Gene name Gene ID

DGAT1A Glyma.13G106100

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.13G106100.1  
AGAAATCTGTTGTTTATTTTTTGGTGAAGAGAAGACTGAGTTAGTAAACACGCTCGCTCGGTCTTCTTTTCCAATGGCGATTTCCGATGAGCCTGAAACTGTAGCCACTGCTCTCAACCACTCTTCCCTGCGCCGCCGTCCCACCGCCGCTGGCCTCTTCAATTCGCCCGAGACGACCACCGACAGTTCCGGTGATGACTTGGCCAAGGATTCCGGTTCCGACGACTCCATCAGCAGCGACGCCGCCAATTCGCAACCGCAACAAAAACAAGACACTGATTTCTCCGTCCTCAAATTCGCCTACCGTCCTTCCGTCCCCGCTCATCGCAAAGTGAAGGAAAGTCCGCTCAGCTCCGACACCATTTTCCGTCAGTTGCAGAGTCACGCGGGCCTCTTCAACCTCTGTATAGTAGTCCTTGTTGCTGTGAATAGCCGACTCATCATTGAGAATTTAATGAAGTATGGTTGGTTGATCAAATCTGGCTTTTGGTTTAGCTCAAAGTCATTGAGAGACTGGCCCCTCTTCATGTGTTGTCTTTCTCTTGTGGTATTTCCTTTTGCTGCATTTATAGTGGAGAAGTTGGCACAGCAGAAGTGTATACCCGAACCAGTTGTTGTTGTACTTCATATAATCATTACCTCAGCTTCACTTTTCTATCCAGTTTTAGTAATTCTCAGGTGTGATTCTGCTTTTCTATCAGGTGTTACGTTAATGCTATTTGCTTGTGTTGTATGGTTAAAATTGGTGTCTTATGCACATACAAACTATGATATGAGAGCACTTACCAAATCAGTTGAAAAGGGAGAAGCTCTGCCCGATACTCTGAACATGGACTATCCTTACAATGTAAGCTTCAAGAGCTTAGCATATTTCCTGGTTGCCCCTACATTATGTTACCAGCCAAGCTATCCTCGCACACCTTATATTCGAAAGGGTTGGCTGTTTCGCCAACTTGTCAAGCTGATAATATTTACAGGAGTTATGGGATTTATAATAGAACAATACATTAATCCCATTGTACAAAATTCACAGCATCCTCTCAAGGGAAACCTTCTTTACGCCATCGAGAGAGTTCTGAAGCTTTCTGTTCCAAATTTATATGTGTGGCTCTGCATGTTCTATTGCTTTTTCCACCTTTGGTTAAATATATTGGCAGAGCTTCTTCGATTTGGTGATCGTGAATTCTACCAGGATTGGTGGAATGCCAAAACTGTTGAAGATTATTGGAGGATGTGGAATATGCCTGTTCACAAATGGATGATCCGCCACCTATATTTTCCATGTTTAAGGCACGGTATACCAAAGGCCGTTGCTCTTTTAATTGCCTTCCTGGTTTCTGCTTTATTCCATGAGCTGTGCATCGCTGTTCCTTGCCACATATTCAAGTTGTGGGCTTTCGGTGGAATTATGTTTCAGGTTCCTTTGGTCTTCATCACTAATTATCTGCAAAATAAATTCAGAAACTCGATGGTTGGAAATATGATTTTTTGGTTCATATTCAGTATTCTTGGTCAACCTATGTGCGTACTGCTATATTACCATGACTTAATGAATAGGAAAGGCAAACTTGACTGAAGGTGCACGTGGATAAGCTTTTCTGTTTTTGGAGTGTATAATTGATGTCGATATGTTGATCAATATTGTTTTCCACGAGTACTTTCATCTACCATGGCAGTGGCTGCTCTGAAGGATTTCCACCTGATATACCAGGTCGCGAGGCTAATTCATCTTGATCTATGTACTTATCAACTCTCCTCTGGCAATTGTATCGATATATGCAATTTTGAGAGCCATACACTGGCATTGATAACTGCCAAGGAACAGTGTAGCTGTTTTCTGTTAAATGTTAATTAGTAGAGAGCTAGATGTAAATAATTTATGCTCAATATATTTATTTCTTCCTATTCTTC

DGAT1B Glyma.17G053300

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.17G053300.1  
AAGAGAAGACTGAGTTAGAAAACACGCTCGGTCTTCTTCTCCAATGGCGATTTCCGATGAGCCTGAAAGTGTAGCCACTGCTCTCAACCACTCTTCCCTGCGCCGCCGTCCCTCCGCCACCTCCACCGCCGGCCTCTTCAATTCGCCTGAGACAACCACCGACAGTTCCGGTGATGACTTGGCCAAGGATTCTGGTTCCGACGACTCCATCAACAGCGACGACGCCGCCGTCAATTCCCAACAGCAAAACGAAAAACAAGACACTGATTTCTCCGTCCTCAAATTCGCCTACCGTCCTTCCGTCCCCGCTCACCGCAAAGTGAAGGAAAGTCCGCTCAGCTCCGACACTATTTTCCGTCAGAGTCACGCGGGCCTCTTCAACCTTTGTATAGTAGTCCTTGTTGCTGTGAATAGCCGACTCATCATTGAGAATTTAATGAAGTATGGTTGGTTGATCAAATCTGGCTTTTGGTTTAGTTCAAAGTCATTGAGAGACTGGCCCCTTTTCATGTGTTGTCTTTCTCTTGTGGTATTTCCTTTCGCTGCCTTTATAGTGGAGAAGTTGGCACAACGGAAGTGTATACCCGAACCAGTTGTTGTTGTACTTCATATAATCATTACCTCAACTTCGCTTTTCTATCCAGTTTTAGTTATTCTCAGGTGTGATTCTGCTTTTGTATCAGGTGTCACGTTAATGCTGTTTTCTTGTGTTGTATGGTTAAAATTGGTGTCTTATGCACATACAAACTATGATATGAGAGCACTTACCAAATTAGTTGAAAAGGGAGAAGCACTGCTCGATACTCTGAACATGGACTATCCTTACAACGTAAGCTTCAAGAGCTTGGCATATTTCCTGGTTGCCCCTACATTATGTTACCAGCCAAGCTATCCTCGCACACCTTATATTCGAAAGGGTTGGTTGTTTCGCCAACTTGTCAAGCTGATAATATTTACAGGAGTTATGGGATTTATAATAGAACAATATATTAATCCCATAGTACAAAATTCACAGCATCCTCTCAAGGGAAACCTTCTTTACGCCACCGAGAGAGTTCTGAAGCTTTCTGTTCCAAATTTATATGTGTGGCTCTGCATGTTCTATTGCTTTTTCCACCTTTGGTTAAATATCCTGGCAGAGCTTCTTCGATTTGGTGATCGTGAATTCTACAAGGATTGGTGGAATGCCAAAACTGTCGAAGATTATTGGAGGATGTGGAATATGCCTGTTCACAAATGGATGATCCGCCACCTATATTTTCCATGTTTAAGGCACGGTCTACCAAAGGCTGCTGCTCTTTTAATTGCCTTCCTGGTTTCTGCTTTATTCCATGAGCTGTGCATTGCTGTTCCTTGCCACATATTCAAGTTGTGGGCTTTCGGTGGAATTATGTTTCAGGTTCCTTTGGTCTTGATCACTAATTATCTGCAAAATAAATTCAGAAACTCAATGGTTGGAAATATGATTTTTTGGTTCATATTCAGTATCCTTGGTCAACCTATGTGTGTACTGCTATACTACCATGACTTGATGAATAGGAAAGGCAAACTTGACTGAAGCTACGGCCATTACATTTTAAAGGTGCACATGGATGAGCTTTTCAGTTTTCAGATTGTAAAATTGATGTGGATATGTTGGTCAATATTTGTTTTCTACGAATGCTTTCATCTACCATGGCATTGGCTGCTCTGAAGGAATTCCACGGGATATGCCAGTTCACGAGGCTAATTCATTATCTTGATCTATGTACTTACCAACTCTCCTCTGGCAATTGTATCAAAATATGCAATTTTGAGAGCCATACACTGGCATTGATAACTGCCAAGGAACACTCTAACTGTTTTCTGTTAACTGTTAATTAGTAGAGGGCTAGATGTAAATGGTTTATGCTCAATATATTTATTTCCTCCTAGTCTTCAAGTTCCACGGATGAATGATGTCTTTATAGCAGTTTTTTTCTT

DGAT1C Glyma.09G065300

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.09G065300.1  
ACCACACGACGACGCTAGACCCTCCCCCATTCTTTTTTTTCCCTTTAATTCCCCTGACGCCATTCCGCGAAATTTCGCTCTTATATCCCACGACCTCGTTTCCAATCTTTTTTCTTAATTGATTCTGATTCTGATTTCTTTCTCTTTTTCTCTCTCCCTATATAAAAGACATTCGCAGTCTTTTTTACATTAAAAGAATAATCATTTTTGCACTGCCACGTGAGTGCCGTGTGGCGAAAGAGTAAACAAAACCGTTACTCCCTGCCGATGGCGATCTCCGATGTGCCTGCAGCCGCTGGCACGACCGCCACTACCACCAGCGACTCAGATCTCCGACAGCCTTCTCTGCGGCGCAGGTCCTCCGCCGGAGTCCTCTTCGACGCTGCCAGAGATTCCGGCTCCGACAATTCCCTGACCGGCAAAATCACCGACGACGACAACATCAAAGATCACAAGCCGAATAATCACGCAGCCTCCGACGACAATGTGGGCGCCGCCGCCAATGACGCTGGGCAGGAGCACCGACAACCGGTCGCCGATTTCAAATACGCTTACCGTCCCTCCGTTCCCGCGCACCGCAGAATCAAGGAGAGCCCCCTTAGCTCCGACAACATCTTCAGACAGAGTCATGCAGGACTGTTCAATCTCTGCATAGTAGTGCTTGTTGCCGTGAACAGCAGACTTATCATTGAGAATTTAATGAAGTATGGTTGGTTGATCAAGTATGGCTTTTGGTTTAGTTCAAAATCATTGAGAGATTGGCCTCTCTTCATGTGCTGTCTTAGTCTTGCCATATTTCCACTTGCTGCCTTTGTTGTGGAAAGGTTGGCACAACAAAAGTGTATTTCTGAACCAGTTGTTGTTCTACTTCATCTAATAATATCAACTGTTGAACTGTGCTATCCGGTTTTAGTAATACTCAGGTGTGATTCTGCTTTTGTATCTGGTGTCACGTTGATGCTATTAACTTGCATTGTGTGGTTAAAATTGGTGTCATATGCACATACAAACTATGATATGAGAGCACTTACTGTTTCGAATGAAAAGGGAGAAACATTACCCAATACTTTGATTATGGAGTATCCGTACACTGTGACCTTCAGGAGTTTGGCATACTTCATGGTTGCTCCTACATTATGCTATCAGACAAGCTATCCTCGCACACCTTCAGTTCGAAAGGGTTGGGTGTTTCGTCAACTTGTCAAGCTGATAATATTTACAGGAGTTATGGGATTTATAATAGAACAATATATGAATCCTATTGTACAAAACTCAACTCATCCTTTGAAGGGAAACCTTCTATATGCCATTGAGAGAATTCTGAAGCTTTCTGTCCCAAATGTATATGTGTGGCTCTGCATGTTCTACTGCTTTTTCCACCTTTGGTTAAATATACTTGCAGAGCTTGTTCGATTTGGTGATCGTGAGTTCTATAAAGATTGGTGGAATGCCAAAACTGTTGAAGAGTATTGGAGGATGTGGAATATGCCTGTGCACAAATGGATGGTTCGCCACATATATTTTCCATGCTTAAGGCGTGGTATACCCAAGGGTGCTGCTTCATTAATTGCATTCCTGGTTTCTGCTGTGTTTCATGAGTTATGCATTGCCGTTCCTTGCCACATGTTCAAGTTGTGGGCTTTTATAGGAATTATGTTTCAGGTTCCTTTGGTCTTGATCACTAATTACCTCCAAAATAAATACAGAAACTCAATGGTTGGAAATATGATTTTTTGGTTCATATTTTGTATTCTTGGTCAACCAATGAGCGTACTATTGTACTACCATGACTTGATGAATAGAAAAGGAGAAGTTGACTAAGGTAGCATTACACTGTTCATGTGGATGAGCTTTTGCGTTTTCTGAGTAAAATCGATGTTGATATGTTGGCTTCTTTGTTTTGTATGGGGATCACCACCTGTTTTGATAGTGAGTCCTCTGGGTTGCATTTCCATGTTAATTGCCTAGTCTTTCGAGCTTAATTCATCTTGATGTATTTCTTTGACTTAGTTGCTTTGGCGCTTTTATCATGAAAGCAATTTTGGAAGCAAACTAACGAAATGTCAAACACTAACTGCTAAGGTAACACTAACTACTAAGTTGAGTGATATATAGCTGTAAATGC

