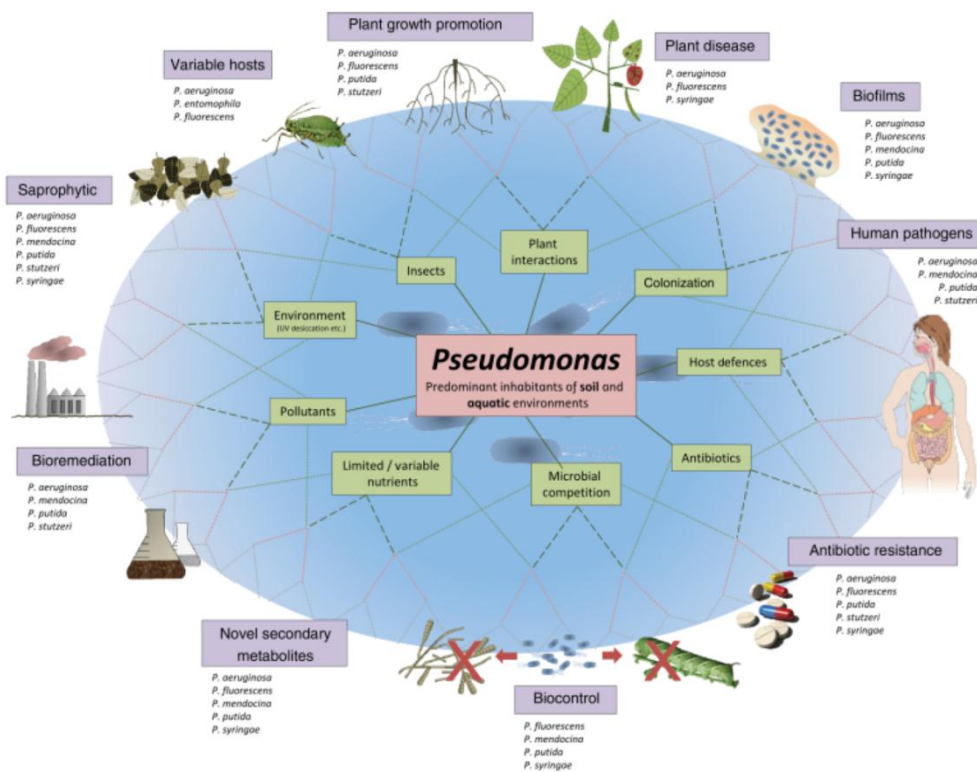


Φυλογενετική μελέτη στελεχών ψευδομονάδων με βάση γονίδιο του εκκριτικού συστήματος τύπου III

Αδαμοπούλου Κ. Μαρία



ΕΡΕΥΝΗΤΙΚΗ ΕΡΓΑΣΙΑ ΣΤΑ ΠΛΑΙΣΙΑ ΤΟΥ ΠΡΟΓΡΑΜΜΑΤΟΣ ΜΕΤΑΠΤΥΧΙΑΚΩΝ ΣΠΟΥΔΩΝ
«ΒΙΟΤΕΧΝΟΛΟΓΙΑ ΚΑΙ ΕΦΑΡΜΟΓΕΣ ΣΤΗ ΓΕΩΠΟΝΙΑ», ΚΑΤΕΥΘΥΝΣΗ «ΜΟΡΙΑΚΗ ΟΙΚΟΛΟΓΙΑ
ΚΑΙ ΑΝΙΧΝΕΥΣΗ ΓΕΝΕΤΙΚΑ ΤΡΟΠΟΠΟΙΗΜΕΝΩΝ ΟΡΓΑΝΙΣΜΩΝ»

Μεταπτυχιακή Εργασία

Φυλογενετική μελέτη στελεχών ψευδομονάδων
με βάσει γονίδιο του εκκριτικού συστήματος
τύπου III

της φοιτήτριας Αδαμοπούλου Μαρίας.

Επιβλέπων καθηγήτρια: Ταμπακάκη Αναστασία

Τριμελής Επιτροπή:

Κατινάκης Παναγιώτης

Γεωργακόπουλος Δημήτριος

Ταμπακάκη Αναστασία

Περιεχόμενα

Αντί προλόγου.....	3
Περίληψη.....	4
Abstract.....	5
ΕΙΣΑΓΩΓΗ.....	6
Βακτήρια	6
<i>Ταξινόμηση Βακτηρίων.....</i>	<i>7</i>
Βακτήρια του γένους <i>Pseudomonas</i>	9
<i>Το είδος Pseudomonas syringae.....</i>	<i>12</i>
<i>Pseudomonas syringae pv. lachrymans.....</i>	<i>15</i>
Μεθοδολογίες ταυτοποίησης βακτηρίων του γένους <i>Pseudomonas</i>	20
Τα γονίδια του εκκριτικού συστήματος III ως δείκτες ταυτοποίησης και φυλογένειας μικροβίων	32
Σκοπός της μελέτης	37
ΥΛΙΚΑ ΚΑΙ ΜΕΘΟΔΟΙ	38
Βιολογικό Υλικό.....	38
Παρασκευή θρεπτικού υποστρώματος LB	39
Απομόνωση – Ανάλυση νουκλεϊνικών οξέων.....	40
<i>Απομόνωση γενομικού DNA από βακτήρια P. syringae με Nucleospin Tissue (Macherey-Nagel).....</i>	<i>40</i>
<i>Απομόνωση πλασμιδιακού DNA από μετασχηματισμένα E.coli με QIAprep Miniprep (QIAGEN).....</i>	<i>41</i>
Ηλεκτροφόρηση	42
Απομόνωση DNA από πηκτική αгарόζης.....	43
Κλωνοποίηση τμημάτων σε πλασμιδιακό φορέα	44
<i>Κλωνοποίηση ενθέματος σε πλασμιδιακό φορέα.....</i>	<i>44</i>
<i>Ενσωμάτωση τμημάτων DNA με τυφλά άκρα στο πλασμιδιακό φορέα (Ligation)</i>	<i>44</i>
Μετασχηματισμός κυττάρων <i>E.coli</i>	46
<i>Δημιουργία δεκτικών βακτηριακών κυττάρων E.coli (Competent cells).....</i>	<i>46</i>
<i>Μετασχηματισμός δεκτικών κυττάρων E.coli με πλασμίδια</i>	<i>46</i>
Επιλογή ανασυνδυασμένων βακτηριακών κλώνων	47
Αλυσιδωτή αντίδραση πολυμεράσης (Polymerase Chain Reaction, PCR)	48
ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ.....	52
Μοριακή ανάλυση γονιδίου <i>hrcC</i>	52

Ενίσχυση τμήματος γονιδίου <i>hrcC</i>	52
Αποτελέσματα BLAST για το <i>Pseudomonas syringae pv. lachrymans str.308</i>	55
Αποτελέσματα BLAST για το <i>Pseudomonas syringae pv. lachrymans str.310</i>	55
Αποτελέσματα BLAST για το <i>Pseudomonas syringae pv. lachrymans str.312</i>	56
Αποτελέσματα BLAST για το <i>Pseudomonas syringae pv. lachrymans str.316</i>	57
Φυλογενετική ανάλυση παθοτύπων του <i>P. syringae</i> με βάση το 16S rDNA	58
Φυλογενετική ανάλυση στελεχών του <i>P. syringae pv. lachrymans</i> με βάση τη νουκλεοτιδική αλληλουχία τμήματος του γονιδίου <i>hrcC</i>	60
Φυλογενετική ανάλυση στελεχών του <i>P. syringae pv. lachrymans</i> με βάση την αμινοξική αλληλουχία τμήματος της πρωτεΐνης HrcC.....	63
ΣΥΖΗΤΗΣΗ.....	65
Σύγκριση φυλογένειας των διαφόρων παθοτύπων με βάση τα φυλογενετικά δέντρα των νουκλεοτιδικών αλληλουχιών 16S rDNA και <i>hrcC</i>	66
Σύγκριση φυλογένειας των διαφόρων παθοτύπων με βάση το φυλογενετικό δέντρο των νουκλεοτιδικών αλληλουχιών <i>hrcC</i>	66
Σύγκριση φυλογένειας των διαφόρων παθοτύπων με βάση το φυλογενετικό δέντρο των πρωτεϊνικών αλληλουχιών <i>hrcC</i>	67
Σύγκριση φυλογένειας των διαφόρων παθοτύπων με βάση τα φυλογενετικά δέντρα των νουκλεοτιδικών αλληλουχιών και πρωτεϊνικών αλληλουχιών <i>hrcC</i>	67
ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΑ.....	68
ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ ΕΥΘΥΓΡΑΜΜΙΣΕΩΝ	75

Αντί προλόγου

Η συγκεκριμένη ερευνητική εργασία πραγματοποιήθηκε στο εργαστήριο «Γενικής και Γεωργικής Μικροβιολογίας» του Γεωπονικού Πανεπιστημίου Αθηνών, υπό την επίβλεψη της Επίκουρης Καθηγήτριας κ. Ταμπακάκη Αναστασίας, στα πλαίσια του προγράμματος μεταπτυχιακών σπουδών «Βιοτεχνολογία και Εφαρμογές στη Γεωπονία» του τμήματος Γεωπονικής Βιοτεχνολογίας.

Θα ήθελα να ευχαριστήσω όλους όσους με βοήθησαν εντός εργαστηρίου για την πραγματοποίηση της συγκεκριμένης εργασίας, την οικογένειά μου που με στήριξε ψυχικά και οικονομικά κατά τη διάρκεια των σπουδών μου, τους φίλους μου και το αγόρι μου που ήταν δίπλα μου και με στήριξαν όλο αυτό το χρονικό διάστημα.

Περίληψη

Το γένος *Pseudomonas* περιλαμβάνει βακτήρια τα οποία αποτελούν παθογόνα όχι μόνο των φυτών και των ζώων αλλά και του ανθρώπου. Το είδος *Pseudomonas syringae* ανήκει στα είδη του γένους *Pseudomonas* με τη μεγαλύτερη οικονομική σημασία, ενώ περιλαμβάνει περισσότερους από 50 παθότυπους. Τα φυτοπαθογόνα βακτήρια *Pseudomonas syringae* χρησιμοποιούν ένα εκκριτικό σύστημα τύπου III για να μεταφέρουν πρωτεΐνες μολυσματικότητας, απευθείας στο κυτόπλασμα του ξενιστή τους. Προηγούμενες φυλογενετικές αναλύσεις αποκάλυψαν ότι ορισμένα από τα συντηρημένα γονίδια του εκκριτικού συστήματος τύπου III (*hrc*), μοιράζονται κοινή εξελικτική ιστορία με γονίδια ζωτικής σημασίας, υποδεικνύοντας ότι μπορούν να χρησιμοποιηθούν για την ταυτοποίηση των διαφόρων παθότυπων του *P. syringae*. Στην παρούσα εργασία χρησιμοποιήσαμε το γονίδιο *hrcC* για την ταυτοποίηση στελεχών που ανήκουν στο σύμπλεγμα *P. syringae*.

Abstract

The genus *Pseudomonas* includes bacteria that are pathogens of both plants and animals and also humans. The species *Pseudomonas syringae* are the species of the genus *Pseudomonas* with the greatest economic importance, and includes more than 50 pathotypes. So the study and identification of different strains of the species is of particular importance. The plant pathogenic bacterium *Pseudomonas syringae* uses a type III secretion system to inject virulence proteins directly into the cytoplasm of its hosts. Previous phylogenetic analyses indicated that some of the conserved genes of the type III secretion system (*hrc*) share a common evolutionary history with the housekeeping genes, indicating that these genes could be used for the identification of *P. syringae* pathovars. In the present study, we used the *hrcC* gene to identify strains belonging to *P. syringae* complex.

ΕΙΣΑΓΩΓΗ

Βακτήρια

Τα βακτήρια αποτελούν ένα μεγάλο κλάδο των προκαρυωτικών μικροοργανισμών (στους οποίους συμπεριλαμβάνονται εκτός από τα Βακτήρια και τα Αρχαία). Παρατηρήθηκαν για πρώτη φορά από τον Antonie van Leeuwenhoek το 1676, με τη βοήθεια ενός αυτοσχέδιου μικροσκοπίου με ένα φακό (Porter, 1976) και τα πρωτονόμασε ζώφια. Το όνομα «βακτήρια ή βακτηρίδια» πρωτοεισήχθησε το 1828 από τον Christian Gottfried Ehrenberg.

Πρόκειται για μονοκύτταρους (σπάνια πολυκύτταρους), μικροσκοπικούς προκαρυωτικούς οργανισμούς, οι οποίοι συναντώνται σε πολύ μεγάλους πληθυσμούς σε κάθε είδους βίοτοπο. Έχουν μέγεθος μερικά μικρόμετρα (0,5-5 μm), και ποικίλα σχήματα. Τα περισσότερα είναι τριών μορφών: σφαιρικού (coccus), ραβδοειδούς (bacillus), σπειροειδούς (spirillum).

Στα προκαρυωτικά κύτταρα το DNA υπάρχει με τη μορφή δίκλωνου μορίου (βακτηριακό χρωμόσωμα) που συσσωματώνεται και σχηματίζει μια ορατή μάζα που ονομάζεται πυρηνοειδές. Το μεγαλύτερο μέρος των προκαρυωτών φέρουν μόνο ένα χρωμόσωμα, κάτι που από γενετικής άποψης, τους καθιστά απλοειδείς οργανισμούς, καθώς φέρουν ένα μοναδικό αντίτυπο κάθε γονιδίου. Επίσης περιέχουν μικρές ποσότητες μη χρωμοσωμικού DNA, σε κυκλική μορφή, που ονομάζονται πλασμίδια. Τα περισσότερα βακτήρια δεν έχουν ή έχουν ελάχιστες εσωτερικές μεμβράνες, πράγμα το οποίο συνεπάγεται την έλλειψη αρκετών οργανιδίων, ενώ τα περισσότερα από αυτά φέρουν κυτταρικό τοίχωμα το οποίο είναι διαφορετικό από αυτό των φυτών, καθώς δεν περιέχουν κυτταρίνη (όπως τα κυτταρικά τοιχώματα των φυτών), αλλά πεπτιδογλυκάνες. Διακρίνονται σε αρνητικά κατά Gram βακτήρια (*Gram (-)* βακτήρια) στα οποία τα μόρια πεπτιδογλυκάνης βρίσκονται τοποθετημένα σε μια στοιβάδα, και σε θετικά κατά Gram βακτήρια (*Gram (+)* βακτήρια) όπου τα μόρια πεπτιδογλυκάνης βρίσκονται σε πολλαπλές αλληλοεπικαλυπτόμενες στοιβάδες (Siefert et al., 1998).

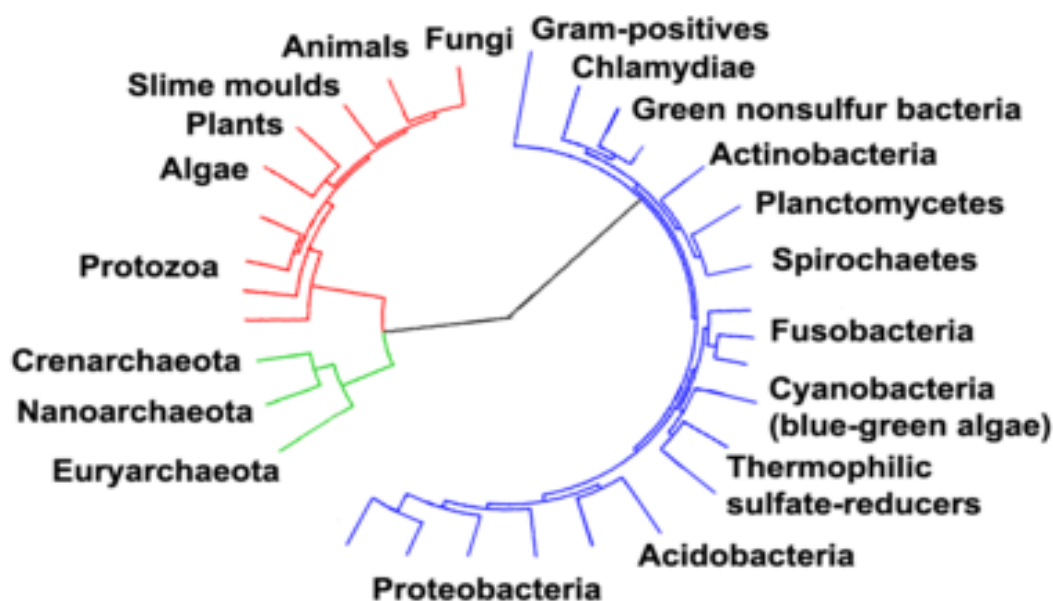
Βρίσκονται στα περισσότερα περιβάλλοντα (έδαφος, νερό, οργανική ύλη, ζωντανούς ιστούς, ραδιενεργά και τοξικά απόβλητα κ.α.), ενώ τυπικά φαίνεται να υπάρχουν περισσότερα από 40 εκατ. βακτηριακά κύτταρα σε κάθε γραμμάριο

εδάφους και 1 εκατ. κύτταρα σε κάθε ml φρέσκου νερού. Μεγάλο μέρος των βακτηρίων υπολογίζεται ότι δεν έχουν ταυτοποιηθεί, ενώ μόνο τα μισά φύλα από τα διάφορα είδη βακτηρίων μπορούν να καλλιεργηθούν σε συνθήκες εργαστηρίου (Madigan et al., 2005).

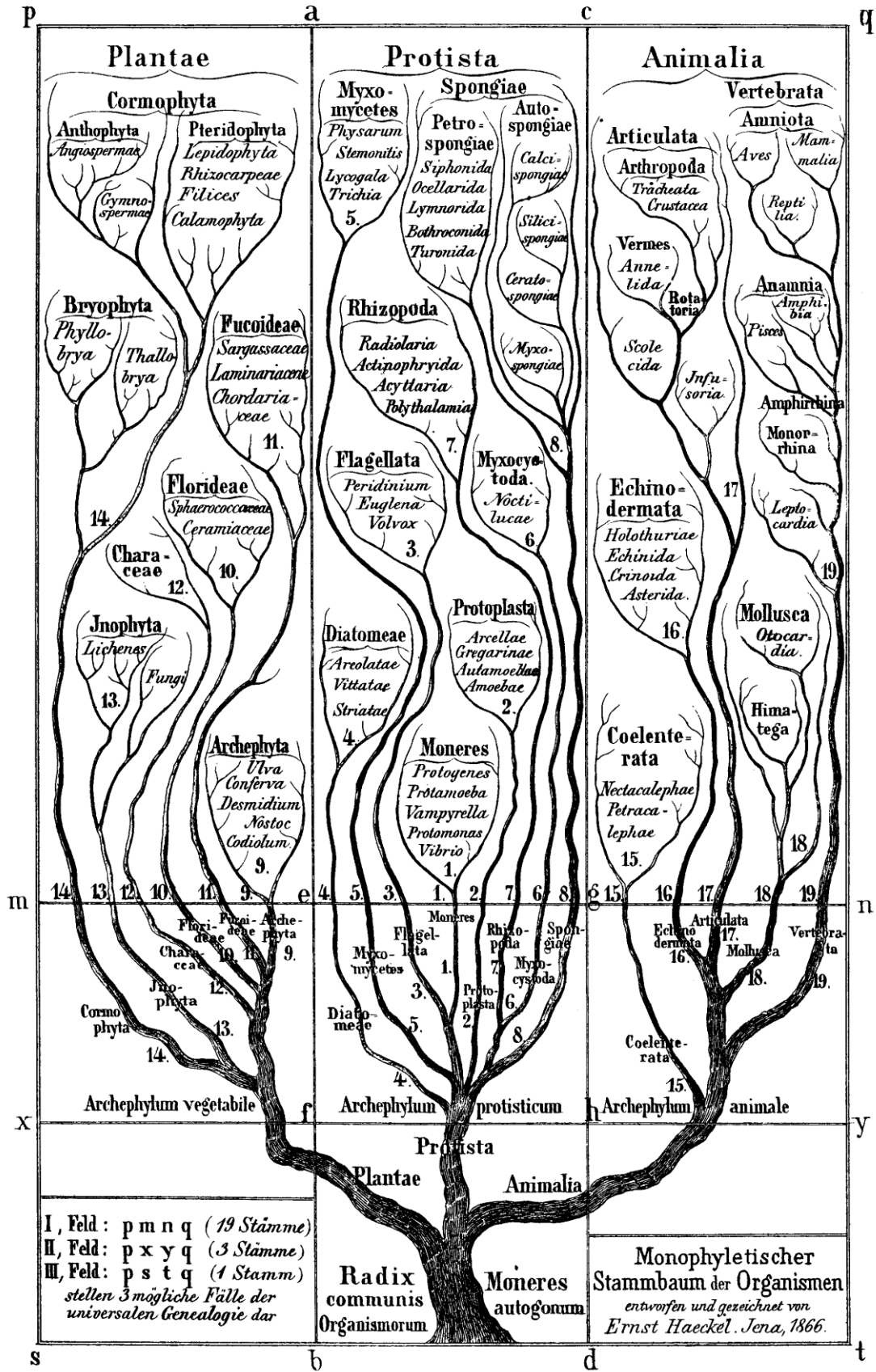
Ταξινόμηση Βακτηρίων

Τα βακτήρια αρχικά είχαν τοποθετηθεί στο βασίλειο των Plantae, αποτελώντας την τάξη Schizomycetes όπου μαζί με τα Schizophyceae (μπλε-πράσινα φύκη/ Κυανοβακτήρια) αποτελούσαν το φύλο Σχιζόφυτα. Το 1866 ο Ernst Haeckel στο βιβλίο του *Generelle Morphologie der Organismen* τοποθετεί τα Βακτήρια στο βασίλειο των Πρωτίστων και στο φύλο Μονήρη (Εικ. 2). Υποδιαιρεί μάλιστα το το φύλο Μονήρη σε δυο ομάδες: στα βακτήρια με βακτηριακό φάκελο (περιελάμβανε γένη όπως *Bacterium*, *Bacillus* και *Spirillum*) και στα βακτήρια χωρίς βακτηριακό φάκελο (που περιελάμβανε τα γένη *Protomonas* και *Vampyrella* τα οποία πλέον ταξινομούνται στους Ευκαρυώτες).

Σήμερα, τα Βακτήρια (Cavalier-Smith, 2004) ανήκουν στο δικό τους Βασίλειο (αυτό των Βακτηρίων) το οποίο φέρει δυο υποδιαιρέσεις, τα Negibacteria (που περιλαμβάνουν τα φύλα *Eobacteria*, *Sphingobacteria*, *Spirochaetae*, *Proteobacteria*, *Planctobacteria*, *Cyanobacteria*) και τα Unibacteria (με τα φύλα *Posibacteria* και *Archaeobacteria*).



Εικ. 1. Φυλογενετικό Δέντρο της Ζωής (<http://en.wikipedia.org/wiki/Bacteria>)



Εικ. 2. Φυλογενετικό Δέντρο της Ζωής κατά Ernst Haeckel (Generelle Morphologie der Organismen, 1866).

Βακτήρια του γένους *Pseudomonas*

Το γένος *Pseudomonas* ανήκει στα γ-πρωτεοβακτήρια, στην οικογένεια των Pseudomonaceae, ενώ περιλαμβάνει περισσότερα από 191 είδη (Euzeby, 1997). Μέλη του γένους *Pseudomonas* εμφανίζουν αξιοσημείωτη μεταβολική και φυσιολογική ποικιλομορφία, γεγονός που τους επιτρέπει να αποικίζουν διάφορους χερσαίους και υδάτινους οικολογικούς θώκους (Εικόνα 3). Μέλη του γένους έχουν μεγάλο ερευνητικό ενδιαφέρον λόγω της σπουδαιότητάς τους σε ασθένειες των φυτών και των ανθρώπων καθώς και της δυνατότητας να αξιοποιηθούν σε βιοτεχνολογικές εφαρμογές.

Τα είδη του γένους *Pseudomonas* ταξινομήθηκαν προς τα τέλη του 19^{ου} αιώνα, ενώ η ετυμολογία του ονόματός τους είναι Ψευδής Μονάδα (Palleroni, 2010). Κατά τον Krieg (1984, Bergey's Manual of Systematic Bacteriology) τα διάφορα είδη του γένους *Pseudomonas* εμφανίζουν τα παρακάτω χαρακτηριστικά:

- ραβδόμορφα
- αρνητικά κατά Gram
- με ένα ή περισσότερα πολικά μαστίγια
- αερόβια
- μη σποροπαραγωγά

Μέχρι σήμερα έχουν βρεθεί περίπου 18 φυτοπαθογόνα βακτήρια στο γένος *Pseudomonas* καθώς και 3 είδη τα οποία είναι παθογόνα στα μανιτάρια, πολλά από τα οποία εμφανίζουν μεγάλη εξειδίκευση ως προς τον ξενιστή (Hofte and DeVos, 2006). Αυτά διαχωρίζονται με βάση την αντίδρασή τους στην οξειδάση (Πίνακες 1 & 2). Εκτός όμως από αυτά, στο γένος συγκαταλέγονται και βακτήρια που προκαλούν σοβαρές λοιμώξεις στους ανθρώπους, όπως πνευμονία. Επίσης κάποιες ψευδομονάδες, όπως για παράδειγμα τα *P. aeruginosa* και *P. ceracia*, φαίνεται να προσβάλλουν τόσο τα φυτά όσο και τα ζώα (Scroth et al., 2006).

Εξαιτίας της μεγάλης γενετικής ποικιλομορφίας των φυτοπαθογόνων βακτηρίων του γένους *Pseudomonas*, η συμπτωματολογία της ασθένειας στα φυτά ποικίλει από νεκρωτικές κηλίδες, νεκρωτικά τμήματα, έλκη ή και νεκρωτικό μαρασμό μέχρι σήψεις, υπερπλασίες και αδροβακτηριώσεις (Scroth et al., 2006).

Από τα είδη που εμφανίζουν θετική αντίδραση στην οξειδάση (Πίνακας 1), το *P. cichorii* έχει ένα μεγάλο εύρος ξενιστών και εμφανίζει νεκρώσεις στα φύλλα και στα στελέχη. Επίσης μεγάλο εύρος ξενιστών εμφανίζει και το *P. marginalis* pv. *marginalis* και προκαλεί γωνιώδεις νεκρωτικές κηλίδες στα φύλλα, και μαλακές/καστανές σήψεις στις ρίζες. Τα είδη *P. agarici*, *P. constantinii* και *P. tolaasii* προσβάλλουν μύκητες (μανιτάρια) του γένους *Agaricus* (Munsch et al., 2002), ενώ το είδος *P. tolaasii* φαίνεται να είναι ταξινομικά συγγενές με το *P. fluorescens*.

Πίνακας 2. Βακτήρια του γένους *Pseudomonas* με αρνητική αντίδραση στην οξειδάση (Hofte and DeVos, 2006).

<i>Name</i>	<i>Host</i>	<i>Disease or symptoms</i> ^b
<i>P. amygdali</i>	<i>Prunus amygdalus</i>	bacterial canker
<i>P. avellanae</i>	<i>Corylus avellana</i>	bacterial canker
<i>P. cannabina</i>	<i>Cannabis sativa</i>	
<i>P. caricaparayae</i>	<i>Carica papaya</i>	leaf spot
<i>P. ficuserectae</i>	<i>Ficus erectae</i>	leaf spot, shoot blight
<i>P. meliae</i>	<i>Melia azadarach</i>	galls
<i>P. savastanoi</i> (various pathovars)	see Table 3	
<i>P. syringae</i> (various pathovars)	see Table 4	
<i>P. tremae</i>	<i>Trema orientalis</i>	
<i>P. viridiflava</i>	wide host range	leaf necrosis, necrotic spots, stem and root rots

^a Information based on Young et al. (1996) and Young et al. (2004)
^b Information mainly based on Bradbury (1986) and Smith et al. (1988)

Από τα είδη τα οποία εμφανίζουν αρνητική αντίδραση στην οξειδάση (Πίνακας 2), το *P. syringae* αποτελεί το είδος με τη μεγαλύτερη οικονομική σημασία. Εμφανίζει περισσότερους από 50 παθότυπους, ενώ οι σημαντικότεροι από αυτούς είναι τα *P.s. pv. coronafaciens*, *Ps. pv. glycinea*, *P.s. pv. lachrymans*, *P.s. pv. morsprunorum*, *P.s. pv. persicae*, *P.s. pv. phaseolicola*, *P.s. pv. pisi*, *P.s. pv. syringae*, *P.s. pv. tabaci* και *P.s. pv. tomato*. Αμέσως μετά ακολουθεί το *P. savastanoi* με παθότυπους που προκαλούν καρκινώματα και όγκους σε διάφορα φυτά. Πρόσφατα οι Schaad et al. (2000) πρότειναν οι παθότυποι *pv. phaseolicola* και *pv. glycinea* να μην ανήκουν πλέον στο συγκεκριμένο είδος, αλλά να αποτελούν παθότυπους του είδους *P. syringae*.

Το είδος *P. viridiflava* εμφανίζει ένα μεγάλο εύρος ξενιστών και είναι ιδιαίτερης οικονομικής σημασίας καθώς προκαλεί τόσο νεκρώσεις σε φύλλα και στελέχη των φυτών, όσο και σήψεις των ριζών (Hofte and DeVos, 2006). Τέλος το

είδος *P. avellana* αναφέρθηκε πρόσφατα σε Ελλάδα και Ιταλία να προκαλεί βακτηριακά έλκη σε φουντουκίες (Scortichini et al., 2002).

Υπάρχουν μελέτες οι οποίες αποδεικνύουν ότι τα φυτοπαθογόνα είδη του *Pseudomonas* χωρίζονται σε τρεις μεγάλες κατηγορίες. Αυτές οι μελέτες βασίζονται τόσο σε ομολογίες των rDNAs (Palleroni et al., 1973, Byng et al., 1983, De Vos et al., 1985), στη σύσταση λιπαρών οξέων (Oyaizu and Komagata, 1983) καθώς και τα ενζυμικά μονοπάτια (Whitaker et al., 1981, Byng et al., 1983). Έτσι προέκυψαν οι ομάδες των *P. fluorescens* (ομάδα “*fluorescens*”), *P. solanacearum* και *P. cerasia*. Η πρώτη ομάδα περιλαμβάνει βακτήρια τα οποία φθορίζουν στην υπεριώδη ακτινοβολία (UV) ενώ τα στελέχη των άλλων δύο ομάδων όχι. Η μη ικανότητα φθορισμού των στελεχών αυτών, δε οφείλεται στην απουσία φθορισμού αλλά στη συσσώρευση πολύ-β-υδροξυβουτυρικού (PHB) στα αποθηκευτικά όργανα.

Το είδος *Pseudomonas syringae*

Το είδος *P. syringae*, όπως και το *P. aeruginosa*, είναι από τα πιο καλά μελετημένα είδη του γένους *Pseudomonas*, λόγω των ασθενειών που προκαλούν τα μέλη του σε φυτά οικονομικής σημασίας. Απομονώθηκε για πρώτη φορά από φυτά πασχαλιάς (*Syringa vulgaris* L.) από όπου πήρε και το όνομά του (Krieg et al., 1984). Τα βακτήρια του είδους *Pseudomonas syringae* είναι αρνητικά κατά Gram βακτήρια και ανήκουν στην κλάση γ-Πρωτεοβακτήρια (Anzai et al., 2000). Έχουν ραβδόμορφο σχήμα και διαθέτουν κίνηση αφού φέρουν πολικά μαστίγια. Είναι αερόβια και ανήκουν στις φθορίζουσες ψευδομονάδες και εμφανίζουν αρνητική αντίδραση οξειδάσης. Το είδος *P. syringae* αποτελεί μια πολύ ετερογενή ομάδα. Τα διάφορα στελέχη του *P. syringae*, ανάλογα με τις αλληλεπιδράσεις που εκδηλώνουν με διάφορα φυτά, έχουν ταξινομηθεί σε περισσότερους από 50 παθότυπους (pathovars) (Πίνακας 3) . Για παράδειγμα, το *P. syringae* pv. *tomato* (Pto) μολύνει την τομάτα, ενώ το *P. syringae* pv. *phaseolicola* μολύνει τη φασολιά. Οι παθότυποι υποδιαίρονται περαιτέρω σε φυλές ανάλογα με την ικανότητά τους να αναπτύσσονται και να προκαλούν ασθένειες σε διαφορετικούς γονοτύπους του ξενιστή.

Οι διάφοροι παθότυποι αναπτύσσονται με τη μορφή επίφυτων στις φυλλικές επιφάνειες και κάτω από κατάλληλες συνθήκες μπορούν να εισέλθουν (μέσω πληγών ή φυσικών ανοιγμάτων) στους μεσοκυττάριους χώρους των φυτών, να μολύνουν και να προκαλέσουν ασθένεια. Οι διάφοροι παθότυποι (pathovars- pv.) του συγκεκριμένου είδους ποικίλουν μεταξύ τους ως προς το ικανότητά τους για επιφυτική επιβίωση, τη φύση των συμπτωμάτων που προκαλούν και το εύρος των ξενιστών τους (Lindeberg et al., 2008).

Το είδος *P. syringae* χαρακτηρίζεται από την παραγωγή μιας φυτοτοξίνης η οποία προκαλεί νεκρώσεις και ονομάζεται *syringopeptine*. Από την αλληλούχηση μιας περιοχής DNA (73800 bp), αναγνωρίστηκαν τρία ανοιχτά πλαίσια ανάγνωσης (*sypA*-16,1 Kb, *sypB*-16,3 Kb και *sypC*-40,6Kb) τα οποία βρέθηκαν ομόλογα σε συνθετάσες πεπτιδίων που περιελάμβαναν πέντε, πέντε και δώδεκα αμινοξέα αντίστοιχα (Scholz et al., 2003). Κατά την καλλιέργειά τους σε θρεπτικό υπόστρωμα King's B, εμφανίζουν μια κίτρινη φωσφορίζουσα απόχρωση λόγω της παραγωγής του σιδηροφόρου πυοβερδίνης (pyoverdine) (Cody et al., 1987).

Επίσης τα διάφορα στελέχη του είδους *P. syringae* προκαλούν ζημιές στα φυτά μέσω του σχηματισμού παγοκρυστάλλων στους μεσοκυττάριους χώρους τους. Αυτό οφείλεται στην παραγωγή 1ηα πρωτεϊνών από τα βακτήρια οι οποίες προκαλούν τη μετατροπή του νερού σε πάγο σε υψηλότερες θερμοκρασίες από το φυσιολογικό. Έτσι φυτά τα οποία είναι ευαίσθητα στο ψύχος μπορούν να καταστραφούν ακόμα και σε θερμοκρασίες έως και $-1,8^{\circ}\text{C}$ λόγω του σχηματισμού παγοκρυστάλλων στους μεσοκυττάριους χώρους τους, οι οποίοι θα νεκρώσουν τα γειτονικά κύτταρα. (Maki et al., 1974). Οι συγκεκριμένες πρωτεΐνες έχουν χρησιμοποιηθεί και για την παραγωγή τεχνητού χιονιού και βροχής.

Πίνακας 3. Διάφοροι παθότυποι του *P. syringae* (Hofte and DeVos, 2006).

<i>Name</i>	<i>Host</i>	<i>Disease or symptoms</i> ^b
<i>P.s. pv. aceris</i>	<i>Acer macrophyllum</i>	leaf spot
<i>P.s. pv. actinidiae</i>	kiwi fruits	bacterial canker
<i>P.s. pv. alisalensis</i>	<i>Brassica</i> spp.	bacterial blight
<i>P.s. pv. aesculi</i>	<i>Aesculus indica</i>	leaf spot
<i>P.s. pv. antirrhini</i>	<i>Antirrhinum majus</i>	leaf spot, stem lesions
<i>P.s. pv. apii</i>	<i>Apium graveolens</i>	leaf spot
<i>P.s. pv. aptata</i>	<i>Beta vulgaris</i>	leaf spot, foliar blight
<i>P.s. pv. atrofaciens</i>	cereals	leaf spot, basal glume rot
<i>P.s. pv. berberidis</i>	<i>Berberis</i> spp.	leaf spot
<i>P.s. pv. broussonetiae</i>	<i>Broussonetia</i>	bacterial blight
<i>P.s. pv. castaneae</i>	<i>Castanea crenata</i>	bacterial canker
<i>P.s. pv. cerasicola</i>	<i>Prunus yedoensis</i>	galls
<i>P.s. pv. ciccaronei</i>	<i>Cerantonia siliqua</i>	leaf spot
<i>P.s. pv. coriandricola</i>	<i>Coriandrum sativum</i>	umbel blight, seed decay
<i>P.s. pv. coronafaciens</i>	cereals	halo blight
<i>P.s. pv. cunninghamiae</i>	<i>Cunninghamia lanceolata</i>	
<i>P.s. pv. daphniphylli</i>	<i>Daphniphyllum</i>	galls
<i>P.s. pv. delphinii</i>	<i>Delphinium</i> spp.	leaf spot
<i>P.s. pv. dendropanacis</i>	<i>Dendropanax trifidus</i>	
<i>P.s. pv. dysoxylis</i>	<i>Dysoxylum spectabile</i>	leaf spot, shot hole
<i>P.s. pv. eriobotryae</i>	<i>Eriobotrya japonica</i>	bud blight, twig canker
<i>P.s. pv. garcae</i>	<i>Coffea arabica</i>	halo blight
<i>P.s. pv. helianthi</i>	<i>Helianthus</i> spp.	leaf spot
<i>P.s. pv. hibisci</i>	<i>Hibiscus japonica</i>	leaf spot
<i>P.s. pv. lachrymans</i>	cucurbits	angular leaf spot
<i>P.s. pv. lapsa</i>	maize, sorghum	stalk rot
<i>P.s. pv. maculicola</i>	<i>Brassica</i> spp.	bacterial spotting
<i>P.s. pv. mellea</i>	<i>Nicotiana tabacum</i>	Wisconsin tobacco disease
<i>P.s. pv. mori</i>	<i>Morus</i> spp.	leaf spots, shoot blight
<i>P.s. pv. morsprunorum</i>	<i>Prunus</i> spp.	leaf spot and stem canker
<i>P.s. pv. myricae</i>	<i>Myrica rubra</i>	galls
<i>P.s. pv. oryzae</i>	<i>Oryza sativa</i>	halo blight
<i>P.s. pv. papulans</i>	<i>Malus pumila</i> , <i>Pyrus</i>	blister spot, blister canker
<i>P.s. pv. passiflorae</i>	<i>Passiflora edulis</i>	necrotic spots
<i>P.s. pv. persicae</i>	<i>Prunus persicae</i>	leaf spots, cankers, dieback
<i>P.s. pv. philadelphii</i>	<i>Philadelphus</i> spp.	leaf spot
<i>P.s. pv. photinae</i>	<i>Photinia glabra</i>	leaf spot and blight
<i>P.s. pv. pisi</i>	<i>Pisum</i> , <i>Vicia</i>	bacterial blight
<i>P.s. pv. porri</i>	<i>Allium porrum</i>	bacterial blight
<i>P.s. pv. primulae</i>	<i>Primula</i> spp.	leaf spot
<i>P.s. pv. raphiolepidis</i>	<i>Raphiolepis umbellata</i>	galls
<i>P.s. pv. ribicola</i>	<i>Ribes aureum</i>	leaf spot, defoliation
<i>P.s. pv. sesami</i>	<i>Sesamum indicum</i>	leaf spot
<i>P.s. pv. solidagae</i>	<i>Solidago altissima</i>	leaf spot
<i>P.s. pv. spinaceae</i>	<i>Spinacea oleracea</i>	leaf spot
<i>P.s. pv. striafaciens</i>	<i>Avena sativa</i> , triticale	stripe blight
<i>P.s. pv. syringae</i>	very wide	leaf spots, cankers, dieback
<i>P.s. pv. tabaci</i>	<i>Glycine max</i> , <i>Nicotiana</i>	wildfire, angular leaf spot
<i>P.s. pv. tagetis</i>	<i>Ambrosia</i> , <i>Helianthus</i> , <i>Tagetes</i>	leaf spot
<i>P.s. pv. theae</i>	<i>Camellia sinensis</i>	shoot blight, stem blight
<i>P.s. pv. tomato</i>	tomato, <i>Arabidopsis</i>	bacterial speck, leaf spot
<i>P.s. pv. ulmi</i>	<i>Ulmus</i> spp.	leaf and shoot blight
<i>P.s. pv. viburni</i>	<i>Viburnum</i> spp.	leaf and stem spot
<i>P.s. pv. zizaniae</i>	<i>Zizania aquatica</i>	

^a Information based on Young et al. (1996) and Young et al. (2004)

^b Information mainly based on Bradbury (1986) and on original references in Young et al. (1996, 2004)

Pseudomonas syringae pv. *lachrymans*

Το *P. syringae* pv. *lachrymans* αποτελεί έναν από τους τουλάχιστον 50 παθότυπους του *P. syringae*. Ανήκει στις φθορίζουσες ψευδομονάδες, αφού όταν καλλιεργηθεί σε θρεπτικό μέσο King's B, φθορίζει όταν εκτεθεί σε υπεριώδη (UV) ακτινοβολία. Εμφανίζει αρνητική αντίδραση τόσο στην δοκιμή οξειδάσης όσο και στην διυδρολάση της αργινίνης. Πρωτοπαρατηρήθηκε το 1915 σε φύλλα αγγουριάς από τους Smith and Bryan στις Η.Π.Α. και από τότε η ασθένεια θεωρείται ως μία από τις σοβαρότερες και πιο ζημιογόνες ασθένειες των Η.Π.Α. Λόγω της αντοχής του παθογόνου στα διάφορα περιβάλλοντα, έχει βρεθεί από την Καλιφόρνια η οποία έχει πιο θερμό κλίμα (Stout, 1952) μέχρι τη Δανία με πιο ψυχρό (Hellmers, 1950). Το 1946 ο Smith μελετώντας τα μορφολογικά χαρακτηριστικά του συγκεκριμένου παθογόνου καθώς και τα χαρακτηριστικά της καλλιέργειάς του, το κατέταξε αρχικά στο *P. lachrymans*, ενώ το 1990 ο Kagiwata μελετώντας διάφορες απομονώσεις του βακτηρίου παρατήρησε ότι όλες είχαν τα χαρακτηριστικά του *P. syringae*. Το συγκεκριμένο παθογόνο προκαλεί την γωνιώδη κηλίδωση των φύλλων και κύριος ξενιστής του είναι τα φυτά αγγουριάς. Τα συμπτώματα εμφανίζονται κυρίως σε φύλλα, κοτυληδόνες και καρπούς. Στα φύλλα εμφανίζονται αρχικά ως υδαρείς κηλίδες, οι οποίες τελικά οριοθετούνται από τις νευρώσεις του φύλλου και γίνονται γωνιώδεις (Εικ. 4). Έχουν γκρι έως μαύρο χρώμα και εμφανίζουν εξίδρωση στην κάτω επιφάνεια των φύλλων. Τελικά μεγάλο μέρος των κηλίδων αποπίπτει και σχηματίζονται οπές (Bhat et al., 2010). Οι διακλαδώσεις των στελεχών εμφανίζουν ένα καστανό χρώμα που μπορεί να επεκταθεί και στα μεσογονάτια διαστήματα, ενώ σε εκτεταμένες προσβολές μπορεί να προκαλέσει μέχρι και το θάνατο του φυτού (Polizzi et al., 2005).



Εικ. 4. Φύλλα αγγουριάς προσβεβλημένα από το *P. s. pv. lachrymans*. Δεξιά φαίνονται οι οπές που προκαλούνται από την απόπτωση των κηλίδων.

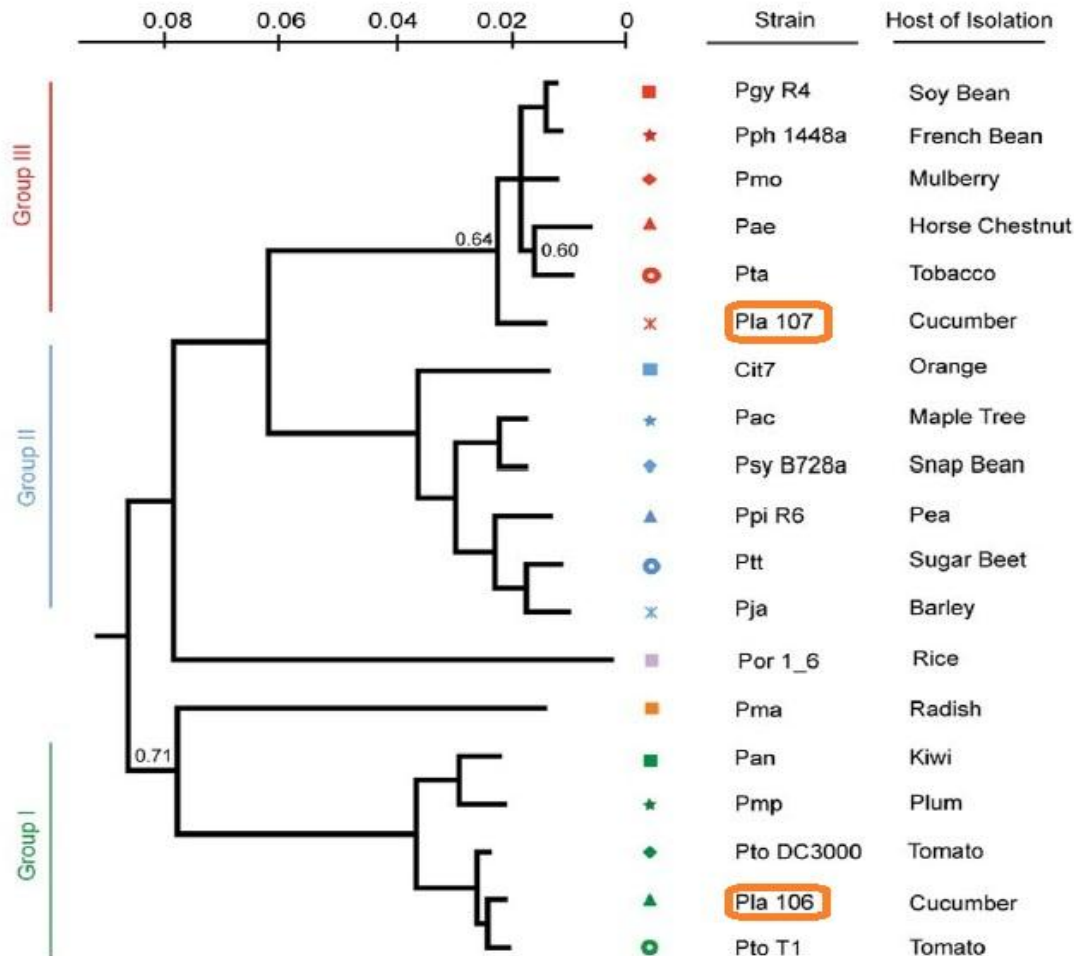
Μέχρι τώρα έχουν χρησιμοποιηθεί διάφορες μέθοδοι για την ταυτοποίηση και το χαρακτηρισμό του συγκεκριμένου παθότυπου μεταξύ των οποίων συμπεριλαμβάνονται η αντίδραση υπερευαισθησίας σε φύλλα καπνού, ο χαρακτηρισμός με βάση τα συμπτώματα και τα μορφολογικά χαρακτηριστικά, τα τεστ παθογένειας, ο βιοχημικός χαρακτηρισμός (Elwakil et al., 2001) αλλά και οι διάφορες μοριακές μέθοδοι ταυτοποίησης.

Το 2007 οι Olczak-Woltman et al. μελέτησαν τη γενετική ποικιλότητα στελεχών του *P. syringae pv. lachrymans* με τη χρήση μοριακών τεχνικών όπως PCR-RFLP (polymerase chain reaction restriction fragment length polymorphism), ADSRRS (amplification of DNA fragments surrounding rare restriction sites), και PCR-MP (PCR melting profiles) της ITS1 περιοχής για το γονίδιο *sypB*. Παρατήρησαν ότι η γενετική ποικιλότητα είναι τεράστια ακόμα και μέσα στα στελέχη. Παρόμοιες εργασίες έχουν γίνει και για τα γονίδια *pel* (Bauer and Collmer, 1997) καθώς και για τα γονίδια που κωδικεύουν το εκκριτικό σύστημα τύπου III (Baltrus et al., 2011). Επίσης οι Stead et al. (2003) με τη βοήθεια της rep-PCR κατέδειξαν την παρουσία τριών ομάδων μέσα στον παθότυπο *P. syringae pv. lachrymans*. Η πρώτη αποτελούσε μια μεγάλη ομάδα με έντονη ποικιλομορφία και πολλά στελέχη που έμοιαζαν με το *P. savastanoi pv. phaseolicola*. Η δεύτερη ομάδα περιελάμβανε δύο στελέχη όμοια με το *P. syringae pv. syringae*, ενώ η τρίτη ομάδα περιελάμβανε ένα μοναδικό στέλεχος. Αυτή τη ποικιλομορφία εντός του παθότυπου *P. syringae pv. lachrymans* επιβεβαίωσαν και οι Manceau and Brin το 2003, με τη βοήθεια της AFLP (Amplified fragment length polymorphism) ανάλυσης, οι οποίοι

έφεραν στο φως και την ύπαρξη ομάδων εντός του παθότυπου, οι οποίες δεν σχετίζονταν με τη γεωγραφική προέλευση ή τα φαινοτυπικά χαρακτηριστικά.

Οι Horka et al. (2007) χρησιμοποίησαν την τριχοειδή ισοηλεκτρική εστίαση (capillary isoelectric focusing- CIEF) με ανίχνευση υπεριώδους ακτινοβολίας (UV) για το διαχωρισμό στελεχών του συγκεκριμένου παθότυπου από άλλους καθώς και από άλλα γένη φυτοπαθογόνων βακτηρίων με μεγάλη επιτυχία καθιστώντας την έτσι ως μια εναλλακτική μέθοδο ταυτοποίησης (λεπτομέρειες στις μεθόδους ταυτοποίησης των βακτηρίων του γένους *Pseudomonas*).

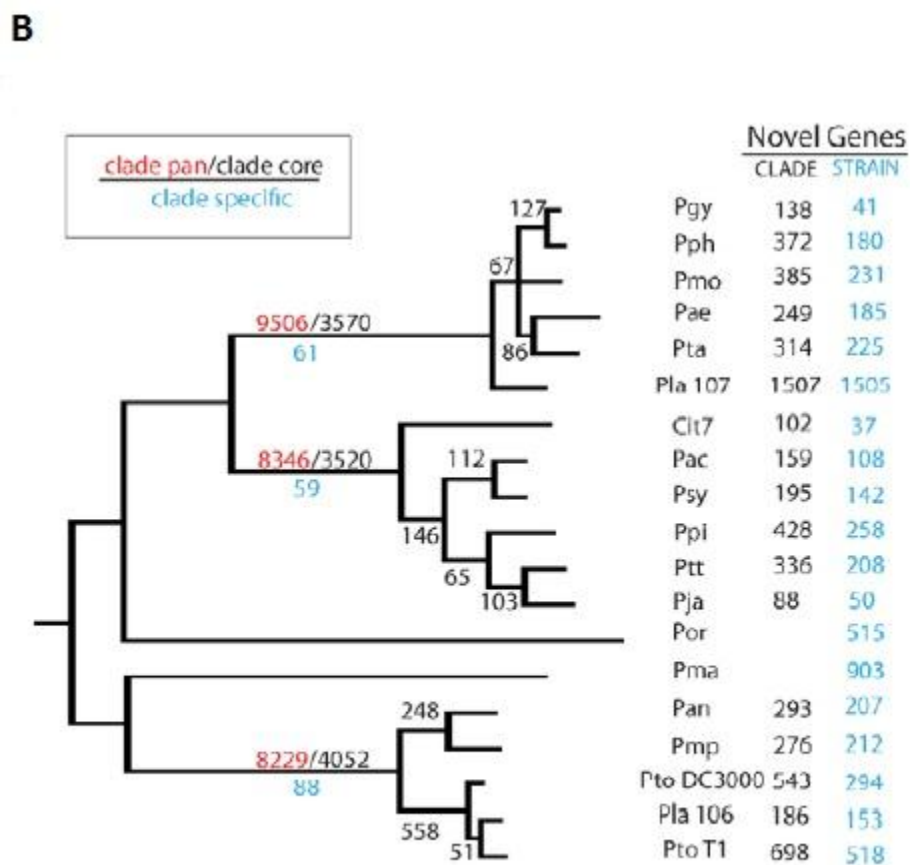
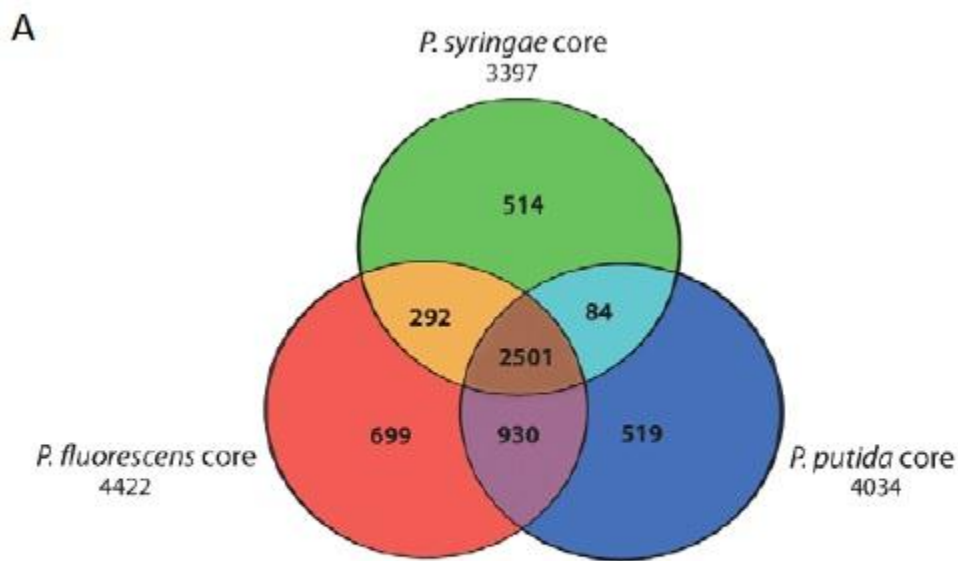
Οι Baltrus et al. (2011) μέσω πυροαλληλούχισης (pyrosequencing) προσδιόρισαν τις γονιδιωματικές αλληλουχίες για 14 φυλογενετικά διαφορετικά στελέχη (μεταξύ των οποίων και τα *P. syringae* pv. *lachrymans* 106 και *P. syringae* pv. *lachrymans* 107), σχηματίζοντας το φυλογενετικό δέντρο που παρουσιάζεται στην Εικόνα 5. Κατόπιν έλεγξαν ποιά γονίδια υπάρχουν σε όλα τα αλληλουχημένα γονιδιώματα ενός είδους (core γονιδίωμα) και προσδιόρισαν το κοινό γονιδίωμα (core genome). Όλοι οι παθότυποι του *P. syringae* που μελετήθηκαν περιέχουν 3397 κοινά γονίδια. Σε αντίθεση το ολο-γονιδίωμα (pan genome) των 12749 γονιδίων βρέθηκε σε ορισμένες μόνο υποομάδες στελεχών. Κατόπιν συγκρίνοντας το κοινό γονιδίωμα του *P. syringae* και των *P. fluorescens* και *P. putida* και βρήκαν ότι έχουν 2501 γονίδια κοινά (Εικ. 6A), ενώ 514 γονίδια είναι μοναδικά για το *P. syringae* εκ των οποίων ένα 5-10% (δηλαδή 1 στα 7 γονίδια) είναι στελεχο-ειδικά (με μοναδική εξαίρεση το *P. syringae* pv. *lachrymans* 107) (Εικ. 6B).



Εικ. 5. Bayesian φυλογενετικό δέντρο κατά Baltrus et al.(2011).

Κατόπιν εξετάζοντας την τυχόν ύπαρξη πλασμιδίων εντός των στελεχών παρατήρησαν ότι 13 στα 15 γονιδιώματα περιέχουν πλασμίδια εντός των στελεχών. Επίσης παρατήρησαν ότι το στέλεχος *P. syringae* pv. *lachrymans* 107 έφερε ένα μεγαπλασμίδιο (~1 Mb) το οποίο κατόπιν εντόπισαν και σε ένα συγγενικό στέλεχος (*P. syringae* pv. *lachrymans* N7512) όμως απουσίαζε από δύο άλλα, κοντινά συγγενικά, με αυτά στελέχη (*P. syringae* pv. *lachrymans* YM7902 και YM8003).

Επειδή τα τέσσερα αυτά στελέχη *P. syringae* pv. *lachrymans*, έχουν σχεδόν πανομοιότυπες αλληλουχίες στους γενετικούς τόπους MLST, θεωρείται ότι αυτό το μεγαπλασμίδιο αποκτήθηκε σχετικά πρόσφατα. Το γεγονός αυτό θα μπορούσε να υποδηλώνει ότι πολύ συγγενικά είδη μπορεί να υπέστησαν μια δραματική οικολογική μετατόπιση.



Εικ. 6. Α. Σύγκριση κοινών γονιδιωμάτων των *P. syringae* με *P. fluorescens* και *P. putida*. Β. Αριθμός στελεχο-ειδικών γονιδίων σε διάφορους παθότυπους *Pseudomonas* (Baltrus et al., 2011).

