**1. Clitoria ternatea cyclotide precursor, internal, ctr28192\_c2\_g6\_i1, 3-224(+)**

**Query string:** TTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAAC

**Reads:**

>1

TTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGAACATC

>2

CCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAG

>3

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTAGATCG

>4

GAAGGGGGTTTTCCTATCTGGGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACTATATAA

>5

GGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCA

>6

GAAGACAGAAGGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAAC

>7

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGA

>8

AGGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATT

>9

AGGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATT

>10

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGA

>11

ATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATGTAATTGCAATTGAAACGA

>12

GAAGACAGAAGGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAAC

>13

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATCATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGA

>14

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGAGAAGACAGTGGATGA

>15

CAGAAGGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATAT

>16

CCTATCTGTTGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAG

>17

AGGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATT

>18

TTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGAACAT

>19

GAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGT

>20

GGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGATCG

>21

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGA

>22

CAGAAGGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATAT

>23

GGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGC

>24

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGAGATCGGAAGA

>25

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGA

>26

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGA

>27

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGA

>28

GACAGAAGGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCAT

>29

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGA

>30

TTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGAACATC

>31

GGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTG

>32

GAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGG

>33

GGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGC

>34

GAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGG

>35

TTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGAACATC

>36

AGGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATT

>37

GGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACTAGATCGGAA

>38

CCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAG

>39

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGA

>40

AACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTAGAT

>41

GAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGT

>42

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGA

>43

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGA

>44

GAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGG

>45

CCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAG

>46

AGACAGAAGGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCA

>47

AGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTG

>48

AGGGGGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATT

>49

TTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGAACATC

>50

CTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAATTGAAGCGAAGACAGTGGATGA

>51

GGTTTTCCTATCTGTGGAGAAACTTGTTTCAAAACTAAGTGTTACACGCCAGGTTGTTCATGTTCATATCCAGTTTGCAAGAGAAACCATATAATTGCAA

**CDS to Protein Translation (only cyclotide-like transcripts):**

>1\_1

FKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDEHX

>2\_1

PICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEX

>3\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDR

>4\_1

EGGFPIWGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNYIX

>5\_2

GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIA

>6\_2

KTEGGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN

>7\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDX

>8\_2

GGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHII

>9\_2

GGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHII

>10\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDX

>11\_1

ICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHVIAIETX

>12\_2

KTEGGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN

>13\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDX

>14\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEEKTVDX

>15\_3

EGGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHX

>16\_1

PIC\*ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEX

>17\_2

GGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHII

>18\_2

FKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDEH

>19\_3

ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTV

>20\_1

GETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKIX

>21\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDX

>22\_3

EGGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHX

>23\_3

GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIA

>24\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKRSEX

>25\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDX

>26\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDX

>27\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDX

>28\_2

TEGGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNH

>29\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDX

>30\_1

FKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDEHX

>31\_1

GGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIX

>32\_1

ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVX

>33\_3

GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIA

>34\_1

ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVX

>35\_1

FKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDEHX

>36\_2

GGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHII

>37\_1

GGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN\*IGX

>38\_1

PICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEX

>39\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDX

>40\_2

TCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVD

>41\_3

ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTV

>42\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDX

>43\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDX

>44\_1

ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVX

>45\_1

PICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEX

>46\_3

TEGGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNX

>47\_2

ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTV

>48\_2

GGFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHII

>49\_1

FKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDEHX

>50\_3

CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAIEAKTVDX

>51\_1

GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRNHIIAX

**Multiple sequence alignment:**

4\_1 --EG**GFPIWGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**YIX----------- 34

15\_3 --EG**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HX------------ 33

22\_3 --EG**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HX------------ 33

6\_2 KTEG**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**-------------- 33

12\_2 KTEG**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**-------------- 33

28\_2 -TEG**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**H------------- 33

46\_3 -TEG**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**X------------- 33

37\_1 ---G**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**\*IGX---------- 33

5\_2 ----**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIA---------- 33

23\_3 ----**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIA---------- 33

33\_3 ----**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIA---------- 33

51\_1 ----**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAX--------- 34

8\_2 ---G**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HII----------- 33

9\_2 ---G**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HII----------- 33

17\_2 ---G**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HII----------- 33