DGAT2a1 Glyma.01G156000

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.01G156000.1  
ACGGATCACTCTATTCGATTAAGCGAAGCACGTGACGAGCCTAATTTACGCTTTACACCCCTACACTTCCCACAATTTGTTCCTGGAGACGACGCCGTTCCATCACACCCTCAGCGGTCAGAGCATGGCGGCGGAACCGGTGAGTGACGGCGGAGCCGCGGCGGAGAAATTGATCAGCGGGAGAGAAGAATTTGGTGATTCGTCCAACTTGTTCAGCGCGATTCTAGCAATGGTGCTGTGGCTGGGAGCTATTCATTTCAACATCGCCCTGATCCTCCTCGCCGTGTTCTTCCTTCCTCTCTCCAAATCGCTCTTGGTTTTCGGTTTTCTCTTTGGGTTTATGGTGCTTCCTATCAACGAGAAGAGCAGATTTGGCCGAAGATTGTCGAGGTTCATATGCAAGCACGCTTGCAATTACTTTCCGATCACGCTTCACGTAGAGGATATGAAAGCCTTTGATCCTAACCGTGCTTATGTTTTTGGGTATGAACCACATTCAGTTTTGCCAATTGGCATTGTTGCATTGGCTGACCACACAGGTTTCATGCCTCTTCCAAAAGTTAAAGTTCTTGCTAGCAGCACGGTGTTCTACACACCATTTTTGAGACACTTATGGACATGGTTGGGTCTTACACCAGCAACAAAGAAAAATTTTATCTCCCTGTTAGCATCTGGCCATAGTTGCATTTTAATACCTGGTGGAGTGCAAGAAGCATTTCACATGCAGCATGGCACTGAGATTGCTTTCCTTAAGGCAAGAAGAGGATTTGTCCGCGTAGCAATGGTGAAAGGCAAACCTTTGGTTCCAGTCTTCTGCTTTGGTCAGTCAAATGTCTATAAGTGGTGGAAACCAGGTGGGAAGTTATTTCTGAAATTTGCAAGGGCTATCAAGTTCACCCCAATATGTTTTTGGGGAATTTTTGGGTCTCCATTACCGTTCAGACATCCAATGCATGTGGTTGTGGGTAGACCAATTGAGGTTGACAAAAACCGAGAACCAACCACCGAGGAGGTTGCCAAGATACATGGTCTGTTTGTGGAAGCACTTCAAGATCTCTTTGAAAGGCACAAAGCTCGGGCTGGCTATCCAAACCTTGAGTTAAGAATAGTTTGACAAGGCCTTAATATTGTACCATATTTTCATTGGTTTATTTTATTTATTTATTTTATTCCTTTTGGGGATGGAGTTGGTGAATGAAAATGACCAACTATCATCTTGGGAATGAAATAGAATAATAATGAGAAATAGGGCAGTAGCTACCTTTCGTTAGGGTATCTATTTCAGTTCATGGACACATTTATATGCCTAGCCTTTATATGCTGGATGTTGTCAAAGTATTTCAGTCTGGGAACCTTTGCCACGGCTAGCAGAATAATAAGAAATGATAATACAAAGTAGTGGTGATCAAGGTATATATTACCGAAGCAACTCCCTGATTCAAGGGAAAAAACAAAGGTTTGATTGGGTTGAATTTGTATATATCTGATTGAGTCGGCTCGTGAACTAGGTTTAACAATCTTGTATCTGACCTGATTCAATCTAATTACAGAAAGAATATGTAGGATTCACTATATATATATATATATATGTATGTATGTATGTATATGTGTGTGTATGTAATGTGATTTAATGAATGTTTTGGGGAATAATATTGACAAGATGTTAATATTCTTTCAATTTTT

DGAT2a2 Glyma.11G088800

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.11G088800.1  
CAATGGCGCTGTGGCTGTATTCACTTCAACATCGCCCTGGTCCTCTTCGCCGTGTTTTTCCTTCCTCTCTCCAAATCGATCTTGGTTTTCGGTTTTCTCTTTGTCTTTATGGTGCTTCCTATCAACCAAAAAAGTAGATTCGGCCGAAATTTGTCGAGGTTCATATGCAAGCACGCCTGCAATTACTTTCCCATCACACTTCACGTAGAGGATATGAAAGCCTTTGATCCTAATCGTGCTTATGTTTTTGGGTATGAACCACATTCAGTTTTGCCAATTGGCATTGTTGCACTGGCTGAACACACAGGTTTCATGCCTCTTCCAAAAGTTAAAGTGTTCTACACACCGTTTTTGAGACACACATGGACATGGTTGGGTCTTACACCGGCAACAAAGAAAATTTTTATCTCCCTGTTAGCATCTGGTCATAGTTGCATTTTAATACCTGGTGGAGTGCAAGAAGCATTTCTCATGCAGCGTGGCACTGAGATTGCTTTCCTTAAGGCAAGAAGAGGATTTGTCCGCATAACAATGGTGAAAGGCCGACCTTTGGTTCCAGTTTTCTGCTTTGGCCAGTCAAATGTCTATAAGTGGTGGAAACCAGGTGGGAAGTTCTTTCTGAAATTTGCAAGGGCTATCCCTGGTGCAGCGGTAAAGTCTCCATTACCGTTCAGACATCCTATGCATGTGGTTGTGGGTAGACCAATTGAGCTTGACAAAAAACCAGAACCAACCACCGAGGAGGTTGCCAAGATACATAGTCAGTTTGTGGAAGCACTTCAAGATCTCTTCGAGAGGCTATCCAAACCTTGA

DGAT2a3 Glyma.09G195400

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.09G195400.1  
GAACAAATAAAATAAAAACAAATATTAAGACACGAGACAATCGAGTCGATGGAAACTCCGAGAAGAGACGAAAACCCACGTGACATTTTTGCCCCTCACACTTTCCCCTATTTACTCCACGCCCCTCACTTCCTTGTTCCTTCATAAAAACAACACTTCCTCCTCTTACATTCGGCAACCAAACCATGCAGCGCACGGCGGCGGCGACAGATGAACCACGGCGGCGCTCCGGCGACGCGGAGGGGGAGAAGGTGTTCAAGGGGAGCGAGGTGTTCGGCGACACGTCACCAAATTACTTGAAGACCATTTTGGCCCTGGCGTTGTGGCTCGGAACCATTCATTTCAACGTCGCGTTGGTGCTCTTCGCAATCTTCTTCCTCTCTCTCCACAAAGCACTTTTGCTTTTCGGTTTGCTTTTCGTGCTCATGGTAATTCCTGTTGATGAAAAGAGCAAATTCGGTCGAAAATTATCCAGGTACATATGCAAGCACGTTTGCGCTTACTTTCCCATCACGCTTCATGTGGAGGACATGAAGGCCTTTCATCCCAATCGTGCTTATGTTTTTGGTTATGAACCACATTCAGTTTTGCCAATTGGAGTTGTTGCGTTAGCTGACAACACAGGTTTTATGCCTCTTCCTAAAATAAAAGTTCTTGCTAGCAGTGCGATATTTTACACACCATTTTTGAGACACATATGGACATGGTTGGGCTTAACACCAGTGACAAGGAAAAGGTTTACCTCCCTGTTGGATGCTGGCTATAGTTGTATCTTGATACCTGGTGGAGTGCAAGAAGCATTTCTCATGGAGCATGGTTCTGAGATTGCCTATCTTAAAGCAAGAAGGGGATTTGTCCGCATAGCAATGGAGAAAGGAAAACCCCTGGTTCCAGTTTTCTGCTTTGGTCAGTCAAATGTCTATAAGTGGTGGAAACCAGGTGGGAAGTTAATTCTGAATTTTGCAAGGGCTGTCAAGTTCTCCCCAATATATTTTTGGGGAATTTTTGGATCTCCGATACCCTTTAAACATCCGATGCATGTGGTGGTGGGTAGACCAATTGAGCTCGAGAAAAATCACGAGCCAACTCCTGAGGAGGTTGCCAGAATACATAGCCAATTTGTTGAAGCACTTCAAGATCTATTTGAACGACACAAAGCTCGAGCTGGATATCCAAACCTTGAGTTGAGAATTGTTTGATATGGTCGTAACTTCGACCCATAGTTTCATGGGGGTAATTACACTTTTCTTCTCTTAGGTTAGGCTTTATTTGGGAGTTTTGAAGATGGAGTGGAGTGATTGGTTCATGATTAATTGGATTTGAATGGGGTGAGGTAAATAAATACTGTTGATTGATTGAGAAAGGAGTTATCTTTGTTGTCTTAGAAGTCACATTGGTAATTAATCATGTAAATTGTAAACTTCCAATTATGAGTCCGTGAACAATTTATATCAGATATATTTATAAATCTGAGATTAATT

DGAT2a4 Glyma.16G115700

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.16G115700.1  
GAGAAGAGACGAAAATCCACATGACATTTTTGCCCCTCACACTTTCCCCTGTTTACTCCACGCCGCTTCCTTGTTCCTTCATAAACACAACACTTCCTTCTTACATTCGGCAATCAAACCATGCAGCGCACGGCGGCGGCGACAGAGGAACCACGGCGGAGCTCCGGCGACGCGTCGGCGGCGGAGGGGGAGAAGGTGTTCAAGGGAAGTGAGGTGTTCGGTGATACGTCACCAAATTATTTAAAGACGATTTTGGCCCTGGCGCTGTGGCTCGGAACCATTCATTTCAACGCCGCGTTGGTGCTCTTCGCAATCTTCTTCCTCTCTCTCCACAAAGCATTCTTACTTTTCGGTTTGCTTTTCGTGCTGATGGTGATTCCTGTTGATGAAAAGAGCAAATTCGGTAGAAAATTATCCAGAAGAAAAAAAAAAATTTGGGTGTGTTTCAGGTACATATGCAAGCACGTTTGCGCTTACTTTCCCATCACGCTTCATGTGGAGGATATGAAGGCTTTTCATCCCAGTCGTGCTTATGTTTTTGGTTATGAACCACATTCAGTTTTGCCAATTGGAGTTGTTGCATTAGCTGACAACACATGTTTTATGCCTCTTCCTAAAATAAAAGTTCTTGCTAGCAGTGCGATATTTTACACACCATTTTTGAGACACATATGGACATGGTTGGGTCTAACGCCAGTGACAAAGAAAAGGTTTACCTCGCTGTTGGATGCTGGCTATAGTTGTATCTTGATACCTGGTGGAGTGCAAGAAGCATTTCTCATTGAGCATGGTTCTGAGATTGCCTTTCTTAAATCAAGGAGAGGATTTGTCCGCATAGCAATGGAGAAGGGAAAACCCCTGGTTCCAGTTTTCTGCTTTGGTCAGTCAAATGTCTATAAGTGGTGGAAACCAGGTGGGAAGTTAGTTCTGAATTTTGCGAGGGCTGTCAAGTTCTCCCCAGTATATTTTTGGGGAATTTTTGGATCTCCGATACCCTTTAAACATCCAATGCATGTGGTAGTGGGTAGACCAATTGAGCTCGAGAAAACTCCCGAGCCAACTCCTGAGGAGGTTGCCAAAATACATAGCCAGTTTGTTGAAGCACTTCAAGATCTATTTGAACGACACAAAGCTCGAGCTGGATATCCAAACCTTGAGTTGAGAATTGTTTGATATGGTCATAACTTCGACCCATATTTTCATGGGGTTAATTACACTTATCTCCTCTCAGGTCAGGCTTTATTTGGGAGTTTTGAAGATGGAGTGGAGTGATTAGTTCATGATAATTGGATTTGGAATGGGGAGAGGTAAAACAATGCTGTTGATTGATTGAGAAGGGAGTCATCTCTGTTGTTTTAGAAGTCACGGGTAATTAATCATGTAAACTGTGTTAGTTTAACTTCCTATTGAGTCTGCACGATTTATATCAGAAATAGTTATAAATCTTAGATTAATTTAAAATGTTACTTTATGACATAGGGTGTGTTTGGGACAACTGTAAAAGATAGATTATTTCAATAATCGATTATAATCATC

