



Universidade de Brasília

Instituto de Ciências Biológicas

Departamento de Botânica

Programa de Pós-Graduação em Botânica

---

**Sequencia completa do genoma cloroplasmático do feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] e diversidade genética de variedades tradicionais brasileiras e africanas**

**Aluna: Ana Paula Zotta Mota**

**Orientador: Profº. Dr. Francisco José Lima Aragão**

**Dezembro de 2012**

**Brasília-DF**

**A minha querida avó Dialis que  
agora está cuidando de mim lá de cima  
DEDICO.**

## AGRADECIMENTOS

Ao Francisco Aragão por ter me acolhido em seu grupo e por sempre ser um excelente orientador. Sem sua orientação e atenção nada disso seria possível.

À Fundação Arthur Bernardes pela concessão da bolsa de mestrado.

Aos amigos do laboratório de Transferência de Genes, por terem me proporcionado um ótimo ambiente de trabalho e por ajudar sempre que precisei e por tornar tudo mais agradável.

À Juliane, Andréa, André e Abdul, por serem esses amigos maravilhosos que encontrei em Brasília e que me ajudaram a amar essa cidade.

Aos meus mais queridos amigos Felipe Brisk, Max Ingberman, Pamela Harada e Paula Saizaki, que mesmo longe continuaram me apoiando, ajudando, conversando, ouvindo...

Aos colegas do programa de pós-graduação, Estevão, Gabriela, Priscila, Jair, Carol, Graça, Micheline e Paulo, por todas as horas de aulas, estudos, almoços, conversas e risadas.

Aos meus pais e irmã, por serem tudo na minha vida e me proporcionarem a incrível oportunidade de ter feito este mestrado.

Aos meus tios Conceição e Manuel, que estiveram presentes todos os dias dessa caminhada, sempre com esse coração imenso.

A Letícia por ser a pessoa que dá muito mais vida a tudo e sempre me fez sorrir até mesmo nos momentos mais difíceis.

A minha avó Esther por sempre torcer e rezar por mim.

**O futuro tem muitos nomes.  
Para os fracos é o inalcançável.  
Para os temerosos, o desconhecido.  
Para os valentes é a oportunidade.**  
Vitor Hugo.

## LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1. Esquema da organização das regiões presentes nos cloroplastos 7

FIGURA 2. Mapa do cloroplasto de *Vigna unguiculata*. Apresenta quatro regiões, destacadas no círculo interno do mapa, LSC, SSC, IRa e IRb. As caixas representam os genes do genoma do cloroplasto de *Vigna unguiculata*

20

FIGURA 3. Comparação do genoma cloroplastidial das leguminosas já sequenciadas e como genoma de referencia *Arabidopsis thaliana*. As linhas pretas abaixo dos genomas representam as regiões repetitivas de cada espécie

22

FIGURA 4. Gel de agarose com produtos da PCR dos 9 par de primers testados. Cada par de primer foi testado para as mesmas 6 plantas TVu 1887 (coluna 1), TVu 2339 (coluna 2), IT98-1101-5 (coluna 3), IT93K-452-1 (coluna 4), IT81D-784 (coluna 5) e MNC05 (coluna 6)

23

FIGURA 5. Comparação dos 36 acessos de *Vigna unguiculata* no intervalo entre 59595 pb e 59725 pb. Detalhe em amarelo, sítio de BamHI, gerado pela transversão entre as bases T e C

24

FIGURA 6. Árvore filogenética das diferentes cultivares de *Vigna unguiculata*. Os números indicados mostram a taxa de bootstrap de cada ramo

25

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Relação das espécies de leguminosas já sequenciadas, tamanho do cloroplasto em pares de bases, autores e ano de publicação	8
Tabela 2. Solução de isolamento de cloroplastos	13
Tabela 3. Sequências dos primers testados para o genoma do cloroplasto de <i>Vigna unguiculata</i>	16
Tabela 4. Acessos de <i>Vigna unguiculata</i> utilizados para análise de filogenia	17
Tabela 5. Caracterização dos genomas das espécies de leguminosas sequenciadas	20

## RESUMO

Cloroplastos são organelas presentes em todas as plantas e são responsáveis pelo processo da fotossíntese, além de funcionarem como reguladores de diversas vias metabólicas essenciais. Estes possuem seu próprio genoma que, por sua vez, é chamado de plastoma. Seu genoma é circular, altamente conservado e dividido em quatro regiões, sendo duas regiões invertidas e repetidas (IRa – Inverted repeat -, e IRb), uma região única de cópia longa (LSC – Large Single Copy) e uma região única de cópia curta (SSC – Small Single Copy). Atualmente, mais de 40 genomas cloroplastidiais de eudicotiledoneas já estão sequenciados e catalogados em bancos de dados específicos e funcionam como uma importante ferramenta para comparação de genomas. Portanto, com o avanço nos estudos nessa área foi possível observar que o cloroplasto possui um genoma extremamente conservado, apresentando poucas diferenças entre as espécies e, até mesmo, entre plantas e algas. O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.), espécie da família das Fabaceae subfamília papilionoídea, é uma leguminosa de grande importância econômica na América Latina, África e Ásia. Muitos grupos, hoje, estão trabalhando com as mais diversas espécies de plantas para, desta forma, obter respostas mais precisas sobre suas origens evolutivas, sua proximidade com outras espécies, como também, explicar a origem desta organela. O sequenciamento do presente trabalho foi obtido pelo método Platinum FLX, gerando um total de 96.215 *reads*. Esses dados foram analisados com o programa MIRA 3.0, que resultou em um *contig* final de 152.415 pb. As IR apresentaram 25.883 pb cada, a LSC 81.468 pb e a SSC 19.181. As anotações do genoma cloroplastidial mostraram que a espécie analisada possui 120 genes, sendo que 25 destes estão na região repetitiva do genoma. A comparação com os genomas de outras leguminosas já sequenciadas mostrou a alta conservação do genoma plastidial. Baseado nisso 9 pares *primers* foram montados para análise de diversas variedades de feijão caupi. Destes, o *primer 7* foi selecionado por ser o qual apresentava maior número de polimorfismos entre as variedades. Com a análise destes polimorfismos, nas 36 diferentes variedades, foi possível separá-las em dois grupos, haplótipo 0, variedades que apresentavam um sítio de *Bam*HI e haplótipo 1, variedades que não possuíam este sítio. Desta forma levantou-se a hipótese de que as cultivares do Brasil possuam mais de uma origem, além da nigeriana.

**Palavras-chave:** Genômica; Caupi; Cloroplasto;

## ABSTRACT

Chloroplasts are important cellular organelles found in all plants, responsible for photosynthesis and regulation of different metabolic pathways. They possess their own genome, known as plastome, which is circular with highly conserved four regions; two inverted repeats (IR) designated Ira and IRb; a large single copy (LSC) region and a small single copy (SSC) region. Although analysis of different chloroplast genomes demonstrates that it is highly conserved amongst several plant with little or no difference between species and indeed between algae, more than 40 different plastomes of higher plants have been sequenced and are available in different data base and represent important tools for genome comparative analysis. Cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.), an important leguminous crop grown in different parts of the world. Different research groups are involved in work that ultimately seek to improve different varieties of the crop. Thus the availability of specific and precise information regarding its evolution and domestication will help in transgenic and breeding programs which will ensure the development of elite varieties of the crop. In this work, the complete chloroplast genome of *V unguiculata* was generated using Platinum FLX method, which gave a total of 96.215 reads. When analyzed using MIRA 3.0, the reads led to the identification of a final contig containing 152.415bp. The IRs of the plastosome comprise of 25,883 bp each while LSC contains 81.468bp and SSC contains 19.181 bp. Chloroplast genome annotation showed that *V unguiculata* chloroplast contains 120 genes, 25 of which are located in the repetitive region. Comparative analysis of genomes available from other leguminous species showed high degree of conservation in the chloroplast genome regions. In parallel, and based on the complete genome of *V unguiculata*, nine (9) pairs of primers (numbered 1 to 9) were designed to analyze 36 different cultivars. *Primer 7* was selected because it presented a higher degree of polymorphism among varieties. This 36 varieties in which led to the identification of two distinct groups, designate haplotype 0 and haplotype 1. This divergence leads us to hypothesize that Brazilian cultivars may have originated from other regions of the world.

**Key-words:** Feijão-Caupi; Chloroplast; Genomic;



## Sumário

1. INTRODUÇÃO	10
1.1 <i>Vigna unguiculata</i>	12
1.2 Cloroplasto	13
2.1. Objetivos Gerais	15
2.2. Objetivos específicos	15
3. MATERIAL E MÉTODOS	16
3.1. Material vegetal	16
3.2. Isolamento do cloroplasto	16
3.2. Extração de DNA cloroplastidial para sequenciamento	17
3.3. Montagem e análise dos dados do sequenciamento	17
3.4. Análise da filogenia de <i>Vigna unguiculata</i>	18
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	21
4.1. Sequenciamento e anotação dos genes	21
4.2. Análise filogenética dos acessos de <i>Vigna unguiculata</i>	26
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	31
ANEXOS	36

## 1. INTRODUÇÃO

Cloroplastos são as organelas responsáveis pelo processo da fotossíntese, presentes tanto em plantas quanto em algas. Além da fotossíntese os cloroplastos são responsáveis por diversas vias metabólicas essenciais para planta, como biossíntese de aminoácidos, pigmentos e vitaminas (Taiz & Zeigler, 2004). Os cloroplastos possuem um genoma próprio, independente do DNA nuclear da planta, altamente conservado, e possui quatro regiões distintas, sendo duas regiões invertidas e repetidas (IR) que separam as regiões longa de cópia única (LSC) e curta de cópia única (SSC) e conformação circular (Palmer, 1991; Raubeson & Jansen, 2005) como demonstrado na figura 1. Sua origem na célula vegetal ocorreu há bilhões de anos, com a simbiose com uma cianobactéria e uma célula eucarionte não fotossintetizante (Cavalier-Smith, 2000). Estas características dos cloroplastos levaram a inúmeros estudos para compreender melhor sua estrutura e relação com o genoma nuclear das células vegetais. Já existem mais de 40 genomas cloroplastidiais publicados de eudicotiledôneas. Estes trabalhos tem visado principalmente o estudo das relações filogenéticas, teorias sobre o surgimento do cloroplasto, diferenciação intraespecífica e introgressão interespecífica (Petit et al, 2003, 2005).

Apesar desse alto nível de conservação, muitos rearranjos do genoma cloroplastidial têm sido reportados nos estudos, tais como a duplicação dos genes de tRNA, *ycf2*, *rpl19*, *rpl2*, *rpl23* e *psbA*, perdas de genes como genes *ndh*, genes *ycf*, *infA* e *accD* (Maier et al., 1995; Millen et al., 2001). Esses rearranjos foram reportados para

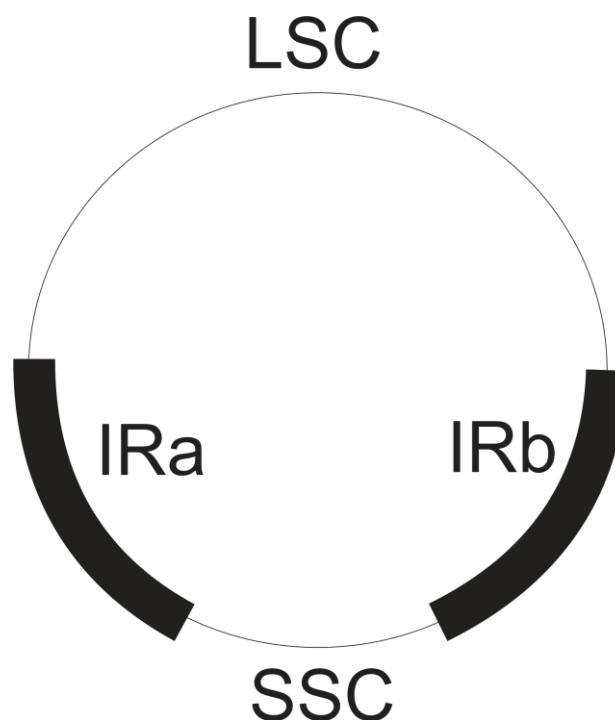


Figura 1. Esquema da organização das regiões presentes nos cloroplastos

linhagens específicas, que são: algas verdes, *Campanulaceae*, *Geraniaceae* e *Fabaceae* (Lee et al. 2007; Magee et al, 2010; Tangphatsornruang et al, 2009)

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma leguminosa da família das *Fabaceae*, subfamília papilionoídea (Faboideae) de grande importância no Brasil, América do Sul e países africanos. O feijão-caupi é uma fonte de proteínas importante, apresenta ainda todos os aminoácidos essenciais, carboidratos, vitaminas e minerais. Seu ciclo de vida é curto e tem poucas exigências quanto a solo e temperatura (Freire-Filho et al, 2005). Estas características nutritivas permitem que o feijão-caupi seja cultivado principalmente para obtenção de grãos, secos ou verdes, para consumo humano in natura, em conserva ou desidratado. Utilizado também como forragem verde, feno, ensilagem, farinha para alimentação animal e adubo verde.

Até o momento há sete genomas cloroplastidiais de leguminosas completos (Tabela 1)

**Tabela 1. Relação das espécies de leguminosas já sequenciadas, tamanho do cloroplasto em pares de bases, autores e ano de publicação**

Espécie	Tamanho em pb	Autor	Ano
<i>Lotus japonicus</i>	150.519	Kato et al	2000
<i>Glycine max</i>	152.218	Saski et al	2005
<i>Phaseolus vulgaris</i>	150.285	Guo et al	2007
<i>Cicer arietinum</i>	125.319	Jansen et al	2008
<i>Trifolium subterraneum</i>	144.763	Cai et al	2008
<i>Vigna radiata</i>	151.271	Tangphatsornruang et al	2009
<i>Medicago truncatula</i>	124.033	Young et al	2012

Esses sequenciamentos demonstraram que plantas da família das *Fabaceae* apresentam mais rearranjos do que a maioria das angiospermas (Jansen et al, 2008; Palmer et al, 1988). Os trabalhos de Palmer demonstraram que houve perda da região IR completa em um grupo de leguminosas (Palmer et al, 1987; Wojciechowski et al, 2004).

Nos últimos 10 anos a quantidade de trabalhos com o sequenciamento completo do cloroplasto de plantas e algas tem crescido em todo mundo devido a métodos para isolamento e sequenciamento de DNA terem sido aprimorados e de certa forma facilitados. Muitos grupos estão trabalhando com as mais diversas espécies de plantas para, desta forma, ter respostas sobre suas origens, sobre proximidade com outras espécies, e também como forma de explicar a origem do cloroplasto.

Com o sequenciamento do genoma cloroplastidial de *Vigna unguiculata*, assim como o sequenciamento de outras espécies, poderá se conhecer a sequência de nucleotídeos do genoma do cloroplasto, o que permite o conhecimento de regiões intergênicas, que são alvo para a inserção de genes de interesse através de transformação genética.

### 1.1 *Vigna unguiculata*

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) é uma Dicotiledônea, da ordem *Fabales*, família *Fabaceae*, subfamília *Faboideae*, tribo *Phaseoleae*, subtribo *Phaseolinae*, gênero *Vigna*, secção *Catiang* (Verdecourt, 1970; Maréchal et al., 1978; Padulosi & Ng, 1997). É conhecido por diversos nomes populares, tais como: feijão-de-corda e feijão macáçar na região Nordeste; feijão-de-praia, feijão-da-colônia e feijão-de-estrada na região Norte; e feijão-miúdo na região Sul (Freire-Filho et al., 1983). É também chamado de feijão catador e feijão gerutuba em algumas regiões do estado da Bahia e norte de Minas Gerais e de feijão-fradinho no estado do Rio de Janeiro.

Segundo Freire-Filho (2005), o nome macáçar é o nome mais antigo do feijão-caupi, tendo sido assim batizado em razão de uma região na Indonésia de mesmo nome, onde situava-se um importante entreposto comercial português no século XVII (Boxer, 1981), todos os produtos provenientes desta região levavam o nome macáçar, por exemplo o algodão-de-macáçar (Albano, 1916).

Sua origem é mais comumente tida com sendo na África, e segundo alguns autores (Steele & Mehra, 1980 e Ng & Maréchal, 1985) seria a Nigéria o centro primário de diversidade da espécie. No Brasil foi introduzido a partir do século XVI, primeiramente no estado da Bahia, por colonizadores portugueses (Corrêa, 1952; Krutman, 1968 e Freire-Filho, 1988) e então para toda a região Nordeste, de onde foi disseminado para todo o país, apesar de ter sua produção concentrada no Nordeste (Freire-Filho et al, 2005). A cultura de feijão-caupi em muito se assemelha ao do feijoeiro comum, porém, tem uma melhor adaptação ao solo e clima dos trópicos semi-árido, úmido e subúmido (Freire-Filho et al, 2005).

O Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, Brasil, 2008), considera somente as espécies de *Phaseolus vulgaris* (L.) e *Vigna unguiculata* (L.) Walp., como feijão, para efeito de regulamento técnico, o que dificulta determinar qual a parcela se refere a cada espécie, em relação a produtividade e produção. Dados apresentados por Freire-Filho (2011) mostram que na média de 2005 a 2009, a área cultivada de feijão-caupi em relação a área total de feijão comum correspondeu a 33,08% da região norte, 60,80%

na região nordeste e 18,05% na região centro-oeste. Em relação a produção no mesmo período, o feijão-caupi apresentou 37,64% no Norte, 45,67% no Nordeste e 9,12% no Centro-Oeste, enquanto a avaliação em relação a produtividade feijão-comum X feijão-caupi foi de 113% no região Norte, 75,3% na região Nordeste e 53,26% na região Centro-Oeste.

O feijão-caupi ainda é considerado uma cultura pouco explorada e estudada, mesmo tendo uma grande importância social e econômica para o país (Ehlers & Hall, 1997), porém, novos conhecimentos a respeito da cultura e também a própria versatilidade da espécie, colocam o caupi como uma das espécies de grande interesse para trabalhos com transformação genética.

## 1.2 Cloroplasto

Os plastídeos são organelas armazenadoras e quando maduros geralmente são classificados segundo a coloração que contêm, os principais plastídeos são os cloroplastos, amiloplastos, cromoplastos e leucoplastos (Raven et al., 2001). Possuem uma membrana dupla, fruto da origem dos plastídeos, a qual se acredita ter sido por uma relação endossimbiótica entre uma cianobactéria e uma célula não-fotossintetizante (Cavalier-Smith, 2000), formando assim as duas membranas. Nos cloroplastos, a membrana interna forma pequenas bolsas chamadas tilacóides, que em conjunto formam as *grana*. Os cloroplastos das folhas possuem como pigmentos a clorofila e os carotenóides. Essas estruturas são, geralmente, de forma discóide e tem entre 4 a 6 micrômetros de diâmetro. Possuem seu próprio genoma, independente do genoma nuclear, além de mRNA próprio. O genoma do cloroplasto pode variar entre 120 a 180 kb e contém sequências de codificação de 120 proteínas, aproximadamente. O genoma do cloroplasto é circular e contém regiões bem conservadas, mais uma evidencia da sua origem, que podem ser observadas desde algas até plantas superiores, este genoma próprio pode também ser chamado de plastoma. Quatro regiões dividem o plastoma, duas regiões repetidas e invertidas denominadas IRa e IRb, que separam as duas regiões de cópia única: uma longa (LSC) e uma curta (SSC). O cpDNA ainda tem por característica a poliploidia, podendo apresentar em uma única célula até 10.000 cópias (Palmer & Stein, 1986; Freitas & Bered, 2003).

Muitas das proteínas do cloroplasto são codificadas pelo seu genoma e também pelo genoma nuclear, estas que são codificadas no cloroplasto são sintetizadas em ribossomos cloroplastidiais, as que são codificadas no núcleo são então transportadas para os cloroplastos. Outros genes necessários para o seu funcionamento estão presentes

também no genoma nuclear, sendo igualmente necessários para o funcionamento do cloroplasto.

A reprodução do cloroplasto se dá por divisão, e não por síntese *de novo*, isto acontece, pois a informação genética da organela não está presente no núcleo. Nas plantas sexuadas, apenas a mãe cede o cloroplasto para o zigoto, portanto, se tem uma herança não mendeliana, ou herança materna (Taiz & Zeigler, 2004).

O núcleo das plantas é o alvo mais comumente empregado em trabalhos de transformação genética, tanto em transformação direta quanto em transformação indireta. Porém, com os avanços nos estudos com genomas de cloroplastos, novos estudos tem focado em transformação plastidial. A transformação de plastídeos é feita por recombinação homóloga, onde o vetor que será usado na transformação é desenhado com duas regiões homólogas flanqueadoras em cada lado, para desta forma facilitar a recombinação dupla. Para tanto, o conhecimento da sequência do genoma alvo se mostra essencial, uma vez que vetores espécie-específicos tem eficiência comprovadamente maior (Fernandez-San Millan et al., 2003). As vantagens na transformação plastidial em relação à transformação nuclear são fruto das características do próprio cloroplasto, como a poliploidia, onde cada célula vegetal pode conter mais de 10.000 cópias do genoma do cloroplasto, o que resulta na capacidade de armazenar uma quantidade muito grande de cópias de genes funcionais, além da capacidade de armazenar uma quantidade muito grande de proteínas externas ao seu genoma, mais de 46% do total das proteínas da folha, quando o transgene já está integrado estavelmente (De Cosa et al., 2001).

