

**Geninseln als Quelle der Genomdiversität  
von *Pseudomonas aeruginosa***

Vom Fachbereich Chemie der Universität Hannover  
zur Erlangung des Grades

DOKTOR DER NATURWISSENSCHAFTEN

- Dr. rer. nat. -

genehmigte Dissertation

von

Dipl.-Biochem. Jens Klockgether  
geboren am 05.10.1973 in Oldenburg (Oldb.)

2004

Die vorliegende Arbeit wurde unter Anleitung von Prof. Dr. Burkhard Tümmler im Zeitraum vom 16.04.2000 bis zum 31.05.2004 in der Klinischen Forschergruppe „Molekulare Pathologie der Mukoviszidose“ im Zentrum Biochemie und Zentrum Kinderheilkunde der Medizinischen Hochschule Hannover angefertigt.

**Referent:** Prof. Dr. Burkhard Tümmler

**Korreferent:** Prof. Dr. Peter Valentin-Weigand

**Tag der Promotion:** 13. Juli 2004

## Kurzfassung

Durch Analysen zur Genomdiversität von Stämmen der Spezies *Pseudomonas aeruginosa* waren für Stämme einer Subgruppe („Klon C“) in früheren Arbeiten „hypervariable Regionen“ in den Genomen identifiziert worden, in denen sich das Auftreten von klon- oder stammspezifischer DNA, sog. Geninseln, konzentrierte. Für zwei Stämme war jeweils die komplette Geninsel aus einer der „hypervariablen Regionen“ sequenziert worden. Die Annotation dieser stammspezifischen DNA-Sequenzen ergab auffällige Gemeinsamkeiten: Beide Geninseln waren neben einem *tRNA<sup>Gly</sup>*-Gen ins Kerngenom integriert, etwas mehr als 100 kb groß und wiesen 47 potentielle Gene (ORFs) mit einem homologen Gegenstück in vergleichbarer Position in der jeweils anderen Insel auf. Beide Inseln hatten eine zweiteilige Struktur aus einem konservierten und einem spezifischen Teil, durch den dem jeweiligen Stamm eventuell zusätzliche metabolische Funktionen zur Verfügung stehen.

Im Rahmen dieser Arbeit wurden Geninseln aus den anderen „hypervariablen Regionen“ eines der beschriebenen Stämme (Stamm C, Isolat aus der Lunge eines CF-Patienten) sequenziert. Neben spezifischen Abschnitten wurden auch in diesen Inseln ähnliche Blöcke mit konservierten ORFs wie in den beiden oben genannten Geninseln identifiziert. Durch Datenbankvergleiche wurden weitere ähnliche Geninseln mit zweiteiliger Struktur neben *tRNA*-Genen in Genomen anderer Proteobakterien, wie z. B. *Ralstonia* oder *Burkholderia*, detektiert. Außerdem wurde durch Hybridisierungsexperimente das Vorkommen von DNA ähnlich zu der aus den sequenzierten Geninseln in den Genomen verschiedener Stämme von *Pseudomonas aeruginosa*, und *Ralstonia* untersucht. In ungefähr der Hälfte der Stämme dieser Sammlungen konnte solche konservierte DNA detektiert werden. Vergleiche der DNA aus diesen Geninseln erlaubten eine genauere Beschreibung der konservierten Struktur. Immer blockartig auftretende ähnliche ORFs wurden als Bausteine des Grundgerüsts definiert, das charakteristisch für diese Art Geninseln zu sein scheint und auf einen gemeinsamen Vorläufer hinweist. In diese Bausteine sind die spezifischen DNA-Abschnitte der Inseln eingebettet. Die Annotationsergebnisse für einzelne ORFs aus den homologen DNA-Blöcken wiesen insgesamt auf DNA-organisierende Funktionen für diese Abschnitte hin, aber für viele konservierte ORFs ist ebenso wie für viele ORFs aus den spezifischen Abschnitten weiterhin keine Funktionsvorhersage möglich. Um mehr funktionelle Daten für die vorausgesagten Gene zu gewinnen, wurden für die zuerst sequenzierte Geninsel aus Stamm C Versuche zur Untersuchung der Transkription der enthaltenen Gene durchgeführt. Insgesamt wurde das Bild ausgebaut, dass die analysierten Geninseln Repräsentanten einer Gruppe ähnlicher integrativer DNA-Elemente sind, die einen kennzeichnenden konservierten Teil für Integration, DNA-Organisation usw. und einen spezifischen Teil mit variablen Funktionen besitzen. Solche partiell konservierten, neben *tRNA*-Genen integrierten Geninseln mit zweiteiliger Struktur sind in *Pseudomonas* und anderen Spezies weit verbreitet. Zumindest in *Pseudomonas aeruginosa* können sie einen Großteil der stammspezifischen DNA ausmachen und tragen maßgeblich zur Genomdiversität bei.

**Schlüsselwörter:** *Pseudomonas aeruginosa*, Geninseln, mobile DNA-Elemente

## Abstract

By analysing genome diversity of strains of the species *Pseudomonas aeruginosa* “hypervariable regions” had been identified for a subgroup of strains („clone C“) in former experiments. Clone- or strain-specific block of DNA, forming so called “gene islands”, were mainly found within these regions of the genomes. For two strains, a complete gene island from one of the “hypervariable regions“ had been sequenced. Annotation of these strain-specific DNA-sequences revealed remarkable similarities: Both gene islands were positioned next to a *tRNA<sup>Gly</sup>*-gene within the core genome, had a size of approximately 100 kb and contained 47 predicted genes (ORFs) with a homologous counterpart in a similar position in the other island. Both island share a bipartite structure of a conserved part and a specific part, which could contribute additional metabolic features to the host genome.

In this work, gene islands from the other „hypervariable regions“ have been sequenced for one of the clone C strains (strain C, isolate from the lung of a CF-patient). Apart from specific parts, blocks of conserved DNA have been identified in these gene islands as well, as found in the islands described before. Database comparisons revealed additional similar gene islands with a bipartite structure next to *tRNA*-genes in the genome of other proteobacteria, e. g. in *Ralstonia* or *Burkholderia*. In addition, the genomes of strains from collections of *Pseudomonas aeruginosa*, and *Ralstonia* were analysed for the appearance of DNA similar to the predicted genes from the already sequenced gene island. Nearly 50 % of these strains seemed to contain such DNA. By comparing the DNA from all the detected gene islands, the conserved structure could be described more in detail. Blocks of conserved ORFs, appearing all the time in the same synteny, were defined as significant mosaic pieces which are characteristic for this kind of gene islands and could hint at a common precursor. The specific parts of the islands were positioned between these characteristic blocks. Annotation results for single ORFs from the homologous DNA-blocks gave hints for DNA-organising functions of these parts. But for many conserved ORFs as well as for many ORFs from the specific parts function predictions are still not possible. To gain more functional data for those predicted genes, first transcription analysis experiments were performed for the first sequenced gene island of strain C.

In total, the hypothesis was confirmed that the analysed gene islands were representatives of a group of related integrative DNA-elements, which are made of a characteristic conserved part, encoding for integration and DNA-organising functions, and a specific part encoding variable functions. Such partially conserved gene islands with a bipartite structure, which are integrated next to *tRNA*-genes, are widely spread in *Pseudomonas* and other species. They can make up the main part of the strain-specific DNA at least in *Pseudomonas aeruginosa* strains, and their uptake is one of the major reasons for the genome diversity observed in strains of this species.

**Key words:** *Pseudomonas aeruginosa*, gene islands, mobile DNA-elements

## Danksagungen

Mein Dank gilt

Herrn Prof. Dr. Dr. Burkhard Tümmler für das hochinteressante Thema und die Bereitstellung der Arbeitsmöglichkeiten, seine stete Diskussionsbereitschaft, die unkomplizierte Betreuung und die vielen konstruktiven Anregungen..

Herrn Prof. Dr. Peter Valentin-Weigand für die Übernahme des Korreferats.

Herrn Prof. Burkhard Tümmler und Frau Helga Riehn-Kopp stellvertretend für alle, die zum Gelingen des Europäischen Graduiertenkollegs „*Pseudomonas*: Pathogenicity and Biotechnology“ beigetragen haben.

allen derzeitigen und ehemaligen Mitarbeitern der Klinischen Forschergruppe für die Zusammenarbeit, Hilfsbereitschaft und die gute Arbeitsatmosphäre. Besonders möchte ich dabei Ulrike Laabs, Lutz Wiehlmann, Nikoletta Charizopoulou, Silke Jansen und Anna-Silke Limpert für all die Kleinigkeiten danken, durch die der Laboralltag in fachlicher und nicht-fachlicher Hinsicht zumeist sehr angenehm verlief.

Karen Larbig für die umfassende Einarbeitung in das Arbeitsgebiet und Christian Weinel für alle Informationen, Ratschläge und Warnungen zum Thema Annotation.

stellvertretend für das Qiagen-Sequenzierungssteam Dr. Helmut Hilbert und Dr. André Bahr für die verlässliche und problemlose Behandlung unserer Sequenzierungsaufträge.

Und mehr als nur Dank gilt vor allem meinen Eltern, Silke, Stefan, Axel, Marion, Uwe, Jens, Vera und Ulrike dafür, wie sie sind, und für all ihre Unterstützung in den letzten Jahren.

## INHALTSVERZEICHNIS

<b>Einleitung</b>	<b>9</b>
1.1 Geninseln in prokaryontischen Genomen	9
1.2 <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	12
1.3 Genomdiversität in <i>Pseudomonas aeruginosa</i> Klon C	15
1.4 Ziel der Arbeit	21
<b>Material und Methoden</b>	<b>23</b>
2.1 Bakterienstämme und -anzucht, Vektoren	23
2.1.1 Bestimmung der Bakterienzellichte	23
2.1.2 Verwendete Medien	23
2.1.3 <i>Pseudomonas</i> Stämme	24
2.1.4 <i>Ralstonia</i> Stämme	24
2.1.5 <i>Escherichia coli</i> Stämme; Genombibliothek von <i>P. aeruginosa</i> Stamm C	25
2.1.6 Vektor SuperCos 1	25
2.2 Präparation von DNA	26
2.2.1 Phenol-Chloroform-Extraktion	26
2.2.2 Präparation von genomischer DNA	26
2.2.3 Präparation von Cosmiden aus <i>E. coli</i> Zellen	27
2.2.4 Präparation von Plasmiden aus <i>P. aeruginosa</i> Zellen	28
2.2.5 Isolierung von DNA-Fragmenten aus Agarosegelen	30
2.3 DNA-Analysemethoden	30
2.3.1 Konzentrationsmessungen	30
2.3.2 Spaltung mit Restriktionsendonukleasen	31
2.3.3 Polymerase-Kettenreaktion	31
2.3.4 Agarosegelelektrophorese	34
2.3.5 DNA-Sequenzierung	35
2.4 DNA-DNA-Hybridisierungen	36
2.4.1 DNA-Fixierung auf Membranen	36
2.4.2 Digoxigenin-Markierung von DNA	38
2.4.3 Aufreinigung Digoxigenin-markierter DNA	39
2.4.4 Hybridisierung von DIG-markierter DNA auf DNA-Membranen	40
2.4.5 Detektion Digoxigenin-markierter DNA	40
2.4.6 Regeneration von hybridisierten DNA-Membranen	41
2.4.7 Quantifizierung von Chemolumineszenzsignalen	41
2.5 Wechselfeldgelelektrophorese und Makrorestriktionsanalyse	43
2.5.1 Präparation von bakterieller DNA in Agaroseblöckchen	44
2.5.2 Restriktionsverdau von DNA in Agaroseblöckchen	44
2.5.3 Durchführung der Wechselfeldgelelektrophorese	46
2.5.4 Molekulargewichtsstandards für die Wechselfeldgelelektrophorese	48

2.6 Arbeiten mit RNA und Transkriptionsanalyse	49
2.6.1 Vorbehandlung von Lösungen und Geräten	49
2.6.2 Isolierung von Gesamt-RNA aus <i>P. aeruginosa</i>	49
2.6.3 RNA-Konzentrationsbestimmungen	51
2.6.4 Formaldehyd-Gelelektrophorese	51
2.6.5 Generierung von cDNA	52
2.6.6 cDNA-Konzentrationsbestimmungen	54
2.6.7 Generierung von markierter cDNA	54
2.6.8 Hybridisierungen mit markierter cDNA	55
2.7 Sequenzanalyse und Annotation <i>in silico</i>	55
<b>Ergebnisse und Diskussion</b>	<b>59</b>
<b>3 Analyse des Plasmides pKLC102</b>	<b>59</b>
3.1 Hintergrund	59
3.2 Analyse der Integrationspunkte auf dem Chromosom	60
3.3 Sequenzierung und Annotation von pKLC102	66
3.3.1 Erstellung eines Cosmid-Contigs zur Abdeckung der Plasmid-Sequenz	66
3.3.2 Sequenz von pKLC102 und Annotation	67
3.4 Das Integron TNCP23	81
3.5 Sequenzierung und Analyse der Geninsel PAGI-4(C)	85
3.5.1 Hintergrund	85
3.5.2 Cosmidauswahl und Sequenzierung	86
3.5.3 Sequenzanalyse von PAGI-4(C)	87
3.6 Nachweis der Konservierung von pKLC102-DNA in pKLC106	91
3.7 pKLC102 als Kernelement für Genomevolution in <i>P. aeruginosa</i> Klon C	96
<b>4 Analyse der Geninsel in der SpB-Region</b>	<b>99</b>
4.1 Hintergrund	99
4.2 Sequenzierung und Analyse der Insertion in SpB	100
4.2.1 Erstellung des SpB-Contigs 1	100
4.2.2 Beginn des SpB-Contigs 2	106
4.2.3 Kartierung der physikalischen Lücke	111
4.2.4 Erweiterung des SpB-Contigs 2	119
4.2.5 Sequenzanalyse und Annotation der Contigs 1 und 2 aus der SpB-Insertion	122
4.2.6 Vergleich der beiden PAGI-2(C)-homologen Bereiche in der SpB-Insertion	132
4.2.7 Zusammenfassung des aktuellen Status der Analyse der SpB-Insertion	135
<b>5 Epidemiologie konservierter Geninseln in <i>P. aeruginosa</i></b>	<b>139</b>
5.1 Detektion eines „Geninsel-Indikators“ in <i>P. aeruginosa</i> Stämmen	141
5.2 Generierung eines PAGI-2(C) repräsentierenden Makroarrays	146
5.3 Hybridisierungen der Makroarrays mit <i>P. aeruginosa</i> -DNA	150
5.4 Makroarray-Analyse von Stämmen aus der <i>P. aeruginosa</i> Auswahl	151
5.5 Quantitative Analyse der Makroarray-Hybridisierungen	155

5.5.1 Standardisierung und Differenzierbarkeit der Makroarray-Signale:	155
5.5.2 Klassifizierung von Inseltypen anhand der Makroarray-Ergebnisse:	159
<b>6 PAGI-2(C)-artige Geninseln in anderen Stämmen und Spezies</b>	<b>168</b>
6.1 PAGI-2(C)-artige Geninseln in <i>Ralstonia</i>	168
6.2 Homologie der <i>clc</i> -Geninsel zu PAGI-2(C)	173
6.3 PAGI-2(C)-ähnliche Geninseln, entdeckt durch Datenbankvergleiche	176
6.3.1 Burkholderia fungorum LB400:	176
6.3.2 Xylella fastidiosa 9a5c:	177
6.3.3 Pathogenitätsinsel SPI-7 in <i>Salmonella enterica</i> :	177
6.3.4 Geninsel PAPI-1 aus <i>P. aeruginosa</i> PA14:	180
6.4 Zusammenfassung:	181
<b>7 Transkriptionsanalyse für PAGI-2(C)-ORFs</b>	<b>183</b>
7.1 cDNA-Hybridisierungen auf restriktionsverdauter Cosmid-DNA	183
7.2 cDNA-Hybridisierungen auf PAGI-2(C)-„Makroarrays“	186
7.2.1 Wachstum von <i>P. aeruginosa</i> C in Gegenwart von Quecksilber-Ionen	187
7.2.2 Transkriptionsanalyse mit PAGI-2(C)-Makroarrays	190
<b>8 Sequenzvariation zwischen <i>P. aeruginosa</i> C und PAO1</b>	<b>198</b>
<b>9 Geninseln als Quelle der Genomdiversität in <i>P. aeruginosa</i></b>	<b>201</b>
<b>10 Abkürzungsverzeichnis</b>	<b>207</b>
<b>11 Literaturverzeichnis</b>	<b>208</b>
<b>12 Anhang</b>	<b>216</b>
12.1 Verzeichnis wissenschaftlicher Publikationen	216
12.2 Lebenslauf	217
12.3 Primärdaten	218
12.3.1 Geninsel PAGI-2(C)	218
12.3.2 Plasmid pKLC102	263
12.3.3 Integron TNCP23	309
12.3.4 Geninsel PAGI-4(C)	313
12.3.5 SpB-Insertion	318
12.3.6 Geninsel PAGI-3(SG)	381
12.3.7 Sequenzabschnitte aus dem Kerngenom, die die Geninseln in Stamm C flankieren	425
12.3.8 Sequenzen der verwendeten <i>Primer</i>	443



# Einleitung

## 1.1 Geninseln in prokaryontischen Genomen

Prokaryontische Genome bestehen aus einem sogenannten „Kerngenom“, das in den Stämmen einer Spezies konserviert ist, und variablen DNA-Anteilen, die nur in einzelnen Subgruppen oder Stämmen einer Spezies auftreten. Während die genetischen Informationen für die essentiellen zellulären Funktionen im Kerngenom lokalisiert sind, sind in den variablen Bereichen oft zusätzliche Funktionen kodiert, die unter besonderen Bedingungen genutzt werden. Zu den variablen Anteilen eines Genoms gehören mobile DNA-Elemente wie Bakteriophagen, Plasmide, Transposons, Integrons, Insertionssequenz-Elemente (IS-Elemente) sowie Geninseln.

Als Geninseln (oder auch genomische Inseln) bezeichnet man ins Chromosom inserierte größere DNA-Abschnitte, die nicht zum Kerngenom gehören (Dobrindt et al., 2004). Solche Abschnitte sind meist im Zuge von horizontalem Gentransfer mit mobilen Elementen auf einen Bakterienstamm übertragen und ins Chromosom integriert worden. Kennzeichnend sind ein GC-Gehalt, der von dem des übrigen Chromosoms abweicht, sowie häufig eine Lokalisation im Chromosom neben tRNA-Genen und das Auftreten von flankierenden *repeat*-Sequenzen. In den meisten Geninseln liegen Integrasen oder Transposasen, durch die die DNA-Elemente in das Chromosom integriert und auch wieder ausgeschnitten werden können. Geninseln wurden zum ersten Mal in pathogenen Bakterien beschrieben, in denen Virulenzgene in solchen Abschnitten des Genoms detektiert worden waren („Pathogenitätsinseln“, Hacker u. Kaper, 2002). In den letzten Jahren wurden jedoch zunehmend Geninseln entdeckt, deren genetisches Material keinen Bezug zu pathogenen Funktionen aufweist. Je nach Art der kodierten Funktionen werden einzelne Geninseln daher als „Pathogenitätsinseln“, „Metabolismus-Inseln“, „Resistenzinseln“ usw. bezeichnet (Dobrindt et al., 2004).

Diverse Beispiele zeigen das breite Spektrum möglicher Funktionen. Pathogenitätsinseln enthalten Gene für diverse Virulenzfaktoren, z. B. für Adhäsine, Siderophore für die Aufnahme von Eisen-Ionen, Kapselstrukturen, Exotoxine oder Typ III und Typ IV Sekretionssysteme (Hacker u. Kaper, 2002; Schmidt u. Hensel, 2004).

Beispiele für metabolische Geninseln sind Elemente aus *Salmonella senftenberg* (Hochhut et al., 1997) und *Wolinella succinogenes* (Baar et al., 2003), die Gene für den Abbau von

Sucrose bzw. einen *nif* Gencluster zur Stickstofffixierung enthalten. Andere metabolische Geninseln ermöglichen dem Wirtstamm den Abbau von xenobiotischen Substanzen wie Chlorocatechol (*clc*-Element aus *Pseudomonas sp.* B13 (Ravatn et al., 1998(A))) oder Chlorobiphenyl (55 kb Element aus *Ralstonia oxalatica* (Toussaint et al., 2003)).