DGAT2a5 Glyma.16G115800

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.16G115800.2  
AAAGGAAAGGTGCGTAGCATAAATTCCATGTCAACCAACTACCCACACTAGAGCGAACAAAGCATGGGGAAAGTGTTCAATGGAGTAGAAGAGTTCTCTGAATCACGCAATGTGTTCAAGACGGTTCCTGCATTGGTGTTGTATCTTGGAGCAATTCATTTCAACCTTGCGTTGATACTCTGGGCCACAGTCTTCCTTCCTCTCTCCAAAGGACTCTTGGTGTTCGGTTTGCTCTTGGTGTTCGTGCTCATCCCTGTGGACGAGAACAGCATTTTTGGTCATAAATTGTCCAAATACATATGCAAGCACATTTGCTCCTATTTTCCCATAACGCTTCACGTAGAAGAAGCAAAAGCCTTTCGTCCTGATCAAGCTTATGTTTTTGGGTATGAACCACACTCGGTTTTTCCAATTGGCATTGTTGCACTTGGTGACAGCACTGGCTTCATGCCTCTTGCAAAAACAAAATTTCTTGCTAGCAGCGCCGTATTCTATATACCATTTTTGAGACACATATGGACATGGTTAGGATTTACGCCAGTGACAAAGCAAAATTTCATTTCCTCGTTGGAAGCTGGTTACAGTTGCATTTTAGTACCTGGTGGAGTTCGAGAAACATTTTTTATGGAGCCTGGTTGTGAGATTGCCTTTCTTAAGCAAAGAAGAGGATTTGTCCGCATAGCATTGCAAATGGGCCTACCCCTTGTTCCAGTTTTCTGCTTTGGCCAGACAAAAGCCTACAAGTGGTGGAAGCCTCCAGGAAGGTTAATGCAAAATCTTGCAAGGTTTTTGAAGATAATTCCATTATTTTTCTGGGGTATTTATGGATCTCCTATACCATTCAAAAATCCATTGTATATCGTCGTGGGTAGACCAATTGAGCTAGAGAAAAATCCAGAACCAACAATGGAGCAGGTTGCCAAAGTACATAGTCAGTTTGTTGAAGCACTTCAAGATCTTTTCGACCGACACAAAGCTCATGCTGGATATACAAATCTCGAGCTGAAAATATTTTGACAAGGCCAACGTCTGTTGGTCCTAGCTAGTGGCAAGCTTTAGTTGTCTTCGGGTGAAGTCATACATTTGAATTTTGTGAACAGAGAAAAAAAAATAGTCATTAAGCCCCTTAAATGAGTTTACTCGGTTTGACTTGGATTATACCAAATATCTAAACTAAAAAAACGAACAAAAAAATGTTTAACTAGATCACGATTTCATCTCATATTTGTGTCAAAAACATGTATTTATTTTTTACTTTGTTTTTCTTCCTCCGATGTGGTTGCAAGATTTCACTTGTT

DGAT2b1 Glyma.03G243700

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.03G243700.1  
CAGCGTTTGCATTTTGGTGTGTGGCTACCTCCTTTCTTTTCCATTCGTGTGTTTCGCTGCAATTTTGCTTCTATCACTCACTCATTCACCGTTACATTTCATTTTCCGCTAAACACAAAACACGTGACCTTCCTCACAGAACAGAAAACTCATTTCTTGCTTCATTCATTTTTACTTTAACATGCAAACTAGCATGTAACGTAAGTTTAACAGTAAAGTAGCTTCCGTTCCCGTTGTGAATGATGGCCTTGGTGACGGGTTTTCTAGCCTCACATGTCGGTGCTGTAAGGCACCACCGGTTTGAAGTTGGAATTGGAGTTCGGGCGGTGTCGTCATCTGAATCTGAAACAGTGGCAGCTGTGAACGGATCTTCTTCGCGGAATGGTTCCTTGCTACTGAAGGAGGAAAAGAAGGTGCCTTTCTTGCGAGTTGAAGAGAAGAAGAATAAGAGGGGAGAAGAAGAAGAAGAAGGTTTGGCAGCACTTTGGGATGATGGGTATGGAAGAAGGAGTGTGGAAGATTACTTTGCTGCAGCTAAGGAGATGTGCAAATCCGATGGAGGCCCACCTCGATGGTTTTGCCCACTTGAATGTGGGCCTCCTTTCAAGGATTCTCCCACTCTCCTGTTTTTACCTGGGATGGATGGCACAGGATTGGGTCTCACTTTGCACCATCAAGCCCTTGGGAAGGCTTTTGAAGTTCGTTGCTTGCATATTCCAGTTCATGATCGAACACCATTTGAAGGGCTGGTGAAACTTGTTGGAGAAGCTGTCAAGCTCGAATGTGCTTTGTCTCCAAATAAACCAATCTATCTGGTAGGTGATTCTTTTGGTGGAAGTTTAGCACTTGCTGTTGCTGCTCGCAATCCAACAGTTGACCTAGTACTGATATTAGCCAATCCAGCTACATCCTTCGGCCAATCTCAGTTGCAACCTTTGTTTCCTTTCATGGAAGCTTTGCCTGACGAACTGCATGTTGCTGTTCCCTTTCTTCTTAGTTTTATCATGGGTGATCCAGTGAAGATGGCATCAGTCAATATTGACAATAAGCTTCCTCCTGCCAAAAAAATTGAACAATTGTCATACAACCTTACTGCATTGCTGCCGTGTCTTCCTGAGCTGGCTGATATTATACCAAGGGATACTCTTCTTTGGAAGCTGAAACTTCTCAAATCAGCTGCTGCATATGCTAATTCACGTATTCATGCTGTTAAAGCTGAAGTTCTTGTACTTGCTAGTGGCAAGGATAACATGCTTCCCAGCATAAACGAAGCTCAAAGACTCATGGGATTATTGCAAAACTGCAAAGTTCGTGTCTTTAAGGACAGTGGACACACACTTCTCCTGGAAGATGGTATTGGTCTGCTGACAATCATCAAGGGAACTTGCATGTACCGTCGCTCAAGGAGGCATGATTTGGTCAGGGATTTCATACCTCCCAGTATGACAGAATTCAGATATGCAATGGATCAAGTAGTTGGATCATTTCGTTCTGTTACTGGATCTGTATTTTTCTCAACATTGGAGGATGGAAAGATTACAAAAGGTCTCTCTGGTGTTCCAGATGAAGGTCCTGTCTTATATGTTGGTTATCACATGTTGTTGGGGTTAGAGCTTATCTCACTCACAGATGGATTTTTAAGTGAGAAGGGTATTGTGCTTCGTGGAATAGCCCATCCCGAGCTGTTCAGGCCTAAAGTTGAGTCTTGGTCTTCTGAGTTTTCTATGATTGATTGGGTGAAGATATTTGGTGGGGTGCCTGTTTCAGCAAGCAATATTTTCAAATTGCTTTCAACAAAGTCACATGTTCTCCTATATCCTGGTGGTGCGCGTGAGGCTCTCCATTATAAGGGGGAAGCATACAAGTTGACTTGGCCTGATCACCCAGAATTTGTGAGAATGGCAGCACGATTTGGTGCCACAATTGTGCCATTTGGAGCTGTAGGTGAAGATGATTTAGCTGAATTAGTTCTTGACTACAACGACTTAATGAAGATCCCCATAGTCAACGATCGTATAAGAAATATGAATCGTGACTCAGTTAAGTTTAGAGATGAAACAAGTGGCGAGGTGGCAAACCAAAATCTCACTTTTCCAGTGCTTCTACCAAAGATACCAGGTCGCTTTTACTTTCTATTTGGGAAGCCCATAAAAACAAAAGGCATGGATAAGATTCTAAAAGACAGAGAAAGTGCCAACCAAATGTACCTTGAGATTAAGTCAGAAGTTGAACACAATTTAAATTACTTGATCAAGAAGAGGGAGGAGGATCCATACAGGAACTTCGTCGATAGGAAAATGTATCAGATATTTTATCCTCACGAAACTGATCCAACGCCATCATTTAAGCCCTGAAAAATGTTTTTGATATATAATACTCTTTTTATGTAATCATAATTATTCTTAAACAGGTACATGTACATGGCCATTATTCTAATAAAATATCACTTTAT

DGAT2b2 Glyma.19G241200

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.19G241200.1  
ATTCAATCTTTAAAAAAATTCAACATATTTTAGTAAGCACATTTAAAAAGTAAATCCTACATTTTTCATTGCCATTGGTCGCAAGTCGCAATCATTGTTATCTTGTTGTGTCTGGTACAGTGACTTCCAGCATTTTGATTTTCGTGTGTGGCGCGGCTGTGGCTATGCGTTTCTTTCCTTTCCTTTCCATTTGTGTGATTCGCTGCAATTTCGCTTCTATCACTCACTCACCGTTACATTTCATTTTCCGCTGAACACCAAACATGTGATCCTCACACTTACACCAGACAGAACAGAAAAGTCATTTGTTGTTTCATGTTTACTTTAAACTCTCTCTCTCCAAAAAACAACAACAACAAGAACAGAGTGAACAATAGTAACCGTTGATGGCCTCGGTGACGGGTTTTCTAGTCTCACCCGCGGGAGCTGTAAGGCACCACTGGTTTGGAGTTCGGGCGGTGTTGTCATCTGAATCTGGAACAGTGGCAGCTGTGAACGGATCTTCTTCGCAGAATGGTTCCTTGGCACTTAAGGAGGAAAAAAAGGTGCCTTTGTTGCGAGGTGAAGAAGAAGAAGAAGGTTTGGCAGCACTTTGGGATGATGGGTATGGGAGAAGGAGTGTGGAGGATTACTTTGCTGCAGCTAAGGAGATGTGCAAATCCGATGGAGGCCCACCTCGGTGGTTTTGCCCCCTTGAATGTGGTCCTCCTTTCAAGGATTCTCCTACTCTTCTCTTTTTACCTGGGATGGATGGCACAGGATTGGGTCTCACTTTGCACCATAAAGCCCTTGGGAAGGCTTTTGAAGTTCGTTGCTTGCATATTCCGGTTCATGACCGAACACCATTTGAAGGGCTGGTGAAACTTGTTGGAGAAGCTGTTAAGCTTGAATGTGCTTTGTCTCCAAATAAACCAATCTATCTGGTAGGCGATTCTTTGGGTGGAAGTCTAGCACTTGCTGTTGCTGCTCACAATCCAACAGTTGACCTAGTACTGATATTAGCCAATCCAGCTACATCCTTCGGCCAATCTCAGTTGCAACCTTTGTTTCCTTTCATGGAGGCTTTGCCTGATGAAATGCATGTTGCTGTTCCCTTTCTTCTTAGTTTTATCATGGGTGATCCAGTGAAGATGGCATCAGTCAGTATTGAAAATAAGCTTCCTCCTGCCAAAAAAATTGAACAATTGTCATACAACCTTACTGCATTGCTGCCGTGTCTTCCTGAGCTGGCTGATATTATACCAAGGGATACTCTTCTTTGGAAGCTGAAACTTCTCAAATCAGCTGCTGCATATGCTAATTCGCGTATTCATGCTGTTGAAGCTGAAGTTCTTGTGCTTGCTAGTGGCAAGGATAACATGCTTCCCAGCACAAACGAAGCTCAAAGACTCGTGGGATTATTGCAAAACTGCAAAGTTCGTGTCTTTAAGGACAGTGGACACACACTTCTCCTGGAAGATGGCATTGGTCTGCTGACAATCATCAAGGGAACTTGCATGTACCGTCGTTCAAGGAGGCATGATTTGGTCAGGGATTTCATACCTCCCAGTATGACAGAATTCAGATATGCAATGGATCAAGTAGTTGGATCATTTCGTTCTGCTACTGGATCTGTATTTTTCTCAACCTTGGAGGATGGAAAGATTGTAAAAGGTCTCTCTGGTGTTCCAGATGAAGGTCCTGTCTTATATGTTGGGTATCACATGTTGTTGGGGTTAGAGCTTATCTCACTTACAGATGGATTTTTAAGTGAGAAGGGTATTGCACTTCGTGGAATAGCCCATCCCGATCTGTTTAGGCCTGAAGTGGAGTCTTGGTCTTCTGAGTTTTCTATGTTTGATTGGGTGAAGATATTTGGTGGGGTGCCTGTTTCAGCAAGCAATATTTTCAAATTACTTTCAACAAAATCACATGTTCTCCTATATCCTGGTGGTGCGCGTGAGGCTCTCCATTATAAGGGGGAAGAATACAAGTTGATTTGGCCTGATCATCCAGAATTTGTGAGAATGGCAGCACGATTTGGTGCCACAATTGTGCCATTTGGAGCTGTAGGTGAAGATGATATAGCTGAATTAGTTCTTGACTACAATGACTTAATGAAGATCCCCATAGTCAACGATCAAATAAGAAATATGAACCGTGACTCAGTTAAGTTTAGAGATGAAACAAGTGGCGAGGTGGCAAACCAAAATCTCTCTTTTCCGGTGCTTCTACCAAAGATACCAGGTCGCTTTTACTTTCTATTTGGGAAGCCCATAAGAACAAAAGGCATGGATAAGATGCTAAAAGACAGAGAAAGTGCCAACCAAATGTACCTGCAGATTAAGTCAGAAGTTGAACACAATTTAAATTACTTGATCAAGAAGAGGGAGGAGGATCCATACAGGAACTTCATCGATAGGAAAATGTATCAGATATTTTATCCTCCTGAAACTGATTCAACCCCATCATTTAATCCCTGAAAAATGTTTTGATATATATAATACTGATTTTTATGTAATCATAATTATTTTTAAACAGGTACATGTACATGTACATGGCCATTATTCTAATAAAATATGGTGCTTTCTATGTACCC

