

Supplementary Material

Table S4: Primer Map Results for linear 29903 residue sequence for Wuhan Seq Sanger V1 primers

```

>>>1_F>>> 35 to 56
1 ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACTTTTCGATCTCTTGTAGATCT
1      10      20      30      40      50
1 TAATTTCCAAATATGGAAGGGTCCATTGTTTGGTTGGTTGAAAGCTAGAGAACATCTAGA
61 GTTCTCTAAACGAACTTTAAATCTGTGTGGCTGTCACTCGGCTGCATGCTTAGTGCACT
61      70      80      90      100     110
61 CAAGAGATTTGCTTGAAATTTTAGACACACCGACAGTGAGCCGACGTACGAATCACGTGA
121 CACGCAGTATAATTAATAACTAATTACTGTCTGACAGGACACGAGTAACGTCGTCTATC
121      130     140     150     160     170
121 GTGCGTCATATTAATTATTGATTAATGACAGCAACTGTCCTGTGCTCATTGAGCAGATAG
181 TTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTCGTCCTGTTCGAGCCGATCATCAGCACATCTAGGTTT
181      190     200     210     220     230
181 AAGACGTCCGACGAATGCCAAAGCAGGCACAACGTCGGCTAGTAGTCGTGTAGATCCAAA
241 CGTCCGGGTGTGACCGAAAGGTAAGATGGAGAGCCTTGTCCCTGGTTTCAACGAGAAAAC
241      250     260     270     280     290
241 GCAGGCCACACTGGCTTTCCATTCTACCTCTCGGAACAGGGACCAAAGTTGCTCTTTTG
301 ACACGTCCAACCTCAGTTTGCCCTGTTTTACAGGTTTCGCGACGTGCTCGTACGTGGCTTTGG
301      310     320     330     340     350
301 TGTGCAGGTTGAGTCAAACGGACAAAATGTCCAAGCGCTGCACGAGCATGCACCGAAACC

<<<2_R<<< 411 to 432
361 AGACTCCGTGGAGGAGGTCTTATCAGAGGCACGTCAACATCTTAAAGATGGCACTTGTGG
361      370     380     390     400     410
361 TCTGAGGCACCTCCTCCAGAATAGTCTCCGTGCAGTTGTAGAATTTCTACCGTGAACACC
421 CTTAGTAGAAGTTGAAAAAGGCGTTTTGCCTCAACTTGAACAGCCCTATGTGTTTCATCAA
421      430     440     450     460     470
421 GAATCATCTTCAACTTTTTCCGCAAAACGGAGTTGAACTTGTCGGGATACACAAGTAGTT
481 ACGTTCCGGATGCTCGAACTGCACCTCATGGTCATGTTATGGTTGAGCTGGTAGCAGAACT
481      490     500     510     520     530
481 TGCAAGCCTACGAGCTTGACGTGGAGTACCAGTACAATACCAACTCGACCATCGTCTTGA
541 CGAAGGCATTACGTACGGTCGTAGTGGTGAGACACTTGGTGTCTTGTCCCTCATGTGGG
541      550     560     570     580     590
541 GCTTCCGTAAGTCATGCCAGCATCACCACCTCTGTGAACCACAGGAACAGGGAGTACACCC
601 CGAAATACCAGTGGCTTACCGCAAGGTTCTTCTTCGTAAGAACGGTAATAAAGGAGCTGG
601      610     620     630     640     650
601 GCTTTATGGTCAACGAATGGCGTTCCAAGAAGAAGCATTCTTGCCATTATTTTCTCGACC
661 TGGCCATAGTTACGGCGCCGATCTAAAGTCATTGACTTAGGCGACGAGCTTGGCACTGA
661      670     680     690     700     710
661 ACCGGTATCAATGCCGCGGCTAGATTTTCACTAAACTGAATCCGCTGCTCGAACCGTGACT
721 TCCTTATGAAGATTTTCAAGAAAACCTGGAACACTAAACATAGCAGTGGTGTTACCCGTGA
721      730     740     750     760     770
721 AGGAATACTTCTAAAAGTTCTTTTGACCTTGTGATTTGTATCGTCACCACAATGGGCACT
781 ACTCATGCGTGAGCTTAACGGAGGGGCATACACTCGCTATGTCGATAACAACCTTCTGTGG
781      790     800     810     820     830
781 TGAGTACGCACTCGAATTGCCTCCCCGTATGTGAGCGATACAGCTATTGTTGAAGACACC

>>>3_F>>> 898 to
917
841 CCCTGATGGCTACCCTCTTGAGTGCATTAAAGACCTTCTAGCACGTGCTGGTAAAGCTTC
841      850     860     870     880     890
841 GGGACTACCGATGGGAGAACTCACGTAATTTCTGGAAGATCGTGCACGACCATTTTCAAG
901 ATGCACTTTGTCCGAACAACCTGGACTTTATTGACACTAAGAGGGGTGTATACTGCTGCCG
901      910     920     930     940     950
901 TACGTGAAACAGGCTTGTGACCTGAAATAACTGTGATTCTCCCCACATATGACGACGGC

<<<4_R<<< 971 to 991

```

```

961 TGAACATGAGCATGAAATTGCTTGGTACACGGAACGTTCTTGAAAAGAGCTATGAATTGCA
961          970          980          990          1000          1010
961 ACTTGTACTIONGACTTTTAACGAACCATGTGCCTTGCAAGACTTTTCTCGATACTTAACGT
1021 GACACCTTTTGAATTTAAATTGGCAAAGAAATTTGACACCTTCAATGGGGAATGTCCAAA
1021          1030          1040          1050          1060          1070
1021 CTGTGGAACCTTTAATTTAACCGTTTCTTTAAACTGTGGAAGTTACCCCTTACAGGTTT
1081 TTTTGTATTTCCCTTAAATTCATAATCAAGACTATTCAACCAAGGGTTGAAAAGAAAAA
1081          1090          1100          1110          1120          1130
1081 AAAACATAAAGGGAATTTAAGGTATTAGTTCTGATAAGTTGGTTCCCAACTTTTCTTTTT
1141 GCTTGATGGCTTTATGGGTAGAATTCGATCTGTCTATCCAGTTGCGTCACCAAATGAATG
1141          1150          1160          1170          1180          1190
1141 CGAACTACCGAAATACCCATCTTAAGCTAGACAGATAGGTCAACGCAGTGGTTTACTTAC
1201 CAACCAAATGTGCCTTTCAACTCTCATGAAGTGTGATCATTGTGGTGAACTTCATGGCA
1201          1210          1220          1230          1240          1250
1201 GTTGGTTTACACGGAAGTTGAGAGTACTTCACACTAGTAACACCACCTTTGAAGTACCGT
1261 GACGGGCGATTTTGTAAAGCCACTTGCGAATTTTGTGGCACTGAGAATTTGACTAAAGA
1261          1270          1280          1290          1300          1310
1261 CTGCCCCGTAAAACAATTTCCGGTGAACGCTTAAACACCGTGACTCTTAACTGATTTCT
1321 AGGTGCCACTACTTGTGGTTACTTACCCCAAAATGCTGTTGTTAAATTTATTGTCCAGC
1321          1330          1340          1350          1360          1370
1321 TCCACGGTGATGAACACCAATGAATGGGGTTTACGACAACAATTTTAAATAACAGGTGCG
1381 ATGTCACAATTCAGAAGTAGGACCTGAGCATAGTCTTGCCGAATACCATAATGAATCTGG
1381          1390          1400          1410          1420          1430
1381 TACAGTGTTAAGTCTTCATCCTGGACTCGTATCAGAACGGCTTATGGTATTACTTAGACC
1441 CTTGAAAACCATTTCTCGTAAGGGTGGTCGCACTATTGCCTTTGGAGGCTGTGTGTTCTC
1441          1450          1460          1470          1480          1490
1441 GAACTTTTGGTAAGAAGCATTCCCACCAGCGTGATAACGGAACCTCCGACACACAAGAG
1501 TTATGTTGGTTGCCATAACAAGTGTGCCTATTGGGTTCACGTGCTAGCGCTAACATAGG
1501          1510          1520          1530          1540          1550
1501 AATACAACCAACGGTATTGTTTACACGGATAACCCAAGGTGCACGATCGCGATTGTATCC
1561 TTGTAACCATAACAGGTGTTGTTGGAGAAGGTCCGAAGGTCTTAATGACAACCTTCTTGA
1561          1570          1580          1590          1600          1610
1561 AACATTGGTATGTCCACAACAACCTCTTCCAAGGCTTCCAGAATTACTGTTGGAAGAACT
1621 AATACTCCAAAAGAGAAAGTCAACATCAATATTGTTGGTGACTTTAACTTAATGAAGA
1621          1630          1640          1650          1660          1670
1621 TTATGAGGTTTTTCTCTTTCAGTTGTAGTTATAACAACCACTGAAATTTGAATTACTTCT
          >>>5_F>>> 1724 to 1743
1681 GATCGCCATTATTTTGGCATCTTTTTCTGCTTCCACAAGTGCTTTTGTGGAACTGTGAA
1681          1690          1700          1710          1720          1730
1681 CTAGCGGTAATAAAACCGTAGAAAAAGACGAAGGTGTTACGAAAAACACCTTTGACACTT
1741 AGGTTTGGATTATAAAGCATTCAAACAAATTGTTGAATCCTGTGGTAATTTTAAAGTTAC
1741          1750          1760          1770          1780          1790
1741 TCCAAACCTAATATTTTCGTAAGTTTGTTTAACAACCTAGGACACCATTAATAATTTCAATG
          <<<6_R<<< 1853 to 1874
1801 AAAAGGAAAAGCTAAAAAAGGTGCCTGGAATATTGGTGAACAGAAATCAATACTGAGTCC
1801          1810          1820          1830          1840          1850
1801 TTTTCTTTTTCGATTTTTTCCACGGACCTTATAACCACTTGTCTTTAGTTATGACTCAGG
1861 TCTTTATGCATTTGCATCAGAGGCTGCTCGTGTGTACGATCAATTTTCTCCCGCACTCT
1861          1870          1880          1890          1900          1910
1861 AGAAATACGTAAACGTAGTCTCCGACGAGCACAACATGCTAGTTAAAAGAGGGCGTGAGA
1921 TGAACTGCTCAAAATCTGTGCGTGTTTTACAGAAGGCCGCTATAACAATACTAGATGG
1921          1930          1940          1950          1960          1970
1921 ACTTTGACGAGTTTTAAGACACGCACAAAATGTCTTCCGGCGATATTGTTATGATCTACC
1981 AATTTACAGTATTCACTGAGACTCATTGATGCTATGATGTTACATCTGATTTGGCTAC
1981          1990          2000          2010          2020          2030
1981 TTAAAGTGTCAATAAGTACTCTGAGTAACTACGATACTACAAGTGTAGACTAAACCGATG
2041 TAACAATCTAGTTGTAATGGCCTACATTACAGGTGGTGTGTTTCAAGTTGACTTCGCAGTG
2041          2050          2060          2070          2080          2090
2041 ATTGTTAGATCAACATTACCGGATGTAATGTCCACCACAACAAGTCAACTGAAGCGTCAC

```

2101 GCTAACTAACATCTTTGGCACTGTTTATGAAAACTCAAACCCGTCCTTGATTGGCTTGA
2101 2110 2120 2130 2140 2150
2101 CGATTGATTGTAGAAACCGTGACAAATACTTTTGAGTTTGGGCAGGAACCTAACCGAACT
2161 AGAGAAGTTTAAAGGAAGGTGTAGAGTTTCTTAGAGACGGTTGGGAAATTGTTAAATTTAT
2161 2170 2180 2190 2200 2210
2161 TCTCTTCAAATTCCTTCCACATCTCAAAGAATCTCTGCCAACCTTTAACAATTTAAATA
2221 CTCAACCTGTGCTTGTGAAATTGTCGGTGGACAAATTGTCACCTGTGCAAAGGAAATTAA
2221 2230 2240 2250 2260 2270
2221 GAGTTGGACACGAACACTTTTAACAGCCACCTGTTTAACAGTGGACACGTTTCCTTTAATT
2281 GGAGAGTGTTCAGACATTCTTTAAGCTTGTAATAAAATTTTTGGCTTTGTGTGCTGACTC
2281 2290 2300 2310 2320 2330
2281 CCTCTCACAAGTCTGTAAGAAATTCGAACATTTATTTAAAAACCGAAACACACGACTGAG
2341 TATCATTATTGGTGGAGCTAAACTTAAAGCCTTGAATTTAGGTGAAACATTTGTCACGCA
2341 2350 2360 2370 2380 2390
2341 ATAGTAATAACACCTCGATTGTAATTCGGAACCTAAATCCACTTTGTAAACAGTGCCT
2401 CTCAAAGGGATTGTACAGAAAGTGTGTTAAATCCAGAGAAGAACTGGCCTACTCATGCC
2401 2410 2420 2430 2440 2450
2401 GAGTTTCCCTAACATGTCTTTCACACAATTTAGGTCTCTTCTTTGACCGGATGAGTACGG
2461 TCTAAAAGCCCCAAAAGAAATTATCTTCTTAGAGGGAGAAACACTTCCCACAGAAGTGT
2461 2470 2480 2490 2500 2510
2461 AGATTTTCGGGGTTTTCTTTAATAGAAGAATCTCCCTCTTTGTGAAGGGTGTCTTCACAA
>>>7_F>>> 2553 to 2575
2521 AACAGAGGAAGTTGTCTTGAAAACCTGGTGATTTACAACCATTAGAACAACCTACTAGTGA
2521 2530 2540 2550 2560 2570
2521 TTGTCTCCTTCAACAGAACTTTTGACCACTAAATGTTGGTAATCTTGTGGATGATCACT
2581 AGCTGTTGAAGCTCCATTGGTTGGTACACCAGTTTGTATTACGGGCTTATGTTGCTCGA
2581 2590 2600 2610 2620 2630
2581 TCGACAACCTTCGAGGTAACCAACCATGTGGTCAAACATAATTGCCCGAATACAACGAGCT
<<<8_R<<< 2691 to 2712
2641 AATCAAAGACACAGAAAAGTACTGTGCCCTTGACCTAATATGATGGTAACAAACAATAC
2641 2650 2660 2670 2680 2690
2641 TTAGTTTCTGTGTCTTTTCATGACACGGGAACGTGGATTATACTACCATTGTTTGTATG
2701 CTTCACTCAAAAGGCGGTGCACCAACAAAGGTTACTTTTGGTGATGACACTGTGATAGA
2701 2710 2720 2730 2740 2750
2701 GAAGTGTGAGTTTCCGCCACGTGGTTGTTTCCAATGAAAACCACTACTGTGACACTATCT
2761 AGTGCAAGGTTACAAGAGTGTGAATATCACTTTGAACTTGATGAAAGGATTGATAAAGT
2761 2770 2780 2790 2800 2810
2761 TCACGTTCCAATGTTTCTCACACTTATAGTGAAAACCTGAACTACTTTCCTAACTATTTCA
2821 ACTTAATGAGAAGTGCTCTGCCTATACAGTTGAACTCGGTACAGAAGTAAATGAGTTCGC
2821 2830 2840 2850 2860 2870
2821 TGAATTACTCTTCACGAGACGGATATGTCAACTTGAGCCATGTCTTCATTTACTCAAGCG
2881 CTGTGTTGTGGCAGATGCTGTCATAAAAACTTTGCAACCAGTATCTGAATTACTTACACC
2881 2890 2900 2910 2920 2930
2881 GACACAACACCGTCTACGACAGTATTTTTGAAACGTTGGTCATAGACTTAATGAATGTGG
2941 ACTGGGCATTGATTTAGATGAGTGGAGTATGGCTACATACTACTTATTTGATGAGTCTGG
2941 2950 2960 2970 2980 2990
2941 TGACCCGTAACATAATCTACTCACCTCATACCGATGTATGATGAATAAACTACTCAGACC
3001 TGAGTTTAAATTGGCTTCACATATGTATTGTTCTTTCTACCCTCCAGATGAGGATGAAGA
3001 3010 3020 3030 3040 3050
3001 ACTCAAATTTAACCGAAGTGATACATAACAAGAAAGATGGGAGGTCTACTCCTACTTCT
3061 AGAAGGTGATTGTGAAGAAGAAGAGTTTGAGCCATCAACTCAATATGAGTATGGTACTGA
3061 3070 3080 3090 3100 3110
3061 TCTTCCACTAACACTTCTTCTTCTCAAACCTCGGTAGTTGAGTTATACTCATACCATGACT
3121 AGATGATTACCAAGGTAAACCTTTGGAATTTGGTGCCACTTCTGCTGCTCTTCAACCTGA
3121 3130 3140 3150 3160 3170
3121 TCTACTAATGGTTCCATTTGGAAACCTTAAACCACGGTGAAGACGACGAGAAGTTGGACT
3181 AGAAGAGCAAGAAGAAGATTGGTTAGATGATGATAGTCAACAACTGTTGGTCAACAAGA
3181 3190 3200 3210 3220 3230
3181 TCTTCTCGTTCTTCTTCTAACCAATCTACTACTATCAGTTGTTTGAACACAGTTGTTCT

```

3241 CGGCAGTGAGGACAATCAGACAACACTACTATTCAAACAATTGTTGAGGTTCAACCTCAATT
3241          3250          3260          3270          3280          3290
3241 GCCGTCACCTCCTGTTAGTCTGTTGATGATAAGTTTGTTAACAACCTCCAAGTTGGAGTTAA
3301 AGAGATGGAACCTTACACCAGTTGTTTCAGACTATTGAAGTGAATAGTTTTAGTGGTTATTT
3301          3310          3320          3330          3340          3350
3301 TCTCTACCTTGAATGTGGTCAACAAGTCTGATAACTTCACTTATCAAAATCACCAATAAA
3361 AAAACTTACTGACAATGTATACATTAAAAATGCAGACATTGTGGAAGAAGCTAAAAAGGT
3361          3370          3380          3390          3400          3410
3361 TTTTGAATGACTGTTACATATGTAATTTTACGTCTGTAACACCTTCTTCGATTTTTTCCA
      >>>9_F>>> 3436 to 3457
3421 AAAACCAACAGTGGTTGTTAATGCAGCCAATGTTTACCTTAAACATGGAGGAGGTGTTGC
3421          3430          3440          3450          3460          3470
3421 TTTTGGTTGTCCACCAACAATTACGTCGGTTACAAATGGAATTTGTACCTCCTCCACAACG
      <<<10_R<<< 3535 to

