

Rapport de projet

Clonalité de *Saprolegnia parasitica*, le parasite des poissons du Doubs

Christophe Paul, Lassaâd Belbahri

2012

Sur mandat de l'Office fédéral de l'environnement (OFEV)

Mentions légales

Mandant: Office fédéral de l'environnement (OFEV), division Espèces, Ecosystèmes, Paysages, CH-3003 Berne

L'OFEV est un office du Département fédéral de l'environnement, des transports, de l'énergie et de la communication (DETEC)

Mandataire: Laboratoire de biologie du sol, Université de Neuchâtel

Auteurs: Christophe Paul, Lassaâd Belbahri

Accompagnement OFEV: Daniel Hefti

Remarque: Le présent rapport a été réalisé sur mandat de l'OFEV. Seul le mandataire porte la responsabilité de son contenu

Résumé

L'épidémie qui touche les poissons du Doubs et de la Loue depuis 2009 suscite de nombreuses inquiétudes mais n'a toujours pas été élucidée. Plus alarmant : en 2011, des poissons présentant des symptômes similaires ont été observés dans la Sorne, une rivière non connectée au Doubs. Des analyses préliminaires ont été réalisées sur une souche provenant d'un ombre malade du Doubs. Les résultats ont permis de pointer du doigt un oomycète appartenant au complexe d'espèces *Saprolegnia diclina/S. parasitica/S. salmonis* (ci-après *Saprolegnia parasitica* s.l.), dont certains représentants sont des pathogènes extrêmement virulents.

Afin d'en savoir plus, des prélèvements ont été réalisés dans les trois rivières. Une collection de souches de *Saprolegnia* spp. a été constituée, à partir de poissons malades mais également à partir d'échantillons d'eau de la rivière. Nous avons mis en place une stratégie en deux étapes. La première a consisté à vérifier l'identité du pathogène et à s'assurer qu'un seul et même pathogène s'attaque aux différentes espèces de poissons. L'identification s'est faite par séquençage des amplicons ITS-rARN and 18S-rARN. Dans la deuxième étape, nous nous sommes intéressés à la diversité génétique du pathogène afin d'en évaluer la clonalité. En d'autres termes, s'agit-il d'un pathogène résident ou introduit ? Nous avons opté pour une approche par MLST (« MultiLocus Sequence Typing »), une méthode moléculaire basée sur la comparaison de plusieurs gènes de ménage.

Les résultats sont clairs : la quasi-totalité des poissons malades échantillonnés (19/20) étaient infectés par *Saprolegnia parasitica* s.l., que l'on considérera donc comme la souche pathogène. Il s'agit de la même souche dans les trois rivières, indiquant ainsi que *S. parasitica* s.l. s'est étendue à une rivière non connectée au Doubs. Nous avons pu identifier 3 espèces de poissons sensibles, appartenant à 2 familles différentes. L'analyse de la diversité génétique de cette souche (MLST) a mis en évidence son caractère clonal, suggérant ainsi une introduction récente dans la région. L'origine de cette souche et son vecteur restent à déterminer. Une autre population de *Saprolegnia* sp. a également été mise en évidence. Celle-ci n'a pas pu être reliée à une espèce connue. Elle semble peu virulente, n'ayant été détectée que sur un poisson malade, et sa variabilité génétique laisse penser qu'il s'agit d'une population résidente, établie dans la région depuis longtemps.

Pour la suite du travail, nous suggérons des mesures telles que la planification d'un échantillonnage à large échelle, la mise au point d'un test de détection spécifique, le séquençage complet du génome de *S. parasitica* s.l. ou encore l'identification de son vecteur d'introduction.

1. Introduction

1.1. Contexte

Depuis 2009, un taux de mortalité anormalement élevé est observé parmi les poissons du Doubs et de la Loue. Cette hécatombe frappe principalement les truites (*Salmo trutta*) et les ombres (*Thymallus thymallus*). Les individus touchés présentent tous des symptômes similaires : des taches blanchâtres (mycoses) sur différentes parties du corps (fig.1).

Des analyses préliminaires, réalisées à partir d'une lésion sur un ombre malade, ont pointé du doigt un oomycète du genre *Saprolegnia*. Ces analyses moléculaires, basées sur le séquençage de l'espaceur interne transcrit (ITS-rARN) indique que cette souche est étroitement apparentée au complexe d'espèces *S. diclina/S. parasitica/S. salmonis*. Ce groupe d'organisme compte dans ces rangs des souches particulièrement virulentes ; une étude précédente relate qu'en présence d'un nombre élevé de spores, les taux de mortalité de différents salmonidés (dont *Salmo trutta*) de 90 à 100%, selon la souche du pathogène et/ou l'espèce hôte (Hussein and Hatai 2002).



Figure 1: Lésions de types mycoses sur différents poissons atteints de la maladie.

Dès 2009, l'épidémie touche le Doubs et la Loue, deux rivières connectées de l'arc jurassien. Mais en 2011 des poissons présentant les mêmes symptômes ont été observés dans la Sorne, une rivière totalement déconnectée du Doubs, suggérant ainsi une propagation de l'épidémie. Tout inquiétant qu'ils soient, ces résultats préliminaires étaient loin d'être suffisants pour asseoir le rôle prépondérant de *S. parasitica* s.l. dans cette épidémie. De plus il n'était pas encore clair si un seul et même pathogène s'attaquait aux différentes espèces de poissons ou si différents pathogènes étaient impliqués. D'où la nécessité d'une étude basée sur un échantillonnage aussi large que possible, comprenant des individus de différentes espèces de poissons touchés.

1.2. Objectifs

L'étude s'est divisée en deux parties principales, la première se concentrant sur l'identité du pathogène. Il s'agissait dans un premier temps de s'assurer que *Saprolegnia parasitica* s.l. était bien le pathogène principal présent chez les poissons malades ou si d'autres pathogènes étaient impliqués. La question de savoir si différents pathogènes s'attaquaient aux différentes espèces de poissons a également été examinée. Une ébauche de liste des espèces sensibles a été établie en fonction des cas d'infection reportés et des prélèvements pouvant être réalisés. Pour chaque souche isolée, nous avons séquencé les amplicons ITS-rARN et 18S-rARN, des marqueurs couramment utilisés. Chaque amplicon généré a été soumis à un séquençage bidirectionnel et comparé aux bases de données internationales pour identification.

Dans la deuxième partie de l'étude nous nous sommes intéressés à la variabilité génétique des populations de *S. parasitica* s.l. dans le Doubs, la Loue et la Sorne. Le but était d'évaluer la clonalité de *S. parasitica* s.l. Cet aspect-là de l'étude est primordial afin de déterminer si le pathogène est résistant ou s'il a été introduit. En effet une variabilité génétique importante de la population de *S. parasitica* s.l. indiquerait que le pathogène est établi de longue date dans la région alors qu'une

population clonale plaiderait pour une introduction récente. Pour cette analyse nous avons opté pour la MLST, une technique moléculaire largement répandue.

2. Matériel et méthodes

2.1. Collection de souches

Entre avril et décembre 2011, une collection d'isolats de *Saprolegnia* spp. a été constituée, à partir de poissons malades ou d'eau de la rivière (tab.1). Les souches prélevées sur des poissons malades l'ont été à partir d'individus encore vivants, pour éviter la présence de pathogènes secondaires opportunistes. Les souches isolées à partir d'eau de la rivière l'ont été par « baiting ». Cette méthode consiste à utiliser un appât sensible à l'organisme recherché pour provoquer la germination de ses spores et son développement. Des feuilles de rhododendron (l'appât) ont donc été plongées dans des échantillons d'eau de la rivière. Des fragments de tissus infectés ont ensuite été prélevés et déposés sur boîte de Petri pour isoler les oomycètes.

Tableau 1 : Collection de souche de *Saprolegnia* spp. constituée pour cette étude.

Nom code	Identif Moléculaire	Poisson infecté	Date prélèvement	Lieu de prélèvement
blessures				
Doubs				
D1	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Thymallus thymallus</i>	17.04.11.	La roche plate (Chx-de-Fds)
D2	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Thymallus thymallus</i>	17.04.11.	La roche plate (Chx-de-Fds)
D3	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Thymallus thymallus</i>	17.04.11.	La roche plate (Chx-de-Fds)
D4	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	26.09.11.	Bonaparte (Chx-de-Fds)
D5	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	26.09.11.	Bonaparte (Chx-de-Fds)
D6	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	12.05.11.	Goumois
Loue				
P1	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	08.08.11.	Ornans
P2	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	25.11.11.	Ornans
P3	<i>Saprolegnia</i> sp.	<i>Salmo trutta</i>	25.11.11.	Ornans
P4	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	25.11.11.	Ornans
P5	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	25.11.11.	Ornans
P6	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	25.11.11.	Ornans
P7	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	25.11.11.	Ornans
P8	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	25.11.11.	Ornans
P9	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Barbatula barbatula</i>	25.11.11.	Ornans
Sorne				
T1	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	14.11.11.	Delémont
T5	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	14.11.11.	Delémont
T7	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	14.11.11.	Delémont
T8	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	14.11.11.	Delémont
T10	<i>Saprolegnia parasitica</i>	<i>Salmo trutta</i>	14.11.11.	Delémont
baiting (Doubs)				
S1.2	<i>Saprolegnia</i> sp.		01.06.11.	La Goule (Le Noirmont)
S2.2	<i>Saprolegnia</i> sp.		01.06.11.	Goumois
S2.6	<i>Phytophthora</i> sp.		01.06.11.	Goumois
S3.2	<i>Phytophthora</i> sp.		01.06.11.	Soubey
S3.3	<i>Phytophthora</i> sp.		01.06.11.	Soubey
S3.5	<i>Phytophthora</i> sp.		01.06.11.	Soubey

2.2. MLST (« MultiLocus Sequence Typing »)

La MLST est une technique de biologie moléculaire qui permet d'estimer la diversité génétique globale de différents isolats. Elle consiste à caractériser des isolats (bactéries ou eucaryotes) par l'utilisation de séquences d'ADN de plusieurs gènes de ménage. On utilise généralement des fragments internes de 450-500 pb pour chaque gène. Pour chaque locus (gène), les différentes séquences déterminent des allèles distincts et pour chaque isolat les allèles des différents loci définissent un profil allélique. Cette méthode permet un typage hautement reproductible et discriminant de différents isolats, dans notre cas de *Saprolegnia parasitica* s.l.

En se basant sur les données disponibles, notamment le génome de la souche CBS 223.65 de *Saprolegnia parasitica*, nous avons développé des amores pour 4 gènes de ménage : la bêta tubuline, facteur d'elongation 1 alpha, NADH déshydrogénase sous-unité 1 et cytochrome c oxydase sous-unité 1. La bêta tubuline et le facteur d'elongation 1 alpha sont des gènes nucléaires alors que la NADH déshydrogénase sous-unité 1 et la cytochrome c oxydase sous-unité 1 sont des gènes mitochondriaux. Nous avons également développé des amores pour un facteur de virulence, la protéase aspartique (tab.1). Les différentes paires d'amores ont bien fonctionné, les PCR produisant des amplicons de la longueur escomptée. Nous avons ensuite procédé au séquençage de ces amplicons. Notre stratégie a donc été validée.

Tableau 2 : Amores développées pour les différents gènes sélectionnés pour l'analyse par MLST.

Gènes amplifiés	Couples d'amores	Longueur de l'amplicon
Bêta tubuline	BT-f: CAACGCCACGCTCTCGG BT-r: CCGAGACGCGCTTGAACAT	599 pb
Facteur d'elongation 1 alpha	Elf1-f: GTCGTTCAAGTACGCCCTGGGT Elf1-r: GACCATGCCGGGCTTGA	638 pb
NADH déhydrogenase sous-unité 1	NADH1-f: CCTAATGTTAGGTACTTTTGG NADH1-r: GAAACTAATTCAAGCTTCAGCTT	524 pb
Cytochrome c oxydase sous-unité 1	Cos1-f: CAGGTGTAGTTGGTACAACCTTA Cos1-r: TGAAGTATTAAATTCTATCAGTTAATA	584 pb
Cytochrome c oxydase sous-unité 1	Cyt1-f: AACCTGGAAATCAAATTGGGG Cyt1-r: ATCACCTCCACCTGAAGGATCA	560 pb
Protéase aspartique	ProAs-f: ACAAGCACTACAACCACAGCCTCT ProAs-r: ATGAGGTACTCGCCCCATGATGA	571 pb

2.3. Culture et méthodes moléculaires

Les souches ont été cultivées sur un milieu V8 15% contenant pour 1 litre : 150 ml de jus V8 (Campbell Soup Co.), 1.5 g de CaCO₃, 15 g d'agar, 850 ml d'eau désionisée. Nous y avons ajouté des antibiotiques : 5 mg de pimaricine, 250 mg d'ampicilline, 10 mg de rifamycine et 50 mg de PCNB (Pentachloronitrobenzène).

L'ADN a été extrait avec la méthode « guanidine thiocyanate » (Chomczynski and Sacchi 2006). Les PCR ont été réalisés selon les protocoles présentés en annexe (1.1 et 1.2). Les produits PCR ont été purifiés en utilisant des microplaques Millipore multiscreen PCR μ96 (Merck Millipore), séquencés avec « BigDye™Terminator V3.1 Cycle Sequencing Kit » (Applied Biosystems) et purifiés avec le kit « Performa™DTR V3 96-Well Short Plates » (EdgeBio). Les séquences ont été analysées avec un appareil ABI 3100.

2.4. Construction des arbres phylogénétiques

Les différents alignements ont été réalisés à l'aide du programme « BIOEDIT 7.0.9 sequence alignment editor » (Hall) et affinées manuellement. Les séquences disponibles pour les gènes sélectionnés ont été téléchargées sur GenBank depuis le site web de taxonomie du centre national d'information sur la biotechnologie (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Les séquences ont été sélectionnées par affinité en utilisant « BLAST » (Altschul, Madden et al. 1997), parmi tous les genres d'oomycètes les plus importants pour lesquels des séquences étaient disponibles.

Pour les séquences 18S-rARN, deux arbres ont été produits. Pour le premier, tous les genres d'oomycètes les plus importants ainsi que d'autres straménopiles ont été intégrés (=18S-rARN/Oomycètes). *Developayella*, *Pirsonia* et des hyphochytrides plus des séquences environnementales ont été choisis pour enracer l'arbre, comme proposé précédemment (Lara and Belbahri 2011). Le deuxième arbre cible la « galaxie » des Saprolegniales (=18S-rARN/Saprolegniales), un des deux groupes principaux (mais non officiels) d'oomycètes avec la « galaxie » des Péronosporales (Sparrow 1976). *Chlamydomyzium* sp., *Atkinsiella dubia*, *Apodachlya brachynema* et d'autres séquences environnementales ont été choisis pour enracer l'arbre. Ce choix s'est basé sur les résultats du premier arbre et l'indissociabilité de ces souches dans le deuxième arbre.

Pour les gènes ITS-rARN, bêta tubuline, facteur d'elongation 1 alpha et cytochrome oxydase sous-unité 1, les arbres présentent uniquement le genre *Saprolegnia*, enracinés avec le genre *Aphanomyces*. Ce dernier a été choisi car il constitue le clade-sœur du clade comprenant les genres *Saprolegnia* et *Achlya* (Lara and Belbahri 2011). Pour le gène de la NADH déshydrogénase, l'arbre présente également le genre *Saprolegnia*. Aucune séquence n'étant disponible pour *Aphanomyces* spp., nous avons pris deux espèces appartenant à la « galaxie » des Péronosporales pour enracer l'arbre : *Pythium macrosporum* et *Phytophthora polonica*.

Les zones ambiguës, c'est-à-dire dont l'alignement n'est pas certain, n'ont pas été prises en compte pour les analyses phylogénétiques. Le nombre de positions retenues pour les différentes analyses est de 1563 pour le 18S-rARN/Oomycètes, 1436 pour le 18S-rARN/Saprolegniales, 526 pour l'ITS-rARN, 565 pour la bêta tubuline, 567 pour le facteur d'elongation 1 alpha, 534 pour la cytochrome oxydase sous-unité 1, et de 491 pour la NADH déshydrogénase sous-unité 1. Les arbres ont été construits par la méthode du maximum de vraisemblance (« maximum likelihood ») avec un modèle GTR+G+I de substitution de nucléotides (Rodriguez, Oliver et al. 1990) en utilisant le programme RAxML (Stamatakis, Hoover et al. 2008). Les valeurs de "bootstrap" ont été calculées sur 1000 répétitions. Celles inférieures à 70% ne sont pas indiquées sur les arbres pour des raisons de clarté.

3. Résultats et discussion

3.1. Identification moléculaire des souches collectées

Toutes les séquences obtenues à partir de souches isolées sur des poissons malades ainsi que certaines obtenues par « baiting » correspondent au genre *Saprolegnia* ; elles sont réparties en deux groupes distincts (fig.2 et 3). Le premier comprend la majorité des souches (19/22) et correspond au complexe *Saprolegnia parasitica* s.l. Toutes ces souches proviennent de poissons malades. Elles ont été prélevées dans les trois rivières, sur des ombres communs (*Thymallus thymallus*), des truites farios (*Salmo trutta*) et une loche commune (*Barbatula barbatula*). Ces trois espèces de poissons infectées appartiennent à deux familles différentes : les salmonidés pour *Thymallus thymallus* et

Salmo trutta, et les balitoridés pour *Barbatula barbatula*. On considérera donc qu'il s'agit de la population pathogène.

Le deuxième groupe comprend trois souches, une prélevée sur un poisson malade et les deux autres isolées par « baiting » à partir d'eau du Doubs. Bien que les arbres phylogénétiques basés sur les séquences 18S et ITS les regroupent avec d'autres espèces de *Saprolegnia* (fig.2 et 3), la comparaison avec les bases de données internationales démontre qu'elles ne correspondent à aucune espèce connue, ou du moins séquencée (données non présentées). On considérera qu'il s'agit de population résidente de *Saprolegnia* sp.

A noter que des comycètes appartenant à d'autres genres que *Saprolegnia* ont pu être isolés à partir d'échantillons d'eau (« baiting ») mais ne sont pas présentés sur les figures 2 et 3 ; ils correspondent au genre *Phytophthora* (annexe 2.1) Par contre, toutes les souches isolées à partir de poissons malades appartiennent au genre *Saprolegnia* et sont présentées ici.

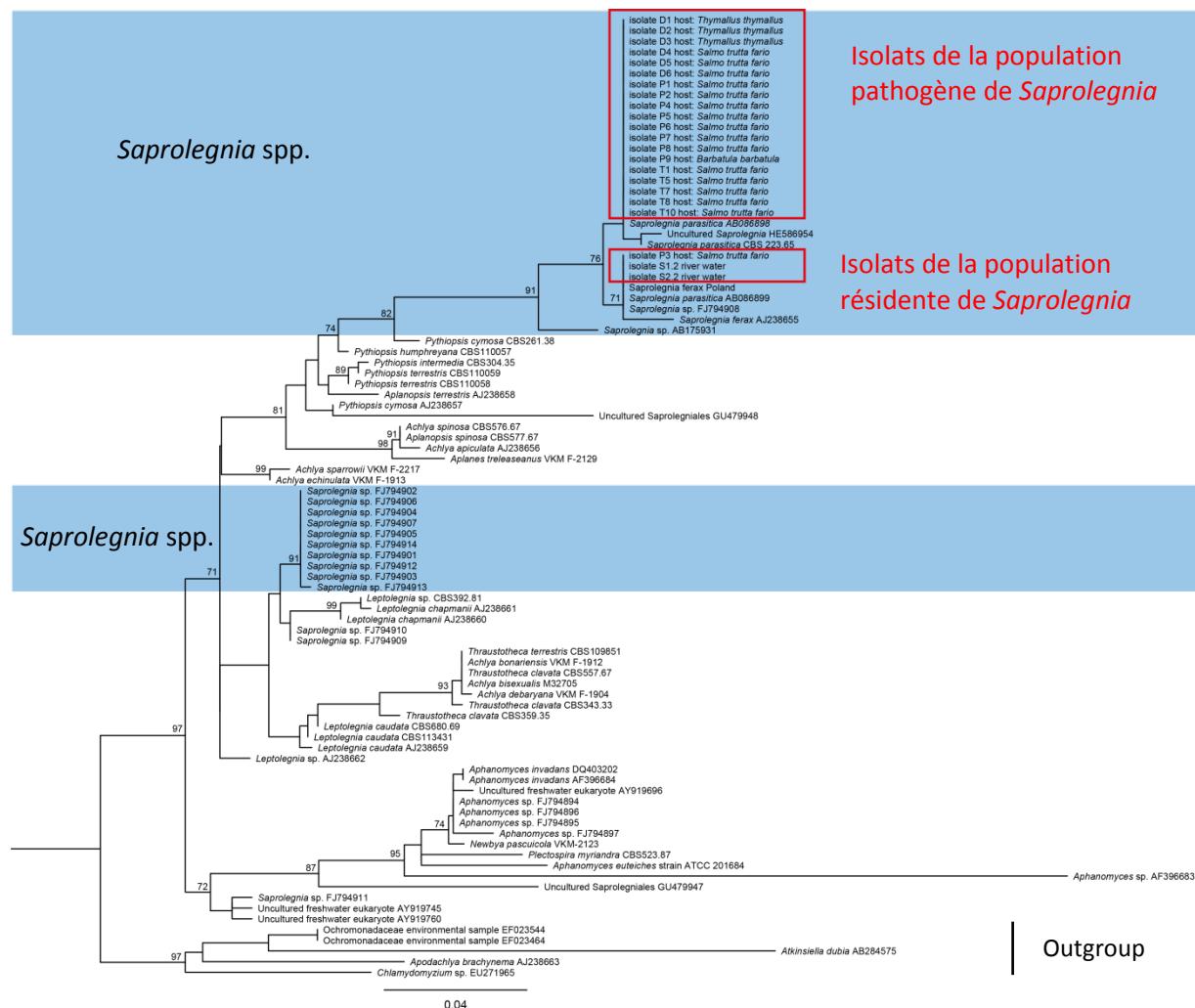


Figure 2 : Position phylogénétique des isolats de *Saprolegnia* spp. du Doubs, de la Loue et de la Sorne, basée sur les séquences du gène 18S-rARN. « Galaxie » des *Saprolegniales* (18S-rARN/Saprolegniales).

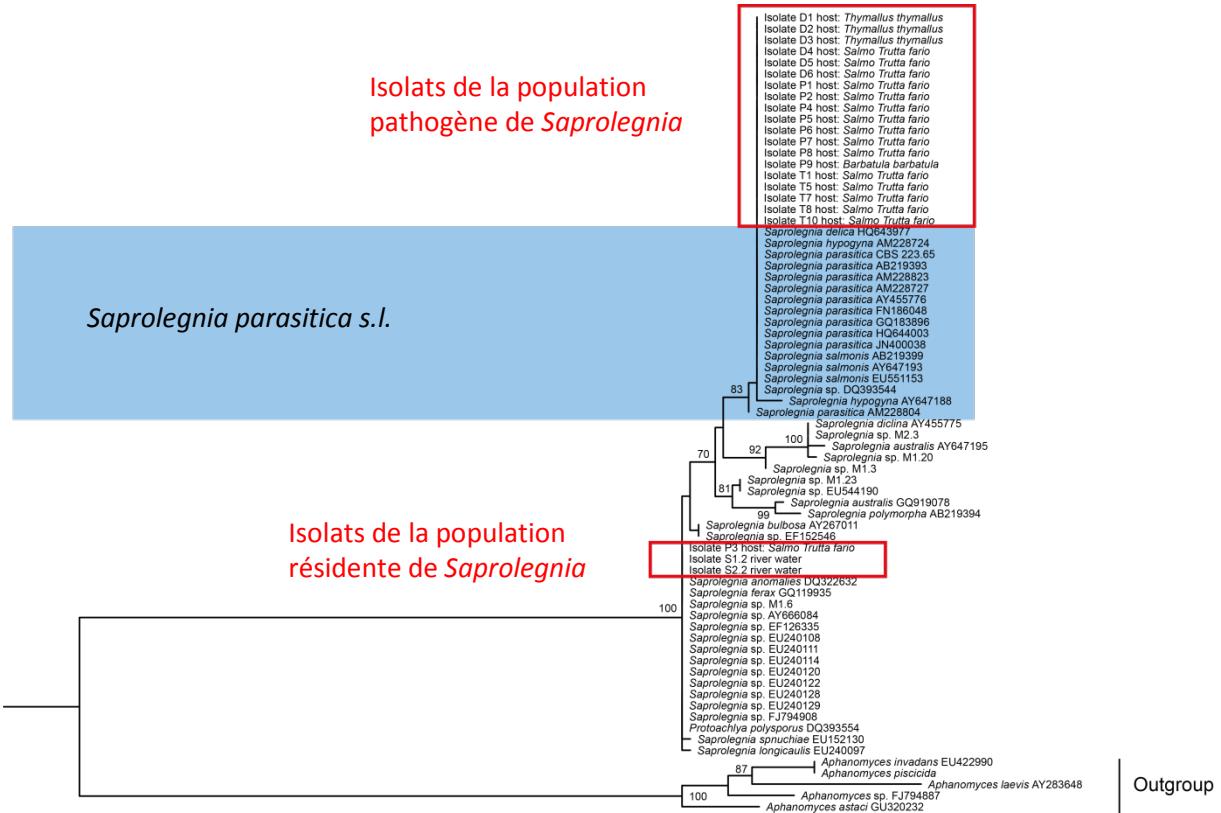


Figure 3 : Position phylogénétique des isolats de *Saprolegnia* spp. du Doubs, de la Loue et de la Sorne, basée sur les séquences du gène ITS-rARN. Genre *Saprolegnia*.

3.2. Caractérisation de *Saprolegnia parasitica* s.l., la souche pathogène du Doubs

Les séquences obtenues à l'aide des amores pour les différents gènes sélectionnés montrent un taux de variabilité extrêmement faible. Le super arbre basé sur les séquences concaténées des quatre gènes de ménage illustre parfaitement l'homogénéité de la population de *Saprolegnia parasitica* s.l., seule la souche P6 se démarquant des autres (fig.4). De plus, à l'exception de 3 souches de la Loue, qui présentent quelques rares mutations pour certains des gènes ciblés, il n'y a aucune variabilité dans les séquences des populations du Doubs, de la Loue et de la Sorne. Ainsi, on ne distingue que 4 types alléliques différents, et 16 des 19 souches analysés sont identiques (tab.3). La population peut donc être considérée clonale. Ces résultats suggèrent une introduction récente de *S. parasitica* s.l. dans le Doubs, la Loue et la Sorne.

A noter que les résultats du séquençage du gène de la protéase aspartique (ProAs) n'ont pas été intégrés à la MLST et ne sont pas présentés ici ; le nombre de sites ambigus, pour lesquels deux bases sont possibles est trop important. Les amores ou le séquençage ne sont pas en question, les chromatographies étant d'extrêmement bonne qualité. Nous avons probablement à faire à des hétérozygotes. Un clonage-séquençage permettrait de s'en assurer.

Tableau 3 : Type allélique des différents isolats de *Saprolegnia parasitica* s.l. du Doubs, de la Loue et de la Sorne. L'abréviation n/d correspond aux séquences non disponibles, dont le séquençage n'a pas marché. En gris, les types alléliques variables.

	Bêta tubuline	Facteur d'elongation	Cytochrome c oxydase	NADH déshydrogénase	Type allélique
D1	1	1	1	1	1
D2	1	1	1	1	1
D3	1	1	1	n/d	1
D4	1	1	1	1	1
D5	1	1	1	n/d	1
D6	1	1	1	n/d	1
P1	1	1	1	1	1
P2	1	1	1	1	1
P4	1	1	1	1	1
P5	1	1	1	1	1
P6	2	2	2	1	2
P7	1	1	1	2	3
P8	1	1	1	3	4
P9	1	1	1	1	1
T1	1	1	1	1	1
T5	1	1	1	1	1
T7	1	1	1	1	1
T8	1	1	1	1	1
T10	1	1	1	1	1

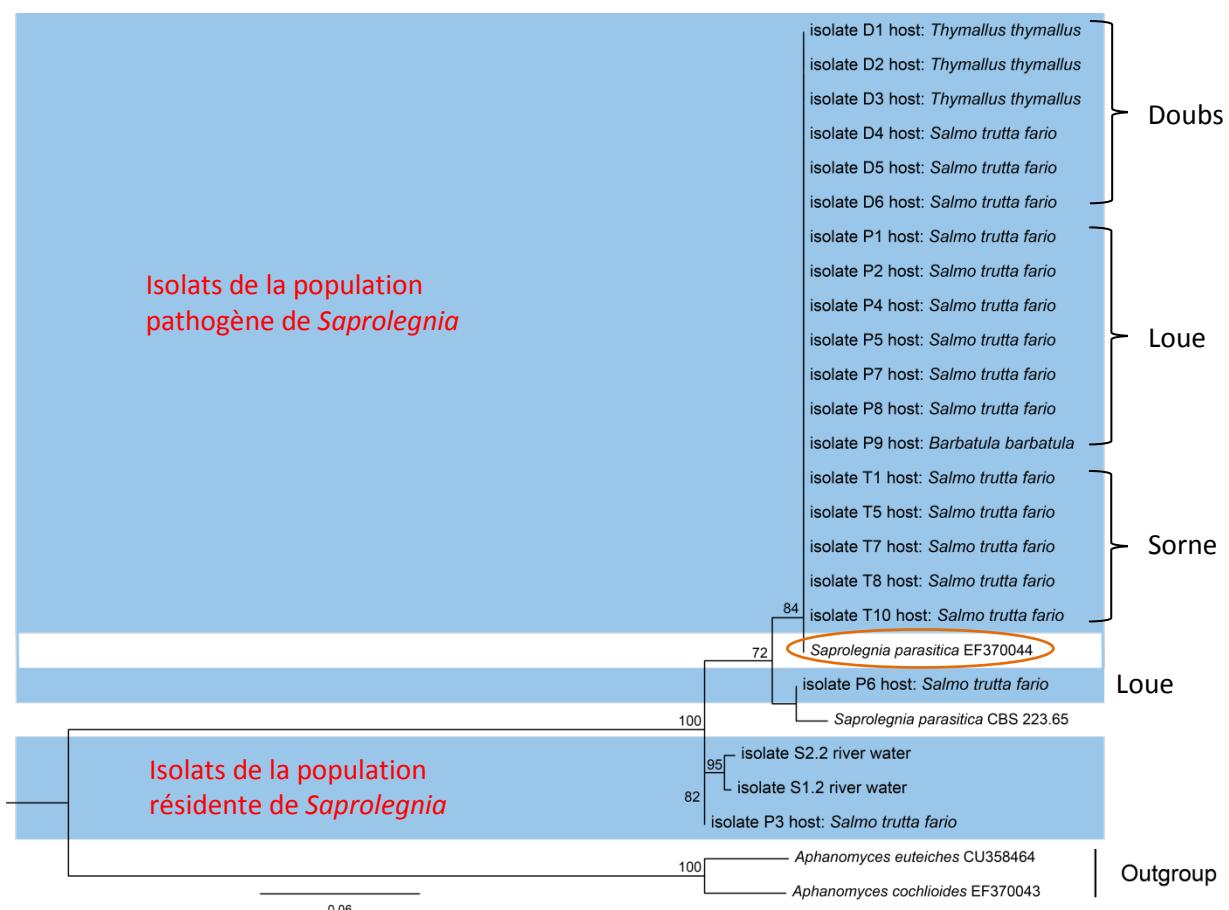


Figure 4 : Super arbre montrant la position phylogénétique des isolats du Doubs de *Saprolegnia* spp. du Doubs, de la Loue et de la Sorne, basé sur les séquences concaténées des gènes de ménages utilisés pour l'analyse MLST: bêta tubuline, facteur d'elongation 1 alpha, NADH déshydrogénase sous-unité 1 et cytochrome c oxydase sous-unité 1. L'ellipse orange montre une souche caractérisée au Japon.