Μεθοδολογίες ταυτοποίησης βακτηρίων του γένους *Pseudomonas*

Η υποδιαίρεση των στελεχών του *P. syringae* σε περίπου 50 παθοτύπους έγινε αρχικά με βάση την παθογένεια που εκδήλωναν σε φυτά και το εύρος των ξενιστών που μόλυναν (Bradbury 1986; Dye et al. 1980; Rudolph 1995). Όμως, μια τέτοια ταξινόμηση δεν συμφωνεί πάντα με την ομολογία σε επίπεδο DNA ή τα φυσιολογικά και βιοχημικά χαρακτηριστικά και μπορεί να υποεκτιμά την πραγματική φυλογένεια των στελεχών *P. syringae*. Για να κατανοηθεί η διαφοροποίηση της παθογένειας του *P. syringae*, είναι απαραίτητο να μελετηθεί όχι μόνο η φαινοτυπική έκφραση της παθογένειας αλλά επίσης και τα γονίδια που κωδικοποιούν αυτό το φαινότυπο. Διάφορες φυλογενετικές μελέτες έχουν δείξει ότι στελέχη του ίδιου παθότυπου δεν είναι πάντα πολύ συγγενικά (Sawada et al. 1999)

Σήμερα υπάρχουν εννέα πιστοποιημένα και δημοσιευμένα φυτοπαθογόνα είδη ψευδομονάδων : *P. cannabina*, *P. avellanae*, *P. amygdali*, *P. ficuserectae*, *P. savastanoi*, *P. tremae*, *P. meliae*, *P. caricaparayae* και *P. syringae* [ISPP Taxonomy of Plant Pathogenic Bacteria Committee (<http://www.isppweb.org/names>). Παραδοσιακά, τα παθογόνα αυτά έχουν διαφοροποιηθεί από τις άλλες ψευδομονάδες με βάση τη μορφολογία των αποικιών, την ικανότητά τους να επάγουν την αντίδραση υπερευαισθησίας σε φυτά μη ξενιστές και την παρουσία ή απουσία πηκτινάσης και διυδρολάσης αργινίνης. Σε ορισμένες περιπτώσεις έχουν χρησιμοποιηθεί και τα πηκτινολυτικά ένζυμα του είδους *P. viridiflava* για να διαφοροποιηθούν στελέχη μέσα στην ομάδα αυτή.

Διάφορα βιοχημικά τεστ τα οποία έχουν να αναπτυχθεί για να διαχωρίζουν τα φυτοπαθογόνα από τη μη-φυτοπαθογόνα στελέχη των φθορίζουσών ψευδομονάδων είναι τα *LOPAT tests* (*levan production on sucrose medium, oxidase reaction, pectolysis on potato slices or pectate gel, arginine dihydrolase production, and hypersensitivity reaction on tobacco leaves*) με βάση τα οποία οι παθότυποι του *P. syringae* ανήκουν στην ομάδα Ia (Lelliott et al., 1966). Παρόλα αυτά, τα συγκεκριμένα τεστ αποτυγχάνουν να διαχωρίσουν παθότυπους μέσα στο είδος π.χ. *P. syringae*.

Πίνακας 4. Διαγνωστικά τεστ για την ταυτοποίηση των ειδών *P. syringae* και *P. viridiflava*. Με “+” σημειώνεται η θετική αντίδραση στο συγκεκριμένο τεστ, με “-” η αρνητική αντίδραση, με “V” σημειώνονται τα διαφορετικά αποτελέσματα στο συγκεκριμένο τεστ για τα διάφορα στελέχη του παθότυπου, ενώ με “NT” σημειώνεται η έλλειψη δοκιμής στο συγκεκριμένο τεστ (not tested). (Schroth et al., 2006).

	Levan formed	Pectate gel ^a	Rutin glycosidase	β-Glucosidase	Adonitol	Anthramilate	Betaine	Erythritol	DL-Homoserine	Inositol	L-Lactate	Mannitol	Quinate	Sorbitol	D-Tartrate	L-Tartrate	Trigone line
<i>P. viridiflava</i>	-	4.6-8.5	+	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+
<i>P. s. syringae</i>	+	-	+	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	few +	-	+
<i>P. s. antirrhini</i>	+	4.6	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+	+	+	-	+
<i>P. s. aptata</i>	+	-	+	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	slow	-	+
<i>P. s. atrofaciens</i>	+	NT	+	V	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	-	-	+
<i>P. s. cannabina</i>	W	4.6	NT	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>P. s. coronafaciens</i>	+	-	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	+	-	-	-
<i>P. s. delphinii</i>	-	4.6	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	+	-	-	+
<i>P. s. criobotryae</i>	+	4.6	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	+	+
<i>P. s. garcae</i>	+	-	NT	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	+	-	-	-
<i>P. s. glycinea</i>	+	4.6	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	-	+
<i>P. s. lachrymans</i>	+	4.6-8.5	+	+	-	-	-	+	-	+	-	+	+	+	-	+	+
<i>P. s. mori</i>	+	4.6	+	-	few +	-	V	-	-	+	-	+	-	V	-	-	+
<i>P. s. mori</i> “var. <i>huszii</i> ”	+	4.6	+	-	+	-	+	-	-	+	-	+	-	+	-	-	+
<i>P. s. morsprunorum</i>	+	4.6	+	-	-	+	+	slow	-	+	-	+	+	+	-	+	+
<i>P. s. papulans</i>	-	NT	+	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	-	-	-
<i>P. s. passifloriae</i>	-	NT	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	+	-	-	-
<i>P. s. persicae</i>	+	4.6	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-
<i>P. s. phaseolicola</i>	+	4.6	+	-	-	-	V	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+
<i>P. s. pisi</i>	+	-	+	V	-	-	+	V	+	+	V	+	+	+	-	-	+
<i>P. s. ribicola</i>	-	NT	+	-	-	-	slow	-	-	+	-	+	+	+	-	-	+
<i>p. s. savastanoi</i>	-	4.6	+	-	-	V	+	-	-	V	-	+	-	+	-	V	V
<i>P. s. sesami</i>	+	4.6-8.5	+	-	-	-	V	+	-	+	-	-	+	-	-	+	+
<i>P. s. striafaciens</i>	+	NT	+	+	-	-	+	-	-	+	-	+	-	+	-	-	-
<i>P. s. tabaci</i>	+	4.6-8.5	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	+	-	+	+
<i>P. s. tomato</i>	+	4.6	+	+	-	-	+	-	-	+	-	+	+	+	+	-	+

Στον Πίνακα 4 παρουσιάζονται ορισμένα διαγνωστικά τεστ τα οποία έχουν χρησιμοποιηθεί για την ταυτοποίηση παθότυπων των ειδών *P. syringae* και *P. viridiflava*, δυο δηλαδή εκ των σημαντικότερων αντιπροσώπων του γένους *Pseudomonas* (Schroth et al., 2006). Εξετάζοντας το παράδειγμα του *P. syringae* pv. *lachrymans* παρατηρούμε ότι έδωσε θετική αντίδραση σε αρκετές μεθόδους όπως στη μαννιτόλη, σορβιτόλη, pectate gel (pH 4,6-8,5) κ.α.

Πίνακας 5. Γενετικές μελέτες σε φυτοπαθογόνες ψευδομονάδες (Schroth et al., 2006)

Study	Species tested ^b														
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
Conjugation	+			+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Transformation	+			+	+	+	+								
Transduction				+											
Libraries	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+				
Tn mutagenesis	+	+		+	+	+	+	+	+	+					+
IS elements			+		*		+								
Native plasmids	+				+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Chromosome mapping	+					+		+				+			
MEX mutants	+			+		+	+	+	+	+					
RELP analysis	+		+		+	+		+	+	+	+	+	+		
Cloned genes:															
<i>avr/hsp</i>	+					+	*			*					
<i>hrp/hri/vir</i>	+			(*)	*	*	*		+	+	+				
<i>path/lem</i>					+	+									
<i>pgl, egl</i>	+	+													
toxin genes					+	+	+	+	+						+
<i>recA</i>			+			+	+								
<i>argF</i>						*									
Cu ^r										*					
<i>flu/sid</i>			+												
<i>ice</i>			*												
<i>iaa</i>				*											
<i>tzs</i>	*			*											

*: Η μελέτη πραγματοποιήθηκε σε συγγενείς παθότυπους

Στον πίνακα 5 παρουσιάζονται οι γενετικές μελέτες οι οποίες έχουν πραγματοποιηθεί σε φυτοπαθογόνα είδη *Pseudomonas*. Στον πίνακα περιέχονται τα εξής είδη: *P. solanacearum* (A), *P. viridiflava* (B), *P. cepacia* (C), *P. syringae* (μη παθογόνο) (D), *P. syringae* pv. *savastanoi* (E), *P. syringae* pv. *syringae* (F) *P. syringae* pv. *phaseolicola* (G), *P. syringae* pv. *glycinea* (H), *P. syringae* pv. *tabaci* (I), *P. syringae* pv. *tomato* (J), *P. syringae* pv. *maculicola* (K), *P. syringae* pv. *morsprunorum* (L), *P. syringae* pv. *atropurpurea* (M), *P. syringae* pv. *mori* (N) και *P. syringae* pv. *pisi* (O).

Στο *P. solanacearum* κατά τη χαρτογράφηση του χρωμοσώματος παρατηρήθηκε ότι ένας γενετικός τόπος ο οποίος σχετίζεται με τη βιοσύνθεση της μεθειονίνης (*met*), είναι συνδεδεμένος με τα γονίδια που σχετίζονται με τη παθογένεια (*hrp*) (Schroth et al., 2006).

Σχέσεις βακτηριοσίνης-φάγων: οι βακτηριοσίνες και οι φάγοι έχουν χρησιμοποιηθεί σε επιδημιολογικές μελέτες και στην ταυτοποίηση ψευδομονάδων σε επίπεδο υποείδους (Schroth and Hildebrand, 1981). Όμως υπάρχουν αρκετά προβλήματα με τη συγκεκριμένη τεχνική εξαιτίας έλλειψης εξειδίκευσης. Συνήθως χρησιμοποιούνται για γενετικά σημασμένα στελέχη για την αντίστασή τους σε ένα αντιβιοτικό. *Γενετική σήμανση βακτηριακών στελεχών:* αποτελεί τη μέθοδο για την παρακολούθηση του πληθυσμού βακτηριακών στελεχών του γένους *Pseudomonas* και γίνεται μέσω της γενετικής σήμανσής τους για ανθεκτικότητά τους σε κάποιο αντιβιοτικό. Το πιο συχνά χρησιμοποιούμενο αντιβιοτικό είναι η ριφαμπικίνη (Bahme and Schroth, 1987).

Ορολογικές μέθοδοι: οι ορολογικές μέθοδοι (π.χ. ELISA) έχουν χρησιμοποιηθεί κατά το παρελθόν για την ταυτοποίηση φυτοπαθογόνων βακτηρίων του γένους *Pseudomonas* (Schroth and Hildebrand, 1981). Όμως λόγω της έλλειψης εξειδίκευσης, χρησιμοποιούνται συμπληρωματικά με άλλες μεθόδους για της επαλήθευση αποτελεσμάτων.

Σύνθεση λιπαρών οξέων των κυττάρων: Οι Saaser and Miller (1988) ανέπτυξαν μια χρωματογραφική μέθοδο με υπολογιστική ανάλυση για την ταυτοποίηση πολλών φυτοπαθογόνων βακτηριακών στελεχών. Η μέθοδος βασίζεται στην εύρεση των λιπαρών οξέων του κυττάρου. Κατά τη μέθοδο αυτή τα βακτηριακά κύτταρα συλλέγονται από την καλλιέργεια και κατακρημνίζονται με φυγοκέντρηση σε σωλήνες που περιέχουν μεθανόλη και καυστικό νάτριο (NaOH). Κατόπιν θερμαίνονται ώστε οι εστέρες να εξαχθούν και αφού διαχωριστούν από την υγρή φάση, να μετρηθούν με τη μέθοδο της αέριας χρωματογραφίας. Παρότι η μέθοδος φαίνεται να έδωσε αρκετά ικανοποιητικά αποτελέσματα, δεν υπάρχουν περισσότερες αναφορές σε αυτή (Schroth et al., 2006).

Τεχνικές οι οποίες βασίζονται στο DNA: οι τεχνικές αυτές αποτελούν τη βάση για το σύγχρονο χαρακτηρισμό και ταυτοποίηση των μικροβιακών κοινοτήτων (Olczak-Woltman et al., 2007). Οι μέθοδοι οι οποίες βασίζονται στην αλυσιδωτή αντίδραση της πολυμεράσης (PCR) πλεονεκτούν έναντι των παραδοσιακών μεθόδων διάγνωσης, καθώς οι οργανισμοί δεν χρειάζεται να καλλιεργηθούν και τα πρωτόκολλα εμφανίζουν μεγάλη ευαισθησία και ακρίβεια, ενώ δίνουν και ταχύτητα αποτελέσματα. Έτσι υπάρχουν μελέτες από ένα μεγάλο αριθμό αναλύσεων της γενετικής ποικιλομορφίας βακτηριακών πληθυσμών και του προσδιορισμούς των

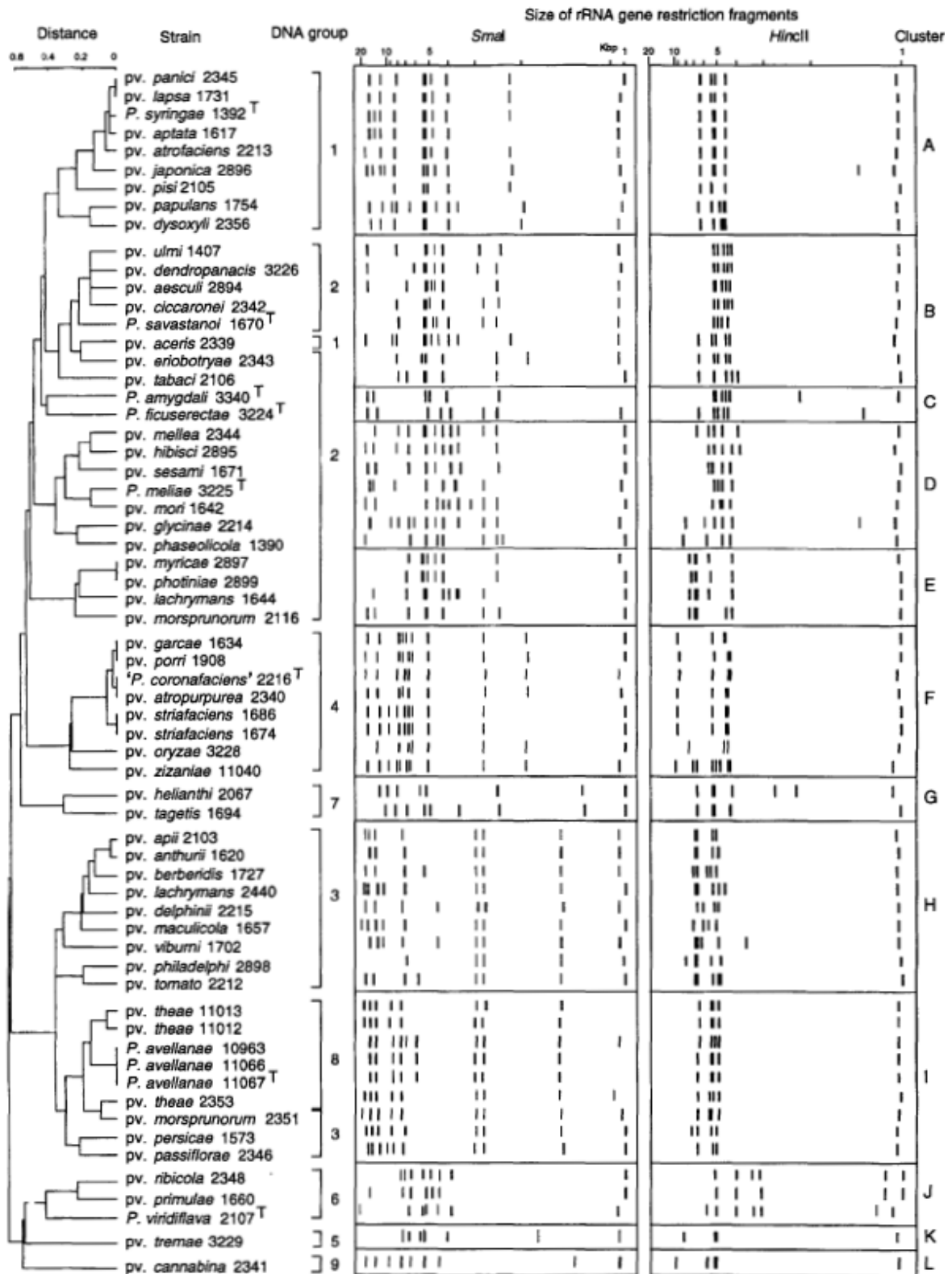
σχέσεών τους, οι οποίες βασίζονται στην PCR. Πιο συγκεκριμένα έχουν βρεθεί περισσότερα από 40 πρωτόκολλα που αφορούν βακτήρια του γένους *Pseudomonas*.

Οι τεχνικές των PCR-RFLP (*Polymerase chain reaction – restriction fragment length polymorphism*) και rep-PCR (*repetitive sequence PCR*) έχουν αποκαλύψει σημαντική γενετική ποικιλομορφία ανάμεσα στους διάφορους παθότυπους του *P. syringae* (Louws et al., 1994). Επίσης οι Stead et al. (2003) με τη βοήθεια της rep-PCR απέδειξαν την ετερογένεια των παθότυπων *P. syringae pv. syringae* και *P. syringae pv. lachrymans*.

Το οπερόνιο του ριβοσωμικού DNA (rDNA) έχει πολύ συχνά χρησιμοποιηθεί για το σχεδιασμό εκκινήτων (Kim and Song, 1996), όμως εξαιτίας της καθολικής του φύσης, δεν μπορεί να χρησιμοποιηθεί στη διάκριση σε επίπεδο στελέχους, παρά μόνο σε επίπεδο γένους και είδους. Η εσωτερικά μεταγραφόμενη περιοχή (ITS) μεταξύ των γονιδίων 16S και 23S φαίνεται να είναι πιο ευμετάβλητη από ότι τα γονίδια 16S και 23S. Μελέτες των αλληλουχιών στη διαγονιδιακή περιοχή του 16S–23S rRNA στο οπερόνιο *rnr* έδειξαν ότι οι παθότυποι του *P. syringae* εμφανίζουν μεγάλη ποικιλομορφία στις αλληλουχίες ITS (Sawada et al. 1995, 1996, 1997). Όμως ταυτόχρονα βρέθηκε ότι οι αλληλουχίες αυτές δεν είναι κατάλληλες ως δείκτες φυλογενετικής ανάλυσης επειδή η ένθεση και η έλλειψη αρκετών νουκλεοτιδίων είναι ένα συχνό φαινόμενο στις αλληλουχίες αυτές (Sawada et al. 1995, 1996, 1997).

Η διαφοροποίηση των παθογόνων της ομάδας *P. syringae* με βάση το βιοχημικό χαρακτηρισμό, τη φυλογενετική ανάλυση του 16S rDNA και τη σύσταση σε λιπαρά οξέα του κυτταρικού τοιχώματος δεν είχε την απαιτούμενη διακριτική ικανότητα να διαφοροποιήσει αξιόπιστα τα τάξα. Έτσι θεωρήθηκε ότι η ταξινόμηση ήταν συγκεκριμένη και οδήγησε σε πιο εκτενείς και αναλυτικές μελέτες με βάση τον υβριδισμό DNA/DNA των διαφόρων στελεχών μεταξύ τους. Έτσι, το 1999 οι Gardan et al. διεξήγαγαν μια εκτενή μελέτη που περιελάμβανε 48 παθότυπους του *P. syringae* και 8 ακόμα συγγενών ειδών και με τη βοήθεια του υβριδισμού DNA/ DNA και του ριβοτυποποίησης (ribotyping) πρότειναν τη δημιουργία εννιά διακριτών genomospecies (Πίνακας 6). Το κριτήριο για την κατάταξη ενός παθότυπου στο συγκεκριμένο genomospecies ήταν να υπάρχει 70% ομολογία DNA/DNA. Η ριβοτυποποίηση έγινε με πέψη του γονιδιωματικού DNA των στελεχών με SmaI και κατόπιν υβριδισμός τους με 16S + 23S rDNA και έτσι σχηματίστηκαν 55 μοναδιαίοι ριβότυποι. Πέψη του γονιδιωματικού DNA των στελεχών με HincII, έδωσε 42 μοναδιαίοι ριβότυπους. Η συνδυασμένη ανάλυση της παραπάνω ριβοτυποποίησης

κατέληξε σε 10 ριβότυπους που χαρακτηρίζονται ως Α έως J και δύο πιο απομακρυσμένους ριβότυπους, που χαρακτηρίζονται ως Κ και L (Εικ. 7).



Εικ. 7. Πρότυπα ριβοτύπων 63 στελεχών του *P. syringae*.

Στην πρώτη ομάδα (genomospecies 1) ανήκουν τα *P. syringae*, *P.s. pv. aptata*, *P.s. pv. lapsa*, *P.s. pv. rapulans*, *P.s. pv. pisi*, *P.s. pv. atrofaciens*, *P.s. pv. aceris*, *P.s. pv. panici*, *P.s. pv. dysoxyli* και *P.s. pv. japonica*, τα οποία ανήκουν στα *P. syringae* με τη στενή έννοια και συμφωνεί με την ομαδοποίηση με βάση τις ομολογίες DNA των "*syringae*" των Pecknold και Grogan (1973). Όλα τα στελέχη του genomospecies 1, εκτός από ένα, ανήκουν στο ριβότυπο Α. Στη δεύτερη ομάδα (genomospecies 2) συγκαταλέγονται 16 παθότυποι του *P. syringae* καθώς και τύποι στελεχών των συγγενικών ειδών *P. savastanoi*, *P. ficuserectae*, *P. meliae* και *P. amygdali*. Αυτά τα 20 στελέχη του genomospecies 2 αντιστοιχούν στην ομάδα DNA των "*morsprunorum*" των Pecknold και Grogan (1973), ενώ ανήκουν στους ριβότυπους Β, C, D και Ε.

Στην τρίτη ομάδα των genomospecies περιλαμβάνονται 14 παθότυποι του *P. syringae* τα οποία είναι συγγενικά με το στέλεχος *P. syringae pv. tomato*. Η συγκεκριμένη ομάδα αντιστοιχεί στην ομάδα "*tomato*" των των Pecknold και Grogan (1973), ενώ δεν μπορεί να καθοριστεί πλήρως ο ριβότυπος στον οποίο ανήκουν. Η τέταρτη ομάδα περιλαμβάνει το είδος *P. coronafaciens*, και επτά παθότυπους του *P. syringae* (*P.s. pv. porri*, *P.s. pv. garcae*, *P.s. pv. striafaciens*, *P.s. pv. atropurpurea*, *P. s. pv. oryzae*, *P. s. pv. zizaniae*). Αντιστοιχούν στην ομάδα "*coronafaciens*" και ανήκουν στο ριβότυπο F. Στη πέμπτη ομάδα περιλαμβάνεται μόνο ο παθότυπος *P. syringae pv. tremae* ο οποίος αντιπροσωπεύει το ριβότυπο K, ενώ στην έκτη ομάδα περιλαμβάνεται το είδος *P. viridiflava* που αντιπροσωπεύει το ριβότυπο J.

Στην έβδομη ομάδα συμπεριλαμβάνονται τα στελέχη *P. syringae pv. tagetis* και *P. syringae pv. helianthi*, ενώ στην όγδοη ομάδα συμπεριλαμβάνονται τα στελέχη *P. theae*, *P. syringae pv. actinidiae* και *P. avellanae*. Τα genomospecies της έβδομης ομάδας ανήκουν στο ριβότυπο G, ενώ για αυτά της όγδοης, δεν μπορεί να καθοριστεί πλήρως. Τέλος, στην ένατη ομάδα περιλαμβάνεται μόνο ο παθότυπος *P. syringae pv. cannabina* και ανήκει στο ριβότυπο L.

Πίνακας 6. Ομαδοποίηση παθοτύπων του *P. syringae* σε genomospecies (Gardan et al. (1999))

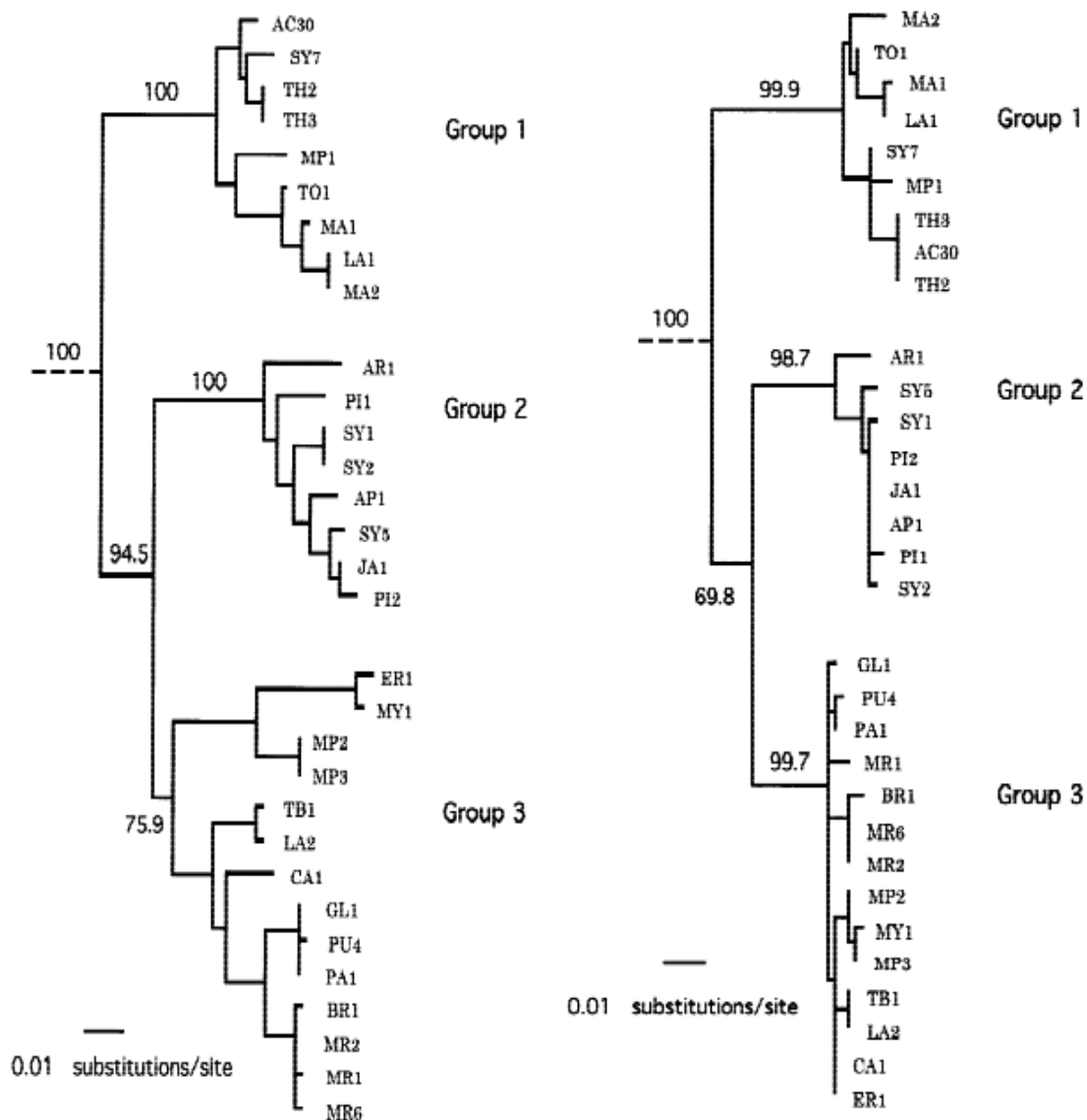
<i>Genomospecies</i>	<i>Taxon</i>
Genomospecies 1	<i>P. syringae</i> , <i>P.s. pv. aptata</i> , <i>P.s. pv. lapsa</i> , <i>P.s. pv. papulans</i> , <i>P.s. pv. pisi</i> , <i>P.s. pv. atrofaciens</i> , <i>P.s. pv. aceris</i> , <i>P.s. pv. panici</i> , <i>P.s. pv. dysoxylis</i> , <i>P.s. pv. japonica</i>
Genomospecies 2	<i>P. savastanoi</i> , <i>P. ficuserectae</i> , <i>P. meliae</i> , <i>P. amygdali</i> , <i>P.s. pv. phaseolicola</i> , <i>P. s. pv. ulmi</i> , <i>P.s. pv. mori</i> , <i>P. s. pv. lachrymans</i> , <i>P.s. pv. sesami</i> , <i>P.s. pv. tabaci</i> , <i>P.s. pv. morsprunorum</i> , <i>P.s. pv. glycinea</i> , <i>P.s. pv. ciccaroni</i> , <i>P. s. pv. eriobotryae</i> , <i>P.s. pv. mellea</i> , <i>P.s. pv. aesculi</i> , <i>P.s. pv. hibisci</i> , <i>P.s. pv. myricae</i> , <i>P.s. pv. photiniae</i> , <i>P.s. pv. dendropanacis</i>
Genomospecies 3	<i>P. s. pv. tomato</i> , <i>P.s. pv. persicae</i> , <i>P.s. pv. antirrhini</i> , <i>P.s. pv. maculicola</i> , <i>P.s. pv. viburni</i> , <i>P.s. pv. berberidi</i> , <i>P.s. pv. apii</i> , <i>P.s. pv. delphinii</i> , <i>P.s. pv. passiflorae</i> , <i>P.s. pv. philadelphia</i> , <i>P.s. pv. ribicola</i> , <i>P.s. pv. primulae</i>
Genomospecies 4	<i>P. coronafaciens</i> , <i>P.s. pv. porri</i> , <i>P.s. pv. garcae</i> , <i>P.s. pv. striafaciens</i> , <i>P.s. pv. atropurpurea</i> , <i>P. s. pv. oryzae</i> , <i>P. s. pv. zizaniae</i>
Genomospecies 5	<i>P. tremae</i>
Genomospecies 6	<i>P. viridiflava</i>
Genomospecies 7	<i>P. s. pv. tagetis</i> , <i>P.s. pv. helianthi</i>
Genomospecies 8	<i>P.s. pv. theae</i> , <i>P. avellanae</i> , <i>P. s. pv. actinidiae</i>
Genomospecies 9	<i>P. cannabina</i>

Οι Sawada et al. (1999) διεξήγαγαν μια φυλογενετική ανάλυση του *P. syringae* χρησιμοποιώντας 56 στελέχη τα οποία αντιστοιχούσαν σε 19 παθότυπους, χρησιμοποιώντας τα γονίδια *gyrB* και *rpoD* ως γονίδια-δείκτες της εξέλιξης του βακτηριακού γονιδιώματος, και τα *hrpL*, *hrpS* και *argK* ως αντιπροσωπευτικά γονίδια σχετικά με την παθογένεια τα οποία εντοπίζονται στο χρωμόσωμα. Η μελέτη αυτή έδειξε ότι οι παθότυποι που εξετάστηκαν διαφοροποιούνται σε τρεις μονοφυλετικές ομάδες (Εικ. 8).

Στην πρώτη ομάδα περιλαμβάνονται οι παθότυποι *P. syringae pv. tomato*, *P. syringae pv. morsprunorum*, *P. syringae pv. syringae*, *P. syringae pv. actinidiae* και *P. syringae pv. theae*. Στη δεύτερη ομάδα περιλαμβάνονται οι παθότυποι *P. syringae pv. aceris*, *P. syringae pv. aptata*, *P. syringae pv. japonica*, *P. syringae pv. syringae* και *P. syringae pv. pisi*. Στην τρίτη ομάδα ανήκουν οι παθότυποι *P. syringae pv. myricae*, *P. syringae pv. eriobotryae*, *P. syringae pv. morsprunorum*, *P. syringae pv. tabaci*, *P. syringae pv. lachrymans*, *P. syringae pv. castaneae*, *P. syringae pv. phaseolicola*, *P. syringae pv. glycinea*, *P. syringae pv. mori* και *P. syringae pv. broussonetiae*. Παρατήρησαν ότι οι παθότυποι *P. syringae pv. lachrymans*, *P. syringae pv. morsprunorum* και *P. syringae pv. syringae* κατανέμονται σε δύο από τις

τρεις ομάδες. Επίσης μπορούμε να παρατηρήσουμε ότι η πρώτη ομάδα αντιπροσωπεύει τα genomospecies 3 και 8 των Gardan et al. (1999) για τα οποία δεν μπόρεσαν να προσδιορίσουν το ριβότυπο τους. Επίσης παρατηρείται ότι η δεύτερη ομάδα αντιστοιχεί στο genomospecies 1 και η τρίτη ομάδα στο genomospecies 2 των Gardan et al. (1999).

Η μελέτη αυτή έδειξε ότι το γονίδιο *argK* (εμπλέκεται στην παραγωγή φασεολοτοξίνης) εντοπιζόταν σε δύο παθότυπους λόγω οριζόντιας γονιδιακής μεταφοράς, ενώ η ομάδα των γονιδίων *hrp* (*hrpL* και *hrpS*) ήταν σταθερή στα γονιδιώματα και ποτέ δεν είχε υποστεί οριζόντια γονιδιακή μεταφορά μεταξύ των παθοτύπων του *P. syringae*. Έτσι, η μελέτη αυτή έδειξε ότι τα φυλογενετικά δέντρα που προκύπτουν από τα δύο γονίδια *gyrB* και *rpoD* συμφωνούν με εκείνα που προκύπτουν από τα γονίδια *hrpS* και *hrpL*, γεγονός που υποδηλώνει ότι το εκκριτικό σύστημα τύπου III αποκτήθηκε πριν την διαφοροποίηση των παθοτύπων του *P. syringae*.

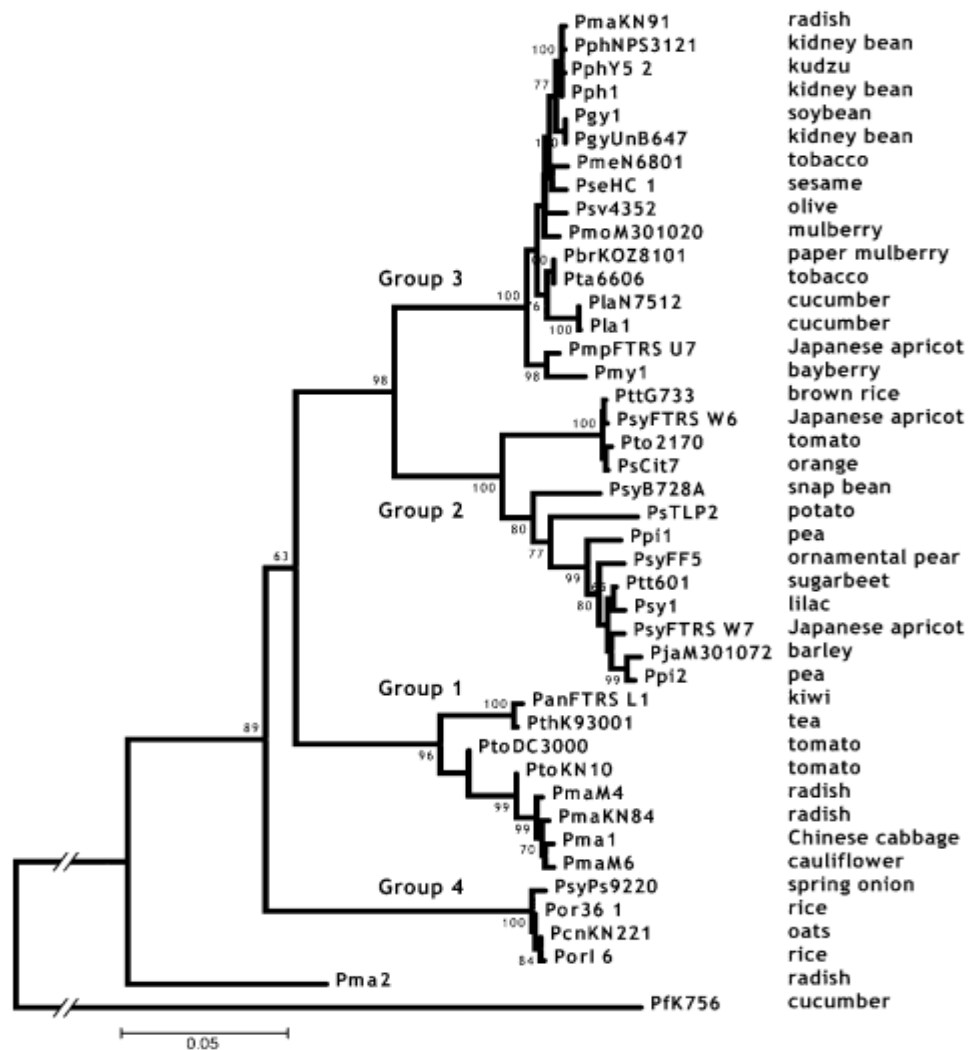


Εικ. 8. Παραδείγματα φυλογενετικών δέντρων των Sawada et al. (1999) με βάση το γονίδιο *gyrB* (A) και *rpoD* (B).

Αν και όλες οι παραπάνω μελέτες παρέχουν σημαντικές πληροφορίες για την ταξινόμηση των στελεχών του *P. syringae* μια πιο σαφής εικόνα θα μπορούσε να αποκτηθεί από την μελέτη αποκλειστικά γονιδίων ζωτικής σημασίας (housekeeping genes). Τα γονίδια αυτά αποτελούν συστατικά του «βασικού γονιδιώματος» (core genome) και πιθανά δεν έχουν υποστεί οριζόντια γονιδιακή μεταφορά.

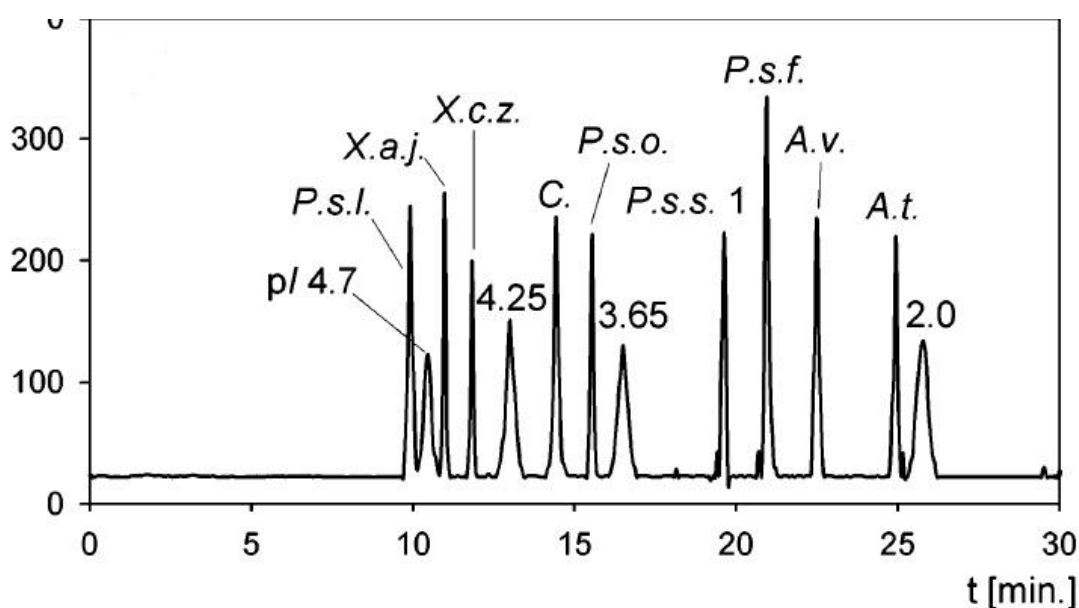
Οι Sarkar και Guttman (2004) μελέτησαν το γονιδίωμα 60 στελεχών του είδους *P. syringae* (τα οποία αντιπροσώπευαν 21 παθότυπους του είδους και 2 μη παθογόνα είδη του) με τη βοήθεια της μεθόδου MLST (*multilocus sequencing typing*) για 7 γονίδια ζωτικής σημασίας (*gyrB*, *rpoD*, *acnB*, *cts*, *gap*, *pgi* και *pfk*).

Δημιουργήθηκαν έτσι 4 ομάδες (Εικ. 9) οι τρεις εκ των οποίων ανταποκρίνονται γενικά με την κατάταξη των Sawada et al. (1999). Η τέταρτη περιλαμβάνει μόνο παθογόνα μονοκοτυλήδων φυτών και φαίνεται να ανταποκρίνεται στο *genomospecies* 4 όπως αυτό έχει προσδιοριστεί από τους Gardan et al. (1999). Συμπερασματικά, η ανάλυση της μοριακής ποικιλομορφίας των διαφόρων παθοτύπων έδειξε ότι η σχέση τους με τους ξενιστές μπορεί να ερμηνεύσει μόνο ένα μικρό μέρος της ολικής γενετικής ποικιλομορφία των παθοτύπων. Η μελέτη αυτή έδειξε επίσης ότι με βάση το βασικό γονιδίωμα, τα στελέχη *P. syringae* είναι πολύ ποικιλόμορφα και σταθερά είδη και ότι η γενετική ποικιλομορφία των γονιδίων ζωτικής σημασίας δεν μπορεί να προβλέψει με ακρίβεια τη σχέση των διαφόρων παθοτύπων με τους ξενιστές τους.



Εικ. 9. Φυλογενετική ανάλυση του *P. syringae* κατά Sarkar and Guttman (2004)

Οι Horka et al. (2007) χρησιμοποίησαν την τριχοειδή ισοηλεκτρική εστίαση (capillary isoelectric focusing- CIEF) με ανίχνευση υπεριώδους ακτινοβολίας (UV) για το διαχωρισμό παθότυπων του του *P. syringae* (*pv. lachrymans* και *pv. syringae*), *P. savastanoi* (*pv. oleae* και *pv. fraxinus*) καθώς και φυτοπαθογόνων βακτηρίων άλλων γενών. Μετά από κατάλληλη προετοιμασία των δειγμάτων και αφού ακολουθήθηκε το κατάλληλο πρωτόκολλο (Horka et al., 2007), μετρήθηκαν τα δείγματα (σε pH 2-4,7) και λήφθηκε το αντίστοιχο ηλεκτροφερόγραμμα (Εικ. 10) στο οποίο φαίνεται ο καθαρός διαχωρισμός των διαφόρων στελεχών.



Εικ. 10. Διαχωρισμός διαφόρων στελεχών φυτοπαθογόνων βακτηρίων με τη βοήθεια της τριχοειδούς ισοηλεκτρικής εστίασης με ανίχνευση UV.

Επίσης μελέτησαν την επίδραση των διαφορετικών ξενιστών και της διαφορετικής διάρκειας καλλιέργειας στα ηλεκτροφερογράμματα. Βρέθηκε ότι οι διαφορετικοί ξενιστές δεν έχουν καμία επίδραση στη διάκριση των στελεχών όπως επίσης και οι διαφορές στο χρόνο καλλιέργειας μεταξύ 24 και 48 ωρών. Συμπερασματικά η συγκεκριμένη μέθοδος φαίνεται να έδωσε πολύ ικανοποιητικά αποτελέσματα και βρέθηκε ότι μπορεί να αποτελέσει μια εναλλακτική μέθοδος ταυτοποίησης στελεχών.

Τα γονίδια του εκκριτικού συστήματος III ως δείκτες ταυτοποίησης και φυλογένειας μικροβίων

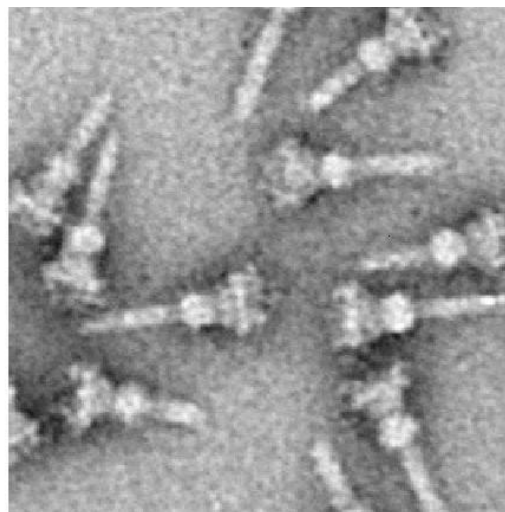
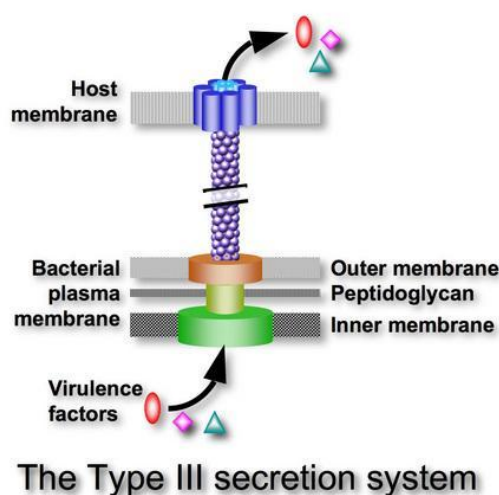
Τα μολυσματικά και μη-μολυσματικά στελέχη του *P. syringae* έχει διαπιστωθεί ότι δεν έχουν σημαντικές διαφορές σε βιοχημικά και μορφολογικά χαρακτηριστικά γι' αυτό η ανάλυση γονιδίων παθογένειας/μολυσματικότητας θεωρείται ότι ενδεχομένως μπορεί να διαφοροποιήσει παθότυπους ή και ακόμα φυλές. Από τους παράγοντες παθογένειας/μολυσματικότητας που έχουν χρησιμοποιηθεί για την ταξινόμηση στελεχών του *P. syringae* φαίνεται ότι τα γονίδια του εκκριτικού συστήματος τύπου III μπορούν να διαχωρίσουν τους διάφορους παθότυπους ή και τις φυλές τους.

Το εκκριτικό σύστημα τύπου III (*Type Three Secretion System - TTSS*) κωδικοποιείται από ~20 γονίδια *hrp* (*hypersensitive reaction and pathogenicity*). Εννέα γονίδια *hrp* είναι συντηρημένα στα παθογόνα φυτών και ζώων και ονομάστηκαν *hrc* (*hypersensitive response and conserved*), ενώ τα υπόλοιπα μη συντηρημένα ονομάζονται *hrp* (Πίνακας 7). Τα γονίδια *hrp/hrc* ομαδοποιούνται σε «νησίδες παθογένειας» οι περισσότερες των οποίων εντοπίζονται στα χρωμοσώματα και περιστασιακά στα πλασμίδια (Tampakaki et al., 2010).

Πίνακας 7. Πρωτεΐνες συσκευής εκκριτικού συστήματος τύπου III σε 4 διαφορετικά φυτοπαθογόνα βακτήρια (Tampakaki et al., 2010).

		<i>Pseudomonas</i> spp.	<i>Erwinia</i> spp.	<i>Ralstonia</i> spp.	<i>Xanthomonas</i> spp.
Core components	Conserved	HrcV, HrcN, HrcQA/HrcQB or HrcQ, HrcR, HrcS, HrcT, HrcU, HrcC, HrcJ			
	Non-conserved	HrpO	HrpO	HrpD	HrpB7
		HrpQ	HrpQ	HrpW	HrpD5
		HrpE	HrpE	HrpF	HrcL ^b
		HrpB	HrpB	HrpJ	HrpB2
		-	-	HrpH	HrpB4
		-	-	HrpK	HrpB1
		HrpD	HrpD	-	-
		HrpF	HrpF	-	-
		HrpG	HrpG	-	-
HrpT	HrpT	-	-		
HrpV	HrpV	-	-		
HrpJ	HrpJ	-	-		
Transcriptional regulators		HrpL, HrpR, HrpS	HrpL, HrpS, HrpX, HrpY	HrpB, HrpG	HrpX, HrpG
Secretion regulators	T3S4 proteins ^c	HrpP	HrpP	HpaP	HpaC ^d
	Other control proteins	HrpJ	HrpJ	-	HpaA, HpaB, HpaH
Extracellular proteins	Pilins	HrpA	HrpA	HrpY	HrpE
	Translocators	HrpK1	HrpK	PopF1, PopF2	HrpF
	Harpins and harpin-like proteins	HrpZ1, HrpW1, HopAK1	HrpN, HrpW	PopA1	HpaG ^e , Hpa1, XopA

Η συσκευή του εκκριτικού συστήματος τύπου III μοιάζει με μια σύριγγα μέσω της οποίας οι πρωτεΐνες τελεστές τύπου III (type III effectors – T3Es) εισέρχονται στο εσωτερικό του φυτικού κυττάρου (Εικόνα 11Α και 11Β) με αποτέλεσμα να διαταράσσουν το μεταβολισμό του. Οι τελεστές του *P. syringae* γενικά αναφέρονται ως Hrp (Hrp outer protein) βάσει της ικανότητάς τους να διασχίζουν το TTSS, αν και ορισμένοι τελεστές αναφέρονται ως “Avr” επειδή ανακαλύφθηκαν στην προγονιδιωματική περίοδο με βάση την ικανότητά τους να μετατρέπουν ένα παθογόνο στέλεχος σε μη παθογόνο σε ανθεκτικές ποικιλίες διαφόρων καλλιεργούμενων φυτών. Οι διάφοροι παθότυποι του *P. syringae* περιέχουν περίπου 30 τελεστές και υπάρχουν αρκετές διαφοροποιήσεις τόσο ως προς τον αριθμό και ως προς το είδος των τελεστών που έχουν, όσο και ως προς την αλληλουχία τους προσδίδοντας έτσι σημαντική γενετική ποικιλομορφία στους διάφορους παθότυπους. Χαρακτηριστική είναι η περίπτωση του τελεστή AvrPto, ομόλογα του οποίου αναλύθηκαν από τους παθότυπους *mori*, *lachrymans*, *myricae* και *oryzae* και βρέθηκε να έχουν αρκετές διαφορές στην αλληλουχία τους οι οποίες ενδεχομένως επηρεάζουν και την εξειδίκευση των παθοτύπων με διάφορα φυτά-ξενιστές (Nguyen et al 2010).



Εικ. 11. Α. Σχηματική απεικόνιση του εκκριτικού συστήματος τύπου III (<http://carbon.bio.ku.edu/research.html>) και Β. παρατήρηση απομονωμένων δομών με ηλεκτρονικό μικροσκόπιο (http://en.wikipedia.org/wiki/Type_three_secretion_system).

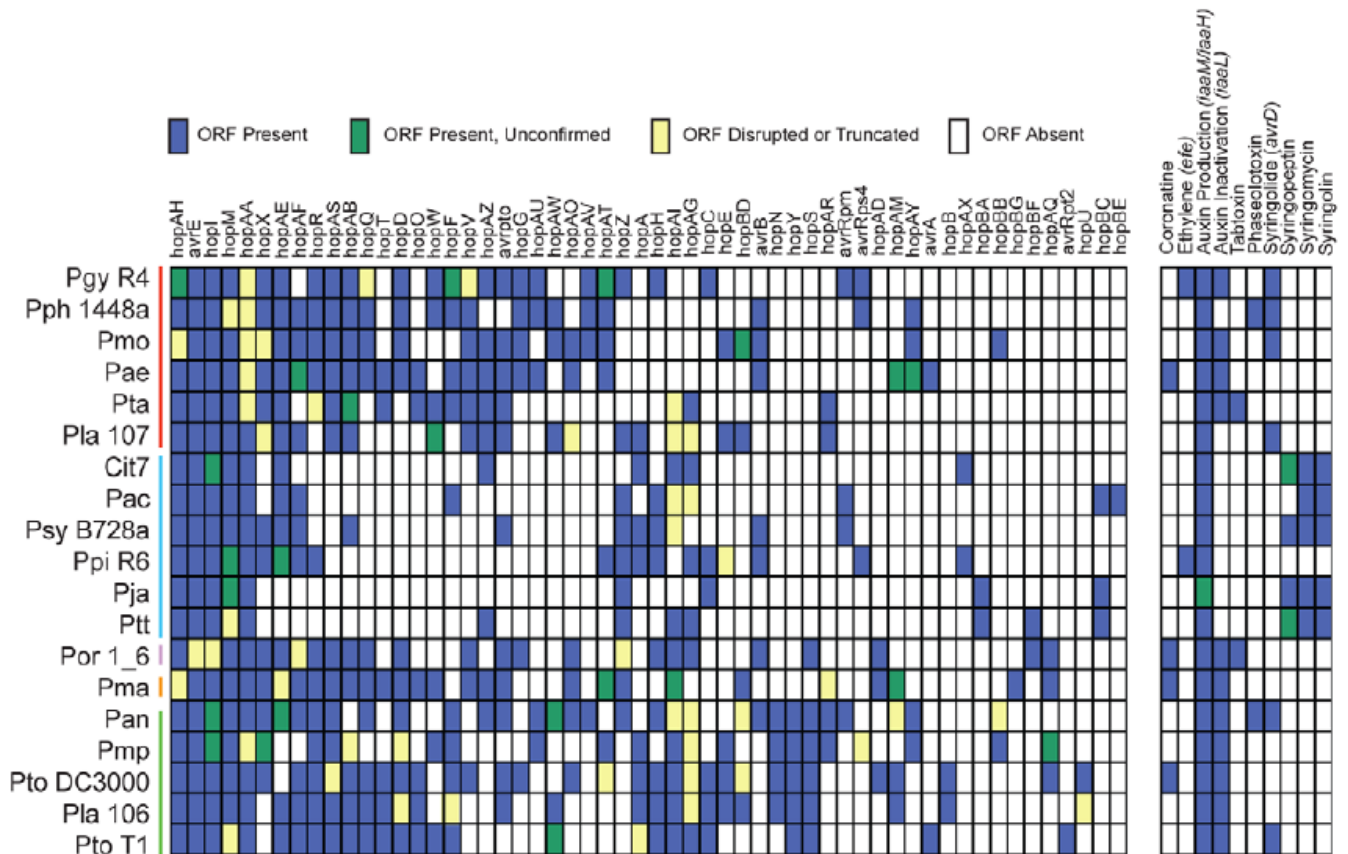
Η πρώτη μελέτη που χρησιμοποίησε γονίδια του εκκριτικού συστήματος τύπου III για την διαφοροποίηση παθοτύπων του *P. syringae* (Sawada et al 1999) έδειξε ότι τα γονίδια *hrpL* και *hrpS* (κωδικοποιούν μεταγραφικούς παράγοντες) μπορούν να

χρησιμοποιηθούν σε φυλογενετικές αναλύσεις γιατί δεν διαφάνηκε να έχουν υποστεί οριζόντια γονιδιακή μεταφορά μεταξύ των παθοτύπων του *P. syringae*. Το γονίδιο *hrpL* έχει επίσης χρησιμοποιηθεί ως γονίδιο-δείκτης για την ταυτοποίηση του *P. syringae* pv. *parulans* σε μολυσμένα φύλλα μηλιάς καθώς και φρούτων (Kerkoud et al 2002). Τα γονίδια *hrp* έχουν επίσης χρησιμοποιηθεί μέσω RFLP ανάλυσης για την ταυτοποίηση στελεχών του βακτηρίου *Ralstonia solanacearum* (Poussier et al. 1999). Πρόμοια, οι Poussier et al. (2000) χρησιμοποίησαν τα γονίδια *hrp* και 16S rDNA μέσω RFLP και AFLP ανάλυσης για τη διάκριση μια υποδιαίρεσης του *Ralstonia solanacearum*. Τέλος οι Trindade et al. (2006) χρησιμοποίησαν το γονίδιο *hrpB* ως δείκτη ταυτοποίησης του παθογόνου *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*.

Μετέπειτα μελέτες χρησιμοποίησαν άλλα γονίδια του εκκριτικού συστήματος τύπου III, όπως το *hrpZ* και *hrpA* (Zaccardelli et al., 2005, Inoue and Takikawa 2006). Το γονίδιο *hrpZ* παρότι είναι πολύ συντηρημένο μεταξύ των ψευδομονάδων εντούτοις περιέχει περιοχές που εμφανίζουν ποικιλομορφία και επιτρέπουν τη διαφοροποίηση ορισμένων τουλάχιστων παθοτύπων. Οι Zaccardelli et al (2005) σχεδίασαν ειδικούς εκκινητές που επιτρέπουν τη διαφοροποίηση των παθοτύπων *P. syringae* pv. *tomato* και *P. syringae* pv. *syringae* τόσο σε καθαρή καλλιέργεια όσο και σε μολυσμένα φυτά. Η διάκριση αυτή είναι ιδιαίτερα σημαντική γιατί οι δύο αυτοί παθότυποι προκαλούν παρόμοια συμπτώματα ασθένειας στην τομάτα και έτσι αποφεύγεται να γίνει λάθος κατά την πιστοποίηση της τομάτας. Οι Inoue και Takikawa (2006) χρησιμοποίησαν τα γονίδια *hrpZ* και *hrpA* και τα αποτελέσματα που προέκυψαν από την ομαδοποίηση των στελεχών που μελέτησαν συμφωνούσαν με προηγούμενες μελέτες των Sawada et al. (1999) και Gardan et al. (1999), ενώ ορισμένες περιπτώσεις παθοτύπων ήταν εφικτή μεγαλύτερη διαφοροποίηση. Οι Zaccardelli et al. (2007) χρησιμοποίησαν την PCR-RFLP μέθοδο για το συντηρημένο γονίδιο του Hrp- εκκριτικού συστήματος τύπου III, *hrcC*, για τον εντοπισμό και την ταυτοποίηση στελεχών του παθογόνου των σταυρανθών *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*.