DGAT2b3 Glyma.16G051300

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.16G051300.1  
AGAAATACGCAACAGAGACACAGTGCAAACACAGTCACATCCGGAATGTAAGAAACAAGCCTTGCGTTGCTCATATCTGACTTTCACAATAATATATTACACCTTTTCTTTAATCTCCTTCTCTTCTCATTCCTTCATCGCAATACTAATCTTATATCTCGCGTCGCAATATATTATAGTATTACCTTCTTAATTATCACAAACGCGCTTTTCATATTCGAATCTCGCGCCAACATGGCGGCCACCGGAGCCCGTCTCTTCTCCGCTGCACTCTTCCGCCGTTATCCGCCGTCGCCGGACGGAAAAACGAACTCCCGCCGGACTCCGATTGCGACTCCGCGCCTCGCCGTGTCGGTGGACCAGGTTCCGCCGGCGACGGTGGAGAAAGAGAAGCGTAGGGAAGAGAAGAAGAAGCGACGCATGAACGGTTGGAATGAGTATTTGGAGCGGTCGAAGGAGTTGATCAAACCGGACGGTGGACCGCCGCGGTGGTTTTCGCCGTTGGAGTGCGCTTCGCGATTGGACAACTCCCCTCTTCTGCTCTTTTTGCCAGGGATTGATGGCGTGGGACTTGGACTTATTTTACATCATCAGAAACTGGGAAGGATTTTTGATATATGGTGCTTGCATATTCCAGTCGCTGATCGGACACCATTTACAGACCTAGTGAAAATAGTTGAGAGAACAGTTAGGTCAGAATATCAACGTTCACCAAACAGACCCATATATCTTGTTGGAGAATCTTTAGGAGCTTGCCTTGCACTGGCTGTTGCAGCACTTAGCTCTGATATTGATCTTGTACTGATTTTGGCGAACCCAGCTACTTCGATCAGAAGGTCACACCTGCAACTTCTAACACCATTATTGGAAGCTTTGCCCGATCCATTCTCTCCTGCCCTGCCTAACATTCTCAGATCAACAACAGGTGAATCTCTGAGGATGGTGTTAGATAATGTGGTCCAAGGGCTCCCTCTACAAAATACAGCTGGAGAGCTAGTGAAGGATTTTACTACTTTCTCATTATCTTTGCACGTTCTTGCTGACATATTACCAAAAGAAACACTTGTGTGGAAACTGAAGATGCTTAAGTCAGCTTCTGCTTATGCCCTTTCACGCCTTTATGCTATCAAAGCTCAGACTTTGATACTTTGCAGTGGAAATGATCAGTTACTGCCTAGTCAACAGGAAGGTGAAAGACTACTGGAGTTACTGCCTAGATCTAAAAGCCAACTTCGTAAATTTAATGACAGTGGCCATTTCCTATTCCTGGAGGACAGCATTGACCTGGTAACTATAGTCAAGGGCACTTCATACTACCGCCGCGGCAAGTCTCATGACTATATATCAGATTATATACCACCAACACCTGAAGAAGCCAGAAAAGTAACAGAATCATACAGTTTGTATAACCTTGTCTCAACTGTAATGCTCTCAACTTTGGAGGATGGGACTATTGTAAAAGGCCTTGCTGGAATTCCTTCAGAGGGGCCTGTTTTGTTTGTTGGGGACCACATGCTACTGGGATTAGACAAAGTTCCCCTGTGGTGTAGAATTTTTTCTGAAAGAAATATCGTTGTTAGAGGGATAGCACATCCCTTGTTTTTTATGAGAACTAAAAAAGGAAAATTGCCAGATGTATCTTATTTTGACGGTCTCAGAATCATGGGTGCTGTGCCTGTAGCACCAACCAACCTCTACAAGCTTTTTTCTTCCAAGTCTCATGTCCTATTATATCCTGGAGGGATACGCGAGGCTTTTCATAGGAAGGGTGAAGAATACAAGTTATTCTGGCCTGAACAATCCGAGTTTGTAAGGATGGCAGCAAGATTTGGAGCCAAAATAGTACCTTTTGGTGTAGTTGGAGAAGATGACATTGGTCAAGTAGTTTTTGATTATGACGACTTGGTGAAAATTCCTTACTTTAGGTCTGAAATAGAAAGCCTCACAAAGGAGACTGCGCACTTGAGGAATGATGCTGGTGGTGAGGTGGCAAATCAACAAGTGCATTTGCCTTTGATTTTGCCTAAAGTTCCTGGCCGGTTCTACTTTTATTTTGGAAAACCATTGGAAACGAAAGGAAGGGAACAAGAACTGAGAGACAAGCAGAAATCTCAAGAGTTATATTTACAAGTGAAATCTGAGGTTGAGAAATGTATTGCTTATTTAAAGGAGAAAAGAGAAAGCGACCCCTACAGAGGTTTAGGGCCTCGCCTATTATACCAGGCCAGTCATGGCTTTGAGTCTGATGTTCCAACATTTGAAATTTAAATGAAAAATAAATATAT

DGAT2b4 Glyma.16G051200

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.16G051200.1  
ACTTCCAGATTCAGATTTTCATTTTCTGTCAATCATTGAGTCCTCATTCGAACATTTCCGCAAACAATAATCAACTTCCTCAAACGCTACTCACGTTCGAATCTTCCGCCGCCATGGCGGCCGCCGGAGCATGCCTCTTCTCCGCCGCGCTCTTCCGCCGGCCGGCTGGAAAACCGAGCTCCAGCCGGATCTCGAGTACGACTCCTCGCCTCGCCGTGTCGGCGGATCGGGTTCCGGCGTCGACGGCGGCGGCGGAGAGCGGAGAAGGAAATGGTGCGGTGGTGAGAGAGAAGCGTAGGGAAGAGAAGAATGAGAAGGAGAAGGAGAATCGACGCATGCACGGTTGGAAGGAGTATTTGGAGCATTCGAAGGAGCTGATTGAACCGGACGGTGGACCGCCGCGGTGGTTTTCGCCGTTGGAGTGCGCTTCGCGATTGGATAATTCTCCTCTTCTGCTCTTTTTGCCGGGGATTGATGGCGTGGGACTTGGACTTATTTTACATCATCAGAAACTGGGAAGGATTTTTGATATATGGTGCTTGCATATTCCAGTCGCGGATCGAACATCATTTACAGACCTTGTGAAAATAGCTGAGAGAACAATAATGTCAGAACATCAACGCTCACCAAATAGACCCATATATCTTGTTGGAGAATCTTTAGGAGCATGCCTTGCGCTGGCTGTTGCAGCACTTAACCCTGATATTGATCTTGTACTAATTTTGGCGAACCCAGCTACTTCATTCAGCAGGTCAAACTTGTTACTTCTAACACCATTATTGGAAGCATTGCCTGATCCACTCTCTCCGGGCCTGTCTAACATTCTCAGATCGACAGAAGGTGAATCTCTGAGGATGGTGTTGGATAATGTGGTCCAAGGGCTTCCTCTACAAAATACAGCTGGAGAGCTAGTGAAGGATTTTACTGCTTTCTCATTGTCTCTGCCTGTTCTTGCTGACATATTACCAAAAGAAACACTTGTGTGGAAACTAAAGATGCTTAAGTCAGCTTCGGCTTATGCCCATTCACGCCTTTATGCTATCAAAGCTCAGACTTTGATACTTTGCAGTGGAAATGATCAGTTACTACCTAGTCAACAGGAAGGTGAAAGACTACTGGAGTTACTGCCTAAATCTAAATGCCAGCTTCGTAAATTTGATGACAGTGGCCATTTCCTATTCCTGGAAGACAGCATTGACCTGGTAACGATCATCAAAGGCACTTCATACTACCGCCGTGGCAAGTATCATGACTATGCATCAGATTTTATTGCACCAACAGTTGATGAAGCCAAAAACATAATAGAATCAAACAGTTTGTTTAACCTTATTGCAAGTGCTGTAATGCTCTCAACTTTGGAGGATGGAACAATTGTAAAAGGCCTTGCTGGAATTCCTTCAGAGGGGCCTGTTTTGTTTGTTGGGTACCACATGCTACTGGGATTAGAAAAAATTCCCCTGGTTTCTCGAATTTTTTTGGAAAGAAATATCCTTGTTCGAGGGATAGCACATCCCATGATGTTTATGAGATCTAAAAATGGAAGATTACCAGATTTATCTTCTTTTGACAAATTCAGAGTTATGGGTGCTGCCCCTGTAGCACCAACTAACCTCTTCAAGCTCTTTTCATCTAAGTCTCATGTCCTATTGTATCCAGGAGGGATGCGTGAGGCTCTTCATAGGAAGGGTGAAGAATACAAGTTATTCTGGCCTCAACAATCTGAGTTTGTAAGGATGGCAGCAAGATTTGGAGCCAAAATTGTACCTTTTGGTGCAGTTGGAGAAGATGACCTTGGTGAAGTAGTTTTTGATTATGATGACTTGGTGAAGATTCCTTACTTTAGGTCGGAAATAGAAAGCCTCACAAATGAGGCTACGCAGTTAAGGAGTGATGCTGGTGGTGAGGTGGCAAATCAGCCAGTGCATATGCCTTTGATTTTGCCTAAAGTTCCTGGTCGGTTCTACTATTATTTTGGAAAACCATTGGAAACGGAAGGGAGGAAACAAGAACTGAGAGACGACAAACAGAAATCTCATGAGTTATATTTACAAGTGAAATCTGAGGTTGAGAGATGTATTGCGTATTTAAAGGTGAAAAGAGAAAGCGACCCCTACAGAGGTATAGGGCCTCGACTATTATACCAGGCTACACATGGTTTCGAGTCTGAAGTTCCAACATTTGAAATTTGATTGTTTTGCACACACACACAAAAAAAGAAGGTAATTTTCTAATTGGTTCTGAAGGGGCCTTTGCATTCCCTAGGTTAGAGATAAACAATGAATATTAGTTTCAGGATTGTTTTCAGGCCGAAAAGGCACGATTTCTGATAGAAACATTTTACAATTTTACCTGGTTTAAATCAATAAGAGATAAAATGCAAATAATAGATTAATGGGGAAGGAGAACAACTACTGAAGTTCTATTTAAAAGGGATTTTGTTTTGTGTGTGCATGACACATGATAAGAAGTTCTAGGGTGTATCAAATTCCATTTGGTAATTAATTTAACAATATTCTT