3.3. Caractérisation de *Saprolegnia* sp., la souche résidente du Doubs

Il convient ici de préciser que toutes les interprétations qui suivront sont à prendre avec prudence, les souches de cette population étant très peu nombreuses. L'objectif principal étant de caractériser la souche pathogène de *Saprolegnia parasitica* s.l., peu d'efforts ont été fourni pour obtenir plus de souches de cette population de *Saprolegnia* sp. Toutefois, les résultats obtenus sont suffisamment intéressants pour faire quelques hypothèses. Bien que le nombre d'isolats soit très faible, leur position sur les différents arbres phylogénétiques produits indique clairement qu'il s'agit d'une population de *Saprolegnia* différente de la population dite pathogène.

Contrairement à la population pathogène de *S. parasitica* s.l., la population résidente de *Saprolegnia* sp. montre une certaine diversité (fig.4). Cette population peut donc être considérée comme génétiquement variable. C'est précisément cette variabilité qui laisse penser que cette population de *Saprolegnia* sp. est native de la région. Le fait qu'elle ait été principalement isolée par « baiting » à partir d'échantillons d'eau soutient cette hypothèse.

3.4. Origine de la souche pathogène de *Saprolegnia parasitica* s.l. du Doubs, la Loue et la Sorne

L'analyse par MLST relie “notre” souche de *Saprolegnia parasitica* s.l. à une souche caractérisée au Japon (*S. parasitica* EF370044, fig.4). Cependant seuls 2 des 4 gènes de ménage testés ici sont disponibles dans les bases de données internationales pour cette souche. De plus, ces gènes n'ont pas été testés pour la plupart des souches disponibles dans les bases de données. Une seule souche offre des données complètes, son génome ayant été entièrement séquencé (*S. parasitica* CBS 223.65). Il n'est donc pas possible d'établir l'origine de la souche pathogène de *S. parasitica* s.l. présente dans le Doubs, la Loue et la Sorne. La stratégie employée est pertinente et appropriée, mais les bases de données internationales contiennent trop peu de données sur les gènes utilisés. Nous suggérons donc de commander les différentes souches disponibles dans les collections de cultures afin de les tester avec nos amorces.

4. Conclusions

- ***Saprolegnia parasitica* s.l. est toujours présente et active cette année (2011) dans le Doubs et la Loue**
- **Au moins 3 espèces de poissons y sont sensibles, de 2 familles différentes.**
- ***S. parasitica* s.l. s'est étendue à une rivière non connectée au Doubs**
- **La population clonale de *S. parasitica* s.l. suggère une introduction récente dans la région**

5. Perspectives

Nous suggérons la planification d'un échantillonnage à large échelle afin d'évaluer la distribution et la fréquence de *Saprolegnia parasitica* s.l. et de prévenir sa propagation. Nous proposons également de développer un outil moléculaire de diagnostique pour *S. parasitica* s.l. (PCR spécifique). L'identité du pathogène doit être éclaircie au vu de son caractère agressif. Notre projet traitant de la position taxonomique de *S. parasitica* s.l. permettra de clarifier la situation. La question de l'hétérozygotie devrait également être vérifiée par clonage-séquençage. Finalement, deux points particulièrement importants : l'identification du vecteur de *S. parasitica* s.l. ainsi que l'identification des facteurs de virulence qui rendent cette souche si agressive. Ces deux points sont discutés plus en détails ci-dessous.

5.1. Identification du vecteur de *Saprolegnia parasitica* s.l.

L'identification du vecteur de *Saprolegnia parasitica* s.l. est essentielle pour prévenir la propagation de la maladie. Et certaines découvertes ont attiré notre attention. De nombreuses espèces d'écrevisses sont des hôtes potentiels pour les oomycètes. *S. parasitica* fait partie des parasites identifiés de certaines espèces d'écrevisses (Soderhall, Dick et al. 1991). L'introduction d'écrevisses nord-américaines (*Procambarus clarkii*) en Europe a démontré être à l'origine de la propagation d'un autre agent pathogène appartenant à l'embranchement des oomycètes : *Aphanomyces astaci* (Aquiloni, Martin et al. 2011). La littérature révèle qu'une espèce d'écrevisse nord-américaine (*Orconectes juvenilis*) a été découverte en 2005 dans le Dessoubre un affluent du Doubs (Chucholl and Daudey 2008). Il est inquiétant de constater que l'introduction de cette écrevisse pourrait coïncider avec l'apparition de la maladie. Nous suggérons donc de vérifier si *Orconectes juvenilis* est effectivement un hôte potentiel pour *S. parasitica* s.l. Outre limiter la propagation de *S. parasitica*, l'identification d'un tel vecteur permettrait de lutter contre l'introduction de pathogènes encore plus dangereux comme *Aphanomyces invadans*, l'agent pathogène provoquant le Syndrome Ulcérotif Epizootique (EUS) touchant de nombreuses espèces de poissons. Il est actuellement considéré comme l'une 100 des espèces les plus invasives.

5.2. Identification des facteurs de virulence

Le 2 novembre 2011, le génome complet de *Saprolegnia parasitica* (isolat CBS 223.65) a été mis à disposition de la communauté scientifique internationale. Le séquençage complet du génome d'isolats suisses en serait donc facilité et pourrait se faire à un prix raisonnable (voir offre de Microsynth, annexe 5). Les facteurs de virulence responsables de l'infection des poissons seront également plus faciles à identifier. Nous pourrons ainsi générer une base de données qui permettra de souligner comment des souches émergentes de *Saprolegnia* spp. avec de nouveaux pouvoirs pathogènes apparaissent.

6. Bibliographie

- Altschul, S. F., T. L. Madden, et al. (1997). "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs." *Nucleic Acids Research* **25**(17): 3389-3402.
- Aquiloni, L., M. P. Martin, et al. (2011). "The North American crayfish *Procambarus clarkii* is the carrier of the oomycete *Aphanomyces astaci* in Italy." *Biological Invasions* **13**(2): 359-367.
- Chomczynski, P. and N. Sacchi (2006). "The single-step method of RNA isolation by acid guanidinium thiocyanate-phenol-chloroform extraction: twenty-something years on." *Nature Protocols* **1**(2): 581-585.
- Chucholl, C. and T. Daudey (2008). "First record of *Orconectes juvenilis* (Hagen, 1870) in eastern France: update to the species identity of a recently introduced orconectid crayfish (Crustacea: Astacida)." *Aquatic Invasions* **3**(1): 105-107.
- Hussein, M. M. A. and K. Hatai (2002). "Pathogenicity of *Saprolegnia* species associated with outbreaks of salmonid saprolegniosis in Japan." *Fisheries Science* **68**(5): 1067-1072.
- Lara, E. and L. Belbahri (2011). "SSU rRNA reveals major trends in oomycete evolution." *Fungal Diversity* **49**(1): 93-100.
- Rodriguez, F., J. L. Oliver, et al. (1990). "The general stochastic-model of nucleotide substitution." *Journal of Theoretical Biology* **142**(4): 485-501.
- Soderhall, K., M. W. Dick, et al. (1991). "Isolation of *Saprolegnia parasitica* from the crayfish *Astacus leptodactylus*." *Aquaculture* **92**(2-3): 121-125.
- Sparrow, F. K. (1976). The present status of classification in biflagellate fungi. *Recent advances in aquatic mycology*. E. B. G. Jones, Wiley: 213–222.
- Stamatakis, A., P. Hoover, et al. (2008). "A rapid bootstrap algorithm for the RAxML web servers." *Systematic Biology* **57**(5): 758-771.

7. Annexes

1. Protocoles PCR.....	12
2. Arbres phylogénétiques.....	14
3. Séquences.....	19
4. Alignements.....	48
5. Devis Microsynth.....	78

Toutes les PCR, à l'exception du 18S, ont été réalisées avec le même programme. Seule la température d'hybridation (étape 3) varie en fonction des amorces utilisées.

Préparation du mix PCR :

Mix (pour 20 µL)	Concentration Initiale	Concentration finale	Vol. par tube (µL)
H ₂ O	-	-	12.6
Tampon (X)	5	1	4
Amorce Forward (µM)	10	0.2	0.4
Amorce Reverse (µM)	10	0.2	0.4
dNTPs (mM)	10	0.2	0.4
Taq Polymerase (U/µL)	5	1	0.2
extrait d'ADN (ng/mL)	~100	~10	2

Programmes PCR :

Etape 1	95°C pdt 30 sec	
Etape 2	94°C pdt 30 sec	Dénaturation
Etape 3	XX°C pdt 30 sec	Hybridation: température dépend des amorces
Etape 4	72°C pdt 1 min	Élongation
Etape 5	Go to 2 - 29x	
Etape 6	72°C pdt 10 min	
Etape 7	10°C for ever	
Etape 8	End	

Amorces et températures d'hybridation :

Gènes amplifiés	Couples d'amorces	Température d'hybridation
Bêta tubuline	BT-f: CAACGCCACGCTCTCGG BT-r: CCGAGACGCGCTTGAACAT	62°C
Facteur d'elongation 1 alpha	Elf1-f: GTCGTTCAAGTACGCCGGGT Elf1-r: GACCATGCCGGGCTTGA	62°C
NADH déshydrogenase sous-unité 1	NADH1-f: CCTAATGTTGTAGGTACTTTGG NADH1-r: GAAACTAATTCAAGCTTCAGCTT	53°C
Cytochrome c oxydase sous-unité 1	Cos1-f: CAGGTGTAGTTGGTACAACCTTA Cos1-r: TGAAGTATTAAATTCTATCAGTTAATA	53°C
Cytochrome c oxydase sous-unité 1	Cyt1-f: AACCTGGAAATCAAATTTTATGGG Cyt1-r: ATCACCTCCACCTGAAGGATCA	53°C
Protéase aspartique	ProAs-f: ACAAGCACTACAACCAAGCCTCT ProAs-r: ATGAGGTACTGCCCATGATGA	59°C
ITS-rARN	ITS4: TCCTCCGCTTATTGATATGC ITS6: GAAGGTGAAGTCGTAACAGG	50°C

Pour l'amplification du gène 18S-rARN, nous avons réalisé des PCR "nested", c'est-à-dire que nous avons effectué une deuxième PCR sur les produits de la première avec des amorces internes. Nous avons opté pour cette méthode en raison du faible rendement.

Préparation du « mix PCR ». Pour la deuxième PCR, l'extrait d'ADN est remplacé par le produit PCR dilué 10x :

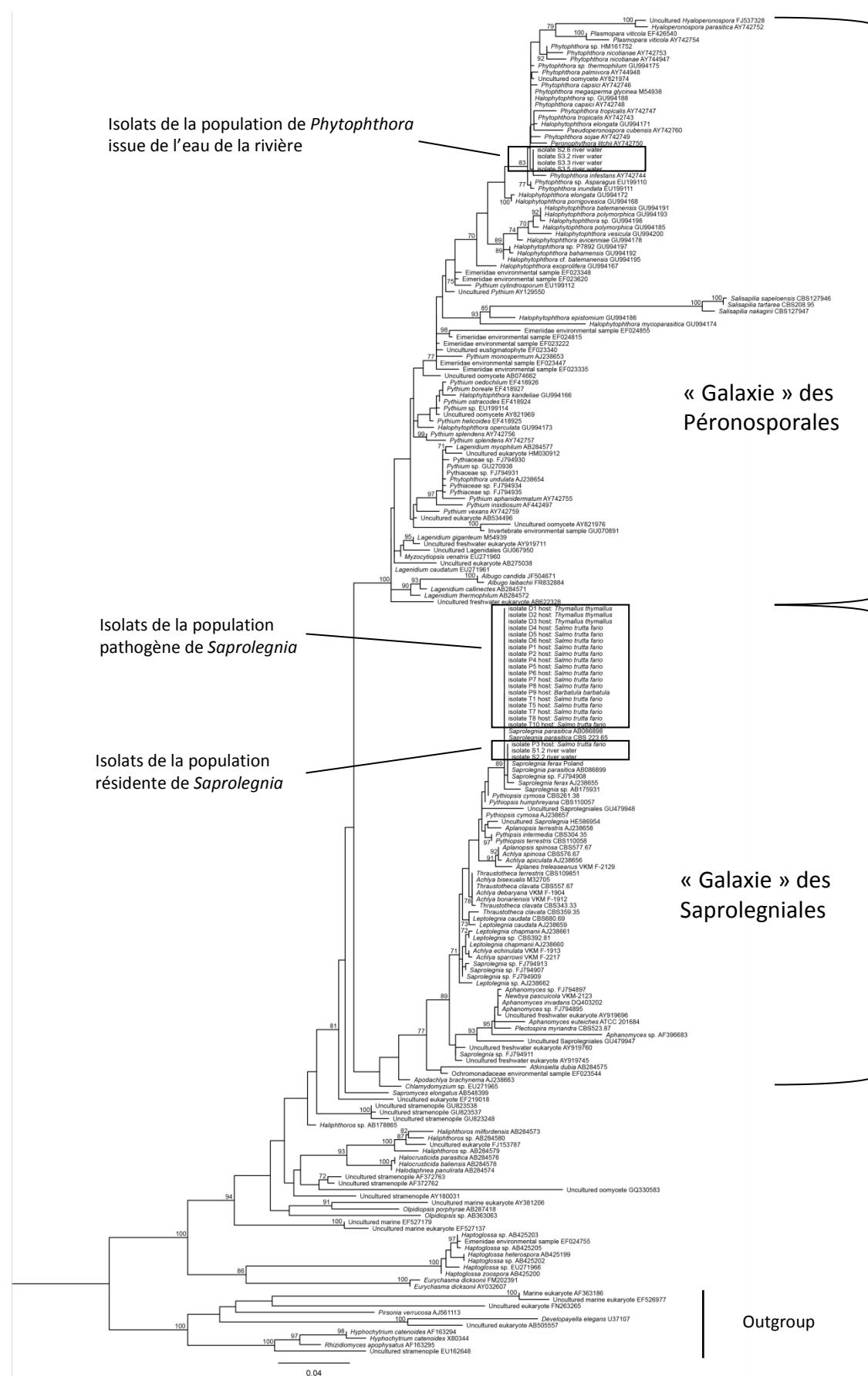
Mix (pour 20 µL)	Concentration Initiale	Concentration finale	Vol. par tube (µL)
H ₂ O	-	-	12.6
Tampon (X)	5	1	4
Amorce Forward (µM)	10	0.2	0.4
Amorce Reverse (µM)	10	0.2	0.4
dNTPs (mM)	10	0.2	0.4
Taq Polymerase (U/µL)	5	1	0.2
extrait d'ADN (ng/mL)	~100	~10	2

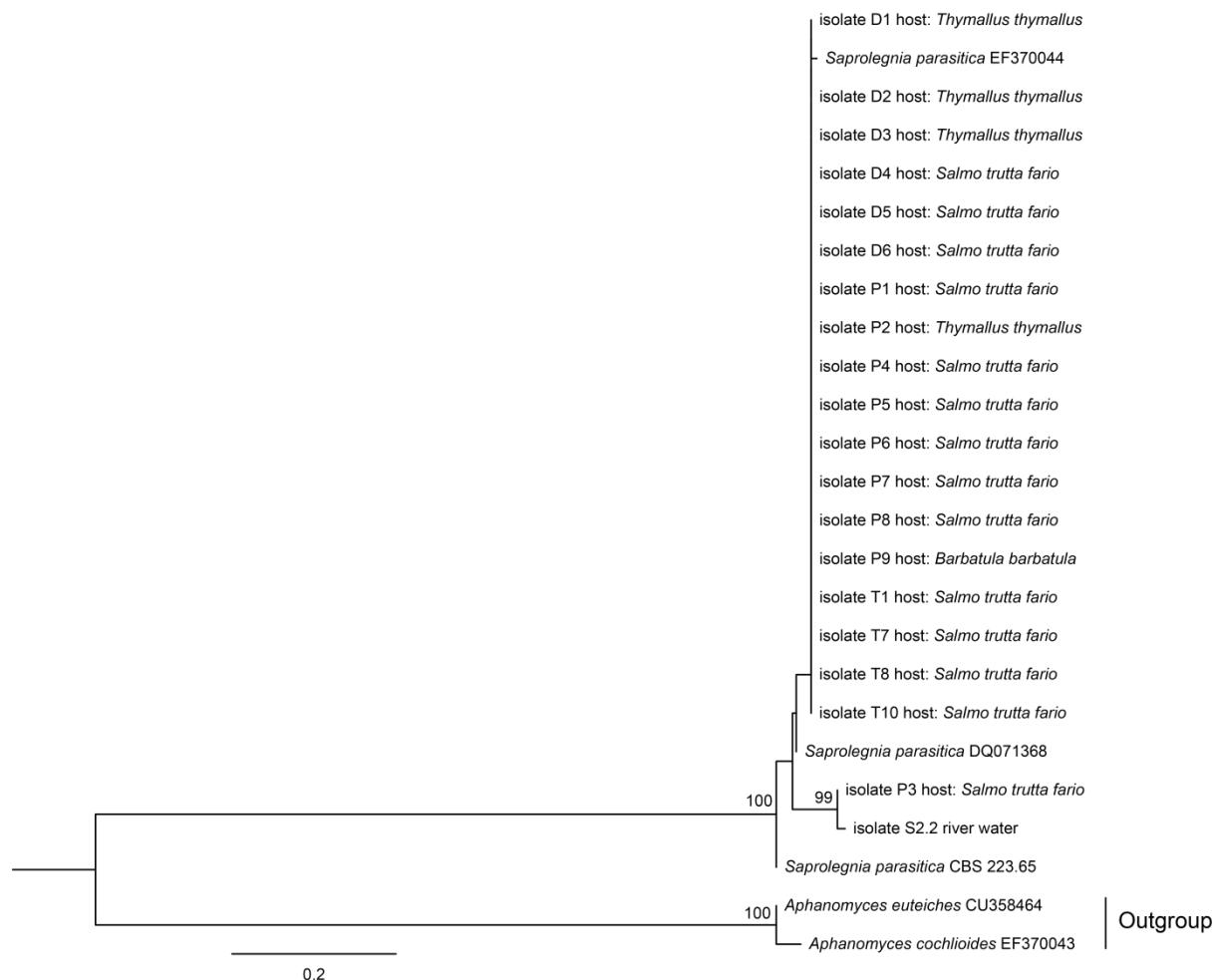
Programme PCR (identique pour les deux PCR) :

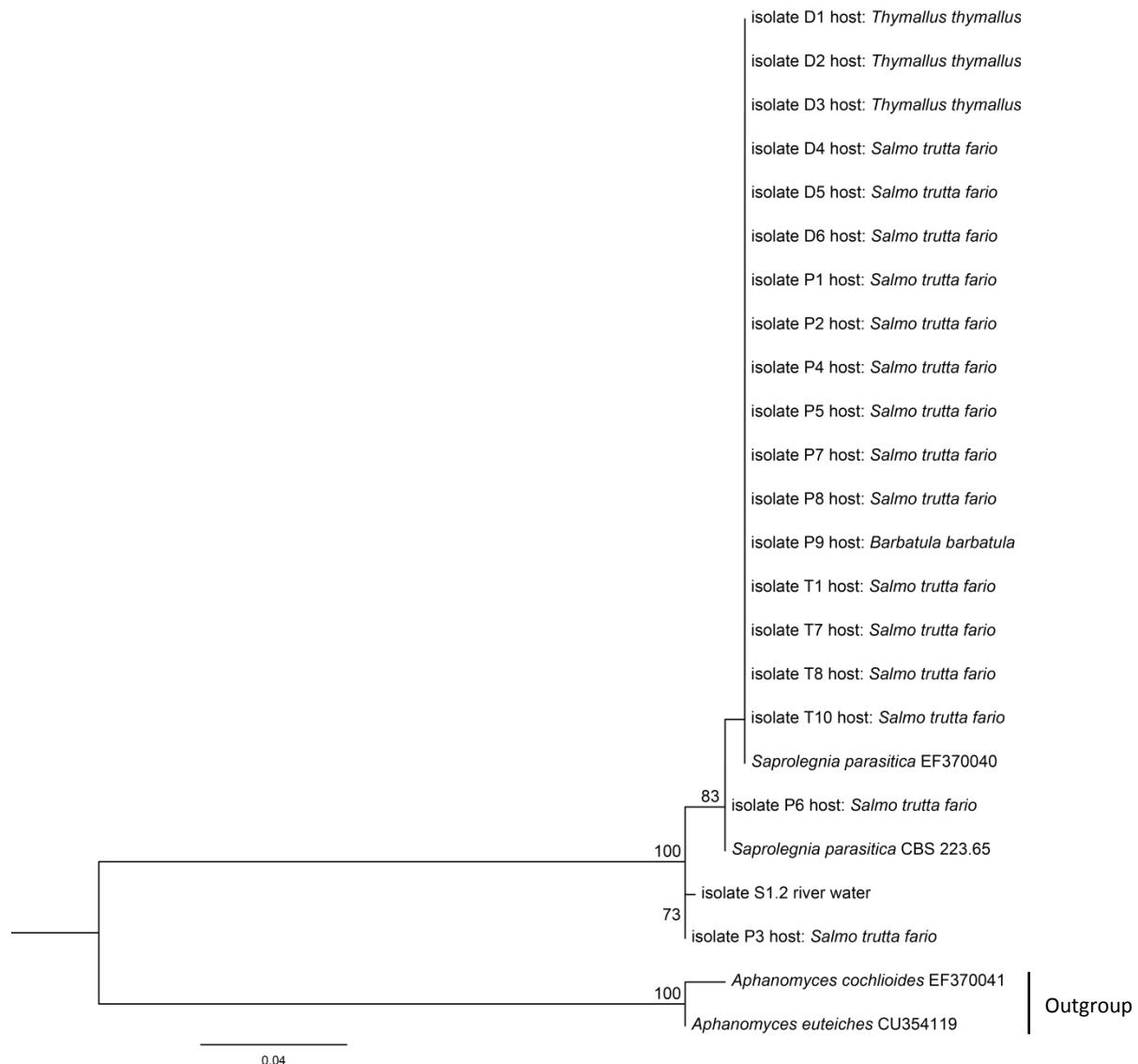
Etape 1	95°C pdt 30 sec	
Etape 2	94°C pdt 30 sec	Dénaturation
Etape 3	56°C pdt 30 sec -0.6°C par cycle	Hybridation
Etape 4	72°C pdt 2 min	Élongation
Etape 5	Go to 2 – 9x	10 cycles
Etape 6	94°C pdt 30 sec	Dénaturation
Etape 7	50°C pdt 30 sec	Hybridation
Etape 8	72°C pdt 2 min	Élongation
Etape 9	Go to 6 - 19 fois	20 cycles
Etape 10	72°C pdt 10 min	
Etape 11	10°C for ever	
Etape 12	End	

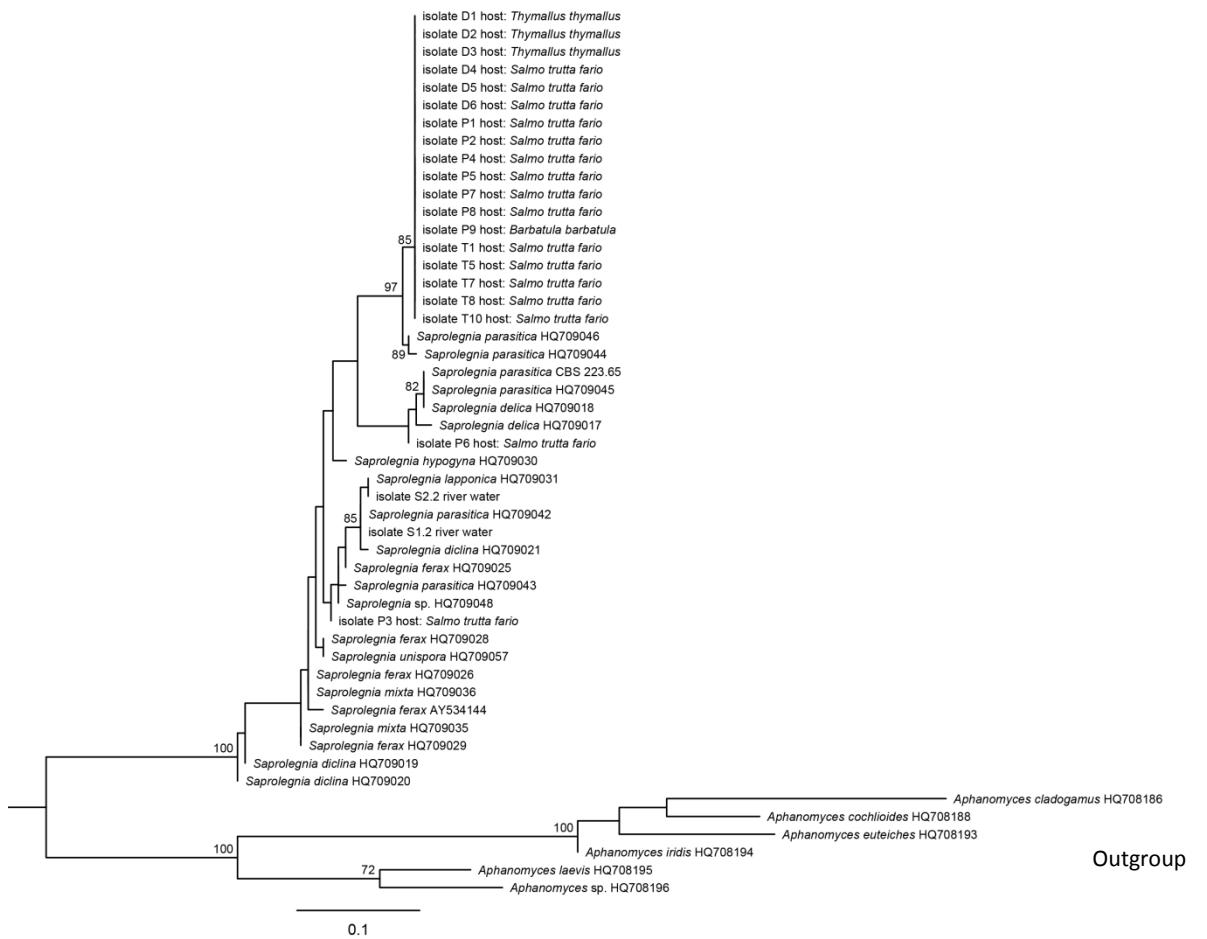
Amorces :

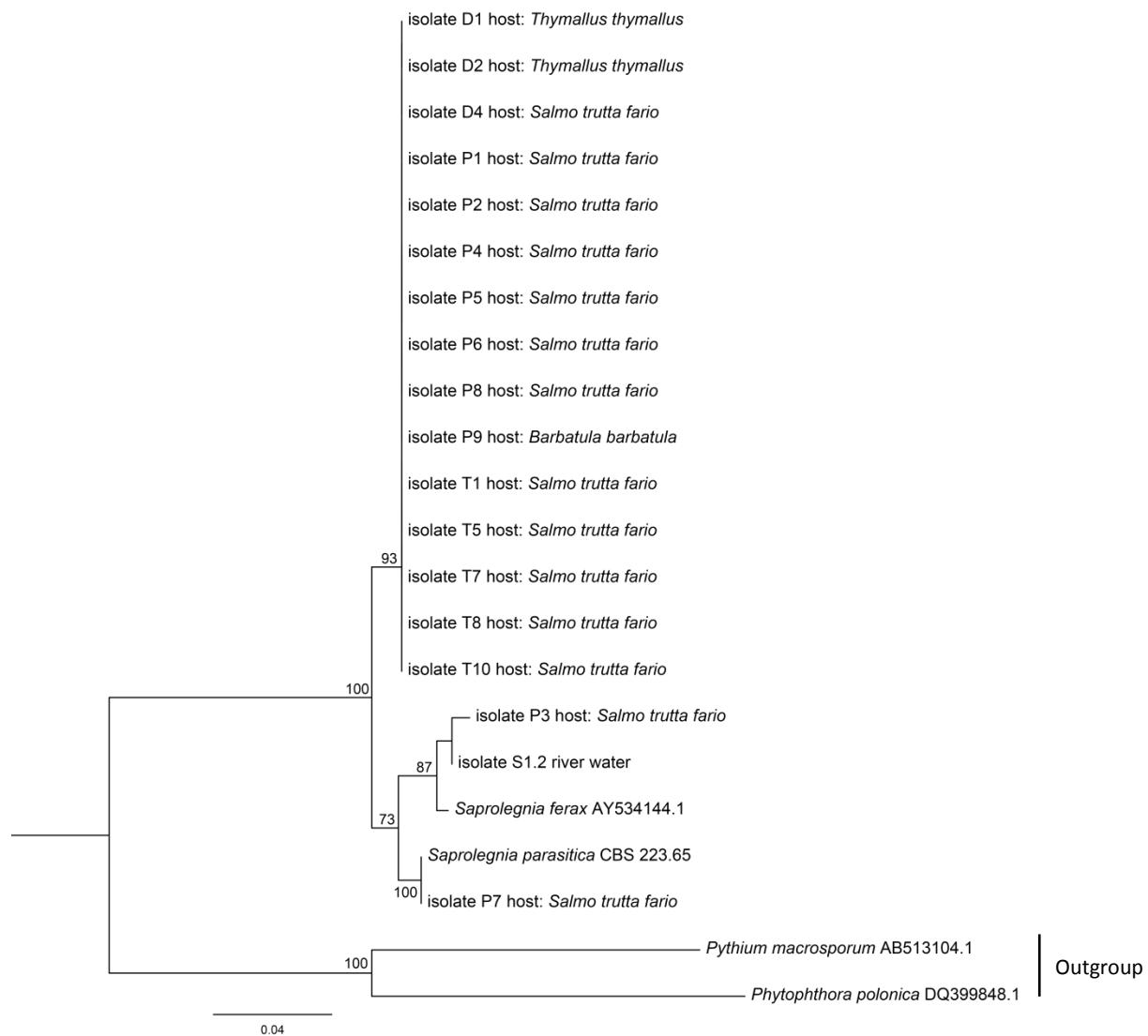
PCR 18S « nested »	Nom des amorces	Séquences des amorces
PCR 1	EK-42F EK-1520R	CTCAARGAYTAAGCCATGCA CYGCAGGTTCACCTAC
PCR 2	EK-82F EK-1498R	GAAACTGCGAATGGCTC CACCTACGGAACCTTGTAA











>D1 - 18S (EK82f-1498r)

CCTTACTACTTGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCCAAC TGCTTGT CGGACGGGTA
 GCATTTATTAGATTGAAACCAATGCGGCCTCGGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCA
 CAGCGATAAGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGTTAACGGG
 TAACGGGAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGTACCCATCCAAGGAAGGCAGCAGGCG
 CGTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAATAACAATGCCGGCTTTCAAGTCTGGCAATT
 GGAATGAGAACAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGTAATTC
 CAGCTCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGAGCTAAAGCTGTAGTTGGATTTCTGGTTGAGCGTCCGGTC
 GAGTTTATCTCTGACTATGGATGCTTGGGCCATTGGTGAGGGGCGCTCTGCCATTCAAGTGGTGGTGT
 GTCGACTTGCATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCGTTGCTCATTGAATACATTAGCAT
 GGAATAATAAGATAACGACCTGGTGGCTATTGGTGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTGTGAGGACAGTTG
 GGGTATTCAATTTCACACGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATCGTGGAGGACATAGAAGGATTGAGCTTACCG
 AAGGATGTTTCAATTCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGATGATTGATACCGTACAGTGGTGGTGGTGT
 AACTATGCCACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTGGATGACCTTGAGCAGCGTATGAGAAATCAAAGTCTT
 TGGGTTCCGGGGAGTATGGTGCAGAGGCTAAAGGAAATTGACGGAAGGGCACCCACCAGGAGTGGAGC
 CTGCGGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGAAGGATTGACAGATTGAGAGCTC
 TTTCTGATTCTATGGTGGTGCATGGCGTTCTAGTTGGTGGAGTGATTGCTGGTTAACCGTAAAC
 GAACGAGACCTCCGCGTCAAATAGTTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCACT
 GACTAAGGAAAGTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGGGCCACGCGCGCTAC
 CTGATACGCTAACAGAGTATATAACCTGATCGATAGGTCTGGGTAACTTTGAATACGTATCGTCTAGGGAT
 AGATTATTGCAATTATAATCTTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTTGCATTGATTACGTCC
 CTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGCACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGACTGTGAATTG
 TGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGAACTTT

>D2 - 18S (EK82f-1498r)

CCTTACTACTTGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCCAAC TGCTTGT CGGACGGGTA
 GCATTTATTAGATTGAAACCAATGCGGCCTCGGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCA
 CAGCGATAAGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGTTAACGGG
 TAACGGGAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGTACCCATCCAAGGAAGGCAGCAGGCG
 CGTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAATAACAATGCCGGCTTTCAAGTCTGGCAATT
 GGAATGAGAACAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGTAATTC
 CAGCTCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGAGCTAAAGCTGTAGTTGGATTTCTGGTTGAGCGTCCGGTC
 GAGTTTATCTCTGACTATGGATGCTTGGGCCATTGGTGAGGGGCGCTCTGCCATTCAAGTGGTGGTGT
 GTCGACTTGCATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCGTTGCTCATTGAATACATTAGCAT
 GGAATAATAAGATAACGACCTGGTGGCTATTGGTGAGGATCAAGGATGATTGATACCGTACAGTCTTAAC
 AAGGATGTTTCAATTCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGGATGATTGACAGATTGAGGAAAGCATTAC
 AACTATGCCACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTGGATGACCTTGAGCAGCGTATGAGAAATCAAAGTCTT
 TGGGTTCCGGGGAGTATGGTGCAGAGGCTAAAGGAAATTGACGGAAGGGCACCCACCAGGAGTGGAGC
 CTGCGGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGAAGGATTGACAGATTGAGAGCTC
 TTTCTGATTCTATGGTGGTGCATGGCGTTCTAGTTGGTGGAGTGATTGCTGGTTAACCGTAAAC
 GAACGAGACCTCCGCGTCAAATAGTTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCACT
 GACTAAGGAAAGTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGGGCCACGCGCGCTAC
 CTGATACGCTAACAGAGTATATAACCTGATCGATAGGTCTGGGTAACTTTGAATACGTATCGTCTAGGGAT
 AGATTATTGCAATTATAATCTTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTTGCATTGATTACGTCC
 CTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGCACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGACTGTGAATTG
 TGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGAACTTT

>D3 - 18S (EK82f-1498r)

CCTTACTACTTGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCCAAC TGCTTGT CGGACGGGTA
 GCATTTATTAGATTGAAACCAATGCGGCCTCGGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCA
 CAGCGATAAGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGTTAACGGG
 TAACGGGAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGTACCCATCCAAGGAAGGCAGCAGGCG
 CGTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAATAACAATGCCGGCTTTCAAGTCTGGCAATT
 GGAATGAGAACAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGTAATTC
 CAGCTCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGAGCTAAAGCTGTAGTTGGATTTCTGGTTGAGCGTCCGGTC
 GAGTTTATCTCTGACTATGGATGCTTGGGCCATTGGTGAGGGGCGCTCTGCCATTCAAGTGGTGGTGT
 GTCGACTTGCATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCGTTGCTCATTGAATACATTAGCAT
 GGAATAATAAGATAACGACCTGGTGGCTATTGGTGAGGATCAAGGATGATTGATACCGAGGAAAGGACAGTTG
 GGGTATTCAATTCAACGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATCGTGGAAAGGATGAGCTTAGGCGAAAGCATTAC
 AAGGATGTTTCAATTCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGGATGATTGATACCGTACAGTCTTAAC

AACTATGCCACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTTGAATGACCTGTCAGCACCGTATGAGAAATCAAAGTCTT
TGGGTTCCGGGGGAGTATGGTCGAAGGCTGAAACTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGC
CTGCAGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGAAGGATTGACAGATTGAGAGCTC
TTCTTGATTCTATGGTGGTGCATGGCGTTCTAGTTGGTAGGTGATTGCTGGTTAATTCCGTTAAC
GAACGAGACCTCCGCGTCAAATAGTTCTGTTACCAATTGGTAGGTATGGACTCTTAGAGGGACTTCAGT
GACTAACTGAAGGAAGTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGGCGCACGCGCTACA
CTGATACGCTCAACGAGTATATAACCTGATCGATAGGTCTGGGTAAATCTTGAATACGTATCGCTAGGGAT
AGATTATTGCAATTATTAAATCTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTGATTGATTACGTCC
CTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGCACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGACTGTGAATTGTG
TGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGGAACCTTCCTT

>D4 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNTACNACTGGATACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCCAAATACCCAACCTGC
TTGTCGGACGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCCCTCGGTATTGTTGAATCATAATAACTG
TGCAGATCGCTCACAGCGATAAGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGCCTACC
ATGGCGTTAACGGTAACGGGAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGTACACATCCAAG
GAAGGCAGCAGCGCGTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAATAACAATGCCGGCTTT
CAAGTCTGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAC
AGCCGCGTAATTCCAGCTAACAGCTATATTAAAGTTGTTGAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGT
TTGAGCGTCGGTGCAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCCATTGGTGAAGGGGGCGCTCTGCCATT
CAGTTGGTGGTGTGACTCGTTACTGTGAAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCGTTGCTCATTT
GAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTGGTGGTCTATTGGTGGTTGCACACCGAGGTAATGATT
AATAGGGACAGTTGGGGTATTCATATTCAACGTCAGAGGTAAATTCTGGATCGTGAAGATGAGCTTAGG
CGAAAGCATTACCAAGGATGTTTCATTAAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGATGATTAGATAACCATCG
TAGCTTAACCATAAACTATGCCACTCGGATTGGCAGTCGTTATTGGATGACCTGTCAGCACCGTATGA
GAAATCAAAGTCTTGTTCCGGGGAGTATGGTGCAGGCTGAAACTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACC
ACCAGGAGTGGAGCCTCGGGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGA
CAGATTGAGAGCTCTTCTGATTCTATGGTGGTGCATGCCGTTCTAGTTGGTAGGTGATTGCTGG
TTAATTCCGTTAACGAGACCTCCGCGTCAAATAGTGAATTGAAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTT
GAGGGACTTCAGTACTAACTGAAGGAAGTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGGCC
GCACGCGCGTACACTGATACGCTAACGAGTATATAACCTGATCGATAGGTCTGGGTAAATCTTGAATACGT
ATCGTCTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAAATCTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTT
CATTGATTACGTCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGCACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGG
ACTGTGAATTGTGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGGAACCTCCTAACCTNCNNNNNNNNNN

>D5 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNACTTACTACTGGATACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCCAAATACCCAAC
GCTTGTGGACGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCCCTCGGTATTGTTGAATCATAATAAC
TGTGCGGATCGCTCACAGCGATAAGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGCCTA
CCATGGCGTTAACGGTAACGGGAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGTACACATCCA
AGGAAGGCAGCAGCGCGTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAACAATGCCGGCTT
TTCAAGTCTGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGC
GCAGCCGCGTAATTCACTAACAGCTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCT
GTTTGAGCGTCGGTGCAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGCCATTGGTGAAGGGGGCGCTCTGCCA
TTCAGTTGGTGGTTGTGACTGATCGCTTACTGTGAAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCGTTGCTCAT
TTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTGGTGGTCTATTGGTGGTTGCACACCGAGGTAATGA
TTAATAGGGACAGTTGGGGTATTCATATTCAACGTCAGAGGTAAATTCTGGATCGTGAAGATGAGCTTA
GGCGAAAGCATTACCAAGGATGTTTCATTAAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGATGATTAGATAACCAT
CGTAGCTTAACCATAAAACTATGCCGACTCGGATTGGCAGTCGTTATTGTAATGACCTGTCAGCACCGTAT
GAGAAATCAAAGTCTTGGTTCGGGGAGTATGGTCGAAGGCTGAAACTAAAGGAATTGACGGAAGGGCA
CCACCAAGGAGTGGAGCCTCGGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATT
GACAGATTGAGAGCTTTCTGATTCTATGGTGGTGCATGCCGTTCTAGTTGGTAGGTGATTGCT
GGTTAATTCCGTTAACGAGACCTCCGCGTCAAATAGTTCTGTTACCAATTGGTAGGTATGGACTCT
TAGAGGGACTTCAGTACTAACTGAAGGAAGTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGG
CCGCACGCGCGTACACTGATACGCTAACAGGTATATAACCTGATCGTAGGTCTGGTAATCTTGAATAC
GTATCGTCTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAAATCTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCT
TGCATTGATTACGTCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGCACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTG
GGACTGTGAATTGTGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGGAACCTCCTAACCTNCNNNNNNNNNN

>D6 - 18S (EK82f-1498r)

CCTTACTACTTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCCAAC TGCTTGTGGACGGGTA
 GCATTATTAGATTGAAACCAATCGGGCCTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTC
 CAGCGATAAGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGTTAACGGG
 TAACGGGAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGGAGCCTAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCG
 CGTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAACAATGCCGGCTTTCAAGTCTGGCAATT
 GGAATGAGAACAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGTAATT
 CAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGAGTTAAAAGCTGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCGTCCGGTC
 GAGTTTATCTCTGACTATGGATGCTTGGGCCATTGGTGAGGGGCGCTCTGCCATTCAAGTTGGTGGTGT
 GTGACTTGCATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCCTTGCTCATTGAATACATTAGCAT
 GGAATAATAAGATACGACCTGGTGGTCTATTGGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTG
 GGGTATTCAATTTCACACGTCAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAACATTAC
 AAGGATGTTTCAATTCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGATGATTAGATAACCATCGTAGTCTAACATA
 AACTATGCCACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTGGATGACCTTGTCAGCACCGTATGAGAAATCAAAGTCTT
 TGGGTTCCGGGGGAGTGGTCGAAGGCTGAAACTAAAGGAAATTGACGGAAGGGCACCCACCAGGAGTGGAGC
 CTGCGGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGAAGGATTGACAGATTGAGAGCTC
 TTTCTGATTCTATGGGTGGTGCATGGCGTTCTAGTTGGGGAGTGATTGTCTGGTTAATTCCGTTAAC
 GAACGAGACCTCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGT
 GACTAAGTGAAGGAAGTTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGGGCCACGCGCGCTACA
 CTGATACGCTAACAGAGTATATAACCTGATCGATAGGTCTGGGTAACTTTGAATACGTATCGTAGGGAT
 AGATTATTGCAATTATTAAATCTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTGCTATTGATTACGTC
 CTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGCACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGACTGTGAATTGTG
 TGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGAACTTCCATT

>P1 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNTACTACTTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCCAAC TG
 TTGTCGGACGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATCGGGCCTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTG
 TCGGGATCGCTTCACAGCGATAAGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGGCCTACC
 ATGGCGTTAACGGGTAACGGGAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGGAGCCTAGAAACGGCTACCACATCCAAG
 GAAGGCAGCAGCGCGTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAATAACAATGCCGGCTTT
 CAAGTCTGGCAATTGGAAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGC
 AGCCGCGTAAATTCCAGCTCAACAGGTCTGGTGCATGGCGCTTAAAGGATTGACGAGGATGAGCTTAC
 TTGAGCGTCCGGTCGAGTTATCTGTACTATGGATGCTTGGGCCATTGGTGAGGGGCGCTCTGCCATT
 CAGTTGGTGGTTGTGACTTCATCGTTACTGTGAAAGGAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCCTTGCTCATT
 GAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTGGTGGTCTATTGGTAGGTATGGACTTCTGGT
 AATAGGGACAGTTGGGGTATTCAATTTCACACGTCAGAGGTGAAATTCTGGATCGTGAAGATGAGCTTAC
 CGAAAGCATTACCAAGGATGTTTCAATTCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGATGATTAGATAACCATCG
 TAGCTTAACCATAAACTATGCCACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTGGATGACCTTGTGAGCACCCTG
 GAAATCAAAGTCTTGGGTCCGGGGAGTATGGTCGAAGGCTGAAACTAAAGGAAATTGACGGAAGGGCACC
 ACCAGGAGTGGAGCCTCGGGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGAAGGATTGA
 CAGATTGAGAGCTCTTCTTGATTCTATGGGTGGTGCATGGCGTTCTAGTTGGGGAGTGATTGTCTGG
 TTAATTCCGTTAACGAACGAGACCTCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTCTTA
 GAGGGACTTCAGTACTGAAGGAAGTTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGGGCC
 GCACGCGCGTACACTGATACGCTAACAGGATATAAACCTGATCGTAGGTCTGGGTAACTTTGAATACGT
 ATCGTCTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAAATCTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTG
 CATTGATTACGTCCTGCCATTGTACACACCGCCGTCGCACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGG
 ACTGTGAATTGTGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGAACTTCCATTACCNCCNNNNNNNNNN

>P2 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNTACTACTTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCCAAC TG
 TTGTCGGACGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATCGGGCCTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTG
 TCGGGATCGCTTCACAGCGATAAGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGGCCTACC
 ATGGCGTTAACGGGTAACGGGAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGGAGCCTAGAAACGGCTACCACATCCAAG
 GAAGGCAGCAGCGCGTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAATAACAATGCCGGCTTT
 CAAGTCTGGCAATTGGAAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGC
 AGCCGCGTAAATTCCAGCTCAACAGGTATATTAAAGTTGTTGAGTTAAAAGCTGTAGTTGGATTCTGGT
 TTGAGCGTCCGGTCGAGTTATCTGTACTATGGATGCTTGGGCCATTGGTGAGGGGCGCTCTGCCATT
 CAGTTGGTGGTTGTGACTTCATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCCTTGCTCATT
 GAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTGGTGGTCTATTGGTAGGTGACACCCGAGGTAATGATT
 AATAGGGACAGTTGGGGTATTCAATTCAACGTCAGAGGTGAAATTCTGGATCGTGAAGATGAGCTTAC
 CGAAAGCATTACCAAGGATGTTTCAATTCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGATGATTAGATAACCATCG

TAGTCTAACATAACTATGCCACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTTGAATGACCTGTCAGCACCGTATGA
 GAAATCAAAGTCTTGCGGGGGAGTATGGTCGAAGGCTAAACTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACC
 ACCAGGAGTGGAGCCTGCGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGAAGGATTGA
 CAGATTGAGAGCTCTTCTTGATCTATGGGTGGTGCATGGCGTCTTAGTTGGTAGGTGATTTGTCTGG
 TTAATTCCGTTAACGAACGAGACCTCCGCGTCAAATAGTTCTGTTACCAATTGGTAGGTATGGACTCTTA
 GAGGGACTTCAGTACTAAGGAGGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGGGC
 GCACGCGCCTACACTGATAACGCTCAAAGGTATATAACCTGATCGTAGGTCTGGGTAAATCTTTGAATACGT
 ATCGTCTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTG
 CATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGCACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGG
 ACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGAACTTCCTAACCNNCNNNNNNNNNNNNNNNN

>P3 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNNNTAcTTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCCAAATACCCAAActGC
 TTGTCGGACGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCCCTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTG
 TCGGGATCGCTCACAGCGATAAGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGCCTACC
 ATGGCGTTAACGGGTAACGGGAAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGTACACATCCAAG
 GAAGGCAGCAGCGCTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAATAACAATGCCGGCTTT
 TAAGTCTGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAC
 AGCGCGGTAATTCCAGCTCAAAGCGTATATTAAAGTTGAGTTGAGTTAAAGCTGTTAGTTGGATTCTGGT
 TTGAGCGTCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGTTGGGCCATTGGTAGGGGGCGCTCTGCCATT
 CAGTTGGTGGTTGTGTCGACTTGATCGTTACTGTGAAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCGTTGCTCATTT
 GAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTGGTGTCTATTGGTTGCACACCGAGGTAATGATT
 AATAGGGACAGTTGGGGTATTCATATTCAACGTCAGGGTAAATTCTGGATCGTGAAGATGAGCTTACCG
 CGAAAGCATTACCAAGGATGTTTCATTAAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGATGATTAGATAACCATCG
 TAGCTTAACCATAAACTATGCCACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTGGATGACCTGTCAGCACCGTATG
 AGAAATCAAAGTCTTGGGTTCCGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTAAAGGAAATTGACGGAAGGGCAC
 CACCAGGAGTGGAGCCTGCGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTG
 ACAGATTGAGAGCTTCTGATTCTATGGGTGGTGCATGCCGTTCTAGTTGGTAGGTGATTTGTCTG
 GTTAATTCCGTTAACGAAAGACCTCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTCTT
 AGAGGGACTTCAGTACTGAAGGAAGTTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGGC
 CGCACGCGCCTACACTGATAACGCTCAAAGGTATATAACCTGATCGTAGGTCTGGTAATCTTTGAATACG
 TATCGTCTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTT
 GCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGCACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGG
 GACTGTGAATTGTGTTGCTTCATTGCATTCAAGTTGTGGAACTTCCTAACCNNCNNNNNNNNNNNNNNNN

>P4 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNCCNACTGGATACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCCAAATACCCAACT
 GCTTGTGGACGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCCCTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAAC
 TGTGCGGATCGCTCACAGCGATAAGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGCCTA
 CCATGGCGTTAACGGGTAACGGGAAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGTACACATCCA
 AGGAAGGCAGCAGCGCGTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAACAATGCCGGCTT
 TTCAGTCTGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGC
 GCAGCCGCGTAATTCACTGCAAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAGCTGTTAGTTGGATTCTG
 GTTGAGCGTCGGTCAAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTGGGCCATTGGTAGGGGGCGCTCTGCC
 TTCAAGTTGGGGTTGTGTCGACTTGATCGTTACTGTGAAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCGTTGCTCAT
 TTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTGGTGGTCTATTGGTAGGGTTGCACACCGAGGTAATGA
 TTAATAGGGACAGTTGGGGTATTCATATTCAACGTCAGAGGGTAAATTCTGGATGTTGAAAGATGAGCTTA
 GGCAGAAAGCATTACCAAGGATGTTTCATTAAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGATGATTAGATAACCAT
 CGTAGCTTAACCATAAAACTATGCCGACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTGGATGACCTGTCAGCACCGTAT
 GAGAAATCAAAGTCTTGGGTTCCGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACCTAAAGGAAATTGACGGAAGGGCA
 CCACCCAGGAGTGGAGCCTGCCCTAAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATT
 GACAGATTGAGAGCTTCTGATTCTATGGGTGGTGCATGCCGTTCTAGTTGGTAGGTGATTTGTCT
 GTTAATTCCGTTAACGAACGAGACCTCCGCGTCAAATAGTTCTGTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTCT
 TAGAGGGACTTCAGTACTGAAGGAAGTTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGG
 CCGCACGCGCCTACACTGATAACGCTCAAAGGTATATAACCTGATCGTAGGTCTGGTAATCTTTGAATAC
 GTATCGTCTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCT
 TGCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGCACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTG
 GGACTGTGAATTGTGTTGCTTCATTGCATGCAAGTTGNNGGAACCTCNCCCCNNNNCTNNCNNNNNNNNNNNN

>P5 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNNNTACTACTTGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCAAC
TGCTTCGGACGGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCCGCTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACT
CTGTGCGGATCGCTCACAGCGATAAGTCATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGCCT
ACCATGGCGTAACGGTAACGGGATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCACATCC
AAGGAAGGCAGCAGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAACAATGCCGGCT
TTCAAGTCGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCGGTGC
AGCAGCCGGTAATTCCAGCTCAATAGCGTATATTAAAGTTGAGTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCT
GGTTGAGCGTCCGGTCAAGTTGAGTTATCTGTACTATGGATGCTTGGCCATTGGTGAAGGGCGCTTCTGCC
ATTCAAGTCGGTGGTTGTCGACTTGATCGTACTATGGAGGGAAATTAGAGTGTAAAGCAGCGTTGCTCA
TTGAATACATTAGCATGGAATAAAAGATACGACCTGGTGTCTATTGGTGGTGCACACCGAGGTAATG
ATTAATAGGGACAGTTGGGGTATTCAATTCAACGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATCGTGAAGAGTGGCTT
AGGCAGAACGATTACCAAGGATGTTTCAATTCAAGAACAGGTTAGGGATCGAAGATGATTAGATAACCA
TCGTAGTCTAACCAAACATGCCGACTCGGATTGGCAGTCGTTATTGAGGGATGACCTTGTCAACCGGGT
TGAGAACATCAAAGTCTTGGGTCGGGGAGTATGGTCAAGGCTGAAACTAAAGGAAATTGACGGAAAGGGC
ACCACCAAGGAGTGGAGCCTGCGGTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCAGACATAGTAAGGAT
TGACAGATTGAGAGCTTTCTGATTCTATGGGTTGGTGCATGGCGTTCTTAGTTGGTAGGTGATTGTC
TGTTAATTCCGTTAACGAAGGACCTCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTC
TTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGAGGCAATAACAGGCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGG
GCCGCACGCCGCGTACACTGATAACGCTCAACGAGTATATAACCTGATCGTAGGTCTGGTAATCTTTGAATA
CGTATCGTGTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAAATCTGAACCGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGC
TTGCAATTGATTACGTCCTGCCCTTGACACACCGCCGTCGACCTACCGATTGAAATGACTCGGTGAAGTATT
GGGACTGTGAATTGTTGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGAACTTCTAACNCNCNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

>P6 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNNNTACTACTTGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCAACTG
CTTGTGGACGGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCCGCTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACT
GTGCGGATCGCTCACAGCGATAAGTCATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGCCTAC
CATGGCGTTAACGGTAACGGGATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCACATCCAA
GGAAGGCAGCAGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAACAATGCCGGCTT
TCAAGTCGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCGGTGCAG
CAGCCGGTAATTCCAGCTCCAATACGTTATATTAAAGTTGAGTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGG
TTGAGCGTCCGGTCAAGTTGACTTGATCGTACTATGGATGCTTGGCCATTGGTGAAGGGCGCTTCTGCCAT
TCAGTTGGTGGTTGTCGACTTGATCGTACTATGGAGGGTTAGGTCTGATGGTGTGACACCGAGGTAATGAT
TGAATACATTAGCATGGAATAAAAGATACGACCTGGTGGTCTATTGGTGGTGCACACCGAGGTAATGAT
TAATAGGGACAGTTGGGGTATTCAATTCAACGTCAGAGGTGAAATTCTGGATCGTGAAGATGAGCTTAG
GCGAAAGCATTACCAAGGATGTTTCAATTCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGATGATTAGATACCAC
GTAGTCTAACATAAACTATGCCGACTCGGATTGGCAGTCGTTATTGAAATGACCTTGTCAACCGAGGTATG
AGAAATCAAAGTCCTGGGTCCGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTAAAGGAAATTGACGGAAAGGCAC
CACCAGGAGTGGAGCCTGCCGTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGCTCAGACATAGTAAGGATTG
ACAGATTGAGAGCTTTCTGATTCTATGGGTGGTGCATGCCGTTCTAGTTGGTAGGTGATTGTC
GTTAATTCCGTTAACGAACGAGACACTCCGCGTGCATAATAGTTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTCTT
AGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGAGGCAATAACAGGCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGGC
CGCACCGCGCTACACTGATAACGCTCAACGAGTATATAACCTGATCGTAGGTCTGGTAATCTTTGAATAC
TATCGTGTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAAATCTGAACCGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTT
GCATTGATTACGTCCTGCCCTTGACACACCGCCGTCGACCTACCGATTGAAATGACTCGGTGAAGTATTGG
GACTGTGAATTGTTGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGAACTTCTAACNCNCNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

>P7 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNTACNACTTGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCAACTG
TTGTCGGACGGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCCGCTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTG
TGCAGGATCGCTCACAGCGATAAGTCATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGCCTAC
ATGGCGTTAACGGTAACGGGATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCACATCCAA
GAAGGCAGCAGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAACAATGCCGGCTT
CAAGTCGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCGGTGCAGC
AGCCGGTAAATTCCAGCTCAATAGCGTATATTAAAGTTGAGTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGT
TTGAGCGTCCGGTCAAGTTGACTATGGATGCTTGGCCATTGGTGAAGGGCGCTTCTGCCATT
CAGTTGGTGGTTGTCGACTTGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGCGTTGCTCATTT
GAATACATTAGCATGGAATAAAAGATACGACCTGGTGGTCTATTGGTGGTTGACACACCGAGGTAATGATT
AATAGGGACAGTTGGGGTATTCAATTCAACGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATCGTGAAGATGAGCTTAGG
CGAAAGCATTACCAAGGATGTTTCAATTCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGATGATTAGATAACCATCG

TTAGCTTAACCATAAAACTATGCCGACTCGGGATTGGCAGTCGTTTATTGAAATGACCTTGTCA
GAAATCAAAGTCTTGGGTTCCGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGAC
GGAGTGGAGCCTGCGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCA
CAGATTGAGAGCTTTCTGATTCTATGGGTGGTGCATGGCGTCTTAGT
TTAATTCCGTTAACGAACGAGACCTCCGCGTCTAAATAGT
GAGGGACTTCAGTGA
GCACGCGC
ATCGTGTAGGATAGATTATTGCAATT
CATTGATTACGTC
ACTGTGA
ACTGTGA

>P8 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNCTTACNACTGGATACCGTAGTAATTCTAGAGCTAACATGCGTAAATACCCAAC
GCTTGTCCGACGGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCGGCCTCGGTGCGTATTGTGTTGAATCATATAAC
TGTGCGGATCGCTCNCAGCGATAAGTCATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGCCTA
CCATGGCGTTAACGGTAACGGGAATTAGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGTACCATC
AGGAAGGCAGCAGCGCTAACATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAATAACAATGCCGGCTT
TTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGC
GCAGCCCGGTAAATTCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTG
GTTTGAGCGTCCGGTCGAGTTATCTGTACTATGGATGCTGGGCCATTGAGGGGGCGCTCTGCC
TTCAGTTGGTGGTTGTGCACTTGCATCGTTACTGTAAAAAAATTAGGTGTTAAAGCAGCGTTGCTCAT
TTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGGTGGCTATTGTTGTTGACACCCGAGGTAATGA
TTAATAGGGACAGTTGGGGTATTCATATTCAACGTCAGAGGTGAAATTCTGGATCGTGAAGAGTGAGCTTA
GGCGAAAGCATTTACCAAGGATTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGAGTATTAGATACCAT
CGTAGCTTAACCATAAAACTATGCCGACTCGGATTGGCAGTCGTTATTGTAATGACCTTGTCA
GAGAACCTAAAGTCTTGGGTTCCGGGGGGAGTATGGTCGAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAAGGGCA
CCACCAGGAGTGGAGCCTGCCGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGCTCAGACATAGTAAGGATT
GACAGATTGAGAGCTTTCTGATTCTATGGGTGGTGGCATGGCGTTCTTAGTTGGTAGGTGATTGTCT
GGTTAATTCCGTTAACGAACGGAGACCTCCGCGTGTAAATAGTTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTCT
TAGAGGGACTTCAGTGACTAAGTGAAGGAAGTTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGG
CCGCACCGCGCCTACACTGATACGCTAACGAGTATATAACCTTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAATAC
GTATCGTCTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTTGAACGAGGAATTCTCTAGAAACGCAAGTCATCAGCT
TGCATTGATTACGTCCTGCCCTTGTACACACCAGGCCGTCGACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTG
GGACTGTGAATTGTTGTCATTGATCGAAGTTGTGGGAATTCTCTAACCNCCNNNNNNNNNNNN

>P9 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNCTACNACTGGATACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCAACTGCTTGTCGGACGGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAATGCGCCTCGGTGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGCTGCGGATCGCTTACAGCGATAAGTCATTGAGTTCTGCCCTAYCANCTTGGATGGTAGGATATGGGCTTACCATGGCGTTAACGGTAACGGGAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTTAGAAACGGTACACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAACAATGCCGGGCTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCCTTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCGTCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTGGGCCATTTTGTGAGGGGGCCTCTGCCATTCAAGTGGTGGTTGTCGACTTGCATCGTTACTGTAAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCCATTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAAAAGATACGACCTGGTGGTCTATTGTGTTGTCACACCGAGGTAATGATTAAATAGGGACAGTTGGGGTATTCAATTCAACGTCAAGGGTAGAAATTCTGGATCGTGAAGAGTGAAGCTTACCGAAAGCATTNACCAAGGATGTTCAATTAAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGAGTGAATTAGATACCATNGTAGCTTAACCATAAACTATGCCGACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTGTGAAATGACCTGTCAGCACCGTATGAGAAATCAAAGTCTTGGTTCCGGGGGAGATGGTCGAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAAGGCACCAACAGGAGTGGAGCCTGGGGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGATTGAGAGCTTTCTGATTCTATGGGTGGTGGTCATGGCGTTCTAGTTGGTAGGTGATTGTCTGGTTAATTCCGTTAACGAACGAGACCTCCGCGTGCTAAATAGTTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTCTTAGAGGGACTTCACTGACTAACTGAAGGAAGTTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGGCCGACCGCGCTACACTGATACGCTAACGAGTANANANCNTNNATAACCTNGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAATACGTATCGTCTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAAATCTGACCGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTTCATTGATTACGTCCTGCCCTTGTACACACCGGCCGTCGACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAGTATTGGACTGTGAATTGTCATTGCAAGTTGTGGAACTTCCCTNACCNCNCNNNNNNNNNN