Als DNA-Elemente, die Antibiotika-Resistenzen vermitteln, wurden unter anderem in  $\gamma$ -Proteobakterien die SXT-Geninsel aus *Vibrio cholerae* (Beaber et al., 2002) und die Insel R391 aus *Providencia rettgeri* (Boltner et al., 2002) beschrieben. Ein anderes Beispiel ist die Geninsel „SCCmec“ aus *Staphylococcus aureus* Stämmen, in der Resistenzgene gegen das Antibiotikum Methicillin lokalisiert sind (Ito et al., 1999). Dies zeigt das Vorkommen von typischen Geninseln auch in Gram-positiven Bakterien an, obwohl die meisten Beispiele bisher in Genomen Gram-negativer Spezies detektiert worden sind. Durch Genomvergleiche für verschiedene *Staphylococcus aureus* Stämme konnten aber 18 variable chromosomale Regionen detektiert werden, von denen viele die Geninsel-typischen Charakteristika aufwiesen. In diesen Regionen waren neben Virulenzfaktoren und Antibiotika-Resistenz-Proteinen auch metabolische Proteine kodiert (Fitzgerald et al., 2001), was auf ein ähnliches Spektrum an Geninseln in Gram-negativen und in Gram-positiven Bakterien hinweist.

Über den Ursprung von Geninseln ist nur wenig bekannt. Angenommen wird, dass sie aus chromosomal integrierten mobilen Elementen wie Bakteriophagen oder Plasmiden hervorgehen. Hierfür spricht, dass in mehreren Geninseln DNA aus integrativen und konjugativen Transposons und Plasmiden gefunden wurde. Solche Elemente können aus bakteriellen Chromosomen ausgeschnitten, in zirkulärer Form über Konjugation auf andere Stämme übertragen und durch Rekombination an spezifischen Positionen in das Wirtsgenom integriert werden (Burrus et al., 2002). Zudem ist für einige Plasmide die Rekombination mit tRNA-Genen (Dimopoulou et al., 2002) und chromosomale Integration, vermittelt durch Plasmid-kodierte Integrasen (Peng et al., 2000), gezeigt worden. Dies unterstützt die Hypothese vom Plasmid- oder Phagen-Ursprung von Geninseln, die als Charakteristika Integrase-Gene und flankierende tRNA-Gene aufweisen (s. o.).

Geninseln entwickeln sich in mehreren Schritten aus mobilen Elementen (Dobrindt et al., 2004): Nachdem mobile Elemente per horizontalem Gentransfer auf Bakterien übertragen und in deren Genom integriert worden sind, erfolgen verschiedene DNA-Rearrangements, die mit Verlust genetischen Materials einhergehen. Dabei werden Gene für Mobilisierung und Transfer (bei Plasmiden eventuell auch der Replikationsmechanismus) inaktiviert oder deletiert. Das DNA-Element liegt danach stabil als Geninsel im Chromosom integriert vor und hat seinen eigenständigen mobilen Charakter verloren. Die Geninsel kann dann durch

weitere Rekombinationsereignisse, z. B. Aufnahme von Transposons, Integrons oder IS-Elementen weiter umgestaltet werden. Bleibt die Integrase, die die initiale Insertion ins Chromosom vermittelt hat, dabei funktionsfähig, ist aber auch weiterhin eine Excision der (modifizierten) Geninsel möglich. Diese stellt dann zwar kein eigenständiges mobiles Element mehr dar, kann aber trotzdem per horizontalem Gentransfer auf andere Bakterienstämme übertragen werden.

Eine dieser Modellvorstellung entsprechende Integration eines Plasmides mit anschließenden Modifikationen konnte in thermophilen Archaeobakterien nachgewiesen werden. In einem Stamm der Spezies *Sulfolobus tokodaii* hatten DNA-Rearrangements in einem integrierten konjugativen Plasmid zum Verlust der Plasmid-typischen Bereiche im Vergleich zum episomalen Vorläufer geführt (Kawarabayasi et al., 2001). Damit einher ging eine Fixierung der Plasmid-DNA im Genom.

Das genetische Material in Geninseln kann eine Vielfalt an Funktionen kodieren. Durch Rekombinationsereignisse und mögliche Akquirierung neuer DNA ist es variabel und mosaikartig aus verschiedenen Bausteinen zusammengesetzt, die in unterschiedlichen Phasen der Entwicklung in das Element aufgenommen wurden. Auf diese Weise können in den Geninseln Mosaikstrukturen mit Bausteinen aus verschiedensten Quellen entstehen und auch Kombinationen verschiedener Funktionen kodiert sein.

Durch die Möglichkeit, ähnlich wie andere mobile Elemente per horizontalem Gentransfer auf andere Bakterienstämme, auch über Speziesgrenzen hinweg, übertragen werden zu können, spielen Geninseln eine wichtige Rolle bei der adaptiven Evolution von bakteriellen Genomen (Dobrindt et al., 2004). Der Erwerb neuen genetischen Materials durch horizontalen Gentransfer und homologe Rekombination stellt einen der Hauptmechanismen bakterieller Evolution dar. Bakterienstämme erlangen mit diesem Material zusätzliche Funktionen, durch die sie sich eventuell an ihre jeweiligen Lebensbedingungen besser anpassen oder sich neue Nischen erschließen können. Zu solchen Adaptationen können unterschiedlichste Funktionen beitragen, z. B. solche, die Interaktionen zwischen Bakterien- und eukaryontischen Zellen beeinflussen, Möglichkeiten zur Degradation von zusätzlichen Substraten über neue Stoffwechselwege oder Funktionen, durch die Bakterienstämme unter bestimmten Wachstumsbedingungen Selektionsvorteile gegenüber Konkurrenten erlangen.

Mögliche Quellen für neues genetisches Material sind neben Geninseln auch andere mobile DNA-Elemente. Den Geninseln kommt dabei aber eine besondere Rolle zu, da durch ihre Übertragung eine größere Zahl von Genen gleichzeitig in das neue Wirtsgenom inseriert wird als bei kleineren mobilen Elementen. Darunter sind oftmals gleich alle nötigen Gene für eine

bestimmte Funktion, da diese nach der Theorie der „*selfish operons*“ zumeist als Cluster für einen horizontalen Gentransfer *en bloc* vorliegen (Lawrence u. Roth, 1996). So kann die Aufnahme einer Geninsel direkt zu einem veränderten Phänotyp des Wirtsstammes führen und eventuell sofort einen Selektionsvorteil bedeuten. Der Erwerb neuer Funktionen in einem Schritt bietet den Bakterienstämmen auch die Möglichkeit, sich schneller an variierende Lebensbedingungen z. B. in eukaryontischen Wirten anzupassen.

Die Akquirierung neuer Gene stellt damit einen Mechanismus zur Genomoptimierung auf die jeweiligen Lebensbedingungen hin dar. Parallel dazu kommt es aber auch immer zu Deletionen größerer DNA-Abschnitte, die ebenso zur Genomoptimierung beitragen können. Der damit verbundene Funktionsverlust kann für pathogene Bakterien auch einen Selektionsvorteil bedeuten (Maurelli et al., 1998). Bei obligat intrazellulären Pathogenen und symbiontisch lebenden Bakterien wird das Genom zur Optimierung sogar drastisch reduziert (Moran, 2002; van Ham et al., 2003).

Der Aufbau eines bakteriellen Genoms wird also entscheidend durch Insertionen und Deletionen großer DNA-Blöcke mitbestimmt. In diesem Aufbau spiegelt sich auch der Lebensstil des jeweiligen Bakteriums wider (Dobrindt et al., 2004). Genome mit hoher Plastizität und zahlreichen integrierten Geninseln findet man vornehmlich in Bakterien, die gemeinsam mit anderen Spezies Lebensräume kolonisieren. Durch die Präsenz anderer Spezies ist ein größeres Spektrum an DNA-Elementen vorhanden, dass durch horizontalen Gentransfer aufgenommen werden kann. Daher findet man solche integrierten DNA-Elemente eher in Bakterien, die in Biofilmen, in der Rhizosphäre oder auf der Mucosa von Tieren und Menschen leben.

Die Genome verschiedener Stämme solcher Spezies weisen dementsprechend eine hohe Diversität auf. Größere Anteile des Genoms sind innerhalb der Spezies nicht konserviert, sondern stellen Stamm- oder Klon-spezifische DNA dar, die an verschiedenen Punkten in das Kerngenom inseriert ist.

## **1.2 *Pseudomonas aeruginosa***

Die Spezies *Pseudomonas aeruginosa* (*P. aeruginosa*) wird auf Grundlage der 16S rRNA-Sequenzen taxonomisch der Gruppe der  $\gamma$ -Proteobakterien zugeordnet (Olsen et al., 1994). *P. aeruginosa* wird als Typenspezies der rRNA-Homologiegruppe I der Pseudomonaden geführt (Palleroni, 1993) und stellt die bekannteste und humanmedizinisch bedeutsamste Spezies innerhalb der Gattung *Pseudomonas* dar. Namensgebend für das stäbchenförmige, Gram-negative, fakultativ anaerobe Bakterium war die Produktion verschiedener farbiger

Substanzen wie beispielsweise Pyoverdin (Braveny u. Krump-Schmidt, 1985) oder Pyocyanin (Palleroni, 1986).

*P. aeruginosa* zeichnet sich durch eine große metabolische Vielseitigkeit und eine ubiquitäre Verbreitung in der Natur aus. So wurden Bakterien dieser Spezies in verschiedenen aquatischen Lebensräumen wie in Flüssen, marinen Küstengewässern (Pellet et al., 1983), Abwässern (Rhame, 1980) aber auch in Trinkwasserleitungen (Hardalo u. Edberg, 1997) detektiert. Andere Isolate stammen aus der Rhizosphäre (Botzenhardt u. Döring, 1993) oder von der Oberfläche von Pflanzen (Cho et al., 1975). Vermehrt wurden *P. aeruginosa* Stämme auch in kontaminierten Böden und Gewässern identifiziert, wo sie an der Biodegradation toxischer Komponenten beteiligt sein können (Ridgway et al., 1990).

Zusätzlich tritt die Spezies *P. aeruginosa* auch als human-, tier- und pflanzenpathogenes Bakterium auf. Unabhängig vom Wirt werden dabei die gleichen Virulenzfaktoren genutzt (Costerton, 1980; Rahme et al., 1995). Für den Menschen verläuft eine Kolonisierung durch *P. aeruginosa* im allgemeinen harmlos. Infektionen treten jedoch bei systemisch oder lokal geschwächtem Immunsystem auf. Betroffen sind so immunsupprimierte Personen, Patienten mit schweren Brandwunden, Malignomen, HIV-Patienten sowie Personen, die an Mukoviszidose leiden (Schaal, 1994). Darüber hinaus tritt *P. aeruginosa* vermehrt als Erreger bei nosokomialen Infektionen auf (Quinn, 1998) und wurde vor allem bei Infektionen des Urogenital-Traktes detektiert (Horan, 1986). Bei Mukoviszidose-Patienten (CF-Patienten) kommt es zumeist zu einer chronischen Besiedlung der unteren Atemwege. Die damit verbundene Inflammation und Destruktion des befallenen Lungengewebes ist ein entscheidender Faktor für den Krankheitsverlauf und die Hauptursache für die reduzierte Lebenserwartung von CF-Patienten (Govan u. Deretic, 1996).

*P. aeruginosa* sezerniert bei der Besiedlung von Gewebe und der Invasion von Epithelzellen verschiedene Virulenzfaktoren, die in die betroffenen Zellen sezerniert werden (Nicas u. Iglewski, 1986; Döring et al., 1987). Dazu gehören u. a. die Zelltod-auslösenden Proteine Exotoxin A (Wick et al., 1990) und Exoenzym S (Frank 1997) und Proteasen wie Elastase, alkalische Phosphatase und das LasA-Fragment, die die Gewebestruktur im Wirt zerstören und verschiedene Bestandteile der Immunabwehr hydrolysieren (Peters u. Galloway, 1990). Zusätzlich werden noch Rhamnolipide freigesetzt, die hitzestabile Cytotoxine darstellen und Detergens-ähnliche Eigenschaften besitzen (Liu, 1974). Zum Großteil wird die Expression dieser Virulenzfaktoren in Abhängigkeit von der Zelldichte über *quorum-sensing* Systeme reguliert (van Delden u. Iglewski, 1998).

Bei chronischer Besiedlung von Mukoviszidose-Patienten-Lungen kommt es in den meisten Fällen zur Ausbildung eines persistierenden mukoiden Phänotyps (Govan u. Nelson, 1992; Deretic et al., 1995). Die mukoide Morphologie resultiert aus einer starken Produktion von Alginat (Pedersen et al., 1992) und geht einher mit dem Verlust von Fimbrien und Flagellen (Mahenthiralingam et al., 1994), so wie spezifischen Modifikationen der Lipopolysaccharid-Ketten der äußeren Membran (Goldberg u. Pier, 1996; Ernst et al., 1999). Bei wiederholter Behandlung der chronischen Infektion mit Antibiotika wurde in einigen Fällen auch ein weiterer Morphotyp, sog. *small colony variants*, beobachtet (Häussler et al., 1999).

Die metabolische Vielseitigkeit von *P. aeruginosa* und dessen Anpassungsfähigkeit an verschiedene Habitate geht einher mit einem umfangreichen genetischen Repertoire. Das Genom des komplett sequenzierten Stammes PAO1 weist eine Größe von 6,264 Mb auf (Stover et al., 2000) und gehört damit zu den größten bisher sequenzierten Bakteriengenomen. Das PAO1 Genom ist um über 35 % größer als das von *Escherichia coli* K12. Annotiert wurden 5570 potentielle Gene bzw. offene Leserahmen (*open reading frames*, ORFs), deren Anzahl ist damit bei *P. aeruginosa* so hoch wie in der eukaryontische Hefe *Saccharomyces cerevisiae*, auf deren Chromosomen ca. 6200 ORFs lokalisiert sind (Ball et al., 2000). Für über 45 % der 5570 ORFs aus PAO1 hatte sich keine Funktionsvorhersage ergeben. Bemerkenswert viele ORFs wurde jedoch als potentielle Transkriptionregulatoren (Anteil 7,2 %) oder Bestandteile von Zwei-Komponenten-Regulatorsystemen (2,1 %) beschrieben. Solche höheren Anteile an Regulatorgenen wurden auch in anderen Spezies gefunden, die verschiedene Habitate kolonisieren (5,3 % bei *Bacillus subtilis*, 5,8 % bei *Escherichia coli*). Bei Pathogenen, die auf definierte Lebensräume spezialisiert sind, ist dieser Anteil deutlich geringer (3 % bei *Mycobacterium tuberculosis*, 1 % bei *Helicobacter pylori*). Außer der verhältnismäßig großen Menge genetischen Materials scheint also auch eine Vielzahl an Regulationsmechanismen zur metabolischen Vielseitigkeit von *P. aeruginosa* beizutragen. Besonders die vielen Zwei-Komponenten-Regulatorsysteme ermöglichen die Anpassung an veränderte Umweltbedingungen (Stover et al., 2000).

Für die Spezies *P. aeruginosa* wurde eine hohe Genomdiversität der einzelnen Stämme nachgewiesen, verursacht durch Insertionen und Deletionen verschiedener DNA-Blöcke. Die Genomgröße variiert zwischen 5,2 und 7 Mb (Schmidt et al., 1996). Der Anteil der zwischen zwei Stämmen nicht konservierten DNA kann deutlich über 20 % der jeweiligen Genome ausmachen, selbst beim Vergleich klonaler Varianten beträgt der Anteil der variablen DNA-Abschnitte teilweise über 10 % (Römling et al., 1997).

Durch das Sequenzierprojekt stehen Informationen über das komplette genetische Material des Stammes PAO1 zur Verfügung. Dieses beinhaltet spezies-spezifische DNA, die zum Kerngenom von *P. aeruginosa* gehört, und PAO1-spezifische Insertionen. Durch den Nachweis konservierter PAO1-ORFs in 18 verschiedenen Klinik- und Umweltilsolen wurden 24 DNA-Segmente als variable Bereiche des PAO1-Genoms identifiziert (Wolfgang et al., 2003). Insgesamt 5183 PAO1-ORFs (93,4 %) waren in allen Stämmen konserviert und wurden als Kerngenom der Spezies definiert. Die Informationen über diese Sequenzabschnitte können auf entsprechende Abschnitte in anderen Stämmen übertragen werden, da für *P. aeruginosa* Stämme in 97,5 % der konservierte Bereiche eine Sequenzdiversität von durchschnittlich nur 0,5 % ermittelt worden war (Kiewitz u. Tümmler, 2000; Spencer et al., 2003).

Die Sequenz des Stammes PAO1 eignet sich also als Referenzsequenz für die Bereiche aus den Genomen anderer Stämme, die zum spezies-typischen Kerngenom gehören. Der hohe Anteil variabler DNA, in dem die individuellen phänotypischen Charakteristika einzelner Stämme kodiert sind, muss gesondert untersucht werden.

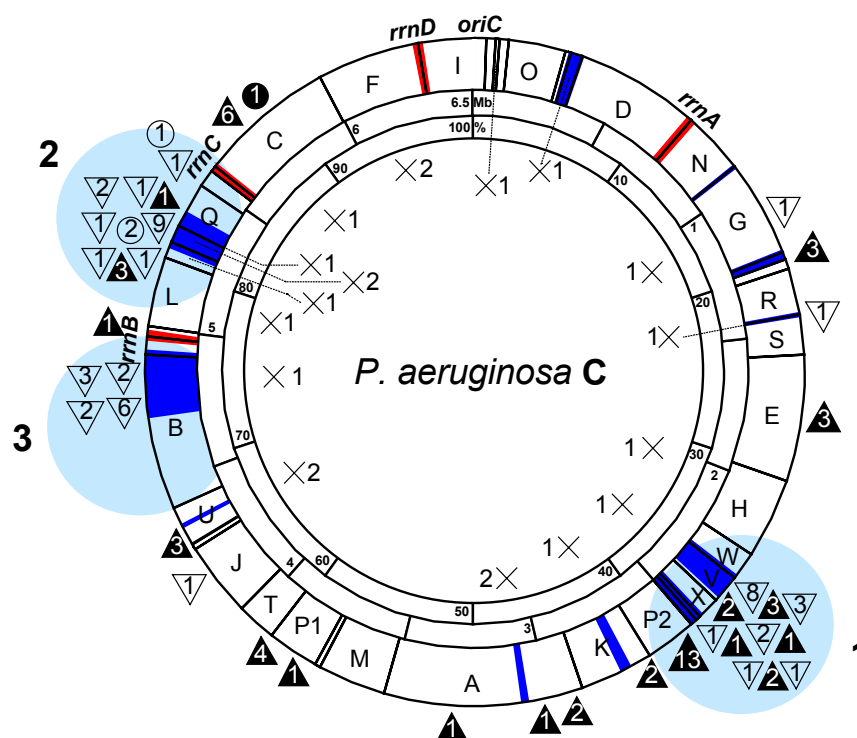
### **1.3 Genomdiversität in *Pseudomonas aeruginosa* Klon C**

Klon C ist einer der dominierend auftreten *Pseudomonas aeruginosa* Klone in Europa, dazugehörige Stämme wurden aus verschiedenen Habitaten, beispielsweise den Lungen von Mukoviszidose-Patienten, Klinikumgebungen oder Flusswasser isoliert (Römling et al., 1994(B)). Zur Analyse der intraklonalen Genomdiversität erfolgte in Klon C Stämmen die Bestimmung der variablen Bereiche der Genome. Dabei wurden durch Vergleiche von Makrorestriktionskarten für 21 Stämme die Positionen von inserierten und deletierten DNA-Blöcken, sowie die Endpunkte chromosomaler Inversionen bestimmt (Römling et al., 1997).

Auf diese Weise konnte die chromosomale Architektur für die jeweiligen Stämme miteinander verglichen und die Plastizität des *P. aeruginosa* Klon C Genoms beschrieben werden.

Die Genome der einzelnen Stämme sind 450 – 700 kb größer als das von *P. aeruginosa* PAO1. Gegenüber dem Genom des Typenstammes C weisen die Genome anderer Klon C Isolate Insertionen oder Deletionen von 1 – 214 kb großen DNA-Blöcken sowie in Einzelfällen chromosomale Inversionen auf. Die detektierten Insertionen und Deletionen, anhand derer vier Subgruppen für Klon C definiert werden können, sind dabei nicht gleichmäßig im Klon C Genom verteilt (siehe Abbildung 1.1).

Im Bereich um den Replikationsursprung herum weisen die Klon C Stämme keine neu inserierten oder ausgeschnittenen DNA-Abschnitte auf. Für drei Regionen des Genoms ist hingegen eine besonders ausgeprägte Variabilität zu beobachten, da sich dort jeweils die Positionen verschiedener Insertionen und Deletionen befinden. Diese Regionen mit hoher Plastizität des Genoms sind als „hypervariable Regionen“ definiert worden. Die hypervariable Region 1 liegt im Bereich der Markergene *lipA* und *lipH*, die hypervariable Region 2 in der Nähe der Gene *pilA* und *hemA*. Die dritte Region ist auf dem Restriktionsfragment SpB lokalisiert (siehe Abbildung 1.1).



