

---

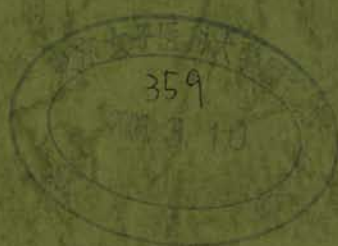
島嶼部東南アジア人の集団形成に関する

DNA指標による解析

---

155701927

平成15年度～平成16年度科学研究費補助金  
(基盤研究(C)) 研究報告書



平成18年2月

研究代表者：数藤 由美子  
東京女子医科大学医学部助手



---

島嶼部東南アジア人の集団形成に関するDNA指標による解析

---

155701927

平成15年度～平成16年度科学研究費補助金  
(基盤研究(C)) 研究報告書

平成18年2月

研究代表者：数藤 由美子  
東京女子医科大学医学部助手

<はしがき>

本研究では、以下に記す研究組織・研究交付金によって研究が執り行われ、成果が報告された。

## 研究組織

研究代表者：数藤由美子（東京女子医科大学医学部助手）

## 交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
平成 15 年度	2,000,000	0	2,000,000
平成 16 年度	1,200,000	0	1,200,000
総 計	3,200,000	0	3,200,000

## 研究発表

### （1）学会誌等

- 1) 坂手龍一、数藤由美子、平井百樹：ヒトとチンパンジーの遺伝子構成の異同を  
探る。 *バイオサイエンスとインダストリー* 61: 11-16 (2003).
- 2) 海老原充、大羽尚子、Joanne Meerabux、大久保善朗、加藤昌明、豊田倫子、  
数藤由美子、山田和男、吉川武男：良性成人型家族性ミオクローヌスてんかん  
原因遺伝子の探索。 *てんかん治療研究振興財団研究年報* 15: 57-64 (2003).
- 3) R. Sakate, M. Hida, S. Sugano, I. Hayasaka, N. Shimohira, S. Yanagi, Y.  
Suto, N. Osada, K. Hashimoto and M. Hirai: Analysis of 5' -end sequences  
of chimpanzee cDNAs. *Genome Res.* 13: 1022-1026 (2003).
- 4) Y. Suto, Y. Ishikawa, H. Hyodo, T. Ishida, F. Kasai, T. Tanoue, I. Hayasaka,  
M. Uchikawa, T. Juji and M. Hirai: Gene arrangement at the Rhesus blood group  
locus of chimpanzees detected by fiber-FISH. *Cytogenet. Genome Res.* 101:  
161-165 (2003).
- 5) Y. Suto, T. Ishida and M. Hirai: Multicolor karyotyping of six Old World  
monkey species. *CYTOLOGIA* 68: 431-436 (2003).

6) Aoki-Suzuki, M., Yamada, K., Meerabux, J., Iwayama-Shigeno, Y., Ohba, H., Iwamoto, K., Takao, H., Toyota, T., Suto, Y., Nakatani, N., Dean, B., Nishimura, S., Seki, K., Kato, T., Itohara, S., Nishikawa, T., Yoshikawa, T. A family-based association study and gene expression analyses of netrin-G1 and -G2 genes in schizophrenia. *Biol Psychiatry* 57: 382-393 (2005).

(2) 口頭発表

1) 坂手龍一 (東京大・新領域)、肥田宗友 (東京大・医科研)、長田直樹、数藤由美子 (東京大・新領域)、菅野純夫 (東京大・医科研)、早坂郁夫 (三和化研)、橋本雄之 (感染研)、平井百樹 (東京大・新領域) : チンパンジー遺伝子配列データベース. 第19回日本霊長類学会大会 (仙台市戦災復興記念館、仙台) (2003年6月)

2) 数藤由美子 (東京大・新領域) : ファイバー-FISH法による霊長類Rh式血液型遺伝子構成の解析. 国立遺伝学研究所研究集会「霊長類の遺伝学研究」(国立遺伝学研究所、三島) (2004年2月)

3) 数藤由美子 (東京女子医大) : 高精度FISH法による類人猿Rh式血液型遺伝子の比較解析. 第20回日本霊長類学会 自由集会4 「飼育下大型類人猿の研究利用ー大型類人猿情報ネットワーク(GAIN)の活動ー」(犬山市国際観光センター フロイデ、犬山) (2004年7月)

4) Suto Y, Park MH, Seo DH, Hammond M, Smart E, Matsuoka R, Hirai M, Juji T, Ishikawa Y: Fiber fluorescence *in situ* hybridization (FISH) analysis of Rhesus (Rh) blood group locus. Human Genome Variation Society Scientific & Annual General Meeting 2004 (26 October, Toronto, Canada)

(3) 研究成果による工業所有権の出願・取得状況

特になし。

## 研究成果

本研究においては、島嶼部東南アジア人集団の血液試料から DNA を抽出し、シーケンシング法を導入して、表現型ではなく塩基配列そのものに基づいた新たな遺伝

(DNA) 指標により、集団の遺伝学的系統関係を求めることを第一の目的とした。具体的には、アジア大陸からオセアニアへの人の移動の波を反映するインドネシアの小スンダ列島（フローレス島）・セラム島・スラウェシ島の諸集団と、フィリピンの現生最古の先住民といわれるネグリト（ミンダナオ島のママヌワ、ルソン島のアエタなど）ならびにその周辺の民族集団を対象とし、主としてミトコンドリア DNA の D-ループ領域の塩基配列を解析し、彼等の遺伝的系統関係を明らかにすることを試みた。

さらに、脂質代謝に関わる遺伝子の DNA 指標についても調べた。これによって、集団の系統関係だけでなく、この地域の特殊な自然条件への適応にともなう遺伝的小進化についても重要な知見が得られるものと期待された。

### 【1】東南アジア人諸集団の遺伝的系統関係

#### (1) 研究概要

東南アジア島嶼部は、人類学研究上きわめて重要かつ特異的な地域である。特にインドネシアについては、原人（ホモ・エレクタス）をはじめ人類起源の探求に関わる重要な研究がなされてきた。この地域は、約5万年前の最終氷河期には、現在のオーストラリア大陸・ニューギニア島・タスマニア島が陸続きでサフル大陸を構成し、西にはボルネオ（カリマンタン）島やジャワ島を含むスンダ大陸があった。そのあいだに広がるウォーレシア（ウォーレス多島海域）は、スンダ大陸からサフル大陸への諸民族の移動と往来があった場である。その後の海面上昇により生じた島々には、かつての民族移動を反映する多様な集団が分布している。従来、主として身体的特徴をはじめとする表現型に基づいて、現在の東南アジア人は北方モンゴロイドとオーストラロイドとの混血により生じたものであり、またフィリピンの先住民はオーストラロイド系ではないかと推測されてきた。しかし、アジア、オセアニアの現生人類の系統的関係を集団遺伝学的に解明する研究は少なく、本研究で特に焦点を当てるウォーレシアに関しては本格的研究がほとんど無いといつてよい（図1）。現東南アジアの人類集団の成り立ちを知るためには、この島嶼部のいわゆるプロトマレー人をはじめ北部に位置するフィリピンの先住

民族などの人類学的研究が必須である。

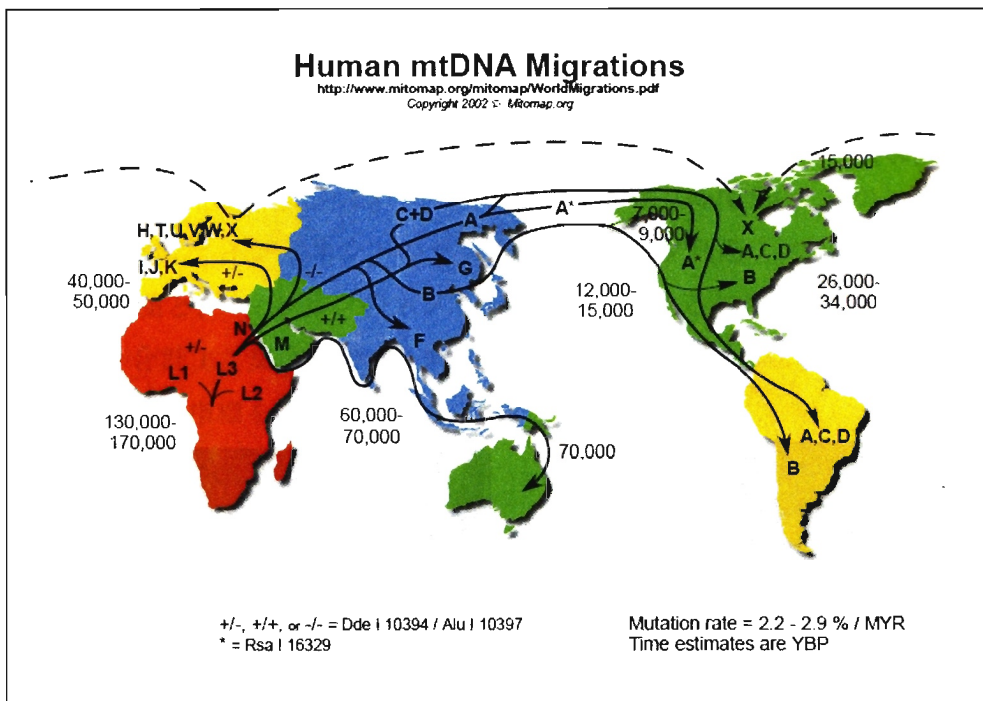


図1. ミトコンドリア DNA 配列に基づいた人類集団の移動分析

(<http://www.mitomap.org/mitomap/WorldMigrations.pdf> /2002年より)

島嶼部東南アジア人については、過去およそ30年の間に、尾本らによるフィリピン・ネグリト集団の調査研究（1970年代）、平井らのインドネシア諸集団の集団遺伝学的調査（1998-2000年）、平井・数藤らのフィリピン諸集団の遺伝医学的調査（2002-2004年）が行われ、多検体の血液試料が得られている（図2）。フィリピン・ネグリトについては、血清蛋白、血球酵素などの遺伝標識が調べられ、アジア人の系統関係等に関する興味ある報告がすでになされている。また、インドネシア諸集団については、詳細な家系調査や健康診断、マラリア検査が行われた。そのような研究に使われた血液試料は多数個体分が凍結保存されている。本研究においては、これらの血液試料からDNAを抽出し、シーケンシング法を導入して、表現型ではなく塩基配列そのものに基づいた新たな遺伝（DNA）指標により、集団の遺伝学的系統関係を求めることを目的とする。具体的には、アジア大陸からオセアニアへの人の移動の波を反映するインドネシアの小スンダ列島（フローレス島）・セラム島・スラウェシ島の諸集団と、フィリピンの現生最古の先住民といわれるネグリト（ミンダナオ島のママヌワ、ルソン島のアエタなど）ならびにその周辺の民族集団を対象とし、彼等の遺伝的系統関係を明らかにする。

尾本によれば、ミンダナオ島のママヌワは他のネグリティ集団と遺伝的に異なり、いわゆるプロトマレーに属するのではないかとの仮説を提唱しているのです。その検証も一つの重要な作業である。DNA 指標としては、主として母方の系統を反映するミトコンドリア DNA (D-ループ領域) の塩基配列を用いた。補助的に、父方の系統を反映する Y 染色体上の Alu 配列の挿入に関する多型性がある領域の配列を用いることとした。

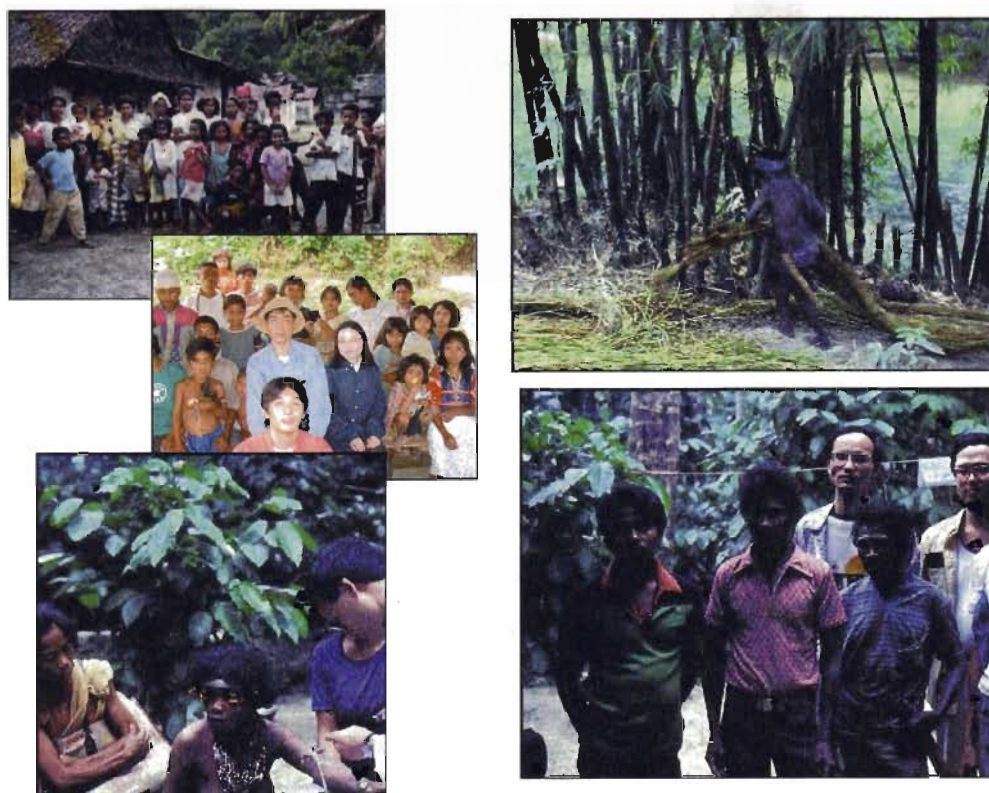


図 2. フィリピン、インドネシアにおけるフィールド調査の様子

## (2) 研究方法

### 2-1) DNA サンプルの採取

申請者は従来の尾本、平井らの人類集団遺伝学的調査によって得られた1,490個体の血液試料の整理・保管作業をおこない、QIAGEN Blood Kit (Qiagen社)を用いたDNA抽出をおこなった(図3)。これにより、高品質DNA(純度90-100%)を得ることができた。最終的に、インドネシアのセラム島、小スンダ列島(フローレス島)、スラウェシ島の3集団と、フィリピンのネグリティをはじめとする先住民および都市部タガログ等の8集団、合計11集団分のDNA試料で、純度が特に高くDNA量も多い合計869個体について、DNA指標を解析することにした(図4)。

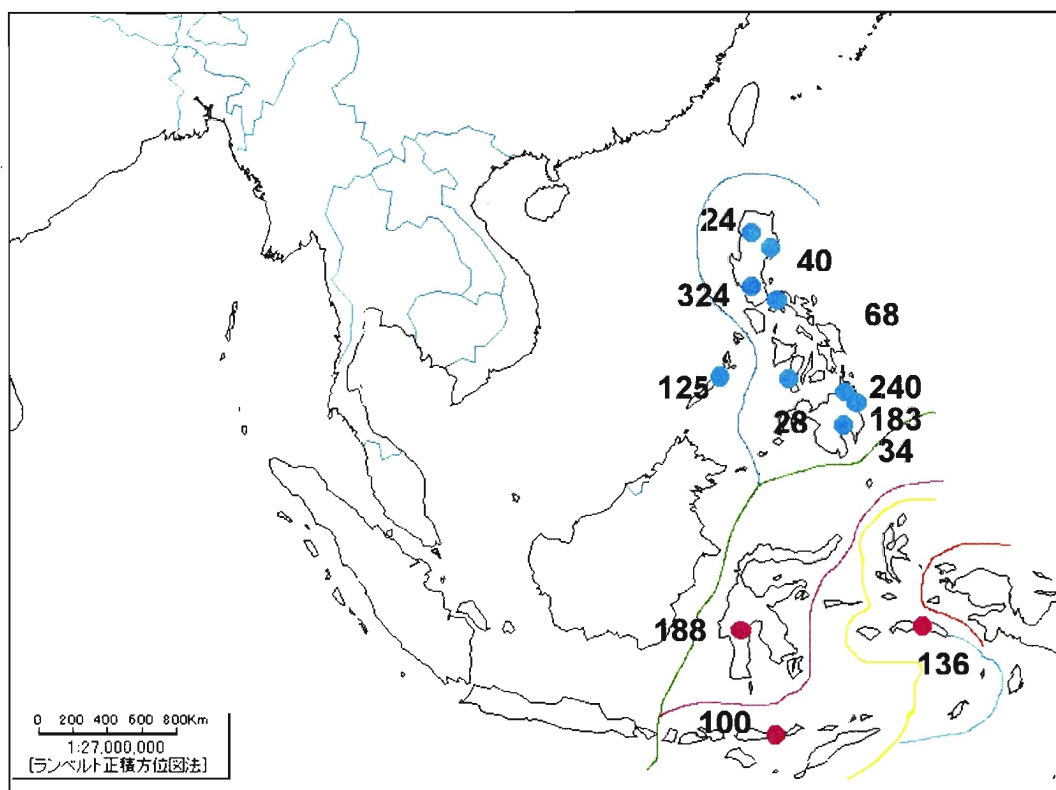


図3. 採取した血液試料の地域(集団)別個体数



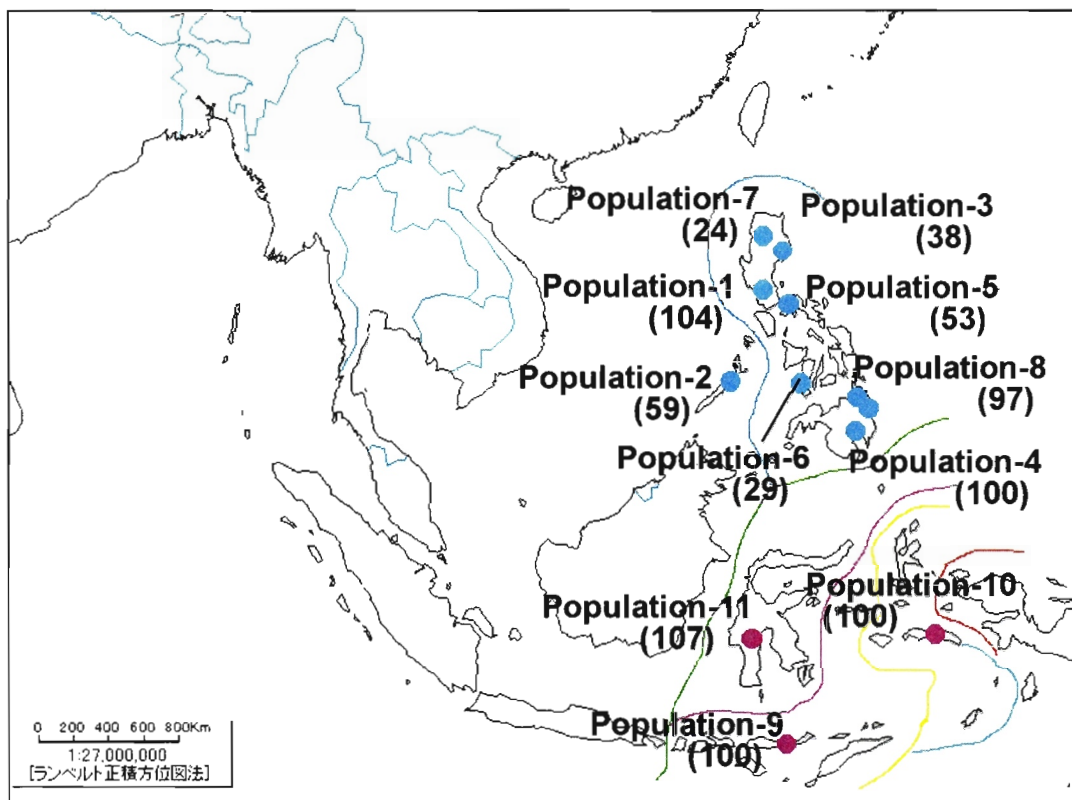


図4. ミトコンドリア DNA D-ループ領域塩基配列解析に用いた集団 (検体数)