>T1 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNNNCTTACNACTGGATACCGTAGTAATTCTAGAGCTAACATCGCTAAATACCCAAC
GCTTGTCCGACGGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCGCCCTCGGTATTGTGTTGAATCATATAAAC
TGTGCGGATCGCTCACAGCGATAAGTCATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGCCTA
CCATGGCGTTAACGGTAACGGGAATTAGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGTACCATC
AGGAAGGCAGCAGCGCTAACATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAACAAATGCCGGCTT
TTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGAGGGCAAGTCTGGTGC
GCAGCCCGGTAATTCCAGCTCAAATAGCTATATTAAAGTTGAGGTAAAGCTCGTAGTTGGATTCTG
GTTTGAGCGTCCGGTCGAGTTATCTGTACTATGGATGCTGGGCCATTGGTGAAGGGGCGCTCTGCC
TTCAGTTGGTGGTTGTGACTTGCATCGTTACTGTAAAAAAATTAGGTGTTAAAGCAGCGTTGCTCAT
TTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGGTGGCTATTGGTGGTTGCACACCGAGGTAATGA
TTAATAGGGACAGTTGGGGTATTCAATTCAACGTCAGAGGTGAAATTCTGGATCGTGAAGAGTGAGCTTA
GGCGAAAGCATTACCAAGGATTTTCAATTAACTAACAGAAAGTTAGGGGATCGAAGAGTATTAGATACCAT
CGTAGCTTAACCATAAAACTATGCCGACTCGGGATTGGCAGTCGTTTATTGAAATGACCTTGTCA
GAGAACCTAAAGTCTTGGGTCGGGGGGAGTATGGTCGAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAAGGGCA
CCACCAAGGAGTGGAGCCTGCCCTTAATTGACTCAAACACGGGAAACTTACCAAGGTCAGACATAGTAAGGATT
GACAGATTGAGAGCTTTCTGATTCTATGGGTGGTGCATGCCGTTCTTAGTTGGTAGTGAATTGTCT
GGTTAATTCCGTTAACGAACGAGACCTCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTACCAATTGGTAGGATGGACTTCT
TAGAGGGACTTCAGTGAACACTGAAGGAAGTGGAGGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGG
CCGCACCGCGCTACACTGATACGCTAACAGAGTATAACCTTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAATAC
GTATCGTCTAGGGATAGATTATTGCAATTAACTTGAAACGAGGAATTCCCTAGAACGCAAGTCATCAGCT
TGCATTGATTACGTCCTGCCCTTGTACACACCAGGCCGTCGACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTG
GGACTGTGAATTGTGCTTCATTGCGATGCAAGTTGTGGGAACCTCNNNNCNNNNNNNNNNNNNN

>T5 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNNCTTACTACTTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCCAAC
TGCTTGTGGACGGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCGGCCTCGTCGGTTGTTGAATCATAATAA
CTGTGCGGATCGCTTACAGCGATAAGTCATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGGCCT
ACCATGGCCTAACGGTAACGGGAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCACATCC
AAGGAAGGCAGCAGCGCTAACATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAACAATGCCGGCT
TTTCAAGTCTGGCAATTGGAAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGC
AGCAGCCGCGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCT
GGTTTGAGCGTCCGGTCACTGTTATCTCTGACTATGGATGCTTGGGCCATTGGTGAAGGGCGCTTCTGCC
ATTCAAGTTGGTGGTGTGACTTGACATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCGTTGCTCA
TTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTGGTGGTCTATTGGTGGTTGCACACCGAGGTAATG
ATTAATAGGACAGTTGGGGTATTCATATTCAACGTCAGAGGTGAAATTCTGGATCGTTGAAAGATGAGCTT
AGGCAGAAAGCATTACCAAGGATGTTTCATTAAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGATGATTAGATACCA
TCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTGGTGAATGACCTTGTCA
GCACCGTA
TGAGAAATCAAAGTCTTGGGTTCCGGGGGAGTATGGTCGAAGGCTGAAACTTAAAGGAAATTGACGGAGGGC
ACCACCAAGGAGTGGAGCCTGGGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGAT
TGACAGATTGAGAGCTTTCTGATTCTATGGGTGGTGGTGCATGCCCTTCTAGTTGGTGGAGTGA
TTTGTCT
TGGTTAATTCCGTTAACGAAACGAGACCTCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTC
TTAGAGGGACTTCACTGACTAATGAGGAAGTTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGG
GCCGCACCGCGCTACACTGATACGCTAACGAGTATATAACCTGATCGATAGGCTGGTAATCTTTGAATA
CGTATCGTCTAGGGATAGATTATTGCAATTATAATCTGAAACGAGGAATTCCCTAGTAAACGCAAGTCATCAGC
TTGCATTGATTACGTCCTGCCCTTGACACACCGCCGTCGACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATT
GGGACTGTGAATTGTTGCTCATGCAAGTTGTGGAACTTCTAACTCNCNNNNNNNNNN

>T7 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNCTTACTACTTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCCAAC
TGCTTGTGGACGGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCGGCCTCGTCGGTTGTTGAATCATAATAA
CTGTGCGGATCGCTTACAGCGATAAGTCATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGGCCT
ACCATGGCCTAACGGGTAACGGGAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCATCC
AAGGAAGGCAGCAGCGCTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAACAATGCCGGCT
TTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGC
AGCAGCCGCGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCT
GGTTTGAGCGTCCGGTCACTGTTATCTCTGACTATGGATGCTTGGGCCATTGGTGAAGGGCGCTTCTGCC
ATTCAAGTTGGTGGTTGTCGACTTGCATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGCGTTGCTCA
TTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTGGTGGCTATTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATG
ATTAATAGGGACAGTTGGGGTATTCATATTCAACGTCAGAGGTGAAATTCTGGATCGTTGAAAGATGAGCTT
AGGCGAAAGCATTTACCAAGGATGTTCTTCAATTAACTCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGAGTATTAGATACCA

TCGTAGTCTAACCATAAACTATGCCGACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTTGAATGACCTTGTCAAGCACCGTA
 TGAGAAATCAAAGTCTTGGGTCGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTAAAGGAATTGACGGAAGGGC
 ACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGTTAATTGACTAACACGGGAAACTTACCAAGGTCAGACATAGTAAGGAT
 TGACAGATTGAGAGCTTTCTTGATTCTATGGGTGGTGCATGGCGTTCTTAGTTGGTAGGTGATTGTC
 TGGTTAATTCCGTTACGAACGAGACCTCCCGTGCTAAATAGTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTC
 TTAGAGGGACTTCAGTACTAAGGAAAGTTGGAGGAATAACAGGCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGG
 GCCGCACGCGCCTACACTGATAACGCTAACGAGTATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAATA
 CGTATCGTGTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGC
 TTGCAATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATT
 GGGACTGTGAATTGTGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGAACTTCCTAACCNCCNNNNNNNNNNNNNNNNNN

>T8 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNCTTACTACTTGGATACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCAACTG
 CTTGTCGGACGGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCGGCCTCGGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACT
 GTGCGGATCGCTTCACAGCGATAAGTCATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGCCTAC
 CATGGCGTTACGGGTAACGGGAAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCACATCCAA
 GGAAGGCAGCAGGCGCTAAATTACCAATTCTGACACAGGGAGGTAGTACAATAAAACAATGCCGGGCTTT
 TCAAGTCTGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGAGGGCAAGTCTGGTGCAG
 CAGCCGGGTAAATTCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTGTGAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGG
 TTTGAGCGTCCGGTCGAGTTATCTGTACTATGGATGCTGGCCATTGGTAGGGCGCTTCTGCAT
 TCAGTTGGGGTTGTGCACTTGCATCGTTACTGTGAAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCGTTGCTCATT
 TGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTGGTGGTCTATTGTTGTTGCAACACCGAGGTAAATGAT
 TAATAGGGACAGTTGGGGTATTCAACGCTTAAAGCTGAGGATCAATTGAGGGATGAAAGATGAGCTTAG
 GCGAAAGCATTACCAAGGATGTTCAATTAAAGGATGAAACACGAAAGTTAGGGGATGAAAGATGATTAGACCATC
 GTAGTCTTAACCATAAAACTATGCCGACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTGGAATGACCTTGTCAACCGTATG
 AGAAATCAAAGTCTTGGGTCCGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTAAAGGAATTGACGGAAGGGCAC
 CACCAGGAGTGGAGCCTGCGGTTAATTGACTAACACGGGAAACTTACCAAGGTCAGACATAGTAAGGATTG
 ACAGATTGAGAGCTTTCTGATTCTATGGGTGGTGCATGCCGTTCTAGTTGGTAGGTGATTGACTCTGG
 GTTAATTCCGTTAACGAAACGAGACCTCCGCGTGTAAATAGTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTCT
 AGAGGGACTTCAGTACTAAGGAAAGTTGGAGGAATAACAGGCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGG
 CGCACGCGCCTACACTGATAACGCTAACGAGTATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAATACG
 TATCGTGTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTT
 GCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGG
 GACTGTGAATTGTGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGAACTTCCTAACCTCNCCNNNNNNNNNNNNNNNNNN

>T10 - 18S (EK82f-1498r)

NNNNNNNNNNNNNNNCTTACTACTTGGATACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCAACTG
 CTTGTCGGACGGGTAGCATTATTAGATTGAAACCAATGCGGCCTCGGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACT
 GTGCGGATCGCTTCACAGCGATAAGTCATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGCCTAC
 CATGGCGTTACGGGTAACGGGAAATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCACATCCAA
 GGAAGGCAGCAGGCGCTAAATTACCAATTCTGACACAGGGAGGTAGTACAATAAAACAATGCCGGGCTTT
 TCAAGTCTGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGAGGGCAAGTCTGGTGCAG
 CAGCCGGGTAAATTCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTGTGAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGG
 TTTGAGCGTCCGGTCGAGTTATCTGTACTATGGATGCTGGCCATTGGTAGGGCGCTTCTGCAT
 TCAGTTGGGGTTGTGCACTTGCATCGTTACTGTGAAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCGTTGCTCATT
 TGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTTGGTGGTCTATTGTTGTTGCAACACCGAGGTAAATGAT
 TAATAGGGACAGTTGGGGTATTCAACGCTAACGAGGTGAAATTCTGGATGTTGAAAGATGAGCTTAG
 GCGAAAGCATTACCAAGGATGTTCAATTAAAGAACGAAAGTTAGGGGATGAAAGATGATTAGACCATC
 GTAGTCTTAACCATAAAACTATGCCGACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTGGAATGACCTTGTCAACCGTATG
 AGAAATCAAAGTCTTGGGTCCGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTAAAGGAATTGACGGAAGGGCAC
 CACCAGGAGTGGAGCCTGCGGTTAATTGACTAACACGGGAAACTTACCAAGGTCAGACATAGTAAGGATTG
 ACAGATTGAGAGCTTTCTGATTCTATGGGTGGTGCATGCCGTTCTAGTTGGTAGGTGATTGACTCTGG
 GTTAATTCCGTTAACGAAACGAGACCTCCGCGTGTAAATAGTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTCT
 AGAGGGACTTCAGTACTAAGGAAAGTTGGAGGAATAACAGGCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGG
 CGCACGCGCCTACACTGATAACGCTAACGAGTATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAATACG
 TATCGTGTAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTT
 GCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGG
 GACTGTGAATTGTGCTTCATTGCATGCAAGTTGTGGAACTTCCTAACCTCGCNCCNNNNNNNNNNNNNNNN

>S1.2 - 18S (EK82f-1498r)

CCTTACTACTTGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCCAAC TGCTTGT CGGACGGGTA
 GCATTTATTAGATTGAAACCAATCGGGCCTCGGTAGTGAATCATAATAACTGTGC GGATCGCTTC
 CAGCGATAAGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGTTAACGGG
 TAACGGGGATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGTACCCATCCAAGGAAGGCAGCAGGG
 CGTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAACAATGCCGGCTTTTAAGTCTGGCAATT
 GGAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCGCGTAATTC
 CAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGAGCTAAAGCTGTAGTTGGATTTGAGGGCGCTCTGCCATTCA GTTGGTGGTGT
 GAGTTTATCTGTACTATGGATGTTGGGCCATTGGTGAGGGCGCTCTGCCATTCA GTTGGTGGTGT
 GTCGACTTGCATCGTTACTGTGAAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCAT
 GGAATAATAAGATACGACCTGGTGGTCTATTGGTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTG
 GGGGTATTCAATTTCACACGTCAGAGGTGAAATTCTTGATCGTGAAGAGTGA GCTTGGCGAACCTTAC
 AAGGATGTTTCAATTCAAGAACGAAAGTGTAGGGATCGAAGATGATTAGATA ACCATCGTAGCTTAACCATA
 AACTATGCCACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTGGATGACCTTGTCAGCACCGTATGAGAAATCAAAGTCTT
 TGGGTTCCGGGGAGTATGGTCGAAGGCTGAAACTAAAGGAAATTGACGGAAGGGCACCCACCAGGAGTGGAGC
 CTGGCGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGATTGAGAGCTC
 TTTCTGATTCTATGGGTGGTGCATGGCGTTCTAGTTGGTGGAGTGATTGCTGGTTAATTCCGTTAAC
 GAACGAGACCTCCGCGCTAAATAGTTCTGTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCACT
 GACTAAGTGAAGGAAGTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGGCGCACGCGCGCTACA
 CTGATACGCTAACAGAGTATATAACCTGATCGATAGGTCTGGGTAACTTTGAATACGTATCGTAGGGAT
 AGATTATTGCAATTATTAAATCTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTTGCTATTGATTACGTCC
 CTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGCACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGACTGTGAATTGTT
 TGCTTCATTGCATTCAAGTTGTGGGAACCTTCCTT

>S2.2 - 18S (EK82f-1498r)

CCTTACTACTTGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACATGCGTAAATACCCAAC TGCTTGT CGGACGGGTA
 GCATTTATTAGATTGAAACCAATCGGGCCTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGC GGATCGCTTC
 CAGCGATAAGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGTTAACGGG
 TAACGGGGATTAGGGTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGTACCCATCCAAGGAAGGCAGCAGGG
 CGTAAATTACCCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACAATAAAACAATGCCGGCTTTTAAGTCTGGCAATT
 GGAATGAGAACAAATTAAATCCCTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCGCGTAATTC
 CAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGAGCTAAAGCTGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCGTCCGGC
 GAGTTTATCTGTACTATGGATGTTGGGCCATTGGTGAGGGCGCTCTGCCATTCA GTTGGTGGTGT
 GTCGACTTGCATCGTTACTGTGAAAAAAATTAGAGTGTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCAT
 GGAATAATAAGATACGACCTGGTGGTCTATTGGTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTG
 GGGGTATTCAATTTCACACGAGGTGAAATTCTGGATCGTGAAGATGATTAGATA ACCATCGTAGCTTAACCATA
 AACTATGCCACTCGGGATTGGCAGTCGTTATTGGATGACCTTGTCAGCACCGTATGAGAAATCAAAGTCT
 TTGGGTCCGGGGAGTATGGTCGAAGGCTGAAACTAAAGGAAATTGACGGAAGGGCACCCACCAGGAGTGGAG
 CCTGCGCTTAATTGACTCAACACGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGATTGAGAGCT
 CTTCTTGATTCTATGGGTGGTGCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTGATTGCTGGTTAATTCCGTTAA
 CGAACGAGACCTCCGCGTGTAAATAGTTCTGCTTACCAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAG
 TGACTAAGTGAAGGAAGTGGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTAGATGTTCTGGCGCACGCGCGCTAC
 ACTGATACGCTAACGAGTATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTGATTAACGTATCGTAGGG
 TAGATTATTGCAATTATTAAATCTGAACGAGGAATTCTAGTAAACGCAAGTCATCAGCTTGCTATTGAG
 CCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGCACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGACTGTGAATTGTT
 TTGCTTCATTGCATTCAAGTTGTGGGAACCTTCCTT

>D1 - ITS 4-6

NNNNNNNGNNGNNNNNGTAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCAACACAAAAAACACCCCC
ACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGGCAGCTAGCGAAGGTTGCAAGAAGCCGATGTC
CAATTGAACTCTTTAAACACTGACTGATCAAACACTGAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCT
TTCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAAGAACGCTGCGAACTGCGATACTGAAATTGCAAGAA
TTCAGTGAGTCATAAAATTGAAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGTCTGGAGATGTTGTATCAGTGTG
CGTGAACACAAAATTGTTCATTTCTGATTGGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTGTAATTACAAGTCCTTT
AAACGACGGTACCTATGCGCTTAGTGAGATGTATTAAAGGTATGCCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTG
TGGCGCACACAGCACTAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTGCTTGTACTTCGGTACGGACACATAT
TGCTTTTGTGATTCTGCGAGTCTGTTGCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTGGTATGCTGGTGCATT
TTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

>D2 - ITS 4-6

NNNNNNNNNNNNNNNAAGGTTCNGTAGGTGAACTGCGGAAGGATCATTACCAACACAAAAACACCCAC
GTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCGCTGCCCTGTGGCAGCTAGCGAAGGTTCGCAAGAACCGATGTCA
ATTTGAATCCTTTAAATAGACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTT
CAACAGTGGATGTCAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTCGAACTCGCATACGTAATGCAATTGCAATTGAGAATT
CAGTGAGTCATCAAATTTGAACGCATTGCACCTCCGGTTAGTCTGGAGTATGTTGTATCAGTGTCGG
TGAACACAAACTGTTTATTCTTGATTGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAA
ACGACGGTACCTATGCGCCTAGTGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTGTGTC
GCGGCACACAGCACTAAAGAGAGAGCAATCGCGTAGTTTGCTTGTACTTCGGTACGAGTGGACACATATTG
CTTTTTGTATTCTGCAGTCTGTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTCATTCTT
GGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAAGACTACCCGCTGAACCTAACG
ATATCAANNNNNNNNNNNN

>D3 - ITS 4-6

NNNNNNNNNNNNNTAACAGGTTCCGTAGGTGAACCTCGGGAGGATCATTACCACACCAAAAAACACCCCA
CGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCCGTGGCAGCTAGCCGAAGGTTCGCAAGAAGCCGATGTC
AATTGAAATCCTTTAAAATACGACTGATCAAACACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCT
TCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTCGAACTCGATACTGTAATGCAATTGCAAGAAT
TCAGTGAGTCATCAAATTGAAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGTCCTGGGAGTATGTTGTATCAGTGTCC
GTGAACACAAACTTGTTCATTCTTGATTGGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTGTAATTACAAGTCCTTTA
AACGACGGTACCTATGCGCTCTAGTGAGATGTATTATTAAAGGTATGCCTCGCCTTTCGAAAGTCTGTGT
GGCGGCACACAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGTCTGTACTTCGTAACGAGTGGACACATATT
GCTTTTGTGATTCTGCAGTCTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTGCATTCT
TGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTAAC
CATATCANNNNNNNNNNNNNNNAN

>D4 - ITS 4-6

NNNNNANGNNNNNNNNNNNACAAGGTTCCGTAGGTGAACNTNNGAAGGATCATTACCACACCAAAACAC
CCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGGCAGCTAGCGAAGGTTCGCAAGAACGCCA
TGTCAATTGAACTCTTTAAAATACGACTGATCAAACACTGCAGATAGAAATATCTGCATGAAATTGAAATACA
ACTTTCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCCAACTGCGATAACGTAATGCGAATTGCA
GAATTCACTGAGTCATAAAATTGAAACGCATATTGCACTTCCGGTTAGTCCTGGGAGTATGTTGTATCAGT
GTCCGTGAACACAAACTTGTTCATTCTTGATTGGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCT
TTAACGACGGTACCTATGCGTCTAGTGAGATGTATTAAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTT
GTGTGGGGCACACAGCACTAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGTCTGTACTTCGGTACGAGTGGACACA
TATTGCTTTGTGATTCTGCGAGTCTGTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTGGTATGCTGGTCAT
TTCTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAAC
TAAGCATNNNNNNNNNNNNNNNNNN

>D5 - ITS 4-6

NNNAGGGNNNNNNNNNNACAAGGTTCCGTAGGTGAACNTNNGGNAGGATCATTACCACACCAAAACACCCCC
ACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTGTGGCAGCTAGCGAAGGTTCGCAAGAAGCCGATGT
CAATTGAATCCTTTAAAATACGACTGATCAAACACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAAC
TTCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTCGAACTGCGATAACGTAATCGAATTGAGAA
TTCAGTGAAGTCATCAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGTCTGGAGTATGTTGTATCAGTGT
CGTGAACACAAACTGTTCTGATTGGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTGTAATTACAAGTCCTTT
AAACGACGGTACCTATGCGTCTAGTGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCGCGCTCCTTCGAAAGTCTTG
TGGCGGGCACACAGCACTAAAGAGAGAGCAAATCGCGGTAGTTTGCTTGTACTTCGGTAGAGGTGGACACATAT

TGCTTTTGATTCCTGCGAGTCTGGTCAAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTCATTTC TTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAGACTACCCGCTGAACCTAA GCATATCATNNNNNNNNNGNAA

>D6 - ITS 4-6

NNNNNNNAGGNANNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTNNNGANGGATCATTACCACACCAAAAAACAC CCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCGCTGCCCTGTGGCAGCTAGCCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGA TGTCAATTGAATCCTTTAAAATACGACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACA ACTTTCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTGCGATACGTAATGCAATTGCA GAATTTCAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTGCGATACGTAATGCAATTGCA ATTGCAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTTGTAAATTACAAGTCCT GTCCGTGAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTTGTAAATTACAAGTCCT TTAAACGACGGTACCTATGCGCTCTAGTGGAGTGTATTAAAGGTATGCCTGCGCTCCCTCGAAAGTCTT GTGTGGCGGACACAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTTGTACTTCGGTACGAGTGGACACACA TATTGCTTTTGATTTCTGCGAGTCTGTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTCAT TTCTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAGACTACCCGCTGAAC TAAGCATNNCATNNNNNNNNNNNN

>P1 - ITS 4-6

TGAAGGTGAAAGTCGTAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCACACCAAAAAACACCCCA CGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTGTGGCAGCTAGCCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTC AATTGAATCCTTTAAAATACGACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCT TCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTGCGATACGTAATGCAATTGCAATTGCAAGAAT TCAGTGGATGTCTAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGTTAGTCCTGGAGTATGTTGTATCAGTGTCC GTGAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTTGTAAATTACAAGTCCTTTA AACGACGGTACCTATGCGCTCTAGTGGAGTGTATTAAAGGTATGCCTGCGCTCCCTCGAAAGTCTTGTGT GCGGGCACACAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTTGTACTTCGGTACGAGTGGACACATATT GCTTTTGATTTCTGCGAGTCTGTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTCATTCT TGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAGACTACCCGCTGAACCTAACATATAA

>P2 - ITS 4-6

NNNAGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGANNNTCGGAAGGATCATTACCACACCAAAAAACACCC CAATTCGATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTGTGGCAGCTAGCCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTC AATTGAATCCTTTAAAATACGACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCT TCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTGCGATACGTAATGCAATTGCAATTGCAAGAAT TCAGTGGATGTCTAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGTTAGTCCTGGAGTATGTTGTATCAGTGTCC GTGAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTTGTAAATTACAAGTCCTTTA AACGACGGTACCTATGCGCTCTAGTGGAGTGTATTAAAGGTATGCCTGCGCTCCCTCGAAAGTCTTGTGT GCGGGCACACAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTTGTACTTCGGTACGAGTGGACACATATT GCTTTTGATTTCTGCGAGTCTGTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTCATTCT TGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAGACTACCCGCTGAACCTAACATANCATN

>P3 - ITS 4-6

NNNANGGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCNGTAGGTNNNNNTNNNGNAGGATCATTACCACACCAAAAAACACCC CACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTGTGGCGCTAGCCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTC CAATTGAATCCTTTAAAATACGACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATGTCTGCATGCAATTGAAATACAACCT TTCACACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTGCGATACGTAATGCAATTGCAAGAAT TTCAGTGGATGTCTAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGTTAGTCCTGGAGTATGTTGTATCAGTGTCC CGTGAACACAAACCTGTTCATTTCTGATTGGAGTGTATTAAAGGTATGCCTGCGCTCCCTCGAAAGTCTTGTGT AAACGACGGTACCTATGCGCTCTAGTGGAGTGTATTAAAGGTATGCCTGCGCTCCCTCGAGAGTTGGTGTGGCGGACACATATT TGCTTTTGATTTCTGCGAGTCTGTTTAAGCACAGGACACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTCATTCT TGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAGACTACCCGCTGAACCTAACATGCANNNNNNNNNNN

>P4 - ITS 4-6

NNNNNGGGNNNNNNNNNAACAANNTTCCGTAGGTGANNNTNNNGAAGGATCATTACCACACCAAAAAACACCC CACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTGTGGCAGCTAGCCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTC TCAATTGAATCCTTTAAAATACGACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAAC TTCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTGCGATACGTAATGCAATTGCAATTGCAAGAAT

ATTCAGTGAGTCATAAAATTGAAACGCATTGCACTCCGGGTTAGTCTGGAGTATGTTGTATCAGTGT
CCGTGAACACAAACTTGTTCATTCTGATTGGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTGTAATTACAAGTCCTT
TAAACGACGGTACCTATCGCCTAGTGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTGT
GTGGCGGCACACAGCACTAAAGAGAGAGCAAATCGCGGTAGTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACACATA
TTGCTTTGTGATTCTCGAGCTGTTGCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTGCATTT
CTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTA
AGCATNNCANNNNNNNNNNNNNN

>P5 - ITS 4-6

NNNNNGGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAACNTNNGNAGGATCATTACCACACCAAAAAACACC
CCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCGCTGCCCTGTGGCAGCTAGCCGAAGGTTTCGCAAGAACCGAT
GTCATTGAACTCTTTAAACAGACTGATCAAACACTGAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAA
CTTCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGAACTGCGATACTGAATGCGAATTGCG
AATTCAAGTGAGTCATAAAATTGAAACGCATTGCACTCCGGGTTAGTCCTGGGAGTATGTTGTATCAGTGT
TCCTGAAACACAAACTGTTCTTGATTGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTGTAATTACAAGTCCTT
TTAACGACGGTACCTATCGCCTAGTGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTGT
GTGGCGGCACACAGCACTAAAGAGAGAGCAAATCGCGGTAGTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACACATA
ATTGCTTTGTGATTCTCGAGCTGTTGCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTGCATT
CTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTA
AGCATATCATN

>P6 - ITS 4-6

NNNANGGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAANNTNNNGAAGGATCATTACCACACCAAAAAACACC
CACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCGCTGCCCTGTGGCAGCTAGCCGAAGGTTTCGCAAGAACCGATG
TCAATTGAACTCTTTAAACAGACTGATCAAACACTGAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAA
TTTCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGAACTGCGATACTGAATGCGAATTGCG
AATTCAAGTGAGTCATAAAATTGAAACGCATTGCACTCCGGGTTAGTCCTGGGAGTATGTTGTATCAGTGT
CCGTGAACACAAACTGTTCTTGATTGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTGTAATTACAAGTCCTT
TAAACGACGGTACCTATCGCCTAGTGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTGT
GTGGCGGCACACAGCACTAAAGAGAGAGCAAATCGCGGTAGTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACACATA
TTGCTTTGTGATTCTCGAGCTGTTGCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTGCATTT
CTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTA
AGCATATCATNNNNNGNAGNAAN

>P7 - ITS 4-6

NNNNNGGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAANNTNNNGAAGGATCATTACCACACCAAAAAACACC
CACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCGCTGCCCTGTGGCAGCTAGCCGAAGGTTTCGCAAGAACCGATG
TCAATTGAACTCTTTAAACAGACTGATCAAACACTGAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAA
TTTCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGAACTGCGATACTGAATGCGAATTGCG
AATTCAAGTGAGTCATAAAATTGAAACGCATTGCACTCCGGGTTAGTCCTGGGAGTATGTTGTATCAGTGT
CCGTGAACACAAACTGTTCTTGATTGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTGTAATTACAAGTCCTT
TAAACGACGGTACCTATCGCCTAGTGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTGT
GTGGCGGCACACAGCACTAAAGAGAGAGCAAATCGCGGTAGTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACACATA
TTGCTTTGTGATTCTCGAGCTGTTGCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTGCATTT
CTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTA
AGCATNNCANN

>P8 - ITS 4-6

NNNNNNNGGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAANNTNNNNNAGGATCATTACCACACCAAAAAACACC
CACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCGCTGCCCTGTGGCAGCTAGCCGAAGGTTTCGCAAGAACCGATG
TCAATTGAACTCTTTAAACAGACTGATCAAACACTGAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAA
TTTCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGAACTGCGATACTGAATGCGAATTGCG
AATTCAAGTGAGTCATAAAATTGAAACGCATTGCACTCCGGGTTAGTCCTGGGAGTATGTTGTATCAGTGT
CCGTGAACACAAACTGTTCTTGATTGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTGTAATTACAAGTCCTT
TAAACGACGGTACCTATCGCCTAGTGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTGT
GTGGCGGCACACAGCACTAAAGAGAGAGCAAATCGCGGTAGTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACACATA
TTGCTTTGTGATTCTCGAGCTGTTGCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTGCATTT
CTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTA
AGCATNNCANN

>P9 - ITS 4-6

NNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAANNNNNGNAGGATCATTACCAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTCGCTGCCCTTGTGGCAGCTAGCCGAAGGTTCGAAGAAGCCATGTCAATTGAATCCTTTTAAATACGACTGATCAAACACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTGGATGCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTCGAACCTGCGATACTGAATTGCGAATTGCGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGTTAGTCTGGAGTATGTTGTATCAGTGTCCGTGAACACAAACTTGTTTCATTTCTGATTGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTGTAAATTACAAGTCCTTAAACGACGGTACCTATGCGCTCTAGTGAGATGTATTATTAAAGGTATGCCCTCGCCTCCCTTCGAAAGTCTTGTGCGGGCACACAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTTGTACTTCGGTACGAGTGGACACATATTGCTTTTGATTCTGCGAGTCTGTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTGGTATGCTGGTGCATTCTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTAAGCATNNNNN

>T1 - ITS 4-6

NNNNNNGGNNNNNNNNNACAGGTTCCGTAGGTGAACCTNNNNNAGGATCATTACACACCAAAACACC
CCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCGCTGCCCTTGTGGCAGCTAGCCGAAGGTTCGAAGAACCGAT
GTCAATTGAATCCTTTAAAATACGACTGATCAAAACTGCAGATAGAAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAA
CTTTCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTCGAACTCGATACGTAATGCGAATTGCGA
AATTCACTGAGTCATCAAAATTGAACGCATATTGCACTTCCGGTTAGTCCTGGAGTATGTTGTATCAGTG
TCCGTGAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTTCTGTAATTACAAGTCCTT
TTAAACGACGGTACCTATGCGCCTAGTGAGATGTATTATTAAGGTATGCCCTGCGCTCCTTCAAGTCTTG
TGTGGCGGCACACGACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGTACTTCGGTACGAGTGGACACAT
ATTGCTTTGTGATTCTCGAGCTGTTGCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTGCATT
TCTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAAGACTACCCGCTGAACATT
AAGCATATCANANNN

>T5 - ITS 4-6

NNANGNGNANNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGNNNNTGCAGGAAGGATCATTACCAACACAAAAACACCCAC
GTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCGCTGCCCTGTGGCAGCTAGCGAAGGTTCGCAAGAACCGATGTCA
ATTTGAATCCTTTAAATACGACTGATCAAACACTGAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTT
CAACAGTGGATGTCAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTCGAACTCGCATACGTAATGCGAATTGAGAATT
CAGTGAGTCATCAAATTTGAACGCATTGCACTTCCGGTTAGTCCTGGGAGTATGTTGTATCAGTGTCCG
TGAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAA
ACGACGGTACCTATGCGCCTAGTGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCTGCGCTCTTCGAAAGTCTTGTGTG
GCGGCACACAGCACTAAAGAGAGAGCAATCGCGTAGTTTGCTTGTACTTCGGTACGAGTGGACACATATTG
CTTTTTGTGATTTCTGCGAGTCTGTTGCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTGTGATGCTGGTCATTCTT
GGCGTATGGAGGCAAATTGGAAATTCAATCCAANNNNCNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

