaatcttcaATGSAATCAGAAACCCCTAACCGCAAGGCTACGATCA
 CGACCACGACCCTACCGAGTCAAGCAGCAGACCAAGACAGAATCAACAGAGTTCGAGAAAAATCAAAAACGGTATCAAGACCTCATCTCCACGTTTCTCA
 CGAGAAAGGCTGGAGACCGAAAGGCCCTGATCGAGTATGGTGGTACTGGTGGCTACCGTCTCTCCTCGAAGTTGTATTACCGCGCAAGAGTTCTTT
 CAAGCAGCACCAGTACTTCTCGTCTGTAGCTACCCAAAGCCGAGAGCTTGGCTCAAGCCCTGACTTTCGCCATCGCAAAATCGTTCCCGCTTCG
 ATGATTCCTCCAAACCCTCTCTGAAACGTAACCCCTCAGAGTTTGTTCCTTACATTGAGATAGATTTCCTTTCTCCCTGAAGTTGATGTTCTCAAAGA
 CAAGAGGGAACACTCTGTTTTCGACTCATATCCCATACGAGTATATACCTGATTCGGTGTGAAATCCGGTGTGAAGATGGTTTACATATGGAGAGAACA
 AAGGCACTTTCATCTCCATGTGGACTTTCCTTCAAGGAAAGGACAGAGCTGGACCTGTCAGCAATCTTGAGGAGTCTTTTGATATGTTCTGTCTGT
 GTCTGTCTGGGTATGGTCTTATCTTAATCATATCTCGCGTATTGGAAAGCATACCAAGAGAAATCCAGATAGGATCTTGTTCCTCAAGTACGAGACGAT
 GAGAGCTGATCTTACCGTACGTAAGAGTCTGGCTGAGTATATGGGTATGGATTCAGAGCCGAGGAAAGAGGAGAAAGGTTGTTTGAGAAAGTGGTC
 AATCTTTCGAGCTTCGAGAGCTGAAGAATCTTGAAGCTAACAAAGGGGAGAAAGCAGAGAGGATCGTCTGGTGTTTACGCGAATAGCCGCTATTTC
 GAAAGGAAAGGTTGGGAGATTGGTCAACTATCTGACTTCGAGATGGCTGCTCGTATAGATGGCTTAATGGAAGAGAAATTAAGGGCACCGGCTTGGCT
 TGAACATGGTAAATGCAatgactaactctgttccgagcaatgactgatcttataatgctttgtttacaacataaagtttgcttcttatgtagtatggctc
 caaatgtattaagttatagtggaagaataaagtgtgcttggttctatccaaatgcatgttctataaacggaattggcttggcaatgcttctgt
 ttaacatcattcatctttgctaatgtatgcagagcaactccttggattctcttttctctgtgataaaactcaaatgttttcgagataggtataaatc
 aagcatttaggatcataaatcgaataatctttctctgttgaataaagatgatacagacaataatgagaatacagaacccaacaaagcaaaacagagca
 tcctctgtttcggccgacacaaataacagaaggaccagataaaaacacatTCAGATTATCATGTTGAAGCAAGCCAGTATCTTTGAATTTCTCTCCACTAA

At1g74090 F

Alineamiento BLAST de At1g74090 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador “F”

Query	738	CAAAGACAGGACCCTTGGCTCAAAAGCCCTGACTTTCGCCATCG-CAAATCG-TTCCCG	795
NM_106069	369	CAAAGACAGGACCCTTGGCTCAAAAGCCCTGACTTTCGCCATCG-CAAATCG-TTCCCG	426
AY088081	370	CAAAGACAGGACCCTTGGCTCAAAAGCCCTGACTTTCGCCATCG-CAAATCG-TTCCCG	427
AC016662	9901	CAAAGACAGGACCCTTGGCTCAAAAGCCCTGACTTTCGCCATCG-CAAATCG-TTCCCG	9844
AC016662	7911	CAAAAACCGGTACAACTTGGCTCAAAAGCCTTAACTTACGCAATCGTC-AAATCG-TTCTCG	7968
BT004984	275	CAAAGACAGGACCCTTGGCTCAAAAGCCCTGACTTTCGCCATCG-CAAATCG-TTCCCG	332
AK117463	333	CAAAGACAGGACCCTTGGCTCAAAAGCCCTGACTTTCGCCATCG-CAAATCG-TTCCCG	390
EU583478	275	CAAAGACAGGACCCTTGGCTCAAAAGCCCTGACTTTCGCCATCG-CAAATCG-TTCCCG	332
AC189400	72543	CAAAGACAGGACCCTTGGCTCAAAAGCCCTGACTTTCGCCATCG-TAAACCG-ATCTCG	72600
AC189400	81928	CAAA-ACCGGCACAACCTGGCTCAAAAGCCTTAACTTACGCCATCG-TAAACCG-TTCAAG	81872
AC189339	15100	CAAAGACAGGTTCTACTTGGCTCAAACTTCAATCAATCTCAATAG-CGAATCGATT-TCG	15043
AC189295	108528	CAAAGACAGGTTCTACTTGGCTCAAACTTCAATCAATCTCAATAG-CGAATCGATT-TCG	108471
NM_106070	428	CAAAAACCGGTACAACTTGGCTCAAAAGCCTTAACTTACGCAATCGTC-AAATCG-TTCTCG	485
AY081540	239	CAAAAACCGGTACAACTTGGCTCAAAAGCCTTAACTTACGCAATCGTC-AAATCG-TTCTCG	296
AY087493	428	CAAAAACCGGTACAACTTGGCTCAAAAGCCTTAACTTACGCAATCGTC-AAATCG-TTCTCG	485
AY042887	314	CAAAAACCGGTACAACTTGGCTCAAAAGCCTTAACTTACGCAATCGTC-AAATCG-TTCTCG	371
BX816972	303	CAAAAACCGGTACAACTTGGCTCAAAAGCCTTAACTTACGCAATCGTC-AAATCG-TTCTCG	360

At1g74090 R

Alineamiento BLAST de At1g74090 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador “R”

Query	1418	GATTGGT-CGAACATCTGACTCCGAGATGGCTGCTCGTATAGATGGTTAATGGAAGA	1476
NM_106069	1049	GATTGGT-CGAACATCTGACTCCGAGATGGCTGCTCGTATAGATGGTTAATGGAAGA	1107
AY088081	1050	GATTGGT-CGAACATCTGACTCCGAGATGGCTGCTCGTATAGATGGTTAATGGAAGA	1108
AC016662	9221	GATTGGT-CGAACATCTGACTCCGAGATGGCTGCTCGTATAGATGGTTAATGGAAGA	9163
AC016662	8591	GATTGGG-CTAATTATTTGACTCCTGAGATGGCTGCTCGTATTGATGGCTTAGTGGAGGA	8649
BT004984	955	GATTGGT-CGAACATCTGACTCCGAGATGGCTGCTCGTATAGATGGTTAATGGAAGA	1013
AK117463	1013	GATTGGT-CGAACATCTGACTCCGAGATGGCTGCTCGTATAGATGGTTAATGGAAGA	1071
EU583478	955	GATTGGT-CGAACATCTGACTCCGAGATGGCTGCTCGTATAGATGGTTAATGGAAGA	1013
AC189400	73223	GATTGGT-CGAACATCTGACTCCGAGATGGCTGCTCGTATTGATGGATCATGGAAGA	73281
AC189400	81245	GATTGGG-CGAATTATCTGACTCCGAGATGGCTGCTCGTATCGATGGTTAGTGGGAAGA	81187
AC189339	14420	GATTGGA-AAAATTATCTGATTCCAGACATGGCAGCTCGTATGGATGGTTAATGGAAGA	14362
AC189295	107848	GATTGGA-AAAATTATCTGATTCCAGACATGGCAGCTCGTATGGATGGTTAATGGAAGA	107790
NM_106070	1108	GATTGGG-CTAATTATTTGACTCCTGAGATGGCTGCTCGTATTGATGGCTTAGTGGAGGA	1166
AY081540	919	GATTGGG-CTAATTATTTGACTCCTGAGATGGCTGCTCGTATTGATGGCTTAGTGGAGGA	977
AY087493	1108	GATTGGG-CTAATTATTTGACTCCTGAGATGGCTGCTCGTATTGATGGCTTAGTGGAGGA	1166
AY042887	994	GATTGGG-CTAATTATTTGACTCCTGAGATGGCTGCTCGTATTGATGGCTTAGTGGAGGA	1052
BX816972	983	GATTGGGCTAATTATTTGACTCCTGAGATGGCTGCTCGTATTGATGGCTTAGTGGAGGA	1042

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At1g74090

AC016662.7 *Arabidopsis thaliana* chromosome 1 BAC F2P9 genomic sequence, comple...
 AC189295.1 *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* clone KBr026G01, complete sequence...
 AC189339.1 *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* clone KBr041J04, complete sequence...

AC189400.1 *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* clone KBrB056L15, complete sequence...
 AK117463.1 *Arabidopsis thaliana* At1g74090 mRNA for putative flavonol sulfotran...
 AY042887.1 *Arabidopsis thaliana* putative flavonol sulfotransferase (F2P9.3) mR...
 AY081540.1 *Arabidopsis thaliana* putative flavonol sulfotransferase (At1g74100)...
 AY087493.1 *Arabidopsis thaliana* clone 36020 mRNA, complete sequence....
 AY088081.1 *Arabidopsis thaliana* clone 41006 mRNA, complete sequence....
 BT004984.1 *Arabidopsis thaliana* clone U50569 putative flavonol sulfotransferas...
 BX816972.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 EU583478.1 *Arabidopsis thaliana* ecotype C24 desulfo-glucosinolate sulfotransfe...
 NM_106069.2 *Arabidopsis thaliana* sulfotransferase family protein (AT1G74090) mR...
 NM_106070.2 *Arabidopsis thaliana* sulfotransferase family protein (AT1G74100) mR...

ATMYB28 : At5g61420

Tamaño del gen = 1004 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (Kf), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

```
gctttcatgtaaattgtttattgaccacacaaatacactattattgcaacgtcttttctggttgagcatttttgtttgttttcttttatttttccatta
ctttcacacattttcttataaattctacaataatgtaattggatttatcggaagagagatgttggctcggttccaatccaacgaaaggatcactat
accactacgttgaatcggtgatgacttgatgccatgtaaagttgtaacaataaatgagtttaatacatataaaagaagcataaaaaacaaaagagcat
aattgatgactattatgggcaactgatgattataatgggaagactactacgaaataagataaaacaagctttagaagaatattagatataaacat
cgtggcccgacaaaatcaattaccaattgattcgcgaggttacatgcattggttctcaatgtaagagaaccccaactcaaacctattttatttattctt
ggggaacttaagtgttaagattaaccttgtttaacatcgtaataaacacgccttgacatagtaaaacacccaaataactaataatacatacaciaa
tatctcgttcgagcaggttagtaactcgactaaccttgggtacagaaccatttttaagtcgtcgaatagttgaaaccttctgtttggatagaagac
TCAATAGAAATGCTTTCAAGCGAGTCTGAGTCGGTGTCTACATAAAAAATGGTATGGTCAACAGATAAATTCACCATCCCTCGAAGTTTCTTACCATA
TTGTCTTGATCATCAACGCTAGTTGATGAGACTTCTTGGGAAACATCGGACATAAGGAGATCATTTCATCTGTTCTCTCATTTGGTATTCTCTCCCGA
ATTTTTCGAAAAATTTGAAAAATTCGTAATCTTGGTCCATGTTGAGATCAGAAGTAGCATTTGATCTCATGTTCCGGGTACAAACGATGATGGGGAGAGGG
ATCAAAATTCAGCAAGAGTATTGTCAGGGATGTTTGAAGTATCTCTTTCATTCGCAATTCGCAATTCGCTCAGTGAAGCCATTAAAAAGCTTGCATGTGATTT
GTAGTAGCACTCAAGCTACCTTCCATGGAAGCCGACAATATATCTTTGATGGAAGTGGCCTTAGCCGCAACTTTGTTCAAGAGCCTTGATGTAGAACTTG
ATTTCTTGAAACGTTTCTTGCAACTCAAGGAACTGCCTTGAATCGGTGTCCTCATTTGCTGCTAAGCTCGGAGACCTTGGAACCATGTTGCAACTGGA
TGGAGGAGGACGAGACAGAAAAGGCATTTGAGCTCGATCGGGAGTATTGCTTTCGGAACCTAGAGGCATTTGGGGAATTCAAAATTCATCGACCGTAGGG
TTGGAACCTAGAAGCCAGTGGCTTTGAGTCAAGGATCAATACCTGTTCCATCAACGTTTTTTGAGATGCGTGTCCAGTAGTCTTGTATCTCGTGTG
CTGTTCTTAGGTAATGTCCTGCTATGACCCGACCCTaaagaaaataagatagatcgagagccaagattaaaatgatgattatgctacataataaa
tattatataaaaaattttcaatgaaattcatttcaacttcgaggttcacgcacacacataagaacataagaacgtaactTTGTTGCCAGGAAAGCATGAA
GCAAgatgataatctgctctctctctgaactaaacccgctcttttgatctcaggttlaaggtagttggtccatcgagctacaactctttccacaccg
ttcaaccctaatcagacacaatattttatcagaacaattttctacaacaagatacaaaaatgagtgatgtagatattgtataaacaccgctttttggg
gaatgctcgccagcctccctcgccgtggtggtggtgtaagagatgagtttctgtgctcctcggtggtccatgctcctttctcaagcctctccgac
gcaacatggcttcttgacattgttttcgataatagatgaacaataatgctgtaaaatttcatataataaacctctcaaaaactcaagatataggaacag
agaaaaactatattgttcaaaaagtaaaattctgaagaaaattgtttaaataagataagggaaaagaaacagatctgttaatgagaactctgatacatc
tgaatataaaactgacgagaaaacaccttggatcttaccacactgctgctcaggtgttttcaattttttaaagcgagatagatttttaaaaaaatat
gttataagcttatggaagaaccaaaggagcatttctgtggtgtagtggtgaggttatgagctattccatataatatacagctacgtaaatgagattttt
ttttttttttttgtgaaaacgtaacaagatagttatggttagtaaaatttttaaatagatcaatagttaaaaaggataatcgtaactttctatgaaa
ataatgctcgaaaagtggtgtttgtatagtaactatatttctactttcaggtatttttaaatcggttaatgctcctcggtacagagatgcaatattttaa
ttatatacagtaaacctgtaggttcttgcatatttgatatttcaacttttgggtatttaaaaaaaatgaaatgattgatccaatggagaggt
ggaggggaataacaaaggagcgtttgcaaatatataacttttaagaattcgattgattatataatctttgagatattttgtattgttttaa
```

At5g61420 F

Alineamiento BLAST de At5g61420 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Query	761	AAGAGATAAATTTGACCATCCCTCGAAGTTTCTTACCATATTGCTTGATCATCAACGCT	820
NM_125535	1043	AAGAAGATAAATTTGACCATCCCTCGAAGTTTCTTACCATATTGCTTGATCATCAACGCT	984
BT028959	1041	AAGAAGATAAATTTGACCATCCCTCGAAGTTTCTTACCATATTGCTTGATCATCAACGCT	982
NM_180910	1421	AAGAAGATAAATTTGACCATCCCTCGAAGTTTCTTACCATATTGCTTGATCATCAACGCT	1362
AY519643	1041	AAGAAGATAAATTTGACCATCCCTCGAAGTTTCTTACCATATTGCTTGATCATCAACGCT	982
AF175998	1041	AAGAAGATAAATTTGACCATCCCTCGAAGTTTCTTACCATATTGCTTGATCATCAACGCT	982
AB010073	60093	AAGAAGATAAATTTGACCATCCCTCGAAGTTTCTTACCATATTGCTTGATCATCAACGCT	60152
BX830516	1323	AAAAAGATAAATTTGACCATCCCTCGAAGTTTCTTACCATATTGCTTGATCATCAACGCT	1264

At5g61420 R

Alineamiento BLAST de At5g61420 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	1736	TCGCCCTCTTTTGATCTCAGGTTT--AAGGTAGTTGGTCCATCGCAGTCTACAACCTCTTTC	1793
NM_125535	208	TCGCCCTCTTTTGATCTCAGGTTT--AAGGTAGTTGGTCCATCGCAGTCTACAACCTCTTTC	151
BT028959	206	TCGCCCTCTTTTGATCTCAGGTTT--AAGGTAGTTGGTCCATCGCAGTCTACAACCTCTTTC	149
NM_180910	586	TCGCCCTCTTTTGATCTCAGGTTT--AAGGTAGTTGGTCCATCGCAGTCTACAACCTCTTTC	529
AY519643	206	TCGCCCTCTTTTGATCTCAGGTTT--AAGGTAGTTGGTCCATCGCAGTCTACAACCTCTTTC	149
AF175998	206	TCGCCCTCTTTTGATCTCAGGTTT--AAGGTAGTTGGTCCATCGCAGTCTACAACCTCTTTC	149
AB010073	61068	TCGCCCTCTTTTGATCTCAGGTTT--AAGGTAGTTGGTCCATCGCAGTCTACAACCTCTTTC	61125
BX830516	488	TCGCCCTCTTTTGATCTCAGGTTT--AAGGTAGTTGGTCCATCGCAGTCTACAACCTCTTTC	431
Z95751	44	TCGCCCTCTTTTGATCTCAGGTTT--AAGGTAGTTGGTCCATCGCAGTCTACAACCTCTTTC	1
DQ653273	206	TCTCCTCTCTTGATATCTGGTTTC-AAA-TAGTTAGTCCACCGTAATCTACAACCTCTTTC	149
DQ446930	206	TCTCCTCTCTTGATATCTGGTTTC-AAA-TAGTTAGTCCACCGTAATCTACAACCTCTTTC	149
NM_120852	206	TCTCCTCTCTTGATATCTGGTTTC-AAA-TAGTTAGTCCACCGTAATCTACAACCTCTTTC	149
AY350712	76981	TCTCCTCTCTTGATATCTGGTTTC-AAA-TAGTTAGTCCACCGTAATCTACAACCTCTTTC	76924


```

AF175992 206 TCTCCTCTCTTGATATCTGGTTTC-AAA-TAGTTAGTCCACCGTAATCTACAACCTCTTC 149
AB010070 51145 TCTCCTCTCTTGATATCTGGTTTC-AAA-TAGTTAGTCCACCGTAATCTACAACCTCTTC 51088
AY519618 206 TCTCCTCTCTTGATATCTGGTTTCGAA--TAGTTAGTCCACCGTAATCTACAACCTCTTC 149
Z95799 44 TCTCCTCTCTTGATATCTGGTTTC-AAA-TAGTTAGTCCA 7

```

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At5g61420

AB010070.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 5, P1 clone:MBK20....
AB010073.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 5, P1 clone:MFB13....
AF175992.1 *Arabidopsis thaliana* putative transcription factor (MYB76) mRNA, co...
AF175998.1 *Arabidopsis thaliana* putative transcription factor (MYB28) mRNA, co...
AY350712.1 *Arabidopsis arenosa* clone BAC Aer6D24, complete sequence....
AY519618.1 *Arabidopsis thaliana* MYB transcription factor (At5g07700) mRNA, com...
AY519643.1 *Arabidopsis thaliana* MYB transcription factor (At5g61420) mRNA, com...
BT028959.1 *Arabidopsis thaliana* At5g61420 mRNA, complete cds....
BX830516.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
DQ446930.1 *Arabidopsis thaliana* clone pENTR221-At5g07700 myb family transcript...
DQ653273.1 *Arabidopsis thaliana* clone 0000017378_0000012162 unknown mRNA....
NM_120852.1 *Arabidopsis thaliana* MYB76 (myb domain protein 76); DNA binding / t...
NM_125535.3 *Arabidopsis thaliana* MYB28 (MYB DOMAIN PROTEIN 28); DNA binding / t...
NM_180910.1 *Arabidopsis thaliana* MYB28 (MYB DOMAIN PROTEIN 28); DNA binding / t...
Z95751.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for AtMYB28 R2R3-MYB transcription factor...
Z95799.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for AtMYB76 R2R3-MYB transcription factor...