## 2. OBJETIVOS

### 2.1. Objetivos Gerais

- Sequenciar o DNA cloroplastidial de *Vigna unguiculata*
- Comparar sequências do genoma cloroplastidial de *Vigna unguiculata* em diversas cultivares

### 2.2. Objetivos específicos

- Isolar cloroplastos e extrair o DNA cloroplastidial de *Vigna unguiculata*
- Montar a sequência do DNA cloroplastidial de *Vigna unguiculata*
- Anotar os genes presentes em *Vigna unguiculata*
- Comparar regiões do genoma plastidial de diversas variedades tradicionais do Brasil e outros países (principalmente Nigéria) e buscar regiões polimórficas

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1. Material vegetal

Plantas foram cultivadas em casa de vegetação para germinação das sementes e extração de discos foliares. As sementes de variedades tradicionais brasileiras foram cedidas pela Embrapa Meio-Norte. As variedades tradicionais africanas foram cedidas por Department of Plant Science, Ahmadu Bello University, Zaria, Nigéria.

#### 3.2. Isolamento do cloroplasto

Folhas utilizadas no isolamento dos cloroplastos eram da cultivar Nova Era e foram cultivadas em casa de vegetação. Folhas com até 15 dias foram coletadas sendo então colocadas em gelo imediatamente. Em cada experimento foram utilizados 20 g de folhas, que foram maceradas com auxílio de um mixer em 50 ml de solução de isolamento de cloroplasto (tabela 2) até se obter uma mistura homogênea, esta mistura foi filtrada com auxílio de 4 camadas de gaze, para separar os resíduos. A solução obtida foi centrifugada a 200g por 5 minutos. Um gradiente de sacarose em três concentrações (2M, 1,5M e 1M) separou as fases da solução de cloroplastos, o gradiente foi centrifugado a 200 x g por 5 minutos e logo em seguida centrifugado a 1.500 x g por 30 minutos. Após a centrifugação retirou-se a fase de cloroplastos a qual foi colocada em inúmeros tubos de centrífuga. Em cada tubo acrescentou-se 0,5 ml de solução de isolamento de cloroplasto centrifugando por 3 minutos a 200 g, para então descartar o sobrenadante ressuspendeu-se o pellet em 50 µL de solução de DNase, a esta solução foi acrescentado 0.5 µL de DNase I (1U/µL) e incubado por 15 minutos em temperatura ambiente. Após este período acrescentou-se 15 µL de 0.5 M de EDTA agitando bem.

**Tabela 2. Solução de isolamento de cloroplastos**

SOLUÇÃO	COMPOSIÇÃO
Tampão de isolamento de cloroplasto (CIB)	0.33 M Sorbitol 5 mM MgCl <sub>2</sub> 1 mM DTT 5 mM Fosfato de sódio monobásico 5 mM Fosfato de sódio dibásico pH 6,8



### 3.2. Extração de DNA cloroplastidial para sequenciamento

Ao volume final da solução de isolamento de cloroplasto foi adicionado valor necessário para completar 500 µL com o tampão CTAB à 65°C. A solução foi incubada a 55°C por 10 min e imediatamente após, colocada no gelo por 1 min. Ao volume foi acrescentado 1 volume de isopropanol gelado e a solução agitada por inversão por 10 minutos e centrifugada por 10 min a 3000 x g. Esta lavagem foi repetida mais uma vez, para garantir a pureza do material. Após as lavagens, 0,1 volume de Acetato de sódio e 1 volume de isopropanol foram adicionados. As amostras foram incubadas a -70° C por 1 hora. Após este período centrifugou-se por 30 minutos a 4°C. O sedimento formado foi lavado com 500 µL de etanol 70%, após a secagem foi ressuspendido em 20uL de água ultra pura.

O DNA obtido foi quantificado, e todas as amostras foram ajustadas para concentração de 100 ng/µL, para proceder com o sequenciamento. O sequenciamento foi realizado pela empresa MacroGen® pelo método de sequenciamento de nova geração 454 FLX.

### 3.3. Montagem e análise dos dados do sequenciamento

Os *reads* fornecidos do sequenciamento foram analisados através do programa MIRA (versão 3.0) desenvolvido por Chevreux e colaboradores (1999), o programa consiste em montar *contigs* (sequências contíguas) a partir de sequências de genomas menores (*reads*) gerados por sequenciadores como 454 (GS20, FLX ou Titanium), Solexa (Illumina) e Sanger. Os parâmetros usados no programa MIRA são apresentados no quadro 1. Cada um dos parâmetros gera um algoritmo, o qual determina a forma como será analisada a sequência. O parâmetro SB controla as opções gerais do programa, como nome do arquivo, local de origem, formato do arquivo. O parâmetro OUT determina quais tipos de resultados serão salvos para quais tipos de arquivo. Em GE se determina o número de threads que será utilizado, variando de acordo com o arquivo. Em LR determina-se quais *reads* serão utilizados. Os parâmetros contidos em AS são para a montagem dos dados, como ordem, quantos *contigs* serão montados por vez, dentre outros. SKIM é o parâmetro do algoritmo do programa. CO determina como serão analisados os *contigs*.

```
--job=mapping,est,normal,454
-DI:lrt=/local/temp/Vigna
SB:lsd=no:lb=yes:bsn=/genome/acgt/genomedb/Vigna_radiata_chloroplast_complete_genome.fasta:bft=fasta
-OUT:rrol=1:rld=0:orc=1:org=0:ora=0:ors=0:otf=0:otc=0
-GE:not=50
-LR:mxti=0
-AS:sd=0:uess=0:urd=0:ard=1
-SKIM:mmhr=0:mnr=yes -SKIM:nrr=19
-CO:mr=no -CO:asir=1
454_SETTINGS
-LR:wants_quality_file=0
-AS:epoq=no
```

**Quadro 1. Parâmetros aplicados no programa MIRA 3.0**

O

Os dados resultantes deste alinhamento foram analisados e com o auxílio da sequência já publicada no banco de dados NCBI, de *Vigna radiata*, foi possível alinhar o genoma de *Vigna unguiculata*. As anotações do genoma cloroplastidial foram feitas através do programa DOGMA, Dual Organellar Genome Annotator (Wyman et al, 2004) o qual, após submeter a sequência em formato FASTA, verifica os dados já publicados e faz uma análise de BLASTX e BLASTN, identificando genes comuns de cloroplastos, como genes codificantes de proteínas, tRNAs, rRNAs e também alguns *Opening Reading Frames* (ORFs) comuns. Após o fim da anotação do genoma, a sequência foi submetida ao banco de dados do NCBI, com o auxílio do programa SEQUIN (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/Sequin/>). O programa *on line* GenomeVx foi utilizado para montagem do mapa do cloroplasto.

### 3.4. Análise da filogenia de *Vigna unguiculata*

Acessos nativos da Nigéria e do Brasil, foram utilizados para verificar-se algumas regiões selecionadas no DNA cloroplastidial da cultivar Nova Era, como forma de verificar origem, mutações e outros aspectos. Os *primers* foram desenhados baseando-se nas regiões de maiores diferenças entre *Vigna radiata* e *Vigna unguiculata*, isto gerou nove pares de *primers* (tabela 3), o nome dos *primers* corresponde a posição na sequência final do cloroplasto. Cada um deles foi inicialmente testado para 6 diferentes cultivares (TVu 1887, TVu 2339, IT98-1101-5, IT93K-452-1, IT81D-784 e Otilia). Estes acessos foram

escolhidas sem seguir um padrão, dentre todos os acessos. através de PCR. Discos foliares de plantas cultivadas na casa de vegetação, com no máximo 15 dias após a germinação, foram extraídos para extração de DNA, seguindo o mesmo protocolo descrito no item 3.2. Os parâmetros da reação foram: desnaturação inicial de 5 minutos a 95°C seguido por 35 ciclos de: 1 minuto a 95°C, 1 min a 55°C e por fim 2 minutos a 72°C finalizados por uma extensão final de 7 min a 72°C. As regiões amplificadas na PCR foram clonadas no vetor pGEM-Teasy®, todas as amostras foram ajustadas para uma concentração de 100ng/μL e enviadas para sequenciamento. As sequencias geradas dessas análises foram alinhadas com a sequência principal, da cultivar Nova Era com auxílio do programa MEGA, utilizando o método ClustaW para alinhamento.

A partir dos resultados obtidos com esta primeira seleção, verificando a quantidade de polimorfismos, foi possível escolher um par de *primers* que melhor atendesse aos objetivos do trabalho, ou seja, diferenças polimórficas entre os acessos.

Com a escolha do *primer*, as cultivares da Tabela 4 foram selecionadas para a análise final da filogenia de *Vigna unguiculata*, seguindo o mesmo protocolo descrito acima.

**Tabela 3. Sequências dos *primers* testados para o genoma do cloroplasto de *Vigna unguiculata***

PRIMER	NOME	SEQUÊNCIA
1	CLVU3342C	5'-CGAGCTAACCTTGGTATGGA-3
	CLVU2949	5'-CGCGCATGGTGGATTCACAA-3
2	CLVU8228	5'-TCCTTCCATACTTCGCAAGC-3
	CLVU8374C	5'-AGGTGCTGTAGCTAATCGAG-3
3	CLVU15762	5'-CTCTACCAACTGAGCTATCC-3
	CLVU16595C	5'-CAGAGACTCTATGGAAGCTG-3'
4	CLVU150474	5'-ACTTGGTCCAGAGCATCTAC-3'
	CLVU151323C	5'-GTTGGCGATAGTGTCCCTTCC-3'
5	CLVU151602	5'-CAGAGTCAGGTTGAAGTCAGG-3'
	CLVU539C	5'-CTGATCCATTCGACACGTGC-3'
6	CLVU24685	5'-GAGTAAGTTCCTTGGCTTGG-3'
	CLVU25153C	5'-GAGGCTAGAGCAAGACCTAA-3'
7	CLVU42727	5'-ACCTCTTGTCTCCAGCTATC-3'
	CLVU43009C	5'-AGATCTAGTCGCCACCGGAG-3'
8	CLVU16745	5'-TTAAGTCCGTAGCGTCTACC-3'
	CLVU17666C	5'-ATGCGATGCTCTAACCTCTG-3'
9	CLVU59466	5'-GATAGTGAGTCCACTCTAGG-3'
	CLVU59958C	5'-CTCCTCCGGACGAACATACG-3'

**Tabela 4. Acessos de *Vigna unguiculata* utilizados para análise de filogenia**

Cultivar	ORIGEM
Babban Wake	Nigéria
Bauchi Variety	Nigéria
Black Eye	China
Cachiado	Brasil
Canapum	Brasil
Castillal	Peru
Chico Joaquim	Brasil
Costela de Vaca	Brasil
Danrima	Nigéria
Danwuri	Nigéria
Dorminhoco	Brasil
Feijão de Corda	Brasil
Fradinho	Brasil
IT81D-994	Nigéria
Janwake	Nigéria
José dos Santos	Brasil
Kamboise	Burkina Faso
Kanannado	Nigéria
Karamin Wake	Nigéria
Lizão	Brasil
Lizão 2	Brasil
Macáçar	Brasil
Makenp	Hungria
Milagroso	Brasil
Nabbereru	Nigéria
Nova Era	Brasil
Novato	Brasil
Otília	Brasil
Pitombeira	Brasil
Potomac	Brasil
Quarentinha	Brasil

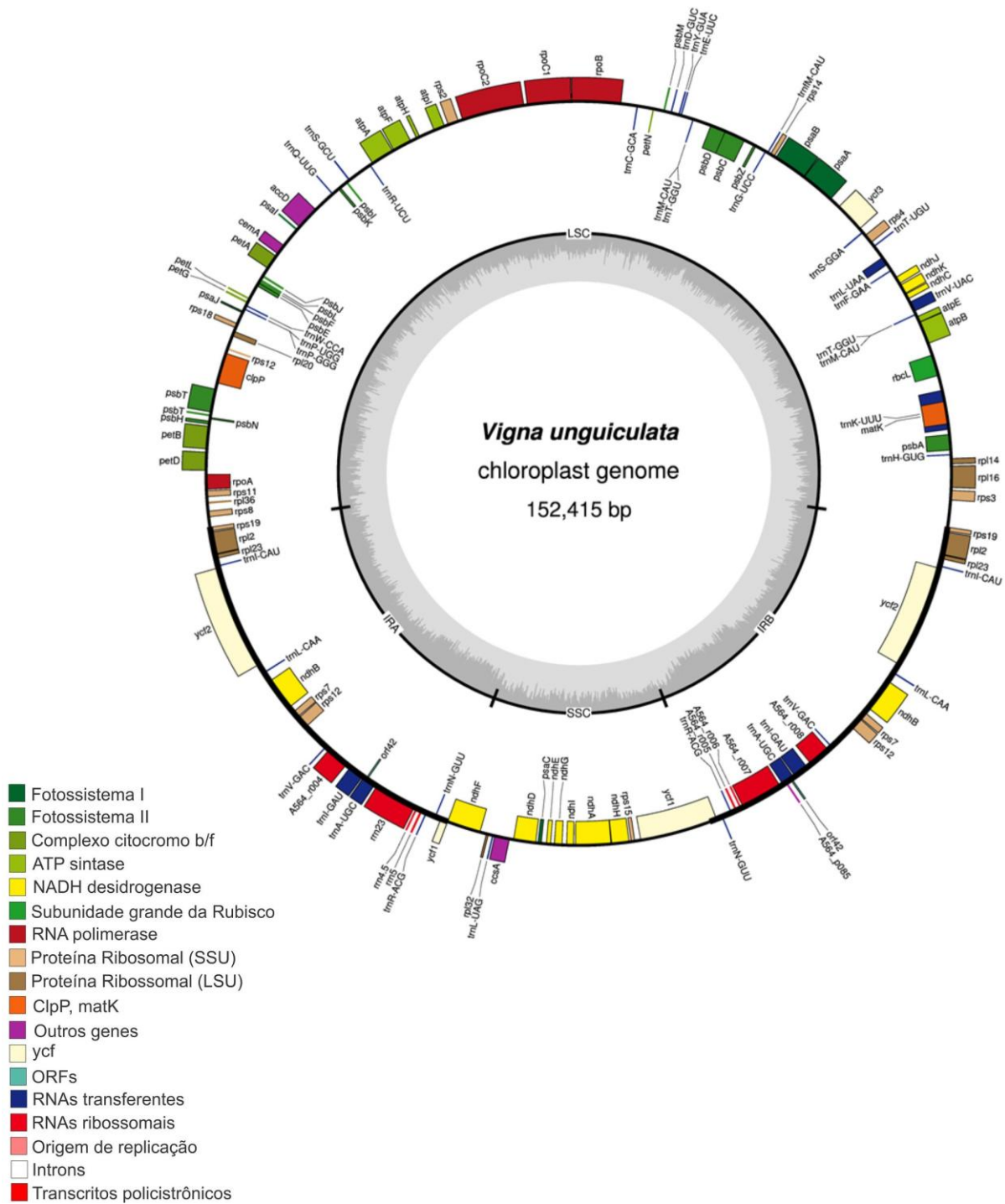
Sempre Verde	Brasil
Seridó	Brasil
Tracuateua	Brasil
Vinagre	Brasil
Yarmaja	Nigéria

As sequencias obtidas através da amplificação da região do *primer 7* foram usadas na montagem de uma árvore filogenética dos acessos de *Vigna unguiculata* no programa MEGA, com 2.000 repetições e utilizando valores de *bootstrap* maiores que 50%.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Sequenciamento e anotação dos genes

Utilizando a plataforma 454 FLX foram gerados 96.215 *reads* de alta qualidade, que foram montados em 9.909 *singletons*, o que possibilitou uma montagem de *contigs* mais precisa, gerando um único *contig* com o tamanho de 152.415 pb. Como resultado da anotação do genoma feita no programa DOGMA, obteve-se uma lista de genes presentes no genoma do cloroplasto. A divisão do plastoma contém quatro partes, uma região de cópia única longa (LSC), uma região de cópia única curta (SSC) e duas regiões repetidas invertidas (IRa e IRb). A região de cópia única longa é formada por 81.468 pb, a região de cópia única curta 19.181 pb e as regiões repetidas 25.883 pb cada (Figura 2). O genoma de *Vigna unguiculata* (L.) Walp possui 113 genes, incluindo 35 genes de RNA transportador (tRNA) e quatro genes de RNA ribossômico (rRNA) e 74 genes codificantes de proteínas. Estes genes estão distribuídos em 14 categorias: Subunidade ribossômica menor (10 genes), subunidade ribossômica maior (oito genes), subunidades da RNA-polimerase plastidial (quatro genes), subunidade de NADH-desidrogenase (12 genes), subunidades do fotossistema I (cinco genes), subunidades do fotossistema II (14 genes), subunidade maior da Rubisco (um gene), subunidade do citocromob<sub>6</sub>f (seis genes), subunidades da ATP-sintase (seis genes), Acetyl-CoA (um gene), maturase (um gene), protease (um gene), proteína de membrana envoltória (um gene), citocromo C proteína heme de ligação (um gene) e *ycf*'s (três genes). Os nomes dos genes estão dispostos no anexo 1 e dos RNAs transportadores no Anexo 2.



**Figura 2.** Mapa do cloroplasto de *Vigna unguiculata*. Apresenta quatro regiões, destacadas no círculo interno do mapa, LSC, SSC, IRA e IRb. As caixas representam os genes do genoma do cloroplasto de *Vigna unguiculata*

A sequência depositada no banco de dados do NCBI está no Anexo 3. Desses genes, 16 possuem um ou mais introns, sendo que 11 deles são genes codificantes de proteínas e 5 são tRNA, a comparação com os outros genomas já sequenciados de leguminosas está na tabela 5. Observou-se a ausência de dois genes, *rpl22* e *infA*, o que também foi observado em todas as outras espécies de leguminosas (Spielmann et al, 1988; Gantt et al, 1991). Análises filogenéticas do gene *rpl22* encontrado no núcleo demonstram que sua transferência, do cloroplasto para o núcleo, ocorreu num estágio inicial da evolução das angiospermas (Gantt et al, 1991). No caso do gene *infA*, transferências do cloroplasto para o núcleo ocorreram diversas vezes durante a evolução das angiospermas também ocorreu uma transferência para o núcleo (Millen et al, 2001). Outros cinco genes, *ycf4*, *ycf15*, *ycf68*, *rpl33* e *rps16*, não representados na figura 1, são genes não-funcionais, pois possuem stop códons prematuros, no caso dos genes *ycf15* e *ycf68*, outras espécies como *Vigna radiata* (Tangphatsornruang et al, 2009), *Phaseolus vulgaris* (Guo et al, 2007), *Eucalyptus globulos* (Steane, 2005) e *Spinacia oleracea* (Spielmann et al, 1988). Os genes *rpl33* e *rps16* também foram reportados como não-funcionais em *Vigna radiata* e *Medicago truncatula* (Young et al, 2012) e *Cicer arietinum* (Jansen et al, 2008). O gene *ycf4*, também chamado de *orf184*, presente em 15 das 28 tribos Papilionoideae (Doyle et al, 1995), não está presente em *Vigna unguiculata*.

Em relação ao genoma cloroplastidial de *Vigna radiata*, *Vigna unguiculata* tem uma diferença de 1144 pb, no início da região de cópia longa, porém nesta região não há a presença de nenhuma sequência gênica.

A tabela 5 mostra as comparações entre as espécies já sequenciadas de leguminosas depositadas no banco de dados NCBI. O conteúdo de bases AT em *V. unguiculata* é de 64,75%, valor bem próximo ao das outras espécies sequenciadas.

**Tabela 5. Caracterização dos genomas das espécies de leguminosas sequenciadas**

Característica	<i>Trifolium subterraneum</i>	<i>Medicago truncatula</i>	<i>Cicer arietinum</i>	<i>Lotus japonicus</i>	<i>Glycine max</i>	<i>Phaseolus vulgaris</i>	<i>Vigna radiata</i>	<i>Vigna unguiculata</i>
Tamanho (pb)	144763	124033	125319	150519	152219	150218	151271	152415
Tamanho da IR (pb)	N/A	N/A	N/A	25156	25574	26422	26474	25883
Nº de genes codificantes	77	75	77	82	83	83	75	74
Conteúdo de GC	34%	34%	34%	36%	35%	35%	35%	35%
Nº de genes de tRNA	30	31	30	30	30	30	29	35
Nº de genes de rRNA	4	4	4	4	4	4	4	4

Os genomas cloroplastidiais de leguminosas já sequenciados foram estruturalmente comparados com o genoma cloroplastidial de *V. unguiculata*, utilizando como grupo externo *Arabidopsis thaliana*. Esta comparação foi feita com o auxílio do programa MAUVE (Figura 3), onde pode-se observar a relação muito próxima de igualdade entre *V. radiata* e *V. unguiculata*, diferenciando entre si somente pela parte final, onde em *V. unguiculata* há uma região de aproximadamente 1.000 pb a mais, região esta muito próxima a observada em *Phaseolus vulgaris*. Em relação às regiões invertidas, observa-se a perda desta nas espécies *Trifolium subterraneum*, *Cicer arietinum* e *Medicago truncatula*, por consequência disto estas espécies também apresentam uma quantidade menor de pares de bases em relação as outras.