>T7 - ITS 4-6

NNNGGGNNNNNNNAACAAGGTTCTAGGTNNNNNTGCAGGATCATTACCAACACAAAAACACCCAC
GTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCGACTAGCCAGGTTCGAAGAGCCGATGTCA
ATTTGAATCCTTTAAATAGACTGATCAAACACTGAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACTTT
AACAGTGGATGTCAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTCGAACTCGCATACGTAATGCAATTGAGAATT
CAGTGAGTCATCAAATTTGAACGCATTGCACCTCCGGTTAGTCCTGGAGTATGTTGTATCAGTGCCG
TGAACACAAACTGTTTATTCTTGATTGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTGTAATTACAAGTCCTTTAA
ACGACGGTACCTATGCGCCTAGTGAGATGATTATTAAGGTATGCCCGCTCTTCGAAAGTCTTGTGTG
GCGGCACACAGCACTAAAGAGAGAGCAATCGGGTAGTTTGCTTGTACTTCGGTACGAGTGGACACATATTG
CTTTTTGTATTCTGCAGTCTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTCATTCTT
GGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

>T8 - ITS 4-6

NNNNNGGGNNNNNNNNACAAGGTTCCGTAGGTGNNNNTCGGAAGGATCATTACACACCAAAACACCC
CACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCGCTGCCCTGTGGCAGCTAGCCGAAGGTTCGAAGAACCGATG
TCAATTGAACTCTTTAAACAGACTGATCAAACACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAAAC
TTTCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACCCGATGAAGAACGCTGCAACTCGATACGTAATGCAATTGCAATTGCAAGA
ATTCACTGAGTCATCAAATTGAAACGCATATTGCACTTCCGGTTAGCCTGGAGTATGTTGTATCAGTGT
CCGTGAACACAAACTTGTTCATTTCTTGATTGGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTGTAATTACAAGTCCCTT
TAAACGACGGTACCTATGCGTCCTAGTGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCCTGCGCTCCCTCGAAAGTCTGT
GTGGCGCACACAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACACATA
TTGCTTTTGTGATTCTGCGAGTCTGTCAGGAACTACAAGGACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTGATTT
CTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTA
AGCATATCATNNNNNNNNNNNN

>T10 - ITS 4-6

NNNANGGNANNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGNNNNTGCGGAAGGATCATTACCACACCAAAAAACACCCC
 ACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCGCTGCCCTGTGGCAGCTAGCGAAGGTTCGCAAGAACCGATGT
 CAATTGAATCCTTTAAAATACGACTGATCAAACACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACA
 TTCAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTGCGATACGTAATGCGAATTGCGA
 TTCAGTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGTCCTGGGAGTATGTTGTATCAGTGT
 CGTGAACACAAACTTGTTCATTCTGATTGGGATGGAGCAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTT
 AAACGACGGTACCTATCGCTCCTAGTGAGATGTATTAAAGGTATGCCTGCGCTCTTCGAAAGTCTGTG
 TGCGGGCACACAGCACTCAAAGAGAGAGCAATCGCGTAGTTTGCTTGTACTCGGTACGAGTGGACACATAT
 TGCTTTTGATTTCTGCGAGTCTGTTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAGTTGGTATGCTGGTGCATT
 TTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGA
 ACTTAA
 GCATANCANN

>S1.2 - ITS 4-6

TGAAGGTGAAAGTCGTAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCACACCAAAAAACACCCC
 CGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTGTGGCGCTAGCGAAGGTTCGCAAGAACCGATGTCA
 ATTGAATCCTTTAAACTACGACTGATCAAACACTGCAGATAGAAATGTCTGCATGCAATTGAAATACA
 CAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTGCGATACGTAATGCGAATTG
 CAGTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGTCCTGGGAGTATGTTGTATCAGTGT
 CGTGAACACAAACCTTGTTCATTCTGATTGAGATGGAGCAGAATGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTC
 ACAGACGGTACCTATCGCTCCTCGTAGATGTATTAAAGGTATGCCTGCGCTTCTTCGAGAGTTTG
 GCGGCACACAGCATTCAAAGAGAGAGCAATCGCGTAGTTGCTTGTATTCTGGTACGAGTGGACACATATT
 CTGGCATGGAGGCAAATTGGAAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGA
 ACTTAA
 ATATCAATAAGCGGGAGGAAA

>S2.2 - ITS 4-6

TTAGGTGAAAGTCGTAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCACACCAAAAAACACCCC
 CGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTGTGGCGCTAGCGAAGGTTCGCAAGAACCGATGTCA
 ATTGAATCCTTTAAACTACGACTGATCAAACACTGCAGATAGAAATGTCTGCATGCAATTGAAATACA
 CAACAGTGGATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTGCGATACGTAATGCGAATTG
 CAGTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGTCCTGGGAGTATGTTGTATCAGTGT
 CGTGAACACAAACCTTGTTCATTCTGATTGAGATGGAGCAGAATGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTC
 ACAGACGGTACCTATCGCTCCTCGTAGATGTATTAAAGGTATGCCTGCGCTTCTTCGAGAGTTTG
 GCGGCACACAGCATTCAAAGAGAGAGCAATCGCGTAGTTGCTTGTATTCTGGTACGAGTGGACACATATT
 CTGGCATGGAGGCAAATTGGAAATTCAATCCAATTGGACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGA
 ACTTAA
 ATATCAATAAGCGGGAGGAAA

>D1 - Bêta Tubuline

NNCGCCNCGCTCTCGGCCATCAGCTCGAAAACGCCGATGAGGTATGTGTCTCGATAACGAGGCCCTCTAC
GATATCTGCTTCCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCGACTTGAACCCTGGTCTGCGCCGCCATG
TCGGGTATCACGACGTGCCCTCCGCTCCCCGGTCAGTTGAACTCGGATCTTCGCAAGCTYGCGGTCAACTTGATC
CCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTCATGATYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCG
CTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGYATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCGATCTCGCCACGG
CGCTACCTCACGGCTGCYTGCATGTTCCGGCCGATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACGTC
CAGAACAAAGAACTCGTCGTACTTYGTCGAGTGGATCCGAACACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCCG
AAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACTCGTAACCGACGGGATCCAGGAGATGTTCAANGCCGTNTCNNN

>D2 - Bêta Tubuline

NNCGCCNCGCTCTCGGCCATCAGCTCGAAAACGCCGATGAGGTATGTGTCTCGATAACGAGGCCCTCTAC
GATATCTGCTTCCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCGACTTGAACCCTGGTCTGCGCCGCCATG
TCGGGTATCACGACGTGCCCTCCGCTCCCCGGTCAGTTGAACTCGGATCTTCGCAAGCTYGCGGTCAACTTGATC
CCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTCATGATYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCG
CTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGYATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCGATCTCGCCACGG
CGCTACCTCACGGCTGCYTGCATGTTCCGGCCGATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACGTC
CAGAACAAAGAACTCGTCGTACTTYGTCGAGTGGATCCGAACACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCCG
AAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACTCGTAACCGACGGGATCCAGGAGATGTTCAAGCGCGTCTCGGA

>D3 - Bêta Tubuline

TCAACGCCACGCTCTCGGCCATCAGCTCGAAAACGCCGATGAGGTATGTGTCTCGATAACGAGGCCCTCT
ACGATATCTGCTTCCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCGACTTGAACCCTGGTCTGCGCCGCCA
TGTGGGTATCACGACGTGCCCTCCGCTCCCCGGTCAGTTGAACTCGGATCTTCGCAAGCTYGCGGTCAACTTG
TCCC GTTCCCGCGTCTCCACTTCTCATGATYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCG
CGCTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGYATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCGATCTCGCCACG
GCCGCTACCTCACGGCTGCYTGCATGTTCCGGCCGATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACG
TCCAGAACAAAGAACTCGTCGTACTTYGTCGAGTGGATCCGAACACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCCG
CGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACTCGTAACCGACGGGATCCAGGAGATGTTCAAGCGCGTCTCGGA
A

>D4 - Bêta Tubuline

NCAACGCCACGCTCTCGGCCATCAGCTCGAAAACGCCGATGAGGTATGTGTCTCGATAACGAGGCCCTCT
ACGATATCTGCTTCCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCGACTTGAACCCTGGTCTGCGCCGCCA
TGTGGGTATCACGACGTGCCCTCCGCTCCCCGGTCAGTTGAACTCGGATCTTCGCAAGCTYGCGGTCAACTTG
TCCC GTTCCCGCGTCTCCACTTCTCATGATYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCG
CGCTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGYATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCGATCTCGCCACG
GCCGCTACCTCACGGCTGCYTGCATGTTCCGGCCGATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACG
TCCAGAACAAAGAACTCGTCGTACTTYGTCGAGTGGATCCGAACACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCCG
CGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACTCGTAACCGACGGGATCCAGGAGATGTTCAAGCGCGTCTCGGA
A

>D5 - Bêta Tubuline

NCNACGCCACGCTCTCGGCCATCAGCTCGAAAACGCCGATGAGGTATGTGTCTCGATAACGAGGCCCTCT
ACGATATCTGCTTCCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCGACTTGAACCCTGGTCTGCGCCGCCA
TGTGGGTATCACGACGTGCCCTCCGCTCCCCGGTCAGTTGAACTCGGATCTTCGCAAGCTYGCGGTCAACTTG
TCCC GTTCCCGCGTCTCCACTTCTCATGATYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCG
CGCTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGYATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCGATCTCGCCACG
GCCGCTACCTCACGGCTGCYTGCATGTTCCGGCCGATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACG
TCCAGAACAAAGAACTCGTCGTACTTYGTCGAGTGGATCCGAACACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCCG
CGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACTCGTAACCGACGGGATCCAGGAGATGTTCAAGCGCGTCTCGGA

>D6 - Bêta Tubuline

NCNACGCCACGCTCTCGGCCATCAGCTCGAAAACGCCGATGAGGTATGTGTCTCGATAACGAGGCCCTCT
ACGATATCTGCTTCCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCGACTTGAACCCTGGTCTGCGCCGCCA
TGTGGGTATCACGACGTGCCCTCCGCTCCCCGGTCAGTTGAACTCGGATCTTCGCAAGCTYGCGGTCAACTTG
TCCC GTTCCCGCGTCTCCACTTCTCATGATYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCG
CGCTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGYATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCGATCTCGCCACG
GCCGCTACCTCACGGCTGCYTGCATGTTCCGGCCGATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACG
TCCAGAACAAAGAACTCGTCGTACTTYGTCGAGTGGATCCGAACACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCCG
CGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACTCGTAACCGACGGGATCCAGGAGATGTTCAAGCGCGTCTCGN

>P1 - Bêta Tubuline

NCAACGCCACGCTCTCGTCCATCAGCTCGA AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTCT
ACGATATCTGCTTCCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCAGTTGAACCACTTGGTCTGCGCCGCCA
TGTGGGTATCACGACGTGCCTCCGCTTCCCAGTGAACCTGGATCTCGCAAGCTYGCAGTCAGCT
TCCCAGTCCCAGTCTCCACTTCTCATGATYGGTTCGGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCG
CGCTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCTYGA TGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCATCTCGCCACG
GCCGCTACCTCACGGCTGCYTGCATGTTCCGTCAGTGCAGTGGATCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGCG
TCCAGAACAGAACTCGCTGACTTYGTCGAGTGGATCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCCG
CGAAGGGCTCAAGATGTCGACGACGTTACCGTAACCGACGGCAGTCCAGGAGATGTTCAAGCGCTCTGG

>P2 - Bêta Tubuline

NNNNNNNCNTCAGCTNGTCGAAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTCTACGATATCTGCTT
CGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCAGTTGAACCACTTGGTCTGCGCCGCCATGTCGGGTATCACG
ACGTGCCTCGCTTCCCAGTGAACCTGGATCTCGCAAGCTYGCAGTCAGCTTGATCCGTTCCCGCT
CTCCACTTCTCATGATYGGTTCGGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCCTCACGGTYCC
GAGCTTACACAGCAGCAGCTYGA TGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCATCTCGCCACGGCCTACCTCACG
GCTGCYTGCATGTTCCGTCAGTGCAGTGGATCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCGCC
TCGACTTYGTCGAGTGGATCCGAACAAACATCAAGGCCAGCAGTGCAGTGGATCCGCC
ATGTCGACGACGTTACCGTAACCGACGGCAGTCCAGGAGATGTTCANNNNNNNNNNNNNNNN

>P3 - Bêta Tubuline

NNNNNNNNNNNCNCCAGTTGTCGAAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTCTACGATATCTG
CTCCGCACSTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGYGA CTTGAACCACTTGGTCTGCGCCGCCATGTCGGGTAT
CACGACGTGCCCTCCGTTCCCGTCAGTTGAACCTGGATCTCGCAAGCTYGCAGTCAGCTTGATCCGTTCC
GCGTCTCCACTTCTCATGATTGGTTCGGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCCTCACGG
GCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGCAGTGCAGAACATGATGTGCGCCGCCATCTCGCCACGGCCTACCT
CACGGCTGCTGCATGTTCCGTCAGTGCAGTGGATCCGAACAAACATCAAGGCCAGCAGTGCAGTGG
GAACCTCGTGTACTTCGAGTGGATCCGAACAAACATCAAGGCCAGCAGTGCAGTGGACATCCGCC
CAAGATGTCGACGACGTTACCGTAACCGACGGCAGTCCAGGAGATGTTCANNNNNNNNNNNN

>P4 - Bêta Tubuline

NNNNNNNCAGCTCGTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCAGTTGAACCACTTGGTCTGCGCCGCCATGTCGGGTAT
CGTGCCTCCGCTTCCCAGTGAACCTGGATCTCGCAAGCTYGCAGTCAGCTTGATCCGTTCCCGCT
TCACTTCTCATGATYGGTTCGGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCCTCACGGTYCC
AGCTTACACAGCAGCAGCTYGA TGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCATCTCGCCACGGCCTACCTCACGG
CTGCYTGCATGTTCCGTCAGTGCAGTGGATCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCGCC
CTGCGTACTTYGTCGAGTGGATCCGAACAAACATCAAGGCCAGCAGTGCAGTGGACATCCGCC
TGTGACGACGTTACCGTAACCGACGGCAGTCCAGGAGATGTTCANNNNNNNNNNNN

>P5 - Bêta Tubuline

NNNNNNNGTCCNTCAGCTCGTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCAGTTGAACCACTTGGTCTGCGCCGCCATGTCGGGTAT
CACGACGTGCCCTCCGCTTCCCAGTGAACCTGGATCTCGCAAGCTYGCAGTCAGCTTGATCCGTTCC
GCGTCTCCACTTCTCATGATYGGTTCGGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCCTCACGG
YCCCGAGCTTACACAGCAGCAGCTYGA TGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCATCTCGCCACGGCCTACCT
CACGGCTGCTGCATGTTCCGTCAGTGCAGTGGATCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCGCC
GAACCTCGTGTACTTYGTCGAGTGGATCCGAACAAACATCAAGGCCAGCAGTGCAGTGGACATCCGCC
CAAGATGTCGACGACGTTACCGTAACCGACGGCAGTCCAGGAGATGTTCAAGCANNNTCTCGGN

>P6 - Bêta Tubuline

NNNNNNNNCAGCTCGTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCAGTTGAACCACTTGGTCTGCGCCGCCATGTCGGGTATCACG
CGTGCCTCCGCTTCCCAGTGAACCTGGATCTCGCAAGCTYGCAGTCAGCTTGATCCGTTCCCGCT
TCACTTCTCATGATTGGTTCGGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCCTCACGGTCCCC
AGCTTACACAGCAGCAGCTTGA TGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCATCTCGCCACGGCCTACCTCACGG
CTGCTGCTGCATGTTCCGTCAGTGCAGTGGATCCGAACAAACATCAAGGCCAGCAGTGCAGTGGACATCCGCC
CTGCGTACTTCGAGTGGATCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCGCC
TGTGACGACGTTACCGTAACCGACGGCAGTCCAGGAGATGTTCANNNNNNNNNNNNNN

>P7 - Bêta Tubuline

NNNNNNNTCATCAGCTCGAAAACGCCATGAGGTATGTCTCGATAACGAGGCCCTACGATATCTGCTTCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCAGTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGCGGGTATCACGACGTGCCTCCGCTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTCGCAAGCTYCGGGTCAACTTGATCCCCTCGTCCACTTCTTCATGATYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCCTACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGYATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCATCCTCGCACGGCCACGGCTACGGCTGCGTGCATGTCGCGCCGATGTCACGAGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACGTCCAGAACAGAACTCGTCGTACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCGCCAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACCGTAACCGACGGCGATCCAGGAGATGTTCANN

>P8 - Bêta Tubuline

NNNCNNNNTTCGGTCATCAGCTCGAAAACGCCATGAGGTATGTCTCGATAACGAGGCCCTACGATATCTGCTATCTGCTTCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCAGTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGTCGGTATCACGACGTGCCTCCGCTCCGCTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTCGCAAGCTYCGGGTCAACTTGATCCCCTGTCGGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCCTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGYATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCATCCTCGCACGGCCACGGCTACCTCACTACCTCACGGCTGCGTGCATGTCGCGCCGATGTCACGAGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACGTCCAGAACAGAAACAAGAACACTCGTCGTACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCGCCAAGGGCCTCAAGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACCGTAACCGACGGCGATCCAGGAGATGTTCAANNNNNNNTCGNNN

>P9 - Bêta Tubuline

NNNNNNNCCATCAGCTCGAAAACGCCATGAGGTATGTCTCGATAACGAGGCCCTACGATATCTGCTTCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCAGTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGCGGGTATCACGACGTGCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTCGCAAGCTYCGGGTCAACTTGATCCCCTCGCTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCCTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGYATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCATCCTCGCACGGCCCTACCGCTGCGTGCATGTCGCGCCGATGTCACGAGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACGTCCAGAACAGACTCGTCGTACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCGCCAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACCGTAACCGACGGCGATCCAGGAGATGTTCANN

>T1 - Bêta Tubuline

NNNNNNNCGGTCCATCAGCTCGAAAACGCCATGAGGTATGTCTCGATAACGAGGCCCTACGATATCTGCTTCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCAGTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGCGGGTATCACGACGTGCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTCGCAAGCTYCGGGTCAACTTGATCCCCTCGCTCCACTTCTTCATGATYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCCTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGYATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCATCCTCGCACGGCCCTACCTCACCGGCTGCGTGCATGTCGCGCCGATGTCACGAGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACGTCCAGAACAGAAACTCGTCGTACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCGCCAAGGGCCTCACTCAAGATGTCGACGACGTTACCGTAACCGACGGCGATCCAGGAGATGTTCANNNN

>T7 - Bêta Tubuline

NNNNNNNGGTCATCAGCTCGAAAACGCCATGAGGTATGTCTCGATAACGAGGCCCTACGATATCTGCTTCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCAGTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGCGGGTATCACGACGTGCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTCGCAAGCTYCGGGTCAACTTGATCCCCTCGCTCCACTTCTTCATGATYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCCTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGYATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCATCCTCGCACGGCCCTACCGTCACGGCTGCGTGCATGTCGCGCCGATGTCACGAGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACGTCCAGAACAGAAACTCGTCGTACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCGCCAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACCGTAACCGACGGCGATCCAGGAGATGTTCANN

>T8 - Bêta Tubuline

NNNCCCCCNNTCGGTCATCAGCTCGAAAACGCCATGAGGTATGTCTCGATAACGAGGCCCTACGATATCTGCTTCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCAGTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGCGGGTATCACGACGTGCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTCGCAAGCTYCGGGTCAACTTGATCCCCTCGCTCCACTTCTTCATGATYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCCTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTGYATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCATCCTCGCACGGCCGTCACGGCTACCGTGCATGTCGCGCCGATGTCACGAGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACGTCCAGAACAGAAACAAGAACACTCGTCGTACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCGCCAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACCGTAACCGACGGCGATCCAGGAGATGTTCAANNNNNNNCNN

>T10 - Bêta Tubuline

NNNACGCCNNNTNTCGTCCATCAGCTCGA AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTCT
ACGATATCTGCTTCCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGCAGTTGAACCACTTGGTCTGCGCCGCCA
TGTGGGTATCACGACGTGCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACTCGGATCTCGCAAGCTYGCGGTCAACTTGA
TCCC GTTCCCGCGTCTCCACTTCTCATGATGYGGTTCGCGCCCTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCG
CGCTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTTGATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCGATCCTCGCCACG
GCCGCTACCTCACGGCTGCYTGCATGTTCCGTGGCCGATGTCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAACG
TCCAGAACAGAACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCGAACAACATCAAGGCCAGYGTGCGACATCCCG
CGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACCGTAACCGACGGCGATCCAGGAGATGTTCAANNNNNNNNTC
NGN

>S2.2 - Bêta Tubuline

NNTCAACGCCACGCTCTCGGTCCACCAGCTTGCGAAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCGCT
CTACGATATCTGCTTCCGCACGCTCAAGCTCACGACGCCACGTACGGTACCTTGAAACCACTTGGTCTGCGCCGC
CATGTCGGGTATCACGACGTGCCTCCGTTCCCCGGTCAGTTGAACTCGGATCTCGCAAGCTCGGGTTAACATT
GATCCC GTTCCCGCGTCTCCACTTCTCATGATTGGTTCGCGCCCTTGACGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCG
CGCGCTCACGGTGCCCGAGCTTACACAGCAGCAGTTGATGCCAAGAACATGATGTGCGCCGCCGATCCTCGCCA
CGGCCGCTACCTCACGGCTGCCTGCATGTTCCGTGGTCGATGTCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTCAA
CGTCCAGAACAGAACTCGTCGACTTCGTCGAGTGGATCCGAACAACATCAAGGCCAGCGTTGCGACATCCC
GCCTAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTACCGTAACCGACGGCGATCCAGGAGATGTTCAAGCGCGTCTC
GGANTNNN

>D1 - Facteur d'elongation 1 alpha

GACAACCTCAAGGCCGAGCGCAACGTGGTATCAGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTGAGTCGCCAAGTAC
 TTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGCAGGCCGAT
 TGCATCCTYGTGCGCTCGGCGTGGTGGAGTTGAGTCGAGGCCGATCTGAAGGAGGCCAGCGCGAG
 CACCGCCTCGCCTCACGCTCGCGTGCAGATGATCGTCGCCATCAACAAGATGGACACTCGTCGGC
 ATGTAACGGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTCAACTACCTCAAGAACGGTGGCTACAAGGCC
 GCAAGGTCCGTTGATCTCGGCTGGGAGGGCGAACATGATCGAGAACGGTCCGGCAACATGCCCTGG
 TACAAGGGCCGTCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTCCCGGTGTCGAGACGGGTGTCTC
 AAGCCCGG

>D2 - Facteur d'elongation 1 alpha

GACAACCTCAAGGCCGAGCGCAACGTGGTATCAGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTGAGTCGCCAAGTAC
 TTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGCAGGCCGAT
 TGCATCCTYGTGCGCTCGGCGTGGTGGAGTTGAGTCGAGGCCGATCTGAAGGAGGCCAGCGCGAG
 CACCGCCTCGCCTCACGCTCGCGTGCAGATGATCGTCGCCATCAACAAGATGGACACTCGTCGGC
 ATGTAACGGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTCAACTACCTCAAGAACGGTGGCTACAAGGCC
 GCAAGGTCCGTTGATCTCGGCTGGGAGGGCGAACATGATCGAGAACGGTCCGGCAACATGCCCTGG
 TACAAGGGCCGTCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTCCCGGTGTCGAGACGGGTGTCTC
 AAGCCCGG

>D3 - Facteur d'elongation 1 alpha

GACAACCTCAAGGCCGAGCGCAACGTGGTATCAGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTGAGTCGCCAAGTAC
 TTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGCAGGCCGAT
 TGCATCCTYGTGCGCTCGGCGTGGTGGAGTTGAGTCGAGGCCGATCTGAAGGAGGCCAGCGCGAG
 CACCGCCTCGCCTCACGCTCGCGTGCAGATGATCGTCGCCATCAACAAGATGGACACTCGTCGGC
 ATGTAACGGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTCAACTACCTCAAGAACGGTGGCTACAAGGCC
 GCAAGGTCCGTTGATCTCGGCTGGGAGGGCGAACATGATCGAGAACGGTCCGGCAACATGCCCTGG
 TACAAGGGCCGTCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTCCCGGTGTCGAGACGGGTGTCTC
 AAGCCCGG

>D4 - Facteur d'elongation 1 alpha

GACAACCTCAAGGCCGAGCGCAACGTGGTATCAGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTGAGTCGCCAAGTAC
 TTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGCAGGCCGAT
 TGCATCCTYGTGCGCTCGGCGTGGTGGAGTTGAGTCGAGGCCGATCTGAAGGAGGCCAGCGCGAG
 CACCGCCTCGCCTCACGCTCGCGTGCAGATGATCGTCGCCATCAACAAGATGGACACTCGTCGGC
 ATGTAACGGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTCAACTACCTCAAGAACGGTGGCTACAAGGCC
 GCAAGGTCCGTTGATCTCGGCTGGGAGGGCGAACATGATCGAGAACGGTCCGGCAACATGCCCTGG
 TACAAGGGCCGTCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTCCCGGTGTCGAGACGGGTGTCTC
 AAGCCCGG

>D5 - Facteur d'elongation 1 alpha

GACAACCTCAAGGCCGAGCGCAACGTGGTATCAGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTGAGTCGCCAAGTAC
 TTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGCAGGCCGAT
 TGCATCCTYGTGCGCTCGGCGTGGTGGAGTTGAGTCGAGGCCGATCTGAAGGAGGCCAGCGCGAG
 CACCGCCTCGCCTCACGCTCGCGTGCAGATGATCGTCGCCATCAACAAGATGGACACTCGTCGGC
 ATGTAACGGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTCAACTACCTCAAGAACGGTGGCTACAAGGCC
 GCAAGGTCCGTTGATCTCGGCTGGGAGGGCGAACATGATCGAGAACGGTCCGGCAACATGCCCTGG
 TACAAGGGCCGTCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTCCCGGTGTCGAGACGGGTGTCTC
 AAGCCCGG

>D6 - Facteur d'elongation 1 alpha

GACAACCTCAAGGCCGAGCGCAACGTGGTATCAGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTGAGTCGCCAAGTAC
 TTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGCAGGCCGAT
 TGCATCCTYGTGCGCTCGGCGTGGTGGAGTTGAGTCGAGGCCGATCTGAAGGAGGCCAGCGCGAG
 CACCGCCTCGCCTCACGCTCGCGTGCAGATGATCGTCGCCATCAACAAGATGGACACTCGTCGGC
 ATGTAACGGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTCAACTACCTCAAGAACGGTGGCTACAAGGCC

GCCAAGGTCCGTTCGCCGATCTGGGCTGGGAGGGCGACAAACATGATCGAGAAGTCCGGAACATGCCCTGG
TACAAGGGCCGTGCCTCCTCGAAGCGCTTGACRRCCTCAACCCSCCAAGCGCCCCACCGACAAGGCCCTCCG
CTCCGCTCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTCCCGTGGCGTGTGAGACGGGTGTCTC
AAGGCCGG

>P1 - Facteur d'elongation 1 alpha

GACAACCTCAAGGCCGAGCGCGAACGTGGTATCAGATCGACATTGCCCTCTGGAAGTTCGAGTCGCCAAGTAC
TTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGCAGGCCGAT
TGCGCCATCTCGTCGCTGCCCTGGCGTGGTAGTTGAGTCGAGGCCGATCTCGAAGGAGGGCCAGCGCGAG
CACCGCCTCTCGCCTCACGCTGGCGCAGATGATCGTCGCCATCAACAAGATGGACACTCGTCGGTC
ATGTACGGCCAGGCCGTTACGAGGAAATCAAGGAGGAAGTCTCAACTACCTCAAGAACATGGCTACAAGCCC
GCCAAGGTCCGTTCGCCGATCTGGCTGGGAGGGCGACAAACATGATCGAGAACATGCCCTGG
TACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACAACCTCAACCCGCCAACGCCAACGCCCTCCG
CTCCGCTCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTCCCGTGGCGTGTGAGANGNGCGNTCTT
NANNCCCCGGCTTTNTT

>P2 - Facteur d'elongation 1 alpha

NNNNNNNNNNNNNNNNTGGTNCTNGACAACCTCAAGGCCGAGCGCGAACGTGGTATCAGATCGACATTGCC
CTCTGGAAAGTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAAC
ATGATCACGGGTACCTCGCAGGCCGATTGCCCATCTYGTGTCGCCCTGGCGTGGTGAAGTCGAGGCCGGT
ATCTCGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCCGCTCTCGCCTCACGCTGGCGTGGCCAGATGATCGTCGCC
ATCAACAAGATGGACGACTCGTCGGTCATGTACGCCAGGCCGTTACGAGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCAAC
TACCTCAAGAACAGTCGCTACAAGCCCAGGTCCCGTCCGATCTGGCTGGGAGGGCGACAACATG
ATCGAGAACAGTCGGCACATGCCCTGGTACAAGGGCCCGTGCCTCTCGAAGCGCTTGACRRCCTCAACCCSC
AAGGCCAACCGACAAGGCCCTCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTCCCGTGGCGT
GTCGGCCGTGTCGAGACGGGTGTCTCAAGCGGGNNNNNNNN

>P3 - Facteur d'elongation 1 alpha

NNNNNTCCNNGACAACCTCAAGGCCGAGCGCGAACGTGGTATCAGATCGACATTGCCCTCTGGAAGTTCGAGT
CGCCCAAGTACTTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCT
CGCAGGCCGATTGCCATTCTCGTCGCTGCCCTGGGTGTCGGTGAAGTCGAGGCCGGTATCTCGAAGGARGGCC
AGACGCGGAGCACGCCCTCGCCTCACGCTCGGTGCGCCAGATGATCGTCGCCATCAACAAGATGGACG
ACTCGTCGGTCATGTACGCCAGGCCGTTACGAGGAAATCAAGGAGGAAGTCTCAACTACCTCAAGAACAGTC
GCTACAAGCCCAGGTCCCGTCCGATCTGGCTGGGAGGGCGACAACATGATCGAGAACAGTCGGCA
ACATGCCCTGGTACAAGGGCCCGTGCCTCTCGAAGCGCTTGACACCTCAACCCGCCAACGCCACA
AGGCCCTCCGCTCCCGTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTCCCGTGGCGTGTGAGA
CGGGTGTCTCAAGCGGGNNNNNNNNNN

>P4 - Facteur d'elongation 1 alpha

NNNNNNNGGTNCTNGACAACCTCAAGGCCGAGCGCGAACGTGGTATCAGATCGACATTGCCCTCTGGAAGTT
GAGTCGCCAAGTACTTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGG
ACCTCGCAGGCCGATTGCCATTCTYGTGTCGCCCTGGCGTGGTGAAGTCGAGGCCGGTATCTCGAAGGAG
GGCCAGACGCGGAGCACGCCCTCGCCTCACGCTGGCGCAGATGATCGTCGCCATCAACAAGATG
GACGACTCGTCGGTCATGTACGCCAGGCCGTTACGAGGAAATCAAGGAGGAAGTCTCAACTACCTCAAGAAC
GTCGGCTACAAGCCCAGGTCCCGTCCGATCTGGCTGGGAGGGCGACAACATGATCGAGAACAGTC
GGCACATGCCCTGGTACAAGGGCCCGTGCCTCTCGAAGCGCTTGACRRCCTCAACCCSCCAAGGCCAAC
GACAAGGCCCTCCGCTCCCGTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTYCCGGTCCCGTGT
GAGACGGGTGTCTCAAGCGGGNNNNNNNN