**Abbildung 1.1:** Restriktionskarte von *P. aeruginosa* C mit einer Übersicht der in den anderen Klon C Stämmen beobachteten DNA-Rearrangements (übernommen aus K. D. Larbig, Dissertation, 2001). Die Symbole kennzeichnen die verschiedenen aufgetretenen genomischen Veränderungen. ○ bzw. ●: Verlust/Entstehung einer *SpeI* Schnittstelle; ▽ bzw. ▲: Deletion / Insertion von DNA; X: Endpunkte von Inversionen. Die Zahlen in den Symbolen geben an, wie häufig eine bestimmte Veränderung in den Klon C Stämmen gefunden wurde. Dunkel unterlegte Bereiche kennzeichnen DNA-Blöcke, die in Stamm C gegenüber PAO zusätzlich inseriert sind. Die hellen Kreise markieren die drei hypervariablen Regionen. Die Positionen des Replikationsursprungs (*oriC*) und der *rrn*-Operons sind angegeben.



Auffälligerweise liegen in allen drei hypervariablen Regionen große DNA-Blöcke, die im Vergleich zum PAO in Stamm C zusätzlich ins Genom inseriert sind. In der hypervariablen Region 2 wird dieser DNA-Block durch das integrierte Plasmid pKLC102 gebildet (Römling et al., 1997; K. D. Larbig, Dissertation 2001).

Für den Stamm C (Isolat aus CF-Lunge) und die klonale Variante SG17M (Umweltisolat) erfolgte eine detaillierte Analyse der hypervariablen Region 1. Dabei wurden in beiden Stämmen ca. 100 kb große, stammspezifische Geninseln detektiert, die komplett sequenziert und annotiert worden sind (Larbig et al., 2002). Die allgemeinen Charakteristika dieser Geninseln PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) sind in Tabelle 1.1 aufgeführt:

Genomregion	Größe [bp]	GC-Gehalt	Anteil kodierender Sequenz	Anzahl der ORFs	Anzahl der ORFs pro 10 kb
PAGI-2(C)	104954	64,7 %	90,4 %	113	10,7
PAGI-3(SG)	103304	59,2 %	82,7 %	105	10,2
PAO1-Genom	6624403	66,6 %	89,4 %	5570	8,9

**Tabelle 1.1:** Allgemeine Charakteristika der Geninseln PAGI-2(C) und PAGI-3(SG), verglichen mit dem PAO1-Genom (Stover et al., 2000).

Beide Inseln sind an tRNA<sup>Gly</sup>-Genen ins Genom integriert, die in einem konservierten tRNA-Cluster im Kerngenom vor dem ORF PA2820 lokalisiert sind. Die Sequenzen beider Inseln und die einzelnen ORFs sind in der Datenbank GenBank (PAGI-2(C) *acc. no.* AF440523; PAGI-3(SG) *acc. no.* AF440524) abgelegt und zusätzlich im Anhang (Kapitel 12.3) dargestellt.

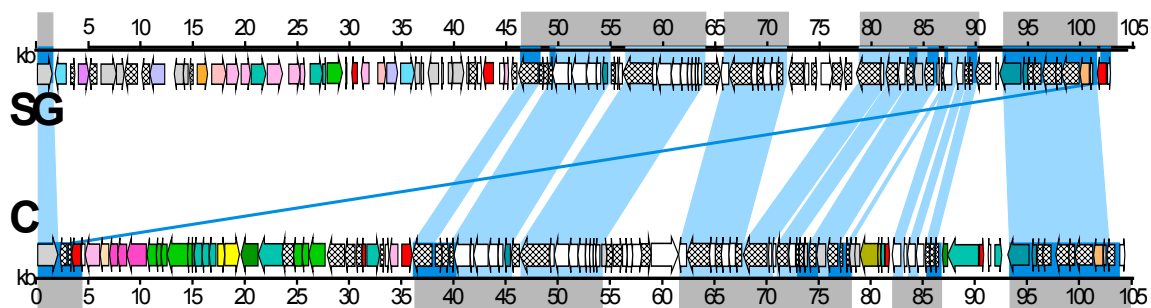
Obwohl PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) stammspezifische DNA-Insertionen darstellen, weisen sie außer der Lokalisation im Chromosom und der ähnlichen Größe noch weitere signifikante Gemeinsamkeiten auf: 47 ORFs aus PAGI-2(C) sind mit einer durchschnittlichen Identität der Aminosäuren-Sequenzen von 64,8 % in PAGI-3(SG) konserviert (siehe Tabelle 1.2).

Die Reihenfolge, in der die konservierten Gene in beiden Inseln angeordnet sind, ist für 46 der 47 ORFs identisch. Die einzige Ausnahme bilden die ORFs C4 und SG105, die einen potentiellen Transkriptionsregulator kodieren. Die Abfolgen der konservierten ORFs ist zwar durch einige stamm-spezifische ORFs unterbrochen, trotzdem ergibt sich für beide Inseln eine zweigeteilte Struktur (siehe Abbildung 1.2) mit einer spezifischen Seite (nur die Integrase-Gene C1 und SG1 sowie der ORF C4 sind auf der linken Seite konserviert) und einer größtenteils konservierten Seite.

PAGI-2(C)	PAGI-3(SG)	PAGI-2(C)	PAGI-3(SG)	PAGI-2(C)	PAGI-3(SG)
C1	SG1	C53	SG63	C81	SG87
C4	SG105	C54	SG64	C83	SG89
C36	SG44	C55	SG65	C89	SG90
C39	SG47	C64	SG67	C91	SG91
C40	SG48	C65	SG68	C93	SG92
C41	SG49	C66	SG69	C94	SG93
C42	SG50	C67	SG70	C101	SG96
C43	SG51	C68	SG71	C102	SG97
C44	SG52	C69	SG72	C103	SG98
C45	SG53	C70	SG73	C104	SG99
C47	SG57	C71	SG81	C105	SG100
C48	SG58	C72	SG82	C106	SG101
C49	SG59	C74	SG83	C107	SG102
C50	SG60	C75	SG84	C108	SG103
C51	SG61	C79	SG85	C109	SG104
C52	SG62	C80	SG86		

**Tabelle 1.2:** Homologe ORFs in den Geninseln PAGI-2(C) und PAGI-3(SG). PAGI-2(C)-ORFs sind mit C1, C2 usw. bezeichnet, PAGI-3(SG)-ORFs mit SG1, SG2, usw.

Die spezifischen Abschnitten der beiden Geninseln sind mosaikartig zusammengesetzt. In PAGI-3(SG) sind dort u. a. Proteine kodiert, die an Metabolismus und Transport von Aminosäuren beteiligt sind, sowie Coenzyme und weitere putative Enzyme. PAGI-3(SG) wurde demnach als Metabolismus-Geninsel beschrieben (Larbig et al., 2002). In PAGI-2(C) sind in den spezifischen Abschnitten u. a. Gene lokalisiert, die ein Cytochrom C Biogenese System und Thiol-Disulfid-Austausch-Proteine kodieren, sowie ein integriertes Transposon mit einem potentiellen Quecksilber-Resistenzcluster (siehe Tabelle 1.3). Die Geninsel scheint also Funktionen für Komplexierung und Transport von Metallionen zu kodieren



**Abbildung 1.2:** Vergleich der Geninseln PAGI-2(C) (unten) und PAGI-3(SG) (oben). Die annotierten ORFs werden durch Pfeile repräsentiert. Homologe ORFs in den beiden Geninseln sind durch blaue Felder miteinander verbunden. Graue Felder auf den Maßstableisten kennzeichnen DNA-Abschnitte mit ORFs, die an DNA-Organisation, Transfer und Mobilisation der Inseln beteiligt sein könnten (nach Larbig et al., 2002).

Die konservierten Bereiche enthalten außer vielen hypothetischen ORFs einige Gene, die DNA-Rekombinationsproteine und –reparaturproteine kodieren (C45, C101, C102 bzw. SG53, SG96, SG97), ein *soj* Gen zur Aufteilung von Chromosomen und anderen DNA-Elementen bei Zellteilungen (C108 bzw. SG103), sowie ein Integrase-Gen (C1 bzw. SG1). Daraus wurde die Hypothese abgeleitet, dass zumindest ein Teil der konservierten ORFs an Integration, Stabilisierung und Transfer der Geninseln beteiligt ist. Dies ergab das Bild von PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) als verwandte, partiell konservierte Geninseln, die ähnliche Systeme für lateralen Transfer und chromosomale Integration besitzen, aber mit den spezifischen Teilen, dem sog. „Cargo“, individuelle metabolische Funktionen auf das Wirtsgenom übertragen (Larbig et al., 2002).

PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) könnten damit Vertreter eines neuen Typs von Geninseln sein, die durch individuelles Cargo und homologe strukturelle Bereiche gekennzeichnet sind.

PAGI-2(C) wurde als Referenzinsel für die Detektion weiterer partiell konservierter DNA-Elemente verwendet. In Tabelle 1.3 ist eine Übersicht über die Annotationsergebnisse für die einzelnen ORFs dieser Geninsel angegeben.

**Tabelle 1.3** (folgende Seiten):

Annotationsübersicht für PAGI-2(C) (aus K. D. Larbig, Dissertation, 2001)

\*: Für ORF C47 wurden die Position des Starts und die Länge des Genprodukts gegenüber der Original-Annotation verändert. Nach der Detektion eines wahrscheinlichen Sequenzierfehlers im bestehenden Sequenzcontig wurde eine neue Startposition für diesen ORF festgelegt. C47 umfasst daher jetzt 963 aa statt 943 aa wie in der früheren Version.

ORF - ID	Start	Stop	Länge [aa]	GC-Gehalt [%]	Gen-Name	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	Organismus (bestes BLAST-Ergebnis)	E-Wert (BLAST)	% Ähnlichkeit (BLAST)
C1	229	2160	643	63,77	<i>int</i>		<i>X. fastidiosa</i>	0.0E+00	87
C2	3016	2360	218	59,06		Hypoth. Protein (XF1719)	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-71	79
C3	3136	3429	97	58,84		Hypoth. Protein (XF1720)	<i>X. fastidiosa</i>	9.0E-30	80
C4	4341	3451	296	61,62	<i>bphR</i>	Transkriptionsregulator-Protein	<i>Ralstonia eutropha</i>	9.0E-83	68
C5	4702	4379	107	62,96		0			
C6	6110	4734	458	67,39		Putative Pyridin-Nukleotid-Disulfid-Oxidoreductase, Klasse I	<i>Vibrio cholerae</i>	1.0E-73	52
C7	6959	6153	268	65,55		Kons. hypoth. Membranprotein (slr1262)	<i>Synechocystis sp. (strain PCC 6803)</i>	5.0E-25	51
C8	7823	7050	257	63,95	<i>dsbG</i>	Thiol:Disulfid-Austauschprotein (PA2476)	<i>P. aeruginosa</i>	2.0E-51	61
C9	8662	7826	278	63,20		Putatives Thiol:Disulfid-Austauschprotein (PA2477)	<i>P. aeruginosa</i>	6.0E-48	56
C10	10515	8662	617	64,94	<i>dsbD</i>	Putatives Thiol:Disulfid-Austauschprotein (PA2478)	<i>P. aeruginosa</i>	1.0E-135	57
C11	11479	10598	293	61,79	<i>cycH</i>	Cytochrom C-Typ Biogenese Protein	<i>Sinorhizobium meliloti</i>	5.0E-17	43
C12	11931	11476	151	57,46	<i>cycL/ccmH/cc12</i>	Cytochrom C-Typ Biogenese Protein (Vorläufer)	<i>Sinorhizobium meliloti</i>	3.0E-25	61
C13	12452	11928	174	60,38	<i>ccmG/helX</i>	Cytochrom C-Typ Biogenese Protein PA1481	<i>P. aeruginosa</i>	3.0E-37	61
C14	14410	12449	653	62,28	<i>ccmF/cc11</i>	Cytochrom C-Typ Biogenese Protein PA1480	<i>P. aeruginosa</i>	0.0E+00	69
C15	14860	14414	148	60,63	<i>cycJ/ccmE</i>	Cytochrom C-Typ Biogenese Protein	<i>P. fluorescens</i>	6.0E-35	71
C15b	15035	14844	63	62,50	<i>ccmD</i>	Häm Exporterprotein D	<i>Vibrio cholerae</i>	2.E-03	53
C16	15769	15032	245	62,33	<i>ccmC</i>	Häm Exporterprotein C	<i>Vibrio cholerae</i>	9.0E-67	69
C17	16468	15782	228	63,17	<i>ccmB</i>	Cytochrom C Reifungsprotein B	<i>Shewanella putrefaciens</i>	6.0E-65	75

ORF - ID	Start	Stop	Länge [aa]	GC-Gehalt [%]	Gen-Name	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	Organismus (bestes BLAST-Ergebnis)	E-Wert (BLAST)	% Ähnlichkeit (BLAST)
C18	17076	16465	203	59,64	<i>ccmA</i>	Häm Exporterprotein A	<i>Vibrio cholerae</i>	7.0E-39	61
C19	17257	17925	222	65,02	<i>armR</i>	Antwort-Regulator	<i>Pseudomonas sp. JR1</i>	4.0E-59	66
C20	17922	19307	461	63,06	<i>armS</i>	Sensor-Kinase	<i>Pseudomonas sp. JR1</i>	5.0E-77	56
C21	21059	19461	532	64,54	<i>cutE</i>	Apolipoprotein N-Acyltransferase	<i>P. aeruginosa</i>	3.0E-67	48
C22	23399	21084	771	65,54		Putative Metallkationen-transportierende ATPase	<i>Streptomyces coelicolor A3(2)</i>	9.0E-87	47
C23	24420	23323	365	61,66		Hypoth. Protein PA2481	<i>P. aeruginosa</i>	4.0E-70	62
C24	25222	24404	272	64,35		ORF21	<i>Moritella marina</i>	4.0E-23	54
C25	25860	25219	213	64,02	<i>fixO/ccoO</i>	Cytochrom c Oxidase UE	<i>Moritella marina</i>	3.0E-17	49
C26	27413	25857	518	60,44	<i>fixN/ccoN</i>	Cytochrom c Oxidase UE	<i>Moritella marina</i>	6.0E-68	50
C27	29602	27932	556	67,56		Hypoth. Protein slr0876	<i>Synechocystis sp.</i>	1.0E-106	63
C28	30610	29651	319	64,79		Hypoth. Protein PA2915	<i>P. aeruginosa</i>	2.0E-99	72
C29	31244	30717	175	68,18		Hypoth. 18.6 kD Protein	<i>Escherichia coli</i>	1.0E-47	70
C30	31578	31267	103	61,86		Transkriptionsaktivator	<i>Vibrio cholerae</i>	6.0E-16	69
C31	31728	32954	408	70,17		(Metabolit-Transporterprotein)	<i>Bacillus subtilis</i>	2.0E-34	45
C32	33031	33408	125	65,87		Hypoth. Protein Rv1767	<i>M. tuberculosis</i>	3.0E-22	48
C33	33519	33890	123	58,06		0			
C34	34744	33950	264	64,91	<i>fenO</i>	Hydroxybutyryl-Dehydratase	<i>Bacillus subtilis</i>	2.0E-24	49
C35	35156	36151	331	63,55		Transkriptionsregulator (PA1182)	<i>P. aeruginosa</i>	2.0E-42	51
C36	38091	36199	630	65,03		Hypoth. Protein XF1753	<i>X. fastidiosa</i>	0.0E+00	83
C37	38407	39033	208	65,55		Kons. hypoth. Protein XF1754	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-105	94
C38	39046	39678	210	63,98		Kons. hypoth. Protein XF1755	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-112	96
C39	39752	40111	119	65,56		Hypoth. Protein XF1756	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-15	86
C40	41674	40127	515	62,21		0			
C41	42046	41690	118	70,03		0			
C42	43437	42043	464	67,46		0			
C43	44397	43447	316	66,67		0			
C44	44840	44394	148	68,01		0			
C45	45499	45005	164	63,00	<i>radC</i>	DNA Reparaturprotein (XF0148)	<i>X. fastidiosa</i>	9.0E-34	70
C46	46439	45675	254	67,45		Hypoth. Protein PA0982	<i>P. aeruginosa</i>	4.0E-28	61
C47*	49355	46464	963*	66,56		(Sexpilus Assemblierungs- und Syntheseprotein)	<i>Sphingomonas aromaticivorans</i>	1.0E-07	41
C48	49795	49355	146	68,93		0			
C49	51194	49776	472	68,71		0			
C50	52095	51184	303	71,49		0			
C51	52784	52092	230	68,11		0			
C52	53179	52781	132	69,92		0			
C53	53551	53192	119	66,67		0			
C54	53801	53568	77	64,53		0			
C55	54181	53798	127	72,40		0			
C56	54385	54855	156	59,66		Putative Excisionase ORF277	<i>Sphingomonas aromaticivorans</i>	2.0E-16	57
C57	54852	55427	191	61,11		Hypoth. Protein ORF271	<i>Plasmid pNL1</i>	2.0E-23	52
C58	55445	56359	304	59,13		CG11743 gene product	<i>Drosophila</i>	7.0E-26	50
C59	56356	56826	156	61,36		0			
C60	56823	57323	166	56,69		0			
C61	57323	58225	300	58,69		0			
C62	58030	58989	319	60,42		(Hypoth. Protein)	<i>Vibrio cholerae</i>	5.0E-04	51
C63	58999	61623	874	66,70		0			
C64	62413	61664	249	66,00		0			
C65	64599	62410	729	65,62		Hypoth. Protein	<i>Salmonella typhi</i>	7.0E-30	43
C66	65152	64604	182	72,86		0			
C67	65739	65149	196	73,10		Hypoth. Protein RP457	<i>Rickettsia prowazekii</i>	4.0E-12	50
C68	66458	65721	245	70,60		0			
C69	67115	66471	214	71,01		(Kons. hypoth. Protein)	<i>D. radiodurans</i>	7.0E-05	45
C70	67711	67112	199	68,83		PilL	<i>Salmonella typhi</i>	3.0E-19	51
C71	70129	67850	759	64,87		Hypoth. Protein pXO1-08	<i>B. anthracis Virulenz Plasmid pXO1</i>	9.0E-43	44
C72	70571	70266	101	64,05		0			
C73	70981	70661	106	61,68		0			
C74	72141	71032	369	66,22		Hypoth. Protein pXO1-10	<i>B. anthracis Virulenz Plasmid pXO1</i>	5.0E-11	46
C75	72853	72206	215	67,28		0			
C76	73190	72930	86	60,54		Hypoth. Protein XF1757	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-39	92
C77	73614	73207	135	65,69		Hypoth. Protein XF1758	<i>X. fastidiosa</i>	6.0E-68	92
C78	74060	73719	113	61,70		Kons. Plasmidprotein XF1759	<i>X. fastidiosa</i>	3.0E-50	89
C79	74844	74155	229	67,25		Hypoth. Protein XF1760	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-106	87
C80	75766	74939	275	63,41		Plasmid F ( <i>oriT</i> 5' Region) ORF 273	<i>Escherichia coli</i>	2.0E-88	74
C81	76910	75912	332	64,86		(Hypoth. Protein XF1761)	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-156	91
C82	77412	77128	94	75,09		(Kons. hypoth. Protein XF1762)	<i>X. fastidiosa</i>	2.0E-41	93
C83	77980	77720	86	68,97		(Hypoth. Protein XF1764)	<i>X. fastidiosa</i>	7.0E-36	86
C84	78691	78050	213	65,26		Transposase für Tn21	<i>Plasmid R100</i>	2.0E-90	97
C84b	79047	78532	171	66,28		Transposase für Tn21	<i>Plasmid R100</i>	6.0E-51	91

ORF-ID	Start	Stop	Länge [aa]	GC-Gehalt [%]	Gen-Name	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	Organismus (bestes BLAST-Ergebnis)	E-Wert (BLAST)	% Ähnlichkeit (BLAST)
C85	80754	79066	562	69,03	<i>merA</i>	Quecksilber (HgII) Reduktase	<i>Thiobacillus sp.</i>	0.0E+00	85
C86	81052	80765	95	65,97	<i>merP</i>	Periplasmatisches Quecksilber-Ionen-bindendes Protein	<i>Sphingomonas paucimobilis</i>	5.0E-32	86
C87	81415	81065	116	67,24	<i>merT</i>	Quecksilber-Ionen Transportprotein	<i>Escherichia coli</i> Plasmid pDU1358	2.0E-55	92
C88	81487	81894	135	63,48	<i>merR</i>	Quecksilber-Resistenz Regulator	<i>P. stutzeri</i>	9.0E-52	83
C89	82980	82156	274	64,73		0			
C90	83547	83269	92	60,22		0			
C91	84382	83645	245	64,77		0			
C92	85203	84466	245	63,69		0			
C93	85727	85335	130	62,09		Hypoth. Protein XF1771	<i>X. fastidiosa</i>	2.0E-66	95
C94	86162	85749	137	63,53		Hypoth. Protein XF1772	<i>X. fastidiosa</i>	2.0E-35	74
C95	86610	86299	103	62,18		Hypoth. Protein XF1773	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-17	84
C96	87447	86947	166	61,48	<i>lspA</i>	Lipoprotein Signalpeptidase	<i>Serratia marcescens</i>	1.0E-32	62
C97	90363	87451	970	65,67		Schwermetallionen-transportierende P-type ATPase (PA3690)	<i>P. aeruginosa</i>	0.0E+00	77
C98	90455	90853	132	60,15		Transkriptionsregulator (PA3689)	<i>P. aeruginosa</i>	5.0E-37	68
C99	91544	91308	78	61,18		0			
C100	91929	92564	211	61,48	<i>(czcD)</i>	Transporter/Integrales Membranprotein (putativ)	<i>Neisseria meningitidis</i>	8.0E-26	58
C101	95318	93288	676	66,42	<i>topB</i>	DNA Topoisomerase III (XF1776)	<i>X. fastidiosa</i>	0.0E+00	92
C102	96042	95602	146	65,53	<i>ssb</i>	Einzelstrang-DNA bindendes Protein (XF1778)	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-71	88
C103	96643	96116	175	64,20		Hypoth. Protein (XF1779)	<i>X. fastidiosa</i>	9.0E-78	85
C104	97431	96640	263	66,41		Hypoth. Protein (XF1780)	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-123	88
C105	99099	97861	412	67,72		Hypoth. Protein (XF1781)	<i>X. fastidiosa</i>	0.0E+00	88
C106	99663	99103	186	65,60		Kons. hypoth. Protein (XF1782)	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-96	96
C107	101357	99678	559	69,88		Fusion aus zwei hypothetischen Proteinen (XF1783 + XF1784)	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-111 1.0E-117	74 96
C108	102478	101603	291	68,72	<i>soj</i>	Protein zur Chromosomen-Aufteilung (XF1785)	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-150	93
C109	102742	102521	73	63,96		Phagenprotein (XF1786)	<i>X. fastidiosa</i>	9.0E-35	99
C110	103598	102852	248	57,56		Hypoth. Protein (XF1787)	<i>X. fastidiosa</i>	1.0E-101	86
C111	104049	104549	166	55,69		0			

## 1.4 Ziel der Arbeit

Ziel dieser Arbeit ist die Identifizierung und Analyse von Geninseln in *Pseudomonas aeruginosa* Stämmen, die zur beobachteten Genomdiversität in dieser bakteriellen Spezies beitragen.

