


Spring 2015

Population Genetics of the Tick, *Dermacentor andersoni*, in Montana, based on the Mitochondrial 16S Gene

Seth Dotson
Carroll College, Helena, MT

Follow this and additional works at: https://scholars.carroll.edu/lifesci_theses

 Part of the [Biodiversity Commons](#), [Biology Commons](#), [Ecology and Evolutionary Biology Commons](#), and the [Entomology Commons](#)

Recommended Citation

Dotson, Seth, "Population Genetics of the Tick, *Dermacentor andersoni*, in Montana, based on the Mitochondrial 16S Gene" (2015). *Life and Environmental Sciences Undergraduate Theses*. 22.
https://scholars.carroll.edu/lifesci_theses/22

This Thesis is brought to you for free and open access by the Life and Environmental Sciences at Carroll Scholars. It has been accepted for inclusion in Life and Environmental Sciences Undergraduate Theses by an authorized administrator of Carroll Scholars. For more information, please contact tkratz@carroll.edu.


Population Genetics of the Tick, *Dermacentor andersoni*, in Montana, based on the Mitochondrial 16S Gene.


Seth Dotson

Department of Life and Environmental Sciences, Carroll College
Helena, Montana
April 2015

SIGNATURE PAGE

This thesis for honors recognition has been approved for the
Department of Life and Environmental Sciences.


Director _____ 4/28/15 _____
Date


Reader _____ 4/28/15 _____
Date


Reader _____ 4/28/15 _____
Date

Table of Contents

Abstract.....	4
List of Tables.....	5
List of Figures.....	5
Introduction.....	6
Materials and Methods.....	9
Results.....	11
Discussion and Conclusion.....	14
Acknowledgements.....	17
References.....	18
Appendix of Sequences.....	20

Abstract

The tick *Dermacentor andersoni* is a vector for Colorado tick fever, Rocky Mountain spotted fever, Powassan encephalitis, and bovine anaplasmosis. Under the Infectious Disease Ecology Research Program at Carroll College, the protocols for developing a West Nile Virus, carried primarily by the mosquito vector *Culex tarsalis*, distribution map are being applied to *D. andersoni*. A portion of the 16s ribosomal mtDNA was PCR amplified using the D16S5 and 16S+1 primers for 105 *D. andersoni* spread across five sites in western Montana. There were nine different haplotypes found in this study. This is lower than the 14 reported haplotypes found in a similar study done near Lake Como in Montana. The statistical analysis indicated there was no statistical difference of haplotype distribution among the populations. Also, there were no more than two haplotypes that matched when comparing the current study, a study in Canada, and the two other studies done in Montana. However, the usefulness of the 16s ribosomal mtDNA in differentiating between sister species was demonstrated.

List of Tables

Table 1. Haplotype frequencies of the mitochondrial 16S gene.

Table 2. Types of substitutions found at each site.

Table 3. Differences between the most common 16S mtDNA haplotypes and the frequency of each haplotype.

Table 4. Tajima's test of neutrality and the nucleotide diversity at each site.

List of Figures

Figure 1. Google earth image of the five collection sites

Figure 2. Google earth image of collections sites for the four different studies.

Introduction

A model for West Nile Virus, spread primarily by the mosquito vector *Culex tarsalis*, distribution has been constructed for the state of Montana (Hokit *et al.* 2013). Under the Infectious Disease Ecology Research Program at Carroll College, the protocols used in developing the West Nile Virus distribution map are now being applied to wood ticks, *Dermacentor andersoni*. *D. andersoni* are vectors for Colorado tick fever (Brackney *et al.* 2010), Rocky Mountain spotted fever (Ricketts 1909), Powassan encephalitis (Jongejan and Uilenberg 2004), and bovine anaplasmosis (Piesman and Eisen 2008). To determine the risk of the spreading tick borne diseases, describing the gene flow of ticks would be helpful. The rate at which gene flow occurs between populations is indicative of how fast, and far, a tick borne disease can spread. Further, research in the area of infectious disease has public health and monetary implications. Kocan *et al.* (2000) estimated a \$300 million dollar annual loss in the United States from cattle having health problems due to anaplasmosis. Insecticides can reduce the losses due to tick transmitted diseases (Johnson 2010), but insecticides could be applied more efficiently with a viral distribution map predicting outbreaks. With more research the distribution of tick borne diseases could be mapped and used to predict the spread of diseases, in turn decreasing losses due to tick borne pathogens.