```

3556

```

3481 AGGAGCCTTAAATAAGGCTACTAACAATGCCATGCAAGTTGAATCTGATGATTACATAGC
3481          3490          3500          3510          3520          3530
3481 TCCTCGGAATTTATTCCGATGATTGTTACGGTACGTTCAACTTAGACTACTAATGTATCG
3541 TACTAATGGACCACTTAAAGTGGGTGGTAGTTGTGTTTTAAGCGGACACAATCTTGCTAA
3541          3550          3560          3570          3580          3590
3541 ATGATTACCTGGTGAATTTACCCACCATCAACACAAAATTCGCCTGTGTTAGAACGATT
3601 ACACTGTCTTCATGTTGTGCGGCCAAATGTTAACAAAGGTGAAGACATTCAACTTCTTAA
3601          3610          3620          3630          3640          3650
3601 TGTGACAGAAGTACAACAGCCGGGTTTACAATTGTTTCCACTTCTGTAAGTTGAAGAATT
3661 GAGTGCTTATGAAAATTTAATCAGCACGAAGTTCTACTTGCACCATTATTATCAGCTGG
3661          3670          3680          3690          3700          3710
3661 CTCACGAATACTTTTAAAATTAGTCGTGCTTCAAGATGAACGTGGTAATAATAGTCGACC
3721 TATTTTTGGTGCTGACCCTATACATTCTTTAAGAGTTTGTGTAGATACTGTTTCGCACAAA
3721          3730          3740          3750          3760          3770
3721 ATAAAAACCACGACTGGGATATGTAAGAAATTTCTCAAACACATCTATGACAAGCGTGTTT
3781 TGTCTACTTAGCTGTCTTTGATAAAAAATCTCTATGACAACTTGTTTCAAGCTTTTTTGA
3781          3790          3800          3810          3820          3830
3781 ACAGATGAATCGACAGAACTATTTTTAGAGATACTGTTTGAACAAAGTTTCGAAAAACCT
3841 AATGAAGAGTGAAAAGCAAGTTGAACAAAAGATCGCTGAGATTCTTAAAGAGGAAGTTAA
3841          3850          3860          3870          3880          3890
3841 TTACTTCTCACTTTTCGTTCAACTTGTTTTCTAGCGACTCTAAGGATTTCTCCTTCAATT
3901 GCCATTTATAACTGAAAGTAAACCTTCAGTTGAACAGAGAAAACAAGATGATAAGAAAAT
3901          3910          3920          3930          3940          3950
3901 CGGTAAATATTGACTTTTCATTTGGAAGTCAACTTGCTCTTTTTGTTCTACTATTCTTTTA
3961 CAAAGCTTGTGTTGAAGAAGTTACAACAACCTCTGGAAGAAACTAAGTTTCTCACAGAAAA
3961          3970          3980          3990          4000          4010
3961 GTTTCGAACACAACCTTCTTCAATGTTGTTGAGACCTTCTTTGATTCAAGGAGTGTCTTTT
4021 CTTGTTACTTTTATATTGACATTAATGGCAATCTTCATCCAGATTCTGCCACTCTTGTTAG
4021          4030          4040          4050          4060          4070
4021 GAACAATGAAATATAACTGTAATTACCGTTAGAAGTAGGTCTAAGACGGTGAGAACAATC
4081 TGACATTGACATCACTTTCTTAAAGAAAGATGCTCCATATATAGTGGGTGATGTTGTTCA
4081          4090          4100          4110          4120          4130
4081 ACTGTAAGTGTAGTGAAAGAATTTCTTTCTACGAGGTATATATCACCCACTACAACAAGT
4141 AGAGGGTGTTTTAACTGCTGTGGTTATACCTACTAAAAAGGCTGGTGGCACTACTGAAAT
4141          4150          4160          4170          4180          4190
4141 TCTCCACAAAAATTGACGACACCAATATGGATGATTTTTCCGACCACCGTGATGACTTTA
4201 GCTAGCGAAAGCTTTGAGAAAAGTGCCAACAGACAATTATATAACCACTTACCCGGGTCA
4201          4210          4220          4230          4240          4250
4201 CGATCGCTTTTCGAAACTCTTTTACGGTTGTCTGTTAATATATTGGTGAATGGGCCCAGT
      >>>11_F>>> 4267 to 4288
4261 GGGTTTTAAATGGTTACACTGTAGAGGAGGCAAAGACAGTGCTTAAAAAGTGTAAGTGTC
4261          4270          4280          4290          4300          4310
4261 CCCAAATTTACCAATGTGACATCTCCTCCGTTTCTGTGCACGAATTTTTTACATTTTACG
4321 CTTTTACATTCTACCATCTATTATCTCTAATGAGAAGCAAGAAATTTCTTGGAAGTGTTC

```

4321	4330	4340	4350	4360	4370
4321	GAAAAATGTAAGATGGTAGATAATAGAGATTACTCTTCGTTCTTTAAGAACCTTGACAAAG				
	<<<12_R<<< 4409 to 4431				
4381	TTGGAATTTGCGAGAAATGCTTGACATGCAGAAGAAACACGCAAATTAATGCCTGTCTG				
4381	4390	4400	4410	4420	4430
4381	AACCTTAAACGCTCTTTACGAACGTGTACGTCTTCTTGTGCGTTTAATTACGGACAGAC				
4441	TGTGGAAACTAAAGCCATAGTTTTCAACTATACAGCGTAAATATAAGGGTATTAAATACA				
4441	4450	4460	4470	4480	4490
4441	ACACCTTTGATTTTCGGTATCAAAGTTGATATGTCGCATTTATATTCCCATAATTTTATGT				
4501	AGAGGGTGTGGTTGATTATGGTGCTAGATTTTACTTTTACACCAGTAAAACAACCTGTAGC				
4501	4510	4520	4530	4540	4550
4501	TCTCCACACCAACTAATACCACGATCTAAAATGAAAATGTGGTCATTTTGTGTGACATCG				
4561	GTCACCTTATCAACACACTTAACGATCTAAATGAAACTCTTGTTACAATGCCACTTGGCTA				
4561	4570	4580	4590	4600	4610
4561	CAGTGAATAGTTGTGTGAATTGCTAGATTTACTTTGAGAACAATGTTACGGTGAACCGAT				
4621	TGTAACACATGGCTTAAATTTGGAAGAAGCTGCTCGGTATATGAGATCTCTCAAAGTGCC				
4621	4630	4640	4650	4660	4670
4621	ACATTGTGTACCGAATTTAAACCTTCTTCGACGAGCCATATACTCTAGAGAGTTTCACGG				
4681	AGCTACAGTTTCTGTTTCTTCACCTGATGCTGTTACAGCGTATAATGGTTATCTTACTTC				
4681	4690	4700	4710	4720	4730
4681	TCGATGTCAAAGACAAAGAAGTGGACTACGACAATGTCGCATATTACCAATAGAATGAAG				
4741	TTCTTCTAAAACACCTGAAGAACATTTTATTGAAACCATCTCACTTGCTGGTTCCCTATAA				
4741	4750	4760	4770	4780	4790
4741	AAGAAGATTTTGTGGACTTCTTGTAATAAATCTTTGGTAGAGTGAACGACCAAGGATATT				
4801	AGATTGGTCCTATTCTGGACAATCTACACAAGTATAGAATTTCTTAAAGAGAGGTGA				
4801	4810	4820	4830	4840	4850
4801	TCTAACCAGGATAAGACCTGTTAGATGTGTTGATCCATATCTTAAAGAATTCTCTCCACT				
4861	TAAAGTGTATATTACACTAGTAATCCTACCACATTCCACCTAGATGGTGAAGTTATCAC				
4861	4870	4880	4890	4900	4910
4861	ATTTTTCACATATAATGTGATCATTAGGATGGTGTAAAGGTGGATCTACCACTTCAATAGTG				
4921	CTTTGACAATCTTAAGACACTTCTTTCTTTGAGAGAAGTGAGGACTATTAAGGTGTTTAC				
4921	4930	4940	4950	4960	4970
4921	GAAACTGTTAGAATTCTGTGAAGAAAGAACTCTCTTCACTCCTGATAATTCCACAAATG				
4981	AACAGTAGACAACATTAACCTCCACGCAAGTTGTGGACATGTCAATGACATATGGACA				
4981	4990	5000	5010	5020	5030
4981	TTGTCATCTGTTGTAATTGGAGGTGTGCGTTCAACACCTGTACAGTTACTGTATACCTGT				
5041	ACAGTTTGGTCCAACCTATTGTTGGATGGAGCTGATGTTACTAAAAATAAACCTCATAATTC				
5041	5050	5060	5070	5080	5090
5041	TGTCAAACCAGGTTGAATAAACCTACCTCGACTACAATGATTTTATTTTGGAGTATTAAG				
	>>>13_F>>> 5126 to 5148				
5101	ACATGAAGGTAAAACATTTTATGTTTTACCTAATGATGACACTCTACGTGTTGAGGCTTT				
5101	5110	5120	5130	5140	5150
5101	TGTAATTCTTCACTTTTGTAAAATACAAAATGGATTACTACTGTGAGATGCACAACCTCCGAA				
5161	TGAGTACTACCACACAACCTGATCCTAGTTTTCTGGGTAGGTACATGTCAGCATTAATCA				
5161	5170	5180	5190	5200	5210
5161	ACTCATGATGGTGTGTTGACTAGGATCAAAAGACCCATCCATGTACAGTCGTAATTTAGT				
	<<<14_R<<< 5232 to 5253				
5221	CACTAAAAAGTGGAAATACCCACAAGTTAATGGTTTAACTTCTATTAAATGGGCAGATAA				
5221	5230	5240	5250	5260	5270
5221	GTGATTTTTTCACCTTTATGGGTGTTCAATTACCAAATTGAAGATAATTTACCCGTCTATT				
5281	CAACTGTTATCTTGCCACTGCATTGTTAACAACCTCCAACAAATAGAGTTGAAGTTTAATCC				
5281	5290	5300	5310	5320	5330
5281	GTTGACAATAGAACGGTGACGTAACAATTGTGAGGTTGTTTATCTCAACTTCAAATTAGG				
5341	ACCTGCTCTACAAGATGCTTATTACAGAGCAAGGGCTGGTGAAGCTGCTAACTTTTGTGC				
5341	5350	5360	5370	5380	5390
5341	TGGACGAGATGTTCTACGAATAATGTCTCGTTCCCGACCACTTCGACGATTGAAAACACG				
5401	ACTTATCTTAGCCTACTGTAATAAGACAGTAGGTGAGTTAGGTGATGTTAGAGAAACAAT				
5401	5410	5420	5430	5440	5450
5401	TGAATAGAATCGGATGACATTATTCTGTCATCCACTCAATCCACTACAATCTCTTTGTT				

5461 GAGTTACTTGTTCACATGCCAATTTAGATTCTTGCAAAAGAGTCTTGAACGTGGTGTG
5461 5470 5480 5490 5500 5510
5461 CTCAATGAACAAAGTTGTACGGTTAAATCTAAGAACGTTTTCTCAGAACTTGCACCACAC
5521 TAAAACTTGTGGACAACAGCAGACAACCCCTTAAGGGTGTAGAAGCTGTTATGTACATGGG
5521 5530 5540 5550 5560 5570
5521 ATTTTGAACACCTGTTGTCGTCTGTTGGGAATTTCCACATCTTCGACAATACATGTACCC
5581 CACACTTTCTTATGAACAATTTAAGAAAGGTGTTTACAGATACCTTGTACGTGTGGTAAACA
5581 5590 5600 5610 5620 5630
5581 GTGTGAAAGAATACTTGTAAATTTCTTCCACAAGTCTATGGAACATGCACACCATTGT
5641 AGCTACAAAATATCTAGTACAACAGGAGTCACCTTTTGTATGATGTCAGCACCACCTGC
5641 5650 5660 5670 5680 5690
5641 TCGATGTTTTATAGATCATGTTGTCCTCAGTGGAAAACAATACTACAGTCGTGGTGGACG
5701 TCAGTATGAACCTAAGCATGGTACATTTACTTGTGCTAGTGAGTACACTGGTAATTACCA
5701 5710 5720 5730 5740 5750
5701 AGTCATACTTGAATTCGTACCATGTAAATGAACACGATCACTCATGTGACCATTAAATGGT
5761 GTGTGGTCACTATAAACATATAACTTCTAAAGAACTTTGTATTGCATAGACGGTGCTTT
5761 5770 5780 5790 5800 5810
5761 CACACCAGTGATATTTGTATATTGAAGATTTCTTTGAAACATAACGTATCTGCCACGAAA
5821 ACTTACAAAGTCCTCAGAATACAAAGGTCCTATTACGGATGTTTTCTACAAAGAAAACAG
5821 5830 5840 5850 5860 5870
5821 TGAATGTTTCAGGAGTCTTATGTTTCCAGGATAATGCCTACAAAAGATGTTTCTTTTGTG
>>>15_F>>> 5913 to 5934
5881 TTACACAACAACCATAAAAACCAGTTACTTATAAATTGGATGGTGTGTTTGTACAGAAAT
5881 5890 5900 5910 5920 5930
5881 AATGTGTTGTTGGTATTTTGGTCAATGAATATTTAACCTACCACAACAAACATGTCTTTA
5941 TGACCCTAAGTTGGACAATTATTATAAGAAAGACAATTCTTATTTACAGAGCAACCAAT
5941 5950 5960 5970 5980 5990
5941 ACTGGGATTCAACCTGTTAATAATATTCTTTCTGTTAAGAATAAAGTGTCTCGTTGGTTA
6001 TGATCTTGTACCAAACCAACCATATCCAAACGCAAGCTTCGATAATTTTAAGTTTGTATG
6001 6010 6020 6030 6040 6050
6001 ACTAGAACATGGTTTGGTTGGTATAGGTTTGC GTTCGAAGCTATTAAAATTCAAACATAC
<<<16_R<<< 6102 to 6125
6061 TGATAATATCAAATTTGCTGATGATTTAAACCAGTTAACTGGTTATAAGAAACCTGCTTC
6061 6070 6080 6090 6100 6110
6061 ACTATTATAGTTTAAACGACTACTAAATTTGGTCAATTGACCAATATTCTTTGGACGAAG
6121 AAGAGAGCTTAAAGTTACATTTTCCCTGACTTAAATGGTGATGTGGTGGCTATTGATTA
6121 6130 6140 6150 6160 6170
6121 TTCTCTCGAATTTCAATGTAAAAAGGGACTGAATTTACCACTACACCACCGATAACTAAT
6181 TAAACACTACACCCCTCTTTTAAAGAAAGGAGCTAAATTGTTACATAAACCTATTGTTTG
6181 6190 6200 6210 6220 6230
6181 ATTTGTGATGTGTGGGAGAAAATTTCTTCCCTCGATTTAACAATGTATTTGGATAACAAAC
6241 GCATGTTAACAATGCAACTAATAAAGCCACGTATAAACCAAATACCTGGTGTATACGTTG
6241 6250 6260 6270 6280 6290
6241 CGTACAATTGTTACGTTGATTATTTCCGTGCATATTTGGTTTATGGACCACATATGCAAC
6301 TCTTTGGAGCACAAAACCAGTTGAAACATCAAATTCGTTTGATGTACTGAAGTCAGAGGA
6301 6310 6320 6330 6340 6350
6301 AGAAACCTCGTGTGTTTGGTCAACTTTGTAGTTTAAAGCAAACCTACATGACTTCAGTCTCCT
6361 CGCGCAGGGAATGGATAATCTTGCCGCGAAGATCTAAAACCAGTCTCTGAAGAAGTAGT
6361 6370 6380 6390 6400 6410
6361 GCGCGTCCCTTACCTATTAGAACGGACGCTTCTAGATTTTGGTCAGAGACTTCTTCATCA
6421 GGAAAATCCTACCATAACAGAAAGACGTTCTTGAGTGTAATGTGAAAACCTACCGAAGTTGT
6421 6430 6440 6450 6460 6470
6421 CCTTTTAGGATGGTATGTCTTTCTGCAAGAACTCACATTACACTTTTGATGGCTTCAACA
6481 AGGAGACATTATACTTAAACCAGCAAATAATAGTTTAAAAATTACAGAAGAGGTTGGCCA
6481 6490 6500 6510 6520 6530
6481 TCCTCTGTAATATGAATTTGGTCGTTTATTATCAAATTTTAAATGTCTTCTCCAACCGGT
6541 CACAGATCTAATGGCTGCTTATGTAGACAATTCTAGTCTTACTATTAAGAAACCTAATGA
6541 6550 6560 6570 6580 6590
6541 GTGTCTAGATTACCGACGAATACATCTGTTAAGATCAGAATGATAATTCTTTGGATTACT

6601 ATTATCTAGAGTATTAGGTTTGA AACCCCTTGCTACTCATGGTTTAGCTGCTGTTAATAG
6601 6610 6620 6630 6640 6650
6601 TAATAGATCTCATAATCCAACTTTTGGGAACGATGAGTACCAATCGACGACAATTATC
6661 TGTCCCTTGGGATACTATAGCTAATTATGCTAAGCCTTTTCTTAACAAAGTTGTTAGTAC
6661 6670 6680 6690 6700 6710
6661 ACAGGGAACCCCTATGATATCGATTAATACGATTCGGAAGAATTGTTTCAACAATCATG
>>>17_F>>> 6750 to 6774
6721 AACTACTAACATAGTTACACGGTGTAAACCGTGTGTACTAATTATATGCCTTATTT
6721 6730 6740 6750 6760 6770
6721 TTGATGATTGTATCAATGTGCCACAAATTTGGCACAAACATGATTAATATACGGAATAAA
6781 CTTTACTTTTATTGCTACAATTGTGTACTTTTACTAGAAGTACAAATTCTAGAATTAAAGC
6781 6790 6800 6810 6820 6830
6781 GAAATGAAATAACGATGTTAACACATGAAAAATGATCTTCATGTTTAAGATCTTAATTTTCG
<<<18_R<<< 6865 to 6886
6841 ATCTATGCCGACTACTATAGCAAAGAACTGTTAAGAGTGTCGGTAAATTTTGTCTAGA
6841 6850 6860 6870 6880 6890
6841 TAGATACGGCTGATGATATCGTTTCTTATGACAATTCTCACAGCCATTTAAACAGATCT
6901 GGCTTCATTTAATTATTTGAAGTCACCTAATTTTCTAAACTGATAAATATTATAATTTG
6901 6910 6920 6930 6940 6950
6901 CCGAAGTAAATTAATAAACTTCAGTGGATTAAAAAGATTTGACTATTTATAATATTAAC
6961 GTTTTTACTATTAAGTGTTCCTAGGTTCTTTAATCTACTCAACCGCTGCTTTAGGTGT
6961 6970 6980 6990 7000 7010
6961 CAAAAATGATAATTCACAAACGGATCCAAGAAATTAGATGAGTTGGCGACGAAATCCACA
7021 TTTAATGTCTAATTTAGGCATGCCTTCTTACTGTACTGGTTACAGAGAAGGCTATTTGAA
7021 7030 7040 7050 7060 7070
7021 AAATTACAGATTAAATCCGTACGGAAGAATGACATGACCAATGTCTCTTCCGATAAACTT
7081 CTCTACTAATGTCACATTGCAACCTACTGTACTGGTTCTATACCTTGTAGTGTGTCT
7081 7090 7100 7110 7120 7130
7081 GAGATGATTACAGTGATAACGTTGGATGACATGACCAAGATATGGAACATCACAAACAGA
7141 TAGTGGTTTAGATTCTTTAGACACCTATCCTTCTTTAGAACTATACAAATTACCATTTT
7141 7150 7160 7170 7180 7190
7141 ATCACCAAATCTAAGAAATCTGTGGATAGGAAGAAATCTTTGATATGTTTAATGGTAAAG
7201 ATCTTTTAAATGGGATTTAACTGCTTTTGGCTTAGTTGCAGAGTGGTTTTTGGCATATAT
7201 7210 7220 7230 7240 7250
7201 TAGAAAATTTACCCTAAATTGACGAAAACCGAATCAACGTCTCACCAAAAACCGTATATA
7261 TCTTTTCTACTAGGTTTTTCTATGTACTTGGATTGGCTGCAATCATGCAATTGTTTTTCAG
7261 7270 7280 7290 7300 7310
7261 AGAAAAGTGATCCAAAAGATACATGAACCTAACCGACGTTAGTACGTTAACAAAAGTC
7321 CTATTTTGCAGTACATTTTATTAGTAATTCTTGGCTTATGTGGTTAATAATTAATCTTGT
7321 7330 7340 7350 7360 7370
7321 GATAAACGTCATGTAAAATAATCATTAAGAACCGAATACACCAATTATTAATTAGAACA
7381 ACAAATGGCCCCGATTTTACGCTATGGTTAGAATGTACATCTTCTTGCATCATTTTTATTA
7381 7390 7400 7410 7420 7430
7381 TGTTTACCGGGGCTAAAGTCGATACCAATCTTACATGTAGAAGAAACGTAGTAAAATAAT
7441 TGTATGGAAGTTATGTGCATGTTGTAGACGGTTGTAATTCATCAACTTGATGATGTG
7441 7450 7460 7470 7480 7490
7441 ACATACCTTTTCAATACACGTACAACATCTGCCAACATTAAGTAGTTGAACATACTACAC
>>>19_F>>> 7515 to 7536
7501 TTACAAACGTAATAGAGCAACAAGAGTCGAATGTACAATGTTAATGGTGTTAGAAG
7501 7510 7520 7530 7540 7550
7501 AATGTTTGCATTATCTCGTTGTTCTCAGCTTACATGTTGATAACAATTACCACAATCTTC
7561 GTCCTTTTATGTCTATGCTAATGGAGGTAAAGGCTTTTGCAAACTACACAATTGGAATTG
7561 7570 7580 7590 7600 7610
7561 CAGGAAAATACAGATACGATTACCTCCATTTCCGAAAACGTTTGATGTGTAACTTAAC
<<<20_R<<< 7662 to 7682
7621 TGTTAATTGTGATACATTCTGTGCTGGTAGTACATTTATTAGTGATGAAGTTGCGAGAGA
7621 7630 7640 7650 7660 7670
7621 ACAATTAACACTATGTAAGACACGACCATCATGTAAATAATCACTACTTCAACGCTCTCT
7681 CTTGTCACTACAGTTTAAAGACCAATAAATCCTACTGACCAGTCTTCTTACATCGTTGA