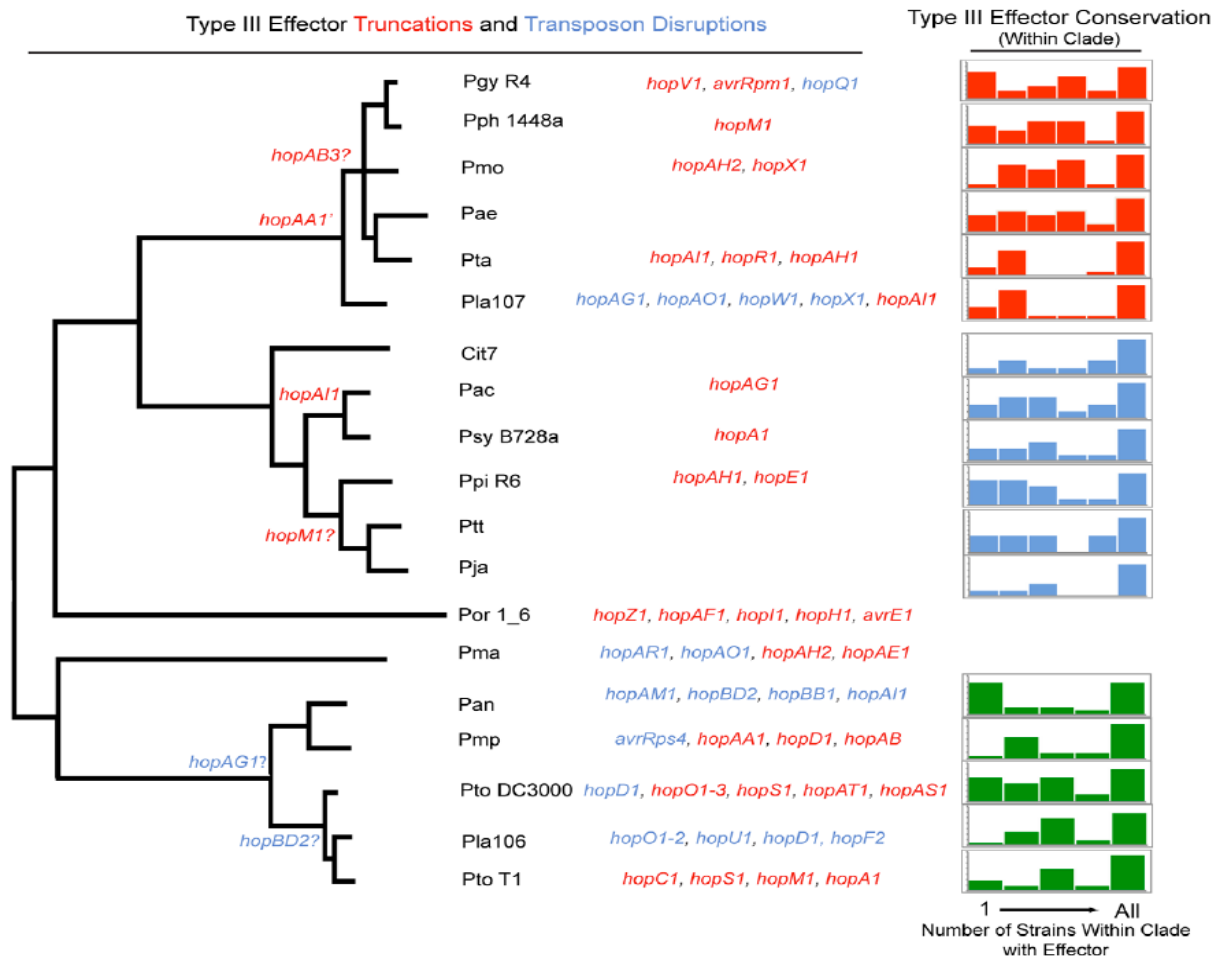
Σε μια πολύ πρόσφατη μελέτη (Baltrus et al. 2011) εξετάστηκαν τα γονιδιώματα 19 στελεχών του γένους *Pseudomonas* για τον εντοπισμό νέων γονιδίων TTEs. Έτσι εντόπισαν την ύπαρξη 8 νέων οικογενειών γονιδίων TTEs (*hop*), ανεβάζοντας έτσι τον πιστοποιημένο αριθμό TTE οικογενειών για το *P. syringae*, στις 58. Εν συνεχεία χαρακτήρισαν το περιεχόμενο των TTEs για κάθε ένα από τα αλληλουχημένα στελέχη *P. syringae* και παρατήρησαν ότι ο αριθμός των ομάδων

TTES ποικίλει πολύ έντονα μεταξύ των στελεχών (Εικ. 12). Εντόπισαν την ύπαρξη 5 οικογενειών TTEs οι οποίες υπάρχουν σε όλα τα παθογόνα στελέχη *P. syringae* (core TTEs). Αυτές ήταν οι *hopAA*, *avrE*, *hopM*, *hopI* και *hopAH*.



Εικ. 12. Περιεχόμενο TTEs για πλήρως αλληλουχημένα στελέχη *Pseudomonas*, Baltrus et al. (2011).

Επίσης παρατήρησαν την ύπαρξη μια ομάδας οικογενειών TTEs (*hopX*, *hopAE*, *hopAF*, *hopR*, *hopAS*, *hopAB*, *hopQ*, *hopD*, *hopT*, *hopO*, *hopW*, *hopF*, *hopV*, *hopAZ*, *avrPto*) οι οποίες απουσίαζαν από όλα τα στελέχη του group II της Εικόνας 5 καθώς επίσης και ότι τα περισσότερα στελέχη έχουν κοινές ομάδες TTEs με τουλάχιστον άλλο ένα στέλεχος από τον ίδιο κλάδο (Εικ. 13).

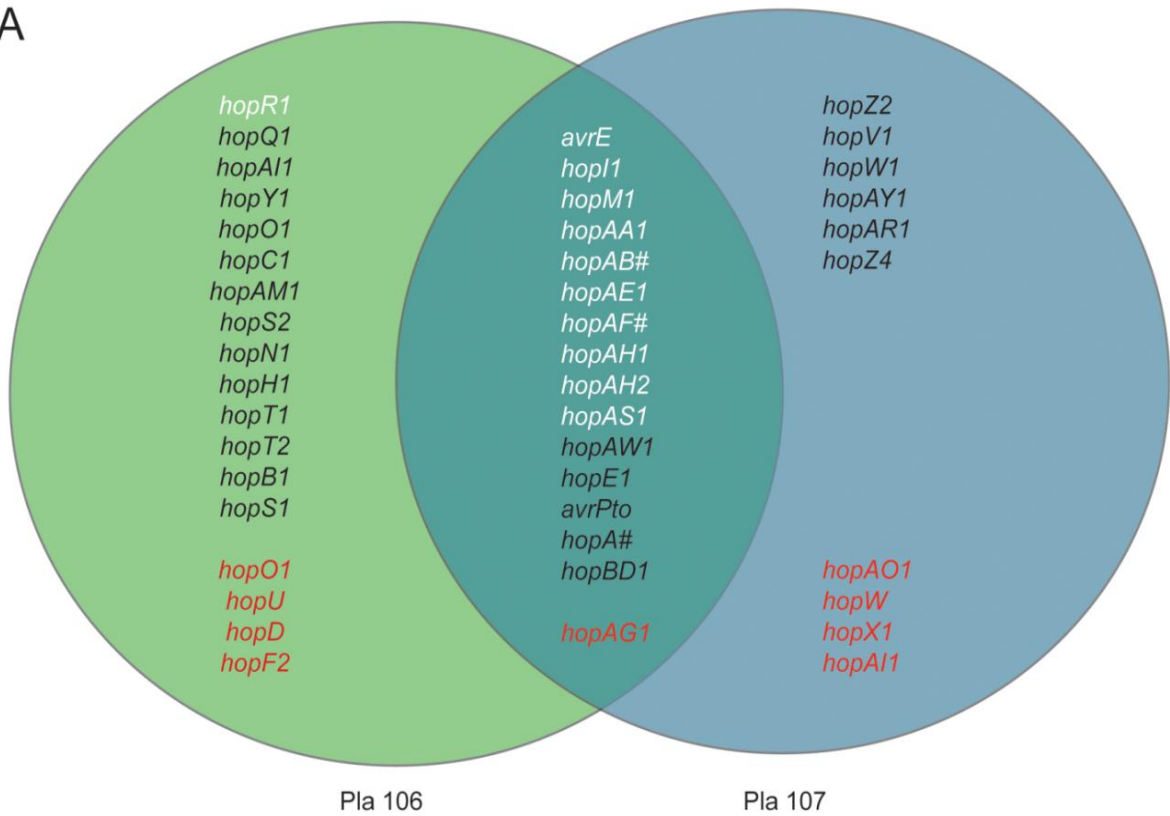


Εικ. 13. Συντηρημένες ομάδες TTEs στα στελέχη κάθε κλάδου.

Επιπρόσθετα, μελετώντας την ποικιλομορφία 35 οικογενειών TTEs (οι οποίες ήταν παρούσες στην πλειονότητα των στελεχών), μέσω του υπολογισμού της ποικιλομορφίας των ζευγών νουκλεοτιδίων για όλα τα γνωστά αλληλόμορφα, παρατήρησαν ότι τα γονίδια με τη μεγαλύτερη ποικιλομορφία ήταν τα *hopW*, *hopZ*, *avrB*, *hopAO*, *hopT*, *hopAB* και *hopF*. Ιδιαίτερο ενδιαφέρον παρουσιάζει η περίπτωση δύο στελεχών που ανήκουν στον ίδιο παθότυπο, *P.syringae* pv. *lachrymans*. Τα στελέχη Pla 106 και Pla 107 έχουν ορισμένους κοινούς τελεστές αλλά και τελεστές που απαντούν στο ένα μόνο ή στο άλλο στέλεχος (Εικόνα 14).

Συμπερασματικά, από τη μελέτη αυτή προκύπτει ότι η αλληλούχιση των διαφόρων στελεχών συμβάλλει σε μια πιο λεπτομερή διερεύνηση των γονιδίων παθογένειας και παρέχει την απαιτούμενη πληροφορία για την πληρέστερη ταυτοποίηση και εξελικτική ιστορία των διαφόρων του *P. syringae*.

A



Εικ. 14. Τελεστές στελεχών *P. syringae* pv. *lachrymans* 106 και *P. syringae* pv. *lachrymans* 107.

Σκοπός της μελέτης

Σκοπός της παρούσας μελέτης είναι η ταυτοποίηση στελεχών του γένους *Pseudomonas* και πιο συγκεκριμένα του είδους *P. syringae* pv. *lachrymans* σε επίπεδο παθότυπου ή ακόμα και στελέχους. Πιο συγκεκριμένα στην παρούσα εργασία διερευνήθηκε η δυνατότητα ταυτοποίησής τους χρησιμοποιώντας ως γενετικό δείκτη το γονίδιο *hrcC* του εκκρηκτικού συστήματος τύπου III.

ΥΛΙΚΑ ΚΑΙ ΜΕΘΟΔΟΙ

Βιολογικό Υλικό

Τα βακτηριακά στελέχη που χρησιμοποιήθηκαν απομονώθηκαν από φυτά του οροπεδίου του Λασιθίου Κρήτης αρχικά από τον Dr. Δ. Γκούμα και αποτελούν συλλογή του εργαστηρίου βακτηριολογίας του Τ.Ε.Ι. Κρήτης. Η κατάταξή τους στο βακτήριο *P. syringae* pv. *lachrymans* έγινε με βάση το μορφολογικό, φυσιολογικό, βιοχημικό και φαινοτυπικό προφίλ τους καθώς και με δοκιμές παθογένειας.

Στέλεχος	Είδος φυτού	Τοποθεσία	Προέλευση
<i>P.s. pv. lachrymans</i> 308	πεπόνι	Λασιθι Κρήτης	Dr. Δ. Γκούμας
<i>P.s. pv. lachrymans</i> 310	πεπόνι	Λασιθι Κρήτης	Dr. Δ. Γκούμας
<i>P.s. pv. lachrymans</i> 312	αγγούρι	Λασιθι Κρήτης	Dr. Δ. Γκούμας
<i>P.s. pv. lachrymans</i> 316	αγγούρι	Λασιθι Κρήτης	Dr. Δ. Γκούμας

Τα στελέχη από το πρόγραμμα BLAST καθώς και τα στελέχη αναφοράς, τα οποία χρησιμοποιήθηκαν για την ευθυγράμμιση των αποτελεσμάτων είναι τα εξής:

1. *P. syringae* pv. *phaseolicola* 3121
2. *P. syringae* pv. *phaseolicola* 1448
3. *P. syringae* pv. *syringae* 61
4. *P. syringae* pv. *syringae* B728A
5. *P. syringae* pv. *tomato* DC3000
6. *P. syringae* pv. *tomato* T1
7. *P. syringae* pv. *tabacci* 1528
8. *P. syringae* pv. *glycinea*
9. *P. syringae* pv. *savastanoi*
10. *P. syringae* pv. *targetis*
11. *P. syringae* pv. *maculicola*
12. *P. syringae* pv. *aptata*
13. *P. syringae* pv. *japonica* M301072PT
14. *P. syringae* pv. *cannabina* PSA1-3

15. *P. syringae* pv. *viridiflava* VAPNA3
16. *P. syringae* pv. *viridiflava* VAPL23
17. *P. syringae* pv. *lachrymans* M302278PT
18. *P. syringae* pv. *lachrymans* M301315
19. *P. syringae* pv. *morsprunorum* M302280
20. *P. syringae* pv. *mori* 301020
21. *P. syringae* pv. *aesculi* CPPB3681
22. *P. syringae* pv. *aesculi* 2250
23. *P. syringae* pv. *aesculi* 0893-23
24. *P. syringae* pv. *actinidiae* M302091
25. *P. syringae* pv. *maculicola* ES4326

Παρασκευή θρεπτικού υποστρώματος LB

1. Σε κωνική φιάλη 2L προσθέτουμε περίπου 500 ml απιονισμένου νερού και την τοποθετούμε στο μαγνητικό αναδευτήρα.
2. Προσθέτουμε 10 gr. Tryptone, 5 gr. Yeast Extract και 5 gr. Sodium Chloride (NaCl).
3. Ρυθμίζουμε το pH στο 7.
4. Αν πρόκειται για υγρές καλλιέργειες, συμπληρώνουμε με απιονισμένο νερό μέχρι το 1L.
5. Αν πρόκειται για στερεές καλλιέργειες, προσθέτουμε 18-20 gr. Bacteriological Agar και κατόπιν συμπληρώνουμε με απιονισμένο νερό μέχρι το 1L.
6. Αποστειρώνουμε τα υλικά μας στο κλίβανο στους 121 °C για 20 λεπτά.

Απομόνωση – Ανάλυση νουκλεϊνικών οξέων

Απομόνωση γενομικού DNA από βακτήρια *P. syringae* με Nucleospin Tissue (Macherey- Nagel)

1. 5ml θρεπτικού διαλύματος LB εμβολιάζονται με μία από τις προς εξέταση καλλιέργειών βακτηρίων του είδους *P. syringae*.
2. 2-5 ml από την παραπάνω καλλιέργεια μεταφέρονται σε σωλήνα erpendorf και φυγοκεντρώνται στις 13.000 στρ/λεπτό για 4 λεπτά σε θερμοκρασία δωματίου.
3. Το υπερκείμενο απομακρύνεται σχολαστικά και το ίζημα των κυττάρων επαναδιαλύεται σε 180 μl διαλύματος T1 πλήρως ώστε να μπορέσει να δράσει η πρωτεΐνωση K.
4. Προστίθενται 25 μl proteinase K.
5. Προστίθενται 20 μl RNase (20mg/ml) και το δείγμα αναδεύεται απαλά.
6. Το δείγμα τοποθετείται στους 56 °C για 30 λεπτά, ενώ γίνεται τακτική ανακίνησή του.
7. Προστίθενται 200 μl από το διάλυμα B₃.
8. Το δείγμα τοποθετείται στους 70 °C για 10 λεπτά.
9. Ακολουθεί φυγοκέντρωση του δείγματος στις 11000 στροφές/ λεπτό για 5 λεπτά και κατόπιν το υπερκείμενο τοποθετείται σε νέο erpendorf.
10. Τοποθετούνται 210 μl αιθανόλης (96-100%) και το δείγμα μεταφέρεται στη στήλη Macherey-Nagel.
11. Το δείγμα φυγοκεντρείται στις 11000 στρ./ λεπτό για 1 λεπτό και το διάλυμα το οποίο διαπέρασε τη στήλη απομακρύνεται.
12. Προστίθενται 500 μl διαλύματος BW και το δείγμα φυγοκεντρείται στις 11000 στρ./ λεπτό για 1 λεπτό, ενώ το διάλυμα που διαπέρασε τη στήλη απομακρύνεται.
13. Προστίθενται 600 μl διαλύματος BS και το δείγμα φυγοκεντρείται στις 11000 στρ./ λεπτό για 1 λεπτό, ενώ το διάλυμα που διαπέρασε τη στήλη απομακρύνεται.
14. Η στήλη τοποθετείται σε ένα νέο erpendorf και προστίθενται 100 μl διαλύματος BE και ακολουθεί φυγοκέντρωση στις 11000 στρ./ λεπτό για 1 λεπτό ενώ το διάλυμα διατηρείται (έκπλυση).

15. Τέλος επαναλαμβάνεται το βήμα 14 και το erpendorf με το συνολικό δείγμα φυλάσσεται στους -20°C .

Απομόνωση πλασμιδιακού DNA από μετασηματισμένα *E.coli* με QIAprep Miniprep (QIAGEN)

1. 5ml θρεπτικού διαλύματος LB που περιέχουν αμπικιλίνη εμβολιάζονται με μια μεμονωμένη αποικία κυττάρων *E.coli*, τα οποία έχουν μετασηματισθεί με το προς απομόνωση πλασμιδίο. Ακολουθεί επώαση με συνεχή ανακίνηση στους 37°C για περίπου 16 ώρες.
2. 2-5 ml από την παραπάνω καλλιέργεια μεταφέρονται σε σωλήνα erpendorf και φυγοκεντρώνονται στις 13.000 στρ/λεπτό για 4 λεπτά σε θερμοκρασία δωματίου.
3. Το υποκείμενο απομακρύνεται σχολαστικά και το ίζημα των κυττάρων επαναδιαλύεται σε 250 μl διαλύματος P1 (περιέχει RNase A).
4. Προστίθεται 250μl διαλύματος P2 (περιέχει NaOH), το δείγμα αναδεύεται απαλά και αφήνεται σε θερμοκρασία δωματίου για διάστημα λιγότερο από 5 λεπτά.
5. Προστίθενται 350μl διαλύματος εξουδετέρωσης N3 (περιέχει οξικό οξύ και γουανιδίνη-HCl), ακολουθεί ανάμιξη και φυγοκέντρωση στις 13.000 στρ./λεπτό για 10 λεπτά σε θερμοκρασία δωματίου.
6. Το υπερκείμενο απομακρύνεται προσεκτικά και μεταφέρεται στην στήλη QIAprep.
7. Ακολουθεί φυγοκέντρωση στις 13.000 στρ./λεπτό για 1 λεπτό σε θερμοκρασία δωματίου.
8. Το διάλυμα που διαπέρασε την στήλη πετάγεται, σε αυτό το στάδιο το πλασμιδιακό DNA έχει προσδεθεί στην στήλη.
9. Προστίθενται 350 μl διαλύματος PE (περιέχει αιθανόλη). Ακολουθεί φυγοκέντρωση στις 13.000 στρ./λεπτό για 1 λεπτό σε θερμοκρασία δωματίου, το διάλυμα που διαπερνά την στήλη απομακρύνεται και επαναλαμβάνεται η φυγοκέντρωση, ώστε να απομακρυνθεί τελείως το διάλυμα PE καθώς περιέχει αιθανόλη, η οποία αν παραμείνει μπορεί να παρεμποδίσει περαιτέρω ενζυμικές αντιδράσεις.

10. Το πάνω μέρος της στήλης τοποθετείται σε σωλήνα erpendorf. Για την έκλουση του DNA προστίθεται ddH₂O ή διάλυμα 30 μl EB (10mM Tris-HCl, pH:8,5).
11. Ακολουθεί φυγοκέντρηση της στήλης για 1 λεπτό στις 13.000 στρ./λεπτό σε θερμοκρασία δωματίου.
12. Το δείγμα φυλάσσεται στους -20°C.

Ηλεκτροφόρηση

1. Τα μόρια του DNA γίνονται ορατά με την προσθήκη βρωμιούχου αιθιδίου, το οποίο έχει την ιδιότητα να παρεμβάλλεται μεταξύ των βάσεων του DNA και φθορίζει παρουσία υπεριώδους φωτός. Η προετοιμασία της πηκτής αгарόζης γίνεται ως εξής:
2. Ποσότητα αгарόζης αναμειγνύεται, σε κωνική φιάλη Erlenmeyer, με ορισμένο όγκο διαλύματος ηλεκτροφόρησης 1xTAE. Η συγκέντρωση της πηκτής αгарόζης που χρησιμοποιήθηκε είναι 1%, η οποία έχει εύρος διαχωρισμού γραμμικών μορίων από 0,3 έως 10 kb.
3. Η φιάλη με την αгарόζη και το διάλυμα TAE θερμαίνεται σταδιακά σε φούρνο μικροκυμάτων έως ότου η αгарόζη διαλυθεί εντελώς.
4. Η θερμοκρασία του διαλύματος αφήνεται να πέσει έως τους 60°C και αφού προστεθεί διάλυμα βρωμιούχου αιθιδίου (10mg/ml) σε τελική συγκέντρωση 0,5 μg/ml, αφήνεται να στερεοποιηθεί σε οριζόντια συσκευή ηλεκτροφόρησης. Στη συσκευή προσαρμόζεται η κατάλληλη «χτένα» έτσι ώστε να σχηματιστούν, στην πηκτή, τα βοηθία φόρτωσης.
5. Η «χτένα» απομακρύνεται από την πηκτή. Η συσκευή συμπληρώνεται με διάλυμα ηλεκτροφόρησης TAE έτσι ώστε η πηκτή να παραμένει βυθισμένη 1-2 mm από την επιφάνειά του.
6. Τα δείγματα των νουκλεοξέων, αφού αναμιχθούν σε ρυθμιστικό διάλυμα φόρτωσης, τοποθετούνται στις εγκοπές τη πηκτής. Στη συνέχεια εφαρμόζεται στα άκρα της πηκτής κατάλληλη τάση.

Απομόνωση DNA από πηκτική αγαρόζη

Η απομόνωση DNA από πηκτική αγαρόζη έγινε σύμφωνα με το πρωτόκολλο QIAquick Gel Extraction Kit Protocol του εγχειριδίου της QIAGEN. Με το πρωτόκολλο αυτό μπορούν να απομονωθούν τμήματα DNA από 70 ως 10.000 βάσεις, από κοινή αγαρόζη ή από αγαρόζη χαμηλού σημείου τήξεως. Είναι συμβατό επίσης είτε με διάλυμα ηλεκτροφόρησης TAE είτε με TBE.

Η ανάκτηση κλάσματος DNA από πηκτική αγαρόζη γίνεται με τη χρήση του Min Elute Gel Extraction Kit Protocol (QIAGEN) σύμφωνα με την εξής διαδικασία:

1. Από τη πηκτική αγαρόζη απομονώνεται με τη χρήση καθαρού νυστεριού το τμήμα εκείνο το οποίο περιέχει την επιθυμητή ζώνη DNA.
2. Το κομμάτι αυτό τοποθετείται σε σωλήνα erpendorf ζυγίζεται και προστίθενται 3 όγκοι ρυθμιστικού διαλύματος QG (π.χ. για 100 mg πηκτικής αγαρόζης προστίθενται 300 μl διαλύματος QG)
3. Ακολουθεί επώαση στους 50°C για 10 λεπτά έως ότου διαλυθεί η αγαρόζη, με ταυτόχρονη ανακίνηση ανά 2-3 λεπτά.
4. Στο διάλυμα προστίθεται ένας όγκος ισοπροπανόλης και το μείγμα ανακινείται ήπια.
5. Το μείγμα μεταφέρεται σε στήλη MinElute και φυγοκεντρείται για 1 λεπτό στις 13.000 στρ./λεπτό.
6. Το υγρό που έχει περάσει από τη στήλη απομακρύνεται και προστίθεται στη στήλη 500 μl ρυθμιστικού διαλύματος QG. Ακολουθεί φυγοκέντρηση για 1 λεπτό στις 13.000 στρ./λεπτό.
7. Το υγρό που έχει περάσει από τη στήλη απομακρύνεται και η στήλη ξεπλένεται με 750 μl ρυθμιστικού διαλύματος PE. Ακολουθεί φυγοκέντρηση για 1 λεπτό
8. Πραγματοποιείται μία επιπλέον φυγοκέντρηση για 1 λεπτό.
9. Η στήλη μεταφέρεται σε νέο σωλήνα erpendorf και το DNA εκλύεται με τη προσθήκη στη στήλη 30 μl διαλύματος έκλυσης ή ddH₂O και ακολουθεί φυγοκέντρηση για 1 λεπτό.

Κλωνοποίηση τμημάτων σε πλασμιδιακό φορέα

Κλωνοποίηση ενθέματος σε πλασμιδιακό φορέα

Ως πλασμιδιακός φορέας χρησιμοποιήθηκε ο pGEM-T Easy (Promega). Ο συγκεκριμένος φορέας προσδίδει στα μετασχηματισμένα βακτήρια, ανθεκτικότητα στο αντιβιοτικό αμικικίνη ως μέσο επιλογής. Ακόμα προσδίδει συμπληρωματική δυνατότητα επιλογής λευκών η μπλε αποικιών (έχουν το πλασμίδιο με ενσωματωμένο το ένθετο ή έχουν το πλασμίδιο χωρίς το ένθετο, αντίστοιχα) αφού περιέχει τμήμα του γονιδίου *lacZ* του *E.coli* που κωδικοποιεί για το α-πεπτιδίο του ενζύμου β-γαλακτοσιδάση, η οποία μεταβολίζει την οργανική ένωση X-Gal, που βρίσκεται στο υπόστρωμα, παράγοντας μια αδρανή μπλε ουσία. Η ένθεση ξένου DNA στην περιοχή του πολυσυνδέσμου διακόπτει τη μεταγραφή του γονιδίου *lacZ* με αποτέλεσμα την αδυναμία μεταβολισμού της X-Gal και κατά συνέπεια την απουσία ανάπτυξης μπλε χρώματος στις βακτηριακές καλλιέργειες. Επιπλέον φέρει μια πολλαπλή θέση κλωνοποίησης (πολυσύνδεσμος) εντός του γονιδίου *lacZ* καθώς και τους προαγωγείς της RNA πολυμεράσης, T7 και SP6 οι οποίοι βρίσκονται ένθεν και έκθεν του πολυσυνδέσμου. Το γονίδιο της β-γαλακτοσιδάσης βρίσκεται υπό τον μεταγραφικό έλεγχο των παραπάνω προαγωγέων ενώ η μεταγραφή μπορεί να επάγεται παρουσία του χημικού αναλόγου της λακτόζης IPTG (Ισοπροπυλοθειογαλακτοσίδιο). Επίσης, ο συγκεκριμένος φορέας πολλαπλασιάζεται σε πολλά αντίγραφα μέσα στα βακτήρια επιτρέποντας τη παραλαβή μεγάλης ποσότητας πλασμιδιακού DNA από μικρή ποσότητα καλλιέργειας. Τέλος, είναι γραμμικός και μπορεί να χρησιμοποιηθεί κατευθείαν για λιγοποίηση με κάποιο ένθετο.

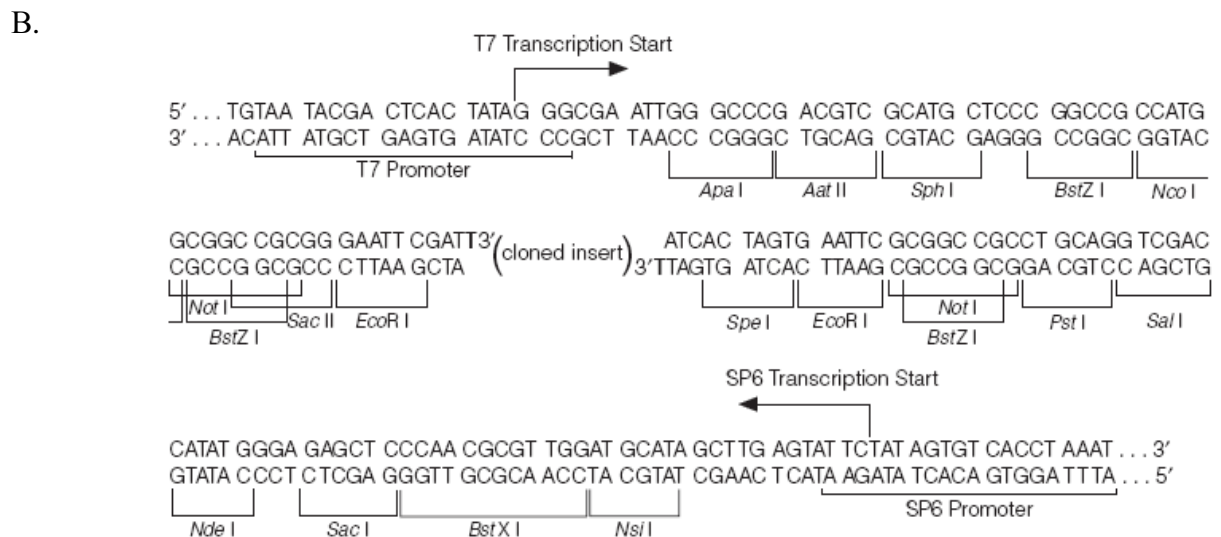
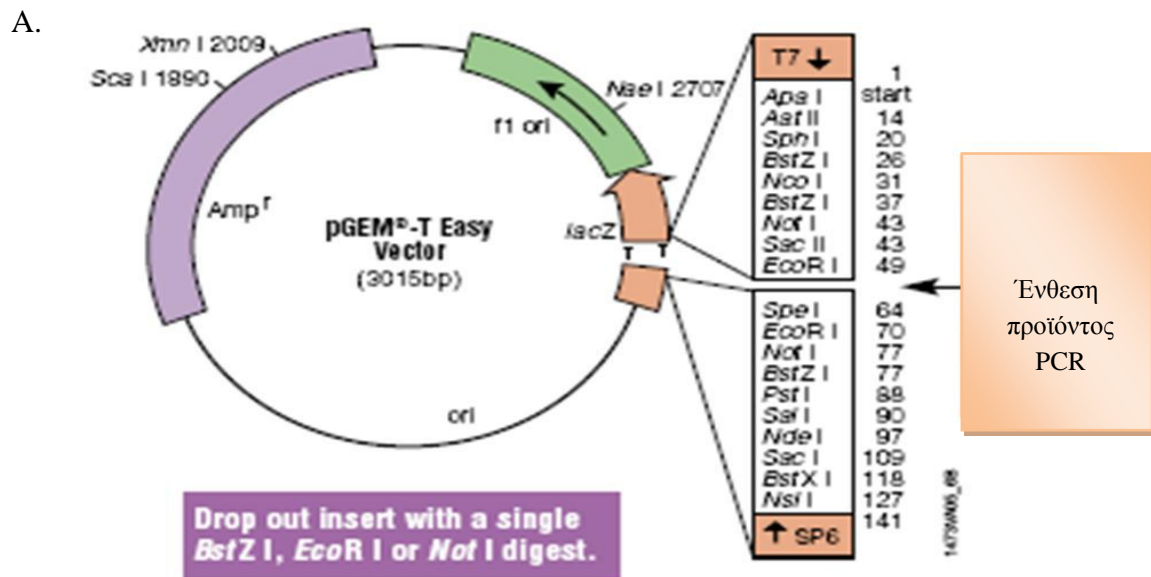
Ενσωμάτωση τμημάτων DNA με τυφλά άκρα στο πλασμιδιακό φορέα (Ligation)

Τμήματα DNA τα οποία προκύπτουν από την αλυσιδωτή αντίδραση της πολυμεράσης φέρουν κολλώδη άκρα, οπότε για την κλωνοποίηση τους χρησιμοποιείται ο πλασμιδιακός φορέας pGEM-T Easy (Promega, Εικόνα 15). Η αντίδραση ενσωμάτωσης περιλαμβάνει:

- DNA πλασμιδιακός φορέας: 0.5 μl
- DNA ένθεσης: 3.0 μl
- 2X ρυθμιστικό διάλυμα λιγάσης: 10.0 μl

- Ένζυμο λιγάσης T4: 0.5 μl
- ddH₂O: μέχρι 20.0 μl

Η αντίδραση λαμβάνει χώρα στους 16°C για 24 ώρες.



Εικόνα 15. Φορέας κλωνοποίησης pGEM-T Easy.

Μετασχηματισμός κυττάρων *E.coli*

Δημιουργία δεκτικών βακτηριακών κυττάρων *E.coli* (Competent cells)

1. 10 ml LB θρεπτικού υλικού εμβολιάζονται με μια αποικία *E.coli* DH5a και επωάζονται, με ανακίνηση, για περίπου 18 ώρες στους 37°C.
2. 2 ml της παραπάνω καλλιέργειας χρησιμοποιούνται για τον εμβολιασμό 200 ml αποστειρωμένου θρεπτικού υλικού LB. Ακολουθεί επώαση με ανακίνηση στους 37°C για 2 περίπου ώρες (O.D.₆₀₀=0,3-0,4).
3. Ο χειρισμοί οι οποίοι ακολουθούν παρακάτω γίνονται ή στον πάγο ή στους 4°C
4. Το ίζημα των κυττάρων αφού επαναδιαλύεται με ήπια ανάδευση σε 25ml 0,1M MgCl₂ φυγοκεντρείται στις 6.000 στρ./λεπτό για 10 λεπτά.
5. Το ίζημα των κυττάρων επαναδιαλύεται σε 25 ml 0,1 M CaCl₂ και διατηρείται σε πάγο για 20 λεπτά. Ακολουθεί φυγοκέντρωση για 10 λεπτά στις 6.000 στρ./λεπτό.
6. Το ίζημα επαναδιαλύεται σε 10 ml 0,1M CaCl₂ και προστίθεται γλυκερόλη σε τελική συγκέντρωση 20% (v/v). Τα κύτταρα αφού τοποθετηθούν σε σωλήνες erpendorf φυλάσσονται στους -80°C.

Μετασχηματισμός δεκτικών κυττάρων *E.coli* με πλασμίδια

1. Σε σωλήνα erpendorf μεταφέρονται, μέσα σε πάγο, 200 μl δεκτικών κυττάρων σε κατάλληλο στέλεχος *E.coli*.
2. Προστίθενται 10-100ng πλασμιδιακού DNA και αναμειγνύονται πολύ ήπια.
3. Το μείγμα κυττάρων – πλασμιδικού DNA επωάζεται στο πάγο για 30 λεπτά.
4. Η είσοδος του πλασμιδίου στα κύτταρα επιτυγχάνεται με την υποβολή τους σε θερμικό σοκ στους 42°C για 90 δευτερόλεπτα και στην συνέχεια την απευθείας μεταφορά τους στο πάγο για 2 λεπτά.
5. Προστίθενται 800 μl LB θρεπτικού διαλύματος και τα δείγματα επωάζονται στους 37°C για 45 με 60 λεπτά.
6. Τα κύτταρα επιστρώνονται σε τριβλία με θρεπτικό υλικό LB και το κατάλληλο αντιβιοτικό (αμπικιλίνη για τον φορέα pGEM-T Easy) για την επιλογή των μετασχηματισμένων κυττάρων.

Επιλογή ανασυνδυασμένων βακτηριακών κλώνων

Η ταυτοποίηση των βακτηριακών κλώνων έγινε με δύο τρόπους,:

(α) Χρωματική επιλογή: βασίζεται στην ενεργότητα της β-γαλακτοσιδάσης. Η παρεμβολή του ενθέματος εμποδίζει την παραγωγή καταλυτικά ενεργής β-γαλακτοσιδάσης με αποτέλεσμα οι αντίστοιχες αποικίες να εμφανίζονται λευκές, σε θρεπτικό μέσο που περιέχει το χρωμογόνο υπόστρωμα X-gal (5-bromo-4-chloro-3-indolyl-β-D-galactopyranoside) του ενζύμου. Έτσι, οι αποικίες που φέρουν ανασυνδυασμένο πλασμίδιο, λόγω της διακοπής του γονιδίου που κωδικοποιεί τη β-γαλακτοσιδάση από το ένθεμα, εμφανίζονται λευκές. Αντίθετα, οι αποικίες με τα μη ανασυνδυασμένα πλασμίδια, λόγω της δράσης του ενζύμου αναπτύσσουν μπλε χρώμα (Εικ. 16). Η επιλογή των αποικιών που φέρουν ανασυνδυασμένα πλασμίδια πραγματοποιείται με ανάπτυξη σε θρεπτικό υπόστρωμα LB που περιέχει αμπικιλίνη και 50 μl X-Gal από πυκνό διάλυμα 2% (w/v) ανά τριβλίο. Μετά την ανάπτυξη των μετασχηματισμένων βακτηρίων στο θρεπτικό μέσο LB επιλέγονται μοναδιαίες λευκές αποικίες και γίνεται εμβολιασμός σε θρεπτικό μέσο LB πάλι παρουσία αμπικιλίνης. Αφού γίνει επώαση των καλλιεργειών στους 37°C για μια μέρα χρησιμοποιούνται για την απομόνωση πλασμιδίου (το οποίο περιέχει το ένθετο).

(β) Με PCR: στην περίπτωση αυτή πλασμιδιακό DNA από κάθε βακτηριακή αποικία που εξετάζεται χρησιμοποιείται ως μήτρα σε αντιδράσεις PCR, ενώ επιλέγονται εκκινητές που υβριδίζουν εκατέρωθεν της θέσης κλωνοποίησης του ενθέματος.



αποικίες με μη ανασυνδιασμένα
πλασμίδια, μπλε χρώμα.

αποικίες με ανασυνδιασμένα
πλασμίδια, λευκό χρώμα.

Εικ. 16. Τριβλίο με αποικίες ανασυνδιασμένων και μη ανασυνδιασμένων βακτηριακών κλώνων λευκές και μπλε αντιστοίχως.

Αλυσιδωτή αντίδραση πολυμεράσης (Polymerase Chain Reaction, PCR)

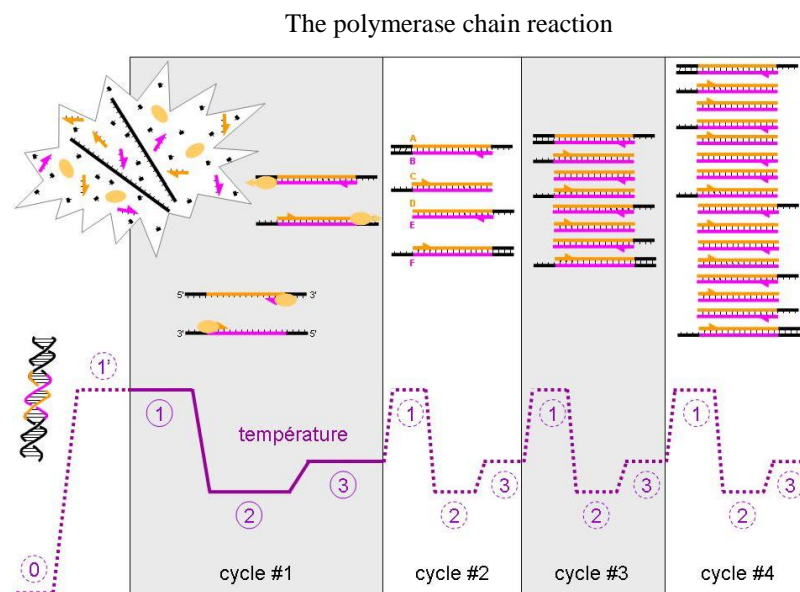
Η αλυσιδωτή αντίδραση πολυμεράσης (Polymerase Chain Reaction - PCR) είναι μια τεχνική που επιτρέπει το πολλαπλασιασμό ειδικών τμημάτων δίκλωνου DNA μέσα σε λίγες ώρες. Η τεχνική αυτή έφερε επανάσταση στο χώρο της μοριακής βιολογίας, της ιατροδικαστικής, κλινικής έρευνας καθώς και σε άλλα πεδία. Η τεχνική της PCR ανακαλύφθηκε το 1983 από τον Kary Mullis, ο οποίος έλαβε το νόμπελ Ιατρικής το 1993.

Η PCR πραγματοποιείται σε 3 κύρια βήματα τα οποία επαναλαμβάνονται 20-40 φορές και εκτελείται σε ένα αυτοματοποιημένο κυκλοποιητή, ο οποίος μπορεί να θερμαίνει και να ψύχει δοκιμαστικά σωληνάκια σε πολύ μικρό χρονικό διάστημα:

1. Αποδιάταξη του DNA στους 94°C: αρχικά, το DNA που περιέχει το τμήμα που πρόκειται να πολλαπλασιαστεί, θερμαίνεται για να μετουσιωθεί (δηλαδή να ανοίξει το δίκλωνο μόριο του DNA).
2. Σύνδεση (annealing) στους 50-60°C: το μείγμα αντίδρασης κρύνει στη παρουσία περίσσειας δυο μονόκλωνων ολιγονουκλεοτιδίων, που ονομάζονται εκκινητές (τμήματα DNA μεγέθους 15-30 νουκλεοτιδίων), οι οποίοι είναι συμπληρωματικοί με τις δυο αλυσίδες του DNA που οριοθετούν το τμήμα DNA-στόχο. Επειδή η σύνθεση του DNA γίνεται πάντα με κατεύθυνση 5'

προς 3' , θα πρέπει οι δυο εκκινητές να είναι συμπληρωματικοί με τις δυο αντίθετες αλυσίδες του δίκλωνου DNA.

3. Επιμήκυνση (elongation) στους 72°C: στο βήμα αυτό πραγματοποιείται η σύνθεση του DNA με τη βοήθεια μιας θερμοσταθερής πολυμεράσης η οποία προστίθεται στο διάλυμα μαζί με 4 τριφωσφορικά δεσοξυριβονουκλεοτίδια (dNTPs: dATP, dCTP, dGTP, dTTP), έτσι ώστε να συντεθούν δυο νέες αλυσίδες DNA που είναι πανομοιότυπες με το αρχικό DNA (template DNA). Η πολυμεράση προσθέτει νουκλεοτίδια στο 3' άκρο του κάθε εκκινητή με κατεύθυνση 5' προς 3'.



Η θερμοσταθερή πολυμεράση που χρησιμοποιείται συνήθως σε αντιδράσεις PCR έχει απομονωθεί από το θερμοφιλό βακτήριο *Thermus aquaticus*. Επειδή το ένζυμο αυτό είναι θερμοσταθερό, μπορεί να αντέξει την υψηλή θερμοκρασία που απαιτείται για την μετουσίωση του DNA και να διατηρεί την ενεργητικότητά του. Μετά την ανάπτυξη αυτής της τεχνικής, οι εταιρείες βιοτεχνολογίας έχουν αναπτύξει ένα αριθμό βελτιωμένων και εξειδικευμένων πολυμερασών για τη χρήση τους στην PCR. Πολλές από αυτές είναι πιο ακριβείς (συνθέτουν χωρίς λάθη) από ότι η παραδοσιακή Taq polymerase, επειδή εμφανίζουν 3' προς 5' επιδιορθωτική ικανότητα (proofreading activity). Η Taq polymerase δεν έχει επιδιορθωτική

ικανότητα, αυξάνοντας έτσι την πιθανότητα δημιουργίας σημειακών μεταλλαγών (αλλαγές σε ένα μόνο ζεύγος νουκλεοτιδίων) στα προϊόντα της PCR.

Στη διάρκεια της PCR, επειδή και οι δυο αλυσίδες του DNA αντιγράφονται υπάρχει μια εκθετική αύξηση στον αριθμό των αντιγράφων που παράγονται. Αν τα τρία παραπάνω βήματα (αποδιάταξη, σύνδεση, επιμήκυνση) επαναληφθούν πολλές φορές (30-40) τότε το τμήμα του δίκλωνου DNA που οριοθετείται από τις αλληλουχίες των εκκινητών θα πολλαπλασιαστεί σε εκατομμύρια αντίγραφα μέσα σε λίγες ώρες. Αν υποθέσουμε ότι αρχικά υπάρχει ένα αντίγραφο του DNA-στόχου τότε μετά από ένα κύκλο θα υπάρχουν 2 αντίγραφα, μετά από 2 κύκλους 4 αντίγραφα, μετά από 3 κύκλους 8 κ.ο.κ.

Η αλυσιδωτή αντίδραση της πολυμεράσης (PCR) χρησιμοποιήθηκε για την ενίσχυση τμημάτων DNA απευθείας από το DNA των υπό μελέτη βακτηριακών στελεχών με τη χρήση ειδικά σχεδιασμένων εκκινητών. Οι ακριβείς συνθήκες πραγματοποίησης μια τυπικής αντίδρασης PCR προσαρμόζονται κάθε φορά στις απαιτήσεις του συγκεκριμένου πειράματος. Συγκεκριμένα, η ποσότητα της μήτρας DNA, που προστίθεται κάθε φορά, εξαρτάται από το είδος του και ειδικά στην περίπτωση γονιδιωματικού DNA χρησιμοποιείται ποσότητα ίση περίπου με 1 μg .

Μια τυπική αντίδραση PCR πραγματοποιείται ως εξής:

Σε ειδικό σωλήνα eppendorf προστίθεται:

- | | |
|--|----------------------------------|
| • Γονιδιωματικό DNA | 1 μg |
| • Εκκινητής ευθείας κατεύθυνσης (Forward) (10 μM) | 1 μl |
| • Εκκινητής αντίστροφης κατεύθυνσης Reverse (10 μM) | 1 μl |
| • Μίγμα dNTPs (10 mM το καθένα) | 1 μl |
| • 10x PCR ρυθμιστικό διάλυμα | 5 μl |
| • DMSO | 2 μl |
| • DyNAzyme II DNA πολυμεράση (FINNZYMES)(2 U/ μl) ² | 0.5 μl |
| • ddH ₂ O | έως τελικό όγκο 50 μl |

Η θερμοκρασία υβριδισμού εξαρτάται από τη θερμοκρασία τήξης (T_m) των εκκινητών και είναι, συνήθως 5°C κάτω από αυτήν. Οι εξειδικευμένες συνθήκες PCR,

οι οποίες χρησιμοποιήθηκαν για το κάθε γονίδιο που μελετήθηκε, αναφέρονται στο κεφάλαιο αποτελέσματα.

Το πρόγραμμα το οποίο χρησιμοποιείται για την PCR προγραμματίζεται στην συσκευή του ειδικού θερμικού κυκλοποιητή.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ

Μοριακή ανάλυση γονιδίου *hrcC*

Ενίσχυση τμήματος γονιδίου *hrcC*

Προκειμένου να πραγματοποιηθεί μοριακή ανάλυση του γονιδίου *hrcC*, απομονώθηκε γενωμικό DNA (Εικόνα 17) από τα στελέχη *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.308, *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.310, *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.312, *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.316, και στη συνέχεια πραγματοποιήθηκε ενίσχυση τμήματος ~713 ζευγών βάσεων με χρήση της τεχνικής PCR. Οι εκκινητές που χρησιμοποιήθηκαν για την ενίσχυση με PCR του τμήματος *hrcC*:

Forward:

hrcC-F1:5' - CAGTGGTTYGTSTATAACGACAC -3'

Reverse:

hrcC-R1:5' - GCRTC GATTT CGATCAGGTTGCG -3'

Από τα δείγματα καθώς και από όλα τα στελέχη που χρησιμοποιήθηκαν για την δημιουργία των φυλογενετικών δέντρων χρησιμοποιήθηκε συγκεκριμένο τμήμα του γονιδίου *hrcC* ~713 ζευγών βάσεων, ενώ όλο το γονίδιο αποτελείται από ~2106 ζεύγη βάσεων. Το τμήμα αυτό περιορίζετε σύμφωνα με τους παραπάνω εκκινητές.

Παράδειγμα:

Pseudomonas syringae pv. *syringae* str.61 γονίδιο *hrcC*

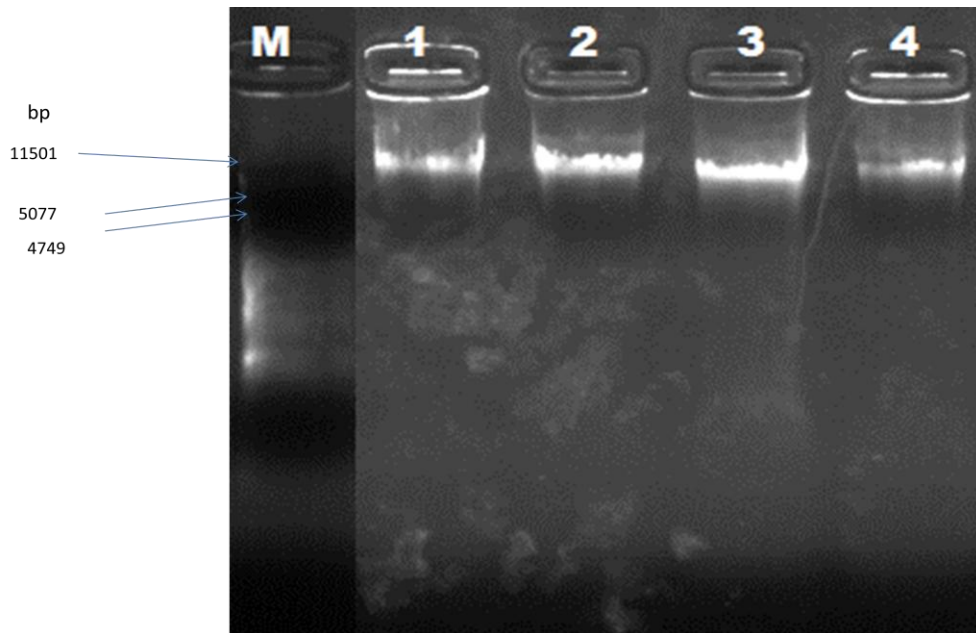
```
atgcgcaaggccttgatgtggttgcctttattgttgatcgggctgtcccccgccacgtgggcggtgacccccgaagcctgga  
aacatacggcttacgcctacgatgcccggcagaccgagctggcgacggcgctggccgacttcgccaaggaattcggcat  
ggcgctggacatgccgccatcccgggagtcctcgatgaccggatacgcgccagagccccggaagagtttctcgatcgt  
ctgggccaggaatataccttc cagtggttgtgataacgacacgtgtacgtcagcccctccagcgagcacacctcggcac  
gcatcgaagtgtcctccgacgcggtggatgacctgcagactgccttgaccgatgtggggctgctggacaagcgttcgggt  
ggggggtattgccgaacgaaggcgtggttctggttcgcgccccggcaaaatatgtggaactggtgcgcgattacagcaag  
aaagtcgaagcggcggaaaagggcgacaaacaggacgtcatcgtatttccgctcaagtacgccagtgtcggaccgca
```

ccattcgtatcgcgatcaacaactggtggtcgccgggtgcgccagcattctccaggatttgctggatacccgttctcatggc
 ggggtccatcaatggtatggatctgctggggcgaggcggtcgcggtaacggcttggcggggcggtggcagccccggacact
 ccgagtctgccaatgagctccagcggcctcgataccaatgcgttggagcagggcctcgatcaggtgctgcaactatggtgg
 cggcggcacgaaaagcagtggaagagtcgctctggcggggcgggccaacatccgtgtaaccgccgatgtccgtaacaa
 tgccgtgctgatctacgacttgcctcgcgcaaggccatgtacgaaaagctcatcaaagagctggatgttctgcgcaacctg
 atcgaaatcgacgccgtgattctcgacatcgatcgcaacgagctggcagaactgtccagccgctggaacttcaatgccgg
 gagtgtcaacggggggcccaacatgttcgacgctggca.....agagccggccatcactgctccggggg
 gcaaagccatga

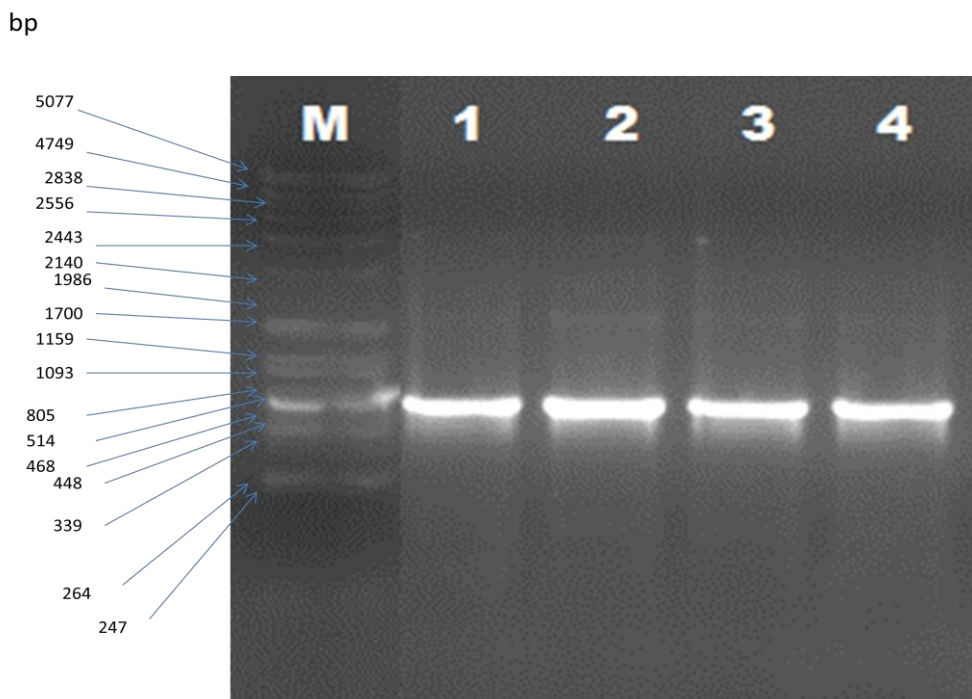
Για την ενίσχυση του τμήματος του γονιδίου *hrcC*, οι συνθήκες πραγματοποίησης της αλυσιδωτής αντίδρασης της πολυμεράσης ήταν:

Αρχική αποδιάταξη	94°C για 5 λεπτά		
Αποδιάταξη	94°C για 1 λεπτό	←	19
Υβριδισμός εκκινητών κύκλοι	55°C για 45 δευτερόλεπτα		
Επιμήκυνση	72°C για 1 λεπτό		
Αποδιάταξη	94°C για 1 λεπτό	←	20
Υβριδισμός εκκινητών κύκλοι	45°C για 45 δευτερόλεπτα		
Επιμήκυνση	72°C για 1 λεπτό		
Τελική επιμήκυνση	72°C για 5 λεπτά		

Τα προϊόντα τα οποία προέκυψαν από την PCR, κλωνοποιήθηκαν σε πλασμιδιακό φορέα pGEM-T Easy (Promega) και στη συνέχεια πραγματοποιήθηκε ανάλυση της νουκλεοτιδικής αλληλουχίας τους (sequencing).



Εικ. 17. Απομόνωση γενομικού DNA στα *Pseudomonas syringae pv. lachrymans str.308* (1) , *Pseudomonas syringae pv. lachrymans str.310* (2), *Pseudomonas syringae pv. lachrymans str.312* (3), *Pseudomonas syringae pv. lachrymans str.316* (4). (M= μάρτυρας μοριακών μεγεθών λDNA*PstI*).



Εικ. 18. Ενίσχυση με PCR τμήματος του γονιδίου *hrcC* στα *Pseudomonas syringae pv. lachrymans str.308* (1) , *Pseudomonas syringae pv. lachrymans str.310* (2) , *Pseudomonas syringae pv. lachrymans str.312* (3) , *Pseudomonas syringae pv. lachrymans str.316* (4). (M= μάρτυρας μοριακών μεγεθών λDNA*PstI*).

Αποτελέσματα BLAST για το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.308

Πραγματοποιήθηκε σύγκριση της αλληλουχίας του γονιδίου *hrcC* από το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.308, με τα στοιχεία της βάσεως δεδομένων του National Center of Biotechnology Information (NCBI) μέσω του διαδικτυακού προγράμματος BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) και επιλέγοντας τη βάση δεδομένων που περιέχει whole-genome sequences contigs (Πίνακας 8).

Πίνακας 8. Ανάλυση BLAST του *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.308.

Rank	Name/ Title	Accession number	Max ident
1	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. japonica str. M301072	ΑΕΑΗ01000152.1	97%
2	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. aptata str. DSM 50252	ΑΕΑΝ01000175.1	97%
3	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. pisi str. 1704B	ΑΕΑΙ01002111.1	97%
4	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. aceris str. M302273	ΑΕΑΟ01000028.1	93
5	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. maculicola str. ES4326	ΑΕΑΚ01000043.1	83
6	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. lachrymans str. M301315	ΑΕΑΦ01000082.1	82%

Αποτελέσματα BLAST για το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.310

Πραγματοποιήθηκε σύγκριση της αλληλουχίας του γονιδίου *hrcC* από το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.310, με τα στοιχεία της βάσεως δεδομένων του National Center of Biotechnology Information (NCBI) μέσω του διαδικτυακού προγράμματος BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) και επιλέγοντας τη βάση δεδομένων που περιέχει whole-genome sequences contigs (Πίνακας 9).

