

UNIVERSIDAD DE ALMERIA

ESCUELA SUPERIOR DE INGENIERÍA

Estudio de asociación (GWAS) para
caracteres vegetativos con valor agronómico
en *Cucurbita pepo* L.

Genome Wide Association Study (GWAS) for
vegetative characters with agronomic value
in *C. pepo* L.

Curso 2021/2022

Modalidad:


Trabajo de Investigación

Alumno/a:

María Lucía Hernández Méndez

Director/es:

Cecilia Martínez Martínez
Javier Martínez Ruano



Estudio de asociación (GWAS)
para caracteres vegetativos con
valor agronómico en *Cucurbita*
pepo L.

Genome Wide Association Study
(GWAS) for vegetative characters
with agronomic value in *C. pepo* L.

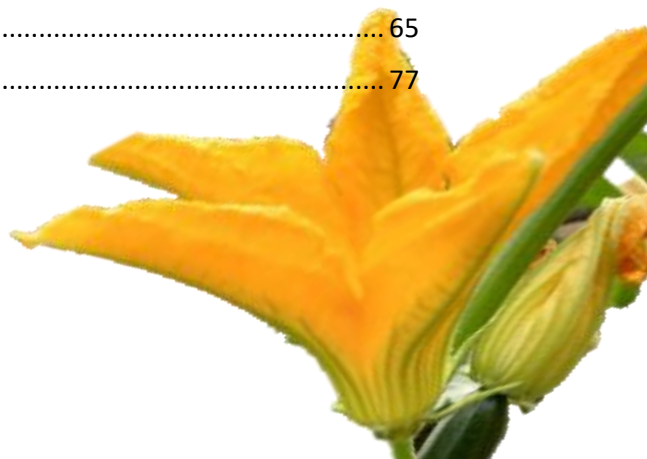
María Lucía Hernández Méndez
Modalidad TFM: Trabajo de Investigación
Máster en Ingeniería Agronómica, Universidad de
Almería
Curso 2021-2022

Directores:
Cecilia Martínez Martínez
Javier Martínez Ruano



ÍNDICE GENERAL

1. Interés, hipótesis y objetivos.	5
1.1. Interés del proyecto.	5
1.2. Hipótesis de partida.	9
1.3. Objetivos.	9
2. Revisión bibliográfica.	12
2.1. Características de <i>Cucurbita pepo</i>	12
2.2. Origen y domesticación.	13
2.3. Variabilidad natural: Conservación de recursos.	15
2.4. Control genético de caracteres vegetativos del desarrollo.	17
2.5. Análisis GWAS.	19
3. Material y métodos.	21
4. Resultados y discusión.	27
4.1. Comparación de la variación de los caracteres analizados.	27
4.2. Variación genética del panel de accesiones de <i>Cucurbita pepo</i> basada en genotipado por secuenciación GBS.	29
4.3. Análisis de asociación de genoma (GWAS) en <i>C. pepo</i> para caracteres de interés agronómico.	31
4.3.1. Hábito de crecimiento.	32
4.3.2. Tricomas.	33
4.3.3. Zarcillos.	35
4.3.4. Resumen de regiones candidatas.	37
4.4. Genes candidatos en las regiones de interés.	39
4.4.1. Hábito de crecimiento.	43
4.4.2. Tricomas.	45
4.4.3. Zarcillos.	47
5. Conclusiones.	49
6. Bibliografía.	51
7. Fases de la realización del TFM y su cronograma asociado.	63
8. Anexos.	65
8.1. Anexo I.	65
8.2. Anexo II.	77





ÍNDICE DE ILUSTRACIONES

ILUSTRACIÓN 1: A) SUPERFICIE EN HECTÁREAS DE CALABACÍN EN ESPAÑA DIFERENCIADAS POR COMUNIDADES AUTÓNOMAS, B) PRODUCCIÓN EN TONELADAS DE CALABACÍN EN ESPAÑA DIFERENCIADAS POR COMUNIDADES AUTÓNOMAS. ELABORACIÓN PROPIA. FUENTE: MAPA, SF.	7
ILUSTRACIÓN 2: <i>CUCURBITA PEPO</i> SUBESPECIE <i>PEPO</i> . MORFOTIPO PUMPKIN (FUENTE: ELABORACIÓN PROPIA).	14
ILUSTRACIÓN 3: <i>CUCURBITA PEPO</i> SUBESPECIE <i>PEPO</i> . MORFOTIPO MARROW. ESTADÍO MADURO (FUENTE: PIXABAY).	14
ILUSTRACIÓN 4: <i>CUCURBITA PEPO</i> SUBESPECIE <i>PEPO</i> . MORFOTIPO. ZUCCHINI. (FUENTE: ELABORACIÓN PROPIA)	15
ILUSTRACIÓN 5: <i>CUCURBITA PEPO</i> SUBESPECIE <i>PEPO</i> . MORFOTIPO COCOZELLE (FUENTE: SEEDS OF PLENTY).....	15
ILUSTRACIÓN 6: A) HÁBITO DE CRECIMIENTO BUSH/ARBUSTIVO/DETERMINADO, B) HÁBITO DE CRECIMIENTO SEMIRASTRERO Y C) HÁBITO DE CRECIMIENTO TIPO VID/RASTRERO/INDETERMINADO (FUENTE: ELABORACIÓN PROPIA).....	22
ILUSTRACIÓN 7: CANTIDAD DE TRICOMAS. A) POCOS TRICOMAS Y B) MAYOR PRODUCCIÓN DE TRICOMAS (FUENTE: ELABORACIÓN PROPIA).....	23
ILUSTRACIÓN 8: NÚMERO DE ZARCILLOS. A LA IZQUIERDA ZARCILLOS TRIPLES Y A LA DERECHA ZARCILLOS DOBLES (FUENTE: ELABORACIÓN PROPIA).	23
ILUSTRACIÓN 9: A) REGRESIÓN DEL HÁBITO DE CRECIMIENTO Y LA PRODUCCIÓN DE LOS TRICOMAS DE CADA VARIEDAD ($R^2= 0,35348$). B) REGRESIÓN ENTRE EL HÁBITO DE CRECIMIENTO DE LAS VARIETADES Y LA PRODUCCIÓN DE ZARCILLOS ($R^2= 0,51934$). C) REGRESIÓN ENTRE LA PRODUCCIÓN DE TRICOMAS Y LA PRODUCCIÓN DE ZARCILLOS ($R^2= 0,43725$).	27
ILUSTRACIÓN 10: ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES (PCA) DE LAS ACCESIONES INCLUIDAS EN EL ANÁLISIS PARA CADA UNO DE LOS CARACTERES ANALIZADOS. A) HÁBITO DE CRECIMIENTO (99 ACCESIONES). B) CUANTÍA DE TRICOMAS (112 ACCESIONES). C) PRODUCCIÓN DE ZARCILLOS (97 ACCESIONES).	30
ILUSTRACIÓN 11: GRÁFICO Q-Q (IZQUIERDA) Y MANHATTAN (DERECHA) DE ESTUDIO DE ASOCIACIÓN (GWAS) PARA EL HÁBITO DE CRECIMIENTO. A) MODELO LINEAL GENERAL (GLM + Q). B) MODELO LINEAL MIXTO (MLM + K + Q). LA LÍNEA ROJA Y AZUL HORIZONTALES INDICAN UMBRALES DE SIGNIFICACIÓN DE $p=0,05$ Y $p=0,01$, RESPECTIVAMENTE USANDO LA CORRECCIÓN DE BONFERRONI (FUENTE: ELABORACIÓN PROPIA).	33
ILUSTRACIÓN 12: GRÁFICO Q-Q (IZQUIERDA) Y MANHATTAN (DERECHA) DE ESTUDIO DE ASOCIACIÓN (GWAS) PARA LA CANTIDAD DE TRICOMAS. A) MODELO LINEAL GENERAL (GLM + Q). B) MODELO LINEAL MIXTO (MLM + K + Q). LA LÍNEA ROJA Y AZUL HORIZONTALES INDICAN UMBRALES DE SIGNIFICACIÓN DE $p=0,05$ Y $p=0,01$, RESPECTIVAMENTE USANDO LA CORRECCIÓN DE BONFERRONI (FUENTE: ELABORACIÓN PROPIA).	35
ILUSTRACIÓN 13: GRÁFICO Q-Q (IZQUIERDA) Y MANHATTAN (DERECHA) DE ESTUDIO DE ASOCIACIÓN (GWAS) PARA EL NÚMERO DE ZARCILLOS. A) MODELO LINEAL GENERAL (GLM + Q). B) MODELO LINEAL MIXTO (MLM + K + Q). LA LÍNEA ROJA Y AZUL HORIZONTALES INDICAN UMBRALES DE SIGNIFICACIÓN DE $p=0,05$ Y $p=0,01$, RESPECTIVAMENTE USANDO LA CORRECCIÓN DE BONFERRONI (FUENTE: ELABORACIÓN PROPIA).	37

ÍNDICE DE TABLAS

TABLA 1: <i>LOS PAÍSES ESENCIALES QUE ENCABEZAN LA PRODUCCIÓN DE CALABAZAS A NIVEL MUNDIAL ELABORACIÓN PROPIA. FUENTE: FAOSTAT, 2022</i>	6
TABLA 2: <i>REGIONES INVESTIGADAS PARA CADA CARÁCTER ANALIZADO EN ESTE TFM. SE INDICAN EL CROMOSOMA, EL MÉTODO DE ANÁLISIS Y LA POSICIÓN DENTRO DEL CROMOSOMA CON MAYOR -LOG P-VALOR. POR ÚLTIMO, SE INDICAN LAS REGIONES SELECCIONADAS PARA SU ESTUDIO</i> (FUENTE: ELABORACIÓN PROPIA).	38



TABLA 3: RESUMEN DE REGIONES GENÓMICAS DE INTERÉS EN *C. PEPO* PARA LOS CARACTERES DE HÁBITO DE CRECIMIENTO, CANTIDAD DE TRICOMAS Y NÚMERO DE ZARCILLOS (FUENTE: [HTTP://CUCURBITGENOMICS.ORG/](http://cucurbitgenomics.org/), ELABORACIÓN PROPIA). 39

ÍNDICE DE ANEXOS

ANEXO I: ACCESIONES QUE SE EMPLEARON EN EL ANÁLISIS GWAS PARA CADA CARÁCTER. 65

ANEXO II: GENES CANDIDATOS QUE PODRÍAN ESTAR IMPLICADOS EN LOS DISTINTOS CARACTERES. SE INDICAN EL CROMOSOMA, POSICIÓN INICIAL Y FINAL, JUNTO AL GEN ID Y LA ANOTACIÓN. 77





INTERÉS, HIPÓTESIS Y OBJETIVOS



1. Interés, hipótesis y objetivos.

1.1. Interés del proyecto.

El género *Cucurbita* procede del continente americano (Ríos-Santos et al., 2018). Se considera que su centro de origen se encuentra en las regiones semitropicales y tropicales del sur de México y Centroamérica lo que hace que estas especies sean sensibles al frío.

Según la base de datos de la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAOSTAT, 2022) en la familia de las cucurbitáceas incluye cuatro de las especies más cultivadas a nivel mundial, pepino, melón, sandía y calabacín. De calabacín y calabazas se cultiva una superficie de 1.526.112 ha en todo el mundo, que da lugar a una producción de 22.739.602 t, de ellas la principal producción de calabacín se produce en España e Italia. En España, el modelo intensivo de producción hortícola de Almería redonda en la mayor producción de este cultivo con una superficie aproximada de 32.368 ha (Gallegos, 2021).

A nivel mundial los principales productores de Cucurbitáceas son Turquía, China, India y Estados Unidos (Rolnik y Olas, 2020).

La FAO engloba a las especies *C. pepo*, *C. máxima* y *C. moschata* (calabazas, zapallo y calabaza confitera) en sus estadísticas, sin hacer mera distinción. Es por tanto la dificultad que genera para hacer una valoración exacta en producción y superficie por especie.

En el año 2020 según la FAOSTAT (2020) la producción y superficie mundial con respecto a calabazas logró las 27.962.742 toneladas y las 2.019.564 hectáreas respectivamente.

En la actualidad, Asia encabeza el liderazgo en cuanto a producción de calabazas con alrededor del 62% de producción mundial. El continente europeo posee sobre el 16% de producción y América sobre el 12%. Si se repara en países, China está a la cabeza con una producción internacional de 7.433.743 t, por detrás, la India con 5.113.692 t, seguido de Ucrania con 1.268.270 t, Rusia 1.143.127 t, E.E.U.U. 1.050.713t y España 775.090 t (Tabla 1). España desempeña la sexta posición a nivel mundial y se consagra como la primera de la Unión Europea en cuanto a producción.



Tabla 1: *Los países esenciales que encabezan la producción de calabazas a nivel mundial Elaboración propia. Fuente: FAOSTAT, 2022.*

País	Producción (t)	País	Superficie (ha)
China	7.433.743	India	532.619
India	5.113.692	China	401.083
Ucrania	1.268.270	Camerún	154.970
Rusia	1.143.127	Turquía	118.208
E.E.U.U.	1.050.713	Ucrania	62.400
<u>España</u>	775.090	Bangladesh	61.233
México	756.781	Rusia	55.947
Turquía	698.051	<u>España</u>	15.550
Mundo	27.962.742	Mundo	2.019.564

A nivel nacional el calabacín se produce principalmente en Andalucía, por la gran superficie invernada que hay dedicada a la producción de este en la provincia de Almería, junto con el tomate, el pepino y el pimiento (MAPAMA, 2018). Canarias, la Región de Murcia y Andalucía son las principales regiones en cuanto a superficie y producción, sin embargo, esta última la que más destaca en el cultivo del calabacín (Ilustración 1).

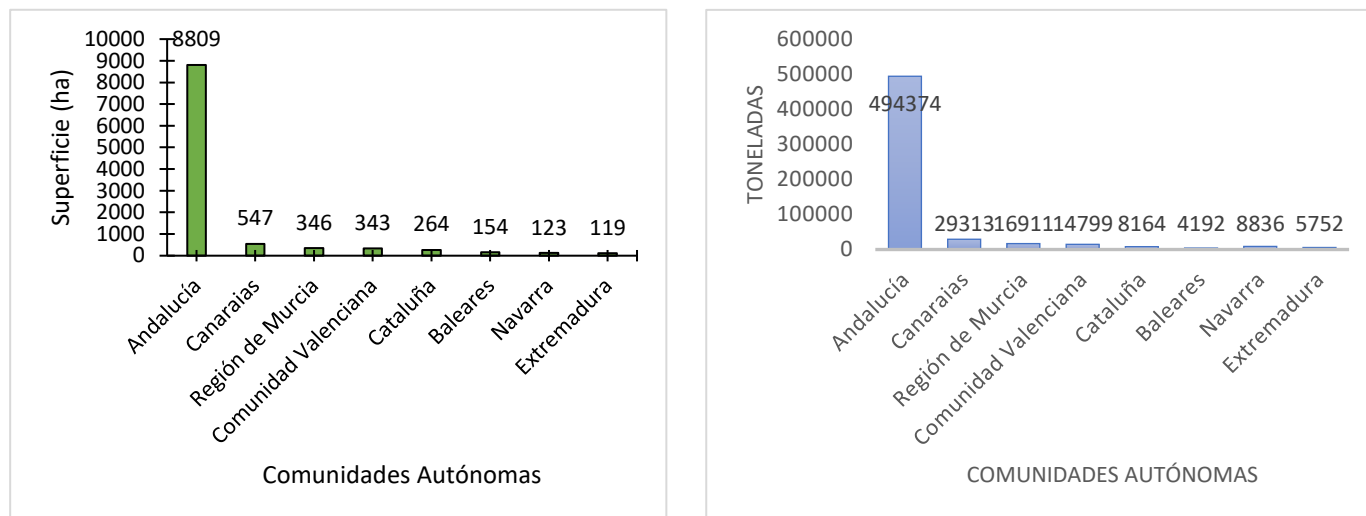


Ilustración 1: a) Superficie en hectáreas de calabacín en España diferenciadas por Comunidades Autónomas, b) Producción en toneladas de calabacín en España diferenciadas por Comunidades Autónomas. Elaboración propia. Fuente: MAPA, sf.

En la campaña 19/20 se cultivaron 7.611 ha de calabacín en Almería, en la campaña posterior (20/21) aumentó un 5,9 %, llegando a la cifra de 8.061 ha. En cuanto a la producción, en la campaña 19/20 la producción fue de 482.391 toneladas y en la campaña 20/21 de 489.144 ha con una variación del 1,4% en positivo. Con respecto a las exportaciones, el calabacín tiene una tendencia ascendente de volumen exportado desde hace siete campañas (CAJAMAR, 2021). Es, por tanto, que esta especie se encuentra cada vez más en auge haciéndose notar en la provincia y su relación con el exterior.

Además de por el interés económico de este cultivo, el interés de este proyecto se basa en la aplicación de los recursos genómicos ya generados en esta especie, y el empleo de análisis genómico a través de los estudios de asociación, Genome-Wide Association Study (GWAS, por sus siglas en inglés). La herramienta que se utiliza para realizar la mejora genética está basada en los llamados polimorfismos de nucleótidos únicos (SNP, por sus siglas en inglés). Son variaciones de un solo nucleótido que se dan a lo largo del genoma y que se pueden heredar de una generación a otra. Si se dispone de una colección de datos genómicos en distintas variedades, el análisis pretende usar el llamado de variantes (vcf, por sus siglas en inglés) y las frecuencias alélicas para buscar asociaciones con caracteres agronómicos de interés.



Cuando un SNP es el causante directo de un carácter determinado significa que una variación del genoma es la responsable de que un gen tenga una actividad que se corresponde con un carácter de la planta, lo que se denomina un fenotipo. Para muchos de los caracteres genéticos interesantes no se conoce una relación sencilla con variaciones genómicas o SNP. Muchos de ellos no dependen de una variación genómica única sino de conjuntos de ellas. Se han desarrollado aproximaciones estadísticas para buscar correlaciones entre caracteres genéticos y variaciones en el genoma. Una de estas aproximaciones son los llamados GWAS en el que se trata de identificar SNP con asociación con caracteres de interés. Estas aproximaciones, de naturaleza estadística, pueden llevar a la identificación de las secuencias genómicas responsables de caracteres incluso cuando no se trata de genes únicos sino de colecciones de estos.

Cucurbita pepo L. es una especie altamente variable para características tanto reproductivas como vegetativas, por lo que emplear la variabilidad natural y el análisis de asociación para determinar regiones asociadas al control de caracteres vegetativos de interés agronómico, es factible. Entre las características vegetativas destaca su variabilidad respecto al hábito de crecimiento, la pérdida de dominancia apical o la presencia de tricomas o raíces secundarias en los entrenudos, así como la presencia de zarcillos. Las variedades e híbridos cultivados en la actualidad en nuestra región son resultado de una domesticación y selección intensa que ha eliminado caracteres indeseables, como el hábito de crecimiento rastrero, la falta de dominancia apical o la presencia de tricomas en las plantas. Seleccionando para un tipo de planta más compacta, de hábito de crecimiento arbustivo, en lugar de rastrero, con dominancia apical, y con ausencia, en la medida de lo posible, de tricomas. Conocer el control genético del desarrollo de estos caracteres indeseables será ventajoso para los programas de mejora, al permitir incorporar marcadores de selección (Paris y Edelstein, 2001).

El presente proyecto pretende desentrañar regiones del genoma que estén ligadas a caracteres de vegetativos como hábito de crecimiento de la planta, cuantía de tricomas, si posee tallos secundarios, o la producción de zarcillos para identificar recursos genéticos que servirán en futuros programas de mejora. Encontrar estas variantes alélicas con la gran cantidad de accesiones del USDA (U. S. Department of Agriculture) y provenientes de todas las partes del mundo, nos aportará una gran información acerca de cómo podemos mejorar las características vegetativas que afectan



al calabacín y a todos aquellos que lo cultivan con la intención de orientar a los futuros mejoradores.

1.2. Hipótesis de partida.

Se parte de un material vegetal de *Cucurbita pepo* constituido por 127 accesiones pertenecientes a la colección del USDA (<https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/search>) y seleccionados por tener forma del fruto alargada (Gallegos, 2022).

Dichas accesiones se evaluarán para diferentes parámetros vegetativos (hábito de crecimiento, cantidad de tricomas y cuantía de zarcillos) para esperar conseguir localizar las regiones asociadas a esos caracteres fenotípicos y genes candidatos dentro de esas regiones a regular estos caracteres. Además, puesto que el germoplasma no cultivado constituye una fuente de caracteres de interés para la mejora genética (Priori, 2011), este trabajo será la base que permita detectar accesiones con potencial agronómico en relación a estos caracteres.

La resecuenciación de genomas y/o transcriptomas de genotipos representativos de la variabilidad de la especie es cada vez más frecuente y permite conocer con detalle la diversidad genética existente. Una de las aplicaciones más inmediatas de la resecuenciación es el desarrollo de amplias colecciones de marcadores de tipo SNP (Single Nucleotide Polymorphisms).

Los marcadores de tipo SNP se consideran de calidad porque son altamente reproducibles y codominantes, al igual que los microsatélites o SSRs (Simple Sequence Repeats) (Esteras Gómez, 2012).

Este proyecto pretende a partir de las 127 accesiones encontrar regiones que estén asociadas a las singularidades vegetativas que tanto afectan a *C. pepo*.

1.3. Objetivos.

El objetivo principal es localizar regiones potenciales candidatas con asociación (GWAS) a características fenotípicas agronómicas en parámetros vegetativos como pueden ser: hábito de crecimiento de la planta, cantidad de tricomas, si posee tallos secundarios, o la producción de zarcillos.

Para ello se llevará a cabo una caracterización íntegra de 127 accesiones de *Cucurbita pepo* respecto a su comportamiento vegetativo y se contrastará con los datos genómicos disponibles en CuGenDB (<http://cucurbitgenomics.org/>). Este objetivo general se aborda desde los siguientes objetivos específicos:



- Realizar una caracterización entre 7 plantas por accesión. Los caracteres de interés serán estudiados para evaluaciones realizadas in situ en campo de las 127 accesiones obtenidas del USDA (<https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/search>).
- Contrastar los datos fenotípicos de las 127 accesiones con los datos genómicos para realizar estudios de asociación (GWAS). Se aplicará el programa Tassel (<https://www.maizegenetics.net/tassel>) y dos métodos de análisis; *General Lineal Model* (GLM) y *Mixed Lineal Model* (MLM) para designar variantes con potencial asociación con el carácter en estudio (Zhang et al., 2010).
- Con el fin de comprobar la importancia de las regiones del genoma para cada carácter, se realizará un análisis de 1.000.000 de pares de bases (pb) aguas abajo y aguas arriba de la variante detectada con mayor p-valor en el análisis GWAS. En este análisis se estudiará qué genes de la región están descritos en la bibliografía con potencial para regular el carácter en discusión.

A close-up photograph of a bumblebee on a yellow flower. The bee is black with a prominent orange and black striped abdomen. It is positioned on a bright yellow petal, and its legs are visible. The background is a soft, out-of-focus yellow.

REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA



2. Revisión bibliográfica.

2.1. Características de *Cucurbita pepo*.

El calabacín se utiliza mayoritariamente en gastronomía, la recolección se realiza cuando el fruto se encuentra inmaduro, aunque la flor también se utiliza para alta cocina y las semillas como aderezo culinario (Andrés, 2012). Desde el punto de vista nutricional el calabacín contiene principalmente aminoácidos como alanina, arginina, glicina, lisina y cisteína. Además, es rico en niacina (vitamina A) y tiamina (vitamina B) pero cabe destacar la abundancia de ácidos entre sus componentes, sobre todo linoleico, aspártico y salicílico y que están abriendo una puerta a nuevos usos de esta especie. Esta composición le atribuye al fruto valor medicinal, algunas de sus cualidades son (Andrés, 2012):

- Propiedades vermífugas, hay que consumir el interior del fruto.
- Propiedades antipiréticas, diuréticas y antiespasmódicas, para lo que es necesario tomar infusiones de sus hojas.
- Mejora el sistema inmunológico (folatos).
- Tratamiento de quemaduras y anomalías en la piel para lo que se usa el fruto de manera externa.

Desde el punto de vista del crecimiento vegetativo, el calabacín es una planta anual, rastrera y de crecimiento indeterminado cuyas principales características morfológicas son (Andrés, 2012):

- Raíz axonomorfa: Una raíz principal de gran desarrollo con raíces secundarias menores.
- Tallo con dominancia apical en las accesiones domesticadas, es áspero y de entrenudos cortos.
- Hojas palmeadas de color verde con borde dentado.
- Plantas monoicas (masculinas y femeninas en el mismo pie de planta). Produce flores grandes, de amarillo intenso. Nacen en las axilas de las hojas. En los primeros estadios de desarrollo de la planta se generan las flores masculinas y más tarde aparecen las femeninas. Su apertura se produce a primeras horas de la mañana y solo se mantiene viable varias horas. Para la fecundación es necesario la polinización cruzada.



- Fruto carnoso, cilíndrico y sin cavidad central generalmente verde. Recolección en inmadurez.

2.2. Origen y domesticación.

La especie *Cucurbita pepo* tiene su origen en América, concretamente en el norte de México, donde se han encontrado rastros con una antigüedad superior a los 10.000 años A.C. En Estados Unidos los restos más antiguos hallados datan del año 4.000 A.C. Son muchos los que apuntan a que pudo ser domesticada a la vez en México y Estados Unidos, teniendo a *Cucurbita fraterna* y *Cucurbita texana* como antepasados silvestres respectivamente (Andrés, 2012).

Cuando la especie *Cucurbita pepo* llegó a Europa sufrió una gran diversificación tanto en los jardines botánicos como en los campos de cultivo, y se llevaron a cabo distintos cruzamientos y procesos selectivos, todo ello ha generado un amplio conjunto de variedades locales muy diferentes (Ferriol et al., 2003).

Hoy en día se pueden localizar hasta ocho grupos distintos de cultivares comestibles de *C. pepo*: Pumpkin o calabaza (*C. pepo* L. var. *pepo* L. Bailey), Scallop (*C. pepo* L. var. *clypeata* Alefield), Acorn (*C. pepo* L. var. *turbinata* Paris), Crookneck (*C. pepo* L. var. *torticollia* Alefield), Straightneck (*C. pepo* L. var. *reticollis* Paris), Vegetable marrow (*C. pepo* L. var. *fastigata* Paris), Cocozzelle (*C. pepo* L. var. *longa* Paris) y Zucchini (*C. pepo* L. var. *cylindrica* Paris). De todos los cultivares, Zucchini y Cocozzelle, son los más extendidos y están más presentes económicamente (Blain, 1987).

Cucurbita pepo subespecie *pepo* está compuesta por gran variedad de morfotipos ornamentales de variabilidad natural y cuatro de uso alimenticio (Andrés, 2012):

- *Pumpkin*: Es cultivado por sus frutos y por sus semillas, consumo en estado de madurez.



Ilustración 2: *Cucurbita pepo* subespecie *pepo*. Morfotipo Pumpkin (Fuente: Elaboración propia).

- *Vegetable Marrow*: Cultivado por sus frutos inmaduros, frecuente en Oriente medio y norte de África.

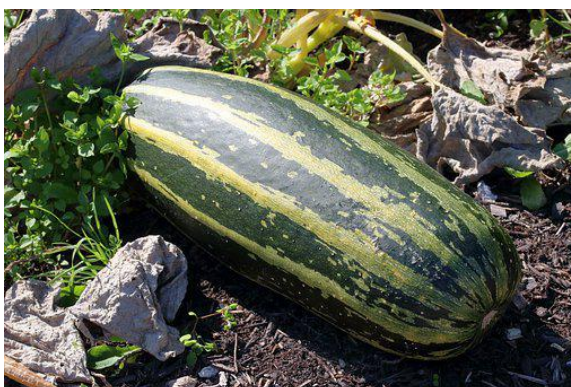


Ilustración 3: *Cucurbita pepo* subespecie *pepo*. Morfotipo Marrow. Estadío maduro (Fuente: Pixabay).

- *Zucchini*: Se cultiva por sus frutos inmaduros, se consume como hortaliza y corresponde con el calabacín común de gran importancia económica.



Ilustración 4: *Cucurbita pepo* subespecie *pepo*. Morfotipo. Zucchini. (Fuente: Elaboración propia)

- *Cocozelle*: Morfotipo alargado, con patrón rayado.



Ilustración 5: *Cucurbita pepo* subespecie *pepo*. Morfotipo Cocozelle (Fuente: Seeds of plenty).

2.3. Variabilidad natural: Conservación de recursos.

Los recursos fitogenéticos se definen como las cultivares que han sido seleccionadas y conservadas por los agricultores de forma tradicional, o puede tratarse de germoplasma no cultivado que crece de forma natural en una región y está adaptado a unas condiciones dadas. Estas plantas y sus genes tienen un valor actual con potencial para la alimentación y la agricultura, integran la base biológica de la producción agrícola para la seguridad alimentaria nacional y mundial, en este momento, así como en el futuro. La diversidad genética de los recursos fitogenéticos está establecida por la variación genética, tanto de las distintas variedades, así como de las especies cultivadas y de las especies silvestres cercanas (Eguiarte et al., 2018).



Los recursos fitogenéticos son colecciones de variedades cultivadas y variedades recién obtenidas, variedades en desuso, razas locales y primitivas, especies silvestres y estirpes genéticas especiales (Cubero, 2013). Una de las principales formas de conservación de estos recursos, y quizás la más utilizada, es la conservación de las semillas en bancos de germoplasma. Existen alrededor del mundo unos 1600 bancos de germoplasma, algunos de los más importantes son el banco del Instituto Vavilov, en San Petersburgo (N.I. Vavilov Institute of Plant Industry, VIR), el del Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), en Gatersleben, la red de información de los recursos de germoplasma (GRIN), del departamento de agricultura de los Estados Unidos (USDA) y los del Grupo Consultivo para la Investigación Agrícola Internacional (GCAI). La colección de *Cucurbita* spp. cuenta con 1.766 accesiones que representan la variabilidad presente en los cinco continentes. En España el CFR (Centro de Recursos Filogenéticos), creado en 1993, es un centro de conservación de colecciones base de semillas y de documentación de los recursos fitogenéticos de la red española. Además, en España se localiza el banco de germoplasma del COMAV (Centro de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana) de la Universidad Politécnica de Valencia ha conservado durante años esta diversidad y tiene una colección con más de 400 entradas de *C. pepo*, de la que 340 son variedades locales españolas (Andrés Ruíz, 2012). El banco de germoplasma de las Universidad de Almería ha ampliado recientemente su colección y conserva más de 1000 accesiones de la variabilidad natural mundial, parte de estas entradas proceden de la colección del USDA y cuentan con datos genómicos.

Se han llevado a cabo diferentes estudios enfocados al análisis de la variación genética en especies cultivadas y/o en sus parientes silvestres, empleando no sólo diferentes marcadores moleculares, sino ya a nivel genómico, usando información de muchos (miles o millones de sitios de DNA) o genomas completos. Estos estudios han revelado loci (genes) candidatos a cambios por selección durante la domesticación (Eguiarte et al., 2013; Meyer & Purugganan, 2013; Gepts, 2014; AguirreLiguori et al., 2017; Fustier et al., 2017;). Estos genes explican diferencias morfológicas además de bioquímicas entre taxa domesticados y sus parientes silvestres (Qi et al., 2013; Shang et al., 2014). A estos trabajos de caracterización genotípica previos, se unen los de re-secuenciación realizados sobre distintas accesiones de la colección del USDA (Wu et



al., 2019; Guo et al., 2019) y que suponen una fuente de información con la que contrastar los datos fenotípicos.

Además de la caracterización genómica, es muy importante la caracterización fenotípica de estos recursos, que son fuente de caracteres y pueden permitir la adaptación de los cultivos a condiciones de estrés biótico o abiótico, mitigando los efectos de la “erosión genética” causada por la sustitución de las variedades locales por variedades comerciales, y servir como reservorio de diversidad genética útil para seleccionar diferentes características morfológicas, fisiológicas, etc., que sean relevantes en el manejo futuro de una especie (FAO, 2011; Eguiarte et al., 2018).

2.4. Control genético de caracteres vegetativos del desarrollo.

De las características vegetativas, probablemente la más destacada es el hábito de crecimiento, que puede ser arbustivo o “vid” (*bush* y *vine*). El hábito de crecimiento arbustivo es común en muchos cultivares, especialmente de los tipos de calabaza de verano, y es la característica vegetativa más llamativa para distinguir muchas *Cucurbita pepo* de otros cultivos importantes de cucurbitáceas. La compacidad de la planta y la longitud y anchura del tallo varían entre las formas arbustivas, así como entre las de hábito indeterminado. Además, las plantas pueden ser de un solo tallo, ligeramente ramificadas o muy ramificadas (Paris, 2001). La mayoría de cultivares desarrollados tienen entrenudos cortos, lo que les da una apariencia tupida. El hábito de crecimiento arbustivo es ventajoso para los agricultores, ya que varias operaciones culturales y de cosecha se ven facilitadas al ser más compactos en cuanto a su crecimiento.

El hábito de crecimiento arbustivo es condicionado por un único gen dominante incompleto (*Bu*) tanto en *C. pepo* como en *C. maxima* y *C. moschata* (Denna y Munger, 1963; Grebenščíkov, 1958; Shifriss, 1947; Wu et al., 2007). Cuando se realizaron cruces entre un parental rastrero y un parental arbustivo se observó que, durante el desarrollo de la planta, esta sufría una inversión, esto quiere decir que la planta al principio presenta porte arbustivo y conforme se va desarrollando comienza a presentar un porte rastrero hasta el final (Edelstein et al., 1989). En un estudio realizado por “Agricultural Research Organization” se compararon accesiones de porte arbustivo y rastrero (*vid*) y la generación F1 de *Cucurbita pepo* para diversas características vegetativas y reproductivas (Edelstein et al., 1989). El hábito de crecimiento arbustivo fue dominante sobre el hábito de crecimiento rastrero. Las plantas de hábito rastrero produjeron más



hojas, entrenudos más largos y más flores masculinas que las plantas arbustivas y que las de la generación F1. Las plantas rastreras generaron más material vegetal que las plantas arbustivas y las F1, pero las plantas arbustivas y F1, produjeron más frutos y mayores rendimientos que las plantas en vid. Se dedujo la existencia de genes modificadores que podrían tener efecto sobre la dominancia del gen *Bu* o podrían estar involucrados diferentes genes para el hábito arbustivo (Edelstein et al., 1989).

Los tricomas son estructuras altamente variables que se observan en la epidermis en numerosas especies de plantas, pueden ser unicelulares o multicelulares, y acumular sustancias o no (Callow et al., 2000). Su desarrollo se ha encontrado vinculado a distintos factores de transcripción R2R3 MYB, basic helix-loop-helix y WD40 entre otras, además de fitohormonas, entre ellas las citoquininas que favorecen el incremento de la formación de tricomas, y los ácidos jasmónico y salicílico que contribuyen a la formación de estas células en *Arabidopsis* (Callow et al., 2000).

Los tricomas que posee *C. pepo* favorecen la protección frente al ataque de animales herbívoros, pero también la defensa frente a estreses abióticos como el calor. Además, controlan la temperatura de la hoja y la pérdida de agua (Popa y Şipoş, 2009). Las especies del género *Cucurbita* presenta tricomas en distintos órganos, principalmente en hojas y tallo, en *C. máxima* la ausencia de tricomas está causada por el alelo recesivo *gl* (Korzeniewska, 1992). Mientras que en *C. pepo*, el follaje sin tricomas, con hojas y peciolo glabros está regulado por un gen recesivo, *spn* (Superak, 1999; Paris y Brown, 2005).

Los zarcillos son una hoja, un peciolo o un tallo especializado, es el modo que tienen las plantas trepadoras de sostenerse en el medio. Los zarcillos nacen en los nudos de las hojas y es una característica morfológica de la mayoría de las cucurbitáceas (Loy, 2012). El zarcillo que brota de las plantas arbustivas es más corto que el de las plantas rastreras (Loy, 2012). El gen que controla la ausencia de zarcillos se denomina *td* (*tendriless*), es recesivo en calabaza ornamental. En *C. moschata* el hábito determinado de la planta; tallo sin zarcillos y con flores femeninas al final viene definido por el gen *de* (recesivo) (Kwack, 1995), indicando una correlación entre el hábito de crecimiento y el desarrollo de zarcillos. En *C. pepo* la producción de zarcillos está regulada por un loci, *lt*, que produce un zarcillo frondoso, con láminas (Scarchuk, 1974; Paris y Padley, 2014).



2.5. Análisis GWAS.

El progreso realizado en los últimos años en relación a las técnicas de secuenciación de próxima generación, y los sistemas de genotipado de alto rendimiento, ha transformado la genómica en plantas, lo que ha dado lugar a una fácil disponibilidad de miles de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) para la mejora genética y el estudio de especies cultivadas (Lado, 2012). Una de las herramientas que nos permite utilizar un gran número de accesiones dentro de una misma especie y sus SNPs de todo el genoma son los estudios de asociación (GWAS), estos nos permiten relacionar y profundizar en la asociación entre caracteres y regiones del genoma que regulan dichos caracteres (Rafalski, 2010; Zhang et al., 2010). GWAS es capaz de identificar los factores genéticos que determinan las variaciones fenotípicas del conjunto genético de múltiples accesiones, reconoce múltiples regiones asociadas a varios mecanismos moleculares implicados en las variaciones fenotípicas (Nakano, 2020).

A diferencia del mapeo genético de QTLs que usa progenie biparental, no habría que desarrollar una población de mapeo (F2) para GWAS, ya que detecta las regiones genómicas asociadas empleando los eventos histórico-naturales de recombinación entre las accesiones (Nakano, 2020). Para realizar el análisis GWAS en distintos caracteres es necesario disponer la información genotípica de las accesiones, y caracterizar las plantas para gran variedad de caracteres con valor agronómico (Korte y Farlow, 2013).

El primer análisis GWAS se realizó en humanos con gran éxito (Klein et al., 2005), a posteriori se incorporó su uso en animales y plantas. Numerosos análisis GWAS han sido efectuados en los principales cultivos de importancia mundial asociados a características agronómicas de importancia, como pueden ser la resistencia a enfermedades o la tolerancia a estrés biótico y abiótico (Brachi y Borevitz, 2011). La identificación de asociaciones marcador-carácter facilita información sobre la ubicación de las regiones genómicas asociadas con el control genético de los caracteres de interés (Camargo, 2017). Se han ejecutado numerosos análisis con éxito en Cucurbitáceas como la sandía, para caracteres del fruto (Guo et al., 2019), para caracteres de determinación del sexo (Aguado et al., 2020) y también en pepino para la identificación de regiones de interés para la resistencia a enfermedades (Wang et al., 2018).



MATERIAL Y MÉTODOS



3. Material y métodos.

Material vegetal

Los frutos seleccionados para el Trabajo de Fin de Máster pertenecen a una colección de 127 accesiones de *Cucurbita pepo* procedentes de la colección del USDA (<https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/search>) y seleccionados por tener forma del fruto alargada (Gallegos, 2022). Desde el punto de vista del desarrollo vegetativo estas accesiones presentan variabilidad fenotípica, por lo que son de interés para su evaluación para este tipo de caracteres.

Datos genómicos

Los datos genómicos provienen de CuGenDB (<http://cucurbitgenomics.org/>), teniéndose 1.516 accesiones de *Cucurbita* spp, de las cuales 830 pertenecen a *Cucurbita pepo*. Para las que se han conseguido 47.544 variantes en *C. pepo* repartidas por todo el genoma. Las variantes han sido obtenidas por el mapeo de las lecturas de secuenciación GBS con el genoma de referencia. Para obtener el archivo del tipo *variant call format* (vcf) se realiza un llamado de variantes (*SNP calling*), el cual contiene las variantes con sus posiciones en cada grupo de ligamiento, además de los alelos observados para cada accesión genotipada (http://cucurbitgenomics.org/ftp/GBS_SNP/cucurbita/). Estos datos genómicos son filtrados por accesión, para emplear únicamente las variantes observadas entre las 127 accesiones incorporadas al TFM.

Análisis fenotípicos

Se fenotipará 7 plantas por accesión atendiendo a los caracteres agronómicos descritos anteriormente: el hábito de crecimiento de la planta, la cuantía de tricomas y la producción de zarcillos.



- **Hábito de crecimiento.**



A



B



C

Ilustración 6: A) Hábito de crecimiento bush/arbustivo/determinado, B) Hábito de crecimiento semirastrero y C) Hábito de crecimiento tipo vid/rastrero/indeterminado (Fuente: Elaboración propia).



- **Cantidad de tricomas.**

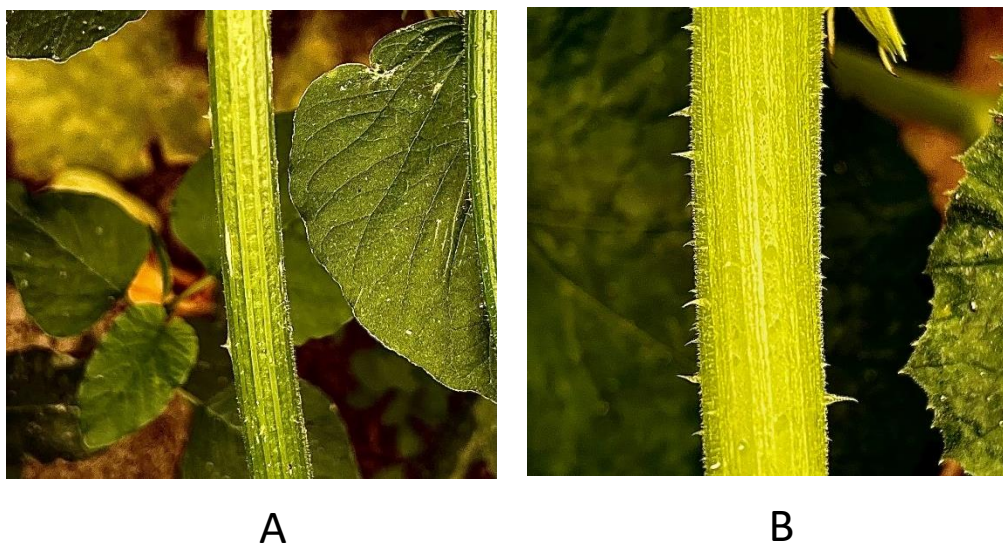


Ilustración 7: Cantidad de tricomas. A) Pocos tricomas y B) Mayor producción de tricomas (Fuente: Elaboración propia).

- **Número de zarcillos**



Ilustración 8: Número de zarcillos. A la izquierda zarcillos triples y a la derecha zarcillos dobles (Fuente: Elaboración propia).

En base a los resultados de la evaluación, para cada carácter, de las 7 plantas de cada accesión, se obtuvo un valor medio. Aquellas accesiones que presentaban variación por encima del 30% para tricomas y zarcillos y por encima del 20% en el caso



del hábito de crecimiento entre las distintas plantas, eran eliminadas del análisis. En el anexo I se muestran las 127 accesiones y se indica que accesiones se emplearon en el análisis de GWAS de cada carácter.

Análisis estadístico, estudios de asociación y evaluación del interés de las regiones detectadas

Se realizará un estudio con el paquete estadístico Statgraphics Centurión para comparar los tratamientos y variedades. Se estudiará la normalidad de los datos y se realizará un análisis de varianza ANOVA simple y múltiple, o se tratarán los resultados con métodos no paramétricos para la transformación de datos.

Se efectuará un análisis GWAS manejando el modelo lineal general (GLM) que sopesa la estructura poblacional en el análisis de asociación, y/o el modelo lineal mixto (MLM) que considera la estructura poblacional (matriz Q) y la relación (matriz de parentesco) para cada carácter y especie utilizando el software TASSEL 5. La elección del modelo vendrá determinada por el mejor ajuste de la distribución de los P-valores esperados y observados representado en un gráfico tipo QQ-Plot (Bradbury et al., 2007).

La técnica GWAS utiliza el método GLM (*General Lineal Model*) que estima las distancias entre las accesiones empleando la matriz de genotipado para ponderar la estratificación de la población y el método MLM (*Mixed Lineal Model*) que además de ponderar la estructura de la población, incorpora la matriz Kinship, que pondera las relaciones entre accesiones. Se utilizan tres gráficos para la visualización de resultados (Koh, 2015):

- Gráfico de componentes principales (PCA): Es un sistema que muestra la variabilidad genotípica de las accesiones. Se utiliza para estimar el efecto de la estructura de la población a través del análisis de datos multivariados en términos de estructura de covarianza de los datos.
- Gráfico de cuantiles-cuantiles (QQ plot): Este gráfico se aprovecha para evaluar la bondad del modelo utilizado (GLM o MLM) en el GWAS. Coteja para cada SNP el p-valor observado y el esperado. Es más factible que los SNP en la sección superior derecha del gráfico se desvíen de la diagonal y estén asociados con el carácter de estudio. De manera que si el número de SNPs que se desvían positivamente es muy alto puede existir sobreestimación de los SNPs asociados, y si el ajuste de los SNP se sitúa por



debajo de la línea diagonal puede indicar una subestimación. El análisis del gráfico QQ conduce a la selección del método adecuado de análisis y, por tanto, a los SNP con mejor asociación al carácter.

- Gráfico de Manhattan plot: Es un gráfico de dispersión que señala los p-valores en la escala $-\log_{10}$ (p-valor) frente a la posición genómica de los SNP y sus números de cromosomas. Los picos más altos corresponden a valores p pequeños (y mayor significación estadística) e indican que la región genómica correspondiente tiene una fuerte asociación con el carácter.

Se utilizó el software RStudio con la previa instalación del paquete “qqman” para representar el resultado del análisis de asociación en un gráfico Manhattan, con los límites de tolerancia de cada análisis. El gráfico Manhattan es una representación gráfica de dispersión que interpreta el $-\log_{10}$ p-valor calculado para cada variante (SNP). En el eje X se representa la posición de cada SNP en los distintos cromosomas y el eje Y indica el nivel de asociación de cada SNP al carácter. Se realizó un barrido del genoma con el fin de cubrir una mayor región genómica, para el hábito de crecimiento de dos millones de pb aguas arriba y abajo y para los otros dos caracteres muchos más millones de pb ya que el p-valor máximo no era concluyente y se tuvieron en cuenta los segundos y tercer p-valor máximos. Los genes que se obtuvieron están disponibles en la plataforma virtual de Cucurbit Genomic Database donde se indica el ID de cada gen, su descripción y características.



RESULTADOS Y DISCUSIÓN



4. Resultados y discusión.

4.1. Comparación de la variación de los caracteres analizados.

Con el objetivo de evaluar si los distintos caracteres estudiados en este TFM tienen relación entre sí, se realizaron análisis de regresión dos a dos, de los caracteres, producción de tricomas, hábito de crecimiento y producción de zarcillos.

Como se observa en la Ilustración 9a, la línea de tendencia indica un incremento en la producción de tricomas conforme el hábito de crecimiento es más rastrero, si bien el valor del coeficiente de regresión (R^2) es inferior a 0,5, indicando una correlación débil. De igual forma se observa para el estudio de correlación entre hábito de crecimiento y la producción de zarcillos (Ilustración 9b) y la producción de zarcillos y tricomas (Ilustración 9c), no existe una correlación fuerte entre los distintos caracteres. No obstante, sí una tendencia clara, según la cual los hábitos de crecimiento rastreros se asociarían a una mayor producción de tricomas y una mayor producción de tallos secundarios.

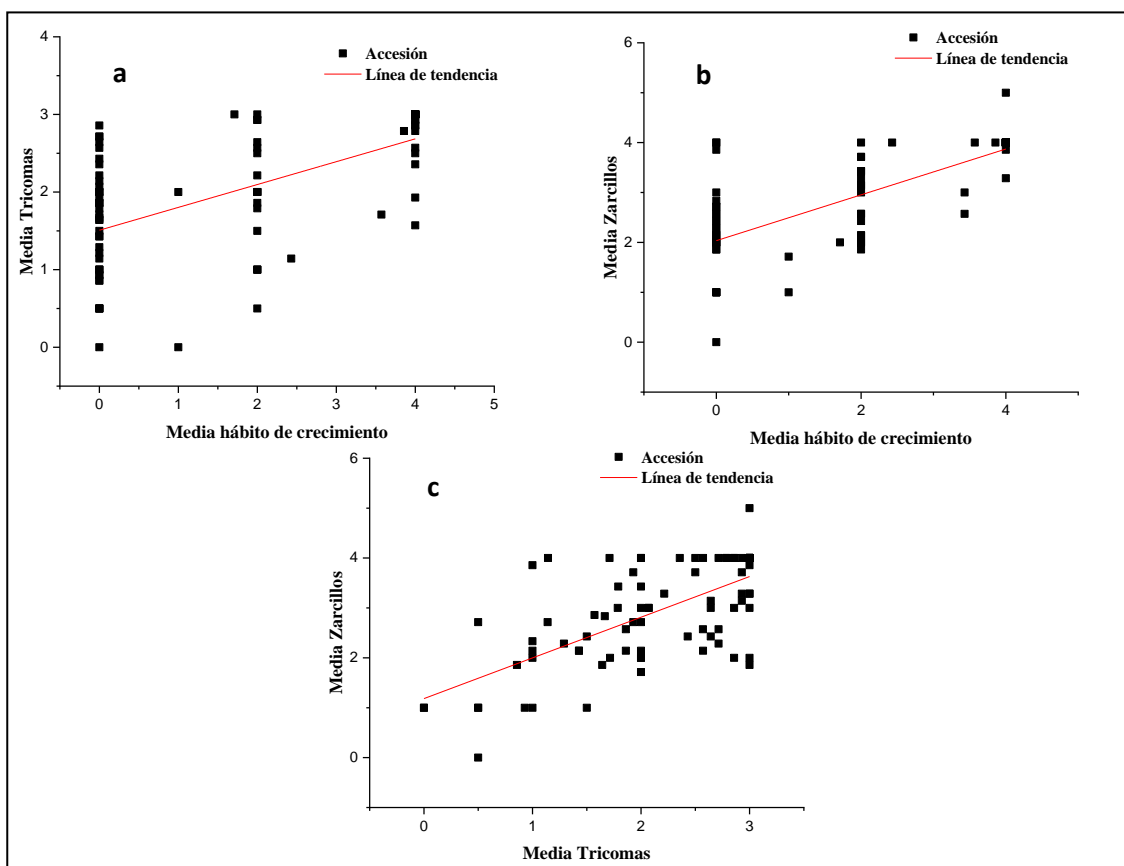


Ilustración 9: a) Regresión del hábito de crecimiento y la producción de los tricomas de cada variedad ($R^2= 0,35348$). b) Regresión entre el hábito de crecimiento de las variedades y la producción de zarcillos ($R^2= 0,51934$). c) Regresión entre la producción de tricomas y la producción de zarcillos ($R^2= 0,43725$).



Los tricomas se presentan en una multitud de formas y tamaños. A menudo secretan metabolitos secundarios y se encuentran en muchos órganos de las plantas (Wagner, 1991). Aunque se han utilizado ampliamente con fines taxonómicos, muestran una clara vinculación con la respuesta frente a estreses bióticos y abióticos (Levin, 1973; Zhang et al., 2020; Wu et al., 2021). La relación entre la producción de tricomas y el hábito de crecimiento ha sido previamente estudiada en trabajos de ecología (Wu et al., 2021), pero hay pocos datos en relación a las especies cultivadas. En *C. pepo* el estudio de plantas no glabras, que portan numerosos tricomas en tallos, peciolo, hojas y frutos, y de plantas glabras, indica que el hábito de crecimiento no está asociado con la cantidad de tricomas (Xiao y Loy, 2007). Por lo que, nuestros resultados podrían deberse a un sesgo en el panel de accesiones. No obstante, el estudio de asociación de ambos caracteres puede resultar de interés. Estos resultados serán de utilidad para contrastar las regiones del genoma asociadas a uno u otro carácter. Es posible que, si existe asociación entre una mayor producción de tricomas o zarcillos con el hábito de crecimiento rastrero, los caracteres muestren asociación con las mismas regiones del genoma. Los genes controlando los distintos caracteres se encuentren próximos en esas regiones.