2-2) ミトコンドリア DNA、D-ループ領域の解析

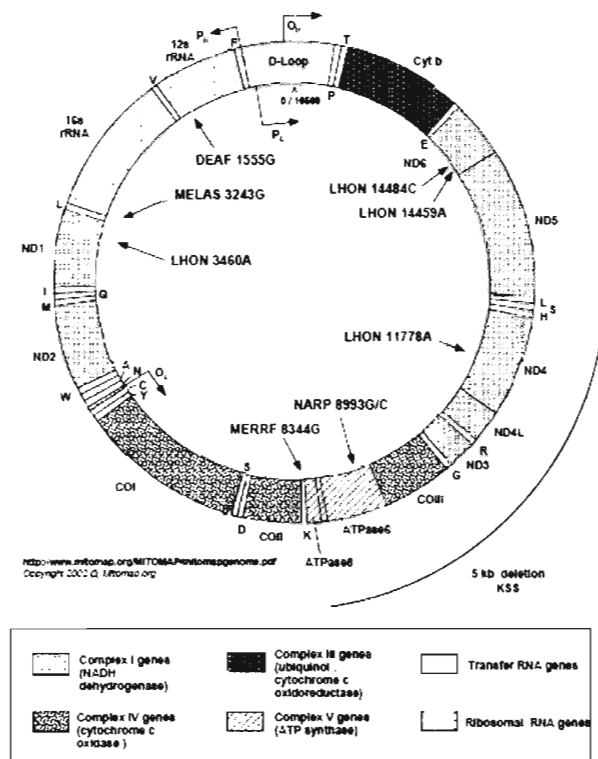


図5. ミトコンドリア DNA

ミトコンドリア DNA (mtDNA) は、全長 16,569 bp の環状 DNA であり、37 個の遺伝子を持ち、母系遺伝することが知られている (図5、付録1)。突然変異率は核 DNA の約 10 倍高く、本研究では、D-ループ領域 [Displacement (D) loop region] (nt 16014 - 16569, 1 - 191; 747 bp; Anderson et al., 1981 年) という非コード領域を用いた。

さきの 11 集団、合計 869 個体について、D-ループ領域、【nt 15897 - 16569, 1 - 100】をポリメラーゼ連鎖反応 (PCR) 法によって増幅した。このとき用いたプライマーは、

5'-primer: 15897-5'-GTATAAACTAATACACCAGTCTTGT-3'-15921

3'-primer: 100-5'-CAGCGTCTCGCAATGCTATCGCGTG-3'-76.

で、PCR 産物に対して同じプライマーで、ABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit と 3100 Genetic Analyzer (アプライドバイオシステムズ社)を用いて 5' -、3' - の両端から塩基配列決定した。データとしては、従来の報告にしたがい、nt. 16048 - 16569, 1 - 41 (563 bp) 領域の配列を取り上げて用いることとした。

各固体の mtDNA D-ループ領域の塩基配列データは、コンピュータ解析によりアラインメントし、既存データベース上の配列と比較した。さらに集団内の塩基多様度を求め、また、集団間の配列比較をおこない、塩基多様度のネット値にもとづいた系統関係を求めた。

さらに、公開データベースから、タイ 3 集団 (チェン・マイ、プサイ、サカイ) と西ニューギニア (イリアンジャヤ) 3 集団、台湾漢民族の mt DNA D-ループ領域塩基配列データを抽出して、本研究のデータと合わせて、より広い地域の塩基配列比較をおこない、前述同様、塩基多様度のネット値にもとづいた系統関係を求めた。

### 2-3) ミトコンドリア DNA 9 塩基欠損および Y 染色体

本研究では、さらに、ミトコンドリア DNA の 9 塩基欠損と Y 染色体上の多型因子について調べ、それぞれの多型パターンの出現頻度を調べ、遺伝的地理勾配を調べた。

具体的には、ミトコンドリア DNA については、アジア人に特徴的にみられる [nt 8196 - 8316; 121 bp] 領域の欠損を調べた (Wrischnik et al., 1987)。また、Y 染色体については、DYS287 領域の Alu 配列の挿入に関する変異性 (Y Alu Polymorphism, YAP) を調べた。

それぞれの領域のプライマーを組んで、PCR 法をおこない、増幅された DNA 断片をアクリルアミド電気泳動にかけ、断片長の多型性を明らかにし、それぞれのパターンの出現頻度を集団間で比較した。

### (3) 結果

#### 3-1) ミトコンドリア DNA D-ループ領域の塩基配列にもとづく集団の系統関係

D-ループ領域の塩基配列については、

Population 1 :	104 個体	(ネグリト)
Population 2 :	59 個体	(ネグリト)
Population 3 :	38 個体	(ネグリト)
Population 4 :	100 個体	(ネグリト)
Population 5 :	53 個体	(他のフィリピン集団)
Population 6 :	87 個体	(他のフィリピン集団)
Population 7 :	24 個体	(他のフィリピン集団)
Population 8 :	97 個体	(他のフィリピン集団)
Population 9 :	100 個体	(インドネシア)
Population 10 :	100 個体	(インドネシア)
Population 11 :	107 個体	(インドネシア)

についてデータを得ることができた。ClustalW によってアラインメントし、代表配列を [付録 2] に示す。また、各集団におけるそれぞれの代表配列の出現頻度を表 1 に示す。

インドネシア集団においては、特に集団 11 で多様なタイプが見られた。

フィリピン集団では、集団 4 において 70% という突出した出現頻度の配列が見出された。このことは、始祖効果が大いことを示す。多くの個体が同一の型に属するが、この配列は現在公開されているすべての塩基配列データと比較して、完全に一致するものはないことも明らかになった。フィリピン集団では、109 タイプの配列が見出された。47 タイプが先住民ネグリト集団に見出された。そのうち、2 タイプは既存データにも見られ、5 タイプは 2 つ以上のネグリト集団で共有されていた。さらに表 2 においてフィリピン集団の配列の内訳を示す。

表 1-1 代表配列の集団別出現頻度

Population	Sequence	
	Type	Frequency
1	1	0.250
	9	0.231
	3	0.077
	4	0.077
	6	0.058
	38	0.048
	40	0.038
	11	0.029
	16	0.029
	30	0.029
	5	0.029
	8	0.029
	50	0.019
	70	0.010
	43	0.010
	94	0.010
	92	0.010
	2	0.010
	39	0.010
total	19	1.000

表 1-2 代表配列の集団別出現頻度

Population	Sequence	
	Type	Frequency
2	6	0.339
	2	0.186
	59	0.102
	11	0.085
	8	0.068
	1	0.051
	34	0.034
	52	0.034
	29	0.017
	71	0.017
	68	0.017
	35	0.017
	40	0.017
	56	0.017
total	14	1.000

表 1-3 代表配列の集団別出現頻度

Population	Sequence	
	Type	Frequency
3	3	0.447
	9	0.184
	4	0.132
	10	0.105
	15	0.053
	1	0.026
	22	0.026
	11	0.026
total	8	1.000

表 1-4 代表配列の集団別出現頻度

Population	Sequence	
	Type	Frequency
4	15	0.700
	29	0.110
	112	0.080
	159	0.020
	170	0.020
	30	0.020
	262	0.010
	222	0.010
	224	0.010
	129	0.010
	13	0.010
total	11	1.000



表 1-5 代表配列の集団別出現頻度

Population	Sequence	
	Type	Frequency
5	12	0.075
	1	0.075
	21	0.057
	8	0.057
	30	0.057
	44	0.057
	42	0.057
	23	0.038
	20	0.038
	36	0.038
	15	0.038
	29	0.038
	50	0.038
	22	0.038
	5	0.038
	27	0.038
	4	0.019
	16	0.019
	35	0.019
	33	0.019
	31	0.019
	3	0.019
	46	0.019
	11	0.019
	7	0.019
	49	0.019
	37	0.019
	17	0.019
total	28	1.000

表 1-6 代表配列の集団別出現頻度

Population	Sequence	
	Type	Frequency
6	107	0.103
	101	0.103
	97	0.103
	98	0.069
	120	0.069
	104	0.069
	105	0.034
	114	0.034
	103	0.034
	125	0.034
	113	0.034
	102	0.034
	100	0.034
	116	0.034
	117	0.034
	111	0.034
	122	0.034
	118	0.034
	106	0.034
112	0.034	
total	20	1.000

表 1-7 代表配列の集団別出現頻度

Population	Sequence	
	Type	Frequency
7	5	0.125
	4	0.083
	2	0.042
	6	0.042
	11	0.042
	12	0.042
	20	0.042
	1	0.042
	19	0.042
	22	0.042
	15	0.042
	3	0.042
	10	0.042
	8	0.042
	9	0.042
	21	0.042
	13	0.042
	23	0.042
	7	0.042
	24	0.042
18	0.042	
total	21	1.000

表 1-8 代表配列の集団別出現頻度

Population	Sequence	
	Type	Frequency
8	424	0.206
	423	0.103
	427	0.103
	426	0.082
	437	0.062
	485	0.062
	467	0.052
	475	0.041
	501	0.031
	454	0.031
	422	0.021
	460	0.021
	448	0.021
	450	0.021
	444	0.010
	476	0.010
	490	0.010
	509	0.010
	452	0.010
	492	0.010
	523	0.010
	498	0.010
	468	0.010
	466	0.010
	471	0.010
	496	0.010
	430	0.010
	447	0.010
total	28	1.000

表 1-9 代表配列の集団別出現頻度

Population	Sequence	
	Type	Frequency
9	1	0.150
	3	0.130
	11	0.120
	13	0.080
	4	0.070
	2	0.060
	6	0.040
	17	0.040
	42	0.040
	27	0.030
	65	0.030
	12	0.020
	75	0.020
	41	0.020
	45	0.020
	53	0.010
	8	0.010
	15	0.010
	100	0.010
	18	0.010
	49	0.010
	38	0.010
	23	0.010
	55	0.010
	58	0.010
	95	0.010
	47	0.010
	86	0.010
total	28	1.000

表 1-10 代表配列の集団別出現頻度

Population	Sequence	
	Type	Frequency
10	11	0.240
	8	0.220
	1	0.180
	9	0.150
	2	0.070
	25	0.050
	65	0.040
	17	0.010
	94	0.010
	66	0.010
	27	0.010
	83	0.010
total	12	1.000

表 1-1 1 代表配列の集団別出現頻度

Population	Sequence	
	Type	Frequency
11	52	0.121
	9	0.093
	62	0.075
	97	0.065
	5	0.065
	46	0.065
	8	0.065
	3	0.056
	50	0.037
	66	0.037
	47	0.028
	53	0.028
	92	0.019
	51	0.019
	132	0.019
	70	0.019
	45	0.019
	69	0.009
	55	0.009
	64	0.009
	7	0.009
	2	0.009
	123	0.009
	6	0.009
	111	0.009
	74	0.009
	49	0.009
	185	0.009
	119	0.009
	73	0.009
	4	0.009
	56	0.009
	154	0.009
	186	0.009
	109	0.009
total	35	1.000

表2 D-loop sequence types of Negritos and other Filipinos

Population	No. of types	No. of types unique to the population	Frequency [%] of (b) in the population	Remarkable types
1	19	10	50	1-001 (25%) 1-003 (8%)
2	15	7	25	2-006 (34%; 1% in Population 4) 2-002 (19%, 5% in Population 1)
3	7	5	34	3-004 (13%) 3-001 (47%; 10% in Population 6)
4	11	8	27	4-029 (11%) 4-015 (70%; 10% in Population 8)
5	27	12	32	1-008 (9%; 3% in Population 1, 6% in Population 8) 5-001 (8%; 7% in Population 6)
6	21	13	55	6-107 (10%) 6-101 (10%; 47% in Population 1, 4% in Population 7)
7	21	9	38	1-004 (13%; 8% in Population 1, 7% in Population 6) 1-030 (8%; 3% in Population 1, 3% in Population 6)
8	9	16	37	4-015 (10%; 70% in Population 4) 5-027 (21%; 4% in Population 5)



図6には、フィリピン集団を中心とした全配列についての系統樹を示す。近隣結合 (NJ) 法および非加重結合 (UPGMA) 法にもとづいている。参考までに、GenBank の公開データベースから、日本人集団の全データとアフリカ人の最も古いタイプとされている SB17 配列、および Anderson (1981 年) によって定められた基準配列 CRS (ヨーロッパ人) の配列を加えて系統関係を求めた。

図7には、フィリピン8集団、インドネシア3集団、タイ3集団 (チェン・マイ、プサイ、サカイ)、ニューギニア3集団 (イリアンジャヤ)、台湾漢民族のデータから、各集団において出現頻度の高かった配列をそれぞれの代表配列として取り上げて、NJ 法によって系統関係を調べたものを示す。

図8で集団の塩基多様度の例を示し、表3で各集団の塩基多様度の値をまとめた。

図9は、フィリピン8集団、インドネシア3集団、タイ3集団、西ニューギニア3集団、台湾漢民族のデータから、集団間の塩基多様度のネット値にもとづく東南アジア諸集団の系統関係を NJ 法によって描いたものである。

以上、D-ループ領域の解析データからは、ネグリトにおける集団4やインドネシアにおける集団9の異質性がみられ、タイの島南端部のサカイ集団とともに、東南アジア辺縁で隔離されて保存された古い集団であることが推測される。

さらに、ミトコンドリア DNA 9塩基欠損 (図10)、およびY染色体上の YAP の出現頻度分布 (表4) の地理的勾配は従来の報告とほぼ一致し、また、このミトコンドリア・データとY染色体データもほぼ傾向が一致するといえる。

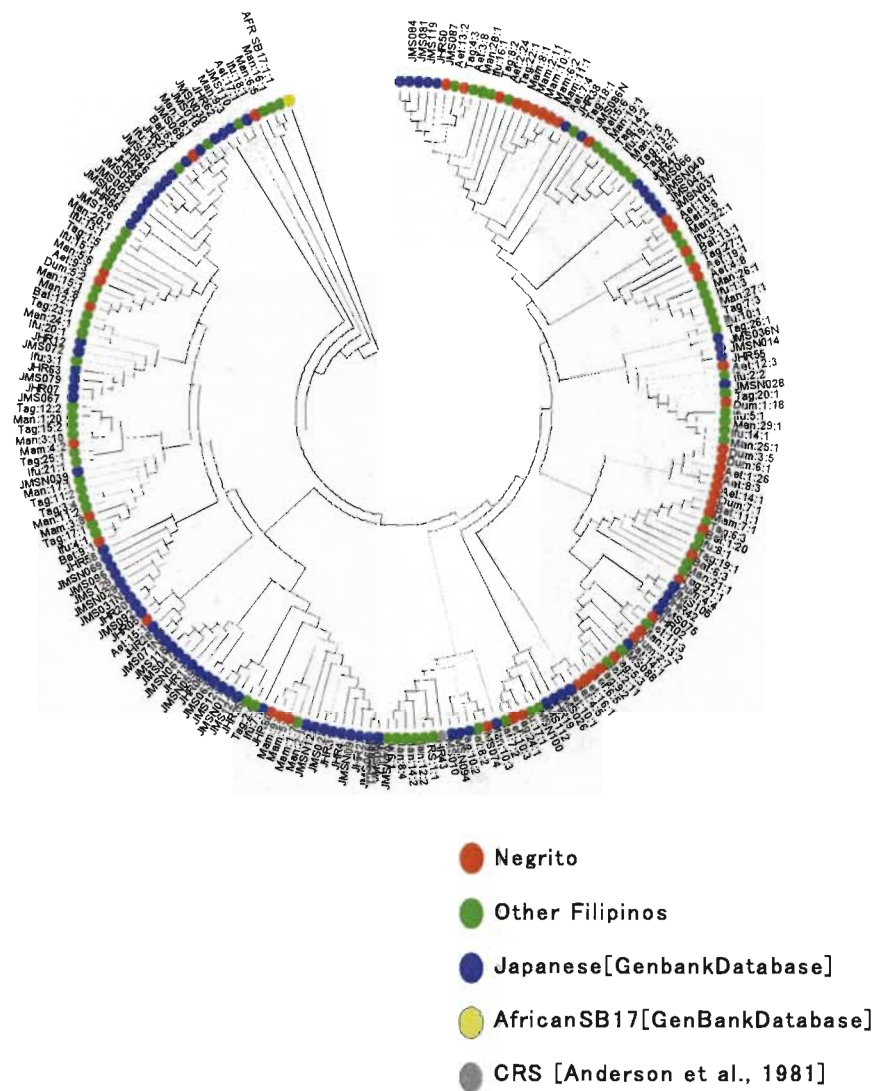


図 6-1. 全配列の系統関係 (NJ 法)

