

C2_At5g25760, Chromosome XI, 89.5 cM

Brenda Esperanza Garcia Contreras and Douglas P. Maxwell, University of Wisconsin-Madison

February 7, 2007

Primers:

Table 1: PCR Primers on Chr. 11

Primer name	Sequence (5' to 3')
C2-11-89F	TCCTTATGATGGTGGAGTTTTCCAG (SGN primers)
C2-11-89R	AAAGCAATTATAGCTCGACAAACAG (SGN primers)

PCR at 53 C, (TGEN53), 1300-bp fragment.

SEQ M82, 910 bp, partial sequence

ORIGIN

```
1      TCGAGCAGTA TCCATTGCAA CCTCCTCAAG TGCGGTTCTT GACCAAATA TTTACCCAA
61     ATGTTTCATTT TAAGGTATCT CCTTAATAAT CTTTGTGTTG CTCTTTGGTT TCTTAAATGA
121    AATTAACCTT TGGTTAGAGT CTGATATTAC TGAAGTACCG TAAGACACTA GTGGAAATGG
181    TTATCTGTTT CCTGCTTTGT CCTTCGATAA AGCAAACCTAT TGTAAGTGC TGCTTCTCTC
241    TCTCTCTCTC TTTATGTAAA CTTATTGAGC AAAGTTAATT ACAACGAAAC ACTGTTTTTC
301    TGCTCAATTG TTTGGGGCAA TGTCAAACCT CTCTCCCACT TCTCTTTCCC TTAGCCCCAT
361    GCTTCATTGA GACATATTTT AGATTCACGT GCAACATTAA TTTGGCCATT GTACTGCGGA
421    ATTAGTTTAC CGACTACCAA TCAACCAGCC AACCGATTAA TTATTTTCTA ATCCTAAACT
481    CTTTAGGTCA GCTTCTGAGT CCTCAATGTC CATTACGCTC TATCCTAGGT CAGCACTCAG
541    TGGATTTCATC ATACTAAGAA TGTCAACCTA CTGCAACCTT CATGTTTTAT AGGCTAGGAC
601    CTGCTATACT TTGTGCATAA GTTGAGTTTC AGATTAGCTT TTTCTTTATA ACTGATAAAG
661    TTTGAGATTA ATTGTTTACT ATGTGTTGTA AATTGCATTA ATTATAATAT TATATGCAAT
721    TGAGTACTGA ATGTAAGAAG CATGTTCTTA TGTTAAACT CATTAAATTA TGTCATTAGT
781    AATTGTGTGA ACTTCTAGTG GAATACCTTT TACATCCCTC CCCCCTCCC CCCGTCGTAG
841    TCTTGTACTT GTATATGTAA AGGTTAATCT TTTGTTTGAA CATTGTAATT ATCTGGGCTC
901    CAAAACAGGG
```

SEQ GhI902b, 676 bp, partial sequence

ORIGIN

```
1      TCTCTCTCTC TCTCTCTTTA TGTAACCTTA TTTGAGCAAAG TTAATTACAA CGAAACACTG
61     TTTTTCTGCT CAATTGTTTG GGGCAATGTC AAACCTCTCT CCCACTTCTC TTTCCCTTAG
121    CCCCATGCTT CATTGAGACA TATTTTAGAT TCACGTGCAA CATTAAATTTG GCCATTGTAC
181    TGCGGAATTA GTTTACCGAC TACCAATCAA CCAGCCAACC GATTAATTAT TTTCTAATCC
241    TAAACTCTTT AGGTCAGCTT CTGAGTCCTC AATGTCCATT ACGCTCTATC CTAGGTCAGC
301    ACTCAGTGGA TTCATCATA CTAAGAATGTC AACCTACTGC AACCTTCATG TTTTATAGGC
361    TAGGACCTGC TATACTTTGT GCATAAGTTG AGTTTCAGAT TAGCTTTTTTC TTTATAACTG
421    ATAAAGTTTG AGATTAATTT TTTACTATGT GTTGTAATTT GCATTAATTA TAATATTATA
481    TGCAATTGAG TACTGAATGT AAGAAGCATG TTCTTATGTT AAAACTCATT AATTTATGTC
```

541 ATTAGTAATT GTGTGAACTT CTAGTGGAAT ACCTTTTACA TCCCTCCCCC CCTCCCCCG
601 TCGTAGTCTT GTACTTGTAT ATGTAAAGGT TAATCTTTTG TTTGAACATT GTAATTATCT
661 GGGCTCCAAA ACAGGG