DGAT2b5 Glyma.19G099400

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.19G099400.5  
AAGTAACTGGTGACGAACAAAGTACGCAACAGAGACACCGGACACACCCATGGAAGAATCGTTGCTCTTCCTCAAACCTCGTGTCTGATTTTTCCACAATTACTAACTTCCTCAAACGCTACTCACGTTCGAATCTCCCGCCGCCATGGCGGCCGCCGGAGCATGTCTCTTCTCCGCCGCGCTCTTCCGCCGTGAGCCGCCGTCTCCTGCCGGGAAACCGAGCTCCCACCGGATCTCGAGTACGACTCCGCGACTCGCCGTGTCGGTGGACCGAGTTCCGGCATCGACGGCAGCGGTGGAGAGCGGAGAAGGAAACGGTGCGGTGGTGAGAGAGAAGCGTATGGAAGAGAAGGAGGAGAAGGAGAATCGACGCATGAACGGTTGGAAGGAGTATTTGGAGCAATCGAAGGAGCTGATAGAACCGGACGGTGGACCGCCACGTTGGTTTTCGCCGTTGGAGTGCGCTTCCCGATTGGACTATTCTCCTCTTCTGCTCTTCTTGCCGGGGATTGATGGCGTGGGACTTGGACTTATTTTACATCATCAGAAACTGGGGAGGATTTTTGATATGTGGTGCTTGCATATTCCAGTCGCTGATCGGACACCGTTTACAGATCTTCTAAAAATAGTTGAGAGAACAGTTAGGTCAGAACATCAACGTTCACCAAATAGACCCATATATCTTGTTGGGGAATCTTTAGGAGCATGCCTTGCACTGGCTGTTGCGGCACTTAACCCTGATATTGATCTTGTTCTAATTTTGGCGAACCCAGCTACATCATTCAGGAGGTCAAGCTTGCAACTTCTAACACCATTATTGGAAGCGTTGCCCAATCCACTCTCTCCTGGCCTGCCTAACATTCTCAGGTCGACAGAAGGTGAATCTCTGAGGATGCTGTTGGATAATGTGGTCCAAGGACTTCCTCTACAAAATACAGCTGGAGAGCTAGTGAAGGATTTTACTGCTTTCTCATTATCTCTGCCTGTTCTTGCTGATATATTACCAAAAGAAACACTTGTGTGGAAACTAAAGATGCTTAAGTCTGCTTCGGCTTATGCCCATTCACGCCTTTATGCTATCAAAGCTCAGACTTTGATTCTTTGCAGTGGAAATGATCAGTTACTACCTAGTCAACAGGAAGGTGAAAGACTACTGAAGTTACTGCCTAAATCTAAATGCCAGCTTCGTAAATTTGATGACAGTGGACATTTCCTATTCCTGGAAGACAGCATTGACCTGGTAACAATCATCAAAGGCACTTCATACTACCGCCGTGGCAAGTATCATGACTATGCATCAGATTTTATACCTCCAACACTTGATGAGGCCAAAAACATAATAGAATCAAACAGTTTGTTTAACCTTATTGCAAGTGCTGTAATGCTCTCAACTTTGGAGGATGGGACGCTTGTAAAAGGCCTTGCTGGAATTCCTTCAGAGGGGCCTGTTTTGTTTGTTGGGTACCACATGCTACTCGGATTAGAAAAAATTCCCCTGGTTTCTCGAATTTTTTTGGAAAGGAATATCCTTCTTCGAGGGGTAGCACATCCCATGATGTTTATGAGATCTAAAAATGGAAGGTTACCAGATTTATCTTCTTTTGACAAATTCAGAGTTATGGGTGCTGTCCCTGTAGCACCAACTAACCTCTTCAAGCTCTTTTCTTCTAAGTCTCATGTCCTATTATATCCTGGAGGGATGCGCGAGGCTCTTCATAGAAAGGGTGAAGAATACAAGTTATTCTGGCCTGAACAATCTGAGTTTGTAAGGATGGCAGCAAGATTTGGAGCTAAAATTGTACCTTTTGGTGCAGTTGGAGAAGATGACCTTGGTGAAGTAGTTTTTGATTATGATGACTTGGTGAAGATTCCTTACTTTAGGTCGGAAATAGAAAGCCTCACAAATGAGGCTACGCAGTTGAGGAGTGATGCTGGTGGTGAGGTGGCAAATCAGCCAGTGCATATGCCGTTGATTTTGCCTAAAGTTCCTGGTCGGTTCTACTATTATTTTGGAAAACCATTGGAAATGGAAGGGAGGAAACAAGAACTGAGAGACAGGAAGAAAGCTCATGAGATTTATTTACAAGTGAAATCTGAGGTAGAGAGATGTATTGCTTATTTAAAGGTGAAAAGAGAAAGCGACCCCTACAGAGGTATAGGGCCTCGACTATTATACCAGGCTACACATGGTTTTGAGTCAGAAGTTCCAACATTTGAAATTTGATTGTTTTGCACAAAAAATAAGGCAATTTTCTAATTGGTTCTGAGGCTTGTTTTGCATTCCCTAGGTTAGAGGCAAACTATGAATATTGCCAGTAGTTTCAGGATTGTTTTCGGGCCGAAAAGGCATGATTTCTTAATAGAAACATTGTACAATTTTACCAAGTTTAAATCAATAAGAGATAAAATACAAATAATAGATTATTGGGGAAGGAGAACAACTACCGAAGTTCT

WS/DGATa1 Glyma.12G114400

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.12G114400.2  
TTTTAATTGAAGTGCTATTTCACTCTCATTTTCATACACAAACTAACACAATGGACCAATTCTATGATGAGGTTCAAGAGCCCGTGAGTCCTCATGGACATTATTTCAACAGTTCGGTGA

TTTGCTCCTATGTTTTTGGCTTTCTTGAAATGGCAGTTCCAATTGATGACTCACAGACTATACCTTTGCT

GGAAGATGTCTTCCTCCCCATCAACCCACGTTTCTCCTCTATTATGGTCAGAGACCAAGCTGGTAAAATG

AGATGGAAAAGGGTACAAGTGAATCCTGAAGAGCATGTAAAAGTCCCTAGATTTCCTGAATGCAATTCAG

CAGAATTGTATGAGCAATATTTTGATGATTATGTGACAAGGATTCTAAATGAACGGACACCTCAGAACAA

GCCACTATGGGAAATCCATCTTATTAAGTATCCAACAAGCAGTGCTGCAGGCACAATAATTTTCAAATTT

CATCATTCACTTGGAGATGGTTATTCCCTCATGGGTGCCCTTCTTTCTTGTCTTCAAAGAACTGATGACC

CTTCTCTTCCACTAACTTTTCCTTCAAATTCACAGCATGCAAAGAAAAACATGTTTAAGTTACATTCAGT

GATATCCTCCCTCTTTAGCTCCATGTTAGATTTTGGATCTAGCATAATAAAGACTAGAATGATTGAAGAT

GACAAAACACCCATAAGGTCTGGATATGAAGGAACTAAGCCTAAGTATTTCACCTTGTCAAACATATCAT

TATCTCTTGATCATATTAAAGCAATCAAGTCCAATCTTGGAGTGACAATAAATGATGTGATTACAGGGAT

AATTTTCTATGGAATTCGTTTGTACATGCAAGATATTGACTACTTGACAAGAAAAGCAAACTCCACAGCT

TTGGTAGTGCTCAACACAAGAAATATTAGAGGGTAACAATCGGTGAAGGAGATGCAAAAACCAAAGGTCC

AAGGTCTCTGGGGAAATAAAATTTCTTTCTTACAAATACCAATTCCAAAGCTAAGTCAATCCAAAATCTC

CAACCCTCTTGAGTTTGTTTGGAATGCCCGTAAACTAATCAAGAGGAAGAGACATTCTTTCAGTGTTTAT

CTCATAGGTTTGCTCCTGGATTTGGAGATGAAATTAAGAGGTCCTGAGGTTGCGTCTAAAACCTTCTACA

ACACTCTGGGAAATTGTAGTGTTCTTATATCCAACATGTTTGGGCCAATGGAGCAGATGGCTTTGGCAAA

TCATCCTGTAAGTGGTGTTTATTTCGCTATGTCGGGTGGACCTCAGAATGTAAACGTAGAAATTATGAGC

TATGTGGGAGAATTAAGAATCACCTCGAAAACTCTTAAGGGATTTATAGATGAACAGAAATTCAAGTTTT

GCATAGAGAAAGCCTTTGATGAAATATTCAAAGATGCTATGGAGATCTACGAGATACCTAAATGGGACAT

ATATATGGAAATATTGATTAGTGGTGGCGCAGTGTAAGATTATAGTTTTACTTTCCTTCAGCGTCAGAAT

GCCACAAACCTCATCCAAGTTTATCTGTTTTGTAACTTCGGAATATTCTACAAACACTGTCTATTTTTCC

TTTTTATGGAATGTCCGTTGATGATATGAATTTTAATTGTATGCTTATATTGATTGTTTTCTATGGAATTCGTTTGTACATGCAAGATATTGACTACTTGACAAGAAAAGCAAAC

WS/DGATa2 Glyma.06G291700

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.06G291700.1  
AGCCAAAAGATATCTTCTAATTGAAGTGCTACTTTCACTCTCATTTCCACACACAAACTAACACAATGGACCAATTCTATGAAGAGGTTCAAGAGCCAGTGAGTCCTCATGGACATTATTTCAACAGTTCGGTGATATGTTCCTATGTTTTTGGCTTTCTTGAAATGGCAGTTCCAATTGATGACTCACAGACTATACCTTTGCTTGAAGATGTCTTCCTCCCCATCAACCCACGTTTCTCCTCTATTATGATCAGAGACCAAGCTGGTAAAATGAGATGGAAAAGGGTGCAAGTGAATCCTGAAGAGCATGTAAAGGTTCCTAGATTTCCTGAATGCAATTCAGCAGAATTGTATGACCATTATTTTGATGAATATGTGACAAGGATTCTAAATGAACGGACACCTCAGAACAAGCCACTATGGGAAGTCCACCTTATTAAGTATCCAACAAGCAATGCTGCAGGCACAATAATTTTCAAATTTCATCATTCGCTTGGAGATGGTTATTCCCTCATGGGTGCCCTTCTTTCTTGCCTTCAAAGAACTGATGACCCTTCTCTTCCACTTACTTTTCCTTCAAGAGTATCATCAAATCCGCAGCATGCAAAGAAAACCATATTTAAGAAGTTACATTCAGTGATATCCTCCTTTTTTAGCTCCATGTTAGATTTTGGATCTAGCGTAATAAAGGCAAAAATGATTGAAGATGACAAAACACCCATAAGGTCTGGATATGAAGGAACTAAGCCTCAGCATTTCACCTTGTCAAACATATCATTATCTCTTGATCATATCAAAGCAATCAAGTCCAATCTTGGAGTGACAATAAATGATGTGATAACTGGGATAATTTTCTATGGGATTCGGTTGTACATGCAAGAGATTGACTACATGACAAGAAAAGCAAATTCCACAGCTTTGGTGGTGCTCAACACAAGGAATATTAGAGGGTACCAATCAGTGAAGGAGATGCAAAAACCAAAGGTCAAAGGTCTATGGGGGAATAAAATTTCTTTCTTACAAATACCAATTCCAAAGCTAGACCAACCCAAAATCTCCAACCCTCTTGAGTTTGTTTGGAATGCTCGTAAACAAATCAAGAGAAAGAAACATTCTTTCAGCGTTTATCTCATAGGTCTGCTTTTGGATTTGGAGATGAAATTAAGAGGCCCTGAGGTTGCATCTAAAACCTTCTACAATACTCTGGGAAACTGTAGTGTTCTTATATCCAACATGTTTGGGCCATTAGAGCAAATGGCTTTAGCAAATCATCCTGTAAGAGGTGTTTATTTCGCCATGTCTGGTGGACCTCAGAATGTAAACGTAGCAATTATGAGCTATGTGGGAGAATTAAGAATCACCTTGAAAACTCTAAAGGGATTCATAGATGAACAGAAATTCAAGTTTTGCATTGAGAAAGCCTTTGATGAAATATTCAAAGATGCTATGGAGATCTATGAGATACCCAACAAAATTTAATTGGGACATATGCAAATACTGATCTGTGGTGGTGCAGTTTGTAACTTCGGAATATTCTACGAACACTGTTTATTTTTCCTTTTTGTTGAATGTCCATTGATCATATGAATTTTAATTGTATGCTTATATATATATGTTGATTGTAATTTCGCCCCGCAAATTTCAATATCATATTATATATGTTTGCTTATTTCGGTTTAAGGTTTAAATAAGATATTTAAAAAATTTTATTTGACATCA

WS/DGATa3 Glyma.06G291300

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.06G291300.5  
AGCCAAATATTATTTTCTAATATTTGAAGTTCTACTTTCACTCCCTTTTTTCATACACAAAATAGCACAATGGACCAACAATTCTATGAAGAGGTTCAAGAGCCAGTGAGTCCTCCTGGACAATATTTCAACAGTTCGGTGATATGTTCCTATGTTTTTGGCTTTCTTGAGATGGCAGTTCCAATTGATGACTCACAGACTATACCTTTGCTTAAAGATGTCTTCCTCCCTATCAACCCACGTTTCTCTTCTATTATGGTGAGAGACCAAGATGGTAGAATGAAATGGAAAAGGGTACAAGTGAAGCCTGAAGAGCATGTAAAGGTTCCCAAATTTCCTGAATGCAATTCACCTGAATTATATGACCAATATTTTGGTGACTACGTGACAAGGATTCTAACTGAACGGACACCTCAAAACAAACCACTATGGGAAATCCATATTATTAATTATCCAACAAGCAATGCTGCAGGCACATTAATTTTCAAGCTTCATCATGCGCTTGGAGATGGTTATTCTCTCATGGGTGCTCTTCTTTCTTGTCTTCAAAGAAGTGATGATCCTTCTCTTCCACTAACTTTTCCTTCAAGAACATCATCAAATTCACAGCAAGCAAAGAAAAGCATGTTTAAGAAGTTACCTTCATTTATATCCTCCTTTTTTAACTCCATGTCAGATTTTGGATCTAGCTTAATAAAGACAAGAATGATTGTAGATGACAAAACACCCTTAAGGTCTGGATATGAAGGAACTGTGTCTATGCCTTTCACCTTGTCACACATATCTTTATATATTGACAATATCAAAGCAATCAAGTCCAAGCTTGGAGTGACAATAAATGATGTGATTACTGGCTTGATTTTCTATGGGATTCGATTGTACATGCAAGAGATTGACCGCATGGCTAGAAAAGCAAATTCCACATGTGTGGTAATGCTTAACACAAGAAATGTTAGAGGGTACCAATCAGTGAAGGAGATGCAAAAATCAAAAGTCAAAGGTCTTTGGGGGAATAAAATTTCTTTCTTACAAGTACCAATTCCAAAGCTAGGCCAATCCAAAATCTCCAACCCTCTTGAGTTTATTTGGAATGCTCGTAAACAAATCAAGAAGAAGAGACGTTCTTTCAGTGTTTATCTCATAGGTCTGCTCTTGGATTTGGAGATGAAAATAAGAGGCCCTGAGGCTGTTGCTAAAATCATCTACAAGACTCTGCGAAACTCTAGTGTTGTTATATCCAACCTTTTTGGGCCAATGGAACAAATGACTTTGGCAAATCATCCAATAAGTGGTCTGTATTTCACCATGACTGGTGGACCTGAGAATGTAGACATAACAATTATGAGCTATGTGAAAGTAATAAGAATCACCTTGAGAACACTAAAGGGATTCGTTGATGAACAGAAATTCAAGTTTTGCATAGAGAAAGCCTATGATGTCATGTTCAAAGCTGCTATGGAGATCTCTGAGACACCCAACAAAAATTAATTGGGGCATATATGCAGATCTTGATCATATGCATTGCATGGGCAAATAACAGAATATCAATCATTCCAGAAAGAGTCACACGTACATTATTTCAAATTAAAACCATATAGCTGATTAATTATTGTATCTTAGTTTTACAAAAATATGAATATTGTTCTTTAAGGCAATGAAGATATAGAAATCCGGTGGAACTATTCATGATGCCGTTCCTCTTCAAAAACTTGCCATGTTACACTCATTTGTTTTGGTGTGGAAATTTTCTATTAATTAATTGAAAAAAAAATTTATTTTGT