Πίνακας 9. Ανάλυση BLAST του *Pseudomonas syringae pv. lachrymans* str.310.

Rank	Name/ Title	Accession number	Max ident
1	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. japonica str. M301072	AEAH01000152.1	99%
2	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. aptata str. DSM 50252	AEAN01000175.1	99%
3	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. pisi str. 1704B	AEAI01002111.1	99%
4	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. aceris str. M302273	AEAO01000028.1	95%
5	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. maculicola str. ES4326	AEAK01000043.1	84%
6	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. lachrymans str. M301315	AEAF01000082.1	83%

Αποτελέσματα BLAST για το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.312

Πραγματοποιήθηκε σύγκριση της αλληλουχίας του γονιδίου *hrcC* από το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.312, με τα στοιχεία της βάσεως δεδομένων του National Center of Biotechnology Information (NCBI) μέσω του διαδικτυακού προγράμματος BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) και επιλέγοντας τη βάση δεδομένων που περιέχει whole-genome sequences contigs (Πίνακας 10).

Πίνακας 10. Ανάλυση BLAST του *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.312.

Rank	Name/ Title	Accession number	Max ident
1	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>japonica</i> str. M301072	AEAH01000152.1	98%
2	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>aptata</i> str. DSM 50252	AEAN01000175.1	98%
3	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>pisi</i> str. 1704B	AEAI01002111.1	98%
4	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>aceris</i> str. M302273	AEAO01000028.1	94%
5	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>maculicola</i> str. ES4326	AEAK01000043.1	84%
6	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>lachrymans</i> str. M301315	AEAF01000082.1	83%

Αποτελέσματα BLAST για το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.316

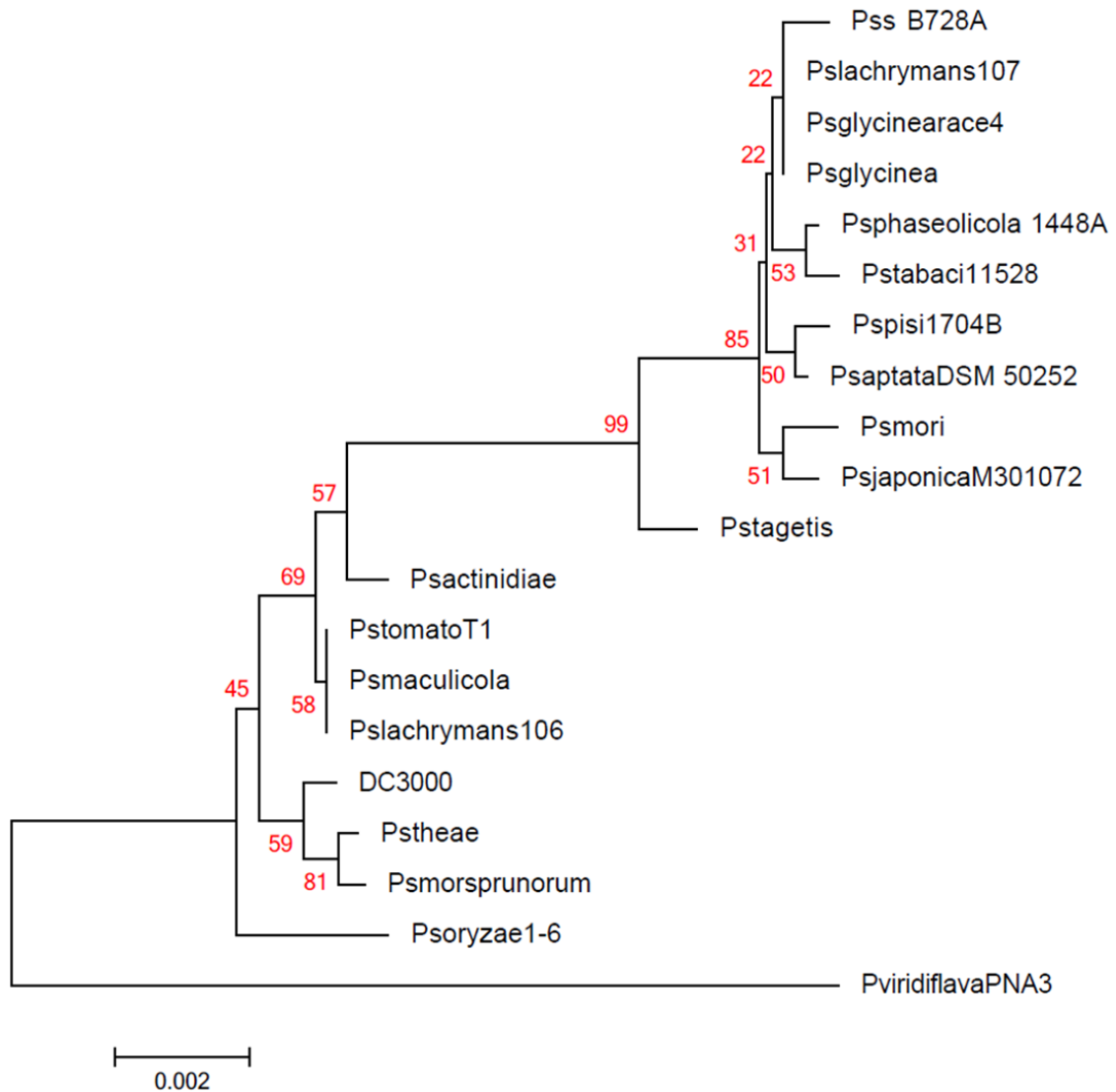
Πραγματοποιήθηκε σύγκριση της αλληλουχίας του γονιδίου *hrcC* από το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.316, με τα στοιχεία της βάσεως δεδομένων του National Center of Biotechnology Information (NCBI) μέσω του διαδικτυακού προγράμματος BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) και επιλέγοντας τη βάση δεδομένων που περιέχει whole-genome sequences contigs (Πίνακας 11).

Πίνακας 11. Ανάλυση BLAST του *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.316.

Rank	Name/ Title	Accession number	Max ident
1	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. japonica str. M301072	AEAH01000152.1	99%
2	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. aptata str. DSM 50252	AEAN01000175.1	99%
3	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. pisi str. 1704B	AEAI01002111.1	99%
4	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. aceris str. M302273	AEAO01000028.1	95%
5	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. maculicola str. ES4326	AEAK01000043.1	84%
6	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. lachrymans str. M301315	AEAF01000082.1	83%

Φυλογενετική ανάλυση παθοτύπων του *P. syringae* με βάση το 16S rDNA

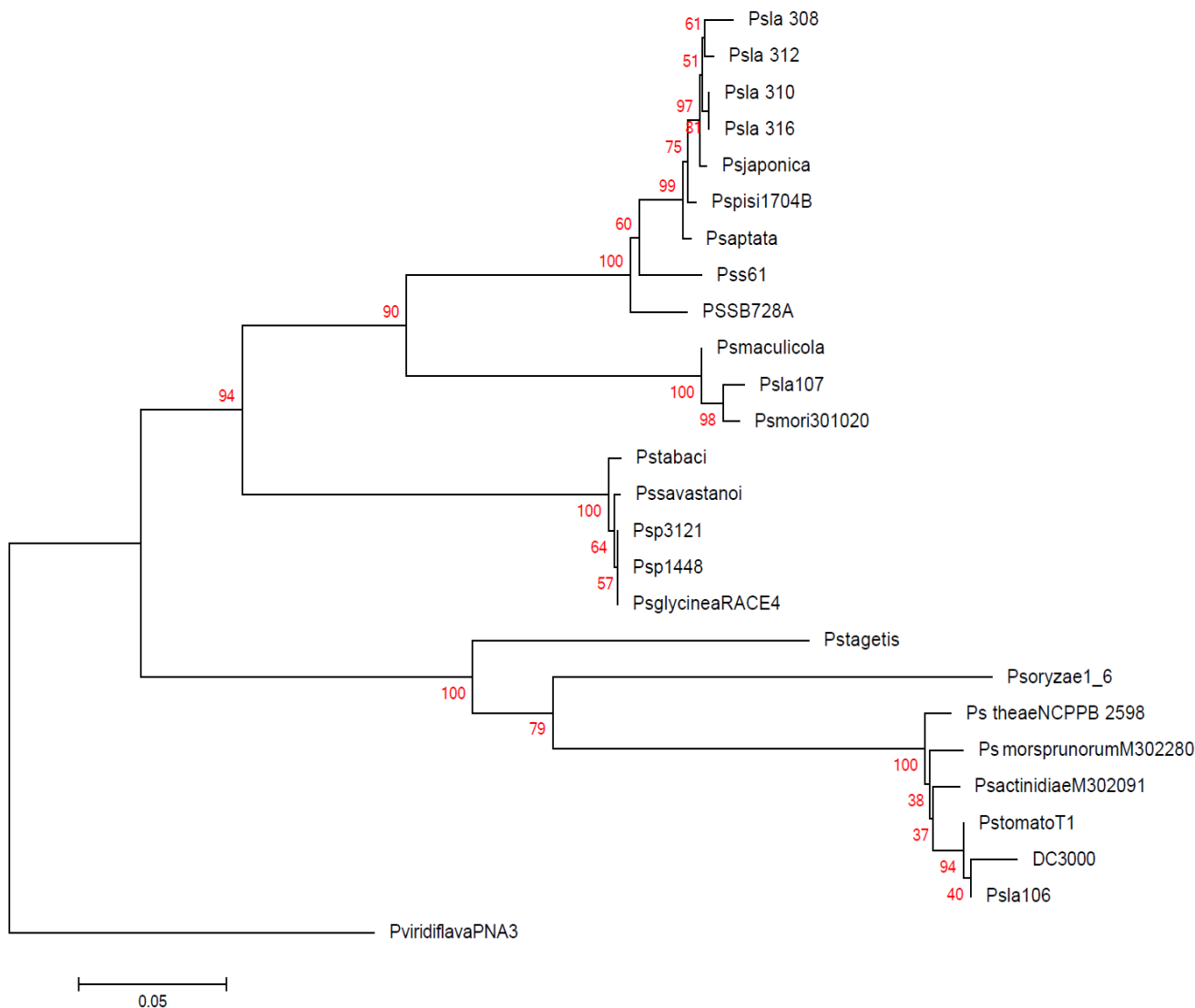
Προκειμένου να έχουμε ένα σημείο αναφοράς για τη φυλογένεια των παθοτύπων του *P. syringae* που χρησιμοποιήθηκαν στην παρούσα μελέτη κατασκευάστηκε ένα φυλογενετικό δέντρο με βάση τις νουκλεοτιδικές αλληλουχίες των 16S rDNA, οι οποίες αντλήθηκαν από τη βάση δεδομένων NCBI (Εικόνα 19).



Εικ. 19. Εξελικτικές σχέσεις των υπό μελέτη στελεχών και στελεχών αναφοράς βάσει νουκλεοτιδικής αλληλουχίας του γονιδίου 16S rDNA. Η απεικόνιση της εξελικτικής ιστορίας πραγματοποιήθηκε μέσω της μεθόδου Neighbor-Joining (Saitou και Nei, 1987). Παρουσιάζεται το δέντρο ομολογίας 1000 αντιγράφων bootstrap προκειμένου να απεικονισθεί η εξελικτική ιστορία των υπό ανάλυση taxa. Οι κλάδοι που αντιστοιχούν σε κατανομές οι οποίες αναπαράχθηκαν σε λιγότερα από 50% των αντιγράφων bootstrap έχουν συγχωνευθεί. Δίπλα στους κλάδους παρουσιάζεται το ποσοστό των αντιγράφων των δέντρων στα οποία τα συσχετιζόμενα taxa συγκροτούν μια ομάδα (Felsenstein, 1985). Το δέντρο είναι σχεδιασμένο σε κλίμακα, με τους κλάδους να έχουν τις ίδιες μονάδες με αυτές των αποστάσεων που χρησιμοποιήθηκαν για να προκύψει το φυλογενετικό δέντρο. Οι εξελικτικές αποστάσεις υπολογίστηκαν με τη μέθοδο Maximum Composite Likelihood (Tamura et al., 2004) και οι μονάδες αντιπροσωπεύουν τον αριθμό υποκαταστάσεων ανά θέση. Ως outgroup χρησιμοποιήθηκε το βακτήριο *P. viridiflava*. Όλες οι θέσεις που περιείχαν κενά ή απουσίαζαν πληροφορίες δεν υπολογίστηκαν (επιλογή πλήρους απάλειψης). Όλες οι φυλογενετικές αναλύσεις πραγματοποιήθηκαν με το λογισμικό MEGA5 (Tamura et al., 2011).

Φυλογενετική ανάλυση στελεχών του *P. syringae* pv. *lachrymans* με βάση τη νουκλεοτιδική αλληλουχία τμήματος του γονιδίου *hrcC*

-Φυλογενετικό δέντρο



Εικ. 20. Εξελικτικές σχέσεις των υπό μελέτη στελεχών και στελεχών αναφοράς βάσει της νουκλεοτιδικής αλληλουχίας τμήματος του γονιδίου *hrcC*. Η απεικόνιση της εξελικτικής ιστορίας πραγματοποιήθηκε μέσω της μεθόδου Neighbor-Joining (Saitou και Nei, 1987). Παρουσιάζεται το δέντρο ομολογίας 1000 αντιγράφων bootstrap προκειμένου να απεικονισθεί η εξελικτική ιστορία των υπό ανάλυση taxa. Οι κλάδοι που αντιστοιχούν σε κατανομές οι οποίες αναπαράχθηκαν σε λιγότερα από 50% των αντιγράφων bootstrap έχουν συγχωνευθεί. Δίπλα στους κλάδους παρουσιάζεται το ποσοστό των αντιγράφων των δέντρων στα οποία τα συσχετιζόμενα taxa συγκροτούν μια ομάδα (Felsenstein, 1985). Το δέντρο είναι σχεδιασμένο σε κλίμακα, με τους κλάδους να έχουν τις ίδιες μονάδες με αυτές των αποστάσεων που χρησιμοποιήθηκαν για να προκύψει το φυλογενετικό δέντρο. Οι εξελικτικές αποστάσεις υπολογίστηκαν με τη μέθοδο Maximum Composite Likelihood (Tamura *et al.*, 2004) και οι μονάδες αντιπροσωπεύουν τον αριθμό υποκαταστάσεων ανά θέση. Ως outgroup χρησιμοποιήθηκε το βακτήριο *P. viridiflava*. Όλες οι θέσεις που περιείχαν κενά ή απουσίαζαν πληροφορίες δεν υπολογίστηκαν (επιλογή πλήρους απάλειψης). Όλες οι φυλογενετικές αναλύσεις πραγματοποιήθηκαν με το λογισμικό MEGA5 (Tamura *et al.*, 2011).

-Σύγκριση νουκλεοτιδικών αλληλουχιών των 4 στελεχών+ 2 στελεχων 106 και 107

```
PSLACH308 CAGTGGTTTGTTGATAACSYACWC GTTGTACGTGACCCCTCTAGCGAGCACACCTCGGC 60
PSLACH312 CAGTGGTTTGTTGCTATAACG-ACACGTTGTACGTGACCCCTCTAGCGAGCACACCTCGGC 59
PSLACH310 CAGTGGTTTGTTGATAACG-ACACGTTGTMCKTCAGCCCTCTAGCGAGCACACCTCGGC 59
PSLACH316 CAGTGGTTTGTTGCTATAACG-ACACGTTGTACGTGACCCCTCTAGCGAGCACACCTCGGC 59
PSLACHM301315 CAGTGGTTTGTTGATAACG-ACACGTTGTACGTGACCCCTCCAGCGAACACACCTCGGC 59
PSLACHM302278PT CAGTGGTTGCTGCTATAACG-ACACGTTGTATGTGACCCCTCCAGCGAGCACACCTCGGC 59
***** ** * * * * * * * * * * * * * * * * *
```

```
PSLACH308 ACGCATCGAAGTGTTCATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGATGTGGG 120
PSLACH312 ACGCATCGAAGTGTTCATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGATGTGGG 119
PSLACH310 ACGCATCGAAGTGTTCATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGATGTGGG 119
PSLACH316 ACGCATCGAAGTGTTCATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGATGTGGG 119
PSLACHM301315 GCGCGTCAAGTATCAGCGACGCGGTAGACGACTGCAACGCGCTTGACCGAGCTGGG 119
PSLACHM302278PT GCGCATCGAAGTCTCCGCGATGCGGTGGACGACTGCAACGCGCTGACCGATGTGGG 119
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
```

```
PSLACH308 GCTGCTGGACAAGCGCTTTGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTGGTTCG 180
PSLACH312 GCTGCTGGACAAGCGCTTTGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTGGTTCG 179
PSLACH310 GCTGCTGGACAAGCGCTTTGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTGGTTCG 179
PSLACH316 GCTGCTGGACAAGCGCTTTGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTGGTTCG 179
PSLACHM301315 ATTGCTGGATAAAGCGCTTCGGTGGGGGTGTACTGCCGAACGAGGGCGTGGTTCTGGTTCG 179
PSLACHM302278PT TCTGCTGGACAAGCGTTTTGGTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTGGTTCG 179
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
```

```
PSLACH308 CGGCCCTGCAAAATATGTGGAAC TGGTGC GCGATTACAGCAAGAAAGTCAAGCACCTGA 240
PSLACH312 CGGCCCTGCAAAATATGTGGAAC TGGTGC GCGATTACAGCAAGAAAGTCAAGCACCTGA 239
PSLACH310 CGGCCCTGCAAAATATGTGGAAC TGGTGC GCGATTACAGCAAGAAAGTCAAGCACCTGA 239
PSLACH316 CGGCCCTGCAAAATATGTGGAAC TGGTGC GCGATTACAGCAAGAAAGTCAAGCACCTGA 239
PSLACHM301315 CGGTCCGGCAAAATACGTGGAGCTGGTGC GCGATTACAGCAAGAAAGTCAAGCACCTGA 239
PSLACHM302278PT TGGTCCGGCAAAATACGTGGAGTTGTGC GCGACTACAGCAAGAAAGTCAAGAACCCGA 239
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
```

```
PSLACH308 ---AAAGGGGACAAGCAGGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATACGCCAGTGC CGCGGA 297
PSLACH312 ---AAAGGGGACAAGCAGGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATACGCCAGTGC CGCGGA 296
PSLACH310 ---AAAGGGGACAAGCAGGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATACGCCAGTGC CGCGGA 296
PSLACH316 ---AAAGGGGACAAGCAGGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATACGCCAGTGC CGCGGA 296
PSLACHM301315 ---AAAGGACGACAAGCAAGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATACGCCAGTGC CGCGGA 296
PSLACHM302278PT CGAGAAGGCCACAAGCAAGATGTTGTGCTGCTGCCACTCAAATACGCCAACCGGCTGA 299
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
```

```
PSLACH308 CCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAAC TGGTGGTTCGCGGTGTCGCCAGCATTTCTCCA 357
PSLACH312 CCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAAC TGGTGGTTCGCGGTGTCGCCAGCATTTCTCCA 356
PSLACH310 CCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAAC TGGTGGTTCGCGGTGTCGCCAGCATTTCTCCA 356
PSLACH316 CCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAAC TGGTGGTTCGCGGTGTCGCCAGCATTTCTCCA 356
PSLACHM301315 CCGTACCATTTCGCTATCGGTATCAAGAGCTGGTAGTCGCAGGGGTCGCCAGCATTTCTGCA 356
PSLACHM302278PT TCGGACTATTTCGCTACCGTGACAGCAGTATAGTGGTTCGCGGTGTCGCCAGTATTCTTCA 359
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
```

```
PSLACH308 GGATTTGCTGGATAACCGTTCTCATGGCGGGTCCATCAATGGTATGGATCTGCTG---GG 414
PSLACH312 GGATTTGCTGGATAACCGTTCTCATGGCGGGTCCATCAATGGTATGGATCTGCTG---GG 413
PSLACH310 GGATTTGCTGGATAACCGTTCTCATGGCGGGTCCATCAATGGTATGGATCTGCTG---GG 413
PSLACH316 GGATTTGCTGGATAACCGTTCTCATGGCGGGTCCATCAATGGTATGGATCTGCTG---GG 413
PSLACHM301315 GGATCTGCTCGATGTCCGTTCTCGCGGCGAGTCTATAAAAGGTACGGACCTGATA---GG 413
PSLACHM302278PT AGAGCTGCTGGAAAGCCGTTGCGGTGGCGAAAGCATTGACAGCGTGAACCTGTTGCCGGG 419
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
```

```
PSLACH308 GCGAGGCGGTTCGCGGTA---ACGGTCTGGCGGGCG---GTGGCGCCCCGGAGCTCCGAGT 469
PSLACH312 GCGAGGCGGTTCGCGGTA---ACGGTCTGGCGGGCG---GTGGCGCCCCGGAGCTCCGAGT 468
PSLACH310 GCGAGGCGGTTCGCGGTA---ACGGTCTGGCGGGCG---GTGGCGCCCCGGAGCTCCGAGT 468
PSLACH316 GCGAGGCGGTTCGCGGTA---ACGGTCTGGCGGGCG---GTGGCGCCCCGGAGCTCCGAGT 468
PSLACHM301315 GCGAGGTGGTTCGCGGTACCGCGCGCTTGTTCGGCGG---GTGACGGTCAGGACACCCGAGT 471
PSLACHM302278PT GCAGGGCAGCAGTGTGCGAACAGC---ACAGGTGTCGCGGCCGCGGCTGCCTTA--- 473
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
```

```
PSLACH308 CTGCCGATGAGCTCCAGCGGCCTCGATAACCAATGCGTTGGAGCAGG---CCTCGATCAGGTG 528
PSLACH312 CTGCCGATGAGCTCCAGCGGCCTCGATAACCAATGCGTTGGAGCAGGGCCTCGATCAGGTG 528
PSLACH310 CTGCCGATGAGCTCCAGCGGCCTCGATAACCAATGCGTTGGAGCAGGGCCTCGATCAGGTA 528
```

PSLACH316 CTGCCGATGAGCTCCAGCGGCCCTCGATACCAATGCGTTGGAGCAGGGCCCTCGATCAGGTA 528
 PSLACHM301315 CTGCCGCTGAACGCCAGCGGCATCAATACCGGCGCATTGGAGCAAGGCCCTGGATCAAGTG 531
 PSLACHM302278PT CAACC--TGGGCTCCAATGGTATCGATACGGGAGCACTGCAACAGGGCATTGACCGCGTA 531
 * * * * *

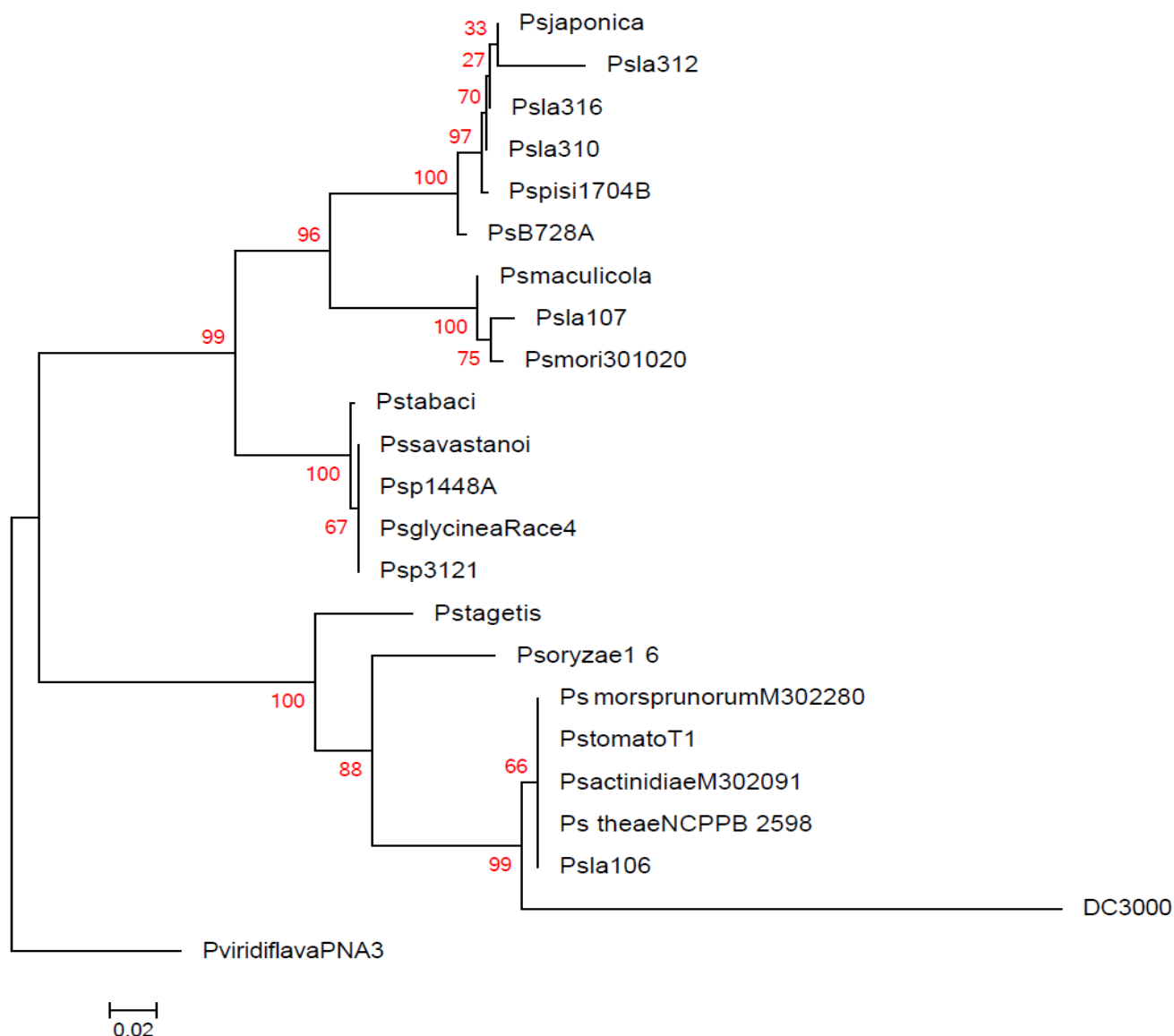
PSLACH308 CTGCACTATGGCGCGGGCGGCAGCGGCAAA-GCGGTGGAAAA-GCCGCTCTGGCGGT 586
 PSLACH312 CTGCACTATGGCGCGGGCGGCAGCGGCAAAAGCGGTGGAAAAAGCCGCTCCGCGCGT 588
 PSLACH310 CTGCACTATGGCGCGGAGGCGGCAGC---AAAAGTGGTGGAAAAAGCCGCTCTGGCGGT 585
 PSLACH316 CTGCACTATGGCGCGGAGGCGGCAGC---AAAAGTGGTGGAAAAAGCCGCTCTGGCGGT 585
 PSLACHM301315 CTGCACTATGGCAGCGGTGGCGGTGGC---AAGAGCAGCGGAAAAAGTCGCTCGGGTGGC 588
 PSLACHM302278PT TTGAACTTCAACAGCAA-----AAAAC--TGCCAAGGGTCATGCCTCAGGC 576
 * * * * *

PSLACH308 CGGGCCAACATCCGCGTAACGGCCGATGTCCGTAACAATGCTGTGCTGATCTATGACTGC 646
 PSLACH312 CGGGCCAACATCCGCGTAACGGCCGATGTCCGTAACAATGCTGTGCTGATCTATGACTTG 648
 PSLACH310 CGGGCCAACATCCGCGTAACGGCCGATGTCCGTAACAATGCTGTGCTGATCTATGACTTG 645
 PSLACH316 CGGGCCAACATCCGCGTAACGGCCGATGTCCGTAACAATGCTGTGCTGATCTATGACTTG 645
 PSLACHM301315 CGTGCGACCATTCGTGTAACAGCCGATGTGCGTAATAACGCTGTGCTGATTTACGACTTG 648
 PSLACHM302278PT AAGGCAATATCCGCGTAAGCGCTGATGTGCGTAACAACCTCCGTTATTGATTACGACCTG 636
 * * * * *

PSLACH308 CCTCCACSCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCATCAAAGAGCTGGATGTTTTCSCSCGCAGC 706
 PSLACH312 CCCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCATCAAAGAGCTGGATGTTTTCGCGCA-ACC 707
 PSLACH310 CCCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCATCAAAGAGCTGGAT-GTTTCGCGCA-ACC 703
 PSLACH316 CCCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCATCAAAGAGCTGGAT-GTTTCGCGCA-ACC 703
 PSLACHM301315 CCGTCGCGCAAGCCGATGTACGAAAAGCTCATCAAAGAACTGGAC-GTTTCGCGCA-ATC 706
 PSLACHM302278PT CCAGAGCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGTCAAGGAGCTGGAC-GTTTCGCGCA-ACC 694
 * * * * *

PSLACH308 TGATCGAA-TCGATGC 721
 PSLACH312 TKATCGAAATCGATGC 723
 PSLACH310 TGATCGAAATCGATGC 719
 PSLACH316 TGATCGAAATCGACGC 719
 PSLACHM301315 TGATCGAAATCGATGC 722
 PSLACHM302278PT TGATCGAAATCGATGC 710
 * * * * *

Φυλογενετική ανάλυση στελεχών του *P. syringae* pv. *lachrymans* με βάση την αμινοξική αλληλουχία τμήματος της πρωτεΐνης HrcC
-Φυλογενετικό δέντρο



Εικ. 21. Εξελικτικές σχέσεις των υπό μελέτη στελεχών και στελεχών αναφοράς βάσει τμήματος της αμινοξικής αλληλουχίας της πρωτεΐνης HrcC.. Η απεικόνιση της εξελικτικής ιστορίας πραγματοποιήθηκε μέσω της μεθόδου Neighbor-Joining (Saitou και Nei, 1987). Παρουσιάζεται το δέντρο ομολογίας 1000 αντιγράφων bootstrap προκειμένου να απεικονισθεί η εξελικτική ιστορία των υπό ανάλυση taxa. Οι κλάδοι που αντιστοιχούν σε κατανομές οι οποίες αναπαράχθηκαν σε λιγότερα από 50% των αντιγράφων bootstrap έχουν συγχωνευθεί. Δίπλα στους κλάδους παρουσιάζεται το ποσοστό των αντιγράφων των δέντρων στα οποία τα συσχετιζόμενα taxa συγκροτούν μια ομάδα (Felsenstein, 1985). Το δέντρο είναι σχεδιασμένο σε κλίμακα, με τους κλάδους να έχουν τις ίδιες μονάδες με αυτές των αποστάσεων που χρησιμοποιήθηκαν για να προκύψει το φυλογενετικό δέντρο. Οι εξελικτικές αποστάσεις υπολογίστηκαν με τη μέθοδο Maximum Composite Likelihood (Tamura *et al.*, 2004) και οι μονάδες αντιπροσωπεύουν τον αριθμό υποκαταστάσεων ανά θέση. Ως outgroup χρησιμοποιήθηκε το βακτήριο *P. viridiflava*. Όλες οι θέσεις που περιείχαν κενά ή απουσίαζαν πληροφορίες δεν υπολογίστηκαν (επιλογή πλήρους απάλειψης). Όλες οι φυλογενετικές αναλύσεις πραγματοποιήθηκαν με το λογισμικό MEGA5 (Tamura *et al.*, 2011).

-Σύγκριση αμινοξικών αλληλουχιών των 4 στελεχών+ 2στελεχων 106 και 107

```

PSLACH310      QWVYNDTLXSPS-SEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGVLPNEGVLV 59
PSLACH316      QWVYNDTLVSPS-SEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGVLPNEGVLV 59
PSLACH312      QWVYNDTLVSPS-SEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGVLPNEGVLV 59
PSLACHM301315  QWVYNDTLVSPS-SEHTSARVEVSADAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGVLPNEGVLV 59
PSLACHM302278PT QWVYNDTLVSPS-SEHTSARIEVSPDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGSLEDEGVVLV 59
PSLACH308      QWVYXXVVRQPL-RAHLGTHRSVIRRRGR--PADCFDRCGAAGQALWLGCYTAER----R 53
*****      : . * * . : . * . . : * . : : * . : .

PSLACH310      RGPAYVELVRDYSKKVEAP-EKGDQDIIIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 118
PSLACH316      RGPAYVELVRDYSKKVEAP-EKGDQDIIIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 118
PSLACH312      RGPAYVELVRDYSKKVEAP-EKGDQDIIIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 118
PSLACHM301315  RGPAYVELVRDYSKKVDTPEKDDKQDIIIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 118
PSLACHM302278PT RGPAYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQDVVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 119
PSLACH308      RGSRSRCKICGTGARLQVESRST-KGRQAGHHRISAQIRQCRGPHHSLSRSTTGRRRCR 112
**...      : . . : : . . * * . : : . . : : *

PSLACH310      QDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRGNG--LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGLD 174
PSLACH316      QDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRGNG--LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGLD 174
PSLACH312      QDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRGNG--LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGLD 174
PSLACHM301315  QDLLDVRSRGQSIIKGTDLIIRGGRGTGG-LSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQGLD 175
PSLACHM302278PT QELLESRSRGSIDSVNLLP--GQGS--VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGALQQGID 175
PSLACH308      QHSPGFAGYPFSWRVHQWYGSAGARRSR-RSGGRWRPGRSES-ADELQRPRYQCVGAGLD 170
* . . . * : * . : . . . . : : * *

PSLACH310      QVLHYGGGGGS-KSGGKSRSGGRANIRVTADVRNNAVLIYDLPSRKAMYEKLIKELDVSR 233
PSLACH316      QVLHYGGGGGS-KSGGKSRSGGRANIRVTADVRNNAVLIYDLPSRKAMYEKLIKELDVSR 233
PSLACH312      QVLHYGGGGSGKSGGKSRSGGRANIRVTADVRNNAVLIYDLPSRKAMYEKLIXELDVFA 234
PSLACHM301315  QVLHYGSGGGG-KSSGKSRSGGRATIRVTADVRNNAVLIYDLPSRKAMYEKLIKELDVSR 234
PSLACHM302278PT RVLNFN----S-KKTAKGHASGKANIRVSADVRNNSVLIYDLPERKAMYQKLVKELDVPR 230
PSLACH308      QVLHYGGGGSGKAVEKPLWRSGQHPRNGRCP--QCCADL-LPSXQGHVVRKAHQRAGLFX 227
: * : : . * * . * . : . * * : . * . : .

PSLACH310      -NLIEID- 239
PSLACH316      -NLIEID- 239
PSLACH312      -QPXRNRC 241
PSLACHM301315  -NLIEID- 240
PSLACHM302278PT -NLIEID- 236
PSLACH308      XQLIESM- 234
: .

```

ΣΥΖΗΤΗΣΗ

Σκοπός είναι της παρούσας εργασίας είναι η ταυτοποίηση στελεχών βακτηρίων *P. syringae* pv. *lachrymans* (και πιο συγκεκριμένα των στελεχών 308, 310, 312, 316) τα οποία είχαν απομονωθεί από τον Dr. Δ. Γκούμα από φυτά του οροπεδίου του Λασιθίου Κρήτης και ανήκουν στη συλλογή του εργαστηρίου βακτηριολογίας του Τ.Ε.Ι. Κρήτης. Τα στελέχη *P. syringae* pv. *lachrymans* 308 και *P. syringae* pv. *lachrymans* 310 απομονώθηκαν από φυτά πεπονιάς, ενώ τα στελέχη *P. syringae* pv. *lachrymans* 312 και *P. syringae* pv. *lachrymans* 316 απομονώθηκαν από φυτά αγγουριάς. Η κατάταξή τους έγινε με βάση το μορφολογικό, φυσιολογικό, βιοχημικό και φαινοτυπικό προφίλ τους.

Στην παρούσα εργασία έγινε μοριακή προσέγγιση της ταυτοποίησης των συγκεκριμένων στελεχών και πιο συγκεκριμένα, για το λόγο αυτό χρησιμοποιήθηκαν γονίδια που κωδικοποιούν για το εκκριτικό σύστημα τύπου III (*hrp/hrc*). Τα γονίδια αυτά έχουν τόσο δομικό όσο και λειτουργικό ρόλο, καθώς κωδικοποιούν τόσο για πρωτεΐνες της συσκευής του εκκριτικού συστήματος τύπου III όσο και για πρωτεΐνες μολυσματικότητας. Τα *hrc* γονίδια αποτελούν μέρος μιας ομάδας εννιά *hrp* γονιδίων τα οποία είναι συντηρημένα τόσο σε παθογόνα φυτών όσο και σε παθογόνα βακτήρια ζώων.

Από τα δείγματα καθώς και από όλα τα στελέχη που χρησιμοποιήθηκαν για την δημιουργία των φυλογενετικών δέντρων χρησιμοποιήθηκε συγκεκριμένο τμήμα του γονιδίου *hrcC* ~713 ζευγών βάσεων, ενώ όλο το γονίδιο αποτελείται από ~2106 ζεύγη βάσεων. Το τμήμα αυτό περιορίζεται σύμφωνα με συγκεκριμένους εκκινητές, που σχεδιάστηκαν με βάση τη στοίχιση νουκλεοτιδικών αλληλουχιών του γονιδίου *hrcC* από τουλάχιστον είκοσι παθότυπους του *P. syringae* (Ταμπακάκη, αδημοσίευτα αποτελέσματα).

Μετά την ανάλυση της νουκλεοτιδικής αλληλουχίας κάθε γονιδίου, έγινε σύγκριση με τη βάση δεδομένων του προγράμματος BLAST του διαδικτυακού τόπου NCBI (National Center for Biotechnology Information) όσον αφορά τα τμήματα του γονιδίου *hrcC*. Επίσης παρέχει βιοπληροφοριακά εργαλεία για ανάλυση των αλληλουχιών. Τα αποτελέσματα των παραπάνω αναλύσεων χρησιμοποιήθηκαν ως αναφορά για την ταξινόμηση και ταυτοποίηση των στελεχών καθώς και για τη δημιουργία φυλογενετικών δέντρων.

Σύγκριση φυλογένειας των διαφόρων παθοτύπων με βάση τα φυλογενετικά δέντρα των νουκλεοτιδικών αλληλουχιών 16S rDNA και *hrcC*.

Από το φυλογενετικό δέντρο το οποίο προκύπτει με βάση τις νουκλεοτιδικές αλληλουχίες των 16S rDNA (Εικόνα 19), παρατηρούμε ότι το *P. syringae* pv. *lachrymans* 107 βρίσκεται στον ίδιο κλάδο με τα στελέχη *P. syringae* pv. *syringae* B728A και *P. syringae* pv. *glycinea* race 4 και *P. syringae* pv. *glycinea*, ενώ το *P. syringae* pv. *lachrymans* 106 βρίσκεται κοντά στα στελέχη *P. syringae* pv. *tomato* T1 και *P. syringae* pv. *maculicola*.

Από το φυλογενετικό δέντρο το οποίο προκύπτει με βάση τις νουκλεοτιδικές αλληλουχίες του γονιδίου *hrcC* (Εικόνα 20), παρατηρούμε ότι το *P. syringae* pv. *lachrymans* 107 (σε αντίθεση με το φυλογενετικό δέντρο που προκύπτει από το 16S rDNA) βρίσκεται στον ίδιο κλάδο με το *P. syringae* pv. *mori* 301020, ενώ το *P. syringae* pv. *lachrymans* 106 (όμοια με το φυλογενετικό δέντρο που προκύπτει από το 16S rDNA) βρίσκεται στην ίδια ομάδα με τα *P. syringae* pv. *tomato* T1 και *P. syringae* pv. *DC3000*. Τέλος τα *P. syringae* pv. *lacrymans* 308, *P. syringae* pv. *lacrymans* 310, *P. syringae* pv. *lacrymans* 312, *P. syringae* pv. *lacrymans* 316 βρίσκονται στον ίδιο κλάδο με τα *P. syringae* pv. *japonica*, *P. syringae* pv. *pisi* και *P. syringae* pv. *aptata*. Συμπερασματικά η φυλογενετική ομαδοποίηση των παθοτύπων με βάση το γονίδιο *hrcC* είναι παρόμοια σε μεγάλο βαθμό με τη φυλογένεια των παθοτύπων με βάση το 16S rDNA, το οποίο υποδηλώνει ότι οι αλληλουχίες των γονιδίων *hrcC* υπόκεινται σε διαφοροποίηση με σχετικά σταθερούς ρυθμούς και επιπλέον το εκκριτικό σύστημα τύπου III θα πρέπει να αποκτήθηκε πριν τη διάκριση των στελεχών του *P. syringae* σε παθοτύπους.

Σύγκριση φυλογένειας των διαφόρων παθοτύπων με βάση το φυλογενετικό δέντρο των νουκλεοτιδικών αλληλουχιών *hrcC*.

Στο φυλογενετικό δέντρο το οποίο προκύπτει από τις νουκλεοτιδικές αλληλουχίες του γονιδίου *hrcC* (Εικόνα 20), οι παθοτύποι των δειγμάτων *P. syringae* pv. *lachrymans* 308, *P. syringae* pv. *lachrymans* 310, *P. syringae* pv. *lachrymans* 312 και *P. syringae* pv. *lachrymans* 316 ομαδοποιούνται σε ένα κλάδο μαζί με τα *P. syringae* pv. *japonica*, *P. syringae* pv. *pisi* και *P. syringae* pv. *aptata*. Το *P. syringae* pv. *lachrymans* 107 βρίσκεται στον ίδιο κλάδο με τα *P. syringae* pv. *maculicola* και *P. syringae* pv. *mori* 301020, ενώ το *P. syringae* pv. *lachrymans* 106 βρίσκεται στον ίδιο κλάδο με το *P. syringae* pv. *tomato* T1 και *P. syringae* pv. *tomato*

DC3000. Επίσης παρατηρούμε ότι τα υπόλοιπα συγγενικά στελέχη βρίσκονται σε κοντινές θέσεις ή και στις ίδιες ομάδες.

Σύγκριση φυλογένειας των διαφόρων παθότυπων με βάση το φυλογενετικό δέντρο των πρωτεϊνικών αλληλουχιών *hrcC*.

Στο φυλογενετικό δέντρο το οποίο προκύπτει από τις πρωτεϊνικές αλληλουχίες του γονιδίου *hrcC* (Εικόνα 21), παρατηρούμε τα στελέχη *P. syringae* pv. *lachrymans* 310, *P. syringae* pv. *lachrymans* 312 και *P. syringae* pv. *lachrymans* 316 ομαδοποιούνται σε ένα κλάδο μαζί με τα *P. syringae* pv. *japonica* και *P. syringae* pv. *pisi*, ενώ το *P. syringae* pv. *lachrymans* 107 βρίσκεται στον ίδιο κλάδο με τα *P. syringae* pv. *maculicola* και *P. syringae* pv. *mori* 301020, και το *P. syringae* pv. *lachrymans* 106 βρίσκεται στον ίδιο κλάδο με το *P. syringae* pv. *tomato* T1 και *P. syringae* pv. *tomato* DC3000.

Σύγκριση φυλογένειας των διαφόρων παθότυπων με βάση τα φυλογενετικά δέντρα των νουκλεοτιδικών αλληλουχιών και πρωτεϊνικών αλληλουχιών *hrcC*.

Κατά τη σύγκριση των φυλογενετικών δέντρων τα οποία προκύπτουν από τις νουκλεοτιδικές αλληλουχίες (Εικόνα 20) αλλά και τις πρωτεϊνικές αλληλουχίες του γονιδίου *hrcC* (Εικόνα 21), παρατηρούμε ότι εμφανίζουν παρόμοια διάταξη χωρίς εμφανείς και σημαντικές διαφοροποιήσεις μεταξύ των στελεχών. Πιο συγκεκριμένα παρατηρούμε ότι τα στελέχη *P. syringae* pv. *lachrymans* 310, *P. syringae* pv. *lachrymans* 312 και *P. syringae* pv. *lachrymans* 316 ομαδοποιούνται σε ένα κλάδο μαζί με τα *P. syringae* pv. *japonica* και *P. syringae* pv. *pisi*, ενώ το στέλεχος *P. syringae* pv. *lachrymans* 107 βρίσκεται στον ίδιο κλάδο με τα *P. syringae* pv. *maculicola* και *P. syringae* pv. *mori* 301020. Τέλος και στις δύο περιπτώσεις παρατηρούμε ότι το *P. syringae* pv. *lachrymans* 106 βρίσκεται στον ίδιο κλάδο με το *P. syringae* pv. *tomato* T1.

Βιβλιογραφία

- Anzai, Y., Kim, H., Park, J.Y., Wakabayashi, H., Oyaizu, H.,** 2000. Phylogenetic affiliation of the pseudomonads based on 16S rRNA sequence. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 50:1563-1589.
- Bahme, J. B. and Schroth, M. N.,** 1987. Spatial-temporal colonization patterns of a rhizobacterium on underground organs of potato. *Phytopathology* 77:1093–1100.
- Baltrus, D. A., Nishimura, M. T., Romantchuk, A., Chang, J. H., Muhktar, S., Law, T. F., Cherkis, K., Jones, C. D., Dangl, J. L.,** 2011. Dynamic evolution of pathogenicity revealed by sequencing and comparative genomics of 19 *Pseudomonas syringae* isolates. *PLoS Pathogens* 7(7):e1002132.
- Bauer, D. W., and Collmer, A.,** 1997. Molecular cloning, characterization, and mutagenesis of a pel gene from *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* encoding a member of the *Erwinia chrysanthemi* pelADE family of pectate lyases. *Mol. Plant-Microbe Interact* 10: 369-379.
- Bhat, N.A., Bhat, K. A., Zargar, M. Y., Teli, M. A., Nazir, M., Zargar, S.M,** 2010. Current status of angular leaf spot (*Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans*) of cucumber: a review. *International Journal of Current Research* 8: 001-011.
- Bogdanove, A.J., Wei, Z.M., Zhao, L., Beer, S.V.,** 1996. *Erwinia amylovora* secretes harpin via a type III pathway and contains a homolog of yopN of *Yersinia* spp. *J. Bacteriol.* 178:1720–30.
- Bradbury, J. F.,** 1986. *Pseudomonas* Migula 1894. In *Guide to Plant Pathogenic Bacteria*, Egham, UK: International Mycobiological Institute: 110-184.
- Byng, G.S., Johnson, J. L., Whitaker, R. J., Gherna, R. L., Jensen, R. A.,** 1983. The evolutionary pattern of aromatic amino acid biosynthesis and the emerging phylogeny of pseudomonad bacteria. *J. Mol. Evol.* 19:272–282.
- Cavalier-Smith, T.,** 2004, "Only six kingdoms of life", *Proc. R. Soc. Lond. B* 271: 1251–62
- Cody, Y.S. and Gross, D.C.,** 1987. Characterization of Pyoverdine(pss), the Fluorescent Siderophore produced by *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*. *Applied and environmental microbiology* 53(5): 928–34.
- De Vos, P., Goor, M., Gillis, M., De Ley, J.,** 1985. Ribosomal ribonucleic acid cistron similarities of phytopathogenic *Pseudomonas* species. *Intl. J. Syst. Bacteriol.* 35:169-184.

- Dye, D.W., Bradbury, J.F., Goto, M., Hayward, A.C., Lelliott, R.A., Schroth, M.N.** (1980). International standards for naming pathovars of phytopathogenic bacteria and a list of pathovars names and pathotype strains. *Rev Plant Pathol* 59, 153-158.
- Elwakil, M.A., Farag, A., Nabil, S., Hanna, A.I. and Gomah, A.A.,** 2001. Court of Infection with *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* in cucumber. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 4: 635-638.
- Euzéby, J.P.,** 1997. List of bacterial names with standing in nomenclature: a folder available on the Internet. *Int J Syst Bacteriol* 47 (2): 590-2.
- Gardan, L., Shafik, H., Belouin, S., Broch, R., Grimont, F., Grimont, P.A.D.,** 1999. DNA relatedness among the pathovars of *Pseudomonas syringae* and description of *Pseudomonas tremiae* sp. nov. and *Pseudomonas cannabina* sp. nov. (ex Sutic and Dowson 1959). *Intern. Journ. of Syst. Bact.*, 49: 469-478.
- Hellmers, E.,** 1950. Angular leaf spot of cucumbers *Pseudomonas lachrymans* (Smith and Bryan) Casner in Denmark. *Transactions of Denmark Academy of Technology and Sciences* 9: 28.
- Hofte, M., De Vos, P.,** 2006. Plant pathogenic *Pseudomonas* species. *Plant-Associated Bacteria* 3: 507-533.
- Horká, M., Horký, J., Matoušková, H., Šlais, K.,** 2007. Separation of plant pathogens from different hosts and tissues by capillary electromigration techniques. *Anal. Chem.* 79: 9539-9546.
- Kagiwata, T.,** 1990. Bacteriological characters of cucumber angular leaf spot pathogen *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans*. *Journal of Agricultural Science* 35: 116-128.
- Kerkoud, M., Manceau, C., Paulin, J.P.** 2002. Rapid diagnosis of *Pseudomonas syringae* pv. *papulans*, the causal agent of blister spot of apple, by polymerase chain reaction using specifically designed *hrpL* gene primers. *Phytopathology*, 92: 1077-1083.
- Kim H.M. and Song W.Y.,** 1996. Characterization of ribosomal RNA intergenic spacer region of several seedborne bacterial pathogens of rice. *Seed Science and Technology* 24: 571-580.
- Lelliott, R.A., Billing, E., Hayward, A.C.,** 1966. A determinative scheme for the fluorescent plant pathogenic pseudomonads. *Journ. of App. Bact* 29: 470-489.

- Lindeberg, M., Cunnac, S., Collmer, A.,** 2009. The evolution of *Pseudomonas syringae* host specificity and type III effector repertoires. *Mol Plant Pathol* 10: 767–775.
- Lindeberg, M., Schneider, D. J., Cartinhour, S., Collmer, A.** 2008. Genomic analysis of *Pseudomonas syringae* pathovars: identification of virulence genes and associated regulatory elements using pattern-based searches and genome comparison. in: *Pseudomonas syringae Pathovars and Related Pathogens - Identification, Epidemiology and Genomics*. M. Fatmi, A. Collmer, N. S. Iacobellis, J. Mansfield, J. Murillo, N. W. Schaad and M. Ullrich, eds. Springer.
- Louws, F.J., Fulbright, D.W., Stephens, Ch.T., De Bruijn, F.J.,** 1994. Specific genomic fingerprints of phytopathogenic *Xanthomonas* and *Pseudomonas* pathovars and strains generated with repetitive sequences and PCR. *App. and Environ. Microb.* 60: 2286–2295.
- Madigan, M.T., Martinko, J.M., Parker, J.** Brock Biology of Microorganisms. Pearson Education, Inc. Για την ελληνική έκδοση: Πανεπιστημιακές Εκδόσεις Κρήτη. (2005) Κρήτη.
- Maki, L.R., Galyan, E.L., Chang-Chien, M.M., Caldwell, D.R.,** 1974. "Ice nucleation induced by *Pseudomonas syringae*". *Appl. Microb.* 28(3): 456–459.
- Manceau, C. and Brin, C.,** 2003. Pathovars of *Pseudomonas syringae* are structured in genetic populations allowing the selection of specific markers for their detection in plant samples. In: Iacobellis NS, Collmer A, Hutcheson SW, Mansfield JW, Morris CE, Murillo J, Schaad NW, Stead DE, Surico G, Ullrich M, eds. *Pseudomonas syringae and Related Pathogens*. Biology and Genetics. Dordrecht, the Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 503–12.
- Munsch, P., Alatossava, T., Marttinen, N., Meyer, J.M., Christen, R., Gardan, L.,** 2002. *Pseudomonas constantinii* sp. nov., another causal agent of brown blotch disease, isolated from cultivated mushroom sporophores in Finland. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 52: 1973-1983.
- Olczak-Woltman, H., Masny, A., Bartoszewski, G., Plucienniczak, A., Niemirowicz-Szczytt, K.,** 2007. Genetic diversity of *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* strains isolated from cucumber leaves collected in Poland. *Plant Pathology* 56(3): 373-382.

- Oyaizu, H. and Komagata, K.,** 1983. Grouping of *Pseudomonas* species on the basis of cellular fatty acid composition and the quinone system with special reference to the existence of 3-hydroxy fatty acids. *J. Gen. Appl. Bacteriol.* 29:17–40.
- Palleroni, N. J., Kunisawa, R., Contopoulou, R., Doudoroff, M.,** 1973. Nucleic acid homologies in the genus *Pseudomonas*. *Intl. J. Syst. Bacteriol.* 23:333–339.
- Palleroni, N. and Norberto, J.,** 2010. "The *Pseudomonas* Story". *Environ. Microb.* 12(6): 1377–1383.
- Pecknold, P. C. and Grogan, R. G.** (1973). Deoxyribonucleic acid homology groups among phytopathogenic *Pseudomonas* species. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 23: 111-121.
- Polizzi, G., Castello, I., Parlavecchio, G., Cirvilleri, G.,** 2005. First report of bacterial blight of *Strelitzia augusta* caused by *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans*. *Plant Disease* 89(9): 1010.
- Porter, J.R.,** 1976. "Antony van Leeuwenhoek: tercentenary of his discovery of bacteria". *Bacteriological Reviews* 40(2): 260–9.
- Poussier, S., Trigalet-Demery, D., Vanderwalle, P., Goffinet, B., Luisetti, J., Trigalet, A.,** 2000 Genetic diversity of *Ralstonia solanacearum* as assessed by PCR-RFLP of the *hrp* gene region, AFLP and 16S rRNA sequence analysis, and identification of an African subdivision. *Microbiology* 146: 1679 – 1692.
- Poussier, S., Vandewalle, P., Luisetti, J.,** 1999. Genetic diversity of African and worldwide strains of *Ralstonia solanacearum* as determined by PCR-restriction fragment length polymorphism analysis of the *hrp* gene region. *Appl. Environ. Microbiol.* 65: 2184-2194.
- Rudolph, K.** 1995. *Pseudomonas syringae* pathovars. In: Singh US, Singh RP, Kohmoto K (eds) Pathogenesis and host specificity in plant diseases. Elsevier Science, Oxford, 47–138.
- Sarkar, S.F. and Guttman, D.S.,** 2004. Evolution of the core genome of *Pseudomonas syringae*, a highly clonal, endemic plant pathogen. *App. and Environ. Microbiol.*, 70: 1999-2012.
- Sasser, M. and Miller, L. T.,** 1984. Identification of pseudomonads by fatty acids profiling. 45–46. Sounion. Greece.
- Sawada, H., Suzuki, F., Matsuda, I., Saitou, N.,** 1999. Phylogenetic analysis of *Pseudomonas syringae* pathovars suggests the horizontal gene transfer of *argK* and the evolutionary stability of *hrp* gene cluster. *Journal of Molecular Evolution* 49: 627-644.

- Schaad, N.W., Vidaver, A.K., Lacy, G.H., Rudolph, K., Jones, J.B., 2000.** Evaluation of proposed amended names of several pseudomonads and xanthomonads and recommendations. *Phytopathology*, 90: 208-213.
- Scholz-Schroeder, Brenda, K., Soule, Jonathan, D., Gross, Dennis C., 2003.** "The *sypA*, *sypB*, and *sypC* synthetase genes encode twenty-two modules involved in the nonribosomal peptide synthesis of syringopeptin by *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* B301D". *Molecular Plant-Microbe Interactions* 16(4): 271–280.
- Schroth, M. N. and Hildebrand, D. C., 1981.** Phytopathogenic members of the genus *Pseudomonas*. 362–369.
- Schroth, M., Hildebrand, D., Panopoulos, N., 2006.** Phytopathogenic pseudomonads and related plant-associated pseudomonads, *The Prokaryotes* 3(3.3): 714-740.
- Scortichini, M., Marchesi, U., Di Prospero, P., 2002.** Genetic relatedness among *Pseudomonas avellanae*, *P. syringae* pv. *theae* and *P.s.* pv. *actinidiae*, and their identification. *European Journal of Plant Pathology*, 108, 269-278.
- Siefert, J. L. and Fox, G. E., 1998.** Phylogenetic mapping of bacterial morphology. *Microbiology* 144, 2803-2808.
- Stead, D.E., Simpkins, S.A., Weller, S.A., Hennessy, J., Aspin, A., Stanford, H., Smith, N.C., Elphinstone, J.G., 2003.** Classification and identification of plant pathogenic *Pseudomonas* species by REP-PCR derived genetic fingerprints. In: Iacobellis NS, Collmer A, Hutcheson SW, Mansfield JW, Morris CE, Murillo J, Schaad NW, Stead DE, Surico G, Ullrich M, eds. *Pseudomonas syringae* and Related Pathogens. *Biology and Genetics. Dordrecht, the Netherlands: Kluwer Academic Publisher*: 411–20.
- Stout, G. L. 1952.** Bureau of plant pathology. *Bulletin Department of Agriculture California* 41: 265-283.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., Kumar, S., 2011.** MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution* 28: 2731-2739.
- Tampakaki, A.P., Skandalis, N., Gazi, A.D., Bastaki, M.N., Sarris, P.F., Charova, S.N., Kokkinidis, M., Panopoulos, N.J., 2010.** Playing the “Harp”: Evolution of our understanding of *hrp/hrc* genes. *Annu. Rev. Phytopathol.* 48: 347-370.

Trindade, L.C., Marques, E., Lopes, D.B., Ferreira, M.A.S.V., 2007. Development of a molecular method for detection and identification of *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. *Summa Phytopathol* 33: 16–23.

Whitaker, R. J., Byng, G. S., Gherna, R. L., Jensen, R. A., 1981. Diverse enzymological patterns of phenylalanine biosynthesis in pseudomonads are conserved in parallel with deoxyribonucleic acid homology groupings. *J. Bacteriol.* 147: 526–534.

