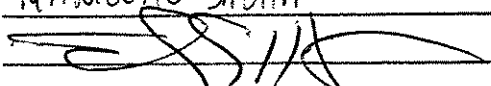


UNIVERSIDADE ESTADUAL DE CAMPINAS



MARICENE SABHA

Expressão e detecção de genes envolvidos com patogenicidade de *Crinipellis perniciosa*

Este exemplar corresponde à redação final
da tese defendida pelo(a) candidato (a)
MARICENE SABHA

e aprovada pela Comissão Julgadora.

Tese apresentada ao Instituto de
Biologia para obtenção do Título de
Doutor em Biologia Funcional e
Molecular, na área de Bioquímica.

Orientador: Prof. Dr. GONÇALO AMARANTE GUIMARÃES PEREIRA

2004

i

UNIDADE	BC
Nº CHAMADA	+ UNICAMP
	2132
V	EX
TOMBO BC/	02748
PROC.	16.85.05
C	☐
D	☒
PREÇO	11.00
DATA	11-03-05
Nº CPD	

BIBID- 349109

**FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA
BIBLIOTECA DO INSTITUTO DE BIOLOGIA – UNICAMP**

S13e

Sabha, Maricene

Expressão e detecção de genes envolvidos com patogenicidade de
Crinipellis pernicioso / Maricene Sabha. -- Campinas, SP: [s.n.], 2004.

Orientador: Gonçalo Amarante Guimarães

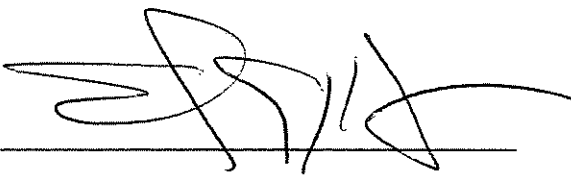
Tese (Doutorado) – Universidade Estadual de Campinas.
Instituto de Biologia.

1. Patogenicidade. 2. Microarranjos de DNA. 3. Expressão gênica.
4. *Crinipellis pernicioso*. I. Guimarães, Gonçalo Amarante.
II. Universidade Estadual de Campinas. Instituto de Biologia. III Título.

Data da Defesa: 22/12/2004

Banca Examinadora

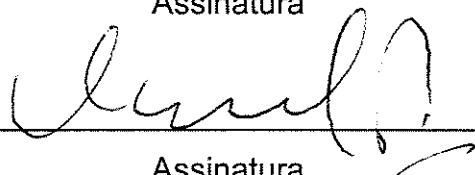
Prof. Dr. Gonçalo Amarante Guimarães Pereira
(Orientador)


Assinatura

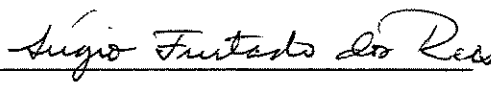
Profa. Dra. Joyce Maria Annichino Bizzacchi


Assinatura

Prof. Dr. Cláudio Luiz Messias


Assinatura

Prof. Dr. Sérgio Furtado dos Reis


Assinatura

Prof. Dr. Lyndel Wayne Meinhardt


Assinatura

Profa. Dra. Fernanda Ramos Gadelha


Assinatura

Profa. Dra. Helena Coutinho Franco de Oliveira


Assinatura

À professora Dra. Yoko Bomura Rosato, pela amizade, exemplo de conduta e orientação nos aspectos científicos e profissionais de minha carreira.

“Quando se admira um mestre, o coração dá ordens à inteligência para aprender as coisas que o mestre sabe. Saber o que ele sabe passa a ser uma forma de estar com ele.”

(Rubem Alves)

Aos meus queridos pais, Dirce e Mário, meus maiores exemplos de amor, sabedoria e determinação. Por acreditarem nos meus sonhos e terem sido minhas asas, mais uma vez, para que eu pudesse embarcar em mais esta viagem.

AGRADECIMENTOS

Ao prof. Dr. Gonçalo A.G. Pereira, pela orientação e oportunidade de coordenar o grupo de *microarrays* durante 4 anos, padronizando a metodologia de *microarrays* para utilização em diversos organismos.

À querida profa. Dra. Yoko Bomura Rosato, pela co-orientação deste trabalho, pela amizade e apoio ao longo de todos meus anos na pesquisa científica.

Aos professores da banca examinadora: Dra. Joyce M.A. Bizzacchi, Dr. Lyndel W. Meinhardt, Dr. Cláudio Messias e Dr. Sérgio F. dos Reis, pela apreciação e valiosas sugestões neste trabalho.

À CAPES, Perkin Elmer do Brasil (divisão Life Science) e Genomic Solutions, pelo suporte financeiro e científico.

Ao prof. Dr. Marco Aurélio Krieger (Instituto de Biologia Molecular do Paraná) e seus orientandos Daniela Pavonni e Christian Probst, pelo auxílio na confecção e análise dos *microarrays* de *Crinipellis* e *Eucalyptus*.

À coordenadora da pós-graduação em Biologia Funcional e Molecular profa. Dra. Helena C.F. de Oliveira, à profa. Dra. Eneida de Paula, profa. Dra. Fernanda R. Gadelha e secretárias Andréia Vigilato e Marina Cruz, pela amizade, apoio e auxílio nos aspectos acadêmicos.

Às secretárias da CPG do IB, Sílvia H.Z. Evangelista, Sílvia A.B.C.F. Oliveira e Rejane M. Aranha, pela atenção e auxílio nos aspectos acadêmicos.

Aos pesquisadores e amigos: Luciana Macedo (FCM), pelo sequenciamento reverso do fragmento do gene GAPDH; Eduardo Formighieri (IB), pelo auxílio na montagem do gene e pela figura do GAPDH; Aluana Gonçalves (IB) e Renato Vicentini (CBMEG), pelo auxílio com a análise dos *microarrays*.

Ao amigo Paulo H. Soares (HC), pelas informações sobre *microarrays*, que serviram como base para a confecção dos primeiros *arrays* de rato e humano (câncer) no LGE.

Ao querido prof. Dr. Heitor Moreno Jr. (FCM), pela amizade e pelos “olhos de tigre”, minha eterna gratidão.

À minha família científica, amigos do ex-Lab de Microorganismos do CBMEG: Pat (Val), TE (AO), Francine (FF), Ângela (Ory), Ed (CE), Sandra (SRM) e Henrique (Zé), sem os quais esta vitória não teria o mesmo gosto.

Aos amigos do Laboratório de Genômica e Expressão (LGE), secretárias Andréa e Eliane, Welbe, meninos da bioinformática e em especial a Johana Rincones, Leandra Scarpari, Diana Queiroz, Alessandra Lanza e Gabriel Mazotti.

Ao técnico Júlio Salvadori, pela amizade e maneira precisa como conduziu os experimentos.

Aos amigos: Lilica, Pat Mano, Pare, Silvana, Keka, Lilian, Glauco, Rosana, Perua, Kiko, Marga, Lurdinha, Gilvan, Carlão, Gil, Margot, Leila, Nelma, Roni, Michelle, Naiara e Anders, pelo carinho e amizade.

À amiga Janaína N. dos Prazeres, pela amizade, incentivo e pelos longos papos, minha imensa gratidão.

À amiga Carolina Cotomacci, pela amizade, apoio e ajuda durante a confecção da tese. Foi muito bom contar com você e melhor ainda saber que continuarei contando.

À minha amiguinha Bia, pelas façanhas intrépidas e por conseguir dimensionar coisas tão pequenas quanto “um DNA”, tendo apenas 8 anos.

À querida Cacá, pela força, incentivo e carinho. Seria impossível enumerar tudo o que você fez por mim. Ter você por perto é bom demais!

Aos queridos tios Julieta e Décio, Linda, Oneyde e Loris (*in memoriam*), pelo carinho e atenção.

Ao meu querido irmão e cunhada, Marinho e Elaine, pelos momentos de descontração e pela torcida organizada.

Aos meus queridos pais, pelo carinho incondicional, incentivo às idéias e participação em todos os meus projetos. Vocês são o meu melhor presente!

Ao meu querido anjo Daniel, pela presença durante todos estes anos. Só você mesmo para me acompanhar numa jornada tão exótica.

A Deus e ao Universo, pelo privilégio de poder sonhar e realizar SEMPRE.

“There are some things which cannot be learned quickly, and time, which is all we have, must be paid heavily for their acquiring. They are the very simplest things, and because it takes a man's life to know them, the little new that each man gets from life is very costly and the only heritage he has to leave.”

(Ernest Hemingway, 1899-1961)

ÍNDICE

ÍNDICE DE FIGURAS	XI
ÍNDICE DE TABELAS	XIV
ABREVIACÕES	XV
RESUMO	XVI
ABSTRACT	XVIII
1. INTRODUÇÃO	21
1.1 Fungo: histórico, economia e controle	21
1.2 Biologia do fungo <i>Crinipellis perniciosa</i>	22
1.3 Projeto Genoma <i>Crinipellis perniciosa</i>	26
1.4 Patogenicidade e proteínas relacionadas	28
1.5 A tecnologia de <i>microarrays</i> ou <i>chips</i> de DNA	30
2 . OBJETIVO	34
3. MATERIAL E MÉTODOS	36
3.1 Material biológico	36
3.1.1 <i>Crinipellis perniciosa</i>	36
3.1.2 <i>Theobroma cacao</i>	36
3.2 Meios de cultura	37
3.2.1 Meio malte	37
3.2.2 Meio mínimo com 1% de glicose	37
3.2.3 Meio mínimo com 1% de glicose e 1% de extrato de cacau susceptível	37
3.3 Cultivo do fungo	38
3.3.1 Cultivo do fungo para extração de RNA	38
3.4 Confeção dos <i>microarranjos</i>	39

3.4.1 Escolha dos fragmentos de interesse para impressão	39
3.4.2 Preparação dos fragmentos de interesse para impressão	40
3.4.2.1 Amplificação dos fragmentos selecionados	40
3.4.2.2 Purificação dos fragmentos amplificados	41
3.4.2.3 Quantificação dos fragmentos purificados	41
3.4.3 Controles utilizados nos experimentos	42
3.4.3.1 Positivos	42
3.4.3.2 Negativos	43
3.4.4 Transposição dos produtos de PCR de placas de 96 poços para as de 384	43
3.4.5 Impressão e fixação dos produtos de PCR em lâminas de vidro	44
3.5 Obtenção e marcação de sondas para hibridização	44
3.5.1 Extração de RNA Total de <i>C. perniciosus</i>	44
3.5.2 Purificação do RNA Total	45
3.5.3 Síntese da primeira fita de cDNA	46
3.5.4 Síntese da segunda fita de cDNA	47
3.5.5 Purificação do cDNA	47
3.5.6 Transcrição in vitro	48
3.5.7 Purificação do cRNA	48
3.5.8 Síntese da primeira fita de cDNA a partir de cRNA	48
3.5.9 Síntese da segunda fita marcada de cDNA	49
3.6 Hibridização	50
3.7 Confirmação da identidade dos genes expressos	50
3.8 Northern blot	51
4. RESULTADOS	54
4.1 A integridade dos fragmentos de interesse para impressão e do controle positivo externo	54
4.2 Os RNAs extraídos em condições distintas	55
4.3 cRNAs usados para marcação	56
4.4 Análise da expressão por microarrays	57
4.5 Comparação entre imagens: laser x luz	60
4.6 A eficiência da actina como controle positivo interno	62
4.7 O gene Q do fago lambda como controle positivo externo	64
4.8 Confirmação da expressão por Northern blot	65
4.9 A comparação da expressão do gene GAPDH em microarrays e Northern blot	68

4.10 Re-seqüenciamento do GAPDH	69
4.11 Os genes diferencialmente expressos	70
5. DISCUSSÃO	84
5.1 A técnica de <i>microarrays</i>	84
5.2 A seleção dos genes controle	86
5.3 A patogenicidade e os genes diferencialmente expressos	88
6. CONCLUSÕES	92
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	95
8. APÊNDICES	108
8.1 Artigo submetido à revista <i>Biotechniques</i>	108
8.2 Apêndices IA e IB: Mapa usado para transposição dos clones purificados, de placas de 96 poços para placas de 384 poços	115
8.3 Informações sobre as seqüências impressas nas lâminas	117

ÍNDICE DE FIGURAS

- Figura 1. Ciclo de vida do fungo *Crinipellis perniciosa* _____ 25
- Figura 2: Perfil eletroforético de clones amplificados por PCR. M = marcador de peso molecular para determinação do tamanho aproximado de cada fragmento. _____ 54
- Figura 3: Fragmento de aproximadamente 700 bp do gene Q do fago lambda. M= marcador de peso molecular. _____ 55
- Figura 4: RNAs de *C. perniciosa* extraídos na ausência de extrato de cacau após 24h, 48h, 72h e 168h da troca de meio _____ 55
- Figura 5: RNAs de *C. perniciosa* extraídos na presença de extrato de cacau após 24h, 48h, 72h e 168h da troca de meio _____ 56
- Figura 6: cRNAs de todas as amostras na presença e na ausência de extrato de cacau. _____ 56
- Figura 7: Lâmina espotada com robô Flexys (GSI, USA), hibridizada com amostras de RNAs (intervalo:48hs): na ausência de cacau (Cy-3) e presença de cacau (Cy-5), apresentando imagem mais definida na marcação de material com a cianina-3. ____ 57
- Figura 8: Chip do intervalo de 72hs: sem cacau (Cy-3) x com cacau (Cy-5). Nota-se que apenas a amostra marcada com a cianina-3 hibridizou com as seqüências depositadas na lâmina, gerando alto background. _____ 58
- Figura 9: Chip do intervalo de 72hs invertido, com cacau (Cy-3) x sem cacau (Cy-5). O acúmulo de fluoróforo na parte de baixo da lâmina, decorrente da não incorporação ao ácido nucléico. _____ 58

Figura 10: Digitalização de lâmina espotada com robô (QArray Mini, Genetix, UK), hibridizada com RNA marcado com Cy-5, condição com cacau, após 24 horas da troca de meio. _____ 59

Figura 11: Área da lâmina aumentada para melhor visualização dos spots. A coloração gradual que vai da cor azul escura até a vermelha é respectiva à intensidade da expressão gênica. _____ 59

Figura 12: A) imagem digitalizada com scanner a luz de xenônio GeneTAC 2000 (GSI, USA). B) imagem digitalizada com scanner a laser ScanArray Express (P.BioScience, USA). _____ 61

Figura 13. A) Beta-actina antes da normalização. B) Beta-actina após normalização. _____ 64

Figura 14: Gene Q do fago lambda. A média dos valores de intensidade correspondentes à expressão de cada réplica indica que não existe variação no nível de expressão deste gene. _____ 65

Figura 15: Northern Blot – teste com gene GAPDH (amostra sem cacau, 48hs) ____ 66

Figura 16: Amostras de RNA em gel desnaturante. S=amostras sem cacau e C=amostras com cacau. _____ 66

Figura 17: Northern do gene GAPDH. As amostras com cacau apresentam nítido aumento na expressão deste gene nesta condição. Ctrl=controle; S=amostras na ausência de extrato de cacau; C=amostras na presença de cacau. _____ 67

Figura 18: Histograma da densitometria: a intensidade de cada banda do gel está relacionada à quantidade de amostra em cada canaleta. Amostras 1 a 4: sem cacau; 5 a 8: com cacau. _____ 67

Figura 19. Comparação entre as duas técnicas para o mesmo gene confirma aumento de expressão. As setas apontam expressão idêntica nas triplicatas de cada experimento. MA=*Microarrays*; NB=*Northern Blot*. _____ 68

Figura 20. O gene GAPDH: a análise da clusterização de seqüências do gene permitiu identificar o número de éxons e íntrons do gene inteiro. A região em vermelho apresenta baixa similaridade com as seqüências do banco, mas ainda assim sugere que seja parte do mesmo éxon. Simil=similar; aa=aminoácidos; nt=nucleotídeos; ? =região indefinida do gene. _____ 70

Figura 21. Classes dos genes diferencialmente expressos em ambas as condições 79

Figura 22. Pathogenesis-related protein PR-1A [*Tobacco*]. _____ 80

Figura 23. Thaumatin-like protein [*S. nigra*] _____ 81

Figura 24. Pathogenicity protein [*M. grisea*] _____ 81

ÍNDICE DE TABELAS

Tabela 1: Primers desenhados para amplificação de insertos de interesse clonados em plasmídeo pUC18. _____ 40

Tabela 2: Primers específicos para amplificação do controle positivo lamba Q gene43

Tabela 3: *Spots* falsos provenientes de hibridização não-específica. _____ 60

Tabela 4: Dados usados na normalização da beta-actina. _____ 62

Tabela 5: Estudo densitométrico. _____ 68

Tabela 6: Genes representativos de expressão diferencial nas duas condições e em todos os intervalos. _____ 71

Tabela 7. Genes expressos apenas na condição com cacau. _____ 80

Tabela 8. Genes relacionados com patogenicidade expressos diferencialmente na presença do extrato de cacau. _____ 81

Tabela 9. Genes relacionados com patogenicidade expressos diferencialmente na ausência do extrato de cacau. _____ 82

ABREVIATÖES

cDNA – ácido desoxiribonucleico complementar

cRNA – ácido ribonucleico complementar

CV – coeficiente de variaçã

DMSO – dimetilsulfóxido

DTT – ditiotreit

EDTA – ácido etilenodiamino tetracético

F – forward (direto)

g – grama(s)

M – marcador de peso molecular

min – minuto(s)

PCR – polymerase chain reaction (reaçã

qsp – que serve para

R – reverse (reverso)

seg – segundo(s)

SSC – soluçã

TE – Tris – EDTA

µg – microgramas

µL – microlitro(s)

∞ – infinitamente

RESUMO

O fungo *Crinipellis perniciosa* Stahel (Singer), ataca tecidos meristemáticos do cacaueiro *Theobroma cacao*, causando anormalidades como hiperplasia e hipertrofia nos tecidos infectados, que resultam na doença conhecida como vassoura-de-bruxa.

Nas regiões produtoras de cacau do Estado da Bahia, a vassoura-de-bruxa tem causado grandes danos econômicos e esforços têm sido deflagrados com o intuito de estabelecer um plano de controle da doença. O patógeno é pouco estudado e genes envolvidos na interação planta-patógeno e responsáveis pela patogenicidade são desconhecidos.

O projeto genoma de *C. perniciosa* (www.lge.ibi.unicamp.br/vassoura) foi criado para auxiliar a elucidar os aspectos inerentes à patogenicidade e crescimento do fungo, que permitirão conhecer o organismo de forma global e assim ajudar a entender as estratégias que ele utiliza no ataque à planta. A compreensão desses mecanismos poderá definir os caminhos para controlá-lo. O conhecimento do genoma não identificará, de imediato, os genes envolvidos com patogenicidade. Portanto, torna-se necessário complementar os dados do genoma com análise da expressão para determinar quando os diferentes genes são expressos.

Uma das formas de analisar os mecanismos de fitopatogenicidade é identificar os genes diferencialmente expressos durante a interação planta-hospedeiro. A metodologia de *microarray* permite a análise da expressão de milhares de genes simultaneamente, possibilitando a identificação e verificação dos níveis de expressão sob diferentes condições.

No presente trabalho, pretendeu-se identificar os mRNAs especificamente induzidos na fase saprotrófica do fungo *C. perniciosa* durante interação com extratos de frutos de *T. cacao* susceptível. Os resultados apresentados conclusivamente demonstram que o monitoramento comparativo de genes expressos diferencialmente, resultante da interação patógeno-hospedeiro, é uma estratégia viável para identificar respostas de genes no patossistema *C. perniciosa* - *T. cacao*. Além disso, este estudo relata melhorias na metodologia existente que contribuirão para projetos futuros nesta área de pesquisa.

ABSTRACT

The fungus *Crinipellis perniciosa* Stahel (Singer), attacks meristematic tissues of the cocoa tree *Theobroma cacao*, causing abnormalities like hyperplasia and hypertrophy in the infected tissues, which results in the disease known as witches' broom.

In the cocoa producing regions in the State of Bahia, witches' broom has caused major economic loss and efforts have been made to establish a plan to control the disease. The pathogen is not well studied and genes involved in the host-plant interaction and responsible for pathogenicity are unknown.

C. perniciosa genome project (www.lge.ibi.unicamp.br/vassoura) was created to help elucidate aspect inherent to fungal pathogenicity and growth, which will allow a better understanding of this organism in a global manner and thus help us to understand the strategies it uses to attack the plant. The comprehension of these mechanisms could help to define ways to control this pathogen. The knowledge of the genome sequence will not immediately identify the genes related to pathogenicity. Therefore, it is necessary to complement the genome data with expression analysis to determine when the different genes are expressed.

One of the ways to analyze the mechanisms of phytopathogenicity is to identify differentially expressed genes during the host-plant interaction. Microarray methodology allows expression analysis of thousands of genes simultaneously, enabling the identification and verification of expression levels under different conditions.

In this work, the objective was to identify mRNAs specifically induced in the saprotrophic phase of the fungus *C. perniciosa* during the interaction with extracts from susceptible *T. cacao* fruits. Results presented here conclusively show that comparative monitoring of differentially expressed genes, resulting from the host-plant interaction, is a viable strategy to identify gene responses in the *C. perniciosa* – *T. cacao* pathosystem. Furthermore, this study reports improvements to the existing methodology that will contribute to future projects in this area of research.

I - INTRODUÇÃO

1. INTRODUÇÃO

1.1 Fungo: histórico, economia e controle

Crinipellis perniciosa (Stahel) Singer é o agente etiológico da vassoura-de-bruxa, doença do cacau (*Theobroma cacao*), constituindo uma ameaça à produção na América do Sul, especialmente no Brasil, Equador, Colômbia (Hedger *et al.*, 1987) e ilhas do Caribe (Rugard *et al.*, 1993).

O primeiro registro oficial da doença, feito por Went em 1904, relata a sua ocorrência, em 1895, no Suriname, causando sérios prejuízos no município de Saramacca (Holliday, 1952). Porém, seu agente etiológico só foi descrito por Stahel em 1915 como *Marasmius perniciosus*. Em 1942, foi transferido para o gênero *Crinipellis* por Singer e na revisão taxonômica do fungo foi mantido o binômio *Crinipellis perniciosa* (Stahel) Singer (Pegler, 1978).

Em maio de 1989, a doença foi detectada no sul da Bahia, região responsável por 84,5% da produção nacional (Pereira *et al.*, 1989), e, desde então, alastrou-se em praticamente todas as regiões produtoras do estado (Sgrillo & Araújo, 1994), ameaçando a competitividade da cacaucultura nacional devido à queda na produção.

C. perniciosa pode ocasionar perdas de 70 a 90% na produção de cacau (Rugard *et al.*, 1993), e até o momento não se obteve sucesso efetivo no combate ao problema utilizando-se técnicas de manejo, como a poda fitossanitária, ou com o uso

de fungicidas normalmente empregados na agricultura (Rudgard, 1987; Albuquerque *et al.*, 1995).

Esforços econômicos e científicos têm sido deflagrados com o intuito de estabelecer um plano de controle da doença, através das organizações CEPLAC (Comissão Executiva do Plano da Lavoura do Cacaueiro), CEPEC (Centro de Pesquisas do Cacau) e FUNDECAU (Fundo Baiano de Defesa da Cacaucultura), que fomentam pesquisas sobre a viabilidade da aplicação de diferentes estratégias de controle, entre elas: poda fitossanitária (Lima *et al.*, 1991), controle químico (uso de fungicidas) (Bastos, 1989), controle biológico (uso de organismos antagonistas) (Bastos & Dias, 1992) e controle genético (desenvolvimento de variedades de cacau resistentes à doença) (Pires & Luz, 1995).

1.2 Biologia do fungo *Crinipellis perniciosa*

C. perniciosa pertence à família Tricholomataceae, da ordem Agaricales, divisão Basidiomycota. Outros autores têm dividido essa espécie em quatro biótipos ou patótipos dependendo da espécie que hospedam: biótipo S, biótipo B, biótipo L e biótipo C (Griffith & Hedger, 1994). O biótipo S (*Solanum*) causa vassoura-de-bruxa em solanaceas (Bastos & Evans, 1985), o biótipo B (*Bixa*) em *Bixa orellana* (Bastos, 1988) e o biótipo C (cacau) em *Theobroma cacao*. O biótipo L (liana) não causa vassoura-de-bruxa em seu hospedeiro, o cipó (Hedger *et al.*, 1987).

Este basidiomiceto infecta os tecidos meristemáticos do cacaueiro, tais como gemas vegetativas, frutos e almofadas florais (Baker & Holliday, 1957; Thorold, 1975; Evans, 1981), germinando sobre a superfície de tecidos meristemáticos úmidos ou lesados (Frias *et al.*, 1991). O tecido infectado apresenta crescimento anormal, provavelmente devido a um desequilíbrio hormonal causado pelo fungo, o que resulta em hipertrofia e hiperplasia do tecido afetado. O tumor ocasionado pelo fungo apresenta semelhança morfológica com a forma de uma vassoura, razão popular conhecida como vassoura-de-bruxa (Evans, 1980).

O fungo exibe ciclo de vida hemibiotrófico (Hedger *et al.*, 1987), apresentando duas fases distintas: fase parasítica e fase saprofítica. Na primeira fase, o micélio é encontrado em tecidos vivos e é monocariótico, não apresentando grampos de conexão. Na segunda fase, o micélio é encontrado em tecidos mortos, é dicariótico e apresenta grampos de conexão, podendo ser cultivado em meio nutritivo (Evans & Bastos, 1979; Evans, 1980; Calle *et al.*, 1982), pois nesta fase assimila nutrientes com maior facilidade do que o monocariótico (Alexopoulos & Mims, 1979; Raven *et al.*, 1996).

A infecção típica (vassoura vegetativa) inicia-se quando o tubo germinativo dos basidiósporos penetra no tecido meristemático de gemas apicais em atividade. A resposta do hospedeiro, localizada no ponto de infecção, resulta em considerável multiplicação do tecido (Orchard *et al.*, 1994) e desenvolvimento de ramos laterais. Essas respostas da planta parecem ser estimuladas pela fase primária ou parasítica (biotrófica, monocariótica), embora se desconheçam os mecanismos de controle (Evans, 1980; Evans & Bastos, 1980). O fungo permanece na fase primária por algum tempo (6-9 semanas) dentro da vassoura em desenvolvimento até que a

vassoura verde inicie um processo de necrose, alteração associada à mudança do fungo para uma fase secundária (saprofítica, dicariótica). Subsequentemente à morte das vassouras o micélio saprofítico frutifica formando basidiocarpos (Figura 1) (Wheeler, 1985).

Somente na fase saprofítica, em condições úmidas, os basidiósporos podem ser produzidos, porém eles só são liberados durante a noite, pois são sensíveis à luz ultravioleta (Purdy & Schmidt, 1996; Raven *et al.*, 1996). Portanto, como períodos intermitentes de umidade e seca são necessários para a proliferação do fungo (Purdy & Schmidt, 1996), o Estado da Bahia oferece condições climáticas que favorecem a produção de basidiósporos o ano todo.

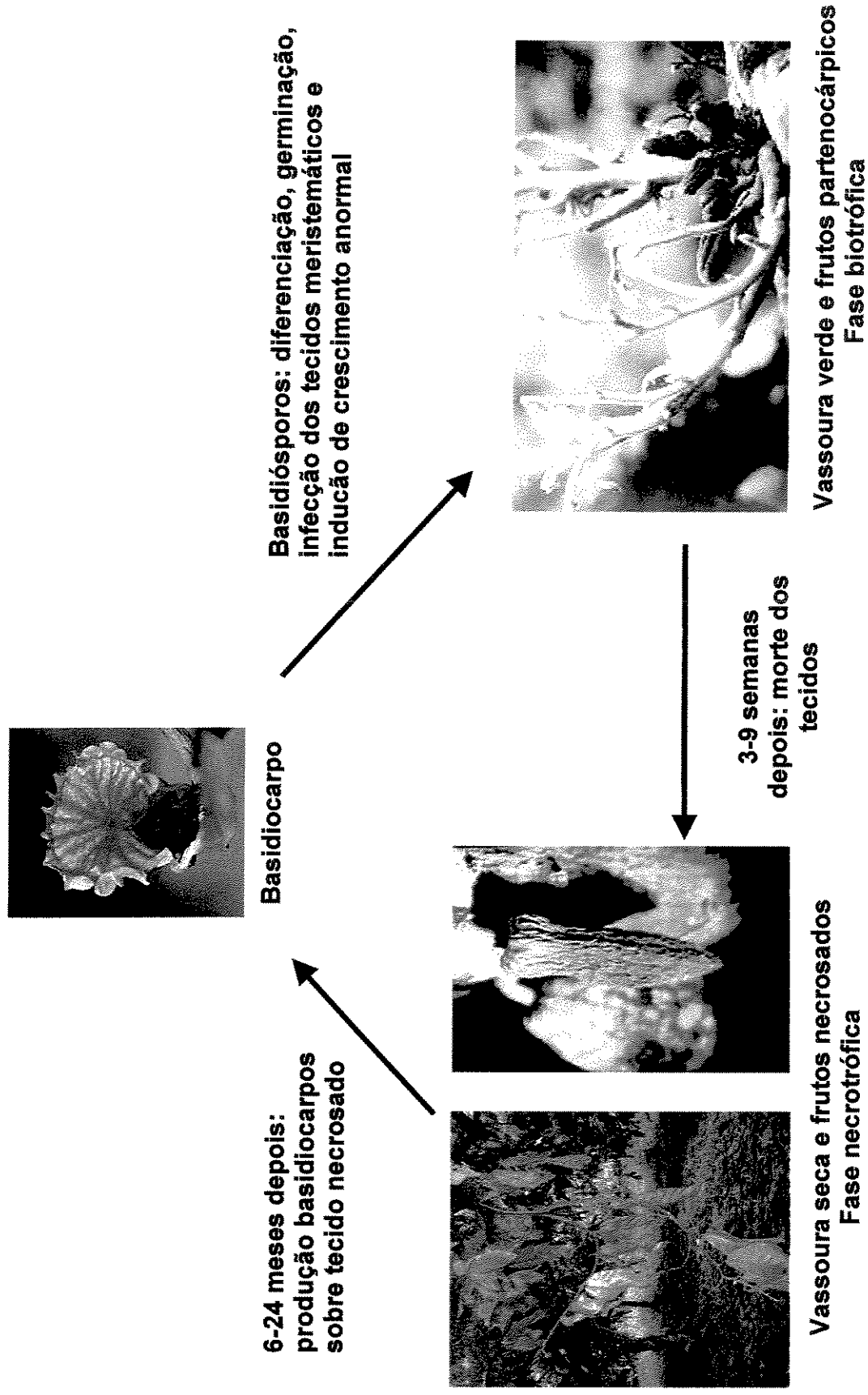


Figura 1. Ciclo de vida do fungo *Crinipellis perniciososa*

1.3 Projeto Genoma *Crinipellis perniciosa*

Projetos genoma, como são popularmente designados, são aqueles que têm como objetivo identificar total ou parcialmente o conjunto de genes de um determinado organismo – genoma. Hoje, com o advento da tecnologia, é possível estudar os mais íntimos aspectos da identidade dos organismos, o que antigamente era baseado em suposições.

A automação das técnicas de seqüenciamento de DNA aliada a um novo campo da ciência chamado de bioinformática - aplicação da tecnologia de informação e gerenciamento de dados à área da biologia molecular (Gibas & Jambeck, 2001) - permitiu a realização de diversos projetos genoma pelo mundo, levando a um impressionante avanço no conhecimento do genoma de diversos organismos, inclusive do homem.

Contudo, embora tenha sido uma das grandes descobertas do século, apenas o estudo das seqüências não é suficiente para o entendimento da programação genética e, portanto, para a compreensão do funcionamento do organismo como um todo. A pós-genômica, com o estudo comparativo dos genomas, a análise global da expressão gênica e o estudo das proteínas, surgiu para complementar as informações das seqüências.

No Brasil, o primeiro projeto genoma desenvolvido foi o Projeto Genoma da *Xylella fastidiosa* (Simpson *et al.*, 2000) o primeiro fitopatógeno seqüenciado no mundo, feito que foi amplamente divulgado nacional e internacionalmente. Diante do sucesso deste primeiro projeto genoma brasileiro, em fevereiro de 2000, nasceu a iniciativa para a realização do projeto genoma de *C. perniciosa*.

O projeto genoma de *Crinipellis pernicioso* foi aprovado pelo Governo da Bahia, o qual através da Secretaria da Agricultura, se posicionou favoravelmente ao seu financiamento. Desta forma foi formada a Rede de Genômica do Estado da Bahia, um consórcio composto inicialmente por 4 instituições: Universidade Estadual de Campinas, Universidade Estadual de Santa Cruz, Centro de Pesquisas do Cacau - CEPLAC e o Centro Nacional de Recursos Genéticos da EMBRAPA . Um ano após, com o apoio financeiro do CNPq, esta rede foi ampliada com o ingresso de mais 3 instituições: Universidade Estadual de Feira de Santana, Universidade Federal da Bahia e Universidade Católica de Salvador .

A estratégia utilizada para a construção da biblioteca genômica foi a de *shotgun* (Venter *et al.*, 1998), que consiste na quebra aleatória de fragmentos de DNA em tamanhos previamente definidos, que são inseridos em vetores de clonagem e posteriormente seqüenciados.

A medida em que o seqüenciamento era realizado, os resultados eram enviados para a central de bioinformática do projeto genoma, que através de um pacote de programas computacionais, o *Gene Projects*, desenvolvido no Laboratório de Genômica e Expressão (LGE/Unicamp), eram comparados às seqüências depositadas nos bancos de dados públicos como o *Genebank* (Benson *et al.*, 2002).

Estas comparações foram baseadas no programa computacional específico BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) (Altschul *et al.*, 1997; Pertsemlidis & Fondon, 2001), onde através da ferramenta BLASTx, as seqüências nucleotídicas obtidas pelo seqüenciamento eram alinhadas e comparadas às seqüências de aminoácidos dos genes depositados, usando como medida de similaridade algoritmos heurísticos, onde o valor dado, o *e-value*, indicava a probabilidade da

similaridade ter ocorrido ao acaso (Pertsemlidis & Fondom, 2001). Desta forma, quanto maior fosse o valor do expoente negativo do *e-value*, menor era a chance daquele alinhamento ter ocorrido ao acaso, representando grande significância biológica em um método novo da genética denominado “*in silico*”.

O resultado dessas comparações, em formato de hipertexto, foi armazenado no banco de dados interno de consulta restrita gerenciado pelo programa *Gene Projects* (Projeto genoma *Crinipellis perniciosa* – www.lge.ibi.unicamp.br/vassoura). Atualmente já foram seqüenciados 134.577.595 nucleotídeos, cerca de 4,45 vezes o tamanho do genoma de *C. perniciosa*, que demonstrou ter aproximadamente 30,3 MB (Rincones *et al.*, 2003).

1.4 Patogenicidade e proteínas relacionadas

Em resposta a infecção por patógenos que produzem lesões necróticas locais, muitas espécies de plantas são conhecidas por acumular proteínas relacionadas à patogênese, conhecidas como PR (*pathogenesis-related proteins*) (Van Loon, 1985). Estas proteínas têm sido estudadas porque suas sínteses estão associadas com o mecanismo de indução de resistência, i.e fenômeno em que, após resposta hipersensitiva a planta torna-se resistente a re-infecção com o mesmo ou com outro patógeno (Ross, 1966). Por exemplo, em plantas de tabaco, o vírus mosaico do tabaco (TMV) induz resistência a vírus, bactérias e fungos; contrariamente, bactérias

e fungos que produzem lesões necróticas no tabaco induzem resistência ao TMV (Gianinazzi, 1983).

Van Loon e colaboradores (1994) propuseram a classificação das proteínas PR em 11 famílias, de acordo com a similaridade das seqüências de aminoácidos e funções biológicas. Nessas classes estão inclusos os grupos PR-2 (glucanases), PR-3 e PR-4 (quitinases), enzimas que degradam as glucanas e quitinas, respectivamente, as quais são componentes estruturais da parede celular de muitos fungos (Ferreira *et al.*, 2004). No grupo PR-5 encontram-se as taumatinas (*Thaumatococcus* -like proteins ou TLPs), polipeptídeos com aproximadamente 200 resíduos, cuja proteína é 100 vezes mais doce do que a sucrose, porém as razões deste sabor doce ainda não estão claras (Brandazza *et al.*, 2004). Entre os vários polipeptídeos produzidos por plantas em resposta a diferentes tipos de stress, as TLPs, cujo nome é derivado da planta *Thaumatococcus danielli*, são estudadas por apresentar o excepcional sabor adocicado mencionado (van der Wel & Loeve, 1972).

Algumas proteínas PR-5 são conhecidas por apresentar atividade antifúngica (Cheong *et al.*, 1997; Xu & Reddy, 1997; Hejgaard *et al.*, 1991; Koiwa *et al.*, 1997; Roberts & Selitrennikoff, 1990). Outras funções biológicas dessas proteínas ainda são pouco conhecidas (Hejgaard *et al.*, 1991) e seu mecanismo de ação antifúngica ainda não é bem entendido (Brandazza *et al.*, 2004).

1.5 A tecnologia de *microarrays* ou *chips* de DNA

Os chips de DNA são arranjos de oligonucleotídeos ou de sequências mais longas de DNA imobilizadas sobre um substrato. Os chips de alta densidade são montados por robôs (Flexys, Genomic Solutions, USA) – (<http://www.genomicsolutions.com/perl/homepage.cgi>) em substratos de vidro ou *nylon*. Sondas marcadas são utilizadas para hibridizar com esses arranjos, permitindo assim estudos de expressão e identificação de genes em larga escala (Ramsay, 1998).

Os microarranjos podem ser construídos a partir de clones de cDNA conhecidos, de uma biblioteca de cDNA ou de um número de ORFs selecionadas de um banco de dados (Heller *et al.*, 1997).

O DNA é amplificado através de *primers ancoradores* (complementares aos *polylinkers* de fagos ou plasmídeos, no caso de construção a partir de bibliotecas) ou de *primers* sintetizados a partir das sequências de genes específicos ou das ORFs de interesse (Lashkari *et al.*, 1997; Drmanac & Drmanac, 1994; Schena *et al.*, 1996). No caso da utilização de bibliotecas, os clones são individualizados e propagados separadamente em placas de 96, 384 ou 864 poços (Schena *et al.*, 1996).

O primeiro passo para a construção dos arranjos a partir de ORFs específicas é a seleção de sequências de interesse no banco de dados. *Primers* específicos são desenhados automaticamente por programas de computador e diretamente sintetizados em placas para facilitar a pipetagem automática e a subsequente amplificação por PCR (Lashkari *et al.*, 1997).

Após a reação de PCR, os produtos são imobilizados em lâminas de vidro ou em membranas de nylon. As lâminas são tratadas com trietoxiaminossilano ou poli-L-lisina para criar uma superfície de aderência. O DNA amplificado é aplicado sobre a superfície das lâminas através de um sistema automatizado que permite a deposição de volumes mínimos (~1nl). O DNA não fixado à lâmina é lavado; o restante é imobilizado à superfície das lâminas através de iluminação com luz ultravioleta e/ou aquecimento a altas temperaturas por tempo pré-determinado (Schena *et al.*, 1995; Drmanac & Drmanac, 1994; Schena *et al.*, 1996; DeRisi *et al.*, 1996).

As lâminas assim preparadas podem ser hibridizadas com sondas provenientes de populações de mRNAs de tecidos ou células de interesse. A marcação das sondas pode ser feita através da transcrição reversa dos mRNAs, utilizando nucleotídeos fluorescentes (Cy-3 e Cy-5). Duas populações de mRNAs obtidas a partir de tipos celulares diferentes, ou obtidas a partir de um tecido submetido a tratamentos com diferentes estímulos, por exemplo, são marcadas com os dois tipos de fluoróforos. As sondas são misturadas e hibridizadas com o arranjo de DNA. Após a lavagem das sondas não hibridizadas, imagens dos chips são digitalizadas através de *scanner a laser*, a qual detecta a emissão dos dois grupos fluorescentes independentemente (Schena *et al.*, 1996; DeRisi *et al.*, 1996). A análise das imagens pode ser feita através de *softwares* que permitem a comparação entre a expressão diferencial de uma grande quantidade de genes. A tecnologia de *microarrays* vem sendo cada vez mais utilizada para estudos de expressão gênica em geral. Experimentos realizados com *Theobroma cacao* identificaram os tipos de genes expressos em folhas e grãos de cacau de cinco variedades diferentes (Jones *et al.*, 2002). Outro estudo (Belenkiy *et al.*, 2000) relatou que, em leveduras, genes

relacionados a proteínas de transporte mitocondrial são expressos sob condições metabólicas diversas, o que pode ajudar a identificar a função de proteínas. Além disso, também demonstrou-se a eficiência desse método na identificação de genes diferencialmente expressos durante comparação entre mutantes criogênicos resistentes e uma linhagem de levedura susceptível ao congelamento na indústria alimentícia (Tanghe *et al.*, 2000). Finalmente, é importante salientar o uso de *microarrays* como ferramenta para diagnóstico, prognóstico e gerenciamento clínico de doenças infecciosas (Cummings & Relman, 2000).

Além disso, os *microarrays* têm grande potencial para compreender processos de interação entre organismos, como ocorre em fitopatogenias. Schenk e colaboradores (2000) verificaram mudanças no padrão de expressão de mais de 2.000 genes em *A. thaliana*, quando inoculada com fungo incompatível ou submetida a diferentes tratamentos.

Finalmente, estudos utilizando a metodologia em questão foram realizados com o fungo *Neurospora crassa*, apontando que apenas 19% dos 1.335 genes apresentaram expressão gênica diferencial em resposta a *stress* nutricional (Xie *et al.*, 2004).