WS/DGATa4 Glyma.12G114900

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.12G114900.1  
TAAAGAACATGGTTTATCCTTCATTTTGTAAAAAAAAAATGATTTGCCCTTCATACACAACAATACAATTATCTAAAGCTATATATAAGTGATCATAGACAGACACATGTTCAATCTCCAAGTAGTACATAATTTAGTCTCTAATTTCTAAAACTCGTCAGTGCAATAGTATAATGGACAACTTCGAAGATGCTACAGAGCCAGTGAGTCCTAGTGGACGATTCTTCAACACCACGGTGCTATGTGCGTATGTTTTTGGCTTCTTAGAATCAGAAGTTCCAATTGAATTCTCTCAAGCCAAGTATTTGTTCGAAGATGTCTTTCTACCCGTCAATCCACACTTTTCTTCCATAATGGTGAGAGATGAAGAAGGAGAAATGAAATGGAAAAGGGTAGAGGTGAAGTTCGAAGATCACGTAAAGATTCCAACGTTCCCCGAAAACGAGTCACTAGAATTGTATGACCAATATTTTGATGACTATGTGACAAAGATATTAATGGAAAGGACACCACAAGATAAACCACTTTGGGAAATTCATGTGATCAAATACCCTACAAGCAATGCTGCTGGCACCTTAATATTCAAACTTCACCATGCACTTGGAGATGGTTACTCCCTAGTGGGTGCTCTTCTCTCTTGTCTTCAGAGAGCTGATGACCCTTCTCTTCCTCTTTCGTTTCCCTCCCGAAAATCCTCGGCATCTTCATCTCCTTCCAAGAAGGGCTTCTTCAGGTTGTTCTCTTCAACTTTGTTCTCCTTTTTTAACTCTATTTCGGATTTTGGATGGAGCATAGTGAAAAGCTCAATTGTTGAAGATGATGAGACACCCATAAGGAGTGGTGAGGAAGGTGTTGAGTCTCTGCCTTGTGTGATATCAAACATATCCTTTGATCTTGATCAAGTGAAGAAAATCAAGTCCAAGCTAGGAGTGACAGTAAACGATGTAATTACTGGGGCAATTTTCTATGGGATTAGGCTGTACATGCAAGAGATTGACAATAAGGCAGGCAAAGCAAATTCCACAGGATTGGTGATGCTTAGTACTAGAAACATTGGAAGTTACCAATCAATCCAAGAAATGATGAAGGCTGATTCCAAATCTCCTTGGGGGAATCATATTTCTTTCTTGCACGTACCCATACCTAAGCTAAGCCAAGCCAGCCTATCCAACCCCCTTGAATTTGTTTGGAAAGCCCAAAAAATAATCAAGAGGAAGAGAAAGTCTTTCACTGTTTTTCTCATTGAATGGCTTTTAGATATGGAGCTGAAATTAAGAGGACACGAGGCCGTGGCTAAACATATCTATGGGACACTAAGAAACTCAAGTGTTGTCGTATCCAACTTGATTGGACCAATAGAACCTATGGCTTTGGCAAATCATCCTGTGAAAGGCTTGTATTTCACAATGACTGGTGGACCCGAGAGTATAAATATTGCAGTTATAAGCTACACAAAAACGTTAAGAATTACCTTAAAAACACAGAAAGGGTTTATTGATGAGAAGAAGTTCAAATTCTGCGTGGTGAAAGCCTTTGAGGTCATATCCAAAGCAGCAATGGAGATACCCAACAAAATCAGAGGTTAAATGATCTAAGAATAATTAAAGAGATAGGGGTCGTCTAAGGGAGACTATATATGCTTGGGAGTATGTCCAAGTCAGTTTAATTTCATCAATAAGTAGAGATGGTGGATTCTAATTTTGTCAAGTGTTAGAATGAAATTTAAAAAATCGGCCACTCAAGGCAATAATAATAGCATACATATCGTATGTCCATGTAATTTCTTAGAACAGTGATATCTCCTCCCCGCAAAAGAAATGAAGGATCAATGTTTTCCTTCTTTAGCTTTATTTGATATATACTAAGTCTAGTTGAATTATGGATTTAATATCGCTTTTGGTATATTAGATTTTATAATTGTTTCAATTTAGTACATTAAACCTTATATTTATTAATCAATTT

WS/DGATa5 Glyma.18G258100

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.18G258100.1  
AGGTTGTAAAACTTCAGTGGTTTTATAGCTTTTATCTCTCTCTCTCTCTCTGAACGTGACAAAAAATATAGCCTTATGGAATACCTAAAAGAGGAGCAAGAAGAACCAGTTAGTCCTATGGGACAATACTTCAACAGTTCTGTGCTATGCATATACATCATTGGAGTTTTGGAATTTGAAGTTCCCATACATGACTTGCAAACCTTCGCTCTTATTAAAGATGTTTTTCTTCCCATCAATCCACGCTTCTCCTCCGTCATGGTCCAAGATAAAGATGGAGAGAAACGATGGAAGCAAGTTGATGTGAATTTGAAAGAGCATGTCCACTTTCCCAAATTCCCCAAAGGCAAAACAGTGGAATCCTACGACAAGTTTTTCCATGATTATTTATCAAGCATGGCAATGGAGCAATTACCACAAAGCAAACCTCTATGGTCCATTCACATAATCAATTACCCCACAAATGATGCATCTAGCAGCATAATATTTAAGCTTCACCATGCACTTGGAGATGGTTATTCTCTCGTTGGTGCACTTCTTTCTTGTCTACAAAGAGCTGATGACCCCTCTCTACCCTTGTCATTTCCTTCTCTAAGACCATCAAAGCCACAATCATCAACCGAAAACTTTTGGAGAAGGTTTTCTTGGATGTGTTCCTCTGCCTTCAACACTGTCTCAGATTTTGGATGGAGTGTATTGAAGAGTAGCATCATTAGTGATGATGAAACACCAATAAGGTCAGGAGATGAAGGAACCGAGTTTCGCCCAATTTGCATATCAAGTATGGACTTCTCCATTGACCATATCAAGGACATCAAATCCAGGCTCGGAGTGACAATAAACGATGTGATCACTGGAATCGTGTTCTATGGGACTAGGTTATATATGCAAGACATGGACTCCAAGTCAAAAACGGCAGACTCCACTGCTTTGGTTTTATTGAATACGAGAAACATCGAAGGTTACCAATCAATAAATGAAATGCTGAATAATAAAGCCAAGGGTCCATGGGGGAATAAAATCTCCTTCTTGCATGTACCAATTCCAAAATTAAATCAAAACAAAATGTCAAACCCGTTAGATTTTATCTGGGACTCGCATAATATAATCAAGAGAAAGAAACAATCTTTAGCTGTTGCCCTCACTGGGATTCTTTTGGACACGGAGAGCAAATTCAGAGGACAAGAGGCAGTAGCTAAACACCTTCGAGGGACAGTAACGAAATCAAGTGCAGTGATTTCAAGCTTGGTTGGACCGATGCAACAAATGTCTTTAGCTAATCATCCAGTGAAAGGCTTATATTTCACATTGGCTGGTGGACCAGAGAGTCTTGCCATTTCAATTATGAGCTATGTGGGAGTGCTTAGAGTTACCCTAAAGACGGAAAAGGACTTTATAGATGAAGAGAAATTGAAGTCATGCATTCAAAGTGCATTTCAGATGATACTAGAAGCAGCTACAGCACATTCTTGACAAAACAAAACTTTAGTGTGTTCCTGATCTGCACAGAAGCTAAATTCTTATATTTGTTTGGAAAATTGGATTGATTGTTTTTTTTTTTTGTACAACTATCTTATTAGTTCATATATTTTTTATTAAGTTTTAATTTTTAAGGAATATATGTGTGTATGCTCTGAAACTTAATAAACGAGGTCCACTTATTATCTCTGTTGATTTTG

WS/DGATa6 Glyma.09G239600

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.09G239600.1  
AATTTTGGTCTTGTCAAAGTAAAACCAGTTGGCACGTCTGTATCGGTTGCTTTTAGTCCTCAACCTCGTTCTGTGTGCTATACATATGGTTTCATTTCCCCCTTAATTCTCAACTCGTGAAACTTCCCAAAAAATATACAGCACTATGGAACACCAAAAAGAGGAGCAACTAGAACCAGTGAGTCCTGTGGGACAATACTTCAACAGCTCTGTGCTATGCATATACATCATTGGAGTTTTAGAATTCGAAGTTCCAATAGATGACTTGCAAACATATGCTCTTCTTAAAGATGTTTTCCTTCCCATCAATCCACGCTTCTCCTCCATCATGGTCCAAGATAAAGATGGAGAGAAAAGATGGAAGCAAGTTGATGTAAACTTGACGGACCATGTCAACATCCCCACATTCCCCGAAGGAAAAACAGCGGAATCTTATGATAAATATTTTCATGATTATTTATCAAGCATAGCAATGGAGCAATTACCACAAAGCAGACCATTATGGGATATTCACATAATCAATTACCTTACAAGTGATGCATCCAGCACTATAATATTTAAGCTTCACCATGCACTTGGAGATGGCTATTCTCTCATGGGTGCTCTTCTTTCTTGTCTTCAACGAGCCGATGACCCTTCTCTTCCCTTGTCCTTTCCTTCTCTCAAACAATCTAAACAAGAACCTTCTTCCACTAAAAGCTTTTGCAGAAAATTTTCTTGGATGTGTTCCTCTGCCTTCAACACTGTCTCAGATTTTGGATGGAGTGTATTGAAGAGTAGCATCATTAGTGATGATAAAACACCGATAAGGTTTGGAGACGAAGGAGCCGACTATCAACCAATTTCCATATCAAGCATGACATTCTCCATTGACCACATCAGGGACATCAAATCAAGGCTCGGAGTGACAATAAATGATGTGGTCACTGGAATTGTCTTCTATGGAACTAGATTATATATGCAAGATATGGACTCCAAATCAAAGACCGCACACTCCACAGCATTGGTATTACTGAATACGAGAAACGTTGAAGGTTACCAATCGATCAATGATATGCTAAATACTAAAGCCACGGGTCCATGGGGGAACAGAATTACCTTCTTGCATGTTCCAATACCGAAATTAAATGAAACAAGAACTACAAACCCTCTTGAATTTATTTGGGACACACATAACATAATCAAGAGGAAGAAACAATCTCTAGGAGTTGTACTCACCGGGACACTTTTGAAGATAGAGGGCAAATTGAGGGGACAAGAGGCAGTAGCTAAACGCATTCGTGGCACATTGACAAAATCAAGTGCAGTGATTTCAAACTTGGCTGGACCAATACAACAAATGGCTTTAGCTAACCATCCTGTGAAAGGCTTGTATTTCACATTGGCCGGTGGACCTGAAAGTCTAGTCATTTCAGTTATGAGCTATATGGGAGTCCTAAGTGTTACCCTCAAAACGGAAAAAGACTTCATAGACGAACATAAATTGAAGTTGTGCATGCAAAGTGCATTTGAGATAATTCTCCAAGCAGCTATGGAAATTCCTCAGGAAACCAAACCTTAGTATTTGGTTTGGATGATTGGAACAGCTTATTACGAAAATTAGAGAGAGAGAGAGATATGGAGAATTTACCATATTATTTCTCCGGATTTATCAACGCCTTAAGTAATTGCTTGTCTATAGTATATTTGTCGTATGTTTGGAAAGATCAATACACGAGGCCCACCTTATTTTGGATCTGTTTAGGCCTATTCTTGTTTGGAAGAATCTTATTGTCTGATCTCACTTGGTAATCATTTCTTGTTTGTTTCACAAACTAAAAAGTGTACAAGAGTTGTTATATTTTTAATTATGTAGTCTTTTGTAAAAATTTTGTACATC