Al contrario que los tricomas, la producción de zarcillos sí está claramente vinculada al hábito de crecimiento (Sousa-Baena et al., 2018). El hábito trepador de las angiospermas ha evolucionado en múltiples ocasiones, y se han producido diversas estrategias trepadoras, como ganchos o los zarcillos. Los zarcillos son órganos sencillos con forma de hilo que pueden enroscarse en otras estructuras de las plantas. El estudio de la base molecular del desarrollo de los zarcillos en múltiples familias de plantas indica que la formación de los zarcillos es diversa, pero todos realizan un crecimiento helicoidal asociado a un enrollamiento por contacto (Sousa-Baena et al., 2018). En las cucurbitáceas derivan de tallos secundarios modificados, el análisis de 3000 líneas en *C. sativus*, mostró que la ausencia de zarcillos y la conversión de estos en tallos secundarios, dependía de una mutación en el gen *TEN*, que codifica para un factor de transcripción TCP conservado en las cucurbitáceas y expresado específicamente en los zarcillos (Wang et al., 2015). Aunque la correlación observada entre el hábito de crecimiento y la producción de zarcillos en nuestro panel de accesiones de *C. pepo* no es fuerte ($R^2 = 0,51934$), sí indica correlación positiva entre los dos caracteres. Comprobar si existen regiones asociadas y si en estas regiones, entre los posibles genes de la región,



se encuentra el homólogo en *C. pepo* al gen *TEN* de *C. sativus*, será interesante para comprender la base molecular del desarrollo de los zarcillos en esta especie.

4.2. Variación genética del panel de accesiones de *Cucurbita pepo* basada en genotipado por secuenciación GBS.

Los datos genómicos representados en este TFM fueron obtenidos por GBS de la base de datos Cucurbit Genomics Database (<http://cucurbitgenomics.org/>), con un panel de 127 accesiones, seleccionados en base a la forma del fruto. El genoma del calabacín está conformado por 20 cromosomas, el resultado del llamado de variantes del panel de accesiones indica que hay alrededor de 2000 SNPs por cromosoma, exceptuando los cromosomas 0 y 1 que poseen más del doble. Con estas variantes tipo SNP se le han realizado análisis de los componentes principales (PCA). En el análisis de PCA se manejaron todos los datos de marcadores moleculares tipo SNP de todas las accesiones del panel y un gráfico de dos dimensiones mostrando la componente principal 1 (eje X) y la componente principal 2 (eje Y) donde se representa la variabilidad genética que aporta cada una de las accesiones al conjunto (Ilustración 10).

Se realizaron tres PCAs, uno para cada uno de los caracteres, puesto que el número de accesiones de cada panel variaba. Estas diferencias se deben a los filtrados realizados en base a la variación de cada carácter, hábito de crecimiento, cantidad de tricomas, producción de zarcillos, dentro de las accesiones. Si una accesión presentaba una variación mayor de 20 para el hábito de crecimiento era eliminada del análisis. En el caso de los zarcillos se eliminaron del análisis aquellas accesiones con una variación mayor a 30, y para los de tricomas, si una accesión mostraba variabilidad mayor a 30, era eliminada también. Tras este filtrado quedaron 99 accesiones en el panel de evaluación del hábito de crecimiento, 112 accesiones en el panel de cuantía de tricomas y 97 accesiones en el panel de número de zarcillos. En el anexo I se indica que accesiones se incluyeron en cada uno de los análisis. Estos resultados permitirán determinar si existe variación entre las accesiones con el objetivo de realizar el análisis GWAS.

El análisis de componentes principales (PCA), realizado en este trabajo se empleó para representar las componentes principales 1 y 2, en el eje X e Y respectivamente. Como se observa en la Ilustración 10a, b y c, hay una distribución de los valores de las dos componentes principales de todas las accesiones según los dos



ejes de variación. Para el hábito de crecimiento la mayor distribución se observa en base a PC1 representado en el eje X, mientras que hay una menor variación entre los datos genómicos de las accesiones en base a la componente principal 2 (eje Y) (Ilustración 10a). Los resultados indican que, aunque existe variación, hay tres agrupaciones de accesiones en el eje X, pudiendo indicar la existencia de relaciones entre esas accesiones. El panel de accesiones empleado en la cuantía de tricomas muestra variabilidad, principalmente, según la componente principal 1 (eje X), no obstante, también se observan dos agrupaciones de puntos, que podrían indicar cierto grado de proximidad genética entre esas accesiones (Ilustración 10b). Por último, la evaluación de la variabilidad genética del panel de accesiones empleado en el estudio del número de zarcillos es similar a los resultados observados en el carácter tricomas. En los dos caracteres se analizan las mismas accesiones, difiriendo en quince, ya que se eliminaron quince accesiones para los zarcillos. La variación entre las accesiones es mayor según la componente principal 1, y también se pueden observar al menos una agrupación de puntos, que podría indicar la existencia de relación entre esas accesiones.

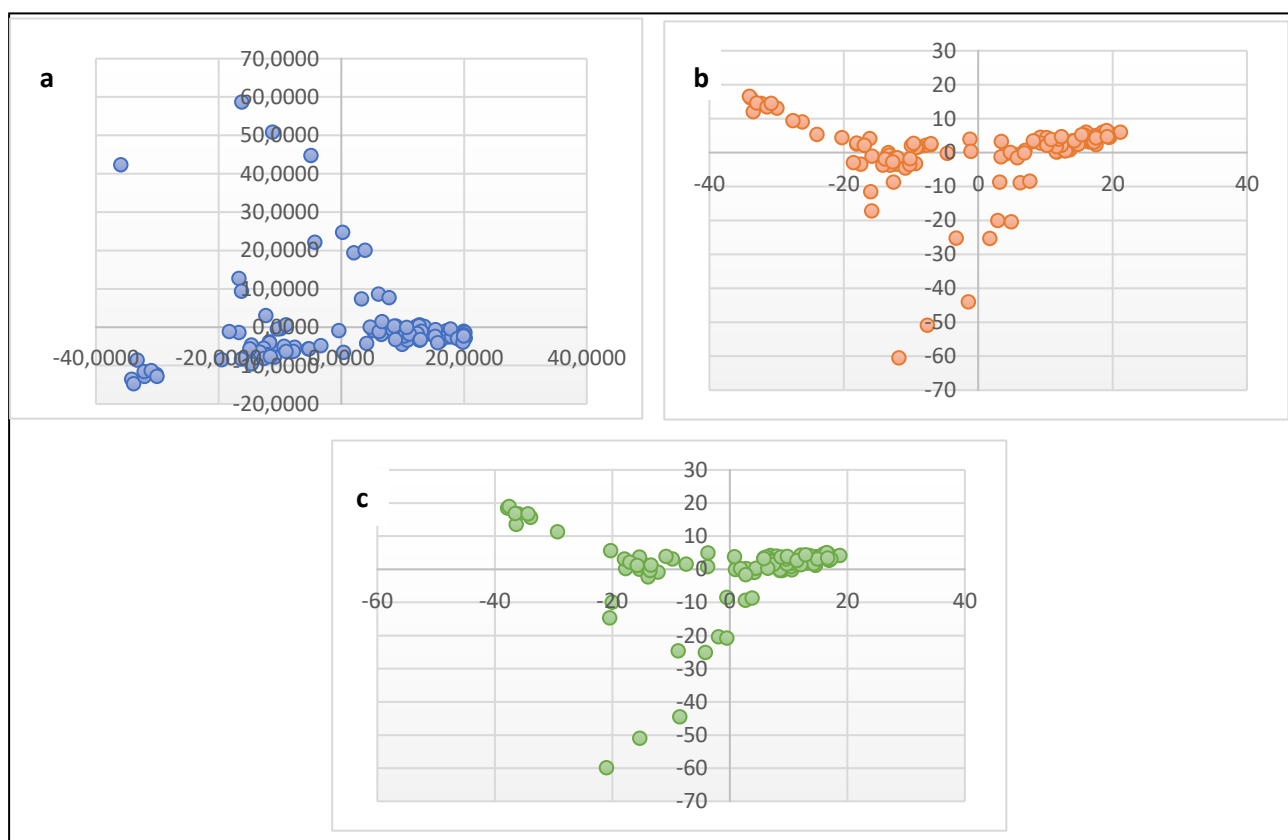


Ilustración 10: Análisis de componentes principales (PCA) de las accesiones incluidas en el análisis para cada uno de los caracteres analizados. a) Hábito de crecimiento (99 accesiones). b) Cuantía de tricomas (112 accesiones). c) Producción de zarcillos (97 accesiones).



El análisis de componentes principales es el método estándar para estimar la estructura de la población y la ascendencia de la muestra de datos genéticos. La estructura de la población puede inducir a confusión en los estudios de asociación de todo el genoma (GWAS), lo que suele abordarse mediante la inclusión de componentes principales (PC) como covariables (Chen, 2019). El componente principal 1 suele mostrar la mayor contribución a la varianza, esta es necesaria tanto a nivel genético como fenético para poder realizar el análisis de asociación. Nuestros resultados indican que las accesiones varían entre sí a nivel genético, si bien existen algunas agrupaciones. Para evitar, en la medida de lo posible, comprometer el análisis de asociación se realizarán dos tipos estadísticos de análisis GWAS, GLM y MLM. El primero incluye en el análisis la matriz MDS (Maximum Distance Separable) o Principal Co-ordinate Analysis (PCoA) como control de calidad y como co-variable de la estructura de la población. El segundo, además de incluir este control, incluye la matriz kinship, que pondera las relaciones de parentesco entre las accesiones. La inclusión de ambos controles es importante porque crean falsas asociaciones positivas entre el genotipo y el fenotipo cuando los marcadores difieren en las frecuencias entre las subpoblaciones debido al parentesco genético entre las muestras (Quantitative Trait Mapping, 2016-2020).

4.3. Análisis de asociación de genoma (GWAS) en *C. pepo* para caracteres de interés agronómico.

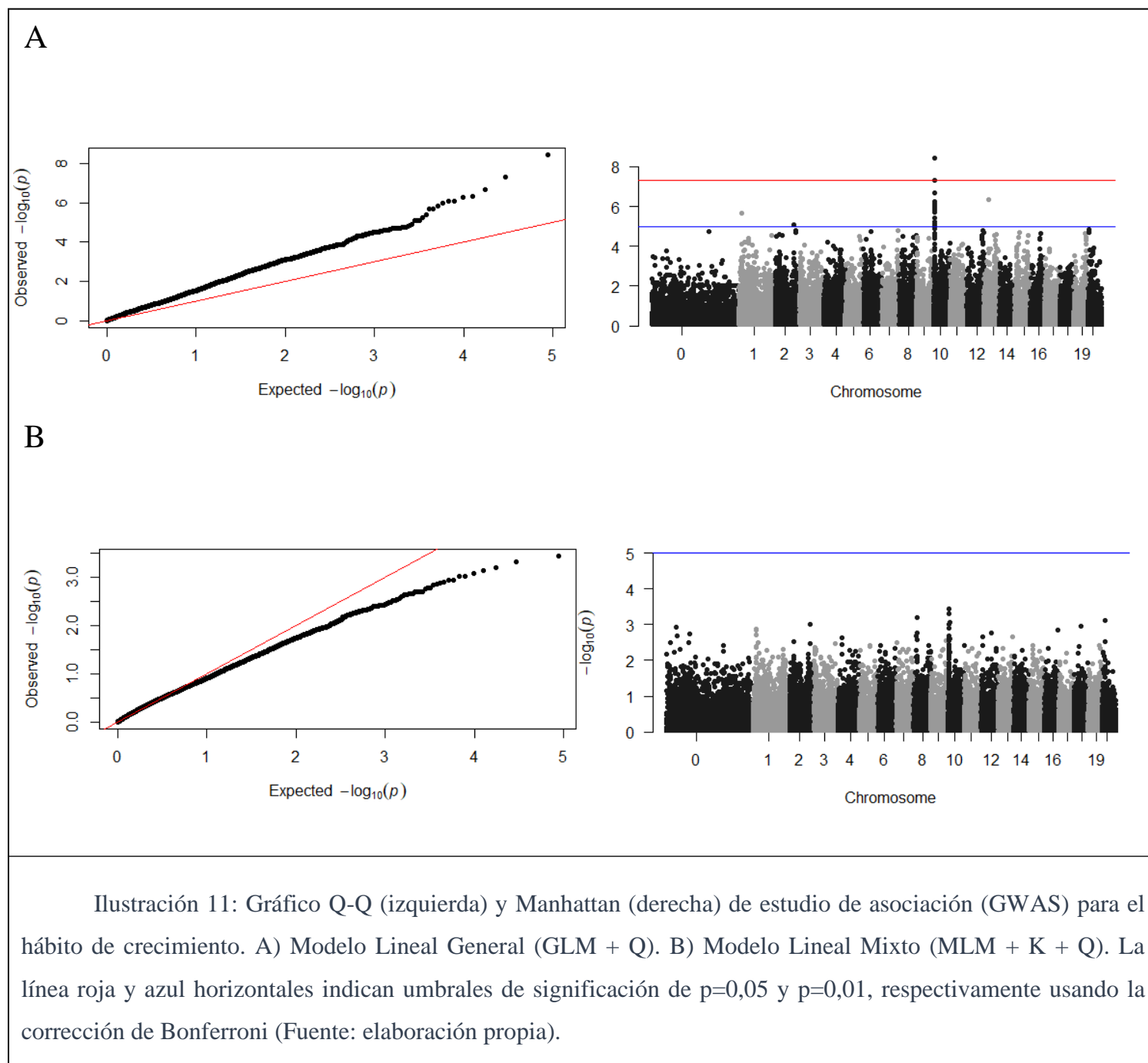
En las Ilustraciones 11, 12 y 13 se presentan los resultados del análisis GWAS obtenidos para los caracteres de hábito de crecimiento (Ilustración 11), cantidad de tricomas y producción de zarcillos en la especie de *Cucurbita pepo*. El procedimiento utilizado para cada uno de los caracteres es el mismo, y se trata del método gráfico Q-Q para el diagnóstico de diferencias entre la distribución de probabilidades. También estarán representados en un gráfico Manhattan, el cual expresa la distribución en los cromosomas de cada SNP en el eje X, y en el eje Y, el p-valor estimado (nivel de asociación de cada SNP al carácter). Para todos los caracteres se realizaron tanto el método GLM como el MLM, ambos métodos emplean la matriz MDS que pondera la estructura de la población, además, el método MLM utiliza la matriz *Kinship* que pondera las relaciones entre accesiones. Ambos métodos permiten observar la correlación entre los p-valores observados y esperados. Los límites calculados con la



metodología de Bonferroni identifican SNPs con asociación estadística ($\alpha=0,05$ y $\alpha=0,01$).

4.3.1. Hábito de crecimiento.

El hábito de crecimiento es una característica vegetativa muy importante a nivel agronómico ya que el manejo del agricultor depende completamente del desarrollo de la planta que son necesarios para aumentar el potencial de rendimiento del cultivo. Por lo tanto, conocer los mecanismos moleculares implicados en este carácter en *C. pepo* podría tener gran relevancia desde el punto de vista agronómico. En la Ilustración 11 se muestran los resultados obtenidos para el hábito de crecimiento. El gráfico QQ plot (tanto en MLM como en GLM) muestra un buen ajuste entre los p-valores observados y esperados. No obstante, mientras que para el método GLM se observa una sobreestimación del impacto de los SNPs en el carácter (Ilustración 11A, izquierda), para el método MLM se observa una subestimación (Ilustración 11B, izquierda). Los gráficos Manhattan, muestran el nivel de asociación y si esta es significativa. Para el método GLM (Ilustración 11A, derecha) se observa asociación entre el hábito de crecimiento y gran número de variantes de una región del cromosoma 10. Algunos SNPs de la región alcanzan el nivel de significación $\alpha=0,05$ y $\alpha=0,01$. Además de esta región, se encuentra asociación significativa en el inicio del cromosoma 1, en el cromosoma 2 y 13. Aunque para el método estadístico MLM, no se observa asociación significativa, resulta relevante que tanto la región del cromosoma 1, como la región del cromosoma 10 que se encuentran asociadas en el método GLM, también numerosos SNPs muestran asociación en el análisis MLM (Ilustración 10B, derecha). Es de destacar los resultados de la región del cromosoma 10. Para ambas regiones se determinó realizar una evaluación de los genes anotados, con el objetivo de buscar posibles candidatos al control del carácter.

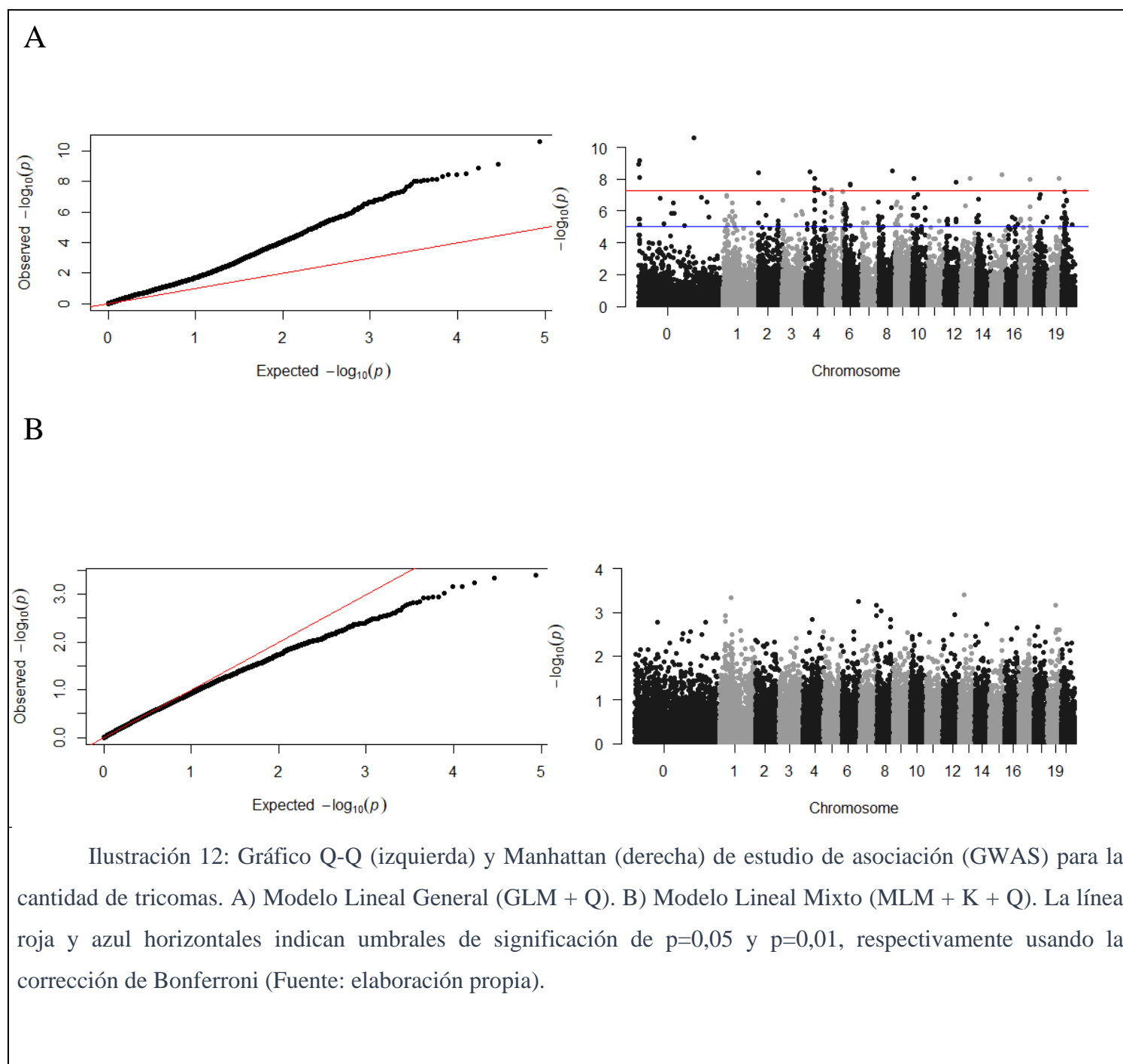


4.3.2. Tricomas.

Los tricomas son protuberancias que se encuentran en diferentes partes de la epidermis de muchas especies de plantas, los cuales les permiten tolerar condiciones de estrés abiótico como alta radiación solar y sequía. Estas protuberancias a veces presentan una grave problemática para el agricultor ya que pueden provocar pinchazos



en aquellos que trabajan con el cultivo. *C. pepo* puede presentar tricomas espinosos que afectan al manejo del cultivo (Cuellar, 2013). Por ello, detectar regiones del genoma y genes implicados en este carácter es valioso para la mejora genética. En la Ilustración 12 se muestran los resultados obtenidos para la cantidad de tricomas. El gráfico QQ plot (tanto en MLM como en GLM) (Ilustración 12A y B, izquierda) muestra el ajuste del impacto de los SNPs sobre este carácter. Al igual que se observaba para el carácter hábito de crecimiento, el método GLM encuentra gran número de SNPs asociados al carácter, lo que se refleja a su vez en el gráfico Manhanttan (Ilustración 12A, derecha). Lo contrario se observa para el método MLM, con un ajuste inferior a lo esperado (Ilustración 12B, derecha). En base a estos resultados en los gráficos Manhanttan aparecen gran número de SNPs con asociación significativa en distintas regiones y cromosomas en los dos análisis (Ilustración 12A y B, derecha). De todas ellas una de las de mayor significación es la región del inicio del cromosoma 1, que alcanza el mayor valor de $-\log$ (P-valor) en el análisis con el método MLM (6.911.523). También se observa asociación con numerosos SNPs situados en la región al inicio del cromosoma 10, en el análisis GLM, y en menor medida en el análisis MLM. Debido a que se repetían los resultados de esas dos regiones para los dos métodos de análisis, se seleccionaron como regiones candidatas.

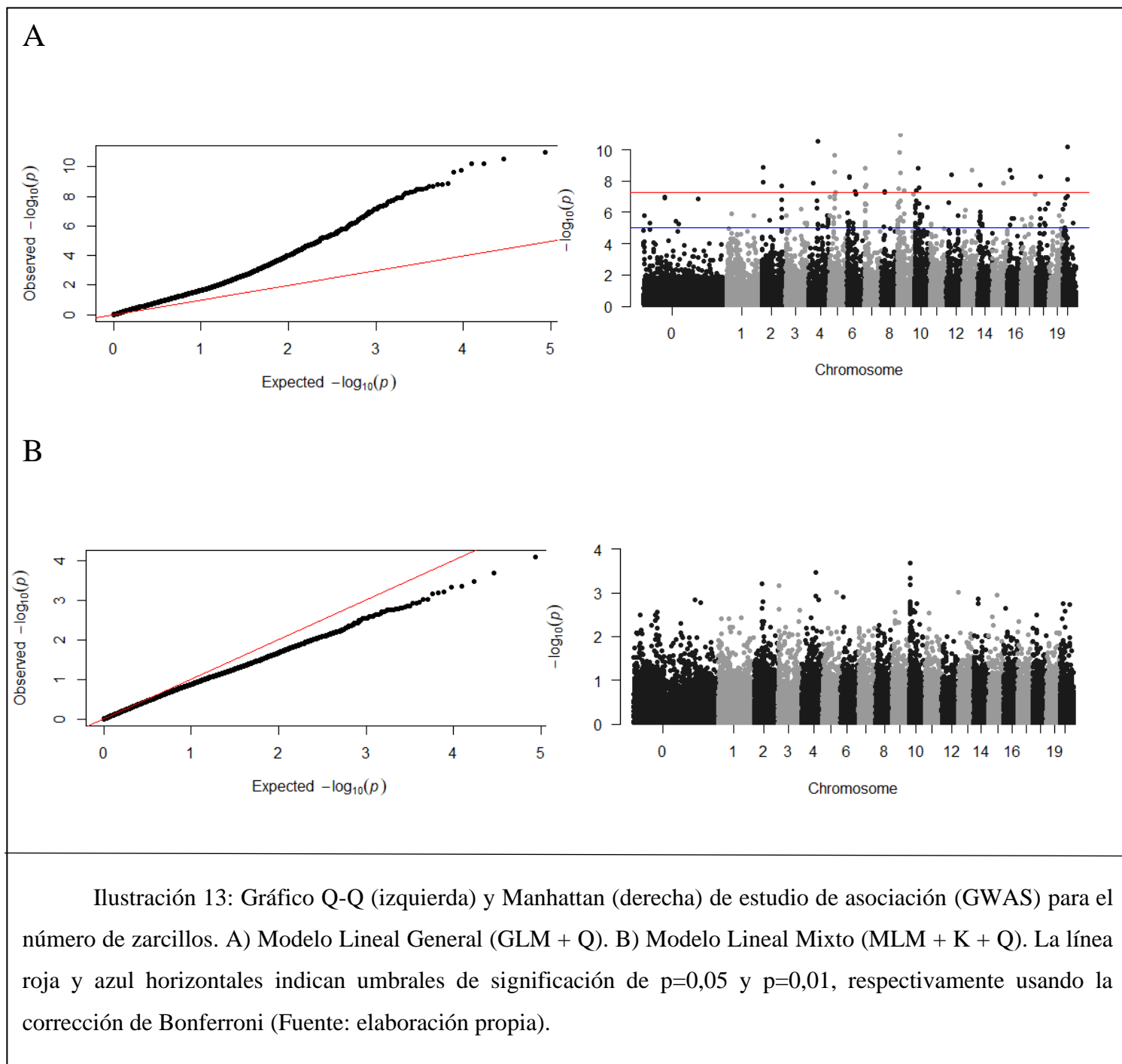


4.3.3. Zarcillos.

Loy (2012) ya citó que los zarcillos son una hoja, un peciolo o un tallo especializado, cuya función principal es sostenerse en el medio. En la Ilustración 13 se muestran los resultados obtenidos para la producción de zarcillos. El gráfico QQ plot (tanto en MLM como en GLM) (Ilustración 13A y B, izquierda) muestra, como en los casos anteriores, una sobreestimación del impacto de los SNPs ($-\log P$ -valor mayor



observado que esperado) en el resultado del método GLM, mientras que los resultados de aplicar el método MLM apuntan a una subestimación. Por lo que, como en los casos anteriores, se ha optado por un análisis conjunto de los resultados para designar las regiones genómicas a investigar en apartados posteriores. La representación Manhattan (Ilustración 13A y B, derecha), muestra que el análisis GLM encuentra múltiples regiones con asociación al carácter y esta asociación es significativa. Al comparar estos resultados con los obtenidos por el método MLM se observa que, aunque no son significativas, las regiones con mayor asociación con el carácter se localizan al inicio del cromosoma 10 y en el cromosoma 4. De hecho, el método GLM muestra múltiples SNPs asociados significativamente en regiones del 4, 5, 7, 9 y el cromosoma 10. Sin embargo, las regiones del 5, 7 y 9 pierden relevancia en el análisis con MLM. Por esta razón se decidió investigar para este carácter los genes anotados en las regiones del 4 y el 10.



4.3.4. Resumen de regiones candidatas.

Con el fin de investigar las regiones del genoma que pueden estar asociadas a cada uno de los caracteres, se escogieron las variantes con mayor p-valor de cada una de las regiones, considerando los resultados obtenidos por los métodos GLM y MLM. Se



llevó a cabo un barrido del genoma de un millón de pb aguas arriba y abajo desde la localización de los SNPs con mayor p-valor para el carácter del hábito de crecimiento, en el caso de los zarcillos y tricomas se cubrió una región más amplia de pb (Tabla 2). Este análisis condujo a la anotación de los genes de cada región (Anexo II). A través de una búsqueda bibliográfica se evalúa el potencial valor de estos genes en cada uno de los caracteres.

Tabla 2: Regiones investigadas para cada carácter analizado en este TFM. Se indican el cromosoma, el método de análisis y la posición dentro del cromosoma con mayor $-\log P$ -valor. Por último, se indican las regiones seleccionadas para su estudio (Fuente: elaboración propia).

CARÁCTER	CROMOSOMA	GLM/MLM	POSICIÓN	REGIONES CANDIDATAS SELECCIONADAS
HÁBITO DE CRECIMIENTO	1	GLM	1.898.486	De 898.486 a 2.898.486
	1	MLM	1.898.486	
	10	GLM	843.138	De 0 a 1.843.138
	10	MLM	843.138	
TRICOMAS	1	GLM	2.280.342	De 1.500.000 a 7.000.000
	1	MLM	6.911.523	
	10	GLM	1.545.915	De 1.000.000 a 4.500.000
	10	MLM	5.801.601	
ZARCILLOS	4	GLM	6.049.751	De 5.000.000 a 9.000.000
	4	MLM	8.347.127	
	10	GLM	2.472.576	De 1.472.576 a 3.472.576
	10	MLM	2.150.841	

En el análisis de asociación realizado para el hábito de crecimiento, se encontraron resultados relevantes para una región del cromosoma 10. Además de esta región, se decidió investigar una región del cromosoma 1, por mostrar tanto en el análisis GLM, como en el análisis MLM, asociación ($-\log P$ -valor más alto) entre los SNPs de la región y el carácter. En ambos casos, dada la coincidencia de resultados en el análisis GLM y MLM, se han investigado regiones de aproximadamente 2 millones de pares de bases (MB). En la región del 1 se encuentran anotados seis genes y en la región del 10 hay anotados catorce genes. Para el carácter tricomas también se



analizaron dos regiones, una en el 1 y otra en el 10. Los resultados contrastantes entre los métodos GLM y MLM, los SNPs con mayor $-\log P$ -valor no se encuentran en la misma posición, si bien sí hay coincidencia entre otros SNPs con significación. Se ha investigado una región de 5,5 MB en la región de 1, con diez genes anotados y 3,5 MB en la región del 10, con ocho genes anotados. Para el carácter número de zarcillos, la región del cromosoma 4 se amplió a 4 MB debido a los resultados contrastantes entre los métodos GLM y MLM. Mientras que, en la región del 10, los resultados de ambos métodos indican que los SNPs con mayor significación se sitúan a 300.000 pb. En estas regiones se localizan tres genes (cromosoma 4) y un gen en el cromosoma 10. Estos datos indicarían que los resultados del hábito de crecimiento y los resultados del cromosoma 10 para los zarcillos son más consistentes.

4.4. Genes candidatos en las regiones de interés.

En la Tabla 3 se presenta el resumen de los genes candidatos que desde el punto de vista de la bibliografía podrían estar implicados en los distintos caracteres. Se indican el cromosoma, posición inicial y final, junto al gen ID y la anotación. El resto de los resultados se incluyen en el ANEXO II.

Tabla 3: Resumen de regiones genómicas de interés en *C. pepo* para los caracteres de hábito de crecimiento, cantidad de tricomas y número de zarcillos (Fuente: <http://cucurbitgenomics.org/>, elaboración propia).

CARÁCTER	CROMOSOMA	POSICIÓN INICIAL	POSICIÓN FINAL	GEN ID	FUNCIÓN
Hábito de crecimiento	1	940938	948377	Cp4.1LG01g05020	ARF guanine-nucleotide exchange factor GNOM-like
		1362290	1364249	Cp4.1LG01g04280	Cytokinin dehydrogenase
		1502946	1505440	Cp4.1LG01g03950	IAA-amino acid hydrolase ILR1-like 1
		1643760	1644347	Cp4.1LG01g03820	Plant invertase/pectin methylesterase



					inhibitor superfamily protein
		2400593	2403146	Cp4.1LG01g02350	Auxin-responsive GH3 family protein
		2829209	2831905	Cp4.1LG01g01750	protein BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-like
	10	258096	258801	Cp4.1LG10g06560	protein LIGHT-DEPENDENT SHORT HYPOCOTYLS 4-like
		472288	478185	Cp4.1LG10g06190	Auxin response factor
		585904	587670	Cp4.1LG10g05900	9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase
		618900	620315	Cp4.1LG10g05910	gibberellin 2-beta-dioxygenase
		1007566	1012030	Cp4.1LG10g05170	Auxin response factor
		1078992	1083182	Cp4.1LG10g05040	auxin-repressed 12.5 kDa protein-like
		1241922	1245385	Cp4.1LG10g04760	Auxin response factor
		1255475	1258175	Cp4.1LG10g04750	Cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase
		1304762	1305133	Cp4.1LG10g04560	Auxin responsive SAUR protein
		1372714	1373091	Cp4.1LG10g04390	SAUR-like auxin-



					responsive protein family
		1466562	1496357	Cp4.1LG1 0g04520	protein SHOOT GRAVITROPISM 6
		1650851	1652186	Cp4.1LG1 0g04120	protein TERMINAL FLOWER 1-like
		1700978	1703217	Cp4.1LG1 0g04060	Auxin responsive SAUR protein
		1764190	1768220	Cp4.1LG1 0g03890	IAA-amino acid hydrolase ILR1
Tricomas	1	2050330	2051584	Cp4.1LG0 1g03150	transcription factor bHLH143-like
		2189750	2193768	Cp4.1LG0 1g02960	protein trichome birefringence-like 13
		2201972	2203693	Cp4.1LG0 1g02830	myb-like protein X
		2296937	2302390	Cp4.1LG0 1g02690	MYB transcription factor
		2341237	2342373	Cp4.1LG0 1g02530	transcription factor bHLH54-like
		2444681	2445379	Cp4.1LG0 1g02340	transcription factor MYB44-like
		5041732	5048586	Cp4.1LG0 1g08120	Basic helix-loop-helix transcription factor
		5149799	5151784	Cp4.1LG0 1g07910	transcription factor MYB97-like
		5414134	5414511	Cp4.1LG0 1g07630	myb-related transcription factor, partner of profilin-like
		5424453	5425280	Cp4.1LG0 1g07670	Myb/SANT-like DNA-binding



					domain protein
	10	2165357	2167723	Cp4.1LG1 0g03200	Encodes a root meristem growth factor, Belongs to a family of functionally redundant peptides that are secreted, putative
		2364074	2384339	Cp4.1LG1 0g02890	SHR-BD domain-containing protein
		2455441	2457305	Cp4.1LG1 0g02780	GLABRA2 expression modulator-like
		2853798	2859512	Cp4.1LG1 0g02110	MYB transcription factor
		2969451	2972648	Cp4.1LG1 0g01790	transcription factor MYB36-like
		3195708	3199941	Cp4.1LG1 0g01360	GLABRA2 expression modulator-like
		3284674	3285279	Cp4.1LG1 0g01260	transcription factor MYB41-like
		4138492	4142462	Cp4.1LG1 0g10100	myb family transcription factor PHL7-like
Zarcillos	4	5425087	5427456	Cp4.1LG0 4g06060	transcription factor TCP20-like
		7715404	7717455	Cp4.1LG0 4g02610	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 1
		7733529	7734515	Cp4.1LG0 4g02650	ethylene-responsive transcription factor 3-like



	10	3330052	3331080	Cp4.1LG10g01290	ethylene-responsive transcription factor ERF060-like
--	----	---------	---------	-----------------	--

4.4.1. Hábito de crecimiento.

Entre los genes anotados en las regiones candidatas del cromosoma 1 y del 10 para el hábito de crecimiento, existen numerosos genes implicados en la biosíntesis y señalización de hormonas como las auxinas (11 genes), las giberelinas (1 gen), las citoquininas (2 genes), el ABA (1 gen) y los brasinosteroides (1 gen). Todos podrían tener relación con el carácter. Sin embargo, uno de los genes anotados en la región investigada del cromosoma 10 es Cp4.1LG10g04120 protein TERMINAL FLOWER 1-like, que muestra homología con el gen de *Arabidopsis* AT5G03840, represor de la determinación del meristemo floral en *Arabidopsis thaliana* (Repinski et al., 2012; Goretti et al., 2020).

Según las últimas investigaciones, en *Cucumis sativus*, el ortólogo a *TFL1* de *Arabidopsis*, *CsTFL1*, y *CsLFY* (*LEAFY*) regulan de manera coordinada el hábito de crecimiento indeterminado del pepino al suprimir el desarrollo del meristemo floral. El hábito de crecimiento depende de si se determina el meristemo en floral o en una inflorescencia. Eso depende de la interacción de *TFL1*, *LFY* y *API*, la expresión de *LFY* y *API* conducen al desarrollo de un meristemo floral, y en plantas mutantes con pérdida de función para estos genes da lugar al desarrollo de tallos en lugar de flores (Liljegren et al., 1999; Bowman et al., 1993). *TFL1*, cuyo ortólogo en tomate es SELF-PRUNING (SP) (Silva et al., 2018), reprime el desarrollo de flores y mantiene el crecimiento indeterminado del tallo (Alvarez et al., 1992; Bradley et al., 1997), de manera que mutaciones en este gen, *tfl1*, da lugar a crecimiento determinado y la conversión de meristemo de inflorescencia en un meristemo floral (Alvarez et al., 1992). *TFL1* actúa reprimiendo la expresión de los genes de desarrollo del meristemo floral, *LFY* y *API* (Hanano y Goto, 2011; Bradley et al., 1997; Blazquez et al., 2006). Mientras que *API* reprime la expresión de *TFL1* y *LFY* la promueve (Liljegren et al., 1999; Goslin et al., 2017). Al igual que en *Arabidopsis* y en pepino, en soja se observó que los ortólogos a *TFL1* tenían una alta identidad en sus secuencias de aminoácidos, pero perfiles transcripcionales bastante diferentes (Molnar et al., 2003). El papel de los



ortólogos de TFL1 puede variar con el patrón de expresión y los patrones de crecimiento de la inflorescencia. *Dt1* codifica la proteína de TFL1 y el hábito de crecimiento determinado por la variación de este gen (Liu et al., 2010).

En frijol común el meristemo del brote terminal cambia de un estado vegetativo a uno reproductivo, dando lugar a una inflorescencia terminal. Contrariamente a esto, el hábito de crecimiento indeterminado da como resultado un meristemo terminal que permanece vegetativo regulando el crecimiento vegetativo apical y el reproductivo lateral. Se concluyó que *PvTFL1* en frijol es ortólogo de TFL1 en Arabidopsis, ya que si en el meristemo terminal es reproductivo su hábito de crecimiento será arbustivo y si por el contrario el meristemo terminal es vegetativo se obtendrán plantas de hábito de crecimiento rastrero. El hábito de crecimiento determinado (tipo bush) en frijol está controlado por un alelo recesivo (Repinski et al., 2012).

Además de *TFL1*, se han detectado distintos genes relacionados con el metabolismo de las citoquininas, en la región del 1 (Cp4.1LG01g04280) y en la región del 10 (Cp4.1LG10g04750). Las citoquininas tienen acciones opuestas en el crecimiento de brotes y raíces. Estas acciones involucran a la citoquinina deshidrogenasa (*CKX*), la enzima que inactiva la citoquinina. Las citoquininas son necesarias para el mantenimiento tanto del meristemo apical del brote como del meristemo apical de la raíz (Chen et al., 2020).

En cuanto a las auxinas, presentan numerosas funciones en el desarrollo de las plantas. Entre ellas regulan el crecimiento alterando la expresión de diversos genes (Jain et al., 2006). Entre estos, los genes de las clases *Aux/IAA*, *SAUR* y *GH3* han sido ampliamente estudiados en dicotiledóneas. En el grupo II de Arabidopsis los genes *GH3* codifican IAA-amido sintetetasas que conjugan aminoácidos *IAA* y regulan el crecimiento y desarrollo de las plantas (Jain et al., 2006). En la región del 1 se han localizado tres genes del metabolismo de las auxinas (Cp4.1LG01g02350, Cp4.1LG01g03950 y Cp4.1LG01g05020), mientras que en la región delimitada del cromosoma 10 se localizan hasta 8 genes del metabolismo de las auxinas, entre los que se encuentran 7 *Auxin response factor* (Tabla 3).

Por último, tanto brasinosteroides, como giberelinas son hormonas implicadas en el crecimiento. Se han detectado dos genes del metabolismo de estas hormonas, uno en



la región del 1 (Cp4.1LG01g01750) y otro en la región del 10 (Cp4.1LG10g05910). Los brasinoesteroides (*BR*) controlan la división, elongación y diferenciación de varios tipos de células a lo largo de todo el ciclo de vida de la planta, y son clave para mantener un crecimiento adecuado, tanto en condiciones normales como en respuesta al estrés ambiental, por lo que podrían estar implicados en el hábito de crecimiento (Planas-Riverola et al., 2019). En cuanto a las giberelinas inducen al activador de la transcripción que desempeña un papel regulador en la elongación del tallo, lo cual las hace interesantes en cuanto al hábito de crecimiento (Zhang et al., 2019).

4.4.2. Tricomas.

Los tricomas son células epidérmicas altamente diferenciadas como excrecencias involucradas en la adaptación a múltiples factores ambientales abióticos y bióticos. Protegen directamente de la luz solar, el calor y la radiación ultravioleta, mientras que indirectamente influyen en la transpiración, la eficiencia en el uso del agua y la fotosíntesis (Hauser, 2014; Bickford, 2016). En las últimas dos décadas, el desarrollo de los tricomas se ha estudiado ampliamente para desentrañar los mecanismos que controlan la morfogénesis y la diferenciación celular (Ishida et al., 2008; Balkunde et al., 2010; Grebe, 2012).

En este trabajo se han identificado 3 genes *bHII* en la región asociada del cromosoma 1, y 6 factores de transcripción tipo MYB. Por otro lado, aunque con menor grado de asociación, se han encontrado en la región del cromosoma 10, 4 factores de transcripción tipo MYB (Cp4.1LG10g10100, Cp4.1LG10g01260, Cp4.1LG10g01790 y Cp4.1LG10g02110) y dos genes *GLABRA2* (Cp4.1LG10g02780 y Cp4.1LG10g01360), que podrían tener asociación con el carácter. Por lo que este trabajo puede ser la base de trabajos futuros en los que se investiguen con mayor detenimiento estas regiones del genoma.

El homólogo a Cp4.1LG10g02780 (*GLABRA2 expression modulator-like*) en *Arabidopsis* es AT2G22475 (*GEM, GL2-EXPRESSION MODULATOR*) del que se han investigado distintas funciones relacionadas con el metabolismo del ABA (Mauri et al., 2016; Baron et al., 2014), entre ellas la densidad y longitud de los pelos radiculares en respuesta al cadmio y el arsénico (Bahmani et al., 2016), por lo que podría tener relevancia también para la regulación de estreses abióticos. El otro gen *GLABRA*



anotado en la región del 10, Cp4.1LG10g01360, presenta homología con el mismo gen de *Arabidopsis*, AT2G22475.

Actualmente, se han identificado más de 40 proteínas como reguladoras positivas o negativas del patrón de aparición de los tricomas. Entre ellas se encuentran numerosos factores de transcripción. *MYB*, *bHLH* y *WDR*, que juegan un papel esencial en la iniciación de los tricomas porque forman un complejo trimérico central codificado por *GLABRA1* (*GL1*), *GLABRA3* (*GL3*) / *ENHANCER of GL3* (*EGL3*) y *TRANSPARENT TESTA GLABRA1* (*TTG1*) (Grebe, 2012; Pattanaik et al., 2014). Este complejo induce la iniciación de tricomas al activar la expresión de *GLABRA2*, el cual se encuentra en la región del cromosoma 10 estudiadas como Cp4.1LG10g02780 y Cp4.1LG10g01360 para *C. pepo*. Además, siete factores de transcripción R3 MYB reprimen la formación de tricomas al interrumpir la función del complejo trimérico, localizados en los cromosomas 1 y 10 y denominados como Cp4.1LG10g10100, Cp4.1LG10g01260, Cp4.1LG10g01790 y Cp4.1LG10g02110. *GL1* explica el fenotipo glabro, ausencia de tricomas, que ocurre ocasionalmente en múltiples plantas de *Brassicaceae*. Además, *ENHANCER de TRIPTYCHON* y *CAPRICE 2* (*ETC2*) y *ATMYC1* contribuyen a la variación natural cuantitativa de la densidad de tricomas foliares en *Arabidopsis* (Hilscher et al., 2009; Symonds et al., 2011). Ciertos estudios han demostrado que el regulador clave de la formación de órganos reproductivos, *AGAMOUS* (*AG*), suprime los programas de desarrollo de hojas y tricomas durante el desarrollo de las flores (Arteaga et al., 2019; 2021; Ó'Maoiléidigh et al., 2013). Además, en *Arabidopsis*, la expresión de *GLABRA2* (*GL2*) conduce a la iniciación de tricomas en los brotes, e inhibición de la formación de pelo radicular en las raíces (Chen y Wang, 2019).

Se identificó un factor de transcripción tipo Basic helix–loop–hélix en tomate, *SibHLH95*, encontrado en la región del cromosoma 1 como Cp4.1LG01g03150 en este proyecto, que actúa como regulador negativo de la formación de tricomas. *SibHLH95* mostró una expresión muy baja en tallos donde los tricomas están presentes en alta densidad. Se demostró que dos genes de biosíntesis de GA, *SIGA20ox2* y *SIKS5*, regulan *SibHLH95-OE* (Chen et al., 2020).



4.4.3. Zarcillos.

En las cucurbitáceas y en otras familias de plantas, los zarcillos son órganos enrolladores utilizados para trepar aportando soporte mecánico (Darwin, 1876; Putz y Holbrook, 1991). El zarcillo de las cucurbitáceas se modifica a partir de un órgano existente, como un tallo, una hoja o una flor, los resultados que se obtuvieron fueron que los zarcillos surgen a partir de una flor modificada, un tallo modificado o bien una combinación de tallo-hoja modificados (Gerrath et al, 2008).

Para el carácter de los zarcillos, entre los genes localizados en las regiones investigadas del cromosoma 4 y 10 se han encontrado un transcription factor *TCP20-like* (Cp4.1LG04g06060), una *1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 1* (Cp4.1LG04g02610) y dos genes de señalización: *ethylene-responsive transcription factor 3-like* (Cp4.1LG04g02650) y *ethylene-responsive transcription factor ERF060-like* (Cp4.1LG10g01290). El gen *TCP20-like* (Cp4.1LG04g06060) presenta homología con un gen de *Arabidopsis* AT3G27010, que está relacionado con el crecimiento celular (Rath et al., 2022) y el mantenimiento de la homeostasis de auxinas en raíces (Kong et al., 2022). Las auxinas promueven el crecimiento de los zarcillos, cuando estos entran en contacto con otro órgano al que sujetarse, las auxinas estimulan un rápido crecimiento celular en el lado opuesto favoreciendo la forma helicoidal del zarcillo y su agarre (Jaffe and Galston, 1966; Reinhold, 1967). El etileno puede tener un efecto parecido y, al igual que la aplicación de ácido indol-3-acético, sustituir el estímulo del contacto para inducir el enrollamiento de los zarcillos (Reinhold, 1967).

Entre los recursos de germoplasma de pepino, la falta de zarcillos o los zarcillos anormales son poco comunes. El gen causal es *TENDRIL-LESS* (*TEN*), que codifica un factor de transcripción TCP expresado específicamente en zarcillos. Además, se sabe que el etileno induce el enrollamiento espontáneo de los zarcillos, y se demostró que *TEN* es capturado por exones tanto de *ACC OXIDASE 1* (*ACO1*) como de *ETHYLENE RESPONSE FACTOR 1* (*ERF1*) para regular su transcripción (Chen et al., 2017; Liu et al., 2021). Los genes *TCP* (Cp4.1LG04g06060), *ERF* (Cp4.1LG04g02650 y Cp4.1LG10g01290), y *ACO1* (Cp4.1LG04g02610) se localizaron en las regiones investigadas 4 y 10. Todos estos podrían tener relación con el carácter presentando homología en pepino y *Arabidopsis*.

A background image showing several Cucurbita pepo L. plants. In the foreground, there is a large, green, ribbed melon-like fruit. To its right, there is a smaller, orange-colored fruit. The plants have green, curly tendrils. The background is dark and textured, possibly soil or mulch.

CONCLUSIONES



5. Conclusiones.

PRIMERA: Se caracterizó un total de 889 plantas en 127 accesiones de *C. pepo*. El panel de accesiones donde se realizaron los ensayos muestra variabilidad genotípica y fenotípica respecto a los caracteres hábito de crecimiento, cantidad de tricomas y número de zarcillos, por lo que es de interés realizar estudios de asociación para estos caracteres.

SEGUNDA: Existe correlación positiva entre los caracteres, principalmente la formación de zarcillos, con un hábito de crecimiento rastrero.

TERCERA: En el análisis de asociación para el carácter del hábito de crecimiento permitió encontrar variantes asociadas al carácter en los cromosomas 1 y 10. Para el carácter de la cantidad de tricomas en la región de los cromosomas 1 y 10. Y para el carácter del número de zarcillos en los cromosomas 4 y 10. De ellos, los resultados de los análisis GLM y MLM indican que las regiones asociadas a la producción de tricomas y la región del 4 para la producción de zarcillos deben ser investigadas en mayor profundidad.

CUARTA: En la región del cromosoma 10 asociada al hábito de crecimiento se localiza un gen *TFL1*, responsable en otras especies como *Arabidopsis* y pepino, en el hábito de crecimiento.

QUINTA: Se ha identificado en la región del cromosoma 10 asociada a la producción de tricomas, un gen anotado *GLABRA*. Este gen está asociado, no sólo a la producción de tricomas, sino también de pelos radiculares en *Arabidopsis*, por lo que podría ser explotado por su valor agrícola.

SEXTA: El estudio de asociación del genoma completo (GWAS) demuestra ser un instrumento poderoso en la identificación de regiones genómicas con asociación a caracteres vegetativos de interés agronómico en *C. pepo*.



BIBLIOGRAFÍA



6. Bibliografía.

Aguado, E., García, A., Iglesias-Moya, J., Romero, J., Wehner, T.C., Gómez-Guillamón, M. L., ... y Jamilena, M. (2020). Mapping a partial andromonoecy locus in *Citrullus lanatus* using BSA-seq and GWAS approaches. *Frontiers in Plant Science*, 11:1243.

Aguirre-Liguori, J. A. (2017) *Genómica de poblaciones del maíz silvestre, el teocintle (Zea mays ssp. parviglumis y Zea mays ssp. mexicana)* (Tesis de Doctorado). Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, México, 136 págs.

Alvarez, J., Guli, C. L., Yu, X. H., & Smyth, D. R. (1992). *Terminal flower: a gene affecting inflorescence development in Arabidopsis thaliana*. *The Plant Journal*, 2(1), 103-116.

Andrés Ruíz, I. M. (2012). *Estudio preliminar para el desarrollo de una colección de mutantes en calabacín (Cucurbita pepo)* (Proyecto fin de carrera). Universidad de Almería.

Arteaga Ramos, N. (2019). *Identificación y caracterización de genes implicados en la variación natural para el patrón de tricomas en Arabidopsis* (Tesis de Doctorado). Universidad Autónoma de Madrid.

Arteaga, N., Savic, M., Méndez-Vigo, B., Fuster-Pons, A., Torres-Pérez, R., Oliveros, J. C., ... & Alonso-Blanco, C. (2021). MYB transcription factors drive evolutionary innovations in Arabidopsis fruit trichome patterning. *The Plant Cell*, 33(3), 548-565.