II. OBJETIVO

2 . OBJETIVO

Este trabalho teve como objetivo analisar, através da técnica de *microarrays*, a expressão diferencial de genes de *Crinipellis perniciosa* quando esse fungo é crescido na presença de extrato de cacau. Um ponto a ser considerado no trabalho, é que essa condição poderia identificar genes que são utilizados pelo patógeno na interação com a planta.

III. MATERIAL E MÉTODOS

3. Material e métodos

3.1 Material biológico

3.1.1 *Crinipellis perniciosa*

A linhagem utilizada de *C. perniciosa* foi a CP02, um isolado da região cacaujeira de Itabuna - Bahia, foi recebida na fase de micélio, em placas de Petri, onde era cultivada em meio ágar.

3.1.2 *Theobroma cacao*

Foram utilizados frutos de cacaujeiros (hospedeiro natural), adquiridos das plantações de Almirante Cacao na Bahia, para elaboração de extrato proveniente de planta "susceptível" ("Catongo").

3.2 Meios de cultura

3.2.1 Meio malte

No preparo do meio líquido malte, utilizou-se 17g de extrato de malte, 5g de extrato de levedura e água destilada qsp 1000mL. Para o meio sólido acrescentou-se 0,015g/mL. Ambos foram autoclavados a 120°C.

3.2.2 Meio mínimo com 1% de glicose

Para preparação deste meio utilizou-se 10g de glicose, 1g de $\text{NH}_4\text{H}_2\text{PO}_4$, 0.2g de KCl, 0.2g de $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$, 5g de extrato de levedura, 1mL de $\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$, 1mL de $\text{ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ e H_2O qsp 1000mL. Autoclavado a 120°C.

3.2.3 Meio mínimo com 1% de glicose e 1% de extrato de cacau susceptível

Este meio foi preparado a partir do meio mínimo com 1% de glicose, adicionando-se 1% de extrato de cacau susceptível ao mesmo , como descrito:

O extrato de cacau foi preparado a partir de frutos inteiros da variedade de *T. cacao* susceptível. Os frutos foram cortados, banhados em nitrogênio líquido,

desidratados em liofilizador por 110 horas e estocados a -80°C até serem moídos e peneirados. A armazenagem final foi em temperatura ambiente.

Membranas de diálise foram cortadas em segmentos do tamanho desejado e imersas em água destilada, separando-se as camadas com os dedos. O extrato de cacau foi colocado sob as membranas, as quais foram fechadas em forma de rolo e introduzidas em *erlenmeyers* de 2L contendo meio mínimo com 1% de glicose na proporção de 5g/L. Estes foram armazenados a 4 °C por 15 dias para a difusão do extrato.

3.3 Cultivo do fungo

3.3.1 Cultivo do fungo para extração de RNA

O cultivo da linhagem CP02 de *C. pernicioso* para obtenção de quantidades suficientes de material, visando a extração de RNA do fungo, foi realizado em duas etapas.

Primeira etapa: pedaços de meio sólido malte contendo micélio do fungo foram colocados em *erlenmeyers* com 50mL de meio líquido malte e deixados sob agitação, 250 rpm, a 28°C, por 168 horas.

Segunda etapa: após o período de 168 horas da etapa anterior, os *erlenmeyers* com o fungo crescido foram divididos em dois grupos. No primeiro grupo foi trocado o meio malte pelo meio mínimo com 1% de glicose e no segundo grupo a

troca foi feita pelo meio mínimo com 1% de glicose e 1% de extrato de cacau susceptível. Os dois grupos foram crescidos sob as mesmas condições de agitação e temperatura da primeira etapa e subdivididos em 4 grupos com tempos de crescimento diferentes de 24h, 48h, 72h e 168h.

3.4 Confecção dos microarranjos

3.4.1 Escolha dos fragmentos de interesse para impressão

Fragmentos de interesse para impressão nas lâminas foram selecionados *in silico* do banco de dados do Projeto Genoma *Crinipellis perniciososa*, utilizando-se o *software* Gene Projects. Por meio deste programa foi possível a procura das sequências de interesse por palavras-chave, baseadas nas informações obtidas sobre a função de cada gene na literatura. O critério de seleção adotado para escolha de cada sequência foi o menor valor de *e-value* correspondente a cada uma.

Após seleção *in silico* de 1.152 fragmentos de genes, os respectivos clones de *E. coli* transformadas contendo estes insertos foram manualmente separados em capela de fluxo laminar e inoculados em 12 microplacas de 96 poços, contendo 210 µL de meio nutritivo, crescidos em estufa a 37°C, *overnight*, para preparação dos produtos de PCR.

3.4.2 Preparação dos fragmentos de interesse para impressão

3.4.2.1 Amplificação dos fragmentos selecionados

Os clones de *E. coli* transformadas foram diluídos na proporção 1:100 com H₂O_{MQ}. Para cada reação de PCR utilizou-se: 5 µL da diluição, 1 X de tampão para PCR, 5.68mM de dNTPs, 33.5 mM de MgCl₂, 5.9 µM de cada *primer* M13 pUC 23 F e R (Tabela 1), 2U de Taq (Invitrogen, USA) e H₂O_{MQ} qsp 50µL. O programa do termociclador PTC-225 (MJ Research, USA) utilizado para amplificação dos clones, teve temperatura inicial de 94°C por 2 minutos, seguida por 40 ciclos de desnaturação de 94°C por 20 segundos, 53°C por 1 minuto para anelamento dos *primers* e 72°C por 2 minutos para extensão dos fragmentos; após os ciclos, as reações permaneceram a 72°C por 7 minutos e depois a 4°C ∞.

Tabela 1: Primers desenhados para amplificação de insertos de interesse clonados em plasmídeo pUC18.

Primer	Seqüência
M13 pUC23F	5'– CCCAGTCACGACGTTGTAAAACG – 3'
M13 pUC23R	5'– AGCGGATAACAATTTACACAGG – 3'

3.4.2.2 Purificação dos fragmentos amplificados

Os fragmentos amplificados foram purificados por meio de placas *MultiScreen* MAHVN4510 (Millipore, USA), de acordo com orientações do fabricante. As placas, preparadas com Sephadex G-50 (Amersham Pharmacia, USA), foram centrifugadas a 2000 rpm, 5', 20°C, após receberem os produtos de PCR. Depois os produtos foram precipitados com 1/10 V de 3M de acetato de sódio pH 5.2 e 2 V de isopropanol, incubados a 4°C por e centrifugados por 60 minutos. Os *pellets* foram lavados com 100 µL de 70% EtOH, centrifugados por 15 min a 3200 rpm, desidratados em *speed vac* e resuspendidos em 50% DMSO.

3.4.2.3 Quantificação dos fragmentos purificados

Calculou-se a concentração de alguns dos fragmentos resultantes das amplificações por espectrofotômetro, segundo equação abaixo:

$$\text{Quantificação} = A_{260} \times 50\mu\text{g/mL} \times \text{fator de diluição}$$

A concentração dos fragmentos permaneceu entre 300 e 500 ng por µL de ácido nucléico.

3.4.3 Controles utilizados nos experimentos

3.4.3.1 Positivos

Como controles positivos foram utilizados produtos de PCR de aproximadamente 700 bp, provenientes da amplificação do gene Q do bacteriófago lambda (Promega, USA), em duas concentrações diferentes: uma sem diluição após amplificação por PCR e outra com diluição de 1:50. O protocolo para preparação dos fragmentos foi, para cada 100 μL de reação: 65.3 μL de $\text{H}_2\text{O}_{\text{MQ}}$, 10 μL de 10 X tampão para PCR, 10 μL de 25 mM MgCl_2 , 5 μL de DMSO, 2 μL de 50 mM dNTP mix, 100 μM de *primer* Q-start plus (tabela 2), 100 μM de *primer* Q-end plus (tabela 2), 5 μL de molde de fago lambda e 0.7 μL de Taq polimerase (5U/ μL).

As condições da amplificação foram: aquecimento inicial a 94°C por 2 minutos e 40 ciclos incluindo desnaturação, anelamento e extensão dos fragmentos (respectivamente: 94°C por 30 seg, 55°C por 30 seg e 72°C por 45 seg), terminando com temperatura de 72°C por 2 minutos e 4°C ∞ . Os produtos de PCR resultantes destas reações foram purificados seguindo protocolo descrito anteriormente (Millipore, USA). Parte dos produtos foi reservada para impressão em lâminas de vidro e a outra parte foi transcrita em RNA (Ribomax, Promega, USA) de acordo com orientações do fabricante. O RNA produzido foi utilizado posteriormente, na reação de transcrição reversa, durante a marcação das sondas com cianina-5.

Tabela 2: Primers específicos para amplificação do controle positivo lambda Q gene

Primer	Seqüência
QS-plus	5' – TCATTTAGGTGACACTATAGGGCGCATGAGACTCGAAAGCGTAGC – 3'
QE-plus	5' – TTTTTCATGCTGCTAACGTGTGACCGCATTC – 3'

3.4.3.2 Negativos

Como controles negativos foram utilizados:

- 1) apenas DMSO 50%;
- 2) produtos de PCR purificados de *Trypanosoma cruzi*, cedidos pelo Prof. Dr. Marco Aurélio Krieger, do laboratório do IBMP (Instituto de Biologia Molecular do Paraná, PR).

3.4.4 Transposição dos produtos de PCR de placas de 96 poços para as de 384

Os produtos de PCR purificados foram transpostos de placas de 96 para placas de 384 poços (Apêndices IA e IB), sendo que 3 μ L de cada produto de PCR foram depositados nas placas de 384 poços, após as mesmas terem recebido 3 μ L de DMSO 50%.

3.4.5 Impressão e fixação dos produtos de PCR em lâminas de vidro

A impressão automatizada dos produtos de PCR utilizou equipamento QArray Mini (Genetix, USA) e foi realizada em lâminas de vidro tratadas com trietoxiaminosilano (Corning, USA). Os genes foram impressos em triplicata pelo sistema composto de 16 pinos, constituindo 48 blocos em cada lâmina.

Após a impressão, as lâminas foram tratadas a 120mJ em forno UV tipo *cross-linker* (Stratagene, USA), para fixação do DNA na superfície das mesmas.

3.5 Obtenção e marcação de sondas para hibridização

Todas as amostras de RNA Total, extraídas em condições distintas nos períodos citados, foram submetidas ao mesmo tratamento, para marcação com a substância fluorescente cianina-5 e posterior hibridização.

3.5.1 Extração de RNA Total de *C. pernicios*

RNA Total foi extraído usando-se o reagente TRIzol (Invitrogen, USA), segundo protocolo modificado do fabricante. Micélios crescidos em *erlenmeyers* foram lavados com H₂O_{MQ} autoclavada e posteriormente macerados em presença de N₂ líquido. Após transferência do macerado para tubo eppendorf, adicionou-se 1 ml de TRIzol, misturou-se em vórtex por 10 segundos, incubando em temperatura ambiente por 5 minutos.

Acrescentou-se 0.2 ml de clorofórmio, misturou-se novamente com auxílio de vórtex por 20 segundos, incubando-se o tubo em temperatura ambiente por 3 minutos. Depois centrifugou-se por 20', 13000 rpm, em temperatura ambiente. A fase superior foi recuperada e transferida para novo eppendorf contendo 0.5 ml de isopropanol, o tubo foi incubado a temperatura ambiente por 10' e centrifugado por 10', 13000 rpm, na mesma temperatura. A fase líquida foi descartada, adicionando-se 1 ml de etanol 75% gelado, misturando-se com vórtex por 10" e centrifugando-se por 5', 13000 rpm, temperatura ambiente. O etanol foi descartado e o sedimento foi seco em centrífuga a vácuo, temperatura ambiente, e ressuspendido em 80 µL de H₂O DEPC.

Para verificação da integridade do RNA, 1 µL de cada amostra foi submetido a eletroforese em gel. A quantificação das amostras realizada em espectrofotômetro (Ultraspec 2000, Amersham) foi calculada de acordo com a equação:

$$[\text{RNA}] = A_{260\text{nm}} \times 40 \text{ µg/mL} \times \text{fator de diluição}$$

3.5.2 Purificação do RNA Total

Para purificação do RNA total utilizou-se colunas RNeasy Mini Kit (QIAGEN, UK), partindo-se de 100 µg de material, ao qual adicionou-se 350 µL do tampão RLT e depois 350 µL de EtOH (96-100%). Aplicou-se a amostra (700 µL) em uma coluna RNeasy previamente colocada sobre tubo eppendorf de 2 ml e centrifugou-se por 15 segundos, 10000 rpm, temperatura ambiente, descartando-se o filtrado. A coluna foi

transferida para novo eppendorf e a ela adicionou-se 500 μ L de tampão RPE, centrifugando-se 15", 10000 rpm, temperatura ambiente e descartando-se o filtrado outra vez. Adicionou-se novamente 500 μ L de tampão RPE à coluna e centrifugou-se por 2', 10000 rpm para secar a membrana de sílica. Para eluição, a coluna foi transferida para novo tubo eppendorf e pipetou-se 50 μ L de H₂O DEPC diretamente na membrana, centrifugando-se por 1 minuto, 10000 rpm, temperatura ambiente. As amostras foram novamente quantificadas em espectrofotômetro (Ultraspec 2000, Amersham).

3.5.3 Síntese da primeira fita de cDNA

A síntese da primeira fita de cDNA foi realizada a partir de 1 μ g de RNA Total purificado e 100 μ M de oligo dT-T7 em volume inicial de 10 μ L, incubados a 70°C por 10 minutos. Após esse período, a reação foi ajustada para 20 μ L, utilizando os seguintes reagentes com as respectivas concentrações finais: 1X First Strand Buffer, 10mM DTT, 0.5mM dNTPs, 2U RNase Out (Invitrogen, USA) e 400U SuperScript (Invitrogen, USA). A reação foi incubada a 42°C por 2 horas.

3.5.4 Síntese da segunda fita de cDNA

À reação da síntese da primeira fita adicionou-se 2U de RNase H (Invitrogen, USA) e incubou-se a 37°C por 10 minutos. Adicionou-se 2 µg de random primers (hexâmeros) e incubou-se a 94°C por 5 minutos. A reação foi ajustada para 100 µL com os seguintes reagentes nas respectivas concentrações finais: 60 µL de H₂O, 1X Buffer *E. coli* Polimerase (Biolabs, USA), 0.4U/µL *E. coli* DNA Polimerase I (Invitrogen, USA), 0.4 mM de cada dNTP e 0.1 U/µL de Ligase de *E. coli* (Invitrogen, USA). A reação foi incubada a 16°C por 2 horas e tratada com 5U de T4 DNA polimerase, incubando-se novamente a 16°C por 5 minutos.

3.5.5 Purificação do cDNA

Para purificar o cDNA sintetizado adicionou-se à reação 350 µL de H₂O e 200 µL de fenol / clorofórmio / álcool isoamílico (25:24:1), centrifugando-se por 3 minutos, 13000 rpm, temperatura ambiente. A fase aquosa foi recuperada e lavada diretamente em coluna Microcon YM-30 (Millipore, USA), sendo centrifugada por 9 minutos, 13000 rpm em temperatura ambiente. Repetiu-se esse processo de lavagem do material nucléico por 3 vezes, usando-se 500 µL de H₂O em cada vez. O volume foi ajustado para 24.5 µL.

3.5.6 Transcrição in vitro

A transcrição foi realizada utilizando-se reagentes do kit RiboMAX Large Scale RNA Production System – T7 (Promega, USA), sendo que cada reação utilizou 10 μ L de T7 Buffer, 2.5 μ L de cada rNTP, 5 μ L de enzyme mix, 0.5 μ L de RNase OUT e 24.5 μ L de cDNA, totalizando um volume de 50 μ L, incubados a 37°C por 4 horas. Juntou-se 1 μ L de DNase do kit e incubou-se a 37°C por 15 minutos. A integridade do cRNA foi verificada através de eletroforese em gel desnaturante.

3.5.7 Purificação do cRNA

Para purificação do cRNA utilizou-se colunas RNeasy Mini Kit (QIAGEN, UK), conforme descrito anteriormente. A concentração da solução de RNA foi estimada novamente através de leitura óptica.

3.5.8 Síntese da primeira fita de cDNA a partir de cRNA

Incubou-se a 70°C, por 10 minutos, 1 μ g de cRNA, 1000 pmol de random primers, 250 ng de cRNA de lambda Q e 0.5 μ L de *primer anti-sense*, em volume de 16.9 μ L. Após incubação, foram adicionados os seguintes reagentes com as respectivas concentrações finais: 1X First Strand Buffer, 10 mM DTT, 0.5mM dNTPs,

2U/ μ L RNase OUT e 400U de SuperScript, totalizando volume final de 30 μ L. Adicionou-se 15 μ L de 0.1N NaOH e incubou-se a 70°C por 10 minutos. Em seguida adicionou-se 15 μ L de 0.1N HCl. A amostra foi passada em coluna Microcon YM-30, juntamente com 400 μ L de H₂O e centrifugada em temperatura ambiente, 13000 rpm, 9 minutos. O material ficou com volume final de 22 μ L.

3.5.9 Síntese da segunda fita marcada de cDNA

Para a síntese da segunda fita, utilizou-se o kit BioPrime Labeling System (Invitrogen, USA). Desnaturou-se os 22 μ L da reação do passo anterior a 95°C por 5 minutos e adicionou-se os seguintes reagentes com as respectivas concentrações finais: 1X random primers solution, 0.06 mM de dCTP, 0.12 mM de cada dNTP (dATP, dGTP, dATP), 0.8U/ μ L de Klenow (40U/ μ L) e 2 nmol de Cy-5 (Perkin Elmer, USA) em volume final de 50 μ L. A reação foi incubada a 37°C por 2 horas. Passou-se a reação 4 vezes em coluna Microcon YM-30, juntamente com 400 μ L de H₂O durante 6 minutos, a 13000 rpm. A sonda marcada foi recuperada em volume de 20 μ L.

3.6 Hibridização

Aos 20 µL de material marcado, adicionou-se 100 µL de solução de hibridização (5X SSC, 4,2X Denhardt's, 0.21 mg/mL ssDNA, 0.42% SDS, 42% formamida), incubando o material a 95°C por 5 minutos, aplicando a sonda sobre as lâminas acondicionadas na estação de hibridização (GeneTAC HybStation, Genomic Solutions, USA). O tempo de hibridização foi de 16 horas e a temperatura de 42°C. As lâminas foram lavadas a 25°C, 2 vezes por 5 minutos com cada solução: solução 1 - 0.5X SSC, 0.01% SDS; solução 2 – 0.06% SSC. Após secagem através de centrifugação, as lâminas hibridizadas foram analisadas em leitora a laser (Packard Bioscience, USA).

3.7 Confirmação da identidade dos genes expressos

Alguns dos genes que apresentaram expressão diferencial foram re-seqüenciados para confirmação de identidade. O protocolo usado foi o mesmo utilizado para o seqüenciamento do genoma de *C. perniciosus* (Sanger *et al.*, 1977).

3.8 Northern blot

Para validação de alguns dos genes expressos nos microarranjos foi padronizada a concentração ideal de RNA, através de experimento com o gene GAPDH. No protocolo para determinação da concentração padrão realizou-se eletroforese em gel desnaturante com gradiente de concentração de 5 a 50 µg de RNA (amostra sem cacau, 48 hs) por canaleta. As amostras foram transferidas para membrana de nylon Hybond (Amersham Pharmacia, USA), a qual foi incubada a 80°C por 2 horas para fixação do RNA. Preparou-se solução de pré-hibridização para diminuir a reatividade da membrana, minimizando sinais inespecíficos, como *background*. A solução de pré-hibridização continha DNA sonicado de salmão (10 µg/µL), desnaturado a 95°C por 10min, 100X Denhardt's, 20X SSC, 10% SDS, formamida e H₂O deionizada para volume final de 25 mL. A membrana foi incubada em garrafa para hibridização contendo a solução descrita, permanecendo *overnight*, a 40°C, em forno para hibridização (Big Shot Hibridization Oven, BOEKL Scientifics, USA). Após a pré-hibridização da membrana adicionou-se a sonda marcada, produzida a partir do gene GAPDH (gliceraldeído 3-fosfato desidrogenase), que foi amplificado por PCR. Para realização desse processo, seguiu-se o seguinte protocolo: 3 µL do DNA amplificado foi acrescido de 8 µL de H₂O e desnaturado a 95°C por 10 min. Adicionou-se 2 µL de tampão React 2, 2 µL de hexanucleotídeos degenerados (1 µg/µL) e 3 µL de dNTPs (0.5mM, exceto dATP), perfazendo volume total de 18 µL. Adicionou-se 1 µL de enzima Klenow (5U) e 1 µL de α-ATP³², totalizando um volume de 20 µL. A mistura foi incubada a 37°C, por 30 min, para

permitir polimerização da fita marcada de DNA. Purificou-se a sonda em coluna Microspin Column (Amersham Pharmacia, USA) para eliminação dos nucleotídeos não incorporados e desnaturou-se a sonda a 95°C por 10min, adicionando-a à garrafa e incubando *overnight*, a 42°C.

Após hibridização, a membrana foi lavada para eliminar o excesso de radiação. As lavagens utilizaram respectivamente as seguintes soluções salinas: solução 1 (2X SSC, 0.1% SDS, 10 min, 25°C), solução 2 (1X SSC, 0.1% SDS, 15 min, 65 °C) e solução 3 (0.1X SSC, 0.1% SDS, 15 min, 65°C). Após as lavagens, um dosímetro foi usado para confirmar a eliminação do excesso de radiação da membrana e a mesma foi colocada em um cassete com filme fotográfico, ficando exposta a -80°C, por 48 horas. Procedeu-se a revelação do filme imergindo-o por 3 min, sob agitação, em solução reveladora, seguida de imersão em H₂O por 30 seg e imersão em solução fixadora por 5 min, sob agitação. Posteriormente, o filme foi exposto ao ar para secagem.

IV. RESULTADOS

4. Resultados

4.1 A integridade dos fragmentos de interesse para impressão e do controle positivo externo

O sucesso da amplificação dos clones selecionados para deposição nas lâminas foi verificado por perfil eletroforético em gel de agarose, conforme verificado na figura 2. Além da integridade do ácido nucléico, foi possível determinar o tamanho aproximado de cada fragmento.

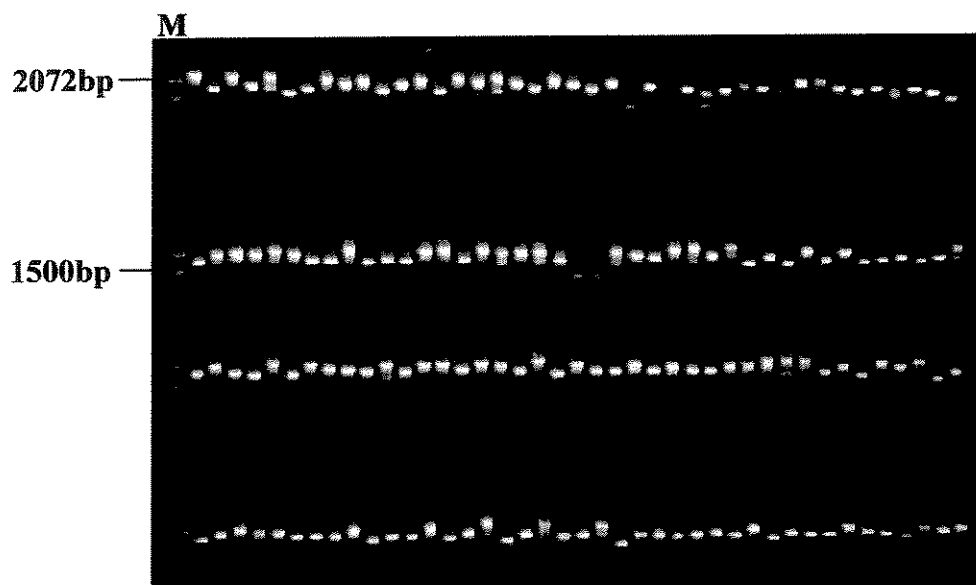


Figura 2: Perfil eletroforético de clones amplificados por PCR. M = marcador de peso molecular para determinação do tamanho aproximado de cada fragmento.

O fragmento do gene Q do fago lambda, escolhido como controle positivo externo, foi amplificado como pode ser observado na figura 3.

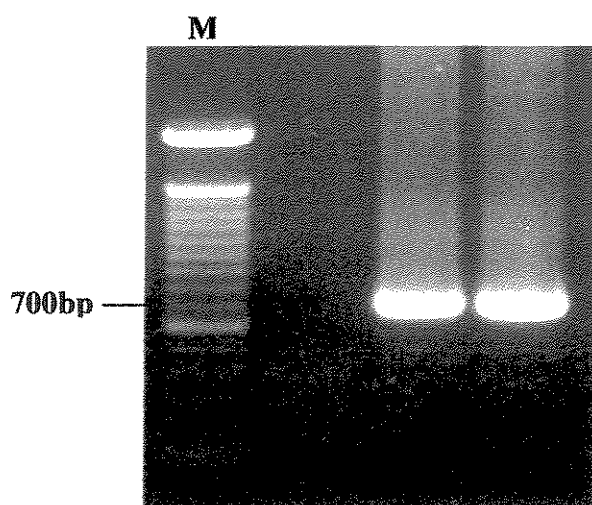


Figura 3: Fragmento de aproximadamente 700 bp do gene Q do fago lambda. M= marcador de peso molecular.

4.2 Os RNAs extraídos em condições distintas

A qualidade dos RNAs extraídos nas condições estudadas foi avaliada através de gel de agarose desnaturante (figuras 4 e 5).

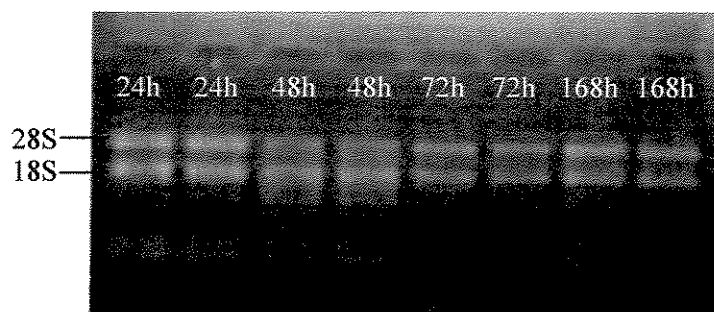


Figura 4: RNAs de *C. perniciosus* extraídos na ausência de extrato de cacau após 24h, 48h, 72h e 168h da troca de meio

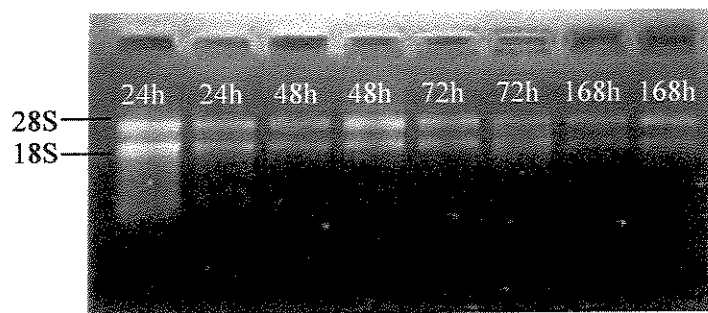


Figura 5: RNAs de *C. pernicioso* extraídos na presença de extrato de cacau após 24h, 48h, 72h e 168h da troca de meio

4.3 cRNAs usados para marcação

Na figura 6 observou-se, em gel desnaturante, a qualidade dos cRNAs sintetizados a partir de cDNA dupla-fita.

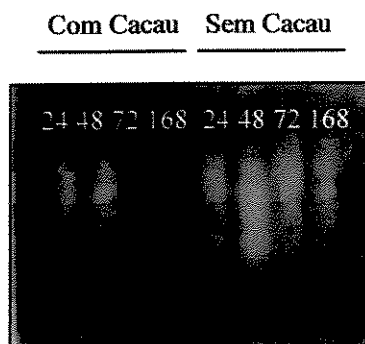


Figura 6: cRNAs de todas as amostras na presença e na ausência de extrato de cacau. Os números na figura indicam os intervalos de tempo estudados em horas.

4.4 Análise da expressão por *microarrays*

Os experimentos considerados neste estudo resultaram em 8 lâminas, cujas amostras foram marcadas somente com cianina-5, estratégia denominada *single channel*. Os problemas decorrentes da incorporação dos fluoróforos (figuras 7, 8 e 9) levaram à escolha deste tipo de marcação como solução, após várias inversões na marcação de todas as amostras com as duas cianinas.

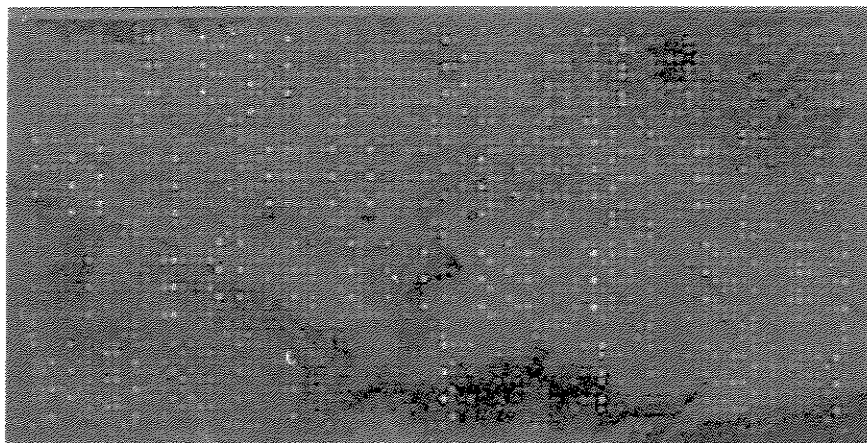


Figura 7: Lâmina espotada com robô Flexys (GSI, USA), hibridizada com amostras de RNAs (intervalo:48hs): na ausência de cacau (Cy-3) e presença de cacau (Cy-5), apresentando imagem mais definida na marcação de material com a cianina-3.

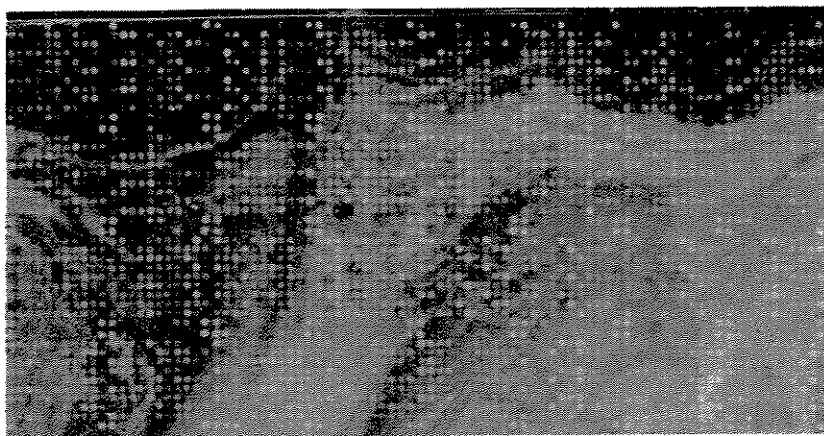


Figura 8: Chip do intervalo de 72hs: sem cacau (Cy-3) x com cacau (Cy-5). Nota-se que apenas a amostra marcada com a cianina-3 hibridizou com as seqüências depositadas na lâmina, gerando alto background.

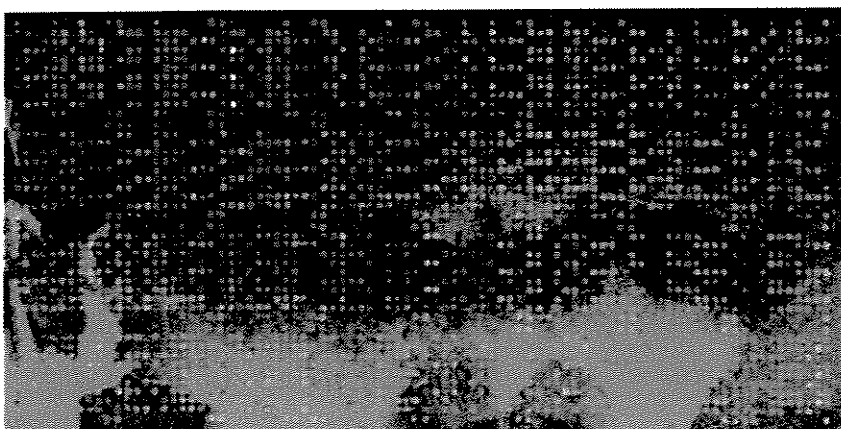


Figura 9: Chip do intervalo de 72hs invertido, com cacau (Cy-3) x sem cacau (Cy-5). O acúmulo de fluoróforo na parte de baixo da lâmina, decorrente da não incorporação ao ácido nucléico.

As lâminas tiveram as imagens digitalizadas (Figura 10) em *scanner a laser* (Packard BioScience, USA), programa *ScanArray Express*, e a intensidade de cada *spot* foi transformada em valores numéricos, em tabela do excel, pelo programa *Jaguar 2.0* (Affymetrix Inc., USA), para posterior análise. As lâminas, escaneadas em modo *rainbow*, evidenciaram *spots* que variaram da coloração azul escuro,

correspondendo aos genes expressos em menor intensidade, a vermelho, que corresponderam aos genes mais expressos (Figura 11).

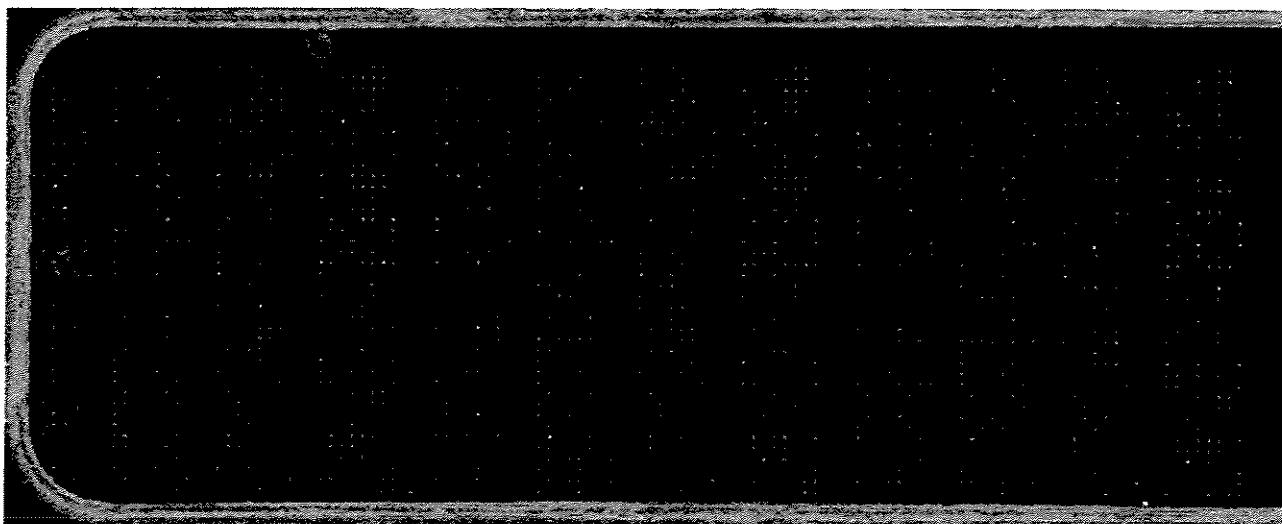


Figura 10: Digitalização de lâmina espotada com robô (QArray Mini, Genetix, UK), hibridizada com RNA marcado com Cy-5, condição com cacau, após 24 horas da troca de meio.

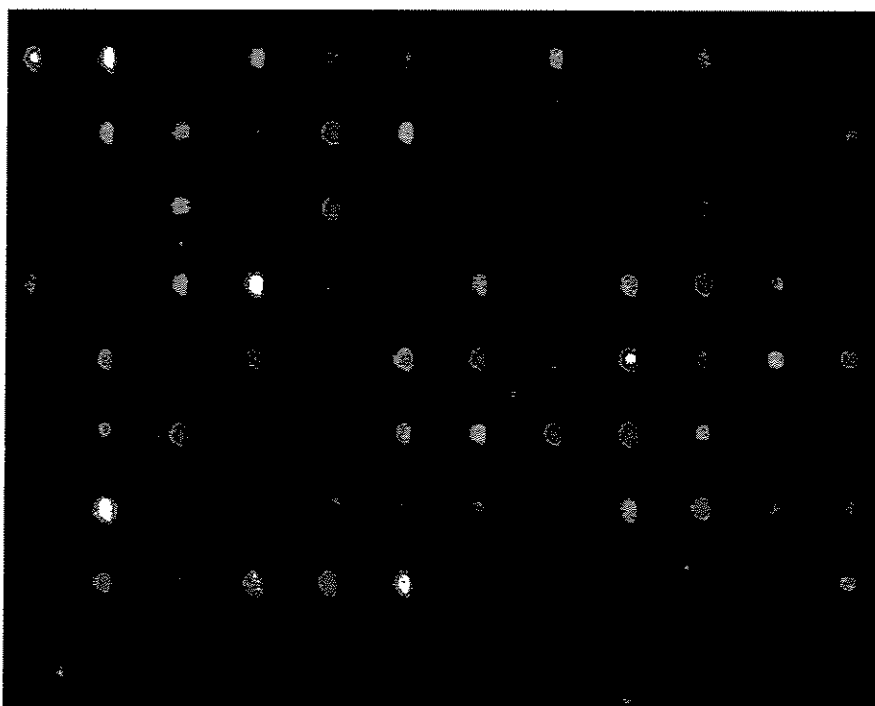


Figura 11: Área da lâmina aumentada para melhor visualização dos spots. A coloração gradual que vai da cor azul escura até a vermelha é respectiva à intensidade da expressão gênica.

A presença de artefatos gerou incoerência de sinais provenientes de hibridização não-específica, resultando em *spots* falsos, o que pode ser verificado na tabela 3.

Tabela 3: *Spots* falsos provenientes de hibridização não-específica.

Spots falsos	% de erro	Tipo
1	0.082	erro manual
2	0.164	DMSO
4	0.328	<i>T. cruzi</i>
25	2.056	Branco
Total=32	2.63	

4.5 Comparação entre imagens: *laser* x luz

Imagens da mesma lâmina (intervalo: 168hs; sem cacau: Cy-5; com cacau: Cy-3) foram digitalizadas com equipamentos diferentes, para serem posteriormente analisadas, com o intuito de mostrar o aumento ou diminuição do nível de expressão entre duas amostras distintas em cada um. A comparação das imagens gerou arquivos no programa excel que apresentaram valores diferentes, mostrando a importância da qualidade da imagem para obtenção de fidelidade nos resultados.

A scanner à luz possuía lâmpada de xenônio de 300W e apresentava dois filtros que eram trocados durante a leitura da imagem por câmera CCD. Cada filtro foi

usado para eliminar a presença de artefatos em cada canal. A imagem derivada deste *scanner* apresentou baixa qualidade, com poucos sinais que puderam ser efetivamente utilizados para uma análise de expressão criteriosa (figura 12-A).

A scanner a laser possuía duas lâmpadas que excitavam a fluorescência das sondas hibridizadas em comprimentos de onda específicos (Cy-3=543nm e Cy-5=633nm), de acordo com o fluoróforo utilizado. As imagens podiam ser digitalizadas em diferentes resoluções (5 ,10 ou 30 μ m) e eram filtradas através do próprio software. A qualidade da imagem foi aprovada para análise, pois os recursos existentes permitiram a diminuição de ruídos (figura 12-B).

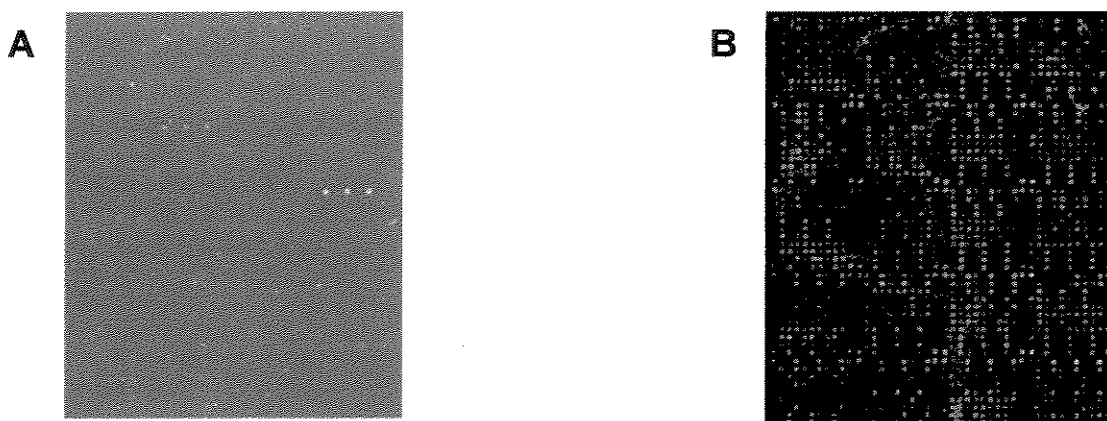


Figura 12: A) imagem digitalizada com scanner a luz de xenônio GeneTAC 2000 (GSI, USA). B) imagem digitalizada com scanner a laser ScanArray Express (P.BioScience, USA).

4.6 A eficiência da actina como controle positivo interno

Como controle interno foi escolhida a sequência do gene da β -actina, cuja normalização foi feita a partir dos dados da tabela 4 (Software R, version 2.0, <http://www.r-project.org/>).