D. andersoni, commonly referred to as the Rocky Mountain Wood Tick, is the subject of this study because it is a vector for human and livestock diseases as stated above (Johnson 2010) and has a high prevalence in Montana. Ticks are part of the class Arachnida. They are classified as hard bodied ticks (*Ixodidae*), soft bodied ticks (*Argasidae*) and *Nuttalliellidae*, which is made up of only one tick, *Nuttalliella namaqua*

(Bedford 1931). Hard bodied ticks have a sclerotized scutum on their dorsal side while soft bodied ticks do not. Nuttalliellidae have a pseudo-scutum that is only partially sclerotized (Bedford 1931). *D. andersoni* is a hard bodied tick and has three life stages: larva, nymph and adult. The larval stage has three sets of legs, while the nymph and adult stages each have four sets of legs. During each stage ticks feed on only one host. The feeding takes several days, and once complete, the ticks drop off of their host and digest the blood meal (Parola and Raoult 2001). Depending on the environmental conditions, this life cycle can take anywhere from less than one year to six years to complete (Parola and Raoult 2001).

The purpose of this study was to examine gene flow between tick populations, because an understanding of the vector's gene flow can help control tick borne diseases. Population genetics is used to predict the distance, direction, and dispersal rate of the vector which will allow for a prediction of the spread of these diseases (Tabachnick and Black 1995). By comparing the variation within a population to the variation in another population, insight can be gained on the dynamics of the populations. Significantly less variation in one population compared to other populations might indicate restriction of gene flow (Tabachnick and Black 1995), thus indicating less chance of diseases being passed from one population to another. Disease dynamics and disease transmission can be altered based on population structure (Wonham *et al.* 2006). Another goal of this study was to characterize the variation of haplotypes found in the populations analyzed in this study.

Specifics of Analysis:

Black and Piesman (1994) demonstrated the 16S ribosomal mitochondrial gene can be used to molecularly determine the families and subfamilies for both hard and soft ticks. de la Fuente *et al.* (2005) found 14 haplotypes of the 16S mitochondrial ribosomal DNA in a single location near Lake Como in Montana. Patterson *et al.* (2009) applied a similar protocol to two populations 700 km apart and found five haplotypes, none of which matched the haplotypes of the de la Fuente (2005) study. Garringer (2014) determined that the combination of 16S+1 (Patterson *et al.* 2009) and D16S5 (de la Fuente *et al.* 2005) primers provided the most informative DNA sequence for determining gene flow between populations. Garringer (2014) found five haplotypes. These primers were used in the present study.

For the present study five different locations were surveyed for ticks (Figure 1). Four of the locations were in the Big Belt Mountains. Three of these locations were in the same drainage. The fifth location was near-Lincoln, Montana. A section of the 16S mitochondrial gene of 105 *D. andersoni* was amplified via polymerase chain reaction (PCR) using the 16S+1 primer (Patterson *et al.* 2009) and the D16S5 primer (de la Fuente *et al.* 2005). The PCR products were sequenced and analyzed to determine the genetic diversity of the populations, which was used to determine gene flow between populations. My hypothesis is that the largest



Figure 1. Google earth image of the five collection sites. Site 1 is the North Fork of the Blackfoot River (NF), site 2 is Avalanche B (AB), site 3 is Avalanche C (AC), site four is Avalanche D (AD) and site five is Confederate C (CC).

genetic distance will be between the site at the Blackfoot River and the Big Belt sites. Further, I hypothesize there will be more variation of haplotypes when comparing any one Big Belt site to the Blackfoot River site than when comparing sites within the Big Belt Mountains. These hypotheses are based on Patterson *et al.* (2009) finding different haplotypes than de la Fuente *et al.* (2005), which Patterson *et al.* (2009) hypothesized was due to the distance between their populations. The greater the distance between two sites, the more likely they can be distinguished from one another presumably due to new mutations and lack of gene flow.