Bahmani, R., Kim, D. G., Kim, J. A., & Hwang, S. (2016). The density and length of root hairs are enhanced in response to cadmium and arsenic by modulating gene expressions involved in fate determination and morphogenesis of root hairs in Arabidopsis. *Frontiers in Plant Science*, 7, 1763.

Balkunde, R., Pesch, M., & Hülskamp, M. (2010). Trichome patterning in *Arabidopsis thaliana*: from genetic to molecular models. *Current topics in developmental biology*, 91, 299-321.



Baron, K. N., Schroeder, D. F., & Stasolla, C. (2014). GEM-Related 5 (GER5), an ABA and stress-responsive GRAM domain protein regulating seed development and inflorescence architecture. *Plant Science*, 223, 153-166.

Bickford, C. P. (2016). Ecophysiology of leaf trichomes. *Functional Plant Biology*, 43(9), 807-814.

Blain, D. (1987). Neglected crops. In *Ceres* (Vol. 20, Issue 1).

Blazquez, M. A., Ferrandiz, C., Madueno, F., & Parcy, F. (2006). How floral meristems are built. *Plant molecular biology*, 60(6), 855-870.

Bowman, J. L., Alvarez, J., Weigel, D., Meyerowitz, E. M., & Smyth, D. R. (1993). Control of flower development in *Arabidopsis thaliana* by *APETALA1* and interacting genes. *Development*, 119(3), 721-743.

Brachi, B., Morris, P., y Borevitz, O. (2011). Genome-wide association studies in plants: the missing heritability is in the field. *Genome biology*, 12(10):1-8.

Bradbury, P. J., Zhang, Z., Kroon, D. E., Casstevens, T. M., Ramdoss, Y., & Buckler, E.S. (2007). TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics*, 23(19), 2633-2635.

Bradley, D., Ratcliffe, O., Vincent, C., Carpenter, R., & Coen, E. (1997). Inflorescence commitment and architecture in *Arabidopsis*. *Science*, 275(5296), 80-83.

CAJAMAR. 2021. Análisis de la campaña hortofrutícola de Almería. Campaña 2020/2021. Cajamar Caja Rural. Servicio de Estudios Agroalimentarios de Cajamar, Almería, España.

Callow, J. A., Hallahan, D. L., & Gray, J. C. (Eds.). (2000). *Plant trichomes*, 31. Elsevier.

Camargo, Y. (2017). *Asociación de marcadores AFLPs y caracteres de calidad y rendimiento en trigo candeal *Triticum turgidum* L. var. *Durum** (Tesis de doctorado). Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina.

Cañedo, V., T. Medina, J. Amanzo, & J. Álvarez. 2020. Línea de base de la diversidad de la calabaza y el zapallo peruano con fines de bioseguridad. Ministerio del Ambiente, Perú.



Chen, C. (2019). Controlling for stratification in (meta-)GWAS with PCA: Theory, applications, and implications. Retrieved 6 June 2022, from <https://www.broadinstitute.org/talks/controlling-stratification-meta-gwas-pca-theory-applications-and-implications>

Chen, F., Fu, B., Pan, Y., Zhang, C., Wen, H., Weng, Y., ... & Li, Y. (2017). Fine mapping identifies *CsGCN5* encoding a histone acetyltransferase as putative candidate gene for *tendrill-less1* mutation (*td-1*) in cucumber. *Theoretical and applied genetics*, 130(8), 1549-1558.

Chen, L., Zhao, J., Song, J., & Jameson, P. E. (2020). Cytokinin dehydrogenase: a genetic target for yield improvement in wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 18(3), 614-630.

Chen, S., & Wang, S. (2019). *GLABRA2*, a common regulator for epidermal cell fate determination and anthocyanin biosynthesis in Arabidopsis. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(20), 4997.

Chen, Y., Su, D., Li, J., Ying, S., Deng, H., He, X., ... & Liu, M. (2020). Overexpression of *bHLH95*, a basic helix–loop–helix transcription factor family member, impacts trichome formation via regulating gibberellin biosynthesis in tomato. *Journal of experimental botany*, 71(12), 3450-3462.

Coculo, D., & Lionetti, V. (2022). The Plant Invertase/Pectin Methyltransferase Inhibitor Superfamily. *Frontiers in Plant Science*, 13, 863892-863892.

CUELLAR, A. L. S. (2013). Evaluación de la función de los tricomas de *Astrophytum myriostigma* (Cactaceae) (Trabajo de Fin de Máster). Instituto Potosino de Investigación Científica y tecnológica, A.C.

Darwin, C. (1876). *Movements and Habits of Climbing Plants* (2nd ed.). New York.

Denna, D. W. & H.M. Munger. (1963). Morphology of the bush and vine habits and the allelism of the bush genes in *Cucurbita maxima* and *C. pepo* squash. In *Proc. Amer. Soc. Hort. Sci.* 82, 370-377.

Edelstein, M., Paris, H. S., & Nerson, H. (1989). Dominance of bush growth habit in spaghetti squash (*Cucurbita pepo*). *Euphytica*, 43(3), 253-257.



Eguiarte, L. E., Aguirre-Liguori, J. A., Jardón-Barbolla, L., Aguirre-Planter, E. & Souza, V. (2013). Genómica de poblaciones: nada en Evolución va a tener sentido si no es a la luz de la genómica, y nada en genómica tendrá sentido si no es a la luz de la evolución. *TIP. Revista especializada en ciencias químicobiológicas*, 16(1), 42- 56.

http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1405-888X2013000100005&lng=es&nrm=iso

Eguiarte, L.E., H. Hernández-Rosales, J. Barrera-Redondo, G. Castellanos-Morales, L. Paredes-Torres, G. Sánchez de la Vega, ... y R. Lira. (2018). Domesticación, diversidad y recursos genéticos y genómicos de México: El caso de las calabazas. *TIP. Rev. Espec. Cienc.*

Esteras Gómez, C. (2012). *Desarrollo y aplicación de herramientas genómicas para la mejora de especies cucurbitáceas por calidad y resistencia a enfermedades* (Tesis de doctorado). Universitat Politècnica de València.

FAO (2011). Segundo plan de acción mundial para los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura. Comisión de recursos genéticos para la alimentación y la agricultura. Roma, Italia.

FAOSTAT. (2020). *FAO*. Recuperado el 3 de Marzo de 2022, de <https://www.fao.org/faostat/es/#data/QC>

Ferriol, M., Picó, B., Sifres, A., Nuez, F. (2003). El análisis de semillas como herramienta para el manejo de colecciones de germoplasma de *Cucurbita spp.* MERCASA. Calabacín, guía práctica de frutas y hortalizas.

Fustier, M.A., Bandenburg, J.T., Boitard, S., Lapeyronnie, J., Eguiarte, L. E., Vigouroux, Y., Manicacci, D. & Tenaillon, M. I. (2017). Signatures of local adaptation in lowland and highland teosintes from whole-genome sequencing of pooled samples. *Molecular Ecology*, 26(10), 2738-2756. <https://doi.org/10.1111/mec.14082>

Gallegos, C.J. (2021). *Improved design of containers and fertigation systems to increase production efficiency in soilless culture* (Tesis de doctorado). Universidad de Almería.

Gallegos, C.J. (2022). *Estudio de asociación (GWAS) para caracteres del fruto con valor agronómico en las especies Cucurbita pepo y Cucurbita máxima* (Trabajo Fin de Máster). Universidad de Almería, España.



Gepts, P. (2014). The contribution of genetic and genomic approaches to plant domestication studies. *Current Opinion in Plant Biology*, 18(1), 51–59. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2014.02.001>

Gerrath, J. M., Guthrie, T. B., Zitnak, T. A., & Posluszny, U. (2008). Development of the axillary bud complex in *Echinocystis lobata* (Cucurbitaceae): interpreting the cucurbitaceous tendril. *American journal of botany*, 95(7), 773-781.

Gille, S., & Pauly, M. (2012). O-acetylation of plant cell wall polysaccharides. *Frontiers in plant science*, 3, 12.

Goretti, D., Silvestre, M., Collani, S., Langenecker, T., Méndez, C., Madueño, F., & Schmid, M. (2020). *TERMINAL FLOWER1* functions as a mobile transcriptional cofactor in the shoot apical meristem. *Plant Physiology*, 182(4), 2081-2095.

Goslin, K., Zheng, B., Serrano-Mislata, A., Rae, L., Ryan, P. T., Kwaśniewska, K., ... & Graciet, E. (2017). Transcription factor interplay between *LEAFY* and *APETALA1/CAULIFLOWER* during floral initiation. *Plant physiology*, 174(2), 1097-1109.

Grebe, M. (2012). The patterning of epidermal hairs in *Arabidopsis*—updated. *Current opinion in plant biology*, 15(1), 31-37.

Grebensčikov, I. (1958). Notulae cucurbitologicae III. *Die Kulturpflanze*, 6(1), 38-60.

Guo, Y., Gao, M., Liang, X., Xu, M., Liu, X., Zhang, Y., Liu, X., Liu, J., Gao, Y., Qu, S., y Luan, F. (2020). Quantitative trait loci for seed size variation in Cucurbits—a Review. *Frontiers in Plant Science*, 11(304), 01-12.

Hanano, S., & Goto, K. (2011). *Arabidopsis TERMINAL FLOWER1* is involved in the regulation of flowering time and inflorescence development through transcriptional repression. *The Plant Cell*, 23(9), 3172-3184.

Hauser, M. T. (2014). Molecular basis of natural variation and environmental control of trichome patterning. *Frontiers in Plant Science*, 5, 320.

Hilscher, J., Schlötterer, C., & Hauser, M. T. (2009). A single amino acid replacement in *ETC2* shapes trichome patterning in natural *Arabidopsis* populations. *Current Biology*, 19(20), 1747-1751.



Ishida, T., Kurata, T., Okada, K., & Wada, T. (2008). A Genetic Regulatory Network in the Development of Trichomes and Roots Hairs. *Annual review of plant biology*, 59, 365.

Jaffe, M. J., & Galston, A. W. (1966). Physiological studies on pea tendrils. I. Growth and coiling following mechanical stimulation. *Plant physiology*, 41(6), 1014-1025.

Jain, M., Kaur, N., Tyagi, A. K., & Khurana, J. P. (2006). The auxin-responsive GH3 gene family in rice (*Oryza sativa*). *Functional & integrative genomics*, 6(1), 36-46.

Klein, J., Zeiss, C., Chew, Y., Tsai, Y., Sackler, S., Haynes, C., Henning, K., SanGiovanni, P., Mane, M., Mayne, T. et al. (2005). Complement factor H polymorphism in age-related macular degeneration. *Science*, 308, 385-389.

Koh, J., Kwon, Y., y Thomson, M. (2015). *Current technologies in plant molecular breeding*. A guidebook of plant molecular breeding for researchers. Springer, Netherlands.

Kong, Q., Low, P. M., Lim, A. R., Yang, Y., Yuan, L., & Ma, W. (2022). Functional Antagonism of WR11 and TCP20 Modulates GH3. 3 Expression to Maintain Auxin Homeostasis in Roots. *Plants*, 11(3), 454.

Korte, A., y Farlow, A. (2013). The advantages and limitations of trait analysis with GWAS: a review. *Plant Methods*, 9:29.

Korzeniewska, A. (1992, July). New genes in *Cucurbita maxima* Duch. In *Proceedings of Cucurbitaceae*, 92, 75-78.

Lado, L.B. (2012). *Identificación de SNPs mediante genotipado por secuenciación para el mejoramiento genético de trigo (Triticum aestivum L.)* (Trabajo de Fin de Máster). Universidad de la Republica, Uruguay.

Levin, D. A. (1973). The role of trichomes in plant defense. *The quarterly review of biology*, 48(1, Part 1), 3-15.

Liljegren, S. J., Gustafson-Brown, C., Pinyopich, A., Ditta, G. S., & Yanofsky, M. F. (1999). Interactions among *APETALA1*, *LEAFY*, and *TERMINAL FLOWER1* specify meristem fate. *The Plant Cell*, 11(6), 1007-1018.



Liu, B., Watanabe, S., Uchiyama, T., Kong, F., Kanazawa, A., Xia, Z., ... & Abe, J. (2010). The soybean stem growth habit gene *Dt1* is an ortholog of Arabidopsis *TERMINAL FLOWER1*. *Plant Physiology*, *153*(1), 198-210.

Liu, X., Chen, J., & Zhang, X. (2021). Genetic regulation of shoot architecture in cucumber. *Horticulture Research*, *8*.

Loy, B. (2012). A recessive tendrillless mutant in ornamental pumpkin. *Cucurbit Genet Coop Rpt*, 35-36.

MAPA. (s.f.). *Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación*. Recuperado el 4 de Marzo de 2022, de <https://www.mapa.gob.es/app/MaterialVegetal/fichaMaterialVegetal.aspx?idFicha=2525>

Marone, D., Rodriguez, M., Saia, S., Papa, R., Rau, D., Pecorella, I., ... & De Vita, P. (2020). Genome-wide association mapping of prostrate/erect growth habit in winter durum wheat. *International journal of molecular sciences*, *21*(2), 394.

Mauri, N., Fernández-Marcos, M., Costas, C., Desvoves, B., Pichel, A., Caro, E., & Gutierrez, C. (2016). GEM, a member of the GRAM domain family of proteins, is part of the ABA signaling pathway. *Scientific reports*, *6*(1), 1-11.

Meyer, R. S. & Purugganan, M. D. (2013). Evolution of crop species: genetics of domestication and diversification. *Nature Reviews. Genetics*, *14*, 840–852. <https://doi.org/10.1038/nrg3605>

Molnar, S. J., Rai, S., Charette, M., & Cober, E. R. (2003). Simple sequence repeat (SSR) markers linked to E1, E3, E4, and E7 maturity genes in soybean. *Genome*, *46*(6), 1024-1036.

Nakano, Y., y Kobayashi, Y. (2020). Genome-wide association studies of agronomic traits consisting of field-and molecular-based phenotypes. *Reviews in Agricultural Science*, *8*, 28-45.

Nyeon, K. S. (1995). Inheritance of Determinate Growth Habit in *Cucurbita moschata* Poir. *HORTICULTURE ENVIRONMENT and BIOTECHNOLOGY*, *36*(6), 780-784.



Ó'Maoiléidigh, D. S., Wuest, S. E., Rae, L., Raganelli, A., Ryan, P. T., Kwaśniewska, K., ... & Wellmer, F. (2013). Control of reproductive floral organ identity specification in *Arabidopsis* by the C function regulator AGAMOUS. *The Plant Cell*, 25(7), 2482-2503.

Paris, H. S. (2001). History of the cultivar-groups of *Cucurbita pepo*. *HORTICULTURAL REVIEWS-WESTPORT THEN NEW YORK*-, 25, 71-170.

Paris, H. S., & Brown, R. N. (2005). The genes of pumpkin and squash. *HortScience*, 40(6), 1620-1630.

Paris, H. S., & Edelstein, M. (2001). Same Gene for Bush Growth Habit in *Cucurbita pepo* spp. *pepo* as in *C. pepo* ssp *ovifera*. *REPORT-CUCURBIT GENETICS COOPERATIVE*, 24, 80-81.

Paris, H. S., & Padley, L. D. J. (2014). Gene list for *Cucurbita* species, 2014. *Cucurbit genetics cooperative report*, 37, 1-14.

Pattanaik, S., Patra, B., Singh, S. K., & Yuan, L. (2014). An overview of the gene regulatory network controlling trichome development in the model plant, *Arabidopsis*. *Frontiers in plant science*, 5, 259.

Pixabay. (2022). Retrieved 8 May 2022, from <https://pixabay.com/es/photos/m%C3%A9dula-vegetal-jard%C3%ADn-cultivo-4452312/>

Planas-Riverola, A., Gupta, A., Betegón-Putze, I., Bosch, N., Ibañes, M., & Caño-Delgado, A. I. (2019). Brassinosteroid signaling in plant development and adaptation to stress. *Development*, 146(5), dev151894.

Popa, F., & Şipoş, M. (2009). Epidermal formation–trichomes. *Bihorean Biologist*, 3(1), 27-32.

Priori, D. (2011). *Caracterização molecular de recursos genéticos de Cucurbita argyrosperma, Cucurbita ficifolia e Cucurbita pepo* (Trabajo de Fin de Máster). Universidade Federal de Pelotas.



Priori, D., Barbieri, R. L., Castro, C. M., de Oliveira, A. C., Vilela, J. C., & Mistura, C. C. (2013). Diversidade genética de *Cucurbita pepo*, *C. argyrosperma* e *C. ficifolia* empregando marcadores microssatélites. *Horticultura Brasileira*, *31*, 361-368.

Puigdomènech, P. (2018). Los genomas de las plantas cultivadas: usos y debates. *Mediterráneo económico*, (31), 171-181.

Putz, F. E., & Holbrook, N. M. (1991). Biomechanical studies of vines. *The biology of vines*, 73-97.

Qi, J., Liu, X., Shen, D., Miao, H., Xie, B., Li, X., Zeng, P., Wang, S., Shang, Y., Gu, X., Du, Y., Li, Y., Lin, T., Yuan, J., Yang, X., Chen, J., Chen, H., Xiong, X., Huang, K., Fei, Z., Mao, L., Tian, L., Städler, T., Renner, S. S., Kamoun, S., Lucas, W. J., Zhang, Z. & Huang, S. (2013). A genomic variation map provides insights into the genetic basis of cucumber domestication and diversity. *Nature Genetics*, *45*(12), 1510–1515. <https://doi.org/10.1038/ng.2801>

Quantitative Trait Mapping: Calculating A Kinship Matrix. (2016). Retrieved 10 June 2022, from <https://smcclatchy.github.io/mapping/08-calc-kinship/>

Rafalski, J.A. (2010). Association genetics in crop improvement. *Current Opinion in Plant Biology*, *13*(2):174-180.

Rath, M., Challa, K. R., Sarvepalli, K., & Nath, U. (2022). CINCINNATA-Like TCP Transcription Factors in Cell Growth—An Expanding Portfolio. *Frontiers in Plant Science*, *13*, 825341.

Reinhold, L. (1967). Induction of coiling in tendrils by auxin and carbon dioxide. *Science*, *158*(3802), 791-793.

Repinski, S. L., Kwak, M., & Gepts, P. (2012). The common bean growth habit gene *PvTFL1y* is a functional homolog of Arabidopsis *TFL1*. *Theoretical and Applied Genetics*, *124*(8), 1539-1547.

Ríos-Santos, E., R. González-Santos, J. Cadena-Iñiguez, & L. Mera-Ovando. 2018. Distribution of cultivated species and wild relatives of squash (*Cucurbita* L.) in México. *Agroproductividad* *11*(9):21-27.

Rolnik, A., y B. Olas. 2020. Vegetables from the Cucurbitaceae family and their products: Positive effect on human health. *Nutrition* *78*:110788.

Sarchuk, J. (1974). Inheritance of light yellow corolla and leafy tendrils in gourd (*Cucurbita pepo* var. *ovifera* Alef). *HORTSCIENCE*, *9*(5).



Seeds of plenty. Retrieved 8 May 2022, from <https://seedsofplenty.com.au/product/zucchini-cocozelle-2/>

Shang, Y., Ma, Y., Zhou, Y., Zhang, H., Duan, L., Chen, H., Zeng, J., Zhou, Q., Wang, S., Gu, W., Liu, M., Ren, J., Gu, X., Zhang, S., Wang, Y., Yasukawa, K., Bouwmeester, H. J., Qi, X., Zhang, Z., Lucas, W. J. & Huang, S. (2014). Biosynthesis, regulation, and domestication of bitterness in cucumber. *Science*, *346*(6213), 1084–1088. <https://doi.org/10.1126/science.1259215>

Shifriss, O. (1947). Developmental reversal of dominance in *Cucurbita pepo*. In *Proc. Amer. Soc. Hort. Sci.* *50*, 330-346.

Silva, W. B., Vicente, M. H., Robledo, J. M., Reartes, D. S., Ferrari, R. C., Bianchetti, R., ... & Zsögön, A. (2018). SELF-PRUNING acts synergistically with DIAGEOTROPICA to guide auxin responses and proper growth form. *Plant physiology*, *176*(4), 2904-2916.

Sousa-Baena, M. S., Lohmann, L. G., Hernandez-Lopes, J., & Sinha, N. R. (2018). The molecular control of tendril development in angiosperms. *New Phytologist*, *218*(3), 944-958.

Superak, T. H. (1999). *U.S. Patent No. 5,959,184*. Washington, DC: U.S. Patent and Trademark Office.

Symonds, V. V., Hatlestad, G., & Lloyd, A. M. (2011). Natural allelic variation defines a role for ATMYC1: trichome cell fate determination. *PLoS Genetics*, *7*(6), e1002069.

Wang, S., Yang, X., Xu, M., Lin, X., Lin, T., Qi, J., ... & Huang, S. (2015). A rare SNP identified a TCP transcription factor essential for tendril development in cucumber. *Molecular Plant*, *8*(12), 1795-1808.

Wang, X., Bao, K., Reddy, U.K., Bai, Y., Hammar, S.A., Jiao, C., y Fei, Z. (2018). The USDA cucumber (*Cucumis sativus* L.) collection: genetic diversity, population structure, genome-wide association studies, and core collection development. *Horticulture research*, *5*(1), 1-13.

Wu, R., Lev-Yadun, S., Sun, L., Sun, H., & Song, B. (2021). Higher elevations tend to have higher proportion of plant species with glandular Trichomes. *Frontiers in plant science*, *12*, 632464.



Wu, T., Zhou, J., Zhang, Y., & Cao, J. (2007). Characterization and inheritance of a bush-type in tropical pumpkin (*Cucurbita moschata* Duchesne). *Scientia Horticulturae*, 114(1), 1-4.

Xiao, Q., & Loy, J. B. (2007). Inheritance and characterization of a glabrous trait in summer squash. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 132(3), 327-333.

Zhang, P., Ding, Z., Zhong, Z., & Tong, H. (2019). Transcriptomic analysis for Indica and Japonica rice varieties under aluminum toxicity. *International journal of molecular sciences*, 20(4), 997.

Zhang, Y., Song, H., Wang, X., Zhou, X., Zhang, K., Chen, X., ... & Wang, A. (2020). The roles of different types of trichomes in tomato resistance to cold, drought, whiteflies, and botrytis. *Agronomy*, 10(3), 411.

Zhang, Z., Ersoz, E., Lai, C. Q., Todhunter, R. J., Tiwari, H. K., Gore, M. A., ... & Buckler, E. S. (2010). Mixed linear model approach adapted for genome-wide association studies. *Nature genetics*, 42(4), 355-360.



FASES DE REALIZACIÓN DEL TFM Y SU CRONOGRAMA ASOCIADO



7. Fases de la realización del TFM y su cronograma asociado.

La realización de este trabajo siguió el siguiente cronograma:

CRONOGRAMA	Fechas de realización					
	Fases de la realización:	02/22	03/22	04/22	05/22	06/22
1. Búsqueda de información bibliográfica						
2. Fenotipado de caracteres de interés en el fruto						
3. Análisis de datos						
3.1. Análisis estadístico del fenotipo						
3.2. Análisis de asociación (GWAS)						
3.3. Estudio genético de las regiones genómicas asociadas a caracteres de interés						
4. Redacción del documento de Trabajo Fin de Máster						



ANEXOS



8. Anexos.

8.1. Anexo I.

Anexo I: Accesiones que se emplearon en el análisis GWAS para cada carácter.

Accesión	Caracteres	Nombre de la planta	Taxonomía	País	Anotaciones
PI 136448	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Summer Squash	<i>Cucurbita pepo</i>	China	Summer squash.
PI 155301	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos		<i>Cucurbita pepo</i>	Yemen	NA
PI 164957	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Sakiz Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	White, narrow type. Kabak = pumpkin/squash.
PI 165018	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Dolma Kabagi	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Pumpkin.
PI 165023	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Sakiz Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash.
PI 165047	Hábito de crecimiento, Zarcillos	Dolma kabagi	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Pumpkin.
PI 166992	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash.
PI 167084	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash.
PI 167097	Hábito de crecimiento, Zarcillos	Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash.
PI 167136	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash.
PI 167199	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash.



PI 167392	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash.
PI 169416	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Sakiz Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash. From agricultural school, Bornova, Izmir.
PI 169417	Hábito de crecimiento, Zarcillos	1461	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Seed store, Manisa, Manisa.
PI 169420	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	1508	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 169422	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Ak Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Long white type. Market, Korkuteli. Kabak = pumpkin/squash.
PI 169429	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	1841	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Mixed types. Market, Mugla.
PI 169431	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Sakiz Kabagi	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Sweet type. Sakiz Kabagi =vegetable marrow pumpkin.
PI 169432	Hábito de crecimiento, Tricomas	Dolmalik	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 169435	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Bal Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash. Market, Akhisar, Manisa.
PI 169436	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Sakiz Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash. Market, Akhisar, Manisa.
PI 169442	Hábito de crecimiento, Zarcillos	Sakiz Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash. Seed stores and markets, Soma, Manisa Province.



PI 169443	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Tezce	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Early type. From garden of Ali Kucuk Kirca, Bergama.
PI 169446	Tricomas, Zarcillos	2359	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Seed store, Istanbul.
PI 169447	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Kolsus Sakiz	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 169454	Zarcillos	Sakiz Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash.
PI 169458	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Sakiz Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash.
PI 169461	Hábito de crecimiento, Tricomas	2948	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 169462	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Sakiz Kabak	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Kabak = pumpkin/squash.
PI 169465	Hábito de crecimiento, Zarcillos	Dolmalik	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Originally from Calova.
PI 171625	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	6789	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Sweet type. Seedsman, Amasya, Amasya.
PI 171627	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Erken	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 171633	Tricomas, Zarcillos	Dolmalik	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 172860	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	7519	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Sweet type.
PI 172861	Hábito de crecimiento, Tricomas	Dolmalik	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA



PI 172866	Tricomas, Zarcillos	7792	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Sweet type. From seed dealer, Van, Van.
PI 172870	Zarcillos	8232	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Seed dealer, Urfa, Urfa.
PI 172873	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Dolma	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Seedsman, Maras, Maras.
PI 172874	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Dolmalik	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Gardener, Elbistan Maras.
PI 173684	Zarcillos	Dolmalik	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Seedsman, Malatya, Malatya.
PI 174182	Tricomas, Zarcillos	8057	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Seed dealer, Diyarbakir.
PI 174187	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Dolma	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Market, Birecik, Urfa.
PI 174188	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Dolmalik	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Seed dealer, Nizip, Gaziantep.
PI 175707	Tricomas, Zarcillos	6048	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 175708	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	6066	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Sweet type.
PI 175710	Hábito de crecimiento, Zarcillos	Dolma	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Market, Yozgat, Yozgat.
PI 176534	Hábito de crecimiento, Tricomas	Amasya	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Seed dealer, Amasya. Originally from Amasya, Amasya.
PI 176538	Hábito de crecimiento, Zarcillos	Dolma	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Seed dealer, Sivas, Sivas.
PI 179274	Tricomas, Zarcillos	10105	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Common type.



PI 181757	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Beledi	<i>Cucurbita pepo</i>	Syria	Market, Damascus.
PI 181764	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Courge	<i>Cucurbita pepo</i>	Lebanon	NA
PI 181944	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Homs No. 10	<i>Cucurbita pepo</i>	Syria	NA
PI 182198	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Kundur	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 182199	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Dolmalik	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 182202	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	10575	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 182203	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	10653	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 206956	Hábito de crecimiento, Tricomas	741	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Bazaar, Giresun.
PI 206957	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	945	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Harasi Farm, Eskisehir.
PI 212006	Tricomas, Zarcillos	7	<i>Cucurbita pepo</i>	Iran	NA
PI 212008	Hábito de crecimiento, Tricomas	9	<i>Cucurbita pepo</i>	Iran	NA
PI 212012	Tricomas	13	<i>Cucurbita pepo</i>	Iran	NA
PI 212013	Tricomas, Zarcillos	14	<i>Cucurbita pepo</i>	Iran	NA



PI 212060	Hábito de crecimiento, Tricomas		<i>Cucurbita pepo</i>	Greece	NA
PI 222786	Tricomas, Zarcillos	Kadoo	<i>Cucurbita pepo</i>	Iran	(Kadoo, Kadu, Kaddu = pumpkin/squash.)
PI 234252	Tricomas, Zarcillos	G56-31B	<i>Cucurbita pepo</i>	Argentina	NA
PI 234615	Hábito de crecimiento, Tricomas	Long White Bush	<i>Cucurbita pepo</i>	South Africa	NA
PI 234616	Hábito de crecimiento, Tricomas	Long Green Bush	<i>Cucurbita pepo</i>	South Africa	NA
PI 234618	Hábito de crecimiento, Tricomas	Long White Bush	<i>Cucurbita pepo</i>	Australia	NA
PI 251791	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos		<i>Cucurbita pepo</i>	Unknown	Source unknown.
PI 261610	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Calabacin	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Eight inches long.
PI 267755	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Vegetable Marrow	<i>Cucurbita pepo</i>	United Kingdom	Table variety. Plants runners, vigorous, early maturing; fruit dark green, striped orange, smooth, oblong, 11 by 5 inches, four per plant. Susceptible to mosaic and powdery mildew.



PI 267758	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Saki Kabagi	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Plants vigorous, early maturing; half-runner; leaves 15-pointed; fruit cream colored, 12 ridged, 14 by 4 inches; flesh deep. Some resistance to powdery mildew.
PI 267759	Hábito de crecimiento, Tricomas	Murdurlugu	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	Plants vigorous, bush type, early maturing; fruit cream orange, oblong, 10-ridged, 18 by 4 inches; flesh deep; seed cavity small. Susceptible to powdery mildew.
PI 288240	Tricomas, Zarcillos	Eskandarany	<i>Cucurbita pepo</i>	Egypt	Bush type; runner length variable; fruits similar to 'Cocozelle'; color variable.
PI 292014	Hábito de crecimiento, Tricomas	White Bush Squash	<i>Cucurbita pepo</i>	Israel	NA
PI 306126	Tricomas, Zarcillos	Jantra	<i>Cucurbita pepo</i>	Bulgaria	NA
PI 344354	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Sakiz	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 344357	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Kolsus	<i>Cucurbita pepo</i>	Turkey	NA
PI 355054	Tricomas, Zarcillos	Mosamai	<i>Cucurbita pepo</i>	Iran	Reported to carry mosaic resistance. Received as <i>C. maxima</i> .



PI 357949	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Bolta	<i>Cucurbita pepo</i>	Macedonia	NA
PI 357955	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Bela sakaska	<i>Cucurbita pepo</i>	Macedonia	NA
PI 357960	Tricomas, Zarcillos	Resenska	<i>Cucurbita pepo</i>	Macedonia	NA
PI 357968	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Gotvarska	<i>Cucurbita pepo</i>	Macedonia	NA
PI 379307	Tricomas, Zarcillos	Tikvica	<i>Cucurbita pepo</i>	Serbia	NA
PI 379315	Tricomas	Tikvica	<i>Cucurbita pepo</i>	Macedonia	NA
PI 379316	Zarcillos	Tikvica	<i>Cucurbita pepo</i>	Macedonia	NA
PI 379317	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Tikvica	<i>Cucurbita pepo</i>	Macedonia	Tikvica = squash, gourd.
PI 418966	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Hua Yeh	<i>Cucurbita pepo</i>	China	Calabash. Bush small, short internodes. Fruit green, flat, round. Early maturity, high yield.
PI 427095	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos		<i>Cucurbita pepo</i>	China	Leaves pubescent. Fruit oblong, dark green. Growth period 50 to 60 days.
PI 431582	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Pusa Alankar	<i>Cucurbita pepo</i>	India	NA
PI 490274	Hábito de crecimiento, Tricomas	Courgette	<i>Cucurbita pepo</i>	United Kingdom	Plants bushy. Fruit oblong, smooth, mottled.



PI 491201	Hábito de crecimiento, Tricomas	Combocolokitho	<i>Cucurbita pepo</i>	Greece	Semi-bush, zucchini type. Skin light. Yield high.
PI 507886	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	2701060	<i>Cucurbita pepo</i>	Hungary	NA
PI 508467	Hábito de crecimiento, Tricomas	Bulam House	<i>Cucurbita pepo</i>	"Korea	Bush zucchini type grown in or outdoors. Maturity 50-55 days. Fruit cylindrical, waxy, light green, 25-27cm long, 4-5cm diam., 260-310g, crispy, tasty. Flesh white. Cold tolerant.
PI 508468	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Golden Zucchini	<i>Cucurbita pepo</i>	"Korea	Donor description: Bush zucchini type. Maturity 50-55 days. Fruit cylindrical, yellow, 20-25cm long, 4-4.5cm diam., 250-300g, tasty. Flesh light yellow. Curator comment: Fruit oblong 35 to 37 cm x 10 cm wide; smooth; green speckled with yellow. Flesh cream, 1.6 cm thick; 64 hand-sib pollinations made between 7/13 and 8/2/1988; approximately 2 males:1 female; 24 fruit harvested.



PI 508469	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Zucchini	<i>Cucurbita pepo</i>	"Korea	Bush type, compact. Fruits cylindrical, elongated, smooth, very dark green with greenish white flesh. Very prolific under indoor forcing. Texture and taste very good. Cold tolerant .
PI 512710	Hábito de crecimiento, Tricomas	AN-CU-1	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown March, transplanted May. Harvested in July-August. Used for self-consumption.
PI 512739	Hábito de crecimiento, Tricomas	AN-CU-36	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown May-June, harvested September-October. Used cooked and for stew.
PI 512757	Tricomas	C-CU-2	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown March, harvested July. Self-consumption and markets.
PI 512776	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	C-CU-22	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown May, harvested August-September. Self-consumption.
PI 512780	Hábito de crecimiento, Tricomas	C-CU-26	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown March, harvested July-August. Self-consumption.
PI 512782	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	CM-CU-4	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown beginning May, harvested July-August.
PI 512785	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	CM-CU-7	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown May, harvested August.



PI 512793	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	E-CU-9	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown April, harvested August. Used for stew.
PI 512794	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	E-CU-10	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown April, harvested August. Used for stew.
PI 512804	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	V-CU-2	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown March-April, harvested June.
PI 512810	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	V-CU-10	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown March-April, harvested June-September. Self-consumption
PI 512817	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	V-CU-18	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown April, harvested June. Self-consumption.
PI 512822	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	V-CU-26	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown February-June, harvested May. Local-consumption.
PI 512834	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	V-CU-50	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown May, harvested July-August. Self-consumption.
PI 512837	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	V-CU-54	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown March, harvested September. Used for stew.
PI 512870	Hábito de crecimiento, Tricomas	V-CU-99	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown March, harvested June-July. Self-consumption.
PI 512880	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	V-CU-116	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown May, harvested October. Used for hay.
PI 525166	Hábito de crecimiento	9	<i>Cucurbita pepo</i>	Egypt	Sown February, harvested April. Powdery mildew and viruses observed



PI 525169	Zarcillos	54	<i>Cucurbita pepo</i>	Egypt	Local type
PI 525170	Tricomas	65	<i>Cucurbita pepo</i>	Egypt	Local type. Sown February, harvested April. Powdery mildew, red spider, virus, and aphids observed.
PI 525175	Hábito de crecimiento, Tricomas	141	<i>Cucurbita pepo</i>	Egypt	Local type.
PI 525176	Tricomas	157	<i>Cucurbita pepo</i>	Egypt	Local type. Sown November, harvested January
PI 525177	Hábito de crecimiento, Tricomas	165	<i>Cucurbita pepo</i>	Egypt	Sown March, harvested April. Not grown in Delta in Nov., Dec., Jan.
PI 525181		Eskanderani	<i>Cucurbita pepo</i>	Egypt	NA
PI 597784	Hábito de crecimiento	Allie	<i>Cucurbita pepo</i>	United States	NA
PI 599994	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Black Magic	<i>Cucurbita pepo</i>	United States	NA
PI 615103	Tricomas, Zarcillos	Oland	<i>Cucurbita pepo</i>	Sweden	NA
PI 615109	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Trailing Green Marrow	<i>Cucurbita pepo</i>	United Kingdom	NA
PI 615139	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Calabacin largo	<i>Cucurbita pepo</i>	Spain	Sown February, harvested September-November. Used as food.
PI 615148	Hábito de crecimiento, Tricomas, Zarcillos	Sote 38	<i>Cucurbita pepo</i>	Moldova	NA
PI 615154	Tricomas	7000	<i>Cucurbita pepo</i>	Nepal	NA



8.2. Anexo II

Anexo II: Genes candidatos que podrían estar implicados en los distintos caracteres. Se indican el cromosoma, posición inicial y final, junto al gen ID y la anotación.

Genes encontrados en la región genómica del cromosoma 1 para el hábito de crecimiento para en *C. pepo*.

P INICIAL	P FINAL	GEN ID	FUNCIÓN
900112	905851	Cp4.1LG01g05050	Mitochondrial substrate carrier family protein
902200	913854	Cp4.1LG01g04920	protein DA1-related 2-like
908186	911791	Cp4.1LG01g05060	Unknown protein
915335	918081	Cp4.1LG01g04970	Serine/threonine-protein phosphatase
919165	920124	Cp4.1LG01g04940	Exostosin domain-containing protein
923971	929290	Cp4.1LG01g05010	ultraviolet-B receptor UVR8-like isoform X2
929496	934133	Cp4.1LG01g04960	protein HESO1
938824	939204	Cp4.1LG01g04890	zinc finger protein 10-like
940938	948377	Cp4.1LG01g05020	ARF guanine-nucleotide exchange factor GNOM-like
949752	952542	Cp4.1LG01g04980	Vesicle transport V-snare
954469	955272	Cp4.1LG01g05040	AT-hook motif nuclear-localized protein
957353	958165	Cp4.1LG01g04910	LOB domain-containing protein
961675	964857	Cp4.1LG01g04990	ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase, chloroplastic
962680	969384	Cp4.1LG01g04900	pumilio homolog 1-like
971342	972511	Cp4.1LG01g05030	RING-type E3 ubiquitin transferase
984102	984317	Cp4.1LG01g04930	Cyclin-dependent kinase inhibitor
985465	992203	Cp4.1LG01g05000	actin-related protein 5
990206	995377	Cp4.1LG01g04950	telomere repeat-binding protein 4-like isoform X1
996974	997881	Cp4.1LG01g04880	Late embryogenesis abundant (LEA) hydroxyproline-rich glycoprotein family
1002796	1004259	Cp4.1LG01g04870	Expansin



1008469	1015653	Cp4.1LG01g04750	AP-3 complex subunit beta
1016355	1020847	Cp4.1LG01g04820	protein INVOLVED IN DE NOVO 2-like
1020957	1024804	Cp4.1LG01g04740	RAB GTPase homolog 8A
1025767	1042782	Cp4.1LG01g04760	Unknown protein
1043302	1046057	Cp4.1LG01g04770	UDP-glucuronate decarboxylase
1047599	1048999	Cp4.1LG01g04720	CASP-like protein
1050986	1051897	Cp4.1LG01g04850	Unknown protein
1055284	1056317	Cp4.1LG01g04810	dof zinc finger protein DOF3.6-like
1058392	1060413	Cp4.1LG01g04830	Actin
1060462	1061431	Cp4.1LG01g04790	ENTH domain-containing protein
1062380	1063105	Cp4.1LG01g04730	Unknown protein
1064220	1069199	Cp4.1LG01g04840	serine/arginine-rich SC35-like splicing factor SCL30
1070761	1076974	Cp4.1LG01g04800	Oxoglutarate dehydrogenase (succinyl-transferring)
1083179	1093208	Cp4.1LG01g04860	WAT1-related protein
1091374	1099021	Cp4.1LG01g04780	TDBD domain-containing protein
1105284	1105829	Cp4.1LG01g04690	zinc finger protein ZAT12-like
1108715	1111005	Cp4.1LG01g04620	Unknown protein
1112265	1116535	Cp4.1LG01g04540	protein ALP1-like
1117835	1118931	Cp4.1LG01g04590	Protein UPSTREAM OF FLC-like
1119695	1123174	Cp4.1LG01g04550	protein gar2-like
1123919	1125604	Cp4.1LG01g04660	F-box protein At2g39490-like
1126793	1128322	Cp4.1LG01g04570	50S ribosomal protein L23, chloroplastic
1131124	1136200	Cp4.1LG01g04530	protein-tyrosine-phosphatase MKP1-like
1138758	1144083	Cp4.1LG01g04610	Beta-hexosaminidase
1145431	1151860	Cp4.1LG01g04710	metal tolerance protein 11 isoform X1
1153872	1154640	Cp4.1LG01g04700	Plant protein 1589 of unknown function
1155976	1164961	Cp4.1LG01g04640	glutathione S-transferase DHAR2-like
1166193	1167785	Cp4.1LG01g04560	Dirigent protein
1168779	1174251	Cp4.1LG01g04650	Splicing factor 3B subunit 3-like



1174410	1176346	Cp4.1LG01g04600	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
1178758	1180494	Cp4.1LG01g04670	60S ribosomal protein L35-like
1183291	1186014	Cp4.1LG01g04630	3-ketoacyl-CoA synthase
1187564	1189351	Cp4.1LG01g04580	Exocyst subunit Exo70 family protein
1193007	1195518	Cp4.1LG01g04680	3-ketoacyl-CoA synthase
1197207	1200942	Cp4.1LG01g04500	Unknown protein
1198439	1199503	Cp4.1LG01g04380	Membrane-associated kinase regulator 4
1201616	1212717	Cp4.1LG01g04420	protein MLP1 homolog
1214418	1216818	Cp4.1LG01g04480	Leucine-rich repeat protein kinase family protein
1219283	1221739	Cp4.1LG01g04520	receptor-like protein kinase HERK 1
1222622	1228870	Cp4.1LG01g04430	protein RDM16-like isoform X1
1229627	1238669	Cp4.1LG01g04400	SAC3 family protein A-like isoform X1
1238912	1241863	Cp4.1LG01g04460	serine/arginine-rich splicing factor RS2Z32-like isoform X1
1243741	1248161	Cp4.1LG01g04440	golgin subfamily B member 1-like
1248672	1251720	Cp4.1LG01g04510	Protein-serine/threonine phosphatase
1255054	1259233	Cp4.1LG01g04390	CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase 2-like
1260986	1272618	Cp4.1LG01g04470	Rab-GAP TBC domain-containing protein
1275031	1278902	Cp4.1LG01g04490	Protein kinase superfamily protein
1279624	1282720	Cp4.1LG01g04410	ATP:AMP phosphotransferase
1286272	1286973	Cp4.1LG01g04370	50S ribosomal protein L10
1287428	1292303	Cp4.1LG01g04450	zinc finger CCCH domain-containing protein 11-like
1301560	1305097	Cp4.1LG01g04250	ethylene-responsive transcription factor RAP2-7
1305590	1310390	Cp4.1LG01g04300	DUF155 domain-containing protein
1311500	1317440	Cp4.1LG01g04260	Nuclear transcription factor Y subunit B



1319483	1321828	Cp4.1LG01g04230	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
1323244	1329437	Cp4.1LG01g04340	PWWP domain-containing protein
1330962	1331463	Cp4.1LG01g04360	Low temperature and salt responsive protein family
1332735	1335068	Cp4.1LG01g04310	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1342584	1343725	Cp4.1LG01g04270	LOB domain-containing protein
1346357	1353114	Cp4.1LG01g04210	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase
1353506	1358571	Cp4.1LG01g04330	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1358813	1367687	Cp4.1LG01g04220	Unknown protein
1362290	1364249	Cp4.1LG01g04280	Cytokinin dehydrogenase
1368907	1373272	Cp4.1LG01g04200	zinc finger CCCH domain-containing protein 53-like isoform X1
1381609	1388991	Cp4.1LG01g04350	DUF4283 domain-containing protein
1390163	1394431	Cp4.1LG01g04240	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1396177	1403086	Cp4.1LG01g04290	exosome complex component RRP41 homolog
1401191	1404121	Cp4.1LG01g04080	J domain-containing protein
1404289	1407242	Cp4.1LG01g04190	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1406494	1412638	Cp4.1LG01g04320	E3 ubiquitin ligase BIG BROTHER-related-like
1418385	1424113	Cp4.1LG01g04130	Potassium transporter
1427573	1433032	Cp4.1LG01g04120	trehalose phosphate synthase
1433599	1446627	Cp4.1LG01g04150	AP-1 complex subunit gamma
1450693	1450968	Cp4.1LG01g04050	transcription factor PAR2
1454305	1456626	Cp4.1LG01g04060	protein RICE SALT SENSITIVE 3-like
1462456	1464733	Cp4.1LG01g04170	WAT1-related protein
1465294	1467541	Cp4.1LG01g04090	MLP-like protein 423
1467740	1468695	Cp4.1LG01g04110	N-acetyltransferase domain-containing protein
1469177	1470064	Cp4.1LG01g04100	protein ALTERED XYLOGLUCAN 4



1472614	1476377	Cp4.1LG01g04180	AD domain-containing protein
1476881	1481466	Cp4.1LG01g04160	nucleobase-ascorbate transporter 7-like
1486783	1488274	Cp4.1LG01g04140	Serine/threonine-protein kinase TAO3
1486812	1489672	Cp4.1LG01g04040	protein PLASTID REDOX INSENSITIVE 2, chloroplastic-like isoform X2
1491609	1495911	Cp4.1LG01g04070	B-like cyclin
1498723	1502627	Cp4.1LG01g03980	DNA polymerase
1502946	1505440	Cp4.1LG01g03950	IAA-amino acid hydrolase ILR1-like 1
1507245	1507793	Cp4.1LG01g03880	zinc finger protein 5-like
1510406	1515258	Cp4.1LG01g03890	Zinc finger, MYND-type
1516262	1520715	Cp4.1LG01g03910	zinc finger MYND domain-containing protein 15
1524322	1525774	Cp4.1LG01g04000	two-component response regulator ARR5-like
1527777	1530678	Cp4.1LG01g03990	Formin-like protein
1532631	1534925	Cp4.1LG01g03970	protein WVD2-like 7 isoform X2
1536908	1538029	Cp4.1LG01g03860	Hexosyltransferase
1540675	1543778	Cp4.1LG01g03870	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha
1544400	1554936	Cp4.1LG01g03900	paired amphipathic helix protein Sin3-like 4 isoform X2
1558341	1561262	Cp4.1LG01g04030	Glycosyltransferase family 92 protein
1561399	1562741	Cp4.1LG01g03920	protein COFACTOR ASSEMBLY OF COMPLEX C SUBUNIT B CCB4, chloroplastic
1562873	1567134	Cp4.1LG01g04020	EF-hand domain-containing protein
1565998	1567149	Cp4.1LG01g03960	CLAVATA3/ESR (CLE)-related protein 25
1568832	1581764	Cp4.1LG01g03940	Phospholipid-transporting ATPase
1589280	1594692	Cp4.1LG01g04010	DUF1336 domain-containing protein
1592252	1594147	Cp4.1LG01g03850	Leucine-rich repeat receptor protein kinase family protein



1594339	1596840	Cp4.1LG01g03930	Glycerol-3-phosphate acyltransferase 6
1597633	1603124	Cp4.1LG01g03760	hydroxyproline O-galactosyltransferase GALT4-like
1604935	1605664	Cp4.1LG01g03740	Protein of unknown function (DUF1442)
1607386	1608971	Cp4.1LG01g03730	40S ribosomal protein S20
1609699	1610922	Cp4.1LG01g03670	UDP-glucuronate 4-epimerase 4
1614781	1615815	Cp4.1LG01g03720	protein EXORDIUM-like 3
1618229	1632271	Cp4.1LG01g03710	Mitochondrial intermediate peptidase, putative
1632960	1637009	Cp4.1LG01g03770	UMP-CMP kinase
1638678	1640267	Cp4.1LG01g03750	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1643760	1644347	Cp4.1LG01g03820	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein
1646236	1647202	Cp4.1LG01g03680	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein
1650513	1652947	Cp4.1LG01g03690	Protein jagunal
1660241	1660783	Cp4.1LG01g03800	NAC domain-containing protein
1660904	1661341	Cp4.1LG01g03810	NAC domain-containing protein 7
1663779	1667079	Cp4.1LG01g03700	Trehalose 6-phosphate phosphatase
1672724	1682735	Cp4.1LG01g03780	Component of oligomeric Golgi complex 7
1683304	1683588	Cp4.1LG01g03790	Unknown protein
1684768	1687851	Cp4.1LG01g03840	Unknown protein
1691533	1691920	Cp4.1LG01g03830	Unknown protein
1696860	1697625	Cp4.1LG01g03660	Leucine-rich repeat protein kinase family protein
1698499	1701422	Cp4.1LG01g03630	Receptor protein kinase, putative
1702572	1703581	Cp4.1LG01g03530	Aconitate hydratase
1705842	1706257	Cp4.1LG01g03610	Unknown protein
1709550	1712409	Cp4.1LG01g03600	F-box protein
1713293	1716137	Cp4.1LG01g03650	F-box protein



1718370	1730833	Cp4.1LG01g03560	structural maintenance of chromosomes protein 6B-like
1731439	1735184	Cp4.1LG01g03570	leucine-rich repeat receptor-like protein kinase TDR
1741528	1750937	Cp4.1LG01g03540	Ribosomal protein L15
1755027	1759709	Cp4.1LG01g03620	Rho-GAP domain-containing protein
1759708	1760818	Cp4.1LG01g03550	transcription factor DUO1-like
1761612	1763702	Cp4.1LG01g03640	Unknown protein
1762136	1763815	Cp4.1LG01g03580	Nodulation receptor kinase
1767176	1793435	Cp4.1LG01g03590	BP28CT domain-containing protein
1794447	1799285	Cp4.1LG01g03400	methyltransferase-like protein 1
1804163	1809577	Cp4.1LG01g03490	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
1810290	1824630	Cp4.1LG01g03500	ATP-dependent 6-phosphofructokinase
1823796	1824389	Cp4.1LG01g03420	ethylene-responsive transcription factor ERF106-like
1829824	1831665	Cp4.1LG01g03460	speckle-type POZ protein-like A
1832397	1833524	Cp4.1LG01g03480	Oleosin
1833979	1846381	Cp4.1LG01g03410	Unknown protein
1848853	1851352	Cp4.1LG01g03470	transcription factor MYB1R1
1852375	1859327	Cp4.1LG01g03440	pre-mRNA-splicing factor CWC25 homolog
1861668	1861940	Cp4.1LG01g03430	Wall-associated receptor kinase 3
1862027	1863191	Cp4.1LG01g03520	Unknown protein
1864231	1866960	Cp4.1LG01g03510	Protein-methionine-S-oxide reductase
1870353	1872044	Cp4.1LG01g03450	Cyclin
1872327	1872785	Cp4.1LG01g03370	glycine-rich cell wall structural protein 2-like
1875173	1878912	Cp4.1LG01g03380	Glutamate dehydrogenase
1883740	1885215	Cp4.1LG01g03350	Tyrosine--tRNA ligase
1885723	1889266	Cp4.1LG01g03360	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 31
1889901	1894454	Cp4.1LG01g03390	Polyadenylate-binding protein 1-like
1895226	1898870	Cp4.1LG01g03240	Superoxide dismutase
1899589	1902399	Cp4.1LG01g03310	60S ribosomal protein L13