Zaccardelli, M., Campanile, F., Spasiano, A., Merighi, M., 2007. Detection and identification of the crucifer pathogen, *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*, by PCR amplification of the conserved Hrp/type III secretion system gene *hrcC*. *European Journal of Plant Pathology* 118: 299-306.

Zaccardelli, M., Spasiano, A., Bazzi, C., Merighi, M., 2005. Identification and *in planta* detection of *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* using PCR amplification of *hrpZPst*. *European Journal of Plant Pathology* 111: 85-90.

Web links

<http://bacteriamuseum.org/cms/Bacteria/what-are-bacteria.html>

<http://en.wikipedia.org/wiki/Bacteria>

http://en.wikipedia.org/wiki/Pseudomonas_syringae

http://en.wikipedia.org/wiki/Bacterial_cellular_morphologies

<http://biology.clc.uc.edu/courses/bio106/bacteria.htm>

http://www.nytimes.com/2010/05/25/science/25snow.html?_r=1

<http://urbanext.illinois.edu/hortanswers/detailproblem.cfm?PathogenID=130>

<http://rdp.cme.msu.edu/html/>

<http://carbon.bio.ku.edu/research.html>

http://en.wikipedia.org/wiki/Type_three_secretion_system

http://en.wikipedia.org/wiki/Pseudomonas_infection

Books

Generelle Morphologie der Organismen, 1866

http://books.google.gr/books?id=dthOAAAAMAAJ&printsec=frontcover&redir_esc=y#v=onepage&q&f=false

Kreig, N.R., Holt, J.G., eds.(1984). *Bergey's Manual of Systematic Biology*. Baltimore: Williams and Wilkins. pp. 141–99.

[http://books.google.gr/books?id=yviRIumE5HgC&pg=PA10&dq=Bergey's+Manual+of+Systematic+Bacteriology.+1st+edition.+4+vols.+\(1984\)&hl=el&sa=X&ei=tgGIT_PgCoL80QXzxvmCBA&ved=0CDYQ6AEwAQ#v=onepage&q=Bergey's%20Manual%20of%20Systematic%20Bacteriology.%201st%20edition.%204%20vols.%20\(1984\)&f=true](http://books.google.gr/books?id=yviRIumE5HgC&pg=PA10&dq=Bergey's+Manual+of+Systematic+Bacteriology.+1st+edition.+4+vols.+(1984)&hl=el&sa=X&ei=tgGIT_PgCoL80QXzxvmCBA&ved=0CDYQ6AEwAQ#v=onepage&q=Bergey's%20Manual%20of%20Systematic%20Bacteriology.%201st%20edition.%204%20vols.%20(1984)&f=true)

Krieg, Noel (1984). *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology, Volume 1*. Baltimore: Williams & Wilkins.

ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ ΕΥΘΥΓΡΑΜΜΙΣΕΩΝ

Ευθυγράμμιση νουκλεοτιδικών ακολουθιών για το *Pseudomonas syringae pv. lachrymans* str.308

PSLACH308	CAGTGGTTTGTGTATAACSACWCGTGTACGTACGCCCCCTCTAGCGAGCACACCTCGGC	60
PSLACHM301315	CAGTGGTTTGTCTATAACG-ACACGCTCTACGTACGCCCCGTCAGCGAACACACCTCGGC	59
PSLACHM302278PT	CAGTGGTTCGTCTATAACG-ACACGCTGTATGTACGCCCCCTCCAGCGAGCACACCTCGGC	59
	***** *	
PSLACH308	ACGCATCGAAGTGTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGATGTGGG	120
PSLACHM301315	GCGCGTCAAGTATCAGCCGACGCGGTAGACGACTTGCAAACGCGCCTTGACCGACGTGGG	119
PSLACHM302278PT	GCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAACGCGCGTACCGATGTCCG	119
	*** ***** *	
PSLACH308	GCTGCTGGACAAGCGCTTTGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTCTGGTTCG	180
PSLACHM301315	ATTGCTGGATAAACGCTTCGGTTGGGGGTGTACCGAACGAGGGCGTGGTCTGGTGGCG	179
PSLACHM302278PT	TCTGCTGGACAAGCGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTCTGGTTCG	179
	***** *	
PSLACH308	CGGCCCTGCAAAATATGTGAACTGGTGCAGGATTACAGCAAGAAAGTCGAAGCACCTGA	240
PSLACHM301315	CGGTCCGGC AAAATACGTGGAGCTGGTGCAGGATTACAGCAAGAAAGTCGATACGCCGGA	239
PSLACHM302278PT	TGGTCCGGCCAAATACGTGGAGTTTGTGCGGACTACAGCAAGAAAGTCGAAAAGCCCGA	239
	* *	
PSLACH308	---AAAGGGCGACAAGCAGGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATACGCCAGTGC CGCGGA	297
PSLACHM301315	---AAAGGACGACAAGCAAGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATATGCCAGCGCGCGGA	296
PSLACHM302278PT	CGAGAAGGCCGACAAGCAAGATGTTGCTGCTGCCACTCAAATACGCCAACCGGCTGA	299
	**** ***** *	
PSLACH308	CCGCACCATTGCTATCGGATCAACAACCTGGTGGTGC CGCGGTGTCGCCAGCATTTCTCCA	357
PSLACHM301315	CCGTACCATTGCTATCGTGTATCAAGAGCTGGTAGTCGCAGGGGTGCCAGCATTTCTGCA	356
PSLACHM302278PT	TCGGACTATTGCTACCGTGACCAGCAGTTAGTGGTGGCCGGTGTGCCAGTATTCTTCA	359
	* *	
PSLACH308	GGATTGCTGGATACCCGTTTCTCATGGCGGGTCCATCAATGGTATGGATCTGCTG---GG	414
PSLACHM301315	GGATCTGCTCGATGTCGGTCTCGCGGCCAGTCTATAAAAGGTACGGACCTGATA---GG	413
PSLACHM302278PT	AGAGCTGCTGGAAGCCGTTTCGGCTGGCGAAAGCATTGACAGCGTGAACCTGTTGCCGGG	419
	* *	
PSLACH308	GCGAGGCGGTGCGGGTA---ACGGTCTGGCGGGCG--GTGGCGCCCCGGACGCTCCGAGT	469
PSLACHM301315	GCGAGGTGGTGC CGGTACCGCGGCTTGTGCGGGCG--GTGACGGTCAGGACACCCCGAGT	471
PSLACHM302278PT	GCAGGCAGCAGTGTGCCAACAGC---ACAGGTGTGCGGGCCGCGCCTGCCTTA---	473
	* *	
PSLACH308	CTGCCGATGAGCTCCAGCGGCTCGATACCAATGCGTTGGAGCA-GGCCTCGATCAGGTG	528
PSLACHM301315	CTGCCGCTGAACGCCAGCGCATCAATACCGCGCATTGGAGCAAGGCTGGATCAAGTG	531
PSLACHM302278PT	CAACC--TGGGCTCAAATGTTATCGATACGGGAGCACTGCAACAGGGCATTGACCGCGTA	531
	* *	
PSLACH308	CTGCACTATGGCGGGCGGGCGGCAGCGGCAAAGCGGTGGAAAA-GCCGCTCTGGCGGTC	587
PSLACHM301315	CTGCACTATGGCAGCGGTGGCGGTGGCA--AGAGCAGCGGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCC	589
PSLACHM302278PT	TTGA ACTTCAACAGCA-----AAA AACTGCCAAGGGTCATGCCTCAGGCA	577
	* *	
PSLACH308	GGGCAACATCCGCGTAACGGCCGATGTCCGTAACAATGCTGTGCTGATCTATGACTGCC	647
PSLACHM301315	GTGCGACCATTGCTGTAACAGCCGATGTGCGTAATAACGCTGTGCTGATTACGACTTGC	649
PSLACHM302278PT	AGGCAAAATATCCGCGTAAGCCGCTGATGTGCGTAACAACCTCCGTATTGATTACGACCTGC	637
	* *	
PSLACH308	CTCCACSCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCATCAAAGAGCTGGATTGTTTCS CSCG CAGCT	707
PSLACHM301315	CGTCGCGCAAGCCGATGTACGAAAAGCTCATCAAAGGAAGTGGAC-GTTCGCGCA-ATCT	707
PSLACHM302278PT	CAGAGCGCAAGGCCATGTACCAGAAACTGGTCAAGGAGCTGGAC-GTTCGCGCA-ACCT	695
	* *	
PSLACH308	GATCGAA-TCGATGC	721
PSLACHM301315	GATCGAAATCGATGC	722
PSLACHM302278PT	GATCGAAATCGATGC	710

PST1 CAGTGG--TTCGTCTATAACG-ACACGCTGTATGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCT 55
PSLACHM302278PT CAGTGG--TTCGTCTATAACG-ACACGCTGTATGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCT 55
DC3000 CAGTGG--TTCGTCTATAACG-ACACGCTGTATGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCT 55
PSMORSPRUM302280 CAGTGG--TTCGTCTATAACG-ACACGCTGTATGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCT 55
PSSACTINIDIAEM302091 CAGTGG--TTCGTCTATAACG-ACACGCTGTATGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCT 55
PSTARGETIS CAGTGG--TTCGTCTATAACG-ACACGCTGTACATCAGT-CCTTCCAGCGAACGC-ACAT 55
PSLACH308 CAGTGG--TTTGTGTATAACSYACWCWGTGTACGTCAGC-CCTTCTAGCAGGACAC-ACCT 56
P. S. JAPONICA CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACACGTTGTACGTCAGC-CCTTCTAGCAGGACAC-ACCT 55
PSAPTATA CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-GTTGTACGTCAGC-CCTTCTAGCAGGACAC-ACCT 54
PSS61 CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACACGTTGTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCT 55
PSSB728A CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACACGTTGTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCT 55
PSMACULICOLA CAGTGG--TTCGTCTATAACG-ACACGTTGTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCT 55
PSCANNABINAPSA1-3 CAGTGG--TTCGTCTATAACG-ACACGTTGTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCT 55
PSSMACULICOLAES4326 CAGTGG--TTCGTCTATAACG-ACACGTTGTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCT 55
PSSMORI301020 CAGTGG--TTTGTCTATAACG-ACACGCTCTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAACAC-ACCT 55
PSLACHM301315 CAGTGG--TTTGTCTATAACG-ACACGCTCTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAACAC-ACCT 55
PSP1448 CAGTGG--TTTGTCTATAACG-ACACGCTCTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAACAC-ACCT 55
PSGLYCINEA CAGTGG--TTTGTCTATAACG-ACACGCTCTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAACAC-ACCT 55
PSP3121 CAGTGG--TTTGTCTATAACG-ACACGCTCTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAACAC-ACCT 55
PSSAESCULINCPBB3681 CAGTGG--TTTGTCTATAACG-ACACGCTCTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAACAC-ACCT 55
PSSAESCULI2250 CAGTGG--TTTGTCTATAACG-ACACGCTCTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAACAC-ACCT 55
PSSAESCULI0893_23 CAGTGG--TTTGTCTATAACG-ACACGCTCTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAACAC-ACCT 55
PSSAVASTANOI CAGTGG--TTTGTCTATAACG-ACACGCTCTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAACAC-ACCT 55
ESTABACI CAGTGG--TTTGTCTATAACG-ACACGCTCTACGTCAGC-CCTTCCAGCGAACAC-ACCT 55
PSVIRIDIFLAVAPNA3 CATCGGCTTTTCGTCGATA-CGCACCGGCT---TGTTGGTGTGTGTGTGCGC-CACCACTA 55
PSVIRIDIFLAVALP23 CATCGGCTTTTCGTCGATA-CGCACCGGCT---TGTTGGTGTGTGTGTGCGC-CACGACCA 55
** ** ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *

PST1 CGGCGCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAACGGGCGTGACCGA-T 114
PSLACHM302278PT CGGCGCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAACGGGCGTGACCGA-T 114
DC3000 CGGGGCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAACGGGCGTGACCGA-T 114
PSMORSPRUM302280 CAGCGCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAACGGGCGTGACCGA-T 114
PSSACTINIDIAEM302091 CGGCGCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGATGACCTGCAAACGGGCGTGACAGA-T 114
PSTARGETIS CGGCGCGTATCGAGTTTCTCCCGACGCGGTGGATGACCTGCAGACTGCCTTGACCGA-C 114
PSLACH308 CGGACGCGATCGAAGTGTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCCTTGACCGA-T 115
P. S. JAPONICA CGGACGCGATCGAAGTGTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCCTTGACCGA-T 114
PSAPTATA CGGACGCGATCGAAGTGTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCCTTGACCGA-T 113
PSS61 CGGACGCGATCGAAGTGTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCCTTGACCGA-T 114
PSSB728A CGGACGCGATCGAAGTGTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCCTTGACCGA-T 114
PSMACULICOLA CGGCGCGCGTTCGGAAGTGTATCCGACGCGGTAGACGACTTGCAGACTGCCTTGACCGA-C 114
PSCANNABINAPSA1-3 CGGCGCGCGTTCGGAAGTGTATCCGACGCGGTAGACGACTTGCAGACTGCCTTGACCGA-C 114
PSSMACULICOLAES4326 CGGCGCGCGTTCGGAAGTGTATCCGACGCGGTAGACGACTTGCAGACTGCCTTGACCGA-C 114
PSSMORI301020 CGGCGCGCGTTCGGAAGTGTATCCGACGCGGTAGACGACTTGCAGACTGCCTTGACCGA-C 114
PSLACHM301315 CGGCGCGCGTTCGGAAGTGTATCCGACGCGGTAGACGACTTGCAGACTGCCTTGACCGA-C 114
PSP1448 CGGCGCGCGTAGAAGTGTATCCGATGCGGTAGATGACTTGCAGACGGCGTTGACCGA-T 114
PSGLYCINEA CGGCGCGCGTAGAAGTGTATCCGATGCGGTAGATGACTTGCAGACGGCGTTGACCGA-T 114
PSP3121 CGGCGCGCGTAGAAGTGTATCCGATGCGGTAGATGACTTGCAGACGGCGTTGACCGA-T 114
PSSAESCULINCPBB3681 CGGCGCGCGTAGAAGTGTATCCGATGCGGTAGATGACTTGCAGACGGCGTTGACCGA-T 114
PSSAESCULI2250 CGGCGCGCGTAGAAGTGTATCCGATGCGGTAGATGACTTGCAGACGGCGTTGACCGA-T 114
PSSAESCULI0893_23 CGGCGCGCGTAGAAGTGTATCCGATGCGGTAGATGACTTGCAGACGGCGTTGACCGA-T 114
PSSAVASTANOI CGGCGCGCGTAGAAGTGTATCCGATGCGGTAGATGACTTGCAGACGGCGTTGACCGA-T 114
ESTABACI CGGCGCGCGTAGAAGTGTATCCGATGCGGTAGATGACTTGCAGACGGCGTTGACCGA-T 114
PSVIRIDIFLAVAPNA3 CCGCA-ACGCCCAACCTTTCTGGAC----AAACCAC-TGCGAACGCGTCTGATCAAGT 108
PSVIRIDIFLAVALP23 CCGCA-ACGCCCAACCTTTCTGGAC----AAACCAC-TGCGAACGCGTCTGATCGAGT 108
* * * * * ** * * * * * ** * * * * *

PST1 GTCGGTCTGTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTCT 173
PSLACHM302278PT GTCGGTCTGTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTCT 173
DC3000 GTCGGTCTGTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTCT 173
PSMORSPRUM302280 GTCGGTCTGTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTCT 173
PSSACTINIDIAEM302091 GTCGGTCTGTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTCT 173
PSTARGETIS GTGGGCTGTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCT 174
PSLACH308 GTGGGCTGTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCT 173
P. S. JAPONICA GTGGGCTGTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCT 174
PSAPTATA GTGGGCTGTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCT 172
PSS61 GTGGGCTGTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGGTTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCT 173
PSSB728A GTAGGGCTGTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGGTTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCT 173
PSMACULICOLA GTGGGATGCTGGATAAA-CGTTTTGGTGGGGGTTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCT 173
PSCANNABINAPSA1-3 GTGGGATGCTGGATAAA-CGTTTTGGTGGGGGTTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCT 173
PSSMACULICOLAES4326 GTGGGATGCTGGATAAA-CGTTTTGGTGGGGGTTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCT 173
PSSMORI301020 GTGGGATGCTGGATAAA-CGTTTTGGTGGGGGTTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCT 173
PSLACHM301315 GTGGGATGCTGGATAAA-CGTTTTGGTGGGGGTTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCT 173
PSP1448 GTAGGCTGTGGATAAA-CGTTTTGGTGGGGCTCGCTGCCTAACGAAGGCGTGGTTCT 173

PSGLYCINEA GTAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGTGTGGTGCT 173
PSP3121 GTAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGTGTGGTGCT 173
PSSAESCULINCPB3681 GTAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGTGTGGTGCT 173
PSSAESCULI2250 GTAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGTGTGGTGCT 173
PSSAESCULI0893_23 GTAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGTGTGGTGCT 173
PSSAVASTANOI GTAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGTGTGGTGCT 173
PSTABACI GTAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGTGTGGTGCT 173
PSVIRIDIFLAVAPNA3 GTCAGCCCCGCCCCGATCGCAGAGGCTG----TCGGTTTCGA---AGGGCATGGTTTC 161
PSVIRIDIFLAVALP23 GTCAGCCCCATCGCCCCGATCGCACAAAGCTG----TCGGTTTCGA---AGGGCATGGTTTC 161

** * ** * ** * ** * ** *

PST1 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSLACHM302278PT G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
DC3000 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSMORSPRUM302280 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSACTINIDIAEM302091 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSTARGETIS G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAT-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSLACH308 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAT-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
P. S. JAPONICA G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAT-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSAPTATA G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAT-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 224
PSS61 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAT-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSB728A G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAT-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSMACULICOLA G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSCANNABINAPSA1-3 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSMACULICOLAES4326 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSMORI301020 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSLACHM301315 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSP1448 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225

PSGLYCINEA G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSP3121 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSAESCULINCPB3681 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSAESCULI2250 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSAESCULI0893_23 G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSAVASTANOI G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSTABACI G---GTTTCGTTGGTCCCG----CCAAATAC-GTAGAAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSVIRIDIFLAVAPNA3 GCCCATATGCATACCGGGTGGCGCAACACCCGTCGACCATTTGCGTGAAGACATTCTGAAC 221
PSVIRIDIFLAVALP23 GCCCGTATGCATACCGGGTGGCGCAACACCCGTCGACCATTTGCGTGAAGACATTCTGAAC 221

* * * * * * * * * * * * * *

PST1 GTCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCA 280
PSLACHM302278PT GTCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCA 280
DC3000 GTCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCA 280
PSMORSPRUM302280 GTCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCA 280
PSSACTINIDIAEM302091 GTCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCA 280
PSTARGETIS GTCGAAAAGCCCGATAAAAAAGCCGATA--AGCAGGACG-TTGTCTG--CCTGCCGCTCA 280
PSLACH308 GTCGAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCGGCTCA 278
P. S. JAPONICA GTCGAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCGGCTCA 277
PSAPTATA GTCGAAGCGCCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCGGCTCA 276
PSS61 GTCGAAGCGCCGGA---AAAGGGCGACA--AACAGGACG-TCATCGT--ATTTCGGCTCA 277
PSSB728A GTCGAAGCGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCGGCTCA 277
PSMACULICOLA GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCGGCTCA 277
PSCANNABINAPSA1-3 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCGGCTCA 277
PSSMACULICOLAES4326 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCGGCTCA 277
PSSMORI301020 GTCGATACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCGGCTCA 277
PSLACHM301315 GTCGATACGCCGGA---AAAGGACGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCGGCTCA 277
PSP1448 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGT--GTTTCGGCTCA 277
PSGLYCINEA GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGT--GTTTCGGCTCA 277
PSP3121 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGT--GTTTCGGCTCA 277
PSSAESCULINCPB3681 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGT--GTTTCGGCTCA 277
PSSAESCULI2250 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGT--GTTTCGGCTCA 277
PSSAESCULI0893_23 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGT--GTTTCGGCTCA 277
PSSAVASTANOI GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGT--GTTTCGGCTCA 277
PSTABACI GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGT--GTTTCGGCTCA 277
PSVIRIDIFLAVAPNA3 ATCG---TTCCGGGTAGGCAGGTCTCCACCGTCACGACGCTCTTGATGGTTTCATCTG 278
PSVIRIDIFLAVALP23 ATCG---TTCCGGGTAGGCAGGTCTCCACCGTCACGACGCTCTTGATGGTTTCATCTG 278

*** ** * * * * * * * *

PST1 AATAC----GCCAACCGGGTGTATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGG 334
PSLACHM302278PT AATAC----GCCAACCGGGTGTATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGG 334
DC3000 AATAC----GCCAACCGGGTGTATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGG 334
PSMORSPRUM302280 AATAC----GCCAACCGGGTGTATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGG 334
PSSACTINIDIAEM302091 AGTAC----GCCAACCGGGTGTATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGG 334
PSTARGETIS GGTAC----GCCAACCGGGTGTATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGG 334
PSLACH308 AATAC----GCCAGTGCCTGGGACCGCACCATTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGG 332
P. S. JAPONICA AATAC----GCCAGTGCCTGGGACCGCACCATTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGG 331
PSAPTATA AGTAC----GCCAGTGCCTGGGACCGCACCATTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGG 330
PSS61 AGTAC----GCCAGTGCCTGGGACCGCACCATTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGG 331

PSSB728A AGTAC----GCCAGTGCCGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGG 331
 PSMACULICOLA AATAT----GCCAGCGCGGGGACCGTACCATTTCGCTATCGTGATCAAGAGCTGG--TAG 331
 PSCANNABINAPSA1-3 AATAT----GCCAGCGCGGGGACCGTACCATTTCGCTATCGTGATCAAGAGCTGG--TAG 331
 PSSMACULICOLAES4326 AATAT----GCCAGCGCGGGGACCGTACCATTTCGCTATCGTGATCAAGAGCTGG--TAG 331
 PSSMORI301020 AATAT----GCCAGCGCGGGGACCGTACCATTTCGCTATCGTGATCAAGAGCTGG--TAG 331
 PSLACHM301315 AATAT----GCCAGCGCGGGGACCGTACCATTTCGCTATCGTGATCAAGAGCTGG--TAG 331
 PSP1448 AATAC----GCCAACGCGTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CAG 331
 PSGLYCINEA AATAC----GCCAACGCGTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CAG 331
 PSP3121 AATAC----GCCAACGCGTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CAG 331
 PSSAESULINCPBB3681 AATAC----GCCAACGCGTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CGG 331
 PSSAESULI2250 AATAC----GCCAACGCGTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CGG 331
 PSSAESULI0893_23 AATAC----GCCAACGCGTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CGG 331
 PSSAVASTANOI AATAC----GCCAACGCGTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CGG 331
 PSTABACI AATAC----GCCAACGCGTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CAG 331
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 GGCATCGATGTC-GTGCGGGTTACCGTTTTGTACG-TAGCGCG-CCGG--GTTGACCTGA 333
 PSVIRIDIFLAVALP23 GGCATCGATGTC-GTGCGGGTTACCGTTTTGTACG-TAGCGCG-CCGG--GTTGACCTGA 333
 * * * * * * * * * * *

PST1 TGGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAA 392
 PSLACHM302278PT TGGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAA 392
 DC3000 TGGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAA 392
 PSMORSPRUM302280 TGGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAA 392
 PSSACTINIDIAEM302091 TGGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 392
 PSTARGETIS TGGCCGGT--GTTGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 392
 PSLACH308 TCGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 392
 P.S.JAPONICA TCGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSAPTATA TCGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 388
 PSS61 TCGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSSB728A TCGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSMACULICOLA TCGCAGGG--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSCANNABINAPSA1-3 TCGCAGGG--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSSMACULICOLAES4326 TCGCAGGG--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSSMORI301020 TCGCAGGG--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSLACHM301315 TCGCAGGG--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSP1448 TAGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSGLYCINEA TAGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSP3121 TAGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSSAESULINCPBB3681 TAGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSSAESULI2250 TAGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSSAESULI0893_23 TAGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSSAVASTANOI TAGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSTABACI TAGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGA 389
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 TCGCAATCAGTCCG-GGCGT----CAGGA-----TGAACAACCG--CTCACGGTGATTG 381
 PSVIRIDIFLAVALP23 TCGCAATCAGTCCG-GGCGT----CAGGA-----TGAACAACCG--CTCACGGTGATTG 381
 * * * * * * * * * * *

PST1 CATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTTGCCA 439
 PSLACHM302278PT CATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTTGCCA 439
 DC3000 CATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTTGCCA 439
 PSMORSPRUM302280 CATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTTGCCA 439
 PSSACTINIDIAEM302091 CATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTTGCCA 439
 PSTARGETIS CATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGG 443
 PSLACH308 CATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGG 442
 P.S.JAPONICA CATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGG 441
 PSAPTATA CATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGG 441
 PSS61 GATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTTCGCGG-TA---ACGGCTGGCGG 442
 PSSB728A TATAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTCGG 445
 PSMACULICOLA TATAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTCGG 445
 PSCANNABINAPSA1-3 TATAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTCGG 445
 PSSMACULICOLAES4326 TATAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTCGG 445
 PSSMORI301020 TATAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTCGG 445
 PSLACHM301315 TATAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTCGG 445
 PSP1448 CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSGLYCINEA CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSP3121 CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSSAESULINCPBB3681 CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSSAESULI2250 CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSSAESULI0893_23 CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSSAVASTANOI CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSTABACI CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 ATTTACAGGCTGCGGACTGAAACAGCAGTTTGGCCGATGTAG-----GGAATGTCCG 433
 PSVIRIDIFLAVALP23 ATTTACAGGCTGCGGACTGAAACAGCAGTTTGGCCGATGTAG-----GGAATGTCCG 433
 * * * * * * * * * * *

PST1 ACAGCACAGGTGTCGCGG---CCGCGGCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATC 495
 PSLACHM302278PT ACAGCACAGGTGTCGCGG---CCGCGGCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATC 495
 DC3000 ACAGCACAGGTGTCGCGG---CC-CGCGCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATC 494

PSMORSPRUM302280 ACAGCACAGGTGTCGCGG---CGGCCGGCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATT 495
PSSACTINIDIAEM302091 ACAGCACAGGTGTCGCGG---CCGCCGGCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATT 495
PSTARGETIS GCGGTGCGGGGGTTCGG---CTGCGCCTT-GCCTTACAACCTGGGTTCCAGCGGATC 495
PSLACH308 GCGGT---GGCGCCCGGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 493
P. S. JAPONICA GCGGT---GGCGCCCGGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 492
PSAPTATA GCGGT---GGCGCCCGGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 491
PSS61 GCGGT---GGCAGCCCGGACACTCCGAGTCT-GCCA-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 492
PSSB728A GCGGT---GGCAGCCCGGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 492
PSMACULICOLA GCGGT---GACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATC 495
PSCANNABINAPSA1-3 GCGGT---GACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATC 495
PSSMACULICOLAES4326 GCGGT---GACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATC 495
PSSMORI301020 GCGGT---GACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATT 495
PSLACHM301315 GCGGT---GACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATC 495
PSP1448 GTGGC---GACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
PSGLYCINEA GTGGC---GACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
PSP3121 GTGGC---GACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
PSSAESCULINCPB3681 GTGGC---GACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
PSSAESCULI2250 GTGGC---GACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
PSSAESCULI0893_23 GTGGC---GACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
PSSAVASTANOI GTGGC---GACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
PSTABACI GTGGC---GGCG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
PSVIRIDIFLAVAPNA3 CCAGC---AGCG---GGATCTTGTGAACCTTGTCA-----TTGGCTTCAAGGCCATG 479
PSVIRIDIFLAVALP23 CCAGC---AGCG---GGATCTTGTGAACCTTGTCA-----TTGGCTTCAAGGCCATG 479

* ** * * * * * * * * *

PST1 GA---TACGGGAG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCA 541
PSLACHM302278PT GA---TACGGGAG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCA 541
DC3000 GA---TACGGGAG--CACTGCAACAGGGGCAATTGC---ACCG----CGTATTGA-ACTTCA 542
PSMORSPRUM302280 GA---TACGGGCG--CACTGCAACAGGG-TATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCA 541
PSSACTINIDIAEM302091 GA---TACGGGCG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCA 541
PSTARGETIS GA---TACAGGTG--CCTTGCAAGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-GTTTCG 541
PSLACH308 GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGG--CCTCG---ATCA----GGTGCTGC-ACTATG 538
P. S. JAPONICA GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGG--CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATG 538
PSAPTATA GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGG--CCTCG---ATCA----GGTGCTGC-ACTATG 537
PSS61 GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGG--CCTCG---ATCA----GGTGCTGC-ACTATG 538
PSSB728A GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGG--CCTCG---ATCA----GGTGCTGC-ACTATG 538
PSMACULICOLA AA---TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGCTGC-ACTATG 541
PSCANNABINAPSA1-3 AA---TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGCTGC-ACTATG 541
PSSMACULICOLAES4326 AA---TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGCTGC-ACTATG 541
PSSMORI301020 AA---TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGCTGC-ACTATG 541
PSLACHM301315 AA---TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGCTGC-ACTATG 541
PSP1448 GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTTGA-GCTATG 535
PSGLYCINEA GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTTGA-GCTATG 535
PSP3121 GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTTGA-GCTATG 535
PSSAESCULINCPB3681 GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTTGA-GCTATG 535
PSSAESCULI2250 GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTTGA-GCTATG 535
PSSAESCULI0893_23 GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTTGA-GCTATG 535
PSSAVASTANOI GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTTGA-GCTATG 535
PSTABACI GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTTGA-GCTATG 535
PSVIRIDIFLAVAPNA3 AAATCCGCCGACGACCAGTGAACCATGCTCAGCGATGACCGCCTGGGTGCTGACGTTTC 539
PSVIRIDIFLAVALP23 AAATCCGCCGACAACCAGTGAACCATGCTCAGCGATGACCGCCTGGGTGCTGACGTTTC 539

* * * * * * * * * *

PST1 ACAGCA-----AAAAAAGTCCAAAGGGTTCATGCCTCAGGCAAGGCCAAATAT 587
PSLACHM302278PT ACAGCA-----AAAAAAGTCCAAAGGGTTCATGCCTCAGGCAAGGCCAAATAT 587
DC3000 ACAGCA-----AAAAAAGTCCAAAGGGTTCATGCCTCAGGCAAGGCCAAATAT 587
PSMORSPRUM302280 ACAGCA-----AAAAAAGTCCAAAGGGTTCATGCCTCAGGCAAGGCCAAATAT 587
PSSACTINIDIAEM302091 ACAGCA-----AAAAAAGTCCAAAGGGTTCATGCCTCAGGCAAGGCCAAATAT 587
PSTARGETIS GCAGCA-----AACGATCCGGTAAAGGTCATTCGCGAGGGCGCACAAGCAT 587
PSLACH308 GCGGCGGCGGCGGCGAGCGGCAAGCGGTGGAAAAA-GCCGCTCGGGGTCGGGCCAACAT 597
P. S. JAPONICA GCGGCGGCGGCGAGCA-----AAAGCGGTGGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTTCGGGCCAACAT 593
PSAPTATA GCGGCGGAGGCGGCGAGCA--AAAGCGGTGGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTTCGGGCCAACAT 595
PSS61 GTGGCGGCGGCGCAGCA-----AAAGCAGTGGAAAAAGTCGCTCTGGCGGGCGGGCCAACAT 593
PSSB728A GCGGCGGCGGCGCA-----AAAGCGCTGGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTTCGGGCCAACAT 590
PSMACULICOLA GCAGCGGCGGCGGTGGCA--AGAGCAGCGGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCAT 599
PSCANNABINAPSA1-3 GCAGCGGCGGCGGTGGCA--AGAGCAGCGGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCAT 599
PSSMACULICOLAES4326 GCAGCGGCGGCGGTGGCA--AGAGCAGCGGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCAT 599
PSSMORI301020 GCAGCGGCGGCGGTGGCA--AGAGCAGCGGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCAT 599
PSLACHM301315 GCAGCGGTGGCGGTGGCA--AGAGCAGCGGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCAT 599
PSP1448 GCAGCGGCGAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACAT 587
PSGLYCINEA GCAGCGGCGAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACAT 587
PSP3121 GCAGCGGCGAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACAT 587
PSSAESCULINCPB3681 GCAGCGGCGAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACAT 587
PSSAESCULI2250 GCAGCGGCGAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACAT 587
PSSAESCULI0893_23 GCAGCGGCGAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACAT 587
PSSAVASTANOI GCAGCGGCGAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACAT 587
PSTABACI GCAGCGGCGAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACAT 587

PSVIRIDIFLAVAPNA3	TTTGCG-----TACGCTCGGCTGGTCCGCATT--GATGTCCGAG---ACAT	580
PSVIRIDIFLAVALP23	TTTGCG-----TACGCTCGGCTGGTCCGCATT--GATGTCCGAG---ACAT	580
	* * * * *	
PST1	CCGCGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CC	638
PSLACHM302278PT	CCGCGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CC	638
DC3000	CCGCGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CC	638
PSMORSPRUM302280	CCGCGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTACT---GATTTACGACC-TG--CC	638
PSSACTINIDIAEM302091	CCGCGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTACT---GATTTACGACC-TG--CC	638
PSTARGETIS	TCGGGTAAGCGCT---GACGTGCGTAACAACGCGGTACT---GATCTATGACT-TG--CC	638
PSLACH308	CCGCGTAACGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-GC--CC	648
P. S. JAPONICA	CCGCGTAACGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CC	644
PSAPTATA	CCGCGTAACGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CC	646
PSS61	CCGTGTAACCGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTACGACT-TG--CC	644
PSMB728A	CCGTGTAACCGCC---GATGTCCGTAACAACGCGGTGCT---GATCTACGACT-TG--CC	641
PSMACULICOLA	TCGTGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CC	650
PSCANNABINAPSA1-3	TCGTGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CC	650
PSSMACULICOLAES4326	TCGTGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CC	650
PSSMORI301020	TCGTGTACCAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CC	650
PSLACHM301315	TCGTGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CC	650
PSP1448	TCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CC	638
PSGLYCINEA	TCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CC	638
PSP3121	TCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CC	638
PSSAESCULINCPB3681	TCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CC	638
PSSAESCULI2250	TCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CC	638
PSSAESCULI0893_23	TCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CC	638
PSSAVASTANOI	TCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CC	638
ESTABACI	TCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CC	638
PSVIRIDIFLAVAPNA3	CGATTTGACCGTCTCGATGTGCACAATCA-GCTGCACCTGAGGTTTGCCATCGTGATCC	639
PSVIRIDIFLAVALP23	CGATTTGACCGTCTCGATGTGCACAATCA-GCTGCACCTGAGGTTTGCCATCGTGATCC	639
	* * * * *	
PST1	AGAGCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGAC-GTTCCGCG	689
PSLACHM302278PT	AGAGCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGAC-GTTCCGCG	689
DC3000	AGAGCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGAC-GTTCCGCG	689
PSMORSPRUM302280	AGAGCGCAAGGCCATGTATCAGAAAAGTGGT-----CAAGGAGCTGGAC-GTTCCGCG	689
PSSACTINIDIAEM302091	TGAGCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGAC-GTTCCGCG	689
PSTARGETIS	AGAGCGCAAGGCCATGTACGAGAAGCTGGT-----CAAGGAGCTCGAT-GTTCTCG	689
PSLACH308	TCCACSCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATTGTTTCS	700
P. S. JAPONICA	CTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGAT-GTTTCGCG	695
PSAPTATA	CTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGAT-GTTTCGCG	697
PSS61	CTCGCGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGAT-GTTTCGCG	695
PSMB728A	CTCGCGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGAT-GTTTCGCG	692
PSMACULICOLA	CTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTTTCGCG	701
PSCANNABINAPSA1-3	CTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTTTCGCG	701
PSSMACULICOLAES4326	CTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTTTC-CG	700
PSSMORI301020	CTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTTTCGCG	701
PSLACHM301315	GTCGCGCAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTTTCGCG	701
PSP1448	GTCGCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTCTCAG	689
PSGLYCINEA	GTCGCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTCTCAG	689
PSP3121	GTCGCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTCTCAG	689
PSSAESCULINCPB3681	GTCGCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTCTCAG	689
PSSAESCULI2250	GTCGCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTCTCAG	689
PSSAESCULI0893_23	GTCGCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTCTCAG	689
PSSAVASTANOI	GTCGCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTCTCAG	689
ESTABACI	GTCGCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTCTCAG	689
PSVIRIDIFLAVAPNA3	AGCGAGCGTGG-AATGACCTGCAAGCTGGTGCCAGCGGTGATGGGCTCGAT-ATTGGCCA	697
PSVIRIDIFLAVALP23	AGCGAGCGTGG-AATGACCTGCAAGCTGGTGCCAGCGGTGATGGGCTCGAT-ATTGGCCA	697
	* * * * *	
PST1	CA-ACCTGA---TCGAAATCGA--- 707	
PSLACHM302278PT	CA-ACCTGA---TCGAAATCGATGC 710	
DC3000	CA-ACCTGA---TCGAAATCGA--- 707	
PSMORSPRUM302280	CA-ACCTGA---TCGAAATCGATGC 710	
PSSACTINIDIAEM302091	CA-ACCTGA---TCGAAATCGATGC 710	
PSTARGETIS	CA-ACCTGA---TCGAAATCGA--- 707	
PSLACH308	CGCAGCTGA---TCGAA-TCGATGC 721	
P. S. JAPONICA	CA-ACCTGA---TCGAAATCGA--- 713	
PSAPTATA	CA-ACCTGA---TCGAAATCGA--- 715	
PSS61	CA-ACCTGA---TCGAAATCGA--- 713	
PSMB728A	CA-ACCTGA---TCGAAATCGA--- 710	
PSMACULICOLA	CA-ACCTGA---TCGAAATCGA--- 719	
PSCANNABINAPSA1-3	CA-ACCTGA---TCGAAATCGATGC 722	
PSSMACULICOLAES4326	CA-ACCTGA---TCGAAATCGATGC 721	
PSSMORI301020	CA-ACCTGA---TCGAAATCGATGC 722	
PSLACHM301315	CA-ATCTGA---TCGAAATCGATGC 722	
PSP1448	CA-ACCTGA---TCGAAATCGA--- 707	

PSCANNABINAPSA1-3 TGGGATTGCTGGATAAA-CGCTTCGGTTGGGGGGTGTCTACCGAACGAGGGCGTGGTGTCTG 174
PSSMACULICOLAES4326 TGGGATTGCTGGATAAA-CGCTTCGGTTGGGGGGTGTCTACCGAACGAGGGCGTGGTGTCTG 174
PSSMORI301020 TGGGATTGCTGGATAAA-CGCTTCGGTTGGGGGGTGTCTACCGAACGAGGGCGTGGTGTCTG 174
PSLACHM301315 TGGGATTGCTGGATAAA-CGCTTCGGTTGGGGGGTGTCTACCGAACGAGGGCGTGGTGTCTG 174
PSP1448 TAGGCCTGCTGGATAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGGTGTGGTGTCTG 174
PSGLYCINEA TAGGCCTGCTGGATAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGGTGTGGTGTCTG 174
PSP3121 TAGGCCTGCTGGATAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGGTGTGGTGTCTG 174
PSSAESCULINCPBB3681 TAGGCCTGCTGGATAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGGTGTGGTGTCTG 174
PSSAESCULI2250 TAGGCCTGCTGGATAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGGTGTGGTGTCTG 174
PSSAESCULI0893_23 TAGGCCTGCTGGATAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGGTGTGGTGTCTG 174
PSSAVASTANOI TAGGCCTGCTGGATAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGGTGTGGTGTCTG 174
PSTABACI TAGGCCTGCTGGATAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGGTGTGGTGTCTG 174
PSVIRIDIFLAVAPNA3 TCAGCCCTCGCCCGGATCGCAGAGGCTG----TCGGTTTCGA---AGGGCATGGTTTCG 162
PSVIRIDIFLAVALP23 TCAGCCCATCGCCCGGATCGCAACAAGCTG----TCGGTTTCGA---AGGGCATGGTTTCG 162
* * ** * ** * * ** * ** *

PST1 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSLACHM302278PT ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
DC3000 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSMORSPRUM302280 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSACTINIDIAEM302091 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSTARGETIS ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAT-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSLACH310 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAT-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
P. S. JAPONICA ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAT-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSAPTATA ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAT-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSS61 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAT-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSB728A ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAT-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSMACULICOLA ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSCANNABINAPSA1-3 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSMACULICOLAES4326 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSMORI301020 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSLACHM301315 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSP1448 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSGLYCINEA ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSP3121 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSAESCULINCPBB3681 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSAESCULI2250 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSAESCULI0893_23 ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSAVASTANOI ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSTABACI ---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSVIRIDIFLAVAPNA3 CCCATATGCATACCGGGTGGCGCAACACCGTCCGACATTTGCGTGAAGACATTTCTGAACA 222
PSVIRIDIFLAVALP23 CCCGTATGCATACCGGGTGGCGCAACACCGTCCGACATTTGCGTGAAGACATTTCTGAACA 222
* * ** * ** * * ** * ** *

PST1 TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTTCGT--GCTGCCACTCAA 281
PSLACHM302278PT TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTTCGT--GCTGCCACTCAA 281
DC3000 TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTTCGT--GCTGCCACTCAA 281
PSMORSPRUM302280 TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTTCGT--GCTGCCACTCAA 281
PSSACTINIDIAEM302091 TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTTCGT--GCTGCCACTCAA 281
PSTARGETIS TCGAAAAGCCCGACGATAAAAAAGCCGATA--AGCAGGACG-TTGTTCGT--CCTGCCGCTCAG 281
PSLACH310 TCGAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
P. S. JAPONICA TCGAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSAPTATA TCGAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 277
PSS61 TCGAAGCCCGGA---AAAGGGCGACA--AACAGGACG-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSSB728A TCGAAGCCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSMACULICOLA TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSCANNABINAPSA1-3 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSSMACULICOLAES4326 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSSMORI301020 TCGATACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSLACHM301315 TCGATACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSP1448 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
PSGLYCINEA TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
PSP3121 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
PSSAESCULINCPBB3681 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
PSSAESCULI2250 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
PSSAESCULI0893_23 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
PSSAVASTANOI TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
PSTABACI TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
PSVIRIDIFLAVAPNA3 TCG---TTCCGGGTAGGCAGGTCTCCCGCTCACGACGCTCTTGTATGGTTTTCATCTGG 279
PSVIRIDIFLAVALP23 TCG---TTCCGGGTAGGCAGGTCTCCCGCTCACGACGCTCTTGTATGGTTTTCATCTGG 279
*** ** * * * ** * ** * * ** * ** *

PST1 ATAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGGT 335
PSLACHM302278PT ATAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGGT 335
DC3000 ATAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGGT 335
PSMORSPRUM302280 ATAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGGT 335
PSSACTINIDIAEM302091 GTAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGGT 335

PSTARGETIS GTAC----GCCAACGCCGCCGATCGCACTATTCGTTATCGCGACCAGCAACTGG--TCGT 335
PSLACH310 ATAC----GCCAGTGCCGCGGACCCGACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGTT 332
P. S. JAPONICA ATAC----GCCAGTGCCGCGGACCCGACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGTT 332
PSAPTATA GTAC----GCCAGTGCTGCGGACCCGACCATTTCGCTATCGTGATCAACAACCTGG--TGTT 331
PSS61 GTAC----GCCAGTGCTGCGGACCCGACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGTT 332
PSSB728A GTAC----GCCAGTGCCGCGGACCCGACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGTT 332
PSMACULICOLA ATAT----GCCAGCGCGCGGACCCGACCATTTCGCTATCGTGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSCANNABINAPSA1-3 ATAT----GCCAGCGCGCGGACCCGACCATTTCGCTATCGTGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSSMACULICOLAES4326 ATAT----GCCAGCGCGCGGACCCGACCATTTCGCTATCGTGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSSMORI301020 ATAT----GCCAGCGCGCGGACCCGACCATTTCGCTATCGTGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSLACHM301315 ATAT----GCCAGCGCGCGGACCCGACCATTTCGCTATCGTGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSP1448 ATAC----GCCAACGCGTCGGACCCGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSGLYCINEA ATAC----GCCAACGCGTCGGACCCGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSP3121 ATAC----GCCAACGCGTCGGACCCGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSSAESCULINCPB3681 ATAC----GCCAACGCGTCGGACCCGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CGGT 332
PSSAESCULI2250 ATAC----GCCAACGCGTCGGACCCGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CGGT 332
PSSAESCULI0893_23 ATAC----GCCAACGCGTCGGACCCGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CGGT 332
PSSAVASTANOI ATAC----GCCAACGCGTCGGACCCGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CGGT 332
PSTABACI ATAC----GCCAACGCGTCGGACCCGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSVIRIDIFLAVAPNA3 GCATCGATGTC-GTGC GGGTTACCGTTTTGTACG-TAGCGCG-CCGG--GTTGACCTGAT 334
PSVIRIDIFLAVALP23 GCATCGATGTC-GTGC GGGTTACCGTTTTGTACG-TAGCGCG-CCGG--GTTGACCTGAT 334
* * * * *

PST1 GGCCGGT--GTCGCCAGTATTTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAAGC 393
PSLACHM302278PT GGCCGGT--GTCGCCAGTATTTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAAGC 393
DC3000 GGCCGGT--GTCGCCAGTATTTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAAGC 393
PSMORSPRUM302280 GGCCGGT--GTCGCCAGTATTTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAAGC 393
PSSACTINIDIAEM302091 GGCCGGT--GTCGCCAGTATTTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAAGC 393
PSTARGETIS GGCCGGT--GTTGCCAGTATTTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCTGCTGCACGTTGGCGAGAGC 393
PSLACH310 CGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 390
P. S. JAPONICA CGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 390
PSAPTATA CGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 389
PSS61 CGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 390
PSSB728A CGCCGGG--GTCGCCAGTATTTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 390
PSMACULICOLA CGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGGTCTTCGCGGCCAGTCT 390
PSCANNABINAPSA1-3 CGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGGTCTTCGCGGCCAGTCT 390
PSSMACULICOLAES4326 CGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGGTCTTCGCGGCCAGTCT 390
PSSMORI301020 CGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGGTCTTCGCGGCCAGTCT 390
PSLACHM301315 CGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGGTCTTCGCGGCCAGTCT 390
PSP1448 AGCGGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSGLYCINEA AGCGGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSP3121 AGCGGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSSAESCULINCPB3681 AGCGGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSSAESCULI2250 AGCGGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSSAESCULI0893_23 AGCGGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSSAVASTANOI AGCGGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSTABACI AGCGGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSVIRIDIFLAVAPNA3 CGCCAATCAGTCGC-GGCGT----CAGGA----TGAACAACCG--CTCACGGTGATTGA 382
PSVIRIDIFLAVALP23 CGCCAATCAGTCGC-GGCGT----CAGGA----TGAACAACCG--CTCACGGTGATTGA 382
** * * * * *

PST1 ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCGCAA 440
PSLACHM302278PT ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCGCAA 440
DC3000 ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCGCAA 440
PSMORSPRUM302280 ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCGCAA 440
PSSACTINIDIAEM302091 ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCGCAA 440
PSTARGETIS ATCGACAG-TGTGAACCTGCT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----TGGCATCTCGAG 440
PSLACH310 ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGGG 443
P. S. JAPONICA ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGGG 443
PSAPTATA ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGGG 442
PSS61 ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGGG 443
PSSB728A ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGCTGGCGGG 443
PSMACULICOLA ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGGCGCTTGTCTGG 446
PSCANNABINAPSA1-3 ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGGCGCTTGTCTGG 446
PSSMACULICOLAES4326 ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGGCGCTTGTCTGG 446
PSSMORI301020 ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGGCGCTTGTCTGG 446
PSLACHM301315 ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGGCGCTTGTCTGG 446
PSP1448 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
PSGLYCINEA ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
PSP3121 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
PSSAESCULINCPB3681 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
PSSAESCULI2250 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
PSSAESCULI0893_23 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
PSSAVASTANOI ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
PSTABACI ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
PSVIRIDIFLAVAPNA3 TTTACGGCTGCGGACTGAAACAGCAGTTTGCAGTAG-----GGAATGTCGCC 434
PSVIRIDIFLAVALP23 TTTACGGCTGCGGACTGAAACAGCAGTTTGCAGTAG-----GGAATGTCGCC 434

```

* * * * * * * * * * *
PST1 CAGCACAGGTGTCGCGGGCCGCGGCCT-GCCTTACAACTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 497
PSLACHM302278PT CAGCACAGGTGTCGCGGGCCGCGGCCT-GCCTTACAACTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 497
DC3000 CAGCACAGGTGTCGCGGGCC-CCGGCCT-GCCTTACAACTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 496
PSMORSPRUM302280 CAGCACAGGTGTCGCGGGCCGCGGCCT-GCCTTACAACTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 497
PSSACTINIDIAEM302091 CAGCACAGGTGTCGCGGGCCGCGGCCT-GCCTTACAACTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 497
PSTARGETIS CGGTGCCGGGCTTCGGCTGCGGCCTT-GCCTTACAACTGGGTTCCAACGGGATCGA-- 497
PSLACH310 CGGTGGCGCCCGGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTCGA-- 494
P. S. JAPONICA CGGTGGCGCCCGGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTCGA-- 494
PSAPTATA CGGTGGCGCCCGGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTCGA-- 493
PSS61 CGGTGGCAGCCCGGACACTCCGAGTCT-GCCA-----ATGAGCTCCAGCGGCCTCGA-- 494
PSSB728A CGGTGGCAGCCCGGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTCGA-- 494
PSMACULICOLA CGGTGACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATCAA-- 497
PSCANNABINAPSA1-3 CGGTGACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATCAA-- 497
PSSMACULICOLAES4326 CGGTGACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATCAA-- 497
PSSMORI301020 CGGTGACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATCAA-- 497
PSLACHM301315 CGGTGACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATCAA-- 497
PSP1448 TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
PSGLYCINEA TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
PSP3121 TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
PSSAESCULINCPBB3681 TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
PSSAESCULI2250 TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
PSSAESCULI0893_23 TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
PSSAVASTANOI TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
ESTABACI TGGCGGCG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
PSVIRIDIFLAVAPNA3 CAGCAGCG---GGATCTTGTGAACCTTGTCA-----TTGGCTTCAAGGCCATGAAAT 483
PSVIRIDIFLAVALP23 CAGCAGCG---GGATCTTGTGAACCTTGTCA-----TTGGCTTCAAGGCCATGAAAT 483
* * * * * * * * * * *

```

```

PST1 -TACGGGAG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
PSLACHM302278PT -TACGGGAG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
DC3000 -TACGGGAG--CACTGCAACAGGGGCATTGC--ACCG----CGTATTGA-ACTTCAACAG 546
PSMORSPRUM302280 -TACGGGCG--CACTGCAACAGGG-TATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
PSSACTINIDIAEM302091 -TACGGGCG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
PSTARGETIS -TACAGGTG--CCTTGGAGCAAGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
PSLACH310 -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATGGCGG 542
P. S. JAPONICA -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATGGCGG 542
PSAPTATA -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATGGCGG 541
PSS61 -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATGGCGG 542
PSSB728A -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATGGCGG 542
PSMACULICOLA -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGTGTC-ACTATGGCAG 545
PSCANNABINAPSA1-3 -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGTGTC-ACTATGGCAG 545
PSSMACULICOLAES4326 -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGTGTC-ACTATGGCAG 545
PSSMORI301020 -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGTGTC-ACTATGGCAG 545
PSLACHM301315 -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGTGTC-ACTATGGCAG 545
PSP1448 -TACCGGCG--CCTTGAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTA-GCTATGGCAG 539
PSGLYCINEA -TACCGGCG--CCTTGAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTA-GCTATGGCAG 539
PSP3121 -TACCGGCG--CCTTGAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTA-GCTATGGCAG 539
PSSAESCULINCPBB3681 -TACCGGCG--CCTTGAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTA-GCTATGGCAG 539
PSSAESCULI2250 -TACCGGCG--CCTTGAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTA-GCTATGGCAG 539
PSSAESCULI0893_23 -TACCGGCG--CCTTGAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTA-GCTATGGCAG 539
PSSAVASTANOI -TACCGGCG--CCTTGAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTA-GCTATGGCAG 539
ESTABACI -TACCGGCG--CCTTGAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTA-GCTATGGCAG 539
PSVIRIDIFLAVAPNA3 CCGCCGACGACCAGTGAACCATGCTCAGCGATGACCGCCTGGGTGCTGACGTTTCCCTTTG 543
PSVIRIDIFLAVALP23 CCGCCGACAAACCAGTGAACCATGCTCAGCGATGACCGCCTGGGTGCTGACGTTTCCCTTTG 543
* * * * * * * * * * *

```

```

PST1 C-----AAAAAACTGCCAAGGGTTCATGCCTCAGGCAAGGCAAATATCCGCGT 593
PSLACHM302278PT C-----AAAAAACTGCCAAGGGTTCATGCCTCAGGCAAGGCAAATATCCGCGT 593
DC3000 C-----AAAAAACTGCCAAGGGTTCATGCCTCAGGCAAGGCAA-TATCCGCGT 593
PSMORSPRUM302280 C-----AAAAAACTGCCAAGGGTTCATGCCTCAGGCAAGGCAAATATCCGCGT 593
PSSACTINIDIAEM302091 C-----AAAAAACTGCCAAGGGTTCATGCCTCAGGCAAGGCAAATATCCGCGT 593
PSTARGETIS C-----AAACGATCCGGTAAAGGTCATTCCGAGGGCGCACAAAGCATCCGGT 593
PSLACH310 CGGAGGGCGCAGCAAAAGTGGTGGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTGGGGCCAAACATCCGCGT 602
P. S. JAPONICA CG---GCGGCAGCAAAAGCGGTGGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTGGGGCCAAACATCCGCGT 599
PSAPTATA CGGAGGGCGCAGCAAAAGCGGTGGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTGGGGCCAAACATCCGCGT 601
PSS61 CG---GCGGCAGCAAAAGCGGTGGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTGGGGCCAAACATCCGCGT 599
PSSB728A CG---GCGGCA---AAAGCGTGGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTGGGGCCAAACATCCGCGT 596
PSMACULICOLA CGGCGGCGGTGGCAAGAGCAGCGGAAAAAGTTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCATTCGCGT 605
PSCANNABINAPSA1-3 CGGCGGCGGTGGCAAGAGCAGCGGAAAAAGTTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCATTCGCGT 605
PSSMACULICOLAES4326 CGGCGGCGGTGGCAAGAGCAGCGGAAAAAGTTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCATTCGCGT 605
PSSMORI301020 CGGCGGCGGTGGCAAGAGCAGCGGAAAAAGTTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCATTCGCGT 605
PSLACHM301315 CGGTGGCGGTGGCAAGAGCAGCGGAAAAAGTTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCATTCGCGT 605
PSP1448 CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTCGCGT 593
PSGLYCINEA CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTCGCGT 593
PSP3121 CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTCGCGT 593

```

PSSAESCULINCPB3681 CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTTCGTGT 593
PSSAESCULI2250 CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTTCGTGT 593
PSSAESCULI0893_23 CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTTCGTGT 593
PSSAVASTANOI CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTTCGTGT 593
PSTABACI CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTTCGTGT 593
PSVIRIDIFLAVAPNA3 CG-----TACGCTCGGCTGGTCCGCATT--GATGTCCGAG---ACATCGATT 586
PSVIRIDIFLAVALP23 CG-----TACGCTCGGCTGGTCCGCATT--GATGTCCGAG---ACATCGATT 586
* * * * *

PST1 AAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CCAGAGCG 644
PSLACHM302278PT AAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CCAGAGCG 644
DC3000 AAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CCAGAGCG 644
PSMORSPRUM302280 AAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTACT---GATTTACGACC-TG--CCAGAGCG 644
PSSACTINIDIAEM302091 AAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTACT---GATTTACGACC-TG--CCTGAGCG 644
PSTARGETIS AAGCGCT---GAGTGCCTAACAACGCGGTACT---GATCTATGACT-TG--CCAGAGCG 644
PSLACH310 AACGGCC---GATGTCCGTAACAACGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CCCTCAGC 653
P. S. JAPONICA AACGGCC---GATGTCCGTAACAACGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CCCTCAGC 650
PSAPTATA AACGGCC---GATGTCCGTAACAACGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CCCTCAGC 652
PSS61 AACGGCC---GATGTCCGTAACAACGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CCCTCAGC 650
PSSB728A AACGGCC---GATGTCCGTAACAACGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CCCTCAGC 647
PSMACULICOLA AACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTCAGC 656
PSCANNABINAPSA1-3 AACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTCAGC 656
PSSMACULICOLAES4326 AACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTCAGC 656
PSSMORI301020 ACCAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTCAGC 656
PSLACHM301315 AACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCGTCGCG 656
PSP1448 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCGCG 644
PSGLYCINEA AACAGCC---GATGTGCGTAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCGCG 644
PSP3121 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCGCG 644
PSSAESCULINCPB3681 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCGCG 644
PSSAESCULI2250 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCGCG 644
PSSAESCULI0893_23 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCGCG 644
PSSAVASTANOI AACAGCC---GATGTGCGTAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCGCG 644
PSTABACI AACAGCC---GATGTGCGTAACAACGCGGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCGCG 644
PSVIRIDIFLAVAPNA3 GACCGTCTCGATGTGACAAATCA-GCTGCACCTGAGGTTTGCCATCGTGATCCAGCGAG 645
PSVIRIDIFLAVALP23 GACCGTCTCGATGTGACAAATCA-GCTGCACCTGAGGTTTGCCATCGTGATCCAGCGAG 645
* * * * *