7681 7690 7700 7710 7720 7730
7681 GAACAGTGATGTCAAATTTTCTGGTTATTTAGGATGACTGGTCAGAAGAATGTAGCAACT
7741 TAGTGTTACAGTGAAGAATGGTTCATCCATCTTTACTTTGATAAAGCTGGTCAAAGAC
7741 7750 7760 7770 7780 7790
7741 ATCACAATGTCACCTTCTTACCAAGGTAGGTAGAAATGAACTATTTTCGACCAGTTTCTG
7801 TTATGAAAGACATTCTCTCTCTCATTTTGTTAACTTAGACAACCTGAGAGCTAATAACAC
7801 7810 7820 7830 7840 7850
7801 AATACTTTCTGTAAGAGAGAGAGTAAAACAATTGAATCTGTTGGACTCTCGATTATTGTG
7861 TAAAGGTTTCATTGCCTATTAATGTTATAGTTTTTGATGGTAAATCAAATGTGAAGAATC
7861 7870 7880 7890 7900 7910
7861 ATTTCCAAGTAACGGATAATTACAATATCAAAAACTACCATTTAGTTTTTACACTTCTTAG
7921 ATCTGCAAAATCAGCGTCTGTTTACTACAGTCAGCTTATGTGTCAACCTATACTGTTACT
7921 7930 7940 7950 7960 7970
7921 TAGACGTTTTTAGTCGCAGACAAATGATGTCAGTCGAATACACAGTTGGATATGACAATGA
7981 AGATCAGGCATTAGTGTCTGATGTTGGTGATAGTGCAGGAAAGTTGCAGTTAAATGTTTGA
7981 7990 8000 8010 8020 8030
7981 TCTAGTCCGTAATCACAGACTACAACCACTATCACGCCTTCAACGTCAATTTTACAACT
8041 TGCTTACGTTAATACGTTTTTCATCAACTTTTAACGTACCAATGGAAAACTCAAACACT
8041 8050 8060 8070 8080 8090
8041 ACGAATGCAATTATGCAAAAGTAGTTGAAAATTGCATGGTTACCTTTTTGAGTTTTGTGA
8101 AGTTGCAACTGCAGAAGCTGAACTTGCAAAGAATGTGTCCTTAGACAATGTCTTATCTAC
8101 8110 8120 8130 8140 8150
8101 TCAACGTTGACGTCTTCGACTTGAACGTTTCTTACACAGGAATCTGTTACAGAATAGATG
8161 TTTTATTTTCAGCAGCTCGGCAAGGGTTTGTTGATTTCAGATGTAGAACTAAAGATGTTGT
8161 8170 8180 8190 8200 8210
8161 AAAATAAAGTCGTCGAGCCGTTCCCAAACAATAAGTCTACATCTTTGATTTCTACAACA
8221 TGAATGTCTTAAATTGTCACATCAATCTGACATAGAAGTTACTGGCGATAGTTGTAATAA
8221 8230 8240 8250 8260 8270
8221 ACTTACAGAATTTAACAGTGTAGTTAGACTGTATCTTCAATGACCGCTATCAACATTATT
8281 CTATATGCTCACCTATAACAAAGTTGAAAACATGACACCCCGTGACCTTGGTGCTTGAT
8281 8290 8300 8310 8320 8330
8281 GATATACGAGTGGATATTGTTTTCACTTTTGTACTGTGGGGCACTGGAACCACGAACATA
8341 TGACTGTAGTGCAGCGTCATATTAATGCGCAGGTAGCAAAAAGTCACAACATTGCTTTGAT
8341 8350 8360 8370 8380 8390
8341 ACTGACATCACGCGCAGTATAATTACGCGTCCATCGTTTTTCAGTGTGTAAACGAACTA
>>>21_F>>> 8402 to 8424
8401 ATGGAACGTTAAAGATTTTCATGTCTGCTGAACAACTACGAAAACAAATACGTAGTGC
8401 8410 8420 8430 8440 8450
8401 TACCTTGCAATTTCTAAAGTACAGTAACAGACTTGTTGATGCTTTTGTGTTATGCATCACG
<<<22_R<<< 8491 to 8513
8461 TGCTAAAAAGAATAACTTACCTTTTAAAGTTGACATGTGCAACTACTAGACAAGTTGTTAA
8461 8470 8480 8490 8500 8510
8461 ACGATTTTTCTTATTGAATGGAAAATTCAACTGTACACGTTGATGATCTGTTCAACAATT
8521 TGTTGTAACAACAAAGATAGCACTTAAGGGTGGTAAAATTGTTAATAATTGGTTGAAGCA
8521 8530 8540 8550 8560 8570
8521 ACAACATTGTTGTTTCTATCGTGAATTCCCACTTTTAAACAATTATTAACCAACTTCGT
8581 GTTAATTAAAGTTACACTTGTGTTCCCTTTTTGTTGCTGCTATTTTCTATTTAATAACACC
8581 8590 8600 8610 8620 8630
8581 CAATTAATTTCAATGTGAACACAAGGAAAAACAACGACGATAAAAGATAAATTATTGTGG
8641 TGTTTCATGTCATGCTAAACATACTGACTTTTCAAGTGAAATCATAGGATACAAGGCTAT
8641 8650 8660 8670 8680 8690
8641 ACAAGTACAGTACAGATTTGTATGACTGAAAAGTTCACTTTAGTATCCTATGTTCCGATA
8701 TGATGGTGGTGTCACTCGTGACATAGCATCTACAGATACTTGTTTTGCTAACAACATGC
8701 8710 8720 8730 8740 8750
8701 ACTACCACCACAGTGAGCACTGTATCGTAGATGTCTATGAACAAAACGATTGTTTGTACG
8761 TGATTTTGACACATGGTTTAGCCAGCGTGGTGGTAGTTATACTAATGACAAAGCTTGCCC
8761 8770 8780 8790 8800 8810
8761 ACTAAACTGTGTACCAAATCGGTCGCACCACCATCAATATGATTACTGTTTTCGAACGGG
8821 ATTGATTGCTGCAGTCATAACAAGAGAAGTGGGTTTTGTCGTGCCTGGTTTGCCTGGCAC

8821	8830	8840	8850	8860	8870
8821	TAACTAACGACGTCAGTATTGTTCTCTTCACCCAAAACAGCACGGACCAAACGGACCGTG				
8881	GATATTACGCACAACATAATGGTGACTTTTTTGCAATTTCTTACCTAGAGTTTTTAGTGCAGT				
8881	8890	8900	8910	8920	8930
8881	CTATAATGCGTGTTGATTACCACTGAAAAACGTAAAGAATGGATCTCAAAAATCACGTCA				
8941	TGGTAACATCTGTTACACACCATCAAACTTATAGAGTACACTGACTTTGCAACATCAGC				
8941	8950	8960	8970	8980	8990
8941	ACCATTGTAGACAATGTGTGGTAGTTTTGAATATCTCATGTGACTGAAACGTTGTAGTCG				
9001	TTGTGTTTTGGCTGCTGAATGTACAATTTTTAAAGATGCTTCTGGTAAGCCAGTACCATA				
9001	9010	9020	9030	9040	9050
9001	AACACAAAACCGACGACTTACATGTTAAAAATTTCTACGAAGACCATTTCGGTCATGGTAT				
9061	TTGTTATGATACCAATGTACTAGAAGGTTCTGTTGCTTATGAAAGTTTACGCCCTGACAC				
9061	9070	9080	9090	9100	9110
9061	AACAATACTATGGTTACATGATCTTCCAAGACAACGAATACTTTCAAATGCGGGACTGTG				
9121	ACGTTATGTGCTCATGGATGGCTCTATTATTCAATTTCTTAACACCTACCTTGAAGGTTT				
9121	9130	9140	9150	9160	9170
9121	TGCAATACACGAGTACCTACCGAGATAATAAGTTAAAGGATTGTGGATGGAACTTCCAAG				
	>>>23_F>>> 9203 to 9224				
9181	TGTTAGAGTGGTAACAACCTTTTGATTCTGAGTACTGTAGGCACGGCACTTGTGAAAGATC				
9181	9190	9200	9210	9220	9230
9181	ACAATCTCACCATTGTTGAAAACTAAGACTCATGACATCCGTGCCGTGAACACTTTCTAG				
9241	AGAAGCTGGTGTTTGTGTATCTACTAGTGGTAGATGGGTACTTAACAATGATTATTACAG				
9241	9250	9260	9270	9280	9290
9241	TCTTCGACCACAAACACATAGATGATCACCATCTACCCATGAATTGTTACTAATAATGTC				
	<<<24_R<<< 9319 to 9340				
9301	ATCTTTACCAGGAGTTTTCTGTGGTGTAGATGCTGTAAATTTACTTACTAATATGTTTAC				
9301	9310	9320	9330	9340	9350
9301	TAGAAATGGTCCTCAAAAGACACCACATCTACGACATTTAAATGAATGATTATACAAATG				
9361	ACCACTAATTCAACCTATTGGTGCTTTGGACATATCAGCATCTATAGTAGCTGGTGGTAT				
9361	9370	9380	9390	9400	9410
9361	TGGTGATTAAGTTGGATAACCACGAAACCTGTATAGTCGTAGATATCATCGACCACCATA				
9421	TGTAGCTATCGTAGTAACATGCCTTGCCTACTATTTTATGAGGTTTAGAAGAGCTTTTGG				
9421	9430	9440	9450	9460	9470
9421	ACATCGATAGCATCATTGTACGGAACGGATGATAAAAATACTCCAAATCTTCTCGAAAACC				
9481	TGAATACAGTCATGTAGTTGCCTTTAATACTTTACTATTCCCTTATGTCATTCACTGTACT				
9481	9490	9500	9510	9520	9530
9481	ACTTATGTCTAGTACATCAACGGAAATTATGAAATGATAAGGAATACAGTAAGTGACATGA				
9541	CTGTTTAAACACAGTTTACTCATTCTTACCTGGTGTTTATTCTGTTATTTACTTTGTACTT				
9541	9550	9560	9570	9580	9590
9541	GACAAATTGTGGTCAAATGAGTAAGAATGGACCACAAATAAGACAATAAATGAACATGAA				
9601	GACATTTTATCTTACTAATGATGTTTCTTTTTTAGCACATATTCAGTGGATGGTTATGTT				
9601	9610	9620	9630	9640	9650
9601	CTGTAAAATAGAATGATTACTACAAAGAAAAAATCGTGTATAAGTCACCTACCAATACAA				
9661	CACACCTTTAGTACCTTTCTGGATAACAATTGCTTATATCATTTGTATTTCCACAAAGCA				
9661	9670	9680	9690	9700	9710
9661	GTGTGGAAATCATGGAAAGACCTATTGTTAACGAATATAGTAAACATAAAGGTGTTTCGT				
9721	TTTCTATTGGTTCTTTAGTAATTACCTAAAGAGACGTGTAGTCTTTAATGGTGTTCCTT				
9721	9730	9740	9750	9760	9770
9721	AAAGATAACCAAGAAATCATTAATGGATTTCTCTGCACATCAGAAATTACCACAAAGGAA				
9781	TAGTACTTTTGAAGAAGCTGCGCTGTGCACCTTTTTGTAAATAAAGAAATGTATCTAAA				
9781	9790	9800	9810	9820	9830
9781	ATCATGAAAACCTTCTTCGACGCGACACGTGGAAAAACAATTTATTTCTTTACATAGATTT				
9841	GTTGCGTAGTGATGTGCTATTACCTCTTACGCAATATAATAGATACTTAGCTCTTTATAA				
9841	9850	9860	9870	9880	9890
9841	CAACGCATCACTACACGATAATGGAGAATGCGTTATATTATCTATGAATCGAGAAATATT				
9901	TAAGTACAAGTATTTTAGTGGAGCAATGGATACAACCTAGCTACAGAGAAGCTGCTTGTTG				
9901	9910	9920	9930	9940	9950
9901	ATTCATGTTTCATAAAATCACCTCGTTACCTATGTTGATCGATGTCTCTTCGACGAACAAC				
9961	TCATCTCGCAAAGGCTCTCAATGACTTCAGTAACCTCAGGTTCTGATGTTCTTTACCAACC				

```

9961          9970          9980          9990          10000          10010
9961 AGTAGAGCGTTTCCGAGAGTTACTGAAGTCATTGAGTCCAAGACTACAAGAAATGGTTGG
    >>>25_F>>> 10022 to 10043
10021 ACCACAAACCTCTATCACCTCAGCTGTTTTGCAGAGTGGTTTTAGAAAAATGGCATTCCC
10021          10030          10040          10050          10060          10070
10021 TGGTGTTTGGAGATAGTGGAGTCGACAAAACGTCTCACCAAAATCTTTTTACCGTAAGGG
    <<<26_R<<< 10133 to
10154
10081 ATCTGGTAAAGTTGAGGGTTGTATGGTACAAGTAACTTGTGGTACAACCTACACTTAACGG
10081          10090          10100          10110          10120          10130
10081 TAGACCATTTCAACTCCCAACATACCATGTTTCATTGAACACCATGTTGATGTGAATTGCC
10141 TCTTTGGCTTGATGACGTAGTTTACTGTCCAAGACATGTGATCTGCACCTCTGAAGACAT
10141          10150          10160          10170          10180          10190
10141 AGAAACCGAACTACTGCATCAAATGACAGGTTCTGTACACTAGACGTGGAGACTTCTGTGA
10201 GCTTAACCCTAATTATGAAGATTTACTCATTCGTAAGTCTAATCATAATTTCTTGGTACA
10201          10210          10220          10230          10240          10250
10201 CGAATTGGGATTAATACTTCTAAATGAGTAAGCATTTCAGATTAGTATTAAAGAACCATTGT
10261 GGCTGGTAATGTTCAACTCAGGGTTATTGGACATTCTATGCAAAATTGTGTACTTAAGCT
10261          10270          10280          10290          10300          10310
10261 CCGACCATTACAAGTTGAGTCCCAATAACCTGTAAGATACGTTTTAACACATGAATTCGA
10321 TAAGGTTGATACAGCCAATCCTAAGACACCTAAGTATAAGTTTGTTCGCATTCAACCAGG
10321          10330          10340          10350          10360          10370
10321 ATTCCAACCTATGTCGGTTAGGATTCTGTGGATTTCATATTCAAACAAGCGTAAGTTGGTCC
10381 ACAGACTTTTTTCAGTGTTAGCTTGTTCACATGGTTTACCATTCTGGTGTTTACCAATGTGC
10381          10390          10400          10410          10420          10430
10381 TGTCTGAAAAAGTCACAATCGAACAATGTTACCAAGTGGTAGACCACAAATGGTTACACG
10441 TATGAGGCCCAATTTCACTATTAAGGGTTCATTCCCTTAATGGTTCATGTGGTAGTGTGG
10441          10450          10460          10470          10480          10490
10441 ATACTCCGGGTTAAAGTGATAATTCCTCAAGTAAGGAATTACCAAGTACACCATCACAACC
10501 TTTTAACATAGATTATGACTGTGTCTCTTTTTGTTACATGCACCATATGGAATTACCAAC
10501          10510          10520          10530          10540          10550
10501 AAAATTGTATCTAATACTGACACAGAGAAAAACAATGTACGTGGTATACCTTAATGGTTG
10561 TGGAGTTCATGCTGGCACAGACTTAGAAGGTAACCTTTTATGGACCTTTTGTGACAGGCA
10561          10570          10580          10590          10600          10610
10561 ACCTCAAGTACGACCGTGTCTGAATCTTCCATTGAAAAATACCTGGAAAAACAACGTCCGT
10621 AACAGCACAAGCAGCTGGTACGGACACAACCTATTACAGTTAATGTTTTAGCTTGGTTGTA
10621          10630          10640          10650          10660          10670
10621 TTGTCGTGTTTCGTCGACCATGCCTGTGTGATAATGTCAATTACAAAATCGAACCAACAT
10681 CGCTGCTGTTATAAATGGAGACAGGTGGTTTCTCAATCGATTACCACAACCTCTTAATGA
10681          10690          10700          10710          10720          10730
10681 GCGACGACAATATTTACCTCTGTCCACCAAAAGAGTTAGCTAAATGGTGGTTGAGAATTACT
10741 CTTTAACCTTGTGGCTATGAAGTACAATTATGAACCTCTAACACAAGACCATGTTGACAT
10741          10750          10760          10770          10780          10790
10741 GAAATTGGAACACCGATACTTCATGTTAATACTTGAGATTGTGTTCTGGTACAACCTGTA
    >>>27_F>>> 10812 to 10833
10801 ACTAGGACCTCTTTCTGCTCAAACCTGGAATTGCCGTTTTAGATATGTGTGCTTCATTAAA
10801          10810          10820          10830          10840          10850
10801 TGATCCTGGAGAAAGACGAGTTTGACCTTAACGGCAAAATCTATACACACGAAGTAATTT
10861 AGAATTACTGCAAAATGGTATGAATGGACGTACCATATTGGGTAGTGCTTTATTAGAAGA
10861          10870          10880          10890          10900          10910
10861 TCTTAATGACGTTTTACCATACTTACCTGCATGGTATAACCCATCACGAAATAATCTTCT
    <<<28_R<<< 10949 to 10970
10921 TGAATTTACACCTTTTGATGTTGTTAGACAATGCTCAGGTGTTACTTTCCAAAGTGCAGT
10921          10930          10940          10950          10960          10970
10921 ACTTAAATGTGGAAACTACAACAATCTGTTACGAGTCCACAATGAAAGGTTTCACGTCA
10981 GAAAAGAACAATCAAGGTACACACCACTGGTTGTTACTCACAATTTTGACTTCACTTTT
10981          10990          11000          11010          11020          11030
10981 CTTTTCTTGTTAGTTCCCATGTGTGGTGACCAACAATGAGTGTTAAACTGAAGTGAAAA
11041 AGTTTTAGTCCAGAGTACTCAATGGTCTTTGTTCTTTTTTTTTGTATGAAAATGCCTTTTT

```

```

11041      11050      11060      11070      11080      11090
11041 TCAAAATCAGGTCTCATGAGTTACCAGAAAACAAGAAAAAACATACTTTTACGGAAAAA
11101 ACCTTTTGCTATGGGTATTATTGCTATGTCTGCTTTTGCAATGATGTTTGTCAAACATAA
11101      11110      11120      11130      11140      11150
11101 TGGAAAACGATACCCATAATAACGATACAGACGAAAACGTTACTACAAACAGTTTGTATT
11161 GCATGCATTTCTCTGTTTGTGTTTTGTACCTTCTCTTGCCACTGTAGCTTATTTTAATAT
11161      11170      11180      11190      11200      11210
11161 CGTACGTAAAGAGACAAACAAAAACAATGGAAGAGAACGGTGACATCGAATAAAATTATA
11221 GGTCTATATGCCTGCTAGTTGGGTGATGCGTATTATGACATGGTTGGATATGGTTGATAC
11221      11230      11240      11250      11260      11270
11221 CCAGATATACGGACGATCAACCCACTACGCATAATACTGTACCAACCTATACCAACTATG
11281 TAGTTTGTCTGGTTTTTAAGCTAAAAGACTGTGTTATGTATGCATCAGCTGTAGTGTTACT
11281      11290      11300      11310      11320      11330
11281 ATCAACAGACCAAAATTCGATTTTCTGACACAATACATACGTAGTCGACATCACAATGA
11341 AATCCTTATGACAGCAAGAAGCTGTATGATGATGGTGCTAGGAGAGTGTGGCACTTAT
11341      11350      11360      11370      11380      11390
11341 TTAGGAATACTGTCGTTCTTGACACATACTACTACCACGATCCTCTCACACCTGTGAATA
11401 GAATGTCTTGACACTCGTTTATAAAGTTTATTATGGTAATGCTTTAGATCAAGCCATTTTC
11401      11410      11420      11430      11440      11450
11401 CTTACAGAAGTGTGAGCAAATATTTCAAATAATACCATTACGAAATCTAGTTCGGTAAAG
11461 CATGTGGGCTCTTATAATCTCTGTTACTTCTAACTACTCAGGTGTAGTTACAAGTGTGAT
11461      11470      11480      11490      11500      11510
11461 GTACACCCGAGAATATTAGAGACAAATGAAGATTGATGAGTCCACATCAATGTTGACAGTA
11521 GTTTTTGGCCAGAGGTATTGTTTTTATGTGTGTTGAGTATTGCCCTATTTTCTTCATAAC
11521      11530      11540      11550      11560      11570
11521 CAAAAACCGGTCTCCATAACAAAAATACACACAACTCATAACGGGATAAAAAGAAGTATTG
11581 TGGTAATACACTTCAGTGTATAATGCTAGTTTATTGTTTCTTAGGCTATTTTTGTACTTG
11581      11590      11600      11610      11620      11630
11581 ACCATTATGTGAAGTCACATATTACGATCAAATAACAAAGAATCCGATAAAAACATGAAC
      >>>29_F>>> 11664 to 11685
11641 TTACTTTGGCCTCTTTTGTGTTACTCAACCGCTACTTTAGACTGACTCTTGGTGTTTATGA
11641      11650      11660      11670      11680      11690
11641 AATGAAACCGGAGAAAACAAATGAGTTGGCGATGAAATCTGACTGAGAACCACAAATACT
11701 TTACTTAGTTTCTACACAGGAGTTTAGATATATGAATTCACAGGGACTACTCCACCCAA
11701      11710      11720      11730      11740      11750
11701 AATGAATCAAAGATGTGTCCTCAAATCTATATACTTAAGTGTCCTGATGAGGGTGGGTT
      <<<30_R<<< 11767 to 11789
11761 GAATAGCATAGATGCCTTCAAACCTCAACATTAAATTTGTTGGGTGTTGGTGGCAAACCTTG
11761      11770      11780      11790      11800      11810
11761 CTTATCGTATCTACGGAAGTTTGAGTTGTAATTTAACAACCCACAACCACCGTTTGGAAC
11821 TATCAAAGTAGCCACTGTACAGTCTAAAAATGTCAGATGTAAAGTGCACATCAGTAGTCTT
11821      11830      11840      11850      11860      11870
11821 ATAGTTTCATCGGTGACATGTCAGATTTTACAGTCTACATTTACGTGTAGTCATCAGAA
11881 ACTCTCAGTTTTTGCAACAACCTCAGAGTAGAATCATCATCTAAATTGTGGGCTCAATGTGT
11881      11890      11900      11910      11920      11930
11881 TGAGAGTCAAAACGTTGTTGAGTCTCATCTTAGTAGTAGATTTAACACCCGAGTTACACA
11941 CCAGTTACACAATGACATTCTCTTAGCTAAAGATACTACTGAAGCCTTTGAAAAAATGGT
11941      11950      11960      11970      11980      11990
11941 GGTCAATGTGTTACTGTAAGAGAATCGATTTCTATGATGACTTCGGAAACTTTTTTACCA
12001 TTCCTACTTTCTGTTTTGCTTTCCATGCAGGGTGCTGTAGACATAAACAAGCTTTGTGA
12001      12010      12020      12030      12040      12050
12001 AAGTGATGAAAGACAAAACGAAAGGTACGTCCCACGACATCTGTATTTGTTTCGAAACACT
12061 AGAAATGCTGGACAACAGGGCAACCTTACAAGCTATAGCCTCAGAGTTTAGTTCCCTTCC
12061      12070      12080      12090      12100      12110
12061 TCTTTACGACCTGTTGTCCCCTTGAATGTTTCGATATCGGAGTCTCAAATCAAGGGAAGG
12121 ATCATATGCAGCTTTTGTACTGCTCAAGAAGCTTATGAGCAGGCTGTTGCTAATGGTGA
12121      12130      12140      12150      12160      12170
12121 TAGTATACGTCGAAAACGATGACGAGTTCTTCGAATACTCGTCCGACAACGATTACCACT
12181 TTCTGAAGTTGTTCTTAAAAAGTTGAAGAAGTCTTTGAATGTGGCTAAATCTGAATTTGA