1903715	1905220	Cp4.1LG01g03320	aspartic proteinase CDR1-like
1905536	1906391	Cp4.1LG01g03330	60S ribosomal protein L13
1907219	1912741	Cp4.1LG01g03210	late embryogenesis abundant protein At5g17165-like isoform X2
1913966	1915768	Cp4.1LG01g03340	aspartic proteinase CDR1-like
1917361	1919047	Cp4.1LG01g03260	Protein of unknown function (DUF1218)
1919677	1926232	Cp4.1LG01g03270	Phospholipid scramblase
1926715	1928629	Cp4.1LG01g03300	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1927411	1931484	Cp4.1LG01g03160	PWWP domain-containing protein
1932136	1936139	Cp4.1LG01g03250	serine/threonine-protein phosphatase 4 regulatory subunit 2
1936997	1951407	Cp4.1LG01g03200	Importin N-terminal domain-containing protein
1952251	1952687	Cp4.1LG01g03220	transcription factor-like protein DPB
1954446	1959919	Cp4.1LG01g03190	transcription factor-like protein DPB
1961003	1968432	Cp4.1LG01g03170	D-xylose-proton symporter-like 2
1971042	1987109	Cp4.1LG01g03290	ERAD-associated E3 ubiquitin-protein ligase HRD1B-like
1988354	1996331	Cp4.1LG01g03280	Phosphate transporter
1999051	2001754	Cp4.1LG01g03230	Leucine-rich repeat protein kinase family protein, putative
2001897	2011513	Cp4.1LG01g03180	endoplasmic reticulum-Golgi intermediate compartment protein 3-like
2012579	2020775	Cp4.1LG01g03060	protein LNK1-like isoform X1
2023142	2025405	Cp4.1LG01g03090	30S ribosomal protein S11
2025893	2033495	Cp4.1LG01g03040	Potassium transporter
2034901	2036899	Cp4.1LG01g03020	Ubiquinol oxidase
2039516	2043551	Cp4.1LG01g03110	Protein phosphatase 2C family protein
2044134	2046138	Cp4.1LG01g03100	Indole-3-glycerol phosphate synthase
2050330	2051584	Cp4.1LG01g03150	transcription factor bHLH143-like
2052545	2056168	Cp4.1LG01g03030	root phototropism protein 3



2060558	2062761	Cp4.1LG01g03050	DUF4283 domain-containing protein
2067839	2068051	Cp4.1LG01g03010	Unknown protein
2069722	2073938	Cp4.1LG01g03080	GTP cyclohydrolase II
2075374	2080473	Cp4.1LG01g03070	GTP cyclohydrolase II
2083798	2089944	Cp4.1LG01g03120	dicarboxylate transporter 2.1, chloroplastic-like
2091234	2095022	Cp4.1LG01g03130	splicing factor 3B subunit 1-like
2095733	2102662	Cp4.1LG01g03140	polyadenylate-binding protein 2-like
2101328	2102245	Cp4.1LG01g02860	protein EXORDIUM-like 2
2106258	2114164	Cp4.1LG01g02910	dynamamin-related protein 3A-like
2114746	2117269	Cp4.1LG01g02880	gamma-glutamyl peptidase 5-like
2118143	2122474	Cp4.1LG01g02890	GDSL esterase/lipase
2125065	2125289	Cp4.1LG01g03000	Unknown protein
2125778	2134856	Cp4.1LG01g02990	MADS-box transcription factor 23-like isoform X2
2127871	2138636	Cp4.1LG01g02930	Unknown protein
2140189	2144026	Cp4.1LG01g02950	Zinc transport protein like
2145103	2149006	Cp4.1LG01g02940	Heat shock 70 kDa protein
2149590	2152298	Cp4.1LG01g02870	transcription factor GTE7-like
2156255	2160254	Cp4.1LG01g02920	Phosphoglycerate mutase-like protein 1
2163711	2177044	Cp4.1LG01g02970	MFS domain-containing protein
2177571	2183064	Cp4.1LG01g02900	LL-diaminopimelate aminotransferase
2185955	2188127	Cp4.1LG01g02980	Unknown protein
2189750	2193768	Cp4.1LG01g02960	protein trichome birefringence-like 13
2196405	2198904	Cp4.1LG01g02850	Pathogenesis-related protein 1
2201972	2203693	Cp4.1LG01g02830	myb-like protein X
2204100	2206135	Cp4.1LG01g02720	Protein of unknown function (DUF1005)
2209097	2209833	Cp4.1LG01g02710	agamous-like MADS-box protein AGL62
2211397	2219216	Cp4.1LG01g02740	Aspartate--tRNA(Asp/Asn) ligase
2220566	2224912	Cp4.1LG01g02790	histone acetyltransferase KAT6B-like



2225815	2231107	Cp4.1LG01g02840	Pyruvate kinase
2232145	2236770	Cp4.1LG01g02810	Tubulin alpha chain
2236951	2240695	Cp4.1LG01g02730	Tubulin alpha chain
2242006	2247559	Cp4.1LG01g02760	ethylene-dependent gravitropism-deficient and yellow-green-like 3
2249359	2264218	Cp4.1LG01g02820	Pre-mRNA-processing protein 40A
2266527	2270182	Cp4.1LG01g02800	Serine carboxypeptidase-like 18
2271022	2272106	Cp4.1LG01g02770	protein SOB FIVE-LIKE 6-like isoform X1
2279905	2282200	Cp4.1LG01g02780	B-like cyclin
2282921	2289612	Cp4.1LG01g02750	nucleobase-ascorbate transporter 4
2294038	2295764	Cp4.1LG01g02680	cysteine-rich and transmembrane domain-containing protein WIH2-like
2296937	2302390	Cp4.1LG01g02690	MYB transcription factor
2308688	2312061	Cp4.1LG01g02580	Endo-1,4-beta-xylanase 4
2313351	2315975	Cp4.1LG01g02590	Endo-1,4-beta-xylanase 4
2313868	2321562	Cp4.1LG01g02700	Unknown protein
2318299	2321208	Cp4.1LG01g02600	Endo-1,4-beta-xylanase 4
2322859	2326049	Cp4.1LG01g02570	Adenylyl-sulfate kinase
2326863	2332476	Cp4.1LG01g02630	pre-mRNA-splicing factor CWC25-like isoform X2
2333576	2340382	Cp4.1LG01g02670	vacuolar-sorting receptor 4-like
2341237	2342373	Cp4.1LG01g02530	transcription factor bHLH54-like
2346667	2351937	Cp4.1LG01g02640	mitotic checkpoint protein BUB3.2
2355192	2360950	Cp4.1LG01g02620	BTB/POZ domain-containing protein NPY2
2363706	2366309	Cp4.1LG01g02650	histone deacetylase 6
2366365	2369842	Cp4.1LG01g02560	Sulfhydryl oxidase
2370289	2372024	Cp4.1LG01g02660	Transcriptional coactivator Hfi1/Transcriptional adapter 1
2372399	2374154	Cp4.1LG01g02550	PXMP2/4 family protein 4-like
2375069	2378208	Cp4.1LG01g02540	Uncharacterised protein family SERF
2379748	2383533	Cp4.1LG01g02520	calponin homology domain-containing protein DDB_G0272472



2384511	2388047	Cp4.1LG01g02610	zinc finger SWIM domain-containing protein 7
2389970	2392611	Cp4.1LG01g02510	Protein of unknown function (DUF620)
2400593	2403146	Cp4.1LG01g02350	Auxin-responsive GH3 family protein
2411317	2422950	Cp4.1LG01g02480	homeobox protein HAT3.1
2421941	2422495	Cp4.1LG01g02380	zinc finger protein 4-like
2424751	2431914	Cp4.1LG01g02370	Caspase-6 protein
2432652	2437567	Cp4.1LG01g02360	alpha-L-fucosidase 2-like
2438760	2439642	Cp4.1LG01g02460	L YR motif-containing protein At3g19508
2441840	2443597	Cp4.1LG01g02490	Cinnamyl alcohol dehydrogenase
2444681	2445379	Cp4.1LG01g02340	transcription factor MYB44-like
2447179	2449889	Cp4.1LG01g02410	PRKR-interacting protein 1
2450337	2455651	Cp4.1LG01g02500	Reticulon-like protein
2456344	2459944	Cp4.1LG01g02440	Protein kinase domain-containing protein
2460939	2464818	Cp4.1LG01g02430	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase
2468894	2471504	Cp4.1LG01g02390	B-like cyclin
2472827	2475808	Cp4.1LG01g02400	Unknown protein
2476975	2479388	Cp4.1LG01g02450	Leucine-rich repeat family protein
2482589	2487750	Cp4.1LG01g02330	CBS domain-containing protein CBSX1, chloroplastic-like
2489190	2494261	Cp4.1LG01g02470	Polyadenylate-binding protein
2494980	2495414	Cp4.1LG01g02420	40S ribosomal protein S16
2499200	2500921	Cp4.1LG01g02210	DDE Tnp4 domain-containing protein
2502325	2506309	Cp4.1LG01g02270	Exocyst complex component
2508832	2510097	Cp4.1LG01g02230	RING-type E3 ubiquitin transferase
2516949	2518471	Cp4.1LG01g02320	Unknown protein
2517150	2519801	Cp4.1LG01g02200	PI-PLC X domain-containing protein At5g67130-like
2522297	2527875	Cp4.1LG01g02310	Protein kinase domain-containing protein
2526392	2530972	Cp4.1LG01g02170	glycoprotein 3-alpha-L-fucosyltransferase A-like
2531729	2541500	Cp4.1LG01g02180	SART-1 family protein DOT2



2542115	2546004	Cp4.1LG01g02250	protein disulfide-isomerase SCO2
2546992	2557555	Cp4.1LG01g02290	protein CHROMATIN REMODELING 25
2559117	2560048	Cp4.1LG01g02240	DNA repair and recombination protein RAD54-like isoform 1
2560631	2573650	Cp4.1LG01g02160	Autophagy-related protein 2
2575761	2577219	Cp4.1LG01g02280	EKC/KEOPS complex subunit Tprkb
2578032	2581143	Cp4.1LG01g02260	VID27 domain-containing protein
2584392	2585237	Cp4.1LG01g02220	ethylene-responsive transcription factor ERF109- like
2588442	2591961	Cp4.1LG01g02190	Endonuclease or glycosyl hydrolase
2592785	2602502	Cp4.1LG01g02300	prostaglandin reductase-3-like
2603336	2607895	Cp4.1LG01g01950	B3 domain-containing protein
2611157	2614643	Cp4.1LG01g01980	Protein of unknown function DUF829, transmembrane 53
2611157	2613360	Cp4.1LG01g02140	Unknown protein
2620215	2623172	Cp4.1LG01g02100	LEA_2 domain-containing protein
2623952	2627683	Cp4.1LG01g02000	Tubby-like F-box protein
2629480	2632005	Cp4.1LG01g02060	fibrous sheath CABYR-binding protein isoform X2
2632879	2636389	Cp4.1LG01g02120	cytochrome b-c1 complex subunit 6-like
2637444	2640012	Cp4.1LG01g01970	WRKY domain-containing protein
2643127	2657479	Cp4.1LG01g02020	Separase
2659775	2660674	Cp4.1LG01g01990	40S ribosomal protein S16
2661387	2665267	Cp4.1LG01g02010	Sulfurtransferase
2667175	2672185	Cp4.1LG01g02130	basic blue protein-like
2673359	2676920	Cp4.1LG01g01960	Patatin
2678325	2678522	Cp4.1LG01g02090	Unknown protein
2678600	2679112	Cp4.1LG01g02080	Unknown protein
2678993	2680342	Cp4.1LG01g02150	E3 ubiquitin-protein ligase RNF126-like isoform X3
2680291	2683584	Cp4.1LG01g02040	Synaptojanin-1
2684386	2689712	Cp4.1LG01g02030	Transmembrane emp24 domain-containing protein
2688420	2688863	Cp4.1LG01g02110	Maternal effect embryo arrest 9



2690097	2691220	Cp4.1LG01g02070	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein
2691616	2693030	Cp4.1LG01g02050	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein
2693441	2697697	Cp4.1LG01g01940	nigrin b-like isoform X1
2697712	2705840	Cp4.1LG01g01880	importin-4-like
2706777	2716587	Cp4.1LG01g01930	Membralin-like protein
2717526	2719860	Cp4.1LG01g01920	Protein kinase domain-containing protein
2720288	2741123	Cp4.1LG01g01840	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase
2744790	2750563	Cp4.1LG01g01900	potassium channel AKT2/3-like
2753118	2754634	Cp4.1LG01g01860	Unknown protein
2758138	2762234	Cp4.1LG01g01850	Serine hydroxymethyltransferase
2762531	2770409	Cp4.1LG01g01910	Transmembrane 9 superfamily member
2771345	2771803	Cp4.1LG01g01870	Ferredoxin
2772563	2779032	Cp4.1LG01g01830	MLO-like protein
2781043	2785291	Cp4.1LG01g01810	cucumisin-like
2788683	2793329	Cp4.1LG01g01890	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C
2794774	2796714	Cp4.1LG01g01820	dnaJ homolog subfamily C member 2-like
2800338	2805646	Cp4.1LG01g01730	Magnesium transporter
2806425	2810730	Cp4.1LG01g01760	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein
2811379	2814252	Cp4.1LG01g01700	COBRA-like protein
2815533	2818996	Cp4.1LG01g01720	cx9C motif-containing protein 4
2817733	2825886	Cp4.1LG01g01660	Protein of unknown function (DUF803)
2829209	2831905	Cp4.1LG01g01750	protein BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-like
2832989	2840119	Cp4.1LG01g01640	Patatin
2843378	2849790	Cp4.1LG01g01780	Protein kinase domain-containing protein
2850989	2853948	Cp4.1LG01g01670	beta-glucuronosyltransferase GlcAT14B-like
2858116	2862946	Cp4.1LG01g01770	S4 RNA-binding domain-containing protein
2862334	2864493	Cp4.1LG01g01680	NAC domain-containing



			protein
2866817	2867703	Cp4.1LG01g01710	Signaling peptide TAXIMIN 2
2868498	2871087	Cp4.1LG01g01800	Unknown protein
2871667	2873821	Cp4.1LG01g01790	Glycosyltransferase
2874334	2877355	Cp4.1LG01g01740	DUF3082 domain-containing protein
2878560	2881333	Cp4.1LG01g01650	glutamic acid-rich protein isoform X1
2887891	2893113	Cp4.1LG01g01690	protein SAWADEE HOMEODOMAIN HOMOLOG 2-like
2894966	2898029	Cp4.1LG01g01450	Transcription elongation factor 1 homolog
2898480	2899114	Cp4.1LG01g01630	Unknown protein

Genes encontrados en la región genómica del cromosoma 10 para el hábito de crecimiento para en *C. pepo*.

P INICIAL	P FINAL	GEN ID	FUNCIÓN FINAL
1239	8970	Cp4.1LG10g06720	ycf3-interacting protein 1, chloroplastic
9376	12438	Cp4.1LG10g06620	Glycosyltransferase family 92 protein
14552	18095	Cp4.1LG10g06640	RING-type domain-containing protein
18717	27935	Cp4.1LG10g06660	DDB1- and CUL4-associated factor 4-like
28318	29628	Cp4.1LG10g06870	Pentatricopeptide repeat-containing protein
30393	32413	Cp4.1LG10g06840	Peptidylprolyl isomerase
32567	35466	Cp4.1LG10g06860	EGF_CA domain-containing protein
37939	41784	Cp4.1LG10g06800	vacuolar-sorting receptor 6-like
42956	45409	Cp4.1LG10g06730	protein PHLOEM PROTEIN 2-LIKE A9-like
46211	55937	Cp4.1LG10g06650	Trypsin family protein
56542	60172	Cp4.1LG10g06690	haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein 3
60823	71528	Cp4.1LG10g06670	Gb3_synth domain-containing protein



72449	82601	Cp4.1LG10g06820	Histone acetyltransferase
86437	103696	Cp4.1LG10g06810	vacuolar protein sorting-associated protein 54, chloroplastic
104578	106695	Cp4.1LG10g06750	MADS-box protein FBP24
108439	112764	Cp4.1LG10g06880	Unknown protein
113712	126521	Cp4.1LG10g06740	protein CHROMATIN REMODELING 4-like isoform X1
125915	138951	Cp4.1LG10g06700	UDP-N-acetylglucosamine diphosphorylase 2-like
141080	142879	Cp4.1LG10g06770	B box-type domain-containing protein
148709	153828	Cp4.1LG10g06630	Phenylalanyl-tRNA synthetase
154362	157909	Cp4.1LG10g06680	Thioredoxin
158888	165325	Cp4.1LG10g06760	copper-transporting ATPase RAN1-like
166830	167354	Cp4.1LG10g06710	VQ domain-containing protein
168221	172531	Cp4.1LG10g06790	RRM domain-containing protein
171687	172103	Cp4.1LG10g06540	RING-H2 finger protein ATL74-like
174711	177400	Cp4.1LG10g06850	Vacuolar ATPase assembly integral membrane protein VMA21 homolog
177785	183013	Cp4.1LG10g06830	protein SUPPRESSOR OF FRI 4-like
183522	187228	Cp4.1LG10g06780	GTP-binding protein ERG
187082	195475	Cp4.1LG10g06520	Haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein
198301	219496	Cp4.1LG10g06610	protein MOR1-like
220558	223355	Cp4.1LG10g06510	Patatin
226508	237773	Cp4.1LG10g06590	vacuolar protein sorting-associated protein 2 homolog 2-like
238102	241874	Cp4.1LG10g06530	subtilisin-like protease SBT2.3
245412	248685	Cp4.1LG10g06550	Small nuclear ribonucleoprotein-associated protein
249137	252126	Cp4.1LG10g06580	Coatomer subunit epsilon
252771	256647	Cp4.1LG10g06570	protein CHUP1, chloroplastic-like
255741	257785	Cp4.1LG10g06500	Unknown protein



258096	258801	Cp4.1LG10g06560	protein LIGHT-DEPENDENT SHORT HYPOCOTYLS 4-like
261697	269564	Cp4.1LG10g06600	serine/threonine-protein kinase tricorner-like
270929	277771	Cp4.1LG10g06440	alpha N-terminal protein methyltransferase 1
281882	283585	Cp4.1LG10g06430	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit D
298291	301164	Cp4.1LG10g06380	fatty acid hydroxylase 2
301899	303056	Cp4.1LG10g06350	Ethylene-responsive nuclear family protein
304230	305261	Cp4.1LG10g06450	Germin-like protein
305816	310900	Cp4.1LG10g06410	Protein kinase domain-containing protein
311751	319673	Cp4.1LG10g06400	WPP domain-associated protein-like
320524	321510	Cp4.1LG10g06420	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
322029	330765	Cp4.1LG10g06390	2-succinylbenzoate--CoA ligase
332292	332791	Cp4.1LG10g06470	Unknown protein
333098	337841	Cp4.1LG10g06370	ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein AGD12-like
338466	342045	Cp4.1LG10g06360	Ferredoxin--NADP reductase, chloroplastic
342802	350979	Cp4.1LG10g06460	Nuclear transcription factor Y subunit
353954	359733	Cp4.1LG10g06480	Homeobox-leucine zipper protein HOX32
361849	367404	Cp4.1LG10g06340	DNA-damage-repair/toleration protein DRT111, chloroplastic-like
371017	383159	Cp4.1LG10g06490	serine/threonine-protein phosphatase 6 regulatory subunit 2
383232	388715	Cp4.1LG10g06260	BTB/POZ domain-containing protein
391096	432140	Cp4.1LG10g06290	ABC transporter C family member 12-like
433246	435098	Cp4.1LG10g06250	PSI-K
436457	443084	Cp4.1LG10g06280	Protein BREAST CANCER SUSCEPTIBILITY 1-like protein



444165	446569	Cp4.1LG10g06320	F-box protein SKIP19-like
447603	452132	Cp4.1LG10g06310	Nucleoporin protein Ndc1-Nup
452292	457094	Cp4.1LG10g06300	Early-responsive to dehydration stress protein (ERD4)
458892	462972	Cp4.1LG10g06270	hydroxyproline O-galactosyltransferase GALT2-like
463857	466376	Cp4.1LG10g06330	plastid transcriptionally active 12
472288	478185	Cp4.1LG10g06190	Auxin response factor
478636	482197	Cp4.1LG10g06110	Remorin_C domain-containing protein
486135	493532	Cp4.1LG10g06120	Unknown protein
493446	500652	Cp4.1LG10g06220	Pentatricopeptide repeat-containing protein
503284	506738	Cp4.1LG10g06200	auxilin-related protein 2-like isoform X2
507007	522743	Cp4.1LG10g06100	Geranyl diphosphate synthase
526181	530043	Cp4.1LG10g06160	CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 23
531595	534738	Cp4.1LG10g06240	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 1
535996	539288	Cp4.1LG10g06210	Coiled-coil and C2 domain-containing protein 1-like isoform X2
538148	542511	Cp4.1LG10g06130	endoplasmic reticulum oxidoreductin-1-like
542899	543243	Cp4.1LG10g06180	Glutaredoxin domain-containing protein
544257	544625	Cp4.1LG10g06170	E3 ubiquitin-protein ligase arkadia-A, putative
545263	547875	Cp4.1LG10g06150	50S ribosomal protein HLP
550276	559999	Cp4.1LG10g06230	transcription factor TCP2-like
557667	567682	Cp4.1LG10g06140	KH domain-containing protein At4g18375-like
570244	574494	Cp4.1LG10g06070	(S)-2-hydroxy-acid oxidase
575265	576230	Cp4.1LG10g05980	Tify domain-containing protein
578572	582076	Cp4.1LG10g05940	DUF1365 domain-containing protein
585904	587670	Cp4.1LG10g05900	9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase
595013	596606	Cp4.1LG10g06090	Outer envelope membrane protein 7
598114	598413	Cp4.1LG10g06030	VQ domain-containing protein



600879	602565	Cp4.1LG10g06050	Glucan endo-1,3-beta-D-glucosidase
607040	612868	Cp4.1LG10g05960	Katanin p60 ATPase-containing subunit A-like 2
618900	620315	Cp4.1LG10g05910	gibberellin 2-beta-dioxygenase
623727	623942	Cp4.1LG10g05970	Alpha-mannosidase 3 isoform 1
624838	631892	Cp4.1LG10g06060	alpha-1,2-Mannosidase
631901	635253	Cp4.1LG10g05930	Prefoldin subunit 6
637581	640419	Cp4.1LG10g06020	Protein of unknown function, DUF642
640837	644596	Cp4.1LG10g06040	Ia-related protein 6A
645834	647357	Cp4.1LG10g05990	cytochrome P450 710A11-like
649505	651719	Cp4.1LG10g06010	60S ribosomal protein L18a
652366	658133	Cp4.1LG10g06000	Cytochrome b561/ferric reductase transmembrane protein family
655919	660711	Cp4.1LG10g05920	NAD(P)-binding domain containing protein
663030	666659	Cp4.1LG10g06080	high mobility group B protein 14
665790	670501	Cp4.1LG10g05950	Unknown protein
673077	676513	Cp4.1LG10g05820	Transcription factor bHLH144
678298	687608	Cp4.1LG10g05800	protein REDUCED WALL ACETYLATION 3
680220	681017	Cp4.1LG10g05840	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic
689343	691269	Cp4.1LG10g05720	WRKY protein
697807	698988	Cp4.1LG10g05830	two-pore potassium channel 3-like
701124	704812	Cp4.1LG10g05770	DNA-binding protein DDB_G0278111-like
705416	707699	Cp4.1LG10g05890	4a-hydroxytetrahydrobiopterin dehydratase
708441	714411	Cp4.1LG10g05850	Coatomer subunit zeta
712932	724687	Cp4.1LG10g05750	DUF1296 domain-containing protein
726483	737566	Cp4.1LG10g05760	CTD small phosphatase-like protein 2
727383	728827	Cp4.1LG10g05870	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 12-like isoform X8
739090	744877	Cp4.1LG10g05780	protein MEI2-like 5
746459	748174	Cp4.1LG10g05880	60S ribosomal protein L32, putative



748634	749644	Cp4.1LG10g05810	titin homolog
750440	754356	Cp4.1LG10g05860	AWPM-19-like protein
750643	751380	Cp4.1LG10g05790	Unknown protein
753409	756111	Cp4.1LG10g05730	nucleolin 2-like isoform X1
763994	768527	Cp4.1LG10g05740	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein
770178	771576	Cp4.1LG10g05630	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein
773548	777309	Cp4.1LG10g05560	transcription factor GTE10-like isoform X1
780581	780979	Cp4.1LG10g05510	Protein of unknown function, DUF584
782840	784823	Cp4.1LG10g05640	GDSL esterase/lipase
785283	789657	Cp4.1LG10g05620	Agamous-like putative transcription factor
793322	799314	Cp4.1LG10g05610	integrin-linked protein kinase 1-like
799477	806021	Cp4.1LG10g05600	cyclic phosphodiesterase-like
806942	808182	Cp4.1LG10g05650	seipin-2-like
808572	810236	Cp4.1LG10g05550	aquaporin NIP1-1-like
812487	816701	Cp4.1LG10g05690	Pentatricopeptide repeat-containing protein
817060	817902	Cp4.1LG10g05700	carboxy-terminal domain RNA polymerase II polypeptide A small phosphatase 1-like
819447	829066	Cp4.1LG10g05570	protein STICHEL-like 3
830755	838299	Cp4.1LG10g05670	Unknown protein
838756	842271	Cp4.1LG10g05590	trehalose phosphate synthase
850030	854387	Cp4.1LG10g05660	RAB GTPase homolog A1C
850540	850863	Cp4.1LG10g05520	Leucine-rich repeat protein kinase family protein
856348	857642	Cp4.1LG10g05530	Transcription factor bHLH35-like protein
863727	864143	Cp4.1LG10g05710	DUF1685 domain-containing protein
864349	865635	Cp4.1LG10g05680	receptor-like protein 51
866765	871932	Cp4.1LG10g05540	60S ribosomal protein L11
873422	882921	Cp4.1LG10g05580	Non-specific serine/threonine protein kinase



885645	887051	Cp4.1LG10g05450	CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 12
887407	890803	Cp4.1LG10g05460	Cysteine dioxygenase
893291	895184	Cp4.1LG10g05380	myb family transcription factor EFM-like
896685	899088	Cp4.1LG10g05490	DUF4228 domain-containing protein
901060	903444	Cp4.1LG10g05400	trihelix transcription factor ASIL2-like
905189	905654	Cp4.1LG10g05500	Protein of unknown function (DUF640)
906579	908994	Cp4.1LG10g05410	Dof zinc finger protein
910257	912687	Cp4.1LG10g05440	U-box domain-containing protein 7-like
913286	915574	Cp4.1LG10g05470	Unknown protein
916115	917151	Cp4.1LG10g05330	50S ribosomal protein L34, chloroplastic
917506	921077	Cp4.1LG10g05370	Protein trichome birefringence-like
920082	923453	Cp4.1LG10g05310	50S ribosomal protein L34, chloroplastic
923984	927522	Cp4.1LG10g05290	protein CHUP1, chloroplastic
930391	933111	Cp4.1LG10g05420	GDSL esterase/lipase At1g28590-like
932309	935622	Cp4.1LG10g05320	Pyruvate decarboxylase
936051	939088	Cp4.1LG10g05390	GDSL esterase/lipase
939772	947859	Cp4.1LG10g05300	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein At4g18490
949275	951239	Cp4.1LG10g05430	HXXXD-type acyl-transferase family protein
951594	953685	Cp4.1LG10g05480	Magnesium chelatase
955555	956283	Cp4.1LG10g05360	E3 ubiquitin-protein ligase ATL41-like
957033	965089	Cp4.1LG10g05350	apoptosis inhibitor 5-like protein API5
965463	970668	Cp4.1LG10g05340	GDSL esterase/lipase
973643	974473	Cp4.1LG10g05220	ethylene-responsive transcription factor ERF091
975216	976449	Cp4.1LG10g05230	rac-like GTP-binding protein RAC13



978616	981127	Cp4.1LG10g05160	WUSCHEL-related homeobox 9-like
983881	986862	Cp4.1LG10g05080	28 kDa heat- and acid-stable phosphoprotein-like
987355	994785	Cp4.1LG10g05150	F1K23.23, putative isoform 1
993139	997714	Cp4.1LG10g05070	transcription factor VOZ1-like
998401	1001979	Cp4.1LG10g05120	OPA3-like protein
1007566	1012030	Cp4.1LG10g05170	Auxin response factor
1012546	1015894	Cp4.1LG10g05200	MLO-like protein
1017056	1017469	Cp4.1LG10g05270	Glutaredoxin
1017968	1026844	Cp4.1LG10g05190	Guanylate-binding protein
1024214	1029773	Cp4.1LG10g05110	NAC domain-containing protein 10-like
1029944	1030969	Cp4.1LG10g05100	Protein kinase domain-containing protein
1032082	1032420	Cp4.1LG10g05130	receptor-like protein kinase HSL1
1036450	1037088	Cp4.1LG10g05280	Protein of unknown function (DUF679)
1037390	1054910	Cp4.1LG10g05210	homeobox-DDT domain protein RLT1-like
1052646	1056660	Cp4.1LG10g05090	dnaJ protein homolog 1-like
1056040	1056537	Cp4.1LG10g05140	Glycogen phosphorylase 1-like
1057769	1058689	Cp4.1LG10g05180	protein E6-like
1061077	1062346	Cp4.1LG10g05240	protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 6, chloroplastic/mitochondrial-like isoform X2
1065931	1067512	Cp4.1LG10g05250	protein DEHYDRATION-INDUCED 19-like
1068862	1070999	Cp4.1LG10g05260	protein DEHYDRATION-INDUCED 19 homolog 4-like
1076653	1077054	Cp4.1LG10g05030	ethylene-responsive transcription factor 4-like
1078992	1083182	Cp4.1LG10g05040	auxin-repressed 12.5 kDa protein-like
1083390	1088914	Cp4.1LG10g04910	RING-type domain-containing protein
1089869	1091017	Cp4.1LG10g05060	fe(2+) transport protein 1-like
1091229	1101599	Cp4.1LG10g05020	glyoxysomal processing protease, glyoxysomal isoform X1
1104122	1105535	Cp4.1LG10g04940	dof zinc finger protein DOF1.4



1109915	1110496	Cp4.1LG10g05050	B3 domain-containing transcription factor LEC2
1113020	1115170	Cp4.1LG10g04980	30S ribosomal protein S5
1115416	1116003	Cp4.1LG10g04880	VQ motif-containing protein 4-like
1117121	1118386	Cp4.1LG10g04900	non-classical arabinogalactan protein 31-like
1119287	1122381	Cp4.1LG10g04960	serine/threonine-protein kinase HT1-like
1130257	1137141	Cp4.1LG10g04970	UBC core domain-containing protein
1138139	1147146	Cp4.1LG10g05000	DNA-directed RNA polymerase subunit beta
1149309	1149989	Cp4.1LG10g05010	E3 ubiquitin-protein ligase RMA1H1-like
1152138	1153110	Cp4.1LG10g04930	heat stress transcription factor B-2a-like
1153440	1156466	Cp4.1LG10g04890	monothiol glutaredoxin-S17-like
1156602	1163734	Cp4.1LG10g04990	RNA polymerase II transcription factor B subunit 2
1164920	1167395	Cp4.1LG10g04950	60S ribosomal protein L4
1168743	1172310	Cp4.1LG10g04920	interactor of constitutive active ROPs 2, chloroplastic-like
1173921	1175463	Cp4.1LG10g04700	mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM14-1-like
1176206	1179874	Cp4.1LG10g04720	protein IQ-DOMAIN 1-like
1182664	1183470	Cp4.1LG10g04800	Protamine P1 family protein
1185644	1186291	Cp4.1LG10g04840	Unknown protein
1188330	1189780	Cp4.1LG10g04830	cell number regulator 8-like
1192530	1194575	Cp4.1LG10g04730	Peroxidase
1195550	1201062	Cp4.1LG10g04820	dnaJ protein P58IPK homolog
1202501	1203235	Cp4.1LG10g04690	fasciclin-like arabinogalactan protein 11
1205495	1206256	Cp4.1LG10g04790	Methyltransf_11 domain-containing protein
1208138	1210477	Cp4.1LG10g04780	serine/threonine-protein kinase-like protein CCR1
1212635	1213724	Cp4.1LG10g04770	plasma membrane intrinsic protein 2
1214657	1221037	Cp4.1LG10g04810	Rab-GAP TBC domain-containing protein



1222454	1222798	Cp4.1LG10g04870	aquaporin PIP2-2-like
1222911	1223162	Cp4.1LG10g04860	plasma membrane intrinsic protein 2
1223766	1229506	Cp4.1LG10g04850	Aquaporin-like protein
1235107	1235607	Cp4.1LG10g04680	60S ribosomal protein L12-like
1236614	1240096	Cp4.1LG10g04710	CASP-like protein
1241922	1245385	Cp4.1LG10g04760	Auxin response factor
1255475	1258175	Cp4.1LG10g04750	Cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase
1262951	1265557	Cp4.1LG10g04740	cyclic nucleotide-gated channel 15
1270136	1281354	Cp4.1LG10g04620	ethylene-insensitive protein 2-like isoform X1
1299343	1303397	Cp4.1LG10g04640	Isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit, mitochondrial
1304762	1305133	Cp4.1LG10g04560	Auxin responsive SAUR protein
1310312	1310575	Cp4.1LG10g04610	Unknown protein
1311295	1318662	Cp4.1LG10g04590	HTH myb-type domain-containing protein
1319428	1336823	Cp4.1LG10g04570	Abc transporter g family member
1335386	1337222	Cp4.1LG10g04660	Unknown protein
1337759	1341993	Cp4.1LG10g04670	Protein kinase domain-containing protein
1343880	1350227	Cp4.1LG10g04650	RNA polymerase sigma factor sigF
1349301	1349543	Cp4.1LG10g04600	transcription factor TCP11-like
1351052	1356151	Cp4.1LG10g04630	RNA polymerase sigma factor
1359701	1365808	Cp4.1LG10g04550	cell division cycle 48
1367852	1370092	Cp4.1LG10g04580	Transcription initiation factor TFIID subunit 8
1370654	1372390	Cp4.1LG10g04530	thylakoid lumenal 15.0 kDa protein 2, chloroplastic-like
1372714	1373091	Cp4.1LG10g04390	SAUR-like auxin-responsive protein family
1375040	1376022	Cp4.1LG10g04420	Acylphosphatase
1380650	1382874	Cp4.1LG10g04410	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 6-like
1386841	1388013	Cp4.1LG10g04380	S-adenosylmethionine synthase
1389369	1401841	Cp4.1LG10g04450	protein PTST homolog 3, chloroplastic isoform X2
1403290	1404589	Cp4.1LG10g04510	GDSL esterase/lipase



1405466	1410714	Cp4.1LG10g04440	Histidine--tRNA ligase
1411571	1414779	Cp4.1LG10g04430	Carbonic anhydrase
1418792	1421906	Cp4.1LG10g04500	Pectate lyase
1422303	1427524	Cp4.1LG10g04370	Serine/threonine protein phosphatase 2A regulatory subunit
1431950	1433676	Cp4.1LG10g04400	aquaporin TIP1-1
1439542	1447051	Cp4.1LG10g04480	WD repeat-containing protein 3-like
1447670	1454351	Cp4.1LG10g04460	Gln-synt_C domain-containing protein
1455683	1459899	Cp4.1LG10g04470	Glutamine synthetase
1461913	1463634	Cp4.1LG10g04490	Expansin
1464537	1464845	Cp4.1LG10g04540	thaumatin-like protein 1b
1466562	1496357	Cp4.1LG10g04520	protein SHOOT GRAVITROPISM 6
1514548	1529836	Cp4.1LG10g04350	Threonine dehydratase
1530242	1531876	Cp4.1LG10g04360	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1534647	1536651	Cp4.1LG10g04320	Exostosin family protein
1540837	1543678	Cp4.1LG10g04330	Sulfite exporter TauE/SafE family protein
1544459	1546186	Cp4.1LG10g04340	60S ribosomal protein L24-like
1547782	1549261	Cp4.1LG10g04300	homeobox-leucine zipper protein ATHB-22-like
1554694	1557225	Cp4.1LG10g04310	homeobox-leucine zipper protein ATHB-22-like
1558667	1564687	Cp4.1LG10g04290	Pyruvate kinase family protein
1566533	1572057	Cp4.1LG10g04280	Lipid IV(A) 3-deoxy-D-manno-octulosonic acid transferase
1572195	1573574	Cp4.1LG10g04180	AT-hook motif nuclear-localized protein
1574683	1578799	Cp4.1LG10g04250	Phosphopyruvate hydratase
1579356	1582709	Cp4.1LG10g04230	splicing factor U2af small subunit B-like
1584095	1592118	Cp4.1LG10g04220	serine/threonine-protein kinase CTR1-like
1593038	1598092	Cp4.1LG10g04070	DUF4378 domain-containing protein
1593038	1596020	Cp4.1LG10g04240	Fructose-bisphosphate aldolase
1601017	1602393	Cp4.1LG10g04100	RAB6-interacting golgin



1603012	1609572	Cp4.1LG10g04140	pleiotropic drug resistance protein 2-like
1612550	1615042	Cp4.1LG10g04170	Protein BUD31-like protein
1615268	1619211	Cp4.1LG10g04130	serine/threonine-protein kinase D6PKL1-like
1620068	1621274	Cp4.1LG10g04090	60S acidic ribosomal protein P2-like
1622726	1626309	Cp4.1LG10g04260	IQ domain-containing protein IQM3-like
1627985	1629843	Cp4.1LG10g04200	GDSL esterase/lipase
1630025	1631350	Cp4.1LG10g04110	GDSL esterase/lipase
1634702	1641127	Cp4.1LG10g04150	transcription initiation factor TFIID subunit 12
1643495	1644013	Cp4.1LG10g04270	zinc finger A20 and AN1 domain-containing stress-associated protein 4
1646697	1649038	Cp4.1LG10g04190	Purple acid phosphatase
1650851	1652186	Cp4.1LG10g04120	protein TERMINAL FLOWER 1-like
1653099	1653743	Cp4.1LG10g04080	Germin-like protein
1657161	1658408	Cp4.1LG10g04160	F-box domain-containing protein
1661697	1666967	Cp4.1LG10g04210	Cell division protein ftsZ, putative
1670317	1671483	Cp4.1LG10g03900	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1674872	1675390	Cp4.1LG10g03980	Unknown protein
1677013	1680022	Cp4.1LG10g03940	1-(5-phosphoribosyl)-5-[(5-phosphoribosylamino)methylideneamino]imidazole-4-carboxamide isomerase, chloroplastic
1680291	1682631	Cp4.1LG10g03960	cytochrome b-c1 complex subunit 9-like
1683698	1684522	Cp4.1LG10g03870	Unknown protein
1688315	1694434	Cp4.1LG10g03910	Signal recognition particle protein
1694590	1697155	Cp4.1LG10g04050	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1696999	1698706	Cp4.1LG10g03880	Small nuclear ribonucleoprotein G
1700978	1703217	Cp4.1LG10g04060	Auxin responsive SAUR protein
1705154	1709641	Cp4.1LG10g03920	protein ORANGE-LIKE, chloroplastic-like
1710492	1716130	Cp4.1LG10g03930	sorting nexin 1-like
1719483	1721136	Cp4.1LG10g03990	NAC domain-containing protein



1722635	1725277	Cp4.1LG10g03950	vacuolar protein sorting-associated protein 55 homolog isoform X1
1725826	1740131	Cp4.1LG10g04010	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein
1740986	1741928	Cp4.1LG10g04020	Casparian strip membrane protein 1
1742978	1749725	Cp4.1LG10g04000	mRNA-decapping enzyme-like protein
1750402	1763045	Cp4.1LG10g04030	LETM1 domain-containing protein
1758300	1763655	Cp4.1LG10g03970	protein trichome birefringence-like 8
1764190	1768220	Cp4.1LG10g03890	IAA-amino acid hydrolase ILR1
1764535	1764889	Cp4.1LG10g04040	Pentatricopeptide repeat-like superfamily protein
1777068	1778455	Cp4.1LG10g03840	Protein GL2-INTERACTING REPRESSOR 1
1787835	1788566	Cp4.1LG10g03860	Transcription repressor
1792934	1793538	Cp4.1LG10g03760	Unknown protein
1793023	1793484	Cp4.1LG10g03690	Transcription repressor
1794370	1798820	Cp4.1LG10g03710	lipid droplet-associated hydrolase-like
1799493	1802165	Cp4.1LG10g03790	HVA22-like protein
1801587	1802072	Cp4.1LG10g03670	COPII coat assembly protein SEC16, putative
1803394	1809770	Cp4.1LG10g03730	transcription factor E2FA-like isoform X1
1809739	1814404	Cp4.1LG10g03830	NDR1/HIN1-like protein 3
1816273	1817120	Cp4.1LG10g03750	Unknown protein
1816909	1818303	Cp4.1LG10g03780	Eukaryotic aspartyl protease family protein
1820435	1820842	Cp4.1LG10g03810	Regulatory particle non-ATPase 10
1826990	1834499	Cp4.1LG10g03700	Exocyst subunit Exo70 family protein
1835692	1842538	Cp4.1LG10g03800	Ribosome biogenesis protein NSA2 homolog
1843894	1844409	Cp4.1LG10g03770	RING-H2 finger protein ATL70-like
1847124	1850081	Cp4.1LG10g03720	alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase alkB homolog 6



Genes encontrados en la región genómica del cromosoma 1 para la cuantía en tricomas para en *C. pepo*.

P INICIAL	P FINAL	GEN ID	FUNCIÓN FINAL
1502946	1505440	Cp4.1LG01g03950	IAA-amino acid hydrolase ILR1-like 1
1507245	1507793	Cp4.1LG01g03880	zinc finger protein 5-like
1510406	1515258	Cp4.1LG01g03890	Zinc finger, MYND-type
1516262	1520715	Cp4.1LG01g03910	zinc finger MYND domain-containing protein 15
1524322	1525774	Cp4.1LG01g04000	two-component response regulator ARR5-like
1527777	1530678	Cp4.1LG01g03990	Formin-like protein
1532631	1534925	Cp4.1LG01g03970	protein WVD2-like 7 isoform X2
1536908	1538029	Cp4.1LG01g03860	Hexosyltransferase
1540675	1543778	Cp4.1LG01g03870	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha
1544400	1554936	Cp4.1LG01g03900	paired amphipathic helix protein Sin3-like 4 isoform X2
1558341	1561262	Cp4.1LG01g04030	Glycosyltransferase family 92 protein
1561399	1562741	Cp4.1LG01g03920	protein COFACTOR ASSEMBLY OF COMPLEX C SUBUNIT B CCB4, chloroplastic
1562873	1567134	Cp4.1LG01g04020	EF-hand domain-containing protein
1565998	1567149	Cp4.1LG01g03960	CLAVATA3/ESR (CLE)-related protein 25
1568832	1581764	Cp4.1LG01g03940	Phospholipid-transporting ATPase
1589280	1594692	Cp4.1LG01g04010	DUF1336 domain-containing protein
1592252	1594147	Cp4.1LG01g03850	Leucine-rich repeat receptor protein kinase family protein
1594339	1596840	Cp4.1LG01g03930	Glycerol-3-phosphate acyltransferase 6
1597633	1603124	Cp4.1LG01g03760	hydroxyproline O-galactosyltransferase GALT4-like
1604935	1605664	Cp4.1LG01g03740	Protein of unknown function (DUF1442)



1607386	1608971	Cp4.1LG01g03730	40S ribosomal protein S20
1609699	1610922	Cp4.1LG01g03670	UDP-glucuronate 4-epimerase 4
1614781	1615815	Cp4.1LG01g03720	protein EXORDIUM-like 3
1618229	1632271	Cp4.1LG01g03710	Mitochondrial intermediate peptidase, putative
1632960	1637009	Cp4.1LG01g03770	UMP-CMP kinase
1638678	1640267	Cp4.1LG01g03750	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1643760	1644347	Cp4.1LG01g03820	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein
1646236	1647202	Cp4.1LG01g03680	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein
1650513	1652947	Cp4.1LG01g03690	Protein jagunal
1660241	1660783	Cp4.1LG01g03800	NAC domain-containing protein
1660904	1661341	Cp4.1LG01g03810	NAC domain-containing protein 7
1663779	1667079	Cp4.1LG01g03700	Trehalose 6-phosphate phosphatase
1672724	1682735	Cp4.1LG01g03780	Component of oligomeric Golgi complex 7
1683304	1683588	Cp4.1LG01g03790	Unknown protein
1684768	1687851	Cp4.1LG01g03840	Unknown protein
1691533	1691920	Cp4.1LG01g03830	Unknown protein
1696860	1697625	Cp4.1LG01g03660	Leucine-rich repeat protein kinase family protein
1698499	1701422	Cp4.1LG01g03630	Receptor protein kinase, putative
1702572	1703581	Cp4.1LG01g03530	Aconitate hydratase
1705842	1706257	Cp4.1LG01g03610	Unknown protein
1709550	1712409	Cp4.1LG01g03600	F-box protein
1713293	1716137	Cp4.1LG01g03650	F-box protein
1718370	1730833	Cp4.1LG01g03560	structural maintenance of chromosomes protein 6B-like
1731439	1735184	Cp4.1LG01g03570	leucine-rich repeat receptor-like protein kinase TDR
1741528	1750937	Cp4.1LG01g03540	Ribosomal protein L15
1755027	1759709	Cp4.1LG01g03620	Rho-GAP domain-containing protein
1759708	1760818	Cp4.1LG01g03550	transcription factor DUO1-like



1761612	1763702	Cp4.1LG01g03640	Unknown protein
1762136	1763815	Cp4.1LG01g03580	Nodulation receptor kinase
1767176	1793435	Cp4.1LG01g03590	BP28CT domain-containing protein
1794447	1799285	Cp4.1LG01g03400	methyltransferase-like protein 1
1804163	1809577	Cp4.1LG01g03490	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
1810290	1824630	Cp4.1LG01g03500	ATP-dependent 6-phosphofructokinase
1823796	1824389	Cp4.1LG01g03420	ethylene-responsive transcription factor ERF106-like
1829824	1831665	Cp4.1LG01g03460	speckle-type POZ protein-like A
1832397	1833524	Cp4.1LG01g03480	Oleosin
1833979	1846381	Cp4.1LG01g03410	Unknown protein
1848853	1851352	Cp4.1LG01g03470	transcription factor MYB1R1
1852375	1859327	Cp4.1LG01g03440	pre-mRNA-splicing factor CWC25 homolog
1861668	1861940	Cp4.1LG01g03430	Wall-associated receptor kinase 3
1862027	1863191	Cp4.1LG01g03520	Unknown protein
1864231	1866960	Cp4.1LG01g03510	Protein-methionine-S-oxide reductase
1870353	1872044	Cp4.1LG01g03450	Cyclin
1872327	1872785	Cp4.1LG01g03370	glycine-rich cell wall structural protein 2-like
1875173	1878912	Cp4.1LG01g03380	Glutamate dehydrogenase
1883740	1885215	Cp4.1LG01g03350	Tyrosine--tRNA ligase
1885723	1889266	Cp4.1LG01g03360	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 31
1889901	1894454	Cp4.1LG01g03390	Polyadenylate-binding protein 1-like
1895226	1898870	Cp4.1LG01g03240	Superoxide dismutase
1899589	1902399	Cp4.1LG01g03310	60S ribosomal protein L13
1903715	1905220	Cp4.1LG01g03320	aspartic proteinase CDR1-like
1905536	1906391	Cp4.1LG01g03330	60S ribosomal protein L13
1907219	1912741	Cp4.1LG01g03210	late embryogenesis abundant protein At5g17165-like isoform X2
1913966	1915768	Cp4.1LG01g03340	aspartic proteinase CDR1-like
1917361	1919047	Cp4.1LG01g03260	Protein of unknown function (DUF1218)



1919677	1926232	Cp4.1LG01g03270	Phospholipid scramblase
1926715	1928629	Cp4.1LG01g03300	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1927411	1931484	Cp4.1LG01g03160	PWWP domain-containing protein
1932136	1936139	Cp4.1LG01g03250	serine/threonine-protein phosphatase 4 regulatory subunit 2
1936997	1951407	Cp4.1LG01g03200	Importin N-terminal domain-containing protein
1952251	1952687	Cp4.1LG01g03220	transcription factor-like protein DPB
1954446	1959919	Cp4.1LG01g03190	transcription factor-like protein DPB
1961003	1968432	Cp4.1LG01g03170	D-xylose-proton symporter-like 2
1971042	1987109	Cp4.1LG01g03290	ERAD-associated E3 ubiquitin-protein ligase HRD1B-like
1988354	1996331	Cp4.1LG01g03280	Phosphate transporter
1999051	2001754	Cp4.1LG01g03230	Leucine-rich repeat protein kinase family protein, putative
2001897	2011513	Cp4.1LG01g03180	endoplasmic reticulum-Golgi intermediate compartment protein 3-like
2012579	2020775	Cp4.1LG01g03060	protein LNK1-like isoform X1
2023142	2025405	Cp4.1LG01g03090	30S ribosomal protein S11
2025893	2033495	Cp4.1LG01g03040	Potassium transporter
2034901	2036899	Cp4.1LG01g03020	Ubiquinol oxidase
2039516	2043551	Cp4.1LG01g03110	Protein phosphatase 2C family protein
2044134	2046138	Cp4.1LG01g03100	Indole-3-glycerol phosphate synthase
2050330	2051584	Cp4.1LG01g03150	transcription factor bHLH143-like
2052545	2056168	Cp4.1LG01g03030	root phototropism protein 3
2060558	2062761	Cp4.1LG01g03050	DUF4283 domain-containing protein
2067839	2068051	Cp4.1LG01g03010	Unknown protein
2069722	2073938	Cp4.1LG01g03080	GTP cyclohydrolase II
2075374	2080473	Cp4.1LG01g03070	GTP cyclohydrolase II
2083798	2089944	Cp4.1LG01g03120	dicarboxylate transporter 2.1, chloroplastic-like



2091234	2095022	Cp4.1LG01g03130	splicing factor 3B subunit 1-like
2095733	2102662	Cp4.1LG01g03140	polyadenylate-binding protein 2-like
2101328	2102245	Cp4.1LG01g02860	protein EXORDIUM-like 2
2106258	2114164	Cp4.1LG01g02910	dynamin-related protein 3A-like
2114746	2117269	Cp4.1LG01g02880	gamma-glutamyl peptidase 5-like
2118143	2122474	Cp4.1LG01g02890	GDSL esterase/lipase
2125065	2125289	Cp4.1LG01g03000	Unknown protein
2125778	2134856	Cp4.1LG01g02990	MADS-box transcription factor 23-like isoform X2
2127871	2138636	Cp4.1LG01g02930	Unknown protein
2140189	2144026	Cp4.1LG01g02950	Zinc transport protein like
2145103	2149006	Cp4.1LG01g02940	Heat shock 70 kDa protein
2149590	2152298	Cp4.1LG01g02870	transcription factor GTE7-like
2156255	2160254	Cp4.1LG01g02920	Phosphoglycerate mutase-like protein 1
2163711	2177044	Cp4.1LG01g02970	MFS domain-containing protein
2177571	2183064	Cp4.1LG01g02900	LL-diaminopimelate aminotransferase
2185955	2188127	Cp4.1LG01g02980	Unknown protein
2189750	2193768	Cp4.1LG01g02960	protein trichome birefringence-like 13
2196405	2198904	Cp4.1LG01g02850	Pathogenesis-related protein 1
2201972	2203693	Cp4.1LG01g02830	myb-like protein X
2204100	2206135	Cp4.1LG01g02720	Protein of unknown function (DUF1005)
2209097	2209833	Cp4.1LG01g02710	agamous-like MADS-box protein AGL62
2211397	2219216	Cp4.1LG01g02740	Aspartate--tRNA(Asp/Asn) ligase
2220566	2224912	Cp4.1LG01g02790	histone acetyltransferase KAT6B-like
2225815	2231107	Cp4.1LG01g02840	Pyruvate kinase
2232145	2236770	Cp4.1LG01g02810	Tubulin alpha chain
2236951	2240695	Cp4.1LG01g02730	Tubulin alpha chain
2242006	2247559	Cp4.1LG01g02760	ethylene-dependent gravitropism-deficient and yellow-green-like 3
2249359	2264218	Cp4.1LG01g02820	Pre-mRNA-processing protein 40A