Tabela 4: Dados usados na normalização da beta-actina.

Spot	C24	C48	C72	C168	S24	S48	S72	S168
1	15,271	8,200	9,482	8,547	14,569	12,422	11,843	4,000
2	15,989	10,764	13,550	8,508	15,677	15,728	14,748	9,167
3	14,072	12,401	13,232	14,503	14,887	15,212	14,803	13,689
4	15,447	12,420	13,240	14,864	14,694	15,992	15,031	14,454
5	15,991	12,845	13,150	14,540	14,694	15,950	14,970	13,565
6	14,128	11,089	11,500	13,107	13,914	13,961	13,933	13,354
7	15,018	12,080	12,358	13,434	14,226	14,880	15,000	14,353
8	15,561	12,814	13,024	14,244	15,031	15,525	15,346	14,623
9	14,440	10,911	11,632	12,953	13,629	14,385	14,714	13,228
10	15,424	12,010	13,553	14,981	15,401	12,845	14,290	15,074
11	15,991	12,426	12,878	14,651	14,852	15,964	15,692	14,195
12	14,062	11,135	11,646	12,982	13,597	13,740	15,091	13,453
13	13,865	11,692	12,461	13,854	14,437	15,130	15,399	14,723
14	15,433	12,165	12,937	14,633	15,061	15,428	15,842	14,863
15	13,741	11,477	11,251	11,977	13,632	14,584	14,924	13,397

16	13,902	12,344	13,369	14,485	14,465	15,654	15,227	12,915
17	15,990	12,437	13,231	15,236	15,136	15,748	15,733	15,142
18	13,532	11,663	12,242	13,527	13,961	13,935	15,340	14,158
MÉDIA	14,881	11,715	12,485	13,390	14,548	14,838	14,885	13,242
MEDIANA	15,144	12,045	12,907	14,049	14,631	15,171	15,016	13,924
DP	0,897	1,085	1,053	1,966	0,621	1,086	0,899	2,664
CV%	6,03%	9,26%	8,43%	14,68%	4,27%	7,32%	6,04%	20,12%
CV%*	5,41%	5,08%	5,99%	6,69%	4,02%	5,39%	3,47%	4,67%
MÉDIA*	14,973	11,801	12,712	13,966	14,420	14,952	15,048	14,151

Os números (24 a 168) correspondem aos intervalos de tempo estudados em cada um dos spots deste gene, depositados nas lâminas (C=com cacau;S=sem cacau). Na tabela, as células em amarelo representam os três valores que mais se diferenciaram dos demais (*outliers*) e foram eliminados para calcular o CV e a média com asteriscos.

Como todos os genes foram colocados em triplicata nas lâminas e havia 18 cópias da mesma seqüência da actina (CP02-S2-000-150-B06-UE.F), os valores obtidos são referentes à intensidade da expressão deste gene, em cada condição, e foram utilizados para calcular a normalização, que ratificou a utilização do mesmo como controle positivo nos experimentos, nas condições com e sem cacau. A figura 13 mostra o perfil deste gene antes e depois da normalização. A coluna à esquerda de cada figura representa a intensidade da expressão do gene em bits.

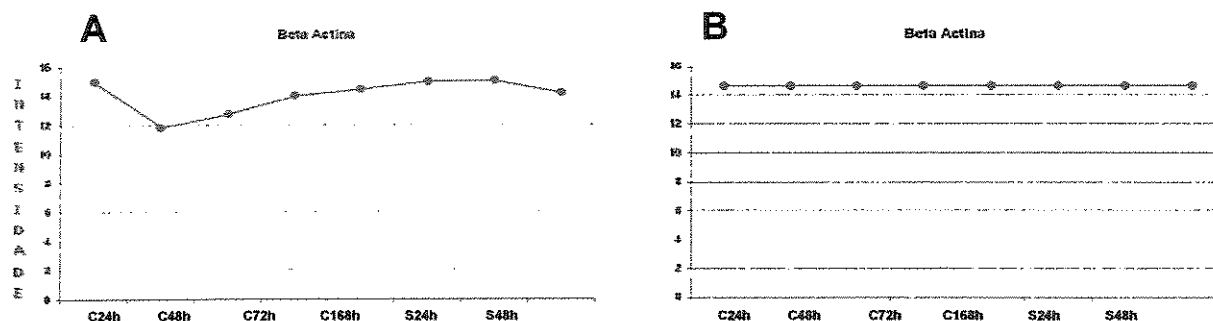


Figura 13. A) Beta-actina antes da normalização. B) Beta-actina após normalização.

4.7 O gene Q do fago lambda como controle positivo externo

Como controle positivo externo utilizou-se o gene Q do fago lambda, que apresentou ausência de expressão diferencial nas duas condições e nos intervalos estudados. Na figura 14, as amostras representam as condições com cacau (metade esquerda) e sem cacau (metade direita), nos intervalos de 24 hs a 168 hs.

Esta seqüência do gene lambda Q mostrou-se eficiente como controle positivo externo, pois apresentou em todas as hibridizações o mesmo perfil mostrado na figura 13, o que assegura que o gene foi expresso por hibridização específica.

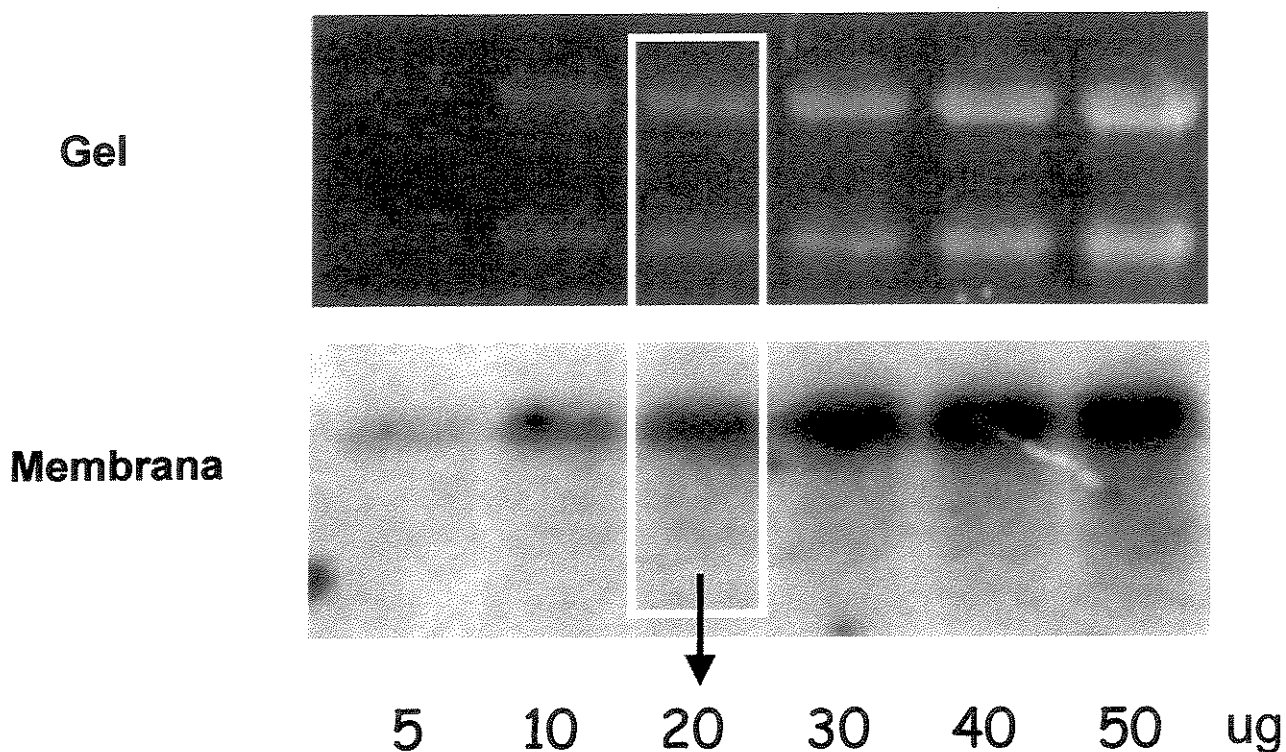


Figura 15: Northern Blot – teste com gene GAPDH (amostra sem cacau, 48hs)

Novo teste foi realizado em experimento de *Northern blot*, contendo 20 μ g por canaleta, de amostras de RNA extraídas em todos os intervalos de tempo, nas condições sem cacau e com cacau, utilizando o gene GAPDH. Após hibridização, verificou-se que as quantidades de material no gel e no estudo de densitometria eram equivalentes (Figuras 16 e 18), o mesmo não podendo ser evidenciado comparando-se o gel e a radiografia (Figuras 16 e 17).

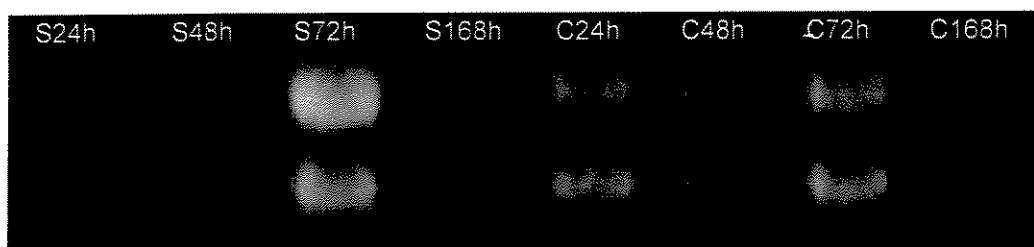


Figura 16: Amostras de RNA em gel desnaturante. S=amostras sem cacau e C=amostras com cacau.

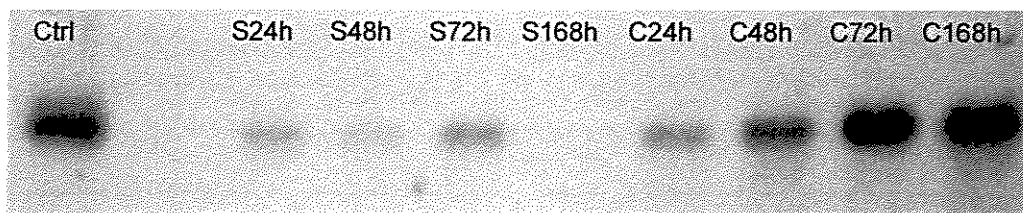


Figura 17: Northern do gene GAPDH. As amostras com cacau apresentam nítido aumento na expressão deste gene nesta condição. Ctrl=controle; S=amostras na ausência de extrato de cacau; C=amostras na presença de cacau.

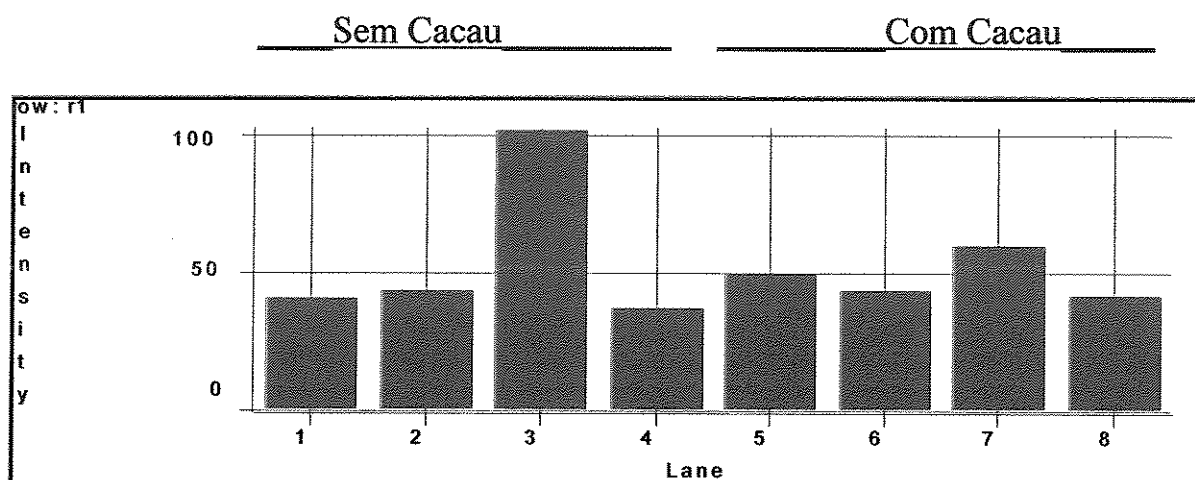


Figura 18: Histograma da densitometria: a intensidade de cada banda do gel está relacionada à quantidade de amostra em cada canaleta. Amostras 1 a 4: sem cacau; 5 a 8: com cacau.

Os valores numéricos da tabela 5, comparados ao histograma da densitometria (figura 18), confirmam a quantidade de RNA no gel, que apesar de não ser equivalente em todas as canaletas, permite verificar o aumento gradual da expressão do gene na presença de extrato de cacau.

Tabela 5: Estudo densitométrico.

Lanes:	Lane 1	Lane 2	Lane 3	Lane 4	Lane 5	Lane 6	Lane 7	Lane 8
Rows	(max OD)	(max OD)	(max OD)	(max OD)	(max OD)	(max OD)	(max OD)	(max OD)
r1	41,214	43,786	101,11	37,321	49,893	43,464	60	41,857
r2	34,964	36,571	78,179	37,607	61,929	42	63,393	38,429

A quantidades das amostras em cada canaleta do gel estão representadas numericamente. A coluna vermelha representa a banda de cima do gel. Linhas 1 a 4: amostras sem cacau; 5 a 8: amostras com cacau.

4.9 A comparação da expressão do gene GAPDH em *microarrays* e *Northern blot*

Os experimentos de *microarrays* e Northern blot permitiram comparar a expressão do GAPDH nos diferentes intervalos estudados. Da mesma forma que a expressão deste gene pôde ser verificada aplicando-se a técnica de Northern blot nas condições estudadas (Figura 17), a figura 19 mostra o comportamento do gene, numa comparação entre as duas técnicas mencionadas.

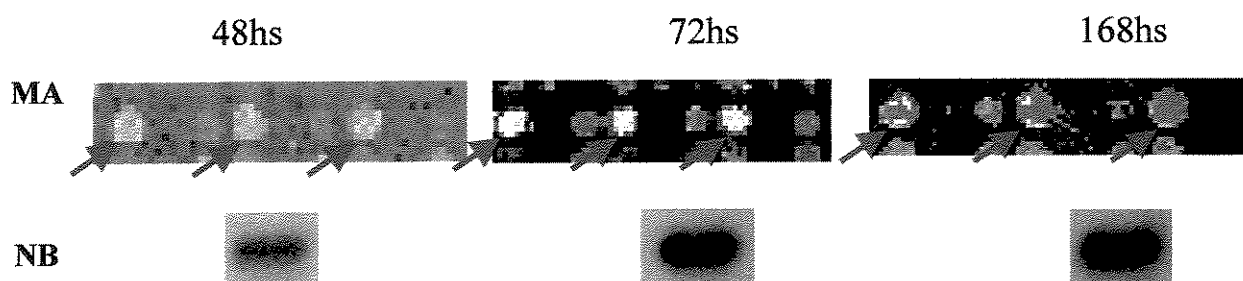


Figura 19. Comparação entre as duas técnicas para o mesmo gene confirma aumento de expressão. As setas apontam expressão idêntica nas triplicatas de cada experimento. MA=Microarrays; NB=Northern Blot.

Apesar das quantidades de RNA nas canaletas do gel, e conseqüentemente na membrana, não serem equivalentes em todas as amostras, os experimentos foram suficientes para demonstrar que houve o aumento gradual na expressão do GAPDH, indicando que este não deverá usado como controle em experimentos que envolvam a presença do extrato de cacau.

4.10 Re-seqüenciamento do GAPDH

A seqüência representativa do gene GAPDH escolhida, com identificação CP02-S2-000-081-E12-UC.F no banco de dados de *C. pernicioso*, foi um dos clones re-seqüenciados (F e R), pois estava estampada no chip e apresentou expressão diferencial na presença do extrato de cacau.

Uma análise *in silico* dessa seqüência, clusterizada a mais 7 clones, identificados como partes deste gene, permitiu montar a seqüência do gene inteiro, a qual foi comparada a outras, no banco de dados público (www.ncbi.nlm.nih.gov), para investigar o provável número de éxons e íntrons que compõem o gene (Figura 20).

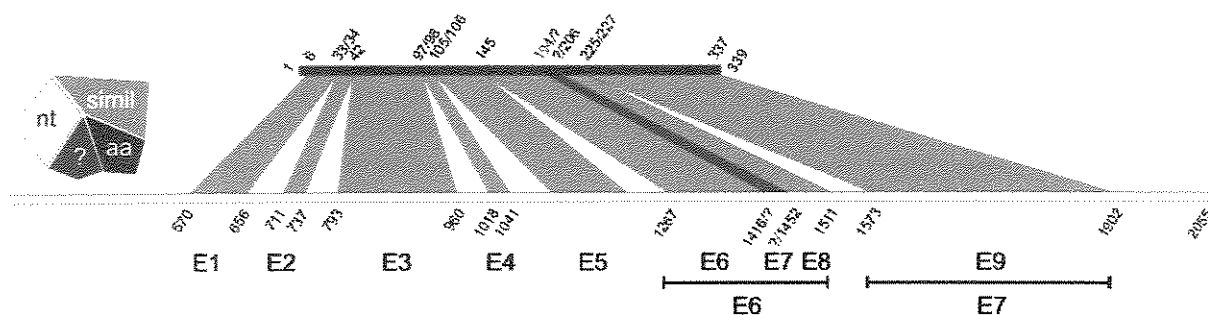


Figura 20. O gene GAPDH: a análise da clusterização de seqüências do gene permitiu identificar o número de éxons e introns do gene inteiro. A região em vermelho apresenta baixa similaridade com as seqüências do banco, mas ainda assim sugere que seja parte do mesmo éxon. Simil=similar; aa=aminoácidos; nt=nucleotídeos; ? =região indefinida do gene.

4.11 Os genes diferencialmente expressos

Todos os genes foram normalizados utilizando as razões da actina, sendo selecionados aqueles que apresentaram *fold change* maior que 3 em pelo menos um dos intervalos de tempo (*software R*), visando um afunilamento na escolha de seqüências que comprovaram expressão gênica diferencial. Foram selecionados 103 genes, não redundantes, que constam na tabela 6 e representam 66,9% dos genes expressos diferencialmente em todos os intervalos de tempo.

Nossas análises mostraram que aproximadamente 13% de todos os genes estampados foram expressos nas duas condições analisadas, com e sem cacau, em todos os intervalos. Entretanto, aproximadamente 22,2% dos genes estampados foram expressos apenas na ausência de extrato de cacau, em todos os intervalos, sugerindo que a presença do extrato pode influenciar na expressão de alguns genes, ou ainda, que somente genes específicos sejam ativados na presença deste extrato.

Tabela 6: Genes representativos de expressão diferencial nas duas condições e em todos os intervalos.

Clone	Descrição
1 -	
CP02-S2-000-080-B01-UC.F	ACC deaminase [<i>Penicillium citrinum</i>]
9 -	
CP02-S2-006-126-C05-UC.R	(AF429385) phosphomevalonate kinase [<i>Hevea brasiliensis</i>]
10 -	
CP02-S2-024-297-B11-UC.F	(AF097765) adenosine kinase [<i>Schizophyllum commune</i>]
34 -	
CP02-S2-032-296-B08-UE.F	(AE003748) CG5789 gene product [<i>Drosophila melanogaster</i>]
35 -	
CP02-S2-032-299-F04-UE.F	(AF241313) MDR-like ABC transporter [<i>Botryotinia fuckeliana</i>]
36 -	
CP02-S2-032-299-F05-UE.F	(NC_003366) probable ABC transporter [<i>Clostridium perfringens</i>]
37 -	(NC_003424) hypothetical protein [<i>Schizosaccharomyces</i>
CP02-S2-032-300-H02-UE.F	<i>pombe</i>]
55 -	Histidinol-phosphate aminotransferase (Imidazole acetol-
CP02-S2-000-120-C11-UE.F	phosphate transaminase)
71 -	(NC_001148) dicarboxylic amino acid permease; Dip5p
CP02-S2-028-237-E09-UE.G	[<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]
72 -	(NC_003423) aspartate aminotransferase, mitochondrial
CP02-S2-028-240-E07-UE.F	[<i>Schizosaccharomyces pombe</i>]
74 -	
CP02-S2-028-261-H05-UE.F	(AF311738) BioF [<i>Mesorhizobium loti</i>]
88 -	(AF221078) defender against cell death 1 [<i>Gallus gallus</i>]

CP02-S2-000-168-F06-UE.F	
94 -	<i>(AB049723) putative senescence-associated protein [Pisum sativum]</i>
CP02-S2-032-348-H11-UE.F	
100 -	<i>unspecific monooxygenase (EC 1.14.14.1) - common tobacco</i>
CP02-S2-028-271-C01-UE.F	
101 -	<i>unspecific monooxygenase (EC 1.14.14.1) - common tobacco</i>
CP02-S2-028-269-B11-UE.F	
104 -	<i>probable cytochrome P450 monooxygenase - maize (fragment)</i>
CP02-S2-028-263-C09-UE.G	
105 -	<i>probable cytochrome P450 monooxygenase - maize (fragment)</i>
CP02-S2-028-262-G04-UE.F	
107 -	<i>probable cytochrome P450 monooxygenase - maize (fragment)</i>
CP02-S2-028-246-B08-UE.R	
108 -	<i>(XM_090000) hypothetical protein XP_090000 [Homo sapiens]</i>
CP02-S2-028-246-B08-UE.F	
118 -	<i>unspecific monooxygenase (EC 1.14.14.1) - common tobacco</i>
CP02-S2-000-193-F02-UE.F	
131 -	<i>(AJ243883) putative transcription factor [Periplaneta americana]</i>
CP02-S2-000-135-B11-UE.F	
143 -	<i>Cytochrome P-450c17S [Oryzias latipes]</i>
CP02-S2-000-124-G01-UE.F	
145 -	<i>cytochrome P450 [Agaricus bisporus]</i>
CP02-S2-000-124-B07-CL.F	
146 -	<i>probable cytochrome P450 monooxygenase - maize (fragment)</i>
CP02-S2-000-123-E03-UE.F	
149 -	<i>probable cytochrome P450 monooxygenase - maize (fragment)</i>
CP02-S2-000-118-H05-CL.F	

163 -	<i>25-hydroxyvitamin D-1 alpha hydroxylase, mitochondrial precursor (25-OHD-1 alpha-hydroxylase) (25-hydroxyvitamin D3 1-alpha-hydroxylase) (VD3 1A hydroxylase) (P450C1 alpha) (P450VD1-alpha)</i>
CP02-S2-000-101-D05-UE.F	
166 -	<i>related to trichodiene oxygenase cytochrome P450 [imported] -</i>
CP02-S2-000-065-D10-UC.F	<i>Neurospora crassa</i>
189 -	<i>cell division control protein CDC24 - yeast (Saccharomyces cerevisiae)</i>
CP02-S2-000-153-A09-UE.F	
221 -	<i>(NC_003424) conserved hypothetical protein [Schizosaccharomyces pombe]</i>
CP02-S2-028-270-A02-UE.F	
241 -	<i>Dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase 48 kDa subunit (Oligosaccharyl transferase 48 kDa subunit) (OST 50 kDa subunit) (DDOST 48 kDa subunit)</i>
CP02-S2-000-120-D11-UE.F	
298 -	<i>(NC_003424) probable aminotransferase (EC 2.6.1.-) [Schizosaccharomyces pombe]</i>
CP02-S2-000-053-F10-UC.F	
301 -	<i>putative aldo/keto reductase [Salmonella enterica subsp. enterica serovar Typhi]</i>
CP02-S2-028-237-F06-UE.G	
311 -	<i>(NC_003272) glycine cleavage system protein P [Nostoc sp. PCC 7120]</i>
CP02-S3-000-109-C04-UC.G	
320 -	
CP02-S2-032-299-D07-UE.F	<i>CDH1-D [Gallus gallus]</i>
339 -	<i>(NC_003295) CONSERVED HYPOTHETICAL PROTEIN [Ralstonia solanacearum]</i>
CP02-S2-028-262-H03-UE.F	
354 -	
CP02-S3-000-103-C02-UC.F	<i>(BC012721) Similar to IFN-gamma induced [Mus musculus]</i>
356 -	

CP02-S2-028-267-A09-UE.F	Modulator; endozepine; acyl coenzyme A binding protein [<i>Homo sapiens</i>]
359 -	(NC_001146) involved in pleiotropic drug resistance by
CP02-S2-000-188-A04-UC.F	controlling lipids in various cellular compartments; positively regulated by PDR1; Pdr16p [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]
368 -	
CP02-S2-028-241-G12-UE.F	(AB030819) endoglucanase 1 [<i>Robillarda</i> sp. Y-20]
378 -	
CP02-S2-000-118-D11-UE.F	beta-glucosidase [<i>Aspergillus niger</i>]
382 -	
CP02-S3-000-118-A08-UC.G	putative chitin synthase enzyme [<i>Agaricus bisporus</i>]
386 -	
CP02-S2-032-300-G02-UE.F	chitin synthase [<i>Blumeria graminis</i>]
392 -	
CP02-S2-008-125-A11-UC.R	chitin deacetylase [<i>Schizophyllum commune</i>]
403 -	(NM_105023) ATP dependent copper transporter, putative;
CP02-S2-033-312-C06-UE.F	protein id: At1g63440.1 [<i>Arabidopsis thaliana</i>]
421 -	
CP02-S2-000-119-A11-UE.F	cysteine synthase [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>]
452 -	
CP02-S2-000-122-D02-UE.F	feruloyl esterase [<i>Aspergillus niger</i>]
454 -	
CP02-S2-000-100-A11-EM.R	(AL033497) nucleotide phosphodiesterase [<i>Candida albicans</i>]
479 -	
CP02-S2-000-117-C06-CL.F	(AF099904) neutral protease I [<i>Aspergillus oryzae</i>]
483 -	
CP02-S2-000-187-B10-UC.F	(AJ238718) metalloendopeptidase (AMMEP) [<i>Armillaria mellea</i>]

491 -	
CP02-S2-000-100-D03-UE.F	<i>hypothetical protein [Schizosaccharomyces pombe]</i>
505 -	
CP02-S2-000-104-E10-UE.R	<i>(Z83828) AmMst-1 [Amanita muscaria]</i>
510 -	
CP02-S2-000-114-E01-CL.F	<i>(NC_000964) UDP-glucose 4-epimerase [Bacillus subtilis]</i>
512 -	<i>Cytochrome B2, mitochondrial precursor (L-lactate dehydrogenase [Cytochrome]) (L-lactate ferricytochrome C oxidoreductase) (L-LCR)</i>
CP02-S2-000-120-H10-UE.F	
524 -	
CP02-S2-000-159-B10-UE.F	<i>GLYCOGEN PHOSPHORYLASE</i>
525 -	
CP02-S2-000-161-A02-UE.F	<i>(NC_001263) GMC oxidoreductase [Deinococcus radiodurans]</i>
532 -	<i>(NC_002696) glucose inhibited division protein A [Caulobacter crescentus]</i>
CP02-S2-000-227-D02-UE.F	
533 -	<i>(NC_003030) D-xylose-proton symporter [Clostridium acetobutylicum]</i>
CP02-S2-024-294-G09-UC.F	
538 -	
CP02-S2-026-293-H03-UC.F	<i>(AJ243324) cytochrome b2 [Kluyveromyces lactis]</i>
543 -	
CP02-S2-028-246-H01-UE.F	<i>(AJ001430) L-mandelate dehydrogenase [Rhodotorula graminis]</i>
568 -	
CP02-S3-000-108-A03-UC.F	<i>glucose oxidase [Penicillium amagasakiense]</i>
585 -	<i>BIFUNCTIONAL PURINE BIOSYNTHETIC PROTEIN ADE1 [INCLUDES: PHOSPHORIBOSYLAMINE–GLYCINE LIGASE (GARS) (GLYCINAMIDE RIBONUCLEOTIDE SYNTHETASE)]</i>

CP02-S2-000-150-H03-UC.F	(PHOSPHORIBOSYLGLYCINAMIDE SYNTHETASE); PHOSPHORIBOSYLFORMYLGLYCINAMIDINE CYCLO- LIGASE (AIRS) (PHOSPHORIBOSYL-AM>
604 -	(NC_000964) phosphotransferase system (PTS) mannitol-
CP02-S2-000-229-H09-UE.F	specific enzyme IIABC component [Bacillus subtilis]
609 -	
CP02-S2-032-299-B06-UE.F	(AJ276219) putative epoxide hydrolase [Stigmatella aurantiaca]
616 -	
CP02-S2-033-357-C03-UE.F	(AB070739) exo-beta-1, 3-glucanase [Aspergillus phoenicis]
626 -	(NC_003424) probable alpha-mannosidase
CP02-S2-032-296-F12-UE.F	[Schizosaccharomyces pombe]
627 -	
CP02-S2-032-296-A12-UE.F	glucoamylase [Lentinula edodes]
639 -	
CP02-S2-000-204-G09-UC.F	(AJ276219) putative epoxide hydrolase [Stigmatella aurantiaca]
640 -	
CP02-S2-000-193-C03-UE.F	alpha-amylase (EC 3.2.1.1) - Bacillus circulans
656 -	
CP02-S2-000-124-C12-UE.F	urea amidolyase-related protein [Caulobacter crescentus CB15]
682 -	
CP02-S2-000-176-G03-UC.F	VERSICOLORIN REDUCTASE (VER-1)
686 -	
CP02-S2-000-114-C09-CL.G	(AF378572) thaumatin-like protein [Sambucus nigra]
701 -	TRIFUNCTIONAL PURINE BIOSYNTHETIC PROTEIN ADENOSINE-3 [INCLUDES: PHOSPHORIBOSYLAMINE-- GLYCINE LIGASE (GARS) (GLYCINAMIDE RIBONUCLEOTIDE SYNTHETASE) (PHOSPHORIBOSYLGLYCINAMIDE

CP02-S2-000-112-H03-UE.F	SYNTHETASE); PHOSPHORIBOSYLFORMYLGLYCINAMIDINE CYCLO- LIGASE (AIRS) (PHOSPHORI>
704 - CP02-S2-025-299-A06-UC.F	(NC_002696) oxidoreductase iron/ascorbate family [<i>Caulobacter crescentus</i>]
728 - CP02-S2-033-323-F11-UE.F	adenylate cyclase [<i>Emmericella nidulans</i>]
745 - CP02-S2-000-122-G07-UE.F	phospholipase B [<i>Kluyveromyces lactis</i>]
752 - CP02-S2-022-306-E09-UC.F	(NC_000962) lipW [<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv]
798 - CP02-S2-000-118-G02-UE.F	protein with similarity to flavin-containing monooxygenases and to mammalian dimethylalanine monooxygenases [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>]
862 - CP02-S2-032-309-A11-UE.F	(AF064069) aryl-alcohol oxidase precursor [<i>Pleurotus eryngii</i>]
918 - CP02-S2-028-283-B08-UE.F	(AF019630) pathogenicity protein [<i>Magnaporthe grisea</i>]
927 - CP02-S3-000-118-A12-UC.G	probable aminopeptidase [<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PA01]
937 - CP02-S2-028-287-A06-UE.F	(NC_003424) putative pheromone response and mating-type determination protein [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>]
982 - CP02-S2-028-249-E06-UE.F	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase [<i>Cryptococcus curvatus</i>]
988 - CP02-S2-028-271-H10-UE.F	(NC_003421) putative nucleotide phosphatase [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>]

990 -	(NC_003423) putative GTP CYCLOHYDROLASE II
CP02-S2-032-293-D04-UE.F	[Schizosaccharomyces pombe]
1001 -	
CP02-S2-033-358-C11-UE.F	Pathogenesis-related protein 1A precursor (PR-1A)
1009 -	
CP02-S2-000-155-D11-UE.F	trehalose synthase (EC 2.4.1.-) - Grifola frondosa
1016 -	(NC_003421) MFS multidrug efflux transporter
CP02-S2-025-300-H05-UC.F	[Schizosaccharomyces pombe]
1046 -	
CP02-S2-032-296-A08-UE.F	putative gag-pol polyprotein [Zea mays]
1081 -	Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma
CP02-S2-022-273-B10-UC.F	matsutake]
1082 -	Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma
CP02-S2-022-271-E03-UC.F	matsutake]
1086 -	Retrovirus-related Pol polyprotein from transposon TNT 1-94
CP02-S2-000-225-A02-UE.G	[Contains: Protease ; Reverse transcriptase ; Endonuclease]
1109 -	
CP02-S2-000-193-E01-UE.F	reverse transcriptase [Tricholoma bakamatsutake]
1135 -	(AC091122) putative polyprotein [Oryza sativa (japonica cultivar-
CP02-S2-000-141-D06-UE.F	group)]
1155 -	
CP02-S2-000-120-G10-CL.F	pol protein [Glomerella cingulata]
1166 -	Retrovirus-related Pol polyprotein from transposon 412
CP02-S2-000-113-G11-CL.F	[Contains: Protease ; Reverse transcriptase ; Endonuclease]
1189 -	(AL731691) possible basic proline-rich protein [Aspergillus
CP02-S2-032-341-A08-UE.F	fumigatus]

1197 -	
CP02-S2-000-104-F05-UE.R	<i>PHOSPHOGLYCERATE KINASE</i>
1210 -	<i>(NC_003424) MFS efflux transporter of unknown specificity</i>
CP02-S2-000-122-B12-UE.R	<i>[Schizosaccharomyces pombe]</i>
1265 -	<i>(AF077355) protein phosphatase 2A regulatory B subunit</i>
CP02-S2-032-299-F11-UE.F	<i>[Neurospora crassa]</i>
1310 -	<i>anthranilate phosphoribosyltransferase [Neisseria meningitidis</i>
CP02-S2-000-124-B07-UE.F	<i>MC58]</i>
1359 -	
CP02-S2-000-113-B02-UE.F	<i>(AB045124) zinc finger protein Macho-1 [Halocynthia roretzi]</i>
1364 -	
CP02-S2-000-117-E07-CL.F	<i>Bromodomain and PHD finger-containing protein 3</i>
1383 -	
CP02-S2-028-271-E02-UE.F	<i>(NM_009557) zinc finger protein 46 [Mus musculus]</i>

Os genes da tabela 6 foram agrupados em classes para que fossem mais facilmente analisados. A figura 21 mostra quais são as classes correspondentes dos genes diferencialmente expressos.

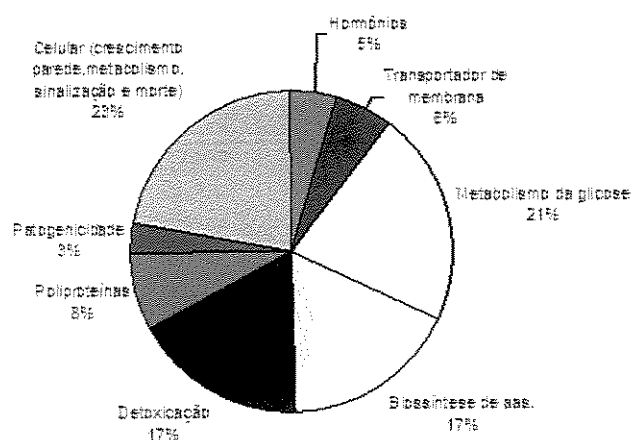


Figura 21. Classes dos genes diferencialmente expressos em ambas as condições

Totalizaram apenas 0,33% os fragmentos dos genes que apresentaram expressão diferencial na presença de extrato de cacau (tabela 7).

Tabela 7. Genes expressos apenas na condição com cacau.

CP02-S2-028-282-C07-UE.F	<i>gil28917148 lipase precursor [Candida rugosa]</i>
CP02-S2-022-274-A12-UC.F	<i>similar to yeast component of CopII of ER-Golgi vesicles [S.pombe]</i>
CP02-S2-000-106-D10-UE.F	<i>gil28917148lgb1 EAA26865 hypothetical protein [Neurospora crassa]</i>
CP02-S2-000-161-A11-UE.F	<i>gi:19113184(NC003423) coiled coil protein [S.pombe]</i>

Neste primeiro *screening* em *C. pernicioso*, utilizando a técnica de *microarrays*, foi possível identificar três genes candidatos a estar potencialmente envolvidos com a patogenicidade do fungo. As figuras 22, 23 e 24 mostram o perfil de expressão de cada um dos genes selecionados, em cada intervalo de tempo, nas condições estudadas. As tabelas 8 e 9 apresentam os valores inerentes às figuras.

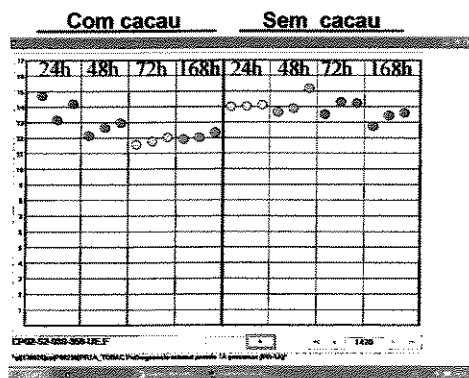


Figura 22. Pathogenesis-related protein PR-1A [*N. tabacum*].

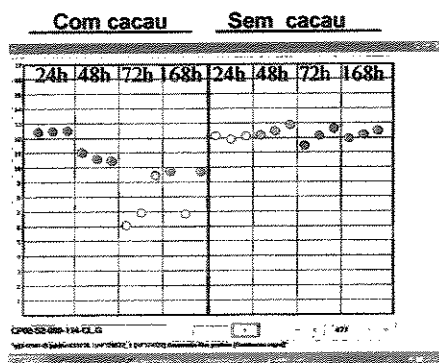


Figura 23. Thaumatin-like protein [*S. nigra*]

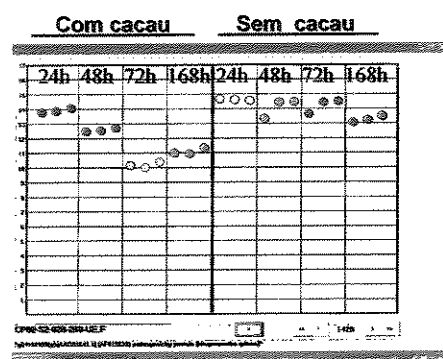


Figura 24. Pathogenicity protein [*M. grisea*]

Tabela 8. Genes relacionados com patogenicidade expressos diferencialmente na presença do extrato de cacau.

Descrição	C24hs	C48hs	C72hs	C168hs
gi 130826 sp P08299 Pathogenesis-related protein 1A precursor (PR-1A) [Tobacco]	14018	12584	11776	12087
gi 14290149 gb AAK59276.1 AF378572_1 (AF378572) thaumatin-like protein [Sambucus nigra]	12469	10683	9460	9700
gi 4102999 gb AAD01641.1 (AF019630)pathogenicity protein [M.grisea]	13897	12576	10170	11079

Os valores representam a média do log na base 2 das triplicatas que constam nas figuras 22, 23 e 24.

Tabela 9. Genes relacionados com patogenicidade expressos diferencialmente na ausência do extrato de cacau.

Descrição	S24hs	S48hs	S72hs	S168hs
<i>gi 130826 sp P08299 Pathogenesis-related protein 1A precursor (PR-1A) [Tobacco]</i>	14053	14238	14026	13258
<i>gi 14290149 gb AAK59276.1 AF378572_1 (AF378572) thaumatin-like protein [Sambucus nigra]</i>	12047	12501	12084	12215
<i>gi 4102999 gb AAD01641.1 (AF019630)pathogenicity protein [M.grisea]</i>	14613	14068	14186	13250

Os valores representam a média do log da base 2 das triplicatas que constam nas figuras 22, 23 e 24.

Considerando-se que a quantidade de genes espotados representa apenas uma pequena parte de todo o genoma, a probabilidade de encontrar novos genes expressos em uma ou outra condição seria maior se todo o genoma estivesse depositado sobre as lâminas. A análise desses genes específicos poderá ser um dos caminhos a ser seguido para criar estratégias que objetivem entender melhor o mecanismo de ação do fungo.

V. DISCUSSÃO

5. Discussão

5.1 A técnica de *microarrays*

Vários protocolos foram testados em nosso laboratório, com a finalidade de padronizar a metodologia de *microarrays*, não só para *C. perniciosus*, mas também para outros organismos como levedura (*Hansenula polymorpha*), rato (*Rattus norvegicus*), humano (*Homo sapiens*), planta (*Eucalyptus*) e abelha (*Melipona quadrifasciata*). Finalmente, determinaram-se os parâmetros básicos para a realização desta técnica no LGE.

Em relação a superfícies de contato para fixação de DNA, os protocolos envolveram a utilização de lâminas preparadas *in house* com poli-L-lisina (<http://cmgm.stanford.edu/pbrown/protocols>) e lâminas comercialmente disponíveis, tratadas com trietoxiaminosilano (Corning, USA). Os testes demonstraram a possibilidade da utilização das lâminas preparadas *in house*, diminuindo os custos da produção dos *arrays*, embora apresentassem desvantagens relacionadas à qualidade da imagem do chip e o enorme tempo dispensado na preparação dessas lâminas.

Quanto aos produtos de PCR a serem impressos, optou-se por realizar a purificação dos fragmentos (Hedge *et al.*, 2000); embora isto resulte no aumento do custo, também resulta na diminuição de problemas com a fixação do DNA na lâmina. Em contraste, a estampagem dos fragmentos sem purificação (Liang *et al.*, 2002) mostrou-se muito eficiente para microarranjos provenientes de bibliotecas comercialmente disponíveis de coração de ratos. Produtos de PCR provenientes da

biblioteca do genoma do câncer, também demonstraram capacidade de fixação nas lâminas quando submetidos ao tratamento com proteinase K (Sabha *et al.*, 2004, submetido).