CYP83A1 : At4g13770

Tamaño del gen = 1601 pb

Codón de inicio (ATC) y de terminación (TAA), exón (CGG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (ca), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

```

caattattgttttccctcaaatgcattaaccctaaaaatataattaactgacttttcaaccctatcaatataatttgagtatacattttgagtgcattac
ttttaacagtttactaaatttattacataaatgtagttgtaggaaatgtatacaatttcatttcaaaagtgtaaattgtttatcttttttgca
agcaaaatattactccatattgtttcttattgattttctagaaaaaaaatgtatacttcgacaatcattggtttatattatgattgtttggt
tcgctgttgaattcattgatttttttttttttttttttttggtggttaaccacaaaataaagttaaactgaaactaaatcttttagctaga
tttttaaatgcaaccggagggcccaaaaataaccacaaatctctctatcaagcttagccactcatagcgaatagttttattttttagcattcaagt
aaatataaaggatcacaagaacatcatgtgaatttggcttctctcatatcaaaatgtgaaagagaagatagagagagcattgccatttaagaagaac
caaacattgaaacagaatatacactggaggaacataactataataacagagaaggttagattttttgatatataattagCTAATACTTGTTCACCTTTCTCTG
GAACAAGCTTTGAGATGCTGGCAGCTTGTGCATAGCAAACACGAGTCATGACATCCATATTTGATAACATCTGGTTTCATCCCATTTAGGAAGTTTAAAGTTGAA
GCTGAGGAGAAGGTTTCGCATAAGGAACCTCAAGCATCGCGGCCCAAGAGCGCATTCCTCCGGCCATTCCTCCGGCTGACCCGAACGGTATAAACTCGTAG
TCCGTCGCTTTTGAAGTCAACTTCTTCTCAAGAAACCTCTCGGGCCATAAAGTCATCAGGGTTCGGTCCCATTTCTTCTCGTGCAGTGCACCGCCACG
CGTTGACGTTTGCAGCTTTGTTCCCTGCGGGGATGTCGTAACCGGCGATCTTGGTATCTTGAATGCAAGCACCAGGGATTAAGGAGAGGAATCACTGGTTCGAT
CCTTAGGGTTTCTTAACTAAGGCTCTGAAGTAAGGAAGGTTCTTGACATCGTCTTTCAGTAACGAACGGTTGAACCTTTCTTTCATATACTCTCTCACT
TCTGCTTTGAGCTTTCTTCAACACTTGTGGGACTTCTATTAGATAGTCAATCCCCCACAAACCGCGAGCTGCAGTATCTGTTCCCGCCACTACAATAT
CcttttggagccaaaaaaagaagaaggtgaaagcaagcaaacggtttcttgaagcgcaagcaacgatttaaaacatattataacttaacCAAGATG
ACGGCTTTGACATTTACTACAGTAACCTCAGAAAGCGAAAGGTTGTCTTTTGTAGATCCCATCAAGAGATCAATCATGCTCTCGGTTTCGGGCTTGACTC
TCTTAGGATCAAGCGTCTCATTGACAACTCTTGAATATAAGTGTCTTGTCTTTGAAACACTTCTTTCATATAAGCTGTGAGGCCGATATAATCAAG
AAAGCCACAATAATGGGAAAAAATCAGAGAAAAAGATCTTCCCAAAACGGCTTTGAGTCCCAATAAAGAATCTTGATGAACCTCTTCACTCTTCTCCATCT
TCATTTGATCTTCTTCCGAAACGCTTGTCTACACCAACCGAGTTCGTAAGGTCACATAAAGCTCACTTTATATCGACTACTTCCGGATTTATCCGGCCCT
TGTGTATCTTATGACTCATCTCTCAGCCTCTCTCTGTCATGCTTAAAGGTTGGCCACACGCTGTTGGTGAGAACAAAGTGGTTCATGCCACTCTTCCCT
TATCTCTCGGTAATACGGTGTGTAGTGGTTTAATGCCATGTCACGCCCTGCCGTAGGATATGAACTCATGGCCACGATGTGGAGGCCGGTCCGCAAAAGTTG
ACATCTTGCCTCTGAGAAAGCTCTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCCACTTGTCTGCTTCTTCTGATGACAAAGATTGGACCGCTATTTT
TGGCCCATCCAGCGAAGAACGCTTGTGGGTTAAGCTTCTGAAGCTGAAGGAGGTTTCCGATCACCGGAAGTGGTGTAGGGCCCTGGAGGTAGCTTGTACCG
TTTGGTTTTCGGTTTTGGTGTAGAGGAAGAAAAGGAGAACCGCGGCGAGGCCACCACCGCGATGATGATATCTTCCATctctagttgttactactttg
gtttacattgaacagcaaaagctccttaataataagaattatataatggactacggttcttatttttttcttaaccacaaactaaacaaactactaaaaccg
aacttaaccgacatcaaatttttaatacaatggttactccctatacctacttacgaaaacctcagtggttagaattataaaacacctcaacctacccaac
atccctcaacgtcgtatattggttttagtggttcacgactcactcattctgttttatactattggtatttacaaaaactttgttttaactgtttc
gacgaacccaagacttatatacaatcacaatccatttctataatcgaaaataacaatattggattattggtacgtacccaaaatttcaaacagtcgctcag
cgaaaattgtagagtaagagtttttcaaaaaatcaacttgctggttgacaaaaaaacaaactcagtggtgatataatgattgattgaaatcgcaaaaaca
tcaacacagatttgaatccgaaggggttggtgtagttggttaacttggaaacgctcagtgaaactcaagcaataaaatgcaaaatctcctaaaggtcaata
aaaaagaatgcttaaaatgtttcaataaccaaaagatttaaatattgatgaaattacatgatcacttcaaacgttcgattgtatacaaccctatacag
tattacaaggggaacacaaattacgaacccgcaaaaaaagaatgagtcgactatttttaaacagagaactagaattataaaaaatttaagaaaaacatca
acctcaaaaaactcaactagtaccataaaagatttgaatcgtaagttgagtgtgtgtcttggctctgggccccaaatttaaaaagctgaatgtttctc
acaacatcaatcaataaacaacaattgtaccaagctttaagtttacaagaacagtggttgaattagaatcaattttcaaatgaaatctccgaatttctg
ttctcttcagagaaagatagaatggagaatattagtttggcttagctgaagcttTTAATCGGATCGTGCCATTGCTGTGATGGATGAACTTTGCA
TACACTGACAGATGTAGTGAAGGGCAGACTTGTGTAGCAAGCAACTAGTCTCTTCTTGTGTTTAGATCAACCAAAAGCGCTCCCATCACTTTCTCTTT
GGGTTTAAAGACATCGTCTGGCTCGCTTCAAACCCGGAAATGTAACCTCGCTCCAATATTAGCAGTTTTAGGGGGCTCAACTACCTCCACTgaaatg
tttccagcaaaaaaactttgttatatacaaatcgaatgaaatttagcagaactcaaaacaggtcaaagactcgtataactcactCTGCTTCCACTACTA
CTGGAAGCTGCAAGAACCATTGCTTGTGACACAATATCCCTCATTTTCGCGGTTTCAAGTGCAGAAACAAACCATACGATTctgtccagaacaaca
tattagatcaattggaatgatatattacatactgatatccggaagcaaaaactgaatggttgaattgaaacaaactcctcctcaagaggtatattatt
TGACCACTGCACTGCAACAGTGCGAATTTACCAACCCCAACATCAATTTCTTACATACAATGCATCTGCCTTGGGATGTTTCTCAGCCTTCACAAT
TTTACCACCTCGGATATCAAGTCTGCCATAGTTATTTCACGATCAGCAGCTGGTGGAGGTTTGGGTTTTCCTCCGCTTTTGTATGATGCCCTTTGTTTC
TTGGCATctgggagataaacagcagtcagtcacataatcaagttactaaaagcctaaagaatgtaaacagctattttgagaatgataatagaaacCTG

```


At4g13770 F

Alineamiento BLAST de At4g13770 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador “F”

Query				
Query	737	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATA	CATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT	796
NM_117451	1479	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		1420
AY102146	1450	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		1391
AY091779	1474	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		1415
AY075697	1477	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		1418
AY057637	1563	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		1504
AF428469	1471	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		1412
AL161537	82849	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		82908
AL035528	61757	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		61816
D78599	1472	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		1413
AK220835	474	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		415
U69134	3032	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		2973
U18929	1457	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		1398
BX827552	1457	GACCAGTCATGACATCCCATATTGATATCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTAAAGT		1398
AC189568	126004	GCCCAGTCATGACATCCCATGTTGATCTCATCTGGTTTCATCCCATTAGGAAGTTTGAAGT		126063

At4g13770 R

Alineamiento BLAST de At4g13770 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador “R”

Query				
Query	1993	CAAAGTTGACATCTTG CGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTA	GCTCAGCTGAAGATATCACCA	2052
NM_117451	315	CAAAGTTGACATCTTGCGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCA		256
AY091779	310	CAAAGTTGACATCTTGCGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCA		251
AY075697	313	CAAAGTTGACATCTTGCGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCA		254
AY057637	307	CAAAGTTGACATCTTGCGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCA		248
AF428469	307	CAAAGTTGACATCTTGCGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCA		248
AL161537	84105	CAAAGTTGACATCTTGCGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCA		84164
AL035528	63013	CAAAGTTGACATCTTGCGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCA		63072
U69134	1781	CAAAGTTGACATCTTGCGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCA		1722
D78599	308	CAAAGTTGACATCTTGCGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCA		249
AY102146	286	CAAAGTTGACATCTTGCGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCA		227
U18929	293	CAAAGTTGACATCTTGCGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCA		234
BX827552	291	CAAAGTTGACATCTTGCGTCTTGAGAAGCTCTTTAGCTAGCTCAGCTGAAGATATCACCA		232

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At4g13770

AC189568.1 *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* clone KBrH009I04, complete sequence...
 AF428469.1 *Arabidopsis thaliana* AT4g13770/F18A5_160 mRNA, complete cds...
 AK220835.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for cytochrome P450 monooxygenase, comple...
 AL035528.2 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, BAC clone F18A5 (ESSA projec...
 AL161537.2 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, contig fragment No. 37....
 AY057637.1 *Arabidopsis thaliana* AT4g13770/F18A5_160 mRNA, complete cds...
 AY075697.1 *Arabidopsis thaliana* AT4g13770/F18A5_160 mRNA, complete cds...
 AY091779.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g65110/MQN23_4 mRNA sequence...
 AY102146.1 *Arabidopsis thaliana* AT4g13770/F18A5_160 mRNA, complete cds...
 BX827552.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 D78599.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for cytochrome P450 monooxygenase, comple...
 NM_117451.3 *Arabidopsis thaliana* CYP83A1 (CYTOCHROME P450 83A1); oxygen binding...
 U18929.1 *Arabidopsis thaliana* cytochrome p450 dependent monooxygenase mRNA, ...
 U69134.1 *Arabidopsis thaliana* cytochrome P450 monooxygenase (CYP83) gene, co...

BCAT4 : At3g19710

Tamaño del gen = 2228 pb

Codón de inicio (ATC) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (ctf), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

GAGACAGATTTCGGCGGAAACAATGACATAGTCATGTGGGTTTGGAGCGTGAGCAAGGAGACGAAACAGAGAAATGATGATGAAATTAATCGATACGAGCA
 TAGAAGATGAATACAAGGAGGATGCTCTTAAAGTTTGGACATTGCTTTATTATGCACGGACAGTCTCCTCAGGCTAGACCGTTTATGAAATCAGTAGT
 TAGTATGCTAGAAAAATAGAGCCTCCTATAACAAGAACAGTGGAGAAGCAAGTTACCGTGAGAGTGCTAAATGATGAGATTACTAAAGTTGTAATACTC
 atagattgcacttggttattatcagagctaaggctcaagaataataaattcttgattggttttataacttaaaaaattcttcagagaaagatttcaagac
 cattcaagagttttgtatcatcttcatctacatggaacaaaaagaagttagttagttaaagggttagttagttaaattgaaaagcataaagatttctatga
 taatactctttaaataaataaataaagataaagcaaaaagccatagtatttaaataacttacagacgaaacatttataaaatacatcgcaacgtaggaca
 tgcactgatcatcacct
 tcaacttTCAAGCCCTGGCGGTCAATCTCCACCGTCCATCCCTTGGTATCCTCGACCCGACCCGCTCTGGATATCACTTAACGCTCTCGTATAGCTTCGCAGC
 CAATGTTTCTTCCCTGTTTGAATCCGGTCTctgtatttgatttatacaattccaattttcaagtcacccctaaacttatgaaaaaatctaaaaatagacatt
 ttggattaaacaaaggaagaagaattattcTTTTGCTCTTAAAGGTTACGATGCAATACGATGCAATGGAAGCAGTGCCAGATACAGAAAGCTTCGCT
 CGCATCGAAGAAATCCCACTAGAGGAATCGTACGTCTTCCCTCGACctttatacaaaagtgaaagacaaaaagaaatttatacaatgcatgtaattatt
 agtaagagagatttttctgcaaaattacaagatcaacttgatataatgatgattgaaattttccaacCTGGTAGCCGAAATCACGACACAAATCCCATTA

CGCAGTTTCGAGTGACTCCGGGCAAAATAGTTCCTGCAATTGTTGGTGTGATACACATTGGCCctatatacaaaaaatcatcacacacatcttaatat
 ctataaacacatgtataaacctcaacatgcatcttcaataaattgtatatttttttttacCTTGAGCATAAAAACATTAGCTGCGAAAAGTTCCTCAA
 TGTTTTTTCGACAGTGCAGCATCCAAAAACAAAATATCAGAGAAACCTTGTTTTTTCGCTCTGCCAATGGTATCCAAACcttcaacgagaatcttttcca
 ttacaatcattttgctatgtaattatgaaatttgatgtatatttttaaaccttacAGGACAATAGTGTGTATGCTCTTCCACCACCAGTTCACCTAG
 SAAAAGCTCGACGAAATCGATCGAATTCGATTTTCAGATTCAAACAGAGTTATCctatttcaaaccaaaaatcggaaaatactcaaatttaacataatggttt
 tctttaaacaacataaaccttttaatttaaaacaaactctcaaaaagtaattgtatgcatgcatgttatattacgtaacttggaaatcccttatattttcaat
 gtgaacaataaaaagaaaacgcaagaacactagctcaactTATGATAACTCCAAACAGGACAGGCAAAAAGCTGTGAAGGTGGTCTCAGGAATGGGAAATG
 AACCAAGAAATCGGACCCTCCCAACAAAGATAGGCCTAATATACAATGTTTCCCTTCCCGGAGGAGGAATctgctacatataaagaaaacccattga
 ttatatctttcattttataaggtttttattatcttgacgaattcaacaacaatcaatataataataacCCATTTCTTGTGGCAAGAGCAACTTGT
 GATGGCGGAGACGAATGATCGACCGAAGGATAAGGCATATAGAGTCTGTGAGCTCCGGCTGAAGGCGGAGACCGTTTTGGTCTGGTCCGAATAGCAGA
 ATCCGACCATTCTGTCTGTAAGCTTTCAGTCTCATATAAACCCtaaatcattcccaaacaccataaattatccagtaatttagtatacaaacctt
 acttaagaattgttgcaaacatagatcacatacaatgatttgataggaatcaactcttcaactattcgggttggtatatacaattaatacatat
 gtacaactattttcatttttcaatagtttatagctcaaatatgcatacaataatagttgctaactcaatagtatatactatgtaattatattatgataaata
 gtcactcaatttttattatcagtgagaagctataatcagtggttaatagctttttctgtttcactcaataaagcattatattcattctttta
 agtcataatacaaacCTGGCCATACTGAAGAACAGCAGCGCAAGGGTAAAGTGCAAATCAGCAAAAGGAAGAATCTCCCTCTTGAAAACCTCTCTC
 CATGATTGCACTTCGCAACATACATATAATCCGTACGAACAACTTGAATGCCAATCTTCCCACTTGACATTGCGATATTTTCATCCGAAACActgta
 aatttttgataaaataaaaaaaacaaaaaaagatcgccaaatcattttcaactatcagatttaaaacaataaatttggctgacgatacagaataattt
 tacCTCACAGGAAGAGGTTGGCAGAGGAGCCATggatgtgtttgttcgagtcgagttgctttgttgtaagtaggtaattgcaagaacttgagttgtc
 taataagctttggaactctcttttatatacgttttaacaacattttttttttttttttttttttctatttttacaacaaatggtttttattataaataa
 taaacttaaacgaaaataaaataatctctttgttctatttcttaaaaaagaattagcttgtagtacttcaactcttaactcttttagcttttagta
 ggtatataatcatctattttttttttttttttttttttattacgattatagtgtagtactgtatttttaatacaaaaataacttggttagaagtaaaaag
 aaaaatgatttttttttactcagtgatcagttttacgtttattcaaaaataaagttgtagtttctcttcaatattcaagttatagtaaaaaattggtc
 ggtaatttactattaagatttaactcgaaactctagtttagatcacagataatcatcacagtggaagaaacatttggctctgtcagctggagaaaacgta

At3g19710 F

Alineamiento BLAST de At3g19710 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Query	615	AATCACAAGATCAGAGACATCTCAG	ATGTTTCTTACATAAGTTTGTATAcacacaca	674
NM_112861	1226	AATCACAAGATCAGAGACATCTCAGATGTTTCTTACATAAGTTTGTATACACACACA		1167
AK226525	1227	AATCACAAGATCAGAGACATCTCAGATGTTTCTTACATAAGTTTGTATACACACACA		1168
AY052676	1214	AATCACAAGATCAGAGACATCTCAGATGTTTCTTACATAAGTTTGTATACACACACA		1155
AP000417	53861	AATCACAAGATCAGAGACATCTCAGATGTTTCTTACATAAGTTTGTATACACACACA		53920
AJ271732	1207	AATCACAAGATCAGAGACATCTCAGATGTTTCTTACATAAGTTTGTATACACACACA		1148
AY089143	1222	AATCACAAGATCAGAGACATCTCAGATGTTTCTTACATAAGTTTGTATACACACACA		1163
NM_112860	3294	AATCACAAGATCAGAGACATCTCAGATGTTTCTTACATAAGTTTGTATACACACACA		3353

At3g19710 R

Alineamiento BLAST de At3g19710 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	1555	ACAGGACAATAGTTTGTGATGCTCTTACACCACCAGTTCACACTAGGAAAAGCTCGACGA	1614
NM_112861	685	ACAGGACAATAGTTTGTGATGCTCTTACACCACCAGTTCACACTAGGAAAAGCTCGACGA	626
AK226525	686	ACAGGACAATAGTTTGTGATGCTCTTACACCACCAGTTCACACTAGGAAAAGCTCGACGA	627
AF446892	617	ACAGGACAATAGTTTGTGATGCTCTTACACCACCAGTTCACACTAGGAAAAGCTCGACGA	558
AY052676	673	ACAGGACAATAGTTTGTGATGCTCTTACACCACCAGTTCACACTAGGAAAAGCTCGACGA	614
AY089143	682	ACAGGACAATAGTTTGTGATGCTCTTACACCACCAGTTCACACTAGGAAAAGCTCGACGA	623
AJ271732	666	ACAGGACAATAGTTTGTGATGCTCTTACACCACCAGTTCACACTAGGAAAAGCTCGACGA	607
AP000417	54801	ACAGGACAATAGTTTGTGATGCTCTTACACCACCAGTTCACACTAGGAAAAGCTCGACGA	54860

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At3g19710

AF446892.1 *Arabidopsis thaliana* AT3g19710/MMB12_16 mRNA, complete cds....
 AJ271732.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for branched-chain amino acid transaminas...
 AK226525.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for putative branched-chain amino acid am...
 AP000417.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 3, P1 clone: MMB12....
 AY052676.1 *Arabidopsis thaliana* AT3g19710/MMB12_16 mRNA, complete cds....
 AY089143.1 *Arabidopsis thaliana* clone 38004 mRNA, complete sequence....
 NM_112860.1 *Arabidopsis thaliana* IKU2 (HAIKU2); ATP binding / protein kinase (I...
 NM_112861.3 *Arabidopsis thaliana* BCAT4 (BRANCHED-CHAIN AMINOTRANSFERASE4); cata...