Für *P. aeruginosa* Klon C waren drei sog. „hypervariable“ Genomregionen durch den Vergleich der chromosomalen Architektur verschiedener Stämme identifiziert worden. Für zwei klonale Varianten (Stämme C und SG17M) waren in einer dieser hypervariablen Regionen partiell konservierte Geninseln mit einer Größe von ca. 100 kb detektiert und sequenziert worden, die nicht im Genom des Referenzstammes PAO vorhanden waren.

Für den Stamm C sollen die in den anderen hypervariablen Regionen lokalisierten DNA-Blöcke analysiert und mit den oben beschriebenen Geninseln verglichen werden. Dazu gehört die Kartierung der Insertionspunkte für die Integration in das Wirtschromosom und die Sequenzierung der in den Geninseln lokalisierten DNA. Die Sequenzen sollen auf Hinweise

zur Funktion der inserierten DNA, ihre mögliche Herkunft und insbesondere auf Homologien zu den bereits bekannten Geninseln hin untersucht werden.

In einer der Regionen liegt als Geninsel ein integriertes Plasmid vor. In *P. aeruginosa* Klon K existiert ein ähnliches Plasmid, für das ebenfalls chromosomale Integrationspunkte sowie die Ähnlichkeit zum Klon C Plasmid analysiert werden sollen.

Außerdem soll die Verbreitung ähnlicher Geninseln in der Spezies *P. aeruginosa* untersucht werden. PAGI-2(C), die erste sequenzierte Geninsel aus dem Stamm C, dient dafür als Referenz. Für diese Analysen soll ein Makroarray für Hybridisierungsexperimente generiert werden, der die potentiellen Gene aus PAGI-2(C) repräsentiert. Ziel ist dabei, durch Detektion PAGI-2(C)-homologer Abschnitte in anderen Stämmen verwandte Geninseln nachzuweisen. Über deren konservierte DNA-Abschnitte soll eine neuartige „Familie“ integrativer DNA-Elemente und deren Beitrag zur Genomdiversität in *P. aeruginosa* definiert werden. Die einzelnen Geninseln sollen darüber hinaus, soweit möglich, verschiedenen Subtypen innerhalb dieser Familie zugeordnet werden.

Für eine nähere Charakterisierung der einzelnen Geninseln und ihrer Bedeutung für den Organismus wären experimentelle Daten zu den Funktionen der kodierten Proteine erforderlich. Daher sollen auch erste Transkriptionsanalysen für die potentiellen Gene in PAGI-2(C) durchgeführt werden.

## Material und Methoden

Alle verwendeten Lösungen wurden entweder mit bidestilliertem Wasser oder hochreinem Wasser („epure“-Wasser) aus einer entsprechenden Aufbereitungsanlage angesetzt. Die benötigten Chemikalien wurden größtenteils von den Firmen Merck, Sigma oder Roth bezogen, andere Hersteller sind gegebenenfalls direkt mit den Chemikalien aufgeführt. Verwendet wurden generell Chemikalien mit dem Reinheitsgrad „pro analysis“ bzw. „für Analysen geeignet“ oder mit dem höchsten erhältlichen Reinheitsgrad. Soweit nicht anders vermerkt, wurden alle selbst angesetzten Lösungen und Verbrauchsmaterialien (Pipettenspitzen, Reaktionsgefäße etc.) vor Gebrauch mind. 30 min unter Wasserdampfdruck bei 121°C im Autoklaven erhitzt. Restriktionsendonukleasen und dazugehörige Reaktionspuffer wurden von den Firmen New England Biolabs oder MBI Fermentas erworben. Für andere Enzyme ist der jeweilige Hersteller an den entsprechenden Stellen angegeben. Prozentangaben für die Zusammensetzung von Lösungen geben bei Einwaage von Feststoffen das Verhältnis Masse/Volumen an, bei Zugabe flüssiger Substanzen das Verhältnis Volumen/Volumen.

### 2.1 Bakterienstämme und -anzucht, Vektoren

#### 2.1.1 Bestimmung der Bakterienzeldichte

Die Bestimmung der Zelldichte von Bakterienkulturen erfolgte photometrisch durch Messung der optischen Dichte (OD) der Kulturen bei einer Wellenlänge von 600 nm. Der Zusammenhang zwischen optischer Dichte und Zelldichte ist dabei:

für *Pseudomonas aeruginosa*:  $0,6 \text{ OD}_{600 \text{ nm}} \approx 1 \cdot 10^9 \text{ Zellen/ml}$

für *Escherichia coli*:  $1,0 \text{ OD}_{600 \text{ nm}} \approx 0,8 \cdot 10^9 \text{ Zellen/ml}$

#### 2.1.2 Verwendete Medien

**Luria-Bertani-(LB)-Medium:** 10 g/l Select-Pepton 140 (Gibco BRL), 5 g/l Hefeextrakt (GibcoBRL), 5 g/l NaCl, pH 7,0

**LB-Amp-Medium:** LB-Medium mit 100 µg/ml Ampicillin

**0,5 x LB-Medium:** 5 g/l Select Pepton 140 (Gibco BRL), 2,5 g/l Hefeextrakt (Gibco BRL), 2,5 g/l NaCl, pH 7,0

- Nutrient-Broth-(NB)-Medium:** 5 g/l Select-Pepton 140 (Gibco BRL), 3 g/l Rinderextrakt (Gibco BRL), pH 7,0
- Vogel-Bonner-(VB)-Medium:** 2,1 g/l Na-citrat · H<sub>2</sub>O, 5,86 g/l NaNH<sub>4</sub>HPO<sub>4</sub> · 4H<sub>2</sub>O, 8,44 g/l K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> · 3H<sub>2</sub>O, 0,8 g/l MgSO<sub>4</sub> · 4H<sub>2</sub>O, 50 g/l Kalium-(D)-gluconat, pH 7,2; die Lösung wird zunächst ohne Kaliumgluconat angesetzt und im Autoklaven sterilisiert, Kaliumgluconat dann aus einer separat angesetzten, sterilfiltrierten Stammlösung zugegeben.

Für die Anzucht von Bakterien in Brutschränken auf festen Nährböden wurde den jeweiligen Medien 20 g/l Select-Agar (Gibco BRL) zugegeben. Flüssige Bakterienkulturen wurden in Schüttelinkubatoren mit 200 – 250 rpm angezogen. Für Dauerkulturen von Bakterienstämmen wurden entsprechende Volumina flüssiger frischer Bakterienkultur mit Glycerin versetzt (Endkonzentration 15 %) und in Kryogefäßen bei –80°C tiefgefroren.

### **2.1.3 Pseudomonas Stämme**

Standardmäßig wurden alle Stämme in LB-Medium bei 37°C angezogen, nur *Pseudomonas putida* KT2440 (Bagdasarian u. Timmis, 1981) bei 30°C. Soweit nicht anders angegeben, wurde als Referenzstamm für *Pseudomonas aeruginosa* (*P. aeruginosa*) der Stamm PAO DSM1707 (Holloway, 1955) verwendet, der sich vom im Sequenzierprojekt verwendeten Stamm PAO1 (Stover et al., 2000) durch eine große chromosomale Inversion und eine Insertion von 30 kb unterscheidet. Die analysierten Klon C Stämme (C, C17, SG17M) und Klon K Stämme (K, K1, K2) (Römling et al., 1994(B); Römling et al., 1997) sind mit Ausnahme von SG17M Isolate aus den Lungen von CF-Patienten. Stamm SG17M wurde aus Flusswasser isoliert.

Die weiteren, im Rahmen der Untersuchungen zur Epidemiologie verwendeten *Pseudomonas* Stämme sind im entsprechenden Ergebnisteil (Kapitel 5) näher beschrieben.

### **2.1.4 Ralstonia Stämme**

Die im Zuge der Analysen zur Epidemiologie untersuchten zum Genus *Ralstonia* gehörenden Stämme wurden generell bei 30°C angezogen. Für die Kulturen wurden alternativ 0,5 x LB-Medium oder NB-Medium wegen des im Verhältnis zu LB-Medium geringeren Salzgehalts verwendet. Die Stämme sind Im Ergebnisteil (Kapitel 6) näher beschrieben.





transfizierterem Cosmid enthält der SuperCos 1-Rahmen dann nur noch eine *cos*-site, ein Fragment von 1082 bp mit der zweiten *cos*-site fehlt. Der Rahmen besteht somit nur noch aus 6857 bp.

(Ligation, Verpackung und Infektion sind in der Dissertation von K. D. Larbig (2001) beschrieben.)

## 2.2 Präparation von DNA

### 2.2.1 Phenol-Chloroform-Extraktion

#### Benötigte Lösungen:

**Phenol** in TE-Puffer äquilibriert, pH 7,5 – 8,0  
**Chloroform** Chloroform + Isoamylalkohol (Verhältnis 24 : 1)

Phenol-Chloroform-Extraktionen wurden bei diversen Präparationsverfahren zur Aufreinigung von DNA in wässrigen Lösungen verwendet. Dazu wurden die DNA-Lösungen (z. B. Überstände von Zellysaten) mit dem gleichen Volumen Phenol vermischt, 10 min auf Eis inkubiert und die Phasen durch Zentrifugation (15 min, 14000 g) getrennt. Die wässrige Phase wurde abgenommen und auf die gleiche Weise noch einmal mit Phenol/Chloroform (1 : 1 -Gemisch) und einmal mit Chloroform behandelt. Bei Bedarf erfolgten auch mehrere Aufreinigungsschritte mit Phenol/Chloroform.

### 2.2.2 Präparation von genomischer DNA

#### Benötigte Lösungen:

**Lysis-Puffer** 40 mM Tris-acetat, 20 mM Natriumacetat, 1 mM EDTA, 1% SDS, pH 7,8  
**5 M NaCl**  
**RNase A (Qiagen)**  
**Phenol**  
**Chloroform**  
**Isopropanol**  
**Ethanol (EtOH)**  
**TE-Puffer** 10 mM Tris/HCl, 1 mM EDTA, pH 8,0

Für die Präparation von genomischer DNA aus *Pseudomonas* oder *Ralstonia* Stämmen wurden jeweils 5 ml LB-Medium mit den entsprechenden Stämmen beimpft und über Nacht bei 37°C (30°C bei *P. putida*) inkubiert. Durch Zentrifugation (3000 g, 10 min) wurden die Bakterienzellen aus 4 ml Kultur geerntet. Nach Resuspension des Bakterienpellets in 900 µl Lysis-Puffer wurden die Zellen 10 – 15 min bei Raumtemperatur inkubiert und dann mit 300 µl 5M NaCl versetzt. Die Abtrennung der Zellfragmente erfolgte durch 45 min Zentrifugation

bei über 12000 g. Der Überstand wurde dann mit 15 µl RNase A (10 mg/ml) versetzt und 15 min bei Raumtemperatur inkubiert. Zur Aufreinigung der DNA im Überstand erfolgte eine Phenol-Chloroform-Extraktion. (Bei anhaltender Trübung der wässrigen Phase erfolgten zusätzliche Extraktionsschritte mit Phenol/Chloroform.). Die DNA wurde aus der wässrigen Phase durch Zugabe des gleichen Volumens Isopropanol ausgefällt und abzentrifugiert (20 min, 14000 g, 20 °C). Das DNA-Pellet wurde einmal mit 70 % EtOH gewaschen, getrocknet und wahlweise in 50 – 200 µl TE-Puffer oder H<sub>2</sub>O aufgenommen. Um das Präzipitat wieder vollständig in Lösung zu bringen, wurde die DNA-Lösung mind. 12 h bei 4°C gelagert.

### **2.2.3 Präparation von Cosmiden aus *E. coli* Zellen**

#### **Benötigte Lösungen:**

**Puffer 1** 50 mM Tris/HCl, 10 mM EDTA, 100 µg/ml RNase A, pH 8,0

**Puffer 2** 200 mM NaOH, 1 % SDS

**Puffer 3** 3 M Kaliumacetat, 2 M Essigsäure, pH 5,5

**Isopropanol**

**Ethanol**

**Phenol**

**Chloroform**

**TE-Puffer** 10 mM Tris/HCl, 1 mM EDTA, pH 8,0

**EB-Puffer** 10 mM Tris/HCl, pH 8,5

#### **Analytischer Maßstab:**

Die Präparation im analytischen Maßstab erfolgte nach einer modifizierten alkalischen Lysis-Methode (Birnboim u. Doly, 1979). Aus 4 ml Bakterienkultur wurden die Zellen abzentrifugiert (5000 g, 10 min), in 350 µl Puffer 1 resuspendiert und zur Lyse mit 350 µl Puffer 2 vermischt. Nach 5 min Inkubation bei RT wurden zur Neutralisation 350 µl Puffer 3 zugegeben, gründlich gemischt und weiter 10 min auf Eis inkubiert. Der sich bildende Niederschlag wurde abzentrifugiert (15 min, 14000 g, 4°C), die DNA aus dem Überstand durch Zugabe von 1 ml Isopropanol ausgefällt und durch Zentrifugation (14000 g, 20 min) präzipitiert. Das DNA-Pellet wurde mit 70 % EtOH, gewaschen, getrocknet und in 50 µl H<sub>2</sub>O oder TE-Puffer aufgenommen.

Alternativ wurde die Präparation mit Hilfe des „QIAprep Spin Miniprep Kit“ (Qiagen) durchgeführt. Dabei wurden ebenfalls 4 ml Bakterienkultur eingesetzt. Die Präparation erfolgte dabei nach dem Protokoll des Herstellers unter Berücksichtigung der Hinweise für die Aufreinigung von Cosmiden mit einer Größe von mehr als 10 kb. Die Cosmid-DNA wurde dabei nach der Zellyse nicht ausgefällt, sondern auf eine Säule gegeben und dort an

eine Silicagel-Membran gebunden. Die DNA konnte auf der Säule gewaschen und mit H<sub>2</sub>O oder dem schwach basischen EB-Puffer wieder eluiert werden.

#### Präparativer Maßstab:

Die Zellen aus 250 ml einer über Nacht gewachsenen Kultur der entsprechenden Bakterien wurden abzentrifugiert (6000 g, 15 min, 4°C) und in 20 ml Puffer 1 resuspendiert. Die Lyse erfolgte durch Zugabe von 20 ml Puffer 2 und 5 min Inkubation bei RT (Prinzip der alkalischen Lysis-Methode, s.o.). Nach Neutralisation durch Zugabe von 20 ml Puffer 3 und 30 min Inkubation auf Eis wurden die ausgefallenen Zellfragmente durch Zentrifugation (20000 g, 30 min, 4°C) abgetrennt. Zum Präzipitieren der DNA wurde der Überstand mit 50 ml Isopropanol versetzt und die DNA abzentrifugiert (15000 g, 30 min, 15 °C). Das Pellet wurde mit 70 % EtOH gewaschen, getrocknet und in 500 µl H<sub>2</sub>O oder TE-Puffer aufgenommen. Zum besseren Lösen der DNA erfolgte eine Lagerung für mind. 12 h bei 4°C.

Sollte die Cosmid-DNA nach der Präparation sequenziert werden, wurde das „Large Construct Kit“ der Firma Qiagen verwendet und das beigefügte Arbeitsprotokoll befolgt. Wie beim „QIAprep Spin Miniprep Kit“ wird die DNA auch hier nach einer alkalischen Lyse der Bakterienzellen für die Waschschritte an die Silicagel-Membran einer Säule gebunden und danach wieder eluiert. Aus dem Eluat wird die DNA dann mit Isopropanol ausgefällt, mit 70 % EtOH gewaschen, getrocknet und in 500 – 800 µl H<sub>2</sub>O, TE- oder EB-Puffer aufgenommen. Das Protokoll beinhaltet außerdem zwischen Zelllyse und Waschen der DNA noch einen Exonuklease-Verdau, durch den noch in der Lösung verbliebende genomische DNA und beschädigte Cosmid-DNA (z. B. mit Einzelstrangbrüchen) entfernt wird.

### 2.2.4 Präparation von Plasmiden aus *P. aeruginosa* Zellen

#### **Benötigte Lösungen:**

<b>NaCl, isotonisch</b>	0,9 % NaCl
<b>Puffer 1</b>	50 mM Tris/HCl, 10 mM EDTA, 100 µg/ml RNase A, pH 8,0
<b>Puffer 2</b>	200 mM NaOH, 1 % SDS
<b>Puffer 3</b>	3 M Kaliumacetat, 2 M Essigsäure, pH 5,5
<b>Isopropanol</b>	
<b>Ethanol</b>	
<b>Phenol</b>	
<b>Chloroform</b>	
<b>TE-Puffer</b>	10 mM Tris/HCl, 1 mM EDTA, pH 8,0
<b>PEG-Lösung</b>	1,6 M NaCl, 30 % (w/v) Polyethylenglycol 6000
<b>EB-Puffer</b>	10 mM Tris/HCl, pH 8,5

Um die ca. 100 kb großen Plasmide pKLC102 und pKLC106 möglichst schonend aus den entsprechenden *Pseudomonas*-Stämmen zu isolieren (Stamm C17 für pKLC102, K1 für pKLC106), wurden zwei verschiedene Verfahren angewandt:

Das erste Verfahren beruht auf dem Prinzip einer alkalischen Zellyse (Birnboim u. Doly, 1979) und der Kombination verschiedener DNA-Aufreinigungsschritten. 4 Kulturen des Stammes C17 oder K1 mit je 250 ml Volumen werden parallel 18 h bei 37°C inkubiert. Die Zellen wurden aus jeder Kultur getrennt abzentrifugiert (15 min, 6000 g, 4°C) und jedes Pellet mit 100 ml isotonischer Kochsalzlösung gewaschen, bevor sie in 20 ml Puffer 1 resuspendiert wurden. Nach 5 min Inkubation bei RT wurden zur Lyse jeweils 20 ml Puffer 2 zugegeben und weitere 5 min bei RT inkubiert. Die erhaltenen Lysate wurden mit je 20 ml Puffer 3 versetzt, sorgfältig durchmischt und 30 min auf Eis inkubiert. Nach der Zentrifugation (10 min, 12000 g, 4°C) erfolgte die Zugabe von jeweils 60 ml Isopropanol und 10 min Inkubation bei RT. Die DNA wurde abzentrifugiert (12000 g, 15 min, RT), einmal mit 70 % EtOH gewaschen, getrocknet und in je 5 ml TE-Puffer aufgenommen. Nach einer Phenol-Chloroform-Extraktion (Kapitel 2.2.1) wurden die DNA-Lösungen mit dem halben Volumen PEG-Lösung versetzt, 30 min auf Eis inkubiert und zentrifugiert (30 min, 15000 g, 4°C). Die durch diese PEG-Fällung erhaltenen DNA-Pellets wurden zweimal mit 70 % EtOH gewaschen, nach dem Trocknen in je 250 µl TE-Puffer über Nacht bei 4°C gelöst und vereinigt. Für eine zusätzliche Aufreinigung dieser DNA-Lösung konnte bei Bedarf eine weitere Phenol-Chloroform-Extraktion erfolgen. Die DNA wurde dann erneut mit Isopropanol gefällt und nach einmaligem Waschen mit 70 % EtOH in 50 µl H<sub>2</sub>O gelöst.