Mudanças na umidade (45%) e temperatura (22°C) têm impactos significantes na morfologia e tamanho dos *spots*, assim como na eficiência do DNA de se fixar na lâmina, e estas foram cuidadosamente controladas, para definir uma impressão consistente (Hedge *et al.*, 2000).

Outro fator a ser considerado foi a concentração do DNA impresso, que variou entre 100 e 500 ng por μL (Schena *et al.*, 1995), uma vez que concentrações menores que estas resultaram na não visualização de DNAs em lâminas antes das mesmas serem hibridizadas.

A marcação das sondas também foi um dos pontos críticos dos experimentos, uma vez que a qualidade dos RNAs é essencial para a determinação de uma boa ou má marcação. Com o intuito de aumentar a quantidade de cDNA marcado durante a síntese da primeira fita, a quantidade inicial de RNA variou muito (20 a 100 μg) nos diversos protocolos testados; porém, concluiu-se que quantidades menores de RNA (35 μg) são suficientes para uma hibridização eficiente. Entretanto, os dois tipos de marcação das sondas, tanto na primeira fita (Hedge *et al.*, 2000) quanto na segunda fita do cDNA (Beier *et al.*, 2004), funcionaram satisfatoriamente. O fato da marcação na segunda fita resultar em um sinal mais forte após a hibridização foi determinante para seleção deste tipo de marcação como padrão.

A impossibilidade de realizar as marcações dos RNAs com as duas cianinas, no mesmo experimento, foi um fato decisivo para a escolha da utilização do *single*

channel (Attoor *et al.*, 2004). Acreditamos que novos métodos para purificação do RNA resultem na melhor da qualidade do ácido nucléico, pois a pureza do material deve ser um dos principais fatores para a baixa incorporação do fluoróforo à amostra.

A hibridização automatizada foi outro fator que auxiliou na eliminação de artefatos durante a fase final dos experimentos, pois diminuiu os riscos provenientes da manipulação, mantendo a sonda sob agitação e temperatura constantes, além de garantir a lavagem uniforme das lâminas (Eisen & Brown, 1999).

A vantagem do scanner a *laser* sobre o de luz demonstrou que a qualidade da imagem é um fator extremamente importante a ser considerado, uma vez que apresenta resultados melhores, assim como a razão entre o sinal e o ruído é superior àquela obtida através de scanner a luz (Eisen & Brown, 1999).

5.2 A seleção dos genes controle

Embora não fosse o objetivo deste estudo procurar por genes controle, interno e externo, pode-se confirmar a utilização do gene Q do fago lambda e do gene da actina, conhecidos na literatura por essa utilização (Coussens *et al.*, 2003).

O GAPDH é outro gene também descrito com essa mesma função (Ercolani *et al.*, 1988; Deindl *et al.*, 2002), embora alguns trabalhos demonstrem que amostras provenientes de tipos de tecido ou nutrição diferentes apresentem esse gene diferencialmente expresso (Modziak *et al.*, 2000; Lowe *et al.*, 1998), como o ocorrido em nossos experimentos.

A GAPDH é uma enzima essencial na glicólise, e catalisa a conversão de gliceraldeído 3-fosfato a 1,3-difosfoglicerato, resultando na produção de adenosina trifosfato (ATP) através da cadeia de transporte de elétrons. Transcritos do gene são abundantes em tecidos e células, e assume-se que sua expressão seja constante sob diversas condições experimentais, transformando-o em controle interno padrão para experimentos de *Northern blot* (Biragyn *et al.*, 1994; Musaro *et al.*, 1995; Mozdziak *et al.*, 1998; O'Neill *et al.*, 1999).

Este gene foi seqüenciado em diversos organismos, incluindo procariotos (Branland & Branland, 1985; Conway *et al.*, 1987), plantas (Martin and Cerff, 1986; Shih *et al.*, 1986) e animais (Domdey *et al.*, 1983; Dugaiczky *et al.*, 1983; Panabieres *et al.*, 1984; Hanauer & Mandell, 1984; Benham *et al.*, 1984, Tso *et al.*, 1985a,b; Fort *et al.*, 1985), permitindo a comparação das estruturas dos genes e provendo informações para estudar como estes organismos têm evoluído. Entre os fungos, GAPDH foi bem estudado em *Saccharomyces cerevisiae* (Holland & Holland, 1979; 1980; Holland *et al.*, 1983) e *Aspergillus nidulans* (Punt *et al.*, 1988). No fungo basidiomiceto *Ustilago maydis*, o gene GAPDH foi seqüenciado, apresentando seqüência específica para uma proteína composta por 337 aminoácidos (Smith & Leong, 1990), o mesmo número que encontramos em *C. perniciososa*.

Embora ainda seja necessário re-sequenciar o fragmento correspondente à região indefinida do gene, se após novo sequenciamento as análises confirmarem a existência de um íntron naquele local da seqüência, este gene consistirá de 9 éxons e 8 íntrons, o mesmo número encontrado em humanos (Ercolani *et al.*, 1988) indicando que pode ser o mesmo gene.

Os resultados obtidos nos experimentos de microarrays, confirmados por *Northern blot*, sugerem que o gene GAPDH pode ser um controle interno impróprio para experimentos de *C. perniciosus* com extrato de cacau adicionado ao meio nutriente, pois houve aumento do mRNA transcrito em todos os intervalos de tempo. Resultados semelhantes foram obtidos em estudos realizados com tecidos musculares de animais alimentados com suplemento nutricional ou privados de alimentação, demonstrando aumento significativo na expressão do gene nos animais alimentados (Modziak et al., 2003). Além disso, também foi demonstrado por Lowe e colaboradores (2000) que, em animais, a capacidade glicolítica e a expressão do gene no músculo diminuem com a idade, o que pode sugerir que, em futuros experimentos com o fungo, com intervalos mais prolongados, seja possível observar o comportamento do GAPDH e verificar se também haverá diminuição em seus níveis de expressão.

5.3 A patogenicidade e os genes diferencialmente expressos

A capacidade de localizar e identificar genes diferencialmente expressos são essenciais para o entendimento de eventos biológicos que envolvam mudanças no padrão de expressão gênica.

Neste primeiro estudo exploratório sobre os genes que apresentaram expressão diferencial em *C. perniciosus*, verificamos a expressão do gene que codifica a proteína thaumatin-like (TLP), descrita em plantas (Hejgaard et al., 1991; Pierpoint & Tatham, 1987; Cornelissen et al., 1986) e algumas espécies de animais (Brandazza et

al., 2004). Em nossos experimentos, o gene que codifica essa proteína, a qual integra a família das proteínas PR-5 (pathogenesis-related protein), apresentou uma diminuição da expressão na presença de extrato de cacau, o que poderia sugerir atividade semelhante à possível função das TLPs em insetos, relacionadas à ligação e ao processamento de açúcar, como ocorre em *Schistocerca gregaria*, com especificidade diferente se comparada a TLPs de plantas (Brandazza *et al.*, 2004). Assim como *S. gregaria* apresenta sequência com homologia a planta (*N. tabacum*), a sequência em questão também apresenta homologia com planta (*Sambucus nigra*). Em contraste, estudos realizados com *S. nigra* demonstraram que TLPs fruto-específicas são desprovidas de atividade glucanase e não possuem atividade antifúngica (Van Damme *et al.*, 2002).

Foram encontradas 21 sequências relacionadas às TLPs no banco do genoma de *C. perniciosus*, sendo que 12 apresentam alta homologia com genes de *A. thaliana*, porém desconhece-se quais as propriedades das proteínas codificadas por esses genes, porque os mesmos ainda não foram analisados. Apesar das propriedades adocicadas das TLPs, cuja proteína é acumulada nos estágios finais da maturação dos frutos (Van Damme *et al.*, 2002) dos 27 genes anotados no genoma de *A. thaliana*, referentes a taumatinas, a maioria não codifica para proteínas que apresentam sabor doce em frutos e sua síntese é induzida pela presença de fungos patogênicos (Hu & Reddy, 1997). Portanto, da sequência com homologia a *S. nigra* diferencialmente expressa em nossos experimentos, talvez se possa inferir apenas que codifique para uma proteína com atividade glucanólítica. Para que se possa atribuir determinada função à proteína codificada por esse gene serão necessários estudos adicionais.

Outro gene que apresentou diminuição significativa na expressão foi o relacionado à proteína de patogênese (*pathogenesis-related protein*) PR-1A, o que provavelmente ocorreu devido ao *stress* ambiental ao qual o fungo foi submetido, sendo cultivado em meio mínimo com extrato de cacau, já que, em plantas, uma situação de *stress* induz a síntese sistêmica das proteínas PR (Carr, 1989).

A falta de informação sobre o mecanismo de regulação dos dois genes mencionados impossibilita uma discussão mais detalhada, pois se desconhecem os fatores que os induzem.

A presença de proteínas relacionadas a patogenicidade em plantas e animais, expande tal mecanismo de defesa ao menos a alguns insetos (Brandazza et al., 2004). No futuro, será possível a membros de uma família de proteínas, ser designadas diferentes funções biológicas durante o curso da evolução de grupos de organismos tão distantes.

VI. CONCLUSÕES

6. Conclusões

Nossos estudos permitiram concluir, em uma análise preliminar, que os genes cuja expressão diferencial foi evidenciada, podem indicar sua ativação nas condições apresentadas, porém é importante ressaltar que apenas a fase necrotrófica do fungo foi estudada, sendo necessários novos experimentos com a fase biotrófica, obtida recentemente, *in vitro*, em nosso laboratório. A comparação entre as duas fases servirá como uma base mais sólida para a afirmação sobre a expressão diferencial desses genes.

Considerando-se que o número de clones estudados corresponde a apenas uma pequena parte do genoma, a possibilidade de encontrar um número significativo de genes diferencialmente expressos tende a aumentar confeccionando-se *microarrays* com mais genes.

Embora não existisse o objetivo de encontrar um controle interno, a determinação do gene da β -actina como controle positivo interno trará maior robustez a novos experimentos, tanto de *microarrays* como de outras técnicas (i.e. Northern blot), realizadas com o fungo. Pode-se dizer o mesmo para o uso do gene Q do fago lambda como controle externo.

A expressão diferencial apresentada pelo GAPDH sugere que este gene seja um controle interno impróprio para experimentos realizados com *C. pernicioso*.

É necessário um conhecimento mais amplo dos mecanismos de regulação dos genes envolvidos com patogenicidade, para que se possa justificar o aumento ou diminuição da expressão desses genes.

Enfim, nossos estudos também demonstraram que, apesar do grande número de variáveis presentes na técnica, ela se apresenta eficaz como ferramenta para estudos de expressão gênica diferencial, auxiliando na detecção de novos genes expressos, envolvidos ou não com a patogenicidade deste fungo, cuja expressão ainda é pouco conhecida.

VII. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

7. Referências bibliográficas

- ALBUQUERQUE, P. S. B.; MOTA, J. W. S and ANDERBRHAN, T. (1995). Poda fitossanitária na recuperação de roças de cacau (*Theobroma cacao*) altamente infectadas por vassoura-de-bruxa (*Crinipellis perniciosa*) em Rondônia: aspectos técnicos e econômicos. **Agrotropica**, 7(2): 43-8
- ALEXOPOULOS, C. J.; MIMS, C. W. (1979). **Introductory Mycology**. 3rd ed. John Wiley & Sons. NY, USA. 632 p.
- ALTSCHUL, S. F *et al.* (1997). Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. **Nucleic Acids Res.** 25: 3389-3402.
- ATTOOR, S.; DOUGHERTY, E.R.; CHEN, Y.; BITTNER, M.L.; TRENT, J.M. (2004). Which is better for cDNA-microarray-based classification: ratios or direct intensities. **Bioinformatics**, 20: 2513-20
- BAKER, R. E. D.; HOLLIDAY, P. (1957). Witches' broom disease of cocoa (*Marasmius perniciosus* Staehel). **Commonwealth Mycological Institute**, Richmond. 42 p.
- BASTOS, C. N., EVANS, H. C. (1985). A new pathotype of *Crinipellis perniciosa* (witches' broom disease) on solanaceous hosts. **Plant Pathology** 34: 306-312.
- BASTOS, C. N. (1989). Avaliação de fungicidas sistêmicos no controle da vassoura-de-bruxa do cacaueiro. **Agrotropica** 1(2): 128-32.

- BASTOS, C. N.; DIAS, J. (1992). Redução na Produção de Basidiocarpos de *Crinipellis pernicioso* por *Trichoderma viride*. **Summa Phytopathologica** **18**:235-38.
- BEIER, V.; BAUER, A.; BAUM, M.; HOHEISEL, J.D. (2004). Fluorescent sample labeling for DNA microarray analysis. **Methods Mol Biol** **283**: 127-35.
- BELENKIY, R.; HAEFELE, A.; EISEN, M.B.; WOHLRAB, H. (2000). The yeast mitochondrial transport proteins: new sequences and consensus residues, lack of direct relation between consensus residues and transmembrane helices, expression patterns of the transport protein genes, and protein-protein interactions with other proteins. **Biochim Biophys Acta**, **1467**(1):207-18.
- BENSON, D. A., *et al.* (2002). GenBank. **Nucleic Acid Reserch.** **30**(1): 17-20.
- BIRAGYN, A.; ARKINS, S.; KELLEY, K.W. (1994). Riboprobe expression cassettes for measuring IGF-1, beta-actin and glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase transcripts. **J Immunol Methods**, **168**:235.
- BRANDAZZA, A.; ANGELI, S.; TEGONI, M.; CAMBILLAU, C.; PELOSI, P. (2004). Plant stress proteins of the thaumatin-like family discovered in animals. **FEBBS Lett**, **572**:3-7.
- BRANLAND, G. & BRANLAND, C. (1985). Nucleotide sequence of the *Escherichia coli* gap gene. Different evolutionary behavior of the NAD⁺-binding domain and of the catalytic domain an of the catalytic domain of D-glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase. **Eur J Biochem**, **150**: 61-6.
- CALLE, H.; COOK, A. A.; FERNANDO, S. Y. (1982). Histology of witches' broom caused in cocoa by *Crinipellis pernicioso*. **Phytopathol**, **72**:1474-81.

- CHEONG, N.E.; CHOI, Y.O.; KIM, S.C.; CHO, M.J.; LEE, S.Y. (1997). Purification of an antifungal PR-5 protein from flower buds of *Brassica campestris* and cloning of its gene. **Physiol Plant**, **101**: 583-90.
- CARR, J.P. AND KLESSIG, D.F. (1989). In: **Genetic Engineering: Principles and Methods**, pp 65-109, Plenum Press, New York.
- CONWAY, T.; SEWELL, G.W.; INGRAM, L.O. (1987). Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase gene from *Zymomonas mobiles*: cloning, sequencing and identification of promoter region. **J Bacteriol**, **169**: 5653-62.
- CORNELISSEN, B.J.C.; HOOFT VAN HUIJSDUIJNEN, R.A.M.; BOL, J.F. (1986). A tobacco mosaic virus-induced tobacco protein is homologous to the sweet-tasting protein thaumatin. **Nature**, **321**: 531-32.
- COUSSENS, P.M; COLVIN, C.J.; ROSA, G.J.M.; LASPIUR, J.P.; ELFTMAN, M.D. (2003). Evidence for a novel gene expression program in peripheral blood mononuclear cells from *Mycobacterium avium* subsp. *Paratuberculosis*-infected cattle. **Infect Immun**. **71**(11): 6487–98.
- CUMMINGS, C.A. and RELMAN, D.A. (2000). Using DNA microarrays to study host-microbe interactions. **Emerg Infect Dis**, **6**(5):513-25.
- DEINDL, E.; BOENGLER, K.; VAN ROYER, N.; SCHAPER, W.(2002). Differential expression of GAPDH and beta3-actin in growing collateral arteries. **Mol Cell Biochem** **236**: 139-46.
- DERISI, J. *et al.* (1996). Use of a cDNA microarray to analyse gene expression patterns in human cancer. **Nat Genet**, **14**(4):457-6.

- DOMDEY, H.; WIEBAUER, K.; KLAPTHOR, H.; ARNOLD, H.H. (1983). Sequence analysis of the cloned mRNA coding for glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase from chicken heart muscle. **Eur J Biochem**, **131**: 129-35.
- DRMANAC, S.; DRMANAC, R. (1994). Processing of cDNA and genomic kilobase-size clones for massive screening, mapping and sequencing by hybridization. **Biotechniques**, **17**:328-36.
- DUGAICZYK, A.; HARON, J.A.; STONE, E.M.; DENNISON, O.E.; ROTHBLUM, K.N.; SCHWARTZ, R.J. (1983). Cloning and sequencing of a deoxyribonucleic acid copy of glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase messenger ribonucleic acid isolated from chicken muscle. **Biochem**, **22**: 1605-13.
- EISEN, MB; BROWN, PO. (1999). DNA arrays for analysis of gene expression. **Methods Enzymol**, **303**:179-205.
- VAN DAMME, E.J.M.; CHARELS, D. MENU-BOUAOUICHE, L.; PROOST, P.; BARRE, A.; ROUGE, P.; PEUMANS, W.J. (2002). Biochemical, molecular and structural analysis of multiple thaumatin-like proteins from the elderberry tree (*Sambucus nigra* L.). **Planta**, **214**: 853-62.
- ERCOLANI, L.; FLORENCE, B.; DENARO, M.; ALEXANDER, M. (1988). Isolation and complete sequence of a functional human glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase gene. **J Biol Chem**, **263**: 15335-41.
- EVANS, H. C.; BASTOS, C. N. (1979). Uma avaliação do ciclo de vida da vassoura-de-bruxa (*Crinipellis pernicioso*) do cacaueiro. **Fitopatol Bras**, **4**(1):104.
- EVANS, H. C. (1980). Pleomorphism of *Crinipellis pernicioso* causal agent of witches' broom disease of cacao. **Trans Br Mycol Soc**, **74**(3):515-23.

- EVANS, H. C. (1981). Witches' broom disease a case study. **Cocoa Grower's Bulletin** 32:5-19.
- FERREIRA, R.B.; MONTEIRO, S.S.; PIÇARRA-PEREIRA, M.A.; TEIXEIRA, A.R. (2004). Engineering grapevine for increased resistance to fungal pathogens without compromising wine stability. **Trends Biotechnol**, 22(4): 168-73.
- FORT, P.; MARTY, L.; PIECHACZYK, M.; EL SABROUTY, S.; DANI, C.; JEANTEUR, P.; BLANCHARD, J.M. (1985). Various rat adult tissues express only one major mRNA species from the glyceraldehydes-3-phosphate dehydrogenase multigenic family. **Nucleic Acids Res**, 13: 1431-42.
- FRIAS, G. A.; PURDY, L. H. and SCHMIDT, R. A. (1991). Infection biology of *Crinipellis perniciosa* on vegetative flushes of cacao. **Plant Disease**, 75(6): 552-56.
- GIANINAZZI, S. (1983). In Nester, E.W. and Kosuge, T. **Plant-microbe interaction molecular and genetic perspectives**. Macmillan Publ. Co., NY, Vol. 1, pp.321-42.
- GIBAS, C., JAMBECK, P. (2001). **Desenvolvendo bioinformática**. Rio de Janeiro, Ed. Campus.
- GRIFFITH, G. W., and HEDGER, J. N. (1994). The breeding biology of biotypes of the witches' broom pathogen of cocoa, *Crinipellis perniciosa*. **Heredity** 72: 278-289.
- HANAUER, A. AND MANDELL, J.L. (1984). The glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase gene family: structure of a human cDNA and of an X-chromosome linked pseudogene; amazing complexity of the gene family in mouse. **EMBO J**, 3:2627-33.

- HEJGAARD, J.; JACOBSEN, S.; SVENDEN, I. (1991). Two antifungal thaumatin-like proteins from barley grain. **FEBS Lett**, **291**: 127-31.
- HEDGE, P. *et al.* (2000). A concise guide to cDNA microarray analysis. **Biotechniques**, **29**:548-62.
- HEDGER, J. N., PICKERING, V. and ARAGUNDI, J. (1987). Variability of populations of the witches' broom disease of cocoa *Crinipellis perniciosus*. **Trans. Br. Mycol. Soc.** **88**(4): 533-46.
- HELLER, R. A.; SCHENA, M.; CHAI, A.; SHALON, D.; BEDILION, T.; GILMORE, J.; WOOLLEY, D. E.; DAVIS, R. W. (1997). Discovery and analysis: microarray-based expression monitoring of 1000 genes. **Proc Natl Acad Sci**, **93**:10614-19.
- HOLLAND, J.P. AND HOLLAND, M.J. (1980). Structural comparison of two non-tandemly repeated yeast glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase genes. **J Biol Chem**, **255**: 2596-2605.
- HOLLAND, J.P. AND HOLLAND, M.J. (1979). The primary structure of a glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase gene from *Saccharomyces cerevisiae*. **J Biol Chem**, **254**: 9839-45.
- HOLLAND, J.P.; LABIENIEC, L.; SWIMMER, C.; HOLLAND, M.J. (1983). Homologous nucleotide sequences at the 5' termini of messenger RNAs synthesized from the yeast enolase and glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase gene families. The primary structure of a third yeast glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase gene. **J Biol Chem**, **258**: 5291-99.
- HOLLIDAY, P. (1952). Witches' broom disease of cacao (*Marasmius perniciosus* Stahel). **H. M. Stationary Office**. p.8. (Colonial, 286).

- HU, X.; REDDY, A.S.N. (1997). Cloning and expression of a PR-5-like protein from *Arabidopsis*: Inhibition of fungal growth by bacterially expressed protein. **Plant Mol Biol**, **34**: 949-59.
- KOIWA, H.; KATO, H.; NAKATSU, T.; ODA, J.; YAMADA, Y.; SATO, F. (1996). Purification and characterization of tobacco patogenesis-related protein PR-5d, an antifungal thaumatin-like protein. **Plant Cell Physiol**, **38**: 783-91.
- LASHKARI, D.A.; MCCUSKER, J.H.; DAVIS, R.W. (1997). Whole genome analysis: experimental access to all genome sequenced segments through larger-scale efficient oligonucleotide synthesis and PCR. **Proc Natl Acad Sci**, **94**(17):8945-7.
- LIANG, M.; YUAN, B.; RUTE, E.; GREENE, A.S.; ZOU, A.P.; SOARES, P.; MCQUESTION, G.D.; SLOCUM, G.R.; JACOB, H.J.; COWLEY, A.W.JR. (2002). Renal medullary genes in salt-sensitive hypertension: a chromosomal substitution and cDNA microarray study. **Physiol Genomics**, **8**(2):139-49.
- LIMA, E. L.; BARROS, E. V.; ARAÚJO, J. G.; THIÉBAUT, J. T. (1991). Frequência da poda fitossanitária no controle da vassoura-de-bruxa do cacaueiro. **Agrotrópica**, **3**(2): 75-80.
- LOWE, D.A.; DEGENS, H.; CHEN, K.D.; ALWAY, S.E. (2000) Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase varies age in glycolytic muscles of rats. **J Gerontol A Biol Sci Med Sci**, **55**:B160.
- MARTIN, W. AND CERFF, R. (1986). Prokaryotic features of nucleus-encoded enzymes. cDNA sequences for chloroplast and cytosolic glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase dehydrogenases from mustard (*Sinapsis alba*). **Eur J Biochem**, **159**: 323-31.

- MOZDZIAK, P.E.; PULVERMACHER, P.M.; SCHULTZ, E. (2000). Unloading of juvenile muscle results in a reduced muscle size 9 wk after reloading. **J Appl Physiol**, **88**:158.
- MUSARO, A.; CUSELLA DE ANGELLIS, MG; GERMANI, A. (1995). Enhanced expression of myogenic regulatory genes in aging skeletal muscle. **Exp Cell Res**, **221**:241.
- O'NEILL, D.S.; ZHENG, D.; ANDERSON, W.K.; DOHM, G.L.; HOUMARD, J.A. (1999). Effect of endurance exercise on myosin heavy chain gene regulation in human skeletal muscle. **Am J Physiol**, **276**:R414.
- ORCHARD, J.; COLLIN, H. A.; HARDWICK, K.; ISAAC, S. (1994). Changes in morphology and measurement of cytokin levels during the development of witches' brooms on cocoa. **Plant Pathol**, **43**:65-72.
- PANABIERES, F. *et al.* (1984). Complete sequence of the messenger RNA coding for chicken muscle glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase cDNAs. Complexity and molecular evolution of the gene. **Biochem Biophys Res Commun**, **118**: 767-73.
- PEGLER, D. N. (1978). *Crinipellis pernicios* (Agaricales). **Kew Bulletin**, **32**(4):730-36.
- PEREIRA, J. L.; RAM, A.; FIGUEIREDO, J. M. (1989). Primeira ocorrência de vassoura-de-bruxa na principal região produtora de cacau do Brasil. **Agrotrópica**, **1**(1):79-81.
- PERTSEMLIDS, A., and FONDOM, J. W. (2001). Having a BLAST with bioinformatics (and avoiding BLAST phemy). **Genome Biology** .2: 1-10.

- PIERPOINT, W.S. AND TATHAM, A.S. (1987). Identification of the virus-induced protein of tobacco leaves that resembles the sweet-protein thaumatin. **Physiol Mol Plant Pathol**, **31**: 291-98.
- PIRES, J. L.; LUZ, E. D. M. N. (1995). Resistência à vassoura-de-bruxa na espécie *Theobroma cacao*. **Fitopatol Bras**, **20**:303.
- PUNT, P.J.; DINGEMANSE, M.A.; JACOBS-MEIJSSING, B.J.M.; POuwELS, P.H.; VAN DEN HONDEL, C.A.M.J.J. (1988). Isolation and characterization of the glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase gene of *Aspergillus nidulans*. **Gene**, **69**: 49-57.
- PURDY, L.H.; SCHMIDT, R.A. (1996). Status of cacao witches' broom biology, epidemiology and management. **Ann Rev Phytopathol**, **34**:573-94.
- RAMSAY, G. (1998). DNA chips: state-of-the-art. **Nature Biotechnology**, **16**:40-4.
- RAVEN, P. H.; EVERT, R. F.; EICHHORN, S. E. (1996). **Biologia Vegetal**. 5^a ed Guanabara Koogan, RJ, p 192-225.
- RINCONES, J., *et al.* (2003). Electrophoretic karyotype analysis of *Crinipellis pernicios*, the causal agent of witches' broom disease of *Theobroma cacao*. **Mycol Res** **107**(Pt 4): 452-8.
- ROBERTS, W.K.; SELITRENNIKOFF, C.P. (1990). Zeamatin, an antifungal protein from maize with membrane-permeabilizing activity. **J Gen Microbiol**, **136**: 1771-78.
- ROSS, A.F. (1966). In Beemester, A.B.R. and Dijkstra. J. **Viruses of Plants**. North Holland Publ. Co., Amsterdam, p. 127-50.

- RUDGARD, S. A. (1987). Witches' broom disease of cocoa in Rondonia, Brazil: pod infection in relation to pod susceptibility, wetness, inoculum and phytosanitation. **Plant Pathol**, **36**(4):515-22.
- RUDGARD, S. A.; MADDISON, A. C. and ANDEBRHAN, T. (1993). **Disease management, in cocoa: comparative epidemiology of witches' broom**. Chapman and Hall, London. 249 p.
- SABHA, M.; QUEIROZ, D.A.; DECKMANN, A.C.; PEREIRA, G.A.G. (2004). An Alternative Way to Prepare cDNA for Glass Slide Printing in Microarrays. **Biotechniques** (submetido).
- SANGER, F., *et al.* (1977). DNA sequencing with chain-termination inhibitors. **Proc. Natl. Acad. Sci.USA**, **74**: 5463-5467.
- SCHENA, M; SHALON, D.; DAVIS, R.W.; BROWN, P.O. (1995). Quantitative monitoring of gene expression patterns with a complementary DNA microarray. **Science**, **270**(5235):467-70.
- SCHENA, M.; SHALON, D.; HELLER, R.; CHAI, A.; BROWN, P.O.; DAVIS, R.W. (1996). Parallel human genome analysis: microarray-based expression monitoring of 1000 genes. **Proc Natl Acad Sci**, **93**(20):10614-9.
- SCHENK, P.M.; KAZAN, K.; WILSON, I.; ANDERSON, J.P.; RICHMOND, T.; SOMERVILLE, S.C.; MANNERS, J.M. (2000). Coordinated plant defense responses in arabidopsis revealed by microarray analysis. **Proc Natl Acad Sci**, **97**(21):11655-60.
- SGRILLO, R. B.; ARAUJO, M. R. P. (1994). Modelo de simulação evolução da vassoura da bruxa do cacaueiro na Bahia. **Agrotrópica**, **6**(3): 73-84.

- SHIH, M.C.; LAZAR, G.; GOODMAN, H.M. (1986). Evidence in favor of the symbiotic origin of chloroplasts: primary structure and evolution of tobacco glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase dehydrogenases. **Cell**, **47**: 73-80.
- SIMPSON, A. J., *et al.* (2000). The genome sequence of the plant pathogen *Xylella fastidiosa*. The *Xylella fastidiosa* Consortium of the Organization for Nucleotide Sequencing and Analysis. **Nature** **406**: 151-157.
- SMITH, T.L. AND LEONG, S.A. (1990). Isolation and characterization of a *Ustilago maydis* glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase-encoding gene. **Gene** **93**: 111-17.
- TANGHE, A.; TEUNISSEN, A.; VAN DIJCK, P.; THEVELEIN, J.M.(2000). Identification of genes responsible for improved cryoresistance in fermenting yeast cells. **Int J Food Microbiol**, **55**(1-3): 259-62.
- THOROLD, C. A. (1975). **Diseases of cocoa**. Claredon Press, Oxford.
- TSO, J.Y.; SUN, X.H.; KAO, T.; REECE, K.S.; WU, R. (1985a). Isolation and characterization of rat and human glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase cDNAs: complexity and molecular evolution of the gene. **Nucleic Acids Res**, **13**: 2485-2502.
- TSO, J.Y.; SUN, X.H.; WU, R. (1985b). Structure of two unlinked *Drosophila melanogaster* glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase genes. **J Biol Chem**, **260**: 8220-28.
- VAN DER WEL, H.; LOEVE, K. (1972). Isolation and characterization of thaumatin I and II, the sweet-tasting proteins from *Thaumatococcus daniellii* Benth. **Eur J Biochem** **31**: 221-225.

VAN LOON, L.C. (1985). Patogenesis-related proteins. **Plant Mol Biol** 4: 111-16.

VAN LOON, L.C., PIERPOINT, W.S.; BOLLER, T.H.; CONEJERO, V.
Recommendations for naming plant pathogenesis-related proteins. (1994). **Plant Mol Biol Rept**, 12: 245-64.

VENTER, J. C., *et al* (1998). Shotgun sequencing of the human genome. **Science** 280: 1540-42.

XIE, X.; WILKINSON, H.H.; CORREA, A.; LEWIS, Z.A.; BELL-PEDERSEN, D.;
EBBOLE, D.J. (2004). Transcriptional response to glucose starvation and
functional analysis of a glucose transporter of *Neurospora crassa*. **Fungal Gen Biol**, 41:1104-19.

WHEELER , B. E. J. (1985). The growth of *Crinipellis pernicios*a in living and dead
cocoa tissue. **Symp Ser Br Mycol Soc**, 10: 103-16.

VIII. APÊNDICES

8. Apêndices

8.1 Artigo submetido à revista Biotechniques

Title: An Alternative Way to Prepare cDNA for Glass Slide Printing in Microarrays

Authors:

1. Maricene Sabha – Department of Biochemistry, State University of Campinas
2. Diana Azevedo Queiroz – Department of Biochemistry, State University of Campinas
3. Ana Carolina Deckmann – Department of Biochemistry, State University of Campinas
4. Gonçalo Amarante Guimarães Pereira – Department of Genetics and Evolution

Author to whom readers should direct requests for reprints and corresponding author:

Maricene Sabha, Department of Biochemistry, Institute of Biology, State University of Campinas (UNICAMP), PB 6109, 13083-970, Campinas, SP, Brazil

Phone: 0055 19 37886238 / Fax: 0055 19 37886235

E-mail: mcene@uol.com.br

Keywords for indexing purposes: proteinase K; cDNA; glass slide printing; microarray.

Microarray is a powerful screening tool for studies of gene expression, mutations and polymorphisms (1-3). The technique consists of spotting DNA onto glass slides or membranes surfaces, direct or indirect total labeling or mRNA reverse transcription labeling, target - probe hybridization, data collection and analysis using a scanner and specific software.

Slides are printed with a minimum amount of cDNA or genomic DNA from purified PCR products diluted in 50% dimethyl sulfoxide (DMSO) or 3X SSC (4). The quality of the DNA utilized to print the slides is one of the main factors responsible for problems with microarrays. Some protocols include an additional purification step after PCR (4) that utilizes purification filter plates, which increase the cost of the arrays and are time consuming. In contrast, other protocols use PCR products directly without further purification (5).

We have prepared, printed (Flexys, Genomic Solutions, USA) and post-processed poly-l-lysine coated slides according to protocols developed at the DeRisi laboratory (<http://www.microarrays.org/protocols.html>). Spotted PCR products were derived from a Rat Heart 5' Stretch Plus cDNA library (Clontech, USA); fragments were cloned in phage lambda gtl1 and inserts were isolated, through transfection in a mutant *E. coli* (Y1090r strain) and plating in LB and MgSO₄, according to the manufacturer. Lysis plates represent transfected cells.

To produce lysis plates, bacteria cells to be infected were grown in LB and ampicillin, overnight, at 37°C and stored at 4°C. Cells to be harvested were taken from these plates and cultivated overnight, at 37°C, in liquid media containing LB plus 10mM MgSO₄ and 0.2% maltose. Assay tubes containing 100 µL dilution buffer (1M NaCl, 0.1M MgSO₄, 1M Tris-HCl pH 7.5), 200 µL bacteria culture (OD=2), 10 µL diluted lysed phage (1:250,000 in dilution buffer) were prepared and incubated at 37°C for 15 minutes to allow infection.

Following incubation, 3 mL of top agarose (LB, 10mM MgSO₄, 7.2 g/L agarose) was added at 45°C. The mixture was poured over Petri plates containing LB, 10mM MgSO₄, 15 g/L agarose and incubated overnight at 37°C, from where infected plaques could be easily detected and isolated. Infected plaques were first incubated at 55°C for 15 min (proteinase K incubation step) and then at 80°C for 15 min (enzyme inactivation), in eppendorf tubes containing a 50 µL solution (1M Tris, 0.5M EDTA, 50 µg/mL proteinase K). After centrifugation, the upper supernatant containing the isolated lambda DNA was stored at – 20°C and 1,152 sequenced fragments of interest were selected, to be used for PCR amplification. PCRs were performed in 96 deep well plates with a total volume of 15 µL/reaction. The reaction mixture was comprised of 860 µL milli-Q water, 150 µL 10X PCR Buffer (Invitrogen, USA), 50 µL (50 mM) MgCl₂, 150 µL (1.25 mM) dNTPs, 35 µL (15 pmol/µL) primer F (5' GAC TCC TGG AGC CCG 3'), 35 µL (15 pmol/µL) primer R (3' CGC GGC CAG TGG 5') and 20 µL Taq (5U/µL; Invitrogen, USA). Thirteen µL of this mixture was aliquoted into each well with 2 µL DNA. The amplification was done with a GeneAmp thermocycler (Applied Biosystems, USA) with an initial denaturing temperature of 94°C for 3 min, succeeded by a 40 cycle program (denaturation: 94°C for 30 sec; annealing: 57°C for 45 sec; extension: 72°C for 30 secs) ending at 4°C, which resulted in amplified fragments around 700 bp in size. Three µL from each PCR were transferred to a 384 well plate, diluted in 3 µL of 3XSSC, arrayed onto the slides (mentioned above) with a Flexys robot (Genomic Solutions, USA), hybridized overnight with directly labeled probes (Liang M et al., 2002) (Cy-3=control sample: no coarctation; Cy-5=test sample: aorta coarctation) derived from rat heart tissue total RNA extraction and scanned (GeneTAC 2000, Genomic Solutions, USA) to show differential gene expression in rats.

Simultaneously, a 96 well plate containing cDNA inserts (500 to 1000 bp) cloned in pUC18, originally from The Human Cancer Genome Project library (HCGP-<http://www.compbio.ludwig.org.br/ORESTES>), was amplified straight from colony cultures. PCRs were performed as previously explained, using universal M13 F and R primers (with annealing at 52°C for 1 min and extension at 72°C for 2 min). We spotted, post processed and hybridized slides against labeled cDNA probes (Cy-3=control sample: normal cell culture tissue; Cy-5=test sample: Daudi, lymphoid B leukemia cells from a patient with Burkitt lymphoma. Scanning of the slides revealed that the PCR products had been washed away, indicating the presence of artifacts in the samples, strongly suggesting that these fragments should be purified before printing. The next attempt to the printed the slides utilized PCR fragments from plasmids obtained after DNA micro preparation, which should contain less debris than the previous colony cultures PCR method. However, printed arrays containing these fragments, once more, showed no image after hybridized with labeled probes, indicating that the products were also washed away.

An additional attempt, using proteinase K following DNA micro preparation, resulted in purified DNA that could be crosslinked to glass slides. Briefly, the colonies culture were grown in a 96 well plate (LB, 50 mg/mL ampicillin) overnight, at 37°C, 300 rpm. Plasmid extraction through DNA micro preparation was as follows: inoculated plate were centrifuged at 4000 rpm, for 8 min, RT, supernatant discarded and plate inverted over a paper towel; pelleted cells were resuspended in 80 µL solution I (20% glucose, EDTA 0.5M pH 8.0, 1M Tris HCl pH 7.4) and the plate was covered and vortexed for 2 min. Sixty µL of each sample were transferred to a new 96 well plate containing 3 µL (10 mg/mL) RnaseA / well. Afterwards 60 µL of solution II (NaOH 0.2M; SDS 1%) were added, mixed and after 5 min,

60 μ L of solution III (3M KAc pH 5.2) were added. Plates were incubated at 90°C for 30 min, placed on ice for 7 min and centrifuged at 4000 rpm, 20°C for 10 min. One hundred and ten μ L of each sample were transferred to a new plate and 75 μ L isopropanol were added to each sample. Plates were sealed and inverted 20 times and centrifuged at 4000 rpm at 20°C for 45 min. The supernatant was discarded and plates were inverted over a paper towel. The DNA pellet was washed with 200 μ L 70% EtOH and centrifuged at 4000 rpm, 20°C for 10 min. Pelleted DNA were resuspended in 60 μ L milli-Q H₂O and stored at -20°C. The extracted plasmid DNAs were diluted 1:50 in a proteinase K buffer solution (10mM Tris, 1mM EDTA, 50 μ g/ml proteinase K), incubated at 55°C for 15 min, at 80°C for 15 min and stored at -20°C prior to insert amplification. PCR thermocycling was performed as previously mentioned (Figure 1). PCR fragments were printed, slides were post processed and subsequently hybridized with labeled probes and showed differential gene expression. Subsequently, we treated, spotted and hybridized 1,152 fragments from the same library, following the above protocol, achieving a positive outcome (Figures 2A, 2B and 2C).

Considering PCR products from both libraries had approximate the same concentration (Ultrospec 2000, PharmaciaBiotech, USA), we conclude that proteinase K can be used to clean the DNA, since it degrades native proteins, thus improving DNA quality and its ability to bind to glass slides. Although it is not very clear, the enhanced binding could be due to the digestion of protein complexes associated with the extracted DNA.

Acknowledgements:

We thank Dr. Lyndel Meinhardt for reviewing this manuscript and CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) for the financial support.

References:

1. Heller, R.A., M. Schena, A. Chai, D. Shalon, T. Bedilion, J. Gilmore, D.E. Woolley, and R.W. Davis. 1997. Discovery and analysis of inflammatory disease-related genes using cDNA microarrays. *Proc Natl Acad Sci* 94:2150–2155.
2. Hacia, J.G., L.C. Brody, M.S. Chee, S.P.A. Fodor and F.S. Collins. 1996. Detection of heterozygous mutations in BRCA1 using high density oligonucleotide arrays and two-colour fluorescence analysis. *Nat Genet* 14:441-447.
3. Chee, M., R. Yang, E. Hubbell, A. Berno, X.C. Huang, D. Stern, J. Winkler, D.J. Lockhart, M.S. Morris and S.P.A. Fodor. 1996. Accessing Genetic Information with High-Density DNA Arrays. *Science* 274:610-614.
4. Hedge, P., R. Qi, K. Abernathy, C. Gay, S. Dharap, R. Gaspard, J. Earle-Hughes, E. Snesrud, N. Lee, and J. Quackenbush. 2000. A Concise Guide to cDNA Microarray Analysis. *BioTechniques* 29:548-562.
5. Liang, M., B. Yuan, E. Rute, A.S. Greene, A.P. Zou, P. Soares, G.D. MCQuestion, G.R. Slocum, H.J. Jacob and A.W.Jr. Cowley. 2002. Renal medullary genes in salt-sensitive hypertension: a chromosomal substitution and cDNA microarray study. *Physiol Genomics* 8:139-49.