31\_1 ---G**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIX---------- 34

36\_2 ---G**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HII----------- 33

48\_2 ---G**GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HII----------- 33

11\_1 -------**ICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HVIAIETX------ 34

2\_1 ------**PICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEX------- 34

38\_1 ------**PICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEX------- 34

45\_1 ------**PICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEX------- 34

16\_1 ------**PIC**\***ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEX------- 33

24\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKRSEX-- 33

20\_1 ---------**GETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKIX---- 34

1\_1 -------------**FKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDEHX 34

18\_2 -------------**FKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDEH- 33

30\_1 -------------**FKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDEHX 34

35\_1 -------------**FKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDEHX 34

49\_1 -------------**FKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDEHX 34

19\_3 ----------**ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTV---- 33

32\_1 ----------**ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVX--- 34

34\_1 ----------**ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVX--- 34

41\_3 ----------**ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTV---- 33

44\_1 ----------**ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVX--- 34

47\_2 ----------**ETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTV---- 33

14\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEEKTVDX-- 33

3\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDR-- 33

7\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDX-- 33

10\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDX-- 33

13\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDX-- 33

21\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDX-- 33

25\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDX-- 33

26\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDX-- 33

27\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDX-- 33

29\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDX-- 33

39\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDX-- 33

42\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDX-- 33

43\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDX-- 33

50\_3 ------------**CFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVDX-- 33

40\_2 -----------**TCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**HIIAIEAKTVD--- 33

 \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

**Possible sequence: GFPICGETCFKTKCYTPGCSCSYPVCKRN**

**2. Clitoria ternatea cyclotide precursor, 5prime\_partial, ctr28841\_c1\_g1\_i4, 366-641(-)**

**Query string:** TCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTC

**Reads:**

>1

CTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCATGTCATTGCATCTGA

>2

CTGAAGCCGGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCA

>3

ATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCATGTCATTGCATCTGAGGCAAAGACA

>4

CCGGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCATGTCAT

>5

AGCCGGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCATGTC

>6

CTGAAGCCGGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCA

>7

CTGAAGCCGGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGATAGAT

>8

CTCGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCATATCATTGCATCTGA

>9

AGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCATGTCATTGCATCTGAGGCAAAG

>10

GAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCATGTCATTGCATCTGAGGCAAA

>11

CTTTTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCATGTCATTGCATCTGA

>12

CTGAAGCCGGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCA

>13

GGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCAAGATCGGA

>14

GGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCATGTCATTG

>15

CTGAAGCCGGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTATAACCGGAGCTATCGGTTGTTCTTGCAAAAATAGAGTCTGCTACCGAAATCA

**CDS to Protein Translation (only cyclotide-like transcripts):**

>1\_3

CGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNHVIASX

>2\_3

EAGIPCGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNX

>4\_3

GIPCGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNHVX

>5\_2

AGIPCGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNHV

>6\_3

EAGIPCGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNX

>7\_3

EAGIPCGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYR\*X

>8\_3

RGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNHIIASX

>9\_2

ESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNHVIASEAK

>10\_3

ESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNHVIASEAX

>11\_3

FGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNHVIASX

>12\_3

EAGIPCGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNX

>13\_1

GIPCGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNQDRX

>14\_1

GIPCGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNHVIX

>15\_3

EAGIPCGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRNX

**Multiple sequence alignment:**

13\_1 --GIPCGE**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**QDRX---- 34

2\_3 EAGIPCGE**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**X------- 33

6\_3 EAGIPCGE**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**X------- 33

12\_3 EAGIPCGE**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**X------- 33

15\_3 EAGIPCGE**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**X------- 33

7\_3 EAGIPCGE**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYR**\*X------- 32

4\_3 --GIPCGE**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**HVX----- 33

5\_2 -AGIPCGE**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**HV------ 33

14\_1 --GIPCGE**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**HVIX---- 34

9\_2 -------E**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**HVIASEAK 33

10\_3 -------E**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**HVIASEAX 33

1\_3 -----CGE**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**HVIASX-- 33

11\_3 -----FGE**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**HVIASX-- 33

8\_3 -----RGE**SCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**HIIASX-- 33