```

```

12181      12190      12200      12210      12220      12230
12181 AAGACTTCAACAAGAATTTTTCAACTTCTTCAGAACTTACACCGATTTAGACTTAACT
12241 CCGTGATGCAGCCATGCAACGTAAGTTGGAAAAGATGGCTGATCAAGCTATGACCCAAAT
12241      12250      12260      12270      12280      12290
12241 GGCCTACGTCGGTACGTTGCATTCAACCTTTTCTACCGACTAGTTCGATACTGGGTTTA
12301 GTATAAACAGGCTAGATCTGAGGACAAGAGGGCAAAAGTTACTAGTGCTATGCAGACAAT
12301      12310      12320      12330      12340      12350
12301 CATATTTGTCCGATCTAGACTCCTGTTCTCCCGTTTCAATGATCACGATACGTCTGTTA
12361 GCTTTTCACTATGCTTAGAAAGTTGGATAATGATGCACTCAACAACATTATCAACAATGC
12361      12370      12380      12390      12400      12410
12361 CGAAAAGTGATACGAATCTTTCAACCTATTACTACGTGAGTTGTTGTAATAGTTGTTACG
      >>>31_F>>> 12448 to 12469
12421 AAGAGATGGTTGTGTTCCCTTGAACATAATACCTCTTACAACAGCAGCCAACTAATGGT
12421      12430      12440      12450      12460      12470
12421 TTCTCTACCAACACAAGGGAACTTGTATTATGGAGAATGTTGTCGTCGGTTTGATTACCA
12481 TGTCAACCAGACTATAACACATATAAAAATACGTGTGATGGTACAACATTTACTTATGC
12481      12490      12500      12510      12520      12530
12481 ACAGTATGGTCTGATATTGTGTATATTTTTATGCACACTACCATGTTGTAAATGAATACG
12541 ATCAGCATTGTGGGAAATCCAACAGGTTGTAGATGCAGATAGTAAATTTGTTCAACTTAG
12541      12550      12560      12570      12580      12590
12541 TAGTCGTAACACCCTTTAGGTTGTCCAACATCTACGTCTATCATTTTAACAAGTTGAATC
12601 TGAAATTAGTATGGACAATTCACCTAATTTAGCATGGCCTCTTATTGTAACAGCTTTAAG
12601      12610      12620      12630      12640      12650
12601 ACTTTAATCATACCTGTTAAGTGGATTAAATCGTACCGGAGAATAACATTGTGCAAAATTC
      <<<32_R<<< 12661 to 12682
12661 GGCCAATTCTGCTGTCAAATTACAGAATAATGAGCTTAGTCCTGTTGCACTACGACAGAT
12661      12670      12680      12690      12700      12710
12661 CCGGTTAAGACGACAGTTTAAATGTCTTATTACTCGAATCAGGACAACGTGATGCTGTCTA
12721 GTCTTGTGCTGCCGGTACTACACAACTGCTTGCACTGATGACAATGCGTTAGCTTACTA
12721      12730      12740      12750      12760      12770
12721 CAGAACACGACGGCCATGATGTGTTTGACGAACGTGACTACTGTTACGCAATCGAATGAT
12781 CAACACAACAAAGGGAGGTAGGTTTGTACTTGCACTGTTATCCGATTTACAGGATTTGAA
12781      12790      12800      12810      12820      12830
12781 GTTGTGTTGTTTCCCTCCATCCAAACATGAACGTGACAATAGGCTAAATGTCCTAAACTT
12841 ATGGGCTAGATTCCTAAGAGTGATGGAACCTGGTACTATCTATACAGAACTGGAACCACC
12841      12850      12860      12870      12880      12890
12841 TACCCGATCTAAGGGATTCTCACTACCTTGACCATGATAGATATGTCTTGACCTTGGTGG
12901 TTGTAGGTTTGTACAGACACACCTAAAGGTCCTAAAGTGAAGTATTTATACTTTATTAA
12901      12910      12920      12930      12940      12950
12901 AACATCCAAACAATGTCTGTGTGGATTTCAGGATTTCACTTCATAAATATGAAATAATT
12961 AGGATTAAACAACCTAAATAGAGGTATGGTACTTGGTAGTTTAGCTGCCACAGTACGTCT
12961      12970      12980      12990      13000      13010
12961 TCCTAATTTGTTGGATTTATCTCCATACCATGAACCATCAAATCGACGGTGTGCATGCAGA
13021 ACAAGCTGGTAATGCAACAGAAGTGCCTGCCAATTCAACTGTATTATCTTTCTGTGCTTT
13021      13030      13040      13050      13060      13070
13021 TGTTTCGACCATTACGTTGTCTTCACGGACGGTTAAGTTGACATAATAGAAAGACACGAAA
13081 TGCTGTAGATGCTGCTAAAGCTTACAAAGATTATCTAGCTAGTGGGGACAACCAATCAC
13081      13090      13100      13110      13120      13130
13081 ACGACATCTACGACGATTTTCAATGTTTCTAATAGATCGATCACCCCCTGTTGGTTAGTG
13141 TAATTGTGTTAAGATGTTGTGTACACACTGGTACTGGTCAGGCAATAACAGTTACACC
13141      13150      13160      13170      13180      13190
13141 ATTAACACAATTCTACAACACATGTGTGTGACCATGACCAGTCCGTTATTGTCAATGTGG
13201 GGAAGCCAATATGGATCAAGAATCCTTTGGTGGTGCATCGTGTGTCTGTACTGCCGTTG
13201      13210      13220      13230      13240      13250
13201 CCTTCGGTTATACCTAGTTCTTAGGAAACCACCACGTAGCACAACAGACATGACGGCAAC
13261 CCACATAGATCATCAAATCCTAAAGATTTTGTGACTTAAAGGTAAGTATGTACAAAT
13261      13270      13280      13290      13300      13310
13261 GGTGTATCTAGTAGGTTTAGGATTTCTAAAACACTGAATTTTCCATTTCATACATGTTTA
      >>>33_F>>> 13327 to 13348

```

13321 ACCTACAACCTGTGCTAATGACCCTGTGGGTTTTACACTTAAAAACACAGTCTGTACCGT
13321 13330 13340 13350 13360 13370
13321 TGGATGTTGAACACGATTACTGGGACACCCAAAATGTGAATTTTTGTGTCAGACATGGCA
13381 CTGCGGTATGTGGAAAGGTTATGGCTGTAGTTGTGATCAACTCCGCGAACCCATGCTTCA
13381 13390 13400 13410 13420 13430
13381 GACGCCATACACCTTTCCAATACCGACATCAACACTAGTTGAGGCGCTTGGGTACGAAGT
<<<34_R<<< 13478 to 13498
13441 GTCAGCTGATGCACAATCGTTTTTAAACGGGTTTGCGGTGTAAGTGCAGCCCGTCTTACA
13441 13450 13460 13470 13480 13490
13441 CAGTCGACTACGTGTTAGCAAAAATTTGCCCAAACGCCACATTCACGTGCGGCAGAATGT
13501 CCGTGCGGCACAGGCACCTAGTACTGATGTCGTATACAGGGCTTTTGACATCTACAATGAT
13501 13510 13520 13530 13540 13550
13501 GGCACGCCGTGTCCGTGATCATGACTACAGCATATGTCCCGAAAACGTGTAGATGTTACTA
13561 AAAGTAGCTGGTTTTGCTAAATTCCTAAAACTAATTGTTGTCGCTTCCAAGAAAAGGAC
13561 13570 13580 13590 13600 13610
13561 TTTCATCGACCAAAACGATTTAAGGATTTTTGATTAAACAACAGCGAAGGTTCTTTTCCTG
13621 GAAGATGACAATTTAATTGATTCTTACTTTGTAGTTAAGAGACACACTTTCTCTAACTAC
13621 13630 13640 13650 13660 13670
13621 CTTCTACTGTTAAATTAACATAAGAATGAAACATCAATTCTCTGTGTGAAAGAGATTGATG
13681 CAACATGAAGAAACAATTTATAATTTACTTAAGGATTGTCCAGCTGTTGCTAAACATGAC
13681 13690 13700 13710 13720 13730
13681 GTTGTACTTCTTTGTTAAATATTAAATGAATTCCTAACAGGTCGACAACGATTTGTACTG
13741 TTCTTTAAGTTTAGAATAGACGGTGACATGGTACCACATATATCACGTCAACGTCTTACT
13741 13750 13760 13770 13780 13790
13741 AAGAAATTCAAATCTTATCTGCCACTGTACCATGGTGTATATAGTGCAGTTGCAGAATGA
13801 AAATACACAATGGCAGACCTCGTCTATGCTTTAAGGCATTTTGATGAAGGTAATTGTGAC
13801 13810 13820 13830 13840 13850
13801 TTTATGTGTTACCGTCTGGAGCAGATACGAAATTCGGTAAAACACTTCCATTAACACTG
13861 ACATTAAAAGAAATACTTGTACATACAATTGTTGTGATGATGATTATTTCAATAAAAAG
13861 13870 13880 13890 13900 13910
13861 TGTAATTTTCTTTATGAACAGTGTATGTTAACAACACTACTACTAATAAAGTTATTTTTC
13921 GACTGGTATGATTTTGTAGAAAACCCAGATATATTACGCGTATACGCCAACTTAGGTGAA
13921 13930 13940 13950 13960 13970
13921 CTGACCATACTAAAACATCTTTTGGGTCTATATAATGCGCATATGCGGTTGAATCCACTT
13981 CGTGTACGCCAAGCTTTGTTAAAAACAGTACAATTCTGTGATGCCATGCGAAATGCTGGT
13981 13990 14000 14010 14020 14030
13981 GCACATGCGGTTTCGAAACAATTTTTGTCATGTTAAGACACTACGGTACGCTTTACGACCA
14041 ATTTGTTGGTGTACTGACATTAGATAATCAAGATCTCAATGGTAACTGGTATGATTTCCGT
14041 14050 14060 14070 14080 14090
14041 TAACAACCACATGACTGTAATCTATTAGTTCTAGAGTTACCATTGACCATACTAAAGCCA
14101 GATTTTCATACAAACCACGCCAGGTAGTGGAGTTCCTGTTGTAGATTCTTATTATTCATTG
14101 14110 14120 14130 14140 14150
14101 CTAAAGTATGTTTGGTGCGGTCCATCACCTCAAGGACAACATCTAAGAATAATAAGTAAC
>>>35_F>>> 14210 to 14231
14161 TTAATGCCTATATTAACCTTGACCAGGGCTTTAACTGCAGAGTCACATGTTGACACTGAC
14161 14170 14180 14190 14200 14210
14161 AATTACGGATATAATTGGAACGGTCCCGAAATTGACGTCTCAGTGTACAACTGTGACTG
14221 TTAACAAAGCCTTACATTAAGTGGGATTTGTTAAAAATAGACTTCACGGAAGAGAGGTTA
14221 14230 14240 14250 14260 14270
14221 AATTGTTTCGGAATGTAATTCACCCTAAACAATTTTATACTGAAGTGCCTTCTCTCCAAT
<<<36_R<<< 14310 to 14331
14281 AAACCTCTTTGACCGTTATTTTAAATATTGGGATCAGACATACCACCCAAATTGTGTTAAC
14281 14290 14300 14310 14320 14330
14281 TTTGAGAACTGGCAATAAAATTTATAACCCCTAGTCTGTATGGTGGGTTTAACACAATTG
14341 TGTTTGGATGACAGATGCATTCTGCATTGTGCAAACCTTAATGTTTTATTCTCTACAGTG
14341 14350 14360 14370 14380 14390
14341 ACAAACCTACTGTCTACGTAAGACGTAACACGTTTGAAATTACAAAATAAGAGATGTCAC
14401 TTCCACCTACAAGTTTTGGACCACTAGTGAGAAAAATATTTGTTGATGGTGTTCATTT
14401 14410 14420 14430 14440 14450

14401 AAGGGTGGATGTTCAAACCTGGTGATCACTCTTTTTATAAAACAACTACCACAAGGTAAA
14461 GTAGTTTCAACTGGATACCCTTCAGAGAGCTAGGTGTTGTACATAATCAGGATGTAAAC
14461 14470 14480 14490 14500 14510
14461 CATCAAAGTTGACCTATGGTGAAGTCTCTCGATCCACAACATGTATTAGTCCTACATTTG
14521 TTACATAGCTCTAGACTTAGTTTTAAAGGAATTACTTGTGTATGCTGCTGACCCTGCTATG
14521 14530 14540 14550 14560 14570
14521 AATGTATCGAGATCTGAATCAAATTCCTTAATGAACACATACGACGACTGGGACGATAC
14581 CACGCTGCTTCTGGTAATCTATTACTAGATAAACGCACTACGTGCTTTTCAGTAGCTGCA
14581 14590 14600 14610 14620 14630
14581 GTGCGACGAAGACCATTAGATAATGATCTATTTGCGTGATGCACGAAAAGTCATCGACGT
14641 CTTACTAACAATGTTGCTTTTCAAACCTGTCAAACCCGGTAATTTTAAACAAAGACTTCTAT
14641 14650 14660 14670 14680 14690
14641 GAATGATTGTTACAACGAAAAGTTTGACAGTTTGGGCCATTAAAATTGTTTCTGAAGATA
14701 GACTTTGCTGTGCTAAGGGTTTCTTTAAGGAAGGAAGTTCTGTTGAATTAACAACTTC
14701 14710 14720 14730 14740 14750
14701 CTGAAACGACACAGATTCCCAAAGAAATTCCTTCCTTCAAGACAACCTTAATTTTGTGAAG
14761 TTCTTTGCTCAGGATGGTAATGCTGCTATCAGCGATTATGACTACTATCGTTATAATCTA
14761 14770 14780 14790 14800 14810
14761 AAGAAACGAGTCCTACCATTACGACGATAGTCGCTAATACTGATGATAGCAATATTAGAT
14821 CCAACAATGTGTGATATCAGACAACACTACTATTTGTAGTTGAAGTTGTTGATAAGTACTTT
14821 14830 14840 14850 14860 14870
14821 GGTGTGTACACACTATAGTCTGTTGATGATAAACATCAACTTCAACAACCTATTCATGAAA
14881 GATTGTTACGATGGTGGCTGTATTAATGCTAACCAAGTCATCGTCAACAACCTAGACAAA
14881 14890 14900 14910 14920 14930
14881 CTAACAATGCTACCACCGACATAATTACGATTGGTTCAGTAGCAGTTGTTGGATCTGTTT
14941 TCAGCTGGTTTTCCATTTAATAAATGGGGTAAGGCTAGACTTTATTATGATTCAATGAGT
14941 14950 14960 14970 14980 14990
14941 AGTCGACCAAAAGGTAAATTATTTACCCCATTCGGATCTGAAATAATACTAAGTTACTCA
>>>37_F>>> 15036 to 15061
15001 TATGAGGATCAAGATGCACTTTTTCGCATATACAAAACGTAATGTCATCCCTACTATAACT
15001 15010 15020 15030 15040 15050
15001 ATACTCCTAGTTCTACGTGAAAAGCGTATATGTTTTGCATTACAGTAGGGATGATATTGA
15061 CAAATGAATCTTAAGTATGCCATTAGTGCAAAGAATAGAGCTCGCACCGTAGCTGGTGTCT
15061 15070 15080 15090 15100 15110
15061 GTTTACTTAGAATTCATACGGTAATCACGTTTCTTATCTCGAGCGTGGCATCGACCACAG
15121 TCTATCTGTAGTACTATGACCAATAGACAGTTTCATCAAAAATTATTGAAATCAATAGCC
15121 15130 15140 15150 15160 15170
15121 AGATAGACATCATGATACTGGTTATCTGTCAAAGTAGTTTTTAATAACTTTAGTTATCGG
<<<38_R<<< 15197 to 15219
15181 GCCACTAGAGGAGCTACTGTAGTAATTGGAACAAGCAAATTCTATGGTGGTTGGCACAAC
15181 15190 15200 15210 15220 15230
15181 CGGTGATCTCCTCGATGACATCATTAACCTTGTTTCGTTTAAAGATACCACCAACCGTGTTG
15241 ATGTTAAAACTGTTTATAGTGATGTAGAAAACCCCTACCTTATGGGTTGGGATTATCCT
15241 15250 15260 15270 15280 15290
15241 TACAATTTTTGACAAATATCACTACATCTTTTGGGAGTGGAATACCCAACCCTAATAGGA
15301 AAATGTGATAGAGCCATGCCTAACATGCTTAGAATTATGGCCTCACTTGTTCCTTGCTCGC
15301 15310 15320 15330 15340 15350
15301 TTTACACTATCTCGGTACGGATTGTACGAATCTTAATACCGGAGTGAACAAGAACGAGCG
15361 AAACATACAACGTGTTGTAGCTTGTACACCGTTTCTATAGATTAGCTAATGAGTGTGCT
15361 15370 15380 15390 15400 15410
15361 TTTGTATGTTGCACAACATCGAACAGTGTGGCAAAGATATCTAATCGATTACTCACACGA
15421 CAAGTATTGAGTGAAATGGTCATGTGTGGCGGTTCACTATATGTTAAACCAGGTGGAACC
15421 15430 15440 15450 15460 15470
15421 GTTCATAACTCACTTTACCAGTACACACCGCCAAGTGATATACAATTTGGTCCACCTTGG
15481 TCATCAGGAGATGCCACAACCTGCTTATGCTAATAGTGTTTTTAACATTTGTCAAGCTGTC
15481 15490 15500 15510 15520 15530
15481 AGTAGTCCTCTACGGTGTGACGAATACGATTATCACAAAAATTGTAAACAGTTCGACAG
15541 ACGGCCAATGTTAATGCACTTTTATCTACTGATGGTAACAAAATTGCCGATAAGTATGTC
15541 15550 15560 15570 15580 15590