ATR1: At5g60890

Tamaño del gen = 1192 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (kt), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

ttctttttgacagcaataattttaaatctttttatctgtctctctgttctttctctctccgcagtcctctcgtatattttgctatataagagcacctct
 ataactctgtgagacagaattataaaaaaaacattgatagttttgtatctaaactcaatataatgataaacagcttcacgtgtctcatcgtcaaaag
 agtgtctcagtgagtaacaattctcaggtgtctctagttttgatcagacgctctattcaactctcttaattagtcabatctctctttttttttctcctg
 tctgtgtaattttatttttaaaacaaagattaaagagctgctctctctttttggtaacatggagccttaatgacctctttgttagctctagctagatttt
 acgtactacttagggtattcaactaaaataaaatcaagaagaagagcagagagATCGTGGAGACACCATGTTGCAAAAGAGAGGAATAAAGAAAGGAG
 CTTGGACTCTGAGGAAGATCAAAGCTTATTGCTTATCTCACCTACATGGTGAAGGTGGATGGCGTACTCTCCCTGAAAAGCTGgtatataatcttt
 ttgtcactatagtttttaataattagctacttttttaaaagaaattattgttatagtggtgtaaatgtatagatGATTGAAGAGATGTCGAAAGA

GTTGTAGATTGAGATGGGGCTAATTACTTAAGACCCGACATTAAGAGAGGAGAGTTTACTCTCGAAGAAGACGACACTATCATCAAGCTTCATGCTCTTAA
 GGGTAAACAAgtaagtactctctttttttcttttcttcttaattcgaatttgattagataaacttaactatagtgtaagtttgatgaaataacttttaactt
 ttcactcacaatgccaaccataactttttaaatcttttttgataaaagattccaaactcttcaatagaaataaataatvtgttagtattttttattgat
 agttgtgtttgattattgaaagGTGGGCCGCAATCGCCACTAGCTTGGCCGGACGAAGCTGACACCGAAATAAAAACTATTGGAACACAAATCTCAAGAAG
 CGGTTGAAGCAAAAAGGCATCGATGCAATCACTCACAAACCGATCAATTCAACCGGTCAAACCGGTTTCGAACCAAAAGTAAATAAACCGGATATTTCAT
 CCGGTTCCGCTAGGCTTCTTAACCGCTCGCAAGCAAATACGCGGTTGAATTAAACCGGGACTTACTGACCGGGATCATCAGTGGAACTCCACCGCTCGC
 CGAAGATTCACAAACTCCGGCAGCTTGTATTCCGACCTCCACATTCGTCACAAATAATGGCGGCAACATCAGTATTGATCAACACTAGCAGTACATAT
 TCCGGCTTCTCCGACAACCTGTTCTTTCACATGATGAATTCAACGAATTTCTTAACAATGAAGAGATCTCCGATATTTGGGT
 TTATGGAAGAGTTAAAGAGTATTTAAGCTACGGCGATGCCAGCCGGAGTTATTGAAAAATTCGCCGGAGGTCATGTAGCTGATGCAATGGAGTTCAT
 TGATTCCTGGAACGAAGATGACATAATGGTTGGAGTCTTTGTCCTCAcgagtacagctaaaatcaatcttctggttttttcttcaataagctgtgata
 gattctgttaactgctacgtagtcaaaaataatgtgctgttggtaaaaataataaataaataatcttctacttacatgaattgttttacaatccggaata
 aaacacgttttttacgaaatacataatgtttgttaatttcataatgacatgccaactaacggaatgataagctgtttacacatttttagagtctcataag
 tcataaactataaaaaattttaaatgacataactgaccacgtttctctcaaaacaataaaatatttcccccaattatgtgataaaaagagctttta
 aaaaactctgattgacaaaaaataattattgoggatagatccagggctaactctttttgctacataaataatattgataatcttttaattgatgata
 tctaacaatgatgtagattaatctgcccgtgtcaattttgtttccgttaccattacaataatgtgtatgcagaagagcgtttaaagagaaaaaa
 cattaatattgttcgaggaactaaaataacaataacatattgtttgttggactcataccattaaaaactaatgtttgacacacgtaatttttattg
 gtgatacattggaagagaaaaagcaataacaataaagagataaaataatggttattactacttttgggtaccacataattttttgtgcaaaacttag
 gtaccactataattttaagtttttaacatgcaattttgaacctagcgattttgaccaagctaaacacatttgacctacacatactccaaatggagatct
 catgacttaattagggcacactttgatctttaacttttaaaactactggtagatatttaaatcgaaatgcaaatgttcttaacgtaataataatcaaat

At5g60890_F

Alineamiento BLAST de At5g60890 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador “F”

Query	1420	GTTCTTTCACCTGATGAATTCACGAATCTTAAACAATGAAGAGATCTCCGATATTTACA	1479
AB008269	6565	GTTCTTTCACCTGATGAATTCACGAATCTTAAACAATGAAGAGATCTCCGATATTTACA	6624
U66462	4040	GTTCTTTCACCTGATGAATTCACGAATCTTAAACAATGAAGAGATCTCCGATATTTACA	4099
BX831199	1148	GTTCTTTCACCTGATGAATTCACGAATCTTAAACAATGAAGAGATCTCCGATATTTACA	1207
NM_125482	1000	GTTCTTTCACCTGATGAATTCACGAATCTTAAACAATGAAGAGATCTCCGATATTTACA	1059
AF062876	437	GTTCTTTCACCTGATGAATTCACGAATCTTAAACAATGAAGAGATCTCCGATATTTACA	496
AK227337	999	GTTCTTTCACCTGATGAATTCACGAATCTTAAACAATGAAGAGATCTCCGATATTTACA	1058
BT030326	662	GTTCTTTCACCTGATGAATTCACGAATCTTAAACAATGAAGAGATCTCCGATATTTACA	721
AY519642	662	GTTCTTTCACCTGATGAATTCACGAATCTTAAACAATGAAGAGATCTCCGATATTTACA	721
Query	1480	CGACTGTCGATAATTTGGGTTTATGGAAGAGTTAAAGAGTATTTAAGCTACGGCGATG	1539
AB008269	6625	CGACTGTCGATAATTTGGGTTTATGGAAGAGTTAAAGAGTATTTAAGCTACGGCGATG	6684
U66462	4100	CGACTGTCGATAATTTGGGTTTATGGAAGAGTTAAAGAGTATTTAAGCTACGGCGATG	4159
BX831199	1208	CGACTGTCGATAATTTGGGTTTATGGAAGAGTTAAAGAGTATTTAAGCTACGGCGATG	1267
NM_125482	1060	CGACTGTCGATAATTTGGGTTTATGGAAGAGTTAAAGAGTATTTAAGCTACGGCGATG	1119
AF062876	497	CGACTGTCGATAATTTGGGTTTATGGAAGAGTTAAAGAGTATTTAAGCTACGGCGATG	556
AK227337	1059	CGACTGTCGATAATTTGGGTTTATGGAAGAGTTAAAGAGTATTTAAGCTACGGCGATG	1118
BT030326	722	CGACTGTCGATAATTTGGGTTTATGGAAGAGTTAAAGAGTATTTAAGCTACGGCGATG	781
AY519642	722	CGACTGTCGATAATTTGGGTTTATGGAAGAGTTAAAGAGTATTTAAGCTACGGCGATG	781

At5g60890_R

Alineamiento BLAST de At5g60890 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador “R”

Query	1600	TTGATTCCTGGAACGAAGATGACAATATGGTTGGAGTCTTTGCTGACGAGTCAGACTAA	1659
AB008269	6745	TTGATTCCTGGAACGAAGATGACAATATGGTTGGAGTCTTTGCTGACGAGTCAGACTAA	6804
U66462	4220	TTGATTCCTGGAACGAAGATGACAATATGGTTGGAGTCTTTGCTGACGAGTCAGACTAA	4279
BX831199	1328	TTGATTCCTGGAACGAAGATGACAATATGGTTGGAGTCTTTGCTGACGAGTCAGACTAA	1387
NM_125482	1180	TTGATTCCTGGAACGAAGATGACAATATGGTTGGAGTCTTTGCTGACGAGTCAGACTAA	1239
AF062876	617	TTGATTCCTGGAACGAAGATGACAATATGGTTGGAGTCTTTGCTGACGAGTCAGACTAA	676
AK227337	1179	TTGATTCCTGGAACGAAGATGACAATATGGTTGGAGTCTTTGCTGACGAGTCAGACTAA	1238
BT030326	842	TTGATTCCTGGAACGAAGATGACAATATGGTTGGAGTCTTTGCTGACGAGTCAGACTAA	888
AY519642	842	TTGATTCCTGGAACGAAGATGACAATATGGTTGGAGTCTTTGCTGACGAGTCAGACTAA	888

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At5g60890

AB008269.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 5, P1 clone:MSL3....
 AF062876.1 *Arabidopsis thaliana* putative transcription factor (MYB34) mRNA, pa...
 AK227337.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for Myb transcription factor homolog, clo...
 AY519642.1 *Arabidopsis thaliana* MYB transcription factor (At5g60890) mRNA, com...
 BT030326.1 *Arabidopsis thaliana* unknown protein (At5g60890) mRNA, complete cds...
 BX831199.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 NM_125482.2 *Arabidopsis thaliana* ATMYB34/ATR1/MYB34 (ALTERED TRYPTOPHAN REGULAT...
 U66462.1 *Arabidopsis thaliana* Myb transcription factor homolog (ATR1) gene, ...

C-S liasa (SUR1): At2g20610

Tamaño del gen = 2149 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CGG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (gt), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

ataaaaaaaaaataatcttatgagaatgagttgttatccaaaataccaaatttaacataatgaacttgcttgcaaaaagaaaacacaacgtgtgaacttactta

BX820228.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 NM_127622.3 *Arabidopsis thaliana* SUR1 (SUPERROOT 1); transaminase (SUR1) mRNA, ...
 NM_201760.2 *Arabidopsis thaliana* SUR1 (SUPERROOT 1); transaminase (SUR1) mRNA, ...

Degradación de los glucosinolatos

K19P17.17 : At5g54000

Tamaño del gen = 1289 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (F), y posición de anclaje del iniciador R (R).

ttccaacaagaagcaaacgggatccttatttcaaggatcaagtaactaaagagacatgtgtattttgaatatcaaaagcagactgatcaatgtttttaaac
 tTCAATCATTCAGCTTCGATCGGCTTCGACCTTGTGATAGTAAATCGAAGAAGTTTTCAGACTTCTTAACFGCTTTGTACAACCTTGGCTAGC
 CTGAGACACAAGCCCATTTAAAGGTTGAATCTCTTTGTCTTCATCAGCATTAACAAATGTGCCACATATATCTTTCCCTTTTTCCGTTAAGCACCAC
 CTATGACCCGACTCTTGTATATTCATTGCTCATTAACctgaacatgcataaagagatttctatcaaaatcttccaacaaacttcaactatcatagaaac
 atataatacatgatgattgattacCTCCATAGTATCTCCTACATTCAGATTCGAAATGTATGAGGGAGAATGAAGCTTTATACCCTTTCCACTTTGAGGAA
 CTGAAGTCCTTACATTTTTGTCCGGTAGGATAAGAGTAAAGGCTGAGCCATCAGAATGCGGTTTTAGCCCAAGAACCTTGTCCGGCCTCAGACATGG
 CCGTAGACTTCAATCTGTCTCCACCTAGCATTTTACCACATGCATCTCTAGAAAGCAATTATCTTCCAACCTCCACAGATCTAGCTAATGCCTGAAGA
 ATTTCTCAACCACTAAGTGTCTTCAATTTGATTCATGTAAGTTTCCctaaagaaacgatttttaaaatcacagatttacagctctaaagaaactgaa
 atctatgcatggatgatcctatgatttttaacTAAATCCGCTTGGATTTTCAGGCCAGAATTTAAGCTGTCGTTGATCTTCAGGGTACGTAATGAGGTAC
 AAGCGTCCAGCCCAATCGAGAATCTGATCATCAGACAGAATCATGTCGTTTCCAATCTTGAACACTACTTATCTCTCTTCCGCTACTCTGTTTCTCTT
 TGGTCGGAAGTACAAGAAGTCTGCTTTCGTTAGCTCGTGAATCTTGTGCGAGCAAGCTTCTGAAATTCATGATTCATCACctacgagatataaaatttctt
 cgatgattttttaagacatataatgatcatcaactaaagaggtcaaaaacttaaacCTGAACACGCCCATGTAGAGATCGCCGAGTGAAGTTTACTCAACT
 CTCTCCAGCCGCTCGTCAAGAAGAGAAAAGGAGATTAAAGATCGATCGAATTTTCATCTCTGGCAACAAACCATTTGAAAGGTTGATCACCTTCGCG
 GTCGCCGTTGGGTGTAGAGGTATCTTTCCGGTAGTTTTTCGCCAGCTGCCACACCTCTTGGACTGTCTTCAACTTTGGTTTCTCAtgtttcggag
 gatcctttggttgatgatccttttggtcagaagaacttttgtattacaagtagctagacacgatcctgaatttatggtccttgcttggtatataccaaacccg
 gcccaagataaacactatgatagcgaacatgacaaaatgcccgtttcgtaacattatctcaagagagaatttagtttacaacaaactaacagttatcctc
 tctttttttgtgacttttggatggtgcaaaatataaaggacaatttaacaaatgcaaaaaaaactaaaaatataatatttttcttggtaagaact
 aaaagatattccttgatattaagaataacactatgcttagtatataatgtaacttaataatatttagagtttagggttgatgtcaacaacacctaaatt
 aagtatgtctcggctataaaatattttttgcatctaccacaaagttttatataatatttcttttaacacaaaagaattagaagcaaatctttttgtg

At5g54000 F

Alineamiento BLAST de At5g54000 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Query	588	CCTCAGACATGGAGGGTAGATGTTGAATCTTGTCTCCAACGTAGCATTTTACCATGCAT	647
NM_124779	648	CCTCGGACATGGAGGGTAGATGTTGAATCTTGTCTCCAACGTAGCATTTTACCATGCAT	589
DQ056720	648	CCTCGGACATGGAGGGTAGATGTTGAATCTTGTCTCCAACGTAGCATTTTACCATGCAT	589
AB007644	58000	CCTCGGACATGGAGGGTAGATGTTGAATCTTGTCTCCAACGTAGCATTTTACCATGCAT	58059
AF296833	56006	CCTCGGACATGGAGGATACATGTTGAATCTTGTATCCATCGTAGCATTTTCTCCACACAT	56065
AF296825	100093	GCTCGGACATGGTGGATACATGTTGAATCTAGTATCCAACGTAGCATTTTCTCCATACAT	100034
NM_122062	685	CCTCGGACATGGAGGATACATGTTGAATCTTGTATCCATCGTAGCATTTTCTCCACACAT	626
BT030332	645	CCTCGGACATGGAGGATACATGTTGAATCTTGTATCCATCGTAGCATTTTCTCCACACAT	586
AY085103	670	CCTCGGACATGGAGGATACATGTTGAATCTTGTATCCATCGTAGCATTTTCTCCACACAT	611
NM_122047	672	GCTCGGACATGGTGGATACATGTTGAATCTAGTATCCAACGTAGCATTTTCTCCATACAT	613
AY087779	662	GCTCGGACATGGTGGATACATGTTGAATCTAGTATCCAACGTAGCATTTTCTCCATACAT	603
BT005178	645	GCTCGGACATGGTGGATACATGTTGAATCTAGTATCCAACGTAGCATTTTCTCCATACAT	586
BT002900	656	GCTCGGACATGGTGGATACATGTTGAATCTAGTATCCAACGTAGCATTTTCTCCATACAT	597
BX831586	650	GCTCGGACATGGTGGATACATGTTGAATCTAGTATCCAACGTAGCATTTTCTCCATACAT	591
BX831876	653	GCTCGGACATGGTGGATACATGTTGAATCTAGTATCCAACGTAGCATTTTCTCCATACAT	594

At5g54000 R

Alineamiento BLAST de At5g54000 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	1326	CTTTCCGGTAGTTT-TTCGCCAGCTGCGACCACCTCTTGGACTGTCTTCAACTTTGGTTT	1384
AB007644	58738	CTTTCCGGTAGTTT-TTCGCCAGCTGCGACCACCTCTTGGACTGTCTTCAACTTTGGTTT	58796
NM_124779	65	CTTTCCGGTAGTTT-TTCGCCAGCTGCGACCACCTCTTGGACTGTCTTCAACTTTGGTTT	7
DQ056720	65	CTTTCCGGTAGTTT-TTCGCCAGCTGCGACCACCTCTTGGACTGTCTTCAACTTTGGTTT	7
NM_122062	105	CTCTCCGGTA-TTCCTTCGCCCTGTGCAACCACCTCTTGGACAGTCTTGAACCTTTGGCTT	47
AY085103	90	CTCTCCGGTA-TTCCTTCGCCCTGTGCAACCACCTCTTGGACAGTCTTGAACCTTTGGCTT	32
AF296833	56743	CTCTCCGGTA-TTCCTTCGCCCTGTGCAACCACCTCTTGGACAGTCTTGAACCTTTGGCTT	56801
BT030332	65	CTCTCCGGTA-TTCCTTCGCCCTGTGCAACCACCTCTTGGACAGTCTTGAACCTTTGGCTT	7

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At5g54000

AB007644.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 5, TAC clone: K19P17...
 AF296825.1 *Arabidopsis thaliana* BAC F5024...
 AF296833.1 *Arabidopsis thaliana* BAC F7C8...
 AY085103.1 *Arabidopsis thaliana* clone 12971 mRNA, complete sequence...
 AY087779.1 *Arabidopsis thaliana* clone 38372 mRNA, complete sequence...
 BT002900.1 *Arabidopsis thaliana* clone RAFL16-03-J22 (R20890) putative ethylene...
 BT005178.1 *Arabidopsis thaliana* clone U20890 putative ethylene-forming dioxyge...
 BT030332.1 *Arabidopsis thaliana* At5g20550 mRNA, complete cds...
 BX831586.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 BX831876.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 DQ056720.1 *Arabidopsis thaliana* oxidoreductase (At5g54000) mRNA, complete cds...
 NM_122047.3 *Arabidopsis thaliana* oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family pr...
 NM_122062.2 *Arabidopsis thaliana* oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family pr...
 NM_124779.1 *Arabidopsis thaliana* oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family pr...

F1N20.200 : At4g22100

Tamaño del gen = 2563 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (ca), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

aatgtcacagtgtaaaaataatcccactattacatgggcctaaggaaagcatgcccgttttttaggaaaaataaaattcgtatagactttaaaaggccaag
 cagttcaaacacagtaaaacagagccctgatgtttttcgtagaaacatattcgtgagaataaagtaaatgcaacattactaCTACGAAGAAGCTGAAGAA
 GAAAGTTGGCTCTGCATTTGCATGATGCCCTTGAGAACCAAGAAAGTGGTGTGCCCTTGAGAAAAGCAGAGTACCAATGAGCAGAGAGTTTGGAGATC
 TCGTACGATGAGGATCACTGAAATTCACAGAGTATAATCCAAAACAACTCATATCCCTTCACTAACTCGTATAAATCCATAAATGACCATATGAAGTA
 TCCCTCGTCTCGATCCATTCCTCACgacgttagtaaaaatctttaaactcttttagtacatcgacaagagaagaagaagaagaataacaataaagaactttactt
 acCTAATAGATTTGAGAACAGCAGCAATATAAGCATGTAATACTCAATCCTTGGTGTGCTCTTTGTTGAGCTGCAAAATCTTGCTTCATCGGTGATC
 tattctgttctgactgccaagagaattaaacagactaaga tacaacaagagatagagatcaggaagagtgagaaggaagacCATTTTCAAGAATGTAGA
 TAGGAGGATTGCCATAGCTTTGCTTTATATACCAAGGACACTTCCATAGCCCATGGAGCAACAGCATActtttccaaacaagaacaaacaactaaga
 aatatagattgagaagtttgcactgtaatttggtagccttgaactcttaacCTCGAAAGCTGAAAATTCCTCAAGGACTGTCCctccaagcagtaaaa
 caaagaagagatgatagcaacaaagaatacaagaaaaaaataaagaagcagagactttgtatttgttattcaaaagatagagtttgatgatcctta
 cATGTCATAGATACACCCATGCTGAATAAAAATCCGGGTTTCTGAAATAGAGGTTTGATCTTGATGCTTGTGACCGAAGCTGCAAGATAGTGAATGA
 TCCATATGAAATCAGATGAGCTTTAACTTGTCTGATTCTCTCTTTGAGAAAAGTGGCAGTCTTGATCCAACAGTCTTTTTCATTTTCATCGGGATAGC
 ACCGAATATAAAGGCTCAAGCATctgatttttaagaacagagtgcttctgttttcaagtaagaacttggatctgttttcaaatgtgaagttatgttt
 ctgcttaactcaacCAGCCGAAGTAGAAATCTTTGGCTCTTTGAACTGCAATGTCATCATCCTTGGAGCTTGTAGAAGGTGTAACCCATAGGGAGAAATAG
 CTAATCCACAGAACCTCTCTGCATATCctgcatgttgcctgtaactcaacaattcaagagagattatgtaaaatataaaaatgtgtaagcatgta
 tacCTTGACTTTTGGCTTATACAGTCTTGAAGCAGAGGCGTGCAGAAAGCAAGTTATGGCTACGATATATGGTTTCAGTTGAAGAGTTCCCTGATGAG
 CAGTTTCTACCCCGGTGAGGAGCAACGACCCAGGCGTGTGATCCCATCATTGTATCCTCCAATAGTGAATATATAGCCTCGTTGATCGTGGTCCAGAAAT
 TGACGATGCCAAACTCTCTGAAGCAACATTTGCATAGCTGTAAGCTCTTGGctgcaatgacaagaattatatacaaccattcttttttacattgc
 gaagcatgaaaagaaaactaagttactaaaatgaggttatttagccttacATGATTCGCGTGTGATCCATCCTCCATATTCATCTTCAAGATACTGAGG
 ATGCTGATGGAACAGCTGCACATGTGGTTCGATTCctgcaacatgcaaaagcagaaatctctgtagtgcaatacaaaagcgaatgttctgtaatttaactattcaagagt
 tctcaacCATGGCTTACAGTCTTGAATGAAGTCTTTATAGAAGTGTAGACCTTGGGATTAACAGGACCTTCCATctaaatgagataagtgctcaac
 aagtaaaagtccggctgaaaacattaaagcgtgtttaaagaagacttcttacCTGATATAAGCTAGACCAAGAAATGGAGAATCTGAAGGCATCTAAGCC
 AGTTTCCACCATGAGCTTCCATCCTCctgcaacatgcaaaagcagaaatctctgtagtgcaatacaaaagcgaatgttctgtaatttaactattcaagagt
 ttgcttggtaaaatgagccttaactTGTACTTATGGTACCCATCACTTGTATGCTCCGTTACTTAGGTTACctgcaaatgagacagcatattggttaa
 acacaaatttactaagactagagccttaattatcatcttaactaaaaatcataacacaaagaaaagccttgaatttacGAGTGTGAAGGAAAGTATCCCA
 GACGCTAGGTTTTCTTCCATCTTCATCAAAAAGCTCCTTCCCActttcaaaagcgaacatttctctctcagaaaaatgaaagcattaaacctagaagttg
 aaaaatcaaatccgaaagaactGATTAAGCAGAAAGTGGCGGATCCAAAATGAAGCCCTCGGGGAAGTCTGTTCTTGTGCTGCATCTCCAGACAATGCA
 AAGAAAAGCAGAAAATGGTTAACAGAGACAAAGTCACTCACTctctctgttttccctctctgttttggccatgatttttggaaataactgtgctga
 ctcaagagagaatagaaacacttctgtgtgcacaatttagtcatctggaactcaaaagaacacacacgcgacaaacactgataatcatagatatgaaag
 gaactgttacaatgtttaaaggaatgagccttttaagcctttaaagattatattataccaataaaaactagtttctctctatgttttctctagaga
 ttttaataaagatattgaaagaaattacaTCAAGAAAATTAACCCGGCATAAATGTTCTGATCAAGGTTATCACACTCGCAACTAATGGGCTTATTC