PST1 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAGCTGGACGTT--CCGCGCAACC 694
PSLACHM302278PT CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAGCTGGACGTT--CCGCGCAACC 694
DC3000 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAGCTGGACGTT--CCGCGCAACC 694
PSMORSPRUM302280 CAAGGCCATGTATCAGAAATCGGT-----CAAGGAGCTGGACGTT--CCGCGCAACC 694
PSSACTINIDIAEM302091 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAGCTGGACGTT--CCGCGCAACC 694
PSTARGETIS CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAGCTGGACGTT--CCTCGCAACC 694
PSLACH310 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAAGAGCTGGATGTT--TCGCGCAACC 703
P. S. JAPONICA CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAAGAGCTGGATGTT--TCGCGCAACC 700
PSAPTATA CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAAGAGCTGGATGTT--TCGCGCAACC 702
PSS61 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAAGAGCTGGATGTT--TCGCGCAACC 700
PSSB728A CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAAGAGCTGGATGTT--TCGCGCAACC 697
PSMACULICOLA CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 706
PSCANNABINAPSA1-3 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 706
PSSMACULICOLAES4326 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 705
PSSMORI301020 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 706
PSLACHM301315 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 706
PSP1448 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 694
PSGLYCINEA CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 694
PSP3121 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 694
PSSAESCULINCPB3681 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 694
PSSAESCULI2250 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 694
PSSAESCULI0893_23 CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 694
PSSAVASTANOI CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 694
PSTABACI CAAGGCCATGTACGAGAAATCGGT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 694
PSVIRIDIFLAVAPNA3 CGTGG-AATGACCTGCAAGCTGGTGCAGCGGTGATGGGCTCGATATTGGCCACACGCTC 704
PSVIRIDIFLAVALP23 CGTGG-AATGACCTGCAAGCTGGTGCAGCGGTGATGGGCTCGATATTGGCCACACGCTC 704
* * * * *

PST1 TGA--TCGAAATCGA--- 707
PSLACHM302278PT TGA--TCGAAATCGATGC 710
DC3000 TGA--TCGAAATCGA--- 707
PSMORSPRUM302280 TGA--TCGAAATCGATGC 710
PSSACTINIDIAEM302091 TGA--TCGAAATCGATGC 710
PSTARGETIS TGA--TCGAAATCGA--- 707
PSLACH310 TGA--TCGAAATCGATGC 719
P. S. JAPONICA TGA--TCGAAATCGA--- 713
PSAPTATA TGA--TCGAAATCGA--- 715
PSS61 TGA--TCGAAATCGA--- 713
PSSB728A TGA--TCGAAATCGA--- 710
PSMACULICOLA TGA--TCGAAATCGA--- 719

PSCANNABINAPSA1-3	TGA--TCGAAATCGATGC	722
PSSMACULICOLAES4326	TGA--TCGAAATCGATGC	721
PSSMORI301020	TGA--TCGAAATCGATGC	722
PSLACHM301315	TGA--TCGAAATCGATGC	722
PSP1448	TGA--TCGAAATCGA---	707
PSGLYCINEA	TGA--TCGAAATCGA---	707
PSP3121	TGA--TCGAAATCGA---	707
PSSAESCULINCPB3681	TGA--TCGAAATCGATGC	710
PSSAESCULI2250	TGA--TCGAAATCGATGC	710
PSSAESCULI0893_23	TGA--TCGAAATCGATGC	710
PSSAVASTANOI	TGA--TCGAAATCGA---	707
PSTABACI	TGA--TCGAAATCGA---	707
PSVIRIDIFLAVAPNA3	GGACGTCGCGGT-GATGT	721
PSVIRIDIFLAVALP23	GGACGTCGCGGT-GATGT	721
	** ** *	

Ευθυγράμμιση νουκλεοτιδικών ακολουθιών για το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.312

PSLACH312	CAGTGGTTTGTCTATAACGACACGTTGTACGTCAGCCCCTCTAGCGAGCACACCTCGGCA	60
PSLACHM301315	CAGTGGTTTGTCTATAACGACACGCTCTACGTCAGCCCGTCCAGCGAACACACCTCGGCG	60
PSLACHM302278PT	CAGTGGTTTCGTCTATAACGACACGCTGTATGTCAGCCCCTCCAGCGAGCACACCTCGGCG	60

PSLACH312	CGCATCGAAGTGTTCATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGATGTGGGG	120
PSLACHM301315	CGCGTCGAAGTATCAGCCGACGCGGTAGACGACTTGCAAACGGCCTTGACCGACGTGGGA	120
PSLACHM302278PT	CGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAACGGCGCTGACCGATGTCCGT	120
	** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **	
PSLACH312	CTGCTGGACAAGCGCTTTGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGCGTGGTTCTGGTTCCG	180
PSLACHM301315	TTGCTGGATAAACGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTGTGGTCCG	180
PSLACHM302278PT	CTGCTGGACAAGCGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGCGTGGTTCTGGTTCCG	180
	***** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **	
PSLACH312	GGCCCTGCAAAATATGTGGAAGTGGTGCAGGATTACAGCAAGAAAGTCGAAGCACCTGA-	239
PSLACHM301315	GGTCCGGCAAAATACGTTGGAGCTGGTGCAGGATTACAGCAAGAAAGTCGATACGCCGGA-	239
PSLACHM302278PT	GGTCCGGCAAAATACGTTGGAGTTTGTGCAGGATTACAGCAAGAAAGTCGAAAAGCCCGAC	240
	** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **	
PSLACH312	--AAAGGGCGACAAGCAGGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATACGCCAGTCCGCGGAC	297
PSLACHM301315	--AAAGGACGACAAGCAAGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATATGCCAGCGCGCGGAC	297
PSLACHM302278PT	GAGAAGGCCGACAAGCAAGATGTTGTCGTGCTGCCACTCAAATACGCCAAGCGCGCTGAT	300
	**** ***** ** * **** * ** ***** ** * ** * ** *	
PSLACH312	CGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACGGTGGTTCGCCGGTGTGCCAGCATTCTCCAG	357
PSLACHM301315	CGTACCATTTCGCTATCGTGATCAAGAGCTGGTAGTCGCAGGGGTGCCAGCATTCTCCAG	357
PSLACHM302278PT	CGGACTATTTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAGTGGTGGCCGGTGTGCCAGTATTCTTCAA	360
	** * ** ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
PSLACH312	GATTTGCTGGATAACCGTTCTCATGCGCGGTCCATCAATGGTATGGATCTGCTG---GGG	414
PSLACHM301315	GATCTGCTCGATGTCGGTTCTCGCGGCCAGTCTATAAAAGGTACGGACCTGATA---GGG	414
PSLACHM302278PT	GAGCTGCTGGAAGCCGTTTCGCTGGCGAAAGCATTGACAGCGTGAACCTGTTGCGCGGG	420
	** **** * ** ***** * ** * ** * * * * * ** * ** *	
PSLACH312	CGAGGCGGTTCGCGGTA---ACGGTCTGGCGGGCG--GTGGCGCCCGGACGCTCCGAGTC	469
PSLACHM301315	CGAGGTGGTTCGCGGTACCGCGCGCTTGTCCGGCG--GTGACGGTCAGGACACCCCGAGTC	472
PSLACHM302278PT	CAGGGCAGCAGTGTGCCAACAGC---ACAGGTGTCGCGCGCCGCGCCTGCCTTA---C	474
	* ** * * * * * * * * * ** * ** * * * * * * * * * * * *	
PSLACH312	TGCCGATGAGCTCCAGCGCCTCGATACCAATGCGTTGGAGCAGGGCCTCGATCAGGTGC	529
PSLACHM301315	TGCCGCTGAACGCCAGCGGCATCAATACCGCGCATTTGGAGCAAGGCCTGGATCAAGTGC	532
PSLACHM302278PT	AACC--TGGGCTCCAATGTTATCGATACGGGAGCACTGCAACAGGGCATTGACCCGCTAT	532
	** * * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
PSLACH312	TGCACTATGGCGGCGCGCGGCGAGCGGCAAAAGCGGTGGAAAAAGCCGCTCCGCGCGTC	589
PSLACHM301315	TGCACTATGGCAGCGGTGGCG---GTGGCAAGAGCAGCGGAAAAAGTCCGTCGGTGGCC	589
PSLACHM302278PT	TGAACTTCAACAGCAA-----AAAACTGCC--AAGGGTCATGCCTCAGGCA	577
	** *** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
PSLACH312	GGGCAACATCCGCGTAACGGCCGATGTCGTAACAATGCTGTGCTGATCTATGACTTGC	649
PSLACHM301315	GTGCGACCATTTCGTGTAACAGCCGATGTCGTAATAACGCTGTGCTGATTACGACTTGC	649
PSLACHM302278PT	AGGCAAAATATCCGCGTAAGCGCTGATGTGCGTAACAACCTCCGTTATGATTACGACTTGC	637

P. S. JAPONICA TGGGGCTGCTGGACAAG-CGCTTCGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGAGTGGTTCTG 174
 PSAPTATA TGGGGCTGCTGGACAAG-CGCTTCGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTCTG 173
 PSS61 TGGGGCTGCTGGACAAG-CGCTTCGGTTGGGGGTATTGGGGGCTATTGGGGTGGTTCTG 174
 PSSB728A TAGGGCTGCTGGACAAG-CGCTTCGGTTGGGGGTACTGCCGAACGAGGGCGTGGTTCTG 174
 PSMACULICOLA TGGGATGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSCANNABINAFSA1-3 TGGGATGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSSMACULICOLAES4326 TGGGATGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSSMORI301020 TGGGATGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSLACHM301315 TGGGATGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSP1448 TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSGLYCINEA TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSP3121 TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSSAESULINCPB3681 TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSSAESULI2250 TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSSAESULI0893_23 TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSSAVASTANOI TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSTABACI TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 TCAGCCCCTCGCCCGATCGCAGAGCTG----TCGGTTTCGAA---GGGCATGGTTTCG 162
 PSVIRIDIFLAVALP23 TCAGCCCCTCGCCCGATCGCACAAGCTG----TCGGTTTCGAA---GGGCATGGTTTCG 162
 * * ** * ** * * ** * * ** * *

PST1 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSLACHM302278PT ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 DC3000 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSMORSRUM302280 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSSACTINIDIAEM302091 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSTARGETIS ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSLACH312 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 P. S. JAPONICA ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSAPTATA ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 225
 PSS61 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSSB728A ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSMACULICOLA ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSCANNABINAFSA1-3 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSSMACULICOLAES4326 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSSMORI301020 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSLACHM301315 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSP1448 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSGLYCINEA ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSP3121 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSSAESULINCPB3681 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSSAESULI2250 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSSAESULI0893_23 ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSSAVASTANOI ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSTABACI ---GTTTCGTGGTCCGG---CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAAAG 226
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 CCCATATGCATACCGGGTGGCGCAACCCGTCGACCATTTGCGTGAAGACATTCTGAACA 222
 PSVIRIDIFLAVALP23 CCCGATATGCATACCGGGTGGCGCAACCCGTCGACCATTTGCGTGAAGACATTCTGAACA 222
 * * ** * ** * * ** * * ** * *

PST1 TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTTCGT--GCTGCCACTCAA 281
 PSLACHM302278PT TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTTCGT--GCTGCCACTCAA 281
 DC3000 TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTTCGT--GCTGCCACTCAA 281
 PSMORSRUM302280 TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTTCGT--GCTGCCACTCAA 281
 PSSACTINIDIAEM302091 TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTTCGT--GCTGCCACTCAA 281
 PSTARGETIS TCGAAAAGCCCGGATAAAAAGGCCGATA--AGCAGGACG-TTGTTCGT--CCTGCCGCTCAA 281
 PSLACH312 TCGAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
 P. S. JAPONICA TCGAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
 PSAPTATA TCGAAGCGCCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 277
 PSS61 TCGAAGCGCCGGA---AAAGGGCGACA--AACAGGACG-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
 PSSB728A TCGAAGCGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
 PSMACULICOLA TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
 PSCANNABINAFSA1-3 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
 PSSMACULICOLAES4326 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
 PSSMORI301020 TCGATACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
 PSLACHM301315 TCGATACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
 PSP1448 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
 PSGLYCINEA TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
 PSP3121 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
 PSSAESULINCPB3681 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
 PSSAESULI2250 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
 PSSAESULI0893_23 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
 PSSAVASTANOI TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
 PSTABACI TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTTCGT--GTTTCCGCTCAA 278
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 TCG---TTCCGGGTAGGCAGGTCTCCGCCGTCACGACGCTCCTTGATGGTTTTTCATCTGG 279
 PSVIRIDIFLAVALP23 TCG---TTCCGGGTAGGCAGGTCTCCGCCGTCACGACGCTCCTTGATGGTTTTTCATCTGG 279
 *** ** * * * * * * * * * * * * *

PST1 ATAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGGT 335
PSLACHM302278PT ATAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGGT 335
DC3000 ATAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGGT 335
PSMORSPRUM302280 ATAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGGT 335
PSSACTINIDIAEM302091 GTAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGGT 335
PSTARGETIS GTAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGGT 335
PSLACH312 ATAC----GCCAGTGCCGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGGATCAACAACCTGG--TGGT 332
P. S. JAPONICA ATAC----GCCAGTGCCGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGGATCAACAACCTGG--TGGT 332
PSAPTATA GTAC----GCCAGTGCTGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGGATCAACAACCTGG--TGGT 331
PSS61 GTAC----GCCAGTGCTGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGGATCAACAACCTGG--TGGT 332
PSSB728A GTAC----GCCAGTGCCGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGGATCAACAACCTGG--TGGT 332
PSMACULICOLA ATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSCANNABINAPSA1-3 ATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSSMACULICOLAES4326 ATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSSMORI301020 ATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSLACHM301315 ATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSP1448 ATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTCGTTATCGTATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSGLYCINEA ATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTCGTTATCGTATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSP3121 ATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTCGTTATCGTATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSSAESCULINCPBB3681 ATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTCGTTATCGTATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSSAESCULI2250 ATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTCGTTATCGTATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSSAESCULI0893_23 ATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTCGTTATCGTATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSSAVASTANOI ATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTCGTTATCGTATCAACAACCTGA--CAGT 332
ESTABACI ATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTCGTTATCGTATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSVIRIDIFLAVAPNA3 GCATCGATGTC-GTGGCGGTTACCGTTTTGTAGC-TAGCGCG-CCGG--GTTGACCTGAT 334
PSVIRIDIFLAVALP23 GCATCGATGTC-GTGGCGGTTACCGTTTTGTAGC-TAGCGCG-CCGG--GTTGACCTGAT 334
* * * * *

PST1 GGCCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTCCGCGTGGCGAAAGC 393
PSLACHM302278PT GGCCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTCCGCGTGGCGAAAGC 393
DC3000 GGCCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTCCGCGTGGCGAAAGC 393
PSMORSPRUM302280 GGCCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTCCGCGTGGCGAAAGC 393
PSSACTINIDIAEM302091 GGCCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTCCGCGTGGCGAGAGC 393
PSTARGETIS GGCCCGGT--GTTGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGTCTGCTGCACGTTGGCGAGAGC 393
PSLACH312 CGCCCGGT--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 390
P. S. JAPONICA CGCCCGGT--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 390
PSAPTATA CGCCCGGT--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 389
PSS61 CGCCCGGT--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 390
PSSB728A CGCCGGG--GTGGCCAGTATTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCGTGGCGGGTCC 390
PSMACULICOLA CGCAGGG--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTCGATGTCGCTTCTCGCGGCCAGTCT 390
PSCANNABINAPSA1-3 CGCAGGG--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTCGATGTCGCTTCTCGCGGCCAGTCT 390
PSSMACULICOLAES4326 CGCAGGG--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTCGATGTCGCTTCTCGCGGCCAGTCT 390
PSSMORI301020 CGCAGGG--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTCGATGTCGCTTCTCGCGGCCAGTCT 390
PSLACHM301315 CGCAGGG--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTCGATGTCGCTTCTCGCGGCCAGTCT 390
PSP1448 AGCCGGT--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSGLYCINEA AGCCGGT--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSP3121 AGCCGGT--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSSAESCULINCPBB3681 AGCCGGT--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSSAESCULI2250 AGCCGGT--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSSAESCULI0893_23 AGCCGGT--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSSAVASTANOI AGCCGGT--GTCGCCAGCATTTCTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
ESTABACI CGCCAATCAGTCGC-GGCGT----CAGGA----TGAACAACCG--CTCACGGTGATTGA 382
PSVIRIDIFLAVAPNA3 CGCCAATCAGTCGC-GGCGT----CAGGA----TGAACAACCG--CTCACGGTGATTGA 382
PSVIRIDIFLAVALP23 ** * * * * *

PST1 ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCCAA 440
PSLACHM302278PT ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCCAA 440
DC3000 ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCCAA 440
PSMORSPRUM302280 ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCCAA 440
PSSACTINIDIAEM302091 ATTGACAG-CGTGAACCTGCT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCCAA 440
PSTARGETIS ATCGACAG-TGTGAACCTGCT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----TGGCATCTCGAG 440
PSLACH312 ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGGG 443
P. S. JAPONICA ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGGG 443
PSAPTATA ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGGG 442
PSS61 ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGGG 443
PSSB728A ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGCTGGCGGG 443
PSMACULICOLA ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTGCGG 446
PSCANNABINAPSA1-3 ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTGCGG 446
PSSMACULICOLAES4326 ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTGCGG 446
PSSMORI301020 ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTGCGG 446
PSLACHM301315 ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTGCGG 446
PSP1448 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
PSGLYCINEA ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
PSP3121 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
PSSAESCULINCPBB3681 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
PSSAESCULI2250 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAAAATGC---CGGACTCGCGGG 443

PSSAESCULI0893_23 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAG--GTGG-CGCAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
 PSSAVASTANOI ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAG--GTGG-CGCAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
 PSTABACI ATCAATGG-CATCAACCTGCTGGGGCAG--GTGG-CGCAAATGC---CGGACTCGCGGG 443
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 TTTCACGGCTGCGCGACTGAAACAGCAGTTTGCCGATGTAG-----GGAATGTGCGCC 434
 PSVIRIDIFLAVALP23 TTTCACGGCTGCGCGACTGAAACAGCAGTTTGCCGATGTAG-----GGAATGTGCGCC 434
 * * * ** * * * * * * * *

PST1 CAGCACAGGTGTCGCGGCGCGCGCCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 497
 PSLACHM302278PT CAGCACAGGTGTCGCGGCGCGCGCCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 497
 DC3000 CAGCACAGGTGTCGCGGCGCC-CGCGCCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 496
 PSMORSPRUM302280 CAGCACAGGTGTCGCGGCGCGCGCCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 497
 PSSACTINIDIAEM302091 CAGCACAGGTGTCGCGGCGCGCGCCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 497
 PSTARGETIS CGGTGCGCGGGCTTCGGCTGCGGCCCT-GCCTTACAACCTGGGTTCCAACGGGATCGA-- 497
 PSLACH312 CGGTGCGCGCGCGGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 494
 P. S. JAPONICA CGGTGCGCGCGCGGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 494
 PSAPTATA CGGTGCGCGCGCGGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 493
 PSS61 CGGTGCGAGCCGGACACTCCGAGTCT-GCCA-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 494
 PSSB728A CGGTGCGAGCCGGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 494
 PSMACULICOLA CGGTGACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATCAA-- 497
 PSCANNABINAPSA1-3 CGGTGACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATCAA-- 497
 PSSMACULICOLAES4326 CGGTGACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATCAA-- 497
 PSSMORI301020 CGGTGACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATCAA-- 497
 PSLACHM301315 CGGTGACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATCAA-- 497
 PSP1448 TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
 PSGLYCINEA TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
 PSP3121 TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
 PSSAESCULINCPB3681 TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
 PSSAESCULI2250 TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
 PSSAESCULI0893_23 TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
 PSSAVASTANOI TGGCGACG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
 PSTABACI TGGCGGCG---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATCGA-- 491
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 CAGCAGCG---GGATCTTGTGAACCTTGTCA-----TTGGCTTCAAGGCCATGAAAT 483
 PSVIRIDIFLAVALP23 CAGCAGCG---GGATCTTGTGAACCTTGTCA-----TTGGCTTCAAGGCCATGAAAT 483
 * * * * * * * * * * * * * *

PST1 -TACGGGAG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
 PSLACHM302278PT -TACGGGAG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
 DC3000 -TACGGGAG--CACTGCAACAGGGGATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCAACAG 546
 PSMORSPRUM302280 -TACGGGCG--CACTGCAACAGGG-TATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
 PSSACTINIDIAEM302091 -TACGGGCG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
 PSTARGETIS -TACAGGTG--CCTTGCAAGCAAGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-GTTTCGGCAG 545
 PSLACH312 -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTGTGTC-ACTATGGCGG 542
 P. S. JAPONICA -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTGTGTC-ACTATGGCGG 542
 PSAPTATA -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTGTGTC-ACTATGGCGG 541
 PSS61 -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTGTGTC-ACTATGGTGG 542
 PSSB728A -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTGTGTC-ACTATGGCGG 542
 PSMACULICOLA -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGTGTC-ACTATGGCAG 545
 PSCANNABINAPSA1-3 -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGTGTC-ACTATGGCAG 545
 PSSMACULICOLAES4326 -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGTGTC-ACTATGGCAG 545
 PSSMORI301020 -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGTGTC-ACTATGGCAG 545
 PSLACHM301315 -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGTGTC-ACTATGGCAG 545
 PSP1448 -TACCGGCG--CATTGGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTC-GCTATGGCAG 539
 PSGLYCINEA -TACCGGCG--CATTGGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTC-GCTATGGCAG 539
 PSP3121 -TACCGGCG--CATTGGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTC-GCTATGGCAG 539
 PSSAESCULINCPB3681 -TACCGGCG--CATTGGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTC-GCTATGGCAG 539
 PSSAESCULI2250 -TACCGGCG--CATTGGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTC-GCTATGGCAG 539
 PSSAESCULI0893_23 -TACCGGCG--CATTGGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTC-GCTATGGCAG 539
 PSSAVASTANOI -TACCGGCG--CATTGGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTC-GCTATGGCAG 539
 PSTABACI -TACCGGCG--CATTGGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGTC-GCTATGGCAG 539
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 CCGCCGACGACCCAGTGAACCATGCTACGCGATGACCGCCTGGGTGCTGACGTTTCCTTTG 543
 PSVIRIDIFLAVALP23 CCGCCGACACCCAGTGAACCATGCTCGCGATGACCGCCTGGGTGCTGACGTTTCCTTTG 543
 * * * * * * * * * * * * * *

PST1 CA-----AAAAAAGTCCAAAGGGTCAATGCTCAGGCAAGGCAAAATATCCG 590
 PSLACHM302278PT CA-----AAAAAAGTCCAAAGGGTCAATGCTCAGGCAAGGCAAAATATCCG 590
 DC3000 CA-----AAAAAAGTCCAAAGGGTCAATGCTCAGGCAAGGCAAAATATCCG 590
 PSMORSPRUM302280 CA-----AAAAAAGTCCAAAGGGTCAATGCTCAGGCAAGGCAAAATATCCG 590
 PSSACTINIDIAEM302091 CA-----AAAAAAGTCCAAAGGGTCAATGCTCAGGCAAGGCAAAATATCCG 590
 PSTARGETIS CA-----AACGATCCGGTAAAGGTCATTCGCGAGGGCGCACAAAGCATTCG 590
 PSLACH312 CGGCGGCGGAGCGGCAAAAGCGGTGGAAAAAGCCGCTCCGCGGCTCGGGCCAAACATCCG 602
 P. S. JAPONICA CGGCGGCGGAGCA-----AAAGCGGTGGAAAAAGCCGCTCCGCGGCTCGGGCCAAACATCCG 596
 PSAPTATA CGGAGGCGGAGC-----AAAAGCGGTGGAAAAAGCCGCTCCGCGGCTCGGGCCAAACATCCG 598
 PSS61 CGGCGGCGGACG-----AAAGCAGTGGAAAAAGTCCGCTCCGCGGCGGGCCAAACATCCG 596
 PSSB728A CGGCGGCA-----AAAGCGCTGGAAAAAGCCGCTCCGCGGCTCGGGCCAAACATCCG 593
 PSMACULICOLA CGGCGGCGGTTGGC---AAGAGCAGCGGAAAAAGTCCGCTCCGGTGGCGGCTGCGGACCATTCG 602
 PSCANNABINAPSA1-3 CGGCGGCGGTTGGC---AAGAGCAGCGGAAAAAGTCCGCTCCGGTGGCGGCTGCGGACCATTCG 602
 PSSMACULICOLAES4326 CGGCGGCGGTTGGC---AAGAGCAGCGGAAAAAGTCCGCTCCGGTGGCGGCTGCGGACCATTCG 602

PSSMORI301020 CGGCGGGGGTGGC---AAGAGCAGCGGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCATTTCG 602
 PSLACHM301315 CGGTGGCGGTGGC---AAGAGCAGCGGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCATTTCG 602
 PSP1448 CGGCAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACATTTCG 590
 PSLGLYCINEA CGGCAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACATTTCG 590
 PSP3121 CGGCAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACATTTCG 590
 PSSAESCULINCPBB3681 CGGCAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACATTTCG 590
 PSSAESCULI2250 CGGCAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACATTTCG 590
 PSSAESCULI0893_23 CGGCAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACATTTCG 590
 PSSAVASTANOI CGGCAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACATTTCG 590
 PSTABACI CGGCAGCA-----AGAAATCCGGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACATTTCG 590
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 CG-----TACGCTCGCTGGTTCGGCATT--GATGTCCGAG---ACATCGA 583
 PSVIRIDIFLAVALP23 CG-----TACGCTCGCTGGTTCGGCATT--GATGTCCGAG---ACATCGA 583
 * * * * *

PST1 CGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CCAGA 641
 PSLACHM302278PT CGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CCAGA 641
 DC3000 CGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CCAGA 641
 PSMORSPRUM302280 CGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTACT---GATTTACGACC-TG--CCAGA 641
 PSSACTINIDIAEM302091 CGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTACT---GATTTACGACC-TG--CCAGA 641
 PSTARGETIS GGTAAGCGCT---GACGTGCGTAACAACCGCGTACT---GATCTATGACT-TG--CCAGA 641
 PSLACH312 CGTAACGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CCCTC 653
 P.S.JAPONICA CGTAACGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CCCTC 647
 PSAPTATA CGTAACGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CCCTC 649
 PSS61 TGTAACGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTACGACT-TG--CCCTC 647
 PSSB728A TGTAACGGCC---GATGTCCGTAACAACCGCGTACT---GATCTACGACT-TG--CCCTC 644
 PSMACULICOLA TGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACCGTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTC 653
 PSCANNABINAPSA1-3 TGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACCGTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTC 653
 PSSMACULICOLAES4326 TGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACCGTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTC 653
 PSSMORI301020 TGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACCGTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTC 653
 PSLACHM301315 TGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACCGTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCGTC 653
 PSP1448 TGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTC 641
 PSLGLYCINEA TGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTC 641
 PSP3121 TGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTC 641
 PSSAESCULINCPBB3681 TGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTC 641
 PSSAESCULI2250 TGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTC 641
 PSSAESCULI0893_23 TGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTC 641
 PSSAVASTANOI TGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTC 641
 PSTABACI TGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTC 641
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 TTTGACCGTCTCGATGTCGACAATCA-GCTGCACCTGAGGTTTGCCATCGTATCCAGC 642
 PSVIRIDIFLAVALP23 TTTGACCGTCTCGATGTCGACAATCA-GCTGCACCTGAGGTTTGCCATCGTATCCAGC 642
 * * * * *

PST1 GCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGACGTTT--CGCGCA 691
 PSLACHM302278PT GCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGACGTTT--CGCGCA 691
 DC3000 GCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGACGTTT--CGCGCA 691
 PSMORSPRUM302280 GCGCAAGGCCATGTATCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGACGTTT--CGCGCA 691
 PSSACTINIDIAEM302091 GCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGACGTTT--CGCGCA 691
 PSTARGETIS GCGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATGTTT--CGCGCA 691
 PSLACH312 ACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATGTTT--CGCGCA 704
 P.S.JAPONICA ACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATGTTT--CGCGCA 697
 PSAPTATA ACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATGTTT--CGCGCA 699
 PSS61 GCGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATGTTT--CGCGCA 697
 PSSB728A GCGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATGTTT--CGCGCA 694
 PSMACULICOLA ACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CGCGCA 703
 PSCANNABINAPSA1-3 ACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CGCGCA 703
 PSSMACULICOLAES4326 ACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CGCA 702
 PSSMORI301020 ACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CGCGCA 703
 PSLACHM301315 GCGCAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CGCGCA 703
 PSP1448 GCGCAAGCCGATGTACGAGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CACGCA 691
 PSLGLYCINEA GCGCAAGCCGATGTACGAGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CACGCA 691
 PSP3121 GCGCAAGCCGATGTACGAGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CACGCA 691
 PSSAESCULINCPBB3681 GCGCAAGCCGATGTACGAGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CACGCA 691
 PSSAESCULI2250 GCGCAAGCCGATGTACGAGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CACGCA 691
 PSSAESCULI0893_23 GCGCAAGCCGATGTACGAGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CACGCA 691
 PSSAVASTANOI GCGCAAGCCGATGTACGAGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CACGCA 691
 PSTABACI GCGCAAGCCGATGTACGAGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGACGTTT--CACGCA 691
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 GAGCGTGG-AATGACCTGCAAGCTGGTGCCAGCGGTGATGGGCTCGATATTGGCCACACG 701
 PSVIRIDIFLAVALP23 GAGCGTGG-AATGACCTGCAAGCTGGTGCCAGCGGTGATGGGCTCGATATTGGCCACACG 701
 * * * * *

PST1 ACCTGA--TCGAAATCGA--- 707
 PSLACHM302278PT ACCTGA--TCGAAATCGATGC 710
 DC3000 ACCTGA--TCGAAATCGA--- 707
 PSMORSPRUM302280 ACCTGA--TCGAAATCGATGC 710
 PSSACTINIDIAEM302091 ACCTGA--TCGAAATCGATGC 710
 PSTARGETIS ACCTGA--TCGAAATCGA--- 707
 PSLACH312 ACCTKA--TCGAAATCGATGC 723

P. S. JAPONICA	ACCTGA--TCGAAATCGA---	713
PSAPTATA	ACCTGA--TCGAAATCGA---	715
PSS61	ACCTGA--TCGAAATCGA---	713
PSSB728A	ACCTGA--TCGAAATCGA---	710
PSMACULICOLA	ACCTGA--TCGAAATCGA---	719
PSCANNABINAFSA1-3	ACCTGA--TCGAAATCGATGC	722
PSSMACULICOLAES4326	ACCTGA--TCGAAATCGATGC	721
PSSMORI301020	ACCTGA--TCGAAATCGATGC	722
PSLACHM301315	ATCTGA--TCGAAATCGATGC	722
PSP1448	ACCTGA--TCGAAATCGA---	707
PSGLYCINEA	ACCTGA--TCGAAATCGA---	707
PSP3121	ACCTGA--TCGAAATCGA---	707
PSSAESCULINCPB3681	ACCTGA--TCGAAATCGATGC	710
PSSAESCULI2250	ACCTGA--TCGAAATCGATGC	710
PSSAESCULI0893_23	ACCTGA--TCGAAATCGATGC	710
PSSAVASTANOI	ACCTGA--TCGAAATCGA---	707
PSTABACI	ACCTGA--TCGAAATCGA---	707
PSVIRIDIFLAVAPNA3	CTCGGACGTCGCGGT-GATGT	721
PSVIRIDIFLAVALP23	CTCGGACGTCGCGGT-GATGT	721

* * * * *

Ευθυγράμμιση νουκλεοτιδικών ακολουθιών για το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.316

PSLACH316	CAGTGGTTTGTCTATAACGACACGTTGTACGTCAGCCCCTCTAGCGAGCACACCTCGGCA	60
PSLACHM301315	CAGTGGTTTGTCTATAACGACACGCTCTACGTCAGCCCCTCCAGCGAACACACCTCGGCG	60
PSLACHM302278PT	CAGTGGTTGCTCTATAACGACACGCTGTATGTCAGCCCCTCCAGCGAGCACACCTCGGCG	60
	***** * * * * *	
PSLACH316	CGCATCGAAGTGTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGATGTGGGG	120
PSLACHM301315	CGCGTCGAAGTATCAGCCGACGCGGTAGACGACTGCAAACGGCCTTGACCGACGTGGGA	120
PSLACHM302278PT	CGCATCGAAGTCTCGCCGATGCGGTGGACGACCTGCAAACGGCCTGACCGATGTCCGT	120
	** * * * * * * * * * *	
PSLACH316	CTGCTGGACAAGCGCTTTGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGCGTGGTTCTGGTTCGC	180
PSLACHM301315	TTGCTGGATAAACCGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTGTGGTTCGC	180
PSLACHM302278PT	CTGCTGGACAAGCGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGCGTGGTTCTGGTTCGT	180
	***** *	
PSLACH316	GGCCCTGCAAAATATGTGGAAGTGGTGCAGGATACAGCAAGAAAGTCGAAGCACCTGA-	239
PSLACHM301315	GGTCCGGCAAAATACGTGGAGCTGGTGCAGGATACAGCAAGAAAGTCGATACGCCGGA-	239
PSLACHM302278PT	GGTCCGGCAAAATACGTGGAGTTTGTGCGGACTACAGCAAGAAAGTCGAAAAGCCGCAC	240
	** *	
PSLACH316	--AAAGGGCGACAAGCAGGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATACGCCAGTGCCGCGGAC	297
PSLACHM301315	--AAAGGACGACAAGCAAGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATATGCCAGCGCGGCGGAC	297
PSLACHM302278PT	GAGAAGGCGACAAGCAAGATGTTGTCGTGTCGCACTCAAATACGCCAAGCGCGGTGAT	300
	**** *	
PSLACH316	CGCACCATTCGCTATCGCGATCAACAAGTGGTGGTTCGCCGGTGTGCCAGCATTCTCCAG	357
PSLACHM301315	CGTACCATTTCGCTATCGTATCAAGAGCTGGTAGTCGCAGGGGTGCCAGCATTCTGCAG	357
PSLACHM302278PT	CGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAGTGGTGGCCGGTGTGCCAGTATTCTTCAA	360
	** *	
PSLACH316	GATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGCGCGGTCCATCAATGGTATGGATCTGCTG---GGG	414
PSLACHM301315	GATCTGCTCGATGTCGTTCTCGCGGCCAGTCTATAAAAGGTACGGACCTGATA---GGG	414
PSLACHM302278PT	GAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAAGCATTGACAGCGTGAACCTGTTGCCGGGG	420
	** *	
PSLACH316	CGAGGCGGTTCGCGGTA---ACGGTCTGGCGGGCG--GTGGCGCCCGGACGCTCCGAGTC	469
PSLACHM301315	CGAGGTGCTCGCGGTACCGCGGCTTGTGGGGCG--GTGACGGTCAGGACACCCCGAGTC	472
PSLACHM302278PT	CAGGGCAGCAGTGTGCCAACAGC---ACAGGTGTCGCGGCCCGCGCCCTGCCTTA---C	474
	* *	
PSLACH316	TGCCGATGAGCTCCAGCGCCTCGATACCAATGCGTTGGAGCAGGGCCTCGATCAGGTAC	529
PSLACHM301315	TGCCGCTGAACCGCCAGCGGCATCAATACCGCGCATTTGGAGCAAGGCCTGGATCAAGTGC	532
PSLACHM302278PT	AACC--TGGGCTCCAATGGTATCGATACGGGAGCACTGCAACAGGGCATTGACCGGCTAT	532
	** *	
PSLACH316	TGCACTATGGCGCGGAGGCGGCAGCAAAAGTGGTGGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTCCGG	589
PSLACHM301315	TGCACTATGGCAGCGGTGGCGGTGGCAAGAGCAGCGGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTG	592

PSLACHM302278PT TGAACTTCAACAGCAAAAAAAGTCCAAGGGTCATGC-----CTCAGGCAA---GG 580
 ** ** * ** ** * * ** ** * * **

PSLACH316 CCAACATCCGCGTAACGGCCGATGTCGGTAACAATGCTGTGCTGATCTATGACTTGCCCT 649
 PSLACHM301315 CGACCATTTCGTGTAAACAGCCGATGTGCGTAATAACGCTGTGCTGATTTAGACTTGCCGT 652
 PSLACHM302278PT CAAATATCCGCGTAAGCGCTGATGTGCGTAACAACCTCCGTATTGATTTAGACACTGCCAG 640
 * * ** ** * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **

PSLACH316 CAGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCATCAAGAGCTGGATGTTTCGCGCAACCTGATCG 709
 PSLACHM301315 CGCGCAAGCCGATGTACGAAAAGCTCATCAAGGAACTGGACGTTTCGCGCAACTGATCG 712
 PSLACHM302278PT AGCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGTCAAGGAGCTGGACGTTCCGCGCAACCTGATCG 700
 * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **

PSLACH316 AAATCGACGC 719
 PSLACHM301315 AAATCGATGC 722
 PSLACHM302278PT AAATCGATGC 710
 * * ** * * **

PST1 CAGTGG--TTCGCTATAACGACACGCTGTATGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCTC 56
 PSLACHM302278PT CAGTGG--TTCGCTATAACGACACGCTGTATGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCTC 56
 DC3000 CAGTGG--TTCGCTATAACGACACGCTGTATGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCTC 56
 PSMORSPRUM302280 CAGTGG--TTCGCTATAACGACACGCTGTATGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCTC 56
 PSSACTINIDIAEM302091 CAGTGG--TTCGCTATAACGACACGCTGTATGTCAGC-CCTTCCAGCGAGCAC-ACCTC 56
 PSTARGETIS CAGTGG--TTCGCTATAACGACACGCTGTACATCAGT-CCTTCCAGCGAACGC-ACATC 56
 PSLACH316 CAGTGG--TTTGTCTATAACGACACGTTGTACGTCAGC-CCCTCTAGCGAGCAC-ACCTC 56
 P. S. JAPONICA CAGTGG--TTTGTCTATAACGACACGTTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAACGC-ACCTC 56
 PSAPTATA CAGTGG--TTTGTGTATAACGACA-GTTGTACGTCAGC-CCCTCTAGCGAGCAC-ACCTC 55
 PSS61 CAGTGG--TTTGTGTATAACGACACGTTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCTC 56
 PSSB728A CAGTGG--TTTGTGTATAACGACACGTTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCTC 56
 PSMACULICOLA CAGTGG--TTCGCTATAACGACACGCTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAACGC-ACCTC 56
 PSCANNABINAPSA1-3 CAGTGG--TTCGCTATAACGACACGTTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCTC 56
 PSSMACULICOLAES4326 CAGTGG--TTCGCTATAACGACACGTTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCTC 56
 PSSMORI301020 CAGTGG--TTTGTCTATAACGACACGCTCTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAACGC-ACCTC 56
 PSLACHM301315 CAGTGG--TTTGTCTATAACGACACGCTCTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAACGC-ACCTC 56
 PSP1448 CAGTGG--TTTGTCTATAACGACACGCTCTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAACGC-ACCTC 56
 PSLYICINEA CAGTGG--TTTGTCTATAACGACACGCTCTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAACGC-ACCTC 56
 PSP3121 CAGTGG--TTTGTCTATAACGACACGCTCTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAACGC-ACCTC 56
 PSSAESCULINCPB3681 CAGTGG--TTTGTCTATAACGACACGCTCTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAACGC-ACCTC 56
 PSSAESCULI2250 CAGTGG--TTTGTCTATAACGACACGCTCTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAACGC-ACCTC 56
 PSSAESCULI0893_23 CAGTGG--TTTGTCTATAACGACACGCTCTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAACGC-ACCTC 56
 PSSAVASTANOI CAGTGG--TTTGTCTATAACGACACGCTCTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAACGC-ACCTC 56
 PSTABACI CAGTGG--TTTGTCTATAACGACACGCTCTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAACGC-ACCTC 56
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 CATCGGCTTTCGTCGATA-CG-CAC-CGGCTTGTGGTGTGGTGTGGTGTGGC-CACCACTAC 56
 PSVIRIDIFLAVALP23 CATCGGCTTTCGTCGATA-CG-CAC-CGGCTTGTGGTGTGGTGTGGTGTGGC-CACGACCAC 56
 * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **

PST1 GGCGCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAAACGGCGCTGACCGA-TG 115
 PSLACHM302278PT GGCGCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAAACGGCGCTGACCGA-TG 115
 DC3000 GGGCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAAACGGCGCTGACCGA-TG 115
 PSMORSPRUM302280 AGCGCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAAACGGCGCTGACCGA-TG 115
 PSSACTINIDIAEM302091 GGCGCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGATGACCTGCAAAACGGCGCTGACAGA-TG 115
 PSTARGETIS GGCGCGTATCGAGGTTCTCCCGACGCGGTGGATGACCTGCAGACTGCCCTGACCGA-CG 115
 PSLACH316 GGCACGCATCGAAGTGTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGA-TG 115
 P. S. JAPONICA GGCACGCATCGAAGTGTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGA-TG 115
 PSAPTATA GGCACGCATCGAAGTGTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGA-TG 114
 PSS61 GGCACGCATCGAAGTGTCTCCGACGCGGTGGATGACCTGCAGACTGCCCTGACCGA-TG 115
 PSSB728A GGCACGCATCGAAGTGTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGA-TG 115
 PSMACULICOLA GGCGCGCTCGAAGTATCAGCCGACGCGGTAGACGACTTGCAAAACGGCCTTGACCGA-CG 115
 PSCANNABINAPSA1-3 GGCGCGCTCGAAGTATCAGCCGACGCGGTAGACGACTTGCAAAACGGCCTTGACCGA-CG 115
 PSSMACULICOLAES4326 GGCGCGCTCGAAGTATCAGCCGACGCGGTAGACGACTTGCAAAACGGCCTTGACCGA-CG 115
 PSSMORI301020 GGCGCGCTCGAAGTATCAGCCGACGCGGTAGACGACTTGCAAAACGGCCTTGACCGA-CG 115
 PSLACHM301315 GGCGCGCTCGAAGTATCAGCCGACGCGGTAGACGACTTGCAAAACGGCCTTGACCGA-CG 115
 PSP1448 GGCGCGCTAGAAGTCTCATCCGATGCGGTAGATGACTTGACAGACGCGGTTGACCGA-TG 115
 PSLYICINEA GGCGCGCTAGAAGTCTCATCCGATGCGGTAGATGACTTGACAGACGCGGTTGACCGA-TG 115
 PSP3121 GGCGCGCTAGAAGTCTCATCCGATGCGGTAGATGACTTGACAGACGCGGTTGACCGA-TG 115
 PSSAESCULINCPB3681 GGCGCGCTAGAAGTCTCATCCGATGCGGTAGATGACTTGACAGACGCGGTTGACCGA-TG 115
 PSSAESCULI2250 GGCGCGCTAGAAGTCTCATCCGATGCGGTAGATGACTTGACAGACGCGGTTGACCGA-TG 115
 PSSAESCULI0893_23 GGCGCGCTAGAAGTCTCATCCGATGCGGTAGATGACTTGACAGACGCGGTTGACCGA-TG 115
 PSSAVASTANOI GGCGCGCTAGAAGTCTCATCCGATGCGGTAGATGACTTGACAGACGCGGTTGACTGA-TG 115
 PSTABACI GGCGCGCTAGAAGTCTCATCCGATGCGGTAGATGACTTGACAGACGCGGTTGACCGA-TG 115
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 CGCA-ACGCCCCAACCTTTCTGGAC-----AAACCAC-TGCGAACGCGTCTGATCAAGTG 109
 PSVIRIDIFLAVALP23 GGCA-ACGCCCCAGCCTTTCTGGAC-----AAACCAC-TGCGAACGCGTCTGATCGAGTG 109
 * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **

PST1 TCGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCTGACGAAAGCGGTGTTCTG 174

PSLACHM302278PT TCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTCTG 174
DC3000 TCGGTCTGTTGACAAG-CGTTTTGGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTCTG 174
PSMORSPRUM302280 TCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTCGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTCTG 174
PSSACTINIDIAEM302091 TCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTCTG 174
PSTARGETIS TGGGCTGCTGGACAAA-CGCTTCGGCTGGGGCGCTCTGCCCGATGAAGGTGTGGTACTG 174
PSLACH316 TGGGGCTGCTGGACAAG-CGCTTTGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTG 174
P. S. JAPONICA TGGGGCTGCTGGACAAG-CGCTTCGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTG 174
PSAPTATA TGGGGCTGCTGGACAAG-CGCTTCGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTG 173
PSS61 TGGGGCTGCTGGACAAG-CGCTTCGGTTGGGGGTATTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTG 174
PSSB728A TAGGGCTGCTGGACAAG-CGCTTCGGTTGGGGGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTG 174
PSMACULICOLA TGGGATTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
PSCANNABINAPSA1-3 TGGGATTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
PSSMACULICOLAES4326 TGGGATTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
PSSMORI301020 TGGGATTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
PSLACHM301315 TGGGATTGCTGGATAAAA-CGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTCTG 174
PSP1448 TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCCTAACGAGGGGTGGTCTG 174
PSGLYCINEA TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCCTAACGAGGGGTGGTCTG 174
PSP3121 TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCCTAACGAGGGGTGGTCTG 174
PSSAESULINCPB3681 TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCCTAACGAGGGGTGGTCTG 174
PSSAESULI2250 TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCCTAACGAGGGGTGGTCTG 174
PSSAESULI0893_23 TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCCTAACGAGGGGTGGTCTG 174
PSSAVASTANOI TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCCTAACGAGGGGTGGTCTG 174
PSTABACI TAGGCCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCCTAACGAGGGGTGGTCTG 174
PSVIRIDIFLAVAPNA3 TCAGCCCCTCGCCCGATCGCAGAGCTG----TCGGTTTCGA---AGGGCATGGTTTCG 162
PSVIRIDIFLAVALP23 TCAGCCCCTCGCCCGATCGCACAAGCTG----TCGGTTTCGA---AGGGCATGGTTTCG 162
* * ** * ** * * * * * * * *

PST1 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSLACHM302278PT ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
DC3000 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSMORSPRUM302280 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSACTINIDIAEM302091 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSTARGETIS ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSLACH316 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
P. S. JAPONICA ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSAPTATA ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSS61 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSB728A ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSMACULICOLA ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSCANNABINAPSA1-3 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSMACULICOLAES4326 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSMORI301020 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSLACHM301315 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSP1448 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSGLYCINEA ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSP3121 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSAESULINCPB3681 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSAESULI2250 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSAESULI0893_23 ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSSAVASTANOI ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSTABACI ---GTTCTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSVIRIDIFLAVAPNA3 CCCATATGCATACCGGGTGGCGCAACACCGTTCGACCATTTGCGTGAAGACATCTGAACA 222
PSVIRIDIFLAVALP23 CCCGATATGCATACCGGGTGGCGCAACACCGTTCGACCATTTGCGTGAAGACATCTGAACA 222
* * ** * ** * * * * * * * *

PST1 TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCAA 281
PSLACHM302278PT TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCAA 281
DC3000 TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCAA 281
PSMORSPRUM302280 TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCAA 281
PSSACTINIDIAEM302091 TCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCAA 281
PSTARGETIS TCGAAAAGCCCGATAAAAAAGCCGATA--AGCAGGACG-TTGTCTG--CCTGCCGCTCAG 281
PSLACH316 TCGAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
P. S. JAPONICA TCGAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSAPTATA TCGAAGCGCCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 277
PSS61 TCGAAGCGCCGGA---AAAGGGCGACA--AACAGGACG-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSSB728A TCGAAGCGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSMACULICOLA TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSCANNABINAPSA1-3 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSSMACULICOLAES4326 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSSMORI301020 TCGATACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSLACHM301315 TCGATACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCGT--ATTTCCGCTCAA 278
PSP1448 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCAA 278
PSGLYCINEA TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCAA 278
PSP3121 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCAA 278
PSSAESULINCPB3681 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCAA 278
PSSAESULI2250 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCAA 278
PSSAESULI0893_23 TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCAA 278

PSSAVASTANOI TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGT--GTTCCGCCTCAA 278
PSTABACI TCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGT--GTTCCGCCTCAA 278
PSVIRIDIFLAVAPNA3 TCG---TTCCGGGTAGGCAGGTCTCCCGCTCACGACGCTCTTGTGTTGATCTGG 279
PSVIRIDIFLAVALP23 TCG---TTCCGGGTAGGCAGGTCTCCCGCTCACGACGCTCTTGTGTTGATCTGG 279
*** ** * * * * * * * * * *

PST1 ATAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGTT 335
PSLACHM302278PT ATAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGTT 335
DC3000 ATAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGTT 335
PSMORSPRUM302280 ATAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGTT 335
PSSACTINIDIAEM302091 GTAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGTT 335
PSTARGETIS GTAC----GCCAACGCGGCTGATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGTT 335
PSLACH316 ATAC----GCCAGTGCCGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGGATCAACAACCTGG--TGTT 332
P. S. JAPONICA ATAC----GCCAGTGCCGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGGATCAACAACCTGG--TGTT 332
PSAPTATA GTAC----GCCAGTGCTGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGGATCAACAACCTGG--TGTT 331
PSS61 GTAC----GCCAGTGCTGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGGATCAACAACCTGG--TGTT 332
PSSB728A GTAC----GCCAGTGCCGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGGATCAACAACCTGG--TGTT 332
PSMACULICOLA ATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSCANNABINAPSA1-3 ATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSSMACULICOLAES4326 ATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSSMORI301020 ATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSLACHM301315 ATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGATCAAGAGCTGG--TAGT 332
PSP1448 ATAC----GCCAACGCGCTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSGLYCINEA ATAC----GCCAACGCGCTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSP3121 ATAC----GCCAACGCGCTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSSAESULINCPB3681 ATAC----GCCAACGCGCTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CGGT 332
PSSAESULI2250 ATAC----GCCAACGCGCTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CGGT 332
PSSAESULI0893_23 ATAC----GCCAACGCGCTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CGGT 332
PSSAVASTANOI ATAC----GCCAACGCGCTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CGGT 332
PSTABACI ATAC----GCCAACGCGCTCGGACCGGACCATTTCGTTATCGTGATCAACAACCTGA--CAGT 332
PSVIRIDIFLAVAPNA3 GCATCGATGTC-GTCCGGTTACCGTTTTGTAGC-TAGCCGC-CCGG--GTTGACCTGAT 334
PSVIRIDIFLAVALP23 GCATCGATGTC-GTCCGGTTACCGTTTTGTAGC-TAGCCGC-CCGG--GTTGACCTGAT 334
* * * * * * * * * *

PST1 GGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTCCGCTGGCGAAAGC 393
PSLACHM302278PT GGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTCCGCTGGCGAAAGC 393
DC3000 GGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTCCGCTGGCGAAAGC 393
PSMORSPRUM302280 GGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTCTCGTGGCGAAAGC 393
PSSACTINIDIAEM302091 GGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTCCGCTGGCGAGAGC 393
PSTARGETIS GGCCGGT--GTTGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTCCGCTGGCGAGAGC 393
PSLACH316 CGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 390
P. S. JAPONICA CGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 390
PSAPTATA CGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 389
PSS61 CGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCATGGCGGGTCC 390
PSSB728A CGCCGGG--GTCGCCAGTATTCTCCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCGTGGCGGGTCC 390
PSMACULICOLA CGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGGTCTCGCGGCCAGTCT 390
PSCANNABINAPSA1-3 CGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGGTCTCGCGGCCAGTCT 390
PSSMACULICOLAES4326 CGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGGTCTCGCGGCCAGTCT 390
PSSMORI301020 CGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGGTCTCGCGGCCAGTCT 390
PSLACHM301315 CGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATTTGCTGGATACCCGTTCTCGTGGCGGGTCC 390
PSP1448 AGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSGLYCINEA AGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSP3121 AGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSSAESULINCPB3681 AGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSSAESULI2250 AGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSSAESULI0893_23 AGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSSAVASTANOI AGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSTABACI AGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGCC 390
PSVIRIDIFLAVAPNA3 CGCCAATCAGTCGC-GGCCT---CAGGA----TGAACAACCG--CTCACGGTGATTGA 382
PSVIRIDIFLAVALP23 CGCCAATCAGTCGC-GGCCT---CAGGA----TGAACAACCG--CTCACGGTGATTGA 382
** ** * * * * * * * *

PST1 ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCCAA 440
PSLACHM302278PT ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCCAA 440
DC3000 ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCCAA 440
PSMORSPRUM302280 ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCCAA 440
PSSACTINIDIAEM302091 ATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTGCCAA 440
PSTARGETIS ATCGACAG-TGTGAACCTGCT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----TGGCATCTCGAG 440
PSLACH316 ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGGG 443
P. S. JAPONICA ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGGG 443
PSAPTATA ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGGG 442
PSS61 ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGGG 443
PSSB728A ATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGCTGGCGGG 443
PSMACULICOLA ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTGCGG 446
PSCANNABINAPSA1-3 ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTGCGG 446
PSSMACULICOLAES4326 ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTGCGG 446
PSSMORI301020 ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGGCGGCTTGTGCGG 446

PSLACHM301315 ATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGGAG--GTGGTCGCGG-TACCGCGGCTTGTGCGG 446
 PSP1448 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAG--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGGG 443
 PSLGLYCINEA ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAG--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGGG 443
 PSP3121 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAG--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGGG 443
 PSSAESULINCPB3681 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAG--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGGG 443
 PSSAESULI2250 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAG--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGGG 443
 PSSAESULI0893_23 ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAG--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGGG 443
 PSSAVASTANOI ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAG--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGGG 443
 PSTABACI ATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAG--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGGG 443
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 TTTCACGGCTGCGCGACTGAAACAGCAGTTTGCCTGATGTAG-----GGAATGTGCGC 434
 PSVIRIDIFLAVALP23 TTTCACGGCTGCGCGACTGAAACAGCAGTTTGCCTGATGTAG-----GGAATGTGCGC 434
 * * * ** * * *

PST1 CAGCACAGGTGTGCGGGCCGCGGCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 497
 PSLACHM302278PT CAGCACAGGTGTGCGGGCCGCGGCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 497
 DC3000 CAGCACAGGTGTGCGGGCC-CGCGCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 496
 PSMORSPRUM302280 CAGCACAGGTGTGCGGGCCGCGGCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 497
 PSSACTINIDIAEM302091 CAGCACAGGTGTGCGGGCCGCGGCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATCGA-- 497
 PSTARGETIS CGGTGCGGGGCTTGGCTGCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 497
 PSLACH316 CGGTGCGGGCCCGGAGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 494
 P. S. JAPONICA CGGTGCGGGCCCGGAGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 494
 PSAPTATA CGGTGCGGGCCCGGAGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 493
 PSS61 CGGTGCGGGCCCGGAGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 494
 PSSB728A CGGTGCGGGCCCGGAGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 494
 PSMACULICOLA CGGTGCGGGCCCGGAGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 497
 PSCANNABINAPS1-3 CGGTGCGGGCCCGGAGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 497
 PSSMACULICOLAES4326 CGGTGCGGGCCCGGAGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 497
 PSSMORI301020 CGGTGCGGGCCCGGAGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 497
 PSLACHM301315 CGGTGCGGGCCCGGAGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCTCGA-- 497
 PSP1448 TGGCGAGC---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGATCGA-- 491
 PSLGLYCINEA TGGCGAGC---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGATCGA-- 491
 PSP3121 TGGCGAGC---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGATCGA-- 491
 PSSAESULINCPB3681 TGGCGAGC---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGATCGA-- 491
 PSSAESULI2250 TGGCGAGC---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGATCGA-- 491
 PSSAESULI0893_23 TGGCGAGC---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGATCGA-- 491
 PSSAVASTANOI TGGCGAGC---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGATCGA-- 491
 PSTABACI TGGCGAGC---CGGACACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGATCGA-- 491
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 CAGCAGCG---GGATCTTGTGAACCTTGTCA-----TTGGCTTCAAGGCCATGAAAT 483
 PSVIRIDIFLAVALP23 CAGCAGCG---GGATCTTGTGAACCTTGTCA-----TTGGCTTCAAGGCCATGAAAT 483
 * * * * *