>P5 - Facteur d'elongation 1 alpha

NNNNNNNNNNNNNTNAANNNNNNNTGGTNCTNGACAACCTCAAGGCCGAGCGCGAACGTGGTATCAGATCG
ACATTGCCCTCTGGAAAGTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTC
TCAAGAACATGATCACGGGTACCTCGCAGGCCGATTGCCCATCTYGTGTCGCCCTGGCGTGGTGAAGTC
AGGCCGGTATCTCGAAGGAGGGCAGACGCCGAGCACGCCGCTCTCGCCTCACGCTGGCGCAGATGA
TCGTCGCCATCAACAAGATGGACGACTCGTCGGTCATGTACGCCAGGCCGTTACGAGGAAATCAAGGAGGAAG
TSTCCAACCTCAAGAACAGTCGGTACAAGCCCAGGTCCCGTCCGATCTGGCTGGGAGGGCGACAACATG
ACAACATGATCGAGAACAGTCGGCAACATGCCCTGGTACAAGGGCCCGTGCCTCTCGAAGCGCTTGACRRC
ACCCSCCAAGGCCAACGCCACAAGGCCCTCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGG
CGGYCCGGTCCGGCGTGTGAGACGGGTGTCTCAAGCGGGNNNNNN

>P6 - Facteur d'elongation 1 alpha

```
NNNNNNNNNNNNNCGCGAACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCT
TCACGGTCATTGATGCCCGGGTACCGCGATTCATCAAGAACATGATCACGGGGTACCTCGCAGGCCGATTGCG
CCATCCTYGTGCGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCTCGAAGGAGGGCCAGACGCGCAGCAGC
CGCTCCTGCCCTCACGCTCGCGTGCAGATGATCGCCATCAACAAGATGGACGACTCGTCGGTCATGT
ACGGCCAGGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTCTCSAACTACCTCAAGAACATGATCGGGCTACAAGGCCGCCA
AGGTCCCCTCGTCCCGATCTCGGGCTGGGAGGGCGACAACATGATCGAGAACATGCCCTGGTACA
AGGGCCCGTGCCTCCTCGAAGCGCTTGACAACCTCAACCCCCCAAGGCCGCCACCGACAAGGCCCTCCGCCCTCC
CGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTCCCGTGTGAGACGGGTGTCCTCANN
NGGGGNNNNNNNN
```

>P7 - Facteur d'elongation 1 alpha

```
NNNNNNNNNCTGGGTNTNGACAACCTCAAGGCCGAGCGCGAACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGGAA
GTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTCACGGTCATTGATGCCCGGGTACCGCGATTCATCAAGAACATGATCAC
GGGTACCTCGCAGGCCGATTGCGCATCCTYGTGCGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCTCGAA
GGAGGCCAGACGCGCAGCACCGCTCCCTCGCCTCACGCTCGCGTGCAGATGATCGCCATCAACAA
GATGGACGACTCGTCGGTATGTACGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACACTCTCAA
GAAGGTCGGTACAAGGCCCAAGGTCCCGTGTCCCGATCTCGGCTGGGAGGGCGACAACATGATCGAGAA
GTCCGGCAACATGCCCTGGTACAAGGCCCGTGCCTCCTCGAAGCGCTTGACRRCCTCAACCCSCCAAGGCC
CACCGACAAGGCCCTCCGCTCCCGCTCCAGGANGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTYCCGGTCCGCCG
TGTGAGACGGGTGTCCTCAAGGCCGGNNNNN
```

>P8 - Facteur d'elongation 1 alpha

```
NNNNNNNNNCTGGGTNTNGACAACCTCAAGGCCGAGCGCGAACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGGAA
GTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTCACGGTCATTGATGCCCGGGTACCGCGATTCATCAAGAACATGATCAC
GGGTACCTCGCAGGCCGATTGCGCATCCTYGTGCGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCTCGAA
GGAGGCCAGACGCGCAGCACCGCTCCCTCGCCTCACGCTCGCGTGCAGATGATCGCCATCAACAA
GATGGACGACTCGTCGGTATGTACGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACACTCTCAA
GAAGGTCGGTACAAGGCCCAAGGTCCCGTGTCCCGATCTCGGCTGGGAGGGCGACAACATGATCGAGAA
GTCCGGCAACATGCCCTGGTACAAGGCCCGTGCCTCCTCGAAGCGCTTGACRRCCTCAACCCSCCAAGGCC
CACCGACAAGGCCCTCCGCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTYCCGGTCCGCCG
TGTGAGACGGGTGTCCTCAAGGCCGGNNNNNNN
```

>P9 - Facteur d'elongation 1 alpha

```
NNNNNNNTNAANNNNNCTGGGTNTNGACAACCTCAAGGCCGAGCGCGAACGTGGTATCACGATCGACATTGC
CCTCTGGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTCACGGTCATTGATGCCCGGGTACCGCGATTCATCAAGAA
CATGATCACGGGTACCTCGCAGGCCGATTGCGCATCCTYGTGCGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGG
TATCTCGAAGGAGGCCAGACGCGCAGCACCGCTCCCTCGCCTCACGCTCGCGTGCAGATGATCGCGC
CATCAACAAAGATGGACGACTCGTCGGTATGTACGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTCCA
CTACCTCAAGAAGGTGGTACAAGGCCCAAGGTCCCGTGTCCCGATCTCGGCTGGGAGGGCGACAACAT
GATCGAGAAGTCCGGCAACATGCCCTGGTACAAGGCCCGTGCCTCCTCGAAGCGCTTGACRRCCTCAACCCSCC
CAAGCGCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTYCC
GGTGGCCGTGTCGAGACGGGTGTCCTCAAGGCCGGNNNNN
```

>T1 - Facteur d'elongation 1 alpha

```
NNNNNNNAANNNNNCTGGGTNTNGACAACCTCAAGGCCGAGCGCGAACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTC
TGGAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTCACGGTCATTGATGCCCGGGTACCGCGATTCATCAAGAACATG
ATCACGGGTACCTCGCAGGCCGATTGCGCATCCTYGTGCGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATC
TCGAAGGAGGCCAGACGCGCAGCACCGCTCCCTCGCCTCACGCTCGCGTGCAGATGATCGCCATC
AACAAAGATGGACGACTCGTCGGTATGTACGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACATAC
CTCAAGAAGGTGGTACAAGGCCCAAGGTCCCGATCTCGGCTGGGAGGGCGACAACATGATCG
GAGAAGTCCGGCAACATGCCCTGGTACAAGGCCCGTGCCTCCTCGAAGCGCTTGACRRCCTCAACCCSCCAAG
CGCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTYCCGGT
GGCGTGTGTCGAGACGGGTGTCCTCAAGGCCGGNNNNN
```

>T7 - Facteur d'elongation 1 alpha

```
NNNNNNNNNTNAANNNNNCTGGGTNTNGACAACCTCAAGGCCGAGCGCGAACGTGGTATCACGATCGACAT
TGCCCTCTGGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTCACGGTCATTGATGCCCGGGTACCGCGATTCATCAA
GAACATGATCACGGGTACCTCGCAGGCCGATTGCGCATCCTYGTGCGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGC
CGGTATCTCGAAGGAGGCCAGACGCGCAGCACCGCTCCCTCGCCTCACGCTCGCGTGCAGATGATCGT
GCCCATCAACAAAGATGGACGACTCGTCGGTATGTACGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTC
```

CAACTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGGTCCCCTCGTCCCGATCTGGGCTGGGAGGGCGACAA
CATGATCGAGAAGTCCGGCAACATGCCCTGGTACAAGGGCCCGTGCCTCCTCGAAGCGCTTGACRRCCTAACCC
SCCCAAGCGCCCCACCAGACAAGGCCCTCCGCCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGT
YCCGGTGGCCGTGTCGAGACGGGTGTCCTCAAGCCGGGNNNNN

>T8 - Facteur d'elongation 1 alpha

NNNNNNNNCTGGGTNCTNGACAACCTCAAGGCCAGCGCGAACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGGAAG
TTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACG
GGTACCTCGCAGGCCGATTGCGCATTCTYGTCTCGCCTCGGGCGTCGGTGGAGTTGAGGCGGTATCTGAAG
GAGGGCCAGACGCGCAGCACGCGCTCCTCGCCTCACGCTCGGCGTCGGCAGATGATCGTCGCCATCAACAAG
ATGGACGACTCGTCGGTCATGTACGGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTCAAACATACCTCAAG
AAGGTGGCTACAAGCCGCCAAGGTCCCCTCGTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTYCCGGTCGGCGT
TCGGCAACATGCCCTGGTACAAGGGCCCGTGCCTCCTCGAAGCGCTTGACRRCCTCAACCCSCCAAGGCCCG
ACCGACAAGGCCCTCCGCCCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTYCCGGTCGGCGTGT
GTCGAGACGGGTGTCCTCAAGCCGGNN

>T10 - Facteur d'elongation 1 alpha

NNNNNNCTGGGTNCTNGACAACCTCAAGGCCAGCGCGAACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGGAAGTT
CGAGTCGCCAAGTACTTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGG
TACCTCGCAGGCCGATTGCGCATTCTYGTCTCGCCTCGGGCGTCGGTGGAGTTGAGGCGGTATCTGAAGGA
GGGCCAGACGCGCAGCACGCGCTCCTCGCCTCACGCTCGGCGTCGGCAGATGATCGTCGCCATCAACAAGAT
GGACGACTCGTCGGTCATGTACGGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTSTCAAACATACCTCAAGAA
GGTCGGCTACAAGCCGCCAAGGTCCCCTCGTCCCGATCTCGGGCTGGGAGGGCGACAACATGATCGAGAACG
CGGCAACATGCCCTGGTACAAGGGCCCGTGCCTCCTCGAAGCGCTTGACRRCCTCAACCCSCCAAGGCCCG
CGACAAGGCCCTCCGCCCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTYCCGGTCGGCGTGT
CGAGACGGGTGTCCTCAAGCCGGNN

>S1.2 - Facteur d'elongation 1 alpha

GACAACCTCAAGGCCAGCGCGAACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGGAAGTTGAGTCGCCAAGTAC
TTCTTCACGGTCATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGCAGGCCGAT
TGCGCCATTCTCGTCGCGCTCGGCTGGTGTGGTGGAGTTGAGGCCGATCTCGAAGGARGGCCAGACGCGCG
CACCGCCTCTCGCCTCACGCTCGGTGTGGCAGATGATCGGCCATCAACAAGATGGACGACTCGTCGGTC
ATGTAACGGCCAGGCCGTTACGAGGAATCAAGGAGGAAGTCTCGAAGTACCTCAAGAACATGAGTCGGCTACAATCCC
GCCAAGGTCCCCTCGTCCCGATCTCGGGCTGGGAGGGCGACAACATGATCGAGAACATGAGTCGGCAACATGCCCTGG
TACAAGGGCCCGTGCCTCCTCGAAGCGCTTGACAAACCTCAACCCCCCAAGGCCCAACGACAAGGCCCTCCGC
CTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTGGCACGGTCCCGTGGCGTGTGAGACGGGTGTCCTC
AAGGCCGGCATNNNN

>D1 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

CAGGTGTAGTTGGTACAACCTTATCGTTAATTGATGGAAATTAGCACACGCTTGAATCAAATTGATGG
GAAATCATCAATTATAACGTAGTTGTTACTGCACACGCGTTATTATGATTTTTATGGTTATGCCTATTT
TAATTGGAGGTTCGGTAACTGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTCCAAGAATGAATA
ATATTAGTTTGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTCAGCTATTGTTGAATCTGGTGCAGGTA
CTGGTTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGGTCCAGTGATTTAGCTATTTTA
GTTTACATTAGCAGGTATTCTCATTATTAGGTTCAATAAATTATTACTACTATTTTAATATGAGATCAC
CTGGTTAACCTCCATAAATTACCTTATTGTTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTT
TACCCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTTTGATCCTCAG
GTGG

>D2 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

NTCNGGNAGTAGTTGGTACAACCTTATCTNNNTTAATTGCTANNGAATTAGCACACGCTTGAATCAAATTGTT
GGGAAATCATCAATTATAACGTAGTTGTTACTGCACACGCGTTATTATGATTTTTATGGTTATGCCTAT
TTAATTGGAGGTTCGGTAACTGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTCCAAGAATGAATA
TAATATTAGTTTGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTCAGCTATTGTTGAATCTGGTGCAGG
TACTGGTTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGGTCCAGTGATTTAGCTATTT
TAGTTACATTAGCAGGTATTCTCATTATTAGGTTCAATAAATTATTACTACTATTTTAATATGAGATC
ACCTGGTTAACCTCCATAAATTACCTTATTGTTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTT
TTTACCCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTTTGATCCTCAG
AGGTGGAGGT

>D3 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

TNANCNGNAAATCAAATGTTATGGAAATCATCAATTATAAMGTAGTTGTTACTGCACACGCGTTATTAT
GATTTTTTTATGGTTATGCCTATTAAATTGGAGGTTCGGTAACTGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCC
TGATATGGCTTCCAAGAATGAATAATATTAGTTTGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTC
AGCTATTGTTGAATCTGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
TCCTCAGTGATTTAGCTATTAGTTACATTAGCAGGTATTCTCATTATTAGGTTCAATAAATTGTT
TACTACTATTAAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAATTACCTTATTGTTATGGTCAGTTTC
TACAGCTTTTATTATTAAAGTTACCCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATT
AAATACCTCATTGATCCTCAGGTGGAGGT

>D4 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

NNANCNGNNAATCAAATGTTATGGAAATCATCAATTATAAMGTAGTTGTTACTGCACACGCGTTATTAT
GATTTTTTTATGGTTATGCCTATTAAATTGGAGGTTCGGTAACTGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCC
TGATATGGCTTCCAAGAATGAATAATATTAGTTTGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTC
AGCTATTGTTGAATCTGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
TCCTCAGTGATTTAGCTATTAGTTACATTAGCAGGTATTCTCATTATTAGGTTCAATAAATTGTT
TACTACTATTAAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAATTACCTTATTGTTATGGTCAGTTTC
TACAGCTTTTATTATTAAAGTTACCCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATT
AAATACCTCATTGATCCTCAGGTGGAGGT

>D5 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

NNANCNGNAAANCAAATGTTATGGAAATCATCAATTATAAMGTAGTTGTTACTGCACACGCGTTATTAT
GATTTTTTTATGGTTATGCCTATTAAATTGGAGGTTCGGTAACTGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCC
GATATGGCTTCCAAGAATGAATAATATTAGTTTGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTC
GCTATTGTTGAATCTGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
CCTCAGTGATTTAGCTATTAGTTACATTAGCAGGTATTCTCATTATTAGGTTCAATAAATTGTT
ACTACTATTAAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAATTACCTTATTGTTATGGTCAGTTTC
ACAGCTTTTATTATTAAAGTTACCCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATT
AAATACCTCATTGATCCTCAGGTGGAGGT

>D6 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

NNANCNGGAAAATCAAATGTTATGGAAATCATCAATTATAACGTAGTTGTTACTGCACACGCGTTATTAT
GATTTTTTTATGGTTATGCCTATTAAATTGGAGGTTCGGTAACTGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCC
TGATATGGCTTCCAAGAATGAATAATATTAGTTTGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTC
AGCTATTGTTGAATCTGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
TCCTCAGTGATTTAGCTATTAGTTACATTAGCAGGTATTCTCATTATTAGGTTCAATAAATTGTT
TACTACTATTAAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAATTACCTTATTGTTATGGTCAGTTTC
TACAGCTTTTATTATTAAAGTTACCCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATT
AAATACCTCATTGATCCTCAGGTGGAGGT

>P1 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

GGTGTAGTTGGTACAACCTTATCGTTAATCGTATGGAATTAGCACAACCTGAAATCAAATTGGAAATCATCAATTAAACATCAATTATAACGTAGTTGTTACTGCACACGCGTTATTATGATTGGTTATGGTTATGCCTATTAAATTGGAGGTTTCGGTAACGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTCCAAGAATGAATAATTAGTTGGTTATTACCTCAGCATTATTTTATTAGTTCTCAGCTATTGTTGAATCTGGTGAGGTACTGGTGGACTGTATACATTTAGCAGGTATTCTTCAATTAGGTTCAATAAATTATTACTACTATTAAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAATTACCTTATTGGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTAACCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTGGTATGGTCAGGTTGATCCTTCAGGTGGAGT

>P2 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

NNNNCTTNNTNNGTTTAATCGTATGGAATTAGCACAACCTGAAATCAAATTGGAAATCATCAATTATAACGTAGTTGTTACTGCACACGCGTTATTATGATTGGTTATGGCTATTAAATTGGAGGTTCGTAACGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTCCAAGAATGAATAATTAGTTAGTTGGTTATTACCTCAGCATTATTTTATTAGTTCTCAGCTATTGTTGAATCTGGTGAGGTACTGGTGGACTGTTACCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACA CACTCAGGTCTTCAGTGATTAGCTATTAAATATGAGATCACCTGGTTAACCTTCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACCCGTTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTGGTATGGTCAGGTTGATCCTTCAGGGNNNNNNNN

>P3 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

NNNNNTGTACAACCTTATCTGTTAATCGTATGGAATTAGCACAACCTGAAATCAAATTGGAAATCATCAATTATAACGTAGTTGTTACTGCACACGCGTTATTATGATTGGTTATGGCTATTAAATTGGAGGTTTCGGTAACGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTCCAAGAATGAATAATTAGTTGGTTATTACCTCCTCATTATTTTATTAGTTCTCAGCTATTGTTGAATCTGGTGCTGGTACTGGTTGAGCTGTATACCACCTTATCTAGTGTACAAGCACA CACTCAGGTCTTCAGTGATTAGCTATTAAATATGAGATCACCTGGTTAACCTTCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACCTGTATTAGCTGGAGCAATTACTATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTGGTATGGTCAGGTTGATCCTTCAGGGGGGNNGNN

>P4 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

NNNNNGGTACAACCTTATCTGTTAATCGTATGGAATTAGCACAACCTGAAATCAAATTGGAAATCATCAATTATAACGTAGTTGTTACTGCACACGCGTTATTATGATTGGTTATGGCTATTAAATTGGAGGTTTCGGTAACGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTCCAAGAATGAATAATTAGTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTCAGCTATTGTTGAATCTGGTGAGGTACTGGTTGGACTGTATACCACCTTATCTAGTGTACAAGCACA CACTCAGGTCTTCAGTGATTAGCTATTAAATATGAGATCACCTGGTTAACCTTCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACCCGTTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTGGTATGGTCAGGTTGATCCTTCAGNNNNNN

>P5 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

TCAGGTGTAGTTGGTACAACCTTATCTGTTAATCGTATGGAATTAGCACAACCTGAAATCAAATTGGAAATCATCAATTATAACGTAGTTGTTACTGCACACGCGTTATTATGATTGGTTATGGCTATTAAATTGGAGGTTTCGGTAACGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTCCAAGAATGAATAATTAGTTAGTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTCAGCTATTGTTGAATCTGGTGAGGTACTGGTTGGACTGTATACCACCTTATCTAGTGTACAAGCACA CACTCAGGTCTTCAGTGATTAGCTATTAAATATGAGATCACCTGGTTAACCTTCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACCCGTTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTGGTATGGTCAGGTTGATCCTTCAGNNNN

>P6 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

CAGGNNNNNNNNGNTCAACCTTATCTGTTAATCGTATGGAATTAGCACAACCTGAAATCAAATTGGAAATCATCAATTATAACGTAGTTGTTACTGCACACGCGTTATTATGATTGGTTATGGCTATTAAATTGGAGGTTTCGGTAACGGTTATTCCCTTAATGTTAGGGGCTCCTGATATGGCTTCCAAGAATGAATAATTAGTTAGTTGGTTATTACCTCCCTGCATTATTTTATTAGTTCTCAGCTATTGTTGAATCTGGTGAGGTACTGGTTGGACTGTATACCACCTTATCTAGTGTACAAGCACA CACTCAGGTCTTCAGTGATTAGCTATTAAATATGAGATCACCTGGTTAACCTTCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTCACCTGATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTGGTATGGTCAGGTTGATCCTTCAGGGTTAACCTTCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTATTACAGCTTTCTTATTATTAAAGTTCACAGGTAACTTTCTTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTGGTATGGTCAGGTTGATCCTTCAGNNNN

TTACCTGTATTAGCTGGAGCAATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTTGATCCTTCG
GNNNNNNN

>P7 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1
 NGNGNTNNGTGGTACAACCTTATCTGTTAATTGTGATGGAATTAGCACACCGCTTATTATGATTTTTATGGTTATGCCTATT
 TAATTGGAGGTTCCGGTAACGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTTCCAAGAATGAATA
 ATATTAGTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTATTAGTTCTCAGCTATTGTGAATCTGGTGCAGGTA
 CTGGTTGGACTGTATACACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGGTCTTCAGTTGATTTAGCTATT
 GTTACATTAGCAGGTATTCTCATTATTAGGTTCAATAAAATTATTACTACTATTAAATATGAGATCAC
 CTGGTTAACCTCCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTT
 TACCCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTTTGATCCTTCAG
 GGGGGGGGGNN

>P8 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1
 NNNNNNNNNGTACAACCTTATCTGTTAATTGTGATGGAATTAGCACACCGCTTATTATGATTTTTATGGTTATGCCTATT
 TTGAGGTTCCGGTAACGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTTCCAAGAATGAATA
 TTAGTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTATTAGTTCTCAGCTATTGTGAATCTGGTGCAGGTA
 GTTGGACTGTATACACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGGTCTTCAGTTGATTTAGCTATT
 TACATTAGCAGGTATTCTCATTATTAGGTTCAATAAAATTATTACTACTATTAAATATGAGATCAC
 GTTAACTTCCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTAC
 CCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTTTGATCCTAGGGNN

>P9 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1
 NGNGNNANGTGGTACAACCTTATCTGTTAATTGTGATGGAATTAGCACACCGCTTATTATGATTTTTATGGTTATGCCTATT
 GGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTACTGCACACCGCTTATTATGATTTTTATGGTTATGCCTATT
 TTAATTGGAGGTTCCGGTAACGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTTCCAAGAATGAAT
 AATATTAGTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTATTAGTTCTCAGCTATTGTGAATCTGGTGCAGGTA
 ACTGGTTGGACTGTATACACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGGTCTTCAGTTGATTTAGCTATT
 AGTTACATTAGCAGGTATTCTCATTATTAGGTTCAATAAAATTATTACTACTATTAAATATGAGATCA
 CCTGGTTAACCTCCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGT
 TTACCCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTTTGATCCTAG
 GGGNNNNNN

>T1 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1
 NCNGGTGTNNTGGTACAACCTTATCTGTTAATTGTGATGGAATTAGCACACCGCTTATTATG
 GGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTACTGCACACCGCTTATTATGATTTTTATGGTTATGCCTATT
 TTAATTGGAGGTTCCGGTAACGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTTCCAAGAATGAAT
 AATATTAGTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTATTAGTTCTCAGCTATTGTGAATCTGGTGCAGGTA
 ACTGGTTGGACTGTATACACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGGTCTTCAGTTGATTTAGCTATT
 AGTTACATTAGCAGGTATTCTCATTATTAGGTTCAATAAAATTATTACTACTATTAAATATGAGATCA
 CCTGGTTAACCTCCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGT
 TTACCCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTTTGATCCTAG
 GGGGGGGNNNN

>T5 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1
 NNANCNNGGAATCAAATTATGGAAATCATCAATTATATAAMGTAGTTGTTACTGCACACCGCTTATTATG
 ATTGTTTATGGTTATGCCTATTAAATTGGAGGTTCCGGTAACGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCT
 GATATGGCTTTCCAAGAATGAATAATTAGTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTATTAGTTCTCA
 GCTATTGTTGAATCTGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATACACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGGT
 CCTTCAGTTGATTTAGCTATTAGTTACATTAGCAGGTATTCTCATTATTAGGTTCAATAAAATT
 ACTACTATTAAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATT
 ACAGCTTTTATTATTAAAGTTACCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACTGATAGAAATT
 AATACCTCATTGGATCCTCAGGGGNRNN

>T7 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1
 NGTAGTTGGTACAACCTTATCTGTTAATTNGTATGGAAATTAGCACACACCGCTTATTATGATTTTTATGGGA
 AATCATCAATTATATAACGTAGTTACTGCACACCGCTTATTATGATTTTTATGGTTATGCCTATT
 ATTGGAGGTTCCGGTAACGGTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTTCCAAGAATGAATA
 ATTAGTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTATTAGTTCTCAGCTATTGTGAATCTGGTGCAGGTA

GGTTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGGCCTTCAGTTAGCTATTTTAGT
TTACATTTAGCAGGTATTCTTCAATTATTAGGTTCAATAAATTAACTACTATTTTAATGAGATCACCT
GGTTAACCTTCCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTA
CCCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTTTGATCCTTCAGNN

>T8 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

NGGTGTAGTTGGTACAACCTTATCTGTTAATCGTATGGAATTAGCACAACCTGGAAATCAAATTNTATGGG
AAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGCACACGCCTTATTATGATTTTTATGGTTATGCCTATT
AATTGGAGGTTTCGTAACGGTTATTCTTAAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTTCCAAGAATGAATAA
TATTAGTTTTGGTTATTACCTCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATCTGGTGCAGGTAC
TGTTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGGTCTCAGTTAGCTATTNTAG
TTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGGTTCAATAAATTAACTACTATTTAATATGAGATCACC
TGTTAACCTTCCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTT
ACCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTTTGATCCTTCAGNN
NN

>T10 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

NNGGTGTANGTTGGTACAACCTTATCTGTTAATCGTATGGAATTAGCACAACCTGGAAATCAAATTNTATG
GGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGCACACGCCTTATTATGATTTTTATGGTTATGCCTATT
TTAATTGGAGGTTTCGTAACGGTTATTCTTAAATGTTAGGAGCTCCTGATATGGCTTTCCAAGAATGAAT
AATATTAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATCTGGTGCAGGT
ACTGGTTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGGTCTCAGTTAGCTATTNT
AGTTACATTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGGTTCAATAAATTAACTACTATTTAATATGAGATCA
CCTGGTTAACCTTCCATAAAATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGT
TTACCGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTAACTGATAGAAATTAAACTTCATTTTGATCCTTCAGNN
NNNNNNNNNN

>S1.2 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

NNCNTNANCNGAAAATCAAATTATGGAAATCATCAATTATATAAMGTAGTTGTTACTGCACACGCCTTAA
TTATGATTCTTATGGTTATGCCTATTAAATTGGAGGTTCCGTAACTGGTTATCCCTTAATGTTAGGAG
CTCCTGATATGGCTTCCAAGAATGAATAATATTAGTTTTGGTTATTACCTCCTCATTATTTTATTAGTT
CTTCAGCTATTGGGAATCTGGGCTGGTACTGGTTGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACT
CAGGTCTTCAGTTAGCTATTAGCTATTAGTTACACTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGGTTCAATAAATT
TTATTACTACTATTTATAATATGAGATCACCAGGTTAACCTCCATAAAATTACCAATTATGTATGGTCAGTT
TTATTACAGCTTTTATTATTATAAGTTACCTGATTAGCTGGAGCAATTACTATGTTATTAACTGATAGAA
ATTAAATACTTCATTTTGATCCTTCAGGTGGAGGT

>S2.2 - Cytochrome c oxydase sous-unité 1

NNCCYGGAAAATCAAATTATGGAAATCATCAATTATATAAMGTAGTTGTTACTGCACACGCCTTATTATGA
TTTCTTATGGTTATGCCTATTAAATTGGAGGTTCCGTAACTGGTTATCCCTTAATGTTAGGAGCTCCTG
ATATGGCTTTCCAAGAATGAATAATATTAGTTTTGGTTATTACCTCCTCATTATTTTATTAGTTCTTCAG
CTATTGGTAATCTGGGCTGGTACTGGTTGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGGT
CTTCAGTTGATTAGCTATTAGTTACACTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGGTTCAATAAATTNTATTA
CTACTATTATAATATGAGATCACCAGGTTAACCTCCATAAAATTACCAATTATGTATGGTCAGTTTATTA
CAGCTTTTATTATTATAAGTTACCTGATTAGCTGGAGCAATTACTATGTTATTAACTGATAGAAATTAA
ATACTTCATTTTGATCCTTCAGGTGGAGGT

>D1 - NADH déshydrogénase sous-unité 1

NTCCTAATGGTAGGTACTTTGGTTATTACAACCCTTGCTGATGGGTTAAACTTTGTAAAAGAAACTG
TTTACCTAGTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATTAAAGTT
GGTGGTAATACCTTGGTAAAGGTATGTCTTATGCTGAATTAAATAGGAATTATTTATATTAGCTATAT
CATCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAACCTCAAATATGCTTTTAGGTGCTTAA
GATCATCAGCTCAAATGGTTCTATGAATTAAACTATTGGTTTCATATTACGGTTAGTATGTACTCAAT
CTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAAGAAAAAATAGGTATTGTGACCTCTATTCCATATTCA
TTTTTTATTTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCTTGATTTACCGAAGCTGAAGCTGAATTAGTT

>D2 - NADH déshydrogénase sous-unité 1

AACTGTTTACCTAGTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATT
AAGTTGGTGGTAATACCTTGGTAAAGGTATGTCTTATGCTGAATTAAATAGGAATTATTTATATTAGC
TATATCATCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAACCTCAAATATGCTTTTAGGTGC
TTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTATGAATTAAACTATTGGTTTCATATTACGGTTAGTATGTAC
TCAATCTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAAGAAAAAATAGGTATTGTGACCTCTATTCCATATT
CATTATTTTTATTTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCTTGATTTACCGAAGCTGAAGCTGAATT
AGTTTCAG

>D4 - NADH déshydrogénase sous-unité 1

AACTGTTTACCTAGTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATT
AAGTTGGTGGTAATACCTTGGTAAAGGTATGTCTTATGCTGAATTAAATAGGAATTATTTATATTAGC
TATATCATCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAACCTCAAATATGCTTTTAGGTGC
TTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTATGAATTAAACTATTGGTTTCATATTACGGTTAGTATGTAC
TCAATCTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAAGAAAAAATAGGTATTGTGACCTCTATTCCATATT
CATTATTTTTATTTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCTTGATTTACCGAAGCTGAAGCTGAATT
AGTTTCAG

>P1 - NADH déshydrogénase sous-unité 1

GGGTTAAACTTTTGAAAAGAAACTGTTTACCTAGTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATA
TTAACCTTTTTAAGTTATTAAAGTGGTGGTAATACCTTGGTAAAGGTATGTCTTATGCTGAATTAAAT
ATAGGAATTATATTAGCTATATCATCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAAC
TCAAATATGCTTTTAGGTGCTTAAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTATGAATTAAACTATTGGTTTC
ATATTATCGTTAGTATGTACTCAATTAAATTGATATAGTTATGTCAAGAAAAAATAGGTAT
TGTGACCTCTATTCTATATTCAATTATTGGTTATTTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCTTGAT
TTACCGAAGCTGAAGCTGAATTAGTTTCAG

>P2 - NADH déshydrogénase sous-unité 1

NNNNNNNNNTTGGTTATTACAACCCTTGCTGATGGGTTAAACTTTGTAAAAGAAACTGTTTACCTA
GTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATTAAAGTGGTGGTAATACC
TACCTTGGTAAAGGTATGTCTTATGCTGAATTAAATAGGAATTATTTATATTAGCTATATCATCATTAG
GTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAACCTCAAATATGCTTTTAGGTGCTTAAAGATCATCAG
CTCAAATGGTTCTATGAATTAAACTATTGGTTTCATATTACGGTTAGTATGTACTCAATCTTAAATT
TAATTGATATAGTTATGTCAAGAAAAAATAGGTATTGTGACCTCTATTCCATATTCAATTATTTTTA
TTTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCTTGATTTACCGAAGCTGAGCTGANNNNNNNNNNNNN