Im zweiten Verfahren wurde wiederum das „Large Construct Kit“ der Firma Qiagen und das entsprechende Protokoll verwendet (siehe Kapitel 2.2.3), das laut Hersteller die Präparation von bis zu 250 kb großen Produkten ermöglichen sollte. Eingesetzt wurden hier 500 ml Bakterienkultur. Um die alkalische Lyse der Zellen zu optimieren, wurden in das Protokoll zwei Waschschrte eingebaut: Die abzentrifugierten Bakterien wurden vor dem Resuspendieren in Puffer 1 noch mit destilliertem Wasser und mit isotonischer Kochsalzlösung gewaschen, um die extrazelluläre Matrix der *P. aeruginosa* Stämme so weit wie möglich zu entfernen.

Generell bestand bei beiden Methoden das Problem, dass aufgrund der sehr niedrigen Kopienzahl der Plasmide in den Zellen nur geringe DNA-Ausbeuten erzielt werden konnten ohne gleichzeitig Kontaminationen durch genomische DNA mitzuführen.

## **2.2.5 Isolierung von DNA-Fragmenten aus Agarosegelen**

### **Benötigte Lösungen:**

<b>EB-Puffer</b>	10 mM Tris/HCl, pH 8,5
<b>Na-acetat</b>	3 M Natriumacetat, pH 5,2
<b>Ethanol</b>	
<b>TE-Puffer</b>	10 mM Tris/HCl, 1 mM EDTA, pH 8,0

Um definierte DNA-Fragmente (PCR-Produkte, Restriktionsfragmente) nach der elektrophoretischen Auftrennung in Agarosegelen (Kapitel 2.3.4) wieder aus der Gelmatrix zu isolieren, kamen zwei verschiedene Verfahren zur Anwendung. Für beide Verfahren wurde zunächst das gewünschte DNA-Fragment im Agarosegel lokalisiert und das entsprechende Stück aus dem Gel ausgeschnitten.

Standardmäßig erfolgte die Isolierung der DNA mit Hilfe des „QIAquick Gel Extraction Kit“ (Firma Qiagen) nach den Anweisungen des Herstellers. Dabei wurde das Gelstück in einem speziellen Puffer bei 50°C aufgelöst und die DNA an eine Silicagel-Membran in einer Säule gebunden. Nach Waschschrritten erfolgte die Elution von der Säule mit 30 – 50 µl H<sub>2</sub>O oder EB-Puffer.

Alternativ wurde die sog. „squeeze & freeze“ – Technik (Walker, 1984) angewandt, wenn der geringere Reinheitsgrad der isolierten DNA bei dieser Methode ausreichend war. Das Gelstück wurde zerkleinert und mind. 2 h bei –80°C gelagert, wodurch die Struktur der Gelmatrix verändert wurde. Nach dem Auftauen konnte per Zentrifugation (5 min, 6000 g, 4°C) durch ein Stück Mullbinde die DNA zusammen mit dem Gelpuffer eluiert werden. Die DNA wurde durch Zugabe von 0,5 Vol. Natriumacetat und 3,5 Vol. EtOH bei –80°C gefällt, abzentrifugiert (15 min, 14000 g, 4°C), mit 70% EtOH gewaschen und in 15 µl TE-Puffer aufgenommen. Der Reinheitsgrad der so isolierten DNA war für Anwendungen wie Sequenzierung oder Klonierung nicht hoch genug (u. a. Agarosekontamination), reichte jedoch z. B. für die Generierung DIG-markierter DNA-Sonden aus (Kapitel 2.4.2).

## **2.3 DNA-Analysemethoden**

### **2.3.1 Konzentrationsmessungen**

Die Bestimmung von DNA-Konzentrationen in Lösungen erfolgte photometrisch durch Messung der Absorption (A) bei 260 nm (und 280 nm) Wellenlänge. Dabei gilt:

$$A_{260\text{nm}} = 1 \quad \Rightarrow \quad c_{(\text{DNA})} = 50 \text{ ng}/\mu\text{l}$$

Um Kontaminationen der DNA-Lösungen durch nicht vollständig abgetrennte Proteine vernachlässigen zu können, sollte der Quotient  $A_{260\text{nm}} / A_{280\text{nm}}$  zwischen 1,6 und 2 liegen.

### **2.3.2 Spaltung mit Restriktionsendonukleasen**

#### **Benötigte Lösung:**

**6x AP-Puffer**            0,5 M EDTA, 15 % Ficoll Typ 400 (Amersham Pharmacia),  
0,1 % Bromphenolblau, 0,1 % Xylen-Cyanol, pH 8,0

Spaltungen von DNA mit Restriktionsendonukleasen wurden mit Enzymen der Firmen New England Biolabs oder MBI Fermentas durchgeführt. Dabei wurden die Reaktionsbedingungen den Herstellerangaben entsprechend gewählt und die mitgelieferten Puffersysteme verwendet. Das Reaktionsvolumen wurde der eingesetzten DNA-Menge angepasst, die Wahl der Enzymmenge und Dauer der Reaktion erfolgten so, dass vollständiger Verdau zu erwarten war. Durch Zugabe von 0,2 Vol. 6x AP-Puffer und gegebenenfalls Hitzeinaktivierung des Restriktionsenzym wurden die Reaktionen beendet. Der 6x AP-Puffer wurde gleichzeitig als Auftragspuffer bei der Agarosegelelektrophorese verwendet (Kapitel 2.3.4).

### **2.3.3 Polymerase-Kettenreaktion**

Da die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) die Möglichkeit bietet, definierte Abschnitte aus einer in geringer Menge vorliegenden DNA-Matrize anzureichern, ist sie zu einem Standardverfahren der Molekularbiologie geworden (Saiki et al., 1988). Sind (zumindest) die flankierenden Sequenzen der zu amplifizierenden DNA bekannt, werden dementsprechende Start-Oligonukleotide (*Primer*) konstruiert, an denen eine hitzestabile DNA-Polymerase auf der Matrize ansetzen und den DNA-Abschnitt amplifizieren kann.

Im Rahmen dieser Arbeit wurde die PCR zu folgenden Zwecken eingesetzt:

- Amplifikation bekannter Sequenzen zur Herstellung von DNA-Sonden oder zur Bindung an Nylonmembranen für Hybridisierungsexperimente
- Bestimmung unbekannter DNA zwischen bereits bekannten Abschnitten (Größenbestimmung, Sequenzierung)
- Bestimmung des Integrationspunktes von Plasmiden im *P. aeruginosa* Genom
- Nachweis vermuteter Sequenzen in der DNA-Matrize

Die verwendeten *Primer* sind in den jeweiligen Abschnitten des Abschnittes „Ergebnisse und Diskussion“ beschrieben, die Sequenzen im Anhang beigefügt.

**Benötigte Lösungen:**

<b>PCR-Kit</b>	10x Reaktionspuffer, 50 mM MgCl <sub>2</sub> , Taq-Polymerase (InViTek)
<b>dNTP-Lösung</b>	8 mM (je 2 mM dATP, dCTP, dGTP, dTTP)
<b>DMSO</b>	
<b>5 µM Primer A</b>	
<b>5 µM Primer B</b>	
<b>Paraffin</b>	

Ein entscheidender Faktor für Ausbeute und Reinheit von PCR-Produkten ist die Auswahl der Sequenzen der *Primer*. Bei Amplifikation von *P. aeruginosa* DNA wurden folgende in der Arbeitsgruppe optimierten Kriterien beachtet:

- GC-Gehalt mind. 60 % (aufgrund des hohen GC-Gehalts im *P. aeruginosa* Genom)
- mind. zwei Cytosine/Guanine am 3'-Ende (stabile Hybridisierung)
- keine Palindrome, keine Selbstkomplementarität
- Länge 20 - 25 bp
- Schmelztemperaturen um 60°C oder höher  
(Abschätzen mit der Formel:  $T_m = \Sigma(\text{GC}) \cdot 4^\circ\text{C} + \Sigma(\text{AT}) \cdot 2^\circ\text{C}$ )
- für ein *Primer*-Paar gleiche Schmelztemperatur, keine Komplementarität untereinander
- möglichst keine weiteren gleichen oder ähnlichen Sequenzen in der DNA-Matrize

Standardmäßig wurde für PCR-Reaktionen *Taq*-DNA-Polymerase (InViTek) verwendet.

Reaktionen mit 50 µl Gesamtvolumen wurden nach folgenden Schema angesetzt:

( $T_{\text{Ann}}$  = Hybridisierungstemperatur der Primer, gewählt im Bereich von  $T_m$ ):

4,5 µl	10x Reaktionspuffer (InViTek)
5,0 µl	8 mM dNTPs
5,0 µl	5 µM <i>Primer A</i>
5,0 µl	5 µM <i>Primer B</i>
2,5 µl	DMSO
1,0 µl	50 mM MgCl <sub>2</sub> (1 mM Endkonzentration)
40 – 200 ng	DNA-Matrize (abhängig vom Experiment)
ad 45,0 µl	H <sub>2</sub> O

**Ansatz mit Paraffin überschichten, Denaturierung (95°C, 300 s) und Abkühlen auf  $T_{\text{Ann}}$ , Zugabe von:**

1 U *Taq*-Polymerase in 5 µl 1x Reaktionspuffer  
(= „hot start“)

Bei Ansätzen mit 25 µl oder 100 µl Gesamtvolumen wurden die Volumina der Komponenten entsprechend proportional verändert.

Die Ansätze durchliefen dann folgendes Programm ( $t_{\text{Elong}}$  = gewählte Elongationszeit):

35 x ( $T_{\text{Ann}}$  / 60 s - 72°C /  $t_{\text{Elong}}$  - 92°C/120s)  
1 x ( $T_{\text{Ann}}$  / 60 s - 72°C / 2 ·  $t_{\text{Elong}}$ )



Wegen des hohen GC-Gehalts bildet *P. aeruginosa* DNA verstärkt Sekundärstrukturen. Um dies zu unterdrücken und das Aufschmelzen der DNA für die PCR zu erleichtern, wurden die Ansätze mit dem chaotropen Reagenz DMSO versetzt.

Die Elongationszeit  $t_{\text{Elong}}$  im PCR-Programm wurde den Längen des jeweils erwarteten PCR-Produkts angepasst. Gewählt wurden ca. 60 s pro 800 bp Produktlänge. Im Anschluss an die PCR wurde ein Aliquot des Produkts per Agarosegelelektrophorese auf Größe, Qualität und Ausbeute überprüft. Wenn eine Optimierung der PCR nötig war, wurden individuell  $T_{\text{Ann}}$  (beeinflusst Bindung der *Primer* an die DNA-Matrize) und die  $\text{MgCl}_2$ -Konzentration im Ansatz (beeinflusst Prozessivität und Fehlerrate der Polymerase) variiert, eventuell auch die Menge der DNA-Matrize oder  $t_{\text{Elong}}$ .

Sollten PCR-Produkte sequenziert werden, wurde statt mit der oben beschriebenen *Taq*-Polymerase die PCR mit ‚Goldstar<sup>TM</sup>-DNA-Polymerase‘ (Eurogentec) durchgeführt und das vom Hersteller empfohlene Protokoll verwendet, den Ansätzen allerdings ebenfalls DMSO zugefügt. Diese Polymerase korrigiert z. T. den Einbau falscher Nukleotide in den wachsenden DNA-Strang, d. h. das Produkt enthält weniger Sequenz-Abweichungen gegenüber der Matrize (Fehlerrate der *Taq*-Polymerase (InViTek) laut Hersteller  $2,7 \cdot 10^{-5}$ ).

Bei erwarteten PCR-Produkten über 2,5 kb, wurde das ‚FailSafe<sup>TM</sup> PCR-System‘ (Epicentre), verwendet. Dieses System beinhaltet ein spezielles Gemisch verschiedener DNA-Polymerasen und 12 Reaktionspuffer, mit denen die Amplifikation längerer DNA-Fragmente ermöglicht wird (laut Hersteller bis zu einer Länge von 20 kb). Die Reaktionspuffer sind für verschiedenste Produktlängen und DNA-Matrizen konzipiert. Durch parallel durchgeführte Reaktionen (nach dem Protokoll des Herstellers) wurde dabei zunächst in kleinerem Maßstab der passende Reaktionspuffer ermittelt, um dann mit diesem weitere Werte wie  $t_{\text{Elong}}$  oder  $T_{\text{Ann}}$  zu optimieren. Aufgrund der geringen Fehlerrate des Polymerase-Gemisches waren die mit diesem System generierten Produkte auch für Sequenzierungen geeignet.

### 2.3.4 Agarosegelelektrophorese

Die Auftrennung von Nukleinsäuren per Agarosegelelektrophorese wurde zur Separierung von DNA-Fragmenten nach Restriktionsverdauen und zur Überprüfung der Qualität, Größe und auch Quantität von PCR-Produkten, präparierten Cosmiden und genomischer DNA eingesetzt.

#### **Benötigte Reagenzien:**

<b>Agarose ultrapure</b>	Agarose <i>electrophoresis grade</i> (Gibco BRL), für analytische Agarosegele
<b>NuSieve-GTG-Agarose</b>	Agarose <i>genetic technology grade</i> (FMC), für präparative Agarosegele
<b>TBE-Puffer</b>	0,09 M Tris, 0,09 M Borsäure, 0,002 M EDTA, pH 8,3 – 8,5
<b>6x AP-Puffer</b>	0,5 M EDTA, 15 % Ficoll Typ 400 (Amersham Pharmacia), 0,1 % Bromphenolblau, 0,1 % Xylen-Cyanol, pH 8,0
<b>EtBr-Lösung</b>	1 µg/ml Ethidiumbromid

Je nach Größe der aufzutrennenden DNA-Fragmente wurden Gele mit einem Agarosegehalt von 0,6 – 2,2 % Agarose verwendet, die Größen betragen 5 x 7 cm, 10 x 14 cm oder 20 x 20 cm. Als Puffer für Herstellung der Gele und die Elektrophorese wurde TBE-Puffer verwendet (bei 20 x 20 cm großen Gelen 0,5x TBE). Vor dem Auftragen auf ein Gel wurden die Proben mit 0,2 Vol. 6x AP-Puffer versetzt. Die Elektrophorese erfolgte bei Raumtemperatur mit einer angelegten Feldstärke von 5 – 8 V/cm oder bei langsamer Auftrennung (über Nacht) bei 4°C und einer Feldstärke von 1,5 – 2 V/cm.

Nach Abschluss der Elektrophorese wurden die Gele in EtBr-Lösung gefärbt (20 – 30 min Färben, 2 x 20 min Entfärben in Wasser) und die DNA durch Bestrahlung mit UV-Licht (Wellenlänge 312 nm) auf einem Transilluminator sichtbar gemacht. Zur Dokumentation wurden die Gele mit der fluoreszierenden DNA photographiert.

Mit den Proben wurden im Gel DNA-Größenstandards aufgetrennt. Anhand deren Positionen nach der Elektrophorese konnten die Längen der untersuchten DNA-Fragmente bestimmt werden. Verwendet wurden drei verschiedene Standards mit folgenden Fragmentgrößen [bp]:

$\lambda$ -DNA <i>Bst</i> EII-verdaut (NEB)	$\phi$ X174-DNA <i>Hae</i> II-verdaut (NEB)	pBluescript II KS- (Stratagene) <i>Msp</i> A1I-verdaut
14140	1353	941
(8454)	1078	809
7242	872	518
6369	603	314
(5686)	310	245
4822	281	134
4324	271	
3675	234	
2323	194	
1929	118	
1371	72	
1264		
702		
224		
117		

### **2.3.5 DNA-Sequenzierung**

DNA-Sequenzierungen wurden als externe Aufträge an die Firma Qiagen vergeben, die Sequenzierungen mit > 99 % Genauigkeit („*high quality*“) und mit > 99,99 % Genauigkeit („*de novo publication-ready quality*“) anbietet. Letzteres umfasst für PCR-Produkte oder Fragmente genomischer DNA die Sequenzierung beider Stränge und Abgleichen der Ergebnisse.

„*De novo publication-ready quality*“ wurde für PCR-Produkte, die unbekannte Nukleotidabfolgen enthielten, und für die Sequenzierung der gesamten inserierten DNA von pKSCC-Cosmiden (Cosmide aus Genombibliothek von *P. aeruginosa* C) gewählt. Die Sequenzierung der Cosmide erfolgte nach der „*shot gun*“-Methode, wobei die Cosmid-DNA fragmentiert, in Plasmidvektoren subkloniert und dann sequenziert wird. Die Einzelsequenzen einer entsprechenden Anzahl Plasmide werden zu einer Gesamtsequenz zusammengesetzt, verbliebene Lücken durch die Sequenzen weiterer Plasmide oder von PCR-Produkten geschlossen, bis die Basenabfolge des kompletten Cosmides vorliegt.

„*High quality*“-Sequenzierungen wurden gewählt, wenn nur die Enden der inserierten DNA-Fragmente in den pKSCC-Cosmiden bestimmt werden sollten. Dazu wurde ein „*single read*“ ausgehend von der T3- oder T7-Promotorsequenz des SuperCos 1-Rahmens (Kapitel 2.1.5)

durchgeführt. Durch diesen wurde die Abfolge der ersten 500 – 750 Basen nach den T3- oder T7-Sequenzen bestimmt, welche die Enden der inserierten DNA darstellen.

## 2.4 DNA-DNA-Hybridisierungen

### 2.4.1 DNA-Fixierung auf Membranen

#### „Southern“-Transfer

##### **Benötigte Lösungen:**

<b>Transferpuffer</b>	0,4 M NaOH
<b>Blot-Waschpuffer</b>	50 mM Natriumphosphat, pH 6,5

Durch „Southern“-Transfer (Southern, 1975) wurden gelelektrophoretisch aufgetrennte DNA-Fragmente auf Nylonmembranen (Hybond N<sup>+</sup>-Membran (Amersham Pharmcia)) fixiert, um sie anschließend mit Hybridisierungsreaktionen zu untersuchen. Angewandt wurde der Kapillartransfer unter alkalischen Bedingungen (siehe „*Current Protocols in Molecular Biology*“ (Ausubel, et al., 1987 – 1995)). Als Transferpuffer diente 0,4 M NaOH. Die Dauer des Transfers vom Gel auf die Membran richtete sich nach der Größe der Fragmente und betrug 12 – 36 h bei konventionellen Agarosegelen sowie 72 h bei WFGE-Gelen (hochmolekulare DNA). Nach Ende des Transfers wurde die Membran 5 min in Blot-Waschpuffer neutralisiert und getrocknet. Durch 1 min Bestrahlung mit UV-Licht (UV-Crosslinker, Stratagene) wurden die DNA-Fragmente irreversibel auf der Membran fixiert.

#### „Dot blotting“ von DNA-Lösungen

##### **Benötigte Lösungen**

<b>3 M NaOH</b>	
<b>TE-Puffer</b>	10 mM Tris/HCl, 1 mM EDTA, pH 8,0
<b>1 M Ammoniumacetat</b>	
<b>3 M Ammoniumacetat + Farbstoff</b>	3 M Ammoniumacetat, 0,01 % Xylencyanol

Um PCR-Produkte als Sonden direkt auf Nylonmembranen zu übertragen, wurde eine sog. „*Minifold-Dot-Vakuum-Blot-Apparatur*“ (Schleicher & Schüll) verwendet. Mit Hilfe dieser Apparatur lassen sich die DNA-haltigen Lösungen in 96 Bohrungen (angeordnet wie bei einer 96-well-Platte (Greiner)) auf eine eingespannte Membran auftragen.

In 96-well-Platten wurden 50 µl PCR-Produkt mit 85 µl TE-Puffer und 15 µl 3M NaOH versetzt, 30 min bei 65°C denaturiert und dann auf Eis abgekühlt. In die *Dot-Blot*-Apparatur wurde eine mit 1 M Ammoniumacetat angefeuchtete Membran (Hybond N<sup>+</sup> (Amersham Pharmacia)) eingespannt. Die denaturierten DNA-Lösungen wurden mit 100 µl 3 M Ammoniumacetat + Farbstoff versetzt und 2 min bei RT inkubiert. In die Bohrungen der Apparatur wurden mit einer Mehrkanalpipette 100 µl Aliquots dieser Ansätze gegeben (entspricht 20 µl des eingesetzten PCR-Produkts). Die Bindung der DNA an die Membran erfolgte durch Anlegen eines leichten Vakuums an die Apparatur, so dass die Flüssigkeit durch die Membran gesaugt wird und die denaturierte DNA an der Membran haften bleibt. Durch die Bohrungen der Apparatur wurde gewährleistet, dass die bis zu 96 DNA-Proben in Form von Punkten („dots“) separat lokalisiert waren (Überprüfung mit Hilfe des beigegefügt Farbstoffs). Nach kurzem Trocknen der Membran wurde die DNA durch UV-Bestrahlung irreversibel fixiert (siehe „Southern“ Transfer, Kapitel 2.4.1).