Pode-se observar ainda uma inversão de uma região gênica em comum entre *P. vulgaris*, *V. radiata* e *V. unguiculata*, de 51-kb entre os genes *rbcl* ao gene *rps16*, na região longa de cópia única. Esta inversão foi observada na maioria das espécies de *Papilionoideae*, subfamília das *Leguminosea* (Palmer et al, 1988).



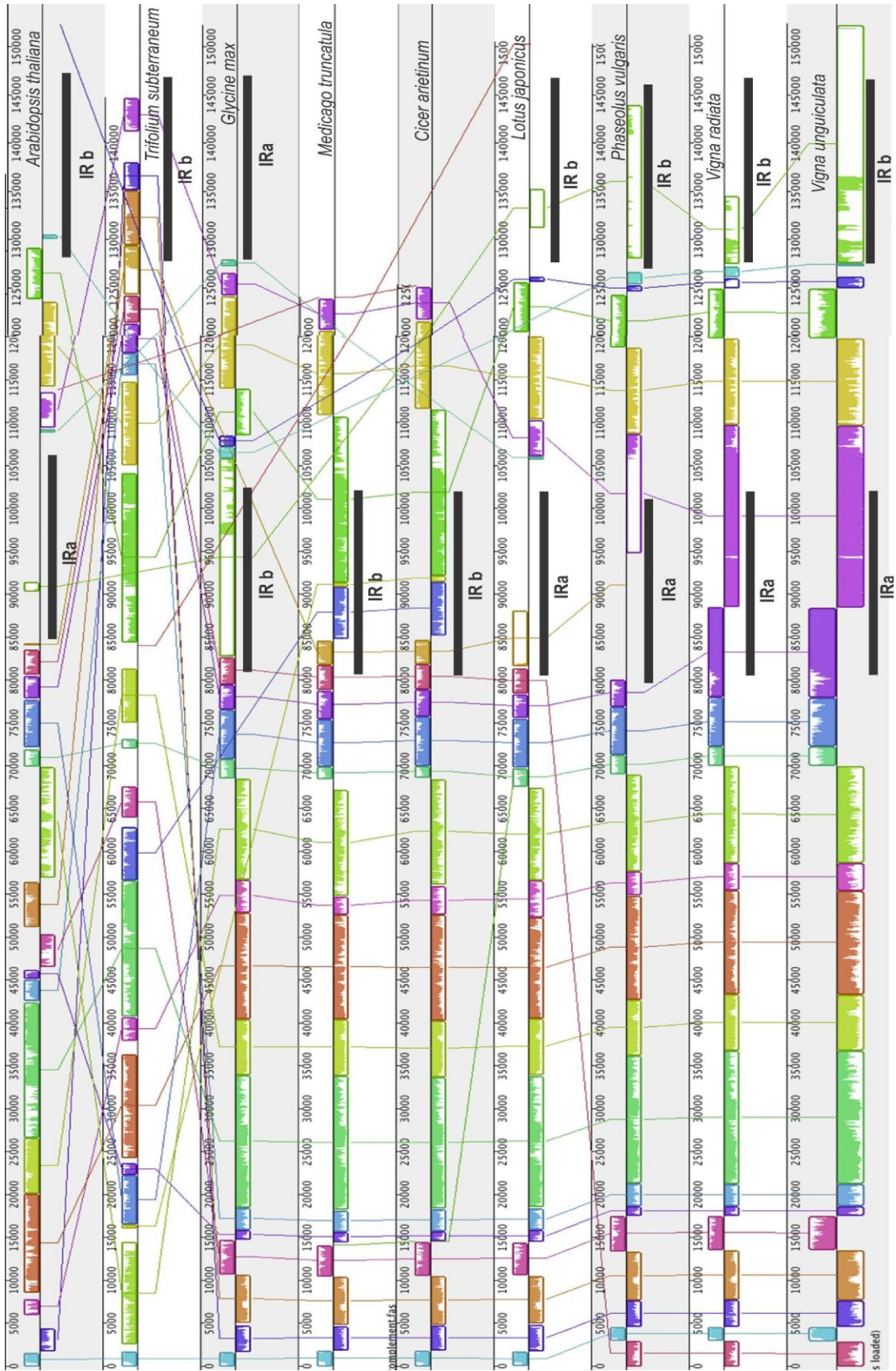


Figura 3. Comparação do genoma cloroplastidial das leguminosas já sequenciadas e como genoma de referência *Arabidopsis thaliana*. As linhas pretas abaixo dos genomas representam as regiões repetidas de cada espécie.

#### 4.2. Análise filogenética das acessos de *Vigna unguiculata*

As análises filogenéticas com os seis acessos de *Vigna unguiculata*, geraram fragmentos entre 250pb e 1000pb (Figura 4). Dessas, o par de *primer 7* foi o que apresentou a maior quantidade de polimorfismos em relação a sequência principal (Nova Era), o que levou ao sequenciamento de outras plantas com este mesmo par de *primers*. A região amplificada é uma região gênica localizada, entre 59456 pb e 59957 pb, do gene *accD* (Acetil Co-Enzima A). Esta região foi anteriormente descrita por Feleke (2006), onde dois acessos, um domesticado e um selvagem foram testadas para o mesmo par de *primers*, e a cultivar selvagem apresentou um sítio de *Bam*HI que a cultivar domesticada não possuía, isto levou a investigação de diversas acessos e a separação em dois grupos, haplótipos 1, os que não possuem o sítio de *Bam*HI e haplótipos 0, os que possuem o sítio de *Bam*HI.

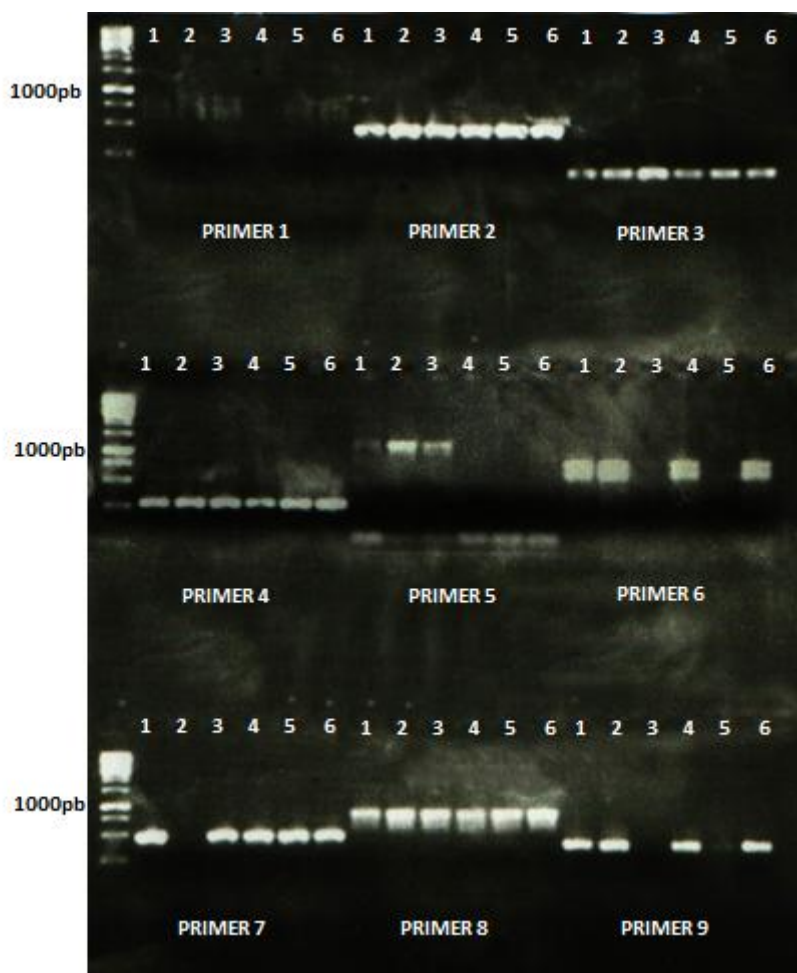


Figura 4. Gel de agarose com produtos da PCR dos 9 par de *primers* testados. Cada par de *primer* foi testado para as mesmas 6 plantas TVu 1887 (coluna 1), TVu 2339 (coluna 2), IT98-1101-5 (coluna 3), IT93K-452-1 (coluna 4), IT81D-784 (coluna 5) e MNC05 (coluna 6)

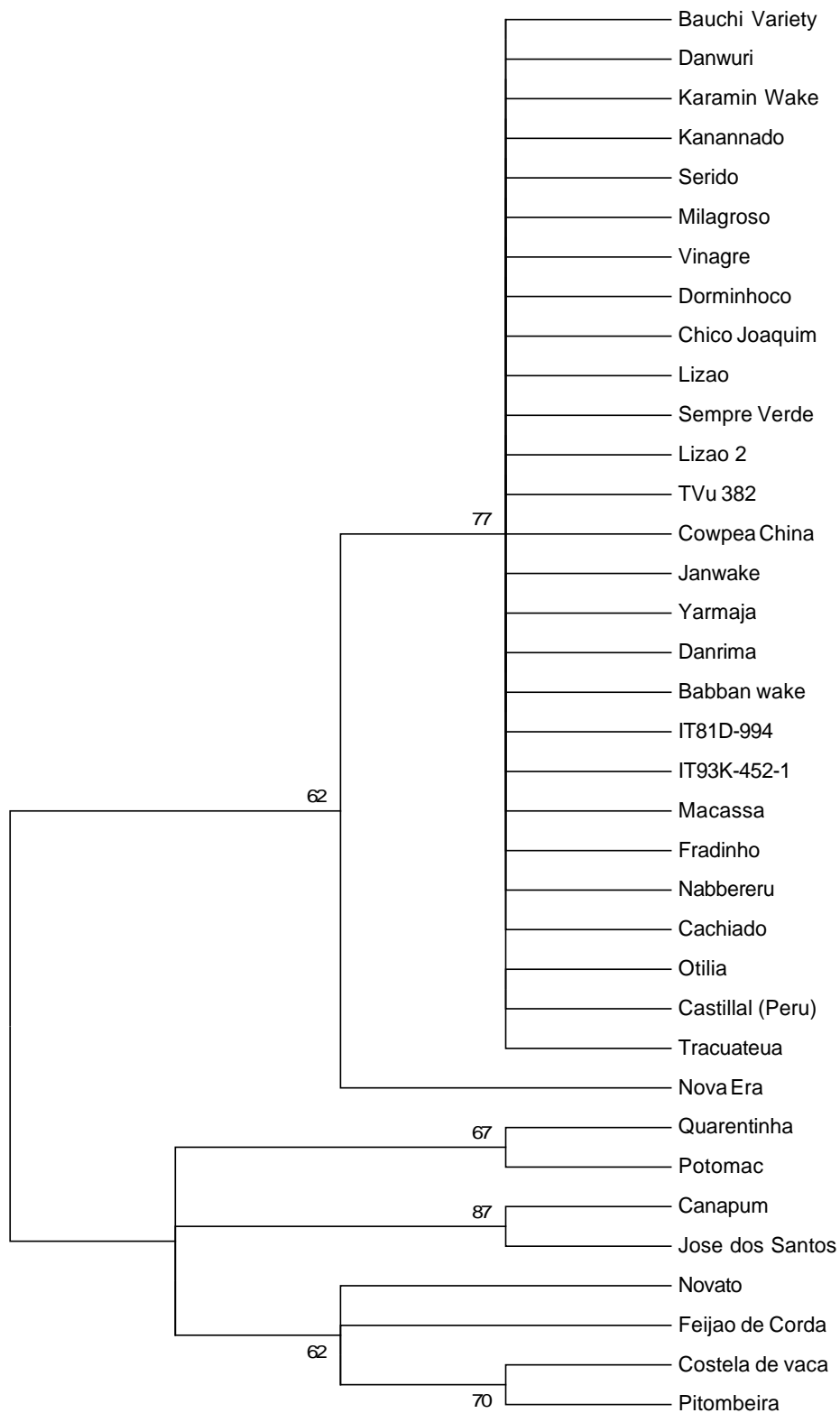
Vaillancourt & Weeden (1992), em uma análise de diversas acessos de *Vigna unguiculata*, utilizando enzimas de restrição, reportou um alto índice de polimorfismos, separando 18 diferentes tipos de plastomas em 26 acessos de *Vigna ssp dekindtiana*. Esses plastomas foram divididos de acordo com as características que apresentavam quanto a digestão com 17 diferentes enzimas de restrição.

Neste trabalho, dos 36 acessos sequenciados com o par de *primers* 7, nove deles apresentaram uma transversão, ou seja, uma troca de uma purina T para uma pirimidina C, esta transversão acarretou na criação de um sítio de *Bam*HI não presente nas outras 27 acessos (Figura 5). Isto sugere a formação de dois grupos distintos dentro dos acessos testados, assim como nos trabalhos anteriores, que podem ser chamados de haplótipo 1, os que não possuem o sítio de *Bam*HI e haplótipo 0, os quais possuem o sítio de *Bam*HI.

1. Nova Era	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
2. Compea China	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
3. Tracueteua	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
4. Costela de vaca	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
5. Feijao de Corda	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
6. Canapum	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
7. Quarentinha	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
8. Pitombeira	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
9. Potomac	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
10. Jose dos Santos	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
11. Novato	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
12. Makemp	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
13. Lizao 2	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
14. Sempre Verde	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
15. Lizao	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
16. Chico Joaquim	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
17. Macassa	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
18. Dorminhoco	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
19. Vinagre	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
20. Fradinho	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
21. Milagroso	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
22. Serido	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
23. Cachiado	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
24. Kanamado	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
25. Karamin Wake	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
26. Bauchi Variety	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
27. Danwuri	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
28. Nabbereru	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
29. Janwake	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
30. Yarmaja	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
31. Dantima	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
32. Babban wake	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
33. Otillia	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
34. ITS1D-994	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
35. Kamboise	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC
36. Castillal (Peru)	GSTACTTGGAAATCCATGGATGAAGACATGGTTTCTCTGGATCCATTGAATTTCAATTCAGAAAGAAACCTTATAAAGATGGATTGATTCTTATC

Figura 5. Comparação dos 36 acessos de *Vigna unguiculata* no intervalo entre 59595 pb e 59725 pb. Detalhe em amarelo, sítio de *Bam*HI, gerado pela transversão entre as bases T e C.

Com a montagem da árvore filogenética de *Vigna unguiculata* (Figura 6) é possível observar esses mesmos dois grupos, um deles contém todas as acessos provenientes da Nigéria, China, Hungria e Peru, além de acessos do Brasil. Em outro grupo somente estão presentes acessos do Brasil. Estas acessos brasileiras são as identificadas como haplótipo 0, segundo a análise do sítio de *Bam*HI.



**Figura 6. Árvore filogenética de diferentes acessos de *Vigna unguiculata*. Os números indicados mostram a taxa de bootstrap de cada ramo**

Esta disposição da árvore leva a hipótese de que possivelmente o feijão-caupi introduzido no Brasil tem diversas origens. Segundo Vaillancourt & Weeden (1992) a Nigéria seria o centro de domesticação do feijão-caupi e segundo Freire-Filho (2011), a Nigéria também seria a origem mais provável do feijão-caupi no Brasil. Porém, ainda há a possibilidade de uma origem secundária, que fica evidenciada por uma das denominações dadas ao feijão-caupi, a de feijão Macáçar, nome associado a antiga cidade da Indonésia, Macaçar, hoje chamada Ujung Padang (Barraclough, 1995). Os resultados deste trabalho corroboram esta hipótese. Além disso, como todas as acessos tradicionais nigerianas ficaram agrupadas (haplótipo 1), bem como a cultivar de Burkina Faso, possivelmente centro de diversidade de *V. unguiculata* compreende uma região que está além das fronteiras nigerianas.

Feleke et al. (2006) encontraram a perda do sítio de *BamHI* (haplótipo 1) em todos os 54 acessos domesticados de *V. unguiculata* coletados em Argélia, Camarões, Califórnia, Egito, Etiópia, Índia, Laos, Paquistão, Burkina Faso, Congo, Nova Caledônia, Filipinas, Uganda e Colômbia. O haplótipo 1 também é encontrado em acessos selvagens coletados em Botsuana, Camarões, República Centro-Africana, Congo, Gana, Guiné Bisau, Quênia, Malawi, Niger, Nigéria, Senegal, África do Sul e Tanzânia (Feleke et al. 2006). O fato de se encontrar o haplótipo 0 (presença de *BamHI*) nas variedades Tracateua, Costela de vaca, Feijão de corda, Canapum, Quarentinha, Pitombeira, Potomac, José dos Santos e Novato, leva a crer que algumas variedades tradicionais de feijão-caupi cultivadas no Brasil podem ser originadas dos acessos selvagens africanos e não das variedades domesticadas tradicionais.

A montagem do genoma de *Vigna unguiculata*, foi um importante passo para futuros estudos de transformação genética utilizando vetores para cloroplastos. O conhecimento aprofundado das regiões do cloroplasto possibilitará a escolha da melhor região para a inserção de genes, uma vez que a transformação genética por cloroplasto ocorre por recombinação homóloga.

Outras análises filogenéticas poderão ser feitas com a sequência depositada no banco de dados do NCBI, possibilitando assim analisar a origem, distribuição e evolução de outros acessos.



## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Albano, I., **A cultura algodoeira no Ceará**. Conferência Algodoeira, Sociedade Nacional de Agricultura, v.2, p. 168-210, 1916

Barraclough, G., **Atlas da história do mundo da Folha de São Paulo/Times**, 4. Ed. Rev. São Paulo: Folha da Manhã, p. 154-157, 1995

Boxer, C. R., **O Império colonial português (1415 – 1825)**. Lisboa: Edições 70, 406 p., 1981

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Instrução normativa nº12 de 29 de março. Seção 1, p. 11-14, 2008

Cai, Z., Guisinger, M., Kim, H.G., et al., **Extensive reorganization of the plastid genome of *Trifolium subterraneum* (Fabaceae) is associated with numerous repeated sequences and novel DNA insertions**, J Mol Evol, 67 (6), 696–704, 2008

Cavalier-Smith T. **Membrane heredity and early chloroplast evolution**. Trends Plant Sci. 5:174-182, 2000

Chevreur, B., Wetter, T. and Suhai, S **Genome Sequence Assembly Using Trace Signals and Additional Sequence Information. Computer Science and Biology: Proceedings of the German Conference on Bioinformatics (GCB)** pp. 45-56, 1999

Corrêa, M. P., **Dicionário das plantas úteis do Brasil e das exóticas cultivadas**. Imprensa Nacional, v.3, p.70-111, 1952

De Cosa, B., Rajasekaran, K., Smith, F., Sanford, J., Daniell, H., **Overexpression of the *Bt cry2Aa2* operon in chloroplasts leads to formation of insecticidal crystals**, Nat Biotechnol v 19, p. 71-74, 2001

Doyle, J.J., Doyle, J. L., Palmer, J.D., **Multiple independent losses of two genes and one intron from legume chloroplast genomes**, Syst. Bot. 20, p. 272-294, 1995

Ehlers, Jd. & Hall Ae. **Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.)**. Field Crops Research 53, 187-204, 1997

Feleke, Y., Pasquet, R.S., Gepts, P. **Development of PCR-based chloroplast DNA markers that characterize domesticated cowpea (*Vigna unguiculata* ssp. *unguiculata* var. *unguiculata*) and highlight its crop-weed complex**, Pl. Syst. Evol. 262: 75-87, 2006

Fernandez-San Millan, A., Mingo-Castel, A., Miller, M., Daniell H., **A chloroplast transgenic approach to hyper-express and purify human serum albumin, a protein highly susceptible to proteolytic degradation**, Plant Biotechnol J, v.1, p. 71-79, 2003

Freire-Filho, F. R., Lima, J. A. A., Ribeiro, V. Q., **Feijão-Caupi: Avanços Tecnológicos** Embrapa Informação Tecnológica, 2005

Freire-Filho, F. R., Cardoso, M. J., Araújo, A. G. de, **Caupi: nomenclatura científica e nomes vulgares**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 18, n.12, p. 136-137, 1983

Freire-Filho, F. R., **Feijão-caupi no Brasil: produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Embrapa Meio-Norte, 84 p., 2011

Freire-Filho, F. R., **Origem, evolução e domesticação do caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.)**. In: Araújo, J. P. P. de, Watt, E. E. O caupi no Brasil. Embrapa- CNPAF, p. 25-46, 1988

Freitas, L. B., Bered, F. **Genética e evolução vegetal**. Porto Alegre: editora UFRGS, 463 p., 2003

Gantt, J.S., Baldauf, S.L., Calie, P.J., et al, **Transfer of rpl22 to the nucleus greatly preceded its loss from the chloroplast and involved the gain of an intron**, EMBO J. 10 (10), p 3073-3078, 1991

Guo, X., Castillo-Ramirez, S., Gonzalez, V., et al., **Rapid evolutionary change of common bean (*Phaseolus vulgaris* L) plastome, and the genomic diversification of legume chloroplasts**, BMC Genomics, 8, 228, 2007

Jansen, R.K., Wojciechowski, M.F., Sanniyasi, E., et al., **Complete plastid genome sequence of the chickpea (*Cicer arietinum*) and the phylogenetic distribution of rps12 and clpP intron losses among legumes (Leguminosae)**, Mol Phylogenet Evol, 48 (3), 1204 – 17, 2008

Jansen, R.K., Wojciechowski, M.F., Sanniyasi, E., et al., **Complete plastid genome sequence of the chickpea (*Cicer arietinum*) and the phylogenetic distribution of rps12 and clpP intron losses among legumes (Leguminosae)**, Mol Phylogenet Evol, 48 (3),1204–17, 2008

Kato, T., Kaneko, T., Sato, S., Nakamura, Y., Tabata, S., **Complete Structure of the Chloroplast Genome of a Legume, *Lotus japonicas*** DNA RESEARCH 7, 323-330, 2000

Krutman, S., Vital, A. F., Bastos, E. G., **Variedades de feijão macáçar "*Vigna sinensis*": características e reconhecimento**. IPEANE, 46p, 1968



Lee, H. L., Jansen, R. K., Chumley, T. W., Kim, K. J. **Gene relocations within Chloroplast Genome of *Jasminum* and *Menodora* (Oleaceae) Are Due to Multiple, Overlapping Inversions** Mol. Biol. Evol 24(5):1161-1180, 2007

Magee, A.M., Aspinall, S., Rice, D.W., Cusack, B.P., Sémon, M., Perry, A.S., Stefanovic, S., Milbourne, D., Barth, S., Palmer, J.D., Gray, J.C., Kavanagh, T.A., Wolfe, K.H. **Localized hypermutation and associated gene losses in legume chloroplast genomes.** Genome Res 20:1700–1710, 2010

Maier, R.M., Neckermann, K., Igloi, G.L., et al., **Complete sequence of the maize chloroplast genome: gene content, hotspots of divergence and fine tuning of genetic information by transcript editing,** J Mol Biol, 251 (5), 614 – 28, 1995

Maréchal, R.; Mascherpa, J. M; Stainier, F. **Étude taxonomique d'un groupe complexe d'espèces de genres *Phaseolus* et *Vigna* (Papilionaceae) sur la base de données morphologiques et polliniques, traitées par l'analyse informatique.** Boissiera, n.28, p.1-273, 1978.

Millen, R.S., Olmstead, R.G., Adams, K.L., et al., **Many parallel losses of *infA* from chloroplast DNA during angiosperm evolution with multiple independent transfers to the nucleus,** Plant Cell, 13 (3), 645 – 58, 2001

Ng, N. Q.; Maréchal, R. **Cowpea taxonomy, origin germ plasm.** In: **SINCH, S. R; RACHIE, K. O., eds. Cowpea research, production and utilization.** Chichester, John Wiley,. p.11-21, 1985

Padulosi, S.; Ng N. Q. **Origin taxonomy, and morphology of *Vigna unguiculata* (L.) Walp.** In: **SINGH, B .B.; MOHAN, R.; DASHIELL, K. E; JACKAI, L. E. N., eds. Advances in Cowpea Research.** Tsukuba; IITA JIRCAS,. p.1-12, 1997

Palmer, J. D. **Plastid chromosomes: Structure and evolution.** In “**The Molecular Biology of Plastids. Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants**” (R. G. Hermann, ed.), Springer–Verlag, Vienna 7A, pp. 5–53, 1991.

Palmer, J.D. & Stein D. B., Conservation of chloroplast genome structure among vascular plants. Curr. Genet. 10:823-833, 1986

Palmer, J.D., Osorio, B. and Thompson, W.F., **Evolutionary significance of inversions in legume chloroplast DNAs,** Curr Genet, 14, 65–74, 1988

Palmer, J.D., Osorio, B., Aldrich, J., et al., **Chloroplast DNA evolution among legumes:**

**loss of a large inverted repeat occurred prior to other sequence rearrangements**, *Curr Genet*, 11, 275 – 86, 1987

Petit, R.J. et al. **Glacial refugia: hotspots but not melting pots of genetic diversity**. *Science* 300, 1563–1565, 2003

Petit, R.J., Duminil, J., Fineschi, S., Hampe, A., Salvini, D., Vendramin, G.G., **Comparative organization of chloroplast, mitochondrial and nuclear diversity in plant populations**. *Mol. Ecol.* 14, 689–701, 2005

Raubeson, L. A., and Jansen, R. K., **Chloroplast genomes of plants**. In “**Plant Diversity and Evolution: Genotypic and Phenotypic Variation in Higher Plants**” (R. J. Henry, ed.), pp.45–68. CAB International, Wallingford, UK, 2005

Raven, P.; Evert, R. F. & Eichhorn, S. E. **Biologia Vegetal**. Editora Guanabara-Koogan, Rio de Janeiro, RJ. 6ª Edição. 906p. 2001

Saski, C., Lee, S.B., Daniell, H., Wood, T. C., Tomkins J, Kim H.G., Jansen R. K., **Complete chloroplast genome sequence of *Glycine max* and comparative analyses with other legume genomes**. *Plant Molecular Biology* 59:309–322, 2005

Spielmann, A., Roux, E., von Allmen, J. M., et al, **The soybean chloroplast genome: complete sequence of the rps19 gene, including flanking parts containing exon 2 of rpl2 (upstream), but rpl22 (downstream)**, *Nucleic Acids Res*, 16 (3), p 1199, 1988

Steane, D.A., **Complete nucleotide sequence of the chloroplast genome from the Tasmanian blue gum, *Eucalyptus globulus* (Myrtaceae)**, *DNA Res*, 12 (3), p. 215-220, 2005

Steele, W. M, Mehra, K. L., **Structure, evolution and adaptation to farming system and inveronment in *Vigna*** *Advances in legume science*, Royal Botanic Gardens, p.459-468, 1980

Taiz, L.; Zeiger, E. **Fisiologia vegetal** . Artmed 3ª ed., 2004

Tangphatsornruang, S., Sangsrakru, D., Chanprasert, J., Uthaipaisanwong, P., Yoocha, T., Jomchai, N., Tragoonrung, S. **The chloroplast genome sequence of Mungbean (*Vigna radiata*) determined by high-throughput pyrosequencing: structural organization and phylogenetic relationships**, *DNA research*, pp.1-12, 2009

Vaillancourt, R.E., Weeden, N. F., **Chloroplast dna polymorphism suggests Nigerian center of domestication for the cowpea, *Vigna unguiculata* (Leguminosae)** American Journal of Botany 79 (10), 1194-1199, 1992

Verdcourt, B. **Studies in the Leguminosae - Papilionoidea for the flora of tropical East Africa.** IV. Kew Bulletin, v.24, p.597-569, 1970.

Wojciechowski, M.F., Lavin, M. and Sanderson, M.J., **A phylogeny of legume (Leguminosae) based on analysis of the plastid matK gene resolves many well-supported subclades within the family**, Am J Bot, 91, 1846 – 62, 2004

Wyaman, S. K., Jansen, R. K., Boore, J. L., **Automatic annotation of organellar genomes with DOGMA.** Bioinformatics 20(17): 3252-3255, 2004

Young, N. D., et al, **The Medicago genome provides insight into the evolution of rhizobial symbioses**, Nature 480 (7378) p. 520-524, 2012

## **ANEXOS**

ANEXO1: Relação dos genes presentes no genoma de *Vigna unguiculata*

Categoria	Gene
RNAs ribossômicos	rrn23
	rrn5
	rrn4.5
	rrn16
Subunidade ribossômica menor	rps3
	rps4
	rps14
	rps2
	rps18
	rps12
	rps11
	rps8
	rps19
	rps7
	rps15
Subunidade ribossômica maior	rpl14
	rpl20
	rpl36
	rpl2
	rpl23
	rpl32
	rpl16
Subunidade da RNA-polimerase plastidial	rpoB
	rpoC1
	rpoC2
	rpoA
Subunidade da NADH-desidrogenase	ndhC
	ndhK
	ndhJ
	ndhF
	ndhD
	ndhE
	ndhG
	ndhI
	ndhA
	ndhH
	ndhB
Fotossistema I	psaA
	psaB
	psaI
	psaJ
	psaC
Fotossistema II	psbA
	psbZ
	psbC
	psbD
	psbM
	psbI
	psbK
psbJ	

Categoria	Gene
	psbL
	psbF
	psbE
	psbT
	psbN
Rubisco	rbcL
Citocromob <sub>6</sub> f	petN
	petA
	petL
	petG
	petB
	petD
ATP-sintase	atpB
	atpE
	atpI
	atpH
	atpF
	atpA
Acetyl-CoA	accD
Maturase	matK
Protease	clpP
Proteína de membrana envoltória	cemA
Citocromo C proteína heme de ligação	ccsA
Ycf's/ORFs	ycf3
	ycf2
	ycf1
	orf42

Anexo 2. RNAs transportadores de *Vigna unguiculata*

tRNA	Cópias	Aminoácido
trnA	2	Alanina
trnR	3	Arginina
trnN	2	Asparagina
trnD	1	Aspartato
trnC	1	Cisteína
trnF	1	Fenilalanina
trnG	1	Glicina
trnE	1	Glutamato
trnQ	1	Glutamina
trnH	1	Histidina
trnI	4	Isoleucina
trnL	4	Leucina
trnK	1	Lisina
trnM	3	Metionina
trnP	2	Prolina
trnS	2	Serina
trnY	1	Tirosina
trnT	3	Treonina
trnW	1	Triptofano
trnV	5	Valina

ANEXO 3. Submissão da sequencia completa do cloroplasto de *Vigna unguiculata*

LOCUS JQ755301 152415 bp DNA circular PLN 20-MAY-2012

DEFINITION *Vigna unguiculata* chloroplast, complete genome.

ACCESSION JQ755301

VERSION JQ755301.1 GI:387598444

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Vigna unguiculata* (cowpea)

ORGANISM [Vigna unguiculata](#)  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicotyledons;  
rosids; fabids; Fabales; Fabaceae; Papilionoideae; Phaseoleae; Vigna.

REFERENCE 1 (bases 1 to 152415)  
AUTHORS Aragao, F.J.L. and Mota, A.P.Z.  
TITLE Direct Submission  
JOURNAL Submitted (07-MAR-2012) Embrapa Recursos Geneticos e Biotecnologia,  
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria (Embrapa), PqEB W5 Norte, Brasilia, DF 70770-917, Brazil

COMMENT ##Assembly-Data-START##  
Assembly Method :: MIRA v. 3  
Sequencing Technology :: 454  
##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..152415  
/organism="*Vigna unguiculata*"  
/organelle="plastid:chloroplast"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/db\_xref="taxon:[3917](#)"

gene complement(join(95377..96163,69627..69740))  
/gene="rps12"  
/trans\_splicing

CDS  
complement(join(95377..95400,95933..96163,69627..69740))  
/gene="rps12"  
/trans\_splicing  
/codon\_start=1  
/transl\_table=[11](#)  
/product="ribosomal protein S12"  
/protein\_id="[AFJ91837.1](#)"  
/db\_xref="GI:387598445"

/translation="MPTMKQLIRNTRQPIRNVTKSPALRGCPQRRGTCTRVYTITPKK  
PNSALRKVARVRLTSGFEITAYIPGIGHNLQEHSSVVLVRGGRVKDLPGVRYHIVRGTL  
DAVGVKDRQQGRSYGAKKPK"

gene 1..651  
/gene="rps3"

CDS 1..651  
/gene="rps3"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=[11](#)  
/product="ribosomal protein S3"



```

        /protein_id="AFJ91839.1"
        /db_xref="GI:387598447"

/translation="MGQKINPLGFRLGTTQSHDSIWFAQPTKYSENIQEDKKIRDWIK
NFIQKNRRISSGVEGIGEIKIQKRIDLIVIIYMGFPKLLIEGKPKIEELQTNMHKK
LNCVNRKLNIAIVKVTNAYKHPNILAEFIAGQLKNRVSFRKAMKKAIELTEQAGTKGV
QVQIAGRIDGKEIARVEWIREGRVPLQTIRAKIEYCCYTVRTIYGVLGKIKVWIFSK"
    gene            815..2236
                   /gene="rpl16"
    CDS             join(815..823,1835..2236)
                   /gene="rpl16"
                   /codon_start=1
                   /transl_table=11
                   /product="ribosomal protein L16"
                   /protein_id="AFJ91840.1"
                   /db_xref="GI:387598448"

/translation="MLSNPQRTRFRKQHRGRMGKISYRGNNICFGRYALQALEPAWIT
SRQIEAGRGRAMSRNVRRGGQIWWRIFPDKPVTVRPTETRMGSGKGFPEYWVAVVKPGK
ILYEMGGVPENIARKAISIASKMPIRTQFIISG"
    exon           815..823
                   /gene="rpl16"
                   /number=1
    exon           1835..2233
                   /gene="rpl16"
                   /number=2
    gene           2361..2729
                   /gene="rpl14"
    CDS           2361..2729
                   /gene="rpl14"
                   /codon_start=1
                   /transl_table=11
                   /product="ribosomal protein L14"
                   /protein_id="AFJ91841.1"
                   /db_xref="GI:387598449"

/translation="MIQPQTHLNVADNSGARELMCIRILGASNRRYAYIGDIVVAVIK
QAVPNTNLEKSEVIRAVIVRTCKQLKRSNGIIQYDDNAAVIIDQEGNPKGTRIFCAI
ARELRQLNFTKIVSLAPEVL"
    gene           complement(2927..3001)
                   /gene="trnH-GUG"
    tRNA           complement(2927..3001)
                   /gene="trnH-GUG"
                   /product="tRNA-His"
                   /note="anticodon:GUG"
    gene           complement(3247..4308)
                   /gene="psbA"
    CDS           complement(3247..4308)
                   /gene="psbA"
                   /codon_start=1
                   /transl_table=11
                   /product="photosystem II protein D1"
                   /protein_id="AFJ91842.1"

```

```

/db_xref="GI:387598450"

/translation="MTAILERRESESLWGRFCNWITSTENRLYIGWFGVLMIPTLLTA
TSVFIIAFIAAPPVDIDGIREPVSGLLYGNNIISGAI IPTSAAIGLHFYPIWEAASV
DEWLYNGGPYELIVLHFLLGVACYMGREWELSFRLGMRPWIAVAYSAPVAAATAVFLI
YPIGQGSFSDGMPLGISGTFNFMIVFQAEHNILMHPFHMLGVAGVFGGSLFSAMHGSL
VTSSLIRETTENESANEGYRFGQEEETYNIVA AHGYFGRLIFQYASFNNSRSLHFFLA
AWPVVGIWFTALGISTMAFNLNGFNFNQSVVDSQGRVINTWADI INRANLGMEVMHER
NAHNFPLDLAAMEAPSVNG"
  gene      complement (4602..7235)
           /gene="trnK-UUU"
  tRNA      complement (join (4602..4636, 7199..7235))
           /gene="trnK-UUU"
           /product="tRNA-Lys"
           /note="anticodon:UUU"
  gene      complement (4972..6486)
           /gene="matK"
  CDS       complement (4972..6486)
           /gene="matK"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="maturase K"
           /protein_id="AFJ91843.1"
           /db_xref="GI:387598451"

/translation="MEQYKAYLELHRSRYQDILYPLFFRESIYGLAYRHEYFFIENVD
YNNNFSL LIVKRLSTRMYQQTHFILFVNDSKKNTFVGYNYHFFSQIILEGFGIVVEIL
FSLQLFSSSLRGL EIVKSYKNFQSIHSIFPFFEDQLIYLNHKSDIRIPYPIHLEILVQ
ILRYSIKDVSFFHLIRLFFYYYYNWNLSLFPKKWIFTFFSKRNRRIFFLYNLYVWEY
ESIFLFLRNKSSQLQLKHFVFFERIFFYEKIKHLVEVSTKNCSYTFFFFKDTFIHYV
RYQKSILVLKNTPF LINKWKYFYIYLWQCHFDIWAGLETIYINELSQYSFHFLGYFL
SIPLNLSVVR SQMLQNSFLIKIVIKKLDTIVPIIPLMRSLAKTKFCNVMGHPISKPVW
ANLSDFDIIDRFLRICRNFSHYNGSAKKKSFYQIKYILRFSCIKT LARKHKSTVRIY
LKKLSSEKLLQEFFTEEDLFSLIFPRTSFTLRRFYRGRIWYLDILFRNDFVNYL"
  gene      complement (8191..9618)
           /gene="rbcL"
  CDS       complement (8191..9618)
           /gene="rbcL"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="ribulose 1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase
           large subunit"
           /protein_id="AFJ91844.1"
           /db_xref="GI:387598452"

```

```

/translation="MSPQTETKASVGFKAGVKDYKLNYYTPEYETKDTDILAAFRVTP
QPGVPEEAGAAVAEAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEPVAGEENQYIAYVA
YPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPPHGIQVERD
KLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFRWRDRF
LFCAEAIFKSQAETGEIKGHYLNATAGTCEEMMKRAVFARELGVP IVMHDYLTGGFTA
NTSLAHYCRDNGLLLHIHRAMHAVIDRQKNHGMHFRVLAKALRLSGGDHVVHSGTVVVGK
LEGERDITLGFVDLLRDDFVEKDRSRGIYFTQDWVSLPGVLPVASGGIHWHPALTE
IFGDDSVLQFGGGTLGHPWGNAPGAVANRVALEACVKARNEGRDLAREGNEI IREASK
WSPELAAACEVWKEIKFEFEAMDTI"
  gene      10398..11894
            /gene="atpB"
  CDS      10398..11894
            /gene="atpB"
            /codon_start=1
            /transl_table=11
            /product="ATP synthase CF1 beta subunit"
            /protein_id="AFJ91845.1"
            /db_xref="GI:387598453"

```

```

/translation="MRINPPTSGPEVSSIEKKNLGHIDQIIGPVLDVAFPPGKMPNIY
NALVVKGRDTVGGQINVTCEVQQLLGNRVRVAVAMSATDGLMRGMQVIDTGTPLSVPV
GGATLGRIFNVLGEPIDNLGPVDTRTTSPIHRSAPTFIQLDTKLSIFETGIKVVDLLA
PYRRGGKIGLFGGAGVGKTVLIMELINNIKAHGGVSVFVGGVGERETREGNDLYMEMKE
SGVINEQNIAESKVALVYGQMNEPPGARMRVGLTALTMAEYFRDVNEQDVLLFIDNIF
RFVQAGSEVSALLGRMPSAVGYQPTLSTEMGSLQERITSTKEGSITSIQAVYVPADDL
TDPAPATTFALHDATTVLSRGLAAKGIYPAVDPLDSTSTMLQPRIVGEEHYETAQRVK
QTLQRYKELQDIIAILGLDELSEEDRLTVARARKIERFLSQPFFVAEVFTGSAGKYVG
LVETIRGFNLILSGELDGLPEQAFYLVGNIDEATAKATNLETESNLKK"
  gene      11891..12292
            /gene="atpE"
  CDS      11891..12292
            /gene="atpE"
            /codon_start=1
            /transl_table=11
            /product="ATP synthase CF1 epsilon subunit"
            /protein_id="AFJ91846.1"
            /db_xref="GI:387598454"

```

```

/translation="MTLNLCVLTPNRIVWDSEVKEIILPTNSGQIGVLPNHAPIASAV
DIGILRIRLKDQWLTMALMGGFARINNNEITVLVNDAEKGSIDDPQEAQQTLEIAETN
LNKAEGKRQTEANLALRRARTRVEAINVIS"
  gene      complement(12426..12497)