Materials and Methods

Collecting

Ticks were collected using a one meter by one meter white fabric to swab the vegetation for questing ticks. Four sites were in the Big Belt Mountains near Helena, Montana (Avalanche B 46.63786°N 111.55763°W, Avalanche C 46.670754°N 111.536484°W, Avalanche D 46.71117°N 111.536484°W and Confederate C 46.61713°N 111.38452°W, all coordinates were obtained using datum WGS84) and one site was near Lincoln, Montana (North Fork 47.12651°N 112.96428°W). The sites from the Big Belt Mountains were surveyed once a week for five weeks. The site from the North Fork of the Blackfoot was surveyed only once due to logistics. Each site was sampled for 60 person minutes. Ticks were placed in 200 proof ethanol in the field and stored at -80 °C for long-term storage. Using the morphological methods of Gregson (1956) the ticks were identified to species.

DNA Extraction

Ticks were homogenized using a QIAGEN DNeasy Blood and Tissue Kit following the protocol of Garringer (2014) with the following modifications. The samples were incubated for one and a half hours and were vortexed every 20 minutes. The DNA was extracted following the QIAGEN (2006) methods with the modification of using 100 μ L of AL buffer to elute the DNA.

PCR Amplification

Each sample was amplified by PCR using the D16S5 (de la Fuente *et al.* 2005) and 16S+1 (Patterson *et al.* 2009) primer combination.

D16S5 (5'-GAATGCTAAGAGAATGGAAT-3')

16S+1 (5'-CGGTCTGAACTCAGATCAAGT-3')

This primer combination amplified approximately a 360-bp segment of the mitochondrial 16S gene. The de la Fuente *et al.* (2001) PCR protocol was followed. A 50 μ L PCR reaction was performed on each sample and a negative control of DI water, instead of extracted DNA, was used (Garringer 2014). The PCR products were run on 1% agarose gels with 3 μ L of SyBr Safe DNA Gel stain to qualitatively test for amplifications. Each well was loaded with 4 μ L of PCR product and 1 μ L of loading dye. The samples were sent to Macrogen (South Korea) for sequencing using the D16S5 and 16S+1 primers.

Statistical Analysis

Using Condon Code Aligner (CodonCode Corporation, www.codoncode.com) the forward and reverse sequences were combined into a consensus sequence. Each consensus sequence was trimmed to 360-bp starting and ending with the same sequence

of bases. The consensus sequences were aligned using Clustal X version 2.0 (Larkin *et al.* 2007). Arlequin version 3.5 (Excoffier *et al.* 2010) was used to calculate nucleotide diversity (π), F_{ST} P values and similar haplotypes for the five sites. Tajima's test for neutrality was also conducted using Arlequin.

Results

Of the PCR products for 106 ticks, 105 were *D. andersoni* and one was *D. albipictus*; 16S mtDNA genes were run on agarose gels against a negative control to test for amplification (results not show). All 106 samples indicated amplification while no bands were seen in the negative controls. A consensus sequence for each sample was trimmed to 360-bp (Appendix 1). AC5 was an exact match with a *D. albipictus* sequence (Genbank accession number GU968858) thus AC5 was not used in any further analysis.

Genetic Analysis

All 360 loci were usable for genetic analysis for the 105 *D. andersoni*. There were nine different haplotypes found among the five sites, although three haplotypes, A, B and C accounted for 93.33% of the haplotypes. None of the populations were significantly different from each other in genetic structure as revealed by a comparison of F_{ST} values (Data not shown). Each site had either four or five different haplotypes (Table 1).

Table 1. Haplotype frequencies of the mitochondrial 16S gene for *D. andersoni* from the North Fork of the Blackfoot River (NF), Avalanche B (AB), Avalanche C (AC), Avalanche D (AD) and Confederate C (CC). The number of different haplotypes at each site was; four at NF, four at AB, five at AC, four at AD and five at CC. All other haplotypes were present in only one tick.

Location	Haplotype				
	A	B	C	D	All Others
NF	0.55	0.3	0.1	0	0.05
AB	0.65	0.25	0.05	0	0.05
AC	0.38	0.29	0.21	0.04	0.08
AD	0.6	0.2	0.15	0	0.05
CC	0.59	0.14	0.18	0.05	0.05

There was an average of 3.2 transitions and 0.2 transversion for each site (Table 2).