**Possible sequence: GIPCGESCVWIPCITGAIGCSCKNRVCYRN**

**3. >Clitoria ternatea cyclotide precursor, internal, ctr28841\_c1\_g4\_i1, 3-266(-)**

**Query string:** GAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAA

**Reads:**

>1

GTTTGTGGCAAAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAA

>2

CGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTC

>3

AAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTG

>4

TCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTGCATCA

>5

GGCAAAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGT

>6

GGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTGCATCAACTGCAA

>7

AAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATC

>8

CAAAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTA

>9

AGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCA

>10

GGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCT

>11

TAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATT

>12

GCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATA

>13

GCAAAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTT

>14

GAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTGCATCAACTGCAAA

>15

CGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTCTTATCATAACTC

>16

AAAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTAT

>17

AGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTGCATCAACTGCAAAG

>18

CTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATAT

>19

AGACGGAAACTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAA

>20

GAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCAT

>21

ATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTGCAT

>22

GACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAAC

>23

TGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTGCATCAACTG

>24

AGAAGACGGAATCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCA

>25

GTTTGTGGCAAAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGAAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAA

>26

CGGAAGGTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTC

>27

ACGGAAACTAAAATTTCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACT

>28

CGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAGATC

>29

CTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTGCATCAAC

>30

AGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCAT

>31

AAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCA

>32

TAAAATTCCTTACGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATT

>33

AATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTAATATTGCA

>34

GAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTGCATCAACTGCAAAGA

>35

AGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAA

>36

GTGGCAAAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTT

>37

TGGCAAAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTG

>38

AAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATTATAACTCTCATATTGC

>39

CGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTGCATCAACTGCA

>40

AATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTGCA

>41

CGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGGTTGTTATCATAGATC

>42

ACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACT

>43

AGAAGACGGAAGCTAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATA

>44

TTTGTGGCAAAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAG

>45

AAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATA

>46

GGCAAAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGAGATC

>47

TAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTC

>48

CCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTGCATCAA

>49

ACGGAAGCTAAAATTTCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACT

>50

GGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTTTCATAACTCT

>51

CGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCCTAACTC

>52

AGAAGACGGAAACTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCA

>53

GAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTTCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCAT

>54

GTTTGTAGCAAAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAA

>55

GACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTGTTATCATAACT

>56

AGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAACTTTGTTATCATAACTCTCATATTGCATCAACTGCAAAG

>57

GAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTC

>58

AAAAAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTAT

>59

GAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGAGATCGGAAGA

>60

AGAAGACGGAAGCTAAAATTCATTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCA

>61

AAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTCATATTGC

>62

AGAAGAAGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCA

>63

TTGTGGCAAAGAAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGT

>64

TGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTATCATATTGTATCAACTG

>65

GACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGATTGTTATCATAAC

>66

GGAGGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCT

>67

GGCAAAGAAGACGGACGCTAGAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGT

>68

GAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATCACTCTCATATTGCATCAACTGCAAA

>69

GAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTAACATAACTCTCATATTGCATCAACTGCAAAGA

>70

GTTTGTGGCAAAGGAGACGGAAGCTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAA

>71

CTAAAATTCCTTGCGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTCTCACGGGATATTTTGGCTGTTATTGTCAAAGCAAAGTTTGTTATCATAACTCTAATAT