#### „Dot blotting“ von DNA aus Bakterienzellen

##### **Benötigte Lösungen**

##### **LB-Amp-Medium**

LB-Medium (siehe 2.1.2) mit Ampicillin (100 µg/µl)

##### **2,5 M NaOH**

##### **1 M Ammoniumacetat**

**3 M Ammoniumacetat + Farbstoff** 3 M Ammoniumacetat, 0,01 % Xylencyanol

Um viele pKSCC-Cosmide der *P. aeruginosa* C Genombibliothek parallel mit DNA-DNA-Hybridisierungen untersuchen zu können, wurde diese DNA ebenfalls auf Hybond N<sup>+</sup>-Membranen fixiert. 1536 Cosmide dieser Bank lagen „geordnet“ vor, d. h. 1536 Cosmid-tragende *E. coli* Stämme waren als Einzelkolonien kultiviert worden.

Aus den dazugehörigen Dauerkulturen wurden diese Stämme in 96-well-Platten in LB-Amp-Medium über Nacht bei 37 °C angezogen. Zur Lyse der Bakterienzellen und zum Denaturieren der DNA wurden jeweils 150 µl Kultur mit 37,5 µl 2,5 M NaOH versetzt (0,5 M Endkonzentration) und mind. 60 min bei 65°C denaturiert. Nach Abkühlen auf Eis wurden 112,5 µl 3 M NH<sub>4</sub>-acetat + Farbstoff zugegeben. Die Auftragung der DNA auf die Membranen mit Hilfe der *Dot-Blot*-Apparatur und die weitere Behandlung der Membranen erfolgte wie im oberen Abschnitt „Dot blotting von DNA-Lösungen“ beschrieben. Aufgetragen wurden pro Bohrung 100 µl der DNA-Lösung (entspricht 50 µl eingesetzter Bakterienkultur). Auf diese Weise wurden 16 verschiedene Membranen mit *dots* für jeweils 96 Cosmide generiert. Die genomische DNA der *E. coli* Wirtsstämme war im Laufe des

Verfahren nicht abgetrennt worden war und stellte in den *dots* eine Kontamination der Cosmid-DNA dar.

#### **2.4.2 Digoxigenin-Markierung von DNA**

##### Generierung DIG-markierter DNA mit der „random primed labeling“-Methode

Um DNA-DNA-Hybridisierungen auf Nylonmembranen detektieren zu können, wurden einzelsträngige DNA-Fragmente erzeugt und gleichzeitig mit Digoxigenin (DIG) markiert. Diese Fragmente wurden standardmäßig mit der „random primed labeling“-Methode generiert (Feinberg & Vogelstein, 1983). Dabei dienen Hexanukleotide aus Kalbsthymus als *Primer*, die statistisch verteilt an die Matrize binden und von einer Polymerase verlängert werden. Eingebaut werden dabei dNTPs aus einem Gemisch, bei dem 1/3 des dTTP durch DIG-dUTP ersetzt ist.

##### **Benötigte Reagenzien**

**10x Hexanucleotid-Gemisch (Roche)**

**10x DIG-dUTP-Labeling Mix (Roche)**

**2 U/µl Klenow-Polymerase (Roche)**

Als Matrize wurden genomische DNA, PCR-Produkte oder isolierte Restriktionsfragmente verwendet. Die DNA-Lösung wurde mit H<sub>2</sub>O auf ein Volumen von 15 µl aufgefüllt, 4 min bei 94°C denaturiert und auf Eis abgeschreckt. Nach Zugabe von 2 µl Hexanukleotid-Gemisch, 2 µl DIG-dUTP-labeling Mix und 1 µl Klenow-Polymerase wurden die Ansätze über Nacht bei 37°C inkubiert.

##### Sonden-Generierung mit asymmetrischer PCR

Sonden, die die Enden von pKSCC-Cosmid-Inserts repräsentierten, wurden alternativ mit einem auf asymmetrischer PCR basierenden Verfahren generiert (etabliert durch Dr. K. D. Larbig, Dissertation, 2001). Dabei wurde jeweils ein *Primer* verwendet, der zu der T3- oder T7-Promotorsequenz auf dem SuperCos1-Rahmen der Cosmide (siehe Kapitel 2.1.5) komplementär ist. In den Cosmiden liegen diese Promotorsequenzen unmittelbar neben den inserierten DNA-Fragmenten (siehe Kapitel 2.1.4). In jedem PCR-Zyklus wurde der gewählte Primer daher immer um Nukleotidabfolgen (maximal 2 kb) verlängert, die der Endsequenz der inserierten DNA entsprechen. Im Gegensatz zur normalen PCR wurde der *Primer* in erhöhter Konzentration eingesetzt und ein dNTP-Gemisch verwendet, das auch DIG-dUTP

enthält. Da statt exponentieller nur lineare Amplifikation der DNA erfolgte, wurde die Anzahl der PCR-Zyklen auf 60 erhöht.

#### **Benötigte Lösungen:**

<b>PCR-Kit</b>	10x Reaktionspuffer, 50 mM MgCl <sub>2</sub> , Taq-Polymerase (InViTek)
<b>DIG-PCR Labeling Mix</b>	8 mM dNTPs mit 0,1 mM DIG-dUTP (Roche)
<b>DMSO</b>	
<b>5 μM Primer</b>	T3- oder T7-Primer (Sequenzen siehe Anhang)
<b>Paraffin</b>	

Reaktionsansatz (50 μl):

- 4,5 μl 10x Reaktionspuffer
- 3,0 μl MgCl<sub>2</sub>
- 5,0 μl DIG-PCR Labeling Mix
- 10,0 μl *Primer* (T3- oder T7-)
- 2,5 μl DMSO
- 200 ng Cosmid-DNA
- ad 45 μl H<sub>2</sub>O

**Ansatz mit Paraffin überschichten, Denaturierung (95°C, 420 s) und Abkühlen auf T<sub>Ann</sub>, Zugabe von:**  
2,5 U *Taq*-Polymerase in 5 μl 1x Reaktionspuffer  
(= „hot start“)

PCR-Programm: 60 x (T<sub>Ann</sub> / 120 s - 72°C / 120 s - 92°C/120s)  
1 x (T<sub>Ann</sub> / 120 s - 72°C / 240 s)

#### **2.4.3 Aufreinigung Digoxigenin-markierter DNA**

DIG-markierte DNA wurden nach der Generierung generell über Sephadex G-50 Säulen aufgereinigt, um nicht inkorporierte dNTPs, Hexanukleotide usw. zu entfernen.

#### **Benötigte Reagenzien:**

<b>TE-Puffer</b>	10 mM Tris/HCl, pH 8,0
<b>Sephadex G-50</b>	in TE-Puffer äquilibriert
<b>Farbstoffgemisch</b>	0,8 % Dextranblau (Serva, 2 · 10 <sup>6</sup> g/mol), 0,5 % Phenolrot (376 g/mol), gelöst in TE-Puffer

Sephadex G-50 Säulen (Durchmesser 0,5 cm, Länge 6 cm) wurden mit TE-Puffer äquilibriert und trocken zentrifugiert (45 s, 1000 g). Die Ansätze aus der Markierungsreaktion wurden mit 8 μl Farbstoffgemisch versetzt, mit TE-Puffer auf ein Volumen von 250 μl aufgefüllt und auf die Säulen aufgetragen. Durch Zentrifugation (30 s, 1000 g) wurden die DIG-markierten DNA-Fragmente zusammen mit dem Dextranblau eluiert, die dNTPs, Hexanukleotide usw. blieben mit dem Phenolrot auf der Säule. Die aufgereinigten wurden bis zum Gebrauch bei -20°C gelagert.

#### 2.4.4 Hybridisierung von DIG-markierter DNA auf DNA-Membranen

Durch Hybridisierungsreaktionen wurden spezifische Fragmente membrangebundener DNA mit DIG-DNA-Fragmente markiert. Die DNA-tragende Membran wurde bei einer ausgewählten Hybridisierungstemperatur inkubiert, um die markierten Fragmente an die fixierten DNA-Stränge zu binden. Unspezifisch gebundene DIG-DNA wurde durch anschließende Waschschrte entfernt.

##### **Benötigte Lösungen:**

<b>Prähybridisierungspuffer</b>	0,5 Na-phosphat, 7 % SDS, 1 mM EDTA, 0,5 % <i>Blocking-Reagenz</i> (Roche), pH 7,2
<b>Waschlösung</b>	40 mM Na-phosphat, 1 % SDS, 1 mM EDTA, pH 7,2

Zur Blockierung unspezifischer Bindungsstellen wurden die DNA-beladenen Membranen 2 – 16 h bei 68°C in Prähybridisierungspuffer (ca. 10 ml Puffer / 100 cm<sup>2</sup> Membran) unter Rotation im Hybridisierungs-ofen (Bachofer) inkubiert. Die markierte DNA wurde in 10 ml Prähybridisierungspuffer aufgenommen und mit der Membran weitere 24 – 48 h bei 68°C inkubiert. Nach Entfernung der Lösung mit der markierten DNA wurden die Membranen mind. zweimal 30 – 45 min bei 68°C mit Waschlösung inkubiert. Auf den gewaschenen Membranen erfolgte dann die Detektion der hybridisierten DIG-DNA (siehe folgender Abschnitt). Die benutzte Lösung mit der markierten DNA konnte für eventuelle weitere Anwendungen bei -20°C gelagert werden.

#### 2.4.5 Detektion Digoxigenin-markierter DNA

##### **Benötigte Lösungen:**

<b>Puffer I</b>	100 mM Tris/HCl, 150 mM NaCl, pH 7,5
<b>Puffer II</b>	Puffer I + 0,5 % <i>Blocking-Reagenz</i> (Roche)
<b>Puffer III</b>	100 mM Tris/HCl, 100 mM NaCl, 50 mM MgCl <sub>2</sub> , pH 9,5
<b>Anti-Digoxigenin-AP-Konjugat</b>	Anti-Digoxigenin-Antikörper (Fab-Fragmente), an Alkalische Phosphatase gekoppelt (Roche), Stammlösung 1 : 5000 in Puffer II verdünnt
<b>CDP-Star<sup>TM</sup></b>	Stammlösung (12,5 mM, Tropix), 1 : 500 in Puffer III verdünnt

Die Detektion der DIG-markierten Fragmente auf den DNA-Membranen nach der Hybridisierungsreaktion erfolgte in Anlehnung an ein publiziertes Protokoll (Allefs et al., 1990). Dabei wurden an die DIG-Markierung Anti-Digoxigenin-Antikörper gebunden, an die



Alkalische Phosphatase gekoppelt war. Durch die Alkalische Phosphatase (AP) erfolgte die Spaltung eines Chemolumineszenz-Substrat (CDP-Star<sup>TM</sup>), diese Reaktionen wurde mit Hilfe von Röntgenfilmen detektiert. Alle Schritte wurden bei Raumtemperatur durchgeführt.

Die gewaschene Membran wurde dazu 5 min in Puffer I äquilibriert, durch 30 - 60 min Inkubation in Puffer II wurden unspezifische Bindungsstellen abgesättigt. Die Inkubation mit dem Anti-Digoxigenin-AP-Konjugat erfolgte für 30 – 60 min unter ständigem Schütteln (mind. 4 ml Antikörperlösung pro 100 cm<sup>2</sup> Membran). Nach dreimaligem Waschen in Puffer I (je 15 min) wurde die Membran 5 min in Puffer III für die anschließende Enzymreaktion der Alkalischen Phosphatase äquilibriert. Die Inkubation mit der verdünnten CDP-Star<sup>TM</sup>-Lösung erfolgte für 5 – 10 min, die Membran wurde dann in Plastikfolie eingeschweißt. Die Detektion der Chemolumineszenz-Signale erfolgte durch Exposition von Röntgenfilmen (Typen „X-OMAT<sup>TM</sup> AR“ oder „Bio-MAX MR“ (Kodak)).

#### **2.4.6 Regeneration von hybridisierten DNA-Membranen**

##### **Benötigte Lösungen:**

**Stripping-Puffer** 0,2 M NaOH, 0,1 % SDS  
**Blot-Waschpuffer** 50 mM Na-phosphat, pH 6,5

Mit DIG-markierter DNA hybridisierte Membranen können für weitere Experimente regeneriert werden, indem sie zweimal 30 min in *Stripping*-Puffer gewaschen wurden. Die alkali-labile Bindung des Digoxigenins an dUTP zerfällt in diesem Puffer, so dass das Digoxigenin (und gebundener Antikörper) freigesetzt wurden.

Die Membranen wurden nach dieser Behandlung gründlich mit H<sub>2</sub>O gewaschen, um das SDS zu entfernen, 5 min in Blot-Waschpuffer neutralisiert, in Plastikfolie eingeschlagen und bei – 20°C gelagert. Waren besonders starke Signale detektiert worden, wurde die Anzahl der Waschschrte mit *Stripping*-Puffer erhöht.

Da durch diese Behandlung zwar die DIG-Markierungen, nicht aber die hybridisierte DNA selbst von der auf der Membran fixierten DNA gelöst werden, nimmt die Zahl der Bindungsplätze für neue Fragmente bei mehrmaliger Wiederverwendung stetig ab. Die Membranen können daher nicht beliebig oft regeneriert werden.

#### **2.4.7 Quantifizierung von Chemolumineszenzsignalen**

Nach der Hybridisierung von *dot blots* mit markierter genomischer DNA oder cDNA im Rahmen von Epidemiologie- und Transkriptionsanalysen sollten die detektierten Signale auch quantitativ miteinander verglichen werden. Dazu wurden von den exponierten Röntgenfilmen

mit einem Durchlichtscanner Bild-Dateien angefertigt, die mit dem Programm PCBAS (Version 2.09f) analysiert werden konnten. Mit dieser Software konnte die Intensität der Schwärzung definierter Flächen von Bilddateien gemessen werden. Die Expositionsdauer der Röntgenfilme wurde daher möglichst so gewählt, dass unterschiedliche Intensitäten der Chemolumineszenz als unterschiedliche Graustufen auf den Filmen erkennbar waren. Für jeden Punkt eines *dot blots* wurde der Software eine gleich große zu messende Fläche vorgegeben. Dadurch wurden für alle 96 Punkte Werte für deren Schwärzung generiert, mit denen die Intensität der detektierten Signale bewertet werden konnten. Um diese Rohdaten vergleichen zu können, mussten die Intensitätswerte in mehreren Schritten editiert werden.

Die gemessenen Schwärzungswerte der DNA-Punkte auf den Röntgenfilmen setzten sich additiv aus dem eigentlichen Hybridisierungssignal und der unspezifischen Schwärzung der gesamten Fläche zusammen. Dieser Hintergrund unterschied sich von Experiment zu Experiment. Daher wurden mit dem Programm PCBAS zusätzlich zu den Schwärzungen der 96 DNA-Punkte auch die von weiteren Punkten gleicher Größe gemessen, die DNA-freie Bereiche der *dot blot* Membranen repräsentierten. Für jedes Experiment wurden diese Hintergrundwerte von den Signalwerten der DNA-Punkte abgezogen.

Die so generierten Werte für die Signalintensitäten stellten Absolutwerte dar, die von der Expositionsdauer des Röntgenfilms und der Qualität der verwendeten DIG-markierten DNA abhingen.

Das grundlegende Verfahren, nach dem die Daten weiter editiert wurden, ist im folgenden kurz beschrieben. Eine genauere Darstellung der einzelnen Schritte erfolgt im dementsprechenden Ergebniskapitel (siehe Kapitel 5.5.1).

Um generell die Daten aus verschiedenen Experimenten miteinander vergleichen zu können, wurden die Absolutwerte in relative Signalintensitäten umgewandelt.

Bei Epidemiologie-Analysen mit Hilfe der *dot blot* Membranen wurde aus den Absolutwerten für die Punkte, die als positives Signal definiert wurden, die mittlere Signalintensität für jedes Experiment ermittelt. Für jeden Punkt konnte dann das Verhältnis des jeweiligen absoluten Wertes zur mittleren Signalintensität als relatives Signalverhältnis angegeben.

Bei Transkriptionsanalysen mit Hilfe der *dot blot* Membranen wurden die absoluten Signalintensitäten nicht gegen die mittlere Signalintensität verrechnet. Stattdessen wurden für die einzelnen Punkte die relativen Verhältnisse ihrer Signale zu dem eines bestimmten Punktes ermittelt. In diesem Punkt war ein PCR-Produkt aufgetragen, das ein Kontrollgen mit bekanntem Transkriptionsstatus repräsentierte. Durch die relativen Signalintensitäten

konnte die Transkription der analysierten Gene mit dem Status dieses Kontrollgens verglichen werden

Für Vergleiche der Signalintensitäten der verschiedenen Punkte auf einer *dot blot* Membran untereinander war noch eine Standardisierung erforderlich, die die unterschiedlichen „Bindungseigenschaften“ der 96 Punkte berücksichtigte. Aufgetragen worden waren PCR-Produkte unterschiedlicher Länge und Qualität, außerdem war die DNA-Menge pro Punkt nicht konstant. So würden selbst bei vergleichbaren Mengen angebotener markierter DNA auf jedem Punkt unterschiedlich viele Fragmente hybridisieren. Daher musste für jeden Punkt ein individuelles „Standardsignal“ ermittelt werden, gegen das die Signalintensitäten aus den verschiedenen Experimenten verrechnet wurden.

Die PCR-Produkte in diesen Punkten repräsentierten Abschnitte der ORFs aus der Geninsel PAGI-2(C). Diese Geninsel liegt mit 99,97 % Sequenzidentität auch im Genom von *Ralstonia metallidurans* CH34 vor (Larbig et al., 2002; siehe auch Kapitel 6.1), weist aber keine Ähnlichkeiten mit anderen Bereichen in diesem Genom auf. Die Hybridisierung der *dot blot* Membranen mit DIG-markierter genomischer DNA dieses Stammes lieferte daher die individuellen „Standardsignale“ für die 96 Punkte auf den Membranen.

## **2.5 Wechselfeldgelelektrophorese und Makrorestriktionsanalyse**

Mit Hilfe der Wechselfeldgelelektrophorese (WFGE) (Schwarz u. Cantor, 1984) können DNA-Fragmente bis hin zu einer Größe von 9 Mb separiert werden, wodurch die Auftrennung und Analyse vollständiger Bakteriengenome in linearisierter oder entsprechend fragmentierter Form ermöglicht wird (Smith et al., 1987). Bei der WFGE erfolgt eine periodisch wechselnde Ausrichtung des elektrischen Feldes, das das Gel umgibt. Die DNA-Moleküle im Gel richten sich bei jedem Feldwechsel neu aus. Die Neuausrichtung dauert umso länger, je größer das DNA-Molekül ist, und desto kürzer ist die Wanderungstrecke, die die DNA bis zum nächsten Feldwechsel zurücklegt. Welcher Größenbereich bevorzugt aufgetrennt wird, hängt u. a. von der Dauer der Zeitintervalle zwischen den Feldwechseln, der Feldstärke und der Agarosekonzentration im Gel ab, sowie vom gewählten Elektrophoresepuffer und seiner Ionenstärke, von der Temperatur und vom Winkel zwischen den alternierenden elektrischen Feldern (Birren et al., 1998).

### **2.5.1 Präparation von bakterieller DNA in Agaroseblöckchen**

Voraussetzung für eine Restriktionsanalyse mit Hilfe der WFGE ist, dass die zu analysierende DNA intakt bleibt und vor Scherkräften geschützt wird. Vor der Lyse und der Freisetzung der DNA werden die Bakterienzellen daher in Agaroseblöckchen eingebettet. Die Enzyme für den Zellaufschluss und später auch für Restriktionsverdau der DNA lässt man in diese Blöckchen eindiffundieren.