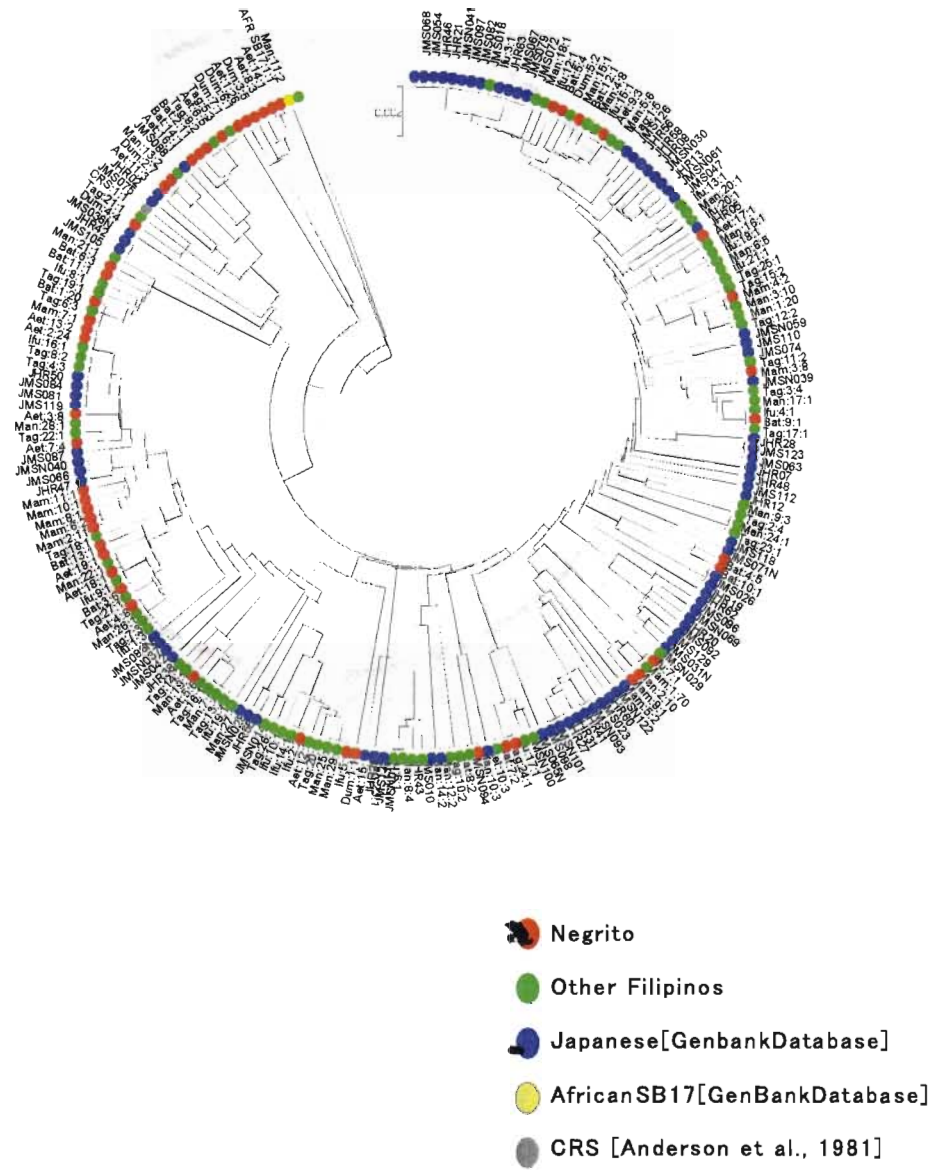


図 6-2. 全配列の系統関係 (UPGMA 法)

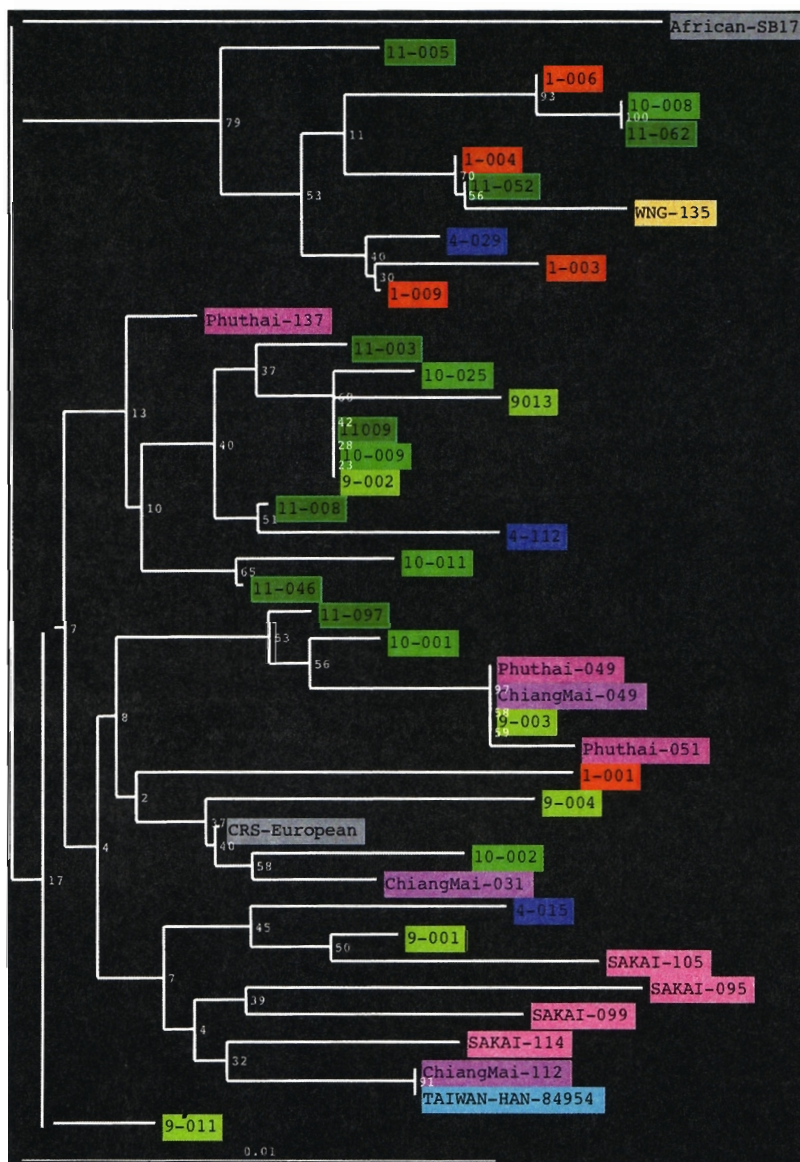


図 7. 東南アジア-ニューギニアの各集団代表配列の系統関係

各集団の代表配列の選択基準は、

1. 集団特異的配列である
2. 集団内に複数検体ある (singletonではない)
3. 集団内出現頻度上位 3 配列を選ぶ  
(同位に複数ある場合はそのグループすべて)

(ノードの数値はブートストラップ値)

## フィリピン全集団の塩基多様度解析

## Nucleotide Diversity ( $\Pi$ )

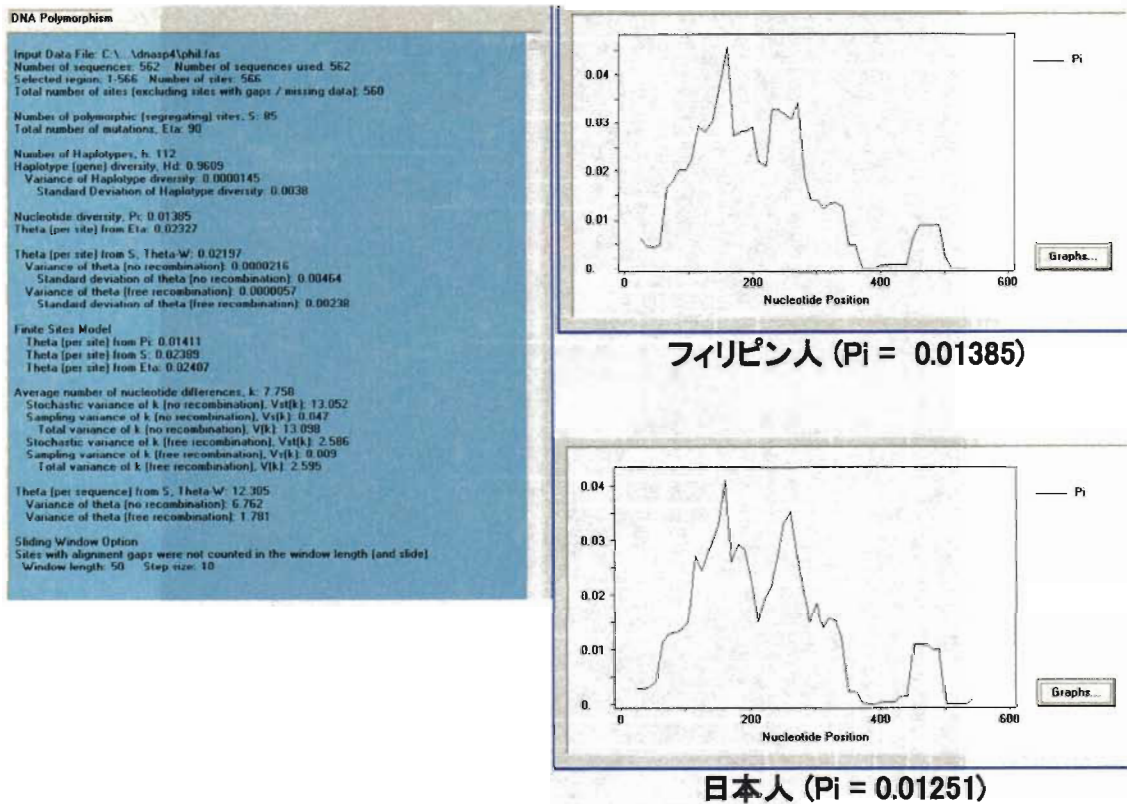


図 8. 集団内塩基多様度の例 (フィリピン集団全体)

表3 各集団の塩基多様度

Population	塩基多様度 (%)
1	1.124
2	1.147
3	0.970
4	0.750
5	1.417
6	1.491
7	1.222
8	1.234
9	1.447
10	1.300
11	1.163
1 - 4 (ネグрит全体)	1.317
5 - 8 (他のフィリピン集団)	1.351
1 - 8 (フィリピン8集団全体)	1.385
9 - 11 (インドネシア3集団全体)	1.359
Chiang Mai (タイ)	1.335
Phuthai (タイ)	1.530
Sakai (タイ)	0.560
タイ3集団全体	1.401
台湾漢民族	1.779
西ニューギニア	1.398

(注) タイ、台湾漢民族、ニューギニアについては公開データベースのデータ全部を取って計算した。

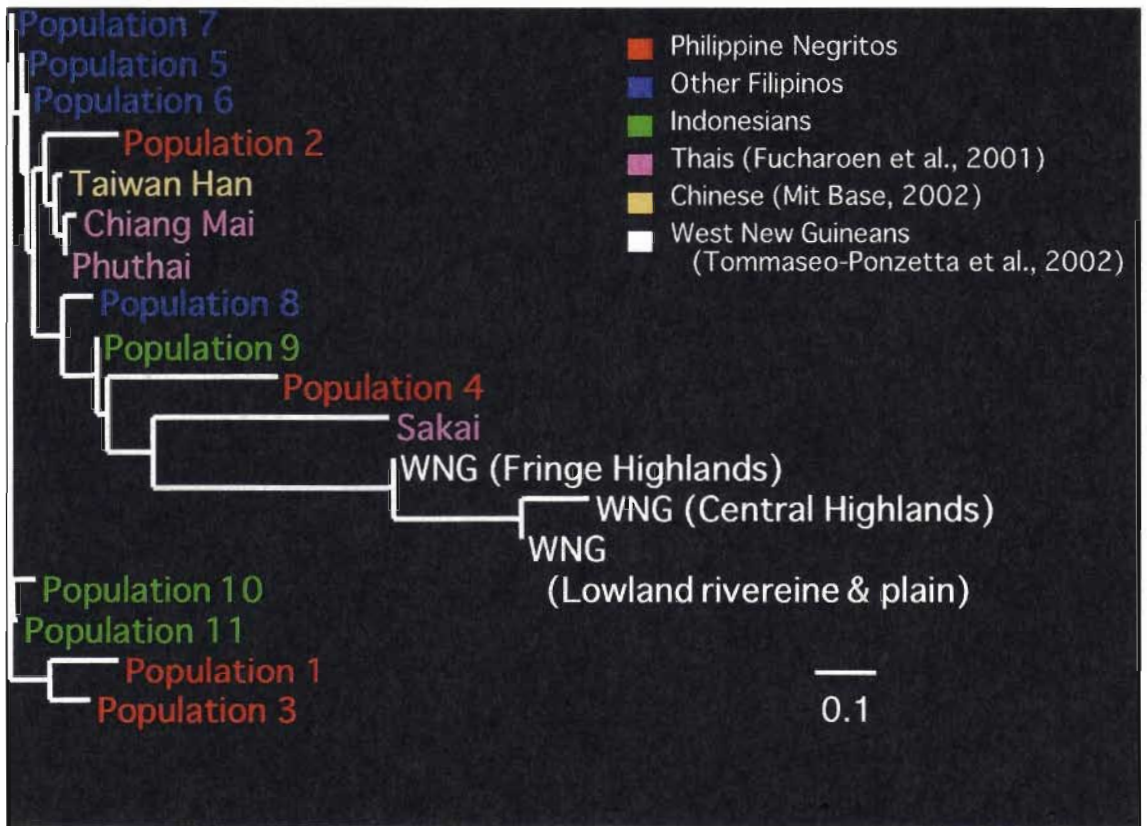


図9. 集団間の塩基多様度のネット値にもとづく東南アジア諸集団の系統関係 (NJ 法)

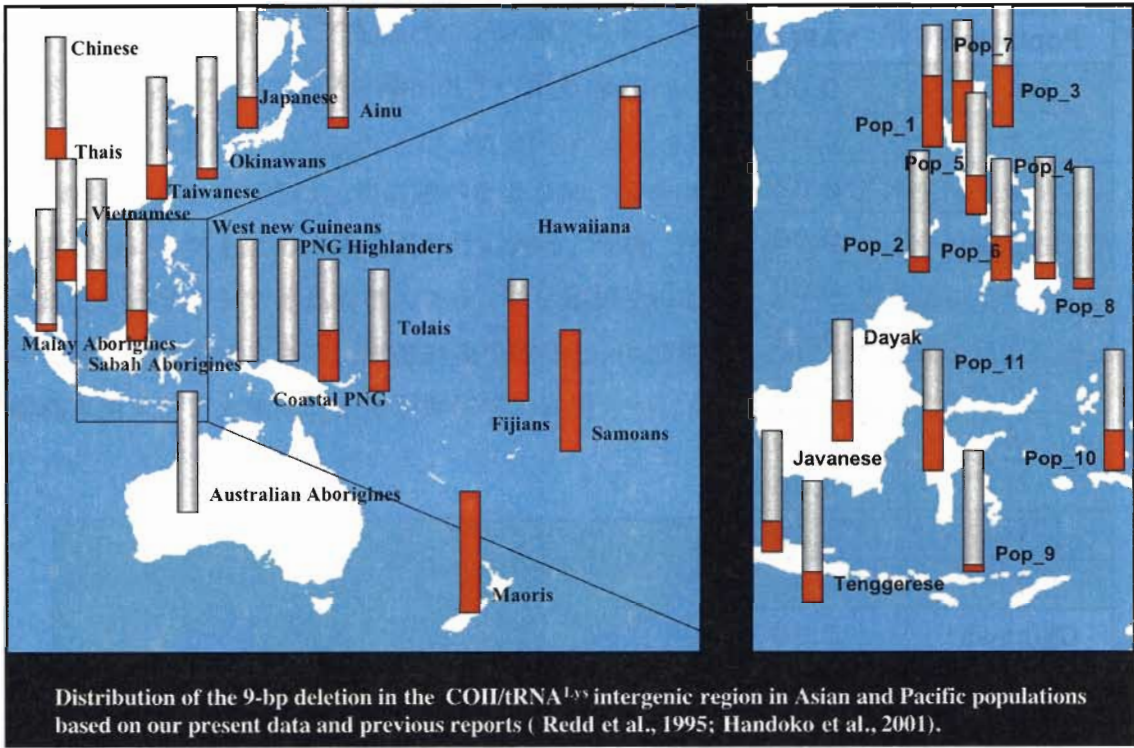


図 10. ミトコンドリア DNA 9塩基欠損の出現頻度と地理的勾配



表 4. フィリピン、インドネシア各集団における DYS287 領域 Alu 配列挿入; YAP (+) の出現頻度

Poplation	YAP(+)
1	0.00
2	0.06
3	0.00
4	0.00
5	0.00
6	0.02
7	0.06
8	0.00
9	0.00
10	0.00
11	0.00
Okinawa*	0.56
Honshu*	0.34
Taiwan*	0.00

(\* Hammer and Horai, 1995)

以上のD-ループの塩基配列データ解析から、東南アジアでは集団の移動の波が少なくとも3つあったことがみてとれる（図11）。

- ①アジア大陸からインドネシアを抜け、ミンダナオ島ママヌワへ至る波
- ②同じくインドネシアを抜けルソン島アエタ、ドゥマガットへ至る波
- ③東アジアからパラワン島バタクへ至る波

これら集団については、前に述べたように、ミトコンドリアDNAの9塩基欠損の出現頻度からいってもこの推測を裏付けられる。今後、民族学的調査からその特異性が予想されているミンダナオ島南部のアタ・マノボ族をはじめとする保管血液試料の他、既存の公開データを含めさらに調査対象を増やし、他の集団についても同様な解析を進め、島嶼部東南アジア人集団の去来が遺伝学的に明らかになるものと期待する。

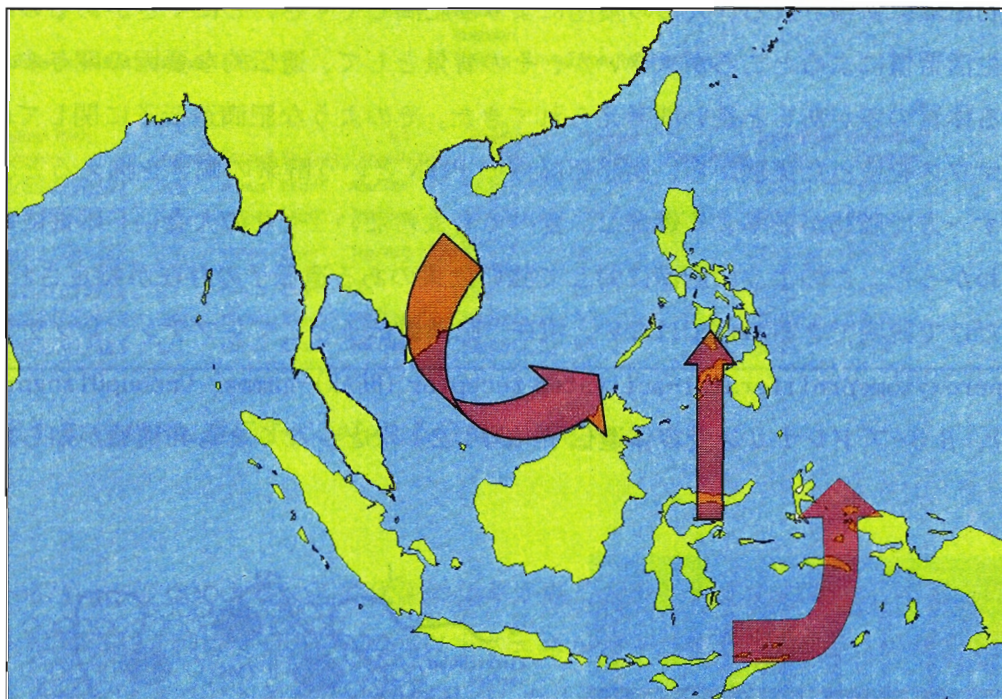


図11. 島嶼部東南アジア人諸集団の移動

## 【2】東南アジア人諸集団におけるアドレナリン受容体遺伝子の多型

### (1) 研究概要

現代人の健康にとって、肥満は糖尿病や心疾患に結びつく要因としてその対策が重要である。肥満には250以上の関連遺伝子が候補として挙げられ、そのなかでも40程度の遺伝子が強い効果をもつと考えられている。最近でも、マウスなどの実験動物を用いた責任遺伝子が特定されている。しかし、ヒトではその複雑な生活様式を考慮すると、責任遺伝子の特定は困難である。1968年に Neel により提唱された、節約遺伝子（あるいは儉約遺伝子）の考えは、興味あるものである。アジア人は、一般に体脂肪率が低いといわれる。またその一方、体質的に太りやすいともいわれる。消費エネルギーに対して摂取エネルギーが大きいときに、体内に過剰エネルギーが生じ、それが中性脂肪として脂肪組織に蓄積される。人類の集団により、肥満しやすさ、しにくさがあるのは、食性や生活習慣によるところが大きいですが、その背景として、遺伝的な要因の関与する、いわゆる体質の差があると長い間考えられてきた。そのような肥満遺伝子に関しては、最近、マウスを使った実験から、脂肪組織内の PTEN という酵素の働きを抑えると、食欲が増す一方で脂肪が効率よく燃焼し、食べても太らない「やせの大食い」体質になることがわかった。このように肥満に対して強い効果のある遺伝子の存在が特定されるが、これだけで説明できるわけではない。現在、肥満遺伝子としてレプチン、レプチン受容体、peroxysomeproliferator-activated receptor (PPAR)-gamma、Uncouplingprotein (UCP)、 $\beta$  3-アドレナリン受容体遺伝子（図 1 2）など少なくとも40種類が知られている。