2266527	2270182	Cp4.1LG01g02800	Serine carboxypeptidase-like 18
2271022	2272106	Cp4.1LG01g02770	protein SOB FIVE-LIKE 6-like isoform X1
2279905	2282200	Cp4.1LG01g02780	B-like cyclin
2282921	2289612	Cp4.1LG01g02750	nucleobase-ascorbate transporter 4
2294038	2295764	Cp4.1LG01g02680	cysteine-rich and transmembrane domain-containing protein WIH2-like
2296937	2302390	Cp4.1LG01g02690	MYB transcription factor
2308688	2312061	Cp4.1LG01g02580	Endo-1,4-beta-xylanase 4
2313351	2315975	Cp4.1LG01g02590	Endo-1,4-beta-xylanase 4
2313868	2321562	Cp4.1LG01g02700	Unknown protein
2318299	2321208	Cp4.1LG01g02600	Endo-1,4-beta-xylanase 4
2322859	2326049	Cp4.1LG01g02570	Adenylyl-sulfate kinase
2326863	2332476	Cp4.1LG01g02630	pre-mRNA-splicing factor CWC25-like isoform X2
2333576	2340382	Cp4.1LG01g02670	vacuolar-sorting receptor 4-like
2341237	2342373	Cp4.1LG01g02530	transcription factor bHLH54-like
2346667	2351937	Cp4.1LG01g02640	mitotic checkpoint protein BUB3.2
2355192	2360950	Cp4.1LG01g02620	BTB/POZ domain-containing protein NPY2
2363706	2366309	Cp4.1LG01g02650	histone deacetylase 6
2366365	2369842	Cp4.1LG01g02560	Sulfhydryl oxidase
2370289	2372024	Cp4.1LG01g02660	Transcriptional coactivator Hfi1/Transcriptional adapter 1
2372399	2374154	Cp4.1LG01g02550	PXMP2/4 family protein 4-like
2375069	2378208	Cp4.1LG01g02540	Uncharacterised protein family SERF
2379748	2383533	Cp4.1LG01g02520	calponin homology domain-containing protein DDB_G0272472
2384511	2388047	Cp4.1LG01g02610	zinc finger SWIM domain-containing protein 7
2389970	2392611	Cp4.1LG01g02510	Protein of unknown function (DUF620)
2400593	2403146	Cp4.1LG01g02350	Auxin-responsive GH3 family protein
2411317	2422950	Cp4.1LG01g02480	homeobox protein HAT3.1
2421941	2422495	Cp4.1LG01g02380	zinc finger protein 4-like



2424751	2431914	Cp4.1LG01g02370	Caspase-6 protein
2432652	2437567	Cp4.1LG01g02360	alpha-L-fucosidase 2-like
2438760	2439642	Cp4.1LG01g02460	LYR motif-containing protein At3g19508
2441840	2443597	Cp4.1LG01g02490	Cinnamyl alcohol dehydrogenase
2444681	2445379	Cp4.1LG01g02340	transcription factor MYB44- like
2447179	2449889	Cp4.1LG01g02410	PRKR-interacting protein 1
2450337	2455651	Cp4.1LG01g02500	Reticulon-like protein
2456344	2459944	Cp4.1LG01g02440	Protein kinase domain- containing protein
2460939	2464818	Cp4.1LG01g02430	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase
2468894	2471504	Cp4.1LG01g02390	B-like cyclin
2472827	2475808	Cp4.1LG01g02400	Unknown protein
2476975	2479388	Cp4.1LG01g02450	Leucine-rich repeat family protein
2482589	2487750	Cp4.1LG01g02330	CBS domain-containing protein CBSX1, chloroplastic-like
2489190	2494261	Cp4.1LG01g02470	Polyadenylate-binding protein
2494980	2495414	Cp4.1LG01g02420	40S ribosomal protein S16
2499200	2500921	Cp4.1LG01g02210	DDE Tnp4 domain-containing protein
2502325	2506309	Cp4.1LG01g02270	Exocyst complex component
2508832	2510097	Cp4.1LG01g02230	RING-type E3 ubiquitin transferase
2516949	2518471	Cp4.1LG01g02320	Unknown protein
2517150	2519801	Cp4.1LG01g02200	PI-PLC X domain-containing protein At5g67130-like
2522297	2527875	Cp4.1LG01g02310	Protein kinase domain- containing protein
2526392	2530972	Cp4.1LG01g02170	glycoprotein 3-alpha-L- fucosyltransferase A-like
2531729	2541500	Cp4.1LG01g02180	SART-1 family protein DOT2
2542115	2546004	Cp4.1LG01g02250	protein disulfide-isomerase SCO2
2546992	2557555	Cp4.1LG01g02290	protein CHROMATIN REMODELING 25
2559117	2560048	Cp4.1LG01g02240	DNA repair and recombination protein RAD54-like isoform 1
2560631	2573650	Cp4.1LG01g02160	Autophagy-related protein 2



2575761	2577219	Cp4.1LG01g02280	EKC/KEOPS complex subunit Tprkb
2578032	2581143	Cp4.1LG01g02260	VID27 domain-containing protein
2584392	2585237	Cp4.1LG01g02220	ethylene-responsive transcription factor ERF109-like
2588442	2591961	Cp4.1LG01g02190	Endonuclease or glycosyl hydrolase
2592785	2602502	Cp4.1LG01g02300	prostaglandin reductase-3-like
2603336	2607895	Cp4.1LG01g01950	B3 domain-containing protein
2611157	2614643	Cp4.1LG01g01980	Protein of unknown function DUF829, transmembrane 53
2611157	2613360	Cp4.1LG01g02140	Unknown protein
2620215	2623172	Cp4.1LG01g02100	LEA_2 domain-containing protein
2623952	2627683	Cp4.1LG01g02000	Tubby-like F-box protein
2629480	2632005	Cp4.1LG01g02060	fibrous sheath CABYR-binding protein isoform X2
2632879	2636389	Cp4.1LG01g02120	cytochrome b-c1 complex subunit 6-like
2637444	2640012	Cp4.1LG01g01970	WRKY domain-containing protein
2643127	2657479	Cp4.1LG01g02020	Separase
2659775	2660674	Cp4.1LG01g01990	40S ribosomal protein S16
2661387	2665267	Cp4.1LG01g02010	Sulfurtransferase
2667175	2672185	Cp4.1LG01g02130	basic blue protein-like
2673359	2676920	Cp4.1LG01g01960	Patatin
2678325	2678522	Cp4.1LG01g02090	Unknown protein
2678600	2679112	Cp4.1LG01g02080	Unknown protein
2678993	2680342	Cp4.1LG01g02150	E3 ubiquitin-protein ligase RNF126-like isoform X3
2680291	2683584	Cp4.1LG01g02040	Synaptojanin-1
2684386	2689712	Cp4.1LG01g02030	Transmembrane emp24 domain-containing protein
2688420	2688863	Cp4.1LG01g02110	Maternal effect embryo arrest 9
2690097	2691220	Cp4.1LG01g02070	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein
2691616	2693030	Cp4.1LG01g02050	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein
2693441	2697697	Cp4.1LG01g01940	nigrin b-like isoform X1
2697712	2705840	Cp4.1LG01g01880	importin-4-like
2706777	2716587	Cp4.1LG01g01930	Membralin-like protein



2717526	2719860	Cp4.1LG01g01920	Protein kinase domain-containing protein
2720288	2741123	Cp4.1LG01g01840	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase
2744790	2750563	Cp4.1LG01g01900	potassium channel AKT2/3-like
2753118	2754634	Cp4.1LG01g01860	Unknown protein
2758138	2762234	Cp4.1LG01g01850	Serine hydroxymethyltransferase
2762531	2770409	Cp4.1LG01g01910	Transmembrane 9 superfamily member
2771345	2771803	Cp4.1LG01g01870	Ferredoxin
2772563	2779032	Cp4.1LG01g01830	MLO-like protein
2781043	2785291	Cp4.1LG01g01810	cucumisin-like
2788683	2793329	Cp4.1LG01g01890	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C
2794774	2796714	Cp4.1LG01g01820	dnaJ homolog subfamily C member 2-like
2800338	2805646	Cp4.1LG01g01730	Magnesium transporter
2806425	2810730	Cp4.1LG01g01760	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein
2811379	2814252	Cp4.1LG01g01700	COBRA-like protein
2815533	2818996	Cp4.1LG01g01720	cx9C motif-containing protein 4
2817733	2825886	Cp4.1LG01g01660	Protein of unknown function (DUF803)
2829209	2831905	Cp4.1LG01g01750	protein BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-like
2832989	2840119	Cp4.1LG01g01640	Patatin
2843378	2849790	Cp4.1LG01g01780	Protein kinase domain-containing protein
2850989	2853948	Cp4.1LG01g01670	beta-glucuronosyltransferase GlcAT14B-like
2858116	2862946	Cp4.1LG01g01770	S4 RNA-binding domain-containing protein
2862334	2864493	Cp4.1LG01g01680	NAC domain-containing protein
2866817	2867703	Cp4.1LG01g01710	Signaling peptide TAXIMIN 2
2868498	2871087	Cp4.1LG01g01800	Unknown protein
2871667	2873821	Cp4.1LG01g01790	Glycosyltransferase
2874334	2877355	Cp4.1LG01g01740	DUF3082 domain-containing protein



2878560	2881333	Cp4.1LG01g01650	glutamic acid-rich protein isoform X1
2887891	2893113	Cp4.1LG01g01690	protein SAWADEE HOMEODOMAIN HOMOLOG 2-like
2894966	2898029	Cp4.1LG01g01450	Transcription elongation factor 1 homolog
2898480	2899114	Cp4.1LG01g01630	Unknown protein
2900952	2901242	Cp4.1LG01g01620	Subtilisin-like protease
2906623	2911447	Cp4.1LG01g01570	RING-type domain-containing protein
2912147	2919992	Cp4.1LG01g01470	TAF RNA polymerase I subunit A
2921516	2925554	Cp4.1LG01g01600	Homogentisate 1,2-dioxygenase
2925916	2929293	Cp4.1LG01g01490	Protein SPEAR2 isoform X2
2935246	2938790	Cp4.1LG01g01530	Transcription factor TCP4
2945155	2948155	Cp4.1LG01g01550	transcription factor GTE3, chloroplastic-like
2948348	2951010	Cp4.1LG01g01510	Malate dehydrogenase
2952479	2952838	Cp4.1LG01g01540	Unknown protein
2957113	2958420	Cp4.1LG01g01520	UBP1-associated protein 2C-like
2959564	2964153	Cp4.1LG01g01610	IENR2 domain-containing protein
2961494	2965924	Cp4.1LG01g01460	multiple organellar RNA editing factor 8, chloroplastic/mitochondrial
2966337	2972262	Cp4.1LG01g01500	cold-responsive protein kinase 1-like
2973889	2979105	Cp4.1LG01g01480	protein DJ-1 homolog A
2980992	2984609	Cp4.1LG01g01580	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 36
2985673	2990297	Cp4.1LG01g01560	Tubby-like F-box protein
2990947	2995093	Cp4.1LG01g01590	Alpha-1,3/1,6-mannosyltransferase ALG2
2995584	2998842	Cp4.1LG01g01390	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 8-like protein A
3003248	3007818	Cp4.1LG01g01380	protein NLP6-like isoform X1
3009227	3012514	Cp4.1LG01g01310	protein KINESIN LIGHT CHAIN-RELATED 1-like
3013916	3015096	Cp4.1LG01g01330	Unknown protein



3019802	3023380	Cp4.1LG01g01280	Ankyrin repeat family protein
3024161	3028506	Cp4.1LG01g01360	trihelix transcription factor GT-3b-like
3026445	3030758	Cp4.1LG01g01290	C2H2-type domain-containing protein
3031762	3039916	Cp4.1LG01g01320	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase FEI 1
3040921	3042826	Cp4.1LG01g01340	aspartic proteinase CDR1-like
3043619	3043927	Cp4.1LG01g01350	aspartic proteinase CDR1-like
3044048	3059896	Cp4.1LG01g01440	Aspartic proteinase CDR1-like protein
3063974	3065437	Cp4.1LG01g01420	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein
3067650	3070118	Cp4.1LG01g01300	Pentatricopeptide repeat-containing protein
3073852	3077131	Cp4.1LG01g01410	Pectin acetyltransferase
3078266	3078915	Cp4.1LG01g01430	Unknown protein
3080649	3084998	Cp4.1LG01g01370	RING-type domain-containing protein
3085495	3096611	Cp4.1LG01g01400	Beta-amylase
3098947	3099549	Cp4.1LG01g01130	NDR1/HIN1-like protein 12
3101028	3102368	Cp4.1LG01g01200	Unknown protein
3101308	3102395	Cp4.1LG01g01270	Protein MODIFYING WALL LIGNIN-1
3102534	3108288	Cp4.1LG01g01260	Polyamine-modulated factor 1/Kinetochore protein NNF
3111400	3114082	Cp4.1LG01g01170	abscisic acid 8'-hydroxylase 1-like
3120790	3123174	Cp4.1LG01g01110	glycine-rich protein A3-like
3128343	3129545	Cp4.1LG01g01190	Unknown protein
3141466	3145277	Cp4.1LG01g01210	ABC transporter G family member 14-like
3145834	3152115	Cp4.1LG01g01230	ATP-diphosphatase
3150152	3151912	Cp4.1LG01g01120	nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 4
3153800	3155563	Cp4.1LG01g01150	ATPase WRNIP1
3157885	3158544	Cp4.1LG01g01160	VQ motif-containing protein 22-like
3162198	3169100	Cp4.1LG01g01250	Cytochrome P450
3167494	3180030	Cp4.1LG01g01180	Protein FAR1-RELATED SEQUENCE



3181789	3188006	Cp4.1LG01g01220	S-acyltransferase
3189085	3195393	Cp4.1LG01g01240	gamma aminobutyrate transaminase 1, mitochondrial-like
3193775	3195369	Cp4.1LG01g01140	Transmembrane protein
3201906	3211276	Cp4.1LG01g01070	COP1-interactive protein 1-like
3215741	3217057	Cp4.1LG01g00980	Transcription factor GRAS
3229013	3238863	Cp4.1LG01g01050	protein PAT1 homolog 1-like
3238922	3239824	Cp4.1LG01g01020	Tify domain-containing protein
3240447	3241783	Cp4.1LG01g01000	Aquaporin NIP3-1
3242909	3247400	Cp4.1LG01g01090	GlcNAc kinase
3247621	3251080	Cp4.1LG01g01010	Reticulon-like protein
3253306	3266520	Cp4.1LG01g01100	DEXH-box ATP-dependent RNA helicase DEXH6 isoform X1
3267213	3272780	Cp4.1LG01g01080	BTB/POZ domain and ankyrin repeat-containing protein NPR2-like
3271567	3274741	Cp4.1LG01g00990	Phytoene synthase
3276280	3280908	Cp4.1LG01g01060	protein JASON-like isoform X1
3279501	3285828	Cp4.1LG01g01030	switch-associated protein 70-like
3286546	3295416	Cp4.1LG01g01040	translation initiation factor IF-2
3296221	3299599	Cp4.1LG01g00960	Kinase family protein
3300820	3308758	Cp4.1LG01g00940	J domain-containing protein
3312736	3314375	Cp4.1LG01g00920	Serine/arginine repetitive matrix-like protein
3316137	3316487	Cp4.1LG01g00850	auxin-induced in root cultures protein 12-like
3318245	3318565	Cp4.1LG01g00970	Unknown protein
3319702	3321458	Cp4.1LG01g00810	CASP-like protein
3323186	3328735	Cp4.1LG01g00930	kinesin-like protein KIN-14Q
3331191	3332543	Cp4.1LG01g00900	serine/threonine-protein kinase WAG1-like
3331275	3331466	Cp4.1LG01g00890	Unknown protein
3331521	3332012	Cp4.1LG01g00880	Unknown protein
3332404	3339049	Cp4.1LG01g00840	Glutathione s-transferase
3340407	3351479	Cp4.1LG01g00830	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase
3351653	3355070	Cp4.1LG01g00860	Caffeoyl-CoA O-methyltransferase



3360292	3362052	Cp4.1LG01g00800	9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase
3370637	3374632	Cp4.1LG01g00950	polyadenylate-binding protein-interacting protein 9-like
3374736	3376296	Cp4.1LG01g00870	Pectin lyase-like superfamily protein
3382819	3388509	Cp4.1LG01g00910	RING-type E3 ubiquitin ligase
3388963	3390723	Cp4.1LG01g00820	gibberellin 2-beta-dioxygenase 1-like
3398946	3400466	Cp4.1LG01g00690	cationic amino acid transporter 8, vacuolar-like
3400766	3402765	Cp4.1LG01g00780	60S ribosomal protein L10
3403243	3403887	Cp4.1LG01g00790	glycine-rich RNA-binding protein GRP2A-like
3404293	3408670	Cp4.1LG01g00590	Solanesyl diphosphate synthase, putative
3410930	3415022	Cp4.1LG01g00610	Mitogen-activated protein kinase
3416495	3419682	Cp4.1LG01g00600	Ribokinase
3421344	3423687	Cp4.1LG01g00730	trifunctional UDP-glucose 4,6-dehydratase/UDP-4-keto-6-deoxy-D-glucose 3,5-epimerase/UDP-4-keto-L-rhamnose-reductase RHM1-like
3424361	3429187	Cp4.1LG01g00770	NADH kinase
3428507	3433653	Cp4.1LG01g00680	E3 ubiquitin-protein ligase CCNB1IP1 homolog isoform X1
3434320	3438059	Cp4.1LG01g00700	B-box zinc finger protein 22
3436458	3442169	Cp4.1LG01g00650	protein VTE6, chloroplastic
3442537	3444858	Cp4.1LG01g00670	protein trichome birefringence-like 41
3446116	3455776	Cp4.1LG01g00750	Non-specific serine/threonine protein kinase
3456674	3460038	Cp4.1LG01g00620	BES1/BZR1 homolog protein 4-like
3462923	3467517	Cp4.1LG01g00630	Ubiquitin domain-containing protein
3468372	3473606	Cp4.1LG01g00640	NHL domain-containing protein
3474319	3477993	Cp4.1LG01g00720	protein transport protein Sec61 subunit alpha-like



3481908	3483314	Cp4.1LG01g00740	DUF641 domain-containing protein
3487128	3487448	Cp4.1LG01g00660	Unknown protein
3489086	3492088	Cp4.1LG01g00710	ras-related protein RABA1b-like
3492717	3502719	Cp4.1LG01g00760	anaphase-promoting complex subunit 6-like
3500507	3502864	Cp4.1LG01g00460	pathogen-related protein
3504405	3512494	Cp4.1LG01g00450	Auxin response factor
3523199	3525548	Cp4.1LG01g00560	DCD domain-containing protein
3525632	3528327	Cp4.1LG01g00520	Lin-54-like
3528447	3536924	Cp4.1LG01g00510	F-box protein SKIP8-like
3537873	3546840	Cp4.1LG01g00470	dynammin-like protein
3538009	3538605	Cp4.1LG01g00540	LEA_2 domain-containing protein
3547470	3555256	Cp4.1LG01g00500	UDP-glucose 4-epimerase
3556266	3559910	Cp4.1LG01g00480	Nucleoside diphosphate kinase
3561559	3562275	Cp4.1LG01g00550	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit S, chloroplastic
3563905	3564300	Cp4.1LG01g00530	Unknown protein
3565875	3566186	Cp4.1LG01g00440	Unknown protein
3570770	3579919	Cp4.1LG01g00570	mitochondrial inner membrane protein OXA1-like
3581783	3587641	Cp4.1LG01g00580	long chain acyl-CoA synthetase 4-like
3587996	3593612	Cp4.1LG01g00490	F-box/LRR-repeat protein 14 isoform X1
3603857	3607783	Cp4.1LG01g00380	Unknown protein
3611436	3611738	Cp4.1LG01g00420	ethylene-responsive transcription factor ERF061-like
3612633	3613313	Cp4.1LG01g00280	Unknown protein
3617204	3625864	Cp4.1LG01g00260	protein SEH1
3617204	3620186	Cp4.1LG01g00360	WRKY domain-containing protein
3627208	3627696	Cp4.1LG01g00270	Avr9/Cf-9 rapidly elicited protein 194
3629234	3632639	Cp4.1LG01g00290	Amino acid transporter, putative
3634172	3636461	Cp4.1LG01g00320	high mobility group B protein 6-like



3637206	3640568	Cp4.1LG01g00310	DUF3133 domain-containing protein
3641502	3652314	Cp4.1LG01g00300	COP1-interactive protein 1 isoform X1
3653590	3657548	Cp4.1LG01g00390	spindle pole body component 110-like isoform X1
3658414	3660321	Cp4.1LG01g00370	arabinogalactan peptide 22-like
3661934	3662785	Cp4.1LG01g00350	Phytocyanin domain-containing protein
3664021	3664905	Cp4.1LG01g00340	ethylene-responsive transcription factor CRF2-like
3671472	3677624	Cp4.1LG01g00400	translation initiation factor IF-2
3678320	3679807	Cp4.1LG01g00430	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating
3681122	3682135	Cp4.1LG01g00330	Protein of unknown function (DUF1191)
3684817	3693005	Cp4.1LG01g00410	multiple RNA-binding domain-containing protein 1-like
3695270	3706493	Cp4.1LG01g00170	cation/H(+) antiporter 18-like
3706722	3707291	Cp4.1LG01g00150	Dirigent protein
3707968	3712329	Cp4.1LG01g00180	Calcium-dependent protein kinase
3712809	3717602	Cp4.1LG01g00190	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
3721179	3726108	Cp4.1LG01g00220	Membrane-associated kinase regulator 5
3721190	3732505	Cp4.1LG01g00110	respiratory burst oxidase homolog protein A-like
3735343	3736737	Cp4.1LG01g00160	protein LURP-one-related 17-like
3738326	3745355	Cp4.1LG01g00120	Unknown protein
3746560	3759584	Cp4.1LG01g00200	WD_REPEATS_REGION domain-containing protein
3759854	3760802	Cp4.1LG01g00130	WRKY domain-containing protein
3762476	3763465	Cp4.1LG01g00250	WRKY protein
3767849	3770400	Cp4.1LG01g00240	2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase
3775809	3779109	Cp4.1LG01g00230	2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase



3779886	3788129	Cp4.1LG01g00210	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase
3792653	3793774	Cp4.1LG01g00140	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 39-like
3798312	3799517	Cp4.1LG01g00010	Protein of unknown function (DUF793)
3800821	3802583	Cp4.1LG01g00090	40S ribosomal protein S10-1-like
3807326	3810188	Cp4.1LG01g00100	C2 NT-type domain-containing protein
3814690	3819817	Cp4.1LG01g00070	Protein kinase domain-containing protein
3820250	3822297	Cp4.1LG01g00050	Glutathione S-transferase
3823884	3828879	Cp4.1LG01g00080	Protein kinase domain-containing protein
3829346	3830479	Cp4.1LG01g00020	5-amino-6-(5-phospho-D-ribitylamino)uracil phosphatase, chloroplastic-like
3865088	3866881	Cp4.1LG01g00030	Mucin-2
3870288	3873672	Cp4.1LG01g00060	B3 domain-containing protein Os03g0120900-like
3877729	3878001	Cp4.1LG01g00040	zf-Tim10_DDP domain-containing protein
3887712	3892154	Cp4.1LG01g07020	Cytochrome P450
3892982	3898190	Cp4.1LG01g06870	ATP-dependent DNA helicase DDM1
3898590	3901300	Cp4.1LG01g06880	proline-rich receptor-like protein kinase PERK4
3902166	3902783	Cp4.1LG01g06860	F-box protein At5g49610-like
3906008	3906958	Cp4.1LG01g06950	Transcription repressor
3908783	3916599	Cp4.1LG01g06970	Protein phosphatase
3925065	3926753	Cp4.1LG01g06920	scarecrow-like protein 15
3928387	3930131	Cp4.1LG01g06810	homeobox-leucine zipper protein ATHB-40-like
3936583	3937428	Cp4.1LG01g07030	leucine-rich repeat receptor-like protein kinase PXC2
3937537	3937839	Cp4.1LG01g07070	leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine-protein kinase BAM3
3938378	3942556	Cp4.1LG01g06840	protein FMP32, mitochondrial-like isoform X1



3944153	3953081	Cp4.1LG01g06830	zinc finger CCCH domain-containing protein 44-like
3955450	3958255	Cp4.1LG01g06800	Pectinesterase
3961148	3963029	Cp4.1LG01g06910	protein SHI RELATED SEQUENCE 1-like
3966527	3968082	Cp4.1LG01g07080	protein RTE1-HOMOLOG-like
3968246	3971900	Cp4.1LG01g07060	Ubiquitin-conjugating enzyme family protein
3971568	3973675	Cp4.1LG01g06890	Peroxidase
3976293	3978639	Cp4.1LG01g06960	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
3979721	3980919	Cp4.1LG01g07000	Mitogen-activated protein kinase
3985409	3985864	Cp4.1LG01g06980	bZIP transcription factor 44-like
3988184	3989111	Cp4.1LG01g06900	dehydrin DHN1-like
3989552	3991768	Cp4.1LG01g07040	Thiamine-phosphate synthase
3994442	3995140	Cp4.1LG01g06930	tRNA--methyltransferase non-catalytic subunit trm6MTase subunit trm6, putative
3995882	3999690	Cp4.1LG01g06820	gamma carbonic anhydrase 1, mitochondrial-like
3999915	4003189	Cp4.1LG01g06940	Kinectin-related protein
4004960	4006247	Cp4.1LG01g06990	Mitogen-activated protein kinase
4015258	4016286	Cp4.1LG01g07010	GATA transcription factor 19-like
4017328	4018153	Cp4.1LG01g06850	late embryogenesis abundant protein D-29-like
4020328	4025071	Cp4.1LG01g07050	RING-type E3 ubiquitin transferase
4025803	4029154	Cp4.1LG01g07090	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D2
4029886	4033353	Cp4.1LG01g06670	Tubby-like F-box protein
4034614	4037163	Cp4.1LG01g06740	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
4038136	4039251	Cp4.1LG01g06730	GDP-mannose 4,6-dehydratase
4039611	4048428	Cp4.1LG01g06710	AB hydrolase-1 domain-containing protein
4049367	4054537	Cp4.1LG01g06680	Glucose-6-phosphate 1-epimerase



4054749	4056748	Cp4.1LG01g06760	protein CHAPERONE-LIKE PROTEIN OF POR1, chloroplastic-like
4056996	4062662	Cp4.1LG01g06690	Serine carboxypeptidase S28 family protein
4064921	4067724	Cp4.1LG01g06700	Zinc finger, B-box
4071296	4078646	Cp4.1LG01g06750	Kinesin-like protein
4080106	4083627	Cp4.1LG01g06790	PLAC8 family protein
4084488	4085144	Cp4.1LG01g06650	DUF4228 domain-containing protein
4088434	4092629	Cp4.1LG01g06780	SAP30_Sin3_bdg domain-containing protein
4092963	4094071	Cp4.1LG01g06720	Protein of unknown function (DUF604)
4097133	4097896	Cp4.1LG01g06660	protein SPIRAL1-like 5
4112594	4114658	Cp4.1LG01g06770	Mucin-2
4131275	4138111	Cp4.1LG01g09590	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial
4141245	4143077	Cp4.1LG01g09550	scarecrow-like protein 4
4146931	4150467	Cp4.1LG01g09650	Unknown protein
4150566	4153037	Cp4.1LG01g09530	protein AE7-like 1
4153950	4155926	Cp4.1LG01g09470	Plus3 domain-containing protein
4158041	4170062	Cp4.1LG01g09560	vam6/Vps39-like protein
4171435	4173769	Cp4.1LG01g09480	Glycosyltransferase
4174210	4177647	Cp4.1LG01g09620	protein HEAT INTOLERANT 4-like
4179469	4180167	Cp4.1LG01g09500	nuclear transcription factor Y subunit B-1-like
4184686	4187938	Cp4.1LG01g09570	somatic embryogenesis receptor kinase 2-like
4189316	4194370	Cp4.1LG01g09580	alanine--glyoxylate aminotransferase 2 homolog 1, mitochondrial-like
4193178	4198613	Cp4.1LG01g09510	transcription factor TGA1-like isoform X1
4202402	4208118	Cp4.1LG01g09540	UBP1-associated protein 2B-like isoform X1
4213976	4218401	Cp4.1LG01g09520	regulation of nuclear pre-mRNA domain-containing protein 1B-like



4219906	4225550	Cp4.1LG01g09490	apoptotic chromatin condensation inducer in the nucleus-like
4226246	4228075	Cp4.1LG01g09630	DNA-directed RNA polymerases II and V subunit 8A-like
4228504	4228971	Cp4.1LG01g09640	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 23-like
4229875	4233990	Cp4.1LG01g09600	bifunctional aspartate aminotransferase and glutamate/aspartate-prephenate aminotransferase
4235903	4239187	Cp4.1LG01g09610	Inositol-3-phosphate synthase
4239642	4240317	Cp4.1LG01g09390	FLZ-type domain-containing protein
4240679	4244314	Cp4.1LG01g09370	(3R)-hydroxymyristoyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase
4248892	4250868	Cp4.1LG01g09330	VQ domain-containing protein
4256556	4257804	Cp4.1LG01g09430	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur subunit, mitochondrial
4258035	4260604	Cp4.1LG01g09340	inactive TPR repeat-containing thioredoxin TTL3-like
4270548	4273120	Cp4.1LG01g09380	Trehalose 6-phosphate phosphatase
4286697	4287104	Cp4.1LG01g09310	DUF740 domain-containing protein
4289276	4291802	Cp4.1LG01g09440	protein UPSTREAM OF FLC isoform X2
4293062	4293638	Cp4.1LG01g09400	major pollen allergen Lol p 11-like
4294084	4295625	Cp4.1LG01g09350	Ethylene insensitive 3 family protein
4298033	4302889	Cp4.1LG01g09420	Protein of unknown function (DUF630 and DUF632)
4301367	4307480	Cp4.1LG01g09320	cytochrome c oxidase assembly protein COX11, mitochondrial
4308765	4316385	Cp4.1LG01g09460	protein SCAI-like
4317229	4319069	Cp4.1LG01g09450	Unknown protein
4320530	4325880	Cp4.1LG01g09360	lanC-like protein GCL1
4320627	4322372	Cp4.1LG01g09410	WEB family protein At5g16730, chloroplastic-like



4326794	4330025	Cp4.1LG01g09300	Transmembrane protein
4332017	4333737	Cp4.1LG01g09270	Peroxidase
4334222	4334587	Cp4.1LG01g09170	Tetratricopeptide-like helical
4335235	4356418	Cp4.1LG01g09220	Protein kinase domain-containing protein
4357732	4360341	Cp4.1LG01g09240	monoacylglycerol lipase ABHD6-like
4365583	4368042	Cp4.1LG01g09290	Unknown protein
4368329	4375086	Cp4.1LG01g09280	Chaperone protein DNAj, putative
4374724	4378444	Cp4.1LG01g09200	BTB/POZ domain-containing protein DOT3-like
4379153	4383121	Cp4.1LG01g09180	Unknown protein
4384939	4391837	Cp4.1LG01g09210	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase
4393280	4395600	Cp4.1LG01g09230	50S ribosomal protein L29, chloroplastic-like
4396404	4398748	Cp4.1LG01g09260	Annexin
4398192	4421935	Cp4.1LG01g09190	Unknown protein
4427275	4431687	Cp4.1LG01g09250	Phosphoenolpyruvate carboxykinase (ATP)
4432668	4438570	Cp4.1LG01g09130	ATP-dependent 6-phosphofructokinase
4439697	4442134	Cp4.1LG01g09120	protein CURVATURE THYLAKOID 1A, chloroplastic-like isoform X2
4442438	4445720	Cp4.1LG01g09010	40S ribosomal protein S4
4446599	4456605	Cp4.1LG01g09040	RNA helicase
4457644	4458348	Cp4.1LG01g09000	zinc-finger homeodomain protein 1-like
4462866	4464797	Cp4.1LG01g09160	Unknown protein
4469659	4473089	Cp4.1LG01g09080	Protein DETOXIFICATION
4473872	4476141	Cp4.1LG01g09070	homeobox-leucine zipper protein ATHB-6-like
4483459	4484055	Cp4.1LG01g09100	Unknown protein
4484246	4490504	Cp4.1LG01g08990	ATP-dependent RNA helicase DEAH12
4491730	4495269	Cp4.1LG01g09110	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase
4499075	4500318	Cp4.1LG01g09140	transcription factor bHLH94-like isoform X1



4500640	4501921	Cp4.1LG01g09150	Pentatricopeptide repeat-containing protein
4505674	4507837	Cp4.1LG01g09020	homeobox-leucine zipper protein HAT22-like
4514361	4515883	Cp4.1LG01g09050	Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase
4519239	4520777	Cp4.1LG01g09090	Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase
4521386	4524027	Cp4.1LG01g09060	cytochrome c oxidase subunit 6a, mitochondrial-like
4525460	4528859	Cp4.1LG01g09030	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase HSL2
4534144	4534422	Cp4.1LG01g08940	GDP-L-galactose phosphorylase 1-like
4536449	4562554	Cp4.1LG01g08960	L-type lectin-domain containing receptor kinase IX.1-like
4548293	4554005	Cp4.1LG01g08930	Unknown protein
4566550	4570362	Cp4.1LG01g08970	Rhamnogalacturonan endolyase
4574291	4575355	Cp4.1LG01g08950	dof zinc finger protein DOF5.7
4578705	4584031	Cp4.1LG01g08870	Cytochrome C1 family
4584747	4588672	Cp4.1LG01g08980	protein NETWORKED 2D-like
4588880	4590573	Cp4.1LG01g08900	AP2-like ethylene-responsive transcription factor AIL6
4591876	4593352	Cp4.1LG01g08880	AP2-like ethylene-responsive transcription factor AIL6
4600625	4609287	Cp4.1LG01g08910	nucleobase-ascorbate transporter 11
4610990	4614211	Cp4.1LG01g08890	receptor-like cytosolic serine/threonine-protein kinase RBK1
4615478	4620162	Cp4.1LG01g08920	1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase
4651520	4653108	Cp4.1LG01g08810	Very-long-chain (3R)-3-hydroxyacyl-CoA dehydratase
4661723	4667135	Cp4.1LG01g08820	SNARE associated Golgi protein family
4666569	4670167	Cp4.1LG01g08790	Endoglucanase
4671034	4675278	Cp4.1LG01g08770	Ferric reduction oxidase 7
4677585	4680423	Cp4.1LG01g08760	Cinnamoyl-CoA reductase
4683166	4685212	Cp4.1LG01g08750	NAC domain-containing protein



4692287	4699950	Cp4.1LG01g08780	NYN_YacP domain-containing protein
4703440	4703889	Cp4.1LG01g08860	PHD finger protein ALFIN-LIKE 7
4705255	4709774	Cp4.1LG01g08840	PHD finger protein ALFIN-LIKE 7
4711575	4716742	Cp4.1LG01g08830	DNA_pol3_gamma3 domain-containing protein
4718064	4724043	Cp4.1LG01g08850	Methionine S-methyltransferase
4721501	4725881	Cp4.1LG01g08800	Unknown protein
4747699	4753427	Cp4.1LG01g08700	protein root UVB sensitive 6
4755596	4783936	Cp4.1LG01g08740	cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1-like
4785383	4789333	Cp4.1LG01g08690	protein NRT1/ PTR FAMILY 4.3-like
4797320	4805203	Cp4.1LG01g08670	Chloride channel protein
4812316	4815465	Cp4.1LG01g08720	Core-2/I-branching beta-1,6-N-acetylglucosaminyltransferase family protein
4816016	4817962	Cp4.1LG01g08660	Pentatricopeptide repeat
4818204	4821340	Cp4.1LG01g08730	COX assembly mitochondrial protein
4820522	4830662	Cp4.1LG01g08680	Plus3 domain-containing protein
4831621	4835123	Cp4.1LG01g08710	FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; INVOLVED IN: biological_process unknown; LOCATED IN: endomembrane system; EXPRESSED IN: 24 plant structures; EXPRESSED DURING: 15 growth stages;
4837950	4841307	Cp4.1LG01g08540	elongation factor 1-gamma-like
4842009	4845078	Cp4.1LG01g08610	Unknown protein
4845544	4849648	Cp4.1LG01g08500	KH domain-containing protein
4850601	4853130	Cp4.1LG01g08520	RAB GTPase 11C
4853770	4855581	Cp4.1LG01g08530	octicosapeptide/Phox/Bem1p (PB1) domain-containing protein
4856622	4857128	Cp4.1LG01g08460	Identified as a screen for stress-responsive genes.



4859072	4864427	Cp4.1LG01g08590	MACPF domain-containing protein
4863989	4868808	Cp4.1LG01g08510	Unknown protein
4869997	4873601	Cp4.1LG01g08490	Glycinamide ribonucleotide synthetase
4881690	4887554	Cp4.1LG01g08630	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein
4885948	4891625	Cp4.1LG01g08480	PAT complex subunit CCDC47
4892270	4893737	Cp4.1LG01g08580	Cytochrome c oxidase copper chaperone
4894334	4895649	Cp4.1LG01g08450	Metallothionein-like protein type 3
4897829	4899954	Cp4.1LG01g08560	RING-type domain-containing protein
4900819	4904875	Cp4.1LG01g08600	3-deoxy-manno-octulosonate cytidyltransferase
4906003	4908639	Cp4.1LG01g08570	thioredoxin-like
4910298	4911472	Cp4.1LG01g08550	Expansin
4912194	4914186	Cp4.1LG01g08640	Pentatricopeptide repeat-containing protein
4914794	4917914	Cp4.1LG01g08650	vicilin-like seed storage protein At2g18540
4919454	4921216	Cp4.1LG01g08470	Protein of unknown function (DUF1218)
4925988	4933491	Cp4.1LG01g08620	NAC domain-containing protein
4936337	4939015	Cp4.1LG01g08330	monodehydroascorbate reductase-like
4939634	4941361	Cp4.1LG01g08440	DUF4408 domain-containing protein
4941837	4945199	Cp4.1LG01g08270	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic
4945607	4949999	Cp4.1LG01g08410	Unknown protein
4949495	4949767	Cp4.1LG01g08280	Wound-responsive family protein
4957749	4960592	Cp4.1LG01g08380	calcium/calmodulin-regulated receptor-like kinase 1
4966261	4967968	Cp4.1LG01g08400	calcium uptake protein, mitochondrial-like
4968442	4969179	Cp4.1LG01g08390	organic cation/carnitine transporter 4
4970235	4973008	Cp4.1LG01g08370	calcium/calmodulin-regulated receptor-like kinase 1



4975619	4980488	Cp4.1LG01g08360	calcium uptake protein, mitochondrial-like
4984140	4985338	Cp4.1LG01g08300	Protein of unknown function, DUF538
4990193	4992279	Cp4.1LG01g08290	indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.6-like
4993215	4998785	Cp4.1LG01g08340	WD repeat-containing protein 25
5005140	5007045	Cp4.1LG01g08430	transcription factor bHLH123-like isoform X2
5010154	5012594	Cp4.1LG01g08320	NAD(P)H dehydrogenase (quinone)
5014963	5018021	Cp4.1LG01g08420	gibberellin 2-beta-dioxygenase 8-like
5018191	5021321	Cp4.1LG01g08310	Ribonuclease P
5022536	5023823	Cp4.1LG01g08260	Spindle pole body component protein
5024557	5037372	Cp4.1LG01g08350	Chorein_N domain-containing protein
5040392	5045565	Cp4.1LG01g08170	Hexosyltransferase
5041732	5048586	Cp4.1LG01g08120	Basic helix-loop-helix transcription factor
5049778	5050580	Cp4.1LG01g08070	2S albumin
5053424	5055018	Cp4.1LG01g08250	Thiamine thiazole synthase, chloroplastic
5055397	5057211	Cp4.1LG01g08240	COBRA-like protein 10
5058885	5059483	Cp4.1LG01g08200	Unknown protein
5063108	5066499	Cp4.1LG01g08210	Rab-GAP TBC domain-containing protein
5067740	5071489	Cp4.1LG01g08230	AT hook motif-containing protein
5072002	5079915	Cp4.1LG01g08110	polyadenylate-binding protein-interacting protein 4-like
5080642	5085439	Cp4.1LG01g08180	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 32
5085591	5085929	Cp4.1LG01g08090	Protein of unknown function (DUF3511)
5087017	5092234	Cp4.1LG01g08080	Vacuolar protein sorting-associated protein
5087384	5088340	Cp4.1LG01g08160	fatty acid desaturase 4, chloroplastic
5092876	5094950	Cp4.1LG01g08060	Pollen Ole e 1 allergen and extensin family protein



5097607	5100010	Cp4.1LG01g08220	Protein kinase domain-containing protein
5100250	5108477	Cp4.1LG01g08050	DNA polymerase I A, chloroplastic/mitochondrial-like
5109175	5112280	Cp4.1LG01g08190	AIR synthase
5112590	5114825	Cp4.1LG01g08130	1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase
5117718	5120024	Cp4.1LG01g08150	nuclear intron maturase 3, mitochondrial
5120449	5124357	Cp4.1LG01g08140	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 12
5125359	5128667	Cp4.1LG01g08100	reactive Intermediate Deaminase A, chloroplastic
5131024	5134554	Cp4.1LG01g08030	calcium-dependent protein kinase-like
5135743	5140454	Cp4.1LG01g07990	coiled-coil domain-containing protein 30-like
5141666	5141917	Cp4.1LG01g08040	DUF4228 domain protein
5142385	5146738	Cp4.1LG01g07900	Hexosyltransferase
5147747	5148797	Cp4.1LG01g07980	CASP-like protein
5149799	5151784	Cp4.1LG01g07910	transcription factor MYB97-like
5153580	5158904	Cp4.1LG01g08000	Methylenetetrahydrofolate reductase
5159423	5164395	Cp4.1LG01g07940	Protein STRUBBELIG-RECEPTOR FAMILY 5-like
5165836	5168489	Cp4.1LG01g08010	5'-deoxynucleotidase
5169306	5177682	Cp4.1LG01g07930	Phospholipid-transporting ATPase
5169648	5170079	Cp4.1LG01g07970	Protein kinase domain-containing protein
5177853	5195733	Cp4.1LG01g08020	Protein CHROMATIN REMODELING
5199600	5202183	Cp4.1LG01g07880	protein indeterminate-domain 5, chloroplastic-like isoform X1
5206489	5208772	Cp4.1LG01g07890	transcription factor bHLH111
5213180	5221410	Cp4.1LG01g07920	Sm domain-containing protein
5222481	5227897	Cp4.1LG01g07960	eukaryotic translation initiation factor 2 gamma subunit
5228160	5232416	Cp4.1LG01g07950	zinc finger CCCH domain-containing protein 17



5233097	5242476	Cp4.1LG01g07710	Tobamovirus multiplication 1 homolog
5243696	5246687	Cp4.1LG01g07840	phytosulfokine receptor 1
5246964	5247823	Cp4.1LG01g07730	MLP-like protein 328
5249000	5249462	Cp4.1LG01g07770	MLP-like protein 328
5254154	5260803	Cp4.1LG01g07720	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein
5257437	5259943	Cp4.1LG01g07860	Unknown protein
5263963	5264687	Cp4.1LG01g07750	MLP-like protein 328
5266793	5267508	Cp4.1LG01g07760	MLP-like protein 329
5269144	5269890	Cp4.1LG01g07740	MLP-like protein 329
5271688	5277464	Cp4.1LG01g07780	Leucine-rich repeat protein kinase family protein
5278368	5280625	Cp4.1LG01g07810	gibberellin 2-beta-dioxygenase 8-like
5282150	5303933	Cp4.1LG01g07830	ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein AGD4-like isoform X1
5304788	5305178	Cp4.1LG01g07700	Unknown protein
5306936	5309490	Cp4.1LG01g07800	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein, putative isoform 2
5310325	5316358	Cp4.1LG01g07850	anthranilate synthase beta subunit 1, chloroplastic-like
5321598	5321921	Cp4.1LG01g07790	CLAVATA3/ESR-RELATED 16
5324029	5326894	Cp4.1LG01g07870	Unknown protein
5329568	5332308	Cp4.1LG01g07820	Nudix hydrolase
5334482	5339681	Cp4.1LG01g07680	Mitogen-activated protein kinase
5341879	5346704	Cp4.1LG01g07660	subtilisin-like protease SBT4.14
5348097	5365741	Cp4.1LG01g07580	DNA helicase
5366876	5370716	Cp4.1LG01g07600	Annexin
5374541	5378168	Cp4.1LG01g07650	RING-type E3 ubiquitin transferase
5378725	5380044	Cp4.1LG01g07570	Encodes a protein whose expression is responsive to nematode infection, putative
5383045	5391608	Cp4.1LG01g07560	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase
5398240	5398613	Cp4.1LG01g07690	Unknown protein



5400962	5407735	Cp4.1LG01g07590	Quinolate phosphoribosyltransferase [decarboxylating]
5408312	5409403	Cp4.1LG01g07610	SGL domain-containing protein
5414134	5414511	Cp4.1LG01g07630	myb-related transcription factor, partner of profilin-like
5414405	5419686	Cp4.1LG01g07550	protein WVD2-like 7
5424453	5425280	Cp4.1LG01g07670	Myb/SANT-like DNA-binding domain protein
5426027	5427307	Cp4.1LG01g07620	Unknown protein
5427802	5429893	Cp4.1LG01g07640	Unknown protein
5432115	5435506	Cp4.1LG01g07510	Auxin efflux carrier component
5439461	5440000	Cp4.1LG01g07430	Protein of unknown function, DUF538
5442119	5447675	Cp4.1LG01g07530	30S ribosomal protein S17, chloroplastic
5448563	5453377	Cp4.1LG01g07540	Protein of unknown function DUF2359, transmembrane
5470474	5475919	Cp4.1LG01g07440	Cysteine-rich receptor-like protein kinase 10
5478751	5487613	Cp4.1LG01g07470	ENTH domain-containing protein
5490383	5494404	Cp4.1LG01g07500	(1->3)-beta-glucan endohydrolase
5498784	5501874	Cp4.1LG01g07520	protein TIFY 6B-like isoform X1
5506593	5506985	Cp4.1LG01g07420	Endoplasmic reticulum transmembrane protein
5509206	5513658	Cp4.1LG01g07460	cysteine-rich repeat secretory protein 12-like
5515405	5519927	Cp4.1LG01g07450	ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1B-like
5520685	5521248	Cp4.1LG01g07490	Polcalcine Jun o
5522406	5539120	Cp4.1LG01g07480	protein VAC14 homolog
5541751	5552934	Cp4.1LG01g07300	nuclear pore complex protein NUP155
5553388	5556662	Cp4.1LG01g07250	ARM repeat superfamily protein
5557372	5560280	Cp4.1LG01g07280	Integrator complex subunit 7
5561632	5565636	Cp4.1LG01g07380	UDP-3-O-acyl-N-acetylglucosamine deacetylase
5570116	5575758	Cp4.1LG01g07290	microtubule-associated protein 70-1-like



5578075	5578566	Cp4.1LG01g07390	S-protein homolog
5579884	5580357	Cp4.1LG01g07400	S-protein homolog
5581744	5582490	Cp4.1LG01g07410	S-protein homolog
5584119	5587390	Cp4.1LG01g07260	adagio protein 3-like
5588761	5590441	Cp4.1LG01g07270	Unknown protein
5591698	5594772	Cp4.1LG01g07370	CRAL-TRIO domain-containing protein
5595367	5598937	Cp4.1LG01g07330	Aspartate-semialdehyde dehydrogenase
5601525	5603143	Cp4.1LG01g07360	RING-type E3 ubiquitin transferase
5605231	5612010	Cp4.1LG01g07310	Tryptophanyl-tRNA synthetase
5612035	5617300	Cp4.1LG01g07350	B box-type domain-containing protein
5618065	5622024	Cp4.1LG01g07320	B-like cyclin
5627484	5631457	Cp4.1LG01g07340	alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase [UDP-forming] 6-like
5632574	5636354	Cp4.1LG01g07180	heat stress transcription factor A-8-like
5634810	5638150	Cp4.1LG01g07100	vacuolar iron transporter 1
5638953	5646282	Cp4.1LG01g07160	vacuolar fusion protein CCZ1 homolog B-like isoform X2
5649614	5651962	Cp4.1LG01g07200	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein, putative
5655200	5661492	Cp4.1LG01g07120	Microtubule-associated protein futsch-like
5663645	5671093	Cp4.1LG01g07220	cytochrome P450 714A1-like
5668922	5675515	Cp4.1LG01g07150	RING finger and transmembrane domain-containing protein 2-like
5676112	5683275	Cp4.1LG01g07130	Hydroxyacylglutathione hydrolase
5682436	5689303	Cp4.1LG01g07210	ABC1 domain-containing protein
5690736	5695350	Cp4.1LG01g07110	Rhodanese domain-containing protein
5699292	5700637	Cp4.1LG01g07170	WRKY protein
5702333	5705484	Cp4.1LG01g07230	transmembrane protein 87A-like
5707041	5711868	Cp4.1LG01g07190	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein



5713166	5716161	Cp4.1LG01g07240	U-box domain-containing protein 62-like
5715531	5719789	Cp4.1LG01g07140	Cation-transporting ATPase
5727882	5734870	Cp4.1LG01g11980	Histidine kinase
5734949	5751321	Cp4.1LG01g11810	calmodulin-binding transcription activator 4
5752699	5755298	Cp4.1LG01g11830	Unknown protein
5752913	5753125	Cp4.1LG01g11910	Protein of unknown function (DUF 3339)
5779955	5780705	Cp4.1LG01g11900	MADS-box transcription factor
5782719	5785746	Cp4.1LG01g11860	agamous-like MADS-box protein AGL9 homolog
5787938	5789740	Cp4.1LG01g11890	Squamosa promoter-binding-like protein 16
5791217	5801354	Cp4.1LG01g11880	Protein of unknown function (DUF1664)
5801508	5803931	Cp4.1LG01g11930	Fcf2 domain-containing protein
5804277	5808446	Cp4.1LG01g11780	protein LAZY 1-like
5809234	5813773	Cp4.1LG01g11960	proton pump-interactor BIP131-like isoform X1
5814396	5815148	Cp4.1LG01g11840	Unknown protein
5818048	5819055	Cp4.1LG01g11870	Unknown protein
5820767	5821070	Cp4.1LG01g11920	Unknown protein
5821737	5822789	Cp4.1LG01g12000	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 8-like
5824075	5824449	Cp4.1LG01g12010	transcription factor TCP20-like
5827855	5831925	Cp4.1LG01g11940	ACT domain-containing protein ACR4-like
5830956	5835729	Cp4.1LG01g11790	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
5836218	5845141	Cp4.1LG01g11800	GYF domain-containing protein
5846847	5847389	Cp4.1LG01g11770	auxin-responsive protein SAUR36-like
5849839	5853673	Cp4.1LG01g11760	Pollen Ole e 1 allergen and extensin family protein
5849839	5851183	Cp4.1LG01g12020	Unknown protein
5854659	5858070	Cp4.1LG01g11950	Chalcone-flavonone isomerase family protein
5858476	5862998	Cp4.1LG01g11990	bZIP transcription factor 18-like
5865470	5880348	Cp4.1LG01g11970	Expansin