15541 TGCCGGTTACAATTACGTGAAAATAGATGACTACCATTGTTTTAACGGCTATTTCATACAG
15601 CGCAATTTACAACACAGACTTTATGAGTGTCTCTATAGAAAATAGAGATGTTGACACAGAC
15601 15610 15620 15630 15640 15650
15601 GCGTTAAATGTTGTGTCTGAAATACTCACAGAGATATCTTTATCTCTACAACGTGTCTG
15661 TTTGTGAATGAGTTTTACGCATATTTGCGTAAACATTTCTCAATGATGATACTCTCTGAC
15661 15670 15680 15690 15700 15710
15661 AAACACTTACTCAAAATGCGTATAAACGCATTTGTAAAGAGTTACTACTATGAGAGACTG
15721 GATGCTGTTGTGTGTTTCAATAGCACTTATGCATCTCAAGGTCTAGTGGCTAGCATAAAG
15721 15730 15740 15750 15760 15770
15721 CTACGACAACACACAAAGTTATCGTGAATACGTAGAGTTCCAGATCACCGATCGTATTTT
15781 AACTTTAAGTCAGTTCTTTATTATCAAAACAATGTTTTTATGTCTGAAGCAAAATGTTGG
15781 15790 15800 15810 15820 15830
15781 TTGAAATTCAGTCAAGAAATAATAGTTTTGTACAAAAATACAGACTTCGTTTTACAACC
15841 ACTGAGACTGACCTTACTAAAGGACCTCATGAATTTTGCTCTCAACATAACAATGCTAGTT
15841 15850 15860 15870 15880 15890
15841 TGA CTCTGACTGGAATGATTTCTGGAGTACTTAAACGAGAGTTGTATGTTACGATCAA
>>>39_F>>> 15919 to 15940
15901 AAACAGGGTGATGATTATGTGTACCTTCCTTACCCAGATCCATCAAGAATCCTAGGGGCC
15901 15910 15920 15930 15940 15950
15901 TTTGTCCCCTACTAATACACATGGAAGGAATGGGTCTAGGTAGTTCTTAGGATCCCCGG
15961 GGCTGTTTTGTAGATGATATCGTAAAAACAGATGGTACACTTATGATTGAACGGTTCGTG
15961 15970 15980 15990 16000 16010
15961 CCGACAAAACATCTACTATAGCATTTTTGTCTACCATGTGAATACTAACTTGCCAAGCAC
<<<40_R<<< 16063 to 16085
16021 TCTTTAGCTATAGATGCTTACCCACTTACTAAACATCCTAATCAGGAGTATGCTGATGTC
16021 16030 16040 16050 16060 16070
16021 AGAAATCGATATCTACGAATGGGTGAATGATTTGTAGGATTAGTCCTCATACGACTACAG
16081 TTTTCATTTGTACTTACAATACATAAGAAAGCTACATGATGAGTTAACAGGACACATGTTA
16081 16090 16100 16110 16120 16130
16081 AAAGTAAACATGAATGTTATGTATTCTTTTCGATGTACTACTCAATTGTCCTGTGTACAAT
16141 GACATGTATTCTGTTATGCTTACTAATGATAACACTTCAAGGTATTGGGAACCTGAGTTT
16141 16150 16160 16170 16180 16190
16141 CTGTACATAAGACAATACGAATGATTACTATTGTGAAGTTCCATAACCCTTGGACTCAAA
16201 TATGAGGCTATGTACACACCGCATACAGTCTTACAGGCTGTTGGGGCTTGTGTTCTTTGC
16201 16210 16220 16230 16240 16250
16201 ATACTCCGATACATGTGTGGCGTATGTCAGAATGTCCGACAACCCGAACACAAGAAACG
16261 AATTCACAGACTTCATTAAGATGTGGTGCTTGCATACGTAGACCATTCTTATGTTGTAAA
16261 16270 16280 16290 16300 16310
16261 TTAAGTGTCTGAAGTAATTCTACACCAGAACGTATGCATCTGGTAAGAATACAACATTT
16321 TGCTGTTACGACCATGTCATATCAACATCACATAAAATTAGTCTTGTCTGTTAATCCGTAT
16321 16330 16340 16350 16360 16370
16321 ACGACAATGCTGGTACAGTATAGTTGTAGTGTATTTAATCAGAACAGACAATTAGGCATA
16381 GTTTGCAATGCTCCAGGTTGTGATGTCACAGATGTGACTCAACTTTACTTAGGAGGTATG
16381 16390 16400 16410 16420 16430
16381 CAAACGTTACGAGGTCCAACACTACAGTGCTTACACTGAGTTGAAATGAATCCTCCATAC
16441 AGCTATTATTGTAAATCACATAAACCCACCATTAGTTTTCCATTGTGTGCTAATGGACAA
16441 16450 16460 16470 16480 16490
16441 TCGATAATAACATTTAGTGTATTTGGTGGGTAATCAAAAGGTAACACACGATTACCTGTT
16501 GTTTTTGGTTTATATAAAAATACATGTGTTGGTAGCGATAATGTTACTGACTTTAATGCA
16501 16510 16520 16530 16540 16550
16501 CAAAAACCAAATATATTTTTATGTACACAACCATCGCTATTACAATGACTGAAATTACGT
16561 ATTGCAACATGTGACTGGACAAATGCTGGTGATTACATTTTAGCTAACACCTGTACTGAA
16561 16570 16580 16590 16600 16610
16561 TAACGTTGTACACTGACCTGTTTACGACCACTAATGTAAATCGATTGTGGACATGACTT
16621 AGACTCAAGCTTTTTGCAGCAGAAACGCTCAAAGCTACTGAGGAGACATTTAACTGTCT
16621 16630 16640 16650 16660 16670
16621 TCTGAGTTCGAAAAACGTCGTCTTTGCGAGTTTCGATGACTCCTCTGTAAATTTGACAGA
16681 TATGGTATTGCTACTGTACGTGAAGTGCTGTCTGACAGAGAATTACATCTTTCATGGGAA
16681 16690 16700 16710 16720 16730

16681 ATACCATAACGATGACATGCACTTCACGACAGACTGTCTCTTAATGTAGAAAGTACCCTT
16741 GTTGGTAAACCTAGACCACCACTTAACCGAAATTATGTCTTTACTGGTTATCGTGTAAC
16741 16750 16760 16770 16780 16790
16741 CAACCATTTGGATCTGGTGGTGAATTGGCTTTAATACAGAAATGACCAATAGCACATTGA
>>>41_F>>> 16848 to 16870
16801 AAAAACAGTAAAGTACAAATAGGAGAGTACACCTTTGAAAAAGGTGACTATGGTGATGCT
16801 16810 16820 16830 16840 16850
16801 TTTTTGTCATTTTCATGTTTATCCTCTCATGTGGAACCTTTTCCACTGATACCACTACGA
16861 GTTGTTTACCGAGGTACAACAACCTTACAAATTAAATGTTGGTGATTATTTTGTGCTGACA
16861 16870 16880 16890 16900 16910
16861 CAACAAATGGCTCCATGTTGTTGAATGTTTAAATTTACAACCACTAATAAAACACGACTGT
<<<42_R<<< 16959 to 16980
16921 TCACATACAGTAATGCCATTAAGTGCACCTACACTAGTGCCACAAGAGCACTATGTTAGA
16921 16930 16940 16950 16960 16970
16921 AGTGTATGTCATTACGGTAATTCACGTGGATGTGATCACGGTGTTCTCGTGATAACAATCT
16981 ATTACTGGCTTATACCCAACACTCAATATCTCAGATGAGTTTTCTAGCAATGTTGCAAT
16981 16990 17000 17010 17020 17030
16981 TAATGACCGAATATGGGTTGTGAGTTATAGAGTCTACTCAAAAGATCGTTACAACGTTTAA
17041 TATCAAAAGGTTGGTATGCAAAAGTATTCTACACTCCAGGGACCACCTGGTACTGGTAAG
17041 17050 17060 17070 17080 17090
17041 ATAGTTTTTCCAACCATACGTTTTTCATAAGATGTGAGGTCCCTGGTGGACCATGACCATTCT
17101 AGTCATTTTGTCTATTGGCCTAGCTCTCTACTACCTTCTGCTCGCATAGTGTATACAGCT
17101 17110 17120 17130 17140 17150
17101 TCAGTAAAACGATAACCGGATCGAGAGATGATGGGAAGACGAGCGTATCACATATGTGCA
17161 TGCTCTCATGCCGCTGTTGATGCACATATGTGAGAAGGCATTAAATATTTGCCTATAGAT
17161 17170 17180 17190 17200 17210
17161 ACGAGAGTACGGCGACAACCTACGTGATACACTCTTCCGTAATTTTATAAACGGATATCTA
17221 AAATGTAGTAGAATTATACCTGCACGTGCTCGTGATAGAGTGTGTTTGATAAATTCAAAGTG
17221 17230 17240 17250 17260 17270
17221 TTTACATCATCTTAATATGGACGTGCACGAGCACATCTCACAAAACCTATTTAAGTTTCAC
17281 AATTCAACATTAGAACAGTATGTCTTTTGTACTGTAAATGCATTGCCTGAGACGACAGCA
17281 17290 17300 17310 17320 17330
17281 TTAAGTTGTAATCTTGTGCATACAGAAAACATGACATTTACGTAACGGACTCTGCTGTCTGT
17341 GATATAGTTGTCTTTGATGAAATTTCAATGGCCACAAATTATGATTTGAGTGTTGTCAAT
17341 17350 17360 17370 17380 17390
17341 CTATATCAACAGAACTACTTTAAAGTTACCGGTGTTTAAATACTAAACTCACAACAGTTA
17401 GCCAGATTACGTGCTAAGCACTATGTGTACATTGGCGACCCTGCTCAATTACCTGCACCA
17401 17410 17420 17430 17440 17450
17401 CGGTCTAATGCACGATTTCGTGATACACATGTAACCGCTGGGACGAGTTAATGGACGTGGT
17461 CGCACATTGCTAATAAGGGCACACTAGAACCAGAATATTTCAATTCAAGTGTGTAGACTT
17461 17470 17480 17490 17500 17510
17461 GCGTGTAACGATTGATTCCCGTGTGATCTTGGTCTTATAAAGTTAAGTCACACATCTGAA
17521 ATGAAAACCTATAGGTCCAGACATGTTCCCTCGGAACCTGTGCGCGTTGTCCTGCTGAAATT
17521 17530 17540 17550 17560 17570
17521 TACTTTTGATATCCAGGTCTGTACAAGGAGCCTTGAACAGCCGCAACAGGACGACTTTAA
17581 GTTGACACTGTGAGTGCTTTGGTTTTATGATAATAAGCTTAAAGCACATAAAGACAAATCA
17581 17590 17600 17610 17620 17630
17581 CAACTGTGACACTCACGAAACCAAATACTATTATTCGAATTTTCGTGTATTTCTGTTTAGT
17641 GCTCAATGCTTTAAATGTTTTATAAGGGTGTTATCACGCATGATGTTTCATCTGCAATT
17641 17650 17660 17670 17680 17690
17641 CGAGTTACGAAATTTTACAAAATATCCCACAATAGTGCGTACTACAAAGTAGACGTTAA
>>>43_F>>> 17729 to 17750
17701 AACAGGCCACAAATAGGCGTGGTAAGAGAATTCCCTTACACGTAACCCTGCTTGAGAAAA
17701 17710 17720 17730 17740 17750
17701 TTGTCCGGTGTGTTTATCCGCACCATTTCTCTTAAGGAATGTGCATTGGGACGAACCTCTTTT
17761 GCTGTCTTTATTTTACCTTATAATTACAGAATGCTGTAGCCTCAAAGATTTTGGGACTA
17761 17770 17780 17790 17800 17810
17761 CGACAGAAATAAAGTGGAATATTAAGTGTCTTACGACATCGGAGTTTCTAAAACCTGAT
<<<44_R<<< 17836 to 17857

17821 CCAACTCAAACGTGTTGATTCATCACAGGGCTCAGAATATGACTATGTCATATTCCTCA
17821 17830 17840 17850 17860 17870
17821 GGTTGAGTTTGACAACTAAGTAGTGTCCCGAGTCTTATACTGATACAGTATAAGTGAGTT
17881 ACCACTGAAACAGCTCACTCTTGTAATGTAAACAGATTTAATGTTGCTATTACCAGAGCA
17881 17890 17900 17910 17920 17930
17881 TGGTGACTTTGTCGAGTGAGAACATTACATTTGTCTAAATTACAACGATAATGGTCTCGT
17941 AAAGTAGGCATACCTTTGCATAATGTCTGATAGAGACCTTTATGACAAGTTGCAATTTACA
17941 17950 17960 17970 17980 17990
17941 TTTCATCCGTATGAAACGTATTACAGACTATCTCTGGAAATACTGTTCAACGTTAAATGT
18001 AGTCTTGAAATTCACGTAGGAATGTGGCAACTTTACAAGCTGAAAATGTAACAGGACTC
18001 18010 18020 18030 18040 18050
18001 TCAGAACTTTAAGGTGCATCCTTACACCGTTGAAATGTTGACTTTTACATTGTCCTGAG
18061 TTTAAAGATTGTAGTAAGGTAATCACTGGGTACATCCTACACAGGCACCTACACACCTC
18061 18070 18080 18090 18100 18110
18061 AAATTTCTAACATCATTCCATTAGTGACCAATGTAGGATGTGTCCGTGGATGTGTGGAG
18121 AGTGTGACACTAAATTCAAACCTGAAGGTTTATGTGTTGACATACCTGGCATACTAAG
18121 18130 18140 18150 18160 18170
18121 TCACAACTGTGATTTAAGTTTGTGACTTCCAAATACACAACTGTATGGACCGTATGGATT
18181 GACATGACCTATAGAAGACTCATCTCTATGATGGGTTTTAAATGAATTATCAAGTTAAT
18181 18190 18200 18210 18220 18230
18181 CTGTACTGGATATCTTCTGAGTAGAGATACTACCCAAAATTTTACTTAATAGTTCAATTA
18241 GGTTACCCTAACATGTTTATCACCCGCGAAGAAGCTATAAGACATGTACGTGCATGGATT
18241 18250 18260 18270 18280 18290
18241 CCAATGGGATTGTACAAATAGTGGGCGCTTCTCGATATTCTGTACATGCACGTACCTAA
18301 GGCTTCGATGTCGAGGGGTGTCATGCTACTAGAGAAGCTGTTGGTACCAATTTACCTTTA
18301 18310 18320 18330 18340 18350
18301 CCGAAGCTACAGCTCCCCACGTACGATGATCTCTTCGACAACCATGGTTAAATGGAAAT
18361 CAGCTAGGTTTTTCTACAGGTGTTAACCTAGTTGCTGTACCTACAGGTTATGTTGATACA
18361 18370 18380 18390 18400 18410
18361 GTCGATCCAAAAGATGTCCACAATTGGATCAACGACATGGATGTCCAATACAACCTATGT
18421 CCTAATAATACAGATTTTTCCAGAGTTAGTGCTAAACCACCGCCTGGAGATCAATTTAA
18421 18430 18440 18450 18460 18470
18421 GGATTATTATGTCTAAAAAGGTCTCAATCACGATTTGGTGGCGGACCTCTAGTTAAATTT
>>>45_F>>> 18511 to 18534
18481 CACCTCATACCACTTATGTACAAAGGACTTCCTTGGAATGTAGTGCGTATAAAGATTGTA
18481 18490 18500 18510 18520 18530
18481 GTGGAGTATGGTGAATACATGTTTCCTGAAGGAACCTTACATCACGCATATTTCTAACAT
18541 CAAATGTTAAGTGACACACTTAAAAATCTCTCTGACAGAGTCGTATTTGTCTTATGGGCA
18541 18550 18560 18570 18580 18590
18541 GTTTACAATTCACCTGTGTGAATTTTTAGAGAGACTGTCTCAGCATAAACAGAATACCCGT

<<<46_R<<< 18652 to

18673

18601 CATGGCTTTGAGTTGACATCTATGAAGTATTTTGTGAAAATAGGACCTGAGCGCACCTGT
18601 18610 18620 18630 18640 18650
18601 GTACCGAACTCAACTGTAGATACTTCATAAAACACTTTTATCCTGGACTCGCGTGGACA
18661 TGTCTATGTGATAGACGTGCCACATGCTTTTCCACTGCTTCAGACACTTATGCCTGTTGG
18661 18670 18680 18690 18700 18710
18661 ACAGATACACTATCTGCACGGTGTACGAAAAGGTGACGAAGTCTGTGAATACGGACAACC
18721 CATCATTCTATTGGATTGATTACGTCTATAATCCGTTTATGATTGATGTTCAACAATGG
18721 18730 18740 18750 18760 18770
18721 GTAGTAAGATAACCTAAACTAATGCAGATATTAGGCAAATACTAACTACAAGTTGTTACC
18781 GGTTTTACAGGTAACCTACAAAGCAACCATGATCTGTATTGTCAAGTCCATGGTAATGCA
18781 18790 18800 18810 18820 18830
18781 CCAAAATGTCCATTGGATGTTTCGTTGGTACTAGACATAACAGTTCAGGTACCATTACGT
18841 CATGTAGCTAGTTGTGATGCAATCATGACTAGGTGTCTAGCTGTCCACGAGTGCTTTGTT
18841 18850 18860 18870 18880 18890
18841 GTACATCGATCAACACTACGTTAGTACTGATCCACAGATCGACAGGTGCTCACGAAACAA
18901 AAGCGTGTTGACTGGACTATTGAATATCCTATAATTGGTGATGAACTGAAGATTAATGCG
18901 18910 18920 18930 18940 18950