SEQ Gc143-2, 911 bp, partial sequence

ORIGIN

1 TTCGAGCAGT ATCCATTGCA ACCTCCTCAA GTGCGGTTCC TGACCAAAAT ATTTCACCCA
61 AATGTTTATT TTAAGGTATC TCCTTAATAA TCCTTGTGTT GCTTTTTGGT TTCTTAAATG
121 AAATTAAGT TTTGGTTAGAG TCTGATATTA CTGAAGTACC GTAAGACACT AGTGGAAATG
181 GTTATCTGTT TCCTGCTTTG TCCTTCGATA AAGCAAAC TAAGTAAAGTG CTGCTTCTCT
241 CTCTCTCTCT CTTTATGTAA ACTTATTGAG CAAAGTTAAT TACAACGAAA CACTGTTTTT
301 CTGCTCAATT GTTTGGGGCA ATGTCAAACC TCTCTCCCAC TTCTCTTTCC CTTAGCCCCA
361 TGCTTCATTG AGACATATTT TAGATTACAG TGCAACATTA ATTTGGCCAT TGTACTGCGG
421 AATTAGTTTA CCGACTACCA ATCAACCAGC CAACCGATTA ATTATTTTCT AATCCTAAAC
481 TCTTTAGGTC AGCTTCTGAG TCCTCAATGT CCATTACGCT CTATCCTAGG TCAGCACTCA
541 GTGGATTTCAT CATACTAAGA ATGTCAACCT ACTGCAACCT TCATGTTTTA TAGGCTAGGA
601 CCTGTATAC TTTGTGCATA AGTTGAGTTT CAGATTAGCT TTTTCTTTAT AACTGATAAA
661 GTTTGAGATT AATTGTTTAC TATGTGTTGT AAATTGCATT AATTATAATA TTATATGCAA
721 TTGAGTACTG AATGTAAGAA GCATGTTCTT ATGTTAAAAC TCATTAATTT ATGTCATTAG
781 TAATTGTGTG AACTTCTAGT GGAATACCTT TTACATCCCT CCCCCCTCC CCCCCTCGTA
841 GTCTTGTACT TGTATATGTA AAGGTTAATC TTTTGTGTTGA ACATTGTAAT TATCTGGGCT
901 CCAAAACAGG G

SEQ H24, 873 bp, partial sequence

ORIGIN

1 GGTGCACCTC CGTCAAGTGC GGTTCCTGAC CAAAATATTT CACCCNNNNN NNNNTTTTAA
61 GGTATCTCCT AAATAATCCT TGTGTTGCTC TTTGGTTTCT TAAATGAAAT TAAACTTTGG
121 TTAGAGTCTG ATATTACTGA AGTACCGTAA GACTACTAGT GAAATTGTTT TCTGTTTCTT
181 GCTTTGTCCT TCGATAAAGC AAACATTTGT AAAGTGCTGC TTCTCTCTCT CTCTCTCTCT
241 CTTTATGTAA ACTTATTGAG CAAAGTTAAT TACAACGAAA CACTGTTTTT CTGCTCAATT
301 GTTTGGGGCA ATGTCAAACC TCTCTCCCAC TTCCCTTTCC CTTAGCCCCA TGCTTCATTG
361 AGACATATTT TAGATTACAG TGCAACATTA ATTTGGCCAT TGTACTGTGG AATTAGTTTA
421 CCGACTACCA ATCAACCTAC TGCAACATTC ATGGGTGAGC TTCTGAGTCC TCAATGTCCA
481 TTACGCTCTT TCATGGGTCA GCACTCAGTG GATTATCAT ACTAAGAATG TCAACCTACT
541 GCAACATTCA TGTTTTATAG GCTAGGACCT GCTATACTTT GTGCATAAGT TGAGTTTGAG
601 ATTAGCTTTT TCTTTATAAC TGATAAAGTT TGAGACTAGT TGTTTACTAT GTGTTGTTTA
661 ATTATAATAT TATATGCAAT TGAGTACTGA ATGTAGGAAG CATGTTCTTA TGTTAAAAC
721 CATTAAATTA TGTCATTAGA AATTGTGTGA ACTTCTAGTG GAATACATTT TACATCCCT
781 CTCCCTTCC CCCCATCGGA GTCTTGTCTT TGTATATGTA AAGGTTAATC TTTTGTGTTGA
841 ACATTGGTAA TTATCTGGGG CTCCAAAACA GGG