PST1 -TACGGGAG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG---CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
 PSLACHM302278PT -TACGGGAG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG---CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
 DC3000 -TACGGGAG--CACTGCAACAGGGG-CATTG---ACCG---CGTATTGA-ACTTCAACAG 546
 PSMORSPRUM302280 -TACGGGCG--CACTGCAACAGGG-TATTG---ACCG---CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
 PSSACTINIDIAEM302091 -TACGGGCG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG---CGTATTGA-ACTTCAACAG 545
 PSTARGETIS -TACAGGTG--CCTTGCAGCAAGG-CATTG---ACCG---CGTATTGA-GTTTCGGCAG 545
 PSLACH316 -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA---GGTACTGC-ACTATGGCGG 542
 P. S. JAPONICA -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA---GGTACTGC-ACTATGGCGG 542
 PSAPTATA -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA---GGTACTGC-ACTATGGCGG 541
 PSS61 -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA---GGTACTGC-ACTATGGTGG 542
 PSSB728A -TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA---GGTACTGC-ACTATGGCGG 542
 PSMACULICOLA -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA---AGTGTGC-ACTATGGCAG 545
 PSCANNABINAPS1-3 -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA---AGTGTGC-ACTATGGCAG 545
 PSSMACULICOLAES4326 -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA---AGTGTGC-ACTATGGCAG 545
 PSSMORI301020 -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA---AGTGTGC-ACTATGGCAG 545
 PSLACHM301315 -TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA---AGTGTGC-ACTATGGCAG 545
 PSP1448 -TACCGGCG--CCTTGCACAGGG-CCTTG---ATCG---GGTGTGA-GCTATGGCAG 539
 PSLGLYCINEA -TACCGGCG--CCTTGCACAGGG-CCTTG---ATCG---GGTGTGA-GCTATGGCAG 539
 PSP3121 -TACCGGCG--CCTTGCACAGGG-CCTTG---ATCG---GGTGTGA-GCTATGGCAG 539
 PSSAESULINCPB3681 -TACCGGCG--CCTTGCACAGGG-CCTTG---ATCG---GGTGTGA-GCTATGGCAG 539
 PSSAESULI2250 -TACCGGCG--CCTTGCACAGGG-CCTTG---ATCG---GGTGTGA-GCTATGGCAG 539
 PSSAESULI0893_23 -TACCGGCG--CCTTGCACAGGG-CCTTG---ATCG---GGTGTGA-GCTATGGCAG 539
 PSSAVASTANOI -TACCGGCG--CCTTGCACAGGG-CCTTG---ATCG---GGTGTGA-GCTATGGCAG 539
 PSTABACI -TACCGGCG--CCTTGCACAGGG-CCTTG---ATCG---GGTGTGA-GCTATGGCAG 539
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 CCGCCGACGACAGTGAACCATGCTCAGCGATGACCGCTGGGTGCTGACGTTTCCPTTG 543
 PSVIRIDIFLAVALP23 CCGCCGACACACAGTGAACCATGCTCAGCGATGACCGCTGGGTGCTGACGTTTCCPTTG 543
 * * * * *

PST1 C-----AAAAAACTGCCAAGGGTCATGCCTCAGGCAAGGCAAAATATCCGCGT 593
 PSLACHM302278PT C-----AAAAAACTGCCAAGGGTCATGCCTCAGGCAAGGCAAAATATCCGCGT 593
 DC3000 C-----AAAAAACTGCCAAGGGTCATGCCTCAGGCAAGGCAAAATATCCGCGT 593
 PSMORSPRUM302280 C-----AAAAAACTGCCAAGGGTCATGCCTCAGGCAAGGCAAAATATCCGCGT 593
 PSSACTINIDIAEM302091 C-----AAAAAACTGCCAAGGGTCATGCCTCAGGCAAGGCAAAATATCCGCGT 593
 PSTARGETIS C-----AAACGATCCGGTAAAGGTCATTCCGAGGGCGCACAAAGCATTCCGGT 593
 PSLACH316 CGGAGGCGGACGAAAAGTGGTGGAAAAAGCGCTCTGGCGTGGGGCAACATCCGCGT 602
 P. S. JAPONICA CG---GCGGCAGCAAAAGCGGTGGA AAAAGCGCTCTGGCGTGGGGCAACATCCGCGT 599

PSAPTATA CGGAGGCGGCAGCAAAAGCGGTGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTGGCCCAACATCCGCGT 601
 PSS61 CG---GCGGCACGAAAAGCAGTGGAAAAAGTCGCTCTGGCCGGGCGGCCAACATCCGCGT 599
 PSSB728A CG---GCGGCA---AAGCGCTGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTGGCCCAACATCCGCGT 596
 PSMACULICOLA CGGCGCGGTGGCAAGAGCAGCGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCATTCGCGT 605
 PSCANNABINAPSA1-3 CGGCGCGGTGGCAAGAGCAGCGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCATTCGCGT 605
 PSSMACULICOLAES4326 CGGCGCGGTGGCAAGAGCAGCGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCATTCGCGT 605
 PSSMORI301020 CGGCGGGGTGGCAAGAGCAGCGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCATTCGCGT 605
 PSLACHM301315 CGGTGGCGGTGGCAAGAGCAGCGAAAAAGTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCATTCGCGT 605
 PSP1448 CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTCGCGT 593
 PSLGLYCINEA CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTCGCGT 593
 PSP3121 CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTCGCGT 593
 PSSAESCULINCPB3681 CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTCGCGT 593
 PSSAESCULI2250 CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTCGCGT 593
 PSSAESCULI0893_23 CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTCGCGT 593
 PSSAVASTANOI CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTCGCGT 593
 PSTABACI CG-----GCAGCAAGAAATCCGGGAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCAACATTCGCGT 593
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 CG-----TACGCTCGGCTGGTCGGCATT--GATGTCCGAG---ACATCGATT 586
 PSVIRIDIFLAVALP23 CG-----TACGCTCGGCTGGTCGGCATT--GATGTCCGAG---ACATCGATT 586
 * * * * *

PST1 AAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CCAGAGCG 644
 PSLACHM302278PT AAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CCAGAGCG 644
 DC3000 AAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CCAGAGCG 644
 PSMORSPRUM302280 AAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CCAGAGCG 644
 PSSACTINIDIAEM302091 AAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTTACGACC-TG--CCTGAGCG 644
 PSTARGETIS AAGCGCT---GACGTGCGTAACAACCGCGTACT---GATCTATGACT-TG--CCAGAGCG 644
 PSLACH316 AACGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CCCTCAGC 653
 P.S.JAPONICA AACGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CCCTCAGC 650
 PSAPTATA AACGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CCCTCAGC 652
 PSS61 AACGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--CCCTCAGC 650
 PSSB728A AACGGCC---GATGTCCGTAACAACCGCGTACT---GATCTACGACT-TG--CCCTCAGC 647
 PSMACULICOLA AACAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTCAGC 656
 PSCANNABINAPSA1-3 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTCAGC 656
 PSSMACULICOLAES4326 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTCAGC 656
 PSSMORI301020 ACCAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTCAGC 656
 PSLACHM301315 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCTGTGCT---GATTTACGACT-TG--CCCTCAGC 656
 PSP1448 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCCGC 644
 PSLGLYCINEA AACAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCCGC 644
 PSP3121 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCCGC 644
 PSSAESCULINCPB3681 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCCGC 644
 PSSAESCULI2250 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCCGC 644
 PSSAESCULI0893_23 AACAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCCGC 644
 PSSAVASTANOI AACAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCCGC 644
 PSTABACI AACAGCC---GATGTGCGTAACAACCGCGTACT---GATTTATGACT-TG--CCGTCCGC 644
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 GACCGTCTCGATGTCGACAATCA-GCTGCACCTGAGGTTTGCCATCGTGATCCAGCGAG 645
 PSVIRIDIFLAVALP23 GACCGTCTCGATGTCGACAATCA-GCTGCACCTGAGGTTTGCCATCGTGATCCAGCGAG 645
 * * * * *

PST1 CAAGGCCATGTACCAGAAACTGGT-----CAAGGAGCTGGACGTT--CCGCGCAACC 694
 PSLACHM302278PT CAAGGCCATGTACCAGAAACTGGT-----CAAGGAGCTGGACGTT--CCGCGCAACC 694
 DC3000 CAAGGCCATGTACCAGAAACTGGT-----CAAGGAGCTGGACGTT--CCGCGCAACC 694
 PSMORSPRUM302280 CAAGGCCATGTACCAGAAACTGGT-----CAAGGAGCTGGACGTT--CCGCGCAACC 694
 PSSACTINIDIAEM302091 CAAGGCCATGTACCAGAAACTGGT-----CAAGGAGCTGGACGTT--CCGCGCAACC 694
 PSTARGETIS CAAGGCCATGTACCAGAAAGCTGTT-----CAAGGAGCTCGATGTT--CCTCGCAACC 694
 PSLACH316 CAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATGTT--TCGCGCAACC 703
 P.S.JAPONICA CAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATGTT--TCGCGCAACC 700
 PSAPTATA CAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATGTT--TCGCGCAACC 702
 PSS61 CAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATGTT--TCGCGCAACC 700
 PSSB728A CAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATGTT--TCGCGCAACC 697
 PSMACULICOLA CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 706
 PSCANNABINAPSA1-3 CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 706
 PSSMACULICOLAES4326 CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TC-CGCAACC 705
 PSSMORI301020 CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAACC 706
 PSLACHM301315 CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCGCGCAATC 706
 PSP1448 CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCACGCAACC 694
 PSLGLYCINEA CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCACGCAACC 694
 PSP3121 CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCACGCAACC 694
 PSSAESCULINCPB3681 CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCACGCAACC 694
 PSSAESCULI2250 CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCACGCAACC 694
 PSSAESCULI0893_23 CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCACGCAACC 694
 PSSAVASTANOI CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCACGCAACC 694
 PSTABACI CAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAACCTGGACGTT--TCACGCAACC 694
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 CGTGG-AATGACCTGCAAGCTGGTCCAGCGGTGATGGGCTCGATATGGCCACACGCTC 704
 PSVIRIDIFLAVALP23 CGTGG-AATGACCTGCAAGCTGGTCCAGCGGTGATGGGCTCGATATGGCCACACGCTC 704
 * * * * *

PST1 TGA--TCGAAATCGA--- 707

PSLACHM302278PT TGA--TCGAAATCGATGC 710
 DC3000 TGA--TCGAAATCGA--- 707
 PSMORSPRUM302280 TGA--TCGAAATCGATGC 710
 PSSACTINIDIAEM302091 TGA--TCGAAATCGATGC 710
 PSTARGETIS TGA--TCGAAATCGA--- 707
 PSLACH316 TGA--TCGAAATCGACGC 719
 P.S. JAPONICA TGA--TCGAAATCGA--- 713
 PSAPTATA TGA--TCGAAATCGA--- 715
 PSS61 TGA--TCGAAATCGA--- 713
 PSSB728A TGA--TCGAAATCGA--- 710
 PSMACULICOLA TGA--TCGAAATCGA--- 719
 PSCANNABINAFSA1-3 TGA--TCGAAATCGATGC 722
 PSSMACULICOLAES4326 TGA--TCGAAATCGATGC 721
 PSSMORI301020 TGA--TCGAAATCGATGC 722
 PSLACHM301315 TGA--TCGAAATCGATGC 722
 PSP1448 TGA--TCGAAATCGA--- 707
 PSGLYCINEA TGA--TCGAAATCGA--- 707
 PSP3121 TGA--TCGAAATCGA--- 707
 PSSAESCULINCPB3681 TGA--TCGAAATCGATGC 710
 PSSAESCULI2250 TGA--TCGAAATCGATGC 710
 PSSAESCULI0893_23 TGA--TCGAAATCGATGC 710
 PSSAVASTANOI TGA--TCGAAATCGA--- 707
 PSTABACI TGA--TCGAAATCGA--- 707
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 GGACGTCGCGGT-GATGT 721
 PSVIRIDIFLAVALP23 GGACGTCGCGGT-GATGT 721
 ** ** * **

Ευθυγράμμιση νουκλεοτιδικών ακολουθιών για το όλα τα στελέχη

PSLACH308 CAGTGGTTTGTGTATAACSYACWCGTTGTACGTGACCCCTCTAGCGAGCACACCTCGGC 60
 PSLACH312 CAGTGGTTTGTCTATAACG-ACACGTTGTACGTGACCCCTCTAGCGAGCACACCTCGGC 59
 PSLACH310 CAGTGGTTTGTGTATAACG-ACACGTTGTGCKTCAGCCCTCTAGCGAGCACACCTCGGC 59
 PSLACH316 CAGTGGTTTGTCTATAACG-ACACGTTGTACGTGACCCCTCTAGCGAGCACACCTCGGC 59
 PSLACHM301315 CAGTGGTTTGTCTATAACG-ACACGCTTACGTGACCCCTCCAGCGAACACACCTCGGC 59
 PSLACHM302278PT CAGTGGTTTCGTCTATAACG-ACACGCTGTATGTGACCCCTTCAGCGAGCACACCTCGGC 59
 ***** *

PSLACH308 ACGCATCGAAGTGTGCATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGATGTGGG 120
 PSLACH312 ACGCATCGAAGTGTGCATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGATGTGGG 119
 PSLACH310 ACGCATCGAAGTGTGCATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGATGTGGG 119
 PSLACH316 ACGCATCGAAGTGTGCATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGATGTGGG 119
 PSLACHM301315 GCGCGTTCGAAGTATCAGCCGACGCGGTAGACGACTTGCAAACGGCCTTGACCGACGTGGG 119
 PSLACHM302278PT GCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAACGGGCTGACCGATGTCCG 119
 *

PSLACH308 GCTGCTGGACAAGCGCTTTGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTGGTTCC 180
 PSLACH312 GCTGCTGGACAAGCGCTTTGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTGGTTCC 179
 PSLACH310 GCTGCTGGACAAGCGCTTTGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTGGTTCC 179
 PSLACH316 GCTGCTGGACAAGCGCTTTGGTTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTCTGGTTCC 179
 PSLACHM301315 ATTGCTGGATAAAGCGCTTCGGTTGGGGGTGCTACCGAACGAGGCGTGGTCTGGTTCC 179
 PSLACHM302278PT TCTGCTGGACAAGCGTTTGGCTGGGGCTCGCTGCTGACGAAGGCGTGGTTCTGGTTCC 179
 *

PSLACH308 CGGCCCTGCAAAATATGTGGAACCTGGTGCAGGATACAGCAAGAAAGTCGAAGCACCTGA 240
 PSLACH312 CGGCCCTGCAAAATATGTGGAACCTGGTGCAGGATACAGCAAGAAAGTCGAAGCACCTGA 239
 PSLACH310 CGGCCCTGCAAAATATGTGGAACCTGGTGCAGGATACAGCAAGAAAGTCGAAGCACCTGA 239
 PSLACH316 CGGCCCTGCAAAATATGTGGAACCTGGTGCAGGATACAGCAAGAAAGTCGAAGCACCTGA 239
 PSLACHM301315 CGGTCCGGCAAAATACGTGGAGTGTGGTGCAGGATACAGCAAGAAAGTCGAAGCACCTGA 239
 PSLACHM302278PT TGGTCCGGCAAAATACGTGGAGTGTGGTGCAGGATACAGCAAGAAAGTCGAAGCACCTGA 239
 *

PSLACH308 ---AAAGGGCACAAGCAGGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATACGCCAGTGCCGCGGA 297
 PSLACH312 ---AAAGGGCACAAGCAGGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATACGCCAGTGCCGCGGA 296
 PSLACH310 ---AAAGGGCACAAGCAGGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATACGCCAGTGCCGCGGA 296
 PSLACH316 ---AAAGGGCACAAGCAGGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATACGCCAGTGCCGCGGA 296
 PSLACHM301315 ---AAAGGACGACAAGCAGGACATCATCGTATTTCCGCTCAAATATGCCAGCGGCGGA 296
 PSLACHM302278PT CGAGAAGGGCACAAGCAAGATGTTGTCGCTGCCACTCAAATACGCCAACGCGGTGTA 299
 *

PSLACH308 CCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACCTGGTGGTCGCCGGTGTGCCAGCATCTCCA 357
 PSLACH312 CCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACCTGGTGGTCGCCGGTGTGCCAGCATCTCCA 356
 PSLACH310 CCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACCTGGTGGTCGCCGGTGTGCCAGCATCTCCA 356

PSLACH316 CCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACACTGGTGGTCGCCAGCATCTCTCCA 356
 PSLACHM301315 CCGTACCATTTCGCTATCGTGATCAAGAGCTGGTAGTCGCCAGGGTTCGCCAGCATCTCTCCA 356
 PSLACHM302278PT TCGGACTATTTCGCTACCGTGACCGGACGATTAGTGGTGGCCGGTTCGCCAGTATTCTCA 359
 * * * * *

PSLACH308 GGATTTGCTGGATAACCCGTTCTCATGGCGGGTCCATCAATGGTATGGATCTGCTG---GG 414
 PSLACH312 GGATTTGCTGGATAACCCGTTCTCATGGCGGGTCCATCAATGGTATGGATCTGCTG---GG 413
 PSLACH310 GGATTTGCTGGATAACCCGTTCTCATGGCGGGTCCATCAATGGTATGGATCTGCTG---GG 413
 PSLACH316 GGATTTGCTGGATAACCCGTTCTCATGGCGGGTCCATCAATGGTATGGATCTGCTG---GG 413
 PSLACHM301315 GGATCTGCTCGATGTCGCTTCTCGCGGCCAGTCTATAAAAGGTACGGACCTGATA---GG 413
 PSLACHM302278PT AGAGCTGCTGGAAAGCCGTTCCGCTGGCGAAAGCATTGACAGCGTGAACCTGTTGCCGGG 419
 * * * * *

PSLACH308 GCGAGGCGGTTCGCGGTA---ACGGTCTGGCGGGCG--GTGGCGCCCCGGACGCTCCGAGT 469
 PSLACH312 GCGAGGCGGTTCGCGGTA---ACGGTCTGGCGGGCG--GTGGCGCCCCGGACGCTCCGAGT 468
 PSLACH310 GCGAGGCGGTTCGCGGTA---ACGGTCTGGCGGGCG--GTGGCGCCCCGGACGCTCCGAGT 468
 PSLACH316 GCGAGGCGGTTCGCGGTA---ACGGTCTGGCGGGCG--GTGGCGCCCCGGACGCTCCGAGT 468
 PSLACHM301315 GCGAGGTGGTTCGCGGTACCGGCGGCTTGTCCGGGCG--GTGACGGTCAGGACACCCCGAGT 471
 PSLACHM302278PT GCAGGCGCAGCAGTGTTCGCAACAGC---ACAGGTGTCGGCGCGCCGCTCCGCTTA--- 473
 * * * * *

PSLACH308 CTGCCGATGAGCTCCAGCGGCCTCGATACCAATGCGTTGGAGCAGG--CCTCGATCAGGTG 528
 PSLACH312 CTGCCGATGAGCTCCAGCGGCCTCGATACCAATGCGTTGGAGCAGGGCCCTCGATCAGGTG 528
 PSLACH310 CTGCCGATGAGCTCCAGCGGCCTCGATACCAATGCGTTGGAGCAGGGCCCTCGATCAGGTA 528
 PSLACH316 CTGCCGATGAGCTCCAGCGGCCTCGATACCAATGCGTTGGAGCAGGGCCCTCGATCAGGTA 528
 PSLACHM301315 CTGCCGCTGAACGCCAGCGGCATCAATACCGGGCATTGGAGCAAGGCCCTGGATCAAGTG 531
 PSLACHM302278PT CAACC--TGGGCTCCAATGGTATCGATACGGGAGCACTGCAACAGGGCATTGACCCGCTA 531
 * * * * *

PSLACH308 CTGCACATATGGCGCGCGCGCGGCGAGCGGCAAA--GCGGTGGAAA--GCCGCTCTGGCGGT 586
 PSLACH312 CTGCACATATGGCGCGCGCGCGGCGAGCGGCAAAAGCGGTGGAAAAGCCGCTCCGGCGGT 588
 PSLACH310 CTGCACATATGGCGCGCGGAGCGGCGAGC---AAAAGTGGTGGAAAAGCCGCTCTGGCGGT 585
 PSLACH316 CTGCACATATGGCGCGCGGAGCGGCGAGC---AAAAGTGGTGGAAAAGCCGCTCTGGCGGT 585
 PSLACHM301315 CTGCACATATGGCAGCGGTGGCGGTGGC---AAGAGCAGCGGAAAAGTCCGCTCGGGTGGC 588
 PSLACHM302278PT TTGAACTTCAACAGCAA-----AAAAAC--TGCCAAGGGTTCATGCCTCAGG 576
 * * * * *

PSLACH308 CGGGCCAACATCCGCGTAACGGCCGATGTCCGTAACAATGCTGTGCTGATCTATGACTGC 646
 PSLACH312 CGGGCCAACATCCGCGTAACGGCCGATGTCCGTAACAATGCTGTGCTGATCTATGACTTG 648
 PSLACH310 CGGGCCAACATCCGCGTAACGGCCGATGTCCGTAACAATGCTGTGCTGATCTATGACTTG 645
 PSLACH316 CGGGCCAACATCCGCGTAACGGCCGATGTCCGTAACAATGCTGTGCTGATCTATGACTTG 645
 PSLACHM301315 CGTGCGCACCATTGCTGTAAACAGCCGATGTGCGTAATAACGCTGTGCTGATTTACGACTTG 648
 PSLACHM302278PT AAGGCAAAATATCCGCGTAAGCGCTGATGTGCGTAACAATCCGTTATTGATTTACGACTG 636
 * * * * *

PSLACH308 CCTCCACSCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCATCAAAGAGCTGGATGTTTCSCSCGCGAGC 706
 PSLACH312 CCCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCATCAAAGAGCTGGATGTTTCGCGCA--ACC 707
 PSLACH310 CCCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCATCAAAGAGCTGGAT--GTTTCGCGCA--ACC 703
 PSLACH316 CCCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCATCAAAGAGCTGGAT--GTTTCGCGCA--ACC 703
 PSLACHM301315 CCGTCGCGCAAGCCGATGTACGAAAAGCTCATCAAGGAAGCTGGAC--GTTTCGCGCA--ATC 706
 PSLACHM302278PT CCAGAGCGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTGGTCAAGGAGCTGGAC--GTTTCGCGCA--ACC 694
 * * * * *

PSLACH308 TGATCGAA--TCGATGC 721
 PSLACH312 TKATCGAAATCGATGC 723
 PSLACH310 TGATCGAAATCGATGC 719
 PSLACH316 TGATCGAAATCGACGC 719
 PSLACHM301315 TGATCGAAATCGATGC 722
 PSLACHM302278PT TGATCGAAATCGATGC 710
 * * * * *

PST1 CAGTGG--TTCGCTATAACG--ACACGCTGTATGTCAGC--CCTTCCAGCAGCAGC--ACCT 55
 PSLACHM302278PT CAGTGG--TTCGCTATAACG--ACACGCTGTATGTCAGC--CCTTCCAGCAGCAGC--ACCT 55
 DC3000 CAGTGG--TTCGCTATAACG--ACACGCTGTATGTCAGC--CCTTCCAGCAGCAGC--ACCT 55
 PSMORSPRUM302280 CAGTGG--TTCGCTATAACG--ACACGCTGTATGTCAGC--CCTTCCAGCAGCAGC--ACCT 55
 PSSACTINIDIAEM302091 CAGTGG--TTCGCTATAACG--ACACGCTGTATGTCAGC--CCTTCCAGCAGCAGC--ACCT 55
 PSTARGETIS CAGTGG--TTCGCTATAACG--ACACGCTGTACATCAGT--CCTTCCAGCAGCAGC--ACAT 55
 PSLACH310 CAGTGG--TTTGTGTATAACG--ACACGTTGTACGTCAGC--CCCTCTAGCAGCAGC--ACCT 55
 P. S. JAPONICA CAGTGG--TTTGTGTATAACG--ACACGTTGTACGTCAGC--CCCTCTAGCAGCAGC--ACCT 55
 PSLACH316 CAGTGG--TTTGTGTATAACG--ACACGTTGTACGTCAGC--CCCTCTAGCAGCAGC--ACCT 55
 PSLACH312 CAGTGG--TTTGTGTATAACG--ACACGTTGTACGTCAGC--CCCTCTAGCAGCAGC--ACCT 55

PSLACH308	CAGTGG--TTTGTGTATAACSACWCGTTGTACGTCAGC-CCCTCTAGCGAGCAC-ACCT	56
PSAPTATA	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-GTTGTACGTCAGC-CCCTCTAGCGAGCAC-ACCT	54
PSS61	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCCTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSSB728A	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCCTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSMACULICOLA	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCCTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSCANNABINAPSA1-3	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSSMACULICOLAES4326	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSLACHM301315	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSSMORI301020	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSP1448	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSGLYCINEA	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSP3121	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSSAESULINCPBB3681	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSSAESULI2250	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSSAESULI0893_23	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSSAVASTANOI	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSTABACI	CAGTGG--TTTGTGTATAACG-ACA-ACAGTGTACGTCAGC-CCGTCCAGCGAGCAC-ACCT	55
PSVIRIDIFLAVAPNA3	CATCGGCTTTTCGTGATA-CGCACCGGCT---TGTGGGTGTTGTTGTGCGC-CACCACTA	55
PSVIRIDIFLAVALP23	CATCGGCTTTTCGTGATA-CGCACCGGCT---TGTGGGTGTTGTTGTGCGC-CACCACTA	55
	** *	
PST1	CGGCGGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAACGGCGCTGACCGA-T	114
PSLACHM302278PT	CGGCGGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAACGGCGCTGACCGA-T	114
DC3000	CGGGCGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAACGGCGCTGACCGA-T	114
PSMORSPRUM302280	CAGCGGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGACGACCTGCAAACGGCGCTGACCGA-T	114
PSSACTINIDIAEM302091	CGGCGGCATCGAAGTCTCGCCGGATGCGGTGGATGACCTGCAAACGGCGCTGACCGA-T	114
PSTARGETIS	CGGCGGTATCGAGGTTCTCCCGCAGCCGTTGGATGACCTGCAAACGGCGCTGACCGA-T	114
PSLACH310	CGGCACGCATCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGA-T	114
P. S. JAPONICA	CGGCACGCATCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGA-T	114
PSLACH316	CGGCACGCATCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGA-T	114
PSLACH312	CGGCACGCATCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGA-T	114
PSLACH308	CGGCACGCATCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGA-T	115
PSAPTATA	CGGCACGCATCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGA-T	113
PSS61	CGGCACGCATCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTGGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGA-T	114
PSSB728A	CGGCACGCATCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTAGATGACCTGCAGACTGCTTTGACCGA-T	114
PSMACULICOLA	CGGCGCGCTCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTAGACGACTGCAAACGGCGCTTGCACCGA-C	114
PSCANNABINAPSA1-3	CGGCGCGCTCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTAGACGACTGCAAACGGCGCTTGCACCGA-C	114
PSSMACULICOLAES4326	CGGCGCGCTCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTAGACGACTGCAAACGGCGCTTGCACCGA-C	114
PSLACHM301315	CGGCGCGCTCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTAGACGACTGCAAACGGCGCTTGCACCGA-C	114
PSSMORI301020	CGGCGCGCTCGAAGTGTCTATCCGACGCGGTAGACGACTGCAAACGGCGCTTGCACCGA-C	114
PSP1448	CGGCGCGCTAGAAAGTCTATCCGATGCGGTAGATGACCTGCAGACGCGGTTGACCGA-T	114
PSGLYCINEA	CGGCGCGCTAGAAAGTCTATCCGATGCGGTAGATGACCTGCAGACGCGGTTGACCGA-T	114
PSP3121	CGGCGCGCTAGAAAGTCTATCCGATGCGGTAGATGACCTGCAGACGCGGTTGACCGA-T	114
PSSAESULINCPBB3681	CGGCGCGCTAGAAAGTCTATCCGATGCGGTAGATGACCTGCAGACGCGGTTGACCGA-T	114
PSSAESULI2250	CGGCGCGCTAGAAAGTCTATCCGATGCGGTAGATGACCTGCAGACGCGGTTGACCGA-T	114
PSSAESULI0893_23	CGGCGCGCTAGAAAGTCTATCCGATGCGGTAGATGACCTGCAGACGCGGTTGACCGA-T	114
PSSAVASTANOI	CGGCGCGCTAGAAAGTCTATCCGATGCGGTAGATGACCTGCAGACGCGGTTGACCTGA-T	114
PSTABACI	CGGCGCGCTAGAAAGTCTATCCGATGCGGTAGATGACCTGCAGACGCGGTTGACCGA-T	114
PSVIRIDIFLAVAPNA3	CCGCA-ACGCCCCAACCTTTCTGGAC-----AAACCAC-TGCGAACGCGTCTGATCAAGT	108
PSVIRIDIFLAVALP23	CCGCA-ACGCCCCAGCCCTTCTGGAC-----AAACCAC-TGCGAACGCGTCTGATCGAGT	108
	* *	
PST1	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTC	173
PSLACHM302278PT	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTC	173
DC3000	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTC	173
PSMORSPRUM302280	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTC	173
PSSACTINIDIAEM302091	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTC	173
PSTARGETIS	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGCTGGGGCTCGCTGCCTGACGAAGGCGTGGTTC	173
PSLACH310	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTC	173
P. S. JAPONICA	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTC	173
PSLACH316	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTC	173
PSLACH312	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTC	173
PSLACH308	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTC	174
PSAPTATA	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGTGTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTC	172
PSS61	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGGTTATTGCCGAACGAAGGCGTGGTTC	173
PSSB728A	GTCGGTCTGCTGGACAAG-CGTTTTGGTGGGGGTTACTGCCGAACGAAGGCGTGGTTC	173
PSMACULICOLA	GTCGGATGCTGGATAAA-CGCTTCGGTTGGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTTC	173
PSCANNABINAPSA1-3	GTCGGATGCTGGATAAA-CGCTTCGGTTGGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTTC	173
PSSMACULICOLAES4326	GTCGGATGCTGGATAAA-CGCTTCGGTTGGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTTC	173
PSLACHM301315	GTCGGATGCTGGATAAA-CGCTTCGGTTGGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTTC	173
PSSMORI301020	GTCGGATGCTGGATAAA-CGCTTCGGTTGGGGGGTGCTACCGAACGAGGGCGTGGTTC	173
PSP1448	GTAGGCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCTAACGAGGGTGTGGTTC	173
PSGLYCINEA	GTAGGCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCTAACGAGGGTGTGGTTC	173
PSP3121	GTAGGCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCTAACGAGGGTGTGGTTC	173
PSSAESULINCPBB3681	GTAGGCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCTAACGAGGGTGTGGTTC	173
PSSAESULI2250	GTAGGCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCTAACGAGGGTGTGGTTC	173
PSSAESULI0893_23	GTAGGCTGCTGGATAAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCTAACGAGGGTGTGGTTC	173

PSSAVASTANOI GTAGGCCTGCTGGATAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGTGTGGTGTCT 173
PSTABACI GTAGGCCTGCTGGATAAA-CGCTTTGGCTGGGGCGTCTGCCTAACGAGGGTGTGGTGTCT 173
PSVIRIDIFLAVAPNA3 GTCAGCCCCGCGCCGGATCGCAGAGCTG----TCGGTTTCGAA--GGGCATGGTTTC 161
PSVIRIDIFLAVALP23 GTCAGCCCCGCGCCGGATCGCACAAGCTG----TCGGTTTCGAA--GGGCATGGTTTC 161
** * ** * ** * * ** * **

PST1 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSLACHM302278PT G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
DC3000 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSMORSPRUM302280 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSACTINIDIAEM302091 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSTARGETIS G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSLACH310 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
P. S. JAPONICA G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSLACH316 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSLACH312 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSLACH308 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 226
PSAPTATA G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 224
PSS61 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSB728A G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSMACULICOLA G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSCANNABINAPSA1-3 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSMACULICOLAES4326 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSLACHM301315 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSMORI301020 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSP1448 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSGLYCINEA G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSP3121 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSAESCULINCPB3681 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSAESCULI2250 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSAESCULI0893_23 G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSSAVASTANOI G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSTABACI G---GTTTCGTGGTCCGG----CCAAATAC-GTGGAGTTTGTGCGCGACTACAGCAAGAAA 225
PSVIRIDIFLAVAPNA3 GCCCATATGCATACCGGGTGGCGCAACACCGTTCGACCATTTGCGTGAAGACATTTCTGAAC 221
PSVIRIDIFLAVALP23 GCCCGTATGCATACCGGGTGGCGCAACACCGTTCGACCATTTGCGTGAAGACATTTCTGAAC 221
* *

PST1 GTCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCA 280
PSLACHM302278PT GTCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCA 280
DC3000 GTCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCA 280
PSMORSPRUM302280 GTCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCA 280
PSSACTINIDIAEM302091 GTCGAAAAGCCCGACGAGAAGGCCGACA--AGCAAGATG-TTGTCTG--GCTGCCACTCA 280
PSTARGETIS GTCGAAAAGCCCGATAAAAAAGCCGATA--AGCAGGACG-TTGTCTG--CTGCCGCTCA 280
PSLACH310 GTCGAAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCTG--ATTTCCGCTCA 277
P. S. JAPONICA GTCGAAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCTG--ATTTCCGCTCA 277
PSLACH316 GTCGAAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCTG--ATTTCCGCTCA 277
PSLACH308 GTCGAAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCTG--ATTTCCGCTCA 278
PSAPTATA GTCGAAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCTG--ATTTCCGCTCA 276
PSS61 GTCGAAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCTG--ATTTCCGCTCA 277
PSSB728A GTCGAAAGCACCTGA---AAAGGGCGACA--AGCAGGACA-TCATCTG--ATTTCCGCTCA 277
PSMACULICOLA GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCTG--ATTTCCGCTCA 277
PSCANNABINAPSA1-3 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCTG--ATTTCCGCTCA 277
PSSMACULICOLAES4326 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCTG--ATTTCCGCTCA 277
PSLACHM301315 GTCGATACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCTG--ATTTCCGCTCA 277
PSSMORI301020 GTCGATACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TCATCTG--ATTTCCGCTCA 277
PSP1448 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCA 277
PSGLYCINEA GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCA 277
PSP3121 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCA 277
PSSAESCULINCPB3681 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCA 277
PSSAESCULI2250 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCA 277
PSSAESCULI0893_23 GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCA 277
PSSAVASTANOI GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCA 277
PSTABACI GTCGAGACGCCGGA---AAAGGGCGACA--AGCAAGACA-TTGTGTG--GTTTCCGCTCA 277
PSVIRIDIFLAVAPNA3 ATCG---TTCCGGGTAGGCAGGTCTCCCGCTCACGACGCTCCTTGATGGTTTTCATCTG 278
PSVIRIDIFLAVALP23 ATCG---TTCCGGGTAGGCAGGTCTCCCGCTCACGACGCTCCTTGATGGTTTTCATCTG 278
*** ** * * * * * * * * * * * *

PST1 AATAC----GCCAACCGGGTATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGG 334
PSLACHM302278PT AATAC----GCCAACCGGGTATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGG 334
DC3000 AATAC----GCCAACCGGGTATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGG 334
PSMORSPRUM302280 AATAC----GCCAACCGGGTATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGG 334
PSSACTINIDIAEM302091 AGTAC----GCCAACCGGGTATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGG 334
PSTARGETIS GGTAC----GCCAACCGGGTATCGGACTATTCGCTACCGTGACCAGCAGTTAG--TGG 334
PSLACH310 AATAC----GCCAGTGCCGCGGACCCACCATTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGG 331
P. S. JAPONICA AATAC----GCCAGTGCCGCGGACCCACCATTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGG 331
PSLACH316 AATAC----GCCAGTGCCGCGGACCCACCATTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGG 331

PSLACH312 AATAC----GCCAGTGCCGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGG 331
 PSLACH308 AATAC----GCCAGTGCCGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGG 332
 PSAPTATA AGTAC----GCCAGTGCTGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGGTATCAACAACCTGG--TGG 330
 PSS61 AGTAC----GCCAGTGCTGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGG 331
 PSSB728A AGTAC----GCCAGTGCCGCGGACCGCACCATTTCGCTATCGCGATCAACAACCTGG--TGG 331
 PSMACULICOLA AATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGTATCAAGAGCTGG--TAG 331
 PSCANNABINAPSA1-3 AATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGTATCAAGAGCTGG--TAG 331
 PSSMACULICOLAES4326 AATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGTATCAAGAGCTGG--TAG 331
 PSLACHM301315 AATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGTATCAAGAGCTGG--TAG 331
 PSSMORI301020 AATAT----GCCAGCGCGGCGGACCGTACCATTTCGCTATCGGTATCAAGAGCTGG--TAG 331
 PSP1448 AATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTTCGTTATCGGTATCAACAACCTGA--CAG 331
 PSLYCYCINEA AATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTTCGTTATCGGTATCAACAACCTGA--CAG 331
 PSP3121 AATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTTCGTTATCGGTATCAACAACCTGA--CAG 331
 PSSAESULINCPB3681 AATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTTCGTTATCGGTATCAACAACCTGA--CAG 331
 PSSAESULI2250 AATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTTCGTTATCGGTATCAACAACCTGA--CAG 331
 PSSAESULI0893_23 AATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTTCGTTATCGGTATCAACAACCTGA--CAG 331
 PSSAVASTANOI AATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTTCGTTATCGGTATCAACAACCTGA--CAG 331
 PSTABACI AATAC----GCCAACGCGTCCGACCGGACCATTTCGTTATCGGTATCAACAACCTGA--CAG 331
 PSVIRIDI FLAVAPNA3 GGCATCGATGTC-GTGGCGGTTACCGTTTTGTACG-TAGCGCG-CCGG--GTTGACCTGA 333
 PSVIRIDI FLAVALP23 GGCATCGATGTC-GTGGCGGTTACCGTTTTGTACG-TAGCGCG-CCGG--GTTGACCTGA 333
 * * * * *

PST1 TGGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAAG 392
 PSLACHM302278PT TGGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAAG 392
 DC3000 TGGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAAG 392
 PSMORSPRUM302280 TGGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAAAG 392
 PSSACTINIDIAEM302091 TGGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTTCAAGAGCTGCTGGAAAGCCGTTTCGCGTGGCGAGAG 392
 PSTARGETIS TGGCCGGT--GTTGCCAGTATTCTTCCAGGACCTGCTGGAAAGCTGCTGCACGTCGCGAGAG 392
 PSLACH310 TCGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATAACCCGTTCTCATGGCGGGTC 389
 P.S. JAPONICA TCGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATAACCCGTTCTCATGGCGGGTC 389
 PSLACH316 TCGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATAACCCGTTCTCATGGCGGGTC 389
 PSLACH312 TCGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATAACCCGTTCTCATGGCGGGTC 389
 PSLACH308 TCGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATAACCCGTTCTCATGGCGGGTC 390
 PSAPTATA TCGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATAACCCGTTCTCATGGCGGGTC 388
 PSS61 TCGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTCCAGGATTTGCTGGATAACCCGTTCTCATGGCGGGTC 389
 PSSB728A TCGCCGGT--GTCGCCAGTATTCTCCAGGATTTGCTGGATAACCCGTTCTCATGGCGGGTC 389
 PSMACULICOLA TCGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGCTTCTCGCGGCCAGTC 389
 PSCANNABINAPSA1-3 TCGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGCTTCTCGCGGCCAGTC 389
 PSSMACULICOLAES4326 TCGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGCTTCTCGCGGCCAGTC 389
 PSLACHM301315 TCGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGCTTCTCGCGGCCAGTC 389
 PSSMORI301020 TCGCAGGG--GTCGCCAGCATTCTGCAGGATCTGCTCGATGTCGCTTCTCGCGGCCAGTC 389
 PSP1448 TAGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGC 389
 PSLYCYCINEA TAGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGC 389
 PSP3121 TAGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGC 389
 PSSAESULINCPB3681 TAGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGC 389
 PSSAESULI2250 TAGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGC 389
 PSSAESULI0893_23 TAGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGC 389
 PSSAVASTANOI TAGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGC 389
 PSTABACI TAGCCGGT--GTCGCCAGCATTCTTCCAGGATTTGCTCGACACGCGTTCTCGCGGCCAAGC 389
 PSVIRIDI FLAVAPNA3 TCGCCAATCAGTCGC-GGCGT----CAGGA-----TGAACAACCG--CTCAGCGTGATTG 381
 PSVIRIDI FLAVALP23 TCGCCAATCAGTCGC-GGCGT----CAGGA-----TGAACAACCG--CTCAGCGTGATTG 381
 * * * * *

PST1 CATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTTGCCA 439
 PSLACHM302278PT CATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTTGCCA 439
 DC3000 CATTGACAG-CGTGAACCTGTT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTTGCCA 439
 PSMORSPRUM302280 CATTGACAG-CGTGAACCTGCT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTTGCCA 439
 PSSACTINIDIAEM302091 CATTGACAG-CGTGAACCTGCT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----CAGTGTTGCCA 439
 PSTARGETIS CATCGACAG-TGTGAACCTGCT--GCCGGG--GCAG-GGCAG-----TGGCATCTCGA 439
 PSLACH310 CATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGG 442
 P.S. JAPONICA CATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGG 442
 PSLACH316 CATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGG 442
 PSLACH312 CATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGG 442
 PSLACH308 CATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGG 443
 PSAPTATA CATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGG 441
 PSS61 CATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGTCTGGCGG 442
 PSSB728A GATCAATGG-TATGGATCTGCTGGGGCGAG--GCGGTCGCGG-TA---ACGGCTGGCGG 442
 PSMACULICOLA TATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGCGCGCTTGTCCG 445
 PSCANNABINAPSA1-3 TATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGCGCGCTTGTCCG 445
 PSSMACULICOLAES4326 TATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGCGCGCTTGTCCG 445
 PSLACHM301315 TATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGCGCGCTTGTCCG 445
 PSSMORI301020 TATAAAAGG-TACGGACCTGATAGGGCGAG--GTGGTCGCGG-TACCGCGCGCTTGTCCG 445
 PSP1448 CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSLYCYCINEA CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSP3121 CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSSAESULINCPB3681 CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSSAESULI2250 CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCAGC--GTGG-CGCAATGC---CGGACTCGCGG 442

PSSAESCULI0893_23 CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCACG--GTGG-CGCAAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSSAVASTANOI CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCACG--GTGG-CGCAAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSTABACI CATCAATGG-CATCAACCTGTTGGGGCACG--GTGG-CGCAAATGC---CGGACTCGCGG 442
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 ATTTTCACGGCTGCGCGACTGAAACAGCAGTTTGCCTGATGTAG-----GGAATGTGCGC 433
 PSVIRIDIFLAVALP23 ATTTTCACGGCTGCGCGACTGAAACAGCAGTTTGCCTGATGTAG-----GGAATGTGCGC 433
 * * * ** * * * * * * * *

PST1 ACAGCACAGGTGTCGCGG---CCGCCGGCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATC 495
 PSLACHM302278PT ACAGCACAGGTGTCGCGG---CCGCCGGCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATC 495
 DC3000 ACAGCACAGGTGTCGCGG---CC-CGCCGCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATC 494
 PSMORSPRUM302280 ACAGCACAGGTGTCGCGG---CCGCCGGCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATC 495
 PSSACTINIDIAEM302091 ACAGCACAGGTGTCGCGG---CCGCCGGCCT-GCCTTACAACCTGGGCTCCAATGGTATC 495
 PSTARGETIS GCGGTGCCGGGGCTTCGG---CTGCCGCTT-GCCTTACAACCTGGGTTCCAACGGGATC 495
 PSLACH310 GCGGT---GGCGCCCCGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 492
 P.S. JAPONICA GCGGT---GGCGCCCCGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 492
 PSLACH316 GCGGT---GGCGCCCCGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 492
 PSLACH312 GCGGT---GGCGCCCCGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 492
 PSLACH308 GCGGT---GGCGCCCCGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 493
 PSAPTATA GCGGT---GGCGCCCCGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 491
 PSS61 GCGGT---GGCAGCCCCGACACTCCGAGTCT-GCCA-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 492
 PSSB728A GCGGT---GGCAGCCCCGACGCTCCGAGTCT-GCCG-----ATGAGCTCCAGCGGCCTC 492
 PSMACULICOLA GCGGT---GACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATC 495
 PSCANNABINAPSA1-3 GCGGT---GACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATC 495
 PSMACULICOLAES4326 GCGGT---GACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATC 495
 PSLACHM301315 GCGGT---GACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATC 495
 PSSMORI301020 GCGGT---GACGGTCAGGACACCCCGAGTCT-GCCG-----CTGAACGCCAGCGGCATC 495
 PSP1448 GTGGC---GACG---CGGACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
 PSGLYCINEA GTGGC---GACG---CGGACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
 PSP3121 GTGGC---GACG---CGGACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
 PSSAESCULINCPB3681 GTGGC---GACG---CGGACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
 PSSAESCULI2250 GTGGC---GACG---CGGACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
 PSSAESCULI0893_23 GTGGC---GACG---CGGACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
 PSSAVASTANOI GTGGC---GACG---CGGACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
 PSTABACI GTGGC---GGCG---CGGACTCAAAGCCT-GCCT-----CTGGATTCCAGCGGCATC 489
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 CCAGC---AGCG---GGATCTTGTGAACCTTGTCA-----TTGGCTTCAAGGCCATG 479
 PSVIRIDIFLAVALP23 CCAGC---AGCG---GGATCTTGTGAACCTTGTCA-----TTGGCTTCAAGGCCATG 479
 * ** * * * * * * *

PST1 GA---TACGGGAG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCA 541
 PSLACHM302278PT GA---TACGGGAG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCA 541
 DC3000 GA---TACGGGAG--CACTGCAACAGGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCA 542
 PSMORSPRUM302280 GA---TACGGGCG--CACTGCAACAGGG-TATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCA 541
 PSSACTINIDIAEM302091 GA---TACGGGCG--CACTGCAACAGGG-CATTG---ACCG----CGTATTGA-ACTTCA 541
 PSTARGETIS GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATG 538
 PSLACH310 GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATG 538
 P.S. JAPONICA GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATG 538
 PSLACH316 GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATG 538
 PSLACH312 GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATG 538
 PSLACH308 GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATG 538
 PSAPTATA GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATG 537
 PSS61 GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATG 538
 PSSB728A GA---TACCAATG--CGTTGGAGCAGGG-CCTCG---ATCA----GGTACTGC-ACTATG 538
 PSMACULICOLA AA---TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGCTGC-ACTATG 541
 PSCANNABINAPSA1-3 AA---TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGCTGC-ACTATG 541
 PSMACULICOLAES4326 AA---TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGCTGC-ACTATG 541
 PSLACHM301315 AA---TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGCTGC-ACTATG 541
 PSSMORI301020 AA---TACCGGCG--CATTGGAGCAAGG-CCTGG---ATCA----AGTGCTGC-ACTATG 541
 PSP1448 GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGA-GCTATG 535
 PSGLYCINEA GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGA-GCTATG 535
 PSP3121 GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGA-GCTATG 535
 PSSAESCULINCPB3681 GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGA-GCTATG 535
 PSSAESCULI2250 GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGA-GCTATG 535
 PSSAESCULI0893_23 GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGA-GCTATG 535
 PSSAVASTANOI GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGA-GCTATG 535
 PSTABACI GA---TACCGGCG--CCTTGCAACAGGG-CCTTG---ATCG----GGTGTGA-GCTATG 535
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 AAATCCGCCGACGACCAGTGAACCATGCTCAGCGATGACCGCTGGGTGCTGACGTTTCC 539
 PSVIRIDIFLAVALP23 AAATCCGCCGACAACCAAGTGAACCATGCTCAGCGATGACCGCTGGGTGCTGACGTTTCC 539
 * * * * * * * * * * * *

PST1 ACAGCA-----AAAAAAGTGAAGGGTCAATGCCTCAGGCAAGGCCAAATA 586
 PSLACHM302278PT ACAGCA-----AAAAAAGTGAAGGGTCAATGCCTCAGGCAAGGCCAAATA 586
 DC3000 ACAGCA-----AAAAAAGTGAAGGGTCAATGCCTCAGGCAAGGCCAA-TA 586
 PSMORSPRUM302280 ACAGCA-----AAAAAAGTGAAGGGTCAATGCCTCAGGCAAGGCCAAATA 586
 PSSACTINIDIAEM302091 ACAGCA-----AAAAAAGTGAAGGGTCAATGCCTCAGGCAAGGCCAAATA 586
 PSTARGETIS GCAGCA-----AACGATCCGGTAAAGGTCATTCGCGAGGGCCGCAACGA 586
 PSLACH310 GCGGCGAGGCGGCAGC---AAAAGTGGTGAAGGAGCCGCTCTGGCGCTCGGGCCAAAC 595
 P.S. JAPONICA GCGGCG---GCGGCAGC---AAAAGCGGTGGAAGGAGCCGCTCTGGCGGTGCGGGCCAAAC 592

PSLACH316 GCGGCGGAGGCGGCAGC---AAAAGTGGTGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTGCGGGCCAACA 595
 PSLACH312 GCGGCGGCGGCGGCAGCGGCAAAAGCGGTGAAAAAGCCGCTCCGGCGGTGCGGGCCAACA 598
 PSLACH308 GCGGCGGCGGCGGCGGCAGCGG---CAAAGCGGTGAAAA---GCCGCTCGGCGGTGCGGGCCAACA 596
 PSAPTATA GCGGCGGAGGCGGCAGC---AAAAGCGGTGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTGCGGGCCAACA 594
 PSS61 GTGGCG---GCGGCAGC---AAAAGCAGTGAAAAAGTTCGCTCTGGCGGGCGGGCCAACA 592
 PSSB728A GCGGCG---GCGGCA-----AAAGCGCTGAAAAAGCCGCTCTGGCGGTGCGGGCCAACA 589
 PSMACULICOLA GCAGCGGCGGCGGTGGC---AAGAGCAGCGGAAAAAGTTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCA 598
 PSCANNABINAPSA1-3 GCAGCGGCGGCGGTGGC---AAGAGCAGCGGAAAAAGTTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCA 598
 PSMACULICOLAES4326 GCAGCGGCGGCGGTGGC---AAGAGCAGCGGAAAAAGTTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCA 598
 PSLACHM301315 GCAGCGGTGGCGGTGGC---AAGAGCAGCGGAAAAAGTTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCA 598
 PSMORI301020 GCAGCGGCGGCGGTGGC---AAGAGCAGCGGAAAAAGTTCGCTCGGGTGGCCGTGCGACCA 598
 PSP1448 GCAGCG---GCAGCAAG---AAATC---CGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACA 586
 PSGLYCINEA GCAGCG---GCAGCAAG---AAATC---CGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACA 586
 PSP3121 GCAGCG---GCAGCAAG---AAATC---CGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACA 586
 PSSAESULINCPBB3681 GCAGCG---GCAGCAAG---AAATC---CGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACA 586
 PSSAESULI2250 GCAGCG---GCAGCAAG---AAATC---CGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACA 586
 PSSAESULI0893_23 GCAGCG---GCAGCAAG---AAATC---CGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACA 586
 PSSAVASTANOI GCAGCG---GCAGCAAG---AAATC---CGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACA 586
 PSTABACI GCAGCG---GCAGCAAG---AAATC---CGGAAAAAGCCGTTCCGGTGGCCGCGCGAACA 586
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 TTTGCG-----TACGCTCGGCTGGTTCGGCATT--GATGTCCGAG---ACA 579
 PSVIRIDIFLAVALP23 TTTGCG-----TACGCTCGGCTGGTTCGGCATT--GATGTCCGAG---ACA 579
 ** * * * *

PST1 TCCGCGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTACGACC-TG--C 637
 PSLACHM302278PT TCCGCGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTACGACC-TG--C 637
 DC3000 TCCGCGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTACGACC-TG--C 637
 PSMORSRUM302280 TCCGCGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTACGACC-TG--C 637
 PSSACTINIDIAEM302091 TCCGCGTAAGCGCT---GATGTGCGTAACAACCTCCGTATT---GATTACGACC-TG--C 637
 PSTARGETIS TTCGGGTAAGCGCT---GACGTGCGTAACAACCGGCTACT---GATCTATGACT-TG--C 637
 PSLACH310 TCCGCGTAACCGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--C 646
 P. S. JAPONICA TCCGCGTAACCGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--C 643
 PSLACH316 TCCGCGTAACCGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--C 646
 PSLACH312 TCCGCGTAACCGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--C 649
 PSLACH308 TCCGCGTAACCGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--C 647
 PSAPTATA TCCGCGTAACCGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--C 645
 PSS61 TCCGCGTAACCGGCC---GATGTCCGTAACAATGCTGTGCT---GATCTATGACT-TG--C 643
 PSSB728A TCCGCGTAACCGGCC---GATGTCCGTAACAACCGCGTACT---GATCTACGACT-TG--C 640
 PSMACULICOLA TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTACGACT-TG--C 649
 PSCANNABINAPSA1-3 TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTACGACT-TG--C 649
 PSMACULICOLAES4326 TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTACGACT-TG--C 649
 PSLACHM301315 TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTACGACT-TG--C 649
 PSMORI301020 TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGTAATAACGCTGTGCT---GATTACGACT-TG--C 649
 PSP1448 TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGGCTACT---GATTATGACT-TG--C 637
 PSGLYCINEA TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGGCTACT---GATTATGACT-TG--C 637
 PSP3121 TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGGCTACT---GATTATGACT-TG--C 637
 PSSAESULINCPBB3681 TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGGCTACT---GATTATGACT-TG--C 637
 PSSAESULI2250 TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGGCTACT---GATTATGACT-TG--C 637
 PSSAESULI0893_23 TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGGCTACT---GATTATGACT-TG--C 637
 PSSAVASTANOI TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGGCTACT---GATTATGACT-TG--C 637
 PSTABACI TTCGTGTAACAGCC---GATGTGCGCAACAACCGGCTACT---GATTATGACT-TG--C 637
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 TCGATTTGACCGTCCCTCGATGTCGACAATCA-GCTGCACCTGAGGTTTGCCATCGTGATC 638
 PSVIRIDIFLAVALP23 TCGATTTGACCGTCCCTCGATGTCGACAATCA-GCTGCACCTGAGGTTTGCCATCGTGATC 638
 * * * * * * * * * *

PST1 CAGAGCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGAC-GTTC--C 686
 PSLACHM302278PT CAGAGCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGAC-GTTC--C 686
 DC3000 CAGAGCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGAC-GTTC--C 686
 PSMORSRUM302280 CAGAGCGCAAGGCCATGTATCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGAC-GTTC--C 686
 PSSACTINIDIAEM302091 CTGAGCGCAAGGCCATGTACCAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGAC-GTTC--C 686
 PSTARGETIS CAGAGCGCAAGGCCATGTACGAGAACTGGT-----CAAGGAGCTGGAT-GTTT--C 686
 PSLACH310 CCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGAT-GTTT--C 695
 P. S. JAPONICA CCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGAT-GTTT--C 692
 PSLACH316 CCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGAT-GTTT--C 695
 PSLACH312 CCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CMAAGAGCTGGAT-GTTTT--C 699
 PSLACH308 CTCCACSCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGATTGTTTCS 699
 PSAPTATA CCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGAT-GTTT--C 694
 PSS61 CCTCGCGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGAT-GTTT--C 692
 PSSB728A CCTCGCGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAAGAGCTGGAT-GTTT--C 689
 PSMACULICOLA CCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTTT--C 698
 PSCANNABINAPSA1-3 CCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTTT--C 698
 PSMACULICOLAES4326 CCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTTT--C 698
 PSLACHM301315 CGTCCGCAAGCCGATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTTT--C 698
 PSMORI301020 CCTCACGCAAGGCCATGTACGAAAAGCTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTTT--C 698
 PSP1448 CGTCCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTCT--C 686
 PSGLYCINEA CGTCCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTCT--C 686
 PSP3121 CGTCCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTCT--C 686
 PSSAESULINCPBB3681 CGTCCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAAGCTGGAC-GTCT--C 686

PSSAESCULI2250	CGTCGCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAACTGGAC-GTCT--C	686
PSSAESCULI0893_23	CGTCGCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAACTGGAC-GTCT--C	686
PSSAVASTANOI	CGTCGCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAACTGGAC-GTCT--C	686
PSTABACI	CGTCGCGCAAGCCGATGTACGAGAACTCAT-----CAAGGAACTGGAC-GTCT--C	686
PSVIRIDIFLAVAPNA3	CAGCGAGCGTGG-AATGACCTGCAAGCTGGTGCCAGCGGTGATGGGCTCGAT-ATTGGCC	696
PSVIRIDIFLAVALP23	CAGCGAGCGTGG-AATGACCTGCAAGCTGGTGCCAGCGGTGATGGGCTCGAT-ATTGGCC	696
	* *	
PST1	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 707	
PSLACHM302278PT	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGATGC 710	
DC3000	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 707	
PSMORSPRUM302280	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGATGC 710	
PSSACTINIDIAEM302091	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGATGC 710	
PSTARGETIS	TCGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 707	
PSLACH310	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGATGC 719	
P.S.JAPONICA	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 713	
PSLACH316	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGACGC 719	
PSLACH312	GCGCAACCTKA--TCGAAATCGATGC 723	
PSLACH308	SCGCAGC-TGA--TCGAA-TCGATGC 721	
PSAPTATA	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 715	
PSS61	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 713	
PSSB728A	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 710	
PSMACULICOLA	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 719	
PSCANNABINAPSA1-3	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGATGC 722	
PSSMACULICOLAES4326	-CGCAACCTGA--TCGAAATCGATGC 721	
PSLACHM301315	GCGCAATCTGA--TCGAAATCGATGC 722	
PSSMORI301020	GCGCAACCTGA--TCGAAATCGATGC 722	
PSP1448	ACGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 707	
PSGLYCINEA	ACGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 707	
PSP3121	ACGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 707	
PSSAESCULINCPB3681	ACGCAACCTGA--TCGAAATCGATGC 710	
PSSAESCULI2250	ACGCAACCTGA--TCGAAATCGATGC 710	
PSSAESCULI0893_23	ACGCAACCTGA--TCGAAATCGATGC 710	
PSSAVASTANOI	ACGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 707	
PSTABACI	ACGCAACCTGA--TCGAAATCGA--- 707	
PSVIRIDIFLAVAPNA3	ACACGCTCGGACGTGCGCGGT-GATGT 721	
PSVIRIDIFLAVALP23	ACACGCTCGGACGTGCGCGGT-GATGT 721	
	* *	