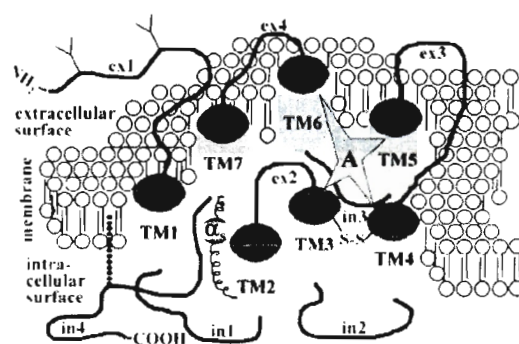
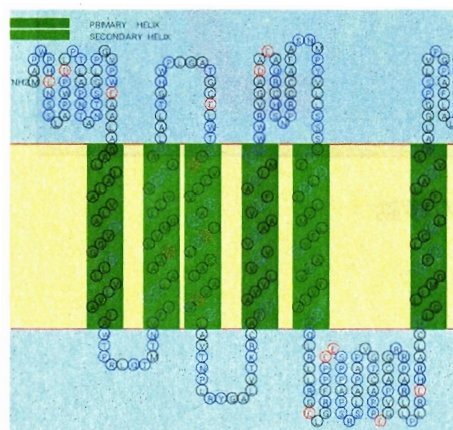


Fig. 1. Structure of  $\beta_3$ -adrenergic receptor

A:  $\beta_3$ -AR agonist;  $\alpha$ : stimulatory subunit of G-protein; TM: transmembrane domain; ex: extracellular domain; in: intracellular domain; S-S: disulfide bond; Y: N-glycosylation sites; ■: palmitoylation site.

図 1 2. アドレナリン受容体  $\beta$  3 の予測構造

なかでも、アリゾナのピマインディアンで高頻度に見いだされたβ3-アドレナリン受容体遺伝子の変異が、われわれモンゴロイドの肥満に関係して関心がもたれている。ピマインディアンは、洋式食事への変化で糖尿病罹病率がきわめて高くなった。この遺伝子の第67番目のアミノ酸がTrpからArgへと変化している者が多かった(図13)。

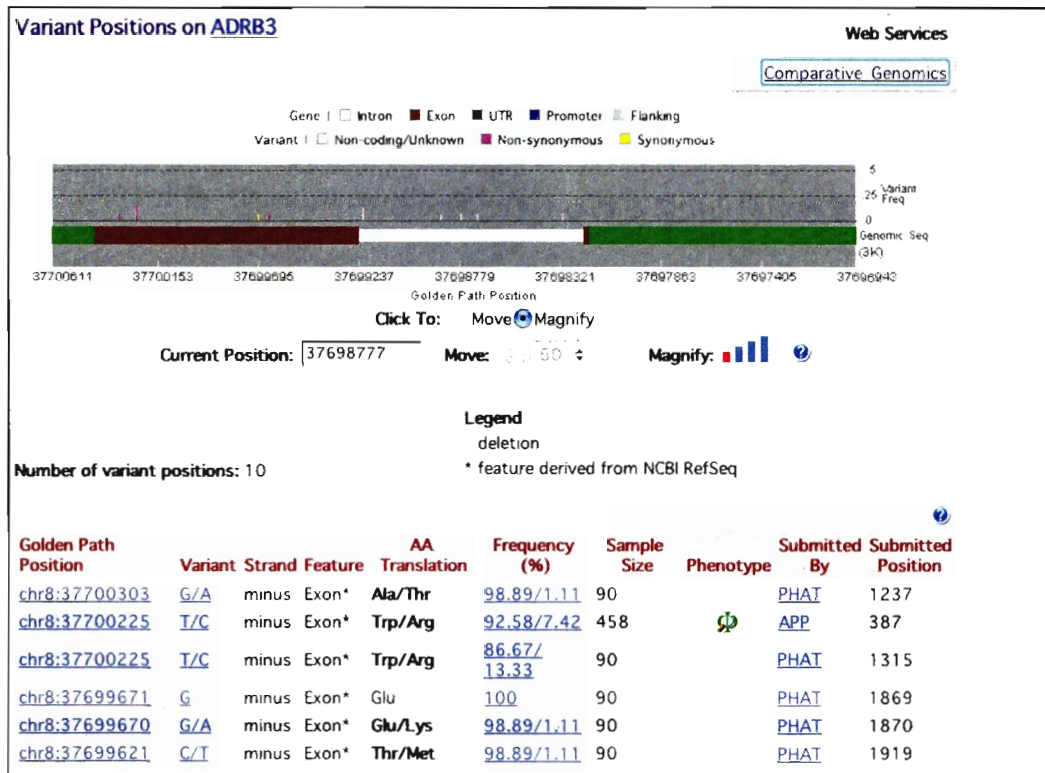


図13. ADRB3 遺伝子にみられる変異

Trp67Argの変化により、基礎代謝の効率が悪くなり、同じものを食してもこの遺伝子変化がない通常型の人に比べて20%以上もエネルギーが使われない。この解釈として、おそらくそのほとんどを飢餓の状態で過ごした人類史でその飢餓を克服するために、摂取した食物からのエネルギー消費を最小限にして残りを脂肪細胞に蓄えるのに有利な遺伝子(節約遺伝子、あるいは儉約遺伝子)が選択されてきたと考え、このような肥満関連遺伝子類が節約遺伝子の本体ではないかと考えられるようになった。

このように、ADRB3 が節約遺伝子として肥満をもたらす有力な候補に挙げられていた。しかし、現在では、この遺伝子の変異と肥満との関連はないとの報告も多い。節約遺伝子の概念は魅力的であるので、ADRB3 に替わる遺伝子に関心がもたれているが、ま

だ画期的な発見はなされていない。たしかに、各個体について肥満の度合いやエネルギー消費に関する指標とこの遺伝子の多型とを関連させることは難しいが、同一の食物摂取でのそれに引き続く基礎代謝料のある程度の低下をもたらす性質は、関心を引くものである。人類がその大部分を過ごした進化の過程での貧弱な食環境において、たしかに一つの適応型として選択されてきた遺伝子変異とも考えられる。そのような変異型の集団内での頻度は、今でもその集団での乏しい食環境への歴史を反映するものもあると考える。そこで本研究は、現在でも狩猟採集にかなり依存する隔離集団や、比較的最近まで乏しい食環境にあった集団についての変異の頻度を比較することで、節約遺伝子としての役割を行っていたかどうかの推測ができるものとする。そしてこういった遺伝子の変異の生物学的意義が明らかにされるものとする。

## (2) 研究対象

本研究で対象とした民族集団（フィリピン、インドネシア）すべてを対象として多型を調べたが、本報告では変異頻度データの信頼性を考え、各集団の構成人数が大きいフィリピンの5集団だけについてとりあげる。

## (3) 研究方法

本研究をおこなううえで、まず基準として健常な日本人の $\beta$ -3 adrenergic receptor (ADRB3) 遺伝子の全塩基配列を確かめた。この遺伝子は2個のエクソンで構成され、第1エクソンのTGGがCGGに変わることによって、64番目のアミノ酸配がトリプトファン(Trp)がアルギニン(Arg)に置き換わる変異である。第1エクソンには他にも1塩基多型(SNP)が存在するが、このTrp64Argがこの遺伝子の機能に明確な変化をもたらすことがわかっている。

次いで、血液より抽出したゲノムDNAを用いた。ADRB3遺伝子のエクソン1の多型領域を標的にしてすでに報告にあるプライマーを用いてPCRを行い、その産物202bpの一部をシーケンシング用に残し、他の部分をCCTGGサイト認識の制限酵素MvaIでダイジェストした。電気泳動パターンにより、サイトの変異(ホモ接合、ヘテロ接合)を検出した。一方、ダイレクトシーケンシングにより、このサイトの塩基配列を確かめると同時に、PCR-RFLP法では検出できない別のSNPの存否を解析した。日本人のデ

ータについては、すでにデータベースに登録され公開されているので、これと対照させ  
たうえで、基礎データとした。

フィリピン：

- 一般フィリピン人 (Population 5)
- ルソン島ネグリト (Population 1)
- パラワン島ネグリト (Population 2)
- ネグロス島 (Population 6)
- ミンダナオ島ネグリト (Population 4)
- ミンダナオ島 (Population 8)

インドネシア：

- フローレス島 (Population 9)
- セラム島 (Population 10)
- スラウェシ島 (Population 11)

#### (4) 結果

ダイレクト・シーケンシングと PCR-RFLP の例を図 1 4 に示す。

フィリピンの民族集団における ADRB3 遺伝子の Trp64Arg の頻度は、表 5 のように  
なった。従来のデータとの比較として、表 6 にまとめる。

注目すべきは、集団 1 において、遺伝子頻度が高く、従来の報告のなかでも第 3 位  
にあたるものであった。この集団が、典型的なフィリピンの先住民族と考えられている  
ことから興味深い。しかし一方、同じネグリトに属するほかの集団では、比較的低い遺  
伝子頻度であった。

表5 フィリピンの民族集団における ADRB3 遺伝子の Trp64Arg 変異

Population	Trp/Trp	Trp/Arg	Arg/Arg	Alle Freq.
1	0.55	0.41	0.04	0.246 *
4	0.83	0.15	0.02	0.093
5	0.85	0.15	0	0.073
8	0.76	0.23	0.01	0.128

(\*: 有意差あり)

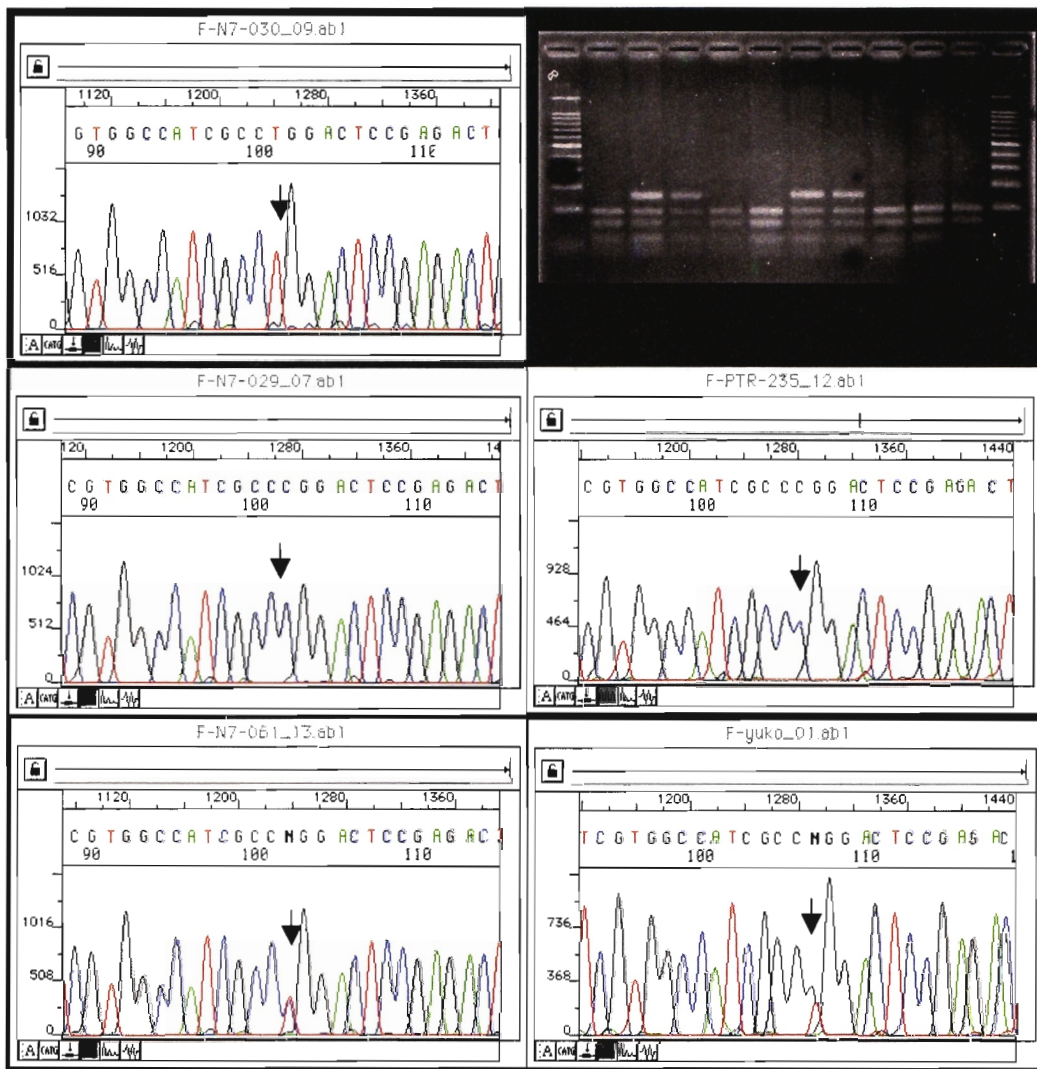


図 14. ダイレクト・シーケンシングと PCR-RFLP の例



表 6 諸集団の Arg64 遺伝子頻度の比較 (本報告のデータは黒字で示す)

Population	Arg64 Allele	
Can. Oji-Cree	.40	
Pima Indian	.31	'95
Phil. 1	.246	'05
Bolivian	.181	'04
Chilean	.18	'05
Japanese	.18	'03
Japanese	.179	'02
Bolivian	.175	'04
Chinese	.174	'00
Bolivian	.17	'01
Chinese	.17	'01
Chinese	.167	'04
Japanese	.161	'96
Japanese	.146	'99
Taiwanese	.139	'04

Population	Arg64 Allele	Ref.
Chilean	.13	.03
Mexican	.13	'97
Mexican	.13	'95
Phil. 7	.128	'05
African Am.	.12	'95
Finn	.12	'95
African Am.	.10	'01
Phil. 4	.093	'05
Am.Caucasian	.092	'99
Canadian	.08	'96
Phil. 5	.073	'05
Samoaan	.07	'00
Greek	.069	'00
Italian	.051	'01
Swede	.04	'96

#### (4) 考察

今回の試料は、一部をのぞいて身体計測値や血糖値、病態、食生活などの情報とむすびつけることができない。また、フィリピンのミンダナオ島南部のある集団において、データベース上、世界のどの集団にも報告がない SNP が少なくとも 2 カ所検出された。1 つは同義置換、他方は非同義置換である。このような SNP が、集団特異的なものか、それとも他の集団との類縁関係を知るうえで役に立つかなどについても今後、調べていく。

こうした変異の生物学的意味を知る上で、今後チンパンジーなどの近縁種と比較することは有意義であろう（表 7、図 15、表 8）。

表 7 Beta 3-adrenergic receptor gene : ヒトと他の種との塩基配列一致度

種	比較塩基数	一致率 (%)
チンパンジー	1159	96
ゴリラ	941	98
オランウータン	204	96
アカゲザル	1249	90
タマリン	941	94
ウシ	1111	87
ブタ	1131	86
ヒツジ	1104	88
ヤギ	1104	87
イヌ	1116	86
ネコ	1088	88
ラット	629	87
マウス	939	84
セキショクヤケイ	81	86

**DNA**

```
NM_000025.1 AATACCGCCAACACCAGTGGGCTGCCAGGGGTCCCGTGGGAGGCGGCCCTAGCCGGGGCC
AET_001 AATACCGCCAACACCAGTGGGCTGCCAGGGGTCCCGTGGGAGGCGGCCCTAGCCGGGGCC
TAL_004 AATACCGCCAACACCAGTGGGCTGCCAGGGGTCCCGTGGGAGGCGGCCCTAGCCGGGGCC
PTR_209 AATACCGCCAACACCAGTGGGCTGCCAGGGGTCCCGTGGGAGGCGGCCCTAGCCGGGGCC
*****

NM_000025.1 CTGCTGGCGCTGGCGGTGCTGGCCACCGTGGGAGGCAACCTGCTGGTCATCGTGGCCATC
AET_001 CTGCTGGCGCTGGCGGTGCTGGCCACCGTGGGAGGCAACCTGCTGGTCATCGTGGCCATC
TAL_004 CTGCTGGCGCTGGCGGTGCTGGCCACCGTGGGAGGCAACCTGCTGGTCATCGTGGCCATC
PTR_209 CTGCTGGCGCTGGCGGTGCTGGCCACCGTGGGAGGCAACCTGCTGGTCATCGTGGCCATC
*****

NM_000025.1 GCCTGGACTCCGAGACTCCAGACCATGACCAACGTGTTCTGTGACTTCGCTGGCCGAGCC
AET_001 GCCTGGACTCCGAGACTCCAGACCATGACCAACGTGTTCTGTGACTTCGCTGGCCGAGCC
TAL_004 GCCTGGACTCCGAGACTCCAGACCATGACCAACGTGTTCTGTGACTTCGCTGGCCGAGCC
PTR_209 GCCTGGACTCCGAGACTCCAGACCATGACCAACGTGTTCTGTGACTTCGCTGGCCGAGCC
*** *****

NM_000025.1 GACCTGGTGATGGGACTCCT
AET_001 GACCTGGTGATGGGACTCCT
TAL_004 GACCTGGTGATGGGACTCCT
PTR_209 GACCTGGTGATGGGACTCCT
*****
```

**Amino Acids**

```
NM_000025 NTANTSGLPGPVWAAALAGALLALAVLATVGGNLLVIVAIATPRLQTMTNVFVTSLAAA
AET_001 NTANTSGLPGPVWAAALAGALLALAVLATVGGNLLVIVAIATPRLQTMTNVFVTSLAAA
TAL_004 NTANTSGLPGPVWAAALAGALLALAVLATVGGNLLVIVAIATPRLQTMTNVFVTSLAAA
PTR_209 NTANTSGLPGPVWAAALAGALLALAVLATVGGNLLVIVAIATPRLQTMTNVFVTSLAAA
*****

NM_000025 DLVMGLL
AET_001 DLVMGLL
TAL_004 DLVMGLL
PTR_209 DLVMGLL
*****
```

図 15. ADRB3 遺伝子の塩基配列およびアミノ酸配列比較  
NM\_000025, NM\_000025.1: 基準となる配列  
AET\_001, TAL\_004: フィリピン人集団のサンプル  
PTR\_209: チンパンジーのサンプル

表 8. Beta 3-adrenergic receptor gene 種間比較

種	比較塩基数	GCCTGGACT	
チンパンジー	1159	GCC <b>C</b> GGACT	Ala <b>Trp</b> Thr Ala Arg Thr
ゴリラ	941	GCCTGGACT	
オランウータン	204	GCCTGGACT	
アカゲザル	1249	A <b>C</b> CCGGACT	<b>Thr</b> Arg Thr
タマリン	941	GCC <b>C</b> GGAC <b>G</b>	
ウシ	1111	GCC <b>C</b> GGAC <b>G</b>	
ブタ	1131	GCC <b>C</b> GGAC <b>G</b>	
ヒツジ	1104	GCC <b>C</b> GGAC <b>G</b>	
ヤギ	1104	GCC <b>C</b> GGAC <b>G</b>	
イヌ	1116	G <b>C</b> T <b>C</b> GGAC <b>G</b>	
ネコ	1088	G <b>C</b> T <b>C</b> GGAC <b>G</b>	
ラット	629	GCC <b>C</b> GCAC <b>G</b>	
マウス	939	GCC <b>C</b> GCAC <b>G</b>	
セキショクヤケイ	81	GCC <b>A</b> AGAC <b>G</b>	Ala <b>Lys</b> Thr

## 【付録1】ミトコンドリアDNA 基準配列 (全体)

### 1: J01415 Human mitochondrion, complete genome

LOCUS HUMMTCG 16569 bp DNA circular PRI 18-APR-2000

DEFINITION Human mitochondrion, complete genome.