SEQ M82, Gc143-2, Glh902b,H24

NAMES: Gc143-2, Glh902b, M82, H24

ORIGIN

Gc143-2-C2F-R	CTCTCTCTCTCT...TTATGTAAACTTATTGAGCAAAGTTAATTACAACGAAACACTGT	296
902_C2F-R	CTCTCTCTCTCT...TTATGTAAACTTATTGAGCAAAGTTAATTACAACGAAACACTGT	61
M82-C2F	CTCTCTCTCTCT...TTATGTAAACTTATTGAGCAAAGTTAATTACAACGAAACACTGT	295
H24-C2F	CTCTCTCTCTCTCTCTTTATGTAAACTTATTGAGCAAAGTTAATTACAACGAAACACTGT	286
Consensus	ctctctctctctct ttatgtaaacttattgagcaaagttaattacaacgaaacactgt	
Gc143-2-C2F-R	TTTTCTGCTCAATTGTTTGGGGCAATGTCAAACCTCTCTCCCACTTCCTTTCCCTTAGC	356
902_C2F-R	TTTTCTGCTCAATTGTTTGGGGCAATGTCAAACCTCTCTCCCACTTCCTTTCCCTTAGC	121
M82-C2F	TTTTCTGCTCAATTGTTTGGGGCAATGTCAAACCTCTCTCCCACTTCCTTTCCCTTAGC	355
H24-C2F	TTTTCTGCTCAATTGTTTGGGGCAATGTCAAACCTCTCTCCCACTTCCTTTCCCTTAGC	346
Consensus	ttttctgctcaattgtttggggcaatgtcaaacctctctcccacttc ctttcccttagc	
Gc143-2-C2F-R	CCCATGCTTCATTGAGACATATTTTAGATTACCGTGAACATTAATTTGGCCATTGTACT	416
902_C2F-R	CCCATGCTTCATTGAGACATATTTTAGATTACCGTGAACATTAATTTGGCCATTGTACT	181
M82-C2F	CCCATGCTTCATTGAGACATATTTTAGATTACCGTGAACATTAATTTGGCCATTGTACT	415
H24-C2F	CCCATGCTTCATTGAGACATATTTTAGATTACCGTGAACATTAATTTGGCCATTGTACT	406
Consensus	cccatgcttcattgagacatatTTTAGATTACCGTGAACATTAATTTGGCCATTGTACT	
Gc143-2-C2F-R	GCGGAATTAGTTTACCGACTACCAATCAACCAGCCAACCGATTAATTATTTTCTAATCCT	476
902_C2F-R	GCGGAATTAGTTTACCGACTACCAATCAACCAGCCAACCGATTAATTATTTTCTAATCCT	241
M82-C2F	GCGGAATTAGTTTACCGACTACCAATCAACCAGCCAACCGATTAATTATTTTCTAATCCT	475
H24-C2F	GCGGAATTAGTTTACCGACTACCAATCAACCAGCCAACCGATTAATTATTTTCTAATCCT	443
Consensus	g ggaattagtttaccgactaccaatcaacc agccaacCGATTAATTATTTTCTAATCCT	
Gc143-2-C2F-R	AAACTCTTTAGGTCAGCTTCTGAGTCCCTCAATGTCCATTACGCTCTATCCTAGGTCAGCA	536
902_C2F-R	AAACTCTTTAGGTCAGCTTCTGAGTCCCTCAATGTCCATTACGCTCTATCCTAGGTCAGCA	301
M82-C2F	AAACTCTTTAGGTCAGCTTCTGAGTCCCTCAATGTCCATTACGCTCTATCCTAGGTCAGCA	535
H24-C2F	AAACTCTTTAGGTCAGCTTCTGAGTCCCTCAATGTCCATTACGCTCTATCCTAGGTCAGCA	503
Consensus	aa t t ggtcagcttctgagtcctcaatgtccattacgctct tc t ggtcagca	
Gc143-2-C2F-R	CTCAGTGGATTATCATACTAAGAATGTCAACCTACTGCAACCTTCATGTTTTATAGGCT	596
902_C2F-R	CTCAGTGGATTATCATACTAAGAATGTCAACCTACTGCAACCTTCATGTTTTATAGGCT	361
M82-C2F	CTCAGTGGATTATCATACTAAGAATGTCAACCTACTGCAACCTTCATGTTTTATAGGCT	595
H24-C2F	CTCAGTGGATTATCATACTAAGAATGTCAACCTACTGCAACCTTCATGTTTTATAGGCT	563
Consensus	ctcagtggtattcatcataactaagaatgtcaacactactgcaac ttcattgTTTTATAGGCT	
Gc143-2-C2F-R	AGGACCTGCTATACTTTGTGCATAAGTTGAGTTTCTGATTAGCTTTTTCTTTATAACTGA	656
902_C2F-R	AGGACCTGCTATACTTTGTGCATAAGTTGAGTTTCTGATTAGCTTTTTCTTTATAACTGA	421
M82-C2F	AGGACCTGCTATACTTTGTGCATAAGTTGAGTTTCTGATTAGCTTTTTCTTTATAACTGA	655
H24-C2F	AGGACCTGCTATACTTTGTGCATAAGTTGAGTTTCTGATTAGCTTTTTCTTTATAACTGA	623
Consensus	aggacctgctatactTTTGTGCATAAGTTGAGTTTCTGATTAGCTTTTTCTTTATAACTGA	
Gc143-2-C2F-R	TAAAGTTTGAGATTAAATTGTTTACTATGTGTTGTAATTTGCAATTAATTATAATATTATAT	716
902_C2F-R	TAAAGTTTGAGATTAAATTGTTTACTATGTGTTGTAATTTGCAATTAATTATAATATTATAT	481
M82-C2F	TAAAGTTTGAGATTAAATTGTTTACTATGTGTTGTAATTTGCAATTAATTATAATATTATAT	715
H24-C2F	TAAAGTTTGAGATTAAATTGTTTACTATGTGTTGTAATTTGCAATTAATTATAATATTATAT	675
Consensus	taaagtttgaga ta ttgTTTactatgtgtgt ttaattataatattatattat	
Gc143-2-C2F-R	GCAATTGAGTACTGAATGTAAGAAGCATGTTCTTATGTTAAAACCTCATTAATTTATGTCA	776
902_C2F-R	GCAATTGAGTACTGAATGTAAGAAGCATGTTCTTATGTTAAAACCTCATTAATTTATGTCA	541
M82-C2F	GCAATTGAGTACTGAATGTAAGAAGCATGTTCTTATGTTAAAACCTCATTAATTTATGTCA	775
H24-C2F	GCAATTGAGTACTGAATGTAAGAAGCATGTTCTTATGTTAAAACCTCATTAATTTATGTCA	735
Consensus	gcaattgagtactgaatgta gaagcatgttcttattgTTAAAACCTCATTAATTTATGTCA	