**CDS to Protein Translation (only cyclotide-like transcripts):**

>1\_2

FVAKKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSK

>10\_2

EAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNS

>11\_2

KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHI

>12\_1

AKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHX

>13\_1

AKKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCX

>14\_3

ESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIASTAX

>15\_3

EAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVSYHNS

>16\_2

KKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCY

>17\_2

ESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIASTAK

>18\_3

KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHX

>19\_3

TETKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHX

>2\_3

EAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNS

>20\_2

KTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYH

>21\_1

IPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIAX

>22\_2

TEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN

>23\_1

CGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIASTX

>24\_3

KTESKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYX

>25\_2

FVAKKTEAKIPCEESCVWIPCLTGYFGCYCQSK

>26\_3

EGKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNS

>27\_1

TETKISCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNX

>28\_3

EAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHRS

>29\_3

CGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIAST

>3\_1

KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIX

>30\_2

AKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSH

>31\_3

AKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSX

>32\_2

KIPYGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHI

>33\_2

IPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSNIA

>34\_1

ESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIASTAKX

>35\_3

TEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHX

>36\_1

VAKKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVX

>37\_3

AKKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVX

>38\_3

IPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYYNSHIA

>39\_2

GESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIASTA

>4\_2

PCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIAS

>40\_2

IPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIA

>41\_3

EAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKGCYHRS

>42\_1

TEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNX

>43\_1

RRRKLIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHX

>44\_1

FVAKKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKX

>45\_1

KTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHX

>46\_2

AKKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKEI

>47\_1

\*AKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSX

>48\_1

PCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIASX

>49\_1

TEAKISCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNX

>5\_2

AKKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVC

>50\_2

EAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCFHNS

>51\_3

EAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYPNS

>52\_3

KTETKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYX

>53\_2

KTEAKIPFGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYH

>54\_2

FVAKKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSK

>55\_2

TEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVVIIT

>56\_2

ESCVWIPCLTGYFGCYCQSKLCYHNSHIASTAK

>57\_1

EAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSX

>58\_2

KKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCY

>59\_2

KTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKEIGR

>6\_1

GESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIASTAX

>60\_3

KTEAKIHCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYX

>61\_3

IPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSHIA

>62\_3

KKEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYX

>63\_3

VAKKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKV

>64\_1

CGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNYHIVSTX

>65\_2

TEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKDCYHN

>66\_2

EAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNS

>67\_2

AKKTDARIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVC

>68\_3

ESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHHSHIASTAX

>69\_1

ESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVC\*HNSHIASTAKX

>7\_1

KKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYX

>70\_2

FVAKETEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSK

>71\_3

KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHNSNX

>8\_3

KKTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCX

>9\_3

KTEAKIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYX

**Multiple sequence alignment:**

55\_2 -----TEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVVIIT**--------- 33

59\_2 ----KTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKEIGR**---------- 33

46\_2 --AKKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKEI**------------ 33

70\_2 FVAKETEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSK**-------------- 33

1\_2 FVAKKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSK**-------------- 33

44\_1 FVAKKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKX**------------- 34

54\_2 FVAKKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSK**-------------- 33

25\_2 FVAKKTEA**KIPCEESCVWIPCLTGYFGCYCQSK**-------------- 33

67\_2 --AKKTDA**RIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVC**------------ 33

63\_3 -VAKKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKV**------------- 33

36\_1 -VAKKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVX**------------ 34

37\_3 --AKKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVX**------------ 33

8\_3 ---KKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCX**----------- 33

13\_1 --AKKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCX**----------- 34

5\_2 --AKKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVC**------------ 33

56\_2 -------------**ESCVWIPCLTGYFGCYCQSKLCYHN**SHIASTAK- 33

69\_1 -------------**ESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVC**\***HN**SHIASTAKX 33

17\_2 -------------**ESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIASTAK- 33

34\_1 -------------**ESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIASTAKX 34

64\_1 -----------**CGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**YHIVSTX-- 34

68\_3 -------------**ESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHH**SHIASTAX- 33

23\_1 -----------**CGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIASTX-- 34

29\_3 -----------**CGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIAST--- 33

39\_2 ------------**GESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIASTA-- 33

14\_3 -------------**ESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIASTAX- 33

6\_1 ------------**GESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIASTAX- 34

43\_1 ----RRRK**LIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHX**--------- 34

51\_3 ------EA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYPN**S-------- 33

50\_2 ------EA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCFHN**S-------- 33

41\_3 ------EA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKGCYHR**S-------- 33

28\_3 ------EA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHR**S-------- 33

26\_3 ------EG**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**S-------- 33

15\_3 ------EA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVSYHN**S-------- 33

10\_2 ------EA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**S-------- 33

2\_3 ------EA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**S-------- 33

57\_1 ------EA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SX------- 34

66\_2 ------EA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**S-------- 33

31\_3 -------A**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SX------- 33

47\_1 ------\*A**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SX------- 33

65\_2 -----TEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKDCYHN**--------- 33

22\_2 -----TEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**--------- 33

42\_1 -----TEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**X-------- 34

27\_1 -----TET**KISCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**X-------- 34

49\_1 -----TEA**KISCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**X-------- 34

53\_2 ----KTEA**KIPFGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYH**---------- 33

19\_3 -----TET**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHX**--------- 33