WS/DGATa7 Glyma.18G257900

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.18G257900.1  
TGTTCTCATATATAGTTGAATCATTCTTGCGCTATAACACTTTCGTTCCTATCAAAGTAAAACCAGTTGGCACGTCTGTATCGGTTGCTTTTAGTCCTCACCCTCATTCTGTGTACTATATATATGGTTTCATTTCCCCCTTAATTCTCAAGTCGTGAAACTACACAAAAAAGTATACAGCACTATGGAACACCAAAAGGAGGAGCAAGCAGAACCAGTGAGTCCTGTGGGACAATACTTCAACAGCTCTGTGCTATGCATATACATCATTGGAGTTTTAGAATTCGAAGTTCCAATTGATGACTTGCAAACATATGCTCTTCTCAAAGATGTTTTCCTTCCCATCAATCCACGCTTCTCCTCCATCATGGTTCAAGATAAAGATGGAGAGAAACGATGGAAGCAAGTTGCTGTAAACTTGAAGGACCATGTGAAGATCCCCACATTCCCCGAAGGCAAAACAGTGGAAACCTATGACAAATATTTTCAAGATTATTTATCAAGCATAGCAATGGAGCAGTTACCACAAAGCAGACCATTATGGGATATTCACATAATCAATCACCGTACAAGTGATGCATCCAGCACTATAATATTTAAACTTCACCATGCACTTGGAGATGGCTATTCTCTTATGGGTGCACTTCTTTCTTGTCTACAACGAGCCGACAACCCTTCTCTTCCATTGTCCTTCCCTTCTCTCAAACAATCTAAACCAGAACCTTCCACTAAAAGCTTTAGCAGAAAAATTTCTTGGATGTGTTCCTCTGCCTTCAACACTGTCTCAGATTTTGGTTGGAGTGTATTGAAGAGTAGCATCATTACTGATGATAAAACGCCAATAAGGTTTGGAGACGAAGGAGCCGACTTTCAACCAATTTCTATATCAAGCATGACATTCTCCATTGACCATATCAGGGAAATCAAATCAAGGCTTGAAGTGACTATAAATGATGTGGTCACTGGAATTATCTTCTATGGGACTCGATTATATATGCAAGATATTGACTCCAAATCAAAGACAGCACAATCCACAGCATTGGTATTACTGAATACGAGAAACATTGAAGGTTACCAATCAATCAATGACATGCTCAATACTAAAGCAAAGGGTCCATGGGGGAACAGAATTACCTTCTTGCATGTTCCAATACCAAAATTAAATGAAACCAGAAATTCAAACCCTCTTGAATTTGTTTGGGACTCACATAATATAATCAAGAGGAAGAAACAATCTCTAGGAGTTGTACTCACCGGGACACTTCTGGAGATAGAAGGCAAATTGAGGGGACAAGAGGCAGTGGCTAAACGCATTCGTGGCACATTGACAAAATCAAGTGCAGTGATTTCAAACTTGGTTGGACCAATACAACAAATGGCTTTAGCTAACCATCCTGTGAAAGGCTTGTATTTCACATTGGCTGGTGGACCTGAGAGTCTAGTCATTTCAATTATGAGCTATATGGGAGTGCTTAGAGTTACCCTCAAAACGGAAAAAGGCTTCATAGACGAACATAAATTGAAGTCGTGCATGCAAAGTGCATTTGATAAAATTCTCCAAGCAGCTATGGAAATTACCAAACATTAGTATTTGGTTTGGATGATTGGAACAGCTTATTACGAAAATTAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGGGATGGAGAATTTACCATCTTATTATTTCTCCGGATTTATCAACGCCTTAATTAATTGCTTGTCTATAGTATATTTGTCGTATGTGTGATATGGAAAAATCAATTCACAAGGCCCACCTTATCTTGGATCTGTTCGGGATTCCTGTTCGGAAGAATCTCATCCGTCTATCTCAGTTTGTAATCATAAGTTTCTTGTTTGTTTCACAAACTATAATGTACAAGAGTTATTATATTTTTAATTTAATGTCTTTTGTAATTTATTTCTTTTTTTCTTCATCACATTAAGAGGTGCATGACTCCTACCAACCTACGTGGCATCTCTCCACTCCTTGTCTTGAATCTCGAATGTTTTCTTATCC

WS/DGATb1 Glyma.13G295900

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.13G295900.1  
AACCTACTCGTGCTTTCCATGTTTTGCAGACTAATTAGCTAAAAATAAACAAATTACTGAGAAGAAAAAATGAACTGCTTTGAGGAAGTTGTTCCAACGCCTCTGAGTCCTATGGCAGATTACTTGAGCAGCTCTTTGATAAACGTATTCGTTCTTGGTGTTCTTGAATCTGAGATTCCCATTGATGATTCAAGAGCCGAACCTCTGCTTAAGAACGCGTTCCTTCCCATCTCCACGCGCTTCTCTTCTATCTTGGTTATGGACAAGAAGGGAAACAAAGGATGGAAACAAGTTGATGTTAATGTGAAGGAACACATCAAGATTCCTACATTTACATATACCATGCCACTCAAATTATACGACGAGTGTCTTGATGAATACATGTCAAAAATAGCTATGGAACAGTTACCACTAGATAAACCGCTTTGGGAAATGCATATATTCAAGTATCCAACAAGCAATGCTGCGGGAACTTTTATATTTAAGCTCCATCATGCACTTGGAGATGGCTACTCTTTCATGACAACTTTGCTTTCATGCGTGCAAAATGCTGAGAATCCTTCTGTTCCTATAAAATTTCCTTCGAGCCGATCAGTGGAATCAAAAAGTACCAAAATCATGCCAAAATTATTACCTCAAACTGTCTCTATGATGTTTAAGAGTGCATTCGATTTTGGATGGAGTCTGTTAAAAGATAGCCTGATTCCAGATGATCAAACACCAATAAGGTCAGGTCATAAAGATGTAGGTTTTCGACCTATGAGTGTCACAGATGTTTCTCTCTCTCTGGGTAACATCAAAGAAGTTAAAGATAAACTCAAAGTGAGCGTAAATGATGTCTTGGTTGGGGTAATTTTCCTTGGCATTCAACTATACATGAGTGCAAAGAACCATAAATCAAGCAGAGCAGAGAGTACAGCATTGGTGCTGCTCAATACCAGGAAAATTAGAGCTTACAAATCTGCGGAGATGATGGATCATACCAATTCCGAGGCACCTTGGGGGAATAGATTCCACTTCATGCATGTTCCCATGCCTATGTTAAGTGATACCAATTACTTGAACCCACTTGAGTATGTGTTAGAAGCCAACAAAAATATCAACAGGAAGAGGAATTCTTTGGCCGTACCGTTGACCGGAGTGCTTTTGCGCTTGTTGAACAAAATCAGAGGCCCCCAGGCTGCTACAAACTACGTGTACAAGATATTGAATAATACAAGTTTAAGCATCTCACACATGGTTGGACCAATGGAAAAAGTGGCTTTGGCTAACCATCCTATCAAAGGCTTATACTTTATGACTGTTGGTTTATCTCAGAGCATCACAGTGACTATAACAAGTTACATGGGATATTTGCGAGTTGGATTTGGAGTAGAGGAAGGCTTCATAGACGAATACCAGCTCAAGTCATGTTTCGAAACCTCTCTGGAGATGATACTGAAAGCAGCAAAAAATGTTGCGAAAACTAGATTATAGATCAAAGCATGGAAGTCATCTCGTACTACAATGTTGTCGCGTATTTAATTTGAAATATATGTTTTATAGCCTACATAGGTTTGATGTCGTTCTTAAAAAAAAGGTTTATTATCGTCCTACCGATCTTGGTTTCAATAAAAACGCCGTCTTGGTTGCGTTTAAGAGAAAAAGAGTGTTGCAGATTGAAAAACAGTAATTTACCCTTTTCTCTGGTGTGAAAGGAGTAGGAAAAAAAATTGGTGTGACGTGTGACAATAATAAATGTATGGTGTTTTTTTTTAAGAGGAAATGTATGGTGACTTCTTTTTTACTGCAAATGTATTGTGAATTATGTACTGTT

WS/DGATb2 Glyma.19G046000

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.19G046000.1  
CTCAACAACAAAACTTATTCTAACACTATAGTACTACTCTTTTTTTCTTGCCTGAAGTGAAGGAATAATGGAAAGATTTCATGAGGAAGAAATTGAAGAGCCAGTGAGTCCAACAGGGCAATACTTGACAAGCTCTTCACTAAGTGTGTACATTCTTGGTGTCTTGGAAAGTGAGGTTCCCATTGATGACTCTCAAACCGTGCCACTTCTTCAGAATCTCTTCCTTCCCATCAACTCACGTTTCTCCTCCATCATGATTAGGGACAAAAATGGGGAGAAGAAGTGGAAGAAAGTTGAAGTTAAGCTGGAGGACCATATCAAAGTTCCTACATTTCCCAATGGCAAGTCATCCAACTTGTTCTTATATGATGAATACCTTGATGAGTACATGTCCACAATAGCTGTGGAACATTTACCACAAAATAGGCCACTATGGGAACTTCACATTATAAAATACCCAACAAGCAATGCTAAGGGTACCTTGGTGTTCAAACTCCACCATGCCCTTGGGGATGGTTTTTCTCTCATGGGTGCCCTTCTTTCATGCATGCAAAGAGCTGACAACACCTCTCTTCCCTTCACACTCCCATCAAGCCAAAGGCCCAAAGCATCATCAATTTCCAACACCAAAGGGTTTTTCAAGAAATTGCCCTCCATTTTCTTCCAAACTATATCCGAATTTGGATGGAGTTTCTTGAAAAGTAAGTTGATTGAAGATGATCAAACACCAATAAGGTCTTGTGCGGAAGACTTCAAGACTCGCCAAATGACCATCTCAGATGTCACCTTCTCATTGGATCTTATCAAAGACGTGAAATCCAAACTTGGAGTGAGCATAAATGATGTGCTTGCTGGAGTAATTTTTTTTGGCATTCGGCTATACATGCAAGAAATTAATCTGAAATCAAGCCAAACCCAATCCACAGCATTGGTGTTGCTGAACACAAGAAACATTGAAGGTTACAAGTCTGTTAAGGAGATGATTGAGAAGACCAATAGTCGTTCTGCATGGGGGAATCAATATGCCTTTTTGCATGTTTCAATTCCAGAGCTTAGTGACTCCAAATATGCAAACCCACTTGAGTTTATAAGGGAAGCCCATAAGGATATGACCAAAAAGAAAAATTCTTTGGCCACTCCTCTCACTGGCATGCTTCTAGATATGCTCAGAAAACTCAGAGGTCCTGAGGCTGCAGCTAGCTACTTACGCAGTACTTTGAGAAACTCAAGCACAACAATCTCAAACATCATTGGACCAGTGGAGCAAATGGCTGTGGCTAATCATCCAATTAAAGGGTTTTACTTCATGGTAGCTGGTTCACCTGAGAGTCTCACCATGACGATCATGAGCTACATGGGAAAGATAAGAATTGCATTTGGAGTAGAGAAGAACTTCATCGACAAGCAATTATTCAAGTCGTGTTTGGAGAATTCTCTTGAGATGATAAAGGAAGCAGCAAAAAAGATTTCCGCATAAAATCAAATATGGAAGATATGTACTTTTTTTGTTGTTGTTGTGGAAGATATGTACTACCACTATATTCTATCTATATTCTTGTTAATATTTAATTATTTTATTTAAATATATGTGATGTGGTGATTCTGTAATAGAAATTTGTTTCTGAGTGGAATGTATTTTATTGAACTGGAACAGTATCATTACGGCCGGGCATGGCTGTTTTTAGTTGGGAAGTCCCTACATTACATCAAAAAGTAGAATTAAAAATGTTTTTTTTTGTTTGATTTTTATTTGTATTCGATTGTAATATGAGTTATGCCCTCAAATTTGTCTTGAAATTCAATTTGAAATGAAAGCGTTG