18901 TTCGCACAACCTGACCTGATAACTTATAGGATATTAACCACTACTTGACTTCTAATTACGC
18961 GCTTGTAGAAAGGTTCAACACATGGTTGTTAAAGCTGCATTATTAGCAGACAAATCCCA
18961 18970 18980 18990 19000 19010
18961 CGAACATCTTTCCAAGTTGTGTACCAACAATTTTCGACGTAATAATCGTCTGTTTAAGGGT
19021 GTTCTTCACGACATTGGTAACCCCTAAAGCTATTAAGTGTGTACCTCAAGCTGATGTAGAA
19021 19030 19040 19050 19060 19070
19021 CAAGAAGTGCTGTAACCATTGGGATTTTCGATAATTCACACATGGAGTTCGACTACATCTT
19081 TGGAAGTTCTATGATGCACAGCCTTGTAGTGACAAAGCTTATAAAATAGAAGAATTATTC
19081 19090 19100 19110 19120 19130
19081 ACCTTCAAGATACTACGTGTCGGAACATCACTGTTTCGAATATTTTATCTTCTTAATAAG
19141 TATTCTTATGCCACACATTCTGACAAATTCACAGATGGTGTATGCCTATTTTGGGAATTGC
19141 19150 19160 19170 19180 19190
19141 ATAAGAATACGGTGTGTAAGACTGTTTAAAGTGTCTACCACATACGGATAAAACCTTAACG
19201 AATGTCGATAGATATCCTGCTAATTCCATTGTTTGTAGATTTGACACTAGAGTGCTATCT
19201 19210 19220 19230 19240 19250
19201 TTACAGCTATCTATAGGACGATTAAGGTAACAAACATCTAAACTGTGATCTCACGATAGA
>>>47_F>>> 19264 to 19285
19261 AACCTTAACTTGCCTGGTGTGATGGTGGCAGTTTGTATGTAAATAAACATGCATTCCAC
19261 19270 19280 19290 19300 19310
19261 TTGGAATTGAACGGACCAACACTACCACCGTCAAACATACATTTATTTGTACGTAAGGTG
19321 ACACCAGCTTTTTGATAAAAGTGCTTTTGTAAATTTAAACAATTACCATTTTTCTATTAC
19321 19330 19340 19350 19360 19370
19321 TGTGGTCGAAAACCTATTTTCACGAAAACAATTAAATTTTGTAAATGGTAAAAAGATAATG
19381 TCTGACAGTCCATGTGAGTCTCATGGAAAACAAGTAGTGTGAGATATAGATTATGTACCA
19381 19390 19400 19410 19420 19430
19381 AGACTGTCAGGTACACTCAGAGTACCTTTTGTTCATCACAGTCTATATCTAATACATGGT
<<<48_R<<< 19470 to 19491
19441 CTAAAGTCTGCTACGTGTATAACACGTTGCAATTTAGGTGGTGTCTGTCTGTAGACATCAT
19441 19450 19460 19470 19480 19490
19441 GATTTTCAGACGATGCACATATTGTGCAACGTTAAATCCACCACGACAGACATCTGTAGTA
19501 GCTAATGAGTACAGATTGTATCTCGATGCTTATAACATGATGATCTCAGCTGGCTTTAGC
19501 19510 19520 19530 19540 19550
19501 CGATTACTCATGTCTAACATAGAGCTACGAATATTGTACTACTAGAGTCGACCGAAATCG
19561 TTGTGGGTTTACAAACAATTTGATACTTATAACCTCTGGAACACTTTTACAAGACTTCAG
19561 19570 19580 19590 19600 19610
19561 AACACCCAAATGTTTGTAAACTATGAATATTGGAGACCTTGTGAAAATGTTCTGAAGTC
19621 AGTTTtagAAAATGTGGCTTTTAAATGTTGTAAATAAGGGACACTTTGATGGACAACAGGGT
19621 19630 19640 19650 19660 19670
19621 TCAAATCTTTTACACCGAAAATTACAACATTTATTTCCCTGTGAAACTACCTGTTGTCCCA
19681 GAAGTACCAGTTTCTATCATTAATAACACTGTTTACACAAAAGTTGATGGTGTGATGTA
19681 19690 19700 19710 19720 19730
19681 CTTTCATGGTCAAAGATAGTAATTATTGTGACAAATGTGTTTTCAACTACCACAACCTACAT
19741 GAATTGTTTGAATAAAACAACATTACCTGTTAATGTAGCATTTGAGCTTTGGGCTAAG
19741 19750 19760 19770 19780 19790
19741 CTTAACAACTTTTTATTTTGTGTAATGGACAATTACATCGTAAACTCGAAACCCGATTCT
19801 CGCAACATTAAACCAGTACCAGAGGTGAAAATACTCAATAATTTGGGTGTGGACATTGCT
19801 19810 19820 19830 19840 19850
19801 GCGTTGTAATTTGGTCATGGTCTCCACTTTTATGAGTTATTAAACCCACACCTGTAACGA
19861 GCTAATACTGTGATCTGGGACTACAAAAGAGATGCTCCAGCACATATATCTACTATTGGT
19861 19870 19880 19890 19900 19910
19861 CGATTATGACACTAGACCCTGATGTTTCTCTACGAGGTCGTGTATATAGATGATAACCA
19921 GTTTGTTCTATGACTGACATAGCCAAGAAACCAACTGAAACGATTTGTGCACCACTCACT
19921 19930 19940 19950 19960 19970
19921 CAAACAAGATACTGACTGTATCGGTTCTTTGGTTGACTTTGCTAAACACGTGGTGAGTGA
19981 GTCTTTTTTGTGATGGTAGAGTTGATGGTCAAGTAGACTTATTTAGAAATGCCCGTAATGGT
19981 19990 20000 20010 20020 20030
19981 CAGAAAAAACTACCATCTCAACTACCAGTTCATCTGAATAAATCTTTACGGGCATTACCA
>>>49_F>>> 20081 to 20102
20041 GTTCTTATTACAGAAGGTAGTGTAAAGGTTTACAACCATCTGTAGGTCCCAAACAAGCT

20041 20050 20060 20070 20080 20090
 20041 CAAGAATAATGTCTTCCATCACAATTTCCAAATGTTGGTAGACATCCAGGGTTTGTTCGA
 20101 AGTCTTAATGGAGTCACATTAATTGGAGAAGCCGTAAAAACACAGTTCAATTATTATAAG
 20101 20110 20120 20130 20140 20150
 20101 TCAGAATTACCTCAGTGTAAATTAACCTCTTCGGCATTTTTGTGTCAAGTTAATAATATTC
 20161 AAAGTTGATGGTGTGTGTTCAACAATTACCTGAACTTACTTTACTCAGAGTAGAAATTTA
 20161 20170 20180 20190 20200 20210
 20161 TTTCAACTACCACAACAGGTTGTAAATGGACTTTGAATGAAATGAGTCTCATCTTTAAAT
 <<<50_R<<< 20233 to 20254
 20221 CAAGAATTTAAACCCAGGAGTCAAATGGAAATGATTTCTTAGAATTAGCTATGGATGAA
 20221 20230 20240 20250 20260 20270
 20221 GTTCTTAAATTTGGGTCCTCAGTTTACCTTTAACTAAAGAATCTTAATCGATACCTACTT
 20281 TTCATTGAACGGTATAAATTAGAAGGTATGCCTTCGAACATATCGTTTATGGAGATTTT
 20281 20290 20300 20310 20320 20330
 20281 AAGTAACTTGCCATATTTAATCTTCCGATACGGAAGCTTGTATAGCAAATACCTCTAAAA
 20341 AGTCATAGTCAGTTAGGTGGTTTACATCTACTGATTGGACTAGCTAAACGTTTTAAGGAA
 20341 20350 20360 20370 20380 20390
 20341 TCAGTATCAGTCAATCCACCAAATGTAGATGACTAACCTGATCGATTTGCAAAATTCCTT
 20401 TCACCTTTTGAATTAGAAGATTTTATTCCTATGGACAGTACAGTTAAAACTATTTTCATA
 20401 20410 20420 20430 20440 20450
 20401 AGTGGAAAACCTTAATCTTCTAAAATAAGGATACCTGTCTATGTCAATTTTTTGATAAAGTAT
 20461 ACAGATGCGCAAACAGGTTTCATCTAAGTGTGTGTCTGTTATTGATTTATTACTTGAT
 20461 20470 20480 20490 20500 20510
 20461 TGTCTACGCGTTTGTCCAAGTAGATTACACACACAAGACAATAACTAAATAATGAACATA
 20521 GATTTTGTGTGAATAATAAAATCCCAAGATTTATCTGTAGTTTCTAAGGTTGTCAAAGTG
 20521 20530 20540 20550 20560 20570
 20521 CTAAAACAACCTTTATTATTTTAGGGTTCTAAATAGACATCAAAGATTCCAACAGTTTCAC
 20581 ACTATTGACTATACAGAAATTTTCATTTATGCTTTGGTGTAAGATGGCCATGTAGAAACA
 20581 20590 20600 20610 20620 20630
 20581 TGATAACTGATATGTCTTTAAAGTAAATACGAAACCACATTTCTACCGGTACATCTTTGT
 20641 TTTTACCCAAAATTACAATCTAGTCAAGCGTGGCAACCGGGTGTGCTATGCCTAATCTT
 20641 20650 20660 20670 20680 20690
 20641 AAAATGGGTTTTAATGTTAGATCAGTTCGCACCGTTGGCCCAACGATACGGATTAGAA
 20701 TACAAAATGCAAAGAATGCTATTAGAAAAGTGTGACCTTCAAATATGGTGATAGTGCA
 20701 20710 20720 20730 20740 20750
 20701 ATGTTTTACGTTTCTTACGATAATCTTTTCACACTGGAAGTTTTAATACCACTATCACGT
 20761 ACATTACCTAAAGGCATAATGATGAATGTCGCAAAATATACTCAACTGTGTCAATATTTA
 20761 20770 20780 20790 20800 20810
 20761 TGTAATGGATTTCCGTATTACTACTTACAGCGTTTTATATGAGTTGACACAGTTATAAAT
 >>>51_F>>> 20833 to 20857
 20821 AACACATTAACATTAGCTGTACCCTATAATATGAGAGTTATACATTTTGGTGCTGGTTCT
 20821 20830 20840 20850 20860 20870
 20821 TTGTGTAATTGTAATCGACATGGGATATTATACTCTCAATATGTAAAACACGACCAAGA
 20881 GATAAAGGAGTTGCACCAGGTACAGCTGTTTAAAGACAGTGGTTGCCTACGGGTACGCTG
 20881 20890 20900 20910 20920 20930
 20881 CTATTTCTCAACGTGGTCCATGTGACAAAATTTCTGTACCAACGGATGCCCATGCGAC
 <<<52_R<<< 20991 to
 21012
 20941 CTTGTGATTTCAGATCTTAATGACTTTGTCTCTGATGCAGATTCAACTTTGATTGGTGAT
 20941 20950 20960 20970 20980 20990
 20941 GAACAGCTAAGTCTAGAATTACTGAAACAGAGACTACGTCTAAGTTGAAACTAACCCTA
 21001 TGTGCAACTGTACATACAGCTAATAAATGGGATCTCATTATTAGTGATATGTACGACCCT
 21001 21010 21020 21030 21040 21050
 21001 ACACGTTGACATGTATGTCGATTATTTACCCTAGAGTAATAATCACTATACATGCTGGGA
 21061 AAGACTAAAAATGTTACAAAAGAAAATGACTCTAAAGAGGGTTTTTCACTTACATTTGT
 21061 21070 21080 21090 21100 21110
 21061 TTCTGATTTTTACAATGTTTTCTTTTACTGAGATTTCTCCCAAAAAAGTGAATGTAAACA
 21121 GGGTTTATACAACAAAAGCTAGCTCTTGGAGGTTCCGTGGCTATAAAGATAACAGAACAT
 21121 21130 21140 21150 21160 21170

21121 CCCAAATATGTTGTTTTTCGATCGAGAACCTCCAAGGCACCGATATTTCTATTGTCTTGTA
21181 TCTTGGAATGCTGATCTTTATAAGCTCATGGGACACTTCGCATGGTGGACAGCCTTTGTT
21181 21190 21200 21210 21220 21230
21181 AGAACCTTACGACTAGAAATATTCGAGTACCCTGTGAAGCGTACCACCTGTCGGAAACAA
21241 ACTAATGTGAATGCGTCATCATCTGAAGCATTTTTTAATTGGATGTAATTATCTTGGCAA
21241 21250 21260 21270 21280 21290
21241 TGATTACACTTACGCAGTAGTAGACTTCGTAAAAATTAACCTACATTAATAGAACCGTTT
21301 CCACGCGAACAATAAGATGGTTATGTCATGCATGCAAATTACATATTTTGGAGGAATACA
21301 21310 21320 21330 21340 21350
21301 GGTGCGCTTGTCTTATCTACCAATACAGTACGTACGTTTAATGTATAAAACCTCCTTATGT
21361 AATCCAATTACAGTTGTCTTCCTATTCTTTATTTGACATGAGTAAATTTCCCCTTAAATTA
21361 21370 21380 21390 21400 21410
21361 TTAGGTTAAGTCAACAGAAGGATAAGAAAATAAACTGTACTCATTAAAGGGGAATTTAAT
21421 AGGGGTACTGCTGTTATGTCTTTAAAAGAAGGTCAAATCAATGATATGATTTTATCTCTT
21421 21430 21440 21450 21460 21470
21421 TCCCCATGACGACAATACAGAAATTTTCTTCCAGTTTAGTTACTATACTAAAATAGAGAA
21481 CTTAGTAAAGGTAGACTTATAATTAGAGAAAACAACAGAGTTGTTATTTCTAGTGATGTT
21481 21490 21500 21510 21520 21530
21481 GAATCATTTCCATCTGAATATTAATCTCTTTTGTGTCTCAACAATAAAGATCACTACAA
21541 CTTGTTAACAATAAACAAGCAATGTTTGTCTTTCTTGTCTTTATTGCCACTAGTCTCTAG
21541 21550 21560 21570 21580 21590
21541 GAACAATTGTTGATTTGCTTGTTACAAACAAAAAGAACAATAACGGTGATCAGAGATC
>>>53_F>>> 21616 to 21637
21601 TCAGTGTGTTAATCTTACAACAGAACTCAATTACCCCTGCATACACTAATTCTTTTAC
21601 21610 21620 21630 21640 21650
21601 AGTCACACAAATAGAAATGTTGGTCTTGAGTTAATGGGGGACGTATGTGATTAAGAAAGTG
21661 ACGTGGTGTTTTATTACCCTGACAAAGTTTTCAGATCCTCAGTTTACATTCAACTCAGGA
21661 21670 21680 21690 21700 21710
21661 TGCACCACAAATAATGGGACTGTTTCAAAAGTCTAGGAGTCAAAATGTAAGTTGAGTCCT
<<<54_R<<< 21742 to 21763
21721 CTTGTTCTTACCTTTCTTTTCCAATGTTACTTGGTTCATGCTATACATGTCTCTGGGAC
21721 21730 21740 21750 21760 21770
21721 GAACAAGAATGGAAAGAAAAGGTTACAATGAACCAAGGTACGATATGTACAGAGACCCTG
21781 CAATGGTACTAAGAGGTTTGATAACCTGTCCCTACCATTTAATGATGGTGTTTATTTTGC
21781 21790 21800 21810 21820 21830
21781 GTTACCATGATTCTCCAACTATTGGGACAGGATGGTAAATTACTACCACAAATAAAACG
21841 TTCCACTGAGAAGTCTAACATAATAAGAGGCTGGATTTTGGTACTACTTTAGATTTCGAA
21841 21850 21860 21870 21880 21890
21841 AAGGTGACTCTTCAGATTGTATTATTCTCGACCTAAAAACCATGATGAAATCTAAGCTT
21901 GACCCAGTCCCTACTTATTGTTAATAACGCTACTAATGTTGTTATTAAAGTCTGTGAATT
21901 21910 21920 21930 21940 21950
21901 CTGGGTGAGGATGAATAACAATTATTGCGATGATTACAACAATAATTTAGACACTTAA
21961 TCAATTTTGTAAATGATCCATTTTGGGTGTTTATTACCACAAAAACAACAAAGTTGGAT
21961 21970 21980 21990 22000 22010
21961 AGTTAAACATTACTAGGTAAAAACCCACAAATAATGGTGTTTTTGTGTTTTCAACCTA
22021 GGAAAGTGAGTTTCAGAGTTTATTCTAGTGCGAATAATTGCACTTTTGAATATGTCTCTCA
22021 22030 22040 22050 22060 22070
22021 CCTTTCCTCAAGTCTCAAATAAGATCACGCTTATTAACGTGAAAACCTTATACAGAGAGT
22081 GCCTTTTCTTATGGACCTTGAAGGAAAACAGGGTAATTTCAAAAATCTTAGGGAATTTGT
22081 22090 22100 22110 22120 22130
22081 CGGAAAAGAATACCTGGAACCTCCTTTTGTCCCATTAAAGTTTTTGAATCCCTTAAACA
22141 GTTTAAGAATATTGATGGTTATTTTAAAAATATATTCTAAGCACACGCCTATTAATTTAGT
22141 22150 22160 22170 22180 22190
22141 CAAATTCCTTATACTACCAATAAAATTTTATATAAGATTCGTGTGCGGATAATTAAATCA
22201 GCGTGATCTCCCTCAGGGTTTTTCGGCTTTAGAACCATTGGTAGATTTGCCAATAGGTAT
22201 22210 22220 22230 22240 22250
22201 CGCACTAGAGGGAGTCCCAAAAAGCCGAAATCTTGGTAACCATCTAAACGGTTATCCATA
22261 TAACATCACTAGGTTTCAAACCTTACTTGCTTTACATAGAAGTTATTTGACTCCTGGTGA
22261 22270 22280 22290 22300 22310

22261 ATTGTAGTGATCCAAAGTTTGAAATGAACGAAATGTATCTTCAATAAACTGAGGACCACT
22321 TTCTTCTTCAGGTTGGACAGCTGGTGTGCTGACGCTTATTATGTGGGTATCTTCAACCTAG
22321 22330 22340 22350 22360 22370
22321 AAGAAGAAGTCCAACCTGTGACCACGACGTGGAATAATACACCAATAGAAGTTGGATC
22381 GACTTTTCTATTAAAAATATAATGAAAAATGGAACCATTTACAGATGCTGTAGACTGTGCACT
22381 22390 22400 22410 22420 22430
22381 CTGAAAAGATAATTTTATATTACTTTTACCTTGGTAATGTCTACGACATCTGACACGTGA
>>>55_F>>> 22443 to 22464
22441 TGACCTCTCTCAGAAACAAAGTGTACGTTGAAATCCTTCACTGTAGAAAAAGGAATCTA
22441 22450 22460 22470 22480 22490
22441 ACTGGGAGAGAGTCTTTGTTTCACATGCAACTTTAGGAAGTGACATCTTTTTCTTAGAT
22501 TCAAACCTTCTAACTTTAGAGTCCAACCAACAGAATCTATTGTTAGATTTCCTAATATTAC
22501 22510 22520 22530 22540 22550
22501 AGTTTGAAGATTGAAATCTCAGGTTGGTGTCTTAGATAACAATCTAAAGGATTATAATG
<<<56_R<<< 22591 to 22609
22561 AAACCTTGTGCCCTTTTGGTGAAGTTTAAACGCCACCAGATTTGCATCTGTTTATGCTTG
22561 22570 22580 22590 22600 22610
22561 TTTGAACACGGGAAAACCACTTCAAAAATTGCGGTGGTCTAAACGTAGACAAATACGAAC
22621 GAACAGGAAGAGAATCAGCAACTGTGTGCTGATTATTCTGTCCTATATAATTCGCATC
22621 22630 22640 22650 22660 22670
22621 CTTGTCCTTCTCTTAGTCGTTGACACAACGACTAATAAGACAGGATATATTAAGGCGTAG
22681 ATTTTCCACTTTTAAAGTGTATGGAGTGTCTCCTACTAAATTAAATGATCTCTGCTTTAC
22681 22690 22700 22710 22720 22730
22681 TAAAAGGTGAAAATTCACAATACCTCAGAGGATGATTTAATTTACTAGAGACGAAATG
22741 TAATGTCTATGCAGATTCAATTTGTAATTAGAGGTGATGAAGTCAGACAAATCGCTCCAGG
22741 22750 22760 22770 22780 22790
22741 ATTACAGATACGTCTAAGTAAACATTAATCTCCACTACTTCAGTCTGTTTAGCGAGGTCC
22801 GCAAACCTGGAAAGATTGCTGATTATAAATTATAAATTACCAGATGATTTTACAGGCTGCGT
22801 22810 22820 22830 22840 22850
22801 CGTTTGACCTTTCTAACGACTAATATTAATTTAATGGTCTACTAAAATGTCCGACGCA
22861 TATAGCTTGGAATTTCTAACAATCTTGATTCTAAGGTTGGTGGTAATTATAATTACCTGTA
22861 22870 22880 22890 22900 22910
22861 ATATCGAACCTTAAGATTGTTAGAACTAAGATTCCAACCACCATTAATATTAATGGACAT
22921 TAGATTGTTTGGGAAGTCTAATCTCAAACCTTTTGAGAGAGATATTTCAACTGAAATCTA
22921 22930 22940 22950 22960 22970
22921 ATCTAACAATCCTTCAGATTAGAGTTTGAAAACTCTCTCTATAAAGTTGACTTTAGAT
22981 TCAGGCCGGTAGCACACCTTGTAATGGTGTGTAAGGTTTTAATTGTTACTTTCTTTTACA
22981 22990 23000 23010 23020 23030
22981 AGTCCGCCATCGTGTGGAACATTACCACAACCTTCCAAAATTAACAATGAAAGGAAATGT
23041 ATCATATGGTTTCCAACCCACTAATGGTGTGGTTACCAACCATAACAGAGTAGTAGTACT
23041 23050 23060 23070 23080 23090
23041 TAGTATACCAAAGGTTGGGTGATTACCACAACCAATGGTTGGTATGTCTCATCATCATGA
23101 TTCTTTTGAACCTTCTACATGCACCAGCAACTGTTTGTGGACCTAAAAAGTCTACTAATTT
23101 23110 23120 23130 23140 23150
23101 AAGAAAACCTTGAAGATGTACGTGGTCTGACAAACACCTGGATTTTTTCAAGATGATTAAA
23161 GGTTAAAAACAAATGTGTCAATTTCAACTTCAATGGTTTTAACAGGCACAGGTGTTCTTAC
23161 23170 23180 23190 23200 23210
23161 CCAATTTTTGTTTACACAGTTAAAGTTGAAGTTACCAAATTGTCCGTGTCCACAAGAATG
23221 TGAGTCTAACAAAAAGTTTCTGCCTTTCCAACAATTTGGCAGAGACATTGCTGACACTAC
23221 23230 23240 23250 23260 23270
23221 ACTCAGATTGTTTTTCAAAGACGGAAAGTTGTTAAACCGTCTCTGTAACGACTGTGATG
>>>57_F>>> 23297 to 23318
23281 TGATGCTGTCCGTGATCCACAGACACTTGAGATTCTTGACATTACACCATGTTCTTTTGG
23281 23290 23300 23310 23320 23330
23281 ACTACGACAGGCACTAGGTGTCTGTGAACTCTAAGAACTGTAATGTGGTACAAGAAAACC
23341 TGGTGTCTAGTGTATATAACACCAGGAACAAATACTTCTAACCAGGTTGCTGTTCTTTATCA
23341 23350 23360 23370 23380 23390
23341 ACCACAGTCACAATATTGTGGTCCTTGTTTATGAAGATTGGTCCAACGACAAGAAATAGT