At4g22100 F

Alineamiento BLAST de At4g22100 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Query	367	A-CTCGTATAAATCCATAAATGACCATATGAAGTAACCTCTCGTGTCTGATCCATTCCTA	425
AL161556	135508	A-CTCGTATAAATCCATAAATGACCATATGAAGTAACCTCTCGTGTCTGATCCATTCCTA	135566
AL161556	131480	T-CTCGTATAAATCCATAAATGACCATACGAAGTAACCTCTCGTGTCTGATCCATTCCTA	131538
AL022140	81189	A-CTCGTATAAATCCATAAATGACCATATGAAGTAACCTCTCGTGTCTGATCCATTCCTA	81247
AL022140	77161	T-CTCGTATAAATCCATAAATGACCATACGAAGTAACCTCTCGTGTCTGATCCATTCCTA	77219
AC004473	61871	ATCTCGTATAAATCCATAAATGACCATACAAAGTAGCCTCTCGTATCTGATCCATTCCTA	61930
AC005966	85691	AGTCTGATAAATCCATAAATGACCATACGAAGTAGCCTCTCGTGTCTGATCCATTCCTA	85632
AB008270	10578	A-CTCGAACAATCCATAAATGATCATACGAAGTAGCCTCTCGTGTCTGATCCATTCCTA	10636
NM_118331	1339	A-CTCGTATAAATCCATAAATGACCATATGAAGTAACCTCTCGTGTCTGATCCATTCCTA	1281

At4g22100 R

Alineamiento BLAST de At4g22100 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	1020	TGCTGAATAAAAAATCCGGGTTTCCTGAAATAGAAGGTTT-G-A-TCTTGATGCTT-GT-	1074
AL161556	136161	TGCTGAATAAAAAATCCGGGTTTCCTGAAATAGAAGGTTT-G-A-TCTTGATGCTT-GT-	136215
AL022140	81842	TGCTGAATAAAAAATCCGGGTTTCCTGAAATAGAAGGTTT-G-A-TCTTGATGCTT-GT-	81896
AC004473	59678	TGCTGAGTAGAAGTCCGGGTTTCAGAAAATAGAAGGTTT-GAA-T-TTGATGTTT-GT-	59732
AC004473	62517	TGCTGAGTAGAATCAGGGTTTCCTGAAATAGAAGGTTT-C-AGT-TTGCTGTTT-GT-	62571
AC005966	85062	TGTATGAGTAGAATCCGGGTTTCGGACAGAGAAGGTTTGG-A-T-TTGATG-TTAGT-	85008
AB008270	11265	TGCTGAGTAGAATCCGTGTTTCTTGAAGAGACGGTTT-A-AGT-TTAATG-TT-TTC	11319
NM_118331	1048	TGCTGAATAAAAAATCCGGGTTTCCTGAAATAGAAGGTTT-G-A-TCTTGATGCTT-GT-	994
AY090350	1118	TGCTGAGTAGAAGTCCGGGTTTCAGAAAATAGAAGGTTT-GAA-T-TTGATGTTT-GT-	1064
BX815702	1145	TGCTGAGTAGAAGTCCGGGTTTCAGAAAATAGAAGGTTT-GAA-T-TTGATGTTT-GT-	1091
AY080772	1160	TGCTGAGTAGAAGTCCGGGTTTCAGAAAATAGAAGGTTT-GAA-T-TTGATGTTT-GT-	1106
NM_121664	637	TGCTGAGTAGAATCCGTGTTTCTTGAAGAGACGGTTT-A-AGT-TTAATG-TT-TTC	583

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At4g22100

AB008270.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 5, P1 clone:MTG13....
 AC004473.1 *Arabidopsis thaliana* chromosome 1 BAC T13D8, complete sequence....
 AC005966.2 *Arabidopsis thaliana* chromosome 1 BAC T2K10 sequence, complete sequ...
 AL022140.1 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, BAC clone F1N20 (ESSA projec...
 AL161556.2 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, contig fragment No. 56....
 AY080772.1 *Arabidopsis thaliana* putative beta-glucosidase (At1g60260) mRNA, co...
 AY090350.1 *Arabidopsis thaliana*....
 BX815702.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...
 NM_118331.2 *Arabidopsis thaliana* glycosyl hydrolase family 1 protein (AT4G22100)...
 NM_121664.2 *Arabidopsis thaliana* glycosyl hydrolase family 1 protein (AT5G16580)...

MHC9.5 : At3g21370

Tamaño del gen = 3294 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (kf), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

TGGTAGCTGCTTATACGGGATGGGAGGATAAGCGGAATGATCCAAGAAAGGCTGTGACTTTTGGGGATGGAAAGCCTTTACCTCGGGATATAGTCCATGA
 TTGCTTAGGATTCTTGAAGAGGAATGTGTGCTGTCCGTTGGCAGAGAGGAGATGTTTGGCTTATAGATAACTGGGCGGTTCTTCATTCGGAAGACCG
 TTGATCTCTCGTCCGAGTCTTGCATCACTCTGCAATAGATTatggtgctcttccatgataaatcaaaagctttggatttcgaatttagagggcaacaa
 caaacactgacatatattggatacatatattggtgacatagtaaccattccattcttaaacatgcttaactgacactgacagcagaacataacaac
 ataagaagaacaaagacaaactcgtcgtcctcttcttattgtccgcggttgaagcttttgccttaagatcctgcaagaacactcgacTCAAGAGCTC
 CTCGCTGAGCTTTGAGGACTTAGATGTTTTCAGGCCCTGGTTGAGCATTTCAGAAAGCCATTTCGGGATTCCTTTCCTCCATACGAGTCAAGTTGTTCTTG
 AAGTCTATGTAGTAAACCTCGAACCTAGCTGTGTACCCGCTTGCCTCAGAGTTGTCCATTAAAGACCACAAGAAATACGATGTAAACATTACCTTGT
 CTTCACTgcaagatacaaaaaattgaaactcaaatgaaaaaacatttgaacttaaaagatcaaaagcttaacaacaaagttaggaaactgatactcaacCATAT
 AGCTTCATTCACTGCCAAAAGATGCTCTGGAGATAGTATTTCTCTGTTGGTTCGTTGAGAGCAACGCTAAGATCTGTATCTTTATCGCCAAGTCTCTCC
 CCGTAGCCtaataaaaataaagattccgaaaaatcaacaaaagtagaaaaacogtataattataataaaagaagattttgattcttttagtgaacCATTTCTCAGT
 GATTATGATCTCAGGGCTGTGTATCTGCTCTTAATGTATTTTCATGAGCTTCTCAAAACCTTAGCGTAGACAGCCATCTTAGCAGTGTGGGctacaag
 aatgtagtattgtaaaqtaataaatacaaaatcaaaaaaaacattttggttaagaaaagttggttacCTGGCTACCAATTTTAATGGATCCATC
 CACAGTCTTCGctgaaaaatgtttttaagaattttagtcttttagtagatttaaaagcttttggcttttggtagtatagtttaacaacattgacataagcaata
 tatcatttaaacatgtagtactattgtaattaggtaagaaataacgaaataaacgaaatctttagctTCAAATTCGACTAGAGCATCTGTAGCCCAAGTCCGGT
 TCCGACTATCAACCTTCTGCTGAGCCTTTGCAAGAGGAAAGTGAATAGTTTATTCACGAACTCTGCGAATCTTTTCAGTTTTCGCTTTTGGGCTTT
 GGTAAATCTTGGCAACCGAGATCCAACCCGCTCTTCATAGACTGAGGATAGTCCCGAACGTTGGTAGGATCCAATGCTcaagaagaaagaaaaacaca
 atgttgcattatgataataatacaagaataacataaaaaatacaagagttgtagatattggtgttttaacCAGCCAATGACGAAATCAAGCACAC
 GGTTTACAGTCGCTTACCTCTCCACATCTTCGGGTTCAAACCAAGCTGGACTATGAGCGATTCGGATTTTACCACCTTTGCCatttttcaaaaaaac
 gaaaaatataaagtaaaacttttaaaaaagttggtttatgtcactgtggagaaacgaatggtatataaagggtattctgttttttagCCTTTTCGCAT
 TTTCCGAAAGCATCAACAGCTTCAGCATGACCCACGAGTAAATGTGACTGACACATAAGGTTCGAATCCTGACCTTCCATCTTTCAGAAAGCTTTCCCA
 ACTCTTTGACGTAAGGAGAACACGCTCCTGGTCTTTCTTCCCAACGCTGAGCCCGAACGGCTAAAGACCCATGGCTCGTTGAACGTAATCCAGTTTCT
 CACTTTGTCCCACTACTCGTGGAACGTGAAGTTTGCATACTCCACAAAATCAGGCTatataattcaacattttaaagtaagcaattataactttgataat
 gtagtagtaaaaaatactattgtacgaaacaacttaaaaaataatacaaatgtgaagatagacatgtacacttacACAATACGTTTCGCTTAAAAAGC
 CACCGTATTCACTTCCAAATCGCGGGGATATCCCAATGAAAAACCGTTACTTAATGGTGTATGTTctgaaaaacaataatttagtgaagattagttttt
 tgcagttactatagttactacgataaataaataaaatgtagatataaattgtgagatataatagagttagagagattgacCATTTTAAAGGAGCTCA
 TCAATAAGATCGTGGTAAATGAACCTCTTCTTGTCTTCTTCTCCATCTCCCATctgttataattatcagtaaacagctcttgttggaaacca
 atagtaattcataaaatctcgtgacctatttttttttggagaaactcaatgagtttaacttaacGAGGAAATATCTTGGCCAGCAATAGAAAGT
 TAAACCATCAGTGTTCAGCTTTTTCATCAACTGGATATCTCctgttatttagatagcctaacgaaacatttagtataaaaaatagtaattcaaatga
 cttcgttagagccatgaaactcaacgattcaactatgaaattctaatcgataaaacttaaaaaataaataactataaaaaactgaaccttatgtagcactt
 tctcctaaagttatagttaccacacttttaacaagataaacttagtctctttttttaaactatctctgtgtgttccaaatattctctttataca
 gttttgataaaaatggttttccgaaatataatctatctggaacttaactcaactcttttagttgttgcgaactacacgtgagaaataatctctcaatga
 aacgttttaaaagagaaactagaagctaaatcCTTGTAGCGATGGTAGAAATCGACGGCTCGTACGATTTGTGATTTTAACTCTATctgcaagtttaa
 tatagtaaaaaatgattttatatacaccagatactggttctgctacacagcttactactataaactggtctgtaaacactctttataaacctctgga
 aatcaaaatctcaataaacacacagagtgatgaaatgcatgttttaaaaaaacgcaaacataaagtggaacataataatgctctggttggtaaaataaag
 aaagaaagagacagacGTGGAATTTCTTGGTGTAGATGTCCACAGGCTTGGACCTCTGCAACCTTCATTTACTGCACCTTCCACctattttaacct
 ataaatcacataaatcttttcatgttccatttcccaacatattcttagcttcaacaaatggttttgaaggttttaataacacctttctatggatatt
 tttctattttgtatacatatcagctcTGAAAGGCTCGGTTCCGGTACCAAAATAGAAAGCTTCCGGGAAAGCTTCCGGGAAAGTTCGGTCT
 TCCGGCAACAGGTTCTTCTTCAGCCCTTTCGGAGAGCCGACAGACTTATTAGTAAAGTAAACCCCAAGAGGAACTTTCATgtttgattttttttt


```

gttgcctgtgtatataagaatttagaacgacttaaaaaataaactatttccatgatttgaccatcttttatcttaattttatataatggaataggt
tgaggatttacattgtataaattagaagaacataaactactgttctgttttggttttagcgttttttagacgatgtctatcacattttgcaagtaactaactgt
ctattatacgtattttaagtacacacacagctgtttgqggtttttgtgataatcagGGAAGAAATGGGAAAGTTCTCGGAGGAAGTGGGAAACTATCGATA
GACTTAATGGGACCAATAACGGAAAGCCTAGGCTTAGGGAGAGACTACCTGTCTGCTCTCGGATGGACGAAAACGGCAAGCAAGTGCATGACACTTAAGTCTGCT
ATCCACCCTGTCCGGACCCTGAGACGGCGCTAGGCCCTGCCGCGCATTCAGACTATAGTTGCATCACCCCTCCTCTACAGAACTTGGACGGTCTCAAGAT
CTTCGATCCAATGGCTCACGGTGGATCTGGCCGTGGGTTGGTGTCCACAAGTACACAGGTGTACTTAAGgtgqggtttcaactgtaccggttttagacgta
aacagaataaattgaaacgttttagatcctcaaaaaaataatgtaatacaccatgcatctctgctcttttttctttatttagGCCATATGGTGACCATTGTG
GAAGTTCTAAGCAATGGATTATACAAGAGCATCGTTCATAAAGTCACTTTGAATGAAGAGAAAGACGAGAAATCTCTCTCGGAGCTTGCATAGCTTGGGTA
TGGACGATAAGATGAGTGTACCGCGCAATTGGTTAACGATGAAAATCCGGTTCGGTATAAAGAGACGAGCTTAAACGATTTTCTTGATTTTCTTGTCAA
AAATGACATTTCTCAAGGGGATAGGTTTATTGACACTCTCAGAATCAAGGACGCAttaagaggacaataaaaaataacagaataagaataaaggactga
tcaggctcttagccggtttgtttgttacacggtatgactcagtcactgtcccttttggcgtttaacctgtgataaactgtgagatgtatatcagacaata
tatacgtgttaaatgttaatgtaagatatataattagcatatcatctctcgatttccaaatattcattgaaatacaaaataaccaccaaataatgtatgtg

```

At5g07480 F

Alineamiento BLAST de At5g07480 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador “F”

Query	888	GATAGTGAACCATGGAATCAACCAGAACATACTAGATGACGCCTTGGAGGTTGC	946
NM_120830	183	GATAGTGAACCATGGAATCAACCAGAACATACTAGATGACGCCTTGGAGGTTGCGAATA-	241
AL163912	82956	GATAGTGAACCATGGAATCAACCAGAACATACTAGATGACGCCTTGGAGGTTGCGAATA-	83014
AY350715	10136	GATAGTGAACCATGGAATCAACCAGAACATACTAGACGACGCCTTGGAGGTTGC-AAGAC	10194
AY350714	55368	GATAGTGAACCATGGAATCAACCAGAACATACTAGACGACGCCTTGGAGGTTGCAAA-A-	55425
AY350710	25347	TAGTGAACCATGGAATCAACCAGAACATACTAGACGATGCATTGGAGGTTGCGCACG-	25403
AY350711	4829	GATAGTGAACCATGGAATCAACCAGGACATACTGGACGAGGATTGGTGGTTGCGAACG-	4887

At5g07480 R

Alineamiento BLAST de At5g07480 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador “R”

Query	2071	ACGGCATGCAAGTCATGACAGTTAACTGCTATCCACCCTGTCC-GGACCCTGA-GACGGC	2128
AL163912	84139	ACGGCATGCAAGTCATGACAGTTAACTGCTATCCACCCTGTCC-GGACCCTGA-GACGGC	84196
NM_120830	548	ACGGCATGCAAGTCATGACAGTTAACTGCTATCCACCCTGTCC-GGACCCTGA-GACGGC	605
AY350715	11420	ACGGCATGCAAGTCATGACCGTTAACTGCTATCCACCCTGTCC-GGACCCTGA-GACTGC	11477
AY350714	56717	ACGGCATGCAAGTCATGCGCCGTTAACTGCTATCCACCCTGTCC-GGACCCTGA-GACGGC	56774
AY350713	7673	ACGGCATGCAAGTCATGCGCCGTTAACTGCTATCCACCCTGCCAGG-CCCTGACG-CGGC	7730
AY350711	5888	ACGGCATGCAAGTTAACTGCTTTATCCACCATGTCACG-CCCTAA-AACGGC	5945

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At5g07480

- AL163912.1 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 5, BAC clone T2I1 (ESSA project...
- AY350710.1 *Brassica oleracea* clone BAC Bo37N21, partial sequence....
- AY350711.1 *Sisymbrium irio* clone BAC Si11E11, complete sequence....
- AY350713.1 *Capsella rubella* clone BAC Cr33L6, complete sequence....
- AY350714.1 *Arabidopsis pumila* clone BAC Op37I22, complete sequence....
- AY350715.1 *Arabidopsis arenosa* clone BAC Aer1B10, complete sequence....
- NM_120830.1 *Arabidopsis thaliana* oxidoreductase, 2OG-Fe (II) oxygenase family pr...

BGLU34 : At1g47600

Tamaño del gen = 2819 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CGG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (F), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

```

tatggttaaggaacatatattctcacgcagacatgtgcaggaaatgtataagagaaatattggtgccgtaaacacaaagtgttaatatattttttctata
gagaataattcaattattgttttcttaattagaaaaacaagacagcgaggtggagaacatggaggacatacaatccaatgcaaatatacgtaacaggttta
cttgaatctccatgcaagtcoccatgcaactcaaacccgtgtatataaaaccctcaaggtcatcggttaaatcaccacaaagaagcacatcaataaagaa
aatcaaacacATCGCAATTCCAAAAGCTCACTACTCTTTAGCTGTCTTTGTCTCTCTTTGTCGTCGTTTCGAGTAGCCAAAAGGTTTGCAAATCCAGAA
TGCAAGGCCAAAAGAACCTTCCACTGCGATAAATCTCATGCAATCAACCGTACGGGATTTCCCGAAAATTTCACTTTTGGTGCAGCTACTCGGCTTATC
AAGtatataatcttggctcttctggaaattgatttttagctatataatagatttttcaattttcattattatgatttttgcacaaatccaacatgaacttaattgt
ttctaccagATTGAAGGTCAGCAGCAGTAGAGCACTTAATGGATGGGACTATTTACCGCATAGATCCAGTgcactcaacataattttttccatgggt
cttcaatgtgggaaaaataacocataatttagatgtttaaagaggttatctatgcatgctgactgcactgatttttgggttttttttttatatacagAAAAGT
ACCGGATCGTAGTTCCAGGAGACTCTGCTTGATTCGTATGATCTTTATAAGgtgagaagaagcctatcaattatgtaaatggtttgtagatgatatact
tttcagactttgttaatttcaatctaatttacaactttcaacttaactgtgacagGATGATGTCAAACTACTAAAAGAAATGAAATGTTCAAGCTTAC
AGACTCTCGATAGCATTGGTCAAGGCTTATCCAAgtaaatcaaaaaaacgaaaaacacatctcattatagttcttcatgatttcatcttatataaa
agaactagtttaattaaatttcaattcaatgacccagaaattttgtgattatattccttaatacagAGGGAAGACTGACTGGGGAGTGGACGAGAAATGGGGA
TAACATACATCAACAATCTCATTAACGAGTTGAAAGCAAAATGgtaaattcgatataactgttacttaacocatcaatttttcaatttttattatattt
ttatttaacatttcaactcaatgaatacagGCATAGAACCATATGTTACTATATTTCACTGGGATGTTCCCCAACTTTAGAAGACGAATATGGAGGTTT
CTTAAGCACACCTATAGTgtaagtgaatgaacttttgattcaaaagtttttgggttttttcttcttttttggctattgtaaacactgctatca
aactataaattgtgcatagcgtgaaatagGGAGACTACAAACTAGGTTGGACTTCTCTATTCCAAAAGATTCCGAGACAGGGTCAAATTTGGATCACTT
TAAATCAGCCTTTCTCTCTTGGCAACCAAGGCTATGGAGATGGATCGTATCCACCAGGACGGTGCACCGGCTGTGAACCTGGAGGAGATTCTGGAGTTGA
ACCTTATACAGTTGCACATAACCAACTTCTAGCTATGCACAAAACCTGTATCTTTATACAGAAAAGATATCAGgtacgtgtataatgtaaagctcttcaat
aattttttttgcgtcaatttttcaattttttagtggtgcatattttgtagctctataataacattataaacattttatgcaqAAATTTCAAGGTTGTAAGATAGGA
ACAACCTTGATCGGGAGATGGTTCCGCCCGCTAAATGAAATTTAGCGAACTCGACAAGGCTGTGCAAAACGAGCATTTCGACTTTTTTGTGGATGgtata
tatgagcaacttaaatgaattcctcaaaacacaaaacagacatacaactttatagagaaggttttagtcagaattttgttggtaaagcacaacttttaattgca