WS/DGATb3 Glyma.13G046600

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.13G046600.1  
AGTCTCTCTTCCCATTGTATATATCTGGCCCCAACTCAAGAAACTGAATCTCAACAACAAAACTTATTGTCACACTCCAACCTAGCTAGCTTTTTTCTTCTTGCTTGTTATAAGTGAAAGGATGGAAAGATTTGATGGAGAAGAAATTGAAGAGCCAGTGAGTCCAACAGGGCAATACTTGACAAGCTCTTCACTGAGTGTGTACATTCTTGGTGTCTTGGAAACTGAGGTTCCCATCGATGACTCTCAAACCGTGCCACTGCTTCAGAATCTCTTCCTTCCCATCAACTCACGTTTCTCGTCCATCATGATTAGGGACAAAAATGGGGAGAAAAAGTGGGAAAAAGTTGAAGTTAAGCTGGAGGACCATATCAAAGTTCCTACATTTCCCAATGGCAAGTCATCCAACTTCTTATATGATGAATACCTTGATGAGTACCTGTCCACAATAGCTGTGGAACATTTGCCACATAATAGGCCACTATGGGAACTTCACATTATTAAATACCCAACAAACAATGCTAAGGGTACCTTGGTGTTCAAACTCCACCATGCCCTTGGGGATGGCTTCTCTCTCATGGGTGCCCTTCTTTCATGCATGCAAAGAGCTGACAACACCTCTCTTCCCTTCACACTCCCATCAAGCCTAAGACCCAAAGCATCAATTTCCAACACCAAAGGGGTTTTCAAGAAATTGCCCTCCATTTTCTTCCAAACCATATCCGAATTTGGATGGAGTTTCTTGAAAAGTAACATGATTGAAGATGATCAAACACCAATAAGGTCTTGTGCGGAAGACTTCAAGACTCGCCAAATTACCATCTCAGATGTCACCTTCTCCTTGGATCTTATCAAAGAAGTGAAATCCAAACTTGGAGTGAGCATAAATGATGTGCTTGCCGGGGTAATTTTTTTTGGCATTCGGCTATACATGCAAGAAATTAATCTGAAATCGAGCCAAACCCAATCCACAGCACTGGTGTTGCTGAACACAAGAAATATTGAAGGTTACAAGTCTGTTAAGGAGATGATTAACAAGACCAATAGTCGTTCTTCATGGGGGAATCAATATGCCTTTTTGCATGTTCCAATTCCAGAGCTTAGTGATTCCAAATATGCAAACCCACTTGAGTTTATAAGGGAAGCCCATATGGATATGACCAAAAAGAAAAATTCTTTGGCCACTCCTCTCACTGGCATGCTTCTAGATATGCTCAGAAAACTCAGAGGTCCTGAGGCTGCAGCTAGATACCTGCGCAATACTTTAAGAAACTCAAGCACAACAATCTCAAACATCATTGGACCAGTGGAGCAAATGGCTGTGGCTAATCATCCAATTAAAGGGTTTTACTTCATGGTAGCTGGTTCACCTGAGAGTCTCACCATGACGATCATGAGCTACATGGGAAAGATAAGAATTGCATTTGGAGTAGAGAAGGACTTCATCGACAAGCAATTATTCAAGTCGTGTTTGGAGAATTCTCTTGAGATGATAAAGGAAGCAGCAAAAAAGATTTCGACATAAAACTAATCAAATATGGAAGATAAGTACTACCATTATATTCTATTGTTAACATATAATTATTTTATTTAAATATATGTGATGTAATGATTCTGTAATAGAATTTTGTTTGTGTGTGAAACGTATTTTTATTGAACTTGAACAGTATCATC

WS/DGATc1 Glyma.07G000300

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.07G000300.1  
GGTCACATTTTATTATAGAATTAACTAAAGTAGGAATGAAATAATAGGGGGGGGGGAGAGATATATCATACGACTGAGTCTAGAGGGTGTGTGAATAGAGAGAGTGATGGGTGAGAGGGGGGACGAAGCTGTAACCCCGGCGGGGAGGCTGTTCCTGCAGGCAGAAATGAAACAAGTAATCCACTGCGTCATAGGGCTGAAGAACCCCATCGACGCGGAGCTAGTGAAATCACAAGTCCGGAACTCTACTATGCTACAACACCCACGCTTCACGAGTCTGATGGTAAGAGGCGAAGGAGGAGTGGAGCACTGGCGGCCCACCGAAATCGACATCGATCGGCACGTGCTTATAATAGAGGAAGCAGTGGGCGAGAGGGAGGAGGAGGATGAATCGGCCATCAACAAGTACCTGGCCGAATTATCCATAGACAGCGATGGGCTTAGCATGGAGAAGCCCCTGTGGGAAATCCATCTTCTTAAGGCCCACAAGTGCGTTATTTTCCGAATCCATCACGCCCTCGGGGATGGGATTTCCTTGATGTCCATGCTTCTCGCCAGCTGCAGGAAACTCAACAACCCAAACGCCCTCCCTACCATCGCCGCCTCTGCCTCTACCTCTGCCTCTACCTCTGCCTCTAAAACTAACCTCATCAATTTCCGGAATCTCCTCGCTACCCTCTGGTTTTGTTTCATCTTTGCCCTCGAGTTCATCCTCAGGTGTTTGTGGATTCGTGACCCCAAATCCGCCTTAACCGGTGGCGCTGGGGTTGAGCTCTGGCCCAGGAAGATAGCTACTGCCACTTTCTCCTTAGAAGACATGAAGACCGTCAAGACTGCTGCTAATGCGACCATAAATGATGTTCTATTTGCAGTTATATCATCTGGGATATCAAGATACCTAGACTTTCGAGCACCTAATGGGCTGCGAGATGGTGTTCAGCTAACAGGTTTAGCTATGGTTAATTTAAGAAAGCATCCAGGATTACAGGAATTATCCAATATGATGAGAAGTAATTCAGGAGCAAGGTGGGGTAACAAATTTGGTATGATTCTCTTGCCTATATATTACCATAGAACCAACACTTCAGATCCTTTAGAATATCTGAAGAGAGCTAAGGCAATGATTGACAGAAAGAAACGATCTCTAGAAGCCAGTTTCTCATACAAAATTGGGGATTTTGTAATGTCCACCCTTGGTCCAAAGTTTGCTAGCCTTCTAAATTATCGGATACTCTGCCACACTTCCTTCACTATCTCAAATGTGGTTGGCCCGCAAGAGGAGATTATGATTGGAGGCAATCCTATAACGTTCTTAAGGGCAAATAATTCTGCCTTGCCTCATGCTCTCATTTTGAATATGGTGAGCTATGCTGGAAGAGCAGACATGCAAGTGCAGGTGGCCAAAGACATCATTCCTGATCCTGAGTTTCTTGCCAAGTGTTTTGAAGATGCATTGCTTGAAATGAAGGAGCAGGTTACGGCCAAAATCTGACATTTGGAGAAATTTGATTTTGTTAAATGTTACAACATTGCTATGAATATTGAGATACATATAATCACAAGCAACATAATTTACATTGGGATAACATTTACTTTCTTAATAAATGTTATATAGGGACTTATTTGATACATCTAGTTCTCTCATATGTACCATTGATGGTTGTATGACCTATTAATACATAAGTTGAAAGGATTTGAAGCATATTATTAAAATGCATTTCATGTTTGCTT

WS/DGATc2 Glyma.09G196400

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.09G196400.1  
AAACAAAATGCAAAATTATTCAAAAAGCCGCCACCATTTGACTTTGAAATGCCCATATCCTCACAAATTTATTAACTTTGGTGGTTTTGATTACATTATAAACCACCCTACCCTGCCCCTTGTGAGAACACAGCAAACAATCTTTGCATCTTGAATGAAAAAAAGGGAGCAACTATGGCATCCAGAGAAAGAGAGGGTGAACCACTGAGTCCAACAGGGAAGCTGTTCCATGAGCCATCTTTAAACTGTTATGTGATTGCCATCATGGGTTGCAAGACAAGCATCAATCCTCAAGTCATTCGAGAAGGTTTATGTCAAACACTGCTCAAGCATCCCAGGTTCACCAGCAAACTGGTTAAGAAGGGAAGGAAAACGAAATGGATCCCAACAAAAGTTGACTTAGACAACCATATCATAGTTCCTGAAATAGATTCCAACTTAGAGTACCCAGATAGATTTGTGGAAGACTATGTCTCCCATTTCACCAAAACTCCACTAGACCAATCCAAGCCACTATGGGAACTACACCTCCTCAACATCAAAACCTCGGACGCAGAAGCTGTTAGCGTATTTCGGATTCATCATTCCATAGGCGATGGTGCCTCTCTCATATCACTCCTTCTTGCTGCCACTCGCAAAACTTCTGACCCTAATGCGTTGCCAACTGTGCCAATCCCAAAGAAAGACACCTCACATCAACGCTCATCAAGCCCATTCCGGTGGCTCTTCGTAATTTGGTGGGCACTACTTCTCATTTGGCACACTTTCGTGGATATGTTGTTGTTTACTTTCACCATTTTCTTCATCAAAGACACACCAACTCCTCTCAAAGCTGGTGCGCTAGGGGTTGAACTACATAACAAGCGCATTGTCCATCGCACAGTTAGTATGGATGATATCAAGCTCGTGAAGAATGAAATGAAAACGACAATCAATGATGTTTTATTGGGAGTAACACAAGCCGCTCTCACTCGCTACTTGAATCGAGCATATGCAGATGTAGGCGCAAATAGCAACGGTGTGAAACAGAGATCTAGTGTCCTCAAGAAGATTCGCCTTAGGGCATCAATTCTTGTTAACATTAGACCTGTTGGTGGAATACAGGAACTAGCAGATATGATGGCAGAGAAATCAAAAGTCAAATGGGGTAATTGCATGGGATACATCATCCTCCCTTTCTCTATTGTTTTGTATAAAGATCCATTGGAATATGTACGTCATGCTAAGGCCACAATAGACCGAAAGAAGCACTCATTAGAAGCAATTTGCTCTTATGCTTGTGCAAAGCTGGTACTCAATTTATTAGGTGTAAAGGTTGCTGCTGCCATAACACGAAGAGTTCTCTTTAACACTACTGTAGCCTTCTCCAATGTGCCTGGTCCTGTGGAAGAAATTAGCTTCTATGGTCATCCCGTGGCATACATTGCTCCTAGTGTATATGGACACCCACTTGCACTGACCATCCATTTTCAAAGCTATGCTAACAACATGACCATTTCTCTAGCAGTGGACCCACTTGTTATTTCGGATCCTTACCTTCTTTGTGATGATTTAGAACAATCACTCAAACTCATTCGTGATGCTATTCAGAAAAAGCACACTGTCGATGCTGTCTAATAGTATATGGTCTAATTATGAGATTTTAGGAAATTGGACAACTACTGATTATTTTTCATTTGAAATGCAATTTATATGAATTTTTTAAACTTATAATTGGTGTATCATAATATTCGTAAACTTATAGAAAAAATAAGGAT

cytoDGAT Glyma.13G118300

>G.max Wm82.a4.v1|Glyma.13G118300.1  
ACCGAACGAAAGTGCGCGCCACGTCATCAATGCCCAATAAGAGAGCTGAAAAAAGACGCCTCCAACCAAAAACCAAAACAGAGTAGTTTGCATCGCCGTCGTCAACCATGGAGATCTCCGGCAGCGTTCTCCGCCAGCTCAGCTACGTCTCCGGCTATGGGACCCCCACGCGTTCCCGTGGCGTGGCTTCTCGTGTTGGGCTGAGAATGGGGACGGGTTCTGGTTTCTGTGACGAGGGGCATCTGCAGTATTACCAGGACACCAAAAAGATTCTGACCCCTAAGAAGTTGAAATTGCTCAAGGGTTTCTCCAAATTAGGGCTTGCATCGGATCCCGAGAAACTTGCCATGTTCCATGATCTTCAACAAAACCTCACCTCGGATGCTGGAGAGGTGTTACTGAGAGAGTTAGAAGCAGCAAGAGCAAAGGAGAAGGAAATGAAGAAAAAAAGAAAGCAAGAGATAAAGGCCAAACTCAAAGCCTCCAAGATGAATTGTGAATCTTCTTCATCTTCATCGTCTGAATCAAGTGACAGTGATGGTGATTGTGATCAAGTGGTTGACATGAACTGCTTCAGAGCTGGTGCTGGTGTTGTTGTCCCTGCACCTGTGGAGGAATCCCCACTGCCCAAGACCCCCATTGTTGAGGATACAAATGCAAAGGCGCATCGTGATGCCATGGCATTGTGTTCTAAGAATGATATCTCTGTTAGCAGTGTTAGAGATTGTATTAAGAGCGAGAGTGCTGTTGTTACCGCTGCTCCTCAAAAGAGGATTGAGGTCTGCATGGGTACCAAGTGCAAAAGATCAGGGGCTGCTGCACTGATGCAAGAGTTTGAGAGAGTGGTGGGTGTCGAAGGTGGTGCTGTTGTTTCATGCAAGTGCATGGGCAAGTGCAAAACTGCTCCTAATGTTAAAGTTCAGAATTCTGTCGATCATAGCCTTGCTCGAGGACTCGATGATTCTGTTAACATTCCTGCTAACCCTCTCTGCATTGGAGTTGGCTTGGGGGATGTGGATGCCATTGTGGCTAGATTTTTGGGAGAGAGTCACACAGATATAGGTATGATAGGTGCAGCTACAGCTACTTGATGTTGTTGTGGAAAAGGCTAGTGTGCTATTTGTAATTGTATATATACTTAGCCAGTATGCTGAGGAAACATTATTGGCAATGATTTTTTTTTTTTATTGTTCATATTGTATATAAACTAGTTGTTTTGAAGTTTCATTTCCTTGTTTATTGGGAATGCTATTTAATTGTTTCACTCTT