<<<58_R<<< 23457

to 23478

```
23401 GGATGTTAACTGCACAGAAGTCCCTGTTGCTATTCATGCAGATCAACTTACTCCTACTTG
23401      23410      23420      23430      23440      23450
23401 CCTACAATTGACGTGTCTTCAGGGACAACGATAAGTACGTCTAGTTGAATGAGGATGAAC
23461 GCGTGTTTATTCTACAGGTTCTAATGTTTTTCAAACACGTGCAGGCTGTTTAATAGGGGC
23461      23470      23480      23490      23500      23510
23461 CGCACAAATAAGATGTCCAAGATTACAAAAAGTTTGTGCACGTCCGACAAATTATCCCCG
23521 TGAACATGTCAACAACATCATATGAGTGTGACATACCCATTGGTGCAGGTATATGCGCTAG
23521      23530      23540      23550      23560      23570
23521 ACTTGTACAGTTGTTGAGTATACTCACACTGTATGGGTAACCACGTCCATATACGCGATC
23581 TTATCAGACTCAGACTAATTCCTCCGCGGGCACGTAGTGTAGCTAGTCAATCCATCAT
23581      23590      23600      23610      23620      23630
23581 AATAGTCTGAGTCTGATTAAGAGGAGCCGCGCCGTGCATCACATCGATCAGTTAGGTAGTA
23641 TGCCTACACTATGTCACTTGGTGCAGAAAATTCAGTTGCTTACTCTAATAACTCTATTGC
23641      23650      23660      23670      23680      23690
23641 ACGGATGTGATACAGTGAACCACGTCTTTTAAGTCAACGAATGAGATTATTGAGATAACG
23701 CATACCCACAAATTTTACTATTAGTGTACCACAGAAATTCTACCAGTGTCTATGACCAA
23701      23710      23720      23730      23740      23750
23701 GTATGGGTGTTTTAAATGATAATCACAATGGTGTCTTTAAGATGGTCACAGATACTGGTT
23761 GACATCAGTAGATTGTACAATGTACATTTGTGGTGATTCAACTGAATGCAGCAATCTTTT
23761      23770      23780      23790      23800      23810
23761 CTGTAGTCATCTAACATGTTACATGTAACACCACTAAGTTGACTTACGTCGTTAGAAAA
23821 GTTGCAATATGGCAGTTTTTGTACACAATTAAACCGTGCTTTAACTGGAATAGCTGTTGA
23821      23830      23840      23850      23860      23870
23821 CAACGTTATACCGTCAAAAACATGTGTTAATTTGGCAGCAAATTGACCTTATCGACAAC
23881 ACAAGACAAAAACACCCAAGAAGTTTTTGCACAAGTCAAACAAATTTACAAAACACCACC
23881      23890      23900      23910      23920      23930
23881 TGTTCTGTTTTTGTGGGTTCTTCAAAAACGTGTTTCAGTTTGTTTAAATGTTTTGTGGTGG
23941 AATTAAAGATTTTGGTGGTTTTAATTTTTTCACAAATATTACCAGATCCATCAAAACCAAG
23941      23950      23960      23970      23980      23990
23941 TTAATTTCTAAAACCACCAAAATTA AAAAGTGTTTATAATGGTCTAGGTAGTTTTGGTTC
24001 CAAGAGGTCATTTATTGAAGATCTACTTTTCAACAAAGTGACACTTGACAGATGCTGGCTT
24001      24010      24020      24030      24040      24050
24001 GTTCTCCAGTAAATAACTTCTAGATGAAAAGTTGTTTCACTGTGAACGTCTACGACCGAA
>>>59_F>>> 24077 to 24098
24061 CATCAAACAATATGGTGATTGCCCTGGTGATATTGCTGCTAGAGACCTCATTTGTGCACA
24061      24070      24080      24090      24100      24110
24061 GTAGTTTGTATACCCTAACGGAACCACTATAACGACGATCTCTGGAGTAAACACGTGT
24121 AAAGTTTAACGGCCTTACTGTTTTGCCACCTTTGCTCACAGATGAAATGATTGCTCAATA
24121      24130      24140      24150      24160      24170
24121 TTTCAAATTGCCGAATGACAAAACGGTGGAACGAGTGTCTACTTTACTAACGAGTTAT
```

<<<60_R<<< 24233 to

24254

```
24181 CACTTCTGCACTGTTAGCGGGTACAATCACTTCTGGTTGGACCTTTGGTGCAGGTGCTGC
24181      24190      24200      24210      24220      24230
24181 GTGAAGACGTGACAATCGCCCATGTTAGTGAAGACCAACCTGGAACACGTCCACGACG
24241 ATTACAAATACCATTGCTATGCAAATGGCTTATAGGTTAATGGTATTGGAGTTACACA
24241      24250      24260      24270      24280      24290
24241 TAATGTTTATGGTAAACGATACGTTTACCGAATATCCAAATTACCATAACCTCAATGTGT
24301 GAATGTTCTCTATGAGAACC AAAATGATTGCCAACCAATTTAATAGTGCTATTGGCAA
24301      24310      24320      24330      24340      24350
24301 CTTACAAGAGATACTCTTGGTTTTTAACTAACGGTTGGTTAAATTATCACGATAACCGTT
24361 AATTCAAGACTCACTTTCTTCCACAGCAAGTGCACCTTGGAACCTTCAAGATGTGGTCAA
24361      24370      24380      24390      24400      24410
24361 TTAAGTTCTGAGTGAAAGAAGGTGTCGTTACGTGAACCTTTTGAAGTTCTACACCAGTT
24421 CCAAAATGCACAAGCTTTAAACACGCTTGTTAAACAACCTTAGCTCCAATTTTGGTGCAAT
24421      24430      24440      24450      24460      24470
24421 GGTTTTACGTGTTTCGAAATTTGTGCGAACAAATTTGTTGAATCGAGGTAAAACACGTTA
```

24481 TTCAAGTGTGTTTAAATGATATCCTTTACGTCTTGACAAAAGTTGAGGCTGAAGTGCAAAT
 24481 24490 24500 24510 24520 24530
 24481 AAGTTCACAAAATTTACTATAGGAAAGTGCAGAACTGTTTCAACTCCGACTTCACGTTTA
 24541 TGATAGGTTGATCACAGGCAGACTTCAAAGTTTGCAGACATATGTGACTCAACAATTAAT
 24541 24550 24560 24570 24580 24590
 24541 ACTATCCAAC TAGTGTCCGTCTGAAGTTTCAAACGTCTGTATACACTGAGTTGTTAATTA
 24601 TAGAGCTGCAGAAATCAGAGCTTCTGCTAATCTTGCTGCTACTAAAATGTCAGAGTGTGT
 24601 24610 24620 24630 24640 24650
 24601 ATCTCGACGTCTTTAGTCTCGAAGACGATTAGAACGACGATGATTTTACAGTCTCACACA
 24661 ACTTGGACAATCAAAAAGAGTTGATTTTGTGGAAAGGGCTATCATCTTATGTCCTTCCC
 24661 24670 24680 24690 24700 24710
 24661 TGAACCTGTTAGTTTTTCTCAACTAAAAACACCTTTCCCGATAGTAGAATACAGGAAGGG
 24721 TCAGTCAGCACCTCATGGTGTAGTCTTCTGTCATGTGACTTATGTCCCTGCACAAGAAAA
 24721 24730 24740 24750 24760 24770
 24721 AGTCAGTCGTGGAGTACCACATCAGAAGAAGCTACACTGAATACAGGGACGTGTTCTTTT
 24781 GAACTTCACAACTGCTCCTGCCATTTGTCATGATGGAAAAGCACACTTTCCTCGTGAAGG
 24781 24790 24800 24810 24820 24830
 24781 CTTGAAGTGTGACGAGGACGGTAAACAGTACTACCTTTTCGTGTGAAAGGAGCACTTCC

>>>61_F>>> 24895 to

24919

24841 TGTCTTTGTTTCAAATGGCACACACTGGTTTGTAAACACAAAGGAATTTTTATGAACCACA
 24841 24850 24860 24870 24880 24890
 24841 ACAGAAACAAAGTTTACCGTGTGTGACCAACATTGTGTTTCCCTTAAAAATACTTGGTGT
 24901 AATCATTACTACAGACAACACATTTGTGTCTGGTAACTGTGATGTTGTAATAGGAATTGT
 24901 24910 24920 24930 24940 24950
 24901 TTAGTAATGATGTCTGTTGTGTAAACACAGACCATTGACACTACAACATTATCCTTAACA
 24961 CAACAACACAGTTTATGATCCTTTGCAACCTGAATTAGACTCATTCAAGGAGGATTAGA
 24961 24970 24980 24990 25000 25010
 24961 GTTGTGTGTCAAATACTAGGAAACGTTGGACTTAATCTGAGTAAGTTCCTCCTCAATCT
 <<<62_R<<< 25055 to 25076
 25021 TAAATATTTTAAAGATCATAATCACCAGATGTTGATTTAGGTGACATCTCTGGCATTAA
 25021 25030 25040 25050 25060 25070
 25021 ATTTATAAAATTCCTTAGTATGTAGTGGTCTACAACATAATCCACTGTAGAGACCGTAATT
 25081 TGCTTCAGTTGTAAACATTCAAAAAGAAATTGACCGCCTCAATGAGGTTGCCAAGAATTT
 25081 25090 25100 25110 25120 25130
 25081 ACGAAGTCAACATTTGTAAGTTTTTCTTTAACTGGCGGAGTTACTCCAACGGTTCTTAAA
 25141 AAATGAATCTCTCATCGATCTCCAAGAACTTGGAAGTATGAGCAGTATATAAAATGGCC
 25141 25150 25160 25170 25180 25190
 25141 TTTACTTAGAGAGTAGCTAGAGGTTCTTGAACCTTTCATACTCGTCATATATTTTACCGG
 25201 ATGGTACATTTGGCTAGGTTTTATAGCTGGCTTGATTGCCATAGTAATGGTGACAATTAT
 25201 25210 25220 25230 25240 25250
 25201 TACCATGTAAACCGATCCAAAATATCGACCGAACTAACGGTATCATTACCACTGTTAATA
 25261 GCTTTGCTGTATGACCAGTTGCTGTAGTTGTCTCAAGGGCTGTTGTTCTTGTGGATCCTG
 25261 25270 25280 25290 25300 25310
 25261 CGAAACGACATACTGGTCAACGACATCAACAGAGTTCCCGACAACAAGAACACCTAGGAC
 25321 CTGCAAATTTGATGAAGACGACTCTGAGCCAGTGCTCAAAGGAGTCAAATTACATTACAC
 25321 25330 25340 25350 25360 25370
 25321 GACGTTTAACTACTTCTGCTGAGACTCGGTCACGAGTTTCCTCAGTTTAATGTAATGTG
 25381 ATAAACGAACCTTATGGATTTGTTTATGAGAATCTTCACAATTGGAACGTAACTTTGAAG
 25381 25390 25400 25410 25420 25430
 25381 TATTTGCTTGAATACCTAAACAAAATACTCTTAGAAGTGTTAACCTTGACATTGAACTTC
 25441 CAAGGTGAAATCAAGGATGCTACTCCTTCAGATTTTGTTCGCGCTACTGCAACGATACCG
 25441 25450 25460 25470 25480 25490
 25441 GTTCCACTTTAGTTCCTACGATGAGGAAGTCTAAAAACAAGCGCGATGACGTTGCTATGGC
 25501 ATACAAGCCTCACTCCCTTTTCGGATGGCTTATTGTTGGCGTTGCACTTCTTGCTGTTTTT
 25501 25510 25520 25530 25540 25550
 25501 TATGTTTCGGAGTGAGGGAAAGCCTACCGAATAACAACCGCAACGTGAAGAACGACAAAAA
 25561 CAGAGCGCTTCCAAAATCATAACCCCTCAAAAAGAGATGGCAACTAGCACTCTCCAAGGGT
 25561 25570 25580 25590 25600 25610

25561 GTCTCGCGAAGGTTTTAGTATTGGGAGTTTTTCTCTACCGTTGATCGTGAGAGGTTCCCA
 >>>63_F>>> 25637 to 25658
 25621 GTTCACTTTGTTTGCAACTTGCTGTTGTTTGTAAACAGTTTACTCACACCTTTTGCTC
 25621 25630 25640 25650 25660 25670
 25621 CAAGTGAACAAACGTTGAACGACAACAACAAACATTGTCAAATGAGTGTGGAAAACGAG
 25681 GTTGCTGCTGGCCTTGAAGCCCCTTTTCTCTATCTTTATGCTTTAGTCTACTTCTTGCAG
 25681 25690 25700 25710 25720 25730
 25681 CAACGACGACCGGAACCTTCGGGGAAAAGAGATAGAAATACGAAATCAGATGAAGAACGTC
 25741 AGTATAAACTTTGTAAGAATAATAATGAGGCTTTGGCTTTGCTGGAAATGCCGTTCCAAA
 25741 25750 25760 25770 25780 25790
 25741 TCATATTTGAAACATTCTTATTATTACTCCGAAACCGAAACGACCTTTACGGCAAGGTTT
 <<<64_R<<< 25835 to 25857
 25801 AACCCATTACTTTTATGATGCCAACTATTTTCTTTGCTGGCATACTAATTGTTACGACTAT
 25801 25810 25820 25830 25840 25850
 25801 TTGGGTAATGAAATACTACGGTTGATAAAAGAAACGACCGTATGATTAACAATGCTGATA
 25861 TGTATACCTTACAATAGTGTAACCTTCAATTGTCATTACTTCAGGTGATGGCACAACA
 25861 25870 25880 25890 25900 25910
 25861 ACATATGGAATGTTATCACATTGAAGAAGTTAACAGTAATGAAGTCCACTACCGTGTGT
 25921 AGTCCTATTTCTGAACATGACTACCAGATTGGTGGTTATACTGAAAAATGGGAATCTGGA
 25921 25930 25940 25950 25960 25970
 25921 TCAGGATAAAGACTTGTACTGATGGTCTAACCACCAATATGACTTTTTACCCTTAGACCT
 25981 GTAAAAGACTGTGTTGTATTACACAGTTACTTCACTTCAGACTATTACCAGCTGTACTCA
 25981 25990 26000 26010 26020 26030
 25981 CATTTTCTGACACAACATAATGTGTCAATGAAGTGAAGTCTGATAATGGTCGACATGAGT
 26041 ACTCAATTGAGTACAGACACTGGTGTTGAACATGTTACCTTCTTCATCTACAATAAAATT
 26041 26050 26060 26070 26080 26090
 26041 TGAGTTAACTCATGTCTGTGACCACAACCTTGTAATGGAAGAAGTAGATGTTATTTTAA
 26101 GTTGATGAGCCTGAAGAACATGTCCAATTACACACAATCGACGGTTCATCCGGAGTTGTT
 26101 26110 26120 26130 26140 26150
 26101 CAACTACTCGGACTTCTTGTACAGGTTTAAAGTGTGTTAGCTGCCAAGTAGGCCTCAACAA
 26161 AATCCAGTAATGGAACCAATTTATGATGAACCGACGACGACTACTAGCGTGCCTTTGTAA
 26161 26170 26180 26190 26200 26210
 26161 TTAGGTCATTACCTTGGTTAAATACTACTTGGCTGCTGCTGATGATCGCACGGAAACATT
 26221 GCACAAGCTGATGAGTACGAACCTTATGTAATCATTCGTTTCGGAAGAGACAGGTACGTTA
 26221 26230 26240 26250 26260 26270
 26221 CGTGTTGACTACTCATGCTTGAATACATGAGTAAGCAAAGCCTTCTCTGTCCATGCAAT
 26281 ATAGTTAATAGCGTACTTCTTTTTCTTGCTTTCGTGGTATTCTTGCTAGTTACACTAGCC
 26281 26290 26300 26310 26320 26330
 26281 TATCAATTATCGCATGAAGAAAAAGAACGAAAGCACCATAAGAACGATCAATGTGATCGG
 26341 ATCCTTACTGCGCTTCGATTGTGTGCGTACTGCTGCAATATTGTTAACGTGAGTCTTGTA
 26341 26350 26360 26370 26380 26390
 26341 TAGGAATGACGCGAAGCTAACACACGCATGACGACGTTATAACAATTGCACTCAGAACAT
 >>>65_F>>> 26443 to 26466
 26401 AAACCTTCTTTTTACGTTTACTCTCGTGTTAAAAATCTGAATTCCTTAGAGTTCCTGAT
 26401 26410 26420 26430 26440 26450
 26401 TTTGGAAGAAAAATGCAAATGAGAGCACAAATTTTTAGACTTAAGAAGATCTCAAGGACTA
 26461 CTTCTGGTCTAAACGAATAAATATTATAGTTTTTCTGTTTGAACTTTAATTTTAG
 26461 26470 26480 26490 26500 26510
 26461 GAAGACCAGATTTGCTTGATTATAATATAATCAAAAAGACAAACCTTGAAATTTAAATC
 <<<66_R<<< 26570 to 26591
 26521 CCATGGCAGATTCCAACGGTACTATTACCGTTGAAGAGCTTAAAAAGCTCCTTGAACAAT
 26521 26530 26540 26550 26560 26570
 26521 GGTACCGTCTAAGGTTGCCATGATAATGGCAACTTCTCGAATTTTTCGAGGAACCTTGTTA
 26581 GGAACCTAGTAATAGGTTTCCTATTCCCTTACATGGATTTGTCTTCTACAATTTGCCTATG
 26581 26590 26600 26610 26620 26630
 26581 CCTTGATCATTATCCAAAGGATAAGGAATGTACCTAAACAGAAGATGTTAAACGGATAC
 26641 CCAACAGGAATAGGTTTTTGTATATAATTAAGTTAATTTTCTGCTGTTATGGCCAG
 26641 26650 26660 26670 26680 26690
 26641 GGTTGTCCTTATCCAAAACATATATTAATTCAATTAAAAGGAGACCGACAATACCGGTC

26701 TAACTTTAGCTTGTGCTTGTGCTGCTGCTTACAGAATAAATTGGATCACCGGTGGAA
 26701 26710 26720 26730 26740 26750
 26701 ATTGAAATCGAACAAAACACGAACGACGACAAATGTCTTATTTAACCTAGTGGCCACCTT
 26761 TTGCTATCGCAATGGCTTGTCTTGTAGGCTTGATGTGGCTCAGCTACTTCATTGCTTCTT
 26761 26770 26780 26790 26800 26810
 26761 AACGATAGCGTTACCGAACAGAACATCCGAACTACACCGAGTCGATGAAGTAACGAAGAA
 26821 TCAGACTGTTTGC GCGTACGCGTTCATGTGGTCATTCAATCCAGAACTAACATTCTTC
 26821 26830 26840 26850 26860 26870
 26821 AGTCTGACAAACGCGCATGCGCAAGGTACACCAGTAAGTTAGGTCTTTGATTGTAAGAAG
 26881 TCAACGTGCCACTCCATGGCACTATTCTGACCAGACCGCTTCTAGAAAGTGAACCTCGTAA
 26881 26890 26900 26910 26920 26930
 26881 AGTTGCACGGTGAGGTACCGTGATAAGACTGGTCTGGCGAAGATCTTTCATTGAGCATT
 26941 TCGGAGCTGTGATCCTTCGTGGACATCTTCGTATTGCTGGACACCATCTAGGACGCTGTG
 26941 26950 26960 26970 26980 26990
 26941 AGCCTCGACACTAGGAAGCACCTGTAGAAGCATAACGACCTGTGGTAGATCCTGCGACAC
 27001 ACATCAAGGACCTGCCATAAGAAATCACTGTTGCTACATCACGAACGCTTTCTTATTACA
 27001 27010 27020 27030 27040 27050
 27001 TGTAGTTCCTGGACGGATTTCTTTAGTGACAACGATGTAGTGCTTGCGAAAGAATAATGT
 27061 AATTGGGAGCTTCGCAGCGTGTAGCAGGTGACTCAGGTTTTGCTGCATACAGTCGCTACA
 27061 27070 27080 27090 27100 27110
 27061 TTAACCTCGAAGCGTCGCACATCGTCCACTGAGTCCAAAACGACGTATGTCAGCGATGT
 27121 GGATTGGCAACTATAAATTAAACACAGACCATTCCAGTAGCAGTGACAATATTGCTTTGC
 27121 27130 27140 27150 27160 27170
 27121 CCTAACCGTTGATATTTAATTTGTGCTGGTAAGGTCATCGTCACTGTTATAACGAAACG
 >>>67_F>>> 27204 to 27226
 27181 TTGTACAGTAAGTGACAACAGATGTTTCATCTCGTTGACTTTCAGGTTACTATAGCAGAG
 27181 27190 27200 27210 27220 27230
 27181 AACATGTCATTCACTGTTGTCTACAAAGTAGAGCAACTGAAAGTCCAATGATATCGTCTC
 27241 ATATTACTAATTATTATGAGGACTTTTAAAGTTTCCATTTGGAATCTTGATTACATCATA
 27241 27250 27260 27270 27280 27290
 27241 TATAATGATTAATAATACTCCTGAAAATTTCAAAGGTAAACCTTAGAACTAATGTAGTAT
 27301 AACCTCATAATTAAAAATTTATCTAAGTCACTAACTGAGAATAAATATTCTCAATTAGAT
 27301 27310 27320 27330 27340 27350
 27301 TTGGAGTATTAATTTTTTAAATAGATTCACTGATTGACTCTTATTTATAAGAGTTAATCTA