Table 2. Types of substitutions found at each site. An asterisk indicates AC5 was excluded from data.

Site	Transitions	Transversions	polymorphic Sites
NF	3	0	3
AB	3	0	3
AC*	4	0	4
AD	3	0	3
CC	3	1	4

When comparing AC 5, *D. albipictus*, to the most common haplotype there were four transitions, 10 transversions and three indels. The four most common haplotypes were aligned to determine the location of the substitutions (Table 3).

Table 3. Differences among the most common 16S mtDNA haplotypes and the frequency of each haplotype.				
Haplotype	Alignment position			Frequency
	221	226	255	
A	C	A	T	0.55
B	C	G	C	0.24
C	C	G	T	0.14
D	T	A	T	0.02

Tajima's test for neutrality indicated there were no selective pressures for any haplotype (Table 4).

Table 4. Tajima's test of neutrality and the nucleotide diversity at each site. An asterisk indicates AC5 was excluded.			
site	Tajima's test		nucleotide diversity
	D	P	
NF	-0.046	0.78	0.0029
AB	-0.061	0.77	0.0028
AC*	-0.075	0.7	0.0035
AD	-0.022	0.66	0.0026
CC	-0.033	0.31	0.0025

Discussion and Conclusion

Due to the lack of statistical difference between populations F_{ST} values I reject my hypothesis. The lack of genetic differentiation suggests there is extensive gene flow among populations. This makes sense because ticks move from locations via the mammal upon which they are feeding. If the entire Montana mammal migration patterns were overlaid the distance between isolated tick populations would be very large. The nucleotide diversity in each site of the current study was all lower than those found by Patterson *et al.* (2009). The lowest nucleotide diversities found by Patterson *et al.* (2009) was 0.004, which was 0.0005 higher than the highest found in the present study (Table 4). The Tajima's test for neutrality indicates all sites are evolving randomly (Table 4). This was also found for all sites in the Patterson *et al.* (2009) study. The fact that the only site to have a higher percentage of haplotype C than haplotype B was Confederate C, which supports the hypothesis that Confederate C would be the most genetically different. Due to the lack of statistical significance a higher sample size would be needed to determine if this trend is significant. Furthermore, Confederate C was the only site in which a haplotype had a transversion. Since transversions are less common than transitions this could indicate some degree of population isolation.

This study did demonstrate the usefulness of the 16S mtDNA gene in the differentiation between the sister species of *D. andersoni* and *D. albipictus*. The average substitutions per site of *D. andersoni* was 3.2. The number of mutations between the most common haplotype of *D. andersoni* and the *D. albipictus* haplotype was 18. Of the 18 substitutions three were indels and 10 were transversion. This indicates, although with a small sample size, the sister species are easily distinguished genetically. However,

differentiating species genetically is much more time consuming than using the morphological differences, but the genetic test corrected an identification mistake based on morphological differences.

When comparing haplotypes from the current study; with haplotypes from de la Fuente *et al.* (2005), Patterson *et al.* (2009) and Garringer (2014), there were very few haplotypes that were the same. de la Fuente *et al.* (2005) had only one of the fourteen haplotypes that matched the current study. Patterson *et al.* (2009) and Garringer (2014) each had two haplotypes that matched the current study. The most surprising of these findings was the lack of similar haplotypes between the current study and Garringer (2014) since the site used for her study was within 30 km of the Big Belt sites and was from one year prior (Figure 2). The most common haplotype in the current study was not found in any ticks by



Figure 2. Google earth image of collections sites for the four different studies. 1 is the Big Belt sites, 2 is the de la Fuente site, 3 is one of Patterson's sites, 4 is the other Patterson site, 5 is the North Fork of the Blackfoot River (NF), and 6 is Garringer site.

Garringer (2014), however the most common haplotype found in her study matched the second most common haplotype found in the current study. These findings suggest that haplotypes are vastly different each year.

Further research may include collecting ticks from the same site for five to ten years to determine if there is a cycle of haplotypes indicating the offspring of one

generation are collected in the same location a few years later. The life cycle of ticks could account for the lack of similar haplotypes between years. Although, to develop a model for the spread of tick borne diseases, the lack of variation among sites of the current study indicates a different gene may be needed to describe gene flow between populations.