35\_3 -----TEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHX**--------- 33

20\_2 ----KTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYH**---------- 33

45\_1 ----KTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHX**--------- 34

24\_3 ----KTES**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYX**---------- 33

52\_3 ----KTET**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYX**---------- 33

62\_3 ----KKEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYX**---------- 33

60\_3 ----KTEA**KIHCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYX**---------- 33

9\_3 ----KTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYX**---------- 33

16\_2 ---KKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCY**----------- 33

58\_2 ---KKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCY**----------- 33

7\_1 ---KKTEA**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYX**---------- 34

71\_3 --------**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SNX------ 33

32\_2 --------**KIPYGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHI------ 33

11\_2 --------**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHI------ 33

3\_1 --------**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIX----- 34

30\_2 -------A**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SH------- 33

12\_1 -------A**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHX------ 34

18\_3 --------**KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHX------ 33

4\_2 ----------**PCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIAS---- 33

48\_1 ----------**PCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIASX--- 34

38\_3 ---------**IPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYYN**SHIA----- 33

21\_1 ---------**IPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIAX---- 34

40\_2 ---------**IPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIA----- 33

61\_3 ---------**IPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SHIA----- 33

33\_2 ---------**IPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**SNIA----- 33

 \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

**Possible sequence:** **KIPCGESCVWIPCLTGYFGCYCQSKVCYHN**

**4. >Clitoria ternatea cyclotide precursor, 3prime\_partial, ctr28841\_c2\_g4\_i2, 2-154(-)**

**Query string:**CTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAA

**Reads:**

>1

CTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCAAAGAC

>2

GTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTAC

>3

AGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCA

>4

GAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAAGCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGC

>5

TGTGAAGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAA

>6

CTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCAAAGAC

>7

CTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGAGATCGGAAGAGCGTCGTG

>8

GAAGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTT

>9

AGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATACGTCC

>10

GAAGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTT

>11

GAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGC

>12

AGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTG

>13

TATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATT

>14

TGTGAAGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAA

>15

AACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTAT

>16

CTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCAAAGAC

>17

CTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAG

>18

ATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCAAAG

>19

CTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAG

>20

TGTGAAGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAA

>21

TGTGAAGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAA

>22

GTGAAGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAG

>23

CTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCAAAGAC

>24

AGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAG

>25

CTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCAAAGAC

>26

CGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCA

>27

GGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTG

>28

AAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTA

>29

AGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTG

>30

AGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCA

>31

GGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTG

>32

TGTGAAGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAA

>33

AGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTACTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTG

>34

GAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTC

>35

GAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGC

>36

AGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTG

>37

AGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTG

>38

GAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGC

>39

CTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCAAAGAC

>40

CTACTGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAG

>41

CTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAG

>42

GAAGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTT

>43

CTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCAAAGAC

>44

CTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAG

>45

CTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCAAAGAC

>46

AGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTG

>47

CTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCAAAGAC

>48

CTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTAGCATTGCATCTACTGCAAAGAC

>49

AAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCT

>50

AGAAAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTG

>51

GCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAAGTCCTCTA

>52

AACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTAT

>53

CAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTATAA

>54

AAACAGGAGCTGCTCGTATTCCTTGTGGAGAATCTTGTGTATGGATTCCATGTACTATAACAGCGCTTGTTGGTTGTGCATGCCATGAGAAAGTTTGCTA

**CDS to Protein Translation (only cyclotide-like transcripts):**

>5\_2

VKKTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK

>7\_3

RIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKEIGRASX

>8\_2

KKTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKV

>9\_2

AARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCYTS

>10\_2

KKTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKV

>12\_3

KTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVX

>13\_2

IPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCYKSSSI

>14\_2

VKKTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK

>15\_2

TGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCY

>17\_3

RIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCYKSSX

>19\_3

RIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCYKSSX

>20\_2

VKKTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK

>21\_2

VKKTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK

>22\_1

VKKTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKX

>24\_2

GAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCYK

>26\_1

RIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCYKSSSX

>28\_3

TGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCX

>29\_3

KTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVX

>32\_2

VKKTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK

>33\_3

KTGAARITCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVX

>34\_3

AARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCYKS

>35\_2

KTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVC

>36\_3

KTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVX

>37\_3

KTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVX

>38\_2

KTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVC

>40\_1

LLKTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKX

>41\_3

RIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCYKSSX

>42\_2

KKTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKV

>44\_3

RIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCYKSSX

>46\_3

KTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVX

>49\_1

KTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCX

>50\_3

KTGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVX

>51\_1

ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCYKSSX

>52\_2

TGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCY

>53\_3

GAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCYX

>54\_3

TGAARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEKVCX

**Multiple sequence alignment:**

7\_3 -------**RIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**EIGRASX- 33