```

tcactaattatgaatcttttttttacatgaattaagGTCTTGGATCCATTGGTGTACGGAAAATATCCAACGATAATGAGAGAGATGGTAGGAGATAGA
 TTGCCAGAAATCACTCCTGAGCAATCAGCTTTAGTTAAAGGATCACCTGATTTTCTAGGGTTGAACATATTATGTTACACAAATATGCCAATGACGCACCTC
 CTCCGACACAACCTAATGCAATAACGGATGCACGAGTTACTCTTGGATgtaagtaaagctaattttgtgtttttttttgtgtgtgtgtattcttagtttc
 tattatcaatattcattttattttttgttttcaagTTTATCGCAATGGAGTTCCTATTGGTGTGTGgcaagtatcgacttaatttgataaagaaaac
 aatcctttttcaatttttaaaaagatttaattttggctctattttctcttttttttaacagGCTCCTAGCTTCGCTACTCCTCCAGGATTCGGTCAG
 ATTCTAAACTACATCAAAGACAACCTACAAAATCCACTTACCTACATCACCGAAAACGGtatgtacatacattttatgttgcatttaaatatgtttaac
 caatgaaacatccatctagatgtgtttattatcaattttatgtaacatttttagGAGTTGCTGATCTTGATCTTGGAAACGTAACCGCTTGAACCTGCCTC
 TGCCGATAAATGGACGGATTCAAACCATTCAGCCATCTCTTGTCTTAAATGGCTATGAAgtaagttataattcttattttattttatgtatataca
 ttctctgcacaactttaaatotttaataataccaaaactacttttggaaaaataattatagGGATGGATGCAACGTAGCAGGATATTTTGCATGGTCATTG
 ATGGACAATTACGAATTCGGAAATGTTACACCTCCGGTTTGGTATGAATTGGCTCAATTTCACTAATCCTGCTGATCGAAAAGAAAAGCTTCTGGAA
 AATGGTTCTCTAAGTTCCTCGCAAAAATAAgttgaagcctagatttataaactccaaacctcgaatgtaataaacaattgtactgtatgtattttaagacct
 tatgtgtttttgtatattgatgtttaataatgttgaataatcggatcctaattttcgtgcacagttcataaataaataaataatgtatacaatgtttgttaattg
 ttctgtttctacactctgtctaaataaacaatctccaaaaacaaaaacaaaaatttttaacgctttacagttttacatatttgacaagtataaataaaca
 aagctccaagccaaggtgtaactgtgtaataacccaaaaatttttaacgtgtataaatttaaaccttaggaataaatttttgaataaataaactgtgtgat
 atgagccctggatataacaatttggatctttttctctatgtcgtatgaacccccgccaaaaatcgttatgtccaatgttttttaattctttttatccctc
 ttaattgcaaaaaataatattccttccgttctacaataaataatttttagctaaaaatattgtagattaatttttttagtagataaaaaattcacatt
 ttatcaataaaaaaaaactttgaacttggtaacacagaaaacatcaacgtcatcttggcggagctagaactttagttatagtggtcaatttatgtattgt
 atttatgttaattcaaaaactttaacccaaaatttaagtgaattacaaaattccatgcgtgtcatatgacccccatgatccttaactacctccgctctct

At1g47600 F

Alineamiento BLAST de At1g47600 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador “F”

Query	1534	GACTACACAAACTACGCTGAGCTTCTTATTCCAAAGATTTCGGAGACAGGGTCAAATTTTGG	1593
NM_103653	598	GACTACACAAACTACGCTGAGCTTCTTATTCCAAAGATTTCGGAGACAGGGTCAAATTTTGG	657
BT000471	598	GACTACACAAACTACGCTGAGCTTCTTATTCCAAAGATTTCGGAGACAGGGTCAAATTTTGG	657
BT002458	595	GACTACACAAACTACGCTGAGCTTCTTATTCCAAAGATTTCGGAGACAGGGTCAAATTTTGG	654
BT002202	559	GACTACACAAACTACGCTGAGCTTCTTATTCCAAAGATTTCGGAGACAGGGTCAAATTTTGG	618
AC007519	73256	GACTACACAAACTACGCTGAGCTTCTTATTCCAAAGATTTCGGAGACAGGGTCAAATTTTGG	73197
NM_104025	570	GACTACACAAACTACGCTGAGCTTCTTATTCCAAAGATTTCGGAGACAGGGTCAAATTTTGG	629
AC024261	52103	GACTACACAAACTACGCTGAGCTTCTTATTCCAAAGATTTCGGAGACAGGGTCAAATTTTGG	52044
AC024261	44784	GACTTCAAAAATTACGCTGAGCTTCTTATTCCAAAGATTTCGGAGACAGGTTAAATTTTGG	44725
DQ446351	485	GACTTCAAAAATTACGCTGAGCTTCTTATTCCAAAGATTTCGGAGACAGGTTAAATTTTGG	544
NM_104027	481	GACTTCAAAAATTACGCTGAGCTTCTTATTCCAAAGATTTCGGAGACAGGTTAAATTTTGG	540

At1g47600 R

Alineamiento BLAST de At1g47600 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador “R”

Query	3021	AAATGGTTACACCCCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTC	3080
NM_103653	1467	AAATGGTTACACCCCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTC	1526
BT000471	1467	AAATGGTTACACCCCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTC	1526
BT002458	1464	AAATGGTTACACCCCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTC	1523
BT002202	1428	AAATGGTTACACCCCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTC	1487
AC007519	71769	AAATGGTTACACCCCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTC	71710
NM_104025	1439	AAATGGTTACACCCCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTC	1498
AC024261	50607	AAATGGTTACACCCCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTC	50548
AC024261	43403	AAATGGTTACACTCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTC	43344
DQ446351	1417	AAATGGTTACACTCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTC	1476
NM_104027	1347	AAATGGTTACACTCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTC	1406

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At1g47600

AC007519.2 Sequence of BAC F16N3 from *Arabidopsis thaliana* chromosome 1, compl...
 AC024261.6 *Arabidopsis thaliana* chromosome 1 BAC F5D21 genomic sequence, compl...
 BT000471.1 *Arabidopsis thaliana* thioglucosidase, putative (At1g47600) mRNA, co...
 BT002202.1 *Arabidopsis thaliana* thioglucosidase, putative (At1g47600) mRNA, co...
 BT002458.1 *Arabidopsis thaliana* thioglucosidase, putative (At1g47600) mRNA, co...
 DQ446351.1 *Arabidopsis thaliana* clone pENTR221-At1g51490 glycosyl hydrolase fa...
 NM_103653.2 *Arabidopsis thaliana* glycosyl hydrolase family 1 protein (AT1G47600...
 NM_104025.3 *Arabidopsis thaliana* glycosyl hydrolase family 1 protein (AT1G51470...
 NM_104027.2 *Arabidopsis thaliana* glycosyl hydrolase family 1 protein (AT1G51490...

NM_001036863	733	--TGTTACGGTGGAGATTCTTCCACC-GAACCTATATCGTTGCGCATAAACCAGCTTCTT	789
NM_180745	733	--TGTTACGGTGGAGATTCTTCCACC-GAACCTATATCGTTGCGCATAAACCAGCTTCTT	789
AY113880	730	--TGTTACGGTGGAGATTCTTCCACC-GAACCTATATCGTTGCGCATAAACCAGCTTCTT	786
AF360348	730	--TGTTACGGTGGAGATTCTTCCACC-GAACCTATATCGTTGCGCATAAACCAGCTTCTT	786
AY136630	1027	--TGTTACGGTGGAGATTCTTCCACC-GAACCTATATCGTTGCGCATAAACCAGCTTCTT	1083
AY078042	697	--TGTTACGGTGGAGATTCTTCCACC-GAACCTATAACGTTGCGCATAAACCAGCTTCTT	753
AF361821	721	--TGTTACGGTGGAGATTCTTCCACC-GAACCTATAACGTTGCGCATAAACCAGCTTCTT	777
AK221857	128	--TGTTACGGTGGAGATTCTTCCACC-GAACCTATATCGTTGCGCATAAACCAGCTTCTT	184
DQ226630	156	--TGTTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATCTCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	212
NM_180746	731	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	787
NM_122501	731	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	787
AJ831467	1143	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1199
AJ831464	1064	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1120
AJ831462	1067	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1123
AJ831461	1069	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1125
AJ831460	1065	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1121
AJ831459	1064	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1120
AJ831458	1070	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1126
AJ831455	1068	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1124
AJ831454	1064	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1120
AJ831451	1066	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1122
AJ831450	1066	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1122
AJ831448	1071	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1127
AJ831447	1070	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1126
AJ831445	1068	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1124
AJ831444	1065	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1121
AJ831443	1066	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1122
AJ831441	1073	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1129
AJ831440	1150	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1206
AY090382	694	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	750
AY058182	729	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	785
AY054237	727	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	783
X79194	2985	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	3041
AY045681	725	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	781
L11454	727	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	783
AY567975	704	GGTGTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTACATCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	762
AY567974	711	GGTGTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTACATCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	769
AJ831466	1141	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1197
AJ831463	1064	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1120
AJ831457	1064	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1120
AJ831456	1061	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1117
AJ831453	1065	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1121
AJ831452	1062	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1118
AJ831449	1065	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1121
AJ831446	1066	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1122
AJ831442	1055	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1111
AY917099	214	--TGTTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTACATCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	270
DQ767973	742	--TGTTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTACATCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	798
AY957579	212	GGTGTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTACATCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	270
AJ831465	1065	--TGTTCCCGCGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATTGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1121
Z21978	1373	--TGTTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTACATCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	1429
EF583560	648	--TGTTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTACATCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	704
X60214	713	--TGTTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTACATCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	769
AY957578	214	--TGTTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTACATCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	270
AY957577	706	--TGTTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTACATCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	762
EU167551	353	--TGTTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTATATCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	409
AJ223494	706	GGTGTACGGTGGAAATTCGTCAACA-GAACCTACATCGTTGACATAAACCAGCTTCTT	764

At5g25980 R

Alineamiento BLAST de At5g25980 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	2756	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	2811
AK226328	1523	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	1578
NM_122499	1523	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	1578
AF360348	1520	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	1575
AK221982	465	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	520
AK221857	919	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	974
AF361821	1511	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	1566
X79195	4058	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	4113
AF149413	70778	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	70723
AF149413	66314	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTCCAGAAGTTCATA-A--ACGTTACCG	66370
NM_180745	1523	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	1578
NM_001036863	1520	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	1575
BX832906	164	CTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTA-AG-A-GATACC-	219
AY113880	1520	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	1575
AK221048	19	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	74
AY078042	1487	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	1542
AY136630	1817	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	1872

BX830922	22	CTGATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTTATGGTACCAGTCGTTCTTG-AG-A-GATACC-	77
BX833519	352	CTCATAGAGACCTCAAAGCTTCTGGCTAATGGAACCAGACGA-CATGGAGGA-GATACC-	408
NM_180746	1524	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAGAAAGTTCATA-A--ACGTTACCG	1580
AY058182	1522	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAGAAAGTTCATA-A--ACGTTACCG	1578
AY054237	1520	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAGAAAGTTCATA-A--ACGTTACCG	1576
X79194	4319	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAGAAAGTTCATA-A--ACGTTACCG	4375
AY045681	1518	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAGAAAGTTCATA-A--ACGTTACCG	1574
L11454	1520	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAGAAAGTTCATA-A--ACGTTACCG	1576
NM_122501	1524	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAGAAAGTTCATA-A--ACGTTACCG	1580
DQ226875	407	CTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCTTATGGT	439
AJ831460	2395	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2432
AJ831465	2371	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2408
AJ831464	2394	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2431
AJ831463	2394	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2431
AJ831462	2397	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2434
AJ831459	2394	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2431
AJ831457	2394	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2431
AJ831456	2391	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2428
AJ831455	2398	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2435
AJ831453	2395	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2432
AJ831452	2392	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2429
AJ831451	2396	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2433
AJ831450	2396	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2433
AJ831449	2395	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2432
AJ831448	2400	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2437
AJ831447	2400	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2437
AJ831445	2392	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2429
AJ831444	2395	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2432
AJ831443	2396	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2433
AJ831442	2385	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2422
AJ831441	2403	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2440
AY090382	1487	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	1524
AJ831461	2401	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2438
AJ831458	2401	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2438
AJ831454	2394	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2431
AJ831446	2396	GTGATAGAGACCTCAAAGCATCTGGCAAATGGTTCAG	2433
AJ831467	2473	GTGATA	2478
AJ831466	2471	GTGATA	2476
AJ831440	2484	GTGATA	2489

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At5g25980

AF149413.1 *Arabidopsis thaliana* BAC T1N24....
 AF360348.1 *Arabidopsis thaliana* putative myrosinase TGG2 (At5g25980) mRNA, com...
 AF361821.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g25980/T1N24_18 mRNA, complete cds....
 AJ223494.1 *Brassica juncea* mRNA for myrosinase, partial....
 AJ831440.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831441.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831442.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831443.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831444.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831445.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831446.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831447.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831448.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831449.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831450.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831451.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831452.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831453.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831454.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831455.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831456.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831457.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831458.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831459.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831460.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831461.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831462.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831463.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831464.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831465.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831466.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AJ831467.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thioglucoside glucohydro...
 AK221048.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for myrosinase TGG2, partial cds, clone: ...
 AK221857.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for myrosinase TGG2, complete cds, clone: ...
 AK221982.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for myrosinase TGG2, complete cds, clone: ...

AK226328.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for myrosinase TGG2, complete cds, clone:...

AY045681.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g26000/T1N24_7 mRNA, complete cds....

AY054237.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g26000/T1N24_7 mRNA, complete cds....

AY058182.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g26000/T1N24_7 mRNA, complete cds....

AY078042.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g25980/T1N24_18 mRNA, complete cds....

AY090382.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g26000/T1N24_7 mRNA, complete cds....

AY113880.1 *Arabidopsis thaliana* putative myrosinase TGG2 (At5g25980) mRNA, com...

AY136630.1 Synthetic construct carboxypeptidase Y/myrosinase fusion protein mR...

AY567974.1 *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* cultivar DF1 myrosinase mRNA, parti...

AY567975.1 *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* cultivar DF2 myrosinase mRNA, parti...

AY917099.1 *Brassica oleracea* var. *albobolabra* myrosinase mRNA sequence....

AY957577.1 *Brassica rapa* var. *parachinensis* myrosinase mRNA, partial cds....

AY957578.1 *Brassica rapa* var. *parachinensis* myrosinase mRNA, partial cds....

AY957579.1 *Brassica oleracea* var. *capitata* myrosinase mRNA, partial cds....

BX830922.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...

BX832906.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...

BX833519.1 *Arabidopsis thaliana* Full-length cDNA Complete sequence from clone ...

DQ226630.1 *Boechera divaricarpa* isolate SLW-4-E09 mRNA sequence....

DQ226875.1 *Boechera divaricarpa* isolate SLW-C-G06 mRNA sequence....

DQ767973.1 *Brassica oleracea* var. *albobolabra* myrosinase mRNA, complete cds....

EF583560.1 *Brassica napus* myrosinase mRNA, partial cds....

EU167551.1 *Brassica rapa* var. *parachinensis* myrosinase gene, partial cds....

L11454.1 *Arabidopsis thaliana* thioglucosidase mRNA, complete cds....

NM_001036.3 *Homo sapiens* ryanodine receptor 3 (RYR3), mRNA....

NM_122499.3 *Arabidopsis thaliana* TGG2 (GLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE 2); hydrolase, ...

NM_122501.3 *Arabidopsis thaliana* TGG1 (THIOGLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE 1); hydrola...

NM_180745.2 *Arabidopsis thaliana* TGG2 (GLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE 2); hydrolase, ...

NM_180746.2 *Arabidopsis thaliana* TGG1 (THIOGLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE 1); hydrola...

X60214.1 *B.napus* mRNA for myrosinase....

X79194.1 *A.thaliana* TGG1 gene for myrosinase....

X79195.1 *A.thaliana* TGG2 gene for myrosinase....

Z21978.1 *B.napus* Myr2.Bn1 gene encoding myrosinase, thioglucoside glucohydro...

At5g2600

BGLU38 : 0

Tamaño del gen = 2670 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gtat), posición de anclaje del iniciador F (ga), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

tgacaacaataaactgggaagattgagattttgtcagaactttggtttccaaaaacaagaccgcacataatctattgattcaagaccaatttatgttt
 tgttctctctgtatgtttctataaaagaattttgtctagttaaattatctgatactatgcatctggtatggtatggtatccgagtttggatattcaactgtggtgattgt
 tctatttggttcttttctctccaacataaatgtagtaaaacaagctctttattattattgatcatcttttattaggattttattttaacacataggttag
 aaaaagctccttattctatggagcaagtagaaagaggaaacatgaagatgatcttgggtgacatatagtggttggatatttcaatgcatctgcaagactct
 TCCGATCACGGTTCTGGAGGAGACGCTTGAGCGGAGTAGACTCTGGTTTCGTAGAGTCTTCGTCGGTAACGTTTATGAACCTTGGGAACCAATTTGCCCA
 TGCTTTGAGGTCCTATCACCACTGATATTGCGAATCAACGTAACCTTAGTCCGAATCTGACGGTAAATCCGTTACAGAAATTCGTAATATCCCCAAG
 GACCAAGCAAAATATCTCTTCACGTTGACATCTCTCCctacaacaaggaacagtttaataatcttattgtatataaaagagcaagagtagaagaagagtagt
 atctcatcactcaacttTGATGACTTTACTGAGGAACAGAGATGACTACAGAGATAATCAATCCGCTTGTAAATCGGCAGTAGCTCTCAAAGTCCCTCAT
 CACCTGGGGTACTAAATCetaaacgtaccaagtagacaatattttgattcaatttcttggaccaactgtgaattaatacactaaaaatgtatagttgaa
 agagagtagaactcactCATTCTCAGTGACATATATTAAGGGTCCACGTAAGTGGTTTTGAAGTAATCCATTACGTAGTAAATGCCTTTTGGGTAGTAGT
 AACTGGCTGCATTTGAActgagaaaataaagtagtatacatcagaaaaaagaaaaatgaaacgttatttttggcttaaacataaatgtaaaaaacggaata
 catacCGGTGGACCAGGACATGACCAGTTGCATTTTTAGctgtgaacacaaggggtgaaataatgtatggtcactaaaaatggttataagaaagattgta
 actaaggagaaaatagagtggtacATGTGAGAGTTGTGCGTGTGATCCATCAAGGAGTGTGTACGTCGGAAGGAACATCGTCTGATTTATTTGGGCGTAT
 GAGCGTTGTATGACTTAATAGCTCTCTGGGTTCACTCCCTCTCTCTTCCCTTctgctcaatataataaatactggtttatttactcttccaacaact
 TCTAGTTATCATCACTGGTCCAATCATACCTTTTTGGTCATCctgtgtgtcaagcaacatttattatacaacaatgaaatgtatggaatcaatagaag
 gttaggttaggttagattaggttacaccttttaaaaaaaggagaactcactTATATTTTCGTCCTGTAACATCAACGGCCGCTGCATGACGAGAAGC
 TGGTTATGTGCAACAATATAGGGTTCGTTGACGAATTTCCGCCGGGACATCTAACGTCATCTTAGGAGAACATCGACCGGGTGCATCTGTTCCCAATG
 CATATCCTCTAGTAGGCACCTGTGATAGCTCGTGAAGGGTATCCAGTTCCTTACCCATCAACAAATAACTCGAAACATAGATCCGCGTAATCCCTTGA
 ATCGTCTctgagcatattataaaatcatttctgttagtgaagaatattgtttatcaattttataagcagacatggcatcaacaacatacACGATCGTTT
 TGTTCAGAAACCCTTATATTCATCTTGTAGTGTTTGAGGAAGTCCCAATGAAAGAGGGTAAACAAGGGCGTCATATCTTTGCGGACGAGGCCATCTAT
 GAGCGTTGTATGACTTAATAGCTCTCTGGGTTCACTCCCTCTCTCTTCCCTTctgctcaatataataaatactggtttatttactcttccaacaact
 tgcaatggaataactgataattacaatagatatacatggagcaataatgtacatacTTGGAAGGAGTCTTGACCACGCAATGGAGAATCTGTAGCCAGTA
 GAGTTGAGCTCGTCCATCACGCTTATATCTTTctgcaatttatataatataatataatataatacaaatcaaatgtatgataaatttagtgtgt
 acgttagcttgcataatagctactaaggaacaaacCTGCCAAAGAGTATATAGTACCAAGTAGTGTCTCCATTTCCCAATCAGCTCCACCTTTCTgt
 gataggttacaagagatatactatgaaataatagagacataatccaacataccttgaataggtttgtaagcaaatatagttatataatagcaacca
 tccaagcgaacaaacCTGGGAATCGGTGAGTGAAGCTATCCCAAACTTAAAGTCCACGGCCCTTACCAGCTTCCACctgaaatgaaagaaataaacatgc
 aagcttaggttttaatttagtgtttggaatggttttctctatagctcaaaatgaaacaaatgggtgatttgaacatgcCTGGTAAAGCAAGATGCAAT
 ACCGAAAGATGAAGCTTTTCCGAAATGCCACTGTGAAAAGTTTACTTTGGTTACATGTGAATGGTCTGTTCTTCCACAACAAACTCGTCACTTTA
 CAACTCGCCAAAGCTAATAGAAAAACAAGGCGAGCATAGAAGCTTCAAggtttatagtagtgtgtatggttttgggttgcattggaagcctagtgcc
 atctaggtttatagcctttttagagaaagagtagcgtatacattacattcttagcgtcatgatatttgggaggttaaggtgacatgaatccggt
 gggattgcttactctactgaatgtaacaatttttatttttaaatgttgtttacacttttcggactgcttgcctttcaatgatcatttttaagtgt
 tgcattcttctactcagttgtgactgttaataactactctgttatctcattgttatcctcatacggaacacgactgcagcacaacaaatgaactcaatttca
 attgattgttcaacagctacacgtataatagtattaaagcttctcgcaaacatgaaagtcattgcaatcaagattggttggcattggaactggttttc
 aaataggttctctcgaggtggtcataagtgaagcaaggttgcttagcaagtgcatgtaggaaacgggagcaatgaaacaaaaatagatttctgt

tccttctacttaaggggcaagagaagcgtttttgctaccgagaaagtgaacattataagtttaaagtcctataagttagaattgacgcatgccattat
tcagaatatacatattagaatatgatcaagtgtaaatattagatgaacacgactttgttaagataataaaagaaaatggtacatgaatcgtttgcca
ttcatcagagccttaccgctcacacctcacagcagacatactcgtatgaatgattttggggcgtcgatactttatcacatgaaactagagactctc