Acknowledgements

Thank you to Dr. Jennifer Glowienka, Dr. Grant Hokit and Dr. Gerald Shields for their guidance with my research. This research was funded by the National Center for Research Resources (NCRR), part of the National Institutes of Health (NIH), Grant Number P20 RR16455-09, and HHMI Award number 52007534. Contents are solely the responsibility of the author. I would also like to thank the other undergraduate researchers, Blake Jordan, Carlo Pierini, Hanna Dotson, Kaya Garringer and Sean Condon.

References

- Bedford G. 1931. *Nuttalliella namaqua*, a New Genus and Species of Tick. *Parasitology* 23: 230-232.
- Black WC, Piesman J. 1994. Phylogeny of hard-tick and soft-tick taxa (Acari, Ixodida) based on mitochondrial 16S rDNA sequences. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 91(21):10034-10038.
- Brackney M, Marfin A, Staples J, Stallones L, Keefe T, Black W, Campbell G. 2010. Epidemiology of Colorado Tick Fever in Montana, Utah and Wyoming, 1995-2003. *Vector-borne and Zoonotic Diseases* 10(4).
- de la Fuente J, Van den Bussche RA, Kocan KM. 2001. Molecular phylogeny and biogeography of North American isolates of *Anaplasma marginale* (Rickettsiaceae : Ehrlichieae). *Veterinary Parasitology* 97(1):65-76.
- de la Fuente J, Almazan C, Van den Bussche RA, Bowman J, Yoshioka JH, Kocan KM. 2005. Characterization of genetic diversity in *Dermacentor andersoni* (Acari : Ixodidae) with body size and weight polymorphism. *Experimental Parasitology* 109(1):16-26.
- Excoffier L, Lischer HEL. 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 10: 564-567.
- Garringer K, 2014. Relative Utility of Different Lengths of the Mitochondrial 16S rDNA in Population Genetics of the Tick Species, *Dermacentor andersoni*. Honors Thesis, Carroll College, Helena, Montana.
- Gregson, J. 1956. The Ixodoidea of Canada. Science Service, Entomology Division, Canada. Department of Agriculture, Ottawa, Canada.
- Hokit, DG., Alvey S, Geiger JMO, Johnson DG, Rolston MG, Kinsey DT, Tall Bear N. 2013. Using Undergraduate Researchers to Build Vector and West Nile Virus Surveillance Capacity. *International Journal of Environmental Research and Public Health* 10. Pages 6-8.
- Johnson, G. 2010. Ticks of Veterinary and Public Health Importance in Montana. Public information brochure. Department of Animal and Range Sciences, Montana State University.
- Jongejan F, Uilenberg G. 2004. The Global Importance of Ticks. *Parasitology* 129:S3-S14.

- Kocan K, Blouin E, Barbet A. 2000. Anaplasmosis Control: Past, Present, and Future. *Ann. N.Y. Acadamy Science*. 653:26-32.
- Larkin M, Blackshields G, Brown N, Chenna R, McGettigan P, McWilliam H, Valentin F, *et al.* 2007. Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*.
- Patterson EI, Dergousoff SJ, Chilton NB. 2009. Genetic Variation in the 16S mitochondrial DNA Gene of Two Canadian Populations of *Dermacentor andersoni* (Acari: Ixodidae). *Journal of Medical Entomology*. 46(3):475-481.
- Parola P, Raoult D. 2001. Ticks and tickborne bacterial diseases in humans: an emerging infectious threat. (vol 32, pg 897, 2001). *Clinical Infectious Diseases* 33(5):749-749.
- Piesman, J and Eisen, L. 2008 Prevention of tick-borne diseases. *Annu. Rev. Entomol.* 53, 323-343.
- QIAGEN. 2006. DNeasy Blood & Tissue Handbook. Retrieved from <http://www.qiagen.com>.
- Ricketts H. T. (1909) Fourth Biennial Report of the State Board of Health, Montana (1904-08), Helena Montana p.77.
- Tabachnick WJ, Black WC. 1995. Making a case for molecular population genetic studies of arthropod vectors. *Parasitology Today*. 11(1):27-30.
- Wonham M, Lewis M, Renclawowicz J, Van Den Driessche P. 2006. Transmission Assumptions Generate Conflicting Predictions in Host-Vector Disease Models: a Case Study in West Nile Virus. *Ecology Letters*. 9, 706-725.