ACCESSION J01415 M12548 M58503 M63932 M63933

VERSION J01415.1 GI:1944628

KEYWORDS 12S ribosomal RNA; 16S ribosomal RNA; ATPase; D-loop; circular; complete genome; cytochrome; cytochrome oxidase; displacement loop; oxidase; ribosomal RNA; transfer RNA; transfer RNA-Ala; transfer RNA-Arg; transfer RNA-Asn; transfer RNA-Asp; transfer RNA-Cys; transfer RNA-Gln; transfer RNA-Glu; transfer RNA-Gly; transfer RNA-His; transfer RNA-Ile; transfer RNA-Leu; transfer RNA-Lys; transfer RNA-Met; transfer RNA-Phe; transfer RNA-Pro; transfer RNA-Ser; transfer RNA-Thr; transfer RNA-Trp; transfer RNA-Tyr; transfer RNA-Val; unidentified reading frame.

SOURCE human.

ORGANISM Mitochondrion Homo sapiens  
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.

REFERENCE 1 (bases 105 to 323)

AUTHORS Crews,S., Ojala,D., Posakony,J., Nishiguchi,J. and Attardi,G.

TITLE Nucleotide sequence of a region of human mitochondrial DNA containing the precisely identified origin of replication

JOURNAL Nature 277 (5693), 192-198 (1979)

MEDLINE 81012010

REFERENCE 2 (bases 1 to 16569)

AUTHORS Anderson,S., Bankier,A.T., Barrell,B.G., de Bruijn,M.H.L., Coulson,A.R., Drouin,J., Eperon,I.C., Nierlich,D.P., Roe,B.A., Sanger,F., Schreier,P.H., Smith,A.J.H., Staden,R. and Young,I.G.

TITLE Sequence and organization of the human mitochondrial genome

JOURNAL Nature 290 (5806), 457-465 (1981)

MEDLINE [81173052](#)

REFERENCE 3 (bases 1 to 16569)

AUTHORS Montoya,J., Ojala,D. and Attardi,G.

TITLE Distinctive features of the 5'-terminal sequences of the human mitochondrial mRNAs

JOURNAL Nature 290 (5806), 465-470 (1981)

MEDLINE [81173053](#)

REFERENCE 4 (bases 16015 to 16214)

AUTHORS Doda,J.N., Wright,C.T. and Clayton,D.A.

TITLE Elongation of displacement-loop strands in human and mouse mitochondrial DNA is arrested near specific template sequences

JOURNAL Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 78 (10), 6116-6120 (1981)

MEDLINE [82082408](#)

REFERENCE 5 (bases 324 to 743)

AUTHORS Bogenhagen,D.F., Applegate,E.F. and Yoza,B.K.

TITLE Identification of a promoter for transcription of the heavy strand of human mtDNA: in vitro transcription and deletion mutagenesis

JOURNAL Cell 36 (4), 1105-1113 (1984)

MEDLINE [84156530](#)

REFERENCE 6 (bases 1 to 16569)

AUTHORS Attardi,G., Chomyn,A. and Mariottini,P.

TITLE Genetic control of chloroplast and mitochondrial H<sup>+</sup>-ATPases

JOURNAL (in) Papa,S., Altendorf,K., Ernster,L. and Packer,L. (Eds.); H<sup>+</sup>-ATPASE (ATP SYNTHASE): STRUCTURE, FUNCTION, BIOGENESIS. THE F<sub>0</sub>F<sub>1</sub> COMPLEX OF COUPLING MEMBRANES.: 25-40; Adriatica Editrice, Bari, Italy (1984)

REFERENCE 7 (bases 1 to 16569)

AUTHORS Chomyn,A., Mariottini,P., Cleeter,M.W., Ragan,C.I., Matsuno-Yagi,A., Hatefi,Y., Doolittle,R.F. and Attardi,G.

TITLE Six unidentified reading frames of human mitochondrial DNA encode components of the respiratory-chain NADH dehydrogenase

JOURNAL Nature 314 (6012), 592-597 (1985)

MEDLINE [85188293](#)

PUBMED [3921850](#)  
 REFERENCE 8 (bases 1 to 16569)  
 AUTHORS Chomyn,A., Cleeter,M.W., Ragan,C.I., Riley,M., Doolittle,R.F. and Attardi,G.  
 TITLE URF6, last unidentified reading frame of human mtDNA, codes for an NADH dehydrogenase subunit  
 JOURNAL Science 234 (4776), 614-618 (1986)  
 MEDLINE [87018846](#)  
 PUBMED [3764430](#)  
 REFERENCE 9 (bases 15888 to 15954)  
 AUTHORS Mita,S., Monnat,R.J. Jr. and Loeb,L.A.  
 TITLE Direct selection of mutations in the human mitochondrial tRNAThr gene: reversion of an 'uncloneable' phenotype  
 JOURNAL Mutat. Res. 199 (1), 183-190 (1988)  
 MEDLINE [88202005](#)  
 REFERENCE 10 (bases 1 to 16569)  
 AUTHORS Johns,D.R. and Cornblath,D.R.  
 TITLE Molecular insight into the asymmetric distribution of pathogenetic human mitochondrial DNA deletions  
 JOURNAL Biochem. Biophys. Res. Commun. 174 (1), 244-250 (1991)  
 MEDLINE [91113202](#)  
 REFERENCE 11 (sites)  
 AUTHORS Moraes,C.T., Andreetta,F., Bonilla,E., Shanske,S., DiMauro,S. and Schon,E.A.  
 TITLE Replication-competent human mitochondrial DNA lacking the heavy-strand promoter region  
 JOURNAL Mol. Cell. Biol. 11 (3), 1631-1637 (1991)  
 MEDLINE [91141513](#)  
 REFERENCE 12 (sites)  
 AUTHORS Rotig,A., Cormier,V., Koll,F., Mize,C., Saudubray,J.-M.M., Veerman,A., Pearson,H. and Munnich,A.  
 TITLE Site-specific deletions of the mitochondrial genome in Pearson's marrow-pancreas syndrome

JOURNAL Genomics (1991) In press

REFERENCE 13 (bases 1 to 16569)

AUTHORS Kogelnik,A.M.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (18-APR-1997) Center for Molecular Medicine, Emory University School of Medicine, 462 Clifton Road, Suite 420, Atlanta, GA 30322, USA

REMARK sequence updated

COMMENT On Apr 18, 1997 this sequence version replaced [gi:337188](#).  
 L-strand is shown. Numbered RNAs are polyadenylated, presumed messengers.  
 Several termination codons utilize 'a' or 'aa' in poly-A tail [2].  
 Alternative termination codons are 'aga' and 'agg'. Alternative initiation codons are 'ata' and 'att'.  
 The H-chain D-loop contains a 7S RNA, starting at base 191 leftward, which is approximately 680 bases long [2]. Complete source information:  
 Human placenta mitochondrial DNA [2]; HeLa cells mtDNA [2],[1],[5]; HeLa cells mt mRNA [3]; KB cells mtDNA [4].

FEATURES	Location/Qualifiers
source	1..16569 /organism="Homo sapiens" /organelle="mitochondrion" /db_xref="taxon:9606" /cell_line="HeLa; KB" /tissue_type="placenta"
<u>rep_origin</u>	1..191 /citation=[1]
<u>repeat_unit</u>	471..478 /note="5' first direct repeat of the deletion junction."
<u>repeat_unit</u>	480..483 /note="5' second direct repeat of the deletion junction."
<u>misc_signal</u>	531..568



```

        /note="H-strand transcription promoter"
        /citation=[5]
misc_RNA    <556..>556
        /citation=[5]
        /product="H-strand"
variation  573..4415
        /note="3843 bp deletion causing external ophthalmoplegia"
        /citation=[11]
        /replace=""
tRNA       577..647
        /note="codon recognized: UUC; NAR: 1455"
        /product="tRNA-Phe"
        /anticodon=(pos:611..613,aa:Phe)
rRNA       648..1601
        /product="12S ribosomal RNA"
tRNA       1602..1670
        /note="codon recognized: GUA; NAR: 2053"
        /product="tRNA-Val"
        /anticodon=(pos:1633..1635,aa:Val)
rRNA       1671..3229
        /product="16S ribosomal RNA"
tRNA       3230..3304
        /note="NAR: 1054"
        /product="tRNA-Leu"
mRNA       3305..4263
        /product="RNA 13"
CDS       3307..4263
        /note="NADH dehydrogenase subunit 1"
        /citation=[7]
        /codon_start=1
        /transl_table=2
        /product="MTND1"
        /protein_id="AAB58943.1"

```

/db\_xref="GI:337189"  
/translation="MPMANLLLLIVPILIAMAFMLTERKILGYMQLRKGNVVGPGY  
LLQPFADAMKLFKEPLKPATSTITLYITAPTLALTIALLLWTPLPMPNPLVNLNLGL  
LFILATSSLAVYSILWSGWASNSNYALIGALRAVAQTISYEVTLAIILLSTLLMSGSF  
NLSTLITTQEHLWLLPSWPLAMMWFISTLAETNRTPFDLAEGESELVSGFNIEYAAG  
PFALFFMAEYTNIIIMNLTITIFLGTTYDALSPELYTTYFVTKTLLLSLFLWIRTA  
YPRFRYDQLMHLLWKNFLPLTLALLMWYVSMPIISSIPPQT"

tRNA

4263..4331  
/note="codon recognized: AUC; NAR: 0997"  
/product="tRNA-Ile"  
/anticodon=(pos:4292..4294,aa:Ile)

tRNA

complement(4329..4400)  
/note="NAR: 0597"  
/product="tRNA-Gln"  
/anticodon=(pos:4362..4364,aa:Gln)

tRNA

4402..4469  
/note="codon recognized: AUG; NAR: 1297"  
/product="tRNA-Met"  
/anticodon=(pos:4432..4434,aa:Met)

mRNA

4470..5511  
/product="RNA 12"

CDS

4470..5511  
/note="NADH dehydrogenase subunit 2; TAA stop codon is completed by the addition of 3' A residues to the mRNA"  
/citation=[7]  
/codon\_start=1  
/transl\_except=(pos:5511,aa:TERM)  
/transl\_table=2  
/product="MTND2"  
/protein\_id="AAB58944.1"  
/db\_xref="GI:2052363"  
/translation="MNPLAQPVYISTIFAGTLITALSSHWFFTWVGLMNMLAFIPVL  
TKKMNPRSTEAAIKYFLTQATASMILLMAILFNNMLSGQWTMTNTTNTQYSSLMIMMAM"

AMKLGMAPFHFVPEVTQGTPLTSGLLLLWQKLAPISIMYQISPSLNVSLLLLSIL  
SIMAGSWGGLNQTQLRKILAYSSITHMGWMMAVLPYNPNMTILNLTIYIILTTAFLL  
LNLNSSTTTLLSRTWNKLTWLTPLIPSTLLSLGGLPPLTGFLPKWAIIEEFTKNNSL  
IIPTIMATITLLNLYFYLRLLIYSTSITLLPMSNNVKMKWQFEHTKPTPFLPTLIALTT  
LLLPISPFMLMIL"

repeat\_unit 5152..5159  
/note="3' first direct repeat of the deletion junction."

repeat\_unit 5160..5163  
/note="3' second direct repeat of the deletion junction."

tRNA 5512..5579  
/note="codon recognized: UGA; NAR: 1897"  
/product="tRNA-Trp"  
/anticodon=(pos:5544..5546,aa:Trp)

tRNA complement(5587..5655)  
/note="NAR: 0097"  
/product="tRNA-Ala"  
/anticodon=(pos:5617..5619,aa:Ala)

tRNA complement(5657..5729)  
/note="NAR: 0297"  
/product="tRNA-Asn"  
/anticodon=(pos:5690..5692,aa:Asn)

rep\_oriqin 5741..5752  
/note="origin L-strand replication"

tRNA complement(5761..5826)  
/note="NAR: 0497"  
/product="tRNA-Cys"  
/anticodon=(pos:5789..5791,aa:Cys)

tRNA complement(5826..5891)  
/note="NAR: 1997"  
/product="tRNA-Tyr"  
/anticodon=(pos:5855..5857,aa:Tyr)

mRNA 5901..7517  
/product="RNA 9"

CDS 5904..7445  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=2  
 /product="cytochrome oxidase subunit 1"  
 /protein\_id="AAB58945.1"  
 /db\_xref="GI:506829"  
 /translation="MFADRWLFSTNHKDIGTLYLLFGAWAGVLGTALSLLIRAELGQP  
 GNLLGNDHIYNVIVTAHAFVMIFFMVMPIGIGFGNWLVPLMIGAPDMAFPRMNNMSF  
 WLLPPSLLLLASAMVEAGAGTGWTVYPPLAGNYSHPGASVDLTIFSLHLAGVSSILG  
 AINFITTIINMKPPAMTQYQTPLFVWSVLITAVLLLLSLPVAAGITMLLTDRNLNTT  
 FFDPAAGGGDPILYQHLFWFFGHPEVYILILPGFGMISHIVTYYSGKKEPFGYMGMVWA  
 MMSIGFLGFIVWAHMFVTGMDVDTRAYFTSATMIIAIPGKVFVSWLATLHGSNMKW  
 SAAVLWALGFIFLFTVGGLTGIVLANSSLDIVLHDTYYVVAHFHYVLSMGAVFAIMGG  
 FIHWFPLFSGYTLDQTYAKIHFTIMFIGVNLTFPQHFLGLSGMPRRYSYDPDAYTTW  
 NILSSVGSFISLTAVMLMIFMIWEAFASKRKVLMVEEPSMNLEWLYGCPPPYHTFEEP  
 VYMKS"

tRNA complement(7445..7516)  
 /note="NAR: 1697"  
 /product="tRNA-Ser"  
 /anticodon=(pos:7477..7479,aa:Ser)

tRNA 7518..7585  
 /note="codon recognized: GAC; NAR: 0397"  
 /product="tRNA-Asp"  
 /anticodon=(pos:7548..7550,aa:Asp)

mRNA 7586..8294  
 /product="RNA 16"

CDS 7586..8269  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=2  
 /product="cytochrome oxidase subunit 2"  
 /protein\_id="AAB58946.1"  
 /db\_xref="GI:337192"  
 /translation="MAHAAQVGLQDATSPIMEELITFHDHALMIIFLICFLVLYALFL

TLTTKLTNTNISDAQEMETVWTILPAIILVLIALPSLRILYMTDEVNDPSLTIKSIGH  
QWYWTYEYTDYGGILFNYSYMLPPLFLEPGDLRLLDVDRVVLPIEAPIRMMITSQDVL  
HSWAVPTLGLKTD AIPGRLNQTTFTATRPGVYYGQCSEICGANHSFMPIVLELIPLKI  
FEMGPVFTL"

tRNA

8295..8364  
/note="codon recognized: AAA; NAR: 1197"  
/product="tRNA-Lys"  
/anticodon=(pos:8323..8325,aa:Lys)

mRNA

8365..9207  
/product="RNA 14"

CDS

8366..8572  
/note="putative"  
/citation=[6]  
/codon\_start=1  
/transl\_table=2  
/product="ATPase 8"  
/protein\_id="AAB58947.1"  
/db\_xref="GI:337193"  
/translation="MPQLNTTVWPTMITPMLLTLFLITQLKMLNTNYHLPSPKPMKM  
KNYNKPWEPKWTKICSLHSLPPQS"

variation

8470..13446  
/note="deleted in Pearson marrow-pancreas syndrome"  
/citation=[12]  
/replace=""

CDS

8527..9207  
/codon\_start=1  
/transl\_table=2  
/product="ATPase 6"  
/protein\_id="AAB58948.1"  
/db\_xref="GI:2052364"  
/translation="MNENLFASFIAPTILGLPAAVLIILFPPLLIPTSKYLINRLIT  
TQQWLKIKLTSKQMMTMHNTKGRWLSMLVSLIIFIATTNLLGLLPHSFTPTTQLSMNL  
AMA IPLWAGTVIMGFRSKIKNALAHFLPQGTPTPLIPMLVIIETISLLIQPMALAVRL

TANITAGHLLMHLIGSATLAMSTINLPSTLIIFTILILLTILEIAVALIQAYVFTLLV  
 SLYLHDNT"

mRNA 9207..9990  
 /product="RNA 15"