#### **Benötigte Reagenzien:**

<b>LB-Medium</b>	siehe Kapitel 2.1.2
<b>SE-Puffer</b>	75 mM NaCl, 25 mM EDTA, pH 7,4
<b>2 % LG-Agarose Lösung</b>	2 % <i>low gelling</i> (LG) Agarose in SE-Puffer, 45°C
<b>ES-Puffer</b>	0,5 M EDTA, 1 % N-Lauryl-Sarkosin (Serva), pH 9,5 sterilfiltriert, vor Gebrauch Zusatz von 1 mg/ml Proteinase K
<b>ET-Puffer</b>	10 mM EDTA, 10 mM Tris/HCl, pH 8,0

Aus einer Übernachtskultur wurden Bakterienzellen abzentrifugiert (10 min, 3000 g) und in SE-Puffer gewaschen. Mit frischem SE-Puffer wurden Bakteriensuspensionen mit definierter Zelldichte ( $1 \cdot 10^{10}$  Zellen/ml oder  $2,5 \cdot 10^{10}$  Zellen/ml) erstellt, die in Aliquots von je 200 µl kurz auf 45°C erwärmt wurden. Die Aliquots wurden mit je 200 µl auf 45°C temperierter 2% LG-Agarose-Lösung versetzt und sofort auf die Vertiefungen (60 µl Volumen;  $10 \cdot 1 \cdot 6$  mm) einer Blöckchengießvorrichtung verteilt. Nach dem Aushärten der Agarose (1 h Inkubation bei 4°C) wurden jeweils 5 Blöckchen in 1 ml ES-Puffer gegeben. In diesem Puffer erfolgte der Zellaufschluss durch 48 h Inkubation bei 56°C, wobei nach 24 h der ES-Puffer erneuert wurde. Die Blöckchen wurden in ET-Puffer überführt und bis zur Verwendung bei 4°C gelagert (Protokoll nach Grothues u. Tümmler, 1987)

### **2.5.2 Restriktionsverdau von DNA in Agaroseblöckchen**

Im Rahmen dieser Arbeit wurde mit Hilfe der WFGE das Restriktionsfragment SpB von *P. aeruginosa* C (zweitgrößtes Fragment bei Verdau der genomischen DNA mit dem selten schneidenden Enzym *SpeI*) untersucht, für das in früheren Arbeiten (Larbig K. D., Dissertation, 2001) eine Größe von 489 kb bestimmt worden war. Daher wurde die genomische DNA in Agaroseblöckchen mit *SpeI* totalverdaut. Sollte die DNA noch mit einem zweiten Restriktionsenzym totalverdaut werden, wurde ein Doppelverdau mit beiden Enzymen gleichzeitig durchgeführt. Sollte das SpB-Fragment mit anderen Enzymen teilweise geschnitten werden, erfolgte nach dem *SpeI*-Verdau noch 60-minütige Partialverdau der DNA mit den jeweiligen Enzymen.

**Benötigte Lösungen:**

<b>ET-Puffer</b>	10 mM EDTA, 10 mM Tris/HCl, pH 8,0
<b><i>SpeI</i>-Puffer</b>	50 mM NaCl, 10 mM Tris/HCl, 10 mM MgCl <sub>2</sub> , pH 7,5 (wie 1x Puffer NEB 2 (New England Biolabs), nur ohne DTT)
<b>Puffer NEB 4</b>	1: 10 Verdünnung des 10x Puffers NEB 4 (New England Biolabs)
<b>0,5 M DTT</b>	0,5 M Dithiotreitol in H <sub>2</sub> O, sterilfiltriert
<b>100x BSA</b>	10 mg/ml Rinderserumalbumin (New England Biolabs)

Totalverdau mit *SpeI* und einem weiteren Restriktionsenzym:

Durchgeführt wurden folgende Totalverdaue mit folgenden Enzymkombinationen und

- Reaktionspuffern:
- a) *SpeI* / *XbaI* in *SpeI*-Puffer
  - b) *SpeI* / *SnaBI* in Puffer NEB 4
  - c) *SpeI* / *HpaI* in Puffer NEB 4

Die benötigten Agaroseblöckchen (Ausgangszelldichte  $1 \cdot 10^{10}$  Zellen/ml) wurden auf einer sterilen Unterlage vorsichtig zerteilt. Für jeden Verdau wurde ein halbes Blöckchen einmal 30 min in frischem ET-Puffer und dreimal 30 min im jeweiligen Reaktionspuffer äquilibriert. Dann wurden die entsprechenden Blöckchen in folgenden Reaktionsansatz gegeben:

- a) 80 µl *SpeI*-Puffer, 1 µl 0,5 M DTT, 0,8 µl 100x BSA, 20 U *SpeI* + 40 U *XbaI*
- b) 80 µl Puffer NEB 4, 0,8 µl 100x BSA, 25 U *SpeI* + 10 µl *SnaBI*
- c) 80 µl Puffer NEB 4, 0,8 µl 100x BSA, 25 U *SpeI* + 12,5 U *HpaI*

Der Verdaue erfolgten für 16 h bei 37°C und wurden durch Zugabe von je 1 ml ET-Puffer abgestoppt. Die Blöckchen wurden kurz danach auf das Wechselfeldgel aufgetragen.

Totalverdau mit *SpeI* und Partialverdau mit einem weiteren Restriktionsenzym:

Verwendet wurden Agaroseblöckchen mit einer Ausgangszelldichte von  $2,5 \cdot 10^{10}$  Zellen/ml. Für jeden Verdau wurde ein halbes Blöckchen einmal 30 min in ET-Puffer und dreimal 30 min in *SpeI*-Puffer äquilibriert und dann in 16 h bei 37°C in folgendem Reaktionsansatz totalverdaut (danach nicht mit ET-Puffer abgestoppt!):

- 80 µl *SpeI*-Puffer, 1 µl 0,5 M DTT, 0,8 µl 100x BSA, 20 U *SpeI*

Für die folgenden Partialverdau wurden Verdünnungen der jeweiligen Enzyme hergestellt. Verwendet wurden:

- a) *EcoRI* (Verdünnung auf 0,5 U/ $\mu$ l in *SpeI*-Puffer)
- b) *NotI* (Verdünnung auf 2,5 U/ $\mu$ l in *SpeI*-Puffer)
- c) *XbaI* (Verdünnung auf 2,0 U/ $\mu$ l in *SpeI*-Puffer)

Festgelegte Volumina (für definierte Enzymmengen) dieser Verdünnungen wurden in die Ansätze mit den *SpeI*-totalverdauten DNA-Blöckchen gegeben.

Partialverdau	<i>EcoRI</i>		<i>NotI</i>		<i>XbaI</i>	
	Vol. [ $\mu$ l]	Menge	Vol. [ $\mu$ l]	Menge	Vol. [ $\mu$ l]	Menge
1	0,25	0,125 U	0,7	1,75 U	1	2 U
2	0,65	0,325 U	1,4	3,5 U	4	8 U
3	1,5	0,75 U	2,4	6 U		
4	4	2 U	4	10 U		

Die Ansätze wurden zunächst 30 min auf Eis und dann 60 min bei 37°C inkubiert. Nach Abstoppen der Partialverdau durch Zugabe von je 900  $\mu$ l ET-Puffer wurden die Blöckchen sofort auf das Wechselfeldgel aufgetragen.

### 2.5.3 Durchführung der Wechselfeldgelelektrophorese

#### **Benötigte Reagenzien:**

<b>Agarose Ultrapure</b>	Agarose <i>electrophoresis grade</i> (Gibco BRL)
<b>10x TBE</b>	0,9 M Tris, 0,9 M Borsäure, 0,02 mM EDTA, pH 8,3 – 8,5
<b>ET-Puffer</b>	10 mM EDTA, 10 mM Tris/HCl, pH 8,0
<b>EtBr-Lösung</b>	1 $\mu$ g/ml Ethidiumbromid

Im Rahmen dieser Arbeit wurde eine CHEF DR<sup>III</sup>-Apparatur (*contour-clamped homogenous electric field*-Apparatur) der Firma BioRad verwendet. In der Elektrophoresekammer ist das Gel hexagonal von 24 Elektroden umgeben, die angelegten homologen elektrischer Felder können in Winkeln zwischen von 80° und 160° reorientiert werden.

Verwendet wurden 20 x 20 cm große Gele mit 1,5 % Agarosekonzentration in 0,5x TBE. Die Agaroseblöckchen mit der verdauten DNA wurden vorsichtig in die mit ET-Puffer gefüllten Taschen im Gel gegeben und die Taschen daraufhin mit 1,5 % Agaroselösung verschlossen.

Als Elektrophoresepuffer wurde 0,5x TBE verwendet. Vor Beginn der Elektrophorese wurde das Gel 30 min in 0,5x TBE äquilibriert.

Die Elektrophoresebedingungen waren innerhalb der Arbeitsgruppe in früheren Experimenten für Auftrennung in verschiedenen Größenbereichen optimiert worden. Um 20 – 300 kb große Restriktionsfragmente aufzutrennen, wurde die WFGE mit folgenden Bedingungen durchgeführt:

Dauer	50 h
angelegte Feldstärke	120 V
Zeitintervalle bis Feldwechsel	5 s – 40 s
Änderung der Zeitintervalle	linear
Winkelverhältnis der Feldwechsel	120°
Temperatur	9,5°C

Zur Detektion der DNA-Fragmente wurde das Gel im Anschluss 60 min in EtBr-Lösung gefärbt, dreimal 45 min in H<sub>2</sub>O entfärbt und unter UV-Bestrahlung photographiert. Zum spezifischen Nachweis einzelner Fragmente in Hybridisierungsexperimenten erfolgte anschließend ein *Southern*-Transfer der DNA auf Hybond N<sup>+</sup>-Membran (siehe Kapitel 2.4.1).

### 2.5.4 Molekulargewichtsstandards für die Wechselfeldgelelektrophorese

Um die Größen von DNA-Fragmenten im Wechselfeldgel bestimmen zu können, wurden parallel Proben mit bekannten Größen aufgetragen. Verwendet wurden dafür *SpeI*-geschnittene genomische DNA von *P. aeruginosa* PAO1 und C, Oligomere der  $\lambda$ -Phagen-DNA (Vielfache von 48,5 kb) sowie *BstEII*-verdaute  $\lambda$ -DNA (Fragmentgrößen siehe Kapitel 2.3.4). Die *SpeI*-Verdaue der DNA der Stämme PAO1 und C erfolgten nach dem im Kapitel 2.5.3 beschriebenen Verfahren. Im folgenden sind die Größen der *SpeI*-Fragmente über 10 kb angegeben, wie sie in WFGE-Experimenten bestimmt worden waren (K. D. Larbig, Dissertation, 2001). Allerdings hatte sich nach Veröffentlichung der PAO1-Genomsequenz ([www.pseudomonas.com](http://www.pseudomonas.com)) herausgestellt, dass für diesen Stamm die tatsächlichen Fragmentgrößen z. T. um mehr als 10 % über den WFGE-ermittelten Größen lagen. Für PAO1-Fragmente sind daher beide Größen angegeben.

<i>P. aeruginosa</i> PAO1 <i>SpeI</i> -Fragmente [kb]			<i>P. aeruginosa</i> PAO1 <i>SpeI</i> -Fragmente [kb]			<i>P. aeruginosa</i> C <i>SpeI</i> -Fragmente [kb]		<i>P. aeruginosa</i> C <i>SpeI</i> -Fragmente [kb]	
	WFGE	Seq.		WFGE	Seq.		WFGE		WFGE
A	517	539,9	S	133	148,8	A	640	U	123
B	451	460,4	T	126	139,6	B	489	V	97
C	412	423,9	U	114	125	C	439	W	83
D	377	390,8	V	82	96,9	D	403	X	66
E	377	386,9	W	79	93,8	E	397	Y	55
F	326	337,3	X	57	67,1	F	314	Z	55
G	304	315,1	Y	50	61,5	G	301	AA	46
H	293	306,2	Z	45	52	H	264	AB	43
I	258	273,5	AA	40	43,4	I	235	AC	36
J	238	250	AB	36	36,9	J	234	AD	34
K	231	244,5	AC	33	34,7	K	233	AE1	32
L	211	226,5	AD	31	33,8	L	225	AE2	31
M	201	215,2	AE	28	29,2	M	213	AF	29
N	169	182,9	AF	23	25	N	198	AG1	26
O	166	181,8	AG	21	23,6	O	166	AG2	26
P	160	170,3	AH	19	20,5	P1	160	AH	25
Q	148	158,8	AI	11	10,5	P2	160	AI	21
R	147	158,1				Q	155	AJ	19
						R	135	AK1	15
						S	127	AK2	15
						T	127		



## 2.6 Arbeiten mit RNA und Transkriptionsanalyse

### 2.6.1 Vorbehandlung von Lösungen und Geräten

#### Benötigte Lösung:

#### Diethylpyrocarbonat (DEPC)

Um RNase-Kontaminationen bei Arbeiten mit bakterieller RNA zu vermeiden, wurden Lösungen, Geräte und Verbrauchsmaterial, soweit möglich, 60 min bei 121°C autoklaviert. Nicht autoklavierbare Geräte wurden mit 70 % EtOH oberflächensterilisiert und mit zweifach bidestilliertem H<sub>2</sub>O gesäubert. Metallgeräte wurden mit 70 % EtOH gespült und anschließend abgeflammt. Glasgeräte für RNase-freies Arbeiten wurden 5 h bei 250°C hitzebehandelt. Eventuelle RNasen in wässrigen Lösungen wurden durch Behandlung mit DEPC inaktiviert. Dazu wurden die Lösungen mit 0,05 % DEPC versetzt und über Nacht bei 37°C inkubiert, das DEPC wurde durch nachfolgendes Autoklavieren (30 min, 121°C) zersetzt. Tris- und Acetat-haltige Lösungen wurden mit DEPC-vorbehandeltem H<sub>2</sub>O angesetzt. Agarosegelkammern wurden 15 min mit 3 % H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> behandelt und mit 70 % EtOH nachgespült.

### 2.6.2 Isolierung von Gesamt-RNA aus *P. aeruginosa*

#### Benötigte Lösungen:

<b>VB-Medium</b>	siehe Kapitel 2.1.2
<b>Lysis-Puffer</b>	2 % SDS, 30 mM Na-acetat, 3 mM EDTA, pH 5,5
<b>Phenol</b>	H <sub>2</sub> O-äquilibriert, pH 4,5 – 5,5
<b>Chloroform</b>	Chloroform + Isoamylalkohol (Verhältnis 24 : 1)
<b>Phenol/Chloroform</b>	Phenol + Chloroform + Isoamylalkohol (Verhältnis 25 : 24 : 1)
<b>3M Na-Acetat</b>	pH 5,5
<b>EtOH</b>	
<b>10x DNase-Puffer</b>	500 mM Na-Acetat, 100 mM MgCl <sub>2</sub> , 20 mM CaCl <sub>2</sub> , pH 6,5
<b>DNase</b>	DNase, RNase-frei (Roche), 10 U/μl
<b>RNase-Inhibitor</b>	RNasin (Promega) oder SUPERaseIn (Ambion)

Das verwendete Verfahren stellt eine modifizierte Version publizierter Protokolle zur RNA-Isolierung dar. Die Lyse der Bakterienzellen erfolgte mit kurzen Inkubationszeiten, um den Expressionsstatus der Zellen so weit wie möglich zu erhalten. Alle Schritte der Isolierung bis zur Aufreinigung über „RNeasy-Säulen“ (s. u.) wurden auf Eis unter einem Abzug durchgeführt.

Die Bakterien wurden bis zu einer definierten optischen Dichte bei 37°C in 20 ml VB-Medium oder LB-Medium kultiviert. Ca.  $1 \cdot 10^{10}$  Zellen wurden in 14 ml Röhren (Sarstedt) abzentrifugiert (10 min, 3000 g, 4°C) und in 0,5 ml H<sub>2</sub>O resuspendiert. Unmittelbar danach

wurde die Suspension mit einem auf 65°C temperierten Gemisch aus 2,5 ml Lysis-Puffer und 5 ml Phenol versetzt und 10 min unter Schütteln inkubiert. Bei der Lyse freigesetzte RNAsen sollten dabei durch das heiße Phenol direkt denaturiert werden. Nach 5 min Inkubation auf Eis erfolgte die Phasentrennung und die Pelletierung unlöslicher Zellfragmente durch (Zentrifugation 20 min, 3500g, 4°C). Die wässrige Phase wurde vorsichtig abgenommen, mit 3 ml Phenol/Chloroform versetzt, 5 min geschüttelt, 5 min auf Eis inkubiert und erneut zentrifugiert (10 min, 3500 g, 4°C). Die verbliebene wässrige Phase wurde dann auf die gleiche Weise mit 3 ml Chloroform behandelt (2 min Mischen) und nach Abschluss der Extraktion mit 0,1 Vol. 3 M Na-acetat und 2,5 Vol. EtOH versetzt. Das Gemisch wurde langsam geschwenkt, und durch Lagerung bei -20°C (mind. 2 h, besser über Nacht) erfolgte die Präzipitation der enthaltenen Nukleinsäuren.

Die ausgefallenen Nukleinsäuren wurden durch Zentrifugation (30 min, 3500 g, 4°C) pelletiert, mit 5 ml 70 % EtOH gewaschen und durch vorsichtiges Ansaugen an eine Pipettenspitze in ein 1,5 ml Reaktionsgefäß überführt. Nach erneuter Zentrifugation (10 min, 14000 g, 4°C) wurde restliches Ethanol so weit wie möglich abgenommen, das Nukleinsäuren-Pellet durch vorsichtiges Pipettieren in 174,2 µl H<sub>2</sub>O aufgenommen und 5 min auf Eis inkubiert. Nach Zusatz von 20 µl DNase-Puffer, 4,8 µl DNase (10 U/µl) und 1 µl RNase-Inhibitor erfolgten 30 min Inkubation bei 37°C, um in der Lösung enthaltene genomische DNA spezifisch zu verdauen. Der Reaktionsansatz wurde danach über „RNeasy“-Säulen aus dem ‚RNeasy Mini Kit‘ (Qiagen) nach den Angaben des Herstellers aufgereinigt. Dabei wurde, ähnlich wie im Abschnitt „Präparation von Cosmiden aus *E. coli* Zellen“ beschrieben, die RNA an eine Silicagel-Membran in einer Säule gebunden, mit Waschlösungen gespült und mit H<sub>2</sub>O wieder von der Säule eluiert. Die Pipettierschritte konnten dabei bei RT durchgeführt werden, die Zentrifugationen erfolgten weiterhin bei 4°C. RNAs mit einer Länge von unter 200 Basen (kleine Transkripte, tRNAs, 5S rRNAs) konnten nicht in den Säulen gebunden werden und gingen bei diesem Aufreinigungsschritt verloren. Die Elution der RNA von der Säule erfolgte mit zweimal je 30µl H<sub>2</sub>O, wobei die Säule zwischen Auftragen des Wassers und Zentrifugation jeweils 5 min auf Eis inkubiert wurde. Die Eluate wurden bei -80°C gelagert.

Die Qualität der mit diesem Verfahren isolierten RNA wurde mit Hilfe eines Formaldehyd-Gels (Kapitel 2.6.4) überprüft und die Konzentration im Eluat photometrisch bestimmt (Kapitel 2.6.3). Typische Ausbeuten bei der eingesetzten Zellmenge lagen zwischen 80 µg und 160 µg.

### 2.6.3 RNA-Konzentrationsbestimmungen

Bestimmungen der RNA-Konzentration in Lösungen erfolgten auf die gleiche Weise wie für DNA-Lösungen beschrieben (Kapitel 2.3.1). Für RNA-Lösungen galt:

$$A_{260\text{nm}} = 1 \Rightarrow c_{(\text{RNA})} = 40 \text{ ng}/\mu\text{l}$$

Wie bei DNA-Konzentrationsmessungen verursachen Proteinverunreinigungen erniedrigte  $A_{260\text{nm}}/A_{280\text{nm}}$ -Quotienten. Bei absolut reiner RNA sollte dieser Quotient 2 betragen. Phenol-Verunreinigungen würden überhöhte Konzentrationswerte verursachen, Verunreinigungen durch Ethanol zu die Werte nach unten verfälschen.

### 2.6.4 Formaldehyd-Gelelektrophorese

#### **Benötigte Lösungen:**

<b>5x RNA-Auftragspuffer</b>	50 % (w/v) Glycerin, 1 mM EDTA, 0,25 % Bromphenolblau, pH 6,0
<b>Agarose ultrapure</b>	Agarose <i>electrophoresis grade</i> (Gibco BRL)
<b>10x MOPS-Puffer</b>	200 mM MOPS, 100 mM Na-acetat, 10 mM EDTA, pH 7,0
<b>37 % Formaldehyd</b>	(w/v)
<b>Formamid</b>	
<b>EtBr-Lösung</b>	1 $\mu\text{g}/\text{ml}$ Ethidiumbromid

RNA-Fragmente mussten in denaturiertem Zustand gehalten werden, um sie in Abhängigkeit von ihrer Größe elektrophoretisch auftrennen zu können. Dazu wurde Formaldehyd in den Auftragspuffer und das Elektrophoresegel gegeben.

Zur Überprüfung präparierter RNA wurden 5 x 7 cm oder 10 x 14 cm große Gele mit einer Agarosekonzentration von 1,2 % verwendet. Als Elektrophoresepuffer wurde MOPS-Puffer eingesetzt, die Agarose dementsprechend auch in diesem Puffer gelöst. Vor dem Gießen (nach Abkühlung auf ca. 50°C) wurden 50 ml Gellösung 3 ml 37 % Formaldehyd versetzt (Endkonzentration des Formaldehyds ca. 2,1 %).