```

```

tRNA      /gene="trnM-CAU"
          complement (12426..12497)
          /gene="trnM-CAU"
          /product="tRNA-Met"
          /note="anticodon:CAU"
gene      complement (12433..12491)
          /gene="trnT-GGU"
tRNA      complement (12433..12491)
          /gene="trnT-GGU"
          /product="tRNA-Thr"
          /note="anticodon:GGU"
gene      12675..13346
          /gene="trnV-UAC"
tRNA      join (12675..12712,13310..13346)
          /gene="trnV-UAC"
          /product="tRNA-Val"
          /note="anticodon:UAC"
gene      13576..13938
          /gene="ndhC"
CDS       13576..13938
          /gene="ndhC"
          /codon_start=1
          /transl_table=11
          /product="NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit
3"
          /protein_id="AFJ91847.1"
          /db_xref="GI:387598455"

/translation="MFLLYEYDIFWAFLIISLIPILAFLISGILAPISKGPEKLSSY
ESGIEPIGDAWLQFRIRYYMFALIFVVFVDFVETVFLYPWAMSFVLDVGVSVFLEAFLEFVL
ILIVGSVYAWRKGALEWS"
gene      13983..14621
          /gene="ndhK"
CDS       13983..14621
          /gene="ndhK"
          /codon_start=1
          /transl_table=11
          /product="NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit
K"
          /protein_id="AFJ91848.1"
          /db_xref="GI:387598456"

/translation="MNSIEFPLLDQTTQNSVISTTLNDFSNWSRLSSLWPLLYGTSCC
FIEFASLIGSRFDFDRYGLVPRSSPRQADLILTAGTVTMKMAPSLVRLYEQMPEPKYV
IAMGACTITGGMFSTDSYSTVIRGVDKLIIPVDVYLPGCCPKPEAIIIDAITKLRKKISRE
IYEDPMSFQRENRCFTTNHFKHVGYSTYTGNYGQEFFYQPPSTSEISSDTFF"
gene      14724..15200
          /gene="ndhJ"
CDS       14724..15200
          /gene="ndhJ"
          /codon_start=1
          /transl_table=11
          /product="NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit
J"
          /protein_id="AFJ91849.1"

```

```

/db_xref="GI:387598457"

/translation="MQGRLSSWLVKHGLIHRSLGFDYLGIEITLQIKPEDWHSIAVILY
VYGYNYLRSQCAYDVAPGGLLASVYHFTRIEYGINQPEEVCIKIFVSRKNPRIPISEFW
VWKSADFQEKESYDMLGISYDHPRLRRILMPENWIGWPLRKDYIAPNFYEIQDAH"
  gene      complement (15713..15785)
            /gene="trnF-GAA"
  tRNA      complement (15713..15785)
            /gene="trnF-GAA"
            /product="tRNA-Phe"
            /note="anticodon:GAA"
  gene      complement (16192..16781)
            /gene="trnL-UAA"
  tRNA      complement (join (16192..16241,16745..16781))
            /gene="trnL-UAA"
            /product="tRNA-Leu"
            /note="anticodon:UAA"
  gene      17635..17707
            /gene="trnT-UGU"
  tRNA      17635..17707
            /gene="trnT-UGU"
            /product="tRNA-Thr"
            /note="anticodon:UGU"
  gene      17982..18587
            /gene="rps4"
  CDS       17982..18587
            /gene="rps4"
            /codon_start=1
            /transl_table=11
            /product="ribosomal protein S4"
            /protein_id="AFJ91850.1"
            /db_xref="GI:387598458"

/translation="MSRYRGPRFKKIRRLGYLPGLTSKRPTVKNEFRNQLRFSKKSQY
RIRLEEKQKLRPHYGLTERQLLKYVRISGKAKGSTGQVLLQLLEMRLDNILFRLGMAA
TIPQARQFINHRHVLVNGRIVDIPSYRCKPQDIITAKDEQKSKTLIQNYLDSAPHEKL
PNHLTVPFPQYKGLINQIIDNKWVGLKINELLVVEYYSRQT"
  gene      complement (18806..18893)
            /gene="trnS-GGA"
  tRNA      complement (18806..18893)
            /gene="trnS-GGA"
            /product="tRNA-Ser"
            /note="anticodon:GGA"
  gene      19150..21125
            /gene="ycf3"
  CDS       join (19150..19278,19949..20176,20973..21125)
            /gene="ycf3"
            /codon_start=1
            /transl_table=11
            /product="hypothetical chloroplast RF34"
            /protein_id="AFJ91851.1"
            /db_xref="GI:387598459"

/translation="MPPSRINENFIDKTFISIVANILLRIIPTTSGEKRAFTYYRDGVM

```

SAQSEGNIAEALQNYEAMRLEIDPYDRSYILYNIGLIHTSNGEHTKALEYYFRALER

NPFLPQAFNNMAVICHYRGEQAIRQGDSEVAESWFNQAAEYWKQAIALTPGNYIAAQN

```
WLKITGRFE"  
exon      19150..19278  
          /gene="ycf3"  
          /number=1  
exon      19949..20176  
          /gene="ycf3"  
          /number=2  
exon      20973..21122  
          /gene="ycf3"  
          /number=3  
gene      21857..24109  
          /gene="psaA"  
CDS       21857..24109  
          /gene="psaA"  
          /codon_start=1  
          /transl_table=11  
          /product="photosystem I P700 apoprotein A1"  
          /protein_id="AFJ91852.1"  
          /db_xref="GI:387598460"
```

/translation="MIIRSPEPEVKILVDRDPIKTSFEEWAKPGHFSRTIAKGPDTT

WIWNLHADAHDFDSHTNDLEEISRKVFSAHFGQLSIIIFLWLSGMYFHGARFSNYEAWL

SDPTHIRPSAQVWPIVQGEILNGDVGGGFRGIQITSGFFQIWRASGITNELQLYCTA

IGALVFAALMLFAGWFHYHKAAPKLAWFQDVESMLNHHLTGLLGLGSLSWAGHQIHVS

LPINQFLNAAVDPKEIPLPHEFILNRDLLAQLYPSFSEGATPFFTLNWSKYGEFLTFR

GGLDPVTGGLWLTDIIHHHLAIAILFLIAGHMYRTNWGIGHNIKDILEAHKGPFTGQG

HKGIYEILTTSWHAQLSINLAMLGSLTIVVAHHMYSMPYPYLATDYGTQLSLFTHHM

WIGGFLIVGAAAHAAIFMVRDYDPTIRYNDLLDRVLRHRDSIISHLNWVCIFLGFHSF

GLYIHNDTMSALGRPQDMFSDTAIQLOPIFAQWIQNTHALAPGTTAPGAATSTSLTWG

GENLVAVGGKVALLPIPLGTADFLVHHIHAFTIHVTVLILLKGVLFARSSRLIPDKAN

LGFRFPDGPGRGGTCQVSAWDHVFLGLFWMYNSISVVIFHFSWKMQSDVWGSISDQG

IVTHITGGNFAQSSITINGWLRDFLWAQASQVIQSYGSSLSAYGLFFLGAHFVWAFSL

MFLFSGRGYWQELIESIVWAHNKLVAPATQPRALSIVQGRAVGVTHYLLGGIATTWA

```
FFLARIIVG"  
gene      24135..26339  
          /gene="psaB"  
CDS       24135..26339  
          /gene="psaB"  
          /codon_start=1  
          /transl_table=11  
          /product="photosystem I P700 apoprotein A2"  
          /protein_id="AFJ91853.1"
```

/db\_xref="GI:387598461"

/translation="MALRFPSFSQGLAQDPTTRRIWFGIATAHDFESHDDITEERLYQ  
NIFASHFGQLAIIFLWTSGNLFHVAVQGNFETWVQDPLHVRPIAHAIWDPHFGQPAVE  
AFTRGGALGPVNIAYSGVYQWWTIGLRTNGDLYTGAIIFLLILSIISLIAGWLHLQPK  
WKPSVSWFKNAESRLNHHLSGLFGVSSLAWTGHLVHVAIPGSRGESVRWNNLLDILPH  
PEGLGPFFFTQQWNLQAQNPDSNNHIFGTPQGAGTAILTLLGGFHPQTQSLWLTDIAHH  
HLAIAFIFLVAGHMYRTNFGIGHSIKDLLEAHTPPGGRLGRGHKGLYDTINNSIHFQL  
GLALASLGVITSLVAQHMYSLPAYAFIAQDFTTQAALYTHHQYIAGFIMTGAFAGAI  
FFIRDYNPEQNQDNVLRMLDHKEAII SHLSWASLFLGFHTLGLYVHNDVMLAFGTPE  
KQILIEPIFAQWIQSAHGKTSYGF DILLSSSTNSPAFNAGRSIWLPGWLNAV NENSNSL  
FLTIGPGDFLVHHAIALGLHTTTLILVKGALDARGSKLMPDKKDFGYSFPCDGPGRGG  
TCDISAWDAFYLA VFWMLNTIGWVTFYWHWKHITLWQGNISQFNESSTYLMGWLRDYL

WLNSSQLINGYNPFGMNSLSVWAWMFLFGHLVWATGFMFLISWRGYWQELIETLAWAH  
ERTPLANLIRWRDKPVALSIVQARLVGLAHFVSVGYIFTYAAFLIASTSGKFG"  
gene 26460..26762  
/gene="rps14"  
CDS 26460..26762  
/gene="rps14"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="ribosomal protein S14"  
/protein\_id="AFJ91854.1"  
/db\_xref="GI:387598462"

/translation="MARKSVIQREKKRQKLEQKYHLIRRSSKKEISKVPSLSEKWEIH

GKLES LPRNSAPIRLHRRCFSTGRPRANYRDFGLSGHILREM VHACFLPGATRSSW"  
gene 26915..26988  
/gene="trnFM-CAU"  
tRNA 26915..26988  
/gene="trnFM-CAU"  
/product="tRNA-Met"  
gene complement(27082..27152)  
/gene="trnG-UCC"  
tRNA complement(27082..27152)  
/gene="trnG-UCC"  
/product="tRNA-Gly"  
/note="anticodon:UCC"  
gene complement(27817..28005)  
/gene="psbZ"  
CDS complement(27817..28005)  
/gene="psbZ"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="photosystem II protein Z"  
/protein\_id="AFJ91855.1"

```

/db_xref="GI:387598463"

/translation="MTIAFQLAVFALIAISFILLISVPVVFASPEGWSNKNVLFSGT
SLWIGLVFLVGLNSLIS"
  gene      complement (28654..30075)
           /gene="psbC"
  CDS      complement (28654..30075)
           /gene="psbC"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="photosystem II CP43 chlorophyll apoprotein"
           /protein_id="AFJ91856.1"
           /db_xref="GI:387598464"

/translation="MKTLYSLRRFYHVETLFNGLTALTRDQETTGFVWAGNARLIN
LSGKLLGAHVAHAGLIVFWAGAMNLFVVAHFVPEKPMYEQGLILLPHLATLGWGVGPG
GEVIDTFPPYFVSGVLHLISSAVLGFGGIYHALLGPETLEESFPFFGYVWKDRNKMTTI
LGIHLILLGIGAFLLVFKALYFGGIYDTWAPGGDVRKITNLTLSPSILFGYLLKSPF
GGEGWIVSVDDLEDIIIGGHVWLGSICILGGIWHILTKPFAWARRALVWSGEAYLSYSL
GALSVFGFIACCFVWFNNTAYPSEFYGPTGPEASQAQAFVFLVRDQRLGANVGSQAQGP
TGLGKYLMSRPTGEVIFGGETMRFWDLRAPWLEPLRGPNGLDLSRLKKDIQPWQERRS
AEYMTAPLGLNSVGGVATEINAVNYVSPRSWLATSHFVLGFFLVGHWHAGRARA
AAAGFEKIDRDFEPVLSMTPLN"
  gene      complement (30023..31084)
           /gene="psbD"
  CDS      complement (30023..31084)
           /gene="psbD"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="photosystem II protein D2"
           /protein_id="AFJ91857.1"
           /db_xref="GI:387598465"

/translation="MTIALGKFTKDENDLFDIMDDWLRDRFVFGWSGLLLFPCAYF
ALGGWFTGTTFTVTSWYTHGLASSYLEGCNFLTAAVSTPANS LAHSLLLLWGPEAQGDF
TRWCQLGGLWTFVALHGAFGLIGFMLRQFELARSVQLRPYNAIAFSGPIAVFVSVFLI
YPLGQSGWFFAPSGVAAIFRFILFFQGFHNWTLNPFHMMGVAGVLGAALLCAIHGAT
VENTLFEDGDGANTFRAFNPQAEETYSMVTANRFWSQIFGVAFSNKRWLHFFMLFVP
VTGLWMSALGVVGLALNLRAYDFVSQEIIRAAEDPEFETFYTKNILLNEGIRAWMAAQD
QPHENLIFPEEVLPRGNAL"
  gene      complement (32248..32319)
           /gene="trnT-GGU"
  tRNA     complement (32248..32319)
           /gene="trnT-GGU"
           /product="tRNA-Thr"
           /note="anticodon:GGU"

```



gene complement (32255..32313)  
 /gene="trnM-CAU"  
 tRNA complement (32255..32313)  
 /gene="trnM-CAU"  
 /product="tRNA-Met"  
 /note="anticodon:CAU"  
 gene 33073..33145  
 /gene="trnE-UUC"  
 tRNA 33073..33145  
 /gene="trnE-UUC"  
 /product="tRNA-Glu"  
 /note="anticodon:UUC"  
 gene 33214..33297  
 /gene="trnY-GUA"  
 tRNA 33214..33297  
 /gene="trnY-GUA"  
 /product="tRNA-Tyr"  
 /note="anticodon:GUA"  
 gene 33748..33821  
 /gene="trnD-GUC"  
 tRNA 33748..33821  
 /gene="trnD-GUC"  
 /product="tRNA-Asp"  
 /note="anticodon:GUC"  
 gene 34210..34314  
 /gene="psbM"  
 CDS 34210..34314  
 /gene="psbM"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="photosystem II protein M"  
 /protein\_id="[AFJ91858.1](#)"  
 /db\_xref="GI:387598466"  
 /translation="MEVNILAFIATALFILVPTAFLLIIVKTVSKSD"  
 gene complement (34914..35003)  
 /gene="petN"  
 CDS complement (34914..35003)  
 /gene="petN"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="cytochrome b6/f complex subunit VIII"  
 /protein\_id="[AFJ91859.1](#)"  
 /db\_xref="GI:387598467"  
 /translation="MDIVSIAWAALMVVFSFSLSLVWGRSGL"  
 gene complement (35989..36068)  
 /gene="trnC-GCA"  
 tRNA complement (35989..36068)  
 /gene="trnC-GCA"  
 /product="tRNA-Cys"  
 /note="anticodon:GCA"  
 gene 37102..40314  
 /gene="rpoB"  
 CDS 37102..40314  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="[AFJ91860.1](#)"

/db\_xref="GI:387598468"

```
/translation="MLGSGNEEMSTLPGLNLIQFEGFCRFIDRGLTEGLFKFKIEDT
DQEIEFQLFAETYQLLEPLINEKDAVYESLTYSAEELYISAGLIWKSSRDIQKQTI FVG
NIPLMNSLGT SIVNGIYRIVINQILQSPGIYYRSELDPNGIPVYTGTIISDWGGRLEL
EIDKKARIWARVSRKQKISILVLSSAMGNSLSEILENVCYPEIFVSFLNDKDKKKIGS
KENAILEFYRQFACVGGDPVFSESLWKELQKKFFQQRCELGKIGRRNINQKLNLDIPQ
NNTFLLPRDILTAADHLIGMKFGMALDDINHLKKNKIRSVADLLQDQFGLALVRLN
MVRGTICGAIRHKLIPTPQNLVTSTPLTTTYESFFGLHPLSQVLDQTNPLTEIVHGRK
LSYLGPGGLTGRTASFRIRDIHPSHYGRICPIDTSEGINVGLIGSLAIHARIGIWGAI
ESPFFEISERSKRIRMLYLSPNIDEYYRVATGNSLALTRDIQEEQIVPARYRQEFLLTI
AWEQVHLRSIYPFQYFSIGASLIPFIEHNDANRALMSSNMQRQAVPLSESEKCI VGTG
LECQVALDSGVSAIAEHEGNIVYTDTRIFLFGNGDTLSIPLTIYQRSNKNTCMHQKP
QVHRGKCIKKGQILADGAATVGGELALGKNVLVAYMPWEGYNSEDAVLISERLVYEDI
FTSFHIRKYEIQTHMTSYGSERITNKIPHLEAKLLRNLDKNGIVILGSWVETGDVLVG
KLTPQMAKESSYSPEDRLLRAILGIQVSTSKETCLKLPIGGRGRVIDVRWIQKKGSS
YNPETIRISILQKREIKVGDVAGRHNKGIVSKILSRQDMPYLQDGGPVDMVFNPLG
VPSRMNVGQIFECSLGLSGMLDRHYRITPFDERYEQEASRKLVFSELYEASKQTSNP
WIFEPEYPGKSKIFDGRGTNSFKQPALMGKTYILKLIHQVDDKIHGRSSGHYALVTQQ
PLRGRAKQGGQRVGEMEVWALEGFGVAHILQEMLTYKSDHIQTRQEVLGTTIIGGTIP
KPTDAPESFRLLVRELRLSLAMELNHFLLISEKNFRIDRKEA"
gene 40341..43223
      /gene="rpoC1"
CDS   join(40341..40775,41604..43223)
      /gene="rpoC1"
      /codon_start=1
      /transl_table=11
      /product="RNA polymerase beta"
      /protein_id="AFJ91861.1"
      /db_xref="GI:387598469"
```

```
/translation="MIDQYKHQQLRIGSVSPQQISAWAKRILPNGEIVGEVKKPYTFH
YKTNKPEKDGLFCERIFGPIKSGICACGNRYRVIDKKDDPKFCEQCGVEFIDSRI RRY
QMGYIKLACVVTHAWYLRKLP SYIANLLDKPLKELESIVYGDVVSFARPVVKKPTFLRL
RGSFEYEIQSWKHSIPLFFTTTRGFDIFRNREISSGAVAIREQ LADLDLRIIMDYSLIE
WKELGKEGSPDNENEWEDRKVGRKRNFLVRRRIELAKHFIRTNIEPEWMLCLLPVLP P
```

ELRP IIQIDGGKLMSSDINELYRRVIYRNNTLIDLLTTSRSTPGELVICQEKL VQAAV  
DTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDIIEGKEGRFRETLLGKRVDYSGRSV IIVGPSL  
SLHRCGLPGEIAIELFQTFILIRDLIRKHFASNIGIAKSKIRQKEPIVWEILQEVMQGH  
PVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLHPLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQ  
AEARLLMFSHTNLLSPAIAADPISVPTQDMLIGLYILTNGNRRGISSNRYNPRNCRNLK  
NERIPQKNYKYTKKKEPFFWNSYDAIGAYQQKRITFDSPLWLRWRLDLRIISSREVPI  
EVHYESLGTYHEIYGHYLVVRSTKKQIRSIYIRTNVGHISFYREIEEAVQGFCRAYSY

```
GI"  
exon          40341..40775  
              /gene="rpoC1"  
              /number=1  
exon          41604..43220  
              /gene="rpoC1"  
              /number=2  
gene          43432..47547  
              /gene="rpoC2"  
CDS           43432..47547  
              /gene="rpoC2"  
              /codon start=1  
              /transl table=11  
              /product="RNA polymerase beta' subunit"  
              /protein id="AFJ91862.1"  
              /db xref="GI:387598470"
```

/translation="MAERTNLMFHNVIGGTAIKRLISRLIDHFGMAYTSHILDQVKT  
LGFRQATATSISLGIDLLTIPSKGWLVRDAEHQNLILEKQHHYGNVHAVEKLRQSIE  
IWYATSEYFRQEMNPNFRMTDPFNPVHIMSFSGARGNASQVHQLVGMRLMSDPQGQM  
IDLPIQSNLREGLSLTEYIIISCYGARKGVVDTAVRTSDAGYLTRRLVEVVQHIVIRRT  
DCGTIRGISVNTQNETMPRESSWTQTLIGRVLADDIYRGSRCIAIRNQDIGIGLNFRLK  
TFQTQPISIRTPFTCRNTSWICRLCYGQSPTQGHLEVELGEAVGIIAGQSIGEPGTQLT  
LRTFHTGGVFTGGTAEQVRAPYNGKIKFNEDLVHPTRTRRHGHPAFLCYIDLYVSIENG  
DIIHNVTIPPKSFLLVQNNQYVKSEQVIAEILAGTYTFNLKEKVRKRVYS DLEGEMHW  
STDVYHASEFKYSNVHILPKTSHLWILSGKSDRSASVSFSTRKDQQLNIHYLSTGER  
DICNHLASNNKVRHNLFRFTPSEKKERRISDYSKNNQILCKDHCHFTHPAIFHDTTDL  
LAKRRNRNRFIIPFQFQSIQERDKALMLASSISIEIPIHGIFRRNSIFAYFDDPQYRTQ  
SSGITKYRTIDINYIFKKEDFLIEYPGIQEFKTKYQIKVDQFFFIPEEVYILPEFSSI  
MVRNNSIIIEVDTPITVNIQSQVSGLVRLEKKKKKIQLKIFSGNIYFPGEMDKISRHSA  
MLIPPRTVKKNKSGSKKKMKNWIYAQWITIMKKKYFVLVLRPVILYEIADRINLIQFFS