At5g26000 F

Alineamiento BLAST de At5g26000 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Query	1913	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGA GGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	1969
AJ831467	1080	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	1024
AJ831464	1001	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	945
AJ831462	1004	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	948
AJ831461	1006	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	950
AJ831460	1002	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	946
AJ831459	1001	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	945
AJ831458	1007	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	951
AJ831455	1005	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	949
AJ831454	1001	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	945
AJ831451	1003	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	947
AJ831450	1003	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	947
AJ831448	1008	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	952
AJ831447	1007	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	951
AJ831445	1005	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	949
AJ831444	1002	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	946
AJ831443	1003	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	947
AJ831441	1010	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	954
AJ831440	1087	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	1031
X79194	2922	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	2866
AF149413	64921	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	64865
AF149413	72191	TAGGCACTGTGAAAAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACTCTAT-C-ACCAAATC	72247
AJ831466	1078	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	1022
AJ831463	1001	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	945
AJ831457	1001	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	945
AJ831456	998	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	942
AJ831453	1002	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	946
AJ831452	999	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	943
AJ831449	1002	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	946
AJ831446	1003	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	947
AJ831442	992	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	936
NM_180746	668	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	612
NM_122501	668	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	612
AY090382	631	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	575
AY058182	666	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	610
AY054237	664	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	608
AY045681	662	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	606
L11454	664	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	608
AJ831465	1002	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	946
AJ831468	1054	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAAT	998
DQ226630	93	TAGGCACTGTGTAGAGCTGGTTAATCGTGATCCAATG-CTTTACCCTAT-C-ACCAAAT	37
X79195	2644	TAGGCACTGTGAAAAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACTCTAT-C-ACCAAATC	2588
AK226328	670	TAGGCACTGTGAAAAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACTCTAT-C-ACCAAATC	614
NM_122499	670	TAGGCACTGTGAAAAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACTCTAT-C-ACCAAATC	614
NM_001036863	670	TAGGCACTGTGAAAAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACTCTAT-C-ACCAAATC	614
NM_180745	670	TAGGCACTGTGAAAAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACTCTAT-C-ACCAAATC	614
AY113880	667	TAGGCACTGTGAAAAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACTCTAT-C-ACCAAATC	611
AF360348	667	TAGGCACTGTGAAAAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACTCTAT-C-ACCAAATC	611
AY136630	964	TAGGCACTGTGAAAAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACTCTAT-C-ACCAAATC	908
EU004075	668	TAGGCACTGTGTACAGCTGGTTGATCGTGATCCAGTT-CTTCACCTT-T-CCACCAAAT	612
AY078042	634	TAGGCACTGTGAAAAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACTCTAT-C-ACCAAATC	578
AF361821	658	TAGGCACTGTGAAAAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACTCTAT-C-ACCAAATC	602
EU192929	261	TAGGCACTGTGTACAGCTGGTTGATCGTGATCCAGTT-CTTCACCTT-T-CCACCAAAT	205
AB194903	634	TAGGCACTGTGTACAGCTGGTTGATAGTGATCCAGTG-CTTTA-CCTTTCC-ACCAAAT	578
AB042186	645	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATCGTGATCCAATG-CTTTACCTT-T-CCACCAAAT	589
L11258	1239	TAGGCACTGTGTACAGCTGGTTGATCGTGATCCAGTT-CTTCACCTT-T-CCACCAAAT	1183
AY957579	145	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACCTT-T-CCACCAAAT	89
AY567974	644	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATCGTGATCCAGTG-CTTTACCTT-T-CCACCAAAT	588
AB042187	646	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATCGTGATCCAATG-CTTTACCTT-T-CCACCAAAT	590
AF083677	646	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTT-CTTTACCCTAT-C-ACCAAATA	590
AF181734	244	TAGGCACTGAGTAGAGCTGGTTGATTGTGAACAGTG-CTTTACTTTAT-C-ACCATAT	188
DQ767973	673	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAATG-CTTTACCTT-T-CCACCAAAT	617
X59879	755	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATCGTGATCCAGTT-CTTCACCTT-T-CCACCAAAT	699
AY957580	145	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAATG-CTTTACCTT-T-CCACCAAAT	89
AY917099	145	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAATG-CTTTACCTT-T-CCACCAAAT	89
AY567975	637	TAGGCACTGTGATAACTGGTTGATCGTGATCCAGTG-CTTTA-CCTTTCC-ACCAAAT	582
EF583560	579	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATCGTGATCCAGTG-CTTTACCTT-T-CCACCAAAT	523
X60214	644	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATCGTGATCCAGTG-CTTTACCTT-T-CCACCAAAT	588
AF414076	76	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATCGTGATCCAGGAGCTT-ACCTT-T-CCACCGAAT	20
Z21978	1304	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATCGTGATCCAGTG-CTTTACCTT-T-CCACCAAAT	1248

EU167551	284	TAGGGACTGTGTATAGCTGGTTGATCGTGATCCAGTG-CTTTACCTT-T-CCACCAAATT	228
AY957578	145	TAGGGACTGTGTATAACTGGTTGATCGTGATCCAGTG-CTTTACCTT-T-CCACCAAATT	89
AY957577	637	TAGGGACTGTGTATAACTGGTTGATCGTGATCCAGTG-CTTTA-CCTTTCC-ACCAAAT	582
AJ223494	639	TCGGCACTGTATATAGCTGGTTGATCGTGATCCAGTG-CTTTACCTT-T-CCACCAAATT	583
AK221857	65	TAGGCACTGTGAAAAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACTCTAT-C-ACCAAAT	10
AF181731	258	TAGGCACTGAGTACAGCTGGTTGATAGTGAGCCAGTT-CTTCACCTT-T-CCACCAAATT	202
AP000372	35028	TAGGAACGGTATAGAGTTGGTTGATCGTGATCCACTT-CTTAACCCCTAT-C-ACCGAATA	35084
AF181732	254	TAGGCACTGAGTACAGCTGGTTGATAGTGAGCCAGTT-CTTCACCTT-T-CCACCAAATT	198
DQ456999	265	TAGGCACTGTGTATAGCTGGTTGATGGTGATCCAGTG-CTTTACCTT-T-CCACCAAATT	209

At5g26000 R

Alineamiento BLAST de At5g26000 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	2880	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	2934
NM_180746	208	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	154
NM_122501	208	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	154
AY058182	206	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	152
AY054237	204	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	150
X79194	1955	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	1901
AY045681	202	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	148
AF149413	63954	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	63900
AF149413	73195	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCGCTTTTCGAAA--TCTTGT---TG	73249
L11454	204	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	150
AF083677	186	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	132
AY090382	171	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	117
AJ831467	121	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	67
AJ831466	121	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	67
AJ831440	121	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA--T-T-GCC-ACTG	67
AP000372	35956	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCATCATCGAAA--TGT-TTT--CTG	36010
AK226328	210	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCGCTTTTCGAAA--TCTTGT---TG	156
NM_122499	210	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCGCTTTTCGAAA--TCTTGT---TG	156
NM_001036863	210	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCGCTTTTCGAAA--TCTTGT---TG	156
NM_180745	210	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCGCTTTTCGAAA--TCTTGT---TG	156
AF083717	193	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCGCTTTTCGAAA--TCTTGT---TG	139
AY113880	207	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCGCTTTTCGAAA--TCTTGT---TG	153
AF360348	207	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCGCTTTTCGAAA--TCTTGT---TG	153
AF361821	198	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCGCTTTTCGAAA--TCTTGT---TG	144
X79195	1641	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCGCTTTTCGAAA--TCTTGT---TG	1587
DQ767973	213	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCTTTTCCGAAG--T-T-TTT-ACTG	159
AY567974	184	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCTTTTCCGAAG--T-T-TTT-ACTG	130
AY678042	174	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCGCTTTTCGAAA--TCTTGT---TG	120
Z21977	3098	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCTTTTCCGAAG--C-T-GCT-ACTG	3044
AY567975	177	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCTTTTCCGAAG--T-T-TTT-ACTG	123
X60214	184	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAATCTTTTCCGAAG--T-T--CTTACTG	130
AY957577	177	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCTTTTCCGAAG--T-T-TTT-ACTG	123
AY136650	504	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCGCTTTTCGAAA--TCTTGT---TG	450
AB042187	186	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCTTTTCC--AAAGT-T-TT--ACTG	132
EF583560	119	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAATCTTTTCCGAAG--T-T--CTTACTG	65
AJ831460	46	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA	1
AJ831458	46	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA	1
AJ831455	46	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA	1
AJ831451	46	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA	1
AJ831450	46	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA	1
AJ831446	46	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA	1
AJ831445	46	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA	1
AJ831443	46	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAAA	1
AJ831465	45	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAA	1
AJ831462	45	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAA	1
AJ831461	45	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAA	1
AJ831453	45	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAA	1
AJ831449	45	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAA	1
AJ831448	45	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAA	1
AJ831444	45	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGAA	1
AJ831464	44	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGA	1
AJ831463	44	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGA	1
AJ831457	44	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGA	1
AJ831454	44	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGA	1
AJ831447	44	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTCGA	1
AJ223494	179	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGTCTTTTCC--AAAG-T-T-TTT-ACTG	125
AJ831441	43	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTTCG	1
AJ831459	42	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTTC	1
AJ831452	42	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTTC	1
AJ831456	41	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGCCTTTTTC	1
AJ831442	35	CTGGTAAGCAGAAGATGCAACACCGAAGATGAAGC	1

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At5g26000

AB042186.1 *Raphanus sativus* RMB1 mRNA for myrosinase, complete cds....
 AB042187.1 *Raphanus sativus* RMB2 mRNA for myrosinase, complete cds....
 AB194903.1 *Eutrema wasabi* WjMYR mRNA for myrosinase, complete cds....
 AF083677.1 *Arabidopsis thaliana* clone sps66 unknown mRNA....
 AF083717.1 *Arabidopsis thaliana* clone sps294 unknown mRNA....
 AF149413.1 *Arabidopsis thaliana* BAC T1N24....
 AF181731.1 *Brassica oleracea* cultivar Rapid Cycling Myrosinase (thiogluco...
 AF181732.1 *Brassica rapa* cultivar R500 myrosinase (MyroC) gene, partial cds....
 AF181734.1 *Brassica napus* cultivar Drakkar myrosinase (Myro-2) gene, partial c...
 AF360348.1 *Arabidopsis thaliana* putative myrosinase TGG2 (At5g25980) mRNA, com...
 AF361821.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g25980/T1N24_18 mRNA, complete cds....
 AF414076.1 *Brassica nigra* myrosinase mRNA, partial cds....
 AJ223494.1 *Brassica juncea* mRNA for myrosinase, partial....
 AJ831440.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831441.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831442.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831443.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831444.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831445.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831446.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831447.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831448.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831449.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831450.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831451.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831452.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831453.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831454.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831455.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831456.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831457.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831458.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831459.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831460.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831461.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831462.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831463.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831464.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831465.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831466.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831467.1 *Arabidopsis thaliana* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AJ831468.1 *Arabidopsis lyrata* subsp. *lyrata* partial tgg1 gene for thiogluco...
 AK221857.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for myrosinase TGG2, complete cds, clone:...
 AK226328.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for myrosinase TGG2, complete cds, clone:...
 AP000372.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 5, TAC clone:K23F3....
 AY045681.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g26000/T1N24_7 mRNA, complete cds....
 AY054237.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g26000/T1N24_7 mRNA, complete cds....
 AY058182.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g26000/T1N24_7 mRNA, complete cds....
 AY078042.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g25980/T1N24_18 mRNA, complete cds....
 AY090382.1 *Arabidopsis thaliana* AT5g26000/T1N24_7 mRNA, complete cds....
 AY113880.1 *Arabidopsis thaliana* putative myrosinase TGG2 (At5g25980) mRNA, com...
 AY136630.1 Synthetic construct carboxypeptidase Y/myrosinase fusion protein mR...
 AY567974.1 *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* cultivar DF1 myrosinase mRNA, parti...
 AY567975.1 *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* cultivar DF2 myrosinase mRNA, parti...
 AY917099.1 *Brassica oleracea* var. *alboglabra* myrosinase mRNA sequence....
 AY957577.1 *Brassica rapa* var. *parachinensis* myrosinase mRNA, partial cds....
 AY957578.1 *Brassica rapa* var. *parachinensis* myrosinase mRNA, partial cds....
 AY957579.1 *Brassica oleracea* var. *capitata* myrosinase mRNA, partial cds....
 AY957580.1 *Brassica oleracea* var. *alboglabra* myrosinase mRNA, partial cds....
 DQ226630.1 *Boechera divaricarpa* isolate SLW-4-E09 mRNA sequence....
 DQ456999.1 *Brassica oleracea* var. *gemmifera* myrosinase mRNA, partial cds....
 DQ767973.1 *Brassica oleracea* var. *alboglabra* myrosinase mRNA, complete cds....
 EF583560.1 *Brassica napus* myrosinase mRNA, partial cds....
 EU004075.1 *Brassica oleracea* myrosinase mRNA, complete cds....
 EU167551.1 *Brassica rapa* var. *parachinensis* myrosinase gene, partial cds....
 EU192929.1 *Brassica napus* cultivar Westar myrosinase mRNA, partial cds....
 L11258.1 *Brassica campestris* myrosinase gene, complete exons 1-11....
 L11454.1 *Arabidopsis thaliana* thiogluco...
 NM_001036.3 *Homo sapiens* ryanodine receptor 3 (RYR3), mRNA....
 NM_122499.3 *Arabidopsis thaliana* TGG2 (GLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE 2); hydrolase, ...
 NM_122501.3 *Arabidopsis thaliana* TGG1 (THIOGLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE 1); hydrola...
 NM_180745.2 *Arabidopsis thaliana* TGG2 (GLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE 2); hydrolase, ...
 NM_180746.2 *Arabidopsis thaliana* TGG1 (THIOGLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE 1); hydrola...
 X59879.1 *S.alba* thiogluco...
 X60214.1 *B.napus* mRNA for myrosinase....
 X79194.1 *A.thaliana* TGG1 gene for myrosinase....

X79195.1 *A.thaliana* TGG2 gene for myrosinase....
 Z21977.3 *Brassica napus* Myr1.Bn1 gene encoding myrosinase, thioglucoside glu...
 Z21978.1 *B.napus* Myr2.Bn1 gene encoding myrosinase, thioglucoside gluchohydro...

F5D21.16 : At1g51490

Tamaño del gen = 2565 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (F), y posición de anclaje del iniciador R (R).

taagaattcaacggctttgtgaaagatttgcattggtatattttagaattcaacattacccttgcctttgtgactctgttaccgcaaaccccttata
 tataaaccttcccaagtaatacaaccatcatatattataccgctgaaagctccatcaagaaacgcaaaagaaagcatggcaattccaaaagctc
 actactctttagccatcattgtcgttcttttccgcttcgaggagccaaaagtATCCAAATCCAGAATGCAAGGCCAAAGAACCCTTCAACTGCGACAA
 AACCTTCGATTCAACCGAAATGGATTCCCAAAAAAATTTACTTTTGGTGCACTACCTTCGATACCAGgtttacatatactctcgccatgatagat
 tttagggattgatttctagctataaacatttccatatactttctccttacaatatccaaogctttgtctatcagGTTGAAGGTGCAAGCACATAGAGCA
 CTTAATGGATGGGACTATTTCACTCATAAGATATCCAGgtcataaacatcatttaattattatttattacatgcatcttccatgtagtaaaagtataaa
 tataaagaatatactattcattatctatctcggtattggtatcacagAAAGAGTTTCAGATCGCAGTATAGGAGACCTTGCTTGTAAATTCGTATGATCTTA
 TAAGgttgaaggtatcaatgacgaatggtgacataggtgtttgttcaattttcttagttttaatttaaaagatttttccatataacottgac
 agGATGATGTTAAACTACTAAAAGAATGAACGTCAAGCATACCGATTCTCAATAGCATGGTCAAGGGTCTTACCAAgttaaatgtagcttcatggttttc
 atctaattataaatagaattcgtaaaattttacattccatcaactaaaattttggtatgattaaatgcaaaatttagAGGCGAGACTAAATGGAGGAGTC
 GACGAGAAATGGGATCACAATACTACAACAATCTCATTAACGAGTGTGAAAGCAATGTgtaaaattctaaattcaaggtgcttaattatcatattttcaatcgt
 tttgtagtattttgtatataaacattttaacttacaatgaaacacGCATAGAACCAATTTTGACTATATTTTCATTGGGATGTTCTCAAGACTTTAGAA
 GACGAATATGGAGGCTTCTTAAGCCACGTATAGTgtaaggtgtttctatattctctcttttagctttagatatagttaaacatcgcatacagatgtagtct
 gtctaataatgtagtatacaataatagggagGACTTCAAAATTCAGCTGAGCTTCTTATTCCAAAGATTCGGAGACAGAGTTAAATTTGGATCACATTAA
 ATCAGCCGCTACTCTCTCGCTGTCAAAGGTTATGGAGATGGACAGTATCCACCGGGAAGGTGCACTGACTGTCAATTTGGAGGAGTTCTGGAACGTAACCC
 TTATATAGTTGGACATCACGAACCTCTGGCTCATATGGAAGCTGTATCTTTATACCGAAAAAGATATCAGgtatacaatccgtaaaactcaaatctctct
 ttgctgtagtactacttttgggtatatttgggtctataatcaagaactacttaagcagAAATTTCAAGGTGGTAAAGATAGGAAACGACATTGATCGGTAGA
 TGGTTCATCCCAATAATGAAACTAACGATCTCGCAAGGCTGCTGCAAAACGAGAATTCGATTTTTCGgtttgctggtatataatgtaactcatgtagt
 taccaaaaacttaattatgtagatataataaacatgctgtgcaatattaattttatgtagattttctacatagtagtagGTTCTTGGATCCACTGGGTGATCG
 GACAATATCCAAAGATTAATGAGAGACTAGGAGATGATTGCCAAATTCACGCCCAAGCAATCAGCTTTACTTAAAGGATCACATTGATTTCTAGGGTTG
 AACTATTACGTTACAAGATATGCAACCTACAGACCTCTCCAATGCCGACACAACATAGTGTCTTAACCGATTCAAGGATTACAATTTGGATgtagtcaaa
 acattttgctgatttttaggtgatttttccatataataaacacaaaaactaatcttttataattggtttcagTTGAGCGAAATGGAGTTTCTATTTGGTGT
 AAGGCTAGTAACTTTGTgtttcgtatattttttcccaagATGTGAAAGATTACGACATTAGTTGATTTTCTTTTAAATTTGTCGAGCTTCTCCACT
 ATCCACCCAGGATCCGTCAGATTCTAATCACATCAAAAACAgtacaagaatccatcaactacatcaccgaaaacgggtataatgtagcatcacaatggt
 taactttaaccaatgaaaaaactattttggtgtagttacaattcttatgtaattttagtagGAGTGTGTGATGCTGATCGCAAAATGCTCTTGGCAATATG
 GACGAATTCAAATTTCAATGCAAGCATCTTCTTGTCTCAAAATGCCAAATTTGAGgtgagtttaataatatactctgatttttaggtgatttaactgcttccgga
 gaattataaaatttatatcaatacaaaaactattttcttaaatatttaatgtagggatggatgcaacgtagcaggtatattttgcatggtcatttgatggcaat
 TATGAAATTCGGAATGTTTACACTCTCCGGTTTGATATGAAATTTGGCTCAACTTCACTAAATCTCTGATCGAAGAGAAAAAGCTCTTGGAAAAATGTTCT
 CTAGGTTCAATGCAAAATTAAGgtggaagccatagatatacatcaattacatggttttaagtttgaatgtaattactatcatcactcacaataaaaaattc
 ttttaactcttttctagattatagctacaacatagcttacaattataagcatcaagaaagtttcgagatgcaactgaaagaaggtgaagcttatta
 taataatggttatagccacaataaagatttgggtgaaatatttttagttattttgtttttataattttaatttcaaacctgcatcgaagtgttaaaat
 tatcatctatggttatagttacaacatcacaatcattctgtttttctgctttttttatgcaactatataagacgaagatacagagatcatggt
 tattctccaaaaatacaatgctgaatcatagaatcatttagatgctgataatgacacatatttataaatgttgaactatcgtatgtgcaaaaacaatta
 agaaaacaaggtatatacaacaataatgataactTTAATTAATTTGGAGAGGTAAGACTTTTGAAGAAAGTGAATGTAGAGGTTGGTGCTCCTTGA