CDS 9207..9987  
 /note="TAA stop codon is completed by the addition of 3' A  
 residues to the mRNA"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_except=(pos:9987,aa:TERM)  
 /transl\_table=2  
 /product="cytochrome oxidase subunit 3"  
 /protein\_id="AAB58949.1"  
 /db\_xref="GI:2052365"  
 /translation="MTHQSHAYHMKPSPWPLTGALSALLMTSGLAMWFHFSMTLLM  
 LGLLTNTLTMYQWWRDVTRETYQGHHTPPVQKGLRYGMILFITSEVFFFAGFFWAFY  
 HSSLAPTPQLGGHWPPTGITPLNPLEVPLLNLSVLLASGVSITWAHHSMMENNRNQMI  
 QALLITILLGLYFTLLQASEYFESPFTISDGIYGSTFFVATGFHGLHVIIGSTFLTIC  
 FIRQLMFHFTSKHHFGFEAAAWYWHFVDVVWFLYVSIYWWG"

tRNA 9991..10058  
 /note="codon recognized: GGA; NAR: 0797"  
 /product="tRNA-Gly"  
 /anticodon=(pos:10021..10023,aa:Gly)

variation 9996..15896  
 /note="deleted in Pearson marrow-pancreas syndrome"  
 /citation=[12]  
 /replace=""

mRNA 10059..>10404  
 /product="RNA 17 mRNA"

CDS 10059..10404  
 /note="NADH dehydrogenase subunit 3; TAA stop codon is  
 completed by the addition of 3' A residues to the mRNA"  
 /citation=[7]  
 /codon\_start=1

```

/transl_except=(pos:10404,aa:TERM)
/transl_table=2
/product="MTND3"
/protein_id="AAB58950.1"
/db_xref="GI:506832"
/translation="MNFALILMINTLLALLLMIITFWLPQLNGYMEKSTPYECGFDPM
SPARVPFSMKFFLVAITFLLFDLEIALLLPLPWALQTTNLPLMVMSLLLIILALS
AYEWLQKGLDWTE"
variation 10191..13752
/note="deleted in Pearson marrow-pancreas syndrome"
/citation=[12]
tRNA 10405..10469
/note="codon recognized: CGA; NAR: 0197"
/product="tRNA-Arg"
/anticodon=(pos:10435..10437,aa:Arg)
mRNA 10470..12137
/product="RNA 7"
CDS 10470..10766
/note="NADH dehydrogenase subunit 4L"
/citation=[7]
/codon_start=1
/transl_table=2
/product="MTND4L"
/protein_id="AAB58951.1"
/db_xref="GI:337197"
/translation="MPLIYMNIMLAFTISLLGMLVYRSHLMSSLLCLEGMMLSLFIMA
TLMTLNTHSLLANIVPIAMLVFAACEAAVGLALLVSISNTYGLDYVHNLNLLQC"
variation 10666..14855
/note="deleted in Pearson marrow-pancreas syndrome"
/citation=[12]
/replace=""
CDS 10760..12137
/note="NADH dehydrogenase subunit 4; TAA stop codon is

```

completed by the addition of 3' A residues to the mRNA"  
/citation=[7]  
/codon\_start=1  
/transl\_except=(pos:12137,aa:TERM)  
/transl\_table=2  
/product="MTND4"  
/protein\_id="AAB58952.1"  
/db\_xref="GI:506833"  
/translation="MLKLIVPTIMLLPLTWLSKKHMIWINTTTHSLIISIIPLLFFNQ  
INNNLFSCSPTFSSDPLTTPLLMLTTWLLPLTIMASQRHLSSEPLSRKKLYLSMLISL  
QISLIMFTATELIMFYIFFETTLIPTLAIITRWGNQPERLNAGTYFLFYTLVGSPLPL  
LIALIYTHNTLGSLNILLTLTAQELSNSWANNLMWLAYTMAFMVKMPLYGLHLWLPK  
AHVEAPIAGSMVLA AVLKLG GYGMMRLTLILNPLTKHMAYPFLVLSLWGMIMTSSIC  
LRQTDKSLIAYSSISHMALVVTAILIQTPWSFTGAVILMIAHGLTSSLLFCLANSNY  
ERTHSRIMILSQGLQTLPLMAFWWLLASLANLALPPTINLLGELSVLVTTFSWSNIT  
LLL TGLNMLVTALYSLYMFTTTQWGS LTHHINNMKPSFTRENTLMFMHLSPI LLLSLN  
PDIITGFSS"

variation

11233..13979  
/note="deleted in Pearson marrow-pancreas syndrome"  
/citation=[12]  
/replace=""

tRNA

12138..12206  
/note="codon recognized: CAC; NAR: 0897"  
/product="tRNA-His"  
/anticodon=(pos:12168..12170,aa:His)

tRNA

12207..12265  
/note="codon recognized: AGC; NAR: 1656"  
/product="tRNA-Ser"  
/anticodon=(pos:12226..12228,aa:Ser)

tRNA

12266..12336  
/note="codon recognized: CUA; NAR: 1097"  
/product="tRNA-Leu"  
/anticodon=(pos:12298..12300,aa:Leu)



```

mRNA          12337..>14148
                  /product="RNA 5"

CDS           12337..14148
                  /note="NADH dehydrogenase subunit 5"
                  /citation=[7]
                  /codon_start=1
                  /transl_table=2
                  /product="MTND5"
                  /protein_id="AAB58953.1"
                  /db_xref="GI:2052366"
                  /translation="MTMHTTMTTLTSLIPPILTTLVNPKNKNSYPHYVKSIVASTF
IISLFPTTFMCLDQEVIISNWHWATTQTTQLSLSFKLDYFSMMFIPVALFVTWSIME
FSLWYMNSDPNINQFFKYLLIFLITMLILVTANNLFQLFIGWEGVGIMSFL LISWWYA
RADANTAAIQAILYNRIGDIGFILALAWFILHSNSWDPQOMALLNANPSLTPLLGLLL
AAAGKSAQLGLHPWLPSAMEGPTPVSALLHSSTMVVAGIFLLIRFHPLAENSPLIQT
LTLCLGAIITLFAAVCALTQNDIKKIVAFSTSSQLGLMMVTIGINQPHLAFHICTHAF
FKAMLFMCSGSIHNLNNEQDIRKMGLLKTMPSTSTLTIGSLALAGMPFLTGFYSK
DHIETANMSYTNAWALSITLIATSLTSAYSTRMILLTLTGQPRFPPTLTINENNPTL
LNPIKRLAAGSLFAGFLITNNISPASPFQTTIPLYLKLTAVALTFLGLLTALDLNYLT
NKLKMKSPLECTFYFSNMLGFYPSITHRTIPYLGLLTSQNLPLLLLDLTWLEKLLPKTI
SQHQISTSIITSTQKGMIKLYFLSFFPILITLLIT"

CDS           complement(14149..14673)
                  /note="NADH dehydrogenase subunit 6"
                  /citation=[8]
                  /codon_start=1
                  /transl_table=2
                  /product="MTND6"
                  /protein_id="AAB58954.1"
                  /db_xref="GI:2052367"
                  /translation="MMYALFLLSVGLVMGFVGFSSKPSPIYGGLVLIVSGVVGCVIIL
NFGGGMGLMVFLIYLGMMVVFGYTTAMAIEEYPEAWGSGVEVLVSVLVGLAMEVGL
VLWVKEYDGVVVVNFNSVGSWMIYE GEGSGLIREDPIGAGALYDGRWL VVVTGWTL
FVGVIYIVIEIARGN"

```

tRNA complement(14674..14742)  
 /note="NAR: 0697"  
 /product="tRNA-Glu"  
 /anticodon=(pos:14704..14706,aa:Glu)

mRNA 14747..15887  
 /product="RNA 11"

CDS 14747..15881  
 /note="TAA stop codon is completed by the addition of 3' A residues to the mRNA"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_except=(pos:15881,aa:TERM)  
 /transl\_table=2  
 /product="cytochrome b"  
 /protein\_id="AAB58955.1"  
 /db\_xref="GI:506835"  
 /translation="MTPMRKINPLMKLINHSFIDLPTPSNISAWWNFGSLLGACLILQ  
 ITTGLFLAMHYSPDASTAFSSIAHITRDVNYGWIIRYLHANGASMFFICLFLHIGRGL  
 YYGSFLYSETWNIGIILLLATMATAFMGYVLPWQMSFWGATVITNLLSAIPYIGTDL  
 VQWIWGGYSVDSPTLTRFFTFHFILPFIIAALATLHLLFLHETGSNNPLGITSHSDKI  
 TFHPYYTIKDALGLLLFLLSLMTLTLFSPDLLGDPDNYTLANPLNTPPHIKPEWYFLF  
 AYTIILRSVPNKLGGVLALLLSILILAMIPIILHMSKQQSMMFRPLSQSLYWLLAADLLI  
 LTWIGGQPVSYPFTIIGQVASVLYFTTILILMPTISLIENKMLK"

variation 15855  
 /note="g in wt; a in some HeLa cells"  
 /citation=[9]

variation 15880  
 /note="g in wt; c in some HeLa cells"  
 /citation=[9]

tRNA 15888..15953  
 /note="codon recognized: ACA; NAR: 1797"  
 /product="tRNA-Thr"  
 /anticodon=(pos:15919..15921,aa:Thr)

variation 15889

/note="a in wt; g in some HeLa cells"  
 /citation=[9]

variation 15919..15922  
 /note="tata in wt; ta in some HeLa cells"  
 /citation=[9]

variation 15920  
 /note="a in wt; g in some HeLa cells"  
 /citation=[9]

variation 15924  
 /note="t in wt; c in some HeLa cells"  
 /citation=[9]

variation 15935..15937  
 /note="ctt in wt; ct in some HeLa cells"  
 /citation=[9]

variation 15936  
 /note="t in wt; c or g in some HeLa cells"

variation 15937  
 /note="t in wt; c in some HeLa cells"  
 /citation=[9]

variation 15938..15942  
 /note="taca in wt; ta in some HeLa cells"  
 /citation=[9]

variation 15938..15940  
 /note="tac in wt; tc in some HeLa cells"  
 /citation=[9]

tRNA complement(15955..16023)  
 /note="NAR: 1597"  
 /product="tRNA-Pro"  
 /anticodon=(pos:15986..15988,aa:Pro)

rep\_origin 16104..16569

D-loop complement(join(16104..16569,1..191))  
 /note="origin H-strand replication"  
 /citation=[4]

conflict            16124  
                          /citation=[4]  
                          /replace=""  
D-loop                16158..16172  
                          /note="D-loop termination signal"  
                          /citation=[4]

BASE COUNT      5122 a    5180 c    2171 g    4096 t

ORIGIN

1 gatcacaggt ctatcacct attaaccact cacgggagct ctccatgcat ttggtatfff  
 61 cgtctggggg gtatgcacgc gatagcattg cgagacgctg gagccggagc accctatgfc  
 121 gcagtatctg tctttgattc ctgcctcadc ctattattta tcgcacctac gttcaatatt  
 181 acaggcgaac atacttacta aagtgtgtta attaattaat gctttagtaga cataataata  
 241 acaattgaat gtctgcacag ccactttcca cacagacadc ataacaaaaa atttccacca  
 301 aacccccctt cccccgctt tggccacagc acttaaacac atctctgcca aacccccaaa  
 361 acaaagaacc ctaacaccag cctaaccaga tttcaaattt tatcttttgg cggtagtcac  
 421 ttttaacagt cccccccaa ctaacacatt attttccct cccactccca tactactaat  
 481 ctcatcaata caacccccgc ccatcctacc cagcacacac acaccgctgc taaccccata  
 541 ccccgaaaca accaaacccc aaagacaccc cccacagttt atgtagctta cctcctcaaa  
 601 gcaatacact gaaaatgttt agacgggctc acatcacccc ataaacaaat aggtttggtc  
 661 ctagcctttc tattagctct tagtaagatt acacatgcaa gcatccccgt tccagtgagt  
 721 tcaccctcta aatcaccacg atcaaaaggg acaagcatca agcacgcagc aatgcagctc  
 781 aaaacgctta gcctagccac acccccacgg gaaacagcag tgattaacct ttagcaataa  
 841 acgaaagttt aactaagctc tactaacccc agggttggtc aatttcgtgc cagccaccgc  
 901 ggtcacacga ttaacccaag tcaatagaag ccggcgtaaa gagtgtttta gatcaccccc  
 961 tccccataa agctaaaact cacctgagtt gtaaaaaact ccagttgaca caaatagac  
 1021 tacgaaagtg gctttaacat atctgaacac acaatagctc agacccaaac tgggattaga  
 1081 taccacctc taactagccc taaacctcaa cagttaaadc aacaaaactg ctcgccagaa  
 1141 cactacgagc cacagcttaa aactcaaagg acctggcggg gcttcatadc cctctagagg  
 1201 agcctgttct gtaatcgata aaccccgatc aacctacca cctcttgctc agcctatata  
 1261 ccgccatctt cagcaaacc tgatgaaggc tacaagtaa gcgcaagtac ccacgtaaag  
 1321 acgttaggtc aagggtgtag ccatgaggtg gcaagaaatg ggctacattt tctacccccg  
 1381 aaaactacga tagcccttat gaaacttaag ggtcgaagggt ggatttagca gtaaactaag  
 1441 agtagagtgc ttagttgaac agggccctga agcgcgtaca caccgccctg caccctcctc

1501 aagtatactt caaaggacat ttaactaaaa ccctacgca tttatataga ggagacaagt  
1561 cgtaacatgg taagtgtact ggaaagtgca cttggacgaa ccagagtgta gcttaacaca  
1621 aagcacccaa cttacactta ggagatttca acttaacttg accgctctga gctaaacctt  
1681 gccccaaacc cactccacct tactaccaga caaccttagc caaacattt acccaataa  
1741 agtataggcg atagaaattg aaacctggcg caatagatat agtaccgcaa gggaaagatg  
1801 aaaaattata accaagcata atatagcaag gactaacccc tataccttct gcataatgaa  
1861 ttaactagaa ataactttgc aaggagagcc aaagctaaga cccccgaac cagacgagct  
1921 acctaagaac agctaaaaga gcacaccctg ctatgtagca aaatagtggg aagatttata  
1981 ggtagaggcg acaaacctac cgagcctggg gatagctggg tgtccaagat agaactctag  
2041 ttcaacttta aatttgccca cagaaccctc taaatcccct tgtaaattta actgttagtc  
2101 caaagaggaa cagctctttg gacactagga aaaaacctg tagagagagt aaaaaattta  
2161 acacccatag taggcctaaa agcagccacc aattaagaaa gcggtcaagc tcaacaccca  
2221 ctacctaaaa aatcccaaac atataactga actcctcaca cccaattgga ccaatctatc  
2281 accctataga agaactaatg ttagtataag taacatgaaa acattctcct ccgcataagc  
2341 ctgcgtcaga ttaaaacact gaactgacaa ttaacagccc aatatctaca atcaaccaac  
2401 aagtcattat taccctcact gtcaacccaa cacaggcatg ctcataagga aaggttaaaa  
2461 aaagtaaaag gaactcggca aatcttacc cgctgttta ccaaaaacat cacctctagc  
2521 atcaccagta ttagaggcac cgctgcccga gtgacacatg tttaacggcc gcggtaccct  
2581 aaccgtgcaa aggtagcata atcacttgtt ccttaaatag ggacctgtat gaatggctcc  
2641 acgaggggtc agctgtctct tacttttaac cagtgaaatt gacctgcccg tgaagaggcg  
2701 ggcataacac agcaagacga gaagacccta tggagcttta atttattaat gcaaacagta  
2761 cctaacaac ccacaggctc taaactacca aacctgcatt aaaaatttcg gttggggcga  
2821 cctcggagca gaacccaacc tccgagcagt acatgctaag acttcaccag tcaaagcgaa  
2881 ctactatact caattgatcc aataacttga ccaacggaac aagtaccct agggataaca  
2941 gcgcaatcct attctagagt ccatatcaac aatagggttt acgacctcga tgttgatca  
3001 ggacatcccg atggcgcagc cgctatkaa ggctcgtttg ttcaacgatt aaagtcctac  
3061 gtgatctgag ttcagaccgg agtaatccag gtcggtttct atctacctc aaattcctcc  
3121 ctgtacgaaa ggacaagaga aataaggcct acttcacaaa gcgccttccc ccgtaaatga  
3181 tatcatctca acttagtatt ataccacac ccaccaaga acagggtttg ttaagatggc  
3241 agagcccggg aatcgcataa aacttaaac tttacagtca gaggttcaat tcctcttctt  
3301 aacaacatac ccatggccaa cctcctactc ctattgtac ccattctaact cgcaatggca  
3361 ttctaatgc ttaccgaacg aaaaattcta ggctatatac aactacgcaa aggccccaac  
3421 gttgtaggcc cctacgggct actacaaccc ttcgctgacg ccataaaact cttaccaaaa

3481 gagcccctaa aaccgcac atctaccatc accctctaca tcaccgccc gaccttagct  
3541 ctaccatcg ctcttctact atgaaccccc ctccccatac ccaacccct ggtcaacctc  
3601 aacctaggcc tcctatttat tctagccacc tctagcctag ccgtttactc aatcctctga  
3661 tcagggtgag catcaaacctc aaactacgcc ctgatcggcg cactgcgagc agtagcccaa  
3721 acaatctcat atgaagtcac cctagccatc atttactat caacattact aataagtggc  
3781 tcctttaacc tctccacctc taccacaaca caagaacacc tctgattact cctgccatca  
3841 tgacccttgg ccataatatg atttatctcc acactagcag agaccaaccg aacccccctc  
3901 gaccttgccg aaggggagtc cgaactagtc tcaggcttca acatcgaata cgccgcaggc  
3961 cccttcgcc tattcttcat agccgaatac acaaacatta ttataataaa caccctcacc  
4021 actacaatct tcctaggaac aacatatgac gcactctccc ctgaactcta cacaacatat  
4081 tttgtcacca agaccctact tctaacctcc ctgttcttat gaattcgaac agcatacccc  
4141 cgattccgct acgaccaact catacacctc ctatgaaaaa acttcctacc actcaccta  
4201 gcattactta tatgatatgt ctccataccc attacaatct ccagcattcc ccctcaaac  
4261 taagaaatat gtctgataaa agagttactt tgatagagta aataatagga gcttaaaccc  
4321 ccttatttct aggactatga gaatcgaacc catccctgag aatccaaaat tctccgtgcc  
4381 acctatcaca ccccatccta aagtaaggtc agctaaataa gctatcgggc ccataccccg  
4441 aaaatgttgg ttataccctt cccgtactaa ttaatcccct ggccaaccc gtcactact  
4501 ctaccatctt tgcaggcaca ctcatcacag cgctaagctc gcactgattt tttacctgag  
4561 taggcctaga aataaacatg cttagcttta ttccagttct aaccaaaaaa ataaacctc  
4621 gttccacaga agctgccatc aagtatttcc tcacgcaagc aaccgcatcc ataactctc  
4681 taatagctat cctcttcaac aatatactct ccggacaatg aaccataacc aatactacca  
4741 atcaatactc atcattaata atcataatag ctatagcaat aaaactagga atagccccct  
4801 ttcaattctg agtcccagag gttacccaag gcacccctct gacatccggc ctgcttctc  
4861 tcacatgaca aaaactagcc cccatctcaa tcatatacca aatctctccc tcaactaacg  
4921 taagccttct cctcactctc tcaatcttat ccatcatagc aggcagttga ggtggattaa  
4981 accagacca gctacgcaaa atcttagcat actcctcaat taccacata ggatgaataa  
5041 tagcagttct accgtacaac cctaacataa ccattcttaa ttaactatt tatattatcc  
5101 taactactac cgcattccta ctactcaact taaactccag caccacgacc ctactactat  
5161 ctgcacctg aaacaageta acatgactaa cacccttaat tccatccacc ctctctccc  
5221 taggaggcct gccccgcta accggctttt tgcccaaatg ggccattatc gaagaattca  
5281 caaaaaacaa tagctcctc atccccacca tcatagccac catcaccctc cttaacctt  
5341 acttctacct acgcctaate tactccacct caatcacact actccccata tctaacaacg  
5401 taaaaataaa atgacagttt gaacatacaa aaccacccc attcctcccc acactcatcg