Appendix

>NF1

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>NF2

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCAACCAAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC?

>NF3

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCAACCAAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>NF4

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCAACCAAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC?

>NF5

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCAACCAAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>NF6

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTTAAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTTAAAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTTAAAATAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>NF7

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTTAAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTTAAAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTTAAAATAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>NF8

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTTAAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTTAAAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTTAAAATAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>NF9

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTTAAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTTAAAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTTAAAATAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>NF10

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTTAAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTAC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTTAAAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTTAAAATAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC?

>NF11

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAA????

>NF12

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAA????

>NF13

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCC????????

>NF14

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTC?

>NF15

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTC

>NF16

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>NF17

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>NF18

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAA????

>NF19

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>NF20

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB1

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB2

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB3

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB4

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB5

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB6

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB7

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB8

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB9

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTACTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB10

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB11

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB12

CTCAGGTCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB13

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTT????????????????????

>AB14

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB15

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB16

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB17

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB18

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATT??

>AB19

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AB20

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTT????????????????????????????????

>AC1

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAATAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAATAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC2

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAATAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAA????????????????????

>AC3

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAATAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC4

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAATAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAA????????????????????

>AC5

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGAATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTCCAAATAATC
 ATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAAGTTGATAATTTTTTAGTTGCC
 CCAACTAAAAATCAATAATTTTTTTAAAAAAACTTATTGATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAACT
 TTAATTTTTAAGTTTAAAATAGTTATTCCTTGTAATTCCA

>AC6

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC7

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC8

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC9

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC10

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC11

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
CATTAAATGATGATCATTATTTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
CCCAACCAAAAAATAATAATTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
TTAATTTTTAA????????????????????????

>AC12

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
CATTAAATGATGATCATTATTTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
CCCAACCAAAAAATAATAATTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
TTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC13

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
CATTAAATGATGATCATTATTTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
CCCAACTAAAAATAATAATTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
TTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTT????????????

>AC14

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
CATTAAATGATGATCATTATTTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
CCCAACCAAAAAATAATAATTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
TTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC15

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
CATTAAATGATGATCATTATTTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
CCCAACCAAAAAATAATAATTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
TTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC16

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC17

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC18

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC19

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC20

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC21

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC22

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC23

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AC24

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD1

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD2

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD3

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD4

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD5

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC?

>AD6

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD7

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD8

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD9

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD10

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD11

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD12

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD13

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTACTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD14

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD15

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD16

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC?

>AD17

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD18

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>AD19

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTC?

>AD20

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>CC1

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTC?

>CC2

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>CC3

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>CC4

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTTTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>CC5

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC?

>CC6

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC?

>CC7

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTC?

>CC8

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTC

>CC9

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATT??

>CC10

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTC?

>CC11

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTC

>CC12

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>CC13

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>CC14

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>CC15

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATT??

>CC16

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>CC17

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACTAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>CC18

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>CC19

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAGATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATCTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>CC20

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC?

>CC21

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
 CATTAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACACTATTTTGTCTATA
 TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTTATCAAATTAT
 CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTTATAATCTTTTTTAGTTGC
 CCCAACCAAAAAATAATAATTTTAATATTAATAATTATTATTTTTAAAATTCTT
 AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAAA
 TTTAATTTTTAAGTTTAAAACAGTTTTTCCCTGAAATTCC

>CC22

CTCAGATCAAGTAGGACTTTAAAAGTTGAACAAACTTCTTTTTTTAACATCTT
CATTAAAAAAGTATCCTAATCCAACATCGAGGTCGCAAACATTTTGTCTATA
TGTTCTATCAAAAATTATTACGCTGTTATCCCTAGAGTATTTTATCAAATTAT
CATTAATAATGGATCATTTTATTAATAAAAAAGTTATAATCTTTTTTAGTTGC
CCCAACCAAAAAATAATAATTTAATATTAATAATTATTATTTTAAAATTCTT
AGGGTCTTCTTGTCCTTAATTTAAATAATTGTTTCTTCACAAATTAATAAA
TTAATTTTAAAGTTTAAAACAGTTTTCCCTGAAATTCC