40\_1 LLKTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**X------- 34

33\_3 --KTGA**ARITCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VX------ 33

12\_3 --KTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VX------ 33

29\_3 --KTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VX------ 33

36\_3 --KTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VX------ 33

37\_3 --KTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VX------ 33

46\_3 --KTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VX------ 33

50\_3 --KTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VX------ 33

5\_2 VKKTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**-------- 33

14\_2 VKKTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**-------- 33

20\_2 VKKTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**-------- 33

21\_2 VKKTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**-------- 33

22\_1 VKKTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**X------- 34

32\_2 VKKTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**-------- 33

8\_2 -KKTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**V------- 33

10\_2 -KKTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**V------- 33

42\_2 -KKTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**V------- 33

17\_3 -------**RIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCYKSSX- 33

19\_3 -------**RIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCYKSSX- 33

41\_3 -------**RIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCYKSSX- 33

44\_3 -------**RIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCYKSSX- 33

51\_1 ------**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCYKSSX- 34

13\_2 --------**IPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCYKSSSI 33

26\_1 -------**RIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCYKSSSX 34

9\_2 -----A**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCYTS--- 33

34\_3 -----A**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCYKS--- 33

28\_3 ---TGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCX----- 33

49\_1 --KTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCX----- 34

54\_3 ---TGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCX----- 33

35\_2 --KTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VC------ 33

38\_2 --KTGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VC------ 33

15\_2 ---TGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCY----- 33

52\_2 ---TGA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCY----- 33

24\_2 ----GA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCYK---- 33

53\_3 ----GA**ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**VCYX---- 33

 \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

**Possible sequence: ARIPCGESCVWIPCTITALVGCACHEK**

**5. >Clitoria ternatea cyclotide precursor, internal, ctr****29746\_c1\_g3\_i3, 2-256(-)**

**Query string:** TATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

**Reads:**

>1

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>2

ATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTC

>3

GCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCCCACGTCTGAACTCCAGTCA

>4

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>5

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>6

GTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACA

>7

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACCCGTCTGA

>8

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>9

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>10

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>11

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>12

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>13

AATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAA

>14

TGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACT

>15

GTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAAAAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACA

>16

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>17

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>18

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>19

AGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCACTTAGGCA

>20

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>21

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>22

GTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACA

>23

GTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACA

>24

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>25

GTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACA

>26

GCCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTC

>27

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>28

TGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACT

>29

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>30

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>31

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>32

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>33

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>34

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>35

GTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGCTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCCAC

>36

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>37

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>38

CCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTG

>39

ATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAAC

>40

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>41

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGATTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>42

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTAAAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>43

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>44

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>45

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>46

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>47

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>48

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGGTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>49

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>50

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>51

CCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTG

>52

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>53

CCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTG

>54

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>55

GTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACA

>56

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>57

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>58

AGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTC

>59

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAA

>60

TTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCA

>61

TCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCT

>62

GGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTAAACTCCAGTCACTTAG

>63

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>64

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>65

GTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACA

>66

GTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACA

>67

CGATGTTCATCCAATGATTTTGTAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>68

CCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTG

>69

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>70

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>71

GTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACA

>72

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>73

GATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGC

>74

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>75

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATAACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>76

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>77

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>78

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>79

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>80

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>81

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>82

GTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACA

>83

TGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTC

>84

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>85

GGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTC

>86

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>87

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>88

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>89

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>90

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>91

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>92

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>93

CGATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAG

>94

CCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTG

>95

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>96

GCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCA

>97

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>98

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

>99

ATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTC

>100

GCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCA

>101

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>102

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>103

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>104

ATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCC

>105

ATGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCA

>106

TGTTCATCCAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCAC

>107

CAATGATTTTGCAGTGGCAGCAATGACATGGTTACTATAACAAACATTGCTTTTACAGGAACATCCGACAATTGTCGAGATCGGAAGAGCACACGTCTGA

**CDS to Protein Translation (only cyclotide-like transcripts):**

>2\_4

TCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLD

>3\_6

TGVQTWALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATA

>6\_5

CALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>7\_4

QTGALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>8\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>9\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>10\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>13\_6