Figure Legends:

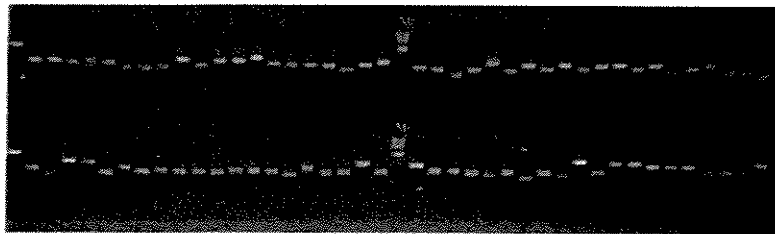


Figure 1: clones from the HCGP library amplified with M13 primer F (5'-AGCGGATAACAATTTTCACACAGG-3') and R (3'-CCCAGTCACGACGTTGTAAAACG-5'), after proteinase K treatment. Wells n°1 and n°21 are pGEM-T (Promega, USA) and lambda phage (Fermentas, USA) markers respectively.

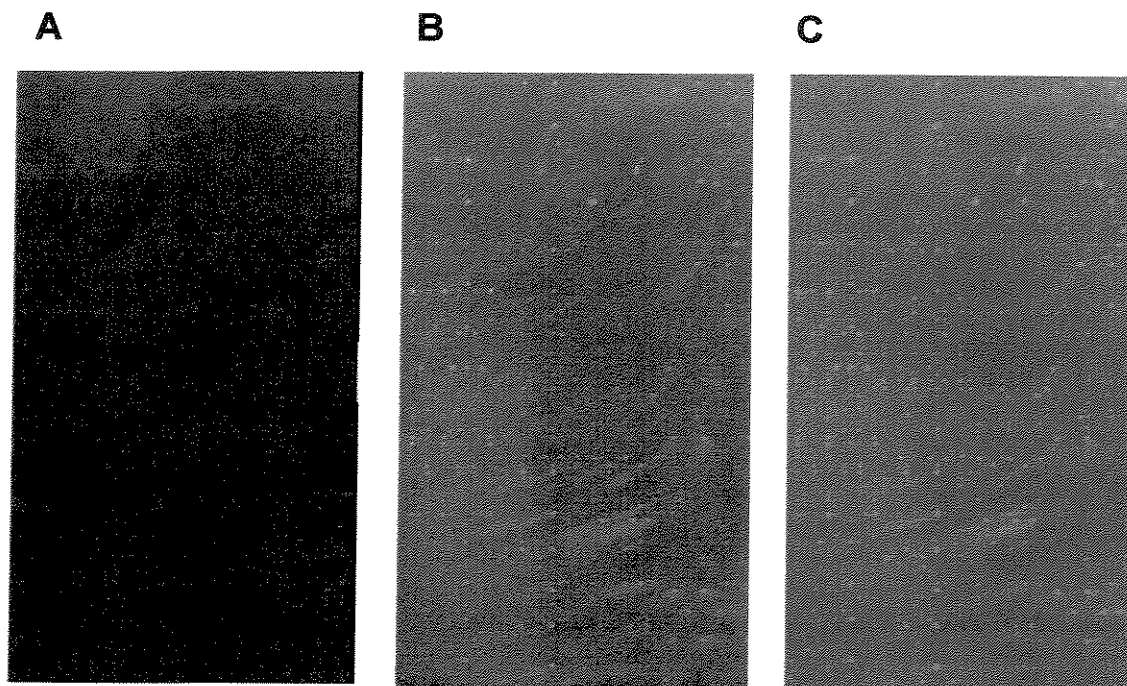


Figure 2(B): Composite image; array used for screening, carrying 1,152 clones disposed in triplicates. Cy-3=control sample: normal tissue; Cy-5=test sample: Daudi, B leukemia cells from Burkitt lymphoma. Fig. 2(A) and 2(C) indicate images scanned in Cy-3 and Cy-5 channels respectively.

8.2 Apêndices IA e IB: Mapa usado para transposição dos clones purificados, de placas de 96 poços para placas de 384 poços

Apêndice IA

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	1A1	1A3	1A5	1A7	1A9	1A11	2A1	2A3	2A5	2A7	2A9	2A11
B	1A2	1A4	1A6	1A8	1A10	1A12	2A2	2A4	2A6	2A1	2A4	2A6
C	1B1	1B3	1B5	1B7	1B9	1B11	2B1	2B3	2B5	2B7	2B9	2B11
D	1B2	1B4	1B6	1B8	1B10	1B12	2B2	2B4	2B6	2B8	2B10	2B12
E	1C1	1C3	1C5	1C7	1C9	1C11	2C1	2C3	2C5	2C7	2C9	2C11
F	1C2	1C4	1C6	1C8	1C10	1C12	2C2	2C4	2C6	2C8	2C10	2C12
G	1D1	1D3	1D5	1D7	1D9	1D11	2D1	2D3	2D5	2D7	2D9	2D11
H	1D2	1D4	1D6	1D8	1D10	1D12	2D2	2D4	2D6	2D8	2D10	2D12
I	1E1	1E3	1E5	1E7	1E9	1E11	2E1	2E3	2E5	2E7	2E9	2E11
J	1E2	1E4	1E6	1E8	1E10	1E12	2E2	2E4	2E6	2E8	2E10	2E12
K	1F1	1F3	1F5	1F7	1F9	1F11	2F1	2F3	2F5	2F7	2F9	2F11
L	1F2	1F4	1F6	1F8	1F10	1F12	2F2	2F4	2F6	2F8	2F10	2F12
M	1G1	1G3	1G5	1G7	1G9	1G11	2G1	2G3	2G5	2G7	2G9	2G11
N	1G2	1G4	1G6	1G8	1G10	1G12	2G2	2G4	2G6	2G8	2G10	2G12
O	1H1	1H3	1H5	1H7	1H9	1H11	2H1	2H3	2H5	2H7	2H9	2H11
P	1H2	1H4	1H6	1H8	1H10	1H12	2H2	2H4	2H6	2H8	2H10	2H12

Apêndice IB

	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
A	3A1	3A3	3A5	3A7	3A9	3A11	4A1	4A3	4A5	4A7	4A9	4A11
B	3A2	3A4	3A6	3A8	3A10	3A12	4A2	4A4	4A6	4A1	4A4	4A6
C	3B1	3B3	3B5	3B7	3B9	3B11	4B1	4B3	4B5	4B7	4B9	4B11
D	3B2	3B4	3B6	3B8	3B10	3B12	4B2	4B4	4B6	4B8	4B10	4B12
E	3C1	3C3	3C5	3C7	3C9	3C11	4C1	4C3	4C5	4C7	4C9	4C11
F	3C2	3C4	3C6	3C8	3C10	3C12	4C2	4C4	4C6	4C8	4C10	4C12
G	3D1	3D3	3D5	3D7	3D9	3D11	4D1	4D3	4D5	4D7	4D9	4D11
H	3D2	3D4	3D6	3D8	3D10	3D12	4D2	4D4	4D6	4D8	4D10	4D12
I	3E1	3E3	3E5	3E7	3E9	3E11	4E1	4E3	4E5	4E7	4E9	4E11
J	3E2	3E4	3E6	3E8	3E10	3E12	4E2	4E4	4E6	4E8	4E10	4E12
K	3F1	3F3	3F5	3F7	3F9	3F11	4F1	4F3	4F5	4F7	4F9	4F11
L	3F2	3F4	3F6	3F8	3F10	3F12	4F2	4F4	4F6	4F8	4F10	4F12
M	3G1	3G3	3G5	3G7	3G9	3G11	4G1	4G3	4G5	4G7	4G9	4G11
N	3G2	3G4	3G6	3G8	3G10	3G12	4G2	4G4	4G6	4G8	4G10	4G12
O	3H1	3H3	3H5	3H7	3H9	3H11	4H1	4H3	4H5	4H7	4H9	4H11
P	3H2	3H4	3H6	3H8	3H10	3H12	4H2	4H4	4H6	4H8	4H10	4H12

8.3 Informações sobre as seqüências impressas nas lâminas

Clone	Anotação
CP02-S3-000-108-UC.F	g 17489812 pir T02955 probable cytochrome P450 monooxygenase - maize
CP02-S3-000-109-UC.G	g 19114603 ref NP_593691.1 (NC_003424) arg11 protein precursor [S. pombe]
CP02-S2-000-102-UE.R	g 11968051 ref NP_071938.1 (NM_022493) hypothetical protein FLJ21988 [Homo sapiens]
CP02-S2-000-103-UE.F	g 6324421 ref NP_014490.1 induced by osmotic stress; similar to dihydroflavonol 4-reductase from plants; Gr2p [S.cerevisiae]
CP02-S2-000-104-CL.H	g 13621068 gb AAK33073.1 AF359360_5 (AF359360) cytochrome P450 [Fusarium sporotrichioides]
CP02-S2-000-104-UE.F	g 17489212 pir T02995 unspecific monooxygenase (EC 1.14.14.1) - common tobacco
CP02-S2-000-104-UE.R	g 2258125 emb CAB06078.1 (Z83828) AmMst-1 [Amanita muscaria]
CP02-S2-000-104-UE.R	g 17293017 gb AAF48404.1 (AE003497) CG12398 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-113-UE.R	g 17490629 pir T38489 helicase - fission yeast (Schizosaccharomyces pombe)
CP02-S2-000-113-UE.R	g 1169511 sp P46074 ELM1_ASPFU Extracellular elastolytic metalloproteinase precursor
CP02-S2-000-113-UE.R	g 17522604 pir T18348 probable pol polyprotein, truncated - rice blast fungus magnaporthe gypsy retrotransposon
CP02-S2-000-113-UE.R	g 13540823 gb AAK29467.1 (AF279585) polyprotein-like [Lycopodium chilense]
CP02-S2-000-114-CL.F	g 13721844 dbj BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinosia cinerea]
CP02-S2-000-114-CL.G	g 14290149 gb AAK59276.1 AF378572_1 (AF378572) thaumatin-like protein [Sambucus nigra]
CP02-S2-000-124-UE.F	g 15645108 ref NP_207278.1 (NC_000915) GTP-binding protein, fusa-homolog (yHk) [Helicobacter pylori 26695]
CP02-S2-000-125-UE.F	g 17508743 ref NP_490866.1 (NM_058465) Y92H12A.1.p [Caenorhabditis elegans]
CP02-S2-000-125-UE.F	g 5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-125-UE.F	g 18202359 sp P78603 SC17_COPCI Vesicular-fusion protein SEC17
CP02-S2-000-125-UE.F	g 1666269 emb CAB04786.1 (Z82021) cytochrome P450 [Agaricus bisporus]
CP02-S2-000-125-UE.F	g 18099155 dbj BAA98250.1 (AB027617) UDP-glucose pyrophosphorylase [Pyru. pyriformis]
CP02-S3-000-108-UC.F	g 12506447 sp P41764 G6PD_EMENI GLUCOSE-6-PHOSPHATE 1-DEHYDROGENASE (G6PD)
CP02-S3-000-109-UC.G	g 17232099 ref NP_488647.1 (NC_003272) glycine cleavage system protein P [Nostoc sp. PCC 7120]
CP02-S2-000-103-UE.R	g 18544145 ref XP_034413.3 (XM_034413) KIAA0993 protein [Homo sapiens]
CP02-S2-000-103-UE.F	g 19112692 ref NP_595900.1 (NC_003423) pyruvate carboxylase (EC 6.4.1.1) [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-104-CL.H	g 6322549 ref NP_012623.1 (NC_001142) F box protein with several leucine rich repeats; Grr1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-104-UE.F	g 2258125 emb CAB06078.1 (Z83828) AmMst-1 [Amanita muscaria]
CP02-S2-000-104-UE.R	g 18134608 sp O94123 PGK_AGABI PHOSPHOGLYCERATE KINASE
CP02-S2-000-104-UE.F	g 16119382 ref NP_396088.1 (NC_003064) AGR_PAT_214p [Agrobacterium tumefaciens str. C58 (Cereon)]

CP02-S2-000-113-UE.R	gii7293827 [gb]AAAF49193.1 (AE003518) CG14080 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-113-UE.F	gii3914244 [sp]P79084[ORDA_ASPFL O-METHYLSTERIGMATOCYSTIN OXIDOREDUCTASE (OMST OXIDOREDUCTASE)]
CP02-S2-000-113-UE.F	gii3721844 [dbj]BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinospis cinerea]
CP02-S2-000-114-CL.G	gii3721844 [dbj]BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinospis cinerea]
CP02-S2-000-114-CL.F	gii14290149 [gb]AAK59276.1[AF378572] thaumatin-like protein [Sambucus nigra]
CP02-S2-000-114-CL.F	gii16080937 [ref]NP_391765.1 (NC_000964) UDP-glucose 4-epimerase [Bacillus subtilis]
CP02-S2-000-125-EM.R	gii15278113 [gb]AAK94040.1[AF401238_1 (AF401238) cystathionine gamma-lyase [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-125-UE.R	gii1706176 [sp]P52958[CT1A_FUSSO CUTINASE TRANSCRIPTION FACTOR 1 ALPHA]
CP02-S2-000-125-UE.F	gii5002510 [dbj]BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-125-UE.R	gii7595968 [gb]AAAF64520.1 (AF253056) N-acetylglucosamine-phosphate mutase [Candida albicans]
CP02-S2-000-125-UE.F	gii1172163 [gb]AAC49828.1 (U44430) laccase I [Trametes versicolor]
CP02-S2-000-125-UE.R	gii23821545 [sp]Q8WZ18[FAEB_ASPNG Feruloyl esterase B precursor (Ferulic acid esterase B)]
CP02-S3-000-109-UC.G	gii2462911 [emb]CAB06081.1 (Z83832) UDP-glucose:sterol glucosyltransferase [Avena sativa]
CP02-S3-000-109-UC.G	gii7301366 [gb]AAF56493.1 (AE003753) CG4743 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S3-000-112-UC.G	gii18250473 [emb]CAC85300.1 (AJ312129) cytochrome P450 [Agaricus bisporus]
CP02-S3-000-113-UC.F	gii18411901 [ref]NP_565176.1 (NM_106479) 14-3-3 protein GF14omega (grf2) [Arabidopsis thaliana]
CP02-S3-000-113-UC.F	gii5834379 [gb]AAD53944.1[AF179598_1 (AF179598) 25 kDa protein elicitor [Pythium aphanidermatum]
CP02-S3-000-113-UC.G	gii12698672 [gb]AAK01636.1[AF320326_1 (AF320326) necrosis-inducing peptide [Phytophthora sojae]
CP02-S2-000-104-UE.F	gii11212126 [emb]CAC14792.1 (AJ249812) histone H3 [Monticola alpina]
CP02-S2-000-104-UE.R	gii9909922[emb]CAC04501.1 (AL391588) putative secreted hydrolase [Streptomyces coelicolor A3(2)]
CP02-S2-000-105-EM.S	gii19114333 [ref]NP_593421.1 (NC_003424) putative phosphomevalonate kinase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-105-EM.S	gii11356525 [pir]T44807 mycosubtilin synthetase chain mycB [imported] - Bacillus subtilis
CP02-S2-000-105-UE.R	gii5545331 [dbj]BAA82526.1 (AB030037) fatty acid omega-hydroxylase (P450foxy) [Fusarium oxysporum]
CP02-S2-000-105-UE.F	gii11595598 [emb]CAC18218.1 (AL451017) probable TRANSKETOLASE [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-114-CL.G	gii16080937 [ref]NP_391765.1 (NC_000964) UDP-glucose 4-epimerase [Bacillus subtilis]
CP02-S2-000-114-EM.R	gii14582743 [gb]AAK69617.1[AF329471_1 (AF329471) C-3 sterol dehydrogenase/C-4 decarboxylase [Candida albicans]
CP02-S2-000-114-EM.R	gii1666269 [emb]CAB04786.1 (Z82021) cytochrome P450 [Agaricus bisporus]
CP02-S2-000-114-UE.F	gii28975427 [gb]AAO64247.1 unknown [Fusarium sporotrichioides]
CP02-S2-000-114-UE.F	gii2688966 [gb]AAB88887.1 (AF027979) camitine acetyl transferase [Magnaporthe grisea]
CP02-S2-000-115-CL.G	gii5453842 [ref]NP_006182.1 (NM_006191) proliferation-associated 2G4, 38kD [Homo sapiens]
CP02-S2-000-125-UE.F	gii23821545 [sp]Q8WZ18[FAEB_ASPNG Feruloyl esterase B precursor (Ferulic acid esterase B)]
CP02-S2-000-126-CL.F	gii13508934 [emb]CAC35202.1 (AJ276119) endochitinase [Amanita muscaria]

CP02-S2-000-126-CL.F	gii19115794 ref NP_594882.1 (NC_003424) leucyl-tRNA synthetase, cytoplasmic [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-126-CL.G	lgi AAK94940.1 AF405243_1 (AF405243) flavin-containing monooxygenase FMO-1 [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-126-CL.G	gii3318899 pdb 1FOH C Chain C, Phenol Hydroxylase From Trichosporon Cutaneum
CP02-S2-000-126-CL.G	gii18376380 emb CAD21207.1 (AL670001) probable pentafunctional arom polypeptide [Neurospora crassa]
CP02-S3-000-109-UC.F	gii15487658 gbi AAD00894.3 (AF001285) CHIP6 [Glomerella cingulata]
CP02-S3-000-112-UC.G	gii12718277 emb CAC28839.1 (AL513467) conserved hypothetical protein [Neurospora crassa]
CP02-S3-000-113-UC.F	gii14278967 dbj BAB59027.1 (AB057426) cytochrome P450 [Corioli versicolor]
CP02-S3-000-113-UC.F	gii1556465 gbi AA50353.1 (L35237) metal resistance protein [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S3-000-113-UC.F	gii13851524 gbi AAC72747.1 (AF064069) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus eryngii]
CP02-S3-000-116-UC.F	gii17064982 gbi AAL32645.1 (AY062567) isovaleryl-CoA-dehydrogenase precursor (IVD)
CP02-S2-000-104-UE.F	gii16448726 emb CAB61285.1 (AL132991) putative lysozyme precursor [Streptomyces coelicolor A3(2)]
CP02-S2-000-105-EM.R	gii19114333 ref NP_593421.1 (NC_003424) putative phosphomevalonate kinase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-105-EM.R	gii11356525 pir 1744807 mycosubtilin synthetase chain mycB [imported] - Bacillus subtilis
CP02-S2-000-105-UE.R	gii16324347 ref NP_014417.1 (NC_001146) Hypothetical ORF: Ynr020cp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-105-UE.F	gii1729996 sp P54006 TOXD_COCCA TOXD Protein
CP02-S2-000-105-UE.R	gii19113324 ref NP_596442.1 (NC_003423) putative deoxycytidylate deaminase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-114-EM.S	gii14582743 gbi AAK69617.1 AF329471_1 (AF329471) C-3 sterol dehydrogenase/C-4 decarboxylase [Candida albicans]
CP02-S2-000-114-EM.S	gii1666269 emb CAB04786.1 (Z82021) cytochrome P450 [Agaricus bisporus]
CP02-S2-000-114-UE.F	gii18545764 ref XP_060237.2 (XM_060237) hypothetical protein XP_060237 [Homo sapiens]
CP02-S2-000-114-UE.F	gii18858733 ref NP_571286.1 (NM_131211) GATA-binding protein 3 [Danio rerio]
CP02-S2-000-114-UE.F	gii15002509 dbj BAA78624.1 (AB028236) Gag [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-115-CL.H	gii15453842 ref NP_006182.1 (NM_006191) proliferation-associated 2G4, 38kD [Homo sapiens]
CP02-S2-000-126-CL.G	gii13508934 emb CAC35202.1 (AJ276119) endochitinase [Amanita muscaria]
CP02-S2-000-126-CL.G	gii19115794 ref NP_594882.1 (NC_003424) leucyl-tRNA synthetase, cytoplasmic [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-126-CL.F	gii15290740 gbi AAK94940.1 AF405243_1 (AF405243) flavin-containing monooxygenase FMO-1 [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-126-CL.F	gii13318899 pdb 1FOH C Chain C, Phenol Hydroxylase From Trichosporon Cutaneum
CP02-S2-000-126-CL.F	gii18376380 emb CAD21207.1 (AL670001) probable PENTAFUNCTIONAL AROM POLYPEPTIDE [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-126-EM.R	gii15725417 emb CAB52419.1 (AJ132791) putative septin [Pyrenopeziza brassicae]
CP02-S2-000-039-UC.F	gii18146858 dbj BAB83133.1 (AB035411) laccase 2' [Lentinula edodes]
CP02-S2-000-039-UC.F	gii14210840 gbi AAK57187.1 AF319998_6 (AF319998) MxaC [Stigmatella aurantiaca]
CP02-S2-000-039-UC.F	gii13058047 sp O93967 PALY_AMAMU Phenylalanine ammonia-lyase
CP02-S2-000-039-UC.F	gii19075640 ref NP_588140.1 (NC_003421) protein kinase bub1p [Schizosaccharomyces pombe]

CP02-S2-000-049-UC.F	gii18461104 dbj BAB84355.1 (AB055158) laccase [Lentinula edodes]
CP02-S2-000-053-UC.F	gii19114671 ref NP_593759.1 (NC_003424) probable aminotransferase (EC 2.6.1.-) [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-106-UE.F	gii13092403 emb CAC29483.1 (AL583907) possible fumarate reductase flavoprotein subunit [Leishmania major]
CP02-S2-000-106-UE.F	gii28917148 gbl EAA26865.1 hypothetical protein [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-106-UE.R	gii7522604 pir T18348 probable pol polyprotein, truncated - rice blast fungus magnaporthe gypsy retrotransposon
CP02-S2-000-106-UE.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-106-UE.R	gii12044304 gbl AAG47792.1 AF311738_8 (AF311738) BioF [Mesorhizobium loti]
CP02-S2-000-107-CL.G	gii17231328 ref NP_487876.1 (NC_003272) glucose 1-dehydrogenase [Nostoc sp. PCC 7120]
CP02-S2-000-115-CL.G	gii6319675 ref NP_009757.1 component required for activated transcription by RNA polymerase II [S. cerevisiae]
CP02-S2-000-115-UE.F	gii18545764 ref XP_060237.2 (XM_060237) hypothetical protein XP_060237 [Homo sapiens]
CP02-S2-000-115-UE.F	gii1706177 sp P52959 CT1B_FUSSO CUTINASE TRANSCRIPTION FACTOR 1 BETA
CP02-S2-000-115-UE.F	gii3914244 sp P79084 ORDA_ASPFL O-METHYLSTERIGMATOCYSTIN OXIDOREDUCTASE
CP02-S2-000-115-UE.R	gii14278967 dbj BAB59027.1 (AB057426) cytochrome P450 [Coriaria versicolor]
CP02-S2-000-115-UE.F	gii5002509 dbj BAA78624.1 (AB028236) Gag [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-126-EM.R	ref NP_572742.1 (NM_132514) CG1837 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-127-CL.F	gii13277362 ref NP_077762.1 (NM_024442) RIKEN cDNA 231002J05 [Mus musculus]
CP02-S2-000-127-CL.F	gii4322642 gbl AAD16106.1 (AF0933246) NAD(P)H-dependent 2-cyclohexen-1-one reductase Ncr [Pseudomonas syringae pv. glycinea]
CP02-S2-000-127-CL.F	gii4580612 gbl AAD24437.1 (AF116583) cytochrome oxidase subunit I [Sergentia nebulosa]
CP02-S2-000-127-UE.F	gii908228 gbl AAF82788.1 AF275346_1 (AF275346) alcohol oxidase, AOX1 [Cladosporium fulvum]
CP02-S2-000-127-UE.F	gii11557981 emb CAC17748.1 (AJ242990) trehalose-6-phosphate phosphatase [Candida albicans]
CP02-S2-000-039-UC.F	gii18400528 ref NP_565568.1 (NM_127998) putative protein kinase [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-039-UC.F	gii4082844 dbj BAA36160.1 (AB009410) beta-glucosidase [Bacillus sp.]
CP02-S2-000-042-UC.F	gii2833233 sp Q12729 LAC1_PLEOS LACCASE 1 PRECURSOR
CP02-S3-000-118-UC.G	gii8919410 emb CAB96110.1 (AJ251942) putative chitin synthase enzyme [Agaricus bisporus]
CP02-S2-000-053-UC.F	gii3122969 sp Q63678 TSGA_RAT TESTIS SPECIFIC PROTEIN A (ZINC FINGER PROTEIN TSGA)
CP02-S2-000-053-UC.F	gii3320413 gbl AAC26490.1 (AF036873) cellulose-binding beta-glucosidase [Phanerochaete chrysosporium]
CP02-S2-000-106-UE.R	gii6321679 ref NP_011756.1 (NC_001139) phosphofructokinase alpha subunit, Pfk1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-106-UE.R	gii7294469 gbl AAF49813.1 (AE003537) CG10133 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-106-UE.F	gii7522604 pir T18348 probable pol polyprotein, truncated - rice blast fungus magnaporthe gypsy retrotransposon
CP02-S2-000-106-UE.R	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-106-UE.R	gii6321679 ref NP_011756.1 (NC_001139) phosphofructokinase alpha subunit, Pfk1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-107-CL.H	gii17231328 ref NP_487876.1 (NC_003272) glucose 1-dehydrogenase [Nostoc sp. PCC 7120]

CP02-S2-000-115-CL.H	gij16319675 ref NP_009757.1 TAF(I) component required for activated transcription by RNA polymerase II; [S.cerevisiae]
CP02-S2-000-115-UE.R	gij17294109 gb AAAF49463.1 (AE003627) CG4573 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-115-UE.R	gij1666269 emb CAB04786.1 (Z82021) cytochrome P450 [Agaricus bisporus]
CP02-S2-000-115-UE.F	gij12688966 gb AAB88887.1 (AF027979) carnitine acetyl transferase [Magnaporthe grisea]
CP02-S2-000-115-UE.R	gij15002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-115-UE.F	gij12688966 gb AAB88887.1 (AF027979) carnitine acetyl transferase [Magnaporthe grisea]
CP02-S2-000-126-UE.F	gij117232099 ref NP_488647.1 (NC_003272) glycine cleavage system protein P [Nostoc sp. PCC 7120]
CP02-S2-000-127-CL.G	gij13277362 ref NP_077762.1 (NM_024442) RIKEN cDNA 2310021J05 [Mus musculus]
CP02-S2-000-127-CL.G	gij14322642 gb AAD16106.1 (AF093246) NAD(P)H-dependent 2-cyclohexen-1-one reductase Ncr [Pseudomonas syringae pv. glycinea]
CP02-S2-000-127-UE.F	gij13851524 gb AAC72747.1 (AF064069) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus eryngii]
CP02-S2-000-127-UE.G	gij19082281 gb AAF82788.1 AF275346_1 (AF275346) alcohol oxidase; AOX1 [Cladosporium fulvum]
CP02-S2-000-127-UE.G	gij11557981 emb CAC17748.1 (AJ242990) trehalose-6-phosphate phosphatase [Candida albicans]
CP02-S2-000-065-UC.F	gij16945432 emb CAB91690.2 (AL356172) related to GLUCAN 1, 3-BETA-GLUCOSIDASE PRECURSOR protein [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-065-UC.F	gij13774093 gb AAK38156.1 (AY029595) putative beta-glucan synthesis-associated protein [Schizophyllum commune]
CP02-S2-000-065-UC.F	gij13913802 sp Q00328 GUX1_Cocca Exoglucanase I Precursor (Exocellobiohydrolase I)
CP02-S2-000-065-UC.F	gij17007323 emb CAB72302.2 (AL138973) serine hydroxymethyltransferase [Leishmania major]
CP02-S2-000-066-UC.F	gij11359280 pir T37601 probable transcription factor - fission yeast (Schizosaccharomyces pombe) (fragment)
CP02-S2-000-068-UC.F	gij12836455 dbj BAB233663.1 data source:SPTR, source key:Q9NX48,evidence:ISS~homolog to cDNA clone [Mus musculus]
CP02-S2-000-107-UE.R	gij14318327 gb AAK59981.1 AF385328_1 UDP-glucuronic acid decarboxylase Uxs1p [Filobasidiella neoformans]
CP02-S2-000-107-UE.R	gij15002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-107-UE.F	gij15609078 ref NP_216457.1 (NC_000962) hypothetical protein Rv1941 [Mycobacterium tuberculosis H37Rv]
CP02-S2-000-107-UE.R	gij18409647 ref NP_564994.1 (NM_105734) E2, ubiquitin-conjugating enzyme, putative [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-108-CL.G	gij12494341 sp Q00023 CEL1_AGABI Cellulose-growth-specific protein precursor
CP02-S2-000-108-CL.F	gij16755104 ref NP_035251.1 (NM_011121) polo-like kinase homolog, (Drosophila) [Mus musculus]
CP02-S2-000-115-UE.F	gij15965342 ref NP_385695.1 (NC_003047) Hypothetical transmembrane protein [Sinorhizobium meliloti]
CP02-S2-000-116-CL.G	gij19113549 ref NP_596757.1 (NC_003423) phosphoribosylanthranilate transferase [S. pombe]
CP02-S2-000-117-CL.F	gij16165646 gb AAF04628.1 AF099904_1 (AF099904) neutral protease I [Aspergillus oryzae]
CP02-S2-000-117-CL.F	gij12292723 sp Q9ULD4 BRF3_HUMAN Bromodomain and PHD finger-containing protein 3
CP02-S2-000-117-UE.F	gij19111978 ref NP_595186.1 (NC_003423) mating-type locus and centromeric silencing protein Ctr4p [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-118-CL.G	gij13334282 sp O42773 P2B1_Cryne serine/threonine protein phosphate 2B catalytic subunit A1
CP02-S2-000-127-UE.G	gij16624954 emb CAB63909.1 (AJ251923) metalloprotease MIEP1 [Metarhizium anisopliae var. anisopliae]
CP02-S2-000-127-UE.G	gij1224534 pir T1107279B ORF g [Drosophila sp.]

CP02-S2-000-127-UE.F	gll14318541 ref NP_116674.1 (NC_001138) May regulate vacuole homeostasis [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-128-CL.G	gll3721844 dbj BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinopsis cinerea]
CP02-S2-000-128-CL.G	gll6016066 sp Q99078 FUZ7_USTMA Dual specificity protein kinase [Ustilago maydis]
CP02-S2-000-128-CL.G	gll7489812 pir T02955 probable cytochrome P450 monooxygenase - maize (fragment)
CP02-S2-000-065-UC.F	gll11346276 pir T43261 multidrug resistance protein 1 - fungus (Filobasidium floriforme)
CP02-S2-000-065-UC.F	gll11249676 pir T51214 related to trichoderma oxygenase cytochrome P450 [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-000-065-UC.F	gll16944678 emb CAB99378.2 (AL390354) conserved hypothetical protein [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-065-UC.F	gll7413517 emb CAB85700.1 (AJ271707) cytochrome P450 [Agaricus bisporus]
CP02-S2-000-066-UC.F	gll9454567 gb AAF87890.1 AC012561_23 (AC012561) Similar tp transcription factors [Arabidopsis thaliana]
CP02-S3-000-118-UC.G	gll15598135 ref NP_251629.1 (NC_002516) probable aminopeptidase [Pseudomonas aeruginosa]
CP02-S2-000-107-UE.F	gll14318327 gb AAK59981.1 AF385328_1 (AF385328) UDP-glucuronic acid decarboxylase Uxs1p [Filobasidiella neoformans]
CP02-S2-000-107-UE.F	gll6683624 dbj BAA89272.1 (AB025309) Pol [Alternaria alternata]
CP02-S2-000-107-UE.F	gll7493800 pir T14005 phospholipase D (EC 3.1.4.4) - yeast (Candida albicans)
CP02-S2-000-108-CL.F	gll2494341 sp Q00023 CEL1_AGAB Cellulose-growth-specific protein precursor
CP02-S2-000-108-CL.G	gll6755104 ref NP_035251.1 (NM_011121) polo-like kinase homolog, (Drosophila) [Mus musculus]
CP02-S2-000-108-CL.G	gll10946132 gb AAG24792.1 AF264028_2 (AF264028) pol protein [Glomerella cingulata]
CP02-S2-000-116-CL.G	gll19114910 ref NP_593998.1 (NC_003424) putative esterase-lipase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-116-CL.F	gll19113549 ref NP_596757.1 (NC_003423) phosphoribosylanthranilate transferase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-117-CL.F	gll165646 gb AAF04628.1 AF099904_1 (AF099904) neutral protease I [Aspergillus oryzae]
CP02-S2-000-117-UE.F	gll7522604 pir T18348 probable pol polyprotein, truncated - rice blast fungus magnaporthe gypsy retrotransposon
CP02-S2-000-118-CL.F	gll3334282 sp O42773 P2B1_Cryne serine/threonine protein phosphatase 2B catalytic subunit A1
CP02-S2-000-118-CL.G	gll7484421 pir T07965 reverse transcriptase homolog - Volvox carter transposon Lusen
CP02-S2-000-127-UE.F	gll6624954 emb CAB63909.1 (AJ251923) metalloprotease MEP1 [Metarhizium anisopliae var. anisopliae]
CP02-S2-000-127-UE.G	gll3298299 dbj BAA31438.1 (AB010393) ALK6 [Yarrowia lipolytica]
CP02-S2-000-127-UE.G	gll14318541 ref NP_116674.1 (NC_001138) May regulate vacuole homeostasis [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-128-CL.F	gll3721844 dbj BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinopsis cinerea]
CP02-S2-000-128-CL.F	gll6016066 sp Q99078 FUZ7_USTMA Dual specificity protein kinase (Ustilago maydis)
CP02-S2-000-128-CL.F	gll7489812 pir T02955 probable cytochrome P450 monooxygenase - maize (fragment)
CP02-S3-000-118-UC.G	gll19113242 ref NP_596450.1 (NC_003423) similar to yeast SCT1 suppressor of a choline transport mutant [S. pombe]
CP02-S2-000-076-UC.F	gll15644470 ref NP_229522.1 (NC_000853) conserved hypothetical protein [Thermotoga maritima]
CP02-S2-000-076-UC.F	gll15807184 ref NP_295913.1 (NC_001263) NADH-dependent flavin oxidoreductase, putative [Deinococcus radiodurans]
CP02-S2-000-076-UC.F	gll14278967 dbj BAB59027.1 cytochrome P450 [Coriaria versicolor]

CP02-S2-000-077-UC.F	g 16759133 ref NP_454750.1 (NC_003198) putative aldo/keto reductase [Salmonella enterica subsp. enterica serovar Typh]
CP02-S2-000-080-UC.F	g 17024439 db BAA92150.1 (AB038511) ACC deaminase [Penicillium citrinum]
CP02-S2-000-108-CL.F	g 10946132 gb AAAG24792.1 AF264028_2 (AF264028) pol protein [Glomerella cingulata]
CP02-S2-000-108-UE.F	g 2494341 sp Q00023 CEL1_AGABI Cellulose-growth-specific protein precursor
CP02-S2-000-108-UE.R	g 15002510 db BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase)
CP02-S2-000-108-UE.R	g 11346278 pir T43261 multidrug resistance protein 1 - fungus (Filobasidium floriforme)
CP02-S2-000-108-UE.F	g 12698634 gb AAK01619.1 AF314096_2 (AF314096) polymerase [Magnaporthe grisea]
CP02-S2-000-109-UE.F	g 13517100 db BAB40433.1 (AB054534) tyrosine kinase receptor EphA9 [Gallus gallus]
CP02-S2-000-118-CL.F	g 7484442 pir T07965 reverse transcriptase homolog - Volvox carteri transposon Lusen
CP02-S2-000-118-CL.F	g 19112894 ref NP_596102.1 (NC_003423) homology to longevity assurance protein. [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-118-CL.F	g 17489812 pir T02955 probable cytochrome P450 monooxygenase - maize (fragment)
CP02-S2-000-118-UE.F	g 19112574 ref NP_595782.1 protein with similarity to flavin-containing monooxygenases[S.pombe]
CP02-S2-000-119-UE.F	g 15966567 ref NP_386920.1 (NC_003047) Putative proline iminopeptidase protein [Sinorhizobium meliloti]
CP02-S2-000-119-UE.F	g 14042685 db BAB55353.1 (AK027763) unnamed protein product [Homo sapiens]
CP02-S2-000-128-UE.F	g 17137530 ref NP_477348.1 (NM_058000) Sodh-1-P1 [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-128-UE.F	g 19115410 ref NP_594498.1 (NC_003424) putative oxidoreductase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-129-UE.F	g 15042693 gb AAK82416.1 (AF395542) ammonium transporter [Hebeloma cylindrosporum]
CP02-S2-000-129-UE.F	g 5327105 emb CAB46279.1 (AJ243112) putative ABC transporter [Mycosphaerella graminicola]
CP02-S2-000-129-UE.F	g 14278967 db BAB59027.1 (AB057426) cytochrome P450 [Corioliolus versicolor]
CP02-S2-000-130-UE.F	g 18376316 emb CAD21063.1 (AL669987) amino acid permease NAAP1 [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-076-UC.F	g 16330137 ref NP_440865.1 (NC_000911) isoleucyl-tRNA synthetase [Synechocystis sp. PCC 6803]
CP02-S2-000-076-UC.F	g 6321866 ref NP_011942.1 (NC_001140) carboxyl methyl esterase, Ppe 1p [Saccharomyces cerevisiae]
erro	Erro
CP02-S2-000-077-UC.F	g 17565562 ref NP_507711.1 (NM_075310) Y39B6A.s.p [Caenorhabditis elegans]
CP02-S2-000-077-UC.F	g 19068028 gb AAL14263.1 (AY052777) sulfite reductase [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-080-UC.G	g 12044690 emb CAC19838.1 (AJ009972) pyruvate carboxylase [Aspergillus niger]
CP02-S2-000-108-UE.R	g 19113778 ref NP_592866.1 (NC_003424) protoporphyrinogen oxidase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-108-UE.F	g 6755104 ref NP_035251.1 (NM_011121) polo-like kinase homolog. (Drosophila) [Mus musculus]
CP02-S2-000-108-UE.R	g 13787215 ref NP_112534.1 silent mating type information regulation 2, S.cerevisiae, homolog 5 [Homo sapiens]
CP02-S2-000-108-UE.R	g 18077657 emb CAD12881.1 (AJ421066) putative C2H2 zinc finger protein [Podospora anserina]
CP02-S2-000-108-UE.R	g 13787215 ref NP_112534.1 (NM_031244) silent mating type information regulation 2, (S.cerevisiae, homolog)
CP02-S2-000-109-UE.F	g 19114750 ref NP_593838.1 (NC_003424) putative sphingoid base-phosphate phosphatase [Schizosaccharomyces pombe]

CP02-S2-000-118-CL.G	gii19112894 ref NP_596102.1 (NC_003423) homology to longevity assurance protein. [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-118-CL.G	gii7489812 pir T02955 probable cytochrome P450 monooxygenase - maize (fragment)
CP02-S2-000-118-UE.F	gii7009581 emb CAB75696.1 (AJ132386) beta-glucosidase [Aspergillus niger]
CP02-S2-000-119-UE.F	gii1708271 sp P50867 CYSK_EMENI CYSTEINE SYNTHASE
CP02-S2-000-119-UE.R	gii1596656 ref NP_386920.1 (NC_003047) PUTATIVE PROLINE IMINOPEPTIDASE PROTEIN [Sinothizobium meilloti]
CP02-S2-000-119-UE.F	gii1837615 emb CAD21226.1 (AL670002) related to PHO87 protein [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-128-UE.F	gii7649647 emb CAB88979.1 (AL353864) probable amino acid/metabolite permease. [Streptomyces coelicolor A3(2)]
CP02-S2-000-128-UE.F	gii4512252 dbj BAA33009.2 (AB016519) manganese peroxidase [Pleurotus ostreatus]
CP02-S2-000-129-UE.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase)[Tricholoma matsutake].
CP02-S2-000-129-UE.F	gii6607358 gb AAF18956.1 AF166258_1 (AF166258) epoxide hydrolase [Xanthophyllomyces dendrorhous]
CP02-S2-000-130-UE.F	gii7489212 pir T02995 unspecific monooxygenase (EC 1.14.14.1) - common tobacco
CP02-S2-000-131-UE.F	gii18146854 dbj BAB83131.1 (AB035409) laccase 1 [Lentinula edodes]
CP02-S2-000-080-UC.F	gii12044680 emb CAC19838.1 (AJ009972) pyruvate carboxylase [Aspergillus niger]
CP02-S2-000-080-UC.G	gii7024439 dbj BAA92150.1 (AB038511) ACC deaminase [Penicillium citrinum]
CP02-S2-000-081-UC.F	gii7480534 pir T35910 probable carboxylesterase - Streptomyces coelicolor
CP02-S2-000-081-UC.F	gii2494635 sp Q00307 G3P_BOLED Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase (GAPDH)
CP02-S2-000-081-UC.F	gii1120706 ref NP_068525.1 (NM_021757) pleiotropic regulator 1 [Rattus norvegicus]
CP02-S2-000-085-UC.F	gii19114018 ref NP_593106.1 (NC_003424) similar to yeast nucleolar protein Nop5p [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-109-UE.R	gii99755 pir S23312 retrovirus-related polyprotein KAS-1 - Arabidopsis thaliana retrotransposon Ta1 (fragment)
CP02-S2-000-110-UE.R	gii1403538 emb CAA65573.1 (X96770) P2291 protein [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-110-UE.F	gii2499980 sp Q92459 FDFI_USTMA Farnesyl-diphosphate farnesyltransferase
CP02-S2-000-110-UE.F	gii15896598 ref NP_349947.1 (NC_003030) Polyketide synthase pksE (short-chain alcoholdehydrogenase [Clostridium acetobutylicum])
CP02-S2-000-110-UE.R	gii15240526 ref NP_199776.1 (NM_124343) xylose kinase [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-111-CL.F	gii1705669 sp P52710 CBPY_PICPA Carboxypeptidase Y precursor (Carboxypeptidase YSCY)
CP02-S2-000-119-UE.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-120-CL.F	gii19115410 ref NP_594498.1 (NC_003424) putative oxidoreductase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-120-CL.F	gii10946132 gb AAG24792.1 AF264028_2 (AF264028) pol protein [Glomerella cingulata]
CP02-S2-000-120-UE.F	gii1352649 sp P48440 OST4_CHICK Dolichyl-diphosphooligosaccharide
CP02-S2-000-120-UE.F	gii117803 sp P09437 CYB2_HANAN Cytochrome B2, mitochondrial precursor (L-lactate dehydrogenase
CP02-S2-000-121-UE.R	gii114953 sp P22507 BGL2_SACFI Beta-glucosidase 2 precursor (Beta-D-glucoside glucohydrolase)
CP02-S2-000-131-UE.F	gii16944696 emb CAC28821.2 (AL513466) related to enoyl-CoA-hydrolase [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-131-UE.F	gii2499936 sp Q99145 HIS1_YARLI ATP Phosphoribosyltransferase