5876719	5882881	Cp4.1LG01g11850	tRNA (guanine(26)-N(2))-dimethyltransferase
5883346	5888480	Cp4.1LG01g11820	Alpha-galactosidase
5889757	5889990	Cp4.1LG01g11630	Unknown protein
5894275	5902037	Cp4.1LG01g11670	Potassium transporter
5905241	5908724	Cp4.1LG01g11660	protein NRT1/ PTR FAMILY 5.1-like
5909954	5911204	Cp4.1LG01g11560	LOB domain-containing protein
5913856	5916893	Cp4.1LG01g11720	5-amino-6-(5-phospho-D-ribitylamino)uracil phosphatase, chloroplastic
5917188	5924545	Cp4.1LG01g11700	Uroporphyrinogen decarboxylase
5923140	5928637	Cp4.1LG01g11550	ADP,ATP carrier protein
5929509	5933527	Cp4.1LG01g11540	S1-like domain-containing protein
5933422	5937710	Cp4.1LG01g11690	Ribosome biogenesis protein NOP53
5938150	5948170	Cp4.1LG01g11710	Unknown protein
5949329	5952268	Cp4.1LG01g11590	Amino acid transporter
5954110	5957297	Cp4.1LG01g11600	Amino acid transporter
5959401	5963918	Cp4.1LG01g11650	alpha-soluble NSF attachment protein 2-like
5964703	5967304	Cp4.1LG01g11640	Peptide chain release factor 1 like
5968139	5971549	Cp4.1LG01g11730	cation/H(+) antiporter 15-like
5972367	5972621	Cp4.1LG01g11620	Neuronal PAS domain protein
5973688	5975414	Cp4.1LG01g11570	Neuronal PAS domain-containing protein 4
5976353	5976988	Cp4.1LG01g11740	PRA1 family protein
5977036	5979477	Cp4.1LG01g11750	Unknown protein
5980111	5983459	Cp4.1LG01g11680	Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase IMK2
5982816	5988590	Cp4.1LG01g11580	sorting nexin 2B-like
5989026	5993699	Cp4.1LG01g11610	Origin of replication complex subunit 4
5999324	6000001	Cp4.1LG01g11450	abscisic acid receptor PYL4-like
6003528	6007003	Cp4.1LG01g11430	protein trichome birefringence-like 33



6007812	6016176	Cp4.1LG01g11410	FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; LOCATED IN: endomembrane system; EXPRESSED IN: 22 plant structures; EXPRESSED DURING: 13 growth stages;
6017269	6028681	Cp4.1LG01g11490	Mannosyl-glycoprotein endo- beta-N-acetylglucosaminidase
6030198	6034896	Cp4.1LG01g11500	Formylglycinamide ribonucleotide amidotransferase
6038761	6039759	Cp4.1LG01g11400	LOB domain-containing protein
6047768	6050325	Cp4.1LG01g11470	Ferritin
6051648	6054240	Cp4.1LG01g11440	40S ribosomal protein S4
6054491	6061666	Cp4.1LG01g11520	multiple inositol polyphosphate phosphatase 1-like isoform X1
6062702	6066580	Cp4.1LG01g11480	eukaryotic translation initiation factor 2 subunit alpha homolog
6067527	6070842	Cp4.1LG01g11530	S-adenosyl-L-methionine- dependent methyltransferases superfamily protein
6072124	6077345	Cp4.1LG01g11510	sister chromatid cohesion 1 protein 1
6080536	6081246	Cp4.1LG01g11460	Glutaredoxin
6082343	6084066	Cp4.1LG01g11420	Protein-serine/threonine phosphatase
6087006	6099540	Cp4.1LG01g11330	Lethal(2) giant larvae protein- like protein SRO77 isoform X2
6102309	6105070	Cp4.1LG01g11360	Omega-3 fatty acid desaturase
6105189	6107868	Cp4.1LG01g11300	Phosphoribosylanthranilate isomerase
6109429	6111489	Cp4.1LG01g11260	zinc finger CCCH domain- containing protein 29-like
6119651	6121977	Cp4.1LG01g11380	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein
6124823	6125825	Cp4.1LG01g11310	Unknown protein
6128234	6135451	Cp4.1LG01g11270	PHD finger protein ALFIN- LIKE 2-like
6135923	6139079	Cp4.1LG01g11340	CTD small phosphatase-like protein



6143192	6145480	Cp4.1LG01g11390	Protein kinase domain-containing protein
6146704	6150754	Cp4.1LG01g11250	Phosphoinositide phospholipase C
6152011	6155778	Cp4.1LG01g11370	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
6154760	6155538	Cp4.1LG01g11280	protein EARLY FLOWERING 4-like
6157732	6162821	Cp4.1LG01g11240	GDSL esterase/lipase CPRD49-like
6167111	6168951	Cp4.1LG01g11320	MENTAL domain-containing protein
6169943	6174772	Cp4.1LG01g11350	nuclear pore complex protein NUP88-like
6174460	6179275	Cp4.1LG01g11290	Cytochrome P450
6184131	6185741	Cp4.1LG01g11180	Protein yippee-like
6186927	6189761	Cp4.1LG01g11060	t-SNARE coiled-coil homology domain-containing protein
6189899	6192334	Cp4.1LG01g11130	60S acidic ribosomal protein P0
6192443	6194646	Cp4.1LG01g11040	glycosyltransferase family 64 protein C4
6196921	6198443	Cp4.1LG01g11190	plasma membrane intrinsic protein 1;4
6199962	6201214	Cp4.1LG01g11050	Plasma intrinsic protein 1-1
6202540	6203955	Cp4.1LG01g11200	plasma membrane intrinsic protein 1;4
6205178	6209911	Cp4.1LG01g11210	peroxisomal nicotinamide adenine dinucleotide carrier
6209981	6211912	Cp4.1LG01g11220	Microsomal signal peptidase 25 kDa subunit (SPC25)
6219123	6223158	Cp4.1LG01g11110	coronatine-insensitive protein 1
6225349	6226996	Cp4.1LG01g11020	transcription factor DIVARICATA-like
6231763	6235064	Cp4.1LG01g11070	sedoheptulose-1,7-bisphosphatase, chloroplastic
6235460	6239698	Cp4.1LG01g11160	Adenylosuccinate lyase
6240142	6242508	Cp4.1LG01g11120	HAD superfamily, subfamily IIIB acid phosphatase
6242955	6249135	Cp4.1LG01g11080	Glucan endo-1,3-beta-D-glucosidase
6248709	6251361	Cp4.1LG01g11140	GATA type zinc finger transcription factor family protein



6251983	6255405	Cp4.1LG01g11030	Nucleotide-sugar transporter family protein
6255030	6255224	Cp4.1LG01g11170	Unknown protein
6257176	6259068	Cp4.1LG01g11100	60S ribosomal protein L35a-1
6259438	6276722	Cp4.1LG01g11230	17.8 kDa class I heat shock protein-like
6277674	6279510	Cp4.1LG01g11090	Glycosyltransferase
6280117	6286051	Cp4.1LG01g11150	Glycosyltransferase
6282627	6286051	Cp4.1LG01g11010	WAS/WASL-interacting protein family member 2, putative isoform 1
6290743	6293609	Cp4.1LG01g10880	cucumisin-like
6297757	6303780	Cp4.1LG01g10970	cucumisin-like
6304006	6304524	Cp4.1LG01g11000	cucumisin-like
6304861	6321706	Cp4.1LG01g10900	Cucumisin-like
6321894	6327363	Cp4.1LG01g10960	Mitochondrial substrate carrier family protein
6328040	6331838	Cp4.1LG01g10890	protein DA1-related 2-like isoform X2
6335896	6338580	Cp4.1LG01g10930	Serine/threonine-protein phosphatase
6341858	6346681	Cp4.1LG01g10990	ultraviolet-B receptor UVR8-like isoform X2
6346976	6352689	Cp4.1LG01g10980	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein
6351289	6354953	Cp4.1LG01g10910	Tropinone reductase-like protein
6357760	6363538	Cp4.1LG01g10950	ARF guanine-nucleotide exchange factor GNOM-like
6366461	6367258	Cp4.1LG01g10920	AT-hook motif nuclear-localized protein
6370029	6370760	Cp4.1LG01g10860	LOB domain-containing protein
6373690	6376841	Cp4.1LG01g10940	ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase, chloroplastic
6374843	6381616	Cp4.1LG01g10870	pumilio homolog 1-like
6387723	6389313	Cp4.1LG01g10800	glycerol-3-phosphate acyltransferase 5-like
6390878	6392029	Cp4.1LG01g10790	RING-type E3 ubiquitin transferase
6396572	6396835	Cp4.1LG01g10710	DEVIL-like protein



6403428	6409891	Cp4.1LG01g10820	Actin-related protein 5
6408102	6411975	Cp4.1LG01g10770	telomere repeat-binding protein 4-like isoform X1
6418949	6420450	Cp4.1LG01g10840	Expansin
6423545	6430647	Cp4.1LG01g10750	AP-3 complex subunit beta
6431321	6436400	Cp4.1LG01g10830	protein INVOLVED IN DE NOVO 2-like
6436885	6441624	Cp4.1LG01g10760	Ras-related protein like
6442428	6465590	Cp4.1LG01g10740	Unknown protein
6467681	6469659	Cp4.1LG01g10720	CASP-like protein
6468863	6469499	Cp4.1LG01g10850	Unknown protein
6475077	6477000	Cp4.1LG01g10780	dof zinc finger protein DOF2.4-like
6478315	6481030	Cp4.1LG01g10810	Actin
6481716	6486164	Cp4.1LG01g10730	Dolichyl-phosphate beta-glucosyltransferase
6487867	6488580	Cp4.1LG01g10550	Unknown protein
6490252	6492973	Cp4.1LG01g10600	(1->3)-beta-glucan endohydrolase
6494623	6498812	Cp4.1LG01g10660	Elp3 domain-containing protein
6499285	6503819	Cp4.1LG01g10630	serine/arginine-rich SC35-like splicing factor SCL30
6504796	6511194	Cp4.1LG01g10640	Oxoglutarate dehydrogenase (succinyl-transferring)
6513013	6523408	Cp4.1LG01g10680	WAT1-related protein
6521592	6527535	Cp4.1LG01g10540	TDBD domain-containing protein
6530157	6532459	Cp4.1LG01g10690	zinc finger protein ZAT12-like
6538968	6542897	Cp4.1LG01g10530	protein ALP1-like
6544125	6549373	Cp4.1LG01g10580	protein gar2
6550917	6553752	Cp4.1LG01g10560	50S ribosomal protein L23, chloroplastic
6555384	6560109	Cp4.1LG01g10700	Protein of unknown function (DUF674)
6560631	6565492	Cp4.1LG01g10590	protein-tyrosine-phosphatase MKP1-like isoform X2
6569622	6574943	Cp4.1LG01g10670	metal tolerance protein 11-like isoform X1
6578686	6579939	Cp4.1LG01g10650	Plant protein 1589 of unknown function
6580517	6583972	Cp4.1LG01g10570	glutathione S-transferase DHAR2-like



6584970	6586729	Cp4.1LG01g10610	Dirigent protein
6587969	6588727	Cp4.1LG01g10620	Dirigent protein
6589265	6594164	Cp4.1LG01g10460	splicing factor 3B subunit 3-like
6594732	6596492	Cp4.1LG01g10480	60S ribosomal protein L35
6597741	6599528	Cp4.1LG01g10400	Exocyst subunit Exo70 family protein
6611825	6614252	Cp4.1LG01g10420	UPF0769 protein C21orf59 homolog
6616944	6617993	Cp4.1LG01g10390	Membrane-associated kinase regulator 4
6621315	6635540	Cp4.1LG01g10450	protein MLP1 homolog
6640308	6648785	Cp4.1LG01g10490	protein RDM16-like isoform X1
6649237	6658312	Cp4.1LG01g10440	SAC3 family protein A-like isoform X1
6658894	6662652	Cp4.1LG01g10500	Serine/arginine-rich splicing factor RS2Z32-like isoform X1
6663131	6668253	Cp4.1LG01g10410	macrophage erythroblast attacher
6669480	6671261	Cp4.1LG01g10470	Rho-associated protein kinase 1
6672694	6677833	Cp4.1LG01g10430	CN hydrolase domain-containing protein
6676303	6680470	Cp4.1LG01g10510	Protein-serine/threonine phosphatase
6681447	6685115	Cp4.1LG01g10520	protein IN2-1 homolog B
6685705	6688711	Cp4.1LG01g10270	CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase 2
6690439	6704270	Cp4.1LG01g10330	Rab-GAP TBC domain-containing protein
6706468	6710911	Cp4.1LG01g10350	Protein kinase domain-containing protein
6711393	6715976	Cp4.1LG01g10340	elongator complex protein 6
6716769	6722074	Cp4.1LG01g10300	Zinc finger CCCH domain-containing protein
6736665	6739575	Cp4.1LG01g10310	ethylene-responsive transcription factor RAP2-7-like
6740878	6754496	Cp4.1LG01g10380	DUF155 domain-containing protein
6757705	6760111	Cp4.1LG01g10290	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein



6761708	6768741	Cp4.1LG01g10280	PWWP domain-containing protein
6773070	6774058	Cp4.1LG01g10320	LOB domain-containing protein
6777187	6781169	Cp4.1LG01g10260	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase
6781339	6786679	Cp4.1LG01g10370	glycosyltransferase-like KOBITO 1
6788945	6794615	Cp4.1LG01g10110	Unknown protein
6790241	6791646	Cp4.1LG01g10360	Cytokinin dehydrogenase
6795572	6800011	Cp4.1LG01g10100	zinc finger CCCH domain-containing protein 53-like isoform X2
6805751	6807505	Cp4.1LG01g10090	DUF4283 domain-containing protein
6808506	6811789	Cp4.1LG01g10120	Ferric reduction oxidase
6824824	6827107	Cp4.1LG01g10150	nicotinamidase 2
6826820	6828667	Cp4.1LG01g10230	Thioredoxin-like protein YLS8
6829239	6831053	Cp4.1LG01g10130	J domain-containing protein
6832160	6834310	Cp4.1LG01g10180	BTB/POZ domain protein
6835037	6841508	Cp4.1LG01g10200	E3 ubiquitin ligase BIG BROTHER-related
6847350	6848102	Cp4.1LG01g10190	TCP family transcription factor
6849889	6853201	Cp4.1LG01g10250	Pentatricopeptide repeat-containing protein
6860892	6873032	Cp4.1LG01g10240	myosin-1
6873604	6877544	Cp4.1LG01g10210	FAD synthase
6878436	6880889	Cp4.1LG01g10170	F-box/LRR-repeat protein 20
6881104	6882166	Cp4.1LG01g10160	GRAM domain-containing protein
6883685	6896548	Cp4.1LG01g10140	GEM-like protein 4
6887166	6888544	Cp4.1LG01g10220	GEM-like protein 4
6897924	6901650	Cp4.1LG01g09980	transcription factor SRM1-like
6901877	6905154	Cp4.1LG01g10070	reticulocalbin-2-like isoform X1
6907312	6909008	Cp4.1LG01g10060	Aspartyl protease family protein
6913064	6914782	Cp4.1LG01g09960	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein
6919461	6925752	Cp4.1LG01g10000	Prolyl endopeptidase
6926964	6932094	Cp4.1LG01g10030	Serine/threonine-protein phosphatase



6933428	6937236	Cp4.1LG01g10080	Protein of unknown function (DUF3531)
6938030	6945070	Cp4.1LG01g10040	Katanin p80 WD40 repeat-containing subunit B1 homolog
6951196	6951729	Cp4.1LG01g09950	ferredoxin-thioredoxin reductase, variable chain
6952401	6958812	Cp4.1LG01g09970	sphingoid long-chain bases kinase 1-like
6959777	6963318	Cp4.1LG01g10010	RING-type domain-containing protein
6963757	6968082	Cp4.1LG01g09990	Pentatricopeptide repeat-containing protein
6968667	6975767	Cp4.1LG01g10020	SAC3 family protein C
6976481	6980631	Cp4.1LG01g10050	Gag-Pol polyprotein/retrotransposon
6982805	6990137	Cp4.1LG01g09870	serine/threonine-protein kinase CDG1 isoform X2
6990860	6992117	Cp4.1LG01g09940	Transcription termination factor MTERF5
6994065	6995309	Cp4.1LG01g09930	Transcription termination factor MTERF5
6999411	7000325	Cp4.1LG01g09830	zinc finger protein GIS-like
7001663	7006622	Cp4.1LG01g09910	mediator of RNA polymerase II transcription subunit 15a-like

Genes encontrados en la región genómica del cromosoma 10 para la cuantía en tricomas para en *C. pepo*.

P INICIAL	P FINAL	GEN ID	FUNCIÓN FINAL
1007566	1012030	Cp4.1LG10g05170	Auxin response factor
1012546	1015894	Cp4.1LG10g05200	MLO-like protein
1017056	1017469	Cp4.1LG10g05270	Glutaredoxin
1017968	1026844	Cp4.1LG10g05190	Guanylate-binding protein
1024214	1029773	Cp4.1LG10g05110	NAC domain-containing protein 10-like
1029944	1030969	Cp4.1LG10g05100	Protein kinase domain-containing protein
1032082	1032420	Cp4.1LG10g05130	receptor-like protein kinase HSL1
1036450	1037088	Cp4.1LG10g05280	Protein of unknown function (DUF679)



1037390	1054910	Cp4.1LG10g05210	homeobox-DDT domain protein RLT1-like
1052646	1056660	Cp4.1LG10g05090	dnaJ protein homolog 1-like
1056040	1056537	Cp4.1LG10g05140	Glycogen phosphorylase 1-like
1057769	1058689	Cp4.1LG10g05180	protein E6-like
1061077	1062346	Cp4.1LG10g05240	protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 6, chloroplastic/mitochondrial-like isoform X2
1065931	1067512	Cp4.1LG10g05250	protein DEHYDRATION-INDUCED 19-like
1068862	1070999	Cp4.1LG10g05260	protein DEHYDRATION-INDUCED 19 homolog 4-like
1076653	1077054	Cp4.1LG10g05030	ethylene-responsive transcription factor 4-like
1078992	1083182	Cp4.1LG10g05040	auxin-repressed 12.5 kDa protein-like
1083390	1088914	Cp4.1LG10g04910	RING-type domain-containing protein
1089869	1091017	Cp4.1LG10g05060	fe(2+) transport protein 1-like
1091229	1101599	Cp4.1LG10g05020	glyoxysomal processing protease, glyoxysomal isoform X1
1104122	1105535	Cp4.1LG10g04940	dof zinc finger protein DOF1.4
1109915	1110496	Cp4.1LG10g05050	B3 domain-containing transcription factor LEC2
1113020	1115170	Cp4.1LG10g04980	30S ribosomal protein S5
1115416	1116003	Cp4.1LG10g04880	VQ motif-containing protein 4-like
1117121	1118386	Cp4.1LG10g04900	non-classical arabinogalactan protein 31-like
1119287	1122381	Cp4.1LG10g04960	serine/threonine-protein kinase HT1-like
1130257	1137141	Cp4.1LG10g04970	UBC core domain-containing protein
1138139	1147146	Cp4.1LG10g05000	DNA-directed RNA polymerase subunit beta
1149309	1149989	Cp4.1LG10g05010	E3 ubiquitin-protein ligase RMA1H1-like
1152138	1153110	Cp4.1LG10g04930	heat stress transcription factor B-2a-like
1153440	1156466	Cp4.1LG10g04890	monothiol glutaredoxin-S17-like



1156602	1163734	Cp4.1LG10g04990	RNA polymerase II transcription factor B subunit 2
1164920	1167395	Cp4.1LG10g04950	60S ribosomal protein L4
1168743	1172310	Cp4.1LG10g04920	interactor of constitutive active ROPs 2, chloroplastic-like
1173921	1175463	Cp4.1LG10g04700	mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM14-1-like
1176206	1179874	Cp4.1LG10g04720	protein IQ-DOMAIN 1-like
1182664	1183470	Cp4.1LG10g04800	Protamine P1 family protein
1185644	1186291	Cp4.1LG10g04840	Unknown protein
1188330	1189780	Cp4.1LG10g04830	cell number regulator 8-like
1192530	1194575	Cp4.1LG10g04730	Peroxidase
1195550	1201062	Cp4.1LG10g04820	dnaJ protein P58IPK homolog
1202501	1203235	Cp4.1LG10g04690	fasciclin-like arabinogalactan protein 11
1205495	1206256	Cp4.1LG10g04790	Methyltransf_11 domain-containing protein
1208138	1210477	Cp4.1LG10g04780	serine/threonine-protein kinase-like protein CCR1
1212635	1213724	Cp4.1LG10g04770	plasma membrane intrinsic protein 2
1214657	1221037	Cp4.1LG10g04810	Rab-GAP TBC domain-containing protein
1222454	1222798	Cp4.1LG10g04870	aquaporin PIP2-2-like
1222911	1223162	Cp4.1LG10g04860	plasma membrane intrinsic protein 2
1223766	1229506	Cp4.1LG10g04850	Aquaporin-like protein
1235107	1235607	Cp4.1LG10g04680	60S ribosomal protein L12-like
1236614	1240096	Cp4.1LG10g04710	CASP-like protein
1241922	1245385	Cp4.1LG10g04760	Auxin response factor
1255475	1258175	Cp4.1LG10g04750	Cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase
1262951	1265557	Cp4.1LG10g04740	cyclic nucleotide-gated channel 15
1270136	1281354	Cp4.1LG10g04620	ethylene-insensitive protein 2-like isoform X1
1299343	1303397	Cp4.1LG10g04640	Isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit, mitochondrial
1304762	1305133	Cp4.1LG10g04560	Auxin responsive SAUR protein
1310312	1310575	Cp4.1LG10g04610	Unknown protein



1311295	1318662	Cp4.1LG10g04590	HTH myb-type domain-containing protein
1319428	1336823	Cp4.1LG10g04570	Abc transporter g family member
1335386	1337222	Cp4.1LG10g04660	Unknown protein
1337759	1341993	Cp4.1LG10g04670	Protein kinase domain-containing protein
1343880	1350227	Cp4.1LG10g04650	RNA polymerase sigma factor sigF
1349301	1349543	Cp4.1LG10g04600	transcription factor TCP11-like
1351052	1356151	Cp4.1LG10g04630	RNA polymerase sigma factor
1359701	1365808	Cp4.1LG10g04550	cell division cycle 48
1367852	1370092	Cp4.1LG10g04580	Transcription initiation factor TFIID subunit 8
1370654	1372390	Cp4.1LG10g04530	thylakoid lumenal 15.0 kDa protein 2, chloroplastic-like
1372714	1373091	Cp4.1LG10g04390	SAUR-like auxin-responsive protein family
1375040	1376022	Cp4.1LG10g04420	Acylphosphatase
1380650	1382874	Cp4.1LG10g04410	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 6-like
1386841	1388013	Cp4.1LG10g04380	S-adenosylmethionine synthase
1389369	1401841	Cp4.1LG10g04450	protein PTST homolog 3, chloroplastic isoform X2
1403290	1404589	Cp4.1LG10g04510	GDSL esterase/lipase
1405466	1410714	Cp4.1LG10g04440	Histidine--tRNA ligase
1411571	1414779	Cp4.1LG10g04430	Carbonic anhydrase
1418792	1421906	Cp4.1LG10g04500	Pectate lyase
1422303	1427524	Cp4.1LG10g04370	Serine/threonine protein phosphatase 2A regulatory subunit
1431950	1433676	Cp4.1LG10g04400	aquaporin TIP1-1
1439542	1447051	Cp4.1LG10g04480	WD repeat-containing protein 3-like
1447670	1454351	Cp4.1LG10g04460	Gln-synt_C domain-containing protein
1455683	1459899	Cp4.1LG10g04470	Glutamine synthetase
1461913	1463634	Cp4.1LG10g04490	Expansin
1464537	1464845	Cp4.1LG10g04540	thaumatin-like protein 1b
1466562	1496357	Cp4.1LG10g04520	protein SHOOT GRAVITROPISM 6
1514548	1529836	Cp4.1LG10g04350	Threonine dehydratase



1530242	1531876	Cp4.1LG10g04360	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1534647	1536651	Cp4.1LG10g04320	Exostosin family protein
1540837	1543678	Cp4.1LG10g04330	Sulfite exporter TauE/SafE family protein
1544459	1546186	Cp4.1LG10g04340	60S ribosomal protein L24-like
1547782	1549261	Cp4.1LG10g04300	homeobox-leucine zipper protein ATHB-22-like
1554694	1557225	Cp4.1LG10g04310	homeobox-leucine zipper protein ATHB-22-like
1558667	1564687	Cp4.1LG10g04290	Pyruvate kinase family protein
1566533	1572057	Cp4.1LG10g04280	Lipid IV(A) 3-deoxy-D-manno-octulosonic acid transferase
1572195	1573574	Cp4.1LG10g04180	AT-hook motif nuclear-localized protein
1574683	1578799	Cp4.1LG10g04250	Phosphopyruvate hydratase
1579356	1582709	Cp4.1LG10g04230	splicing factor U2af small subunit B-like
1584095	1592118	Cp4.1LG10g04220	serine/threonine-protein kinase CTR1-like
1593038	1598092	Cp4.1LG10g04070	DUF4378 domain-containing protein
1593038	1596020	Cp4.1LG10g04240	Fructose-bisphosphate aldolase
1601017	1602393	Cp4.1LG10g04100	RAB6-interacting golgin
1603012	1609572	Cp4.1LG10g04140	pleiotropic drug resistance protein 2-like
1612550	1615042	Cp4.1LG10g04170	Protein BUD31-like protein
1615268	1619211	Cp4.1LG10g04130	serine/threonine-protein kinase D6PKL1-like
1620068	1621274	Cp4.1LG10g04090	60S acidic ribosomal protein P2-like
1622726	1626309	Cp4.1LG10g04260	IQ domain-containing protein IQM3-like
1627985	1629843	Cp4.1LG10g04200	GDSL esterase/lipase
1630025	1631350	Cp4.1LG10g04110	GDSL esterase/lipase
1634702	1641127	Cp4.1LG10g04150	transcription initiation factor TFIID subunit 12
1643495	1644013	Cp4.1LG10g04270	zinc finger A20 and AN1 domain-containing stress-associated protein 4
1646697	1649038	Cp4.1LG10g04190	Purple acid phosphatase



1650851	1652186	Cp4.1LG10g04120	protein TERMINAL FLOWER 1-like
1653099	1653743	Cp4.1LG10g04080	Germin-like protein
1657161	1658408	Cp4.1LG10g04160	F-box domain-containing protein
1661697	1666967	Cp4.1LG10g04210	Cell division protein ftsZ, putative
1670317	1671483	Cp4.1LG10g03900	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1674872	1675390	Cp4.1LG10g03980	Unknown protein
1677013	1680022	Cp4.1LG10g03940	1-(5-phosphoribosyl)-5-[(5-phosphoribosylamino)methylideneamino]imidazole-4-carboxamide isomerase, chloroplastic
1680291	1682631	Cp4.1LG10g03960	cytochrome b-c1 complex subunit 9-like
1683698	1684522	Cp4.1LG10g03870	Unknown protein
1688315	1694434	Cp4.1LG10g03910	Signal recognition particle protein
1694590	1697155	Cp4.1LG10g04050	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1696999	1698706	Cp4.1LG10g03880	Small nuclear ribonucleoprotein G
1700978	1703217	Cp4.1LG10g04060	Auxin responsive SAUR protein
1705154	1709641	Cp4.1LG10g03920	protein ORANGE-LIKE, chloroplastic-like
1710492	1716130	Cp4.1LG10g03930	sorting nexin 1-like
1719483	1721136	Cp4.1LG10g03990	NAC domain-containing protein
1722635	1725277	Cp4.1LG10g03950	vacuolar protein sorting-associated protein 55 homolog isoform X1
1725826	1740131	Cp4.1LG10g04010	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein
1740986	1741928	Cp4.1LG10g04020	Casparian strip membrane protein 1
1742978	1749725	Cp4.1LG10g04000	mRNA-decapping enzyme-like protein
1750402	1763045	Cp4.1LG10g04030	LETM1 domain-containing protein
1758300	1763655	Cp4.1LG10g03970	protein trichome birefringence-like 8
1764190	1768220	Cp4.1LG10g03890	IAA-amino acid hydrolase ILR1
1764535	1764889	Cp4.1LG10g04040	Pentatricopeptide repeat-like superfamily protein
1777068	1778455	Cp4.1LG10g03840	Protein GL2-INTERACTING REPRESSOR 1



1787835	1788566	Cp4.1LG10g03860	Transcription repressor
1792934	1793538	Cp4.1LG10g03760	Unknown protein
1793023	1793484	Cp4.1LG10g03690	Transcription repressor
1794370	1798820	Cp4.1LG10g03710	lipid droplet-associated hydrolase-like
1799493	1802165	Cp4.1LG10g03790	HVA22-like protein
1801587	1802072	Cp4.1LG10g03670	COPII coat assembly protein SEC16, putative
1803394	1809770	Cp4.1LG10g03730	transcription factor E2FA-like isoform X1
1809739	1814404	Cp4.1LG10g03830	NDR1/HIN1-like protein 3
1816273	1817120	Cp4.1LG10g03750	Unknown protein
1816909	1818303	Cp4.1LG10g03780	Eukaryotic aspartyl protease family protein
1820435	1820842	Cp4.1LG10g03810	Regulatory particle non-ATPase 10
1826990	1834499	Cp4.1LG10g03700	Exocyst subunit Exo70 family protein
1835692	1842538	Cp4.1LG10g03800	Ribosome biogenesis protein NSA2 homolog
1843894	1844409	Cp4.1LG10g03770	RING-H2 finger protein ATL70-like
1847124	1850081	Cp4.1LG10g03720	alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase alkB homolog 6
1851654	1855516	Cp4.1LG10g03680	Protein-lysine N-methyltransferase
1851869	1852624	Cp4.1LG10g03850	SAM domain-containing protein
1856020	1875161	Cp4.1LG10g03820	protein CHROMATIN REMODELING 24
1866040	1866387	Cp4.1LG10g03740	MuDRA-like transposase
1879334	1882763	Cp4.1LG10g03620	gibberellin 20 oxidase 2-like
1881249	1889050	Cp4.1LG10g03560	E3 ubiquitin-protein ligase RGLG3-like
1890413	1895122	Cp4.1LG10g03570	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein
1902391	1909634	Cp4.1LG10g03650	pentatricopeptide repeat-containing protein At2g21090-like isoform X2
1920825	1926660	Cp4.1LG10g03550	Histone deacetylase
1927179	1931638	Cp4.1LG10g03630	2-oxoisovalerate dehydrogenase subunit alpha 2, mitochondrial



1930773	1934303	Cp4.1LG10g03580	3'(2'),5'-bisphosphate nucleotidase
1934560	1934781	Cp4.1LG10g03600	3'(2'),5'-bisphosphate nucleotidase
1935691	1935912	Cp4.1LG10g03590	3'(2'),5'-bisphosphate nucleotidase
1936681	1941274	Cp4.1LG10g03640	SWIM-type domain-containing protein
1941409	1943009	Cp4.1LG10g03660	photosystem I reaction center subunit N, chloroplastic-like
1943662	1947182	Cp4.1LG10g03610	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit O, chloroplastic
1945120	1950066	Cp4.1LG10g03520	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 3-like
1953896	1962514	Cp4.1LG10g03530	NAC domain-containing protein
1963415	1973391	Cp4.1LG10g03540	phosphatidylinositol 4-kinase beta 1-like
1974620	1987610	Cp4.1LG10g03500	AAA domain-containing protein
1985903	1987732	Cp4.1LG10g03460	Aminotran_5 domain-containing protein
1987977	1988183	Cp4.1LG10g03480	Unknown protein
1991519	1992064	Cp4.1LG10g03490	cell wall / vacuolar inhibitor of fructosidase 2
1993033	1997462	Cp4.1LG10g03450	chromatin assembly factor 1 subunit FAS2 isoform X1
1998127	1999138	Cp4.1LG10g03410	transcription factor IND-like
2002055	2007938	Cp4.1LG10g03400	zinc finger CCCH domain-containing protein 38 isoform X2
2018858	2027538	Cp4.1LG10g03440	uridylate kinase
2037028	2038200	Cp4.1LG10g03430	RING-type E3 ubiquitin transferase
2045584	2045841	Cp4.1LG10g03510	Protein IDA-LIKE 2
2049807	2064296	Cp4.1LG10g03470	protein TONSOKU isoform X1
2065440	2069409	Cp4.1LG10g03420	autophagy-related protein 13b
2075728	2077723	Cp4.1LG10g03320	RING-type E3 ubiquitin transferase
2078847	2081893	Cp4.1LG10g03300	Actin
2083119	2086017	Cp4.1LG10g03390	WAT1-related protein
2086894	2087463	Cp4.1LG10g03280	Transmembrane protein
2088498	2089661	Cp4.1LG10g03290	pollen-specific leucine-rich repeat extensin-like protein 1



2089878	2091787	Cp4.1LG10g03270	WAT1-related protein
2095567	2098744	Cp4.1LG10g03250	TFIIS N-terminal domain-containing protein
2102974	2109609	Cp4.1LG10g03370	WD repeat domain-containing protein 83
2114592	2121034	Cp4.1LG10g03330	Cellulose synthase
2122441	2122836	Cp4.1LG10g03360	Unknown protein
2123545	2126466	Cp4.1LG10g03260	ribonuclease P protein subunit p25-like protein isoform X2
2126900	2134570	Cp4.1LG10g03240	RNA-binding protein 39-like isoform X1
2135533	2141601	Cp4.1LG10g03220	protein LIKE COV 2-like
2143160	2148454	Cp4.1LG10g03350	Ribonucleoside-diphosphate reductase
2149244	2155260	Cp4.1LG10g03310	Non-specific serine/threonine protein kinase
2157881	2159091	Cp4.1LG10g03380	ethylene-responsive transcription factor ABR1
2161434	2164951	Cp4.1LG10g03210	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 12 homolog B-like
2165357	2167723	Cp4.1LG10g03200	Encodes a root meristem growth factor, Belongs to a family of functionally redundant peptides that are secreted, putative
2168438	2172728	Cp4.1LG10g03230	Shikimate dehydrogenase
2173884	2179725	Cp4.1LG10g03340	crossover junction endonuclease EME1B-like isoform X1
2180221	2184452	Cp4.1LG10g03110	TSL-kinase interacting protein 1-like isoform X1
2185200	2192438	Cp4.1LG10g03180	UDP-rhamnose/UDP-galactose transporter 4-like
2199330	2202926	Cp4.1LG10g03170	systemin receptor SR160-like
2206612	2207614	Cp4.1LG10g03040	WRKY protein
2213262	2220350	Cp4.1LG10g03140	tRNA(His) guanylyltransferase
2217875	2221687	Cp4.1LG10g03100	ATP synthase 24 kDa subunit
2222210	2225070	Cp4.1LG10g03120	iron-sulfur assembly protein IscA, chloroplastic-like
2227895	2228260	Cp4.1LG10g03190	DNA-binding WRKY
2229585	2236395	Cp4.1LG10g03160	serine/threonine-protein kinase PBS1-like



2233922	2234185	Cp4.1LG10g03060	Heat shock protein 40
2235686	2237420	Cp4.1LG10g03030	Unknown protein
2243626	2244573	Cp4.1LG10g03130	Unknown protein
2244831	2249557	Cp4.1LG10g03080	ABC transporter F family member 5
2250579	2260385	Cp4.1LG10g03150	Shikimate kinase
2261205	2262851	Cp4.1LG10g03050	stress enhanced protein 2, chloroplastic-like
2263612	2265610	Cp4.1LG10g03070	Unknown protein
2266370	2278900	Cp4.1LG10g03090	E3 ubiquitin-protein ligase RKP isoform X1
2280354	2284450	Cp4.1LG10g02880	NEDD8-conjugating enzyme Ubc12-like
2286175	2287409	Cp4.1LG10g02960	Calcium uniporter protein
2288242	2289135	Cp4.1LG10g02830	elongation of fatty acids protein 3-like
2290159	2291448	Cp4.1LG10g02990	E3 ubiquitin-protein ligase RNF185-like
2295222	2296265	Cp4.1LG10g02950	Hexosyltransferase
2300194	2302798	Cp4.1LG10g02900	transcription termination factor MTERF5, chloroplastic
2303083	2306297	Cp4.1LG10g02930	Protein DA1-related 1-like
2311453	2315203	Cp4.1LG10g02970	BEL1-like homeodomain protein 2
2316311	2319566	Cp4.1LG10g02840	BTB/POZ domain-containing protein
2324571	2329751	Cp4.1LG10g02980	Protein of unknown function, DUF547
2332876	2333328	Cp4.1LG10g02820	HTH-type transcriptional regulator protein ptxE
2334639	2336564	Cp4.1LG10g02910	Unknown protein
2337999	2342117	Cp4.1LG10g02810	oxygen-evolving enhancer protein 1, chloroplastic
2342572	2345818	Cp4.1LG10g02870	BTB/POZ domain-containing protein
2344436	2346429	Cp4.1LG10g03010	Unknown protein
2350428	2357840	Cp4.1LG10g03000	Thioredoxin-like protein
2352376	2359770	Cp4.1LG10g02850	wall-associated receptor kinase-like 14
2364074	2384339	Cp4.1LG10g02890	SHR-BD domain-containing protein



2384810	2392053	Cp4.1LG10g02860	SHR-BD domain-containing protein
2393013	2394542	Cp4.1LG10g02940	Mitochondrial pyruvate carrier
2396097	2401153	Cp4.1LG10g02920	Nuclear ribonuclease Z
2396500	2397675	Cp4.1LG10g02730	Aldedh domain-containing protein
2401984	2404276	Cp4.1LG10g03020	Mitochondrial transcription termination factor family protein
2406349	2411710	Cp4.1LG10g02720	extra-large guanine nucleotide-binding protein 1-like
2410157	2415786	Cp4.1LG10g02670	B3 domain-containing transcription factor VRN1-like isoform X1
2417885	2420710	Cp4.1LG10g02650	Pyridoxal phosphate-dependent transferases superfamily protein
2423041	2430790	Cp4.1LG10g02790	cyclin-H1-1-like isoform X1
2431089	2431799	Cp4.1LG10g02710	dof zinc finger protein DOF3.4-like
2433056	2437432	Cp4.1LG10g02740	nuclear pore complex protein NUP58-like
2437900	2439500	Cp4.1LG10g02680	salicylic acid-binding protein 2-like
2440858	2442151	Cp4.1LG10g02690	AB hydrolase-1 domain-containing protein
2443318	2447322	Cp4.1LG10g02660	Autophagy-related protein 101
2452683	2453651	Cp4.1LG10g02700	dof zinc finger protein 2-like
2455441	2457305	Cp4.1LG10g02780	GLABRA2 expression modulator-like
2458306	2458689	Cp4.1LG10g02800	GRAM domain-containing protein
2459754	2463072	Cp4.1LG10g02750	Nbs- <i>lrr</i> resistance protein, putative
2465228	2468036	Cp4.1LG10g02760	transcription factor HHO5-like
2468263	2473412	Cp4.1LG10g02770	protein misato homolog 1 isoform X1
2474215	2481135	Cp4.1LG10g02640	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 5-like isoform X1
2482905	2484639	Cp4.1LG10g02630	Peroxidase
2484920	2488791	Cp4.1LG10g02560	Protein of unknown function, DUF547
2491276	2496861	Cp4.1LG10g02490	TMEM131_like domain-containing protein
2504450	2504716	Cp4.1LG10g02520	precursor of CEP7-like



2508882	2509184	Cp4.1LG10g02540	precursor of CEP3
2510430	2513447	Cp4.1LG10g02500	Sulfotransferase
2515011	2526020	Cp4.1LG10g02550	CLTH domain-containing protein
2526735	2531379	Cp4.1LG10g02570	B3 domain-containing protein
2531173	2543945	Cp4.1LG10g02590	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC103484772
2542434	2545150	Cp4.1LG10g02510	Heat shock transcription factor
2547491	2548804	Cp4.1LG10g02530	Protein of unknown function (DUF1685)
2550344	2551991	Cp4.1LG10g02600	SMI1_KNR4 domain-containing protein
2554229	2555793	Cp4.1LG10g02610	Remorin_C domain-containing protein
2554512	2565557	Cp4.1LG10g02580	Alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
2569386	2576052	Cp4.1LG10g02620	Protein kinase superfamily protein
2576118	2579652	Cp4.1LG10g02380	Protein kinase domain-containing protein
2580643	2583146	Cp4.1LG10g02370	Transcription factor SPATULA
2585207	2592315	Cp4.1LG10g02460	OTU domain-containing protein 3 isoform X1
2595462	2601117	Cp4.1LG10g02330	floral homeotic protein APETALA 2-like isoform X1
2602201	2602446	Cp4.1LG10g02400	AP2/ERF domain-containing protein
2605039	2614123	Cp4.1LG10g02360	Protein kinase domain-containing protein
2618206	2619978	Cp4.1LG10g02340	WRKY3
2621722	2627147	Cp4.1LG10g02470	Glycosyltransferases
2627482	2629601	Cp4.1LG10g02480	cysteine proteinase COT44-like
2629857	2634774	Cp4.1LG10g02390	Protein RER1
2629913	2632413	Cp4.1LG10g02450	Plant protein of unknown function (DUF247)
2635130	2639840	Cp4.1LG10g02420	small RNA degrading nuclease 3-like
2640877	2643351	Cp4.1LG10g02350	microtubule-associated protein RP/EB family member 1C-like
2649645	2650544	Cp4.1LG10g02440	transcription factor MYB44-like
2653593	2661424	Cp4.1LG10g02410	MRG domain-containing protein
2663257	2665746	Cp4.1LG10g02430	MRG domain-containing protein
2670303	2678149	Cp4.1LG10g02250	Cytochrome P450



2678445	2690990	Cp4.1LG10g02310	WD40 repeat-containing protein HOS15-like
2679368	2692918	Cp4.1LG10g02270	pentatricopeptide repeat-containing protein ELI1, chloroplastic
2693506	2694048	Cp4.1LG10g02280	zinc finger protein 7-like
2696637	2707961	Cp4.1LG10g02290	Auxin-responsive GH3 family protein
2711867	2713484	Cp4.1LG10g02190	lysine-rich arabinogalactan protein 18-like
2716040	2718992	Cp4.1LG10g02320	Unknown protein
2719682	2721709	Cp4.1LG10g02210	Unknown protein
2723972	2726263	Cp4.1LG10g02200	subtilisin-like protease SBT1.7
2731779	2745233	Cp4.1LG10g02300	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein
2742647	2750642	Cp4.1LG10g02230	molybdate-anion transporter-like
2750948	2753916	Cp4.1LG10g02260	Acyl-CoA-binding domain-containing protein 3
2755114	2763673	Cp4.1LG10g02220	ribonuclease III domain-containing protein RNC1, chloroplastic-like
2764316	2766614	Cp4.1LG10g02240	Plant protein of unknown function (DUF863)
2772231	2773938	Cp4.1LG10g02170	Peroxidase
2774827	2776158	Cp4.1LG10g02040	GRAS domain-containing protein
2781202	2790720	Cp4.1LG10g02060	Queuosine salvage protein
2782653	2788977	Cp4.1LG10g02160	Acetamidase/Formamidase family protein
2790815	2796549	Cp4.1LG10g02180	casein kinase II subunit alpha-like
2803720	2805977	Cp4.1LG10g02140	N-acetyltransferase domain-containing protein
2806995	2811630	Cp4.1LG10g02030	BTB/POZ domain-containing protein NPY4-like
2818858	2822491	Cp4.1LG10g02070	BTB/POZ and TAZ domain-containing protein 4
2826893	2828347	Cp4.1LG10g02020	protein SHORT-ROOT-like
2830884	2835221	Cp4.1LG10g02090	RING-type E3 ubiquitin transferase
2835926	2838366	Cp4.1LG10g02100	BTB/POZ domain-containing protein
2839291	2839731	Cp4.1LG10g02120	60S ribosomal protein L26



2842060	2853275	Cp4.1LG10g02150	Pentatricopeptide repeat-containing protein
2853798	2859512	Cp4.1LG10g02110	MYB transcription factor
2861316	2865487	Cp4.1LG10g02130	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 4, mitochondrial
2863758	2870145	Cp4.1LG10g02080	Amino-acid N-acetyltransferase
2870693	2872397	Cp4.1LG10g02050	Cyclin-D1-1-like
2872651	2877010	Cp4.1LG10g01980	heptahelical transmembrane protein 4-like
2877221	2880250	Cp4.1LG10g01860	RuvB-like helicase
2882925	2883419	Cp4.1LG10g01850	Uncharacterised conserved protein UCP031279
2886496	2886996	Cp4.1LG10g01930	VQ domain-containing protein
2891520	2896276	Cp4.1LG10g01940	BSD domain-containing protein
2894917	2898351	Cp4.1LG10g01880	ACT domain-containing protein ACR1-like
2899821	2900285	Cp4.1LG10g02010	protein PHLOEM PROTEIN 2-LIKE A10-like
2901281	2902480	Cp4.1LG10g01990	protein PHLOEM PROTEIN 2-LIKE A10-like
2904103	2904507	Cp4.1LG10g01890	Phytosulfokine-beta
2907424	2908071	Cp4.1LG10g01920	basic leucine zipper 8-like
2911162	2914504	Cp4.1LG10g01870	Growth-regulating factor
2922938	2926361	Cp4.1LG10g01960	AP2-like ethylene-responsive transcription factor ANT
2932584	2933396	Cp4.1LG10g01910	inactive LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase BIR2
2935388	2948464	Cp4.1LG10g01950	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase
2942879	2951471	Cp4.1LG10g01900	Unknown protein
2949031	2953256	Cp4.1LG10g02000	Unknown protein
2963038	2964676	Cp4.1LG10g01970	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase
2969451	2972648	Cp4.1LG10g01790	transcription factor MYB36-like
2974494	2981534	Cp4.1LG10g01690	Branched-chain-amino-acid aminotransferase
2982280	2991107	Cp4.1LG10g01700	protein CROWDED NUCLEI 4
2995591	2997426	Cp4.1LG10g01800	Homeobox-leucine zipper protein
2999852	3001472	Cp4.1LG10g01810	Epidermal patterning factor-like protein



3003588	3005667	Cp4.1LG10g01770	Cysteine desulfurase
3006200	3010144	Cp4.1LG10g01840	myb-like protein X isoform X2
3012102	3013244	Cp4.1LG10g01670	Agamous-like MADS-box protein AGL61-like isoform X1
3014740	3020791	Cp4.1LG10g01710	Tubulin alpha chain
3022552	3026002	Cp4.1LG10g01820	Malate dehydrogenase
3024430	3028968	Cp4.1LG10g01720	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein
3030735	3033799	Cp4.1LG10g01750	Phosphotransferase
3034203	3036034	Cp4.1LG10g01760	transcription factor bHLH19-like
3039860	3040767	Cp4.1LG10g01780	transcription factor bHLH25-like
3042569	3045028	Cp4.1LG10g01660	COMPASS-like H3K4 histone methylase component WDR5A
3045894	3051489	Cp4.1LG10g01730	Kinesin-like protein
3053583	3058243	Cp4.1LG10g01680	protein SPT2 homolog
3059096	3062599	Cp4.1LG10g01740	Phosphoenolpyruvate carboxykinase (ATP)
3064949	3069451	Cp4.1LG10g01830	Unknown protein
3077208	3078147	Cp4.1LG10g01610	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein
3080435	3082217	Cp4.1LG10g01520	transcription factor bHLH93
3085618	3089032	Cp4.1LG10g01620	Glycosyl hydrolase family protein
3089108	3094115	Cp4.1LG10g01550	Serine hydroxymethyltransferase
3096610	3098220	Cp4.1LG10g01570	MADS-box transcription factor 23-like
3101888	3105293	Cp4.1LG10g01650	Rhamnogalacturonan endolyase
3105169	3107566	Cp4.1LG10g01530	Alcohol dehydrogenase, putative
3110980	3111927	Cp4.1LG10g01600	dof zinc finger protein DOF5.7-like
3113643	3124959	Cp4.1LG10g01640	Methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase (CoA acylating)
3125138	3129266	Cp4.1LG10g01580	Protein SKIP34
3131942	3137508	Cp4.1LG10g01590	ATP binding protein
3133150	3141011	Cp4.1LG10g01540	O-fucosyltransferase family protein
3143335	3147402	Cp4.1LG10g01560	MADS-box protein SVP-like
3150454	3166702	Cp4.1LG10g01630	kinesin-like protein KIN-14A
3167490	3172496	Cp4.1LG10g01510	UPF0029 domain-containing protein
3174722	3175696	Cp4.1LG10g01430	mitochondrial uncoupling protein 5-like
3176081	3182271	Cp4.1LG10g01390	Unknown protein



3185468	3187954	Cp4.1LG10g01460	B-like cyclin
3189658	3190392	Cp4.1LG10g01350	zinc-finger homeodomain protein 1-like
3195708	3199941	Cp4.1LG10g01360	GLABRA2 expression modulator-like
3205208	3211333	Cp4.1LG10g01500	Protein DETOXIFICATION
3213533	3214225	Cp4.1LG10g01440	protein MIZU-KUSSEI 1-like
3215154	3221841	Cp4.1LG10g01380	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase
3223034	3225400	Cp4.1LG10g01470	homeobox-leucine zipper protein ATHB-6-like
3229641	3240047	Cp4.1LG10g01370	LMBR1 domain-containing protein 2 homolog A-like
3243959	3247117	Cp4.1LG10g01490	serine/threonine-protein kinase SAPK2-like
3248326	3255064	Cp4.1LG10g01480	tRNA (Cytosine(34)-C(5))-methyltransferase-like
3255429	3257379	Cp4.1LG10g01410	ras-related protein Rab11A
3256877	3259121	Cp4.1LG10g01420	Unknown protein
3257612	3260941	Cp4.1LG10g01400	Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase
3262591	3268007	Cp4.1LG10g01450	Transmembrane protein
3268928	3274489	Cp4.1LG10g01310	haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein At4g39970
3275083	3276959	Cp4.1LG10g01180	Alpha/beta hydrolase-1
3279160	3279357	Cp4.1LG10g01140	Prostatic spermine-binding protein
3284674	3285279	Cp4.1LG10g01260	transcription factor MYB41-like
3289803	3292991	Cp4.1LG10g01280	Ras-related protein
3293127	3296717	Cp4.1LG10g01270	CMP-sialic acid transporter 5-like
3297360	3302092	Cp4.1LG10g01300	Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing]
3300424	3304208	Cp4.1LG10g01240	DUF4057 domain-containing protein
3306161	3308964	Cp4.1LG10g01250	ARM-repeat/Tetratricopeptide repeat (TPR)-like protein
3312347	3314537	Cp4.1LG10g01220	Unknown protein
3315727	3318625	Cp4.1LG10g01200	MFS domain-containing protein
3319719	3322117	Cp4.1LG10g01130	VQ domain-containing protein