Ευθυγράμμιση πρωτεϊνικών ακολουθιών για το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.308

PSLACHM302278PT	QWFVYNDTLVSPS-SEHTSARIEVSPDAVDDLQALTLDVGLLDRKRFWGSPLDEGVVLV	59
PSLACHM301315	QWFVYNDTLVSPS-SEHTSARVEVSADAVDDLQALTLDVGLLDRKRFWGVLPNEGVLV	59
PSLACH308	QWFVYNXXVVRQPL-RAHLGTHRSVIRRRGR--PADCFDRCGAAGQALWLGCTAER----R	53
	***** : .* * .: .* . .: * .: : * ..	
PSLACHM302278PT	RGPAKYVEFVRDYSKKVEKPDEKADKQDVVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL	119
PSLACHM301315	RGPAKYVELVRDYSKKVDP-EKDDKQDIIVFPLKYASAADRTIRYRDQELVVAGVASIL	118
PSLACH308	RGSGSRPCKICGTGARLQOESRST-KGRQAGHHRISAQIRQCRPHHSLSRSTTGRRRCR	112
	**... : . . : : . * * . : : . . : *	
PSLACHM302278PT	QELLESRSRGESIDSVNLLPQGSSVAN--STGVAAAGLP-YNLGNSGIDTGAQQGIDR	176
PSLACHM301315	QDLLDVRSRGQSIKGTDLIGRGGRTGG--LSGGDQDTPSLPLNASGINTGALEQQGLDQ	176
PSLACH308	QHSPGFAGYPFSWRVHQWYGSAGARRSR-RSGGRWRPGRSESADELQRPRYQCVGAGLDQ	171
	* . * : * . * : * : *	
PSLACHM302278PT	VLNFNS---KKTAKGHASGANIRVSADVRNNSVLIYDLPERKAMYQKLVKELDVPR-N	231
PSLACHM301315	VLHYGSGGGKSSGKSRSGGRATIRVTADVRNNAVLIYDLPKRPMYEKLIKELDVSR-N	235
PSLACH308	VLHYGGGGSGKAVEKPLWRSGQHPRNGRCP-QCCADL-LPSXQGHVRKAHQRAFLEXQ	229
	** : . . : . . : . . ** : * : . : :	
PSLACHM302278PT	LIEID 236	
PSLACHM301315	LIEID 240	
PSLACH308	LIESM 234	

PSSAESCULI2250	QWFVYNDTLVSPS---SEHTSARVEVSSDAVDDLQALTLDVGLLDRKRFWGVLPNEGVLV	57
PSSAESCULI0893_23	QWFVYNDTLVSPS---SEHTSARVEVSSDAVDDLQALTLDVGLLDRKRFWGVLPNEGVLV	57
PSSAESCULINCPB3681	QWFVYNDTLVSPS---SEHTSARVEVSSDAVDDLQALTLDVGLLDRKRFWGVLPNEGVLV	57

PSSAVASTANOI QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSGLYCINEA QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSP1448 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSP3121 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSTABACI QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSSB728A QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 P. S. JAPONICA QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSS61 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSMACULICOLA QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSCANNABINAPSA1-3 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSMACULICOLAES4326 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSLACHM301315 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSSMORI301020 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSVIRIDIFLAVALP23 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSLACHM302278PT QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSMORSPRUM302280 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSSACTINIDIAEM302091 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PST1 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 DC3000 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSTARGETIS QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSLACH308 QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57
 PSAPTATA QWFFVYNDTLYVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGTV 57

PSSAESCULI2250 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSSAESCULI0893_23 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSSAESCULINCPB3681 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSSAVASTANOI LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSGLYCINEA LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSP1448 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSP3121 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSTABACI LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSSB728A LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 P. S. JAPONICA LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSS61 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSMACULICOLA LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSCANNABINAPSA1-3 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSMACULICOLAES4326 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSLACHM301315 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSSMORI301020 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSVIRIDIFLAVALP23 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSLACHM302278PT LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSMORSPRUM302280 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSSACTINIDIAEM302091 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PST1 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 DC3000 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSTARGETIS LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSLACH308 SGSRPCKICGTGARLQOESRST--KGRQAGHHRISAQIRQCRG---PHHSLSRSTTGRR 110
 PSAPTATA ALQNMWNWCAITARKSKRLKRAT--SRTSSYFRSSTPVLRTAPFAIVINNWSPVSPAFS 116

PSSAESCULI2250 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSSAESCULI0893_23 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSSAESCULINCPB3681 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSSAVASTANOI ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSGLYCINEA ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSP1448 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSP3121 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSTABACI ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSSB728A ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 P. S. JAPONICA ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSS61 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSMACULICOLA ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSCANNABINAPSA1-3 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSMACULICOLAES4326 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSLACHM301315 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSSMORI301020 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSVIRIDIFLAVALP23 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSLACHM302278PT ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSMORSPRUM302280 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSSACTINIDIAEM302091 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PST1 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 DC3000 ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSTARGETIS ILQDLLDTRSARGEAINGLNLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172

PSLACH308	CRQHS PGFAGY PFSWRVHQWYGSAGARRSR-RSGGRWRPGRSESADELQRPYQCVGAGL	169
PSAPTATA	RICWIPVLMAGP----SMVWICWGEAVAVTVWRAVAPRTLVR-APAASIPMRWSRASI	171
		..
PSSAESCULI2250	DRVLSYG--SGSKKSGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKEL	226
PSSAESCULI0893_23	DRVLSYG--SGSKKSGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKEL	226
PSSAESCULINCPB3681	DRVLSYG--SGSKKSGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKEL	226
PSSAVASTANOI	DRVLSYG--SGSKKSGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKEL	226
PSGLYCINEA	DRVLSYG--SGSKKSGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKEL	226
PSP1448	DRVLSYG--SGSKKSGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKEL	226
PSP3121	DRVLSYG--SGSKKSGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKEL	226
PSTABACI	DRVLSYG--SGSKKSGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKEL	226
PSSB728A	DQVLHYG-GGG-KSAGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYKLIKEL	227
P.S.JAPONICA	DQVLHYG-GGGKSGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYKLIKEL	228
PSS61	DQVLHYG-GGGTKSGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYKLIKEL	228
PSMACULICOLA	DQVLHYGSGGGKSGKSRSGG-RATIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYKLIKEL	230
PSCANNABINAPSA1-3	DQVLHYGSGGGKSGKSRSGG-RATIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYKLIKEL	230
PSSMACULICOLAES4326	DQVLHYGSGGGKSGKSRSGG-RATIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYKLIKEL	230
PSLACHM301315	DQVLHYGSGGGKSGKSRSGG-RATIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKEL	230
PSSMORI301020	DQVLHYGSGGGKSGKSRSGG-RATIRVPA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYKLIKEL	230
PSVIRIDIFLAVAPNA3	DRVLSYG----SKKSGKKGAGGRANIRVSA-DVRNN--AVLIYDLPRKAMYKLIKEL	228
PSVIRIDIFLAVALP23	DRVLSYG----SKKSGKKGAGGRANIRVSA-DVRNN--AVLIYDLPRKAMYKLIKEL	228
PSLACHM302278PT	DRVLSYG----SKKTAKGHASG-KANIRVSA-DVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKEL	226
PSMORSPRUM302280	DRVLSYG----SKKTAKGHASG-KANIRVSA-DVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKEL	226
PSSACTINIDIAEM302091	DRVLSYG----SKKTAKGHASG-KANIRVSA-DVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKEL	226
PST1	DRVLSYG----SKKTAKGHASG-KANIRVSA-DVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKEL	226
DC3000	APRIELQ----QQKNCQGSLR-QGNIRVSA-DVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKEL	226
ESTARGETIS	DRVLSYG----SKRSGKHSAG-RTSIRVSA-DVRNN--AVLIYDLPERKAMYKLIKEL	226
PSLACH308	DQVLHYG---GGGSGKAVEKPLWRSGQHPR-NGRCP-QCCADL-LPSXQGHVRAHQRA	223
PSAPTATA	RCCTMAA-----EAAAKAVEKAALAVGPTSA-RPMSVTMLC-SMTCPHAR-PCTKSSSKS	223

PSSAESCULI2250	DVSR-NLIEID	236
PSSAESCULI0893_23	DVSR-NLIEID	236
PSSAESCULINCPB3681	DVSR-NLIEID	236
PSSAVASTANOI	DVSR-NLIEI-	235
PSGLYCINEA	DVSR-NLIEI-	235
PSP1448	DVSR-NLIEI-	235
PSP3121	DVSR-NLIEI-	235
PSTABACI	DVSR-NLIEI-	235
PSSB728A	DVSR-NLIEI-	236
P.S.JAPONICA	DVSR-NLIEI-	237
PSS61	DVSR-NLIEI-	237
PSMACULICOLA	DVSR-NLIEI-	239
PSCANNABINAPSA1-3	DVSR-NLIEI-	239
PSSMACULICOLAES4326	DVSR-NLIEID	240
PSLACHM301315	DVSR-NLIEID	240
PSSMORI301020	DVSR-NLIEID	240
PSVIRIDIFLAVAPNA3	DVPR-NLIEID	238
PSVIRIDIFLAVALP23	DVPR-NLIEID	238
PSLACHM302278PT	DVPR-NLIEID	236
PSMORSPRUM302280	DVPR-NLIEID	236
PSSACTINIDIAEM302091	DVPR-NLIEID	236
PST1	DVPR-NLIEI-	235
DC3000	DVPR-NLIEI-	235
ESTARGETIS	DVPR-NLIEI-	235
PSLACH308	GLFXXQLIESM	234
PSAPTATA	WMFRAT-SKS-	232

Ευθυγράμμιση πρωτεϊνικών ακολουθιών για το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.310

PSLACH310	QWVYNDTLXSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVLVLR	60
PSLACHM301315	QWVYNDTLVSPSSEHTSARVEVSADAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVLVLR	60
PSLACHM302278PT	QWVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVLVLR	60

PSLACH310	GPAKYVELVRDYSKKEAP-EKGDQDIIVFPLKYASAADRITIRYRDQQLVVAGVASILQ	119
PSLACHM301315	GPAKYVELVRDYSKKEVDT-EKDDQDIIVFPLKYASAADRITIRYRDQQLVVAGVASILQ	119
PSLACHM302278PT	GPAKYVEFVRDYSKKEKPEKADKQDVVVLPLKYANAADRITIRYRDQQLVVAGVASILQ	120
	*****:*****: * * * * * : * : * * * * * : * * * * * : * * * * * : * * * * *	

```

PSLACH310          DLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRNG-LAGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGLDQV 176
PSLACHM301315     DLLDVRSRQGSIKGTDLIGRGGRTGGLSGGDQDTPSLP--LNASGINTGALEQGLDQV 177
PSLACHM302278PT   ELLESRSRGESIDSVNLLP--GQGSS-VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGAQQGIDRV 177
                  :*: *:* *.. :* : *.. :.. . :..* :..*:*:*:*:*
PSLACH310          LHYGGGGGSKSGKSRSGGRANIRVTADVRNNAVLIYDLPSRKAMYEKLIKELDVSRNLI 236
PSLACHM301315     LHYSGGGGKSSGKSRSGGRATIRVTADVRNNAVLIYDLPSRKAMYEKLIKELDVSRNLI 237
PSLACHM302278PT   LNFNS----KKTAKGHASGKANIRVSADVRNNSVLIYDLPERKAMYQKLVKELDVPRNLI 233
                  *:. . * .*. :.*.*.***:*****:*****.*.*.*:*:*:*.*.*
PSLACH310          EID 239
PSLACHM301315     EID 240
PSLACHM302278PT   EID 236
                  ***

PSLACHM302278PT   QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPDEGVVLR 60
PSMORSPRUM302280 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPDEGVVLR 60
PSSACTINIDIAEM302091 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPDEGVVLR 60
PST1              QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPDEGVVLR 60
DC3000           QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQALTADVGLVLDKRLGWGLPDEGVVLR 60
PSTARGETIS       QWVYNDTLYI SPSSERTSARIEVSPDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPDEGVVLR 60
PSLACH310        QWVYNDTLYXSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
P. S. JAPONICA   QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSSB728A         QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSS61            QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSMACULICOLA     QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSCANNABINAPSA1-3 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSSMACULICOLAES4326 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSLACHM301315    QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSSMORI301020    QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSSAESULI2250    QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSSAESULI0893_23 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSSAESULINCPB3681 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSSAVASTANOI     QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSGLYCINEA       QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSP1448          QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSP3121          QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSTABACI         QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSVIRIDIFLAVAPNA3 QWVYNDTLYI SPASEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSVIRIDIFLAVALP23 QWVYNDTLYI SPASEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGLPNEGVVLR 60
PSAPTATA         QWVYNDSCTSAPLASTPRHASKCHPTR-----MTCRLP-PMWGCWTSASVGVYCRT 51
                  *****: * :. . : . : * : * .. **

PSLACHM302278PT   GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
PSMORSPRUM302280 GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
PSSACTINIDIAEM302091 GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
PST1              GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
DC3000           GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
PSTARGETIS       GPAKYVEFVRDYSKKVEKPKKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
PSLACH310        GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
P. S. JAPONICA   GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSSB728A         GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSS61            GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSMACULICOLA     GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSCANNABINAPSA1-3 GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSSMACULICOLAES4326 GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSLACHM301315    GPAKYVELVRDYSKKVDTPE-KDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSSMORI301020    GPAKYVELVRDYSKKVDTPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSSAESULI2250    GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSSAESULI0893_23 GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSSAESULINCPB3681 GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSSAVASTANOI     GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSGLYCINEA       GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSP1448          GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSP3121          GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSTABACI         GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSVIRIDIFLAVAPNA3 GPAKYVLDVRDYSKKVDSTD-KGEKQD-VVVFPLKYANAADRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSVIRIDIFLAVALP23 GPAKYVLDVRDYSKKVDSTD-KGEKQD-VVVFALKYANAADRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSAPTATA         KAWCWFAALQNMWNCAITARKSKRLKRATSRTSSYFRSSTPVLRTAPFAIVINNWSPV 111
                  . :. :. : : . * . : . . * :. :.* :. : . * :

PSLACHM302278PT   QELLESRSRGESIDS---VNLLP--GQGSS-VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGAQQG 173
PSMORSPRUM302280 QELLESRSRGESIDS---VNLLP--GQGSS-VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGAQQG 173
PSSACTINIDIAEM302091 QELLESRSRGESIDS---VNLLP--GQGSS-VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGAQQG 173
PST1              QELLESRSRGESIDS---VNLLP--GQGSS-VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGAQQG 173

```

DC3000 QELLESRSRGESIDS---VNLLA--GQSS-VANSTGVAAPACLTTPWAPMVSIREHCNRG 173
PSTARGETIS QDLLESRRARGESIDS---VNLLP--GQGGG-ISSGAGASAAALPYNLGNSGIDTGALQQG 173
PSLACH310 QDLLDTRSHGGSING---MDLLGRGGRGNG-LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQQ 172
P. S. JAPONICA QDLLDTRSHGGSING---MDLLGRGGRGNG-LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQQ 172
PSSB728A QDLLDTRSRGGSING---MDLLGRGGRGNG-LAGGGSPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQQ 172
PSS61 QDLLDTRSHGGSING---MDLLGRGGRGNG-LAGGGSPDTPSLP--MSSSGLDTNALEQQ 172
PSMACULICOLA QDLLDVRSRGQSIK---TDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQQ 173
PSCANNABINAPSA1-3 QDLLDVRSRGQSIK---TDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQQ 173
PSSMACULICOLAES4326 QDLLDVRSRGQSIK---TDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQQ 173
PSLACHM301315 QDLLDVRSRGQSIK---TDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQQ 173
PSSMORI301020 QDLLDVRSRGQSIK---TDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQQ 173
PSSAESCULI2250 QDLLDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQG 171
PSSAESCULI0893_23 QDLLDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQG 171
PSSAESCULINCPB3681 QDLLDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQG 171
PSSAVASTANOI QDLLDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQG 171
PSGLYCINEA QDLLDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQG 171
PSP1448 QDLLDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQG 171
PSP3121 QDLLDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQG 171
PSTABACI QDLLDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQG 171
PSVIRIDIFLAVAPNA3 QELLDTRSRGDSING---VNLGHGHPGGG-FSEGGGDEPNVPYNSANGIDTGALQQG 174
PSVIRIDIFLAVALP23 QELLDTRSRGDSING---VNLGHGHPGGG-LSEGGGDEPNVPYNSANGIDTGALQQG 174
PSAPTATA SPAFRICWIPVLMAGPSMVVICWGEAVAVTVWRAVAPRTLRCV-APAASIPMRWSRAS 170
.

PSLACHM302278PT IDRVLNFNS----KKTAKGHASG-KANIRVSADVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKEL 226
PSMORSPRUM302280 IDRVLNFNS----KKTAKGHASG-KANIRVSADVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKEL 226
PSSACTINIDIAEM302091 IDRVLNFNS----KKTAKGHASG-KANIRVSADVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKEL 226
EST1 IDRVLNFNS----KKTAKGHASG-KANIRVSADVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKEL 226
DC3000 IAPRIELQQ----QKNCQGSCLR-QGNIRVSADVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKEL 226
PSTARGETIS IDRVLNFGS----KRSKGHSAG-RTIRVSADVRNN--AVLIYDLPERKAMYKLVKEL 226
PSLACH310 LDQVLHYGGGGKSSGKSRSGG-RANIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 229
P. S. JAPONICA LDQVLHYGGGGKSSGKSRSGG-RANIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 228
PSSB728A LDQVLHYGGGGKSSGKSRSGG-RANIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 227
PSS61 LDQVLHYGGGGKSSGKSRSGG-RANIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 228
PSMACULICOLA LDQVLHYGGGGKSSGKSRSGG-RATIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 230
PSCANNABINAPSA1-3 LDQVLHYGGGGKSSGKSRSGG-RATIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 230
PSSMACULICOLAES4326 LDQVLHYGGGGKSSGKSRSGG-RATIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 230
PSLACHM301315 LDQVLHYGGGGKSSGKSRSGG-RATIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 230
PSSMORI301020 LDQVLHYGGGGKSSGKSRSGG-RATIRVPADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 230
PSSAESCULI2250 LDRVLSYSGS---KKSJKSRSGG-RANIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSSAESCULI0893_23 LDRVLSYSGS---KKSJKSRSGG-RANIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSSAESCULINCPB3681 LDRVLSYSGS---KKSJKSRSGG-RANIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSSAVASTANOI LDRVLSYSGS---KKSJKSRSGG-RANIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSGLYCINEA LDRVLSYSGS---KKSJKSRSGG-RANIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSP1448 LDRVLSYSGS---KKSJKSRSGG-RANIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSP3121 LDRVLSYSGS---KKSJKSRSGG-RANIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSTABACI LDRVLSYSGS---KKSJKSRSGG-RANIRVTADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSVIRIDIFLAVAPNA3 LDRVLSYGS----KKSJKSRSGG-RANIRVSADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 228
PSVIRIDIFLAVALP23 LDRVLSYGS----KKSJKSRSGG-RANIRVSADVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 228
PSAPTATA IRCCTMAAEAAKAVEKAALAVGPTSA-RPMSVTMLC-SMTCPHARCTKSSSKSWMFRA 228
: . . . * : . . : * * . : . .

PSLACHM302278PT DVPRNLIEID 236
PSMORSPRUM302280 DVPRNLIEID 236
PSSACTINIDIAEM302091 DVPRNLIEID 236
EST1 DVPRNLIEI- 235
DC3000 DVPRNLIEI- 235
PSTARGETIS DVPRNLIEI- 235
PSLACH310 DVSRNLIEID 239
P. S. JAPONICA DVSRNLIEI- 237
PSSB728A DVSRNLIEI- 236
PSS61 DVSRNLIEI- 237
PSMACULICOLA DVSRNLIEI- 239
PSCANNABINAPSA1-3 DVSRNLIEI- 239
PSSMACULICOLAES4326 DVSRNLIEID 240
PSLACHM301315 DVSRNLIEID 240
PSSMORI301020 DVSRNLIEID 240
PSSAESCULI2250 DVSRNLIEID 236
PSSAESCULI0893_23 DVSRNLIEID 236
PSSAESCULINCPB3681 DVSRNLIEID 236
PSSAVASTANOI DVSRNLIEI- 235
PSGLYCINEA DVSRNLIEI- 235
PSP1448 DVSRNLIEI- 235
PSP3121 DVSRNLIEI- 235
PSTABACI DVSRNLIEI- 235
PSVIRIDIFLAVAPNA3 DVPRNLIEID 238
PSVIRIDIFLAVALP23 DVPRNLIEID 238

PSAPTATA

T-SKS----- 232

..

Ευθυγράμμιση πρωτεϊνικών ακολουθιών για το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.312

PSLACH312 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSLACHM301315 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSLACHM302278PT QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
*****:***:***** **:*:*****

PSLACH312 GPAKYVELVRDYSKKVEAP-EKGDQDIIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASILQ 119
PSLACHM301315 GPAKYVELVRDYSKKVDTP-EKDDKQDIIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASILQ 119
PSLACHM302278PT GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQDVVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVVAGVASILQ 120
*****:*****: * ** ****:.*:*****.*****:*****

PSLACH312 DLLDTRSHGGSINGMDLLRGGGRNG-LAGGGAPDAPSLP--MSSSLDITNAEQGLDQV 176
PSLACHM301315 DLLDVRSRGQSIKGTDLIGRGGRTGGLSGGDQDTPSLP--LNASGINTGALEQGLDQV 177
PSLACHM302278PT ELLESRSRGESIDSVNLLP--QGSS-VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGALQQGIDRV 177
:*: **:* **.. *: **.. :. . :. . ** :. . :.*:***:***

PSLACH312 LHYGGGGSGKSGGKSRSGGRANIRVTADVRNNAVLIIYDLPSRKAMYEKLIKELDVFAQP 236
PSLACHM301315 LHYGSGGG-GKSSGKSRSGGRATIRVTADVRNNAVLIIYDLPSRKMPYEKLIKELDVSRNL 236
PSLACHM302278PT LNFS----KTKAGHASKANIRVSADVNRNNSVLIYDLPERKAMYQKLVKELDVPRNL 232
*:.. * .*.:.*:*.***:*****:*****.**.*:***: **** :

PSLACH312 XRNRC 241
PSLACHM301315 IEID- 240
PSLACHM302278PT IEID- 236

PSLACHM302278PT QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSMORSRUM302280 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSSACTINIDIAEM302091 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PST1 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
DC3000 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSTARGETIS QWVYNDTLYISPSEHTSARIEVSPDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSLACH312 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSPDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
P. S. JAPONICA QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSSB728A QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSS61 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSMACULICOLA QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSCANNABINAPSA1-3 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSSMACULICOLAES4326 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSLACHM301315 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSSMORI301020 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSSAESCULI2250 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSSAESCULI0893_23 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSSAESCULINCPB3681 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSSAVASTANOI QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSGLYCINEA QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSP1448 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSP3121 QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSTABACI QWVYNDTLYVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSVIRIDIFLAVAPNA3 QWVYNDTLYISPASEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSVIRIDIFLAVALP23 QWVYNDTLYISPASEHTSARIEVSSDAVDDLQTALTDVGLLDKRFWGWVLPNEGVLVLR 60
PSAPTATA QWVYNDSTAPLASTPRHASKCHPTR-----MTCRL--PMWGCWTSASVGVYCRT 51
*****: * . . : . * * . . **

PSLACHM302278PT GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 119
PSMORSRUM302280 GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 119
PSSACTINIDIAEM302091 GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 119
PST1 GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 119
DC3000 GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 119
PSTARGETIS GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 119
PSLACH312 GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 118
P. S. JAPONICA GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 118
PSSB728A GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 118
PSS61 GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 118
PSMACULICOLA GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 118
PSCANNABINAPSA1-3 GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 118
PSSMACULICOLAES4326 GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 118
PSLACHM301315 GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASIL 118

PSSMORI301020 GPACYVELVRDYSKKVDTPPE-KGDKQD-IVVFPLKYASAADRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSSAESCULI2250 GPACYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSSAESCULI0893_23 GPACYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSSAESCULINCPB3681 GPACYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSSAVASTANOI GPACYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSGLYCINEA GPACYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSP1448 GPACYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSP3121 GPACYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSTABACI GPACYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSVIRIDIFLAVAPNA3 GPACYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSVIRIDIFLAVALP23 GPACYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSAPTATA KAWCWF AALQNMWNWCAITARKSKRLKRATSRTSSYFRSSTPVLRTAFFAIVINNWSPV 111
. * . . . * . . . *

PSLACHM302278PT QELLESRSRGESIDS---VNLLP--GQSS--VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGAQQG 173
PSMORSPRUM302280 QELLESRSRGESIDS---VNLLP--GQSS--VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGAQQG 173
PSSACTINIDIAEM302091 QELLESRSRGESIDS---VNLLP--GQSS--VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGAQQG 173
PST1 QELLESRSRGESIDS---VNLLP--GQSS--VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGAQQG 173
DC3000 QELLESRSRGESIDS---VNLLA--GQSS--VANSTGVAAAPACLTPWPMVSIREHCNRG 173
PSTARGETIS QDLLEDTRSHGGSING---MDLLGRGGRGNG--LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQG 173
PSLACH312 QDLLEDTRSHGGSING---MDLLGRGGRGNG--LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQG 172
P.S.JAPONICA QDLLEDTRSHGGSING---MDLLGRGGRGNG--LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQG 172
PSSB728A QDLLEDTRSHGGSING---MDLLGRGGRGNG--LAGGGSPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQG 172
PSS61 QDLLEDTRSHGGSING---MDLLGRGGRGNG--LAGGGSPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQG 172
PSMACULICOLA QDLLEDVRSRQSIK---TDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQG 173
PSCANNABINAPSA1-3 QDLLEDVRSRQSIK---TDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQG 173
PSSMACULICOLAES4326 QDLLEDVRSRQSIK---TDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQG 173
PSLACHM301315 QDLLEDVRSRQSIK---TDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQG 173
PSSMORI301020 QDLLEDVRSRQSIK---TDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQG 173
PSSAESCULI2250 QDLLEDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG--LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGAQQG 171
PSSAESCULI0893_23 QDLLEDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG--LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGAQQG 171
PSSAESCULINCPB3681 QDLLEDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG--LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGAQQG 171
PSSAVASTANOI QDLLEDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG--LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGAQQG 171
PSGLYCINEA QDLLEDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG--LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGAQQG 171
PSP1448 QDLLEDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG--LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGAQQG 171
PSP3121 QDLLEDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG--LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGAQQG 171
PSTABACI QDLLEDTRSRGEAING---INLLGHGGANAG--LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGAQQG 171
PSVIRIDIFLAVAPNA3 QELLEDTRSRGDSING---VNLLGHGHPGGG--FSEGGGSDEPNVYNSANGIDTGAQQG 174
PSVIRIDIFLAVALP23 QELLEDTRSRGDSING---VNLLGHGHPGGG--LSEGGGSDEPNVYNSANGIDTGAQQG 174
PSAPTATA SPAFBRICWIPVLMAGPSMVICWGEAVAVTVWRVAPRTLVRVCR-APAASIPMRWSRAS 170
. :

PSLACHM302278PT IDRVLNFNS-----KKTAKGHASG-KANIRVSADVRN-NSVLIYDLPERKAMYQKLVKEL 226
PSMORSPRUM302280 IDRVLNFNS-----KKTAKGHASG-KANIRVSADVRN-NSVLIYDLPERKAMYQKLVKEL 226
PSSACTINIDIAEM302091 IDRVLNFNS-----KKTAKGHASG-KANIRVSADVRN-NSVLIYDLPERKAMYQKLVKEL 226
PST1 IDRVLNFNS-----KKTAKGHASG-KANIRVSADVRN-NSVLIYDLPERKAMYQKLVKEL 226
DC3000 IAPRIELQQ-----QKNCQGSCLR-QGNIRVSADVRN-NSVLIYDLPERKAMYQKLVKEL 226
PSTARGETIS IDRVLNFNS-----KKSNGKHSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSLACH312 LDQVLHYGGGGGSGKSGKSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 230
P.S.JAPONICA LDQVLHYGGGGG---SKSGKSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 228
PSSB728A LDQVLHYGGGGG---KSAGKSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 227
PSS61 LDQVLHYGGGGG---TKSGKSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 228
PSMACULICOLA LDQVLHYGGGGG-GKSSGKSRSGG-RATIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 230
PSCANNABINAPSA1-3 LDQVLHYGGGGG-GKSSGKSRSGG-RATIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 230
PSSMACULICOLAES4326 LDQVLHYGGGGG-GKSSGKSRSGG-RATIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 230
PSLACHM301315 LDQVLHYGGGGG-GKSSGKSRSGG-RATIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 230
PSSMORI301020 LDQVLHYGGGGG-GKSSGKSRSGG-RATIRVPADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 230
PSSAESCULI2250 LDRVLSYGSGS---KKSNGKHSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSSAESCULI0893_23 LDRVLSYGSGS---KKSNGKHSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSSAESCULINCPB3681 LDRVLSYGSGS---KKSNGKHSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSSAVASTANOI LDRVLSYGSGS---KKSNGKHSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSGLYCINEA LDRVLSYGSGS---KKSNGKHSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSP1448 LDRVLSYGSGS---KKSNGKHSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSP3121 LDRVLSYGSGS---KKSNGKHSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSTABACI LDRVLSYGSGS---KKSNGKHSRSGG-RANIRVTADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 226
PSVIRIDIFLAVAPNA3 LDRVLSYGS-----KKSNGKHSRSGG-RANIRVSADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 228
PSVIRIDIFLAVALP23 LDRVLSYGS-----KKSNGKHSRSGG-RANIRVSADVRN-NAVLIYDLPSRKAMYEKLIKEL 228
PSAPTATA IRCCDMAEAAAKAVEKAALAVGPTSA-RPMSVTMLC-SMTCPHARCTKSSSKSWMFRA 228
: :

PSLACHM302278PT DVPRNLIEID- 236
PSMORSPRUM302280 DVPRNLIEID- 236
PSSACTINIDIAEM302091 DVPRNLIEID- 236
PST1 DVPRNLIEI-- 235
DC3000 DVPRNLIEI-- 235
PSTARGETIS DVPRNLIEI-- 235
PSLACH312 DVFAQPXRNR 241

P. S. JAPONICA	DVSRNLIEI-- 237
PSSB728A	DVSRNLIEI-- 236
PSS61	DVSRNLIEI-- 237
PSMACULICOLA	DVSRNLIEI-- 239
PSCANNABINAPSA1-3	DVSRNLIEI-- 239
PSSMACULICOLAES4326	DVSRNLIEID- 240
PSLACHM301315	DVSRNLIEID- 240
PSSMORI301020	DVSRNLIEID- 240
PSSAESCULI2250	DVSRNLIEID- 236
PSSAESCULI0893_23	DVSRNLIEID- 236
PSSAESCULINCPB3681	DVSRNLIEID- 236
PSSAVASTANOI	DVSRNLIEI-- 235
PSGLYCINEA	DVSRNLIEI-- 235
PSP1448	DVSRNLIEI-- 235
PSP3121	DVSRNLIEI-- 235
PSTABACI	DVSRNLIEI-- 235
PSVIRIDIFLAVAPNA3	DVPRNLIEID- 238
PSVIRIDIFLAVALP23	DVPRNLIEID- 238
PSAPTATA	T-SKS----- 232

Ευθυγράμμιση πρωτεϊνικών ακολουθιών για το *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* str.316

PSLACH316	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSLACHM301315	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSLACHM302278PT	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
	*****:***:*****:***** **:	*****

PSLACH316	GPAKYVELVRDYSKKVEAP-EKGDQDIIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASILQ	119
PSLACHM301315	GPAKYVELVRDYSKKVDTP-EKDDQDIIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVVAGVASILQ	119
PSLACHM302278PT	GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQDVVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVVAGVASILQ	120
	*****:*****: * ** ***: :*:*****:*****:*****	

PSLACH316	DLLDTRSHGGSINGMDLLRGGGRNG-LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGLDQV	176
PSLACHM301315	DLLDVRSRQSIKGTDLIGRGGRTGGLSGGDQDTPSLP--LNASGINTGALEQGLDQV	177
PSLACHM302278PT	ELLESRSRGESIDSVNLLP--GQGSS-VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGAQQGIDRV	177
	:** :** * **.. :*: **.. :... . :... ** :...:***:***	

PSLACH316	LHYGGGGGSKSGGKRSRSGGRANIRVTDVRNNAVLIYDLPSRKAMYEKLIKELDVSRNLI	236
PSLACHM301315	LHYGGGGGKSSGKRSRSGGRATIRVTDVRNNAVLIYDLPSRKPMYEKLIKELDVSRNLI	237
PSLACHM302278PT	LNFN-----KKTAKGHASGKANIRVSADVRNNSVLIYDLPERKAMYQKLVKELDVPRNLI	233
	*:.. . * .*. :*:***:*****:***** **:**:***:***	

PSLACH316	EID 239
PSLACHM301315	EID 240
PSLACHM302278PT	EID 236

PSLACHM302278PT	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSMORSPRUM302280	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSSACTINIDIAEM302091	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PST1	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
DC3000	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSTARGETIS	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSLACH316	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
P. S. JAPONICA	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSSB728A	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSS61	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSMACULICOLA	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSCANNABINAPSA1-3	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSSMACULICOLAES4326	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSLACHM301315	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSSMORI301020	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSSAESCULI2250	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSSAESCULI0893_23	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSSAESCULINCPB3681	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSSAVASTANOI	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSGLYCINEA	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSP1448	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSP3121	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSTABACI	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSVIRIDIFLAVAPNA3	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60
PSVIRIDIFLAVALP23	QWFVYNDTLVSPSSEHTSARIEVSSDAVDDLQALTADVGLLDKRFGWGSLPNEGVLVLR	60

```

PSAPTATA QWVYNDSCTSAPLASTPRHASKCHPTR-----MTCRL--PMWGCWTSASVGVYCRT 51
*****: * : . : . : * : * ..**

PSLACHM302278PT GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEDEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
PSMORSPRUM302280 GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEDEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
PSSACTINIDIAEM302091 GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEDEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
PST1 GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEDEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
DC3000 GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEDEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
PSTARGETIS GPAKYVEFVRDYSKKVEKPEDEKADKQD-VVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
PSLACH316 GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
P. S. JAPONICA GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSSB728A GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSS61 GPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSMACULICOLA GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSCANNABINAPSA1-3 GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSMACULICOLAES4326 GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSLACHM301315 GPAKYVELVRDYSKKVDTPE-KDDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSSMORI301020 GPAKYVELVRDYSKKVDTPE-KGDKQD-IIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
PSSAESCULI2250 GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSSAESCULI0893_23 GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSSAESCULINCPB3681 GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSSAVASTANOI GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSGLYCINEA GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSP1448 GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSP3121 GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSTABACI GPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQD-IVVFPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSVIRIDIFLAVAPNA3 GPAKYVDLVRDYSKKVDSTD-KGEKQD-VVVFPLKYANAADRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSVIRIDIFLAVALP23 GPAKYVDLVRDYSKKVDSTD-KGEKQD-VVVFALKYANAADRTIRYRDQQLTVAGVASIL 118
PSAPTATA KAWCWFALQNMWNWCAITARKSKRLKRATSRSTSSYFRSSTPVLRTAPFAIVINNWWSPV 111
. :. :.: : . * : . . * : : .:* :.: . * :

PSLACHM302278PT QELLESRSRGESIDSVNLLP--GQGS--VANSTGVAAGLPYNLGSNGIDTGALQQGIDR 176
PSMORSPRUM302280 QELLESRSRGESIDSVNLLP--GQGS--VANSTGVAAGLPYNLGSNGIDTGALQQGIDR 176
PSSACTINIDIAEM302091 QELLESRSRGESIDSVNLLP--GQGS--VANSTGVAAGLPYNLGSNGIDTGALQQGIDR 176
PST1 QELLESRSRGESIDSVNLLP--GQGS--VANSTGVAAGLPYNLGSNGIDTGALQQGIDR 176
DC3000 QELLESRSRGESIDSVNLLA--GQGS--VANSTGVAAPACLTTWAPMVSIREHCNRGIAP 176
PSTARGETIS QDLLESRRAGESIDSVNLLP--GQGG--ISSGAGASAAALPYNLGSNGIDTGALQQGIDR 176
PSLACH316 QDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRNG-LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGLDQ 175
P. S. JAPONICA QDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRNG-LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGLDQ 175
PSSB728A QDLLDTRSRGGSINGMDLLGRGGRNG-LAGGGSPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGLDQ 175
PSS61 QDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRNG-LAGGGSPDTPSLP--MSSSGLDTNALEQGLDQ 175
PSMACULICOLA QDLLDVRSRGQSIGKTDLIGRGGRTGGLSGGDGDTPSLP--LNASGINTGALEQGLDQ 176
PSCANNABINAPSA1-3 QDLLDVRSRGQSIGKTDLIGRGGRTGGLSGGDGDTPSLP--LNASGINTGALEQGLDQ 176
PSMACULICOLAES4326 QDLLDVRSRGQSIGKTDLIGRGGRTGGLSGGDGDTPSLP--LNASGINTGALEQGLDQ 176
PSLACHM301315 QDLLDVRSRGQSIGKTDLIGRGGRTGGLSGGDGDTPSLP--LNASGINTGALEQGLDQ 176
PSSMORI301020 QDLLDVRSRGQSIGKTDLIGRGGRTGGLSGGDGDTPSLP--LNASGINTGALEQGLDQ 176
PSSAESCULI2250 QDLLDTRSRGEAINGINLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGLDR 174
PSSAESCULI0893_23 QDLLDTRSRGEAINGINLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGLDR 174
PSSAESCULINCPB3681 QDLLDTRSRGEAINGINLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGLDR 174
PSSAVASTANOI QDLLDTRSRGEAINGINLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGLDR 174
PSGLYCINEA QDLLDTRSRGEAINGINLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGLDR 174
PSP1448 QDLLDTRSRGEAINGINLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGLDR 174
PSP3121 QDLLDTRSRGEAINGINLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGLDR 174
PSTABACI QDLLDTRSRGEAINGINLLGHGGANAG-LAGGD-ADTQSLP--LDSSGIDTGALQQGLDR 174
PSVIRIDIFLAVAPNA3 QELLDTRSRGDSINGVNLGHGRPGGG-FSEGGSDPENVPYNLSANGIDTGALQQGLDR 177
PSVIRIDIFLAVALP23 QELLDTRSRGDSINGVNLGHGRPGGG-LSEGGSDPENVPYNLSANGIDTGALQQGLDR 177
PSAPTATA SPAFSTRICWIPVLMAGPSMVVICWGEAVAVTVWRAVAPRTLVRCA-APAASIPMRWSRAS 170
. :. . : . : . . . . .

PSLACHM302278PT VLNFNS---KKTAKGHASG-KANIRVSADVRNNSVLIY---DLPERKAMYQKLVKELDV 228
PSMORSPRUM302280 VLNFNS---KKTAKGHASG-KANIRVSADVRNNSVLIY---DLPERKAMYQKLVKELDV 228
PSSACTINIDIAEM302091 VLNFNS---KKTAKGHASG-KANIRVSADVRNNSVLIY---DLPERKAMYQKLVKELDV 228
PST1 VLNFNS---KKTAKGHASG-KANIRVSADVRNNSVLIY---DLPERKAMYQKLVKELDV 228
DC3000 RIELQQ---QKNCQGSCLR-QGNIRVSADVRNNSVLIY---DLPERKAMYQKLVKELDV 228
PSTARGETIS VLSFGS---KRSKGHSAG-RTSIRVSADVRNNAVLIY---DLPERKAMYKLVKELDV 228
PSLACH316 VLHYGGGGGKSSGKSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKAMYKLIKELDV 231
P. S. JAPONICA VLHYGGGG--SKSGKSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKAMYKLIKELDV 230
PSSB728A VLHYGGGG--KSAKSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKAMYKLIKELDV 229
PSS61 VLHYGGGG--TKSGKSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKAMYKLIKELDV 230
PSMACULICOLA VLHYSGGGGKSSGKSRSGG-RATIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKAMYKLIKELDV 232
PSCANNABINAPSA1-3 VLHYSGGGGKSSGKSRSGG-RATIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKAMYKLIKELDV 232
PSMACULICOLAES4326 VLHYSGGGGKSSGKSRSGG-RATIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKAMYKLIKELDV 232
PSLACHM301315 VLHYSGGGGKSSGKSRSGG-RATIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKAMYKLIKELDV 232
PSSMORI301020 VLHYSGGGGKSSGKSRSGG-RATIRVPADVRNNAVLIY---DLPSRKAMYKLIKELDV 232
PSSAESCULI2250 VLSYSGS--KSGKSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKAMYKLIKELDV 228
PSSAESCULI0893_23 VLSYSGS--KSGKSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKAMYKLIKELDV 228
PSSAESCULINCPB3681 VLSYSGS--KSGKSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKAMYKLIKELDV 228

```

PSSAVASTANOI VLSYGS--KKSRSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKPMYEKLIKELDV 228
 PSGLYCINEA VLSYGS--KKSRSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKPMYEKLIKELDV 228
 PSP1448 VLSYGS--KKSRSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKPMYEKLIKELDV 228
 PSP3121 VLSYGS--KKSRSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKPMYEKLIKELDV 228
 PSTABACI VLSYGS--KKSRSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPSRKPMYEKLIKELDV 228
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 VLSYGS---KKSRSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPDRKAMYKLIKELDV 230
 PSVIRIDIFLAVALP23 VLNYS---KKSRSRSGG-RANIRVTADVRNNAVLIY---DLPDRKAMYKLIKELDV 230
 PSAPTATA IRCCTMAA--EAAKAVEKALAVGPTSA-RPMSVTMLC-SMTCPHARPCTKSSSKSWMF 226
 : : . . . * . . : : * : . . * . .

PSLACHM302278PT PRNLIEID 236
 PSMORSPRUM302280 PRNLIEID 236
 PSSACTINIDIAEM302091 PRNLIEID 236
 PST1 PRNLIEI- 235
 DC3000 PRNLIEI- 235
 PSTARGETIS PRNLIEI- 235
 PSLACH316 SRNLIEID 239
 P. S. JAPONICA SRNLIEI- 237
 PSSB728A SRNLIEI- 236
 PSS61 SRNLIEI- 237
 PSMACULICOLA SRNLIEI- 239
 PSCANNABINAPSA1-3 SRNLIEI- 239
 PSSMACULICOLAES4326 SRNLIEID 240
 PSLACHM301315 SRNLIEID 240
 PSSMORI301020 SRNLIEID 240
 PSSAESCU12250 SRNLIEID 236
 PSSAESCU10893_23 SRNLIEID 236
 PSSAESCU1NCPB3681 SRNLIEID 236
 PSSAVASTANOI SRNLIEI- 235
 PSGLYCINEA SRNLIEI- 235
 PSP1448 SRNLIEI- 235
 PSP3121 SRNLIEI- 235
 PSTABACI SRNLIEI- 235
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 PRNLIEID 238
 PSVIRIDIFLAVALP23 PRNLIEID 238
 PSAPTATA RAT-SKS- 232
 . :

Ευθυγράμμιση πρωτεϊνικών ακολουθιών για όλα τα στελέχη

PSLACH310 QWFVYNDTLXXSPS-SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTLDVGLLDRKFRGWGVLVNEGVLV 59
 PSLACH316 QWFVYNDTLVSPS-SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTLDVGLLDRKFRGWGVLVNEGVLV 59
 PSLACH312 QWFVYNDTLVSPS-SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTLDVGLLDRKFRGWGVLVNEGVLV 59
 PSLACHM301315 QWFVYNDTLVSPS-SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTLDVGLLDRKFRGWGVLVNEGVLV 59
 PSLACHM302278PT QWFVYNDTLVSPS-SEHTSARIEVSPDAVDDLQALTLDVGLLDRKFRGWGSLPDEGVV 59
 PSLACH308 QWFVYXXVVRQPL-RAHLGTHRSVIRRR--PADCFDRCGAAGQALWLGCATER----R 53
 ***** : . * * . : . * . . : * . : * . .

PSLACH310 RGPAYVELVRDYSKKVEAP-EKGDQDIIIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
 PSLACH316 RGPAYVELVRDYSKKVEAP-EKGDQDIIIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
 PSLACH312 RGPAYVELVRDYSKKVEAP-EKGDQDIIIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
 PSLACHM301315 RGPAYVELVRDYSKKVDTTP-EKDDQDIIIVFPLKYASAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 118
 PSLACHM302278PT RGPAYVEFVRDYSKKVEKPEKADKQDVVVLPLKYANAADRTIRYRDQQLVAVGASIL 119
 PSLACH308 RGSGRPCKICGTGARLQOESRST-KGRQAGHHRISAQIRQCRGPHHLSRSTTGGRRCR 112
 **... : . . : : . . * * . : : . . : *

PSLACH310 QDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRGNG--LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGLD 174
 PSLACH316 QDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRGNG--LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGLD 174
 PSLACH312 QDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRGNG--LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGLD 174
 PSLACHM301315 QDLLDVRSRGQSIKGTDLIGRGRGTGG-LSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQGLD 175
 PSLACHM302278PT QELLESRSRGESIDSVNLLP--GQGS--VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTALQGLD 175
 PSLACH308 QHSPGFAGYPFSWRVHQWYGSAGARRSR-RSGGRWRPGRSES-ADELQRPRYQCVGAGLD 170
 * . . * : * . : : : * *

PSLACH310 QVLHYGGGGGS-KSGGKRSRSGGRANIRVTADVRNNAVLIYDLPSRKAMYKLIKELDVSR 233
 PSLACH316 QVLHYGGGGGS-KSGGKRSRSGGRANIRVTADVRNNAVLIYDLPSRKAMYKLIKELDVSR 233
 PSLACH312 QVLHYGGGGGS-KSGGKRSRSGGRANIRVTADVRNNAVLIYDLPSRKAMYKLIKELDVSR 234
 PSLACHM301315 QVLHYGGGGGS-KSGGKRSRSGGRANIRVTADVRNNAVLIYDLPSRKAMYKLIKELDVSR 234
 PSLACHM302278PT RVLNLFN---S-KKTAKGHASGKANIRVSADVRNNSVLIYDLPERKAMYKLVKELDVPR 230
 PSLACH308 QVLHYGGGGGS-KAVEKPLWRSGQHPNRCR--QCCADL-LPSXQGHVRKAHQAGLFX 227
 : * : * . * : : * : * . . :

PSLACH310 -NLIEID- 239
 PSLACH316 -NLIEID- 239

PSLACH312 -QPXRNRC 241
 PSLACHM301315 -NLIEID- 240
 PSLACHM302278PT -NLIEID- 236
 PSLACH308 XQLIESM- 234
 :

PSSAESFULI2250 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSSAESFULI0893_23 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSSAESFULINCPPB3681 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSSAVASTANOI QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSLGLYCINEA QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSP1448 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSP3121 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSTABACI QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSLACH316 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 P.S.JAPONICA QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSLACH310 QWFFVYNDTLXSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSLACH312 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSSB728A QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSS61 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSMACULICOLA QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSCANNABINAPSA1-3 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSSMACULICOLAES4326 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSLACHM301315 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSSMORI301020 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSVIRIDIFLAVALP23 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSLACHM302278PT QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSMORSPRUM302280 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSSACTINIDIAEM302091 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PST1 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 DC3000 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSTARGETIS QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSLACH308 QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 PSAPTATA QWFFVYNDTLVSPS---SEHTSARIEVSSDAVDDLQALTALTDVGLLDRKRFGWGVLPLNEGUV 57
 ***** *

PSSAESFULI2250 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSSAESFULI0893_23 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSSAESFULINCPPB3681 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSSAVASTANOI LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSLGLYCINEA LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSP1448 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSP3121 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSTABACI LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSLACH316 LVRGPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 P.S.JAPONICA LVRGPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSLACH310 LVRGPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSLACH312 LVRGPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSSB728A LVRGPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSS61 LVRGPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSMACULICOLA LVRGPAKYVELVRDYSKKVEAPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSCANNABINAPSA1-3 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSSMACULICOLAES4326 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSLACHM301315 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSSMORI301020 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSVIRIDIFLAVAPNA3 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSVIRIDIFLAVALP23 LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSLACHM302278PT LVRGPAKYVELVRDYSKKVETPE-KGDKQDIVVFPPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 116
 PSMORSPRUM302280 LVRGPAKYVELVRDYSKKVEKPEDEKADKQDVVPLPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 117
 PSSACTINIDIAEM302091 LVRGPAKYVELVRDYSKKVEKPEDEKADKQDVVPLPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 117
 PST1 LVRGPAKYVELVRDYSKKVEKPEDEKADKQDVVPLPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 117
 DC3000 LVRGPAKYVELVRDYSKKVEKPEDEKADKQDVVPLPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 117
 PSTARGETIS LVRGPAKYVELVRDYSKKVEKPEDEKADKQDVVPLPLKYANASDRTIRYRDQQLTVAGVAS 117
 PSLACH308 SGRSPCKICGTGARLQOESRST--KGRQAGHHRISAIQIRQCRG---PHHSLSRSTTGRR 110
 PSAPTATA ALQNMWNWCAITARKSKRLKRAT--SRTSSYFRSSTPVLRTAPFAIVINNWSPVSPAFS 116
 :

PSSAESFULI2250 ILQDLLDTRSARGEAININGINLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSSAESFULI0893_23 ILQDLLDTRSARGEAININGINLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSSAESFULINCPPB3681 ILQDLLDTRSARGEAININGINLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSSAVASTANOI ILQDLLDTRSARGEAININGINLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
 PSLGLYCINEA ILQDLLDTRSARGEAININGINLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172

PSP1448 ILQDLLDTRSRGEAINGINLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
PSP3121 ILQDLLDTRSRGEAINGINLLGHGGANAG-LAGGDA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
PSTABACI ILQDLLDTRSRGEAINGINLLGHGGANAG-LAGGGA-DTQSLP--LDSSGIDTGALQQGL 172
PSLACH316 ILQDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRGNG-LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGL 173
P. S. JAPONICA ILQDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRGNG-LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGL 173
PSLACH310 ILQDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRGNG-LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGL 173
PSLACH312 ILQDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRGNG-LAGGGAPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGL 173
PSSB728A ILQDLLDTRSRGGSINGMDLLGRGGRGNG-LAGGGSPDAPSLP--MSSSGLDTNALEQGL 173
PSS61 ILQDLLDTRSHGGSINGMDLLGRGGRGNG-LAGGGSPDTPSLP--MSSSGLDTNALEQGL 173
PSMACULICOLA ILQDLLDVRSRGQS IKGTDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQGL 174
PSCANNABINAFSA1-3 ILQDLLDVRSRGQS IKGTDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQGL 174
PSSMACULICOLAES4326 ILQDLLDVRSRGQS IKGTDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQGL 174
PSLACHM301315 ILQDLLDVRSRGQS IKGTDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQGL 174
PSSMORI301020 ILQDLLDVRSRGQS IKGTDLIGRGGRTGGLSGGDGQDTPSLP--LNASGINTGALEQGL 174
PSVIRIDIFLAVAPNA3 ILQELLDTRSRGDSINGVNLGHGHPGGG-FSEGGGSDEPNVPYNLSANGIDTGALQQGL 175
PSVIRIDIFLAVALP23 ILQELLDTRSRGDSINGVNLGHGHPGGG-FSEGGGSDEPNVPYNLSANGIDTGALQQGL 175
PSLACHM302278PT ILQELESRSRSGESIDSVNLLP--GQGSS-VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGALQQGI 174
PSMORSPRUM302280 ILQELESRSRSGESIDSVNLLP--GQGSS-VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGALQQGI 174
PSSACTINIDIAEM302091 ILQELESRSRSGESIDSVNLLP--GQGSS-VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGALQQGI 174
PST1 ILQELESRSRSGESIDSVNLLP--GQGSS-VANSTGVAAAGLPYNLGSNGIDTGALQQGI 174
DC3000 ILQELESRSRSGESIDSVNLLA--GQGSS-VANSTGVAAPACLTTWAPMVSIREHCNRGI 174
PSTARGETIS ILQDLLESRARGESIDSVNLLP--GQGGG-ISSGAGASAAALPYNLGSNGIDTGALQQGI 174
PSLACH308 CRQHSPPGFAGYPPFSWRVHQWYGSAGARRSR-RSGGRWRPGRSESADQLRPRYQCVGAGL 169
PSAPTATA RICWIPVLMAGP----SMVVICWGEAVAVTVVRAVAPRTLVRCP-APAASI PMRWSRASI 171

PSSAESCULI2250 DRVLSYSGSGS---KKS GKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKE 225
PSSAESCULI0893_23 DRVLSYSGSGS---KKS GKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKE 225
PSSAESCULINCPB3681 DRVLSYSGSGS---KKS GKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKE 225
PSSAVASTANOI DRVLSYSGSGS---KKS GKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKE 225
PSGLYCINEA DRVLSYSGSGS---KKS GKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKE 225
PSP1448 DRVLSYSGSGS---KKS GKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKE 225
PSP3121 DRVLSYSGSGS---KKS GKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKE 225
PSTABACI DRVLSYSGSGS---KKS GKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKPMYEKLIKE 225
PSLACH316 DQVLHYGGGGG-SKSGGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKE 228
P. S. JAPONICA DQVLHYGGGGG-SKSGGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKE 227
PSLACH310 DQVLHYGGGGG-SKSGGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKE 228
PSLACH312 DQVLHYGGGGGSGSGGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKE 229
PSSB728A DQVLHYGGGGG---KSAGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKE 226
PSS61 DQVLHYGGGGG---TKSGGKSRSGG-RANIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKE 227
PSMACULICOLA DQVLHYGSGGG-GKSSGKSRSGG-RATIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKE 229
PSCANNABINAFSA1-3 DQVLHYGSGGG-GKSSGKSRSGG-RATIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKE 229
PSSMACULICOLAES4326 DQVLHYGSGGG-GKSSGKSRSGG-RATIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKE 229
PSLACHM301315 DQVLHYGSGGG-GKSSGKSRSGG-RATIRVTA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKE 229
PSSMORI301020 DQVLHYGSGGG-GKSSGKSRSGG-RATIRVPA-DVRNN--AVLIYDLPSRKAMYEKLIKE 229
PSVIRIDIFLAVAPNA3 DRVLSYGS-----KKS GKAGGGRANIRVSA-DVRNN--AVLIYDLPRKAMYEKLIKE 227
PSVIRIDIFLAVALP23 DRVLSYGS-----KKS GKAGGGRANIRVSA-DVRNN--AVLIYDLPRKAMYEKLIKE 227
PSLACHM302278PT DRVLFNS-----KKTAKGHASG-KANIRVSA-DVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKE 225
PSMORSPRUM302280 DRVLFNS-----KKTAKGHASG-KANIRVSA-DVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKE 225
PSSACTINIDIAEM302091 DRVLFNS-----KKTAKGHASG-KANIRVSA-DVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKE 225
PST1 DRVLFNS-----KKTAKGHASG-KANIRVSA-DVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKE 225
DC3000 APRIELQQ-----QKNCQGSCLR-QGNIRVSA-DVRNN--SVLIYDLPERKAMYQKLVKE 225
PSTARGETIS DRVLSFGS-----KRSKGHSAG-RTSIRVSA-DVRNN--AVLIYDLPERKAMYQKLVKE 225
PSLACH308 DQVLHYGGGGG---GSGKAVEKPLWRSGQHPR-NGRCP-QCCADL-LPSXQGHVRKAHQ 222
PSAPTATA RCCTMAAEAA-----AKAVEKAALAVGPTSA-RPMSVTMLC-SMTCPHAR-PCTKSSSK 222

PSSAESCULI2250 LDVSR-NLIEID- 236
PSSAESCULI0893_23 LDVSR-NLIEID- 236
PSSAESCULINCPB3681 LDVSR-NLIEID- 236
PSSAVASTANOI LDVSR-NLIEI-- 235
PSGLYCINEA LDVSR-NLIEI-- 235
PSP1448 LDVSR-NLIEI-- 235
PSP3121 LDVSR-NLIEI-- 235
PSTABACI LDVSR-NLIEI-- 235
PSLACH316 LDVSR-NLIEID- 239
P. S. JAPONICA LDVSR-NLIEI-- 237
PSLACH310 LDVSR-NLIEID- 239
PSLACH312 LDVFA-QPXRNR 241
PSSB728A LDVSR-NLIEI-- 236
PSS61 LDVSR-NLIEI-- 237
PSMACULICOLA LDVSR-NLIEI-- 239
PSCANNABINAFSA1-3 LDVSR-NLIEI-- 239
PSSMACULICOLAES4326 LDVSR-NLIEID- 240
PSLACHM301315 LDVSR-NLIEID- 240
PSSMORI301020 LDVSR-NLIEID- 240
PSVIRIDIFLAVAPNA3 LDVPR-NLIEID- 238

PSVIRIDIFLAVALP23	LDVPR-NLIEID-	238
PSLACHM302278PT	LDVPR-NLIEID-	236
PSMORSPRUM302280	LDVPR-NLIEID-	236
PSSACTINIDIAEM302091	LDVPR-NLIEID-	236
PST1	LDVPR-NLIEI--	235
DC3000	LDVPR-NLIEI--	235
PSTARGETIS	LDVPR-NLIEI--	235
PSLACH308	AGLFXXQLIESM-	234
PSAPTATA	SWMFRAT-SKS--	232
	:	.