CP02-S2-000-131-UE.F	g 14278967 dbj BAB59027.1 (AB057426) cytochrome P450 [Coriolus versicolor]
CP02-S2-000-132-UE.F	g 11359490 pir T51215 hypothetical protein B24M22.110 [imported] -- Neurospora crassa
CP02-S2-000-132-UE.F	g 6323555 ref NP_013656.1 (NC_001145) similar to IMP dehydrogenase; lmd4p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-132-UE.F	g 18376189 emb CAD21305.1 (AL670007) probable benzoate 4-monooxygenase cytochrome P450 [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-080-UC.G	g 6323558 ref NP_013652.1 (NC_001145) Hypothetical ORF; Yml059cp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-080-UC.G	g 3851524 gb AAC72747.1 (AF064069) aryl-ethyl alcohol oxidase precursor [Pleurotus eryngii]
CP02-S2-000-081-UC.F	g 15691459 ref NP_357131.1 (NC_003063) AGR_L_2706p [Agrobacterium tumefaciens]
CP02-S2-000-081-UC.F	g 16126001 ref NP_420565.1 (NC_002696) glycosyl hydrolase, family 30 [Caulobacter crescentus]
CP02-S2-000-085-UC.F	g 18202963 sp Q9HEH1 RNT1_NEUCR Regulator of nonsense transcripts 1 homolog
CP02-S2-000-100-EM.R	g 3859709 emb CAA21984.1 (AL033497) nucleotide phosphodiesterase [Candida albicans]
CP02-S2-000-110-UE.F	g 6325086 ref NP_015154.1 (NC_001148) Old yellow enzyme; Oye3p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-110-UE.F	g 19113489 ref NP_596697.1 (NC_003423) dnaJ related protein. [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-110-UE.F	g 10946131 gb AAG24791.1 AF264028_1 gag protein [Glomerella cingulata]
CP02-S2-000-110-UE.F	g 18496269 emb CAC83746.1 (AJ305311) D-xylulose kinase [Aspergillus niger]
CP02-S2-000-111-CL.F	g 3451047 emb CAA71962.1 (Y11080) pheromone receptor [Coprinopsis cinerea]
CP02-S2-000-111-CL.F	g 19112960 ref NP_596168.1 (NC_003423) putative 2-alpha-mannosyltransferase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-120-CL.F	g 6325092 ref NP_015160.1 (NC_001148) Set6p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-120-CL.F	g 7453575 gb AAF62893.1 AF222689_1 (AF222689) protein arginine N-methyltransferase 1-variant 2 [Homo sapiens]
CP02-S2-000-120-UE.F	g 2492848 sp P56099 HIS8_CANMA Histidinol-phosphate aminotransferase
CP02-S2-000-120-UE.F	g 18376023 emb CAB91757.2 (AL356173) related to replication factor C protein [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-121-UE.F	g 1399099 gb AAB03213.1 (U44901) aspartate semialdehyde dehydrogenase [Ustilago maydis]
CP02-S2-000-121-UE.R	g 13787215 g 13787215 ref NP_112534.1 (NM_031244) silent mating type information regulation 2, S.cerevisiae, homolog
CP02-S2-000-131-UE.F	g 2499936 sp Q99145 HIS1_YARL1 ATP Phosphoribosyltransferase
CP02-S2-000-131-UE.F	g 19112669 ref NP_595877.1 (NC_003423) methylenetetrahydrofolate dehydrogenase [hcd+] [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-132-UE.F	g 19114255 ref NP_593343.1 (NC_003424) putative cysteine synthase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-132-UE.F	g 5305764 gb AAD41803.1 AF140059_1 (AF140059) fatty acid desaturase [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-132-UE.F	g 5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-133-UE.F	g 7487728 pir T04002 hypothetical protein T5L19.110 -- Arabidopsis thaliana
CP02-S2-000-100-UE.F	g 19112755 ref NP_595963.1 (NC_003423) hypothetical protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-100-UE.R	g 15220205 ref NP_172544.1 (NM_100950) putative lipase [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-100-UE.F	g 49645600 emb CAG83658.1 unnamed protein product [Yarrow Yarrowia lipolytica] - blast x;
CP02-S2-000-101-EM.R	g 3411262 gb AAC31205.1 Medusa [Emericella nidulans]

CP02-S2-000-101-EM.R	gll15610753 ref NP_218134.1 (NC_000962) ephA [Mycobacterium tuberculosis H37Rv]
CP02-S2-000-101-UE.F	gll13621068 gb AAK33073.1 AF359360_5 (AF359360) cytochrome P450 [Fusarium sporotrichoides]
CP02-S2-000-111-CL.F	gll549443 sp Q03149 WA_E MENI Conidial green pigment synthase
CP02-S2-000-111-UE.F	gll14278967 dbj BAB59027.1 (AB057426) cytochrome P450 [Corioliolus versicolor]
CP02-S2-000-112-UE.F	gll9927273 dbj BAA96774.2 (AP002521) putative retroelement pol polyprotein (AC006920) [Oryza sativa]
CP02-S2-000-112-UE.F	gll17545056 ref NP_518458.1 (NC_003295) Probable polyphenol oxidase B precursor [Ralstonia solanacearum]
CP02-S2-000-112-UE.F	gll6324103 ref NP_014172.1 (NC_001146) Hypothetical ORF; Ynl227cp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-112-UE.R	gll7428835 pir DVLNS multidrug resistance protein - Leishmania tarentolae
CP02-S2-000-121-UE.F	gll3721844 dbj BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinosia cinerea]
CP02-S2-000-122-UE.F	gll6322952 ref NP_013025.1 (NC_001143) Transcript. factor regulating basal and induced activity of histidine and adenine biosynthesis
CP02-S2-000-122-UE.F	gll6323135 ref NP_013207.1 (NC_001144) midasin; Mdn1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-122-UE.F	gll17932783 emb CAC83933.1 (AJ309807) feruloyl esterase [Aspergillus niger]
CP02-S2-000-123-CL.G	gll13540823 gb AAK29467.1 (AF279585) polyprotein-like [Lycopodium chilense]
CP02-S2-000-123-CL.G	gll6320419 ref NP_010499.1 involved in sterol uptake; Upc2p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-133-UE.F	gll237037 emb CAA74987.1 (Y14657) hydrophobin [Pleurotus ostreatus]
CP02-S2-000-134-UE.F	gll14278967 dbj BAB59027.1 (AB057426) cytochrome P450 [Corioliolus versicolor]
CP02-S2-000-134-UE.F	gll14278967 dbj BAB59027.1 (AB057426) cytochrome P450 [Corioliolus versicolor]
CP02-S2-000-135-UE.F	gll17560358 ref NP_505733.1 (NM_073332) serine/threonine protein phosphatase [Caenorhabditis elegans]
CP02-S2-000-135-UE.F	gll5531330 emb CAB51041.1 (AJ243883) putative transcription factor [Periplaneta americana]
CP02-S2-000-135-UE.F	gll18076824 emb CAC86053.1 (AJ315750) Sin3 protein [Yarrowia lipolytica]
CP02-S2-000-100-UE.R	gll18652523 gb AAL77156.1 AC091732_7 (AC091732) Putative polyprotein [Oryza sativa]
CP02-S2-000-100-UE.R	gll6321333 ref NP_011410.1 (NC_001139) associated with tRNA and amino acyl-tRNA synthetases [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-100-UE.R	gll5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-101-EM.R	gll17510413 ref NP_490750.1 (NM_058349) Y65B4BR.4.p [Caenorhabditis elegans]
CP02-S2-000-101-UE.R	gll7522604 pir T18348 probable pol polyprotein, truncated - rice blast fungus magnaporthe gypsy retrotransposon
CP02-S2-000-101-UE.F	gll3182966 sp O35084 CP2B_MOUSE 25-hydroxyvitamin D-1 alpha hydroxylase, mitochondrial precursor
CP02-S2-000-111-EM.R	gll15321720 gb AAK95564.1 AF411251_1 (AF411251) cellulase CEL6B [Lentinula edodes]
CP02-S2-000-111-UE.F	gll3024898 sp Q92620 PR16_HUMAN Pre-mRNA splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16
CP02-S2-000-112-UE.F	gll1574998 gb AAB09422.1 (U49248) canalicular multispecific organic anion transporter [Homo sapiens]
CP02-S2-000-112-UE.R	gll6321033 ref NP_011112.1 (NC_001137) Hypothetical ORF; Yer185wp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-112-UE.F	gll6978669 ref NP_036965.1 (NM_012833) ATP-binding cassette; Canalicular multispecific organic anion transporter [R. norvegicus]
CP02-S2-000-112-UE.R	gll6323257 ref NP_013329.1 (NC_001144) involved in cell wall biogenesis (putative) [Saccharomyces cerevisiae]

CP02-S2-000-121-UE.F	gij2494694 splQ00858 CGPB_FUSSO Cutinase gene palindrom-binding protein (PBP)
CP02-S2-000-122-UE.R	gij19112906 ref NP_596114.1 (NC_003423) RNA binding ribonucleoprotein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-122-UE.R	gij19113704 ref NP_592792.1 (NC_003424) MFS efflux transporter of unknown specificity [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-122-UE.F	gij3169132 dbj BAA28619.1 (AB014495) phospholipase B [Kluyveromyces lactis]
CP02-S2-000-123-CL.F	gij6320419 ref NP_010499.1 involved in sterol uptake; Upc2p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-123-CL.G	gij6687541 emb CAB65007.1 (Y17316) transmembrane protein [Erysiphe pisi]
CP02-S2-000-133-UE.F	gij6321202 ref NP_011278.1 (NC_001139) Mitochondrial Translation Optimization [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-134-UE.F	gij2995855 gb AAC97074.1 (AF053472) laccase precursor [Ceriporiopsis subvernisporea]
CP02-S2-000-135-CL.F	gij3334202 sp P93256 GCST_MESCR Aminomethyltransferase, mitochondrial precursor (Glycine cleavage system T protein) (GCVT)
CP02-S2-000-135-UE.F	gij7522604 pir T18348 probable pol polyprotein, truncated - rice blast fungus magnaporthe gypsy retrotransposon
CP02-S2-000-135-UE.F	gij1399452 gb AAC60214.1 (U47945) RBTMx2 [Oncorhynchus mykiss]
CP02-S2-000-135-UE.F	gij5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-101-UE.F	gij14318521 ref NP_116654.1 (NC_001138) involved in the maturation of 25S ribosomal RNA; Spb4p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-102-CL.F	gij128353 sp P28349 NIT4_NEUCR Nitrogen assimilation transcription factor NIT-4
CP02-S2-000-102-CL.I	gij168849 gb AAA33602.1 (M80368) pathway-specific regulatory protein [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-102-EM.S	gij6324421 ref NP_014490.1 (NC_001147) induced by osmotic stress; similar to dihydroflavonol 4-reductase from plants
CP02-S2-000-102-EM.S	gij15608244 ref NP_215620.1 (NC_000962) hypothetical protein Rv1104 [Mycobacterium tuberculosis H37Rv]
CP02-S2-000-102-UE.F	gij4377849 gb AAD19278.1 (AF057159) transformer-2-beta isoform 3 [Homo sapiens]
CP02-S2-000-112-UE.F	gij131612 sp P21872 PUR2_CHICK Trifunctional purine biosynthetic protein adenosine-3
CP02-S2-000-113-CL.F	gij4240403 gb AAD13534.1 (AF080235) oxygenase homolog [Streptomyces cyanogenus]
CP02-S2-000-113-CL.F	gij17568481 ref NP_510563.1 (NM_078162) H13N06.5.p [Caenorhabditis elegans]
CP02-S2-000-113-CL.F	gij7522604 pir T18348 probable pol polyprotein, truncated - rice blast fungus magnaporthe gypsy retrotransposon
CP02-S2-000-113-CL.F	gij10946132 gb AAG24792.1 (AF264028_2) pol protein [Glomerella cingulata]
CP02-S2-000-113-CL.F	gij4887632 dbj BAA77816.1 (AB027513) polyprotein [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-123-CL.F	gij7522524 pir T39724 probable pre-mrna splicing factor atp-dependent rna helicase - fission yeast (Schizosaccharomyces pombe)
CP02-S2-000-123-UE.F	gij19113636 ref NP_596844.1 (NC_003423) putative agmatinase precursor [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-124-CL.G	gij7413519 emb CAB85701.1 (AJ271708) cytochrome P450 [Agaricus bisporus]
CP02-S2-000-124-UE.F	gij15676860 ref NP_274005.1 (NC_003112) anthranilate phosphoribosyltransferase [Neisseria meningitidis MC58]
CP02-S2-000-124-UE.F	gij15965317 ref NP_385670.1 (NC_003047) Putative glycerol trinitrate (GTN) reductase protein [Sinorhizobium meliloti]
CP02-S2-000-124-UE.F	gij1507678 dbj BAA13253.1 (D87122) Cytochrome P-450c17S [Oryzias latipes]
CP02-S2-000-135-UE.F	gij15236980 ref NP_192830.1 (NM_117160) putative protein [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-136-UE.F	gij15042614 gb AAK82369.1 (AF388395_1) (AF388395) manganese superoxide dismutase [Phanerochaete chrysosporium]

CP02-S3-000-118-UC.G	gii5921764 sp O13394 CHS5_ USTMA Chitin synthase 5 (Chitin-UDP acetyl-glucosaminyl transferase 5)
CP02-S2-000-137-UE.F	gii2920706 emb CAA73902.1 (Y13568) beta-xylosidase [Emericella nidulans]
CP02-S2-000-138-EM.R	gii6466812 gb AAF13037.1 AF153610.1 (AF153610) laccase [Lentinula edodes]
CP02-S2-000-138-UE.F	gii6831496 sp Q01738 CDH_PHACH Cellobiose dehydrogenase precursor (CDH) (Cellobiose-quinone oxidoreductase)
CP02-S2-000-101-UE.F	gii7291136 gb AAF46570.1 (AE003450) CG18799 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-102-CL.G	gii128353 sp P28349 NIT4_NEUCR Nitrogen assimilation transcription factor NIT-4
CP02-S2-000-102-EM.R	gii6324421 ref NP_014490.1 (NC_001147) induced by osmotic stress; similar to dihydroflavonol 4-reductase from plants
CP02-S2-000-102-EM.R	gii15608244 ref NP_215620.1 (NC_000962) hypothetical protein Rv1104 [Mycobacterium tuberculosis H37Rv]
CP02-S2-000-102-UE.F	gii6322366 ref NP_012440.1 (NC_001142) bypass requirement for protein kinase C homolog; Bck1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-102-UE.F	gii19075809 ref NP_588309.1 (NC_003421) hypothetical protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-113-CL.F	gii1911467 ref NP_593759.1 (NC_003424) probable aminotransferase (EC 2.6.1.-) [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-113-CL.F	gii10726706 gb AAF56052.2 (AE003740) CG4813 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-113-CL.F	gii2499717 sp Q00359 PGLX_COCCA Exopolysaccharuronase precursor (ExoPG) (Galacturan 1,4-alpha-galacturonidase)
CP02-S2-000-113-CL.F	gii130407 sp P10394 POL4_DROME Retrovirus-related Pol polypeptide from transposon 412
CP02-S2-000-113-CL.F	gii2256321 gb AAB63277.1 (AF005475) cytochrome P450 [Phanerochaete chrysosporium]
CP02-S2-000-113-UE.F	gii19113985 ref NP_593073.1 (NC_003424) zinc finger protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-123-CL.G	gii7522524 pir T39724 probable pre-mrna splicing factor atp-dependent rna helicase - fission yeast (Schizosaccharomyces pombe)
CP02-S2-000-123-UE.F	gii7489812 pir T02955 probable cytochrome P450 monooxygenase - maize
CP02-S2-000-124-CL.F	gii7413519 emb CAB85701.1 (AJ271708) cytochrome P450 [Agaricus bisporus]
CP02-S2-000-124-UE.F	gii16126072 ref NP_420636.1 (NC_002696) urea amidolyase-related protein [Caulobacter crescentus]
CP02-S2-000-124-UE.F	gii6322306 ref NP_012380.1 (NC_001142) Fructose-2,6-bisphosphatase; Fbp26p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-124-UE.F	gii5454174 ref NP_006365.1 (NM_006374) serine/threonine kinase 25 (Ste20, yeast homolog)
CP02-S2-000-135-UE.F	gii4760440 dbj BAA77283.1 (AB013135) DyP [Galactomyces geotrichum]
CP02-S3-000-118-UC.G	gii14328904 gb AAK60412.1 AF025354_1 (AF025354) fetal globin-inducing factor [Homo sapiens]
CP02-S3-000-120-UC.F	gii6319615 ref NP_009697.1 (NC_001134) Hypothetical ORF; Ybr139wp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S3-000-120-UC.F	gii6319615 ref NP_009697.1 (NC_001134) Hypothetical ORF; Ybr139wp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-151-UE.F	gii117803 sp P09437 CYB2_HANAN Cytochrome B2, mitochondrial precursor (L-lactate dehydrogenase
CP02-S2-000-152-CL.F	gii5419984 emb CAB46525.1 (AJ243305) 5'-phosphoribosyl-5-aminimidazole synthetase [Rhizobium leguminosarum]
CP02-S2-000-152-CL.F	gii2492798 sp Q01752 AAD_PHACH Aryl-alcohol dehydrogenase[NADP+] (AAD)
CP02-S2-000-152-CL.F	gii11096026 gb AAG30745.1 AF288613_1 (AF288613) cAMP dependent protein kinase catalytic subunit [Cryptococcus neoformans]
CP02-S2-000-152-UE.F	gii7303073 gb AAF58140.1 (AE003811) CG8174 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-153-UE.F	gii83456 pir A27477 cell division control protein CDC24 - yeast (Saccharomyces cerevisiae)

CP02-S2-000-222-UC.F	g 15222794 ref NP_175984.1 (NM_104465) hypothetical protein [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-176-UC.F	g 11230981 dbj BAB18098.1 (AB038708) uricase [Tolypocladium inflatum]
CP02-S2-000-176-UC.F	g 2506150 spl P50161 VER1_ASPPA Versicolorin reductase (VER-1)
CP02-S2-000-176-UE.F	g 18641114 ref XP_080530.1 (XM_080530) Focal adhesion kinase-like [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-176-UE.F	g 6467900 gb AAAF13230.1 AF196975.1 (AF196975) inosine 5'-monophosphate dehydrogenase [Pneumocystis carinii]
CP02-S2-000-178-UC.F	g 15217507 ref NP_172411.1 (NM_100810) putative 12-oxophytodienoate reductase OPR1 [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-021-247-UC.F	g 17384027 emb CAD11985.1 (AJ419770) SCR1 protein [Debaryomyces occidentalis]
CP02-S2-021-248-UC.F	g 6320841 ref NP_010920.1 (NC_001137) Yeast Nucleoside Diphosphatase; Ynd1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-022-241-UC.F	g 1135936 pir T48777 6-Hydroxy-D-Nicotine oxidase related protein [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-022-242-UC.F	g 17521770 pir T00130 trehalose synthase (EC 2.4.1.-) - Grifola frondosa
CP02-S2-022-285-UC.F	g 4008156 dbj BAA435120.1 (AB008845) NADH dependent glutamate synthase [Oryza sativa]
CP02-S2-022-271-UC.F	g 16263961 ref NP_436753.1 (NC_003078) putative epoxide hydrolase protein [Sinorhizobium meliloti]
CP02-S2-000-140-EM.R	g 11061644 emb CAC14523.1 (AL446004) possible CGI-83 protein [Leishmania major]
CP02-S2-000-129-UC.F	g 6323866 ref NP_013937.1 (NC_001145) Hypothetical ORF; Ymr210wp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-151-UE.F	g 117803 spl P09437 CYB2_HANAN Cytochrome B2, mitochondrial precursor (L-lactate dehydrogenase
CP02-S2-000-152-CL.F	g 1079288 pir S53609 DNA mismatch repair protein MSH2 - African clawed frog
CP02-S2-000-152-CL.F	g 9082270 gb AAAF82782.1 AF275372_1 (AF275372) alanine aminotransferase [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-152-CL.F	g 15426222 emb CAC02022.2 (AL390114) probable morphine reductase [Leishmania major]
CP02-S2-000-153-UE.F	g 17932783 emb CAC83933.1 (AJ309807) feruloyl esterase [Aspergillus niger]
CP02-S2-000-153-UE.F	g 10998378 gb AAG25917.1 AF190427_1 (AF190427) putative GAL4-like transcriptional activator [Colletotrichum lindemuthianum]
CP02-S2-000-176-UC.F	g 6322946 ref NP_013019.1 (NC_001143) Functions in transport of small peptides into the cell; Pitr2p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-176-UC.F	g 8546847 emb CAB94668.1 (AL359217) hypothetical protein L240.08 [Leishmania major]
CP02-S2-000-176-UE.F	g 10947038 ref NP_065209.1 (NM_020476) ankryrin 1, isoform 1; ankryrin-1, erythrocytic; ankryrin-R [Homo sapiens]
CP02-S2-000-176-UE.F	g 8778327 gb AAAF79336.1 AC002304_29 (AC002304) F14J16.13 [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-177-UE.F	g 5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-178-UC.F	g 19115593 ref NP_594681.1 (NC_003424) pentafunctional arom polypeptide [includes 3-dehydroquinase synthase][S. pombe]
CP02-S2-021-247-UC.F	g 17384027 emb CAD11985.1 (AJ419770) SCR1 protein [Debaryomyces occidentalis]
CP02-S2-021-248-UC.F	g 12698634 gb AAAK01619.1 AF314096_2 (AF314096) polymerase [Magnaporthe grisea]
CP02-S2-022-241-UC.F	g 15982672 gb AAL09830.1 (AY049947) beta-glucosidase 6 [Coccidioides immitis]
CP02-S2-022-242-UC.F	g 6906855 gb AAAF31169.1 AF143814_1 (AF143814) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus pulmonarius]
CP02-S2-022-271-UC.F	g 17705433 ref NP_057175.1 (NM_016091) HSPC025; eIEF associated protein HSPC021 [Homo sapiens]
CP02-S2-022-271-UC.F	g 11263215 pir T46577 arylsulfatase (EC 3.1.6.1) [validated] - Neurospora crassa

CP02-S3-033-406-UC.F	gll21327104 gblAA4M48172.1 AF511649_3 (AF511649) necrosis-inducing-like protein [Phytophthora sojae]
CP02-S3-000-064-UC.F	gll15236371 ref NP_193125.1 (NM_117463) glycine hydroxymethyltransferase - like protein [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-141-CL.F	gll6324514 ref NP_014583.1 (NC_001147) arginosuccinate synthetase, Arg1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-141-EM.R	gll9927273 dbj BAA96774.2 (AP002521) putative retroelement pol polyprotein [Oryza sativa]
CP02-S2-000-141-UE.F	gll18997231 gblAAL83348.1 AC074282_15 (AC074282) Putative gag-pol polyprotein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]
CP02-S2-000-141-UE.F	gll18958706 gblAAL82688.1 AC091122_14 (AC091122) putative polyprotein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]
CP02-S2-000-153-UE.F	gll16944550 emb CAC18138.2 (AL451012) probable adenylate kinase [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-153-UE.F	gll15221075 ref NP_172633.1 (NM_101040) putative obtusifoliol 14-alpha demethylase [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-208-UE.F	gll5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-155-UE.F	gll9297007 sp Q28970 MY7A_PIG MYOSIN VIIA
CP02-S2-000-155-UE.F	gll7521770 pir T00130 trehalose synthase (EC 2.4.1.-) - Grifola frondosa
CP02-S2-000-210-UE.G	gll1621277 emb CAB02654.1 (Z81013) beta-1,4-endoxylanase [Thermobifida alba]
CP02-S2-000-178-UC.F	gll16121982 ref NP_405295.1 (NC_003143) putative ABC sugar transporter (permease) [Yersinia pestis]
CP02-S2-000-178-UC.F	gll913016 gblAAB33744.1 (S76267) Sng2 homolog [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-178-UC.F	gll4102188 gblAAD01430.1 (AF009670) MRP3 [Homo sapiens]
CP02-S2-000-178-UE.F	gll18146854 dbj BAB83731.1 (AB035409) laccase 1 [Lentinula edodes]
CP02-S2-000-179-UE.F	gll7507774 pir T16860 hypothetical protein T13C2.4 - Caenorhabditis elegans
CP02-S2-000-181-UE.F	gll6016879 dbj BAA31534.2 (AB015670) A2-5a orf6-hypothetical protein homologous to stage V sporulation protein K [Bacillus sp.]
CP02-S2-022-271-UC.F	gll17545158 ref NP_518560.1 (NC_003295) Putative lipase/esterase protein [Ralstonia solanacearum]
CP02-S2-022-271-UC.F	gll7294671 gblAAF50009.1 (AE003543) CG10907 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-022-272-UC.F	gll18376233 emb CAD21348.1 (AL670008) related to isoamyl alcohol oxidase [Neurospora crassa]
CP02-S2-022-273-UC.F	gll5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-022-274-UC.F	gll19115643 ref NP_594731.1 (NC_003424) similar to yeast component of COPII coat of ER-Golgi vesicles [S. pombe]
CP02-S2-022-306-UC.F	gll19115279 ref NP_594367.1 (NC_003424) hypothetical protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S3-000-064-UC.F	gll3293547 gblAAC25771.1 (AF072709) putative oxidoreductase [Streptomyces lividans]
CP02-S2-000-141-CL.F	gll14589376 gblAAK70631.1 AC091238_9 (AC091238) Putative copII-type pol polyprotein [Oryza sativa]
CP02-S2-000-141-CL.F	gll6319608 ref NP_009690.1 (NC_001134) General amino acid permease with broad substrate specificity; Agp2p [S. cerevisiae]
CP02-S2-000-141-EM.R	gll4808454 dbj BAA77570.1 (AB021737) Requiem protein [Xenopus laevis]
CP02-S2-000-141-UE.F	gll19113947 ref NP_593035.1 (NC_003424) mitochondrial ion protease homolog [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-141-UE.F	gll6049184 gblAAF02495.1 AF141330_1 (AF141330) alcohol oxidase 2 [Pichia methanolica]
CP02-S2-000-153-UE.F	gll16124788 ref NP_419352.1 (NC_002696) conserved hypothetical protein [Caulobacter crescentus]
CP02-S2-000-207-UE.F	gll12698634 gblAAK01619.1 AF314096_2 (AF314096) polymerase [Magnaporthe grisea]

CP02-S2-000-209-UE.F	g 15239268 ref NP_200840.1 (NM_125425) receptor-like protein kinase [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-155-UE.F	g 13421395 gb AAC32197.1 (AF081574) cellobiose dehydrogenase [Pycnoporus cinnabarinus]
CP02-S2-000-155-UE.F	g 11279999 pir T45465 acetate CoA-transferase (EC 2.8.3.8) [imported] – Clostridium thermosaccharolyticum
CP02-S2-000-178-UC.F	g 14326043 gb AAK60128.1 (AF331757) acetyl xylan esterase [Aspergillus ficuum]
CP02-S2-000-178-UC.F	g 13785510 dbj BAB43910.1 (AB060641) phosphate transporter [Pholiota nameko]
CP02-S2-000-178-UE.F	g 16944470 emb CAC18170.2 (AL451013) related to beta-1, 3 exoglucanase precursor [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-179-UC.F	g 17465474 pir S69336 arylsulfatase (EC 3.1.6.1) - Pseudomonas aeruginosa
CP02-S2-000-179-UE.F	g 5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-181-UE.F	g 3913337 sp Q95038 C6B5_PAPGL Cytochrome P450 6B5 (CYP6B5V1)
CP02-S2-022-271-UC.F	g 5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-022-272-UC.F	g 15224611 ref NP_180049.1 (NM_128034) similar to mammalian MHC III region protein G9a [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-022-272-UC.F	g 19114517 ref NP_593605.1 (NC_003424) putative regulatory protein; zinc finger [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-022-273-UC.F	g 3372844 gb AAC28351.1 (AF065892) cytochrome P450 [Homarus americanus]
CP02-S2-022-306-UC.F	g 130582 sp P10978 POLX_TOBAC Retrovirus-related Pol polyprotein from transposon TNT 1-94
CP02-S2-022-306-UC.F	g 15607358 ref NP_214731.1 (NC_000962) lipW [Mycobacterium tuberculosis H37Rv]
CP02-S2-000-142-UE.F	g 124156 sp P22817 IDE_DROME Insulin-degrading enzyme (insulin protease)
CP02-S2-000-142-UE.F	g 2494341 sp Q00023 CEL1_AGABI Cellulose-growth-specific protein precursor
CP02-S2-000-142-UE.F	g 19114100 ref NP_593188.1 (NC_003424) conserved hypothetical protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-143-CL.H	g 16683623 dbj BAA89271.1 (AB025309) Gag [Alternaria alternata]
CP02-S2-000-143-UE.F	g 14530067 emb CAC42217.1 (AJ309281) ABC transporter protein [Emicella nidulans]
CP02-S3-000-064-UC.F	g 15600427 ref NP_253921.1 (NC_002516) probable oxidoreductase [Pseudomonas aeruginosa]
CP02-S2-000-157-UE.F	g 1729992 sp P40333 MB11_COPCI Mating-type protein beta-1
CP02-S2-000-157-UE.F	g 16321752 ref NP_011828.1 (NC_001140) Hypothetical ORF; Yhl035cp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-158-UE.F	g 15235063 ref NP_194269.1 (NM_118671) receptor kinase-like protein [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-158-UE.F	g 13475626 ref NP_107193.1 (NC_002678) asparagine synthetase [Mesorhizobium loti]
CP02-S2-000-181-UE.F	g 10946132 gb AAG24792.1 (AF264028_2 (AF264028) pol protein [Glomerella cingulata]
CP02-S2-000-223-UC.F	g 3721844 dbj BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinopsis cinerea]
CP02-S2-000-183-UC.F	g 17465541 pir T14593 syringomycin synthetase – Pseudomonas syringae pv. Syringae
CP02-S2-000-183-UC.F	g 24933669 sp P79383 CPE1_PIG CYTOCHROME P450 2E1 (CYP1E1) (P450-J) (P-450-J)
CP02-S2-000-223-UC.F	g 163229006 ref NP_012979.1 (NC_001143) Yeast Sphingolipid Resistance Gene; Ysr3p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-187-UC.F	g 14808124 emb CAB42792.1 (AJ238718) metalloendopeptidase (AMMEP) [Armillaria mellea]
CP02-S2-024-294-UC.F	g 1679597 emb CAA90423.1 (Z50095) CEL4b mannanase [Agaricus bisporus]

CP02-S2-024-294-UC.F	gii15894624 ref NP_347973.1 (NC_003030) D-xylose-proton symporter [Clostridium acetobutylicum]
CP02-S2-024-297-UC.F	gii3806124 gb AAC69199.1 (AF097765) adenosine kinase [Schizophyllum commune]
CP02-S2-024-297-UC.F	gii5262950 emb CAB45871.1 (AJ243324) cytochrome b2 [Kluyveromyces lactis]
CP02-S2-025-298-UC.F	gii16944467 emb CAC18164.2 (AL451013) related to malate dehydrogenase (oxaloacetate-decarboxylating) (NADP+) [N. crassa]
CP02-S2-025-299-UC.F	gii16124455 ref NP_419019.1 (NC_002696) oxidoreductase iron/ascorbate family [Caulobacter crescentus]
CP02-S2-000-142-UE.F	gii15231517 ref NP_189247.1 (NM_113523) cytochrome P450, putative [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-142-UE.F	gii19075401 ref NP_587901.1 (NC_003421) putative global transcriptional regulator [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-142-UE.F	gii6716399 gb AAF26618.1 AF125094_1 (AF125094) peptide transporter MTD1 [Schizophyllum commune]
CP02-S2-000-143-UE.F	gii7451532 pir S72325 glucan 1,3-beta-glucosidase (EC 3.2.1.58) 1 precursor - cultivated mushroom
CP02-S2-000-143-UE.F	gii3851524 gb AAC72747.1 (AF064069) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus eryngii]
CP02-S3-000-064-UC.F	gii11386713 spi Q9VMN8 C6AG_DROME Probable cytochrome P450 6a16 (CYP1A16)
CP02-S2-000-157-UE.F	gii16077466 ref NP_388280.1 (NC_000964) phosphotransferase system (PTS) mannitol-specific enzyme IIABC component [B.subtilis]
CP02-S2-000-157-UE.F	gii11359660 pir T51029 related to pathway-specific nitrogen regulator [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-000-158-UE.F	gii121529 spi P13006 GOX_ASPNG Glucose oxidase precursor
CP02-S2-000-159-UE.F	gii130174 spi P06738 PHSG_YEAST Glycogen phosphorylase
CP02-S2-000-181-UE.F	gii4838346 gb AAD30966.1 AF118269_1 (AF118269) laccase 3 precursor [Coprinus cinereus] [Coprinopsis cinerea]
CP02-S2-000-183-UC.F	gii7303287 gb AAF58348.1 (AE003817) CG6197 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-183-UC.F	gii2492798 spi Q01752 AAD_PHACH Aryl-alcohol dehydrogenase[NADP+] (AAD)
CP02-S2-000-185-UE.F	gii7294669 gb AAF50007.1 (AE003543) CG10361 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-225-UE.G	gii130582 spi P10978 POLX_TOBAC Retrovirus-related Pol polyprotein from transposon TNT 1-94
CP02-S2-000-187-UC.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-024-294-UC.F	gii5453840 ref NP_006377.1 (NM_006386) probable RNA-dependent helicase p72 [Homo sapiens]
CP02-S2-024-294-UC.F	gii5262950 emb CAB45871.1 (AJ243324) cytochrome b2 [Kluyveromyces lactis]
CP02-S2-024-297-UC.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-024-297-UC.F	gii11359627 pir T49758 related to cytochrome p450 [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-025-298-UC.F	gii14318541 ref NP_116674.1 (NC_001138) May regulate vacuole homeostasis [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-025-299-UC.F	gii2385386 emb CAA04758.1 (AJ001430) L-mandelate dehydrogenase [Rhodotorula graminis]
CP02-S3-000-067-UC.G	gii11249676 pir T51214 related to trichodiene oxygenase cytochrome P450 [imported] -
CP02-S3-000-067-UC.G	gii12584217 gb AAG59831.1 AF329731_1 (AF329731) beta-glucosidase [Volvariella volvacea]
CP02-S3-000-075-UC.F	gii6906855 gb AAF31169.1 AF143814_1 (AF143814) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus pulmonarius]
CP02-S3-000-075-UC.F	gii5270 emb CAA36873.1 (X52648) p68 protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S3-000-075-UC.F	gii16758380 ref NP_446048.1 (NM_053596) endothelin-converting enzyme 1 [Rattus norvegicus]

CP02-S3-000-082-UC.F	gll13242052 gb AAK16532.1 AF331043_12 (AF331043) putative phthalate ester hydrolase [Arthrobacter keyseri]
CP02-S2-000-159-UE.F	gll1791305 gb AAB41233.1 (U83489) septin B [Aspergillus nidulans]
CP02-S2-000-159-UE.F	gll5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-129-UC.F	gll6323866 ref NP_013937.1 (NC_001145) Hypothetical ORF: Ymr210wp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-221-UC.F	gll13476746 ref NP_108315.1 (NC_002676) salicylate hydroxylase [Mesorhizobium loti]
CP02-S2-000-161-UE.F	gll15805989 ref NP_294689.1 (NC_001263) GMC oxidoreductase [Deinococcus radiodurans]
CP02-S2-000-161-UE.F	gll19113184 ref NP_596392.1 (NC_003423) coiled coil protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-187-UC.F	gll7512187 pir S65951 [phosphorylase] phosphatase (EC 3.1.3.17) 55K chain - African clawed frog (fragment)
CP02-S2-008-125-UC.R	gll8453198 gb AAF75280.1 AF271216_1 (AF271216) chitin deacetylase [Schizophyllum commune]
CP02-S2-008-125-UC.R	gll16127185 ref NP_421749.1 (NC_002696) conserved hypothetical protein [Caulobacter crescentus]
CP02-S2-000-226-UE.F	gll19111878 ref NP_595086.1 (NC_003423) neutral trehalase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-227-UE.F	gll16126072 ref NP_420636.1 (NC_002696) urea amidolyase-related protein [Caulobacter crescentus]
CP02-S2-000-227-UE.F	gll19112813 ref NP_596021.1 (NC_003423) required for sexual differentiation and meiosis [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-025-300-UC.F	gll16165646 gb AAF04628.1 AF099904_1 (AF099904) neutral protease I [Aspergillus oryzae]
CP02-S2-025-300-UC.F	gll5921764 sp O13394 CHS5_USTMA Chitin synthase 5 (Chitin-UDP Acetyl-glucosaminyl transferase 5)
CP02-S2-025-300-UC.F	gll19075248 ref NP_587748.1 (NC_003421) MFS multidrug efflux transporter [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-026-293-UC.F	gll1679597 emb CAA90423.1 (Z50095) CEL4b mannanase [Agaricus bisporus]
CP02-S2-026-293-UC.F	gll15894624 ref NP_347973.1 (NC_003030) D-xylose-proton symporter [Clostridium acetobutylicum]
CP02-S2-028-230-UE.F	gll18092337 gb AAL59229.1 AF448416_9 (AF448416) gag-pol [Zea mays]
CP02-S3-000-075-UC.F	gll13122148 emb CAC32326.1 (AL583944) putative alcohol dehydrogenase [Streptomyces coelicolor]
CP02-S3-000-075-UC.F	gll6322349 ref NP_012423.1 (NC_001142) involved in mitochondrial division; Mdv1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S3-000-075-UC.F	gll6523410 emb CAB62252.1 (Y18559) hypothetical protein [Pichia farinosa]
CP02-S2-000-145-CL.G	gll15615188 ref NP_243491.1 (NC_002570) pyruvate carboxylase [Bacillus halodurans]
CP02-S2-000-159-UE.F	gll18071369 gb AAL58228.1 AC084762_2 (AC084762) putative gag-pol polypeptide [Oryza sativa]
CP02-S2-000-123-UC.F	gll82620 pir A29412 carboxypeptidase C (EC 3.4.16.5) precursor - wheat
CP02-S2-000-129-UC.F	gll6323866 ref NP_013937.1 (NC_001145) Hypothetical ORF: Ymr210wp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-160-UE.F	gll16799697 ref NP_469965.1 (NC_003212) similar to oxidoreductase [Listeria innocua]
CP02-S2-000-161-UE.F	gll4927242 gb AAD333062.1 AF139985_1 (AF139985) catalase B [Ajelomyces capsulatus]
CP02-S2-000-161-UE.F	gll1170093 g 1170093 sp P42769 GTH5_ARATH Glutathione S-transferase PM239X14 (GST Class-PH)
CP02-S2-000-225-UE.G	gll13475018 ref NP_106576.1 (NC_002678) 8-amino-7-oxononanoate synthase [Mesorhizobium loti]
CP02-S2-000-225-UE.F	gll6325160 ref NP_015228.1 (NC_001148) Tyrosyl-tRNA synthetase; Msy1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-226-UE.F	gll7493997 pir S71461 proline-rich protein Rad9 - inky cap (Coprinus cinereus)