3325000	3328105	Cp4.1LG10g01330	protein SCO1 homolog 2, mitochondrial
3330052	3331080	Cp4.1LG10g01290	ethylene-responsive transcription factor ERF060-like
3334327	3337046	Cp4.1LG10g01150	Uncharacterised conserved protein (UCP030365)
3337520	3339489	Cp4.1LG10g01190	type I inositol polyphosphate 5-phosphatase 5-like
3341714	3344887	Cp4.1LG10g01230	Inositol-3-phosphate synthase
3345593	3347239	Cp4.1LG10g01170	protein NEN4-like
3348962	3351025	Cp4.1LG10g01320	L-ascorbate oxidase
3351368	3352316	Cp4.1LG10g01340	Peptidylprolyl isomerase
3353347	3354776	Cp4.1LG10g01120	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 23-like
3355516	3359331	Cp4.1LG10g01210	aspartic proteinase-like protein 1 isoform X1
3360182	3369412	Cp4.1LG10g01160	protein CELLULOSE SYNTHASE INTERACTIVE 1
3373191	3379821	Cp4.1LG10g01010	MICOS complex subunit MIC60 isoform X2
3382630	3382848	Cp4.1LG10g00980	Unknown protein
3386256	3388389	Cp4.1LG10g01110	E3 ubiquitin-protein ligase RHA2B-like
3388918	3389169	Cp4.1LG10g00970	Unknown protein
3390404	3395121	Cp4.1LG10g01000	RING-CH-type domain-containing protein
3399821	3407604	Cp4.1LG10g01060	Translation initiation factor IF-2, putative isoform 1
3406419	3408269	Cp4.1LG10g01040	Pentatricopeptide repeat-containing protein
3409853	3431005	Cp4.1LG10g01100	Cytochrome P450
3430881	3437314	Cp4.1LG10g00990	Protein kinase domain-containing protein
3438666	3450083	Cp4.1LG10g01050	protein ACTIVITY OF BC1 COMPLEX KINASE 8, chloroplastic-like
3452387	3455475	Cp4.1LG10g01070	protein CPR-5
3457736	3460519	Cp4.1LG10g01080	BES1/BZR1 homolog protein 2-like
3462622	3464825	Cp4.1LG10g01090	UDP-glycosyltransferase 72E2-like



3464534	3468453	Cp4.1LG10g01020	Glycerophosphodiester phosphodiesterase
3469372	3477541	Cp4.1LG10g01030	aminopeptidase P1
3479482	3481435	Cp4.1LG10g00750	NAD(P)H dehydrogenase (quinone)
3485883	3487549	Cp4.1LG10g00850	homeobox-leucine zipper protein ATHB-40-like
3488252	3491308	Cp4.1LG10g00840	serine/threonine-protein kinase STY17-like
3491811	3497548	Cp4.1LG10g00830	G-box-binding factor 1-like
3495694	3499394	Cp4.1LG10g00780	HVA22-like protein
3500010	3503096	Cp4.1LG10g00810	protein indeterminate-domain 2-like
3503812	3506385	Cp4.1LG10g00880	vicilin-like seed storage protein At2g18540
3504977	3509277	Cp4.1LG10g00790	protein indeterminate-domain 2-like
3514151	3515680	Cp4.1LG10g00860	60S ribosomal export protein NMD3
3516679	3520122	Cp4.1LG10g00820	Protein of unknown function (DUF1195)
3520549	3524924	Cp4.1LG10g00900	plant-specific TFIIB-related protein 1
3525186	3529995	Cp4.1LG10g00930	U1 small nuclear ribonucleoprotein 70 kDa-like
3534018	3537003	Cp4.1LG10g00870	GRAS transcription factor
3538638	3539430	Cp4.1LG10g00950	Late embryogenesis abundant protein
3540513	3541501	Cp4.1LG10g00940	Late embryogenesis abundant protein
3541760	3544780	Cp4.1LG10g00920	Unknown protein
3545984	3550465	Cp4.1LG10g00890	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein
3549572	3550405	Cp4.1LG10g00800	protein N-lysine methyltransferase METTL21A-like
3550743	3552923	Cp4.1LG10g00960	AP complex subunit sigma
3552269	3559012	Cp4.1LG10g00760	pyridine nucleotide-disulfide oxidoreductase domain-containing protein 2-like
3559196	3562768	Cp4.1LG10g00910	50S ribosomal protein L6, putative
3561766	3571500	Cp4.1LG10g00770	nucleolar protein 6



3576895	3578308	Cp4.1LG10g00610	GATA transcription factor 18-like
3578926	3579906	Cp4.1LG10g00640	DNA-3-methyladenine glycosylase 1-like
3583021	3583671	Cp4.1LG10g00650	zinc-finger homeodomain protein 6-like
3586627	3590913	Cp4.1LG10g00540	ATPase family AAA domain-containing protein 3
3591929	3594114	Cp4.1LG10g00600	Pentatricopeptide repeat-containing protein
3594324	3595699	Cp4.1LG10g00590	syntaxin-112
3596596	3600960	Cp4.1LG10g00570	transmembrane protein 53
3602473	3605832	Cp4.1LG10g00680	Inorganic diphosphatase
3607670	3614668	Cp4.1LG10g00690	auxilin-like protein 1
3615528	3619757	Cp4.1LG10g00620	Unknown protein
3620218	3625254	Cp4.1LG10g00660	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase
3623210	3627835	Cp4.1LG10g00530	lipid phosphate phosphatase epsilon 1, chloroplastic-like
3628701	3629417	Cp4.1LG10g00630	Unknown protein
3629748	3631957	Cp4.1LG10g00580	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein
3634408	3637699	Cp4.1LG10g00700	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein
3638761	3638993	Cp4.1LG10g00720	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 43-like
3641786	3651034	Cp4.1LG10g00740	UPF0261 protein
3646047	3648777	Cp4.1LG10g00560	Abscisic acid 8'-hydroxylase 1-like
3653965	3655404	Cp4.1LG10g00710	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
3655915	3658273	Cp4.1LG10g00730	thioredoxin domain-containing protein PLP3B-like
3658837	3663396	Cp4.1LG10g00670	phosphatidylinositol/phosphatidylcholine transfer protein SFH3-like
3663318	3665061	Cp4.1LG10g00550	transcription factor bHLH110-like
3670213	3671221	Cp4.1LG10g00420	bZIP transcription factor 44-like



3671808	3674919	Cp4.1LG10g00410	Ubiquitin-conjugating enzyme E2-binding protein
3675501	3682842	Cp4.1LG10g00480	T-complex-associated testis-expressed protein 1 isoform 1
3684115	3689823	Cp4.1LG10g00500	50S ribosomal protein L7/L12
3690407	3696024	Cp4.1LG10g00450	folate transporter 1, chloroplastic-like isoform X1
3699203	3702641	Cp4.1LG10g00510	Beta-galactosidase
3704531	3706068	Cp4.1LG10g00360	thioredoxin H-type-like
3707795	3710421	Cp4.1LG10g00470	Purple acid phosphatase
3711130	3717171	Cp4.1LG10g00440	FG-GAP repeat-containing protein
3722467	3724047	Cp4.1LG10g00380	protein SHI RELATED SEQUENCE 1-like
3728828	3732621	Cp4.1LG10g00490	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein
3733494	3734405	Cp4.1LG10g00520	GATA transcription factor
3738125	3738859	Cp4.1LG10g00390	Zinc finger, B-box
3742794	3746200	Cp4.1LG10g00460	Receptor-like protein kinase
3751973	3753727	Cp4.1LG10g00400	NAC domain-containing protein
3756668	3758229	Cp4.1LG10g00350	histone H1
3759928	3764003	Cp4.1LG10g00430	zinc finger CCCH domain-containing protein 6-like
3764412	3768499	Cp4.1LG10g00370	Protein-methionine-S-oxide reductase
3770276	3770596	Cp4.1LG10g00170	auxin-responsive protein SAUR50
3771704	3776420	Cp4.1LG10g00180	transcription initiation factor TFIID subunit 14b
3778200	3778793	Cp4.1LG10g00200	Transmembrane protein
3779231	3783505	Cp4.1LG10g00320	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein
3786192	3787536	Cp4.1LG10g00260	protein WUSCHEL-like
3790318	3790683	Cp4.1LG10g00150	WD_REPEATS_REGION domain-containing protein
3793348	3794707	Cp4.1LG10g00160	WEB family protein At3g51220-like
3796171	3826023	Cp4.1LG10g00270	Non-specific serine/threonine protein kinase



3829441	3834261	Cp4.1LG10g00280	calcium-dependent protein kinase 28-like
3835404	3838820	Cp4.1LG10g00190	transcription factor bHLH121-like
3839902	3840462	Cp4.1LG10g00230	RING-H2 finger protein ATL74-like
3844502	3844990	Cp4.1LG10g00240	Chaperone protein dnaJ 11
3848663	3850633	Cp4.1LG10g00290	Armadillo
3853700	3855532	Cp4.1LG10g00250	Thaumatococin
3858589	3859053	Cp4.1LG10g00220	oligopeptide transporter 7-like
3859423	3864785	Cp4.1LG10g00210	SAM_MT_RSMB_NOP domain-containing protein
3866268	3867882	Cp4.1LG10g00310	thiosulfate sulfurtransferase 18-like
3868007	3869024	Cp4.1LG10g00340	thiosulfate sulfurtransferase 18-like
3870589	3876012	Cp4.1LG10g00330	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 4 homolog
3876069	3889968	Cp4.1LG10g00300	Proteasome subunit alpha type
3892765	3894662	Cp4.1LG10g00120	protein POLLENLESS 3-LIKE 2-like
3895353	3898464	Cp4.1LG10g00030	L-ascorbate peroxidase
3899405	3908741	Cp4.1LG10g00020	cell cycle checkpoint protein RAD17
3899405	3903399	Cp4.1LG10g00090	nitrate regulatory gene2 protein isoform X2
3910432	3918319	Cp4.1LG10g00110	Protein MID1-COMPLEMENTING ACTIVITY 1 isoform X1
3916375	3918254	Cp4.1LG10g00040	Pentatricopeptide repeat-containing protein
3918789	3920110	Cp4.1LG10g00100	UPF0434 protein
3920780	3927513	Cp4.1LG10g00070	la-related protein 1C-like
3929222	3935077	Cp4.1LG10g00080	la-related protein 1C-like
3935592	3936160	Cp4.1LG10g00140	methyltransferase-like protein 23
3937680	3938385	Cp4.1LG10g00060	Peroxidase
3941055	3948824	Cp4.1LG10g00050	aspartyl protease family protein 1-like
3950931	3953357	Cp4.1LG10g00010	CSC1-like protein At4g35870
3957063	3958166	Cp4.1LG10g00130	Protein-serine/threonine phosphatase



3960422	3964237	Cp4.1LG10g10370	aspartyl protease family protein 1-like
3966195	3968621	Cp4.1LG10g10300	CSC1-like protein At4g35870
3975505	3977223	Cp4.1LG10g10360	Protein kinase domain-containing protein
3980996	3986685	Cp4.1LG10g10520	Aconitate hydratase
3987843	3989961	Cp4.1LG10g10330	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein
3992957	3998762	Cp4.1LG10g10550	Phospholipase D
3999897	4003229	Cp4.1LG10g10600	Serine/arginine-rich splicing factor SR45a
4003527	4009092	Cp4.1LG10g10560	ankyrin repeat domain-containing protein, chloroplastic
4006149	4008886	Cp4.1LG10g10310	Ammonium transporter
4009981	4011756	Cp4.1LG10g10340	thiosulfate sulfurtransferase 16, chloroplastic
4013812	4020050	Cp4.1LG10g10570	thiol-disulfide oxidoreductase LTO1
4018743	4028909	Cp4.1LG10g10380	DUF295 domain-containing protein
4030084	4036490	Cp4.1LG10g10510	S-acyltransferase
4035204	4038074	Cp4.1LG10g10350	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein
4039248	4044749	Cp4.1LG10g10580	Unknown protein
4039575	4040498	Cp4.1LG10g10450	Arabidopsis protein of unknown function (DUF241)
4043288	4044148	Cp4.1LG10g10460	Arabidopsis protein of unknown function (DUF241)
4046971	4052384	Cp4.1LG10g10430	Arabidopsis protein of unknown function (DUF241)
4053159	4054811	Cp4.1LG10g10480	endochitinase-like
4057034	4059004	Cp4.1LG10g10440	endochitinase-like
4061986	4063451	Cp4.1LG10g10530	endochitinase-like
4064422	4070718	Cp4.1LG10g10400	isocitrate dehydrogenase [NAD] regulatory subunit 1, mitochondrial-like
4071282	4074515	Cp4.1LG10g10410	B-like cyclin
4077175	4077840	Cp4.1LG10g10500	C2H2-type domain-containing protein
4078773	4085636	Cp4.1LG10g10590	Phosphoinositide phosphatase family protein



4085903	4090529	Cp4.1LG10g10320	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H2 isoform X1
4092090	4096099	Cp4.1LG10g10390	SRSF protein kinase 1-like
4099317	4099784	Cp4.1LG10g10270	Ribosomal protein L11
4100639	4105128	Cp4.1LG10g10490	Glutamate receptor
4105882	4112274	Cp4.1LG10g10540	MLO-like protein
4110050	4115006	Cp4.1LG10g10290	monosaccharide-sensing protein 2-like
4116532	4119578	Cp4.1LG10g10280	plant intracellular Ras-group-related LRR protein 4-like
4122270	4126336	Cp4.1LG10g10420	trafficking protein particle complex subunit 11
4127832	4128383	Cp4.1LG10g10470	RNA-binding protein 8A
4132059	4138250	Cp4.1LG10g10240	Hydrolase_4 domain-containing protein
4138492	4142462	Cp4.1LG10g10100	myb family transcription factor PHL7-like
4143111	4148129	Cp4.1LG10g10130	protein PHR1-LIKE 2-like
4148992	4152527	Cp4.1LG10g10090	RING-type domain-containing protein
4158370	4162749	Cp4.1LG10g10110	Hexosyltransferase
4165176	4165646	Cp4.1LG10g10200	DYW_deaminase domain-containing protein
4169193	4174454	Cp4.1LG10g10210	ATP-dependent 6-phosphofructokinase
4170734	4181141	Cp4.1LG10g10140	E3 ubiquitin-protein ligase RGLG5-like
4182957	4187904	Cp4.1LG10g10120	Calcineurin B-like protein
4189023	4193970	Cp4.1LG10g10150	BTB/POZ domain-containing protein
4197367	4201648	Cp4.1LG10g10260	Phosphoglycolate phosphatase
4203893	4206019	Cp4.1LG10g10170	Pentatricopeptide repeat-containing protein
4209095	4214294	Cp4.1LG10g10220	Protein kinase domain-containing protein
4212863	4215808	Cp4.1LG10g10160	U-box domain-containing protein 35-like
4217893	4222117	Cp4.1LG10g10250	SEC14 cytosolic factor-like
4221250	4223598	Cp4.1LG10g10190	DNA oxidative demethylase ALKBH2
4223760	4226985	Cp4.1LG10g10180	C2 domain-containing protein



4228079	4237158	Cp4.1LG10g10230	SNF1-related protein kinase regulatory subunit beta-2-like
4237942	4240536	Cp4.1LG10g09920	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 7-like
4244232	4245134	Cp4.1LG10g09990	protein PYRICULARIA ORYZAE RESISTANCE 21-like isoform X2
4245689	4246099	Cp4.1LG10g09980	Unknown protein
4246699	4249069	Cp4.1LG10g09950	microtubule-associated protein 70-5
4249101	4251052	Cp4.1LG10g09970	microtubule-associated protein 70-5
4253693	4259050	Cp4.1LG10g10000	Protein FAR1-RELATED SEQUENCE
4256966	4257265	Cp4.1LG10g09900	Unknown protein
4259839	4260384	Cp4.1LG10g09910	Unknown protein
4266154	4267803	Cp4.1LG10g10060	scarecrow-like protein 13
4269264	4270652	Cp4.1LG10g10020	Unknown protein
4270129	4272129	Cp4.1LG10g09960	Unknown protein
4273898	4276937	Cp4.1LG10g10010	inositol transporter 4-like
4277899	4279372	Cp4.1LG10g09890	U-box domain-containing protein 4-like
4284001	4286427	Cp4.1LG10g09940	Inositol-1-monophosphatase
4286930	4295612	Cp4.1LG10g10030	E3 ubiquitin-protein ligase UPL5-like
4294564	4296041	Cp4.1LG10g09880	major latex allergen Hev b 5-like
4300002	4305172	Cp4.1LG10g10050	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like
4302593	4308385	Cp4.1LG10g09930	Fumarylacetoacetase
4310044	4314890	Cp4.1LG10g10040	Phosphatidate cytidyltransferase
4321690	4324924	Cp4.1LG10g10070	Acyl-protein thioesterase 1
4325363	4325959	Cp4.1LG10g10080	Mitochondrial pyruvate carrier 2-like
4328877	4330742	Cp4.1LG10g09750	Protein kinase domain-containing protein
4331922	4335800	Cp4.1LG10g09810	Ubiquitin-specific protease family C19-related protein
4336744	4338174	Cp4.1LG10g09730	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase
4340711	4342070	Cp4.1LG10g09770	RING/U-box superfamily protein



4345048	4346767	Cp4.1LG10g09800	chromoplast-specific carotenoid-associated protein, chromoplastic-like
4347609	4348216	Cp4.1LG10g09760	Transcription repressor
4349761	4355416	Cp4.1LG10g09840	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta
4358675	4369572	Cp4.1LG10g09850	AAA domain-containing protein
4367589	4369572	Cp4.1LG10g09710	Unknown protein
4377918	4392656	Cp4.1LG10g09870	Leucyl-tRNA synthetase
4393135	4397171	Cp4.1LG10g09830	Core-2/I-branching beta-1,6-N-acetylglucosaminyltransferase family protein
4396379	4403707	Cp4.1LG10g09740	Pyridoxal phosphate homeostasis protein
4404233	4405171	Cp4.1LG10g09780	cytochrome b561 and DOMON domain-containing protein At5g47530-like
4407397	4408883	Cp4.1LG10g09820	Pectate lyase
4413950	4416635	Cp4.1LG10g09790	WRKY transcription factor 2-like protein
4420219	4426103	Cp4.1LG10g09860	aspartic proteinase-like
4425738	4427936	Cp4.1LG10g09720	Endoplasmic reticulum transmembrane protein
4428745	4433727	Cp4.1LG10g09690	F-box family protein with a domain of unknown function (DUF295)
4434707	4437798	Cp4.1LG10g09680	Rhamnogalacturonan endolyase
4437727	4440718	Cp4.1LG10g09550	Thioredoxin-independent 5'-adenylylsulfate reductase
4443580	4453300	Cp4.1LG10g09670	Ankyrin repeat domain-containing protein
4451329	4454173	Cp4.1LG10g09570	Unknown protein
4454695	4459494	Cp4.1LG10g09610	ATP synthase gamma chain
4461615	4465730	Cp4.1LG10g09580	Calcium-dependent protein kinase
4477764	4478384	Cp4.1LG10g09530	Protein of unknown function, DUF584
4481880	4482254	Cp4.1LG10g09660	SPARK domain-containing protein
4484158	4488354	Cp4.1LG10g09650	Derlin
4487029	4495233	Cp4.1LG10g09600	adenosine deaminase-like protein



4496040	4497805	Cp4.1LG10g09700	cytochrome P450 77A1
4499191	4501932	Cp4.1LG10g09540	glucose-6-phosphate/phosphate translocator 2, chloroplastic-like

Genes encontrados en la región genómica del cromosoma 4 para la producción de zarcillos para en *C. pepo*.

P INICIAL	P FINAL	GEN ID	FUNCIÓN FINAL
5030598	5039822	Cp4.1LG04g06590	general transcription factor 3C polypeptide 5-like
5100770	5101385	Cp4.1LG04g06570	LINE-1 retrotransposable element ORF2 protein
5106090	5108196	Cp4.1LG04g06530	LINE-1 retrotransposable element ORF2 protein
5109278	5111491	Cp4.1LG04g06510	LINE-1 retrotransposable element ORF2 protein
5113700	5115345	Cp4.1LG04g06550	LINE-1 retrotransposable element ORF2 protein
5117541	5119554	Cp4.1LG04g06580	Unknown protein
5120504	5131227	Cp4.1LG04g06490	Acetyl-coenzyme A synthetase
5132410	5135786	Cp4.1LG04g06560	WD repeat-containing protein LWD1
5137406	5140098	Cp4.1LG04g06540	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase
5139594	5145258	Cp4.1LG04g06500	OTU domain-containing protein
5146180	5150709	Cp4.1LG04g06440	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 41
5151345	5151869	Cp4.1LG04g06460	Unknown protein
5156396	5157046	Cp4.1LG04g06520	Unknown protein
5159322	5165044	Cp4.1LG04g06480	Protein of unknown function (DUF803)
5167188	5168126	Cp4.1LG04g06450	Family of unknown function (DUF716)
5169435	5174834	Cp4.1LG04g06470	Potassium transporter
5180953	5184850	Cp4.1LG04g06310	nudix hydrolase 13, mitochondrial
5187350	5191577	Cp4.1LG04g06320	Unknown protein
5188123	5189037	Cp4.1LG04g06360	UPF0496 protein At3g19330-like
5192416	5201486	Cp4.1LG04g06340	Protein of unknown function (DUF3754)



5207771	5211893	Cp4.1LG04g06420	histone-lysine N-methyltransferase, H3 lysine-9 specific SUVH4-like isoform X1
5227630	5235572	Cp4.1LG04g06390	histone-lysine N-methyltransferase, H3 lysine-9 specific SUVH4
5236721	5238932	Cp4.1LG04g06300	Protein TSSC4
5240411	5246022	Cp4.1LG04g06370	RING finger protein 10
5248266	5254117	Cp4.1LG04g06380	sialyltransferase-like protein 1
5255355	5255691	Cp4.1LG04g06400	light-regulated protein-like
5256524	5260302	Cp4.1LG04g06430	Unknown protein
5257417	5260962	Cp4.1LG04g06330	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein
5266903	5269263	Cp4.1LG04g06350	2,3-bisphosphoglycerate-dependent phosphoglycerate mutase
5272055	5272818	Cp4.1LG04g06410	Unknown protein
5272121	5273697	Cp4.1LG04g06220	NAB domain-containing protein
5276761	5281421	Cp4.1LG04g06260	mitochondrial phosphate carrier protein 3, mitochondrial-like
5295150	5298405	Cp4.1LG04g06250	protein AUXIN SIGNALING F-BOX 2-like
5300598	5303043	Cp4.1LG04g06240	cysteine-rich and transmembrane domain-containing protein WIH2-like
5304968	5308378	Cp4.1LG04g06200	Translocon-associated protein subunit beta
5317193	5326453	Cp4.1LG04g06270	acyltransferase-like protein At3g26840, chloroplastic
5328381	5328866	Cp4.1LG04g06170	C2H2-type domain-containing protein
5331888	5337925	Cp4.1LG04g06180	DUF4210 domain-containing protein
5341364	5347859	Cp4.1LG04g06230	Shikimate kinase
5349196	5353111	Cp4.1LG04g06280	V-type proton ATPase subunit E-like
5356401	5358633	Cp4.1LG04g06290	Pentatricopeptide repeat-containing protein
5362446	5364027	Cp4.1LG04g06190	NAC domain-containing protein 83-like



5369057	5372300	Cp4.1LG04g06210	Glycerophosphodiester phosphodiesterase
5376350	5380169	Cp4.1LG04g06050	S-acyltransferase
5388161	5388517	Cp4.1LG04g06080	glutaredoxin-C1-like
5390797	5393842	Cp4.1LG04g06130	Membrane-anchored ubiquitin-fold protein
5396056	5396954	Cp4.1LG04g06150	major pollen allergen Ole e 1
5398584	5399513	Cp4.1LG04g06140	major pollen allergen Ole e 1
5400073	5402251	Cp4.1LG04g06160	major pollen allergen Ole e 1
5413131	5416325	Cp4.1LG04g06120	60S ribosomal protein L7a
5416748	5427590	Cp4.1LG04g06100	cation/H(+) antiporter 15-like
5425087	5427456	Cp4.1LG04g06060	transcription factor TCP20-like
5438424	5446077	Cp4.1LG04g06040	Metal-nicotianamine transporter like
5444546	5454624	Cp4.1LG04g06110	protein LAZY 1-like isoform X2
5457413	5462378	Cp4.1LG04g06090	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein
5469872	5471862	Cp4.1LG04g06070	WRKY protein
5477767	5480250	Cp4.1LG04g06010	squamosa promoter-binding-like protein 13A
5477828	5480302	Cp4.1LG04g05960	Unknown protein
5492857	5493168	Cp4.1LG04g06000	Unknown protein
5493639	5497954	Cp4.1LG04g05920	Plant/MOJ10-14 protein
5498780	5502249	Cp4.1LG04g05900	mitochondrial import receptor subunit TOM20-like
5506897	5508856	Cp4.1LG04g06020	DCD domain-containing protein
5509583	5515539	Cp4.1LG04g05980	Ste24 endopeptidase
5514476	5517145	Cp4.1LG04g05880	Protein of unknown function, DUF642
5518571	5521218	Cp4.1LG04g06030	cytochrome P450 94B3-like
5521539	5525006	Cp4.1LG04g05850	SWI/SNF complex component SNF12 homolog
5528579	5529766	Cp4.1LG04g05860	KIN17-like protein
5531262	5534034	Cp4.1LG04g05940	F-box/kelch-repeat protein
5537757	5540142	Cp4.1LG04g05970	30S ribosomal protein S21, chloroplastic
5540866	5551629	Cp4.1LG04g05950	Uridine kinase
5552407	5555815	Cp4.1LG04g05910	Lipase
5557548	5560255	Cp4.1LG04g05870	Unknown protein
5564189	5564614	Cp4.1LG04g05890	EF hand calcium-binding protein family



5566234	5569149	Cp4.1LG04g05990	Adenylate kinase
5570153	5577342	Cp4.1LG04g05930	C2 NT-type domain-containing protein
5580845	5586040	Cp4.1LG04g05820	fructose-bisphosphate aldolase-lysine N-methyltransferase, chloroplastic-like
5587411	5593682	Cp4.1LG04g05800	transcription factor GTE8-like isoform X1
5595410	5596147	Cp4.1LG04g05770	TLC domain-containing protein
5598073	5601656	Cp4.1LG04g05740	Lysine histidine transporter like
5603915	5606525	Cp4.1LG04g05730	54S ribosomal protein L37, mitochondrial-like
5607364	5610152	Cp4.1LG04g05700	Cytosolic Fe-S cluster assembly factor NBP35
5611006	5616165	Cp4.1LG04g05710	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase
5623284	5629596	Cp4.1LG04g05790	AUGMIN subunit 6
5631187	5636648	Cp4.1LG04g05780	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
5635341	5638969	Cp4.1LG04g05720	RING-type domain-containing protein
5639999	5645590	Cp4.1LG04g05750	C2H2-type domain-containing protein
5647193	5647585	Cp4.1LG04g05840	DUF1713 domain-containing protein
5653505	5657001	Cp4.1LG04g05830	alpha/beta hydrolase domain-containing protein 17B-like
5658772	5660916	Cp4.1LG04g05760	Pentatricopeptide repeat-containing protein
5663454	5671325	Cp4.1LG04g05810	Membrane protein
5673547	5675595	Cp4.1LG04g05600	AvrRpt-cleavage domain-containing protein
5676333	5679273	Cp4.1LG04g05620	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur subunit, mitochondrial
5680934	5688807	Cp4.1LG04g05640	cystinosin homolog
5690067	5697893	Cp4.1LG04g05650	peptidyl serine alpha-galactosyltransferase-like
5698459	5701964	Cp4.1LG04g05560	protein SIEVE ELEMENT OCCLUSION B
5698604	5702578	Cp4.1LG04g05670	Unknown protein
5703891	5708696	Cp4.1LG04g05680	NET domain-containing protein



5709725	5713618	Cp4.1LG04g05630	Proteasome subunit beta
5714587	5718623	Cp4.1LG04g05690	Ras-related protein Rab-2A
5719031	5723748	Cp4.1LG04g05570	Pentatricopeptide repeat-containing protein
5727112	5734090	Cp4.1LG04g05580	SGF29 C-terminal domain-containing protein
5735520	5740584	Cp4.1LG04g05660	BetaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 2
5738157	5751934	Cp4.1LG04g05610	altered inheritance of mitochondria protein 32-like
5753669	5757695	Cp4.1LG04g05550	protein kinase PVPK-1-like
5764144	5770077	Cp4.1LG04g05590	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 1-like
5772550	5775249	Cp4.1LG04g05520	F-box/LRR-repeat protein 7
5777469	5782907	Cp4.1LG04g05530	Anaphase-promoting complex subunit 10
5783815	5788155	Cp4.1LG04g05540	denticleless protein homolog
5794118	5794627	Cp4.1LG04g05500	LOB domain-containing protein
5798860	5799360	Cp4.1LG04g05490	Oleosin
5802669	5820555	Cp4.1LG04g05510	protein RST1 isoform X1
5818866	5829564	Cp4.1LG04g05420	zinc finger CCCH domain-containing protein 41-like
5830929	5833633	Cp4.1LG04g05480	Galactinol--sucrose galactosyltransferase
5835667	5838371	Cp4.1LG04g05470	Galactinol--sucrose galactosyltransferase
5841242	5851027	Cp4.1LG04g05440	Polyribonucleotide nucleotidyltransferase
5852039	5856912	Cp4.1LG04g05430	Dead box ATP-dependent RNA helicase, putative
5858495	5866649	Cp4.1LG04g05460	DNA (Cytosine-5)-methyltransferase DRM2
5868049	5875888	Cp4.1LG04g05450	Non-specific serine/threonine protein kinase
5883203	5885487	Cp4.1LG04g05380	Pectin lyase-like superfamily protein
5891991	5895422	Cp4.1LG04g05320	Peptide deformylase
5904644	5906950	Cp4.1LG04g05410	myb-related protein 305-like
5912804	5913376	Cp4.1LG04g05340	50S ribosomal protein L12, chloroplastic-like



5918702	5919679	Cp4.1LG04g05390	Protein of unknown function (DUF1645)
5922663	5924918	Cp4.1LG04g05330	Protein-S-isoprenylcysteine O-methyltransferase
5925648	5932236	Cp4.1LG04g05360	phosphoglucan phosphatase LSF1, chloroplastic isoform X1
5940878	5945073	Cp4.1LG04g05400	Carbonic anhydrase
5946879	5949486	Cp4.1LG04g05300	photosystem I assembly factor PSA3, chloroplastic
5951970	5957334	Cp4.1LG04g05370	deoxynucleoside triphosphate triphosphohydrolase SAMHD1 homolog
5962969	5967105	Cp4.1LG04g05350	Protein kinase superfamily protein
5967793	5971453	Cp4.1LG04g05310	Peptidylprolyl isomerase
5974141	5976505	Cp4.1LG04g05230	Bidirectional sugar transporter SWEET
5986887	5989151	Cp4.1LG04g05250	homeobox-leucine zipper protein HAT5-like
5986919	6003029	Cp4.1LG04g05220	methyl-CpG-binding domain-containing protein 9-like
6006956	6010700	Cp4.1LG04g05260	TOG domain-containing protein
6008673	6028011	Cp4.1LG04g05240	cyclic nucleotide-gated ion channel 18-like
6045306	6051422	Cp4.1LG04g05290	Potassium transporter
6051741	6061571	Cp4.1LG04g05280	DNA repair protein UVH3 isoform X1
6062359	6077497	Cp4.1LG04g05270	Nodulin MtN21 /EamA-like transporter family protein
6072654	6072968	Cp4.1LG04g05150	Unknown protein
6078390	6081337	Cp4.1LG04g05160	protein ALTERED XYLOGLUCAN 4-like
6081575	6091423	Cp4.1LG04g05140	BAH domain ;TFIIS helical bundle-like domain
6094775	6105117	Cp4.1LG04g05200	RNase H domain-containing protein
6109489	6109812	Cp4.1LG04g05110	Auxin-responsive protein
6126587	6128795	Cp4.1LG04g05210	Retrotran_gag_3 domain-containing protein
6129741	6136302	Cp4.1LG04g05120	U-box domain-containing protein 52-like
6149623	6152574	Cp4.1LG04g05180	HVA22-like protein



6154408	6157878	Cp4.1LG04g05190	Calcium-binding EF hand family protein
6160081	6166870	Cp4.1LG04g05170	type III polyketide synthase B-like
6167609	6172160	Cp4.1LG04g05130	Alkaline/neutral invertase
6174106	6174495	Cp4.1LG04g04990	Transmembrane protein
6177845	6181800	Cp4.1LG04g05020	Signal sequence receptor subunit alpha
6182973	6184895	Cp4.1LG04g04950	proline-rich protein 4-like
6187342	6187860	Cp4.1LG04g04960	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
6190990	6195621	Cp4.1LG04g05080	Protein of unknown function (DUF803)
6195809	6203149	Cp4.1LG04g05040	eukaryotic translation initiation factor 4B3-like
6204304	6210115	Cp4.1LG04g04980	L-ascorbate peroxidase
6217915	6218934	Cp4.1LG04g05100	myb-related protein 308-like
6224377	6225568	Cp4.1LG04g05030	Major facilitator superfamily protein
6226173	6226565	Cp4.1LG04g05090	Nodulin-like / Major Facilitator Superfamily protein
6233003	6236758	Cp4.1LG04g05010	auxin transporter-like protein 2
6237315	6238153	Cp4.1LG04g04930	glycine-rich protein 2-like
6242366	6245974	Cp4.1LG04g05000	translocase of chloroplast 120, chloroplastic-like
6248479	6250563	Cp4.1LG04g04970	Ubiquitin-conjugating enzyme E2
6251593	6251913	Cp4.1LG04g05060	Unknown protein
6253149	6253448	Cp4.1LG04g05050	Unknown protein
6254361	6255155	Cp4.1LG04g05070	basic leucine zipper 23-like
6256950	6260192	Cp4.1LG04g04940	WD-40 repeat-containing protein MSI2-like
6261279	6262295	Cp4.1LG04g04920	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 26-like
6270651	6271999	Cp4.1LG04g04840	RING-type domain-containing protein
6275219	6278251	Cp4.1LG04g04740	DsbD_2 domain-containing protein
6280687	6283524	Cp4.1LG04g04900	Glycerate dehydrogenase
6284553	6285965	Cp4.1LG04g04850	SKP1-like protein



6291765	6293313	Cp4.1LG04g04870	plasma membrane intrinsic protein 3
6294767	6298063	Cp4.1LG04g04790	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family
6299847	6302922	Cp4.1LG04g04890	transcription factor ABORTED MICROSPORES-like isoform X1
6304382	6307480	Cp4.1LG04g04830	Trafficking protein particle complex subunit
6308036	6311663	Cp4.1LG04g04770	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3 like
6312839	6314801	Cp4.1LG04g04860	Protein translocase complex, SecE/Sec61-gamma subunit
6319570	6321458	Cp4.1LG04g04910	Protein-serine/threonine phosphatase
6326037	6331251	Cp4.1LG04g04880	Vacuolar proton pump subunit B
6332209	6336080	Cp4.1LG04g04800	Protein of unknown function (DUF616)
6337015	6340135	Cp4.1LG04g04780	DNL-type domain-containing protein
6340636	6343012	Cp4.1LG04g04820	Pentatricopeptide repeat-containing protein
6344103	6358830	Cp4.1LG04g04750	Non-specific serine/threonine protein kinase
6360754	6365076	Cp4.1LG04g04760	Mechanosensitive ion channel protein
6366608	6373559	Cp4.1LG04g04810	serine/threonine-protein kinase STY46
6382275	6386419	Cp4.1LG04g04640	F-box/LRR-repeat protein
6386949	6390533	Cp4.1LG04g04630	Geranylgeranyl pyrophosphate synthase family protein
6391396	6394404	Cp4.1LG04g04700	GPI mannosyltransferase 1
6394727	6395953	Cp4.1LG04g04650	O-methyltransferase
6399438	6403757	Cp4.1LG04g04670	coiled-coil domain-containing protein 124-like
6405228	6406352	Cp4.1LG04g04680	signal recognition particle 43 kDa protein, chloroplastic-like
6408102	6411235	Cp4.1LG04g04690	LEA_2 domain-containing protein
6412373	6412822	Cp4.1LG04g04620	auxin-responsive protein SAUR68-like
6412951	6424145	Cp4.1LG04g04730	expansin-like A2 isoform X1



6426607	6428325	Cp4.1LG04g04710	NAC domain-containing protein
6452896	6457075	Cp4.1LG04g04660	Protein of unknown function (DUF630 and DUF632)
6471171	6475650	Cp4.1LG04g04720	glycerol-3-phosphate acyltransferase 3
6477046	6482763	Cp4.1LG04g04560	lysM domain-containing GPI-anchored protein 2
6483912	6489999	Cp4.1LG04g04600	Protein DETOXIFICATION
6493051	6499572	Cp4.1LG04g04610	Protein DETOXIFICATION
6496548	6500699	Cp4.1LG04g04490	SEC1 family transport protein SLY1-like
6501872	6513906	Cp4.1LG04g04520	ubiquitin domain-containing protein DSK2a
6518025	6522710	Cp4.1LG04g04540	Hexosyltransferase
6523974	6528518	Cp4.1LG04g04550	Protein kinase domain-containing protein
6530445	6537259	Cp4.1LG04g04530	bromodomain-containing protein DDB_G0270170-like
6540061	6541107	Cp4.1LG04g04500	protein EXORDIUM-like 5
6545891	6554458	Cp4.1LG04g04580	epidermal growth factor receptor substrate 15-like 1
6554815	6558063	Cp4.1LG04g04510	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein
6560466	6565342	Cp4.1LG04g04570	Glutamate receptor
6566803	6572495	Cp4.1LG04g04590	mitochondrial phosphate carrier protein 1, mitochondrial
6575487	6580844	Cp4.1LG04g04450	Calcium-dependent protein kinase family protein
6584293	6584754	Cp4.1LG04g04340	Unknown protein
6589433	6592344	Cp4.1LG04g04350	Unknown protein
6594983	6597134	Cp4.1LG04g04430	cysteine protease XCP1-like
6599707	6602556	Cp4.1LG04g04330	Tripartite motif-containing protein 5
6604069	6606781	Cp4.1LG04g04410	Tubulin-tyrosine ligase
6608027	6610799	Cp4.1LG04g04470	Expansin
6608164	6610802	Cp4.1LG04g04390	Unknown protein
6613226	6614880	Cp4.1LG04g04380	protein THYLAKOID ASSEMBLY 8-like, chloroplastic
6614974	6624560	Cp4.1LG04g04440	brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 1-like



6631391	6634122	Cp4.1LG04g04460	3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A reductase
6635523	6642468	Cp4.1LG04g04420	Cellulose synthase
6645375	6649913	Cp4.1LG04g04480	Protein FAR1-RELATED SEQUENCE
6650404	6655136	Cp4.1LG04g04370	SNF1-related protein kinase regulatory subunit beta-2-like isoform X1
6661189	6663299	Cp4.1LG04g04400	fasciclin-like arabinogalactan protein 2
6664627	6670852	Cp4.1LG04g04360	nudix hydrolase 7-like isoform X1
6672416	6676978	Cp4.1LG04g04290	Acetyl-CoA acetyltransferase 1
6677282	6681960	Cp4.1LG04g04150	transmembrane emp24 domain-containing protein p24beta2-like
6683944	6689545	Cp4.1LG04g04220	long chain acyl-CoA synthetase 8
6694817	6701722	Cp4.1LG04g04270	GBF-interacting protein 1-like
6701276	6705943	Cp4.1LG04g04230	RING-type domain-containing protein
6707300	6710179	Cp4.1LG04g04260	RRP15-like protein
6710458	6714670	Cp4.1LG04g04180	zinc finger protein CONSTANS-LIKE 9-like
6718144	6725227	Cp4.1LG04g04200	Unknown protein
6726293	6730337	Cp4.1LG04g04190	Period circadian protein
6733306	6737959	Cp4.1LG04g04280	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase
6738502	6741635	Cp4.1LG04g04170	protein CHROMATIN REMODELING 4-like isoform X1
6742456	6748283	Cp4.1LG04g04300	ankyrin repeat domain-containing protein 2A-like
6748981	6752891	Cp4.1LG04g04240	AP complex subunit sigma
6755657	6756410	Cp4.1LG04g04250	Pentatricopeptide repeat-containing protein
6757002	6762775	Cp4.1LG04g04320	Unknown protein
6758315	6761046	Cp4.1LG04g04210	Protein kinase domain-containing protein
6764454	6769201	Cp4.1LG04g04310	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein
6770397	6770867	Cp4.1LG04g04160	sodium/potassium/calcium exchanger 1-like



6775657	6777780	Cp4.1LG04g04140	DnaJ domain containing protein
6780729	6783099	Cp4.1LG04g04040	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic
6783720	6788144	Cp4.1LG04g04100	Pentatricopeptide repeat-containing protein
6791354	6797949	Cp4.1LG04g04060	OBERON-like protein
6793825	6797426	Cp4.1LG04g04020	FAS1 domain-containing protein
6801950	6812166	Cp4.1LG04g04130	Histidine kinase
6812437	6817790	Cp4.1LG04g03970	WRKY transcription factor 1-like
6821030	6822556	Cp4.1LG04g04030	protein DGCR14
6823516	6826781	Cp4.1LG04g04070	BTB/POZ domain-containing protein At5g48130
6828136	6829700	Cp4.1LG04g04010	Cytochrome b561 and DOMON domain-containing protein
6831204	6833078	Cp4.1LG04g04000	Cytochrome b561 and DOMON domain-containing protein
6838085	6839649	Cp4.1LG04g04080	Cytochrome b561 and DOMON domain-containing protein
6840422	6844809	Cp4.1LG04g03980	Mo25 family protein
6845230	6849869	Cp4.1LG04g04090	Threonyl-tRNA synthetase
6851142	6852530	Cp4.1LG04g04050	Glycosyltransferase
6855885	6856211	Cp4.1LG04g03990	Protochlorophyllide reductase
6862663	6866838	Cp4.1LG04g04110	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like
6870219	6870992	Cp4.1LG04g04120	fasciclin-like arabinogalactan protein 7
6875520	6881497	Cp4.1LG04g03920	fimbrin-5-like
6889080	6889742	Cp4.1LG04g03820	glycine-rich protein DC7.1-like
6894126	6894949	Cp4.1LG04g03810	glycine-rich protein-like
6897840	6898187	Cp4.1LG04g03830	Calcium-binding EF-hand family protein
6902210	6902963	Cp4.1LG04g03880	Unknown protein
6909632	6910500	Cp4.1LG04g03860	Pathogen-induced protein CuPi1
6914874	6915287	Cp4.1LG04g03940	Calcium-binding EF-hand family protein
6918406	6919026	Cp4.1LG04g03900	Unknown protein



6921294	6921707	Cp4.1LG04g03930	Calcium-binding EF-hand family protein
6924668	6931531	Cp4.1LG04g03840	transcription initiation factor TFIID subunit 6-like
6924811	6925224	Cp4.1LG04g03950	Calcium-binding EF-hand family protein
6933419	6933856	Cp4.1LG04g03890	Eukaryotic translation initiation factor 4C
6935995	6937588	Cp4.1LG04g03910	Nucleic acid-binding, OB-fold containing protein
6978306	6979442	Cp4.1LG04g03960	protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 6, chloroplastic/mitochondrial-like isoform X2
6979725	6984453	Cp4.1LG04g03850	DDB1- and CUL4-associated factor 13
6985323	6996679	Cp4.1LG04g03870	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 2 homolog
6996917	7002189	Cp4.1LG04g03790	dnaJ homolog subfamily B member 1-like
7011986	7014679	Cp4.1LG04g03720	C2H2-like zinc finger protein
7019449	7022872	Cp4.1LG04g03750	Phosphorelay protein
7025066	7026078	Cp4.1LG04g03710	fasciclin-like arabinogalactan protein 13
7027588	7030533	Cp4.1LG04g03760	translation initiation factor IF-2 isoform X1
7030766	7039063	Cp4.1LG04g03730	elongation factor family protein
7042919	7045217	Cp4.1LG04g03770	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein
7053610	7056981	Cp4.1LG04g03800	homeobox protein knotted-1-like LET6
7058959	7062769	Cp4.1LG04g03780	chromatin remodeling protein EBS-like
7064340	7064774	Cp4.1LG04g03740	Cupin_3 domain-containing protein
7066776	7069104	Cp4.1LG04g03700	Coiled-coil domain-containing protein 21, putative isoform 2
7076933	7083387	Cp4.1LG04g03640	Receptor protein kinase, putative
7081371	7084618	Cp4.1LG04g03570	Protein of unknown function (DUF1068)



7085116	7086544	Cp4.1LG04g03590	pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein
7085217	7090184	Cp4.1LG04g03690	DLH domain-containing protein
7091741	7094337	Cp4.1LG04g03650	WRKY domain-containing protein
7099314	7100405	Cp4.1LG04g03630	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 18-like
7108615	7112787	Cp4.1LG04g03620	L-ascorbate oxidase homolog
7119491	7121832	Cp4.1LG04g03670	transcription factor MYB101-like
7126433	7130999	Cp4.1LG04g03610	Hexosyltransferase
7133844	7145680	Cp4.1LG04g03580	protein RRP6-like 3 isoform X1
7148805	7149676	Cp4.1LG04g03600	ThiF domain-containing protein
7155540	7163689	Cp4.1LG04g03660	Aconitate hydratase
7165437	7180306	Cp4.1LG04g03680	Protein DETOXIFICATION
7182487	7186001	Cp4.1LG04g03410	50S ribosomal protein L6
7187633	7192811	Cp4.1LG04g03400	Glutamate receptor
7196542	7200266	Cp4.1LG04g03420	Hexokinase-1 protein
7201518	7203710	Cp4.1LG04g03500	sigma intracellular receptor 2-like
7208678	7213435	Cp4.1LG04g03550	homeobox-leucine zipper protein HDG2-like
7214987	7215742	Cp4.1LG04g03480	Vascular-related unknown protein 1
7219091	7221730	Cp4.1LG04g03460	protein translation factor SUI1 homolog
7222585	7225287	Cp4.1LG04g03450	protein translation factor SUI1 homolog
7226762	7227076	Cp4.1LG04g03490	Ubiquitin-like domain-containing protein
7230845	7237043	Cp4.1LG04g03530	Peroxidase
7237854	7246295	Cp4.1LG04g03520	zinc finger CCCH domain-containing protein 40-like isoform X1
7246356	7254198	Cp4.1LG04g03430	peroxisome biogenesis protein 22-like
7256555	7256956	Cp4.1LG04g03390	B box-type domain-containing protein
7259133	7259894	Cp4.1LG04g03540	cysteine-rich repeat secretory protein 38-like



7260409	7261666	Cp4.1LG04g03560	cysteine-rich repeat secretory protein 38-like
7262932	7263408	Cp4.1LG04g03380	sulfated surface glycoprotein 185-like
7264649	7267387	Cp4.1LG04g03510	Beta-amylase
7265166	7272639	Cp4.1LG04g03440	Transcription factor bHLH117
7268784	7269995	Cp4.1LG04g03470	STOREKEEPER protein-like
7273712	7285648	Cp4.1LG04g03240	Histone-lysine N-methyltransferase ATXR3
7291157	7291849	Cp4.1LG04g03210	Methyltransferase type 11
7293027	7295946	Cp4.1LG04g03300	universal stress protein PHOS32-like isoform X1
7301227	7301586	Cp4.1LG04g03320	transcription factor MYB4-like
7305706	7309188	Cp4.1LG04g03330	Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit
7309882	7311869	Cp4.1LG04g03220	SPARK domain-containing protein
7314747	7316429	Cp4.1LG04g03280	transcription factor MYB41-like
7319621	7324748	Cp4.1LG04g03250	protein THYLAKOID FORMATION1, chloroplastic-like
7326179	7330306	Cp4.1LG04g03370	2-nonaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase
7334457	7334735	Cp4.1LG04g03360	Wound-responsive family protein
7336267	7338486	Cp4.1LG04g03200	F-box/FBD/LRR-repeat protein At1g78750-like
7339205	7342471	Cp4.1LG04g03230	Core-2/I-branching beta-1,6-N-acetylglucosaminyltransferase family protein
7344636	7346706	Cp4.1LG04g03350	Pentatricopeptide repeat-containing protein
7347721	7353292	Cp4.1LG04g03270	Secretory carrier-associated membrane protein
7354179	7361339	Cp4.1LG04g03260	protein STRUBBELIG-RECEPTOR FAMILY 3-like
7367428	7372861	Cp4.1LG04g03340	Serine/arginine repetitive matrix protein 1-like
7367814	7375724	Cp4.1LG04g03310	LRRNT_2 domain-containing protein
7375787	7376119	Cp4.1LG04g03290	Monoglyceride lipase-like



7378047	7379105	Cp4.1LG04g03010	kelch-like protein 21
7382744	7385406	Cp4.1LG04g03190	mpv17-like protein 2
7384328	7388474	Cp4.1LG04g03030	Protein phosphatase-2c, putative
7389955	7393210	Cp4.1LG04g03180	Protein of unknown function (DUF789)
7394732	7394923	Cp4.1LG04g03040	Epidermal patterning factor-like protein
7399329	7400033	Cp4.1LG04g03100	NDR1/HIN1-like protein 6
7401232	7403104	Cp4.1LG04g03020	expansin-B3-like
7405948	7408748	Cp4.1LG04g03080	pentatricopeptide repeat-containing protein At2g20710, mitochondrial-like
7410794	7411486	Cp4.1LG04g03050	E3 ubiquitin-protein ligase RMA1H1-like
7416882	7418687	Cp4.1LG04g03110	GPI-anchored protein LORELEI
7418118	7419448	Cp4.1LG04g03070	Unknown protein
7420949	7427781	Cp4.1LG04g03130	transcription factor SPT20 homolog isoform X1
7428931	7443351	Cp4.1LG04g03140	two pore calcium channel protein 1A-like
7444398	7445084	Cp4.1LG04g03090	Microtubule-associated protein 6, putative
7444583	7446767	Cp4.1LG04g03060	DNA-binding bromodomain-containing protein
7448701	7450665	Cp4.1LG04g03160	Protein kinase domain-containing protein
7454369	7455675	Cp4.1LG04g03120	Protein of unknown function (DUF506)
7458963	7459872	Cp4.1LG04g03170	transcription factor bHLH162-like
7464556	7469637	Cp4.1LG04g03150	Ketol-acid reductoisomerase
7473551	7477712	Cp4.1LG04g02960	inactive TPR repeat-containing thioredoxin TTL3-like
7480292	7485831	Cp4.1LG04g02890	bifunctional riboflavin kinase/FMN phosphatase-like
7486248	7490292	Cp4.1LG04g02900	14-3-3 protein homolog
7492449	7497352	Cp4.1LG04g02870	Phosphoenolpyruvate carboxylase
7507586	7509788	Cp4.1LG04g02970	protein LIGHT-DEPENDENT SHORT HYPOCOTYLS 10-like