<<<68_R<<< 27415 to

27436

27361 GAAGAGCAACCAATGGAGATTGATTAAACGAACATGAAAATTATTCTTTTCTTGGCACTG
 27361 27370 27380 27390 27400 27410
 27361 CTTCTCGTTGGTTACCTCTAACTAATTTGCTTGTACTTTTAATAAGAAAAGAACCGTGAC
 27421 ATAACACTCGCTACTTGTGAGCTTTATCACTACCAAGAGTGTGTTAGAGGTACAACAGTA
 27421 27430 27440 27450 27460 27470
 27421 TATTGTGAGCGATGAACACTCGAAATAGTGATGGTTCTCACACAATCTCCATGTTGTCAT
 27481 CTTTTAAAAGAACCTTGTCTTCTGGAACATACGAGGGCAATTCACCATTTTCATCCTCTA
 27481 27490 27500 27510 27520 27530
 27481 GAAAATTTTCTTGGAACGAGAAGACCTTGATGCTCCCGTTAAGTGGTAAAGTAGGAGAT
 27541 GCTGATAACAAATTTGCACTGACTTGTCTTAGCACTCAATTTGCTTTTGCTTGTCTGCTGAC
 27541 27550 27560 27570 27580 27590
 27541 CGACTATTGTTTAAACGTGACTGAACGAAATCGTGAGTTAAACGAAAACGAACAGGACTG
 27601 GCGGTAAAACACGTCTATCAGTTACGTGCCAGATCAGTTTCACCTAACTGTTTCATCAGA
 27601 27610 27620 27630 27640 27650
 27601 CCGCATTTTGTGCAGATAGTCAATGCACGGTCTAGTCAAAGTGGAATTTGACAAGTAGTCT
 27661 CAAGAGGAAGTTCAAGAACTTTACTCTCCAATTTTTCTTATTGTTGCGGCAATAGTGTTT
 27661 27670 27680 27690 27700 27710
 27661 GTTCTCCTTCAAGTTCTTGAAATGAGAGGTTAAAAAGAATAACAACGCCGTTATCACAAA
 27721 ATAACACTTTGCTTCACACTCAAAGAAAAGACAGAATGATTGAACTTTCATTAATTGACT
 27721 27730 27740 27750 27760 27770
 27721 TATTGTGAAACGAAGTGTGAGTTTTCTTCTGTCTTACTAACTTGAAAGTAATTAAGTGA
 27781 TCTATTTGTGCTTTTTAGCCTTTCTGTATTCCTTGTTTTAATTATGCTTATTATCTTTT
 27781 27790 27800 27810 27820 27830

27781 AGATAAACACGAAAAATCGGAAAGACGATAAGGAACAAAATTAATACGAATAATAGAAAA
 27841 GGTTCCTCACTTGAACGCAAGATCATAATGAACTTGTCACGCCTAAACGAACATGAAAT
 27841 27850 27860 27870 27880 27890
 27841 CCAAGAGTGAACCTTGACGTTCTAGTATTACTTTGAACAGTGCGGATTTGCTTGTACTTTA
 27901 TTCTTGTTTTCTTAGGAATCATCACAACCTGTAGCTGCATTTACCAAGAATGTAGTTTAC
 27901 27910 27920 27930 27940 27950
 27901 AAGAACAAAAGAATCCTTAGTAGTGTTGACATCGACGTAAAGTGGTTCCTTACATCAAATG
 27961 AGTCATGTACTCAACATCAACCATATGTAGTTGATGACCCGTGTCCTATTCACTTCTATT
 27961 27970 27980 27990 28000 28010
 27961 TCAGTACATGAGTTGTAGTTGGTATACATCAACTACTGGGCACAGGATAAGTGAAGATAA

>>>69_F>>> 28072 to

28093

28021 CTAAATGGTATATTAGAGTAGGAGCTAGAAAAATCAGCACCTTTAATTGAATTGTGCGTGG
 28021 28030 28040 28050 28060 28070
 28021 GATTTACCATATAATCTCATCCTCGATCTTTTAGTCGTGGAAATTAACCTTAACACGCACC
 28081 ATGAGGCTGGTTCTAAATCACCCATTCACTACATCGATATCGGTAATTATACAGTTTCCT
 28081 28090 28100 28110 28120 28130
 28081 TACTCCGACCAAGATTTAGTGGGTAAAGTCATGTAGCTATAGCCATTAATATGTCAAAGGA
 28141 GTTTACCTTTTACAATTAATTGCCAGGAACCTAAATTGGGTAGTCTTGTAGTGCGTTGTT
 28141 28150 28160 28170 28180 28190
 28141 CAAATGGAAAATGTTAATTAACGGTCCCTTGATTTAACCCATCAGAACATCACGCAACAA

<<<70_R<<< 28221 to 28242

28201 CGTTCCTATGAAGACTTTTTAGAGTATCATGACGTTTCGTGTTGTTTTAGATTTTCATCTAAA
 28201 28210 28220 28230 28240 28250
 28201 GCAAGATACTTCTGAAAAATCTCATAGTACTGCAAGCACAACAAAATCTAAAGTAGATTT
 28261 CGAACAAACTAAAATGTCTGATAATGGACCCCAAAATCAGCGAAATGCACCCCGCATTAC
 28261 28270 28280 28290 28300 28310
 28261 GCTTGTTTTGATTTTACAGACTATTACCTGGGGTTTTAGTCGCTTTACGTGGGGCGTAATG
 28321 GTTTGGTGGACCCTCAGATTCAACTGGCAGTAACCAGAATGGAGAACGCAGTGGGGCGCG
 28321 28330 28340 28350 28360 28370
 28321 CAAACCACCTGGGAGTCTAAGTTGACCGTCATTGGTCTTACCTCTTGCGTCACCCCGCGC
 28381 ATCAAAACAACGTCGGCCCAAGGTTTACCCAATAATACTGCGTCTTGGTTCACCGCTCT
 28381 28390 28400 28410 28420 28430
 28381 TAGTTTTGTTGCAGCCGGGGTTCCAAATGGGTTATTATGACGCAGAACCAAGTGGCGAGA
 28441 CACTCAACATGGCAAGGAAGACCTTAAATTCCTTCGAGGACAAGGCGTTCCAATTAACAC
 28441 28450 28460 28470 28480 28490
 28441 GTGAGTTGTACCGTTCCTTCTGGAATTTAAGGGAGCTCCTGTTCCGCAAGGTTAATTGTG
 28501 CAATAGCAGTCCAGATGACCAAATTGGCTACTACCGAAGAGCTACCAGACGAATTCGTGG
 28501 28510 28520 28530 28540 28550
 28501 GTTATCGTCAGGTCTACTGGTTTAAACCGATGATGGCTTCTCGATGGTCTGCTTAAGCACC
 28561 TGGTGACGGTAAAATGAAAGATCTCAGTCCAAGATGGTATTTCTACTACCTAGGAAGTGG
 28561 28570 28580 28590 28600 28610
 28561 ACCACTGCCATTTTACTTTCTAGAGTCAGGTTCTACCATAAAGATGATGGATCCTTGACC
 28621 GCCAGAAGCTGGACTTCCCTATGGTGCTAACAAAGACGGCATCATATGGGTTGCAACTGA
 28621 28630 28640 28650 28660 28670
 28621 CGGTCTTCGACCTGAAGGGATACCACGATTGTTTCTGCCGTAGTATACCCAACGTTGACT
 28681 GGGAGCCTTGAATACACCAAAAGATCACATTGGCACCCGCAATCCTGCTAACAATGCTGC
 28681 28690 28700 28710 28720 28730
 28681 CCCTCGGAACCTTATGTGGTTTTCTAGTGTAACCGTGGGCGTTAGGACGATTGTTACGACG
 28741 AATCGTGCTACAACCTCCTCAAGGAACAACATTGCCAAAAGGCTTCTACGCAGAAGGGAG
 28741 28750 28760 28770 28780 28790
 28741 TTAGCACGATGTTGAAGGAGTTCCTTGTGTAACGGTTTTCCGAAGATGCGTCTTCCCTC

>>>71_F>>> 28855 to

28876

28801 CAGAGGCGGCAGTCAAGCCTCTTCTCGTTCCTCATCACGTAGTCGCAACAGTTCAAGAAA
 28801 28810 28820 28830 28840 28850
 28801 GTCTCCGCCGTCAAGTTCGGAGAAGAGCAAGGAGTAGTGCATCAGCGTTGTCAAGTTCTTT
 28861 TTCAACTCCAGGCAGCAGTAGGGGAACCTTCTCCTGCTAGAAATGGCTGGCAATGGCGGTGA
 28861 28870 28880 28890 28900 28910

```

28861 AAGTTGAGGTCCGTCGTCATCCCCTTGAAGAGGACGATCTTACCGACCGTTACCGCCACT
28921 TGCTGCTCTTGCTTTGCTGCTGCTGACAGATTGAACCAGCTTGAGAGCAAAATGTCTGG
28921      28930      28940      28950      28960      28970
28921 ACGACGAGAACGAAACGACGACGAACTGTCTAACTTGGTCGAACTCTCGTTTTACAGACC
      <<<72_R<<< 29009 to 29030
28981 TAAAGGCCAACAAACAAGGCCAACTGTCACTAAGAAATCTGCTGCTGAGGCTTCTAA
28981      28990      29000      29010      29020      29030
28981 ATTTCCGGTTGTTGTTGTTCCGGTTTGACAGTGATTCTTTAGACGACGACTCCGAAGATT
29041 GAAGCCTCGGCAAAAACGTACTGCCACTAAAGCATACAATGTAACACAAGCTTTTCGGCAG
29041      29050      29060      29070      29080      29090
29041 CTTTCGGAGCCGTTTTTGCATGACGGTGATTTTCGTATGTTACATTGTGTTCGAAAGCCGTC
29101 ACGTGGTCCAGAACAAACCAAGGAAATTTGGGGACCAGGAATAATCAGACAAGGAAC
29101      29110      29120      29130      29140      29150
29101 TGCACCAGGCTTTGTTTGGGTTCCCTTTAAACCCCTGGTCCTTGATTAGTCTGTTCCCTTG
29161 TGATTACAAACATTGGCCGCAAATTGCACAATTTGCCCCAGCGCTTCAGCGTTCTTCGG
29161      29170      29180      29190      29200      29210
29161 ACTAATGTTTGTAAACGGCGTTTAACGTGTTAAACGGGGGTCGCGAAGTCGCAAGAAGCC
      >>>73_F>>> 29269 to 29290
29221 AATGTCGCGCATTGGCATGGAAGTCACACCTTCGGGAACGTGGTTGACCTACACAGGTGC
29221      29230      29240      29250      29260      29270
29221 TTACAGCGCGTAACCGTACCTTCAGTGTGGAAGCCCTTGACCAACTGGATGTGTCCACG
29281 CATCAAATTGGATGACAAAGATCCAAATTTCAAAGATCAAGTCATTTTGCTGAATAAGCA
29281      29290      29300      29310      29320      29330
29281 GTAGTTTAACTACTGTTTCTAGGTTTAAAGTTTCTAGTTCAGTAAAACGACTTATTCGT
29341 TATTGACGCATACAAAACATTCCCAACAGAGCCTAAAAAGGACAAAAAGAAGAAGGC
29341      29350      29360      29370      29380      29390
29341 ATAAGTGCATGTTTTGTAAGGGTGGTTGTCTCGGATTTTTCTGTTTTTCTTCTTCCG
29401 TGATGAAACTCAAGCCTTACCGCAGAGACAGAAGAAACAGCAAACTGTGACTCTTCTTCC
29401      29410      29420      29430      29440      29450
29401 ACTACTTTGAGTTCGGAATGGCGTCTCTGTCTTCTTGTGCTTTGACACTGAGAAGAAGG
29461 TGCTGCAGATTTGGATGATTTCTCCAAACAATTGCAACAATCCATGAGCAGTGCTGACTC
29461      29470      29480      29490      29500      29510
29461 ACGACGTCTAAACCTACTAAAGAGGTTTGTAAACGTTGTTAGGTACTCGTCACGACTGAG
29521 AACTCAGGCCTAAACTCATGCAGACCACACAAGGCAGATGGGCTATATAAACGTTTTTCGC
29521      29530      29540      29550      29560      29570
29521 TTGAGTCCGGATTTGAGTACGTCTGGTGTGTTCCGTCTACCCGATATATTTGCAAAAGCG
29581 TTTTCCGTTTACGATATATAGTCTACTCTTGTGCAGAATGAATTCTCGTAACTACATAGC
29581      29590      29600      29610      29620      29630
29581 AAAAGGCAAATGCTATATATCAGATGAGAACACGTCTTACTTAAGAGCATTGATGTATCG
29641 ACAAGTAGATGTAGTTAACTTTAATCTCACATAGCAATCTTTAATCAGTGTGTAACATTA
29641      29650      29660      29670      29680      29690
29641 TGTTTCATCTACATCAATTGAAATTAGAGTGTATCGTTAGAAATTAGTCACACATTGTAAT
29701 GGGAGGACTTGAAAGAGCCACCACATTTTCACCGAGGCCACGCGGAGTACGATCGAGTGT
29701      29710      29720      29730      29740      29750
29701 CCTCTCTGAACCTTCTCGGTGGTGTAAAAGTGGCTCCGGTGCGCCTCATGCTAGCTCACA
      <<<74_R<<< 29794 to 29814
29761 ACAGTGAACAATGCTAGGGAGAGCTGCCTATATGGAAGAGCCCTAATGTGTAAAATTAAT
29761      29770      29780      29790      29800      29810
29761 TGTCACCTTGTTACGATCCCTCTCGACGGATATACCTTCTCGGGATTACACATTTTAATTA
29821 TTTAGTAGTGCTATCCCATGTGATTTTAATAGCTTCTTAGGAGAATGACAAAAA
29821      29830      29840      29850      29860      29870
29821 AAATCATCACGATAGGGGTACACTAAAATTATCGAAGAATCCTCTTACTGTTTTTTTTTTT
29881 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
29881      29890      29900
29881 TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT

```

```

Primer:      Sequence:
1_F      5'-ACCAACTTTTCGATCTCTTGTAG-3'
2_R      5'-ACTTCTACTAAGCCACAAGTGC-3'

```

3_F 5'-TTCATGCACTTTGTCCGAAC-3'
4_R 5'-CGTGTACCAAGCAATTTTCATG-3'
5_F 5'-TTTGTGGAAACTGTGAAAGG-3'
6_R 5'-CAAATGCATAAAGAGGACTCAG-3'
7_F 5'-TACAACCATTAGAACAACCTACT-3'
8_R 5'-TTGAGTGTGAAGGTATTGTTTG-3'
9_F 5'-TGTTAATGCAGCCAATGTTTAC-3'
10_R 5'-AAGTGGTCCATTAGTAGCTATG-3'
11_F 5'-AAATGGTTACACTGTAGAGGAG-3'
12_R 5'-ATTAATTTGCGTGTTTCTTCTGC-3'
13_F 5'-TTACCTAATGATGACACTCTACG-3'
14_R 5'-CCATTAACCTGTGGGTATTTCC-3'
15_F 5'-AATTGGATGGTGTGTTTGTAC-3'
16_R 5'-CTCTTGAAGCAGGTTTCTTATAAC-3'
17_F 5'-ACCGTGTTTGTACTAATTATATGCC-3'
18_R 5'-ACCGACACTCTTAACAGTATTC-3'
19_F 5'-GAGCAACAAGAGTCGAATGTAC-3'
20_R 5'-AGTCTCTCGCAACTTCATCAC-3'
21_F 5'-TGGAACGTTAAAGATTTTCATGTC-3'
22_R 5'-CTTGTCTAGTAGTTGCACATGTC-3'
23_F 5'-GATTCTGAGTACTGTAGGCACG-3'
24_R 5'-ATTTACAGCATCTACACCACAG-3'
25_F 5'-CCACAAACCTCTATCACCTCAG-3'
26_R 5'-CATCAAGCCAAAGACCGTTAAG-3'
27_F 5'-TTTCTGCTCAAACCTGGAATTGC-3'
28_R 5'-GGAAAGTAACACCTGAGCATTG-3'
29_F 5'-TCAACCGCTACTTTAGACTGAC-3'
30_R 5'-TGTTGAGTTTGAAGGCATCTATG-3'
31_F 5'-AATACCTCTTACAACAGCAGCC-3'
32_R 5'-TAATTTGACAGCAGAATTGGCC-3'
33_F 5'-AACTTGTGCTAATGACCCTGTG-3'
34_R 5'-TAAGACGGGCTGCACTTACAC-3'
35_F 5'-TTGACACTGACTTAACAAAGCC-3'
36_R 5'-ATTTGGGTGGTATGTCTGATCC-3'
37_F 5'-ACGTAATGTATCCCTACTATAACTC-3'
38_R 5'-TTTGCTTGTTCCAATTACTACAG-3'
39_F 5'-GTGTACCTTCCTTACCCAGATC-3'
40_R 5'-TGAAAGACATCAGCATACTCCTG-3'
41_F 5'-CTATGGTGATGCTGTTGTTTACC-3'
42_R 5'-TCTAACATAGTGCTCTTGTGGC-3'
43_F 5'-AATTCCTTACACGTAACCCTGC-3'
44_R 5'-ATTCTGAGCCCTGTGATGAATC-3'
45_F 5'-CCTTGGAATGTAGTGCGTATAAAG-3'
46_R 5'-TATCACATAGACAACAGGTGCG-3'
47_F 5'-CTTAACCTGCCTGGTTGTGATG-3'
48_R 5'-ACAGACAGCACCACCTAAATTG-3'
49_F 5'-CTGTAGGTCCCAAACAAGCTAG-3'
50_R 5'-CAATTTCCATTTGACTCCTGGG-3'
51_F 5'-TTAGCTGTACCCTATAATATGAGAG-3'
52_R 5'-TACAGTTGCACAATCACCAATC-3'
53_F 5'-TACAACCAGAACTCAATTACCC-3'
54_R 5'-AGCATGGAACCAAGTAACATTG-3'
55_F 5'-ACCCTCTCTCAGAAACAAAGTG-3'
56_R 5'-AGATGCAAATCTGGTGGCG-3'
57_F 5'-CCACAGACACTTGAGATTCTTG-3'
58_R 5'-CCTGTAGAATAAACACGCCAAG-3'
59_F 5'-GATTGCCTTGGTGATATTGCTG-3'
60_R 5'-ATGGTATTTGTAATGCAGCACC-3'
61_F 5'-ACCACAAATCATTTACTACAGACAAC-3'

62_R 5'-TGCCAGAGATGTCACCTAAATC-3'
63_F 5'-ACTTGCTGTTGTTGTTTGTAAC-3'
64_R 5'-GTCGTAACAATTAGTATGCCAGC-3'
65_F 5'-TCTTCTAGAGTTCCTGATCTTCTG-3'
66_R 5'-TACTAGGTCCATTGTTCAAGG-3'
67_F 5'-GTTTCATCTCGTTGACTTTCAGG-3'
68_R 5'-AAGTAGCGAGTGTTATCAGTGC-3'
69_F 5'-TGTGCSTGGATGAGGCTGGTTC-3'
70_R 5'-CAACACGAACGTCATGATACTC-3'
71_F 5'-AAGAAATTCAACTCCAGGCAGC-3'
72_R 5'-CAGCAGCAGATTTCTTAGTGAC-3'
73_F 5'-CTACACAGGTGCCATCAAATTG-3'
74_R 5'-TTTACACATTAGGGCTCTTCC-3'