CP02-S2-000-227-UE.F	gll19113443 ref NP_596651.1 (NC_003423) putative GTPase protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-188-UC.F	gll6324098 ref NP_014168.1 (NC_001146) involved in pleiotropic drug resistance by controlling lipids in various cellular compartments
CP02-S2-000-227-UE.F	gll16127985 ref NP_422549.1 (NC_002696) glucose inhibited division protein A [Caulobacter crescentus]
CP02-S2-025-300-UC.F	gll13702151 db BABA43813.1 (AB052107) CanAG2 [Candida albicans]
CP02-S2-025-300-UC.F	gll3851524 gb AAC72747.1 (AF064069) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus eryngii]
CP02-S2-026-282-UC.F	gll1706176 sp P52958 CT1A_FUSSO Cutinase transcription factor 1Alpha
CP02-S2-026-293-UC.F	gll5453840 ref NP_006377.1 (NM_006386) probable RNA-dependent helicase p72 [Homo sapiens]
CP02-S2-026-293-UC.F	gll5262950 emb CAB45871.1 (AJ243324) cytochrome b2 [Kluyveromyces lactis]
CP02-S2-028-230-UE.F	gll417253 sp P32949 LIP5_CANRU Lipase 5 precursor
CP02-S2-000-145-CL.F	gll15615188 ref NP_243491.1 (NC_002570) pyruvate carboxylase [Bacillus halodurans]
CP02-S2-000-145-UE.F	gll2494072 sp P78568 PUT2_AGABI Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase (P5C dehydrogenase)
CP02-S2-000-145-UE.F	gll15077836 gb AAK83373.1 (AF394893) threonine synthase Thr4 [Filobasidiella neoformans]
CP02-S2-000-145-UE.F	gll15077836 gb AAK83373.1 (AF394893) threonine synthase Thr4 [Filobasidiella neoformans]
CP02-S2-000-146-UE.F	gll13021720 gb AAK11527.1 AF279808_2 (AF279808) cytochrome P450 monooxygenase [Penicillium paxillii]
CP02-S2-000-147-UE.F	gll19112669 ref NP_595877.1 (NC_003423) methylenetetrahydrofolate dehydrogenase [nad+] [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-161-UE.F	gll6324224 ref NP_014293.1 (NC_001146) Synaptotagmin-like protein; Inp52p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-221-UC.F	gll13476746 ref NP_108315.1 (NC_002678) salicylate hydroxylase [Mesorhizobium loti]
CP02-S2-000-162-UE.F	gll19114087 ref NP_593175.1 (NC_003424) yeast coronin CRN1 homolog [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-162-UE.F	gll6683623 db BAA89271.1 (AB025309) Gag [Alternaria alternata]
CP02-S2-000-221-UC.F	gll15042811 gb AAK82434.1 AC091247_1 (AC091247) putative polypeptide, 5'-partial [Oryza sativa]
CP02-S2-000-164-UE.F	gll14091088 gb AAK53584.1 AF336366_4 (AF336366) trichodiene oxygenase [Gibberella zeae]
CP02-S2-000-227-UE.F	gll6320026 ref NP_010106.1 (NC_001136) arginine methyltransferase-interacting RING finger protein; Air2p [S. cerevisiae]
CP02-S2-000-192-UE.F	gll6324453 ref NP_014522.1 (NC_001147) monocarboxylate permease homologue; Mch4p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-192-UE.F	gll13399278 emb CAC34731.1 (AJ310725) hypothetical protein [Yarrowia lipolytica]
CP02-S2-000-193-UE.F	gll19114910 ref NP_593998.1 (NC_003424) putative esterase-lipase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-193-UE.F	gll7489212 pir T02995 unspecific monooxygenase (EC 1.14.14.1) - common tobacco
CP02-S2-000-193-UE.F	gll13124312 sp Q9R0L1 HSF4_Mouse Heat shock factor protein 4(HSF 4)
CP02-S2-028-232-UE.F	gll13021719 gb AAK11526.1 AF279808_1 (AF279808) dimethylallyl tryptophan synthase [Penicillium paxillii]
CP02-S2-028-233-UE.F	gll6324402 ref NP_014472.1 (NC_001146) putative reductase; Ynr074cp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-234-UE.F	gll10946132 gb AAG24792.1 AF264028_2 (AF264028) pol protein [Glomerella cingulata]
CP02-S2-028-234-UE.F	gll3929362 sp Q12645 PID9_FUSSO Pisatin demethylase (Cytochrome P450 57A1)
CP02-S2-028-237-UE.G	gll18378611 gb AAL68643.1 AF458767_1 (AF458767) polypeptide [Oryza sativa]

CP02-S2-028-237-UE.G	gll6324990 ref NP_015058.1 (NC_001148) dicarboxylic amino acid permease; Dip5p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-145-UE.F	gll6319901 ref NP_009982.1 (NC_001135) threonine synthase, Thr4p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-145-UE.F	gll19113477 ref NP_596685.1 (NC_003423) carbamoyl-phosphate synthase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-145-UE.F	gll3914244 sp P79084 ORDA_ASPFL O-Methylsterigmatocystin oxidoreductase
CP02-S2-000-145-UE.F	gll17987778 ref NP_540412.1 (NC_003317) Lysine decarboxylase [Brucella melitensis]
CP02-S2-000-146-UE.F	gll16943679 emb CAD10798.1 (AJ418060) cyclopentanone 1,2-monooxygenase [Comamonas testosteroni]
CP02-S2-000-147-UE.F	gll2688966 gb AAB88887.1 (AF029799) carnitine acetyl transferase [Magnaporthe grisea]
CP02-S2-000-161-UE.F	gll11359590 pir T749535 probable multifunctional folic acid synthesis protein [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-000-162-UE.F	gll15074866 emb CAC48007.1 (AJ245438) protein kinase C homologue [Tuber magnatum]
CP02-S2-000-162-UE.F	gll7298392 gb AAF53617.1 (AE003655) CG5094 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-162-UE.F	gll19114394 ref NP_593482.1 (NC_003424) exonuclease ii [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-221-UC.F	gll13471123 ref NP_102692.1 (NC_002678) probable dehydrogenase [Mesorhizobium loti]
CP02-S2-000-165-UE.F	gll320121 pir JC1380 carboxypeptidase C (EC 3.4.16.5) precursor - yeast (Candida albicans)
CP02-S2-000-227-UE.F	gll9628092 ref NP_042684.1 (NC_001654) gag precursor [Jembrana disease virus]
CP02-S2-000-192-UE.F	gll16127034 ref NP_421598.1 (NC_002696) xylosidase/arabinosidase [Caulobacter crescentus]
CP02-S2-000-193-UE.F	gll98110 pir S15713 alpha-amylase (EC 3.2.1.1) - Bacillus circulans
CP02-S2-000-193-UE.F	gll7248355 db BAA92704.1 (AB036886) reverse transcriptase [Tricholoma bakamatsutake]
CP02-S2-000-193-UE.F	gll7292347 gb AAF47754.1 (AE003477) CG17723 gene product [alt 1] [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-000-193-UE.F	gblAAK59981.1 AF385328_1 (AF385328) UDP-glucuronic acid decarboxylase Uxs1p [Filobasidiella neoformans]
CP02-S2-028-232-UE.F	gll2317860 gb AAB66504.1 (U78289) ty lactone synthase starter module and modules 1 & 2 [Streptomyces fradiae]
CP02-S2-028-234-UE.F	gll1293655 gb AAC49318.1 (U51327) versicolorin B synthase [Aspergillus parasiticus]
CP02-S2-028-234-UE.F	gll630437 pir JX0333 ribonuclease (EC 3.1.27.-) Po1, guanine nucleotide-specific - oyster mushroom
CP02-S2-028-236-UE.F	gll5918501 emb CAB56378.1 (AL118515) possible amino acid/metabolite permease [Streptomyces coelicolor A3(2)]
CP02-S2-028-237-UE.F	gll18568269 gb AAL76001.1 AF466646_9 (AF466646) putative gag-pol polyprotein [Zea mays]
CP02-S2-028-237-UE.G	gll16759133 ref NP_454750.1 (NC_003198) putative aldoketo reductase [Salmonella enterica subsp. enterica serovar Typhi]
CP02-S2-000-147-UE.F	gll16121837 ref NP_405150.1 (NC_003143) putative racemase [Yersinia pestis]
CP02-S2-000-147-UE.F	gll2492964 sp P79023 AROG_CANAL Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase
CP02-S2-000-148-CL.F	gll3184142 emb CAA04661.1 (AJ001301) Acyl-CoA oxidase 3 [Yarrowia lipolytica]
CP02-S2-000-148-UE.F	gll15691459 ref NP_357131.1 (NC_003063) AGR_L_2706p [Agrobacterium tumefaciens str. C58 (Cereon)]
CP02-S2-000-148-UE.F	gll6981076 ref NP_037291.1 (NM_013159) insulin degrading enzyme [Rattus norvegicus]
CP02-S2-000-148-UE.F	gll6456799 emb CAB61489.1 (AJ130890) avenacinase; beta-glucosidase [Botryotinia fuckeliana]
CP02-S2-000-165-UE.F	gll15224930 ref NP_181994.1 (NM_130030) putative glucosyltransferase [Arabidopsis thaliana]

CP02-S2-000-165-UE.F	gii14278967 dbj BAB59027.1 (AB057426) cytochrome P450 [Corioli versicolor]
CP02-S2-000-165-UE.F	gii16263961 ref NP_436753.1 (NC_003078) putative epoxide hydrolase protein [Sinorhizobium meliloti]
CP02-S2-000-165-UE.F	gii191130718 ref NP_596226.1 (NC_003423) putative mitochondrial membrane protease subunit 2 [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-221-UC.F	gii13471123 ref NP_102692.1 (NC_002678) probable dehydrogenase [Mesorhizobium loti]
CP02-S2-000-221-UC.F	gii17444453 pir T10803 probable RNA-directed DNA polymerase (EC 2.7.7.49) - Volvox carteri f. nagariensis retrotransposon Lueckenbuesser
CP02-S2-000-194-UC.F	lgbiAAC82487.1 (AF023156) carnitine acetyl transferase FacC [Emicella nidulans]
CP02-S2-000-229-UE.F	gii11359361 pir T48777 6-Hydroxy-D-nicotine oxidase related protein [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-000-195-UC.F	gii19111883 ref NP_595091.1 (NC_003423) hypothetical 48.1 kd protein. [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-195-UC.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-195-UE.F	gii585147 sp P38094 FLUG_EMENI Flug protein
CP02-S2-000-196-UC.F	gii12698634 gb AAK01619.1 AF314096_2 (AF314096) polymerase [Magnaporthe grisea]
CP02-S2-028-237-UE.F	gii16759133 ref NP_454750.1 (NC_003198) putative aldoketo reductase [Salmonella enterica subsp. enterica serovar Typhij]
CP02-S2-028-238-UE.G	gii13171023 emb CAC33162.1 (AJ276331) pectate lyase A [Aspergillus niger]
CP02-S2-028-239-UE.F	gii10946132 gb AAG24792.1 AF264028_2 (AF264028) pol protein [Glomerella cingulata]
CP02-S2-028-240-UE.F	gii11249676 pir T51214 related to trichodlene oxygenase cytochrome P450 [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-028-240-UE.F	gii19309412 emb CAD27311.1 (AL683874) putative zinc finger protein [Aspergillus fumigatus]
CP02-S2-028-241-UE.F	gii6855474 dbj BAA90480.1 (AB030819) endoglucanase 1 [Robiliarda sp. Y-20]
CP02-S2-000-147-UE.F	gii16759133 ref NP_454750.1 (NC_003198) putative aldoketo reductase [Salmonella enterica subsp. enterica serovar Typhij]
CP02-S2-000-147-UE.F	gii13936870 gb AAK49976.1 (AF358434) lysyl oxidase [Pichia pastoris]
CP02-S2-000-148-UE.F	gii12501313 sp Q12574 TPIS_COPCI TRIOSEPHOSPHATE ISOMERASE (TIM)
CP02-S2-000-148-UE.F	gii1168874 sp P43071 CDR1_CANAL MULTIDRUG RESISTANCE PROTEIN CDR1
CP02-S2-000-148-UE.F	gii11993465 gb AAG42751.1 AF302660_1 (AF302660) ubiquitin-specific protease 6 [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-148-UE.F	gii19111883 ref NP_595091.1 (NC_003423) hypothetical 48.1 kd protein. [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-165-UE.F	gii15232680 ref NP_190277.1 (NM_114560) protein kinase 6-like protein [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-165-UE.F	gii1709678 sp P37932 PMIP_SCHCO Mitochondrial intermediate peptidase, mitochondrial precursor (MIP)
CP02-S2-000-165-UE.F	gii15241688 ref NP_195834.1 (NM_120292) thaumatin-like protein [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-166-UC.F	gii12337820 emb CAA74250.1 (Y13937) putative FabG protein [Bacillus subtilis]
CP02-S2-000-221-UC.F	gii11641382 gb AAG39455.1 (AF173167) probable 6-hydroxylase [Pseudomonas alcaligenes]
CP02-S2-000-167-UE.F	gii113822 sp P22998 AMY_STRVL ALPHA-AMYLASE PRECURSOR (1,4-ALPHA-D-GLUCAN GLUCANOHYDROLASE)
CP02-S2-000-229-UC.F	gii2498337 sp Q92206 ERG1_CANAL Squalene monooxygenase (Squalene epoxidase) (SE)
CP02-S2-000-229-UE.F	gii19112914 ref NP_596122.1 (NC_003423) dimethylase [Schizosaccharomyces pombe]

CP02-S2-000-195-UC.F	gll5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-195-UC.F	gll5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-195-UE.F	gll5921762 sp O74161 CHS5_CANAL CHITIN BIOSYNTHESIS PROTEIN CHS5
CP02-S2-000-197-UC.F	gll16416049 emb CAB88578.2 (AL353820) related to cytochrome p450 [Neurospora crassa]
CP02-S2-028-238-UE.F	gll13171023 emb CAC33162.1 (AJ276331) pectate lyase A [Aspergillus niger]
CP02-S2-028-238-UE.G	gll117236 sp P19225 CPCM_RAT CYTOCHROME P450 2C22 (CYP11C22) (P450 MD) (P450 P49)
CP02-S2-028-240-UE.F	gll18545164 ref XP_060237.2 (XM_060237) hypothetical protein XP_060237 [Homo sapiens]
CP02-S2-028-240-UE.F	gll19112273 ref NP_595481.1 (NC_003423) aspartate aminotransferase, mitochondrial [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-241-UE.F	gll15220007 ref NP_178107.1 (NM_106638) putative helicase [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-028-244-UE.F	gll11359620 pir T48734 related to carboxylic acid transport protein JEN1 [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-000-148-UE.F	gll17985987 ref NP_536783.1 (NM_080522) belle; capon [Drosophila melanogaster]
CP02-S3-000-082-UC.F	gll16330137 ref NP_440865.1 (NC_000911) isoleucyl-tRNA synthetase [Synecocystis sp. PCC 6803]
CP02-S2-000-150-CL.F	gll15321714 gb AAK95561.1 (AF405548) UDP-glucose dehydrogenase Uxs2p [Filobasidiella neoformans]
CP02-S2-000-150-CL.F	gll15599552 ref NP_253046.1 (NC_002516) xenobiotic reductase [Pseudomonas aeruginosa]
CP02-S2-000-150-CL.F	gll462414 sp P34054 INA1_TRIHA AMINO-ACID PERMEASE INDA1
CP02-S2-000-150-CL.F	gll10946132 gb AAG24792.1 (AF264028) pol protein [Glomerella cingulata]
CP02-S2-000-167-UE.F	gll385152 gb AAC72747.1 (AF064069) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus eryngii]
CP02-S2-000-167-UE.F	gll19114951 ref NP_594039.1 (NC_003424) hypothetical zinc finger protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-167-UE.F	gll1073049 pir S51322 salicylate 1-monoxygenase (EC 1.14.13.1) - Pseudomonas putida
CP02-S2-000-168-UE.F	gll3293547 gb AAC25771.1 (AF072709) putative oxidoreductase [Streptomyces lividans]
CP02-S2-000-172-UC.F	gll7489212 pir T02995 unspecific monoxygenase (EC 1.14.14.1) - common tobacco
CP02-S2-000-172-UC.F	gll576483 gb AAC41684.1 (L37530) endo-beta-1,4-D-xylanase [Magnaporthe grisea]
CP02-S2-000-198-UC.F	gll16944432 emb CAD11430.1 (AL355927) conserved hypothetical protein [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-198-UC.F	gll19113201 ref NP_596409.1 (NC_003423) hypothetical protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-198-UC.F	gll19114004 ref NP_593092.1 (NC_003424) atp-dependent dna helicase hus2 [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-229-UE.F	gll9864778 ref NP_014882.2 (NC_001147) actin filament binding protein; Abp140p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-001-054-UC.R	gll16131560 ref NP_418147.1 (NC_000913) 2-oxo-3-deoxygalactonate 6-phosphate aldolase and galactonate dehydratase [E. coli K12]
CP02-S2-000-203-UC.F	gll13399278 emb CAC34731.1 (AJ310725) hypothetical protein [Yarrowia lipolytica]
CP02-S2-028-244-UE.F	gll10177643 dbj BAB10790.1 (AB028613) retroelement pol polyprotein-like [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-028-244-UE.R	gll15240690 ref NP_196874.1 (NM_121373) polyamine oxidase [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-028-245-UE.R	gll4101568 gb AAD10234.1 (AF004816) unknown [Triticum aestivum]
CP02-S2-028-245-UE.R	gll7444414 pir T02206 hypothetical protein - common tobacco retrotransposon Tto1

CP02-S2-028-245-UE.F	gii19075334[ref]NP_587834.1 (NC_003421) putative ubiquinone biosynthesis methyltransferase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-245-UE.R	gii10798449[emb]CAC12802.1 (AJ294936) glucose oxidase [Aspergillus niger]
CP02-S2-000-148-UE.F	gii126289[sp]P27457[LIGE_PSEPA BETA-ETHERASE (BETA-ARYL ETHER CLEAVING ENZYME)]
CP02-S3-000-082-UC.F	gii19114420[ref]NP_593508.1 (NC_003424) putative GTP cyclohydrolase, riboflavin biosynthesis [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-150-CL.F	gii20092508[ref]NP_618583.1 (NC_003552) conserved hypothetical protein [Methanosarcina acetivorans str. C2A]
CP02-S2-000-150-CL.F	gii5002510[dbj]BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-150-CL.F	gii2822116[sp]P16578[TRP_COPCI] Tryptophan synthase
CP02-S2-000-150-CL.F	gii6321837[ref]NP_011913.1 (NC_001140) arginine/alanine aminopeptidase; Asp1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-167-UE.F	gii180569[emb]CAA71652.1 (Y10627) ColH1 [Coprinopsis cinerea]
CP02-S2-000-167-UE.F	gii1073049[pir]S57322 salicylate 1-monoxygenase (EC 1.14.13.1) - Pseudomonas putida
CP02-S2-000-168-UE.F	gii7021380[gb]AAF35315.1 (AF221078) defender against cell death 1 [Gallus gallus]
CP02-S2-000-169-UC.F	gii5834678[emb]CAB55348.1 (AJ238716) acetyl xylan esterase [Ruminococcus flavefaciens]
CP02-S2-000-172-UC.F	gii5002510[dbj]BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-172-UE.F	gii6137048[emb]CAB59603.1 (AL132662) pyruvate carboxylase [Streptomyces coelicolor A3(2)]
CP02-S2-000-198-UC.F	gii19113557[ref]NP_596765.1 (NC_003423) fungal Zn(2)-Cys(6) binuclear cluster zinc finger transcription factor [S. pombe]
CP02-S2-000-198-UC.F	gii18376189[emb]CAD21305.1 (AL670007) probable benzoate 4-monoxygenase cytochrome P450 [Neurospora crassa]
CP02-S2-000-229-UE.F	gii16077466[ref]NP_388280.1 (NC_000964) phosphotransferase system (PTS) mannitol-specific enzyme IIABC component [B. subtilis]
CP02-S2-001-054-UC.R	gii3320413[gb]AAC26490.1 (AF036873) cellulose-binding beta-glucosidase [Phanerochaete chrysosporium]
CP02-S2-000-203-UC.F	gii19114742[ref]NP_593830.1 (NC_003424) protein kinase; yeast yak1 homolog [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-244-UE.F	gii3721844[dbj]BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinopsis cinerea]
CP02-S2-028-245-UE.R	gii12958592[gb]AAK09366.1 (AF321521_1 (AF321521) Nrg1 [Candida albicans]
CP02-S2-028-245-UE.R	gii11359490[pir]T51215 hypothetical protein B24M22.110 [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-028-245-UE.F	gii15235118[ref]NP_192784.1 (NM_117114) putative retrotransposon [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-028-245-UE.F	gii14278967[dbj]BAB59027.1 (AB057426) cytochrome P450 [Coriaria versicolor]
CP02-S2-028-245-UE.R	gii18567432[ref]XP_015875.2 (XM_015875) hypothetical protein FLJ11808 [Homo sapiens]
CP02-S2-000-150-CL.F	gii5002510[dbj]BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-150-UC.F	gii1154950[emb]CAA64392.1 (X94769) choline dehydrogenase [Rattus rattus]
CP02-S2-000-150-UC.F	gii19112716[ref]NP_595924.1 (NC_003423) amino acid permease [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-150-UE.F	gii111779[gb]AAA83254.1 (U18297) MST1 [Homo sapiens]
CP02-S2-000-151-UC.F	gii2133676[pir]S70430 hypothetical protein 4 - fruit fly (Drosophila melanogaster) retrotransposon mgd1
CP02-S2-000-151-UE.F	gii173146[gb]AAA68280.1 (M27174) carbamyl phosphate synthetase [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-172-UE.F	gii6137048[emb]CAB59603.1 (AL132662) pyruvate carboxylase [Streptomyces coelicolor A3(2)]

CP02-S2-000-221-UC.F	gii7444453 pir T10803 probable RNA-directed DNA polymerase (EC 2.7.7.49) - Volvox carteri f. nagariensis retrotransposon Lueckenbuesser
CP02-S2-000-174-UE.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-175-UC.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-175-UC.F	gii15611945 ref NP_223596.1 (NC_000921) D-Amino acid dehydrogenase [Helicobacter pylori J99]
CP02-S2-000-175-UC.F	gii7768638 dbj BAA95482.1 (AB026999) glia maturation factor beta [Cyprinus carpio]
CP02-S2-000-203-UC.F	gii5777601 emb CAB53471.1 (AJ243733) polymerase polypeptide [Lampetra fluviatilis]
CP02-S2-000-203-UC.F	gii1084499 pir S41735 cholesterol esterase - yeast (Candida rugosa)
CP02-S2-000-204-UC.F	gii9864060 gb AAG01290.1 (AF257215) cyclohexanone monooxygenase 2 [Brevibacterium sp. HCU]
CP02-S2-000-204-UC.F	gii1346227 sp P49075 GUX3_AGABI EXOGLUCANASE 3 PRECURSOR (EXOCCELLOBIOLHYDROLASE 3)
CP02-S2-001-054-UC.R	gii19112925 ref NP_596133.1 (NC_003423) putative mitochondrial inner membrane protease subunit [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-006-126-UC.R	gii6325104 ref NP_015172.1 (NC_001148) Required for DNA damage-induced, required for wild-type spore viability
CP02-S2-028-245-UE.F	gii7493997 pir S71461 proline-rich protein Rad9 - inky cap (Coprinus cinereus)
CP02-S2-028-245-UE.R	gii17063801 gb AAL35215.1 (AF419248) histone H3 methyltransferase DIM-5 [Neurospora crassa]
CP02-S2-028-245-UE.F	gii575393 emb CAA57938.1 (X82612) ATM1 [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-245-UE.R	gii19112963 ref NP_596171.1 (NC_003423) 26s proteasome regulatory subunit mts4 [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-246-UE.R	gii7489812 pir T02955 probable cytochrome P450 monooxygenase - maize (fragment)
CP02-S2-028-246-UE.F	gii19076029 ref NP_588529.1 (NC_003421) putative prephenate dehydrogenase [nadh+] [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-150-UC.F	gii14277800 pdb 1ICPIA Chain A, Crystal Structure Of 12-Oxophytodienate Reductase 1 From Tomato Complexed With Peg400
CP02-S2-000-150-UC.F	gii824721 emb CAB92912.1 (AJ277539) She9 protein [Candida albicans]
CP02-S2-000-150-UC.F	gii2500004 sp Q99148 PUR2_YARLI BIFUNCTIONAL PURINE BIOSYNTHETIC PROTEIN ADE1
CP02-S2-000-150-UE.F	gii3273348 dbj BAA31217.1 (AB015758) laccase [Schizophyllum commune]
CP02-S2-000-151-UC.F	gii15223982 ref NP_174966.1 (NM_103426) polypeptide, putative [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-000-151-UE.F	gii15964655 ref NP_385008.1 (NC_003047) PROBABLE RIBOFLAVIN BIOSYNTHESIS PROTEIN [Sinorhizobium meliloti]
CP02-S2-000-221-UC.F	gii11641382 gb AAG39455.1 (AF173167) probable 6-hydroxylase [Pseudomonas alcaligenes]
CP02-S2-000-174-UE.F	gii13171023 emb CAC33162.1 (AJ276331) pectate lyase A [Aspergillus niger]
CP02-S2-000-174-UE.F	gii2499717 1,4-alpha-galacturonidase (Poly(1,4-alpha-D-galacturonide)galacturonohydrolase)
CP02-S2-000-175-UC.F	gii156115570 ref NP_243874.1 (NC_002570) BH3008-unknown conserved protein [Bacillus halodurans]
CP02-S2-000-175-UC.F	gii4682559 emb CAB38058.1 (AJ010725) trehalose-6-phosphate synthase [Pichia angusta]
CP02-S2-000-222-UC.F	gii171768 gb AAA34712.1 (M19992) isoleucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.5) [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-000-203-UC.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-000-203-UC.F	gii6425168 gb AAC33526.2 (AF030881) pol polypeptide [Takifugu rubripes]

CP02-S2-000-204-UC.F	gii13936870 gbiAAK49976.1 (AF358434) lysyl oxidase [<i>Pichia pastoris</i>]
CP02-S2-000-204-UC.F	gii9501704 emb CAB99443.1 (AJ276219) putative epoxide hydrolase [<i>Stigmatella aurantiaca</i>]
CP02-S2-006-089-UC.R	gii466171 sp P33723 YPT1_NEUCR GTP-binding protein ypt1
CP02-S2-006-126-UC.R	gii16417948 gbiAAL18926.1 (AF429385_1) phosphomevalonate kinase [<i>Hevea brasiliensis</i>]
CP02-S2-028-245-UE.F	gii11544755 emb CAC17658.1 (AL450450) putative monooxygenase [<i>Streptomyces coelicolor</i>]
CP02-S2-028-245-UE.F	gii17063801 gbiAAL35215.1 (AF419248_1) histone H3 methyltransferase DIM-5 [<i>Neurospora crassa</i>]
CP02-S2-028-246-UE.F	gii238538 emb CAA04758.1 (AJ001430) L-mandelate dehydrogenase [<i>Rhodotorula graminis</i>]
CP02-S2-028-246-UE.F	gii15965342 ref NP_385695.1 (NC_003047) HYPOTHETICAL TRANSMEMBRANE PROTEIN [<i>Sinorhizobium meliloti</i>]
CP02-S2-028-267-UE.F	gii17248355 dbj BAA92704.1 (AB036886) reverse transcriptase [<i>Tricholoma bakamatsutake</i>]
CP02-S2-028-267-UE.F	gii10435893 dbj BAB14696.1 (AK023836) unnamed protein product [<i>Homo sapiens</i>]
CP02-S2-028-269-UE.F	gii6686411 gbi AAF23845.1 (AC007234_17) (AC007234) F1E22.3 [<i>Arabidopsis thaliana</i>]
CP02-S2-028-270-UE.F	gii19115426 ref NP_594514.1 (NC_003424) conserved hypothetical protein [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>]
CP02-S2-028-271-UE.F	gii7489212 pir T02995 unspecific monooxygenase (EC 1.14.14.1) - common tobacco
CP02-S2-028-271-UE.F	gii19113822 ref NP_592910.1 (NC_003424) general transcriptional repressor tup1 [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>]
CP02-S2-032-302-UE.F	gii4808124 emb CAB442792.1 (AJ238718) metalloendopeptidase (AMMEP) [<i>Armillaria mellea</i>]
CP02-S2-032-304-UE.F	gii22001275 gbi AAM88378.1 (AF525129_1) (AF525129) protein phosphatase type 1 beta isoform [<i>Canis familiaris</i>]
CP02-S2-032-304-UE.F	gii1514667 emb CAA63285.1 (X92509) <i>crp1</i> [<i>Ustilago maydis</i>]
CP02-S2-032-305-UE.F	gii6467900 gbi AAF13230.1 (AF196975_1) (AF196975) inosine 5'-monophosphate dehydrogenase [<i>Pneumocystis carinii</i>]
CP02-S2-032-306-UE.F	gii4887632 dbj BAA77816.1 (AB027513) polyprotein [<i>Tricholoma matsutake</i>]
CP02-S2-032-306-UE.F	gii632186 ref NP_011937.1 (NC_001140) tRNA modification enzyme; Trm5p [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]
CP02-S2-033-319-UE.F	gii21299918 gbi EAA12063.1 (AAAB01008963) agCP9072 [<i>Anopheles gambiae</i> str. PEST]
CP02-S2-033-319-UE.F	gii13489174 gbi AAK27808.1 (AC022457_11) (AC022457) putative peroxin [<i>Oryza sativa</i>]
CP02-S2-033-320-UE.F	gii3721844 dbj BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [<i>Coprinopsis cinerea</i>]
CP02-S2-033-322-UE.F	gii1083642 gbi AAC52312.1 (U37466) protein tyrosine phosphatase phi, short insert variant [<i>Mus musculus</i>]
CP02-S2-033-324-UE.F	gii15226852 ref NP_178309.1 (NM_126261) putative glutamate decarboxylase [<i>Arabidopsis thaliana</i>]
CP02-S2-033-323-UE.F	gii21326182 gbi AAK71878.1 (AY043351) adenylate cyclase [<i>Emicella nidulans</i>]
CP02-S2-028-246-UE.R	gii17063801 gbi AAL35215.1 (AF419248_1) (AF419248) histone H3 methyltransferase DIM-5 [<i>Neurospora crassa</i>]
CP02-S2-028-248-UE.F	gii1911212 ref NP_595329.1 (NC_003423) MFS drug efflux transporter of unknown specificity [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>]
CP02-S2-028-267-UE.F	gii13508934 emb CAC35202.1 (AJ276119) endochitinase [<i>Amanita muscaria</i>]
CP02-S2-028-267-UE.F	gii15865513 emb CAC82078.1 (AJ292542) ATP sulphurylase [<i>Aspergillus fumigatus</i>]
CP02-S2-028-269-UE.F	gii7489212 pir T02995 unspecific monooxygenase (EC 1.14.14.1) - common tobacco
CP02-S2-028-270-UE.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [<i>Tricholoma matsutake</i>]

CP02-S2-028-271-UE.F	g 12643405 sp P10072 HKR1_HUMAN Krueppel-related zinc finger protein 1 (HKR1 protein)
CP02-S2-028-271-UE.F	g 19075701 ref NP_588201.1 (NC_003421) putative nucleotide phosphatase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-032-303-UE.F	g 17302098 gb AAAF57199.1 (AE003779) CG2118 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-032-304-UE.F	g 1524361 emb CAA69030.1 (Y07750) protein kinase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-032-304-UE.F	g 16129429 ref NP_415987.1 (NC_000913) orf, hypothetical protein [Escherichia coli K12]
CP02-S2-032-305-UE.F	g 6323768 ref NP_013839.1 (NC_001145) AICAR transformylase/IMP cyclohydrolase, Ade17p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-306-UE.F	g 2133315 pir JC4255 met-10+ protein - Neurospora crassa
CP02-S2-032-307-UE.F	g 12060546 gb AAG48160.1 AF129497_1 (AF129497) class I alpha-mannosidase 1A [Aspergillus nidulans]
CP02-S2-033-319-UE.F	g 13124827 sp P76121 YDDH_ECOLI Hypothetical protein yddH
CP02-S2-033-320-UE.F	g 3721844 dbj BA4433717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinopsis cinerea]
CP02-S2-033-321-UE.F	g 10119790 dbj BAB13480.1 (AB048606) isoamyl alcohol oxidase [Aspergillus oryzae]
CP02-S2-033-323-UE.F	g 21326182 gb AAK71878.1 (AY043351) adenylate cyclase [Emicella nidulans]
CP02-S2-033-324-UE.F	g 3721844 dbj BA4433717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinopsis cinerea]
CP02-S2-033-324-UE.F	g 15226852 ref NP_178309.1 (NM_126261) putative glutamate decarboxylase [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-028-248-UE.R	g 2370371 emb CAA74987.1 (Y14657) hydrophobin [Pleurotus ostreatus]
CP02-S2-028-248-UE.R	g 13346474 gb AAK19753.1 AF352031_1 (AF352031) necrosis-inducing protein NPP1 [Phytophthora parasitica]
CP02-S2-028-249-UE.F	g 18034783 ref NP_542148.1 (NM_080581) ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 3 [Rattus norvegicus]
CP02-S2-028-249-UE.F	g 4583427 gb AAD25080.1 AF126158_1 (AF126158) glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase [Cryptococcus curvatus]
CP02-S2-028-249-UE.F	g 6321693 ref NP_011770.1 (NC_001139) enolase I; Eno1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-249-UE.F	g 15278108 gb AAK94039.1 AF401237_1 (AF401237) cystathionine beta-lyase [Neurospora crassa]
CP02-S2-028-272-UE.F	g 1589929 gb AAB09711.1 (U70673) phosphoribosylaminimidazole carboxylase [Filobasidiella neoformans]
CP02-S2-028-275-UE.F	g 19113184 ref NP_596392.1 (NC_003423) coiled coil protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-275-UE.F	g 6320095 ref NP_010175.1 (NC_001136) serine-threonine kinase, subunit of transcription factor TFIIK [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-275-UE.F	g 16580723 dbj BAB71735.1 (AB027512) tyrosinase [Lentinula edodes]
CP02-S2-028-276-UE.F	g 19862908 sp Q09915 YAK1_SCHPO Hypothetical protein C1F7.01c in chromosome I
CP02-S2-028-277-UE.F	g 12584217 gb AAG59831.1 AF329731_1 (AF329731) beta-glucosidase [Volvariella volvacea]
CP02-S2-032-307-UE.F	g 7248355 dbj BA492704.1 (AB036886) reverse transcriptase [Tricholoma bakamatsutake]
CP02-S2-032-308-UE.F	g 1805691 emb CAA71652.1 (Y10627) CoH1 [Coprinopsis cinerea]
CP02-S2-032-309-UE.F	g 3851524 gb AACCT2747.1 (AF084069) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus eryngii]
CP02-S2-032-309-UE.F	g 7489212 pir T02995 unspecific monooxygenase (EC 1.14.14.1) - common tobacco
CP02-S2-032-314-UE.F	g 20534288 ref XP_115722.1 (XM_115722) similar to malonyl-CoA decarboxylase (EC 4.1.1.9) - goose [Homo sapiens]
CP02-S2-032-325-UE.F	g 12321670 gb AAG50872.1 AC025294_10 (AC025294) tRNA-guanine transglycosylase, putative [Arabidopsis thaliana]

CP02-S2-033-326-UE.F	g 12267601 gb AAC49958.1 (AF009417) cytochrome P450 [Myrothecium roridum]
CP02-S2-033-326-UE.F	g 17493928 pir JC5546 chitin synthase (EC 2.4.1.16) asmA - Emericella nidulans
CP02-S2-033-328-UE.F	g 12833237 sp Q12739 LAC2_PLEOS LACCASE 2 PRECURSOR
CP02-S2-033-350-UE.F	g 13386276 ref NP_082279.1 (NM_028003) RIKEN cDNA 2310042P20 [Mus musculus]
CP02-S2-033-351-UE.F	g 13475728 ref NP_107295.1 (NC_002678) probable oxidoreductase [Mesorhizobium loti]
CP02-S2-033-353-UE.F	g 19114161 ref NP_503249.1 (NC_003424) glp-binding protein ryl1 [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-248-UE.F	g 17522604 pir T18348 probable pol polyprotein, truncated - rice blast fungus magnaporthe gypsy retrotransposon
CP02-S2-028-249-UE.F	g 11359665 pir T49355 related to protein arginine N-methyltransferase 3 [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-028-249-UE.F	g 13721844 dbj BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinosia cinerea]
CP02-S2-028-249-UE.F	g 6320538 ref NP_010618.1 (NC_001136) Protein involved in the attachment of glycosylphosphatidylinositol (GPI) anchors to proteins
CP02-S2-028-249-UE.F	g 15239342 ref NP_198470.1 (NM_123012) acyl-peptide hydrolase-like [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-028-249-UE.F	g 17737463 ref NP_523719.1 (NM_078995) Imitation SWI; Nucleosome remodeling factor [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-028-272-UE.F	g 1514667 emb CAA63265.1 (X92509) crg1 [Ustilago maydis]
CP02-S2-028-275-UE.F	g 13774093 gb AAK38156.1 (AY029595) putative beta-glucan synthesis-associated protein [Schizophyllum commune]
CP02-S2-028-275-UE.F	g 19112818 ref NP_596026.1 (NC_003423) pim1 GTPase protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-276-UE.F	g 5524675 gb AAD44336.1 AF159511.1 (AF159511) calcineurin A catalytic subunit [Filobasidiella neoformans]
CP02-S2-028-276-UE.F	g 5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-028-279-UE.F	g 19844082 emb CAC03748.1 (AJ290951) cAMP-dependent protein kinase catalytic subunit [Botryotinia fuckeliana]
CP02-S2-032-308-UE.F	g 121429778 gb AAM50567.1 (AY118707) AT22983p [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-032-309-UE.F	g 120825813 ref XP_136292.1 (XM_136292) similar to KIAA0326 [Mus musculus]
CP02-S2-032-309-UE.F	g 12229734 sp O00061 CP67_UROFA Cytochrome P450 67 (CYPLXVII) (Planta-induced rust protein 16)
CP02-S2-032-314-UE.F	g 120534288 ref XP_115722.1 (XM_115722) similar to malonyl-CoA decarboxylase (EC 4.1.1.9) - goose [Homo sapiens]
CP02-S2-032-325-UE.F	g 120161769 dbj BAB90885.1 (AP004225) putative ubiquitin-specific protein [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]
CP02-S2-032-325-UE.F	g 11993465 gb AAG42751.1 AF302660_1 (AF302660) ubiquitin-specific protease 6 [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-033-326-UE.F	g 12267601 gb AAC49958.1 (AF009417) cytochrome P450 [Myrothecium roridum]
CP02-S2-033-327-UE.F	g 121296049 gb EAA08194.1 (AAAB01008859) agCP1644 [Anopheles gambiae str. PEST]
CP02-S2-033-328-UE.F	g 1280490 pir S23569 gag polyprotein homolog - fungus (Cladosporium fulvum) retrotransposon CRT-1
CP02-S2-033-350-UE.F	g 14468097 emb CAB38005.1 (AJ223504) amino acid transporter [Amanita muscaria]
CP02-S2-033-352-UE.F	g 14530069 emb CAC42218.1 (AJ309282) ABC transporter protein [Emericella nidulans]
CP02-S2-033-354-UE.F	g 11359660 pir T51029 related to pathway-specific nitrogen regulator [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-028-249-UE.F	g 19115492 ref NP_594580.1 (NC_003424) ypt1-related protein 2 [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-249-UE.F	g 14149663 ref NP_055883.1 (NM_015068) paternally expressed 10 [Homo sapiens]

CP02-S2-028-250-UE.F	gii19075231 ref NP_587731.1 (NC_003421) helicase with SNF2 domain [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-250-UE.F	gii4127288 emb CAA09013.1 (AJ010143) phenylalanine aminonium lyase [Amanita muscaria]
CP02-S2-028-250-UE.F	gii224557 prf 11083008 protein 33kD,Pro rich [Daucus carota]
CP02-S2-028-250-UE.F	gii280490 prf S23569 gag polyprotein homolog - fungus [Cladosporium fulvum] retrotransposon CTF-1
CP02-S2-028-279-UE.F	gii668641 gb AAAF23845.1 AC007234_17 (AC007234) F1E22.3 [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-028-280-UE.F	gii11359620 prf T48734 related to carboxylic acid transport protein JEN1 [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-028-281-UE.F	gii16767034 ref NP_462649.1 (NC_003197) putative alpha-xylosidase [Salmonella typhimurium LT2]
CP02-S2-028-282-UE.F	gii6324103 ref NP_014172.1 (NC_001146) Hypothetical ORF; Ynl227cp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-282-UE.F	gii11359626 prf T49739 related to cycloheximide resistance protein [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-028-282-UE.F	gii11595659 emb CAC18281.1 (AL451020) related to anaphase control protein cut9 [Neurospora crassa]
CP02-S2-032-330-UE.F	gii1656646 gb AAAF04628.1 AF099904_1 (AF099904) neutral protease I [Aspergillus oryzae]
CP02-S2-032-330-UE.F	gii15077709 gb AAK83300.1 AF367367_1 (AF367367) gephyrin-like protein [Emmericella nidulans]
CP02-S2-032-330-UE.F	gii14456054 emb CAC40648.2 (AJ315566) putative prolyl aminopeptidase [Aspergillus nidulans]
CP02-S2-032-331-UE.F	gii6319809 ref NP_009890.1 (NC_001135) Glucose phosphorylation; Glik1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-332-UE.F	gii14530085 emb CAC42216.1 (AJ309280) ABC transporter protein [Emmericella nidulans]
CP02-S2-032-333-UE.F	gii130117 sp P15710 PHO4_NEUCR PHOSPHATE-REPRESSIBLE PHOSPHATE PERMEASE
CP02-S2-033-354-UE.F	gii1710860 sp P16933 SC3_SCHCO FRUITING BODY PROTEIN SC3 PRECURSOR (HYDROPHOBIN SC3)
CP02-S2-033-355-UE.F	gii15802125 ref NP_288147.1 (NC_002655) phenylalanine tRNA synthetase, beta-subunit [Escherichia coli O157:H7 EDL933]
CP02-S2-033-356-UE.F	gii3721844 dbj BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinopsis cinerea]
CP02-S2-033-356-UE.F	gii4200031 dbj BAA74458.1 (AB022429) cellobiohydrolase II [Acremonium cellulolyticus Y-94]
CP02-S2-033-356-UE.F	gii16763293 ref NP_458910.1 (NC_003198) Bacteriophage P4 DNA primase [Salmonella enterica subsp. enterica serovar Typhij]
CP02-S2-033-357-UE.F	gii7514945 prf T09056 glucan 1,3-beta-glucosidase (EC 3.2.1.58) - Ampelomyces quisqualis
CP02-S2-028-249-UE.F	gii2995847 gb AAC08353.1 (AF053229) calcium/proton exchanger [Neurospora crassa]
CP02-S2-028-250-UE.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-028-250-UE.F	gii19113917 ref NP_593005.1 (NC_003424) serine/threonine-protein kinase mkk1 [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-250-UE.F	gii1589608 ref NP_349430.1 (NC_003030) Intracellular protease/amidase related enzyme (ThiJ family) [Clostridium acetobutylicum]
CP02-S2-028-250-UE.F	gii7649674 emb CAB89115.1 (AJ276129) geranylgeranyl pyrophosphate synthase [Mucor circinelloides f. lusitanicus]
CP02-S2-028-250-UE.F	gii7649674 emb CAB89115.1 (AJ276129) geranylgeranyl pyrophosphate synthase [Mucor circinelloides f. lusitanicus]
CP02-S2-028-280-UE.F	gii117803 sp P09437 CYB2_HANAN Cytochrome B2, mitochondrial precursor
CP02-S2-028-280-UE.F	gii14279690 gb AAK58691.1 AF272849_1 (AF272849) nitrogen regulatory protein OTam [Aspergillus oryzae]
CP02-S2-028-282-UE.F	gii417249 sp P20261 LIP1_CANRU LIPASE 1 PRECURSOR
CP02-S2-028-282-UE.F	gii16944572 emb CAD11356.1 (AL451018) conserved hypothetical protein [Neurospora crassa]