>P3 - NADH déshydrogénase sous-unité 1

NNNNNNNTTGGTTATTACAACCCTTGCTGATGGGTTAAACTTTGTAAAAGAAACTGTTTACCTAGTA
CTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATTAAAGTGGTGGTAATACC
TTTGGTAAAGGTATGTCTTATGCTGAATTAAATAGGAATTATTTATATTAGCTATATCATCATTAGCGT
TTATGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAACCTCAAATATGCTTTTAGGTGCTTAAAGATCATCAGCTCA
AATGGTTCTATGAATTAACTATAGGTTCTATATTCTGTTAGTATGTACTCAATTAAATTGAT
TGATATAGTTATGTCAAGAAAAAATAGGTATTGTGACCTTATTCCATATTATTTTTATTTC
ATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCTTGATTTACCGAAGCTGAGCTGANNNNNNNNNNNNNNN

>P4 - NADH déshydrogénase sous-unité 1

NNNNNNNTTGGTTATTACAACCCTTGCTGATGGGTTAAACTTTGTAAAAGAAACTGTTTACCTAGTA
ATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATTAAAGTGGTGGTAATACC
CTTGGTAAAGGTATGTCTTATGCTGAATTAAATAGGAATTATTTATATTAGCTATATCATCATTAGGTG
TTACGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAACCTCAAATATGCTTTTAGGTGCTTAAAGATCATCAGCTC
AAATGGTTCTATGAATTAACTATTGGTTTCATATTACGGTTAGTATGTACTCAATCTTAAATTAA

TTGATATAGTTTATGTCAAGAAAAATATGGTATTGTGTACCTCTATTCCCTATATTCAATTATTTTTATTC
CATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTGATTACCGAAGCTGANNNNNNNNN

>P5 - NADH déshydrogénase sous-unité 1
NNNNNNNTCTAAATGTTGAGGTACTTTGGTTATTACAACCACCTGCTGATGGGTTAAAACCTTTGTAAAAG
AAACTGTTTACCTAGTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTAT
TAAGTTGGGTGGAATACCTTTGGTAAAGGTATGTCTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATTTATTAG
CTATATCATCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAACCTAAATATGCTTTTAGGTG
CTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAACTATTGGTTTCATATTATCGGTTATAGTATGTA
CTCAATCTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAAGAAAAATATGGTATTGTGTACCTCTATTCCCTATAT
TCATTATTTTTATTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAAT
TAGTTTCAGCTNNNNNN

>P6 - NADH déshydrogénase sous-unité 1
NNCCTAAATGTTGAGGTACTTTGGTTATTACAACCACCTGCTGATGGGTTAAAACCTTTGTAAAAGAAAC
GTTTTACCTAGTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATTAAGT
TGGGTGGAATACCTTTGGTAAAGGTATGTCTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATTTATTAGCTATA
TCATCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAACCTAAATATGCTTTTTAGGTGCTTTA
AGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAACTATTGGTTTCATATTATCGGTTATAGTATGTA
CTCTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAAGAAAAATATGGTATTGTGTACCTCTATTCCCTATATTCA
ATTTTTTTATTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATTAGT
tTCAGNTNNNN

>P7 - NADH déshydrogénase sous-unité 1
NNNCCTAAATGTTGAGGTACTTTGGTTATTACAACCACCTGCTGATGGGTTAAAACCTTTGTAAAAGAAAC
TGTGTTTACCTAGTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATTAAG
TTGGGTGGAATACCTTTGGTAAAGGTATGTCTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATTTATTAGCTAT
ATCATCATTAGGTGTTATGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAACCTAAATATGCTTTTTAGGTGCTTTA
AGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAACTATTAGGTTTCATATTATCGGTTATAGTATGTA
ATCTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAAGAAAAATATGGTATTGTGTACCTTATTCCGATTTTAT
TATTTTTTTATTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTGATTACCARAAGCTGAAGCTGATTNANT
TTCAGCTANN

>P8 - NADH déshydrogénase sous-unité 1
NNNNNNNNNTGGTTATTACAACCACCTGCTGATGGGTTAAAACCTTTGTAAAAGAAACTGTTTACCTAG
TAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATTAAGTTGGGTGGTAAT
ACCTTTGGTAAAGGTATGTCTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATTTATTAGCTATATCATCATTAG
TGTGTTAYGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAACCTAAATATGCTTTTTAGGTGCTTTAAGATCATCAGC
TCAAATGGTTCTTATGAATTAACTATTGGTTTCATATTATCGGTTATAGTATGTA
CTCAATCTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAAGAAAAATATGGTATTGTGTACCTYATTCCCKATATTCA
TATTATTTTTATTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTGATTACCGAAGCTGANNNNTNNNNNGNNNN
TTTCAGCTANN

>P9 - NADH déshydrogénase sous-unité 1
NNNNNGGTACTTTGGTTATTACAACCACCTGCTGATGGGTTAAAACCTTTGTAAAAGAAACTGTTTACCTA
GTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATTAAGTTGGGTGGTA
TACCTTTGGTAAAGGTATGTCTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATTTATTAGCTATATCATCATTAG
GTGTTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAACCTAAATATGCTTTTTAGGTGCTTTAAGATCATCAG
CTCAAATGGTTCTTATGAATTAACTATTGGTTTCATATTATCGGTTATAGTATGTA
CTCAATCTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAAGAAAAATATGGTATTGTGTACCTCTATTCCCTATATTCA
TATTATTTTTATTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGANNNNNNTNNNNNN
TTTCAGCTANN

>T1 - NADH déshydrogénase sous-unité 1
NNNNNNNGGTACTTTGGTTATTACAACCACCTGCTGATGGGTTAAAACCTTTGTAAAAGAAACTGTTTAC
TAGTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATTAAGTTGGGTGGT
AATACCTTTGGTAAAGGTATGTCTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATTTATTAGCTATATCATCATT
AGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGCTAGTAACCTAAATATGCTTTTTAGGTGCTTTAAGATCATC
AGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAACTATTGGTTTCATATTATCGGTTATAGTATGTA
CTCAATCTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAAGAAAAATATGGTATTGTGTACCTCTATTCCCTATATTCA
TATTATTTTTATTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAN
NNNNNTNNNNNGNTNN
NNGNNGNN

>T5 - NADH déshydrogénase sous-unité 1

NNCCTAATGNTGNAGGTACTTTGGTTATTACAACCCTWGCTGATGGGTTAAACTTTGTAAAAGAAACTG
TTTACCTAGTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATTAAAGT
GGGTGGTAATACCTTGGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTATTTATTTAGCTATA
CATCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTCAAATATGCTTTTAGGTGCTTAA
GATCATCAGCTCAAATGGTTCTATGAATTAAACTATTGGTTCAATATTACGGTTAGTGTACTCAA
CTTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAGAAAAAAATATGGTATTGTGTACCTCTATTCCATATTCA
TTTTTTATTTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATTAGTT
CAGNTNNNGNTGAANTAAAAN

>T7 - NADH déshydrogénase sous-unité 1

NNCCTAATGTTGAGGTACTTTGGTTATTACAACCCTTGCTGATGGGTTAAACTTTGTAAAAGAAACT
GTTTACCTAGTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATTAAAGT
TGGGTGGTAATACCTTGGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTATTTATTTAGCTATA
TCATCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTCAAATATGCTTTTAGGTGCTTAA
AGATCATCAGCTCAAATGGTTCTATGAATTAAACTATTGGTTCAATATTACGGTTAGTGTACTCAA
CTTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAGAAAAAAATATGGTATTGTGTACCTCTATTCCATATTCA
ATTTTTTATTTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATTAGTT
TCAGCTNNTGNTGANNT

>T8 - NADH déshydrogénase sous-unité 1

NNNNNTCCTAATGNTTGTAGGTACTTTGGTTATTACAACCCTTGCTGATGGGTTAAACTTTGTAAAAGA
AACTGTTTACCTAGTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATT
AAGTTGGGTGGTAATACCTTGGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTATTTATTTAGC
TATATCATCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTCAAATATGCTTTTAGGTGC
TTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTATGAATTAAACTATTGGTTCAATATTACGGTTAGTGTAC
TCAATCTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAGAAAAAAATATGGTATTGTGTACCTCTATTCCATATT
CATTATTTTTATTTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATT
NAGTTTCAGCTNNN

>T10 - NADH déshydrogénase sous-unité 1

NNNNNNNNNNNCCTAATGTTGAGGTACTTTGGTTATTACAACCCTTGCTGATGGGTTAAACTTTGTAAAAGA
AAAGAAACTGTTTACCTAGTAATTGTGATGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGT
TTATTAAAGTTGGTGGTAATACCTTGGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTATTTATTTA
TTAGCTATATCATCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTCAAATATGCTTTTTA
GGTGTGTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTATGAATTAAACTATTGGTTCAATATTACGGTTAGTGA
TGTACTCAATCTTAAATTAAATTGATATAGTTATGTCAGAAAAAAATATGGTATTGTGTACCTCTATTCC
ATATTCAATTATTTTTATTTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCTTGATTACCGAAGCTGAAGCT
GAATTANNTTCAGCTNNNGNTGANN

>S1.2 - NADH déshydrogénase sous-unité 1

AACTGTTTACCTAGTAACGTGACGTGGTACTTTTATTGGCCCTATATTAACCTTTTTAAGTTATT
AAGTTGGGTGGTAATACCTTGGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTATTTATTTAGC
TATATCATCATTAGGTGTTATGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTCAAATATGCTTTTAGGTGC
TTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTATGAATTAAACTATAGGTTCTATATTCTGTTAGTGTAC
TCAATCTTAAATTGATTGATATAGTTATGTCAGAAAAAAATATGGTATTGTGTACCTTATTCCAAATT
TATTATCTTTATTTCATCATTAGCTGAAACAAATAGACACCCTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATT
AGTTTCAG

P4 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNNCTTACNACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 T1 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNNCTTACNACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 P7 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTACNACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 D1 -----CCTTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 D2 -----CCTTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 D3 -----CCTTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 D6 -----CCTTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 P8 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNNCTTACNACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 T7 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNNCTTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 P5 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNNCTTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 D5 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNNACCTTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 T5 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNNCTTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 T8 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNNCTTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 T10 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNNCTTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 S1.2 -----CCTTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 S2.2 -----CCTTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 P3 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 P1 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 P2 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 P6 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNTACTACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 D4 -----NNNNNNNNNNNNNNNNNTACNACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 P9 -----NNNNNNNNNNNNNNNNCTTACNACTGGATACCCGTAGTAATTCTAGAGCTAA
 *** ****

P4 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 T1 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 P7 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 D1 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 D2 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 D3 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 D6 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 P8 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 T7 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 P5 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 D5 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 T5 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 T8 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 T10 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 S1.2 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 S2.2 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 P3 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 P1 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 P2 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 P6 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 D4 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 P9 TACATGCGTAAATACCAACTGTTGTCGGACGGTAGCATTTATTAGATTGAAACCAAT
 *** ****

P4 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 T1 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 P7 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 D1 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 D2 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 D3 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 D6 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 P8 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 T7 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 P5 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 D5 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 T5 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 T8 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 T10 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 S1.2 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 S2.2 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 P3 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 P1 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 P2 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA
 P6 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTTCACAGCGATA

D4 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTCACAGCGATA
 P9 GCGGCCTCGTCGGTATTGTGTTGAATCATAATAACTGTGCGGATCGCTCACAGCGATA

 P4 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 T1 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 P7 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 D1 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 D2 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 D3 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 D6 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 P8 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 T7 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 P5 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 D5 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 T5 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 T8 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 T10 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 S1.2 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 S2.2 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 P3 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 P1 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 P2 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 P6 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 D4 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTATCAGCTTGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT
 P9 AGTCAATTGAGTTCTGCCCTAYCANTTGGATGGTAGGATATGGGCCTACCATGGCGT

 P4 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 T1 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 P7 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 D1 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 D2 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 D3 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 D6 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 P8 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 T7 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 P5 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 D5 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 T5 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 T8 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 T10 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 S1.2 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 S2.2 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 P3 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 P1 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 P2 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 P6 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 D4 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA
 P9 TAACGGGTAAACGGGAATTAGGTTTGATTCCGGAGAGGGAGCCTAGAAACGGCTACCA

 P4 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 T1 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 P7 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 D1 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 D2 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 D3 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 D6 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 P8 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 T7 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 P5 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 D5 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 T5 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 T8 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 T10 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 S1.2 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
 S2.2 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGTAAATTACCAATCCTGACACAGGGAGGTAGTGACA

P3 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCCGTAAATTACCAATCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
P1 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCCGTAAATTACCAATCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
P2 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCCGTAAATTACCAATCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
P6 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCCGTAAATTACCAATCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
D4 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCCGTAAATTACCAATCTGACACAGGGAGGTAGTGACA
P9 CATCCAAGGAAGGCAGCAGGCCGTAAATTACCAATCTGACACAGGGAGGTAGTGACA

P4 ATAAAAAACAAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
T1 ATAAAAAACAAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
P7 ATAAAAAACAAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
D1 ATAAAAAACAAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
D2 ATAAAAAACAAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
D3 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
D6 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
P8 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
T7 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
P5 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
D5 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
T5 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
T8 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
T10 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
S1.2 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTTAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
S2.2 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTTAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
P3 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
P1 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
P2 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
P6 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
D4 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC
P9 ATAAAATAACAATGCCGGGTTTCAAGTCTGGCAATTGGAATGAGAACAAATTAAATCCC

P4 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
T1 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
P7 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
D1 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
D2 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
D3 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
D6 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
P8 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
T7 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
P5 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
D5 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
T5 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
T8 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
T10 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
S1.2 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
S2.2 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
P3 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
P1 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
P2 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
P6 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
D4 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA
P9 TTAACGAGGATCAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCCCGGTAATTCCAGCTCCA

P4 ATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCG
T1 ATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCG
P7 ATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCG
D1 ATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCG
D2 ATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCG
D3 ATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCG
D6 ATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCG
P8 ATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCG
T7 ATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCG
P5 ATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCG
D5 ATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCG
T5 ATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGGTTGAGCG

T8 ATAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCGTTTGAGCG
 T10 ATAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCGTTTGAGCG
 S1.2 ATAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCGTTTGAGCG
 S2.2 ATAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCGTTTGAGCG
 P3 ATAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCGTTTGAGCG
 P1 ATAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCGTTTGAGCG
 P2 ATAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCGTTTGAGCG
 P6 ATAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCGTTTGAGCG
 D4 ATAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCGTTTGAGCG
 P9 ATAGCGTATATTAAAGTTGTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCGTTTGAGCG

 P4 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 T1 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 P7 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 D1 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 D2 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 D3 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 D6 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 P8 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 T7 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 P5 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 D5 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 T5 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 T8 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 T10 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 S1.2 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 S2.2 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 P3 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 P1 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 P2 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 P6 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 D4 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT
 P9 TCCGGTCGAGTTATCTCTGTACTATGGATGCTTGGGCATTTTGAGGGGGCGCTT

 P4 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 T1 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 P7 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 D1 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 D2 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 D3 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 D6 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 P8 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 T7 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 P5 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 D5 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 T5 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 T8 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 T10 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 S1.2 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 S2.2 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 P3 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 P1 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 P2 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 P6 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 D4 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT
 P9 CTGCCATTCAAGTGGTGGTGTGTCGACTTCGATCGTTACTGTGAAAAAATTAGAGTGT

 P4 TTAAAGCAGGCAGTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTTGG
 T1 TTAAAGCAGGCAGTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTTGG
 P7 TTAAAGCAGGCAGTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTTGG
 D1 TTAAAGCAGGCAGTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTTGG
 D2 TTAAAGCAGGCAGTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTTGG
 D3 TTAAAGCAGGCAGTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTTGG
 D6 TTAAAGCAGGCAGTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTTGG
 P8 TTAAAGCAGGCAGTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATAACGACCTTGG

T7 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 P5 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 D5 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 T5 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 T8 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 T10 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 S1.2 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 S2.2 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 P3 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 P1 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 P2 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 P6 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 D4 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG
 P9 TTAAAGCAGGCCTTGCTCATTTGAATACATTAGCATGGAATAATAAGATACGACCTTGG

 P4 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 T1 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 P7 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 D1 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 D2 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 D3 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 D6 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 P8 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 T7 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 P5 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 D5 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 T5 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 T8 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 T10 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 S1.2 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 S2.2 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 P3 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 P1 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 P2 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 P6 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 D4 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT
 P9 TGGTCTATTTGTTGGTTGCACACCGAGGTAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGTATT

 P4 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 T1 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 P7 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 D1 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 D2 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 D3 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 D6 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 P8 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 T7 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 P5 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 D5 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 T5 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 T8 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 T10 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 S1.2 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 S2.2 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 P3 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 P1 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 P2 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 P6 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 D4 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC
 P9 CATATTCAACGTCAAGAGGTGAAATTCTTGATCGTTGAAAGATGAGCTTAGGCAGAAC

 P4 ATTTACCAA-GGATGTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATTAG
 T1 ATTTACCAA-GGATGTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATTAG
 P7 ATTTACCAA-GGATGTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATTAG
 D1 ATTTACCAA-GGATGTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATTAG

P4 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
T1 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
P7 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
D1 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
D2 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
D3 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
D6 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
P8 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
T7 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
P5 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
D5 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
T5 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
T8 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
T10 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
S1 . 2 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
S2 . 2 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
P3 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
P1 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
P2 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
P6 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
D4 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT
P9 CTTAATTGACTCAACACGGGGAAACTTACCAAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGAT

T4 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
T1 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
P7 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
D1 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
D2 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
D3 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
D6 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
P8 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
T7 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
P5 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
D5 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
T5 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
T8 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
T10 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
S1.2 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
S2.2 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
P3 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
P1 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
P2 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG
P6 TGAGAGCTTTCTTGTATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTAGTTGGTGGAGTG

D4 TGAGAGCTTTCTTGATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTG
 P9 TGAGAGCTTTCTTGATTCTATGGGTGGTGGTCATGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTG

 P4 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 T1 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 P7 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 D1 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 D2 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 D3 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 D6 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 P8 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 T7 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 P5 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 D5 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 T5 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 T8 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 T10 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 S1.2 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 S2.2 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 P3 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 P1 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 P2 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 P6 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 D4 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC
 P9 ATTTGTCGGTTAACCGTTAACGAACGAGACCTCCCGCGTCTAAATAGTTCTGCTTAC

 P4 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 T1 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 P7 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 D1 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 D2 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 D3 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 D6 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 P8 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 T7 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 P5 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 D5 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 T5 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 T8 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 T10 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 S1.2 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 S2.2 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 P3 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 P1 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 P2 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 P6 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 D4 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA
 P9 CAATTGGTAGGTATGGACTTCTAGAGGGACTTCAGTGACTAACTGAAGGAAGTTGGA

 P4 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 T1 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 P7 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 D1 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 D2 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 D3 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 D6 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 P8 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 T7 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 P5 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 D5 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 T5 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 T8 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 T10 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 S1.2 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA
 S2.2 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGCACGCGCGTACACTGATA

P3 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGACGCCGCTACACTGATA
P1 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGACGCCGCTACACTGATA
P2 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGACGCCGCTACACTGATA
P6 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGACGCCGCTACACTGATA
D4 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGACGCCGCTACACTGATA
P9 GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGACGCCGCTACACTGATA

P4 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
T1 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
P7 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
D1 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
D2 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
D3 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
D6 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
P8 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
T7 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
P5 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
D5 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
T5 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
T8 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
T10 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
S1.2 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
S2.2 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
P3 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
P1 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
P2 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
P6 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
D4 CGCTCAACGAGT-----ATATAACCTGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT
P9 CGCTCAACGAGTANANANCNTNNATAACCTNGATCGATAGGTCTGGTAATCTTTGAAT

P4 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
T1 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
P7 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
D1 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
D2 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
D3 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
D6 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
P8 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
T7 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
P5 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
D5 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
T5 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
T8 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
T10 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
S1.2 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
S2.2 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
P3 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
P1 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
P2 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
P6 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
D4 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA
P9 ACGTATCGTGCAGGGATAGATTATTGCAATTATTAACTCTGAACGAGGAATTCC TAGTA

P4 AACGCAAGTCATCAGCTTGATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGC
T1 AACGCAAGTCATCAGCTTGATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGC
P7 AACGCAAGTCATCAGCTTGATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGC
D1 AACGCAAGTCATCAGCTTGATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGC
D2 AACGCAAGTCATCAGCTTGATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGC
D3 AACGCAAGTCATCAGCTTGATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGC
D6 AACGCAAGTCATCAGCTTGATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGC
P8 AACGCAAGTCATCAGCTTGATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGC
T7 AACGCAAGTCATCAGCTTGATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGC
P5 AACGCAAGTCATCAGCTTGATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGC
D5 AACGCAAGTCATCAGCTTGATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGC
T5 AACGCAAGTCATCAGCTTGATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCGTCGC

T8	AACGCAAGTCATCAGCTTGCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCCGTCGC
T10	AACGCAAGTCATCAGCTTGCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCCGTCGC
S1.2	AACGCAAGTCATCAGCTTGCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCCGTCGC
S2.2	AACGCAAGTCATCAGCTTGCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCCGTCGC
P3	AACGCAAGTCATCAGCTTGCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCCGTCGC
P1	AACGCAAGTCATCAGCTTGCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCCGTCGC
P2	AACGCAAGTCATCAGCTTGCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCCGTCGC
P6	AACGCAAGTCATCAGCTTGCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCCGTCGC
D4	AACGCAAGTCATCAGCTTGCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCCGTCGC
P9	AACGCAAGTCATCAGCTTGCATTGATTACGTCCCTGCCCTTGTACACACCGCCCGTCGC

P4	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
T1	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
P7	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
D1	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
D2	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
D3	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
D6	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
P8	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
T7	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
P5	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
D5	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
T5	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
T8	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
T10	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
S1.2	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
S2.2	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
P3	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
P1	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
P2	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
P6	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
D4	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA
P9	ACCTACCGATTGAATGACTCGGTGAAGTATTGGGACTGTGAATTGTGTGCTTCATTGCA

P4	TGCAAGTTTGNNGGAACCTCNNNNNCTNNCNNNNNNNNNNNNN-
T1	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCNNNNNCNNNNNNNNNNNNNN---
P7	TGCAAGTTTGTGGGAANNCNTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN-
D1	TGCAAGTTTGTGGGAACCTTCTT-----
D2	TGCAAGTTTGTGGGAACCTTCTT-----
D3	TGCAAGTTTGTGGGAACCTTCTT-----
D6	TGCAAGTTTGTGGGAACCTTCTT-----
P8	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCTAACCNCNNNNNNNNNNNNN-
T7	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCTAACCNCNNNNNNNNNNNNN-
P5	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCTAACCNCNNNNNNNNNNNNN-
D5	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCTAACCTCNNNNNNNNNNNNN-
T5	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCTAACCTCNNNNNNNNNNNNN-
T8	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCTAACCTCNNNNNNNNNNNNN-
T10	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCTAACCTCGCNNNNNNNNNNN-
S1.2	TTCAAGTTTGTGGGAACCTTCTT-----
S2.2	TTCAAGTTTGTGGGAACCTTCTT-----
P3	TTCAAGTTTGTGGGAACCTCTAACCTCNCNNNNNNNNNNNN
P1	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCTAACCNCNNNNNNNNNNNNN-
P2	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCTAACCNCNNNNNNNNNNNNN-
P6	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCTAACCNCNNNNNNNNNNNNN-
D4	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCTAACCTCNCNNNNNNNNNNNN-
P9	TGCAAGTTTGTGGGAACCTCTNACCNCNCNNNNNNNNNNNN-
	* *****

D2 -----NNNNNNNNNANNNNNNNNNAAGGTTTCNGTAGGTGAACNTGCGGAAGGATCATT
D3 -----NNNNNNNNNNNNNNNTAACAGGTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT
D1 -----NNNNNNNGNNGNNNNNGTAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT
T5 -----NNANGNGNANNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGNNNNNTGCGGAAGGATCATT
T7 -----NNNGGGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGNNNNNTGCGGAAGGATCATT
P8 -----NNNNNNNGNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAANNTNNNNNAGGATCATT
P2 -----NNNAGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGANNNTGCGGAAGGATCATT
P6 -----NNNANGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGNNNNNTGCGGAAGGATCATT
T8 -----NNNNNGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGNNNNNTGCGGAAGGATCATT
T10 -----NNNANGGNANNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGNNNNNTGCGGAAGGATCATT
P4 -----NNNNNNGGNNNNNNNNNAACAANNTTCCGTAGGTGANNNTNNNGAAGGATCATT
P7 -----NNNNNNNGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAANNTNNNGAAGGATCATT
D6 --NNNNNNNAGGNGNANNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTNNNGNAGGATCATT
D5 -----NNNAGGGNNNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAACNTNNNGNAGGATCATT
P5 -----NNNNNNNGGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAACNTNNNGNAGGATCATT
T1 -----NNNNNNNGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTNNNNNAGGATCATT
D4 --NNNNANNGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAACNTNNNGAAGGATCATT
P9 -----NNNAACAAGGTTCCGTAGGTGAANNNNNNGNAGGATCATT
P3 -----NNNANGGGNNNNNNNNNAACAAGGTTCCGTAGGTGANNNTNGNAGGATCATT
S1.2 -----TGAAGGTGAAAGTCGAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT
S2.2 -----TTTAGGTGAAAGTCGAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT
P1 -----TGAAGGTGAAAGTCGAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT

D2 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
D3 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
D1 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
T5 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
T7 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
P8 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
P2 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
P6 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
T8 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
T10 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
P4 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
P7 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
D6 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
D5 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
P5 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
T1 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
D4 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
P9 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT
P3 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTT-GCGCTGCCCTTGT
S1.2 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTT-GCGCTGCCCTTGT
S2.2 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTT-GCGCTGCCCTTGT
P1 ACCACACCAAAAAACACCCACGTGAATGTACTCTTATGAGGCTTGCCTGCCCTTGT

D2 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
D3 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
D1 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
T5 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
T7 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
P8 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
P2 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
P6 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
T8 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
T10 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
P4 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
P7 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
D6 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
D5 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
P5 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
T1 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
D4 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
P9 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
P3 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG
S1.2 GGCAGCTAGCGAAGGTTTCGCAAGAAGCCGATGTCAATTGAACTCTTTAAAATACG

S2.2	GGCGGCTAGCCGAAGGTTTCGAAGAAGCCATGTCAATTGAATCCTTTAAACTACG
P1	GGCAGCTAGCCGAAGGTTTCGAAGAAGCCATGTCAATTGAATCCTTTAAACTACG *** *****
D2	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
D3	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
D1	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
T5	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
T7	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
P8	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
P2	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
P6	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
T8	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
T10	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
P4	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
P7	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
D6	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
D5	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
P5	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
T1	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
D4	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
P9	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
P3	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
S1.2	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
S2.2	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG
P1	ACTGATCAAAACTGCAGATAGAAATATCTGCATGCAATTGAAATACAACCTTCAACAGTG *****
D2	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
D3	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
D1	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
T5	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
T7	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
P8	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
P2	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
P6	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
T8	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
T10	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
P4	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
P7	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
D6	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
D5	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
P5	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
T1	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
D4	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
P9	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
P3	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
S1.2	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
S2.2	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG
P1	GATGTCTAGGCTCGCACACCGATGAAGAACGCTGCGACTCGATACTGTAATGCGAATTG *****
D2	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
D3	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
D1	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
T5	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
T7	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
P8	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
P2	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
P6	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
T8	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
T10	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
P4	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
P7	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
D6	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
D5	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
P5	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG
T1	CAGAATTCACTGAGTCATCAAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGCCTGGG

D4 CAGAATTCACTGAGTCATCAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGTCCTGGG
 P9 CAGAATTCACTGAGTCATCAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGTCCTGGG
 P3 CAGAATTCACTGAGTCATCAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGTCCTGGG
 S1.2 CAGAATTCACTGAGTCATCAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGTCCTGGG
 S2.2 CAGAATTCACTGAGTCATCAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGTCCTGGG
 P1 CAGAATTCACTGAGTCATCAAATTTGAACGCATATTGCACTTCCGGGTTAGTCCTGGG

 D2 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 D3 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 D1 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 T5 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 T7 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 P8 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 P2 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 P6 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 T8 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 T10 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 P4 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 P7 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 D6 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 D5 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 P5 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 T1 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 D4 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 P9 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 P3 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 S1.2 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 S2.2 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG
 P1 AGTATGTTGTATCACTGTCCTGAAACACAAACTGTTCATTTCTGATTGGATGGAG

 D2 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 D3 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 D1 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 T5 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 T7 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 P8 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 P2 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 P6 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 T8 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 T10 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 P4 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 P7 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 D6 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 D5 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 P5 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 T1 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 D4 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 P9 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 P3 CAGAATGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 S1.2 CAGAATGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 S2.2 CAGAATGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG
 P1 CAGACTGTGAAGGTCTTGTAAATTACAAGTCCTTTAACGACGGTACCTATGCGTCCTAG

 D2 TGAGATGTATTATTAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
 D3 TGAGATGTATTATTAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
 D1 TGAGATGTATTATTAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
 T5 TGAGATGTATTATTAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
 T7 TGAGATGTATTATTAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
 P8 TGAGATGTATTATTAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
 P2 TGAGATGTATTATTAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
 P6 TGAGATGTATTATTAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
 T8 TGAGATGTATTATTAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
 T10 TGAGATGTATTATTAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
 P4 TGAGATGTATTATTAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
 P7 TGAGATGTATTATTAAGGTATGCCTGCGCTCCTTCGAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA

D6 TGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCCTGCCCTCTTCAAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
D5 TGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCCTGCCCTCTTCAAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
P5 TGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCCTGCCCTCTTCAAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
T1 TGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCCTGCCCTCTTCAAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
D4 TGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCCTGCCCTCTTCAAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
P9 TGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCCTGCCCTCTTCAAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
P3 TGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCCTGCCCTCTTCAAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
S1.2 TGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCCTGCCCTCTTCAAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
S2.2 TGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCCTGCCCTCTTCAAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA
P1 TGAGATGTATTATTTAAAGGTATGCCCTGCCCTCTTCAAAAGTCTTGTGTGGCGGCACA

D2 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
D3 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
D1 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
T5 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
T7 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
P8 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
P2 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
P6 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
T8 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
T10 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
P4 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
P7 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
D6 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
D5 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
P5 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
T1 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
D4 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
P9 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
P3 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
S1.2 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
S2.2 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA
P1 CAGCACTCAAAGAGAGAGCAAATCGCGTAGTTTGCTGTACTTCGGTACGAGTGGACA

D2 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
D3 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
D1 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
T5 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
T7 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
P8 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
P2 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
P6 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
T8 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
T10 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
P4 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
P7 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
D6 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
D5 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
P5 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
T1 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
D4 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
P9 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
P3 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
S1.2 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
S2.2 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG
P1 CATATTGCTTTTGTGATTCTCGGAGTCTTGTCAAAGTACAAGGCACGTAAGGAGAG

D2 TTGGTATGCTGGCATTCTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAAATTCAATCCAATTGG
D3 TTGGTATGCTGGCATTCTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAAATTCAATCCAATTGG
D1 TTGGTATGCTGGCATTCTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAAATTCAATCCAATTGG
T5 TTGGTATGCTGGCATTCTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAAATTCAATCCAANN-NN
T7 TTGGTATGCTGGCATTCTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAAATTCAATCCAANN-NN
P8 TTGGTATGCTGGCATTCTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAAATTCAATCCAANN-NN
P2 TTGGTATGCTGGCATTCTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAAATTCAATCCAATTGG
P6 TTGGTATGCTGGCATTCTGGCGTATGGAGGCAAATTGGAAATTCAATCCAATTGG

T8	TTGGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
T10	TTGGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
P4	TTGGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
P7	TTGGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
D6	TTGGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
D5	TTGGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
P5	TTGGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
T1	TTGGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
D4	TTGGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
P9	TTGGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
P3	TGAGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGCATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
S1.2	TGAGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGCATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
S2.2	TGAGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGCATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
P1	TTGGTATGCTGGTGCATTTCTTGGCGTATGGAGGCAAATTGGGAATTCAATCCAATTGG
	* *****
D2	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCAANNNNNNNNNNNN--
D3	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCANNNNNNNNNNNNN-
D1	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
T5	NCCNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN-----
T7	NCNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN-----
P8	ACNNGANNTNNNNNNNNNNNNNNNNNN-----
P2	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATANCATN-----
P6	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCATNNNNNGNAGNAAN--
T8	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCATNNNNNNNNNNNN-----
T10	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATANCANN-----
P4	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATNNCANNNNNNNNNNNNN-
P7	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATNNCANN-----
D6	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATNNNNNNNNNNNNNNNN---
D5	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCATNNNNNGNNNGNAA--
P5	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCATN-----
T1	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCANANNNN-----
D4	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATNNNNNNNNNNNNNNNNNAN--
P9	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATNNNNNN-----
P3	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATNNNNNNNNNNNNNNNNNN---
S1.2	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAA--
S2.2	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAA--
P1	ACCTGATATCAAACAAGACTACCCGCTGAACCTTAAGCATATCAATAA-----
	*

D3 -----TCAACGCCACGCTCTCGGTCCATCAGCTCGTCG
 30 -----NNTCAACGCCACGCTCTCGGTCCACCAGCTTGTGCG
 P1 -----NCAACGCCACGCTCTCGGTCCATCAGCTCGTCG
 D6 -----NCNACGCCACGCTCTCGGTCCATCAGCTCGTCG
 D4 -----NCAACGCCNCGCTCTCGGTCCATCAGCTCGTCG
 D5 -----NCNACGCCNCGCTCTCGGTCCATCAGCTCGTCG
 D2 -----NNGCCNCGCTCTCGGTCCATCAGCTCGTCG
 D1 -----NNCAGCCNCGCTCTCGGTCCATCAGCTCGTCG
 P5 -----NNNNNNNGTCCNTCAGCTCGTCG
 P9 -----NNNNNNNNCCATCAGCTCGTCG
 P7 -----NNNNNNNNNTCCATCAGCTCGTCG
 P8 -----NNNCNNNNNTNTCGGTCCATCAGCTCGTCG
 T10 -----NNNACGCCNNNTNTCGGTCCATCAGCTCGTCG
 T1 -----NNNNNNNNCGTCCATCAGCTCGTCG
 T7 -----NNNNNNNNNGTCCATCAGCTCGTCG
 T8 -----NNNCCCCNNYTCGGTCCATCAGCTCGTCG
 P3 -----NNNNNNNNNNNCNCCAGCTTGTGCG
 P6 -----NNNNNNNCNTCAGCTNGTGC
 P2 -----NNNNNNNCAGCTCGTCG
 S2.2 -----NNNNNNNCAGCTCGTCG

D3 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 30 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 P1 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 D6 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 D4 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 D5 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 D2 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 D1 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 P5 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 P9 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 P7 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 P8 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 T10 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 T1 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 T7 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 T8 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 P3 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 P6 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 P2 AAAACGCCGATGAGGTATGTGTCGATAACGAGGCCCTTACGATATCTGCTTCCGCA
 S2.2 *****

D3 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 30 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 P1 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 D6 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 D4 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 D5 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 D2 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 D1 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 P5 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 P9 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 P7 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 P8 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 T10 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 T1 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 T7 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 T8 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 P3 CSCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 P6 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 P2 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 S2.2 CGCTCAAGCTCACGACGCCAACGTACGGCAGTTGAACCACCTGGTCTGCGCCGCCATGT
 * *****

D3 CGGGTATCACGACGTGCCTCCGTTCCCCGGTCAGTTGAACCTGGATCTCGCAAGCTYG
 30 CGGGTATCACGACGTGCCTCCGTTCCCCGGTCAGTTGAACCTGGATCTCGCAAGCTCG

P1 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
D6 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
D4 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
D5 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
D2 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
D1 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
P5 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
P9 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
P7 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
P8 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
T10 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
T1 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
T7 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
T8 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
P3 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTCG
P6 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTCG
P2 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
S2.2 CGGGTATCACGACGTCGCCCTCCGCTTCCCCGGTCAGTTGAACCTCGGATCTTCGCAAGCTYG
***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** *

D3 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
30 CGGTAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATTGGTTTCGCGCCCCCTGA
P1 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
D6 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
D4 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
D5 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
D2 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
D1 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
P5 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
P9 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
P7 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
P8 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
T10 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
T1 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
T7 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
T8 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
P3 CGGTSAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATTGGTTTCGCGCCCCCTGA
P6 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATTGGTTTCGCGCCCCCTGA
P2 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
S2.2 CGGTCAACTTGATCCCGTTCCCGCGTCTCCACTTCTTCATGATYGGTTTCGCGCCCCCTGA
***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** *

D3 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
30 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
P1 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
D6 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
D4 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
D5 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
D2 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
D1 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
P5 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
P9 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
P7 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
P8 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
T10 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
T1 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
T7 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
T8 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
P3 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
P6 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
P2 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
S2.2 CGTCGCGTGGCTCGCAGCAGTACCGCGCGTCACGGTYCCCGAGCTTACACAGCAGCAGT
***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** *

D3 TYGATGCCAAGAACATGATGTCGCCGCCGATCTCGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
30 TCGATGCCAAGAACATGATGTCGCCGCCGATCTCGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
P1 TYGATGCCAAGAACATGATGTCGCCGCCGATCTCGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
D6 TYGATGCCAAGAACATGATGTCGCCGCCGATCTCGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG

D4 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
D5 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
D2 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
D1 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
P5 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
P9 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
P7 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
P8 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
T10 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
T1 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
T7 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
T8 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
P3 TCGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
P6 TTGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
P2 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
S2.2 TYGATGCCAAGAACATGATGTGGCCGCCGATCTGCCACGGCCGCTACCTCACGGCTG
* *****

D3 CYTCATGTTCCGTGGCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
30 CCTGCATGTTCCGTGGCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
P1 CYTCATGTTCCGTGGCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
D6 CYTCATGTTCCGTGGCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
D4 CYTCATGTTCCGTGGCCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
D5 CYTCATGTTCCGTGGCCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
D2 CYTCATGTTCCGTGGCCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
D1 CYTCATGTTCCGTGGCCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
P5 CYTCATGTTCCGTGGCCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
P9 CYTCATGTTCCGTGGCCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
P7 CYTCATGTTCCGTGGCCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
P8 CYTCATGTTCCGTGGCCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
T10 CYTCATGTTCCGTGGCCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
T1 CYTCATGTTCCGTGGCCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
T7 CYTCATGTTCCGTGGCCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
T8 CYTCATGTTCCGTGGCCCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
P3 CCTGCATGTTCCGTGGYCGCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
P6 CTTGCATGTTCCGTGGCCGCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
P2 CYTCATGTTCCGTGGCCGCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
S2.2 CYTCATGTTCCGTGGCCGCATGTCCACGAAGGAAGTCGATGAGCAGATGCTAACGTCC
* *****

D3 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
30 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGCGTT
P1 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
D6 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
D4 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
D5 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
D2 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
D1 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
P5 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
P9 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
P7 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
P8 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
T10 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
T1 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
T7 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
T8 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
P3 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGCGTGT
P6 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGTGTGT
P2 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT
S2.2 AGAACAAAGAACACTCGTCGACTTYGTCGAGTGGATCCCGAACAAACATCAAGGCCAGYGTGT

D3 GCGACATCCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
30 GCGACATCCCGCCTAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
P1 GCGACATCCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
D6 GCGACATCCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
D4 GCGACATCCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
D5 GCGACATCCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA

D2	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
D1	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
P5	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
P9	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
P7	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
P8	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
T10	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
T1	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
T7	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
T8	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
P3	GCGACATCCGCCCYAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTATTGGTAACTCGACGGCNA
P6	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
P2	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA
S2.2	GCGACATCCGCCGAAGGGCCTCAAGATGTCGACGACGTTCATCGGTAACTCGACGGCGA ***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** *
D3	TCCAGGAGATGTTCAAGCGC-GTCTCGGA-----
30	TCCAGGAGATGTTCAAGCGC-GTCTCGGANTNNN-----
P1	TCCAGGAGATGTTCAAGCGC-GTCTCGG-----
D6	TCCAGGAGATGTTCAAGCGC-GTCTCN-----
D4	TCCAGGAGATGTTCAAGCGC-GTCTCGGA-----
D5	TCCAGGAGATGTTCAAGCGC-GTCTCGG-----
D2	TCCAGGAGATGTTCAAGCGC-GTCTCGGA-----
D1	TCCAGGAGATGTTCAANNGCCGTNTCNNN-----
P5	TCCAGGAGATGTTCAAGCANNNTCTCGGN-----
P9	TCCAGGAGATGTTCANN-----
P7	TCCAGGAGATGTTCANN-----
P8	TCCAGGAGATGTTCAANNNNNNNNTCGNNN-----
T10	TCCAGGAGATGTTCAANNNNNNNNTCNGN-----
T1	TCCAGGAGATGTTCANNNN-----
T7	TCCAGGAGATGTTCANNNCNNNTCNNN-----
T8	TCCAGGAGATGTTCAANNNNNNNNNNNN-----
P3	TCCAGGAGATGTTCANNNNNNNNNNNNN-----
P6	TCCAGGAGATGTTCANNNNNNNNNNNNN-----
P2	TCCAGGAGATGTTCANNNNNNNNNNNNN-----
S2.2	TCCAGGAGATGTTCANNNNNNNNNNN----- *****

P3 -----NNNNNNNTCCNNGACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 S1.2 -----GACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 D6 -----GACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 T7 -----NNNNNNNNNNNNNTNAANNNNNCTGGTNCNGACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 P2 -----NNNNNNNNNNNNNCTGGTNCNGACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 T1 -----NNNNNNNAANNNNNCTGGTNCNGACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 P7 -----NNNNNNNNNCTGGTNCNGACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 P8 -----NNNNNNNNNCTGGTNCNGACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 T8 -----NNNNNNNNCTGGTNCNGACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 T10 -----NNNNNNNCTGGTNCNGACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 P5 ---NNNNNNNNNNNNNTNAANNNNNCTGGTNCNGACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 P9 -----NNNNNNNNNCTGGTNCNGACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 D2 -----GACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 D5 -----GACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 D3 -----GACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 P4 -----NNNNNNNGGTNCNGACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 D4 -----GACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 D1 -----GACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 P1 -----GACAACCTCAAGGCCAGCGCG
 P6 -----NNNNNNNNNNNNNCAGCGCG

P3 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 S1.2 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 D6 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 T7 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 P2 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 T1 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 P7 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 P8 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 T8 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 T10 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 P5 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 P9 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 D2 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 D5 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 D3 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 P4 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 D4 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 D1 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 P1 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA
 P6 AACGTGGTATCACGATCGACATTGCCCTCTGAAGTTCGAGTCGCCAAGTACTTCTTCA

P3 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 S1.2 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 D6 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 T7 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 P2 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 T1 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 P7 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 P8 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 T8 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 T10 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 P5 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 P9 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 D2 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 D5 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 D3 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 P4 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 D4 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 D1 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 P1 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC
 P6 CGGTCAATTGATGCCCGGGTCACCGCGATTTCATCAAGAACATGATCACGGTACCTCGC

P3 AGGCCGATTGCGCCATTCTCGTCGCCTCGGGTGTGGTGAAGTTCGAGGCCGGTATCT
 S1.2 AGGCCGATTGCGCCATTCTCGTCGCCTCGGGTGTGGTGAAGTTCGAGGCCGGTATCT

D6	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
T7	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
P2	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
T1	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
P7	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
P8	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
T8	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
T10	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
P5	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
P9	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
D2	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
D5	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
D3	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
P4	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
D4	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
D1	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
P1	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT
P6	AGGCCGATTGCGCCATCCTYGTCTGCCTCGGGCGTCGGTGAGTCGAGGCCGGTATCT

P3	CGAAGGARGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
S1.2	CGAAGGARGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
D6	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
T7	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
P2	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
T1	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
P7	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
P8	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
T8	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
T10	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
P5	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
P9	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
D2	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
D5	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
D3	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
P4	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
D4	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
D1	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
P1	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA
P6	CGAAGGAGGGCCAGACGCGCGAGCACGCGCTCCTCGCCTTACGCTCGGTGTGCGCAGA

P3	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
S1.2	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
D6	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
T7	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
P2	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
T1	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
P7	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
P8	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
T8	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
T10	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
P5	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
P9	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
D2	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
D5	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
D3	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
P4	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
D4	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
D1	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
P1	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG
P6	TGATCGTGCATCAACAAGATGGACACTCGTGGTCATGTACGCCAGGCCGGTTACG

P3	AGGAAATCAAGGAGGAAGTCTCSAACTACCTCAAGAACGGCTACAAGCCGCCAAGG
S1.2	AGGAAATCAAGGAGGAAGTCTCGAACTACCTCAAGAACGGCTACAATCCGCCAAGG
D6	AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTCAAGAACGGCTACAAGCCGCCAAGG
T7	AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTCAAGAACGGCTACAAGCCGCCAAGG

P2 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 T1 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 P7 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 P8 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 T8 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 T10 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 P5 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 P9 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 D2 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 D5 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 D3 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 P4 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 D4 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 D1 AGGAAATCAAGGAGGAAGTSTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 P1 AGGAAATCAAGGAGGAAGTCTCCAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG
 P6 AGGAAATCAAGGAGGAAGTCTCSAACCTACCTCAAGAAGGTCGGCTACAAGCCGCCAAGG

 P3 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 S1.2 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 D6 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 T7 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 P2 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 T1 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 P7 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 P8 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 T8 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 T10 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 P5 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 P9 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 D2 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 D5 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 D3 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 P4 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 D4 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 D1 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 P1 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA
 P6 TCCCCTCGTCCCAGTCTGGCTGGAGGGCACAACATGATCGAGAAGTCCGGCAACA

 P3 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACAACCTCAACCCCCCAAGC
 S1.2 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACAACCTCAACCCCCCAAGC
 D6 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 T7 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 P2 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 T1 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 P7 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 P8 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 T8 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 T10 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 P5 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 P9 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 D2 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 D5 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 D3 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 P4 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 D4 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 D1 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACRRRCTCAACCCSCCAAGC
 P1 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACAACCTCAACCCCCCAAGC
 P6 TGCCCTGGTACAAGGGCCGTGCCCTCTCGAAGCGCTTGACAACCTCAACCCCCCAAGC

 P3 GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
 S1.2 GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
 D6 GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
 T7 GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
 P2 GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
 T1 GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG

P7	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGANGTTACAAGATTGGCGGTATTG
P8	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
T8	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
T10	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
P5	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
P9	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
D2	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
D5	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
D3	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
P4	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
D4	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
D1	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
P1	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
P6	GCCCCACCGACAAGGCCCTCCGCCTCCCGCTCCAGGATGTTACAAGATTGGCGGTATTG
<hr/>	
P3	*****
S1.2	GCACGGTCCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGC -- GGGNNNNNNNNN -
D6	GCACGGTCCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCC - CGGCATNNNN --
T7	GCACGGTYCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCC - GGGGNNNNN --
P2	GCACGGTYCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCC - GGNNNNN --
T1	GCACGGTYCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCC - GGNNNNN --
P7	GCACGGTYCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCCC GGNNN --
P8	GCACGGTYCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCC - GGNNNNNNNNN --
T8	GCACGGTYCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCCC GGNNN --
T10	GCACGGTYCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCCC GGNN --
P5	GCACGGTYCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCC - GGGNNNN --
P9	GCACGGTYCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCC - GGNNNNN --
D2	GCACGGTCCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCCC GG --
D5	GCACGGTCCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCCC GG --
D3	GCACGGTCCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCCC GG --
P4	GCACGGTYCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGC -- GGNNGNNNNNNN --
D4	GCACGGTYCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCCC GG --
D1	GCACGGTYCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CAAGCCC GG --
P1	GCACGSTCCC CGGT CGGGCGT GT CGAGANGNGCGNT CTTNANNCCCCGGCTTNT --
P6	GCACGGTCCC CGGT CGGGCGT GT CGAGACGGGT GT CCT CANNNNNGGGNNNNNNN --
<hr/>	

D3
D6
D4
T5
P2 ----- NNNNCNNNTNNNGTTTAATCGTATGGAATTAGC
D2 ----- NTCNGGNGTAG-TTGGTACAACCTTATCTNNNTTAATCGTANNGAATTAGC
D5
P1 ----- GGTGTTAG-TTGGTACAACCTTATCTGTTTAATCGTATGGAATTAGC
D1 ----- CAGGTGTTAG-TTGGTACAACCTTATCTGTTTAATCGTATGGAATTAGC
P5 ----- TCAGGTGTTAG-TTGGTACAACCTTATCTGTTTAATCGTATGGAATTAGC
T7 ----- NGTGTAG-TTGGTACAACCTTATCTGTTTAATTNGTATGGAATTAGC
T8 ----- NGGTGTAG-TTGGTACAACCTTATCTGTTTAATCGTATGGAATTAGC
T10 ----- NNGGTGTANGTTGGTACAACCTTATCTGTTTAATCGTATGGAATTAGC
T1 ----- NCNGGTGTNN-TTGGTACAACCTTATCTGTTTAATCGTATGGAATTAGC
P7 ----- NGGNGTNNGTTGGTACAACCTTATCTGTTTAATCGTATGGAATTAGC
P8 ----- NNNNNNNNNNGTACAACCTTATCTGTTTAATCGTATGGAATTAGC
P9 ----- NGGNGNNAANGTTGGTACAACCTTATCTGTTTAATCGTATGGAATTAGC
P4 ----- NNNNNNGGTACAACCTTATCTGTTTAATCGTATGGAATTAGC
P6 ----- CAGGNNNNNNNGNNGTNCAACCTTATCTGTTTAATCGTATGGAATTAGC
S1.2 ----- NNCN
S2.2 -----
P3 ----- NNNNNNTGTACAACCTTATCTGTTTAATCGTATGGAATTAGC

D3 TNANCNGGNAATCAAWTTTATGGGAAATCATCAATTATATAAMGTAGTTGTTACTGC
D6 NNANCNGGAAAATCAAWTTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
D4 NNANCNGGNNAATCAAWTTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
T5 NNANCNNNG-AATCAAWTTTATGGGAAATCATCAATTATATAAMGTAGTTGTTACTGC
P2 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
D2 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
D5 -NNANCNGGNAANCAAWTTTATGGGAAATCATCAATTATATAAMGTAGTTGTTACTGC
P1 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
D1 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
P5 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
T7 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
T8 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
T10 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
T1 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
P7 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
P8 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
P9 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
P4 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
P6 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC
S1.2 TNANCNGGAAAATCAAWTTTATGGGAAATCATCAATTATATAAMGTAGTTGTTACTGC
S2.2 --NNCCYGGAAATCAAWTTTATGGGAAATCATCAATTATATAAMGTAGTTGTTACTGC
P3 ACAACCTGGAAATCAAATTNTTATGGGAAATCATCAATTATATAACGTAGTTGTTACTGC

D3 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
D6 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
D4 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
T5 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
P2 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
D2 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
D5 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
P1 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
D1 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
P5 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
T7 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
T8 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
T10 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
T1 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
P7 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
P8 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
P9 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
P4 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
P6 ACACGCGTTTATTATGATTTTTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
S1.2 ACACGCGTTTATTATGATTTCTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA

S2.2	ACACGCGTTATTATGATTTCTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA
P3	ACACGCGTTATTATGATTTCTTATGGTTATGCCTATTTAATTGGAGGTTTCGGTAA *****
D3	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
D6	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
D4	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
T5	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
P2	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
D2	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
D5	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
P1	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
D1	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
P5	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
T7	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
T8	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
T10	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
T1	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
P7	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
P8	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
P9	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
P4	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
P6	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
S1.2	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
S2.2	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT
P3	CTGGTTTATTCCCTTAATGTTAGGAGCTCTGATATGGCTTTCCAAGAACATGAATAATAT *****
D3	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
D6	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
D4	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
T5	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
P2	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
D2	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
D5	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
P1	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
D1	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
P5	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
T7	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
T8	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
T10	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
T1	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
P7	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
P8	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
P9	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
P4	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
P6	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
S1.2	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
S2.2	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC
P3	TAGTTTTGGTTATTACCTCCAGCATTATTTTATTAGTTCTTCAGCTATTGTTGAATC *****
D3	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
D6	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
D4	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
T5	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
P2	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
D2	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
D5	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
P1	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
D1	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
P5	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
T7	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
T8	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
T10	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
T1	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
P7	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
P8	TGGTGCAGGTACTGGTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG

P9	TGGTGCAGGTACTGGTTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
P4	TGGTGCAGGTACTGGTTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
P6	TGGTGCAGGTACTGGTTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
S1.2	TGGTGCAGGTACTGGTTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
S2.2	TGGTGCAGGTACTGGTTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG
P3	TGGTGCAGGTACTGGTTGGACTGTATATCCACCTTATCTAGTGTACAAGCACACTCAGG *****
D3	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
D6	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
D4	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
T5	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
P2	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
D2	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
D5	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
P1	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
D1	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
P5	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
T7	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
T8	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
T10	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
T1	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
P7	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
P8	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
P9	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
P4	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
P6	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
S1.2	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
S2.2	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG
P3	TCCTTCAGTTGATTAGCTATTTAGTTACATTTAGCAGGTATTCTTCATTATTAGG *****
D3	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
D6	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
D4	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
T5	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
P2	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
D2	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
D5	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
P1	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
D1	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
P5	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
T7	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
T8	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
T10	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
T1	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
P7	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
P8	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
P9	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
P4	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
P6	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
S1.2	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
S2.2	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA
P3	TTCAATAAATTTATTACTACTATTTTAATATGAGATCACCTGGTTAACCTCCATAAA *****
D3	ATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTTACC
D6	ATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTTACC
D4	ATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTTACC
T5	ATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTTACC
P2	ATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTTACC
D2	ATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTTACC
D5	ATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTTACC
P1	ATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTTACC
D1	ATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTTACC
P5	ATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTTACC
T7	ATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTTACC
T8	ATTACCTTATTGTATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTATTAAGTTTACC

T10	ATTACCTTATTTGATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACC
T1	ATTACCTTATTTGATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACC
P7	ATTACCTTATTTGATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACC
P8	ATTACCTTATTTGATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACC
P9	ATTACCTTATTTGATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACC
P4	ATTACCTTATTTGATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACC
P6	ATTACCTTATTTGATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACC
S1.2	ATTACCTTATTTGATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACC
S2.2	ATTACCTTATTTGATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACC
P3	ATTACCTTATTTGATGGTCAGTTTCATTACAGCTTTTATTATTAAAGTTACC
	***** * ***** * ***** * ***** * ***** * ***** * *****
D3	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
D6	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
D4	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
T5	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
P2	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
D2	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
D5	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
P1	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
D1	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
P5	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
T7	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
T8	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
T10	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
T1	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
P7	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
P8	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
P9	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
P4	CGTATTAGCTGGAGCTATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
P6	TGTATTAGCTGGAGCAATTACAATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
S1.2	TGTATTAGCTGGAGCAATTACTATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
S2.2	TGTATTAGCTGGAGCAATTACTATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
P3	TGTATTAGCTGGAGCAATTACTATGTTATTAACGTGATAGAAATTAAACTTCATTTT
	***** * ***** * ***** * ***** * ***** * *****
D3	TGATCCTTCAGGTGGAGGT---
D6	TGATCCTTCAGGTGGAGGT---
D4	TGATCCTTCAGGTG-
T5	TGATCCTTCAGGGGNRNN---
P2	TGATCCTTCAGNGNNNNNNNN
D2	TGATCCTTCAGGTGGAGGT---
D5	TGATCCTTCAGGTGGAGGT---
P1	TGATCCTTCAGGTGGAGGT--
D1	TGATCCTTCAGGTGG-----
P5	TGATCCTTCAGNNNN-----
T7	TGATCCTTCAGNNNN-----
T8	TGATCCTTCAGNNNN-----
T10	TGATCCTTCAGNNNNNNNNN--
T1	TGATCCTTAGGGGGGGGGNNN-
P7	TGATCCTCAGGGGGGGGGNN
P8	TGATCCTTAGGGNNNN----
P9	TGATCCTTAGGGNNNNNN---
P4	TGATCCTCAGNNNNNN----
P6	TGATCCTCAGNNNNNNNN----
S1.2	TGATCCTCAGGTGGAGGT---
S2.2	TGATCCTCAGGTGGAGGT---
P3	TGATCCTCAGGGGGGGNGNN-
	***** *

T8 GGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATATTATTAGCTATATCA
 P1 GGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATATTATTAGCTATATCA
 P7 GGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATATTATTAGCTATATCA
 S1.2 GGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATATTATTAGCTATATCA
 P3 GGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATATTATTAGCTATATCA
 P4 GGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATATTATTAGCTATATCA
 P8 GGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATATTATTAGCTATATCA
 P2 GGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATATTATTAGCTATATCA
 P9 GGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATATTATTAGCTATATCA
 T1 GGTAAAGGTATGCTTATGCTGAATTAAATATAGGAATTTTATATTATTAGCTATATCA

 D2 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 T5 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 D4 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 D1 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 T7 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 T10 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 P6 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 P5 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 T8 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 P1 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 P7 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 S1.2 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 P3 TCATTAGGC GTTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 P4 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 P8 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 P2 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 P9 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT
 T1 TCATTAGGTGTTACGGTATAATTATTGCTGGTGGTAGTAACCTAAAATATGCTTT

 D2 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 T5 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 D4 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 D1 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 T7 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 T10 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 P6 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 P5 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 T8 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 P1 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 P7 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 S1.2 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 P3 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 P4 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 P8 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 P2 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 P9 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA
 T1 TTAGGTGCTTAAGATCATCAGCTCAAATGGTTCTTATGAATTAAACTATTGGTTTTCA

 D2 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 T5 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 D4 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 D1 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 T7 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 T10 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 P6 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 P5 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 T8 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 P1 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 P7 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 S1.2 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 P3 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 P4 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 P8 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA
 P2 ATATTATCGGTTATAGTACTCAATCTTAAATTGATATAGTTTATGCAA

P9	ATATTATCGGTATAGTATGTACTCAATCTTAAATTAAATTGATATAAGTTTATGTCAA
T1	ATATTATCGGTATAGTATGTACTCAATCTTAAATTAAATTGATATAAGTTTATGTCAA
	***** * *****
D2	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
T5	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
D4	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
D1	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
T7	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
T10	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
P6	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
P5	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
T8	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
P1	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
P7	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
S1.2	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
P3	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
P4	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
P8	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
P2	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
P9	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA
T1	GAAAAAATATGGTATTGTACCTCTATTCCATTATTCAATTATTTTTTATTCATCA

D2	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATTAGTT-C
T5	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATTAGTT-C
D4	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATTAGTT-C
D1	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATTAGTT--
T7	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATTAGTT-C
T10	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATTANNTTC
P6	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAATTAGTTTC
P5	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAATTAGTT-C
T8	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATTNAGTT-C
P1	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATTAGTT-C
P7	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGAATTNANTT-C
S1.2	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAATTAGTT-C
P3	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGANNNNNNNNNNNNN
P4	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGANNNNNNNNNNNNN--
P8	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGANNNNNNTNN
P2	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGANNNNNNTNN
P9	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGANNNNNNTTN
T1	TTAGCTGAAACAAATAGACACCCCTTTGATTACCGAAGCTGAAGCTGANNNNTTTN

D2	AG-----
T5	AGNTNNNGNTGAANTAAAAN--
D4	AG-----
D1	-----
T7	AGCTNNNTGANT----
T10	AGCTNNNGNTGANN-----
P6	AGNTNNNN-----
P5	AGCTNNNNNN-----
T8	AGCTNNNN-----
P1	AG-----
P7	AGCTANNGN-----
S1.2	AG-----
P3	NNNNNNN-----
P4	-----
P8	NGNNNNNN-----
P2	-----
P9	NNNNNNNNN-----
T1	NGNTNNNGNNGNNN-----

Schuetzenstrasse 15
CH-9436 Balgach
www.microsynth.ch
Tel. +41 71 722 83 33



Dr. Lassaâd Belbahri
Université de Neuchâtel
Rue Emil argand
2000 Neuchâtel

Balgach, 25.11.11

Offer No 20097: Whole genome sequencing on the SOLiD 5500xl instrument

Dear Dr. Belbahri

Following our discussion from 23.11.11, we are pleased to send you the following offer for your sequencing project using the SOLiD 5500xl platform. We have done several similar projects, the underneath procedure is a standard process.

Your project

- Whole genome re-sequencing of 2 samples of *Saprolegnia parasitica*

Sample delivery for the project

- The customer provides 5 µg gDNA of each sample (concentration >100 ng/µl)
- Microsynth does not take any responsibility for the identity control of the received DNA

Microsynth's services

1. Samples quality control
2. Preparation of 2 barcoded fragment library preparation for the SOLiD
3. Library quantification and pooling according to the qPCR measurements
4. Sequencing on one lane of the SOLiD 5500 xl with a read length of 75 bases.
Expected throughput approx. 80 million reads
5. Mapping of the reads to the reference sequence

Price:

- Price total (point 1-5) full price: 7'470.00 CHF minus 20 % discount: 5'976.00 CHF
(special Year-End discount, see general conditions)

Data delivery

- The sequencing data will be delivered on a hard drive.
- The data consist in Raw Reads (csfasta and csqual files) and the mapping data (bam file)

Offer No. 20097**General conditions**

- Price are VAT excluded
- The prices mentioned in this offer are not subject to discounts defined in earlier offers or contracts (for example University discount) and are only valid as a whole.
- In order to profit from the Year-End discount, the offer has to be accepted per email before the 31.12.11. After this date, the offer will be based on the full price and the validity of the offer will be until 31.3.12
- If the customer takes advantage of the Year-End discount, the DNA samples needs to be in our laboratory until the 29.2.12 at the latest, otherwise the special price will not be applied.
- Delivery of the data: 6-8 weeks after reception the DNA samples.

Remarks

- Depending on the nature of the project and of the DNA quality, please note that the capacity of the run can vary from +/- 25%
- The customer will be briefed about the status of his project. In case of unforeseen difficulties, the next steps will be discussed together with the customer
- Microsynth treats all data confidentially and claims no right on them.

We hope that this offer will satisfy you and would be happy to collaborate with you on this sequencing project. Please do not hesitate to contact us if you have further questions.

Best regards

Christof Wunderlin