At1g51490 F

Alineamiento BLAST de At1g51490 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Query	1440	GA-CAGTATCCACCGGGAAGGTGCACTGACTGTCAATTTGGAGGAGATTCTGGAACG	GAA	1498
AC024261	44675	GA-CAGTATCCACCGGGAAGGTGCACTGACTGTGAATTTGGAGGAGATTCTGGAACG	GAA	44617
AC024261	51994	GATCT-TATCCACCAGGACGGTGCACCGGCTGTGAACCTGGAGGAGATTCTGGAGTTGAA		51936
DQ446351	594	GA-CAGTATCCACCGGGAAGGTGCACTGACTGTGAATTTGGAGGAGATTCTGGAACG	GAA	652
NM_104027	590	GA-CAGTATCCACCGGGAAGGTGCACTGACTGTGAATTTGGAGGAGATTCTGGAACG	GAA	648
AC007519	73147	GATC-GTATCCACCAGGACGGTGCACCGGCTGTGAACCTGGAGGAGATTCTGGAGTTGAA		73089
NM_103653	707	GATC-GTATCCACCAGGACGGTGCACCGGCTGTGAACCTGGAGGAGATTCTGGAGTTGAA		765
BT000471	707	GATC-GTATCCACCAGGACGGTGCACCGGCTGTGAACCTGGAGGAGATTCTGGAGTTGAA		765
BT002458	704	GATC-GTATCCACCAGGACGGTGCACCGGCTGTGAACCTGGAGGAGATTCTGGAGTTGAA		762
BT002202	668	GATC-GTATCCACCAGGACGGTGCACCGGCTGTGAACCTGGAGGAGATTCTGGAGTTGAA		726
NM_104025	679	GATCT-TATCCACCAGGACGGTGCACCGGCTGTGAACCTGGAGGAGATTCTGGAGTTGAA		737

At1g51490 R

Alineamiento BLAST de At1g51490 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	2712	AAATGGTTACACTCTCCGGTTTGATATGAATTTGGCTCAACTTCACTAATCCTGCTGATCG		2771
AC024261	43403	AAATGGTTACACTCTCCGGTTTGATATGAATTTGGGTCACCTTCACTAATCCTGCTGATCG		43344
AC024261	50607	AAATGGTTACACTCTCCGGTTTGGTATGAATTTGGGTCACCTTCACTAATCCTGCTGATCG		50548
DQ446351	1417	AAATGGTTACACTCTCCGGTTTGATATGAATTTGGGTCACCTTCACTAATCCTGCTGATCG		1476
NM_104027	1347	AAATGGTTACACTCTCCGGTTTGATATGAATTTGGGTCACCTTCACTAATCCTGCTGATCG		1406
NM_104025	1439	AAATGGTTACACTCTCCGGTTTGGTATGAATTTGGGTCACCTTCACTAATCCTGCTGATCG		1498
NM_103653	1467	AAATGGTTACACTCTCCGGTTTGGTATGAATTTGGGTCACCTTCACTAATCCTGCTGATCG		1526

BT000471	1467	AAATGGTTACACCCCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTCATTTCACTAATCCTGCTGATCG	1526
BT002458	1464	AAATGGTTACACCCCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTCATTTCACTAATCCTGCTGATCG	1523
BT002202	1428	AAATGGTTACACCCCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTCATTTCACTAATCCTGCTGATCG	1487
AC007519	71769	AAATGGTTACACCCCTCCGGTTTGGTATGAATTGGGTCATTTCACTAATCCTGCTGATCG	71710

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At1g51490

AC007519.2 Sequence of BAC F16N3 from *Arabidopsis thaliana* chromosome 1, compl...
 AC024261.6 *Arabidopsis thaliana* chromosome 1 BAC F5D21 genomic sequence, compl...
 BT000471.1 *Arabidopsis thaliana* thioglucosidase, putative (At1g47600) mRNA, co...
 BT002202.1 *Arabidopsis thaliana* thioglucosidase, putative (At1g47600) mRNA, co...
 BT002458.1 *Arabidopsis thaliana* thioglucosidase, putative (At1g47600) mRNA, co...
 DQ446351.1 *Arabidopsis thaliana* clone pENTR221-At1g51490 glycosyl hydrolase fa...
 NM_103653.2 *Arabidopsis thaliana* glycosyl hydrolase family 1 protein (AT1G47600...
 NM_104025.3 *Arabidopsis thaliana* glycosyl hydrolase family 1 protein (AT1G51470...
 NM_104027.2 *Arabidopsis thaliana* glycosyl hydrolase family 1 protein (AT1G51490...)

BGAL 13 : At2g16730

Tamaño del gen = 4120 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gt), posición de anclaje del iniciador F (f), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

ttataaaagagtggtgtaggtgtagattgtacaattaaatgagtttattcctaactcaaaagaattttgatgcctttaaaaaattatagaaaataa
 taaatgaaatattcctaactatgtatggagaattttctataatgttgtagtattttttagaatcttataaagtttcccaacaatctcttacttt
 gatgatacttttcatgactttattttgtaagagaatgttgtaagtgatatttttaacatattatataatattttatgtagttttttatt
 cagatcaaatcaatttttagtgaataaagtttttttaggatttttagactttatgaaactaaagtgcattataaaaaacgagataggccaatacacct
 taactttgattagaaacttcaatatacaatcacgcgtatatactgtatgataaacatttttagttaataaattcaaaaaatggaacaaaaaatcaatgc
 ataatttttagtattcacaacaaacattaggtataaaaccggttcagcgaagcaataaaatataatccTAAAGTCTTCTGTGTCAGGGCCACACTTGA
 TACCGCAAGCTTCTTCTCGACTTTGGGACATGAATCCTTTTGTCTTGTGCGAACGTACTCTTGTTCACCGGAATCACACACTCTGCTTTACCCAAACAG
 TActgaaaaaaggaaaaaaaccgaaatcaqgtttgtgttaagtttacccgaagtaaacactagttgaaataataagccaacttttttcttttacCTTTTCA
 ACAGACTTCTTAGAAAACAGGAGCATTACAACCTCCAAGAGTGAAGTTGCCACAAGTCCCATTAGAAATCCCAAGCTTGGCAATTCACAAGCGGGAGATT
 TCTTTGGCCGGAACATTTGAGATTAGCCCGTGAAGTGCACGTCATCAGTGTAGCCCTGAACCTTGGTCATTCTTCCGGTCCAGTGACGGACACTAGGAGT
 GTAGTTTCTCCAATATAAGAACACACCGTATCTCTATTGACAGTACAAAGTCGATAAGCTCTGGCTTACACTTTGGTCTTCCCTCAATATAACAGAG
 AGATTTTCTTGGGCTTCAAGAAAGACCTAGGGATGTGATACTCGATTTGCGTAGGCTGTCTAAAGGCGATAGAACACACTCCAATATCGACCAACAC
 CTTCTCCGTTCAACCAATCAAACTTTCCCATTCGGTTCATCCTAATTCGTGCTGCACTTTGGCTCTCTGGTGCATCGAAAGTATGTctacaatctct
 aaagctgttctaatagatcaactatcttctgttgcctcaagttacttccaattatttttctgaaaggttaagtttattctacCTGGTACCATGTCATTC
 TTCTTTCCCTGAAGCTTTCTCCCATTTAACCTTCTCAATCCTTCTTCGGCGTGGATACCAAGCCTTTCCGCTTCCATACCCACctgqgatttgaaaa
 atcagatcaaaaatagtcatacaaaattgagaaagtaagatctatacaaaacCTTTTCCCATTTGTTTCTCCAGTGCATCAAGTGTCCAGAGCC
 AAACCTAAGTGGAAACACTACGTGGACCTGTGTATCTATGCTCCATATAAGATCCACTATCctgttgatcaaaaaagaattctatatctctcatcaaa
 aattgaaaaactatgcatggtttgtgttattagttctttttaagaacatctatgttttctacCGGAAATCCCGTCAAAACACTAGCATGGTAAAGTGG
 TCTCTCCTTCTTTAGAGTAACCTGGCTTCTGAAAGACGAAACCTTCTCTCATGGCTACCATGTCCTGTTCTgtaacaagtttcaatattaggttcaa
 agttttgtcaatttttcaatatacaaaaatgttttccatggaatggttccgatcttaacCAAGGTATCTCCATTGAGCCATACATCAACGCGTGG
 CCAAGACTAGCAATCCAGATTAGGCTTACCTCCTTCTTCTTAGAGAGGTCATGTCATCTATTTTAAAGctgcatggaatattaaacaaaagaaatg
 gtccatatagataattttttctttgtttttcatttcaatacaataagatagtcctcaattatactcttacttaoCTGGTTGTACCATCCGTAATCAGACTC
 ATCTTTGGTCAAGCCGTAGAGTTCACCGGGTATAAAAGAGTCAACCTTGTATCTTACTTGGCACTGACTCGGTGAACACTTTGAATCAAGTCTTATTC
 GCTTTTTCGATTTCAAGAGTTTCTTGAAGTATGATGAGAGATGATctgacaaaatagtaaaccaaaacaaaaaaacaaatcaagattcaattttt
 tctctcagaaataaagaaatgtgctgaaagattttgtatttattataoacCTCCCGGTTTATAAACCAACGGTTTTCGAGTCAGGAGAAATCAGTATG
 GAGCGGTGCGGGATAAGATATCTCTGCTTCTGAATTTGATTTTCTGCGAGTCTCTGTGTTATTGTTAGCCAAAATGCTGCACAACTTTAGTTCCAG
 GCTGCTCGTAGTATCGAATctgqgataacaaaaatataaaaaatcaagaaactgattcttctatgtacattttcaagtttaaaccttttgaacatt
 aatgatgctatagataaatttacCTCTGTTTCATTTGCTAGGCTTCTCGACTCGAGGCTGGCCCAAGAGAAGTGCCTTTTCACAAAGTTAAAGGCGTGT
 GAAGATGCTTTAGATGACCGTACTTAGGCTCCCTTCCAGTCTctttgtatataaaaaagggcaaatgagaacatacataataatctgttaactcgattt
 tctattcaaacagatcaatgctatattgtttgttttagttttacCGAATTCATCAAGAGGTCATGCTGCTAGTAAACAGTGTGCACATAATGTGCAGA
 GGTCTTCCAAAGTTAGTACCTCCGTGATActataagaaaaacaaatatttaacaacattcttgaacgtttacataataaaatctttttttattcggtatt
 cgtactcaactcaTATATAGTAGTTAACATGGGTTCATCTTGGAGAAAAACCGGGCAACAGAATATGCTATACTCTACAGACTTTTGTGCTGGGGAT
 CGCCAAAACCGGGAACctagaatcaaaatataagtcattgtcgtttgtttcaagaacatactaataaggtgttcaagtgaaaagctcaatGAGTA
 GGTCTTCCAAAGTTAGTACCTCCGTGATActataagaaaaacaaatatttaacaacattcttgaacgtttacataataaaatctttttttattcggtatt
 caaattaagttcttgatttaacctttttatgattatgtttttatagtgaaactgtttataaaaatgactcaTATAGGATCAGGAGCATCTTTTGTCTAC
 ACATAACCCATGGGATCCCAATCCATCGAGGTACCAGTTAGATGCCACTTAAATGTAGTTTAAATCCATCTCTTTTATGCTCGTGAACCCGACT
 ATACTCTCAATctgaatcacaacgcaatttttaaaaaacttttaaaaaacttttgaattcaatcttataaaatggtttgtttttttatataat
 ttatctttttgtcaatgttacCTGTCTAATAATAATGGGGCTCCTTGTGAAGCAAAAAGCTTCTCCTCCTTCATCATGTCAAGTACCACCTTAAACATA
 TCTCTCGTATGTTCTcaacaatcaatagttttctcaaaattatttaattgtttccaacatacaacacatactctacatagatgcatagccatattgtgaaa
 CTAATAATcaacCTTGAAGGTTCAATATCGGTACGGAAGAAGATCCCGGGAACTTCCCTCAGCCAGTAAAGGAAGTCTCTgtaatttttcaataaaca
 taagacttaaacatgctacataatgtaaaagaattttatctcaatttggagaaatcagacaatgtaacaaaataaacatacCAATGAGTCCATTCAGTCTGA
 ATAAAAGGTTCAAGGTTACATCAAAACCTTCTTCAATTTTATGAACCTTCAACAGTCCGGCTCAACCGGAAATGAACTGtoca
 acaacaaaataaaaaactttcaaacagtgatttttaacttttaaaagttttttgttttaattttcaaaattacCTTCCCTGCTCAGGCTCATGAA
 CGTTCAAAACCGTATGTCTGAATCGTGTCAAAACCGCTTCTTTCGCTCTCTGATGATGTTTGGCCCATctgagcaaaaacccaatcaaatattct
 caaaaatgtaagtaaacaaaatttaagataaaaacacttaactaacagatgtatgaatcattttacTTCAGGAGTGCTACGAGGTAATGTATGGG
 CAGAGTAAAGGAGTCTCTATTCCATTTGATGATCAAAAGACGTTCCATCATAGTATTCTTTCTTTTATCGACCGAATTCGCTCTCTCTCTTTGTC
 ATCGCTTGAAGAGCTCCAGAGAAGGAGGAGGAATCAGGAGACCGCTAGTAAAAGCCATGAATGATCAGAAGAAATGATTTCACTgtaactatctct
 tcttctctctctctcttgaggatttttaatttaaacagaactccactcaaaaggtatctctctgtcagagaaaataaaaaactttagagaagaagaaa
 tgaataaagagaattgttgcagagaaataaagtttcagagaaattcaagttatctcaatttgagattccacattttgttgaataaaaaacttccaat
 aactctcccttttatttcttatttctcctcttcttctttgttttctgttgaattttctaattttaaggtttttgttgaagaccttaattggcggtata

cacacaatgacttctctcaatcaccaccccaaaaagaatgtgagccaatgcttatggtgagaaggtgcgtattacaccccaaaaaaaatggttcacaacgaaa
 ccaatgattttattttttttatattgttcattataaacaccacttttggttctcttcttaatttggaagtggattaaatccatgagagatcaacaa
 aaatttggtaacctgttatctagttattattcttctgtctacaagtgtgataaatttttttggctgtaattggattatcatcgtttaaaccttagctta
 tttcctaacttaaatatcataacggcaaaaatgtaaaagcttttggtatgctcttttacgtaaaatatacaaaatgtggtgaccgtgtggtgaagattg
 aaagcaagcaaacacattgttacaaaaaaatggctatttttttaagtaacaaatcaatcgctcttttaaaaaacagaccaactattgttgagaat
 tttttctcccgtaatcaccatcataaaatcggttgggcaaatcacgtagcatgcatgtacatttaactttggactaacagctgtggagtctcttctt
 atagcaatattcaaaagacctaataagctgaaataaacagaggcttgaaggttatacttagattgaaagcaatgattacattacatatataggtt

At2g16730 F

Alineamiento BLAST de At2g16730 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Query	849	CCACAAGTCCCATTAG	GATTC	CCCAAAGCTTGC	GAATTC	CACA	GCGGAGATTTTCTTTG	-T	907
AC005825	66654	CCACAAGTCCCATTAGGATTC	CCCAAAGCTTGC	GAATTC	CACA	GCGGAGATTTTCTTTG	-T	66712	
NM_127225	2419	CCACAAGTCCCATTAGGATTC	CCCAAAGCTTGC	GAATTC	CACA	GCGGAGATTTTCTTTG	-T	2361	
BT004177	705	CCACAAGTCCCATTAGGATTC	CCCAAAGCTTGC	GAATTC	CACA	GCGGAGATTTTCTTTG	-T	647	
AJ270309	2419	CCACAAGTCCCATTAGGATTC	CCCAAAGCTTGC	GAATTC	CACA	GCGGAGATTTTCTTTG	-T	2361	
AC189222	83041	CCACAAGTACC	AATAGG	TTCCG	AAGCTAG	C	GAATTC	CACTTCTG	AGATCTTC-TTGT 83099

At2g16730 R

Alineamiento BLAST de At2g16730 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	4310	AAACGTATGT	CTGAAT	CGTGT	TCAAAC	CGCCTT	GTTCGCTCTCTTGATGATGTTGGCC	4369
AC005825	70115	AAACGTATGTCTGAATCGTGT	TCAAAC	CGCCTT	GTTCGCTCTCTTGATGATGTTGGCC	70174		
AL161586	126388	AAACGTATGTCTGAATCGTGT	TCAAAC	CGCCTT	GTTCGCTCTCTTGATGATGTTGGCC	126447		
AL079347	96929	AAACGTATGTCTGAATCGTGT	TCAAAC	CGCCTT	GTTCGCTCTCTTGATGATGTTGGCC	96988		
AL022023	27421	AAACGTATGTCTGAATCGTGT	TCAAAC	CGCCTT	GTTCGCTCTCTTGATGATGTTGGCC	27480		
NM_127225	345	AAACGTATGTCTGAATCGTGT	TCAAAC	CGCCTT	GTTCGCTCTCTTGATGATGTTGGCC	286		
AJ270309	345	AAACGTATGTCTGAATCGTGT	TCAAAC	CGCCTT	GTTCGCTCTCTTGATGATGTTGGCC	286		
NM_119667	392	AAACGTATGTCTGAATCGTGT	TCAAAC	CGCCTT	GTTCGCTCTCTTGATGATGTTGGCC	333		
AY060576	388	AAACGTATGTCTGAATCGTGT	TCAAAC	CGCCTT	GTTCGCTCTCTTGATGATGTTGGCC	329		
AJ270307	377	AAACGTATGTCTGAATCGTGT	TCAAAC	CGCCTT	GTTCGCTCTCTTGATGATGTTGGCC	318		

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At2g16730

AC005825.4 *Arabidopsis thaliana* chromosome 2 clone T24I21 map mi398, comple
 AC189222.1 *Brassica rapa* subsp. pekinensis clone KBr010M19, complete sequ
 AJ270307.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for putative beta-galactosidase (BGAL1
 AJ270309.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for putative beta-galactosidase (BGAL1
 AL022023.1 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, BAC clone M4E13 (ESSAII p
 AL079347.1 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, BAC clone F1111 (ESSA proje...
 AL161586.2 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, contig fragment No. 82....
 AY060576.1 *Arabidopsis thaliana* AT4g35010/M4E13 70 mRNA sequence....
 BT004177.1 *Arabidopsis thaliana* clone RAFL15-40-H06 (R20944) At2g16730 mRNA
 NM_119667.2 *Arabidopsis thaliana* BGAL11 (beta-galactosidase 11); beta-galac
 NM_127225.2 *Arabidopsis thaliana* BGAL13 (beta-galactosidase 13); beta-galac