QDMLQERDNLELQIIHYILSGNGKSIRGISNSNTSIQLVVRTCLVLNWDQDKKLSIEK  
 GHASFVELSIKGLVRYFLKMDLGKSHISYIRKRKDP LGSRFILDNESDWTNINPFFFI  
 DPREKVQQSLSQNHGTIHMLLRNEKCRSLIILSSSNCFQIRSFHDGKYNGIKEEIN  
 PIQRDPLIPIQNSLGLGIALQVAHFYFYLLITNNQISINKNGQLDKLKETQVFKYY  
 LIDENEIIYKSDLSSNILLNPFYLNWHFFHHNYCEKKTFFPIISLGQFICENVCIVQTK  
 NEPHLKSGQILTVQMDSVGI R SANPYLATPGTTVHGHYGEILSEG DILVTFIYQKSR S  
 GDITQGLPKVEQVLEVRSIDSISINLEKRVD TWNGRITRILGIPWGFFISAELTIAQS  
 RISLVNQIQKVYRSQGVHIHRHIEIIVRQITSKVLVSE DGMSNVFLPGELIGLLRAE  
 RAGRSLEESICYRVLLLGITKTS LNTQSFISEASFQETARVLSKAALRGRIDWLKGLK  
 ENVVLGGMMPVGTGFKRIIYRSKQRQYNKITPETKKRIYVIHQNNLGFKNS"

gene 47824..48534  
 /gene="rps2"  
 CDS 47824..48534  
 /gene="rps2"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribosomal protein S2"  
 /protein\_id="AFJ91863.1"  
 /db\_xref="GI:387598471"

/translation="MTKRYWNIILEEMMEAGVHFGHGTRKWNPKMSPYISAKRKGIIHI  
 TNLIRTARFLSESCDLVFDAASGGKQFLIVGTKKKAADSVARAAIRARCHYVNKKWLG  
 GMLTNWYTTKTRLQKFRDLRMQQKTGRFHSFPKKDAAILKRQLAQLETYLGGIKYMKG  
 LPDIVIIVDQQEEYTALRECITL EIPTICLIDTNSDPDLADISIPANDDAIASIRLIL  
 NKLVF AICEGRSRYIRNS"

gene 48780..49523  
 /gene="atpI"  
 CDS 48780..49523  
 /gene="atpI"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ATP synthase CF0 subunit IV"  
 /protein\_id="AFJ91864.1"  
 /db\_xref="GI:387598472"

/translation="MNVLLCSINTLKRLYDISAVEVGQHFYQIGGFLVHAQVLITSW  
 VVIAILLVSAILVIRNLQTIPTFGQNLFEYVLEFIRDVSKTQIGEEYGPWVPFIGTLF  
 LFIFVSNWSGALLPWKIIQLPHGELAAPTNDINTTVALALLTSVAYFYAGLSKKGLAY  
 FSKYIQPTPILLPINILEDFTKPLSLSFRLFGNILADELVVVVLSLVPLVVPVPMF  
 LGLFTSGIQALIFATLAAAYIGESIEGHH"

gene 50534..50779  
 /gene="atpH"  
 CDS 50534..50779

```

        /gene="atpH"
        /codon_start=1
        /transl_table=11
        /product="ATP synthase CF0 subunit III"
        /protein_id="AFJ91865.1"
        /db_xref="GI:387598473"

/translation="MNPIISAASVIAAGLAVGLASIGPGVGGTAAGQAVEGIARQPE
        AEGKIRGTLTLLSIAFMEALTIYGLVVALALLFANPFV"
        gene          51192..52447
        /gene="atpF"
        CDS          join(51192..51335,52049..52447)
        /gene="atpF"
        /codon_start=1
        /transl_table=11
        /product="ATP synthase CF0 subunit I"
        /protein_id="AFJ91866.1"
        /db_xref="GI:387598474"

/translation="MKNITDSFLCLGSWPSAGSFVNTDILATNPINLSVVLGLLVFF
        GKGVLRDLLDNRKQKIWRTIRNSEELEQENAIEQLEKAQARLRKVVETEADLFRVNGYSE
        IKREKLNINSIYTTLEQLENYKNEAIDFEQQRVINQVRQVVLQQAALQGALGTLNSCL
        NNELHLRRTVSANIGMFGMMK"
        exon          51192..51335
        /gene="atpF"
        /number=1
        exon          52049..52444
        /gene="atpF"
        /number=2
        gene          52532..54064
        /gene="atpA"
        CDS          52532..54064
        /gene="atpA"
        /codon_start=1
        /transl_table=11
        /product="ATP synthase CF1 alpha subunit"
        /protein_id="AFJ91867.1"
        /db_xref="GI:387598475"

/translation="MVTIRADEISKIIRERIEQYNTEVKIVNTGTVLQVGDGIARIYG
        LDEV MAGELVEFEEGTIGIALNLESKNVGVVLMGDGLLIQEGSSVKATGRIAQIPVSE
        AYLSRVINALAKPIDGRGEISASESRLIESPAPGIISRRSVYEPLQTGLIAIDSMIPI
        GRGQRELIIGDRQTGKTAVATDITLNQQGQNVICVYVAVGQKASSVAQVVTTLQERGA
        MEYTIVVAETADSPATLQYLAPYTGAALAEYFMYRERHTLIYDDLKQAQAYRQMSL
        LLRRPPGREAYPGDVFYLSRLLERAAKLSSQLGEGSMTALPIVETQSGDVSAYIPTN
        VISITDGQIFLSADLFNAGIRPAINVGISVSRVGSAAQIKAMKQVAGKLELAQFAE
        LEAFAQFASDLKATQNQLARGQRLRELLKQSQSAPLTVVEEQIVTIYGTNGYLDLSLE
        IGQVRKFLVELRAYLKTNKPFKEIISSTKTFTGEAEALLKDAIKEQMELFLFQEQVE

```

```

KN"
gene      complement (54236..54307)
          /gene="trnR-UCU"
tRNA      complement (54236..54307)
          /gene="trnR-UCU"
          /product="tRNA-Arg"
          /note="anticodon:UCU"
gene      55886..55972
          /gene="trnS-GCU"
tRNA      55886..55972
          /gene="trnS-GCU"
          /product="tRNA-Ser"
          /note="anticodon:GCU"
gene      complement (56103..56213)
CDS       complement (56103..56213)
          /gene="psbI"
          /codon_start=1
          /transl_table=11
          /product="photosystem II protein I"
          /protein_id="AFJ91868.1"
          /db_xref="GI:387598476"
          /translation="MLTLKLFVYTVVIFVSLFIFGFSLNDPGRNPGREE"
gene      complement (56682..56867)
          /gene="psbK"
CDS       complement (56682..56867)
          /gene="psbK"
          /codon_start=1
          /transl_table=11
          /product="photosystem II protein K"
          /protein_id="AFJ91869.1"
          /db_xref="GI:387598477"

/translacion="MLNIFSWICICIPSVLYSSSFLEKLPEAYAFLNPIVDIMPIIP
LLFFLLAFVWQAAVSFR"
gene      57315..57386
          /gene="trnQ-UUG"
tRNA      57315..57386
          /gene="trnQ-UUG"
          /product="tRNA-Gln"
          /note="anticodon:UUG"
gene      58851..60392
          /gene="accD"
CDS       58851..60392
          /gene="accD"
          /codon_start=1
          /transl_table=11
          /product="acetyl-CoA carboxylase carboxyltransferase
beta
          subunit"
          /protein_id="AFJ91870.1"
          /db_xref="GI:387598478"

/translacion="MEKWWFNSRLLNRKFEYRCELSKSMESLGPIENTSLSEEPKILT
DIDKKIQRWDDRNSSYSNFDYLVGADNIQDFLSDKTFLVRDNKRNSYSIYLDIEKKT
LEINNNHSFLSEQENFFSSYLNTVIKSDYDHSMYDTPFSWNNYINSCIDSYFHSQICV

```

DSCILVDIDKYNDSSFYSYFFGKGRNGSESENYSFHLITSTNDTNDSESTLGENYKNL  
HESEKLTHLWIECENCYELNYKKFWKSKRNICEYCGYHLKMDSSDRIEFSIDSGTWNP  
MDEDMVSLDLIEFHSEEEPYKDRIDSYQRKTGLTEAVQTGTGQVNGIPVAIGIMDFKF  
MGGSMGVSVGEKITRLVEYATNQLLPLILVCSSGGARMQEGSLSLMQMAKISSALYY  
QTIQKLFYVSILTSPPTGGVTASFGMLGDIIGEPNAYIAFAGKRVIEQTLNKTVPED  
SQVAESLFNKGLIDSIVPRNLLKGVVTELLQFHNFFSLTKKERNYGIEIQNQNIQDQS

```

NKIKE"
  gene      60594..60698
            /gene="psaI"
  CDS      60594..60698
            /gene="psaI"
            /codon_start=1
            /transl_table=11
            /product="photosystem I subunit VIII"
            /protein_id="AFJ91871.1"
            /db_xref="GI:387598479"
            /translation="MINFPSIFVPLVGLVFPAMASLFLHVQKNKIF"
  gene      61974..62657
            /gene="cemA"
  CDS      61974..62657
            /gene="cemA"
            /codon_start=1
            /transl_table=11
            /product="chloroplast envelope membrane protein"
            /protein_id="AFJ91872.1"
            /db_xref="GI:387598480"
```

/translation="MKKKSIPLLYLTSIVFLPWCISFTFKKSLESWFINWWNTSQSEI  
FLNDIKEKSILNKFIELEELFFLDDMLKECPKTYIQNLRTGIYKETIQLIKTHNEDRM  
NTILHFSTNIICFFILSGYSILGNQELVLINSLVREFIYNLSDTIKAFSILLTDLICI  
GFHSTHGWELLFGFVYKDFGFAQNDQIISGLVSTFPVILDITILKYWIFRYLNRISP  
VVIYHSMND"

```

  gene      62834..63796
            /gene="petA"
  CDS      62834..63796
            /gene="petA"
            /codon_start=1
            /transl_table=11
            /product="cytochrome f"
            /protein_id="AFJ91873.1"
            /db_xref="GI:387598481"
```

/translation="MQTRNAFSCIKEGITRSISISVMIYIIIRAPFSNAYPIFAQQGY  
ENPREATGRIVCANCHLANKPVDIEVPQAVLPDTPVFEAVVRIPYDMQVKQVLANGKKG  
TLNVGAVLILPEGFELAPPDRISPEIKEKIGNLSFQNYRPTKKNILVVGVPVPGQKYNE  
ITFPILSPDPASKRDIHFLKYPIYVGGNRGRGQIYLDGSKSNNNVYNATAAGIVKKII

```

RKEKGGYEITIVDALDEREVIDIIPPPELLLVSEGESIKLDQPLTSNPVGGFGQGDA
EIVLQDPLRVQGLLFFLASIILAQIFLVLKKKQFEKVQLFEMNF"
  gene      complement (64339..64461)
           /gene="psbJ"
  CDS      complement (64339..64461)
           /gene="psbJ"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="photosystem II protein J"
           /protein_id="AFJ91874.1"
           /db_xref="GI:387598482"

/translation="MADTTGRIPLWIIIGTVTGITVIGLIGIFFYGSYSGLGSSL"
  gene      complement (64635..64751)
           /gene="psbL"
  CDS      complement (64635..64751)
           /gene="psbL"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="photosystem II protein L"
           /protein_id="AFJ91875.1"
           /db_xref="GI:387598483"
           /translation="MTQSNPNEQNVELNRTSLYWGLLLIFVLAVLFSNYFFN"
  gene      complement (64774..64893)
           /gene="psbF"
  CDS      complement (64774..64893)
           /gene="psbF"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="photosystem II cytochrome b559 beta
subunit"
           /protein_id="AFJ91876.1"
           /db_xref="GI:387598484"

/translation="MTIDRTYPIFTVRWLAVHGLAVPTVSFLGSISAMQFIQR"
  gene      complement (64903..65154)
           /gene="psbE"
  CDS      complement (64903..65154)
           /gene="psbE"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="photosystem II cytochrome b559 alpha
subunit"
           /protein_id="AFJ91877.1"
           /db_xref="GI:387598485"

/translation="MSGSTGERSFADIITSIRYWIIHSITIPSLFIAGWLVSTGLAY
DVFSGSPRPNEYFTENRQGIPLITGRFDPLEQLDEFSRSF"
  gene      66076..66171
           /gene="petL"
  CDS      66076..66171
           /gene="petL"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="cytochrome b6/f complex subunit VI"
           /protein_id="AFJ91878.1"
           /db_xref="GI:387598486"

```



```

gene          /translation="MPTITSYFGFLLSVLIITSSLFIGLSKIRLI"
              66330..66443
              /gene="petG"
CDS           66330..66443
              /gene="petG"
              /codon_start=1
              /transl_table=11
              /product="cytochrome b6/f complex subunit V"
              /protein_id="AFJ91879.1"
              /db_xref="GI:387598487"
              /translation="MIEVFLFGIVLGLIPITLAGLFVTAYLQYRRGDQLNL"
gene          complement (66574..66647)
              /gene="trnW-CCA"
tRNA          complement (66574..66647)
              /gene="trnW-CCA"
              /product="tRNA-Trp"
              /note="anticodon:CCA"
gene          complement (66820..66893)
              /gene="trnP-UGG"
tRNA          complement (66820..66893)
              /gene="trnP-UGG"
              /product="tRNA-Pro"
              /note="anticodon:UGG"
gene          complement (66822..66892)
              /gene="trnP-GGG"
tRNA          complement (66822..66892)
              /gene="trnP-GGG"
              /product="tRNA-Pro"
              /note="anticodon:GGG"
gene          67020..67154
              /gene="psaJ"
CDS           67020..67154
              /gene="psaJ"
              /codon_start=1
              /transl_table=11
              /product="photosystem I subunit IX"
              /protein_id="AFJ91880.1"
              /db_xref="GI:387598488"

/translation="MRDLKTYLSVAPVVSTLWFGALAGLLIEINRFFPDALIFPFFSF
"
gene          67909..68217
              /gene="rps18"
CDS           67909..68217
              /gene="rps18"
              /codon_start=1
              /transl_table=11
              /product="ribosomal protein S18"
              /protein_id="AFJ91881.1"
              /db_xref="GI:387598489"

/translation="MEKSKRLFIKSKRSFRRRLPPIQSGDRIDYKNMGLICRFISEQG
KILSRVNRLTLKQORLITIAIKQARILSSLPFLTNEKQFEKSESTAKINTLRKKNRN
"
gene          complement (68439..68798)
              /gene="rpl20"
CDS           complement (68439..68798)

```

```

        /gene="rpl20"
        /codon_start=1
        /transl_table=11
        /product="ribosomal protein L20"
        /protein_id="AFJ91882.1"
        /db_xref="GI:387598490"

/translation="MTRIKRGYIAHKRRTKIRFFISSFRGAHSRLTRTITQQKLKALV
SAHRDRDRKKRDFRGLWISRINAVIRENQKVSYYISNLINSLYTKQLLLNRKIVAQIA
ILKENCLFMIADNILKT"
    gene      join(complement(69627..69740),135968..136745)
              /gene="rps12"
              /trans_splicing
    CDS       join(complement(69627..69740),135968..136189,
136722..136745)
              /gene="rps12"
              /trans_splicing
              /codon_start=1
              /transl_table=11
              /product="ribosomal protein S12"
              /protein_id="AFJ91915.1"
              /db_xref="GI:387598523"

/translation="MPTMKQLIRNTRQPIRNVTKSPALRGCPQRRGTCTRVYPKKPNS
ALRKVARVRLTSGFEITAYIPGIGHNLQEHSVVLVRGGRVKDLPGVRYHIVRGTLDAV
GVKDRQQGRSYGAKKPK"
    gene      complement(69966..72018)
              /gene="clpP"
    CDS       complement(join(69966..70190,70945..71241,71950..72018))
              /gene="clpP"
              /codon_start=1
              /transl_table=11
              /product="clp protease proteolytic subunit"
              /protein_id="AFJ91883.1"
              /db_xref="GI:387598491"

/translation="MPIGVPRVPFRTPGDKDASWVDILINRLYRERLLFLGQDVDSEI
SNQLISIMIYLSIEKENKELSLFINSPGGWVIPGIAIYDTMQFVQPDVQTVCLGLAAS
MGSFLLAGGTITKRLAFPHARVMIHQPASSFYEAQAGEFVLEAEELLKLRETITNVYV
QRTGKPLWVISDDMERDVFMSAAEAQAHGIVDLVAV"
    exon      complement(69969..70190)
              /gene="clpP"
              /number=3
    exon      complement(70945..71241)
              /gene="clpP"
              /number=2
    exon      complement(71950..72018)
              /gene="clpP"
              /number=1
    gene      72422..73948
              /gene="psbT"
              /gene_synonym="psi"
    CDS       72422..73948

```

```

        /gene="psbT"
        /gene_synonym="psi"
        /codon_start=1
        /transl_table=11
        /product="photosystem II 47 kDa protein"
        /protein_id="AFJ91884.1"
        /db_xref="GI:387598492"

/translation="MGLPWYRVHTVVLNDPGRLLSVHIMHTALVAGWAGSMALYELAV
FDPSDPVLDPMWRQGMFVIPFMTRLGITNSWGGWNITGGAITNPGIWSYEGVAGAHIV
FSGLCFLAAIWHWVYWDLEIFCDERTGKPSLDLPKIFGIHLFLAGVACFGFGAFHVTVG
LYGPGI WVSDPYGLTGRIQSVNPAWGVVEGDFPFVPGGIASHHIAAGTLGILAGLFHLS
VRPPQRLYKGLRMGNIETVLSSSIAAVFFAAAFV VAGTMWYGSATTPIEELFGPTRYQWD
QGYFQQEIIYRRVGAGLAENQNLSEAWSKIPEKLAFYDYIGNNPAKGG LFRAGSMDNGD
GIAVGWLGHPIFRDKEGHELFVRRMPTFFETFPVVLVDGDGIVRADVPFRRRAESKYSV
EQVGVTVVEFYGGELNGVSYSDPATVKKYARRAQLGEIFELDRATLKSDGVFRSSPRGW
FTFGHASFALLFFFGHIWHGSRTLFRDVFAGIDPDLDAQVEFGAFQKLGDPTRRPVV
"
    gene          74117..74224
                  /gene="psbT"
    CDS           74117..74224
                  /gene="psbT"
                  /codon_start=1
                  /transl_table=11
                  /product="photosystem II protein T"
                  /protein_id="AFJ91885.1"
                  /db_xref="GI:387598493"
                  /translation="MEALVYTFLLVSTLGIIFFAIFFREPPKVPTKKVK"
    gene          complement(74283..74414)
                  /gene="psbN"
    CDS           complement(74283..74414)
                  /gene="psbN"
                  /codon_start=1
                  /transl_table=11
                  /product="photosystem II protein N"
                  /protein_id="AFJ91886.1"
                  /db_xref="GI:387598494"

/translation="METATLIAISISGLLVSFTGYALYTAFGQPSQQLRDPFEEHGD"
    gene          74532..74753
                  /gene="psbH"
    CDS           74532..74753
                  /gene="psbH"
                  /codon_start=1
                  /transl_table=11
                  /product="photosystem II phosphoprotein"
                  /protein_id="AFJ91887.1"
                  /db_xref="GI:387598495"

/translation="MATQTVEDNSRSGSRRTVVG NLLKPLNSEYGVKVPAGWGTTPLMG

```

```

VAMALFAIFLSIILEIYNSSILLDGISIN"
gene      74881..76367
          /gene="petB"
CDS       join(74881..74886,75726..76367)
          /gene="petB"
          /codon_start=1
          /transl_table=11
          /product="cytochrome b6"
          /protein_id="AFJ91888.1"
          /db_xref="GI:387598496"

/translation="MSKVYDWFEEERLEIQAIADDITSKYVPPHVNIIFYCLGGITLTCF
LVQVATGFAMTFYYRPTVTEAFASVQYIMTEANFGWLIRSVHRWSASMMVLMMLLHV
RVYLTGGFKKPRELTTWVTGVVLAVLTA SFVGTGYSLPWDQIGYWAVKIVTGVPEAIPV
IGSSLVELLRGSSSVGQSTLTRFYSLHTFVLP LLTAVFMLMHFSMIRKQGISGPL"
exon      74881..74886
          /gene="petB"
          /number=1
exon      75726..76364
          /gene="petB"
          /number=2
gene      76571..77771
          /gene="petD"
CDS       join(76571..76579,77298..77771)
          /gene="petD"
          /codon_start=1
          /transl_table=11
          /product="cytochrome b6"
          /protein_id="AFJ91889.1"
          /db_xref="GI:387598497"

/translation="MGVTKKPDLNDPVLRAKLAKGMGHNYGEPAWPNDLLYIFPVVI
LGTIACNVGLAVLEPSMIGEPADPFATPLEILPEWYFFPVFQILRTVPNKLLGVLLMV
SVPTGLLTVPFLENVKNKFQNPFRFPVATTIFLIGTVVALWLGIGATLPIEKSLTLGLF
"
exon      76571..76579
          /gene="petD"
          /number=1
exon      77298..77768
          /gene="petD"
          /number=2
gene      complement(78007..79008)
          /gene="rpoA"
CDS       complement(78007..79008)
          /gene="rpoA"
          /codon_start=1
          /transl_table=11
          /product="RNA polymerase alpha subunit"
          /protein_id="AFJ91890.1"
          /db_xref="GI:387598498"

/translation="MVQEKLRVSTRTLQWKCVESRIDSKRLYYGRFILSPLMKGQADT