5461 cccttaccac gctactccta cctatctccc cttttatact aataatctta tagaaattta  
5521 ggtaaatac agaccaagag cttcaaagc cctcagtaag ttgcaatact taatttctgt  
5581 aacagctaag gactgcaaaa ccccactctg catcaactga acgcaaatca gccactttaa  
5641 ttaagctaag cccttactag accaatggga cttaaaccba caaacactta gttacacagct  
5701 aagcaccta atcaactggc ttcaatctac ttctcccgcc gccgggaaaa aaggcgggag  
5761 aagccccggc aggtttgaag ctgcttcttc gaatttgcaa ttcaatatga aaatcacctc  
5821 ggagctggta aaaagaggcc taaccctgt ctttagattt acagtccaat gcttcaacta  
5881 gccatthtac ctacccccca ctgatgttcg ccgaccgttg actattctct acaaaccaca  
5941 aagacattgg aacactatac ctattattcg gcgcatgagc tggagtccta ggcacagctc  
6001 taagcctcct tattcgagcc gagctgggcc agccaggcaa cttctaggt aacgaccaca  
6061 tctacaacgt tategtcaca gcccatgcat ttgtaataat cttcttcata gtaataccca  
6121 tcataatcgg aggctttggc aactgactag ttcccctaata aatcgggtgcc cccgatatgg  
6181 cgtttcccgc cataaacaac ataagcttct gactcttacc tcctctctc ctactcctgc  
6241 tcgcatctgc tatagtggag gccggagcag gaacagggtg aacagtctac cctcccttag  
6301 cagggaaacta ctcccaccct ggagcctccg tagacctaac catcttctcc ttacacctag  
6361 caggtgtctc ctctatctta ggggccatca atttcatcac aacaattatc aatataaaac  
6421 ccctgccat aaccaatac caaacgcccc tcttcgtctg atccgtccta atcacagcag  
6481 tcctacttct cctatctctc ccagtcctag ctgctggcat cactatacta ctaacagacc  
6541 gcaacctcaa caccacctc ttcgaccccc ccggaggagg agacccatt ctataccaac  
6601 acctattctg attttctggt caccctgaag tttatattct taccctacca ggcttcggaa  
6661 taatctcca tattgtaact tactactcgc gaaaaaaga accatttggg tacataggta  
6721 tggcttgagc tatgatatac attggcttcc tagggtttat cgtgtgagca caccatatac  
6781 ttacagtagg aatagacgta gacacacgag catatttcac ctccgctacc ataatcatcg  
6841 ctatccccac cggcgtcaaa gtatttagct gactcgccac actccacgga agcaatatga  
6901 aatgatctgc tgcagtctc tgagccctag gattcatctt tcttttcacc gtaggtggcc  
6961 tgactggcat tgtattagca aactcatcac tagacatcgt actacacgac acgtactacg  
7021 ttgtagccca cttccactat gtcctatcaa taggagctgt atttgccatc ataggaggct  
7081 tcattcactg atttccccta ttctcaggct acaccctaga ccaaacctac gccaaaatcc  
7141 atttcactat catattcatc ggcgtaaatc taactttctt cccacaacac tttctcggcc  
7201 tatccggaat gccccgacgt tactcggact accccgatgc atacaccaca tgaaacatcc  
7261 tatcatctgt aggcctattc atttctctaa cagcagtaat attaataatt ttcattgattt  
7321 gagaagcctt cgcttcgaag cgaaggtcc taatagtaga agaaccctcc ataaacctgg  
7381 agtgactata tggatgcccc ccaccctacc acacattcga agaaccgta tacataaaat

7441 ctagacaaaa aaggaaggaa tcgaaccccc caaagctggt ttcaagccaa ccccatggcc  
7501 tccatgactt tttcaaaaag gtattagaaa aaccatttca taactttgtc aaagttaa  
7561 tataggctaa atcctatata tcttaatggc acatgcagcg caagtaggtc tacaagacgc  
7621 tacttcccc atcatagaag agcttatcac ctttcatgat cacgccctca taatcatttt  
7681 ccttatctgc ttcctagtcc tgtatgccct tttcctaaca ctacaacaa aactaactaa  
7741 tactaacatc tcagacgctc aggaaataga aaccgtctga actatcctgc ccgccatcat  
7801 cctagtcctc atgccctcc catccctacg catcctttac ataacagacg aggtcaacga  
7861 tccctccctt accatcaaat caattggcca ccaatggtac tgaacctacg agtacaccga  
7921 ctacggcgga ctaatcttca actcctacat acttccccca ttattcctag aaccaggcga  
7981 cctgcgactc cttgacgttg acaatcgagt agtactcccg attgaagccc ccattcgtat  
8041 aataattaca tcacaagacg tcttgactc atgagctgtc cccacattag gcttaaaaac  
8101 agatgcaatt cccggacgtc taaacaaac cactttcacc gctacacgac cgggggtata  
8161 ctacggctca tgctctgaaa tctgtggagc aaaccacagt ttcatgcccc tcgtcctaga  
8221 attaattccc ctaaaaatct ttgaaatagg gcccgatatt accctatagc accccctcta  
8281 cccctctag agcccactgt aaagctaact tagcattaac cttttaagtt aaagattaag  
8341 agaaccaaca cctctttaca gtgaaatgcc ccaactaat actaccgtat ggcccaccat  
8401 aattaccccc atactcctta cactattcct catcaccaa ctaaaaatat taaacacaaa  
8461 ctaccaccta cctccctcac caagcccat aaaaataaaa aattataaca aaccctgaga  
8521 accaaaaatga acgaaaatct gttcgcttca ttcattgccc ccacaatcct aggccatccc  
8581 gccgcagtac tgatcattct atttccccct ctattgatcc ccacctcaa atatctcctc  
8641 aacaaccgac taatcaccac ccaacaatga ctaatcaaac taacctcaa acaaatgata  
8701 accatacaca aactaaagg acgaacctga tctcttatac tagtatcctt aatcattttt  
8761 attgccacaa ctaacctcct cggactcctg cctcactcat ttacaccaac cacccaacta  
8821 tctataaacc tagccatggc catcccctta tgagcgggca cagtgattat aggctttcgc  
8881 tctaagatta aaaatgcct agcccacttc ttaccacaag gcacacctac accccttate  
8941 cccatactag ttattatcga aacctcagc ctactcattc aaccaatagc cctggccgta  
9001 cgcctaaccg ctaacattac tgcaggccac ctactcatgc acctaattgg aagcgcacc  
9061 ctagcaatat caaccattaa ccttccctct acacttatca tcttcacaa tctaattcta  
9121 ctgactatcc tagaaatcgc tgtcgcctta atccaagcct acgttttcac acttctagta  
9181 agcctctacc tgcacgacaa cacataatga cccaccaatc acatgcctat catatagtaa  
9241 aaccagccc atgacccta acaggggccc tctcagcct cctaagacc tccggcctag  
9301 ccatgtgatt tcacttccac tccataacgc tctcatact aggcctacta accaacacac  
9361 taaccatata ccaatgatgg cgcgatgtaa cacgagaaag cacatacaa ggccaccaca



9421 caccacctgt ccaaaaaggc cttcgatagc ggataatcct atttattacc tcagaagttt  
9481 ttttcttcgc aggatthttc tgagcctttt accactccag cctagcccct acccccgaat  
9541 taggagggca ctggccccc acaggcatca ccccgctaaa tcccctagaa gtcccactcc  
9601 taaacacatc cgtattactc gcatcaggag tatcaatcac ctgagctcac catagtctaa  
9661 tagaaaacaa ccgaaaccaa ataattcaag cactgcttat tacaatttta ctgggtctct  
9721 attttaccct cctacaagcc tcagagtact tcgagctctc cttcaccatt tccgacggca  
9781 tctacggctc aacatthttt gtagccacag gcttccacgg acttcacgtc attattggct  
9841 caactthtct cactatctgc ttcacccgcc aactaatatt tcactttaca tccaacatc  
9901 actthtggct cgaagccgcc gcctgatact ggcatthtgt agatgtggtt tgactatthc  
9961 tgtatgtctc catctattga tgagggtctt actctthtag tataaatagt accgttaact  
10021 tccaattaac tagthttgac aacattcaaa aaagagtaat aaacttcgcc ttaattthaa  
10081 taatcaacac cctcctagcc ttactactaa taattattac atthtgacta ccacaactca  
10141 acggctacat agaaaaatcc accccttagc agtgccgctt cgaccctata tccccgcc  
10201 gcgtccctth ctccataaaa thcttcttag tagctattac cttcttatta thtgatctag  
10261 aaattgccct cctthtacc ctaccatgag ccctacaac aactaacctg cactaatag  
10321 thatgtcatc cctcttatta atcatcatcc tagccctaag tctggcctat gagtgactac  
10381 aaaaaggatt agactgaacc gaattggtat atagthttaa caaacgaat gatttcgact  
10441 cattaaatta tgataatcat atthaccaaa tgcccctcat ttacataaat attatactag  
10501 catttaccat ctcacttcta ggaatactag tatatcgctc acacctcata tctccctac  
10561 tatgccctaga aggaataata ctatcgctgt tcattatagc tactctcata accctcaaca  
10621 cccactccct cttagccaat attgtgccta ttgccatact agtctthgcc gcctgcgaag  
10681 cagcggthgg cctagcccta ctagtctcaa tctcaacac atatggccta gactacgtac  
10741 ataacctaaa cctactccaa tgctaaaact aatcgthcca acaattatat tactaccact  
10801 gacatgactt tccaaaaaac acataatthg aatcaacaca accaccaca gcctaattat  
10861 tagcatcatc cctctactat ththtaacca aatcaaacac aacctatth gctgttcccc  
10921 aactthttcc tccgaccccc taacaacccc cctcctaata ctaactacct gactcctacc  
10981 cctcacaatc atggcaagcc aacgccactt atccagtga ccactatcac gaaaaaac  
11041 ctacctctct atactaatct ccctacaat ctccttaatt ataacattca cagccacaga  
11101 actaatcata ththtatctt ththtgaac cacacttatc cccactthg ctatcatcac  
11161 ccgatgaggc aaccagccag aacgcctgaa cgcaggcaca tacttctat thtacaccct  
11221 agtaggctcc cthccctac tcategcact aatthtact cacaacacc taggctcact  
11281 aaacattcta ctactactc thactgccc agaactatca aactcctgag ccaataact  
11341 aatatgacta gcttacacaa tagctthtat agtaagata cctctthtag gactccactt

11401 atgactccct aaagcccatg tcgaagcccc catcgctggg tcaatagtac ttgccgcagt  
11461 actcttaaaa ctaggcggct atggtataat acgcctcaca ctcatctca accccctgac  
11521 aaaacacata gcctaccct tccttgact atccctatga ggcataatta taacaagctc  
11581 catctgccta cgacaaacag acctaaaatc gctcattgca tactcttcaa tcagccacat  
11641 agccctcgta gtaacagcca ttctcatcca aaccctga agcttcaccg gcgcagtcac  
11701 tctcataatc gccacgggc ttacatcctc attactattc tgccctagcaa actcaaacta  
11761 cgaacgcact cacagtcgca tcataatcct ctctcaagga cttcaaactc tactcccact  
11821 aatagctttt tgatgacttc tagcaagcct cgctaacctc gccttaccce ccaactattaa  
11881 cctactggga gaactctctg tgctagtaac cacgttctcc tgatcaaata tcactctcct  
11941 acttacagga ctcaacatac tagtcacagc cctatactcc ctctacatat ttaccacaac  
12001 acaatggggc tcactcacc accacattaa caacataaaa ccctcattca cacgagaaaa  
12061 caccctcatg ttcatacacc tatccccat tctctccta tccctcaacc ccgacatcat  
12121 taccgggttt tcctcttgta aatatagttt aaccaaaca tcagattgtg aatctgacaa  
12181 cagaggctta cgaccctta tttaccgaga aagctcacia gaactgctaa ctcatgcccc  
12241 catgtctaac aacatggctt tctcaacttt taaaggataa cagctatcca ttggcttag  
12301 gccccaaaaa ttttggtgca actccaaata aaagtaataa ccatgcacac tactataacc  
12361 accctaacc tgacttcct aattcccc atccttacca ccctcgtaa ccctaacaaa  
12421 aaaaactcat accccatta tgtaaaatcc attgtcgcac ccaccttat tatcagctc  
12481 tccccacia caatattcat gtgcctagac caagaagtta ttatctcgaa ctgacactga  
12541 gccacaacc aaacaacca gctctcccta agcttcaaac tagactactt ctccataata  
12601 ttcacccctg tagcattgtt cgttacatgg tccatcatag aattctcact gtgatata  
12661 aactcagacc caaacattaa tcagttcttc aaatatctac tcattctct aattaccata  
12721 ctaatcttag ttaccgctaa caacctattc caactgttca tcggctgaga gggcgtagga  
12781 attatctct tcttgctcat cagttgatga tacgcccag cagatgcaa cacagcagcc  
12841 attcaagcaa tcctatacaa cgtatcggc gatatcgggt tcattctcgc cttagcatga  
12901 tttatctac actccaactc atgagaccca caacaatag cccttctaa cgctaatcca  
12961 agcctcacc cactactagg cctcctccta gcagcagcag gcaaatcagc ccaattaggt  
13021 ctccaccct gactccctc agccatagaa ggccccacc cagtctcagc cctactccac  
13081 tcaagcacta tagttgtagc aggaatcttc ttactcatcc gcttccacc ctagcagaa  
13141 aatagccac taatcaaac tctaacacta tgcttaggcg ctatcaccac tctgttcgca  
13201 gcagctcgc cccttacaca aatgacatc aaaaaaatcg tagcctctc cacttcaagt  
13261 caactaggac tcataatagt tacaatcggc atcaaccaac cacacctagc attcctgcac  
13321 atctgtacc acgccttctt caagccata ctattatgt gctccgggtc catcatccac

13381 aaccttaaca atgaacaaga tattcgaaaa ataggaggac tactcaaaac catacctctc  
13441 acttcaacct ccctcaccat tggcagccta gcattagcag gaataccttt cctcacaggt  
13501 ttctactcca aagaccacat catcgaaacc gcaaacatat catacacaaa cgctgagcc  
13561 ctatctatta ctctcatcgc tacctccctg acaagcgcct atagcactcg aataattctt  
13621 ctcacctaa caggtcaacc tcgcttccc acccttacta acattaacga aaataacccc  
13681 accctactaa accccattaa acgcctggca gccggaagcc tattcgagc atttctcatt  
13741 actaacaaca tttccccgc atccccctc caaacaacaa tccccctca cctaaaactc  
13801 acagccctcg ctgtcacttt ctaggactt ctaacagccc tagacctca ctacctaacc  
13861 aacaaactta aataaaaatc cccactatgc acattttatt tctccaacat actcggatc  
13921 taccctagca tcacacaccg cacaatcccc tatctaggcc ttcttacgag ccaaacctg  
13981 cccctactcc tcctagacct aacctgacta gaaaagctat tacctaaac aatttcacag  
14041 caccaaatct ccacctccat catcacctca acccaaaaag gcataattaa actttacttc  
14101 ctctctttct tcttcccact catcctaacc ctactcctaa tcacataacc tattccccg  
14161 agcaatctca attacaatat atacaccaac aaacaatggt caaccagtaa ctactactaa  
14221 tcaacgcca taatcataca aagccccgc accaatagga tcctcccga tcaacctga  
14281 cccctctctc tcataaatta ttcagcttc tacactatta aagtttacca caaccaccac  
14341 cccatcatac tctttcacc acagcaccaa tcctacctcc atcgtaacc ccactaaac  
14401 actcaccaag acctcaacc ctgacccca tgctcagga tactcctca tagccatcgc  
14461 tgtagtatat ccaagacaa ccatcattcc ccctaaata attaaaaaa ctattaaccc  
14521 catataacct cccccaaat tcagaataat aacacaccg accacaccg taacaatcaa  
14581 tactaaacc ccataaatag gagaaggctt agaagaaaac ccacaaacc ccattactaa  
14641 acccactc aacagaaca aagcatacat cattattctc gcacggacta caaccagac  
14701 caatgatatg aaaaaccatc gttgtatttc aactacaaga acaccaatga cccaatagc  
14761 caaaattaac ccctaataa aattaattaa cactcattc atcgacctcc ccacccatc  
14821 caacatctcc gcatgatga acttcggctc actccttggc gcctgcctga tcctcaaat  
14881 caccacagga ctattcctag ccatgacta ctaccagac gcctcaaccg cttttctc  
14941 aatcgccac atcactcgag acgtaaatta tggctgaatc atccgctacc ttcacgcaa  
15001 tggcgcctca atattcttta tctgctctt cctacacatc gggcgaggcc tatattacgg  
15061 atcatttctc tactcagaaa cctgaaacat cggcattatc ctctgcttg caactatagc  
15121 aacagccttc ataggctatg tcctccctg aggccaaata tcattctgag gggccacagt  
15181 aattacaac ttactatccg ccatccata cattgggaca gacctagttc aatgaatctg  
15241 agggagctac tcagtagaca gtcccacct cacacgattc tttaccttc acttcattt  
15301 gcccttcatt attgcagccc tagcaacact ccacctccta ttcttgacg aaacgggatc