7513188	7517443	Cp4.1LG04g02930	trihelix transcription factor ASIL1-like
7518387	7522264	Cp4.1LG04g02850	Protein of unknown function (DUF688)
7523752	7524392	Cp4.1LG04g02940	Unknown protein
7527078	7530662	Cp4.1LG04g02880	F-box/LRR-repeat MAX2 homolog A-like
7535616	7539797	Cp4.1LG04g02950	multiprotein bridging factor 1B
7541236	7544905	Cp4.1LG04g02980	Protein kinase domain-containing protein
7548686	7554343	Cp4.1LG04g03000	Protein kinase superfamily protein
7553686	7566765	Cp4.1LG04g02910	Aspartate aminotransferase
7563291	7563668	Cp4.1LG04g02990	RING-CH-type domain-containing protein
7568561	7571702	Cp4.1LG04g02920	chaperone protein dnaJ C76, chloroplastic-like
7572689	7574812	Cp4.1LG04g02860	60S ribosomal protein L11
7578058	7580385	Cp4.1LG04g02780	WRKY protein
7581160	7584287	Cp4.1LG04g02700	ras-related protein Rab11D
7586345	7589279	Cp4.1LG04g02790	trehalose phosphate synthase
7589707	7593579	Cp4.1LG04g02770	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 2
7599600	7601475	Cp4.1LG04g02740	E3 ubiquitin-protein ligase RNF12 isoform X1
7606310	7606948	Cp4.1LG04g02810	Ethylene-responsive transcription factor
7610368	7622048	Cp4.1LG04g02830	Phospholipid-transporting ATPase
7624036	7625187	Cp4.1LG04g02750	zinc finger CCCH domain-containing protein 2-like
7626449	7627955	Cp4.1LG04g02760	Protein phosphatase 2C family protein
7631190	7638904	Cp4.1LG04g02820	protein TPX2-like
7635346	7638904	Cp4.1LG04g02690	squamosa promoter-binding protein 1-like
7639356	7643669	Cp4.1LG04g02800	mitotic checkpoint serine/threonine-protein kinase BUB1
7646840	7648075	Cp4.1LG04g02840	Leucine-rich repeat extensin-like protein
7648475	7650997	Cp4.1LG04g02710	Signaling peptide TAXIMIN 1



7651818	7662332	Cp4.1LG04g02730	transcription factor GTE4
7667530	7667802	Cp4.1LG04g02720	CLAVATA3/ESR-RELATED 7
7672609	7672896	Cp4.1LG04g02580	Unknown protein
7678049	7680557	Cp4.1LG04g02500	PLASMODESMATA CALLOSE-BINDING PROTEIN 5
7678424	7679107	Cp4.1LG04g02680	RING-H2 finger protein ATL40-like
7681220	7685507	Cp4.1LG04g02590	Unknown protein
7688225	7694436	Cp4.1LG04g02630	EamA domain-containing protein
7695774	7698286	Cp4.1LG04g02640	Glucan endo-1,3-beta-D- glucosidase
7698803	7700545	Cp4.1LG04g02660	clathrin coat assembly protein AP180-like
7702362	7705440	Cp4.1LG04g02520	ARM repeat superfamily protein
7710165	7710671	Cp4.1LG04g02670	RING-type domain-containing protein
7715404	7717455	Cp4.1LG04g02610	1-aminocyclopropane-1- carboxylate oxidase 1
7718030	7721247	Cp4.1LG04g02530	Tyrosine-protein phosphatase
7722506	7728916	Cp4.1LG04g02560	protein argonaute 16
7733529	7734515	Cp4.1LG04g02650	ethylene-responsive transcription factor 3-like
7735635	7741537	Cp4.1LG04g02550	GDSL esterase/lipase
7742815	7743168	Cp4.1LG04g02600	Unknown protein
7744328	7755878	Cp4.1LG04g02540	Ribonuclease Z
7756718	7758939	Cp4.1LG04g02510	protein Mpv17
7759403	7768738	Cp4.1LG04g02620	Ipi1_N domain-containing protein
7769018	7775799	Cp4.1LG04g02570	TPT domain-containing protein
7777771	7783159	Cp4.1LG04g02460	Actin-related protein 2/3 complex subunit
7783571	7789818	Cp4.1LG04g02440	Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit A, chloroplastic/mitochondrial
7791827	7800772	Cp4.1LG04g02370	Serine/threonine-protein phosphatase 5
7803056	7806934	Cp4.1LG04g02430	Unknown protein
7807530	7808744	Cp4.1LG04g02330	HVA22-like protein



7811005	7812420	Cp4.1LG04g02480	zinc finger BED domain-containing protein RICESLEEPER 1-like
7812708	7814957	Cp4.1LG04g02340	protodermal factor 1-like isoform X1
7817577	7821367	Cp4.1LG04g02360	Haloacid dehalogenase superfamily protein isoform 1
7823741	7824109	Cp4.1LG04g02420	transcription factor PAR2-like
7825050	7833528	Cp4.1LG04g02390	Mitogen-activated protein kinase
7834067	7836299	Cp4.1LG04g02470	glycerol-3-phosphate acyltransferase 1
7836884	7837696	Cp4.1LG04g02350	Basic secretory protein
7840534	7841163	Cp4.1LG04g02490	Pentatricopeptide repeat-containing protein
7845052	7845905	Cp4.1LG04g02450	WRKY domain-containing protein
7847421	7851869	Cp4.1LG04g02400	Protein kinase domain-containing protein
7852194	7854062	Cp4.1LG04g02410	RWP-RK domain-containing protein
7855646	7876113	Cp4.1LG04g02380	1,3-beta-glucan synthase
7876920	7877880	Cp4.1LG04g02220	CYSTM domain-containing protein
7881190	7883535	Cp4.1LG04g02300	RING-type domain-containing protein
7883661	7885146	Cp4.1LG04g02190	transcription factor JUNGBRUNNEN 1-like
7887266	7888292	Cp4.1LG04g02270	LOB domain-containing protein
7888888	7890452	Cp4.1LG04g02210	zinc finger protein CONSTANS-LIKE 5-like
7892184	7909984	Cp4.1LG04g02310	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
7914431	7915045	Cp4.1LG04g02240	Transmembrane protein
7918265	7919693	Cp4.1LG04g02250	Unknown protein
7921214	7924449	Cp4.1LG04g02320	nucleolar complex protein 3 homolog
7927111	7927482	Cp4.1LG04g02180	auxin-responsive protein SAUR71-like
7933630	7935381	Cp4.1LG04g02230	Plant/F14G9-20 protein
7940374	7943109	Cp4.1LG04g02280	phosphoglycerate kinase



7943557	7947361	Cp4.1LG04g02290	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase
7949711	7954254	Cp4.1LG04g02200	Defective in cullin neddylation protein
7958308	7959764	Cp4.1LG04g02260	zinc transporter 1-like
7965463	7967172	Cp4.1LG04g12540	protein FAF-like, chloroplastic
7970123	7972644	Cp4.1LG04g12480	coiled-coil domain-containing protein R3HCC1L-like isoform X4
7985500	7992416	Cp4.1LG04g12550	transcription factor LHW-like
7998988	8009580	Cp4.1LG04g12580	aluminum-activated malate transporter 2-like
8010354	8012508	Cp4.1LG04g12530	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic
8013450	8014327	Cp4.1LG04g12570	Protein of unknown function, DUF538
8017665	8019110	Cp4.1LG04g12510	Amino acid permease family protein
8020931	8026142	Cp4.1LG04g12450	Glucan endo-1,3-beta-glucosidase 3
8027482	8031607	Cp4.1LG04g12490	serine/arginine-rich SC35-like splicing factor SCL30A
8039411	8047252	Cp4.1LG04g12590	IQ domain-containing protein IQM2-like
8047946	8050596	Cp4.1LG04g12560	succinate dehydrogenase subunit 6, mitochondrial-like
8053078	8058375	Cp4.1LG04g12470	fasciclin-like arabinogalactan protein 17
8061708	8068409	Cp4.1LG04g12500	E3 ubiquitin-protein ligase RHF2A-like isoform X2
8070055	8074128	Cp4.1LG04g12600	Tubulin beta chain
8078178	8079766	Cp4.1LG04g12520	heat stress transcription factor B-4b-like
8080369	8093452	Cp4.1LG04g12460	Histone deacetylase
8094949	8101075	Cp4.1LG04g12370	Protein CASP
8101987	8107297	Cp4.1LG04g12310	pentatricopeptide repeat-containing protein At1g62350
8110464	8126519	Cp4.1LG04g12400	rho GTPase-activating protein 7-like
8127893	8134300	Cp4.1LG04g12410	protein SMG7-like
8135837	8136109	Cp4.1LG04g12300	Unknown protein
8143495	8145387	Cp4.1LG04g12330	C2 domain-containing protein



8146991	8148808	Cp4.1LG04g12290	protein LATERAL ROOT PRIMORDIUM 1
8157748	8165531	Cp4.1LG04g12320	Signal recognition particle subunit SRP68
8168099	8168719	Cp4.1LG04g12390	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein isoform 1
8170304	8174943	Cp4.1LG04g12350	olee1-like protein
8176633	8177244	Cp4.1LG04g12380	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein isoform 1
8180706	8182649	Cp4.1LG04g12360	Unknown protein
8182850	8185117	Cp4.1LG04g12340	pentatricopeptide repeat-containing protein At5g01110
8185945	8198339	Cp4.1LG04g12420	Regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein
8199167	8202565	Cp4.1LG04g12280	protein PATRONUS 1-like
8203391	8206405	Cp4.1LG04g12430	integrator complex subunit 3
8208565	8211305	Cp4.1LG04g12440	Annexin
8211737	8219865	Cp4.1LG04g12190	Protein of unknown function (DUF803)
8225277	8228299	Cp4.1LG04g12260	Alanine--glyoxylate transaminase
8229273	8235042	Cp4.1LG04g12210	NAD(P)-bd_dom domain-containing protein
8239401	8240816	Cp4.1LG04g12230	scarecrow-like protein 3
8241819	8252837	Cp4.1LG04g12180	DDT domain-containing protein PTM
8254338	8267068	Cp4.1LG04g12200	nuclear cap-binding protein subunit 1-like
8267592	8271339	Cp4.1LG04g12240	RNA-binding protein Y14-like
8279532	8284234	Cp4.1LG04g12250	zinc finger CCCH domain-containing protein 55
8291579	8295349	Cp4.1LG04g12270	Phosphotransferase
8296368	8300198	Cp4.1LG04g12220	THUMP domain-containing protein 1 homolog
8300780	8304388	Cp4.1LG04g12020	B30.2/SPRY domain-containing protein
8305461	8310088	Cp4.1LG04g12140	NAD(H) kinase 1-like
8314369	8325141	Cp4.1LG04g12170	Protein of unknown function (DUF604)



8323004	8334876	Cp4.1LG04g12080	Assimilatory sulfite reductase (ferredoxin)
8336421	8342578	Cp4.1LG04g12050	Calcium-dependent protein kinase
8345559	8349200	Cp4.1LG04g12130	Translocation protein SEC62
8349277	8354071	Cp4.1LG04g12030	Nuclear transcription factor Y subunit
8359586	8359858	Cp4.1LG04g12100	cyclin-dependent protein kinase inhibitor SMR9-like
8361297	8361695	Cp4.1LG04g12070	cyclin-dependent protein kinase inhibitor SMR9-like
8364057	8369544	Cp4.1LG04g12120	chaperonin-like RbcX protein 2, chloroplastic
8367010	8376344	Cp4.1LG04g12060	Armadillo repeat-containing protein 8
8377390	8380505	Cp4.1LG04g12160	protein mago nashi homolog
8381681	8388314	Cp4.1LG04g12150	1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase
8389092	8391823	Cp4.1LG04g12110	PRELI/MSF1 domain-containing protein
8392400	8394366	Cp4.1LG04g12090	Zinc finger A20 and AN1 domain stress-associated protein
8395510	8397982	Cp4.1LG04g12040	Unknown protein
8398444	8402041	Cp4.1LG04g12010	Pentatricopeptide repeat-containing protein
8408789	8414012	Cp4.1LG04g11960	E3 ubiquitin ligase BIG BROTHER-like
8418342	8422682	Cp4.1LG04g11980	transcription factor bHLH122-like
8423563	8434910	Cp4.1LG04g11990	WD_REPEATS_REGION domain-containing protein
8435155	8440189	Cp4.1LG04g11900	lysine-specific demethylase JMJ30-like
8443381	8446549	Cp4.1LG04g11930	ETHYLENE INSENSITIVE 3-like 3 protein
8452028	8456637	Cp4.1LG04g11950	beta-glucosidase 12-like
8459335	8461903	Cp4.1LG04g11920	Rho GTPase-activating gacO-like protein
8468513	8473757	Cp4.1LG04g11910	Selenoprotein O
8474479	8478428	Cp4.1LG04g12000	protein EMSY-LIKE 3 isoform X1



8477855	8480945	Cp4.1LG04g11880	Peptidase_S15 domain-containing protein
8481741	8486402	Cp4.1LG04g11890	GlcNAc-PI synthesis protein
8487503	8491809	Cp4.1LG04g11970	Non-structural maintenance of chromosomes element 4
8490907	8496286	Cp4.1LG04g11940	AP2/ERF and B3 domain-containing transcription factor
8498028	8501327	Cp4.1LG04g11820	protein NRT1/ PTR FAMILY 7.1-like
8502644	8505699	Cp4.1LG04g11810	zinc finger CCCH domain-containing protein 14-like
8504731	8510251	Cp4.1LG04g11800	Ribosome biogenesis regulatory protein
8511495	8514987	Cp4.1LG04g11860	1,3-beta-glucan synthase
8515055	8534961	Cp4.1LG04g11830	1,3-beta-glucan synthase
8537719	8557798	Cp4.1LG04g11870	1,3-beta-glucan synthase
8558581	8584553	Cp4.1LG04g11840	1,3-beta-glucan synthase
8591331	8624883	Cp4.1LG04g11850	1,3-beta-glucan synthase
8625030	8629591	Cp4.1LG04g11700	Formyltetrahydrofolate synthetase
8630216	8636288	Cp4.1LG04g11770	Cytosine-specific methyltransferase
8637874	8638215	Cp4.1LG04g11750	DNA (Cytosine-5)-methyltransferase CMT3-like
8643206	8645812	Cp4.1LG04g11780	6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase
8653905	8657862	Cp4.1LG04g11760	L-ascorbate oxidase
8659450	8663025	Cp4.1LG04g11710	leucine-rich repeat protein 1-like
8670547	8672394	Cp4.1LG04g11790	Ethylene insensitive 3-like protein
8682177	8686888	Cp4.1LG04g11730	Protein kinase domain-containing protein
8688664	8689470	Cp4.1LG04g11720	Late embryogenesis abundant (LEA) hydroxyproline-rich glycoprotein family
8692063	8693990	Cp4.1LG04g11690	60S ribosomal protein L30
8695261	8703662	Cp4.1LG04g11740	serrate RNA effector molecule-like
8704961	8709711	Cp4.1LG04g11640	Protein FAR1-RELATED SEQUENCE
8712450	8713616	Cp4.1LG04g11550	Retrotran_gag_3 domain-containing protein



8715931	8721520	Cp4.1LG04g11670	CCT-eta
8722833	8724170	Cp4.1LG04g11540	F-box/kelch-repeat protein
8726162	8735324	Cp4.1LG04g11610	stomatal closure-related actin-binding protein 1-like
8738288	8742163	Cp4.1LG04g11560	Unknown protein
8743094	8749579	Cp4.1LG04g11620	translation initiation factor eIF-2B subunit gamma
8750970	8753497	Cp4.1LG04g11650	Cysteine proteinase inhibitor
8754285	8763420	Cp4.1LG04g11590	Tyrosine-specific transport protein
8765820	8767769	Cp4.1LG04g11600	Ubiquitin-associated/translation elongation factor EF1B protein
8770955	8771899	Cp4.1LG04g11630	RING-type E3 ubiquitin transferase
8773999	8776243	Cp4.1LG04g11660	Calmodulin
8776417	8780489	Cp4.1LG04g11570	SNF1-related protein kinase regulatory subunit beta-1
8783934	8789136	Cp4.1LG04g11580	BTB/POZ and MATH domain-containing protein 6-like
8792247	8797434	Cp4.1LG04g11680	protochlorophyllide-dependent translocon component 52, chloroplastic
8798610	8800274	Cp4.1LG04g11520	O-fucosyltransferase family protein
8802404	8808378	Cp4.1LG04g11530	Mitochondrial substrate carrier family protein
8809661	8813792	Cp4.1LG04g11510	elongation factor P
8817387	8820080	Cp4.1LG04g11500	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 13
8823038	8830738	Cp4.1LG04g11480	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 13
8833889	8836080	Cp4.1LG04g11490	Protein of unknown function (DUF1639)
8836985	8855064	Cp4.1LG04g11430	calpain-type cysteine protease family
8860057	8863724	Cp4.1LG04g11460	Protein of Unknown Function (DUF239)
8866664	8871886	Cp4.1LG04g11470	Unknown protein
8868945	8871491	Cp4.1LG04g11420	receptor-like protein kinase 2
8874251	8889898	Cp4.1LG04g11440	pumilio homolog 12-like
8890965	8894870	Cp4.1LG04g11450	Chaperonin 60 subunit beta 1, chloroplastic



8896503	8897607	Cp4.1LG04g11410	Protein kinase superfamily protein
8899180	8902638	Cp4.1LG04g11300	Protein kinase domain-containing protein
8906103	8910630	Cp4.1LG04g11380	YTH domain-containing protein
8911432	8916382	Cp4.1LG04g11310	TATA-box-binding protein
8916988	8919401	Cp4.1LG04g11330	Unknown protein
8926106	8930850	Cp4.1LG04g11370	transcription factor Pur-alpha 1-like
8932037	8935272	Cp4.1LG04g11340	protein FATTY ACID EXPORT 2, chloroplastic-like
8935759	8943951	Cp4.1LG04g11400	vacuolar protein sorting-associated protein 27-like isoform X2
8944648	8948106	Cp4.1LG04g11390	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein
8948593	8963495	Cp4.1LG04g11280	Lysine ketoglutarate reductase
8966235	8969130	Cp4.1LG04g11290	Zinc finger, FYVE-type
8969779	8972957	Cp4.1LG04g11270	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit K
8975959	8980864	Cp4.1LG04g11350	Sucrose synthase
8986008	8988437	Cp4.1LG04g11360	Flavin-containing monooxygenase
8989827	9000265	Cp4.1LG04g11320	Beta-ketoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase I
9005128	9005733	Cp4.1LG04g11170	ethylene-responsive transcription factor ERF017-like
9009399	9012138	Cp4.1LG04g11150	FLZ-type domain-containing protein

Genes encontrados en la región genómica del cromosoma 10 para la producción de zarcillos para en *C. pepo*.

P INICIAL	P FINAL	ID1	FUNCIÓN FINAL
1455683	1459899	Cp4.1LG10g04470	Glutamine synthetase
1461913	1463634	Cp4.1LG10g04490	Expansin
1464537	1464845	Cp4.1LG10g04540	thaumatin-like protein 1b
1466562	1496357	Cp4.1LG10g04520	protein SHOOT GRAVITROPISM 6



1514548	1529836	Cp4.1LG10g04350	Threonine dehydratase
1530242	1531876	Cp4.1LG10g04360	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1534647	1536651	Cp4.1LG10g04320	Exostosin family protein
1540837	1543678	Cp4.1LG10g04330	Sulfite exporter TauE/SafE family protein
1544459	1546186	Cp4.1LG10g04340	60S ribosomal protein L24-like
1547782	1549261	Cp4.1LG10g04300	homeobox-leucine zipper protein ATHB-22-like
1554694	1557225	Cp4.1LG10g04310	homeobox-leucine zipper protein ATHB-22-like
1558667	1564687	Cp4.1LG10g04290	Pyruvate kinase family protein
1566533	1572057	Cp4.1LG10g04280	Lipid IV(A) 3-deoxy-D-manno-octulosonic acid transferase
1572195	1573574	Cp4.1LG10g04180	AT-hook motif nuclear-localized protein
1574683	1578799	Cp4.1LG10g04250	Phosphopyruvate hydratase
1579356	1582709	Cp4.1LG10g04230	splicing factor U2af small subunit B-like
1584095	1592118	Cp4.1LG10g04220	serine/threonine-protein kinase CTR1-like
1593038	1598092	Cp4.1LG10g04070	DUF4378 domain-containing protein
1593038	1596020	Cp4.1LG10g04240	Fructose-bisphosphate aldolase
1601017	1602393	Cp4.1LG10g04100	RAB6-interacting golgin
1603012	1609572	Cp4.1LG10g04140	pleiotropic drug resistance protein 2-like
1612550	1615042	Cp4.1LG10g04170	Protein BUD31-like protein
1615268	1619211	Cp4.1LG10g04130	serine/threonine-protein kinase D6PKL1-like
1620068	1621274	Cp4.1LG10g04090	60S acidic ribosomal protein P2-like
1622726	1626309	Cp4.1LG10g04260	IQ domain-containing protein IQM3-like
1627985	1629843	Cp4.1LG10g04200	GDSL esterase/lipase
1630025	1631350	Cp4.1LG10g04110	GDSL esterase/lipase
1634702	1641127	Cp4.1LG10g04150	transcription initiation factor TFIID subunit 12
1643495	1644013	Cp4.1LG10g04270	zinc finger A20 and AN1 domain-containing stress-associated protein 4
1646697	1649038	Cp4.1LG10g04190	Purple acid phosphatase



1650851	1652186	Cp4.1LG10g04120	protein TERMINAL FLOWER 1-like
1653099	1653743	Cp4.1LG10g04080	Germin-like protein
1657161	1658408	Cp4.1LG10g04160	F-box domain-containing protein
1661697	1666967	Cp4.1LG10g04210	Cell division protein ftsZ, putative
1670317	1671483	Cp4.1LG10g03900	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1674872	1675390	Cp4.1LG10g03980	Unknown protein
1677013	1680022	Cp4.1LG10g03940	1-(5-phosphoribosyl)-5-[(5-phosphoribosylamino)methylideneamino]imidazole-4-carboxamide isomerase, chloroplastic
1680291	1682631	Cp4.1LG10g03960	cytochrome b-c1 complex subunit 9-like
1683698	1684522	Cp4.1LG10g03870	Unknown protein
1688315	1694434	Cp4.1LG10g03910	Signal recognition particle protein
1694590	1697155	Cp4.1LG10g04050	Pentatricopeptide repeat-containing protein
1696999	1698706	Cp4.1LG10g03880	Small nuclear ribonucleoprotein G
1700978	1703217	Cp4.1LG10g04060	Auxin responsive SAUR protein
1705154	1709641	Cp4.1LG10g03920	protein ORANGE-LIKE, chloroplastic-like
1710492	1716130	Cp4.1LG10g03930	sorting nexin 1-like
1719483	1721136	Cp4.1LG10g03990	NAC domain-containing protein
1722635	1725277	Cp4.1LG10g03950	vacuolar protein sorting-associated protein 55 homolog isoform X1
1725826	1740131	Cp4.1LG10g04010	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein
1740986	1741928	Cp4.1LG10g04020	Casparian strip membrane protein 1
1742978	1749725	Cp4.1LG10g04000	mRNA-decapping enzyme-like protein
1750402	1763045	Cp4.1LG10g04030	LETM1 domain-containing protein
1758300	1763655	Cp4.1LG10g03970	protein trichome birefringence-like 8
1764190	1768220	Cp4.1LG10g03890	IAA-amino acid hydrolase ILR1
1764535	1764889	Cp4.1LG10g04040	Pentatricopeptide repeat-like superfamily protein
1777068	1778455	Cp4.1LG10g03840	Protein GL2-INTERACTING REPRESSOR 1



1787835	1788566	Cp4.1LG10g03860	Transcription repressor
1792934	1793538	Cp4.1LG10g03760	Unknown protein
1793023	1793484	Cp4.1LG10g03690	Transcription repressor
1794370	1798820	Cp4.1LG10g03710	lipid droplet-associated hydrolase-like
1799493	1802165	Cp4.1LG10g03790	HVA22-like protein
1801587	1802072	Cp4.1LG10g03670	COPII coat assembly protein SEC16, putative
1803394	1809770	Cp4.1LG10g03730	transcription factor E2FA-like isoform X1
1809739	1814404	Cp4.1LG10g03830	NDR1/HIN1-like protein 3
1816273	1817120	Cp4.1LG10g03750	Unknown protein
1816909	1818303	Cp4.1LG10g03780	Eukaryotic aspartyl protease family protein
1820435	1820842	Cp4.1LG10g03810	Regulatory particle non-ATPase 10
1826990	1834499	Cp4.1LG10g03700	Exocyst subunit Exo70 family protein
1835692	1842538	Cp4.1LG10g03800	Ribosome biogenesis protein NSA2 homolog
1843894	1844409	Cp4.1LG10g03770	RING-H2 finger protein ATL70-like
1847124	1850081	Cp4.1LG10g03720	alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase alkB homolog 6
1851654	1855516	Cp4.1LG10g03680	Protein-lysine N-methyltransferase
1851869	1852624	Cp4.1LG10g03850	SAM domain-containing protein
1856020	1875161	Cp4.1LG10g03820	protein CHROMATIN REMODELING 24
1866040	1866387	Cp4.1LG10g03740	MuDRA-like transposase
1879334	1882763	Cp4.1LG10g03620	gibberellin 20 oxidase 2-like
1881249	1889050	Cp4.1LG10g03560	E3 ubiquitin-protein ligase RGLG3-like
1890413	1895122	Cp4.1LG10g03570	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein
1902391	1909634	Cp4.1LG10g03650	pentatricopeptide repeat-containing protein At2g21090-like isoform X2
1920825	1926660	Cp4.1LG10g03550	Histone deacetylase
1927179	1931638	Cp4.1LG10g03630	2-oxoisovalerate dehydrogenase subunit alpha 2, mitochondrial



1930773	1934303	Cp4.1LG10g03580	3'(2'),5'-bisphosphate nucleotidase
1934560	1934781	Cp4.1LG10g03600	3'(2'),5'-bisphosphate nucleotidase
1935691	1935912	Cp4.1LG10g03590	3'(2'),5'-bisphosphate nucleotidase
1936681	1941274	Cp4.1LG10g03640	SWIM-type domain-containing protein
1941409	1943009	Cp4.1LG10g03660	photosystem I reaction center subunit N, chloroplastic-like
1943662	1947182	Cp4.1LG10g03610	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit O, chloroplastic
1945120	1950066	Cp4.1LG10g03520	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 3-like
1953896	1962514	Cp4.1LG10g03530	NAC domain-containing protein
1963415	1973391	Cp4.1LG10g03540	phosphatidylinositol 4-kinase beta 1-like
1974620	1987610	Cp4.1LG10g03500	AAA domain-containing protein
1985903	1987732	Cp4.1LG10g03460	Aminotran_5 domain-containing protein
1987977	1988183	Cp4.1LG10g03480	Unknown protein
1991519	1992064	Cp4.1LG10g03490	cell wall / vacuolar inhibitor of fructosidase 2
1993033	1997462	Cp4.1LG10g03450	chromatin assembly factor 1 subunit FAS2 isoform X1
1998127	1999138	Cp4.1LG10g03410	transcription factor IND-like
2002055	2007938	Cp4.1LG10g03400	zinc finger CCCH domain-containing protein 38 isoform X2
2018858	2027538	Cp4.1LG10g03440	uridylate kinase
2037028	2038200	Cp4.1LG10g03430	RING-type E3 ubiquitin transferase
2045584	2045841	Cp4.1LG10g03510	Protein IDA-LIKE 2
2049807	2064296	Cp4.1LG10g03470	protein TONSOKU isoform X1
2065440	2069409	Cp4.1LG10g03420	autophagy-related protein 13b
2075728	2077723	Cp4.1LG10g03320	RING-type E3 ubiquitin transferase
2078847	2081893	Cp4.1LG10g03300	Actin
2083119	2086017	Cp4.1LG10g03390	WAT1-related protein
2086894	2087463	Cp4.1LG10g03280	Transmembrane protein
2088498	2089661	Cp4.1LG10g03290	pollen-specific leucine-rich repeat extensin-like protein 1



2089878	2091787	Cp4.1LG10g03270	WAT1-related protein
2095567	2098744	Cp4.1LG10g03250	TFIIS N-terminal domain-containing protein
2102974	2109609	Cp4.1LG10g03370	WD repeat domain-containing protein 83
2114592	2121034	Cp4.1LG10g03330	Cellulose synthase
2122441	2122836	Cp4.1LG10g03360	Unknown protein
2123545	2126466	Cp4.1LG10g03260	ribonuclease P protein subunit p25-like protein isoform X2
2126900	2134570	Cp4.1LG10g03240	RNA-binding protein 39-like isoform X1
2135533	2141601	Cp4.1LG10g03220	protein LIKE COV 2-like
2143160	2148454	Cp4.1LG10g03350	Ribonucleoside-diphosphate reductase
2149244	2155260	Cp4.1LG10g03310	Non-specific serine/threonine protein kinase
2157881	2159091	Cp4.1LG10g03380	ethylene-responsive transcription factor ABR1
2161434	2164951	Cp4.1LG10g03210	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 12 homolog B-like
2165357	2167723	Cp4.1LG10g03200	Encodes a root meristem growth factor, Belongs to a family of functionally redundant peptides that are secreted, putative
2168438	2172728	Cp4.1LG10g03230	Shikimate dehydrogenase
2173884	2179725	Cp4.1LG10g03340	crossover junction endonuclease EME1B-like isoform X1
2180221	2184452	Cp4.1LG10g03110	TSL-kinase interacting protein 1-like isoform X1
2185200	2192438	Cp4.1LG10g03180	UDP-rhamnose/UDP-galactose transporter 4-like
2199330	2202926	Cp4.1LG10g03170	systemin receptor SR160-like
2206612	2207614	Cp4.1LG10g03040	WRKY protein
2213262	2220350	Cp4.1LG10g03140	tRNA(His) guanylyltransferase
2217875	2221687	Cp4.1LG10g03100	ATP synthase 24 kDa subunit
2222210	2225070	Cp4.1LG10g03120	iron-sulfur assembly protein IscA, chloroplastic-like
2227895	2228260	Cp4.1LG10g03190	DNA-binding WRKY
2229585	2236395	Cp4.1LG10g03160	serine/threonine-protein kinase PBS1-like



2233922	2234185	Cp4.1LG10g03060	Heat shock protein 40
2235686	2237420	Cp4.1LG10g03030	Unknown protein
2243626	2244573	Cp4.1LG10g03130	Unknown protein
2244831	2249557	Cp4.1LG10g03080	ABC transporter F family member 5
2250579	2260385	Cp4.1LG10g03150	Shikimate kinase
2261205	2262851	Cp4.1LG10g03050	stress enhanced protein 2, chloroplastic-like
2263612	2265610	Cp4.1LG10g03070	Unknown protein
2266370	2278900	Cp4.1LG10g03090	E3 ubiquitin-protein ligase RKP isoform X1
2280354	2284450	Cp4.1LG10g02880	NEDD8-conjugating enzyme Ubc12-like
2286175	2287409	Cp4.1LG10g02960	Calcium uniporter protein
2288242	2289135	Cp4.1LG10g02830	elongation of fatty acids protein 3-like
2290159	2291448	Cp4.1LG10g02990	E3 ubiquitin-protein ligase RNF185-like
2295222	2296265	Cp4.1LG10g02950	Hexosyltransferase
2300194	2302798	Cp4.1LG10g02900	transcription termination factor MTERF5, chloroplastic
2303083	2306297	Cp4.1LG10g02930	Protein DA1-related 1-like
2311453	2315203	Cp4.1LG10g02970	BEL1-like homeodomain protein 2
2316311	2319566	Cp4.1LG10g02840	BTB/POZ domain-containing protein
2324571	2329751	Cp4.1LG10g02980	Protein of unknown function, DUF547
2332876	2333328	Cp4.1LG10g02820	HTH-type transcriptional regulator protein ptxE
2334639	2336564	Cp4.1LG10g02910	Unknown protein
2337999	2342117	Cp4.1LG10g02810	oxygen-evolving enhancer protein 1, chloroplastic
2342572	2345818	Cp4.1LG10g02870	BTB/POZ domain-containing protein
2344436	2346429	Cp4.1LG10g03010	Unknown protein
2350428	2357840	Cp4.1LG10g03000	Thioredoxin-like protein
2352376	2359770	Cp4.1LG10g02850	wall-associated receptor kinase-like 14
2364074	2384339	Cp4.1LG10g02890	SHR-BD domain-containing protein



2384810	2392053	Cp4.1LG10g02860	SHR-BD domain-containing protein
2393013	2394542	Cp4.1LG10g02940	Mitochondrial pyruvate carrier
2396097	2401153	Cp4.1LG10g02920	Nuclear ribonuclease Z
2396500	2397675	Cp4.1LG10g02730	Aldedh domain-containing protein
2401984	2404276	Cp4.1LG10g03020	Mitochondrial transcription termination factor family protein
2406349	2411710	Cp4.1LG10g02720	extra-large guanine nucleotide-binding protein 1-like
2410157	2415786	Cp4.1LG10g02670	B3 domain-containing transcription factor VRN1-like isoform X1
2417885	2420710	Cp4.1LG10g02650	Pyridoxal phosphate-dependent transferases superfamily protein
2423041	2430790	Cp4.1LG10g02790	cyclin-H1-1-like isoform X1
2431089	2431799	Cp4.1LG10g02710	dof zinc finger protein DOF3.4-like
2433056	2437432	Cp4.1LG10g02740	nuclear pore complex protein NUP58-like
2437900	2439500	Cp4.1LG10g02680	salicylic acid-binding protein 2-like
2440858	2442151	Cp4.1LG10g02690	AB hydrolase-1 domain-containing protein
2443318	2447322	Cp4.1LG10g02660	Autophagy-related protein 101
2452683	2453651	Cp4.1LG10g02700	dof zinc finger protein 2-like
2455441	2457305	Cp4.1LG10g02780	GLABRA2 expression modulator-like
2458306	2458689	Cp4.1LG10g02800	GRAM domain-containing protein
2459754	2463072	Cp4.1LG10g02750	Nbs-lrr resistance protein, putative
2465228	2468036	Cp4.1LG10g02760	transcription factor HHO5-like
2468263	2473412	Cp4.1LG10g02770	protein misato homolog 1 isoform X1
2474215	2481135	Cp4.1LG10g02640	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 5-like isoform X1
2482905	2484639	Cp4.1LG10g02630	Peroxidase
2484920	2488791	Cp4.1LG10g02560	Protein of unknown function, DUF547
2491276	2496861	Cp4.1LG10g02490	TMEM131_like domain-containing protein
2504450	2504716	Cp4.1LG10g02520	precursor of CEP7-like



2508882	2509184	Cp4.1LG10g02540	precursor of CEP3
2510430	2513447	Cp4.1LG10g02500	Sulfotransferase
2515011	2526020	Cp4.1LG10g02550	CLTH domain-containing protein
2526735	2531379	Cp4.1LG10g02570	B3 domain-containing protein
2531173	2543945	Cp4.1LG10g02590	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC103484772
2542434	2545150	Cp4.1LG10g02510	Heat shock transcription factor
2547491	2548804	Cp4.1LG10g02530	Protein of unknown function (DUF1685)
2550344	2551991	Cp4.1LG10g02600	SMI1_KNR4 domain-containing protein
2554229	2555793	Cp4.1LG10g02610	Remorin_C domain-containing protein
2554512	2565557	Cp4.1LG10g02580	Alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
2569386	2576052	Cp4.1LG10g02620	Protein kinase superfamily protein
2576118	2579652	Cp4.1LG10g02380	Protein kinase domain-containing protein
2580643	2583146	Cp4.1LG10g02370	Transcription factor SPATULA
2585207	2592315	Cp4.1LG10g02460	OTU domain-containing protein 3 isoform X1
2595462	2601117	Cp4.1LG10g02330	floral homeotic protein APETALA 2-like isoform X1
2602201	2602446	Cp4.1LG10g02400	AP2/ERF domain-containing protein
2605039	2614123	Cp4.1LG10g02360	Protein kinase domain-containing protein
2618206	2619978	Cp4.1LG10g02340	WRKY3
2621722	2627147	Cp4.1LG10g02470	Glycosyltransferases
2627482	2629601	Cp4.1LG10g02480	cysteine proteinase COT44-like
2629857	2634774	Cp4.1LG10g02390	Protein RER1
2629913	2632413	Cp4.1LG10g02450	Plant protein of unknown function (DUF247)
2635130	2639840	Cp4.1LG10g02420	small RNA degrading nuclease 3-like
2640877	2643351	Cp4.1LG10g02350	microtubule-associated protein RP/EB family member 1C-like
2649645	2650544	Cp4.1LG10g02440	transcription factor MYB44-like
2653593	2661424	Cp4.1LG10g02410	MRG domain-containing protein
2663257	2665746	Cp4.1LG10g02430	MRG domain-containing protein
2670303	2678149	Cp4.1LG10g02250	Cytochrome P450



2678445	2690990	Cp4.1LG10g02310	WD40 repeat-containing protein HOS15-like
2679368	2692918	Cp4.1LG10g02270	pentatricopeptide repeat-containing protein ELI1, chloroplastic
2693506	2694048	Cp4.1LG10g02280	zinc finger protein 7-like
2696637	2707961	Cp4.1LG10g02290	Auxin-responsive GH3 family protein
2711867	2713484	Cp4.1LG10g02190	lysine-rich arabinogalactan protein 18-like
2716040	2718992	Cp4.1LG10g02320	Unknown protein
2719682	2721709	Cp4.1LG10g02210	Unknown protein
2723972	2726263	Cp4.1LG10g02200	subtilisin-like protease SBT1.7
2731779	2745233	Cp4.1LG10g02300	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein
2742647	2750642	Cp4.1LG10g02230	molybdate-anion transporter-like
2750948	2753916	Cp4.1LG10g02260	Acyl-CoA-binding domain-containing protein 3
2755114	2763673	Cp4.1LG10g02220	ribonuclease III domain-containing protein RNC1, chloroplastic-like
2764316	2766614	Cp4.1LG10g02240	Plant protein of unknown function (DUF863)
2772231	2773938	Cp4.1LG10g02170	Peroxidase
2774827	2776158	Cp4.1LG10g02040	GRAS domain-containing protein
2781202	2790720	Cp4.1LG10g02060	Queuosine salvage protein
2782653	2788977	Cp4.1LG10g02160	Acetamidase/Formamidase family protein
2790815	2796549	Cp4.1LG10g02180	casein kinase II subunit alpha-like
2803720	2805977	Cp4.1LG10g02140	N-acetyltransferase domain-containing protein
2806995	2811630	Cp4.1LG10g02030	BTB/POZ domain-containing protein NPY4-like
2818858	2822491	Cp4.1LG10g02070	BTB/POZ and TAZ domain-containing protein 4
2826893	2828347	Cp4.1LG10g02020	protein SHORT-ROOT-like
2830884	2835221	Cp4.1LG10g02090	RING-type E3 ubiquitin transferase
2835926	2838366	Cp4.1LG10g02100	BTB/POZ domain-containing protein
2839291	2839731	Cp4.1LG10g02120	60S ribosomal protein L26



2842060	2853275	Cp4.1LG10g02150	Pentatricopeptide repeat-containing protein
2853798	2859512	Cp4.1LG10g02110	MYB transcription factor
2861316	2865487	Cp4.1LG10g02130	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 4, mitochondrial
2863758	2870145	Cp4.1LG10g02080	Amino-acid N-acetyltransferase
2870693	2872397	Cp4.1LG10g02050	Cyclin-D1-1-like
2872651	2877010	Cp4.1LG10g01980	heptahelical transmembrane protein 4-like
2877221	2880250	Cp4.1LG10g01860	RuvB-like helicase
2882925	2883419	Cp4.1LG10g01850	Uncharacterised conserved protein UCP031279
2886496	2886996	Cp4.1LG10g01930	VQ domain-containing protein
2891520	2896276	Cp4.1LG10g01940	BSD domain-containing protein
2894917	2898351	Cp4.1LG10g01880	ACT domain-containing protein ACR1-like
2899821	2900285	Cp4.1LG10g02010	protein PHLOEM PROTEIN 2-LIKE A10-like
2901281	2902480	Cp4.1LG10g01990	protein PHLOEM PROTEIN 2-LIKE A10-like
2904103	2904507	Cp4.1LG10g01890	Phytosulfokine-beta
2907424	2908071	Cp4.1LG10g01920	basic leucine zipper 8-like
2911162	2914504	Cp4.1LG10g01870	Growth-regulating factor
2922938	2926361	Cp4.1LG10g01960	AP2-like ethylene-responsive transcription factor ANT
2932584	2933396	Cp4.1LG10g01910	inactive LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase BIR2
2935388	2948464	Cp4.1LG10g01950	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase
2942879	2951471	Cp4.1LG10g01900	Unknown protein
2949031	2953256	Cp4.1LG10g02000	Unknown protein
2963038	2964676	Cp4.1LG10g01970	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase
2969451	2972648	Cp4.1LG10g01790	transcription factor MYB36-like
2974494	2981534	Cp4.1LG10g01690	Branched-chain-amino-acid aminotransferase
2982280	2991107	Cp4.1LG10g01700	protein CROWDED NUCLEI 4
2995591	2997426	Cp4.1LG10g01800	Homeobox-leucine zipper protein
2999852	3001472	Cp4.1LG10g01810	Epidermal patterning factor-like protein



3003588	3005667	Cp4.1LG10g01770	Cysteine desulfurase
3006200	3010144	Cp4.1LG10g01840	myb-like protein X isoform X2
3012102	3013244	Cp4.1LG10g01670	Agamous-like MADS-box protein AGL61-like isoform X1
3014740	3020791	Cp4.1LG10g01710	Tubulin alpha chain
3022552	3026002	Cp4.1LG10g01820	Malate dehydrogenase
3024430	3028968	Cp4.1LG10g01720	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein
3030735	3033799	Cp4.1LG10g01750	Phosphotransferase
3034203	3036034	Cp4.1LG10g01760	transcription factor bHLH19-like
3039860	3040767	Cp4.1LG10g01780	transcription factor bHLH25-like
3042569	3045028	Cp4.1LG10g01660	COMPASS-like H3K4 histone methylase component WDR5A
3045894	3051489	Cp4.1LG10g01730	Kinesin-like protein
3053583	3058243	Cp4.1LG10g01680	protein SPT2 homolog
3059096	3062599	Cp4.1LG10g01740	Phosphoenolpyruvate carboxykinase (ATP)
3064949	3069451	Cp4.1LG10g01830	Unknown protein
3077208	3078147	Cp4.1LG10g01610	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein
3080435	3082217	Cp4.1LG10g01520	transcription factor bHLH93
3085618	3089032	Cp4.1LG10g01620	Glycosyl hydrolase family protein
3089108	3094115	Cp4.1LG10g01550	Serine hydroxymethyltransferase
3096610	3098220	Cp4.1LG10g01570	MADS-box transcription factor 23-like
3101888	3105293	Cp4.1LG10g01650	Rhamnogalacturonan endolyase
3105169	3107566	Cp4.1LG10g01530	Alcohol dehydrogenase, putative
3110980	3111927	Cp4.1LG10g01600	dof zinc finger protein DOF5.7-like
3113643	3124959	Cp4.1LG10g01640	Methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase (CoA acylating)
3125138	3129266	Cp4.1LG10g01580	Protein SKIP34
3131942	3137508	Cp4.1LG10g01590	ATP binding protein
3133150	3141011	Cp4.1LG10g01540	O-fucosyltransferase family protein
3143335	3147402	Cp4.1LG10g01560	MADS-box protein SVP-like
3150454	3166702	Cp4.1LG10g01630	kinesin-like protein KIN-14A
3167490	3172496	Cp4.1LG10g01510	UPF0029 domain-containing protein
3174722	3175696	Cp4.1LG10g01430	mitochondrial uncoupling protein 5-like
3176081	3182271	Cp4.1LG10g01390	Unknown protein



3185468	3187954	Cp4.1LG10g01460	B-like cyclin
3189658	3190392	Cp4.1LG10g01350	zinc-finger homeodomain protein 1-like
3195708	3199941	Cp4.1LG10g01360	GLABRA2 expression modulator-like
3205208	3211333	Cp4.1LG10g01500	Protein DETOXIFICATION
3213533	3214225	Cp4.1LG10g01440	protein MIZU-KUSSEI 1-like
3215154	3221841	Cp4.1LG10g01380	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase
3223034	3225400	Cp4.1LG10g01470	homeobox-leucine zipper protein ATHB-6-like
3229641	3240047	Cp4.1LG10g01370	LMBR1 domain-containing protein 2 homolog A-like
3243959	3247117	Cp4.1LG10g01490	serine/threonine-protein kinase SAPK2-like
3248326	3255064	Cp4.1LG10g01480	tRNA (Cytosine(34)-C(5))-methyltransferase-like
3255429	3257379	Cp4.1LG10g01410	ras-related protein Rab11A
3256877	3259121	Cp4.1LG10g01420	Unknown protein
3257612	3260941	Cp4.1LG10g01400	Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase
3262591	3268007	Cp4.1LG10g01450	Transmembrane protein
3268928	3274489	Cp4.1LG10g01310	haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein At4g39970
3275083	3276959	Cp4.1LG10g01180	Alpha/beta hydrolase-1
3279160	3279357	Cp4.1LG10g01140	Prostatic spermine-binding protein
3284674	3285279	Cp4.1LG10g01260	transcription factor MYB41-like
3289803	3292991	Cp4.1LG10g01280	Ras-related protein
3293127	3296717	Cp4.1LG10g01270	CMP-sialic acid transporter 5-like
3297360	3302092	Cp4.1LG10g01300	Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing]
3300424	3304208	Cp4.1LG10g01240	DUF4057 domain-containing protein
3306161	3308964	Cp4.1LG10g01250	ARM-repeat/Tetratricopeptide repeat (TPR)-like protein
3312347	3314537	Cp4.1LG10g01220	Unknown protein
3315727	3318625	Cp4.1LG10g01200	MFS domain-containing protein
3319719	3322117	Cp4.1LG10g01130	VQ domain-containing protein



3325000	3328105	Cp4.1LG10g01330	protein SCO1 homolog 2, mitochondrial
3330052	3331080	Cp4.1LG10g01290	ethylene-responsive transcription factor ERF060-like
3334327	3337046	Cp4.1LG10g01150	Uncharacterised conserved protein (UCP030365)
3337520	3339489	Cp4.1LG10g01190	type I inositol polyphosphate 5-phosphatase 5-like
3341714	3344887	Cp4.1LG10g01230	Inositol-3-phosphate synthase
3345593	3347239	Cp4.1LG10g01170	protein NEN4-like
3348962	3351025	Cp4.1LG10g01320	L-ascorbate oxidase
3351368	3352316	Cp4.1LG10g01340	Peptidylprolyl isomerase
3353347	3354776	Cp4.1LG10g01120	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 23-like
3355516	3359331	Cp4.1LG10g01210	aspartic proteinase-like protein 1 isoform X1
3360182	3369412	Cp4.1LG10g01160	protein CELLULOSE SYNTHASE INTERACTIVE 1
3373191	3379821	Cp4.1LG10g01010	MICOS complex subunit MIC60 isoform X2
3382630	3382848	Cp4.1LG10g00980	Unknown protein
3386256	3388389	Cp4.1LG10g01110	E3 ubiquitin-protein ligase RHA2B-like
3388918	3389169	Cp4.1LG10g00970	Unknown protein
3390404	3395121	Cp4.1LG10g01000	RING-CH-type domain-containing protein
3399821	3407604	Cp4.1LG10g01060	Translation initiation factor IF-2, putative isoform 1
3406419	3408269	Cp4.1LG10g01040	Pentatricopeptide repeat-containing protein
3409853	3431005	Cp4.1LG10g01100	Cytochrome P450
3430881	3437314	Cp4.1LG10g00990	Protein kinase domain-containing protein
3438666	3450083	Cp4.1LG10g01050	protein ACTIVITY OF BC1 COMPLEX KINASE 8, chloroplastic-like
3452387	3455475	Cp4.1LG10g01070	protein CPR-5
3457736	3460519	Cp4.1LG10g01080	BES1/BZR1 homolog protein 2-like
3462622	3464825	Cp4.1LG10g01090	UDP-glycosyltransferase 72E2-like



3464534	3468453	Cp4.1LG10g01020	Glycerophosphodiester phosphodiesterase
3469372	3477541	Cp4.1LG10g01030	aminopeptidase P1
3479482	3481435	Cp4.1LG10g00750	NAD(P)H dehydrogenase (quinone)

Cucurbita pepo tiene un importante valor económico en todo el mundo. Se han desarrollado muchas estrategias de investigación para la mejora de esta especie. Una de ellas consiste en explotar la variabilidad natural y la información genómica generada en la última década a través de los Estudios de Asociación del Genoma (GWAS). El objetivo principal es localizar regiones candidatas con asociación (GWAS) a caracteres con valor agronómico. En este trabajo nos centramos en parámetros vegetativos como el hábito de crecimiento de la planta, la cantidad de tricomas y la producción de zarcillos. Al menos siete plantas por accesión de un total de 127 fueron fenotipadas para estos caracteres. Los datos genómicos y la información de los genes putativos implicados en el control de los diferentes caracteres vegetativos se obtuvieron de CuGenDB (<http://cucurbitgenomics.org/>). El análisis GWAS se realizó utilizando tanto el Modelo Lineal Mixto (MLM) como el Modelo Lineal Generalizado (GLM). Los resultados permitieron detectar diferentes regiones genómicas con impacto potencial en los caracteres. Las cinco regiones genómicas más relevantes en ambos análisis estadísticos, MLM y GLM, fueron analizadas en profundidad para cada carácter. Regiones en el cromosoma 1 y 10 para el hábito de crecimiento y la producción de tricomas y regiones en el cromosoma 4 y 10 para la producción de zarcillos. Se discuten los genes candidatos de cada región. Entre los genes relacionados con el hábito de crecimiento hemos detectado un gen a *TFL-1 like* (Cp4.1LG10g04120) con homología al represor del desarrollo del meristemo floral en *Arabidopsis TFL-1*. Se han detectado dos genes *GLABRA2* en la región del cromosoma 10 con asociación a la producción de tricomas y un *TCP20-like* (Cp4.1LG04g06060) en la región del cromosoma 4 con asociación a la producción de zarcillos.

Cucurbita pepo it is a worldwide cultivated, consequently has an important economic value. There are developed many research strategies for breeding this species. One of these exploits natural variability and the genomic information generated in the last decade through Genome-Wide Association Study (GWAS). The main goal is to locate candidate regions with association (GWAS) to traits with agronomic value. In this work we focus on vegetative parameters such as plant growth habit, amount of trichomes and tendril production. At least seven plants per accession of a total of 127 were phenotyped for these traits. Genomic data and the information of putative genes involved in the control of different vegetative traits were obtained from CuGenDB (<http://cucurbitgenomics.org/>). GWAS analysis was performed using both, *Mixed Linear Model* (MLM) and *Generalized Linear Model* (GLM). The results let to detect different genomic regions with potential impact on the traits. The five most relevant genomic regions in both statistical analyses, MLM and GLM, were deeply analysed for each trait. Regions on chromosome 1 and 10 for growth habit and trichome production and regions in chromosome 4 and 10 for tendrils production. Candidate genes of each region are discussed. Among genes related with growth habit we have detected a *TFL-1 like* gene (Cp4.1LG10g04120) with homology to the repressor of floral meristem development in *Arabidopsis TFL-1*. Two *GLABRA2* genes have been detected in the region of chromosome 10 with association to trichomes production and a *TCP20-like* (Cp4.1LG04g06060) in the region of chromosome 4 with association to tendrils production.