```

IGIAIRRILLGIEGTCITRVKSEKIPHEYSTIIGIEESVHEIFMNLKKIVLKSNTMYG  
TQDAWISFKGPGYITAQDIILPPSVEIVDNRQHIANVTEPVNLCIELKIERNRGYRIK  
TLKNFQDGSYDIDARFMPVRNVNYSIHSYVNGNEKQEILFLEIWTNGSLTPKEALYEA  
SQNLIDLFLPFLHAEEDNFHLEKNQDKVTLPLFTFHDILVKDKLRKNKKEIALKSIFI

DQLELPPRIYNCLKRSNIHTLLELLNNSQEDLLKFEHFRVEDGKSILDILKIQKYFA"

gene complement (79079..79495)  
/gene="rps11"  
CDS complement (79079..79495)  
/gene="rps11"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="ribosomal protein S11"  
/protein\_id="AFJ91891.1"  
/db\_xref="GI:387598499"

/translation="MAKSIPKKGSRKNVRIGSRNHRKIPKGIHVVQASFNNTIVTIT

DVRGRVISWSSAGTCGFKGTRRGTPFAAQTAAGNAIRTVSDQGMQRAEIMIKGPGLGR  
DAALRAIRRSGILLNFIRDVTPMPHNGCRSPKKRRV"

gene complement (79824..79937)  
/gene="rpl36"  
CDS complement (79824..79937)  
/gene="rpl36"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="ribosomal protein L36"  
/protein\_id="AFJ91892.1"  
/db\_xref="GI:387598500"

/translation="MKINASVRKICEKCRLLIRRRGRIIVICFNPCHKQRQG"

gene complement (80418..80822)  
/gene="rps8"  
CDS complement (80418..80822)  
/gene="rps8"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="ribosomal protein S8"  
/protein\_id="AFJ91893.1"  
/db\_xref="GI:387598501"

/translation="MGKDTIANIITYIRNADMNKKGMVQLPFTNITEKTVKILLREGF

VENIRKHRENDKYFLVLTLYRRNRKESYKSFFNLKRISTPGLRIYYNYQQIPRILGG  
MGIVILSTSRGIMTDREARLEKIGGEVLCYIW"

gene complement (81466..81744)  
/gene="rps19"  
CDS complement (81466..81744)  
/gene="rps19"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="ribosomal protein S19"  
/protein\_id="AFJ91894.1"  
/db\_xref="GI:387598502"

```

/translation="MTRSLKKNPFVANHLLRRIKIKLNTKAEKDIIITWSRASTIIPSTM
IGHTIAIHNGKEHLPIYITDRMVGHKLGEFSPTLNFRGHAKNDNRSRR"
  gene      complement (81799..83283)
           /gene="rpl2"
  CDS      complement (join (81799..82269,82891..83283))
           /gene="rpl2"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="ribosomal protein L2"
           /protein_id="AFJ91895.1"
           /db_xref="GI:387598503"

/translation="MAIHLYKTSTPSTRNGTVDSQVKS NPRNH LIYGQHRCGKGRNAR
GIITAGHRGGG HKRLYRQIDFRRNEKNIYGRIVTIEYDPNRNASICLIHYGDGEKKYI
LHPRGAIIGDTIVSGTEVPIKMGNALPLSEVLIDQKEESTSTDMP LGT AIHNIEITLG
KGGQLARAAGAVAKLIAKEGKSATLKLPSGEVRLISKNC SATVGVQVGNVGVNQKNLGR
AGSKCWLGRPIVRGVVMNPVDHPHGGGEGRAPIGRKKPATPWGF PALGRRSRKRKKY
SDNLILRRRTK"
  exon      complement (81799..82269)
           /gene="rpl2"
           /number=2
  exon      complement (82891..83283)
           /gene="rpl2"
           /number=1
  gene      complement (83302..83583)
           /gene="rpl23"
  CDS      complement (83302..83583)
           /gene="rpl23"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="ribosomal protein L23"
           /protein_id="AFJ91896.1"
           /db_xref="GI:387598504"

/translation="MNGIKYAVFTDKSIRLLGKNQYTFNVESGSTRTEIKHWVLEFFD
VKVIAMNSHRLPVKGRVRPIMGHTMHYRRMIITLQPGYSIPPLRKKRT"
  gene      complement (84028..84101)
           /gene="trnI-CAU"
  tRNA      complement (84028..84101)
           /gene="trnI-CAU"
           /product="tRNA-Ile"
           /note="anticodon:CAU"
  gene      84189..91046
           /gene="ycf2"
  CDS      84189..91046
           /gene="ycf2"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="hypothetical chloroplast RF21"
           /protein_id="AFJ91897.1"
           /db_xref="GI:387598505"

/translation="MKGHQFKSWIFELREILREIKNSRYFLDSWTQFNSAGFFIHIFF

```

HQESFIKLLDSRIWSILLSRNSQGSTSNRYFTIKYVVLFFVAVLIYRINNRKMVERKN  
PYLTRLLPIPMNSIGPKNDTLEESSESSNINRLIVPLLYLPKGKKISESSFLDPKEST  
RVLPIITKKYIMPEFNWDSRWWRNWIGKKSDDSSCKISNETIAGIEISFKEKDIKYLEFL  
FVYYMDDPIRKDHDWEFFDRLSPRKRRNIINLNSGQLFEILVKDWIYYLMFAFREKIP  
KEVEGFFKQOGTGSIIQSNIDIEHVSHLFLRNKRAISLQNCAQFHMWQFRQDLFVSWGK  
SPHESDFLRNMSRENWIWLDNVWLGKDRFFSKVRNVSSNLQYDSTRSSFIQVTDSSQ  
LKGSSDQSKDSFDSIRNEDSKYHTLINQREIQQLKERSILCWDPSFLQTERTEIESER  
FLKILSGYSSMCRLFMEREKQMNHLLPEEIEEFFGNPARATRSFFSDRWSELHLGNS  
PTDRSTRDQKLLKKEQKKHLAFSRSEKKEIVNLFKIIMYLQNTVSIHPISSYRGCDM  
VPKGELDSSNKISFLNKNPFWGLFHLFHDRNRGRYTLHHDFFESEDIFQEMADLFTLSI  
TEPDLVYHKEFDFSMDSGLDQKHFLNELLNSRDESKKHSLLVLPPLFYEENESFYRR  
IIKKWVQTS CGNNVEDPKPKIVVFASNIMEAVNQYRLIRNLIQIQYSTHGYIRNVLN  
RFNCNFEYGIQRYQIGNDTLNHRTRMKY TINQHLSNLKKSQKKWFDPLILISRTERSM  
NWDPNVYRYKWSNGSKNFQEHLDFISEQNSRFQVVFDRHLINQYSIDWSEVIDKKDL  
SKSLCLFLSKLLLFLPKFLLFLSNSLPSFLFVSGGIPHRSEIHIYELKGPNDPLCN  
QLLESIGLQIFHLKKRKPLLLDDQDTSQKSKFLINGGTISPFLFNKIPKWMIDSFHTR  
KNRRKSFDNTDSYFSMISHDPDNWLNVPKPFHRSSLIYYFYKANRLRFLNNQYHFCFY  
CNKRFPFYVEKARINNYDFTYQFLKILFIRNKIFSFCDGQKKHAFKRDITISPIELQ  
VSNILIPNDFPQSGDEGYNFYKSFHFPIRYDPFVRGAIYSIADISGTPLTEGQIVHFE  
KTYCQPLSDMNIPDSEGKNLYQYLNFNNSMGWIHTPCSEKYL PSEKRKKRSSCLQKCL  
EKGQMYRTFQQDSVSTLSKWNLFQTYIPWFLTSTGYKYLNFIFLDTFSDLLPILSSS  
QKFVSIFHDIMHGSDILWRIRQIPLCLPQWNLI SEIPGNCFHNL LSEEMTHRNNELL  
LISTHLRSLNVQEFFYSILFLLL VAGYLVRTHLLFVSRVYSELQTEFEKVKSLMIPSY  
MIELRKLDRYPTSELNSFWLKNIFLVALEQLGDSLEEIRSFAGSNMLWGGGPAYGV  
KSIRSKNQYWNLIDLISII PNPI NRIAFSRNTRHLSHPSKAIYSLIRKIKNVNGDWID  
DQIESWVSNTDSIDDKEKEFLVQFSTLTTEKRIDQILLSLTHSDLLSKNNSGYQISEQ  
PGAIYLRYLVDIQKKYLMIEFN TSCLVERRIFLANYQTITYSHTLWGANS LHFPSHG  
KPFSLRLALPPPSRGILVIGSIGTGRSYLVKYLTNSYVPFITVFLNKFLDNKPKGFL  
IDDSDDIDDSDDIDDSDDSDIDRDLMELELLTMMNTLTMDMMPEIDRFYITFHFE

AKAMSPCIIWIPNIHDLDVTESNYLSLGLLVNYLSRDCERCSTRNILVIASTHIPQKV  
 DPALIAPNKFNTCIKIRLLIIPQQRKHFFFTLSYTRGFHLEKKMSHTNGFGSTTMGSNV  
 RDLVALNNEALSISIIQKKSII DTNIISSVLHRQTWDFRSQVRSVQDHGILFYQIGRA  
 VSQNVLLSNCSIDPISIIYMKKKSCDGGDSYLYKWYFELGTSMKKLTILLYLLSACSAGS  
 VAQDLWSLPGPDEKNGITSYGLVEKKNYDLVHGLLEVEGALVGSSTRTEKDCSQFDKDRV  
 TLLLRSEPRNPLNRIQNGSYSIVDQRFLEYEKYESEFEEGGGVLDPQQIEEDFFNHIVW  
 APRIWRPWGFLFDCIERPNNLGFYPYWARFRDKRIIYDEEDELQENDSEFLQGGTMQY  
 QTRDRSSKEQGFFRISQFIWDPVDPLFFLFKQDPFVSVFVSHRQFFTDEEMSRELLTSQ

TNLPTSIIYKHWFIKNTQEKHFELLIHCQRWLRINSSSSKGGFFPSNTLSESYQYLSNLF  
 LSNEALLDQMTKTLRKRWLPDEIVVASCNNESLV"

```

  exon      84189..91043
            /gene="ycf2"
            /number=2
  gene      complement (91638..91718)
            /gene="trnL-CAA"
  tRNA      complement (91638..91718)
            /gene="trnL-CAA"
            /product="tRNA-Leu"
            /note="anticodon:CAA"
  gene      complement (92324..94494)
            /gene="ndhB"
  CDS       complement (join (92324..93079,93772..94494) )
            /gene="ndhB"
            /codon_start=1
            /transl_table=11
            /product="NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit
2"
            /protein_id="AFJ91898.1"
            /db_xref="GI:387598506"

```

/translation="MKAFHLLLFDGSGFIFPECILIFGLILLMLIDSTSDQKDISWFYF  
 ISSTSLVMSITALLFRWREEPMAIFSGNFQTNNEIFQFLILLCSTLCIPLSVEYIE  
 CTEMAITEFLLFILTTTLGGMFLCGANDLITIFVALECFSLCSYLLSGYTKKDVRNE  
 ATTKYLLMGGASSSILVHGFSWLYGSSGGEIELQEIVNGLINTQMNSPGIFIALLLFI  
 TVGIGFKLSPAPSHQWTPDVYEGSPTPVVAFLSVTSKVAASASATRIFDIPFYFSSNE  
 WHLLEILAILSMILGNLIAITQTSMKRMLAYSSIGQIGYVIIGIIVGDSNGGYASMI  
 TYMLFYISMNLGTFACIVSFGRLRTGTDNIRDYAGLYTKDPYLALSALCLLSLGLLPP

LAGFFGKLHLFWCGWQAGLYFLVSIGLLTSVVSIIYYLKI IKLLMTGRNQEITPHVRN  
 YRSPLRSNNSIELSMIVCVIASTIPGISMNPIEIAQDTLF"  
 exon complement (92327..93079)
 /gene="ndhB"
 /number=2



```

gene          complement (94855..95322)
              /gene="rps7"
CDS           complement (94855..95322)
              /gene="rps7"
              /codon_start=1
              /transl_table=11
              /product="ribosomal protein S7"
              /protein_id="AFJ91899.1"
              /db_xref="GI:387598507"

/translation="MSRRGTAEKKTAKSDPIYRNRLVNMMLVNRILKHGKSLAYQILY
RAMKKIQQKTETNPLSVLRQAIRGVTPDIAVKARRVGGSTHQVPVEIGSAQGKALAIR
WLLGASRKRPGRNMAFKLSSELVDAAKGSGDAIRKKEETHRMAEANRAFAHFR"
gene          97947..98018
              /gene="trnV-GAC"
tRNA         97947..98018
              /gene="trnV-GAC"
              /product="tRNA-Val"
              /note="anticodon:GAC"
rRNA         98260..99750
              /product="16S ribosomal RNA"
gene          100047..101064
              /gene="trnI-GAU"
tRNA         join(100047..100088,101030..101064)
              /gene="trnI-GAU"
              /product="tRNA-Ile"
              /note="anticodon:GAU"
gene          101129..102012
              /gene="trnA-UGC"
tRNA         join(101129..101166,101978..102012)
              /gene="trnA-UGC"
              /product="tRNA-Ala"
              /note="anticodon:UGC"
gene          complement (101296..101424)
              /gene="orf42"
CDS           complement (101296..101424)
              /gene="orf42"
              /codon_start=1
              /transl_table=11
              /product="hypothetical protein"
              /protein_id="AFJ91900.1"
              /db_xref="GI:387598508"

/translation="MPNEETLGEPPPTPTTVHVRSILDLTNCPSYLLYVLDSPSLSQ"
gene          102171..104985
              /gene="rrn23"
rRNA         102171..104985
              /gene="rrn23"
              /product="23S ribosomal RNA"
gene          105096..105199
              /gene="rrn4.5"
rRNA         105096..105199
              /gene="rrn4.5"
              /product="4.5S ribosomal RNA"
gene          105428..105548
              /gene="rrn5"

```

```

rRNA          105428..105548
              /gene="rrn5"
              /product="5S ribosomal RNA"
gene          105798..105871
              /gene="trnR-ACG"
tRNA          105798..105871
              /gene="trnR-ACG"
              /product="tRNA-Arg"
              /note="anticodon:ACG"
gene          complement(106442..106513)
              /gene="trnN-GUU"
tRNA          complement(106442..106513)
              /gene="trnN-GUU"
              /product="tRNA-Asn"
              /note="anticodon:GUU"
gene          106857..107351
              /gene="ycf1"
              /pseudo
CDS           106857..107351
              /gene="ycf1"
              /note="hypothetical chloroplast RF19"
              /pseudo
              /codon_start=1
              /transl_table=11
gene          complement(107324..109573)
              /gene="ndhF"
CDS           complement(107324..109573)
              /gene="ndhF"
              /codon_start=1
              /transl_table=11
              /product="NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit
5"
              /protein_id="AFJ91901.1"
              /db_xref="GI:387598509"

/translation="MEYTHQYSWIIPFIPFPVPM LIGVLLLFPTATKNIRRIWAFPS
ILLLTIVMIFSLDLSIHQIKNSSIFQYVSWTINNDISLEFGYLIDPLTSIMSILITT
VGILVLIYSDNYMSHDQGYLRFFAYMTLFNISM LGLVTSSNLIQIYFFWELIGMCSYL
LIGFWFTRPIAANACQKAFVTNRVGD FGLLLGILGLYWITGSLEFRHLFQIINNLSIK
NEMNLFFVTLFALLLFSGSVAKSAQFPLHVWLPDAMEGPTPISALIHAATMVAAGIFL
VARLFPLFIVLPKIMNAIAFIGIITVILGATLAI AQDKIKKNLAYSTMSQLGYMMLAL
GMGSYRGALFHLITHAYSKALLFLGSGSIIHSMEALVGYS PAKSQNMVFMGGLTKHVP
ITKTFFLVGTLSLCGIPPFACFWSKDEILNDSWLYSPIFAIIACSAAGLTAFYMFRIY
LLVFEGYLNHVHFLNFNGKKNSSFYSISLWGGKQVKLKRKNENFFLVLLKIKKNEITSF
FIRKRYLHRVNQNIKNIKHLVFGIMHFGTKKTACLYPNESNNTMRFSMLILALFTLFV
GAVGISFSQDGIHLDILSKLLIPFIDLLHKDSENFMNYYEFFTNATFSLSFTEGGIFI
ASFFYKSVYSYLKKNLNFNLF EKSFLOKNVADHFQKIIYNWSYNHGYIDVFYEKYLIA

```

```

SIRRLVKFNSFFDKKRIDGITNGIGITSFFLGEAIKYVGGGRIASYILFFILDILIFL
VILLHRNK"
  gene      109977..110138
           /gene="rpl32"
  CDS      109977..110138
           /gene="rpl32"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="ribosomal protein L32"
           /protein_id="AFJ91902.1"
           /db_xref="GI:387598510"

/translation="MAVPKKRTSRSKKIIRNTLWKKKGYLKALKAFSLGQSIFTGNSK
SFFCNKYQR"
  gene      110379..110458
           /gene="trnL-UAG"
  tRNA      110379..110458
           /gene="trnL-UAG"
           /product="tRNA-Leu"
           /note="anticodon:UAG"
  gene      110538..111524
           /gene="ccsA"
  CDS      110538..111524
           /gene="ccsA"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="cytochrome c heme attachment protein"
           /protein_id="AFJ91903.1"
           /db_xref="GI:387598511"

/translation="MVFSTLEHILTHISFSVVSILISIHWITLLLGNELIIGLYNLLKK
GMIITFFCITGLLVTRWIFSGHLPFSNLYESLIFLSWTFISIFYMVLCFKKKKNYYFNT
IITPSILFTQGFATSGLLTEMHESFKLVPALQSHWLMMHVSMILGYTTLLCGSLISV
AILVITFQELIQIFGKSKTFFFFFYESFSFAEIKYMNNDKKNILQQTPFPFYSSYRNY
YRYQFIQQLDRWGYRTISLGFIFLTIGNISGAVWANEAWGSYWNWDPKETWAFITWTI
FAIYLHTRKNKKLEYRNSSIVASMGFLIIWICYLGINLLGLGLHSYGSFTPN"
  gene      complement (111775..113265)
           /gene="ndhD"
  CDS      complement (111775..113265)
           /gene="ndhD"
           /exception="RNA editing"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit
4"
           /protein_id="AFJ91904.1"
           /db_xref="GI:387598512"

/translation="MNYFPWLTTVVVLPVGGSLIVLFPKGNKTIKWYTYCICFIDL
LLITYVFCYHFELDDPLIQLTENYKWIHFFDFYWRFGIDGLSLGPLLLLTGFITTLATL
SAQPVTRESKLFYFLMLAMYSQQLGTFSSQDILLFFIMWELELIPVYLLLSMWGGKKR

```

```

LYSATKFILYTAGSSVFLLLGILGMGFYSSNEPTLNFESLTNQSYVALEIIFYMGFL
IAFAVKSPIIPLHTWLPDTHGEAHYSTCMLLAGILLKMGAYGLVRINMELLSRAHSIF
CPWLMLLGSIQIIYAASTSLGQRNVKKRIAYSSVSHMGFLILGIGSISETG LNGAILQ
IISHGFIGAALFFLAGTSYDRLRLLYLDDEMGGMAIPMPKIFTIFTTLSMASLALPGMS
GFVAEFIVLLGIITNQKYLFIITKILITFVTAIGMILTPIYLLSILRQMFYGYKLFNKQ
NSYFFDSDGPRELFISSISILIPVISIGIYPDFIFSSISADKVEAILSHF"
  gene      complement (113384..113629)
           /gene="psaC"
  CDS      complement (113384..113629)
           /gene="psaC"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="photosystem I subunit VII"
           /protein_id="AFJ91905.1"
           /db_xref="GI:387598513"

/translation="MSHSVKIYDTCIGCTQCVRACPTDVLEMIPWDGCKAKQIASAPR
TEDCVGCKRCESACPTDFLSVRVYLWHETTRSMGLAY"
  gene      complement (113931..114236)
           /gene="ndhE"
  CDS      complement (113931..114236)
           /gene="ndhE"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit
4L"
           /protein_id="AFJ91906.1"
           /db_xref="GI:387598514"

/translation="MIFEHALVLSAYLFSIGIYGLITSRNMVRALMCLELILNAVNIN
LVTFSDDFFDRRQLKGNIFSIFVIAVAAAEEAAIGPAIVSSIYRNRKSTRINQSNLLNK"
  gene      complement (114455..114985)
           /gene="ndhG"
  CDS      complement (114455..114985)
           /gene="ndhG"
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit
6"
           /protein_id="AFJ91907.1"
           /db_xref="GI:387598515"

/translation="MDLSESLHDFILIFLGSGLILGSLGVVFFTNPIFSAFSLGLVLV
CVSLFYILSNSHFVAASQLLIYVGAINVLIIFAVMFMNGSDYYQNFRVWTVGDGITLM
VCTSIFLSQITTILDTSWHGIIWTTTRPNQILEQDLISTSQQIGIHLSTDFFLPFELIS
IILLVALIGAIFFVARQ"
  gene      complement (115252..115737)
           /gene="ndhI"
  CDS      complement (115252..115737)
           /gene="ndhI"