15361 aaacaacccc ctaggaaatca cctcccattc cgataaaatc accttccacc ctactacac  
15421 aatcaaagac gccctcggct tacttctctt ctttctctcc ttaatgacat taacactatt  
15481 ctcaccagac ctcctaggcg acccagacaa ttatacccta gccaacccct taacaacccc  
15541 tccccacatc aagcccgaat gatatttctt attcgcctac acaattctcc gatccgtccc  
15601 taacaaacta ggaggcgtcc ttgccctatt actatccatc ctcacccatg caataatccc  
15661 catcctccat atatccaaac aacaaagcat aatatttgc cactaagcc aatcacttta  
15721 ttgactccta gccgcagacc tcctcattct aacctgaatc ggaggacaac cagtaagcta  
15781 cccttttacc atcattggac aagtagcatc cgtactatac ttcacaacaa tcctaattct  
15841 aataccaact atctccctaa ttgaaaacaa aatactcaaa tgggcctgtc cttgtagtat  
15901 aaactaatac accagtcttg taaaccggag atgaaaacct tttccaagg acaaatcaga  
15961 gaaaaagtct ttaactccac cattagcacc caaagctaag attctaattt aaactattct  
16021 ctgttctttc atggggaagc agatttgggt accaccaag tattgactca cccatcaaca  
16081 accgctatgt atttcgtaca ttactgccag ccaccatgaa tattgtacgg taccataaat  
16141 acttgaccac ctgtagtaca taaaaaccca atccacatca aaaccccctc cccatgetta  
16201 caagcaagta cagcaatcaa ccctcaacta tcacacatca actgcaactc caaagccacc  
16261 cctcaccac taggatacca acaaacctac ccaccctaa cagtacatag tacataaagc  
16321 catttaccgt acatagcaca ttacagtcaa atcccttctc gtcccatgg atgaccccc  
16381 tcagataggg gtccttgac caccatcctc cgtgaaatca atatcccgca caagagtgt  
16441 actctcctcg ctccgggccc ataacacttg ggggtagcta aagtgaactg tatccgacat  
16501 ctggttccta cttcagggtc ataaagccta aatagccac acgttcccct taaataagac  
16561 atcacgatg

//

【付録 2】 ミトコンドリア DNA D-ループ領域の基準配列 (CRS: nt 16048 - 16569, 1 - 41; Anderson et al., 1981) およびフィリピン、インドネシア諸集団に見られた同領域の塩基配列 (Rep\_001 - Rep\_172)。

・基準配列

>CRS

```
GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACTACTCACCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC
CATEGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCATAAATAGCCACACAGTTCGCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC
```

・フィリピン、インドネシア諸集団に見られた D-ループ領域の塩基配列

>Rep\_001

```
GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACTACTCACCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC
CATEGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCATAAATAGCCACACAGTTCGCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC
```

>Rep\_002

```
GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACTACTCACCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC
CATEGATGACCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCATAAATAGCCACACAGTTCGCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC
```

GTCTATCACCTATTAACTCACCAGGAGCTC

>Rep\_003

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCCTATGTATTTTGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGAATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAACTCACCAGGAGCTC

>Rep\_004

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCCTATGTATTTTGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAACCCACATCAAAACCCCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAACTCACCAGGAGCTC

>Rep\_005

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCCTATGTATTTTGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CTCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAACTCACCAGGAGCTC

>Rep\_006

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCCTATGTATTTTGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTGACCACCTG

TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGGAAGTACAGGAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACCCGAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCAGATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_007

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGCACATAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCTCCCATGCTTACAAGGAAGTACAGGAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGTCA  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCAGATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_008

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGGAAGTACAGGAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCAGATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_009

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCTCCCATGCTTACAAGGAAGTACAGGAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCCC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACTCATCCTAACAGTACATAGCAGATAAAGCCATTTACCGTACATAGCAGATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGTCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_010

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACTACCCTCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTACGGGAGCTC

>Rep\_011

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACTACCCTCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTACGGGAGCTC

>Rep\_012

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACTACTACCCTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTACGGGAGCTC

>Rep\_013

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACTACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG



GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_014

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCTAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATGAAAACCCCAACCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGGACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_015

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAACCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCATCCTAACAGGACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_016

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_017

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCACAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATEGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAAGACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_018

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACCGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATEGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAAGACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_019

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CTCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATEGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAAGACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_020

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGCACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTACCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATEGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAAGACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGATCACAG

GTCCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_021

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CTCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_022

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCACAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAATACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_023

GGTCCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAATACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_024

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAATACTTGACCACCTG

TAGTACATAAAAACCTAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAAACCTACTACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGA  
GGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_025

GGTCCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATCTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAAACCTACCACCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_026

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTAGATTAGTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAAACCTACCACCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_027

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATATCAACAAACCTACCACCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_028

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATCTCGTACATTACTGCCAGACACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCAAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCATCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACCTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_029

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCAAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCCACCCACCCCTTAACAGGACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACCTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_030

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCAAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACCTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_031

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCAAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGGACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACCTTGG

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_032

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTTCTGACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGAATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAAGACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_033

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTTCTGACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCACAATACTTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAAGACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_034

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTTCTGACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATTAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAAGACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_035

GGTGCCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAAACTCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_036

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCACAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCTTAGCAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_037

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACTATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_038

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCCC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCATCTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCCTACTTCAGGGCCATAAAGTCTAAATAGCCACACAGTTCCCCCTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_039

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCGCATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATCTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCCTACTTCAGGGTATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCCCTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_040

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCGCATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACCGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCCCTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_041

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCGCATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCCCTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC



>Rep\_012

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCCTATGTATTTGAGATTACTGCCAGTCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACTACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_013

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCCTATGTATTTGAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCACAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_014

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCCTATGTATTTGAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACCCCAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_015

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCCTATGTATTTGAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCGCCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_046

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAACTTGGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CTCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATCGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_047

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTGGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATCGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_048

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAACTTGGACTACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCATAACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCCCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAACAGTACATAGGACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTGAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATCGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCTATCACCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_049

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACTACCTG  
TAGTACATAGAAACCAATCCACATCAAAATCCTCTCCCATGCTTTACAAGCAAGTACAGTAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_050

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGAAATACCAACAACCTACCCACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_051

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAACCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACCAGGATACCAACAACCTACCCATCCTTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_052

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCCATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATCTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_053

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTAGATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGGAAGCAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAGCAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATEGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_054

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTAGATAAAAAACCAACCCACATCAAAACCCCCCTCCCATGCTTACAAGGAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGCAGATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATEGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_055

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTAGATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGGAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCCC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCATCCTAACAGTACATAGCAGATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATEGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCATAAAGTCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_056

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGCACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGTCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCCACCCCTTAACAGCACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACCTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCCTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_057

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACCTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCCTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_058

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACCCCAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACTGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACCTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCCTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_059

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTACTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACTACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACCTTGG

GGGTAGCTAAAGTGAAGTCTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_060

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATTAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCTACTCCAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTCTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_061

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATTAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CTCTCAACCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTCTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGTCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_062

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAATCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATTAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTCTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGTCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_063

GGTGCCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGTCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCATCACCCCTATTAACCACTACGGGAGCTC

>Rep\_064

GGTACCACCCCAAGTACTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCATCACCCCTATTAACCACTACGGGAGCTC

>Rep\_065

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAATACTTGACCACCTG  
TAGCACATAAAAAACCCCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACCGCAACTCCAAAGTCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCACCCCTTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCATCACCCCTATTAACCACTACGGGAGCTC

>Rep\_066

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTATCCACTAGGATACCAACAACCTACTCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAAACACTTGG

GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_067

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAACTTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCGATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGAATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGCACAATAGAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTAAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_068

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCGATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACTCTTAACAGTACATAGCACAATAGAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTAAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_069

GGTGCCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTTGACTACTCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGCACAATAGAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTAAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC



>Rep\_070

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATCTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCATATCAAAACCCCTCCCGATGCTTACAAGGAAGTACAGGAATCAACCTCAACTATCACAGATCAACTGCAACTCCAAGCCAC  
CCCTCATCCATTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAATCCCTCCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGGTCCCTTAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_071

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCATATCAAAACCCCTCCCGATGCTTACAAGGAAGTACAGGAATCAACCTCAACTATCACAGATCAACTGCAACTCCAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACTCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAATCCCTTCTCGCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGGTCCCTTAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_072

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCATATCAAAACCCCTCCCTATGCTTACAAGGAAGTACAGGAATCAACCTCAACTATCACAGATCAACTGCAACTCCAAGCCAC  
CCCTCACCCATTAGGATACCAACAACCTACTCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGGTCCCTTAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_073

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCACAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCATATCAAAACCCCTCCCGATGCTTACAAGGAAGTACAGGAATCAACCTCAACTATCACAGATCAACTGCAACTCCAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGGTCCCTTAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCAGAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_074

GGTGCCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAACTCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCGCACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTTACCACCCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAACCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATECTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCAGAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_075

GGTGCCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAACTCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTTACCACCCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAGCCATCTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCCC  
ATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGGG  
GGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCAGAG  
TCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_076

GGTGCCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAACTCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTTACCACCCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAGCCATCTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCAGAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_077

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAAACCCCTCCCGATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATCTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATCGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_078

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCGATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CTCTCAACCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATCGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_079

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCGATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGAATACCAACAACCTACCCACCCTTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATCGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_080

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCCATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCGATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CTCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATCGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_081

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCCCCCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGAATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_082

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCCCCCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGAATATCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_083

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCACCCCTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_084

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAACACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCAAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACCGGAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_085

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCAAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACTCACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_086

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCAAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_087

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAAACTTGACTACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCAAATCCACATCAACCCCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAGTGAAGTTCGAAAGCCAC  
CCCTCCCCCTAGGATACCAACAACCTACCACCCCTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTGACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG

GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_088

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCAAATCGACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATECCCGACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_089

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCAAATCGACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGAATATCAACAACCTACCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATECCCGACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_090

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCAAATCGACATCAAAACCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCCC  
CCCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCATECTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCC  
CCATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATECCCGACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGTCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACA  
GGTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_091

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
CAGTACATAAAAAACCAACCCACATCAAAAACCCCTCCCGATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGCACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_092

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATCTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCGATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_093

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAACCCACATCAACCCCTCCCGATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CTCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_094

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACTATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCGATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCGACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_095

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTCTGACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAATACTTGACCACCTG  
TAGCAGATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGTCAC  
CCCTCATCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCGACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_096

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTCTGACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACTCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGTACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCGACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_097

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTCTGACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCATAACATCAACTGCAACTCCAAAGCCCC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCATECTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGTCTAAATAGCCGACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC



>Rep\_098

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGTTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTAACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCATATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCACTATCCGACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCACCCCTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGAGCCCATAAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGTCTAAATAGCCACAGGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_099

GGTGCACCCCAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGTTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACTACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCATCAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCTAAATAGCCACAGGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_100

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGTTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCTAAATAGCCACAGGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_101

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGTTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTCGACTACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGCACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAGTCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCCCCCTAGGATACCAACAACCCACCCCTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTGCAAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCTAAATAGCCACAGGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG

GGGTAGCTAAAGTGAAGTACTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCCCTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_102

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCACAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCTCAACTATCACACATCAACTGTAACCTCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTACTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCCCTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_103

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACTCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTACTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCCCTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_104

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAATACTTGACTACCTG  
TAGTACATAGAAAACCCCAATCCACATCAAAATCCTCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGTAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGCACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTACTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCCCTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_105

GGTGCCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACTACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAATCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCGCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTACGGGAGCTC

>Rep\_106

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAGCCAC  
CCCTCAACCACTAGGATACCAACAACTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCGCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTACGGGAGCTC

>Rep\_107

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGATCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACGCATCAACTGCAACTCCAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATATCAACAACTACCCACTCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCGCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTACGGGAGCTC

>Rep\_108

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAAACCCCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAGCCAC  
CCCTCGCCCACTAGGATACCAACAACTACCCACCCCTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCGCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCCCTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_109

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTCTGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAGCTCCAAAGCCAC  
CTCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCCCTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_110

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTCTGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTCGACTACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAGCTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCCCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTGAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCCCTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_111

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTCTGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAGCTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACGTTCCCCCTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_112

GGTACCACCCAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCAGCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATCTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCAGGGGAGCTC

>Rep\_113

GGTACCACCCAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCCACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCAGGGGAGCTC

>Rep\_114

GGTACCACCCAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGCACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCTCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGTCAC  
CCCTCAGCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCAGGGGAGCTC

>Rep\_115

GGTACCACCCAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCAACCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG

GGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_116

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTACTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_117

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGCACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTACCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCAATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_118

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_119

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCTCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGAAATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_120

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCACAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCTCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATAGCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_121

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATTAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCTCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTACCCATTAGGATACCAACAACCTACTCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_122

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCACAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCTCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATECTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_123

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACTCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCACAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_124

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACTCTTAAAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_125

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGGGTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC



>Rep\_126

GGTGCCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCGCCCTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_127

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAATAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCGCCCTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_128

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGGACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGTCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGGACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCGCCCTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_129

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATTTGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACAATTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACCCGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCGCCCTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_130

CGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCCG  
TAGTACATATAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CTCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_131

CGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGCACCACAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATATAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_132

CGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTACTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGCACATATAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_133

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTTCTGACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACTCTTAAAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGGCATAAAGCCTAATAAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_134

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTTCTGACATTACTGCCAGCCACCATGAATATCGTACGGTACCATAAACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGTAAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCCC  
ATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATGACACTTGGG  
GGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGGCATAAAGCCTAATAAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
TCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_135

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTTCTGACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCACTCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGGCATAAAGCCTAATAAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_136

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTTCTGACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCACTCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CTCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCCCCCTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTACCGGAGCTC

>Rep\_137

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CTCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCCCCCTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTACCGGAGCTC

>Rep\_138

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTACTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCATCTTAACAGCAGATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCCTAAATAGCCACACAGTTCCCCCTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTACCGGAGCTC

>Rep\_139

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCTCCCATCAACAACCCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACAATTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CTCTCAACCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCTAAATAGCCACACAGTTCCCCCTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTACCGGAGCTC

>Rep\_140

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCAGATCAAAACCCCTCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACAGATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCACCTAGGATACCAACAACCCACCCACCCCTTAAACAGGACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTTGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCGACAGGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_141

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCAACCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCAGATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACAGATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CTCTCACCACCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCGACAGGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_142

GGTGCACCCAAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCAGATCAAAACTCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACAGATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCACCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAACAGGACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAGAGCCTAAATAGCCGACAGGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATCGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_143

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCAGATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACAGATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CTCTCACCACCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAATACTTGG

GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCAGGGAGCTC

>Rep\_144

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGTCAC  
CCCTCACCCACTAGAAATATCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGCGACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAGAGTGTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCAGGGAGCTC

>Rep\_145

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAACCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATAGCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAGAGTGTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCAGGGAGCTC

>Rep\_146

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTAGATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCAACCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATAGCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAGAGTGTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCAGGGAGCTC

>Rep\_147

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTACTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAAGCCAC  
CTCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATCGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_148

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAACCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGCAGATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATCGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_149

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCGACTGCAACTCCAAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATCGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_150

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCATCAACAACCCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGAATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAACACTTGG

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCATTAAACCACTACGGGAGCTC

>Rep\_151

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAACAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCATTAAACCACTACGGGAGCTC

>Rep\_152

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGCACAATAAAAACCCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGTCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCACCCCTTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCATTAAACCACTACGGGAGCTC

>Rep\_153

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATCTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAACAATTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACCCGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCATTAAACCACTACGGGAGCTC



>Rep\_154

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGCACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAMATAGCCACACAGTTCCCCCTTAAATAAGACATCACGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_155

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCACAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAMATAGCCACACAGTTCCCCCTTAAATAAGACATCACGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_156

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTACACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGTGCATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAMATAGCCACACAGTTCCCCCTTAAATAAGACATCACGGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_157

GGTACCACCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CTCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG

GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAGCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_158

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTCGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCAAACCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGCACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCATCCTTAAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATECCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAGCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_159

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTCGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCAAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCGAAAGCCAC  
CTCTACCCATTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATECCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAGCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_160

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCAGCCATCAACAACCCGCTATGTATTCGGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCAAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACCCGAACTCGAAAGCCAC  
CCCTACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCACCCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATECCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACAGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAGCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_161

GGTACCACCCCAAGTATTGACTACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGCACATAAAAACCCAATCCACATCAAAATCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTGCAAAAGTCAT  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATEGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATACCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_162

GGTACCACCCCAAGTATTGACTACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGCACATAAAAACCCAACCCACATCAAAATCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTGCAAAAGTCAT  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATEGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATACCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_163

GGTACCACCCCAAGTATTGACTACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAACCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTGCAAAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATEGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGGATCACAG  
GTCTATACCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_164

GGTACCACCCCAAGTATTGACTACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAACCTCAATCCACATCAAAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACCCCAAGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATEGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTAAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCATAAACAATTGG

GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCAGAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCAGGGAGCTC

>Rep\_165

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCAGACATCAACTGCAACTCCAAAGTCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACTCACCCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGAGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCAGAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCAGGGAGCTC

>Rep\_166

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGACCACCTG  
TAGGACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCAGACATCAACTGCAACTCCAAAGTCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCTTAACAGCACATAGTACATAGAGCCATTTACCGTACATGGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCAGAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCAGGGAGCTC

>Rep\_167

GGTACCACCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCGCTATGTATTTGCTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAACACTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTCAACTATCAGACATCAACCCGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTGATCCGACATCTGGTTCCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACCATGGATCAGAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCAGGGAGCTC

>Rep\_168

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAACTTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACCCGCAACTCCAAGGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGTCCC  
CATEGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_169

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAACTTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAGGCCAC  
CCCTCACCCTAGGATACCAACAAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATEGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_170

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAAACTTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAACCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAGGCCAC  
CCCTCGCCCTAGGATACCAACAAACCTACCCACCCCTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATEGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAAGTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTATAAAGCCATAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCACGATGATCACAG  
GTCTATCACCCCTATTAAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_171

GGTACCACCCAAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCGCTATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAAAACTTTGACCACCTG  
TAGTACATAAAAAACCCCAATCCACATCAAAACCCCTCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAATCAGCCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAGGCCAC  
CCCTCACCCTCAGGATACCAACAAACCTACCCATCCTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCTTCTCGCCCC  
CATEGATGACCCCCCTCAGATAGGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGGCCCATAACTTTGG

GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCAGAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC

>Rep\_172

GGTACCACCCCAAGTATTGACTCACCCATCAACAACCCCTATGTATCTCGTACATTACTGCCAGACACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTAACCATCTG  
TAGTACATAAAAAACCAATCCACATCAAAACCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGCACAGCAATCAACCTTCACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCAC  
CCCTCACCCACTAGGATACCAACAACCTACCCACCCCTTAACAGCACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAAACCCCTTCTGTCCC  
CATGGATGACCCCCCTCAGATAGGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAATCAATATCCCGCACAAAGAGTGCTACTCTCCTCGCTCCGGCCCATAAACACTTGG  
GGGTAGCTAAAGTGAACGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGTCATAAAGCCTAAATAGCCACACGTTCCCTTAAATAAGACATCAGGATGGATCAGAG  
GTCTATCACCCCTATTAACCACTCACGGGAGCTC