MFJ20,17 : At3g28490

Tamaño del gen = 1505 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (g), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

tccgccgacgaccggttcttgaaacacgactcgtaggggtggacattccggataagcgggtcggattcggataaaaadccatcaggtacaggttcttcag
 gtagaaaagttaggataccaatagggtaaatctaaaatcggttcgggtgcggttcgggtcctaatcgggtccgggtcggttcgaatagagtttggg
 ctctttttggaaccgataccaaatcttccggatgatatccagatttttcgggtaaaatccaaatcttccgggttttaggtaaaatt
 agatcttcgaataaaaatctcgggtattttcgggttcgggttcgggtttttgggtagaggaattttggaccaatagggtaaaatcttcgagttcgaagt
 ggtttctggtccaattttcgggtcgcttcgggttcgggtaacggttccgggtttcttggccaccctagtaggttgtagattgttacacttcattag
 aatatagatatcatcatgcttattacaaaacaccggtttttcgttatgtgaaagaatctagtcacttgggtgtgttcttaagaatcacaacagctttgc
 agctctttctacaaaatccaagggaagtttccgaaccacacatgtagcattggattcttctcgcatttccctgcattcggccatttctggcagctctcatg
 atcgtccacacacacaaagtttcttcttaccggaatgacctaacatgaaatccatctagttgctgaccatttcttctccctcaatcaccggacacacttccatgt
 aagctatttgggtccgttgcatttagatgaagattgaaagaacaaatgacgtcacccttccctcgggttcaactacaataaagattacttattcaaat
 aatgtaataatacatttgaagaataagttgtatctttcaaaaacataagaacctacaaactacaagttgtgacatacaaaactgtatatattttacat
 ctagtagccttgggttggcagatttccgacacgctatcgcctttcagctgaggtgttttaccctataaagaatgaatgacacataaagtagatttaaat
 aaaaactcaagtgatgattatggaacaagaatgatatgttttaccctccagttgggaaacactgtttccaccctttgtgacattggacaagctac
 attagctacgggtggcgatccgatgaccacttagctcttagagcttcttcttgcgtaaaaatagctcgaaatgacggatcattattttgaccattctcatagtgca
 gtatttggtaaggcttccccatttctgataccacaacacataaagaataagatgagatgaagaacagaattagaaaaaaaagaataatgatatgcttcg
 cgaaggtacccctcagggaagaaaggtccatgcagcaagtttagcctcgacattagctactatatacctcaaaaggttgaagtaacaaaaacaaatagtaac
 ttggtcaagactcaagcgtttacttcttcaaaaaaacacagagaactagctctgtctatttagtgaatgaagctagtcgaatacaataaaaatacatt
 agtaaaaatccactgctctcacctgcttttggcagaaaacattccagaacttggcgttacttccactgcttccacttccaccgaaatcaacatcagccac
 caccattgacttctcaagcttctcttggcctaaaaccaatgtttacatccacaacacagctcctatatgatcacaaaatctataaattttatgaaaaac
 agaaaacttaataactggtttgattctatatacCAACTTAATCAAATGATCACATTCCTCATCTGAGAGAAATCCTTTGTATAAAAATGCCctggaagaaac

acgaaattcacttctttaaacaacaagacaagaatcatgattacgtaattcagatacacaacacatacCTAGGAGTCCAAGAGAGTTGAGTGATTC
 TAGTTGGATCAACACTAAAGGAGAAAGATGAAATTTGAGAGAAAATCAAGAGAAAGGAAATGCAAGAAAATATTGAGAATCCATcaagaatt
 ttttctgaaaaagattttgttaacaattttgttcttatttactaatgatcccaatgaattttgtccatattgtttttttctcgttgactagta
 ttttttacttttaaataggttcttctcactattttttccacggaaacaactctgtttttttttgttgactaataataaaatttttgagttttccagat
 aatagtaatttgcaataccaataaactcaaccatgttccaataataaaacatcagttaccaagagagactaccctctctctgattttctgaaacctttt
 ttttgggcaacaccttcttaacctattgtcataatcaattgttatatacaatccggattccgaaatcagattcgattcgattcaaaaaataaaacat
 caaagttttgattatgaaatcatgtctatttgactttatataatattttctatcccaatttagatcttctccatataatattttttttcagataaat
 aaatttaatttttcttattttctgactaatatctcagaaaaattgtgtggcatctcttagaaaatttttaattaatgatttgaaattttttataa
 taaccaaatttttctataagttggatttcaactcacttatccagatcttgttatcttgaattttaactagtcatataaactcaatatactcattaac

At3g28490 F

Alineamiento BLAST de At3g28490 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador "F"

Query	37	GGGGT-GGACATTCGGAT-AAGCGGGTCGGATTCGGATAAAAACCTATC-GAGTACAG-G	92
AB026644	82720	GGGGT-GGACATTCGGAT-AAGCGGGTCGGATTCGGATAAAAACCTATC-GAGTACAG-G	82775
AL161471	153650	T-GGACATTCGGGT-AAGCGAGTCGGATTCGGATAAAAATCCAATCGGA-TACAG-A	153599
AF195115	54169	T-GGACATTCGGGT-AAGCGAGTCGGATTCGGATAAAAATCCAATCGGA-TACAG-A	54118
AF013293	57738	T-GGACATTCGGGT-AAGCGAGTCGGATTCGGATAAAAATCCAATCGGA-TACAG-A	57789
AL161496	166264	GGGGC-GGGCATTCGGGTAAAGCGGGTCGGGTTCGGGTAAAATCCGATC-GGGTA-TGCG	166320
AF071527	77226	GGGGC-GGGCATTCGGGTAAAGCGGGTCGGGTTCGGGTAAAATCCGATC-GGGTA-TGCG	77170
AB016884	23744	GGGGTGGGA-ATTTGGGT-AAGCGGGTCGGGTTCGGGTAAAACCCAATC-GGGTAC-G-G	23690
AC027034	6680	GGGT-AGACATTCGGGT-AAGCGGGTCGGATTCGGATAAAAACCCGATT-GGGTAC-G-G	6627
AC079287	16778	GGGT-AGACATTCGGGT-AAGCGGGTCGGATTCGGATAAAAACCCGATT-GGGTAC-G-G	16725

At3g28490 R

Alineamiento BLAST de At3g28490 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador "R"

Query	362	ATTTTGGACCCAATAGGGTAAATCTTCGAGTTCGAGTTCGGTTCTGG-TCCAATTTTTC	420
AB026644	83045	ATTTTGGACCCAATAGGGTAAATCTTCGAGTTCGAGTTCGGTTCTGG-TCCAATTTTTC	83103
AL161471	153339	ATTTAAGACCTAATAGGATAAATCTTCGGGTTCGAGTTGATTTC-GGATCCAATTTTTC	153281
AF195115	53858	ATTTAAGACCTAATAGGATAAATCTTCGGGTTCGAGTTGATTTC-GGATCCAATTTTTC	53800
AF013293	58049	ATTTAAGACCTAATAGGATAAATCTTCGGGTTCGAGTTGATTTC-GGATCCAATTTTTC	58107
AL161496	166570	ATATAGGATTCATAGAATAATCTTCGGGTTCGGTTCGAAT-CAGA-TCAAATTTTTC	166627
AF071527	76920	ATATAGGATTCATAGAATAATCTTCGGGTTCGGTTCGAAT-CAGA-TCAAATTTTTC	76863
AB016884	23459	-TTTAGGACCCAATAGGGTAAATCTTCGTTTCGTTTCGGTTCAG-TCCAATTTTTC	23402
AL161531	120962	ATTTAGGAGCCAATAAGGCAAT-TT---T-CG-G---G-TT-CTGG-TCCAAGTTTTC	121008
AL096882	47956	ATTTAGGAGCCAATAAGGCAAT-TT---T-CG-G---G-TT-CTGG-TCCAAGTTTTC	48002

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At3g28490

AB016884.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 5, TAC clone:K16H17....
 AB026644.1 *Arabidopsis thaliana* genomic DNA, chromosome 3, P1 clone: MFJ20.
 AC006429.4 *Arabidopsis thaliana* chromosome 2 clone F15K19 map mi421, comple
 AC027034.10 *Arabidopsis thaliana* chromosome 1 BAC F7A10 genomic sequence, c
 AC079287.1 *Arabidopsis thaliana* chromosome 1 BAC T18I3 genomic sequence, c
 AF013293.1 *Arabidopsis thaliana* BAC IG005I10....
 AF071527.1 *Arabidopsis thaliana* BAC F9H3, from chromosome IV near 18.8 cM,
 AF195115.1 *Arabidopsis thaliana* BAC F5I10....
 AL096882.2 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, BAC clone F8L21 (ESSA pro
 AL161471.2 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, contig fragment No. 1....
 AL161496.2 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, contig fragment No. 8....
 AL161531.2 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, contig fragment No. 31....

BGAL 11 : At4g35010

Tamaño del gen = 3900 pb

Codón de inicio (ATG) y de terminación (TAA), exón (CCG), intrón (cac), región no transcribible (UTR) (gat), posición de anclaje del iniciador F (ga), y posición de anclaje del iniciador R (ctg).

TAGTGATCTCTTTCAAGTACTCCGCATCAACAATCGGTGCAGCCATagctcctactcgtttaggatttgtgaagaagaagagagcgcgatgacaagaaaa
 tgytcaaggatgtgtgtgaagatttttttggttacaccgaaatttgggccaagagataaaaccaccaatgagaacacgggatttgaatggcggtgtgc
 agttatctcctgttttctcctcagccacatcttctgggtgacctcattggcttttagatacagatttggcactgacttgcattttgttacacaa
 aaaaacggcacaacagatttctgtagttatttgaacacagcgtgcatgttccattccttaattttgtaaaatggaacattgaaataaaatggaacataaacc
 atattttttccgggtgatttatgttttctggatcatttcgaataatattactcgtgtattagattgaaatggaagaatcaaatcaaacagaaacgacaa
 aatcggatgcaacaacactttgaaattggctactaacaacaatacatgaacatattgtaattgtgatgatacactcTCAATTCTTCTCCACGACC
 ACATCTGACTTGCACGGCAAGCATCTTCAACAGTCTTACATGAATCCTCTTGTCTTTGTTAAACGCTGCTCTTGTTCACGGGAATCACACATTCAGTC
 TTCCCAACAGTGTctgcaatagatttttttattggttactcctatcataaaqtacaacataatagaagaagaacaagataataatattttacCTTC
 TCGATGACTTCCCTTGAACAGCGAGCATTACAAGTACCAAGTGTGAAGTTTCCACAAACACCAATAGGGTTTCCGAGCTAGCGGAACCTCAACTGCTCGCA
 TCTTCTTAGTGCCTGAGCATTAAAGAGTAGCCGTGAGACTCAGTATTATCTGTGATGGCTTGAACCTGATCTTCTTCTTCTAGTCCAGTGTCTAACACTTGG
 AGTGTAGTTTTCTCAACGTAAGAACAACAGTGTCTCTGTTAACGATGGCAAAGTCCATAAGCTCAGGCTTCACATTAGGCTCTTCTCAAAGATAACA
 AGAAGGTTCTTCTTGGGCTTTAAGAAAGATCTAGGGATGTGATCTCTATTTTGTGTAGGTTGACCTAATGGAGACAGAACGATTGCCAATACTCTCAA

CGCCTTCCGTTACCCAAATCAACCCTTTCCCATCCATGCATGCGAATCGTGTGCGCTTACGCTCTCTGGTGCATCAAAGTATGTctgcaatgt
 ttacatctccttagaanaactttacatatacataccaatcactctgtatagtttgaattttgtttttgtctctttacCTGGTACCATGTAAGTCTGGTG
 CTTTTCCGGTGAATTTTTTCCATTTCGACCTTCTTTAAACCTTCTCAGTGTGGATTCCAAGTTTTTCCACCTTCCATACCAGTetaatgtagcaaaaaaac
 ggatcagaagaaggaatgcatactcaatgttgaaatatacaataacggagaatgtttataaacCTTGTTCGCCATTTGTCTCTCAGTGTAGTCAAG
 TGTGCCAAGTCAACTTTAAGATGGAAATACCACGAGGACCGGTGTATATGTCTCAATGTAAGATCCACTGTCTgttagaanaaaaaatcccaaac
 ttaacgaacaaactctcctatagatattgaaattatgtttgttaacttacTGGGAATCCTGTGAGAACCAAGCATTACAAGATGATTCTCTCC
 TGCTTTTAGTGAACCTGTTTTGGAAAAAACTCTTCTCTCTGCTGGCTTCCATGTCCACTTCTgtttaaagaatataatattatagctcaatgtt
 ttagtactgttagatcaatcttgcacaaattcttacCAAGGTATCTCCGTTAAGCCAAAGCGTGCACGCGGTCCAAAGACTAGCAATCTCACAAAAGT
 CTTAACCTTCTTGTGAGGTAAAGTATTCTTGTGAACCTTGAAGctgcaaaqcaaaattcaacttcaaaattctctctttttatattcaataaac
 atcacataaaagtaaatctctttacCTTGTGTGTACCATCCATAGTCTGTCTTGTCTTTAGTCAAACCATAAAGCTCAACGGGTATGTATGATTACCTT
 CGAGTTTACTAGGCAATGTCTGTGAAAACTTTGAAATCAAACCTTCTTGTGTGCTTTTTAGACTTCATAAAGTCTCTTGAAGTGTGTTGAGAAACAAT
 ctggtccaatacaaaaagaactgtttaaactctgtttttttgtcacaataaacgggtatttaaagtctttcttcaacCTGTGAGTGTGTAACAAC
 AGTTTTACAATCGGGAAGAATACTAATAGAACGAGGCGCATCACGTATTCTCTGCCCTTGAATTTGATGGTTCTGCACCTTCACTATTGTTGTAGCC
 AAGAAGCAGCACAAAGTTTTGGTTCAGGTTGTTCGTAGTATCTAATctgttattacacacaaaaaagtgaacttttaagctttgcaaaaaacaat
 cagagtctgtttgtatgtgtacatgacataatgctaaacCTCTGTATCTTTCCAGGTTTCTCGGTTTTAGGCTGACCCCAAGAGTGGCTTCTTGC
 GAGGTTAAGAGCTTGTGAAGATGCTTAAAGATGACCATACTTAGGCTCTTCTCTAACCATATTCATCAAGAGTGCATCTGTAGTATGTTGGT
 ACATAATGTACAGCTTCTTCCAAGTTAGTCCCTCCGTGGTActacaagattaaagaaccattttgagaattttgcaactattttgcaataatggt
 taactogaatggatcataatttttacCATGTAGTGTGACATGGGTTCCGTTCTTGGAGAAGAAATCGAGCACTGAATACCGGATATCTTCTACTGATC
 TTTGAGTTGGCGGATCACCAACACCGCGAACctattgaaagaattgcaagaatttcaaaccttataatgaatgaacttaagtttttacaatgtttaa
 caagagttaagaacaaacaaactcaTGAGTAGTCCAATCTCAGTCCATAAAGATGGTTGTTTTCTCTGTTTGGACCGGGAAATCACCCGCAATGTC
 TTCCATTACAAGCATTGATctgtttccacagtgttttcaaatattttaaactttctctctcattcggaataaacacacacatgtaaaaatgaactttac
 CATAGGATCAGGAGCTCGTTCGCTTGCACATAACCCATGGGATCCCGAGTTTCATTTAGTCCACCAAAATTAGATGCCATTTAATGTAGTTTAAACCG
 TCTTGTATTATACACAGTTTGAACCGCGCTATATTCGTTTTCTATctgcaagattaaagaaccattttgagaattttgcaactattttgcaataatggt
 ataataataggtttctctttctttgtgtcactCTGTCTAATAATAATGGGCTCTTGTGACGCAACAATCTTCTCTCTTCTTCTTCTTCTTCTGAGTA
 TCACTCGTACATACTTTCTGTATGCTctgcaaatatttttggtaacatctgttaataatactaaattgtaacaaacacacactgtacataataatagt
 aatctatgtataataacCTTGAATTTGTTTATTGTCTGTACGGAAGAAATTCAGGAACCTTCTAAGCCAAAGAAAGTCTCTgtatcacaataa
 gatcataaaaaatgttaaatgaagatctgtgagacqccgaaaaagaagaagaagcaatgcatattacCCATGAGTCCATTACAGTGTGGATGAACGGTC
 CAAGCCTTAAAGTTCACATATCCATTCTTTTGAATCACTTTATGAACTTCAACAAATCAGCTCGTCCGAAAAGTTGAAactgtagaacgaacacaa
 aatacatattgaaatcctaaagatctatgcatgctgttttataatgtctataataataataataatgtaacttaagttcaagcttttttttagtgtctca
 GTACATTCCAGAAACGTATGCTGAATCGTGTCAACCCGCTTGTGCTCTCTTGTATGATACTTGGCCACATetaaaccaaaacccaaatgacacaa
 taatctcaatatacaaaaaaaaaaaaaaacgttttagaaaaacagagattatgtgattcaataaaatacTTCCGGAGTGGTCTCGGGTAAATGAATAGAG
 CCAGAATAAAGAAGCTCTTTTCCCATCGATGATCAAGAGGTTCCATCATATGATCACCCTCTTATACTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTGG
 CCGCAAGGAGGAAGAAGACGAGAGGAGAACGACAGAACAGCTGTTAAAAGCCATCGATCAAGAGAATGTTTTC[CAT]tgaactctctctttttcttt
 tttgaatattttttgtgtcgtacgtagaacaagaagctaaagttctcttggaaactcgtccttctgctggaggaataaaaaacaaggagagctcaaataac
 aagctttcagaanaagagatgataaagagaatgtttcgcactcaggttttcaggtttccggagaaattacgcgctgtaaatagaatccaccggtgttaa
 ctttgaactctcttcaattttctctttcogatttttttttaattgtttttgctatttttaaatggtgtttcaacctattctctgcctattatggt
 ggacataacatacaaaatagtgaaataccattcgtttttttgggtccccataacagattctttaaagggtcaaataggtttttaaataaacggtca
 ataactagctagacagatcacaaggttaagcctttataccgtgattgtttataaaaaatataaatattgaccttaagttcaagcttttttttagtgtctca
 acatttattcttagagaagttgtatgacatttttaattgttactcaacataccgggacaaaatattatcatttaacatgtaacagaagaatgta
 tccaaaggaggtgatcaataaaaaataaacactccaatcatttgcattgttaaaccagctatattttttattgataatttaaacatagttgtataatcc

At4g35010 F

Alineamiento BLAST de At4g35010 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en verde la posición del iniciador “F”

Query	797	CTTCTCGATGACTTGCTTTGAAACA GGAGCATTACAAGTACCAAGTGTGAAGTTTCCACA	856
NM_119667	2521	CTTCTCGATGACTTGCTTTGAAACAGGAGCATTACAAGTACCAAGTGTGAAGTTTCCACA	2462
AY060576	2516	CTTCTCGATGACTTGCTTTGAAACAGGAGCATTACAAGTACCAAGTGTGAAGTTTCCACA	2457
AL161586	123072	CTTCTCGATGACTTGCTTTGAAACAGGAGCATTACAAGTACCAAGTGTGAAGTTTCCACA	123131
AL079347	93613	CTTCTCGATGACTTGCTTTGAAACAGGAGCATTACAAGTACCAAGTGTGAAGTTTCCACA	93672
AL022023	24105	CTTCTCGATGACTTGCTTTGAAACAGGAGCATTACAAGTACCAAGTGTGAAGTTTCCACA	24164
AJ006030	794	CTTCTCGATGACTTGCTTTGAAACAGGAGCATTACAAGTACCAAGTGTGAAGTTTCCACA	735
AJ270307	2506	CTTCTCGATGACTTGCTTTGAAACAGGAGCATTACAAGTACCAAGTGTGAAGTTTCCACA	2447
AC189222	82986	CTTCTCAATGACTTGCTTTGAAACGGGGCATTACAAGTACCAAGTGTGAAGTTTCCACA	83045

At4g35010 R

Alineamiento BLAST de At4g35010 (Query) contra la base de datos Genbank. Se indica en amarillo la posición del iniciador “R”

Query	2758	ACC-ATATTCATCA AGAGGTGCATCATCGTAGTATCTAG TGGTACATAAATGTGCAGAGG	2816
NM_119667	1129	ACC-ATATTCATCAAGAGGTGCATCATCGTAGTATCTAGTGGTACATAAATGTGCAGAGG	1071
AY060576	1124	ACC-ATATTCATCAAGAGGTGCATCATCGTAGTATCTAGTGGTACATAAATGTGCAGAGG	1066
AL161586	125033	ACC-ATATTCATCAAGAGGTGCATCATCGTAGTATCTAGTGGTACATAAATGTGCAGAGG	125091
AL079347	95574	ACC-ATATTCATCAAGAGGTGCATCATCGTAGTATCTAGTGGTACATAAATGTGCAGAGG	95632
AL022023	26066	ACC-ATATTCATCAAGAGGTGCATCATCGTAGTATCTAGTGGTACATAAATGTGCAGAGG	26124
AJ270307	1114	ACC-ATATTCATCAAGAGGTGCATCATCGTAGTATCTAGTGGTACATAAATGTGCAGAGG	1056
AC189222	85004	ACC-ATATTCATCAAGAGGTGCATCATCGTAGTATCGAGTGGTTACATAAATGTGCACCGT	85062
NM_127225	1082	TCCGA-ATTTCATCAAGAGGTGCATCGTGTAGTAAACGAGTTGTACATAAATGTGCAGAGG	1024
AJ270309	1082	TCCGA-ATTTCATCAAGAGGTGCATCGTGTAGTAAACGAGTTGTACATAAATGTGCAGAGG	1024
AC005825	68754	ATTTCATCAAGAGGTGCATCGTGTAGTAAACGAGTTGTACATAAATGTGCAGAGG	68807

Descripción de los genes del alineamiento BLAST para At4g35010

AC005825.4 *Arabidopsis thaliana* chromosome 2 clone T24I21 map mi398, comple
AC189222.1 *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* clone KBrB010M19, complete sequence...
AJ006030.1 *Arabidopsis thaliana* ascorbate peroxidase III (apxIII) gene....
AJ270307.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for putative beta-galactosidase (BGAL1
AJ270309.1 *Arabidopsis thaliana* mRNA for putative beta-galactosidase (BGAL13 g...
AL022023.1 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, BAC clone M4E13 (ESSAII p
AL079347.1 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, BAC clone F11I11 (ESSA pr
AL161586.2 *Arabidopsis thaliana* DNA chromosome 4, contig fragment No. 82...
AY060576.1 *Arabidopsis thaliana* AT4g35010/M4E13_70 mRNA sequence....
NM_119667.2 *Arabidopsis thaliana* BGAL11 (beta-galactosidase 11); beta-galac
NM_127225.2 *Arabidopsis thaliana* BGAL13 (beta-galactosidase 13); beta-galac