CP02-S2-028-282-UE.F	gii19552333 ref NP_600335.1 (NC_003450) COG1113:Gamma-aminobutyrate permease [<i>Corynebacterium glutamicum</i>]
CP02-S2-028-283-UE.F	gii4102999 gb AAD01641.1 (AF019630) pathogenicity protein [Magnaporthe grisea]
CP02-S2-032-330-UE.F	gii116306 sp P29026 CHI1_RHIOL CHITINASE 1 PRECURSOR
CP02-S2-032-330-UE.F	gii20534288 ref XP_115722.1 (XM_115722) similar to malonyl-CoA decarboxylase (EC 4.1.1.9) - goose [Homo sapiens]
CP02-S2-032-330-UE.F	gii11359441 pir T49482 hypothetical protein B14D6.340 [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-032-331-UE.F	gii6319809 ref NP_009890.1 (NC_001135) Glucose phosphorylation; Glik1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-332-UE.F	gii15804520 ref NP_290560.1 (NC_002655) menaquinone biosynthesis, unknown [Escherichia coli O157:H7 EDL933]
CP02-S2-032-333-UE.F	gii21222758 ref NP_628537.1 (NC_003888) putative oxidoreductase [Streptomyces coelicolor A3(2)]
CP02-S2-033-354-UE.F	gii4062844 dbj BAA36160.1 (AB009410) beta-glucosidase [Bacillus sp.]
CP02-S2-033-355-UE.F	gii16132231 ref NP_418216.1 (NC_000913) Acetolactate synthase II, large subunit [Escherichia coli K12]
CP02-S2-033-356-UE.F	gii4200031 dbj BAA74458.1 (AB022429) cellobiohydrolase II [Acremonium cellulositricus Y-94]
CP02-S2-033-356-UE.F	gii4200031 dbj BAA74458.1 (AB022429) cellobiohydrolase II [Acremonium cellulositricus Y-94]
CP02-S2-033-357-UE.F	gii3721844 dbj BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinopsis cinerea]
CP02-S2-033-358-UE.F	gii130826 sp P08299 PRIA_TOBAC Pathogenesis-related protein 1A precursor (PR-1A)
CP02-S2-028-251-UE.F	gii9957089 gb AAG09209.1 (AF175685_1) (AF175685) mannitol-1-phosphate dehydrogenase [Cryptococcus neoformans]
CP02-S2-028-251-UE.F	gii19113372 ref NP_596580.1 (NC_003423) putative vacuolar protein sorting-associated protein. [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-251-UE.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-028-252-UE.F	gii18389308 dbj BAB884123.1 (AB055079) PGT-2 [Lithospermum erythrorhizon]
CP02-S2-028-252-UE.F	gii6322405 ref NP_012479.1 (NC_001142) Zinc-regulated DNA binding protein involved in zinc ion homeostasis [S. cerevisiae]
CP02-S2-028-254-UE.F	gii3851524 gb AAC72747.1 (AF064069) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus eryngii]
CP02-S2-028-283-UE.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-028-283-UE.F	gii10190704 ref NP_065715.1 (NM_020664) peroxisomal 2,4-dienoyl-CoA reductase [Homo sapiens]
CP02-S2-028-284-UE.F	gii19113380 ref NP_596588.1 (NC_003423) ornithine aminotransferase (EC 2.6.1.13) [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-284-UE.F	gii128829 sp P24917 NUBM_NEUCR NADH-ubiquinone oxidoreductase 51 kDa subunit, mitochondrial precursor
CP02-S2-028-284-UE.F	gii19115341 ref NP_594429.1 (NC_003424) probable phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-285-UE.F	gii19075727 ref NP_588227.1 (NC_003421) replication factor-a protein 2 [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-032-334-UE.F	gii2497987 sp Q01356 AR13_NEUCR Amino acid transporter arg-13
CP02-S2-032-335-UE.F	gii7413519 emb CAB85701.1 (AJ271708) cytochrome P450 [Agaricus bisporus]
CP02-S2-032-335-UE.F	gii16122393 ref NP_405706.1 (NC_003143) L-asparaginase I [Yersinia pestis]
CP02-S2-032-337-UE.F	gii15241078 ref NP_200404.1 (NM_124975) sexual differentiation process protein ISP4-like [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-032-338-UE.F	gii12854401 gb AAH01025.1 AAH01025 (BC001025) Similar to RNA cyclase homolog [Homo sapiens]
CP02-S2-032-338-UE.F	gii19113735 ref NP_592823.1 (NC_003424) putative NADPH dehydrogenase [Schizosaccharomyces pombe]

CP02-S2-033-359-UE.F	g 2826168 dbj BAA61829.1 (AB010714) salicylate hydroxylase [<i>Pseudomonas putida</i>]
CP02-S2-033-359-UE.F	g 5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [<i>Tricholoma matsutake</i>]
CP02-S2-033-360-UE.F	g 5915858 sp O48922 C982_SOYBN CYTOCHROME P450 98A2
CP02-S2-033-360-UE.F	g 4468097 emb CAB38005.1 (AJ223504) amino acid transporter [<i>Amanita muscaria</i>]
CP02-S2-033-360-UE.F	g 13508934 emb CAC35202.1 (AJ276119) endochitinase [<i>Amanita muscaria</i>]
CP02-S2-033-365-UE.F	g 22450593 gb AAM97165.1 (AC091775) putative oxysterol binding protein [Onza sativa (japonica cultivar-group)]
CP02-S2-028-251-UE.F	g 16307131 gb AAH09653.1 AAH09653 (BC009653) puromycin-sensitive aminopeptidase [<i>Mus musculus</i>]
CP02-S2-028-251-UE.F	g 913016 gb AAB33744.1 (S76267) Ssq2 homolog [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>]
CP02-S2-028-252-UE.F	g 11544755 emb CAC17658.1 (AL450450) putative monooxygenase [<i>Streptomyces coelicolor</i>]
CP02-S2-028-252-UE.F	g 18376330 emb CAD21076.1 (AL669988) related to high-affinity iron permease [<i>Neurospora crassa</i>]
CP02-S2-028-252-UE.F	g 17561656 ref NP_506381.1 (NM_073980) Yeast cosmid 9642 hypothetical protein like [<i>Caenorhabditis elegans</i>]
CP02-S2-028-254-UE.F	g 13621068 gb AAK33073.1 AF359360_5 (AF359360) cytochrome P450 [<i>Fusarium sporotrichioides</i>]
CP02-S2-028-283-UE.F	g 585147 sp P38094 FLUG_EMENI Flug protein
CP02-S2-028-284-UE.F	g 21616728 gb AAM66348.1 AF491760_1 (AF491760) laccase 2 [<i>basidiomycete C30</i>]
CP02-S2-028-284-UE.F	g 5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [<i>Tricholoma matsutake</i>]
CP02-S2-028-284-UE.F	g 11321444 gb AAG34171.1 AF314225_1 (AF314225) chitinase [<i>Aspergillus nidulans</i>]
CP02-S2-028-285-UE.F	g 7522604 pir T178348 probable pol polyprotein, truncated - rice blast fungus magnaporthe gypsy retrotransposon
CP02-S2-028-286-UE.F	g 5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [<i>Tricholoma matsutake</i>]
CP02-S2-032-335-UE.F	g 15889339 ref NP_355020.1 (NC_003062) AGR_C_3718p [<i>Agrobacterium tumefaciens</i> str. C58 (Cereon)]
CP02-S2-032-335-UE.F	g 21401276 ref NP_657261.1 (NC_003995) hypothetical protein predicted by GeneMark [<i>Bacillus anthracis A2012</i>]
CP02-S2-032-336-UE.F	g 19112158 ref NP_595366.1 (NC_003423) possibly involved in ergosterol biosynthesis [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>]
CP02-S2-032-337-UE.F	g 13443031 ref NP_064601.2 (NM_020216) arginyl aminopeptidase (aminopeptidase B) [<i>Homo sapiens</i>]
CP02-S2-032-338-UE.F	g 7078579 emb CAB75644.1 (AL157416) possible geranylgeranyl diphosphate synthase [<i>Leishmania major</i>]
CP02-S2-032-338-UE.F	g 19075852 ref NP_588352.1 (NC_003421) aspartyl-tRNA synthetase, cytoplasmic [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>]
CP02-S2-033-359-UE.F	g 19075695 ref NP_588195.1 (NC_003421) putative Golgi membrane protein [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>]
CP02-S2-033-359-UE.F	g 5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [<i>Tricholoma matsutake</i>]
CP02-S2-033-360-UE.F	g 5915858 sp O48922 C982_SOYBN CYTOCHROME P450 98A2
CP02-S2-033-360-UE.F	g 5915858 sp O48922 C982_SOYBN CYTOCHROME P450 98A2
CP02-S2-033-363-UE.F	g 6015089 sp P46075 ELM2_ASPFU EXTRACELLULAR ELASTINOLYTIC METALLOPROTEINASE PRECURSOR
CP02-S2-033-369-UE.G	g 14192678 gb AAC49868.2 (U81509) urease [<i>Coccidioides immitis</i>]
CP02-S2-028-256-UE.F	g 5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [<i>Tricholoma matsutake</i>]
CP02-S2-028-256-UE.F	g 12698634 gb AAK01619.1 AF314096_2 (AF314096) polymerase [<i>Magnaporthe grisea</i>]

CP02-S2-028-257-UE.F	gii171642 gb AA34744.1 (M12893) alpha-isopropylmalate synthase (EC 4.1.3.12) short form [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-257-UE.F	gii15928446 gb AAH14703.1 AAH14703 (BC014703) Similar to U3 snoRNP-associated 55-kDa protein [Mus musculus]
CP02-S2-028-258-UE.F	gii3567 emb CAA39263.1 (X55731) COX11 (AA 1-277) [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-260-UE.F	gii730714 sp Q04791 SASB_ANAPL FATTY ACYL-COA HYDROLASE PRECURSOR, MEDIUM CHAIN (THIOESTERASE B)
CP02-S2-028-286-UE.F	gii5002509 dbj BAA78624.1 (AB028236) Gag [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-028-287-UE.F	gii234325 gb AAB19615.1 (S57891) 56 kda [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-287-UE.F	gii13399278 emb CAC34731.1 (AJ310725) hypothetical protein [Yarrowia lipolytica]
CP02-S2-028-288-UE.F	gii7248355 dbj BAA92704.1 (AB036886) reverse transcriptase [Tricholoma bakamatsutake]
CP02-S2-030-374-UC.F	gii13399278 emb CAC34731.1 (AJ310725) hypothetical protein [Yarrowia lipolytica]
CP02-S2-032-293-UE.F	gii12642955 gb AAG12164.1 (AY005479) ornithine aminotransferase [Xenopus laevis]
CP02-S2-032-338-UE.F	gii1084960 pir S41092 triacylglycerol lipase (EC 3.1.1.3) precursor - yeast (Geotrichum candidum) (strain NRRL Y-552)
CP02-S2-032-341-UE.F	gii6319809 ref NP_008890.1 (NC_001135) Glucose phosphorylation; Glk1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-341-UE.F	gii121219287 ref NP_625066.1 (NC_003888) putative oxidoreductase [Streptomyces coelicolor A3(2)]
CP02-S2-032-341-UE.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-032-342-UE.F	gii6319809 ref NP_008890.1 (NC_001135) Glucose phosphorylation; Glk1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-344-UE.F	gii171737 gb AAA34698.1 (M14410) hexokinase (HXK1) [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-033-370-UE.G	gii1589929 gb AAB09711.1 (U70873) phosphoribosylaminoimidazole carboxylase [Filobasidiella neoformans]
CP02-S2-033-371-UE.F	gii12718384 emb CAC28692.1 (AL513444) related to MEVALONATE KINASE [Neurospora crassa]
CP02-S3-000-038-UC.F	gii15642449 ref NP_232082.1 (NC_002505) sensor histidine kinase/response regulator [Vibrio cholerae]
CP02-S3-000-064-UC.F	gii3293547 gb AAC25771.1 (AF072709) putative oxidoreductase [Streptomyces lividans]
CP02-S3-000-064-UC.F	gii15600427 ref NP_253921.1 (NC_002516) probable oxidoreductase [Pseudomonas aeruginosa]
CP02-S3-000-067-UC.G	gii11249676 pir T51214 related to trichodlene oxygenase cytochrome P450 [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-028-256-UE.F	gii6325112 ref NP_015180.1 (NC_001148) implicated in ergosterol biosynthesis and regulation of Golgi-derived transport vesicle
CP02-S2-028-256-UE.F	gii1004217 emb CAA61858.1 (X89714) rhamnogalacturonan acetyltransferase [Aspergillus aculeatus]
CP02-S2-028-257-UE.F	gii15224043 ref NP_178544.1 (NM_126496) putative retroelement pol polyprotein [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-028-258-UE.F	gii13277936 gb AAH03836.1 AAH03836 (BC003836) Unknown (protein for MGC-6336) [Mus musculus]
CP02-S2-028-258-UE.F	gii3851524 gb AAC72747.1 (AF064069) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus eryngii]
CP02-S2-028-260-UE.F	gii19112227 ref NP_595435.1 (NC_003423) valyl-tRNA synthetase, mitochondrial precursor [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-287-UE.F	gii19115899 ref NP_594987.1 (NC_003424) putative pheromone response and mating-type determination protein [S.pombe]
CP02-S2-028-287-UE.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-028-287-UE.F	gii10120809 pdb 1FH9 A Chain A, Crystal Structure Of The Xylanase Cex With Xylobiose- Derived Lactam Oxime Inhibitor
CP02-S2-029-333-UC.F	gii16805251 ref NP_473279.1 (NC_000521) hypothetical protein, PFC0730w [Plasmodium falciparum]

CP02-S2-030-374-UC.F	gll13399278 emb CAC34731.1 (AJ310725) hypothetical protein [Yarrowia lipolytica]
CP02-S2-032-293-UE.F	gll19113398 ref NP_596606.1 (NC_003423) putative GTP CYCLOHYDROLASE II [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-032-340-UE.F	gll19113394 ref NP_596602.1 (NC_003423) SNF2 family dna repair protein by similarity [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-032-341-UE.F	gll20145238 emb CAD29595.1 (AL731691) possible basic proline-rich protein [Aspergillus fumigatus]
CP02-S2-032-341-UE.F	gll6319809 ref NP_009890.1 (NC_001135) Glucose phosphorylation; Glk1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-342-UE.F	gll6319809 ref NP_009890.1 (NC_001135) Glucose phosphorylation; Glk1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-344-UE.F	gll17413519 emb CAB85701.1 (AJ271708) cytochrome P450 [Agaricus bisporus]
CP02-S2-032-345-UE.F	gll171737 gb AAA34698.1 (M14410) hexokinase (HXK1) [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-033-370-UE.F	gll1589929 gb AAB09711.1 (U70673) phosphoribosylaminimidazole carboxylase [Filobasidiella neoformans]
CP02-S2-033-373-UE.F	gll6320548 ref NP_010628.1 (NC_001136) Protein required for cell viability; Ydr341cp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S3-000-038-UC.F	gll6015071 sp O87844 EFG2_STRCO Elongation factor G 2 (EF-G 2)
CP02-S3-000-064-UC.F	gll15236371 ref NP_193125.1 (NM_117463) glycine hydroxymethyltransferase - like protein [Arabidopsis thaliana]
CP02-S3-000-064-UC.F	gll11386713 sp Q9VMN8 C6AG_DROME Probable cytochrome P450 6a16 (CYP6A16)
CP02-S3-000-067-UC.G	gll6325116 ref NP_015184.1 (NC_001148) Hypothetical ORF; Ypl141cp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-260-UE.F	gll11359620 pir T48734 related to carboxylic acid transport protein JEN1 [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-028-260-UE.F	gll19112877 ref NP_596085.1 (NC_003423) ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-260-UE.F	gll11321444 gb AAG34171.1 AF314225_1 (AF314225) chitinase [Aspergillus nidulans]
CP02-S2-028-261-UE.F	gll5052967 gb AAD38786.1 AF151533_1 (AF151533) polyketide synthase [Nodulisporium sp. ATCC74245]
CP02-S2-028-261-UE.F	gll15217332 gb AAK92670.1 AC090714_3 (AC090714) putative gag-pol precursor [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]
CP02-S2-028-261-UE.F	gll12044304 gb AAG47792.1 AF311738_8 (AF311738) BioF [Mesorhizobium loti]
CP02-S2-032-293-UE.F	gll16121568 ref NP_404881.1 (NC_003143) putative tryptophan-specific transport protein [Yersinia pestis]
CP02-S2-032-293-UE.F	gll19113398 ref NP_596606.1 (NC_003423) putative GTP CYCLOHYDROLASE II [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-032-294-UE.F	gll15830287 ref NP_309060.1 (NC_002695) putative ATP-binding component of a transport system [Escherichia coli O157:H7]
CP02-S2-032-295-UE.F	gll280492 pir S23570 pol polyprotein homolog - fungus (Cladosporium fulvum) retrotransposon CTT-1 (fragment)
CP02-S2-032-295-UE.F	gll6319809 ref NP_009890.1 (NC_001135) Glucose phosphorylation; Glk1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-295-UE.F	gll628660 pir S37755 Adenylyl-transferase - Escherichia coli
CP02-S2-032-346-UE.F	gll2967840 gb AAC05835.1 (AF052430) c-Src kinase [Xenopus laevis]
CP02-S2-032-346-UE.F	gll6319809 ref NP_009890.1 (NC_001135) Glucose phosphorylation; Glk1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-346-UE.F	gll21542288 sp Q96UB1 TMLH_NEUCR Trimethyllysine dioxygenase (TML hydroxylase)
CP02-S2-032-346-UE.F	gll171737 gb AAA34698.1 (M14410) hexokinase (HXK1) [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-347-UE.F	gll3320413 gb AAC26490.1 (AF036873) cellulose-binding beta-glucosidase [Phanerochaete chrysosporium]
CP02-S2-032-348-UE.F	gll19114552 ref NP_593640.1 (NC_003424) probable alanyl-tRNA synthetase, cytoplasmic [Schizosaccharomyces pombe]

CP02-S3-000-067-UC.G	g 12594217 gb AAG59831.1 AF329731_1 (AF329731) beta-glucosidase [Volvariella volvacea]
CP02-S3-000-075-UC.F	g 6908855 gb AAF31169.1 AF143814_1 (AF143814) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus pulmonarius]
CP02-S3-000-075-UC.F	g 5270 emb CAA36873.1 X52648) p68 protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S3-000-075-UC.F	g 16758380 ref NP_446048.1 (NM_053596) endothelin-converting enzyme 1 [Rattus norvegicus]
CP02-S3-000-082-UC.F	g 13242052 gb AAK16332.1 AF331043_12 (AF331043) putative phthalate ester hydrolase [Arthrobacter keyseri]
CP02-S3-000-082-UC.F	g 19114420 ref NP_593508.1 (NC_003424) putative GTP cyclohydrolase, riboflavin biosynthesis [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-260-UE.F	g 4026 emb CAA446011.1 X64763) NAM8 [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-260-UE.F	g 15077763 gb AAK83327.1 (AF368901) chimeric spermidine synthase/saccharopine dehydrogenase [Filobasidiella neoformans]
CP02-S2-028-261-UE.F	g 10048462 ref NP_065266.1 (NM_020520) mitochondrial carnitine-acylcarnitine translocase gene [Mus musculus]
CP02-S2-028-261-UE.F	g 2133348 pir S69204 pheromone response factor 1 - smut fungus (Ustilago maydis)
CP02-S2-028-261-UE.F	g 6321498 ref NP_011575.1 (NC_001139) 5'-phosphoribosylformyl glycnamidine synthetase, Ade6p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-262-UE.F	g 17531677 ref NP_496136.1 (NM_063735) high-density lipoprotein-binding protein [Caenorhabditis elegans]
CP02-S2-032-293-UE.F	g 12642955 gb AAG12164.1 (AY005479) ornithine aminotransferase [Xenopus laevis]
CP02-S2-032-293-UE.F	g 16121568 ref NP_404881.1 (NC_003143) putative tryptophan-specific transport protein [Yersinia pestis]
CP02-S2-032-295-UE.F	g 3721844 dbj BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprionopsis cinerea]
CP02-S2-032-295-UE.F	g 16131738 ref NP_418334.1 (NC_000913) frv operon protein [Escherichia coli K12]
CP02-S2-032-295-UE.F	g 15804750 ref NP_290791.1 (NC_002655) putative transport [Escherichia coli O157:H7 EDL933]
CP02-S2-032-296-UE.F	g 20859479 ref XP_125632.1 (XM_125632) Ros1 proto-oncogene [Mus musculus]
CP02-S2-032-346-UE.F	g 6323872 ref NP_013943.1 (NC_001145) SRPK1-like Kinase in Yeast [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-346-UE.F	g 16944447 emb CAB91408.2 (AL355931) related to guanine deaminase [Neurospora crassa]
CP02-S2-032-346-UE.F	g 171737 gb AA34698.1 (M14410) hexokinase (HXK1) [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-346-UE.F	g 15614618 ref NP_242921.1 (NC_002570) BH2055-unknown conserved protein in others [Bacillus halodurans]
CP02-S2-032-348-UE.F	g 18693255 gb AAL78300.1 AF235139_1 (AF235139) cytochrome P450 1B [Danio rerio]
CP02-S2-032-348-UE.F	g 5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S3-000-067-UC.G	g 7019493 ref NP_037416.1 (NM_013284) polymerase (DNA directed), mu; polymerase (DNA-directed), mu [Homo sapiens]
CP02-S3-000-075-UC.F	g 13122148 emb CAC32326.1 (AL583944) putative alcohol dehydrogenase [Streptomyces coelicolor]
CP02-S3-000-075-UC.F	g 6322349 ref NP_012423.1 (NC_001142) Involved in mitochondrial division; Mdv1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S3-000-075-UC.F	g 6523410 emb CAB62252.1 (Y18559) hypothetical protein [Pichia farinosa]
CP02-S3-000-082-UC.F	g 16330137 ref NP_440865.1 (NC_000911) isoleucyl-tRNA synthetase [Synechocystis sp. PCC 6803]
CP02-S3-000-082-UC.F	g 6321865 ref NP_011941.1 (NC_001140) Hypothetical ORF; Qns1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-262-UE.F	g 19114910 ref NP_593998.1 (NC_003424) putative esterase-lipase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-262-UE.F	g 15623877 dbj BAB67935.1 (AP003272) putative short chain alcohol dehydrogenase [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]

CP02-S2-028-262-UE.F	gii16944675 emb CAB99185.2 (AL390189) conserved hypothetical protein [Neurospora crassa]
CP02-S2-028-262-UE.F	gii11268871 pir T43179 probable dehydratase (EC 4.2.1.-) - fission yeast
CP02-S2-028-262-UE.F	gii462023 spi P33281 ERG2_MAGGR C-8 STEROL ISOMERASE (DELTA-8-DELTA-7 STEROL ISOMERASE)
CP02-S2-028-263-UE.G	gii19112227 ref NP_595435.1 (NC_003423) valyl-tRNA synthetase, mitochondrial precursor [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-032-296-UE.F	gii18568269 gb AAL76001.1 AF466646_9 (AF466646) putative gag-pol polyprotein [Zea mays]
CP02-S2-032-296-UE.F	gii17301180 gb AAAF56312.1 (AE003748) CG5789 gene product [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-032-298-UE.F	gii20502530 dbj BAB91425.1 (AB078753) marY1-like reverse transcriptase [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-032-299-UE.F	gii9501704 emb CAB99443.1 (AJ276219) putative epoxide hydrolase [Stigmatella aurantiaca]
CP02-S2-032-299-UE.F	gii1361661 gb AAB02732.1 (U58768) arylsulfatase homolog [Escherichia coli]
CP02-S2-032-299-UE.F	gii7649144 gb AAAF65762.1 (AF241313) MDR-like ABC transporter [Botryotinia fuckeliana]
CP02-S2-032-348-UE.F	gii101042 pir A36373 hypothetical protein Tfi1 - fission yeast (Schizosaccharomyces pombe)
CP02-S2-032-348-UE.F	gii14278967 dbj BAB59027.1 (AB057426) cytochrome P450 [Corioliolus versicolor]
CP02-S2-032-349-UE.F	gii15807862 ref NP_285519.1 (NC_001264) acyl-CoA dehydrogenase, putative [Deinococcus radiodurans]
CP02-S2-032-348-UE.F	gii13359451 dbj BAB33421.1 (AB049723) putative senescence-associated protein [Pisum sativum]
CP02-S2-032-349-UE.F	gii16131919 ref NP_418517.1 (NC_000913) putative regulator, phn operon [Escherichia coli K12]
CP02-S2-033-311-UE.F	gii10946132 gb AAG24792.1 AF264028_2 (AF264028) pol protein [Glomerella cingulata]
CP02-S3-000-082-UC.F	gii14029846 gb AAK52837.1 AF370013_1 (AF370013) UDP-glucose:sterol glucosyltransferase [Magnaporthe grisea]
CP02-S3-000-093-UC.F	gii16416087 emb CAB91227.2 (AL355926) related to Type 2C Protein Phosphatase [Neurospora crassa]
CP02-S3-000-099-UC.F	gii6321563 ref NP_011640.1 (NC_001139) Asn1p and Asn2p are isozymes; Asn2p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S3-000-099-UC.F	gii11359361 pir T48777 6-HYDROXY-D-NICOTINE OXIDASE related protein [imported] - Neurospora crassa
CP02-S3-000-099-UC.F	gii15130762 emb CAC48160.1 (AJ310697) Phytase [Agroclybe pediades]
CP02-S3-000-100-UC.F	gii15807702 ref NP_285356.1 (NC_001264) mannose-1-phosphate guanylyltransferase [Deinococcus radiodurans]
CP02-S2-028-262-UE.F	gii19114910 ref NP_593998.1 (NC_003424) putative esterase-lipase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-262-UE.F	gii5002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-028-262-UE.F	gii18484850 ref XP_079915.1 (XM_079915) BcDNA:LD21177 [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-028-262-UE.F	gii7489812 pir T02955 probable cytochrome P450 monooxygenase - maize (fragment)
CP02-S2-028-262-UE.F	gii17545916 ref NP_519318.1 (NC_003295) CONSERVED HYPOTHETICAL PROTEIN [Ralstonia solanacearum]
CP02-S2-028-263-UE.G	gii7489812 pir T02955 probable cytochrome P450 monooxygenase - maize (fragment)
CP02-S2-032-296-UE.F	gii84668531 gb AAAF75523.1 (AF220541) glucoamylase [Lentinula edodes]
CP02-S2-032-296-UE.F	gii19114891 ref NP_593979.1 (NC_003424) probable alpha-mannosidase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-032-299-UE.F	gii15833941 ref NP_312714.1 (NC_002695) hypothetical protein [Escherichia coli O157:H7]
CP02-S2-032-299-UE.F	gii16930529 gb AAL31950.1 (AF421549) CDH1-D [Gallus gallus]

CP02-S2-032-299-UE.F	gii16324049 ref NP_014119.1 (NC_001146) sterol C-14 reductase, Erg24p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-032-299-UE.F	gii18309509 ref NP_561443.1 (NC_003366) probable ABC transporter [Clostridium perfringens]
CP02-S2-032-348-UE.F	gii1321837 pir S28962 isorepressor galS - Escherichia coli
CP02-S2-032-348-UE.F	gii1335945 dbj BAB33421.1 (AB049723) putative senescence-associated protein [Pisum sativum]
CP02-S2-032-349-UE.F	gii16131919 ref NP_418517.1 (NC_000913) putative regulator, phn operon [Escherichia coli K12]
CP02-S2-032-349-UE.F	gii15807862 ref NP_285519.1 (NC_001264) acyl-CoA dehydrogenase, putative [Deinococcus radiodurans]
CP02-S2-033-311-UE.F	gii10946132 gb AAG24792.1 AF264028_2 (AF264028) pol protein [Glomerella cingulata]
CP02-S2-033-311-UE.F	gii1677050 gb AAF67005.1 AF155648_1 (AF155648) putative zinc finger protein [Homo sapiens]
CP02-S3-000-084-UC.F	gii17662400 ref NP_055708.1 (NM_014893) KIAA0951 protein [Homo sapiens]
CP02-S3-000-099-UC.F	gii12643630 sp O74413 AROC_SCHPO CHORISMATE SYNTHASE
CP02-S3-000-099-UC.F	gii11279419 pir T44840 probable dTDPglucose 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.46) [imported] - Acinetobacter lwoffii
CP02-S3-000-099-UC.F	gii16125142 ref NP_419706.1 (NC_002696) leucine aminopeptidase-related protein [Caulobacter crescentus]
CP02-S3-000-100-UC.F	gii1237037 emb CAA74987.1 (Y14657) hydrophobin [Pleurotus ostreatus]
CP02-S3-000-103-UC.F	gii15215258 gb AAH12721.1 AAH12721 (BC012721) Similar to IFN-gamma induced [Mus musculus]
CP02-S2-028-263-UE.G	gii1839364 ref NP_058889.1 (NM_017193) kynurenine aminotransferase II [Rattus norvegicus]
CP02-S2-028-264-UE.F	gii13507533 gb AAK28629.1 AF353616_1 (AF353616) Cro r II [Cronartium ribicola]
CP02-S2-028-264-UE.F	gii11249676 pir T51214 related to trichodiene oxygenase cytochrome P450 [imported] - Neurospora crassa
CP02-S2-028-264-UE.F	gii15321714 gb AAK95561.1 AF405548_1 (AF405548) UDP-glucose dehydrogenase Uxs2p [Filobasidiella neoformans]
CP02-S2-028-266-UE.F	gii1231891 sp P30612 CP5P_CANTR CYTOCHROME P450 52C1 (CYPLIC1) (ALKANE-INDUCIBLE P450-ALK7)
CP02-S2-028-266-UE.F	gii15002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-032-299-UE.F	gii14322266 gb AAD15987.1 (AF077355) protein phosphatase 2A regulatory B subunit [Neurospora crassa]
CP02-S2-032-300-UE.F	gii15889115 ref NP_354796.1 (NC_003062) AGR_C_3327Ap [Agrobacterium tumefaciens str. C58 (Cereon)]
CP02-S2-032-300-UE.F	gii17862414 gb AAL39684.1 (AY069539) LD26301p [Drosophila melanogaster]
CP02-S2-032-300-UE.F	gii17427508 gb AAF04279.2 AF189366_1 (AF189366) chitin synthase [Blumeria graminis]
CP02-S2-032-300-UE.F	gii19114177 ref NP_593265.1 (NC_003424) hypothetical protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-032-301-UE.F	gii13171103 gb AAK13589.1 (AF139989) rRNA intron-encoded homing endonuclease [Oryza sativa]
CP02-S2-033-312-UE.F	gii15799682 ref NP_285694.1 (NC_002655) aspartokinase I, homoserine dehydrogenase I [Escherichia coli O157:H7 EDL933]
CP02-S2-033-312-UE.F	gii16633848 gb AAF19707.1 AC008047_14 (AC008047) F2K11.18 [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-033-316-UE.F	gii19114939 ref NP_594027.1 (NC_003424) diphosphomavalonate decarboxylase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-033-318-UE.F	gii16945436 emb CAB91703.2 (AL356172) related to host-specific AK-toxin Akt2 [Neurospora crassa]
CP02-S2-033-319-UE.F	gii19075809 ref NP_588309.1 (NC_003421) hypothetical protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-033-319-UE.F	gii1913016 gb AAB33744.1 (S76267) Snq2 homolog [Schizosaccharomyces pombe]

CP02-S3-000-103-UC.F	gii446809 emb CAB38005.1 (AJ223504) amino acid transporter [Amanita muscaria]
CP02-S3-000-104-UC.F	gii6716746 gb AAAF26728.1 AF216214_1 (AF216214) alpha-esterase 6 [Drosophila buzzatii]
CP02-S3-000-104-UC.F	gii19112716 ref NP_595924.1 (NC_003423) amino acid permease [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S3-000-104-UC.F	gii11544755 emb CAC17658.1 (AL450450) putative monooxygenase [Streptomyces coelicolor]
CP02-S3-000-105-UC.F	gii3721844 dbj BAA33717.1 (AB013443) cytochrome P450 [Coprinopsis cinerea]
CP02-S3-000-105-UC.F	gii14530089 emb CAC42218.1 (AJ309282) ABC transporter protein [Emmericella nidulans]
CP02-S2-028-264-UE.F	gii3851524 gb AAC72747.1 (AF064069) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus eryngii]
CP02-S2-028-264-UE.F	gii7444414 pir T02206 hypothetical protein - common tobacco retrotransposon Tto1
CP02-S2-028-264-UE.F	gii13821088 gb AAK33073.1 AF359360_5 (AF359360) cytochrome P450 [Fusarium sporotrichioides]
CP02-S2-028-264-UE.F	gii1820445 gb AAH21605.1 AAH21605 (BC021605) Similar to serine dehydratase [Mus musculus]
CP02-S2-028-266-UE.F	gii5305385 gb AAD41625.1 AF072683_1 (AF072683) drug resistance protein MdrA [Aspergillus nidulans]
CP02-S2-028-267-UE.F	gii10140853 ref NP_065438.1 (NM_020548) diazepam binding inhibitor; GABA receptor modulator [Homo sapiens]
CP02-S2-032-300-UE.F	gii16127453 ref NP_422017.1 (NC_002696) phosphomethylpyrimidine kinase [Caulobacter crescentus CB15]
CP02-S2-032-300-UE.F	gii146535 gb AA24040.1 (M21516) catalase HP1 [Escherichia coli]
CP02-S2-032-300-UE.F	gii15226587 ref NP_179167.1 (NM_127126) putative retroelement pol polyprotein [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-032-300-UE.F	gii7427508 gb AAF04279.2 AF189366_1 (AF189366) chitin synthase [Blumeria graminis]
CP02-S2-032-300-UE.F	gii21233243 ref NP_639160.1 (NC_003902) dihydroneopterin aldolase [Xanthomonas campestris pv. campestris str. ATCC 33913]
CP02-S2-032-301-UE.F	gii116305 sp P29025 CHI1_RHINI CHITINASE 1 PRECURSOR
CP02-S2-033-312-UE.F	gii15222419 ref NP_176533.1 (NM_105023) ATP dependent copper transporter, putative [Arabidopsis thaliana]
CP02-S2-033-313-UE.F	gii20534288 ref XP_115722.1 (XM_115722) similar to malonyl-CoA decarboxylase (EC 4.1.1.9) - goose [Homo sapiens]
CP02-S2-033-318-UE.F	gii18150896 ref NP_542833.1 (NC_003350) putative reductase protein [Pseudomonas putida]
CP02-S2-033-318-UE.F	gii18071369 gb AAL58228.1 AC084762_2 (AC084762) putative gag-pol polyprotein [Oryza sativa]
CP02-S2-033-319-UE.F	gii15891751 ref NP_357423.1 (NC_003063) AGR_L_3262p [Agrobacterium tumefaciens str. C58 (Cereon)]
CP02-S2-033-319-UE.F	gii1515439 gb AAB06951.1 (U61530) gibberellin biosynthesis-related [Gibberella fujikuroi]
CP02-S3-000-104-UC.F	gii3851524 gb AAC72747.1 (AF064069) aryl-alcohol oxidase precursor [Pleurotus eryngii]
CP02-S3-000-104-UC.F	gii19075279 ref NP_587779.1 (NC_003421) hypothetical DNA binding protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S3-000-105-UC.F	gii7492743 pir T37562 probable n-acetylglucosamine-phosphate mutase - fission yeast (Schizosaccharomyces pombe)
CP02-S3-000-107-UC.F	gii19115484 ref NP_594572.1 (NC_003424) conserved hypothetical protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S3-000-108-UC.F	gii15236800 ref NP_194389.1 (NM_118793) isp4 like protein [Arabidopsis thaliana]
CP02-S3-000-108-UC.F	gii6016879 dbj BAA31534.2 (AB015670) A2-5a orf6-hypothetical protein homologous to stage V sporulation protein K [Bacillus sp.]
CP02-S3-000-106-UC.F	gii15077834 gb AAK83372.1 (AF394892) acetylhydroxyacid reductoisomerase [Flotbasidiella neoformans]
CP02-S3-000-108-UC.F	gii4102458 gb AAD01493.1 (AF012277) glucose oxidase [Penicillium amagasakiense]

CP02-S3-000-108-UC.F	g 16522845 emb CAB61926.1 (AL133278) putative hydrolase [Streptomyces coelicolor A3(2)]
CP02-S3-000-108-UC.F	g 16224515 emb CAB60010.1 (A238664) nitrate reductase [Hebeloma cylindrosporum]
CP02-S3-000-118-UC.G	g 19113290 ref NP_596498.1 (NC_003423) glycoprotein endopeptidase-like protein. [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-000-138-EM.R	g 11993612 gb A4G42812.1 mating type protein MAT1-1-3 [Gibberella zeae]
CP02-S2-000-138-EM.R	g 16753758 ref NP_034269.1 (NM_010139) Eph receptor A2 [Mus musculus]
CP02-S2-000-138-UE.F	g 13470803 ref NP_102372.1 (NC_002678) proline iminopeptidase [Mesorhizobium loti]
CP02-S2-000-138-UE.F	g 12698634 gb AAK01619.1 AF314096.2 (AF314096) polymerase [Magnaporthe grisea]
CP02-S2-000-138-UE.F	g 17248355 dbj BAA92704.1 (AB036886) reverse transcriptase [Tricholoma bakamatsutake]
CP02-S2-000-138-UE.F	g 2133266 pir S65799 chromosome scaffold protein sudA - Emmericella nidulans
CP02-S3-000-122-UC.F	g 1448548 emb CAC42081.1 (AJ298132) polyamine oxidase [Hordeum vulgare]
CP02-S2-000-138-UE.F	g 1752604 pir T18348 probable pol polyprotein, truncated - rice blast fungus magnaporthe gypsi retrotransposon
CP02-S2-000-138-UE.F	g 19115778 ref NP_594866.1 (NC_003424) probable serine/threonine-protein kinase (EC 2.7.1.-) [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S3-000-120-UC.F	g 16319615 ref NP_009697.1 (NC_001134) Hypothetical ORF; Ybr139wp [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S3-000-123-UC.F	g 182620 pir A29412 carboxypeptidase C (EC 3.4.16.5) precursor - wheat
CP02-S2-028-246-UE.F	g 19115410 ref NP_594498.1 (NC_003424) putative oxidoreductase [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-246-UE.F	g 18578244 ref XP_090000.1 (XM_090000) hypothetical protein XP_090000 [Homo sapiens]
CP02-S2-028-245-UE.F	g 16321816 ref NP_011892.1 (NC_001140) Subunit of 26S Proteasome (PA700 subunit); Rpn1p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-245-UE.R	g 1575393 emb CAA57938.1 (X82612) ATM1 [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S2-028-246-UE.R	g 15002510 dbj BAA78625.1 (AB028236) Pol (reverse transcriptase-RNase H-integrase) [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-028-246-UE.R	g 19113306 ref NP_596514.1 (NC_003423) hypothetical protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S2-028-246-UE.F	g 13648626 ref XP_006645.3 (XM_006645) serine dehydratase [Homo sapiens]
CP02-S2-028-246-UE.F	g 1417165 sp P32467 HXT4_YEAST Low-affinity glucose transporter HXT4 (Low-affinity glucose transporter LGT1)
CP02-S2-028-246-UE.F	g 14887632 dbj BAA77816.1 (AB027513) polyprotein [Tricholoma matsutake]
CP02-S2-028-246-UE.R	g 19501704 emb CAB99443.1 (AJ276219) putative epoxide hydrolase [Stigmatella aurantiaca]
CP02-S2-028-246-UE.F	g 12039389 gb AAG46175.1 AC018727_27 (AC018727) putative 4-coumarate CoA ligase [Oryza sativa]
CP02-S2-028-246-UE.R	g 17649674 emb CAB889115.1 (AJ276129) geranylgeranyl pyrophosphate synthase [Mucor circinelloides f. lusitanicus]
CP02-S3-000-105-UC.F	g 16320397 ref NP_010477.1 (NC_001136) Homolog of SIR2; Hst4p [Saccharomyces cerevisiae]
CP02-S3-000-105-UC.F	g 15222700 ref NP_173961.1 (NM_102401) hypothetical protein [Arabidopsis thaliana]
CP02-S3-000-104-UC.F	g 19112135 ref NP_595343.1 (NC_003423) WD repeat protein [Schizosaccharomyces pombe]
CP02-S3-000-104-UC.F	g 13913806 sp Q92400 GUX2_AGAB1 Exoglucanase precursor (Exocellobiohydrolase)