```

```

        /codon_start=1
        /transl_table=11
        /product="NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit
I"
        /protein_id="AFJ91908.1"
        /db_xref="GI:387598516"

/translation="MFLMVTEFINYSEQIIRAARYIGQGLMITLSHANRLPVVTIQYPY
EKIISSERFRGRIHFEFDKCIACEVCVRVCPIDLPIVDWKLETDIRKKRLNYSIDFG
ICIFCGNCIEYCPTNCLSMTEEYELSTYDRHELNYNLIALGRLPVSVIDDYTIRTIQI
K"
    gene      complement (115823..118185)
              /gene="ndhA"
    CDS      complement (join (115823..116362,117634..118185))
              /gene="ndhA"
              /codon_start=1
              /transl_table=11
              /product="NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit
1"
        /protein_id="AFJ91909.1"
        /db_xref="GI:387598517"

/translation="MIIDLTEIQDIHFFFRLQFLKEIYGILWVFPVIFILILGITISV
LAIVWLEREISAGIQQRIGPEYTGPFQVLAALADGTKLLFKENLIPSRGDIRLFSFGP
SISVISIIISYSVIPFGYNFVLSDLNIGVFLWIAISSIAPIGLLMSGYGSNNKYSFLG
GLRAAAQSISYEIPLTLCVLSISLLSNSLSTVDIVDAQSKYGFVGNLWRQPMGFLVF
LISSLAECERLPFDLPEAEELIAGYQTEYSGIKFGLFYVASYLNLVSSLFVTVLYF
GGSNFSIPYIFVSNFFQINKTYGVFVTIIGIFITLVKTYLFIFVSITTRWTLPRLRID
    exon      complement (115826..116362)
              /gene="ndhA"
              /number=2
    exon      complement (117634..118185)
              /gene="ndhA"
              /number=1
    gene      complement (118187..119368)
              /gene="ndhH"
    CDS      complement (118187..119368)
              /gene="ndhH"
              /codon_start=1
              /transl_table=11
              /product="NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit
7"
        /protein_id="AFJ91910.1"
        /db_xref="GI:387598518"

/translation="MNISTKRKDFMIVNMGPHPHSMHGVLRLIVTLDGEDVIDCEPIL
GYLHRGMEKIAENRTIIQYLPYVTRWDYLATMFTEAITVNGPEQLGNIQVPKRASYIR
VIMLELSRIASHLLWLGPFMADIGAQTFFFYIFRERELIYDLFEAATGMRMMHNFRI

```

GGVATDLPYGWIDKCYDFCDYFLTSIAEYQKLI TRNPIFLERVEGVGVVDVKEVINWG  
LSGPM LRASGIQWDLRKVDNYECYEEFHWEVQWQKEGDSLARYLVRIGEMIESIKI IQ  
QALEGLPGGPYENLEIRCFDREKEPEWNEFEYRFISKSSPSFELPKQELYVRVEAPK  
GELGIFLIGDQNGFPWRWKIHPPGFINLQILPQLVKRMKLADIMTILGSIIDIIMGEVD

R"  
gene complement (119468..119740)  
/gene="rps15"  
CDS complement (119468..119740)  
/gene="rps15"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="ribosomal protein S15"  
/protein\_id="AFJ91911.1"  
/db\_xref="GI:387598519"

/translation="MVKKS F I S V I S Q E K K G K K P G L V E F Q I F K F T N R I R R L T S H F E L H R  
K D Y S S Q R G L R K I L G K R Q R L L S Y L S K K D G I R Y K K L I N Q F N I R Q S Q I R "

gene complement (120091..125265)  
/gene="ycf1"  
CDS complement (120091..125265)  
/gene="ycf1"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="hypothetical chloroplast RF19"  
/protein\_id="AFJ91912.1"  
/db\_xref="GI:387598520"

/translation="MIFQSFILENLVFLCMKIINSIVVGLYYGFMTTFSIGPSYFLF  
LRARLVEEGTEKKIAATTGFITGQLIMFMSIYYAPLHLALGRPHTITVIAIPYLLFQF  
FFGNSQKKFLNYGYKNPNSIRNFSIQRRFFQNLFFQFLNPLFLPSSIFMRFINIYLF  
CNNKLLFLTSSFIGWIIGHIFFIKLIEFLLCIQNNFIKSNVRIQSKKYILSDFRNS  
MFQIFVVFLSVTCLYYLGRIPPPFFSKKLLLESKESNEIYKKGKKKDIETNLQIRITKE  
KRSNNKDKLQKPLINILFNYKRWNRPFRYIKNNEFENIVKNEISEFFFHTYQGDGREK  
ISFTYPQNLSTFEKLMETKIDLFTKNKISYDDLYNDSRYRNEEKINKLSNEFINR TKL  
IDKKSISLDIFENKIRFCNDETQKKYLTKTKDPFLNGPFRGRIKKGFSTSIQHENSYK  
KNHIFINKIQDIFLSNKIDKKNTSNSPKLEENRKTFDKLLVTTFLFNLSQFSKKLV  
SSLNSQVPYKEPEQVKMNSNYDTEKKQIIKIFFDAITTDLNEKRKVN RKT TKS I KRNE  
ICKKVPRWSYKFIDELEQLGGKIEKDNSQIRSRKGKRVVILT NKHKFFHKYKTYKDLG  
DTENTEKKNELALKRYSQQSDFRRDIIKGSIRAQRRTVTWKFFQKRVHSPLFLDKIE  
KSIFFSFHSLKSMKRFFMLNIWIRKKTEFQILGSI EEKTKKSPKRGKKKENAERKRIE  
IAEAWDSIIFAQVIRGVLLITQCFIRKYIILPSLIIKNTLRILFFQIPEWSEDYMDW

KREMYIKCTYNGVQLSEREFPPQKWLTDGIQIKILFPFRLKPWHKSKIRCNEKKKNSKK  
 KKNFCFLTVSGMEVELPFSSSTKNRFEFFDPIKETKKKKKQFEFFTFGVLKVLSEKF  
 KLFLNMVIEKAKGIIQSILEIINKSLVFLMKKRKEFLNLKYFFIQRKPKKLDDELSENK  
 KDSTIWKNNSMISEATISIQSIKLTNYSLKKKSIKDLNNTKKKVVIKKIEKMKKEEKKR  
 GLVIPETNIHKKKIYDSKRIEFGKKILQIFQRRNIRLTKKSHSFSFFQFFMKKIYID  
 IFLYIICILKIQLQPFLESTKKFLNKWLYDNEPTIERTYKTNQSIIPFILNLHKYFNN  
 RNANSHNYFDVSVLSQPYVFLNLLQTRILNINIYQLRLVFEYQKNFFFFKNEIKDSFF  
 GAQGIVHSHKIKQNNLLNSKLNQWTNWLKNHYQYDLSNSSWSKLVSKKWRNRITKCGI  
 AQNKNVTKWDSYGKSPLILYKEQQGVTLKKKIRKQYKYDLLSYNFMNYANKKDSYIYR  
 YRSQFQSNKNTLIYSNYNTYQKDLFDRISNLFIKNYIAEDTLIRNMEKNPDRKYLDWV  
 GINRKILNRSICNPEFWFFSKFVIFYNTYRGNSQILPINLLYLHSIYLHSGKNQNVSE  
 NHITRKKKRIDGFITSKKKTNNMEEELQFLVRNFFNLHLNWNKLLGKKIFNNVKVYC  
 LLIRLKNLRKMTITSIQRGELGLDIMMIQNQKNFTLPGLRKNKNNKFRKKELVIEPV  
 RLSRKNNKFFKYKTMGLSLIHKNKHKIDKKYSEKMNVNKYFDKYITRTRKDQKITEN  
 KEKENFNLLVPENILSARCRRELIRICLDPNNINSMHRNTIFYNENKVKNCFKVLTK  
 KRNEKEKKKLMNFKIFLWPKYRLEDLACINRYWFNTHNGSRFSIVRIHMYPRVKIR"

gene 125609..125680  
 /gene="trnN-GUU"  
 tRNA 125609..125680  
 /gene="trnN-GUU"  
 /product="tRNA-Asn"  
 /note="anticodon:GUU"  
 gene complement (126251..126324)  
 /gene="trnR-ACG"  
 tRNA complement (126251..126324)  
 /gene="trnR-ACG"  
 /product="tRNA-Arg"  
 /note="anticodon:ACG"  
 rRNA complement (126574..126694)  
 /product="5S ribosomal RNA"  
 rRNA complement (126923..127026)  
 /product="4.5S ribosomal RNA"  
 rRNA complement (127125..129939)  
 /product="23S ribosomal RNA"  
 gene complement (130110..130993)  
 /gene="trnA-UGC"  
 tRNA complement (join (130110..130144,130956..130993))  
 /gene="trnA-UGC"  
 /product="tRNA-Ala"  
 /note="anticodon:UGC"  
 CDS 130322..130426  
 /note="open reading frame 56"

```

/codon_start=1
/transl_table=11
/product="hypothetical protein"
/protein_id="AFJ91913.1"
/db_xref="GI:387598521"
/translation="MWFRRIQIQENRERRASPALFFSARLFALKNTGF"
gene 130698..130826
/gene="orf42"
CDS 130698..130826
/gene="orf42"
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="hypothetical protein"
/protein_id="AFJ91914.1"
/db_xref="GI:387598522"

/translation="MPNEETLGEPPPTTVHVRSILDLTNCPSYLLYVLDSPSLSQ"
gene complement (131058..132075)
/gene="trnI-GAU"
tRNA complement (join (131058..131092,132034..132075))
/gene="trnI-GAU"
/product="tRNA-Ile"
/note="anticodon:GAU"
rRNA complement (132372..133862)
/product="16S ribosomal RNA"
gene complement (134104..134175)
/gene="trnV-GAC"
tRNA complement (134104..134175)
/gene="trnV-GAC"
/product="tRNA-Val"
/note="anticodon:GAC"
gene 136800..137267
/gene="rps7"
CDS 136800..137267
/gene="rps7"
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribosomal protein S7"
/protein_id="AFJ91916.1"
/db_xref="GI:387598524"

/translation="MSRRGTAEKTAKSDPIYRNRLVNMILVNRILKHGKSLAYQILY
RAMKKIQKTTETNPLSVLRQAIRGVTPDIAVKARRVGGSTHQVPEIGSAQGKALAIR
WLLGASRKRPGRNMAFKLSSELVDAAKGSGDAIRKKEETHRMAEANRAFAHFR"
gene 137628..139798
/gene="ndhB"
CDS join (137628..138350,139043..139798)
/gene="ndhB"
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit
2"
/protein_id="AFJ91917.1"
/db_xref="GI:387598525"

/translation="MKAFHLLLFDGSFIFPECILIFGLILLMIDSTSDQKDISWFYF

```



ISSTSLVMSITALLFRWREEPMIAFSGNFQTNNEIFQFLILLCSTLCIPLSVEYIE  
CTEMAITEFLLFILTTTLGGMFLCGANDLITIFVALECFSLCSYLLSGYTKKDVRNE  
ATTKYLLMGASSILVHGFSWLYGSSGGEIELQEIVNGLINTQMYNSPGIFIALLEFI  
TVGIGFKLSPAPSHQWTPDVYEGSPTPVVAFLSVTSKVAASASATRIFDIPFYFSSNE  
WHLLLEILAILSMILGNLIAITQTSMKRMLAYSSIGQIGYVIIGIIVGDSNGGYASMI  
TYMLFYISMNLGTFACIVSFGLRTGTDNIRDYAGLYTKDPYLALSALCLLSLGLLPP  
LAGFFGKLHLFWCGWQAGLYFLVSIIGLLTSVVSIIYYLKI IKLLMTGRNQEITPHVRN  
YRRSPLRSNNSIELSMIVCVIASTIPGISMNPIIEIAQDTLF"

exon 137628..138350  
/gene="ndhB"  
/number=1

exon 139043..139795  
/gene="ndhB"  
/number=2

gene 140404..140484  
/gene="trnL-CAA"

tRNA 140404..140484  
/gene="trnL-CAA"  
/product="tRNA-Leu"  
/note="anticodon:CAA"

gene complement (141076..147933)  
/gene="ycf2"

CDS complement (141076..147933)  
/gene="ycf2"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="hypothetical chloroplast RF21"  
/protein\_id="AFJ91838.1"  
/db\_xref="GI:387598446"

/translation="MKGHQFKSWIFELREILREIKNSRYFLDSWTQFNSAGFFIHIF  
HQESFIKLLDSRIWSILLSRNSQGSTSNRYFTIKYVVLVAVLIYRINNRKMVERKN  
PYLTRLLPIPMNSIGPKNDTLEESSESSNINRLIVPLLYLPKGKKISESSFLDPKEST  
RVLPIITKKYIMPEFNWDSRWWRNWIGKSDSSCKISNETIAGIEISFKEKDIKYLEFL  
FVYYMDDPIRKDHDWEFFDRLSPRKRRNIINLNSGQLFEILVKDWIYYLMFAFREKIP  
KEVEGFFKQOGTGSIIQSNDIEHVSHLFLRNKRAISLQNCAQFHMWQFRQDLFVSWGK  
SPHESDFLRNMSRENWIWLDNVWLGNKDRFFSKVRNVSSNLQYDSTRSSFIQVTDSSQ  
LKGSSDQSKDSFDSIRNEDSKYHTLINQREIQQLKERSILCWDPSFLQTERTEIESER  
FLKILSGYSSMCRLFMEREKQMNHLLPEEIEEFFGNPARATRSFFSDRWSELHLGSN  
PTDRSTRDQKLLKKEQKKHLAFSRRSEKKEIVNLFKIIMYLQNTVSIHPISSYRGCDM  
VPKGELDSSNKISFLNKNPFWGLFHLFHDRNRGRYTLHHDFFESDIFQEMADLFTLSI

TEPDLVYHKEFDFSMDSGLDQKHFLNELLSRDESCKKHSLLVLPPLFYEENESFYRR  
 I IKKWVQTSCGNNVEDPKPKIVVFASNIMEAVNQYRLIRNLIQIQYSTHGYIRNVLN  
 RFNCNFEYGIQRYQIGNDTLNRTRMKY TINQHLSNLKKSQKKWFDPLILISRTERS  
 MWDPNVYRYKWSNGSKNFQEHLDFISEQNSRFQVVFDRHLINQYSIDWSEVIDKKDL  
 SKSLCLFLSKLLLFLPKFLLFSLNSLPSFLFVSVFGGIP IHRSEIHIYELKGPNDPLCN  
 QLLESIGLQIFHLKRRKPLLLDDQDTSQKSKFLINGGTISPFLFNKIPKWMIDSFHTR  
 KNRRKSFNDTDSYFSMISHDPDNWLNVPKPFHRSSLIYYFYKANRLRFLNNQYHFCFY  
 CNKRFPFYVEKARINNYDFTYQFLKILFIRNKIFSFCDGQKKHAFKRD TISPIELQ  
 VSNILIPNDFPQSGDEGYNFYKSFHFP IRYDPFVRGAIYSIADISGTPLTEGQIVHFE  
 KTYCQPLSDMNI PDSEGKNLYQYLNFNNSMGWIHTPCSEKYL PSEKRRKRSSCLQKCL  
 EKGQMYRTFQQDSVSTLSKWNLFQTYIPWFLTSTGYKYLNFIFLDTFSDLLPILSSS  
 QKFVSI FHDIMHGSDILWRIRQIPLCLPQWNLI SEIPGNCFHNL L LSEEMTHRNNELL  
 LISTHLRSLNVQEFFYSILFLLL VAGYLVRTHLLFVSRVYSELQTEFEKVKSLMIPSY  
 MIELRKL LDRYPTSELNSFWLKNIFLVALEQLGDSLEEIRSF AFGSNMLWGGGPAYGV  
 KSIRSKNKYWNLIDLISII PNPINRIAFSRNTRHLSHPSKAIYSLIRKIKNVNGDWID  
 DQIESWVSNTDSIDDKEKEFLVQFSTLTTEKRIDQILLSLTHSDLLSKNNSGYQISEQ  
 PGAIYLRYLVDIQKKYLMIEFN TSCLVERRIFLANYQTITYSHTLWGANS LHFPSHG  
 KPFSLRLALPPPSRGILVIGSIGTGRSYLVKYLATNSYVPFITVFLNKFLDNKPKGFL  
 IDSDDDIDSDDDIDSDSDDDIDRDLMELELLTMMNTLTMDMPEIDRFYITFH FEL  
 AKAMSPCIIWIPNIHDL DVTESNYLSLGLLVNYLSRDCERCSTRN I LVIAS THIPQKV  
 DPALIAPNKFN TCIKIRRLIIPQQRKHFF TLSYTRGFHLEKKMSHTNGFGSTTMGSNV  
 RDLVALNNEALSISIIQKKSII DTNIISSVLHRQTWDFRSQVRSVQDHGILFYQIGRA  
 VSQNVLLSNCSIDPISIIYMKKKSCDGGDSYLYKWFELG TSMKKLTILLYLLSCSAGS  
 VAQDLWSLPGPDEKNGITSYGLVEKNYDLVHGLLEVEGALVGS SRTEKDCSQFDKDRV  
 TLLLRSEPRNPLNRIQNGSYSIVDQRFLY EKYESEFEEGGVLDPQQIEEDFFNHIVW  
 APRIWRPWGFLFDCIERPNNLGFPYWAR SFRDKRIIYDEEDELQENDSEFLQGGTMQY  
 QTRDRSSKEQGFFRISQFIWDPADPLFFLFKDQPFVSVF SHRQFFTDEEMSRELLTSQ  
 TNLPTSIYKHWFIKNTQEKHFELLIHCQRWLRINSSSSKGFPSNTLSESYQYLSNLF  
 LSNEALLDQMTKTLLRKRWLPDEIVVASC SNNESLV"  
 exon complement (141076..147933)

```

        /gene="ycf2"
        /number=2
gene      148021..148094
        /gene="trnI-CAU"
tRNA     148021..148094
        /gene="trnI-CAU"
        /product="tRNA-Ile"
        /note="anticodon:CAU"
gene     148539..148820
        /gene="rpl23"
CDS     148539..148820
        /gene="rpl23"
        /codon_start=1
        /transl_table=11
        /product="ribosomal protein L23"
        /protein_id="AFJ91918.1"
        /db_xref="GI:387598526"

/translation="MNGIKYAVFTDKSIRLLGKNQYTFNVESGSTRTEIKHWVELFFD
VKVIAMNSHRLPVKGRVRPIMGHTMHYRRMIITLQPGYSIPPLRKKRT"
gene     148839..150323
        /gene="rpl2"
CDS     join(148839..149231,149853..150323)
        /gene="rpl2"
        /codon_start=1
        /transl_table=11
        /product="ribosomal protein L2"
        /protein_id="AFJ91919.1"
        /db_xref="GI:387598527"

/translation="MAIHLYKTSTPSTRNGTVDSQVKS NPRNH LIYGQHRCGKGRNAR
GIITAGHRGGGHKRLYRQIDFRRNEKNIYGRIVTIEYDPNRNASICLIHYGDGEKKYI
LHPRGAIIGDTIVSGTEVPIKMGNALPLSEVLIDQKEESTSTDMP LGT AIHNIEITLG
KGGQLARAAGAVAKLIAKEGKSATLKLPSGEVRLISKNC SATVGVGNVGVNQKNLGR
AGSKCWLGRPIVRGVMMNPVDHPHGGGEGRAPIGRKKPATPWGFPALGRRSRKRKKY
SDNLILRRRTK"
exon    148839..149231
        /gene="rpl2"
        /number=1
exon    149853..150320
        /gene="rpl2"
        /number=2
gene     150378..150656
        /gene="rps19"
CDS     150378..150656
        /gene="rps19"
        /note="clp protease proteolytic subunit"
        /codon_start=1
        /transl_table=11
        /product="ribosomal protein S19"
        /protein_id="AFJ91920.1"
        /db_xref="GI:387598528"

/translation="MTRSLKKNPFVANHLLR KIKKLNTKAEKDII LTWSRASTIIPTM

```

IGHTIAIHNGKEHLPIYITDRMVGHKLGEFSPTLNFRGHAKNDNRSRR"