

A

LOC_Os01g19220

P GGTCTGGCGCGCTGGGAGTACTGCAAGCAGCTCACCTACAAGGCCGGGGTGTCTCTGCGCCGCCGGCGTGCCCGGCCGTGAACGTGGCCAGCCACGCGTGCCAG : 100
 I GGTCTGGCGCGCTGGGAGTACTGCAAGCAGCTCACCTACAAGGCCGGGGTGTCTCTGCGCCGCCGGCGTGCCCGGCCGTGAACGTGGCCAGCCACGCGTGCCAG : 100
 F GGTCTGGCGCGCTGGGAGTACTGCAAGCAGCTCACCTACAAGGCCGGGGTGTCTCTGCGCCGCCGGCGTGCCCGGCCGTGAACGTGGCCAGCCACGCGTGCCAG : 100

P GAGGAGGTCAGCTTCGCCGTCACGGTGGCCAACACGGGCGGGCAGGGACGGCACCCACGTCGTGCCGGTGTACACGGCGCCGCCGGCCGAGGTGGACGGCG : 200
 I GAGGAGGTCAGCTTCGCCGTCACGGTGGCCAACACGGGCGGGCAGGGACGGCACCCACGTCGTGCCGGTGTACACGGCGCCGCCGGCCGAGGTGGACGGCG : 200
 F GAGGAGGTCAGCTTCGCCGTCACGGTGGCCAACACGGGCGGGCAGGGACGGCACCCACGTCGTGCCGGTGTACACGGCGCCGCCGGCCGAGGTGGACGGCG : 200

P CGCCGCGGAAGCAGCTGGTGGCGTTCCGGCGGGTGCGGGTGGCCGCGGGCGCCGCCGTCGAGGTGGCCTTCGCGCTCAACGTGTGCAAGGCGTTTCGCGAT : 300
 I CGCCGCGGAAGCAGCTGGTGGCGTTCCGGCGGGTGCGGGTGGCCGCGGGCGCCGCCGTCGAGGTGGACCTTCGCGCTCAACGTGTGCAAGGCGTTTCGCGAT : 300
 F CGCCGCGGAAGCAGCTGGTGGCGTTCCGGCGGGTGCGGGTGGCCGCGGGCGCCGCCGTCGAGGTGGCCTTCGCGCTCAACGTGTGCAAGGCGTTTCGCGAT : 300

P CGTCGAGGAGACGGCGTACACCGTCGTGCCGTCGGGAGTCAGCAGGGTCCTCGTCGGAGACGACGCGCTGTCGCTGTCCTTCCCTGTTTCAGATCGACCTG : 400
 I CGTCGAGGAGACGGCGTACACCGTCGTGCCGTCGGGAGTCAGCAGGGTCCTCGTCGGAGACGACGCGCTGTCGCTGTCCTTCCCTGTTTCAGATCGACCTG : 400
 F CGTCGAGGAGACGGCGTACACCGTCGTGCCGTCGGGAGTCAGCAGGGTCCTCGTCGGAGACGACGCGCTGTCGCTGTCCTTCCCTGTTTCAGATCGACCTG : 400

P CAGGCGGCAGCATAGCAGCATAGGTTTCTCTGCAATTCTTGGAGTTCGTTGGATTCTTTTGCTGGGGTGGTAAAAGGT : 477
 I CAGGCGGCAGCATAGCAGCATAGTTTTCTCTGCAATTCTTGGAGTTCGTTGGATTCTTTTGCTGGGGTGGTAAAAGGT : 477
 F CAGGCGGCAGCATAGCAGCATAGGTTTCTCTGCAATTCTTGGAGTTCGTTGGATTCTTTTGCTGGGGTGGTAAAAGGT : 477

B

LOC_Os01g19400

P TGAAGTTGAGTTGTCTTGAAGTGGGTCACTATGAAAACTATCAGCTGTCATTATACTTAACCTGGGAAAAATGCAATGAAGTTATTTTCTGATTTCTCCTGA : 100
 I TGAAGTTGAGTTGTCTTGAAGTGGGTCACTATGAAAACTATCAGCTGTCATTATACTTAACCTGGGAAAAATGCAATGAAGTTATTTTCTGATTTCTCCTGA : 100
 F TGAAGTTGAGTTGTCTTGAAGTGGGTCACTATGAAAACTATCAGCTGTCATTATACTTAACCTGGGAAAAATGCAATGAAGTTATTTTCTGATTTCTCCTGA : 100

P AGTGCTCTACTTGCAAAATGATTTGCTATCGCTGGACTTAAGAACTTGTGACACATTGAGCAGTTGCAGTGCAATTTCTATG : 182
 I AGTGCTCTACTTGCAAAATGATTTGCTATCGCTGGACTTAAGAACTTGTGACACATTGAGCAGTTGCAGTGCAATTTCTATG : 182
 F AGTGCTCTACTTGCAAAATGATTTGCTATCGCTGGACTTAAGAACTTGTGACACATTGAGCAGTTGCAGTGCAATTTCTATG : 182

C

SKC1

P CTTTTTTTTTTTCGGGGTTATGCATGTAAGCAAGTA
 I CTTTTTTTTTTTGGGTAAATGCATGTAAGCAAGTA
 F CTTTTTTTTT-CTGGGTAAATGCATGTAAGCAAGTA