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSX

>14\_4

VQTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKS

>15\_5

CALPISTIVGCSCKSNVFYSNHVIAATAKSLDEX

>18\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>19\_4

A\*VTGVQTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIA

>22\_5

CALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>23\_5

CALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>24\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>25\_5

CALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>26\_4

TGVQTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATG

>28\_4

VQTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKS

>29\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>30\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>31\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>34\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>35\_5

VALPISTIVGCSCKSNVCYSSHVIAATAKSLDEX

>36\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>37\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>38\_5

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLX

>39\_5

VQTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSX

>40\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>41\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>42\_4

QTCALPISTIVGCSFKSNVCYSNHVIAATAKSL

>44\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>45\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>46\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>47\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>51\_5

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLX

>53\_5

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLX

>55\_5

CALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>56\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>58\_4

TGVQTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATA

>59\_6

QTCALPISTIVGCSCKAMFVIVTMSLLPLQNHX

>60\_4

GVQTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAK

>61\_6

TCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLX

>62\_4

\*VTGV\*TCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAA

>63\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>64\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>65\_5

CALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>66\_5

CALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>68\_5

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLX

>69\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>70\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>71\_5

CALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>72\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>73\_5

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEHX

>78\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>82\_5

CALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>83\_4

TGVQTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATA

>84\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>85\_4

TGVQTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATA

>87\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>88\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>89\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>90\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>91\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>94\_5

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLX

>95\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>96\_6

TGVQTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATA

>97\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>98\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

>99\_4

TCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLD

>100\_6

TGVQTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATA

>101\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>102\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>103\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>104\_5

GVQTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKX

>105\_4

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEH

>106\_6

ALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSLDEX

>107\_4

QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSNHVIAATAKSL

**Multiple sequence alignment:**

19\_4 A\*VTGVQTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIA---------- 32

62\_4 -\*VTGV\*TC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAA--------- 31

73\_5 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEHX 34

105\_4 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEH- 33

2\_4 -------TC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLD--- 33

99\_4 -------TC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLD--- 33

6\_5 --------C**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 34

8\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

10\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

22\_5 --------C**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 34

23\_5 --------C**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 34

24\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

25\_5 --------C**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 34

31\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

34\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

41\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

44\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

47\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

55\_5 --------C**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 34

64\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

65\_5 --------C**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 34

66\_5 --------C**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 34

69\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

71\_5 --------C**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 34

72\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

78\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

82\_5 --------C**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 34

84\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

87\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

88\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

97\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

101\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

102\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

103\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

106\_6 ---------**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLDEX- 33

7\_4 ------QTG**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

61\_6 -------TC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLX--- 33

9\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

18\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

29\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

30\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

36\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

37\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

38\_5 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLX--- 34

40\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

45\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

46\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

51\_5 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLX--- 34

53\_5 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLX--- 34

56\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

63\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

68\_5 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLX--- 34

70\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

89\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

90\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

91\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

94\_5 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSLX--- 34

95\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

98\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

107\_4 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSL---- 33

26\_4 ---TGVQTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATG------- 33

3\_6 ---TGVQTW**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATA------- 33

58\_4 ---TGVQTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATA------- 33

83\_4 ---TGVQTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATA------- 33

85\_4 ---TGVQTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATA------- 33

96\_6 ---TGVQTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATA------- 33

100\_6 ---TGVQTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATA------- 33

60\_4 ----GVQTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAK------ 33

104\_5 ----GVQTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKX----- 34

13\_6 ------QTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSX---- 33

39\_5 -----VQTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKSX---- 34

14\_4 -----VQTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKS----- 33

28\_4 -----VQTC**ALPISTIVGCSCKSNVCYSN**HVIAATAKS----- 33

 \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

**Possible sequence: QTCALPISTIVGCSCKSNVCYSN**