Gc143-2-C2F-R	TTAGTAATTGTGTGAACTTCTAGTGGAATACCTTTTACATCCC.TCCCCCTCCCCCG	835
902_C2F-R	TTAGTAATTGTGTGAACTTCTAGTGGAATACCTTTTACATCCC.TCCCCCTCCCCCG	600
M82-C2F	TTAGTAATTGTGTGAACTTCTAGTGGAATACCTTTTACATCCC.TCCCCCTCCCCCG	834
H24-C2F	TTAGAAATTGTGTGAACTTCTAGTGGAATACAATTTTACATCCCCTCTCCCCCTCCCCCa	795
Consensus	ttag aattgtgtgaacttctagtggaatac ttttcatccc tc cccc tcccc	
Gc143-2-C2F-R	TCGTAGTCTTGTACTTGTATATGTAAAGGTTAATCTTTTGTGTTGAACATTG.TAATTATC	894
902_C2F-R	TCGTAGTCTTGTACTTGTATATGTAAAGGTTAATCTTTTGTGTTGAACATTG.TAATTATC	659
M82-C2F	TCGTAGTCTTGTACTTGTATATGTAAAGGTTAATCTTTTGTGTTGAACATTG.TAATTATC	893
H24-C2F	TCGGAGTCTTGTCTTGTATATGTAAAGGTTAATCTTTTGTGTTGAACATTGGTAATTATC	855
Consensus	tcg agtcttgt cttgtatatgtaaaggttaatcttttgtttgaacattg taattatc	
Gc143-2-C2F-R	TGGG.CTCCAAAACAGGG	911
902_C2F-R	TGGG.CTCCAAAACAGGG	676
M82-C2F	TGGG.CTCCAAAACAGGG	910
H24-C2F	TGGGGCTCCAAAACAGGG	873
Consensus	tggg ctccaaaacaggg	

Comments: Sequence M82 = Gc143-2 = Glh902b ≠ H24 [There is an introgression from wild species *S. habrochaites* found in begomovirus-resistant breeding lines, H24 (Ty-2 locus).]