2  $\mu\text{l}$  der RNA-Präparation wurden 10 min bei 65°C denaturiert, mit 1  $\mu\text{l}$  MOPS-Puffer, 2  $\mu\text{l}$  37 % Formaldehyd, 5  $\mu\text{l}$  Formamid und 2  $\mu\text{l}$  RNA-Auftragspuffer versetzt und dann auf das Gel aufgetragen. Die Elektrophorese erfolgte bei RT mit einer angelegten Feldstärke von 5 V/cm und wurde wegen des leicht flüchtigen Formaldehyds unter einem Abzug durchgeführt. Die Gele wurden nach der Elektrophorese 20 - 30 min in EtBr-Lösung gefärbt, zweimal je 20 min in H<sub>2</sub>O entfärbt und unter UV-Bestrahlung photographiert. Als Größenstandard war parallel im Gel *BstEII*-verdaute  $\lambda$ -DNA mit aufgetrennt worden (Fragmentgrößen siehe Kapitel 2.3.4). Als diskrete Banden ließen sich im Gel nur die 16S rRNA und die 23S rRNA detektieren. Anhand dieser Banden konnte die Güte der präparierten RNA abgeschätzt werden. Dabei diente nicht degradierte rRNA als Hinweis dafür, dass auch die instabilen

mRNAs noch nicht in größeren Mengen degradiert worden waren. Die einzelsträngigen 16S rRNA und 23S rRNA erscheinen gegenüber der doppelsträngigen  $\lambda$ -DNA im Gel ca. 1350 bzw. ca. 2200 Basen groß. Die tatsächlichen Größen laut *P. aeruginosa* Genomprojekt (Stover et al., 2000) betragen 1536 Basen für die 16S rRNA und 2890 Basen für die 23S rRNA.

### 2.6.5 Generierung von cDNA

Die Generierung von cDNA wurde entweder mit Hilfe von ORF-spezifischen *Primern* oder unspezifisch mit einem statistischen Gemisch von Hexanukleotiden als Primern (*random priming*) durchgeführt.

#### cDNA-Generierung mit spezifischen Primern:

Mit dieser Methode sollte die mRNA von bis zu 40 ausgewählten ORFs umgeschrieben werden. Dazu wurden für die betreffenden ORFs spezifische *Primer* generiert, die komplementär zum kodierenden Strang des ORFs waren und näher am 3'-Ende als am 5'-Ende dieses Stranges lagen.

#### **Benötigte Lösungen:**

<b>Primergemisch</b>	Gemisch des ausgewählten <i>Primer</i> , Endkonzentration 2 $\mu$ M pro <i>Primer</i>
<b>dNTPs</b>	8 mM (je 2 mM dATP, dCTP, dGTP, dTTP)
<b>5x RT-Puffer</b>	Reaktionspuffer für Reverse Transkriptase (Gibco BRL)
<b>0,1 M DTT</b>	0,1 M Dithiotreitol
<b>RNase-Inhibitor</b>	SUPERaseIn, 20 U/ $\mu$ l (Ambion)
<b>Reverse Transkriptase (RT)</b>	Superscript II, (Gibco BRL)
<b>RNase H</b>	RNase H, 1 U/ $\mu$ l (Roche)

Ca. 10  $\mu$ g RNA wurden mit 4  $\mu$ l des Primergemischs und 2  $\mu$ l dNTPs versetzt und mit H<sub>2</sub>O auf ein Volumen von 12  $\mu$ l gebracht. Dieser Ansatz wurde 5 min bei 65°C inkubiert, 4  $\mu$ l Reaktionspuffer, 2  $\mu$ l 0,1 M DTT und 1  $\mu$ l RNase-Inhibitor zugegeben und weitere 2 min bei 42°C inkubiert. Nach Zugabe von 1  $\mu$ l Reverser Transkriptase erfolgte dann die cDNA-Synthese durch 60 min Inkubation bei 42°C, gefolgt von 10 min Inkubation bei 70°C, um das Enzym zu deaktivieren. Um aus den gebildeten RNA-cDNA-Hybriden einzelsträngige cDNA zu machen, wurde zu dem Ansatz 1  $\mu$ l RNase H gegeben. Der Verdau der RNA-Matrize erfolgte für 30 min bei 37°C. Die so generierte cDNA wurde ohne weitere Aufreinigung in Markierungsreaktionen eingesetzt.

Trotz der Verwendung ORF-spezifischer Primer konnte bei diesem Verfahren nicht ausgeschlossen werden, dass auch andere Matrizen als die zu den ORFs gehörenden mRNAs umgeschrieben wurden, da durch die vorgegebene Inkubationstemperatur von 42 °C für die Reverse Transkriptase auch unspezifische Bindungen der *Primer* möglich waren.

#### cDNA-Generierung mit *random priming*:

Bei diesem Verfahren wurde alle im Ansatz vorhandene RNA in cDNA umgeschrieben. Das Protokoll entspricht der Anleitung zur cDNA-Synthese aus dem Protokoll zur Expressionsanalyse mit dem *P. aeruginosa* GeneChip® der Firma Affymetrix.

#### **Benötigte Lösungen:**

<b><i>random Primer</i></b>	<i>Primer "random"</i> p(dN <sub>6</sub> ) (Roche), 75 ng/μl
<b>5x I<sup>ST</sup> strand Puffer</b>	Reaktionspuffer für Reverse Transkriptase (Invitrogen)
<b>0,1 M DTT</b>	0,1 M Dithiotreitol
<b>RNase-Inhibitor</b>	SUPERaseIn, 20 U/μl (Ambion)
<b>40 mM dNTPs</b>	je 10 mM dATP, dTTP, dCTP, dGTP
<b>Reverse Transkriptase</b>	Superscript II, 200 U/μl (Invitrogen)
<b>Paraffin</b>	
<b>1 M NaOH</b>	
<b>1 M HCl</b>	

Zu 10 μg RNA wurden 10 μl *random Primer* gegeben, der Ansatz wurde mit H<sub>2</sub>O auf 30 μl aufgefüllt und mit Paraffin überschichtet. Das RNA-Primer-Gemisch wurde 10 min bei 70°C denaturiert und 10 min bei 25°C inkubiert, um die *Primer* an die Matrize zu binden. Währenddessen wurde ein „cDNA-Reaktionsmix“ angesetzt (12 μl 5x I<sup>ST</sup> strand Puffer, 6 μl 0,1 M DTT, 3 μl dNTPs, 1,5 μl RNase-Inhibitor, 7,5 μl Reverse Transkriptase). Das RNA-Primer-Gemisch wurde auf Eis abgeschreckt und dann mit dem „cDNA-Reaktionsmix“ versetzt. Zur cDNA-Synthese mit anschließender Enzymaktivierung erfolgten vier Inkubationsschritte (10 min 25°C, 60 min 37°C, 60 min 42°C, 10 min 70°C). Die RNA wurde durch Zugabe von 20 μl 1 M NaOH und 30 min Inkubation bei 65°C abgebaut, der Ansatz dann durch Zugabe von 20 μl 1 M HCl neutralisiert. Die Aufreinigung der generierten cDNA erfolgte über „QIAquick“-Säulen aus dem „QIAquick-PCR Purification Kit“ (Qiagen) entsprechend den Herstellerangaben. Die cDNA wurde am Ende mit 50 μl H<sub>2</sub>O von Säulen eluiert.

### 2.6.6 cDNA-Konzentrationsbestimmungen

Photometrische Konzentrationsbestimmungen von cDNA-Lösungen wurden nach dem gleichen Prinzip durchgeführt wie für DNA- oder RNA-Lösungen. Für cDNA galt folgender Zusammenhang zwischen Absorption und Konzentration:

$$A_{260\text{nm}} = 1 \Rightarrow c_{(\text{cDNA})} = 33 \text{ ng}/\mu\text{l}$$

### 2.6.7 Generierung von markierter cDNA

Für die Transkriptionsanalyse mit Hilfe von Hybridisierungsexperimenten wurde cDNA mit Digoxigenin (DIG) markiert. War die cDNA mit spezifischen Primern generiert worden, erfolgte die DIG-Markierung ebenso nach der „*random primed labeling*“-Methode wie z. B. für PCR-Produkte oder Restriktionsfragmente. Das Verfahren und die benötigten Reagenzien sind im Kapitel 2.4.2 (Digoxigenin-Markierung von DNA) beschrieben. Eingesetzt wurden jeweils 15  $\mu\text{l}$  cDNA-Lösung. Die markierte cDNA wurde dann über Sephadex G-50 Säulen aufgereinigt. (Verfahren siehe Kapitel 2.4.3, Aufreinigung DIG-markierter DNA).

cDNA, die mit der „*random priming*“ Methode generiert worden war, sollte mit Hilfe des „*Terminal Transferase Kit*“ (Roche) am 3'-Ende Digoxigenin-markiert werden. Dafür wurden aus der cDNA Fragmente definierter Größe erzeugt.

#### **Benötigte Lösungen:**

<b>10x OPA-Puffer</b>	<i>OnePhorAll</i> -Puffer (Amersham Pharmacia)
<b>DNase I</b>	DNase I, 7,5 U/ $\mu\text{l}$ (Amersham Pharmacia)
<b>Paraffin</b>	
<b>TBE-Puffer</b>	0,09 M Tris, 0,09 M Borsäure, 0,002 M EDTA, pH 8,3 – 8,5
<b>Agarose ultrapure</b>	Agarose <i>electrophoresis grade</i> (Gibco BRL)
<b>SYBRGreen-Lösung</b>	SYBRGreen I (Molecular Probes), 1 : 10000 in TBE-Puffer

DNase I wurde auf eine Konzentration von 0,5 U/ $\mu\text{l}$  in 1x OPA-Puffer verdünnt. 12,5  $\mu\text{g}$  cDNA wurden mit Paraffin überschichtet und mit 3,8  $\mu\text{l}$  10x OPA-Puffer und 12,5  $\mu\text{l}$  DNaseI-Verdünnung versetzt (entspricht 0,5 U DNaseI pro 1  $\mu\text{g}$  cDNA). Dieser Ansatz wurde 10 min bei 37°C und zum Inaktivieren der DNaseI 10 min bei 98°C inkubiert. Die cDNA wurde dabei in 50 – 200 Basen große Fragmente gespalten. 2,5  $\mu\text{l}$  des Ansatzes wurden zur Überprüfung der Fragmentierung per Agarosegelelektrophorese aufgetrennt. (Elektrophoresebedingungen: 2,2 % Agarose, 1h, RT, 50 V). Zum Anfärben der einzelsträngigen cDNA wurde das Gel 40 min (unter Lichtausschluss) in SYBRGreen-Lösung gefärbt. Entfärbeschritte waren nicht nötig. Die DNA erschien im Gel als „diffuse Wolke“, deren ungefähre Größenbereich mit

Hilfe eines mit aufgetrennten Größenstandards bestimmt wurde („100 bp ladder“ (New England Biolabs)).

In die anschließende Markierungsreaktion wurden ca. 10 µg der fragmentierten cDNA eingesetzt.

#### **Benötigte Lösungen:**

5x <i>tailing buffer</i>	aus „Terminal Transferase Kit“ (Roche)
5x CoCl <sub>2</sub> -Lösung	aus „Terminal Transferase Kit“ (Roche)
DIG-ddUTP-Lösung	aus „Terminal Transferase Kit“ (Roche)
Terminale Transferase	aus „Terminal Transferase Kit“, 0,4 U/µl (Roche)

Mit Hilfe der Reagenzien aus dem „Terminal Transferase Kit“ (Roche) wurde jeweils das 3'-Ende eines cDNA-Fragments durch das Enzym Terminale Transferase um ein ddUTP verlängert, an das Digoxigenin (DIG) gekoppelt war. Somit wurde cDNA mit genau einer Markierung pro Fragment generiert. Dazu wurden ca. 10 µg fragmentierte cDNA mit 12 µl 5x *tailing buffer*, 12 µl 5x CoCl<sub>2</sub>-Lösung, 3 µl DIG-ddUTP-Lösung und 3 µl Terminaler Transferase versetzt. Der Ansatz wurde, wenn nötig, mit H<sub>2</sub>O auf ein Volumen von 30 µl eingestellt und über Nacht bei 37°C inkubiert. Durch Zugabe von 2 µl 0,5 M EDTA wurde die Markierungsreaktion gestoppt.

Die cDNA wurde dann ohne Aufreinigung für Hybridisierungsexperimente verwendet.

#### **2.6.8 Hybridisierungen mit markierter cDNA**

Mit DIG-markierter cDNA wurden im Rahmen Arbeit *Dot blot* - Membranen und Membranen mit Restriktionsfragmenten hybridisiert. Die Hybridisierungen und die Detektion wurden auf die gleiche Weise durchgeführt wie bei Experimenten mit DIG-markierter DNA. Die entsprechenden Verfahren sind in den Kapiteln 2.4.4 und 2.4.5 beschrieben. Lediglich bei Hybridisierungen mit cDNA, die vorher fragmentiert worden war, erfolgte eine Senkung der Hybridisierungstemperatur. Die Prähybridisierung der DNA-Membranen und die Inkubation mit den markierten Proben wurden in diesen Fällen bei 60°C statt bei 68°C durchgeführt.

### **2.7 Sequenzanalyse und Annotation *in silico***

Sequenzdaten wurden auf verschiedenste Charakteristika hin analysiert. Dabei wurden aus den zahlreichen angebotenen Programmen zur Analyse von DNA-Sequenzen, Protein-Sequenzen usw. gezielt einige für die gewünschten *in silico* Analysen ausgewählt.

Bei der Annotation von neuen Sequenzdaten lag der Schwerpunkt auf der Identifizierung von möglichen Genen bzw. offenen Leserahmen (ORFs (*open reading frames*)) innerhalb der

Sequenz. Nach der Positionierung dieser ORFs wurde anhand von Vergleichen mit anderen in Datenbanken abgelegten Sequenzen versucht, weitere Informationen über die vermuteten Genprodukte zu erhalten, deren Charakteristika zu beschreiben und eine mögliche Funktion für das Protein vorherzusagen.

Außerdem wurden die Sequenzdaten nach weiteren genetischen Elementen wie *tRNA*-Genen oder Transposons und nach Eigenschaften der Gesamtsequenz (GC-Gehalt, Verteilung von Restriktionsschnittstellen) und besonderen DNA-Strukturen (Sequenzwiederholungen (*repeats*)) durchsucht.

Verwendung fanden weiterhin vor allem Programme, mit denen die Ähnlichkeit von zwei oder mehr Sequenzen bestimmt und dargestellt werden konnten.

Im folgenden sind verschiedene durchgeführte *in silico* Analysen, die dafür verwendeten Programme aufgeführt und dazugehörige Referenzen und/oder Internetadressen angegeben.

**Erzeugung komplementärer DNA-Sequenzen:** Die Erzeugung der komplementären Sequenz zum untersuchten DNA-Abschnitt erfolgte mit Hilfe des Programms „REVSEQ“ (<http://bioweb.pasteur.fr/seqanal/interfaces/revseq.html>).

**Restriktionsanalyse:** Restriktionsschnittstellen in DNA-Sequenzen wurden mit Hilfe des Programms „Webcutter 2.0“ (<http://www.firstmarket.com/cutter/cutter2.html>) identifiziert. Das Programm lieferte Listen mit Schnittstellenpositionen für ausgesuchte Enzyme und Darstellungen der Schnittstellenverteilung in der Sequenz.

**tRNA-Identifizierung:** Die Identifizierung von *tRNA*-Genen erfolgte mit Hilfe des Programms „tRNA-Scan SE“ (<http://www.genetics.wustl.edu/eddy/tRNAscan-SE/>) (Loewe u. Eddy, 1997).

**Bestimmung des GC-Gehalts:** Der GC-Gehalt von Sequenzen wurde mit Hilfe von Programmen berechnet, die in unserer Arbeitsgruppe von Dr. C. Weinel und Dr. O. Reva erstellt worden waren.

**Sequenzwiederholungen:** Verwendet wurden für die Suche nach *direct* und *inverted repeats* in den Sequenzen Programme („repeats“, „palindrome“, etc) aus einem Programmpaket des „Bioweb Institut Pasteur“ (<http://bioweb.pasteur.fr>). Oftmals musste aber auch auf eine manuelle Identifizierung zurückgegriffen werden. Die Identifizierung von *repeats* wurde zumeist mit Datenbankvergleichen der betreffenden Sequenzbereiche verknüpft, um z. B. Transposon-Insertionen oder *ori*-Regionen zu identifizieren.

**Identifizierung offener Leserahmen bzw. potentieller Gene:** Verwendet wurden ein Programm der „IBM Bioinformatics Group“ (<http://cbcsrv.watson.ibm.com/Tgi.html>) und vornehmlich „GeneMark<sup>TM</sup>“ und „GeneMark<sup>TM</sup>.hmm“ (Lukashin u. Borodovsky, 1998;



Besemer u. Borodovsky, 1999) (<http://opal.biology.gatech.edu/GeneMark/>). Bei „GeneMark<sup>TM</sup>“ werden für den der Suche zugrundeliegenden Algorithmus pseudomonas-typische Parameter vorgegeben. Bei „GeneMark<sup>TM</sup>.hmm“ werden in einem heuristischen Verfahren die Parameter des Rechenalgorithmus erst entsprechend vorläufiger Ergebnisse, die sich ohne Spezies-spezifische Einstellungen ergeben, festgesetzt und dann auf die finale Analyse der Sequenzdaten angewandt. Dies war für die in dieser Arbeit durchgeführten Annotationen ein deutlicher Vorteil, da die analysierten Sequenzen aus Geninseln unbekannter Herkunft stammten, die vermutlich durch horizontalen Gentransfer ins *P. aeruginosa* Genom gelangt sind. Das Programm lieferte neben der Position der ORFs auch die dazugehörigen Proteinsequenzen in der Sequenz und eventuelle alternativen möglichen Startpositionen. Die ORFs wurden alle zusätzlich manuell überprüft, u. a. durch Datenbankvergleiche und der Suche nach potentiellen Ribosomenbindungsstellen (RBS) neben den möglichen Startcodons, und gegebenenfalls gegenüber der Genemark<sup>TM</sup>.hmm-Vorhersage verändert.

**Vergleiche mit anderen Sequenzen in Datenbanken:** Verwendet wurden die verschiedenen „BLAST“-Programme (Altschul et al., 1990) des „National Center for Biotechnological Information“ (NCBI), mit denen in diversen DNA-und Proteindatenbanken nach Einträgen gesucht werden kann, die Ähnlichkeiten zur analysierten Sequenz aufweisen (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>). Vornehmlich benutzt wurden „PHI- and PSI-BLAST“ für Proteinsequenzen und „BLAST against microbial genomes“, das die unbekannte Sequenz mit den Ergebnissen der 294 (Stand 24.04.04) abgeschlossenen bzw. fast abgeschlossenen Sequenzierprojekte prokaryotischer Genome vergleicht. Die Güte und Aussagekraft der durch die BLAST-Suche gefundenen Übereinstimmungen konnte anhand der mitgelieferten Daten (Wahrscheinlichkeit zufälliger Ähnlichkeiten, Darstellung der ähnlichen Abschnitte) individuell bewertet werden.

**Suche nach funktionellen Domänen in Proteinsequenzen:** Die Aminosäuresequenzen von vorhergesagten ORFs wurden mit Hilfe der Programme „PFAM“ (<http://www.sanger.ac.uk/Software/Pfam/>) und „Block searcher“ ([http://blocks.fhcrc.org/blocks/blocks\\_search.html](http://blocks.fhcrc.org/blocks/blocks_search.html)) wurden nach Abschnitten durchsucht, die ähnlich zu in Datenbanken abgelegten Sequenzen von funktionellen Proteindomänen sind. Gute Übereinstimmungen stellten wichtige funktionelle Hinweise für die untersuchten ORFs dar.

**Identifizierung von Transmembran-Domänen:** Die Identifizierung möglicher Transmembran-Domänen in Proteinen erfolgte mit Hilfe der Programme „DAS Transmembrane Prediction Server“ (<http://www.sbc.su.se/~miklos/DAS/maindas.html>)

(Cserzo et al., 1997) und „SOSUI“ ([http://sosui.proteome.bio.tuat.ac.jp/cgi-bin/sosui.cgi?/sosui\\_submit.html](http://sosui.proteome.bio.tuat.ac.jp/cgi-bin/sosui.cgi?/sosui_submit.html)).

**Vergleich zweier oder mehrerer Sequenzen:** Um den Grad der Ähnlichkeit zweier Sequenzen zu bestimmen und übereinstimmende Abschnitte in beiden darzustellen, wurden die Programme „BLAST 2 Sequences“ (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/bl2seq/bl2.html>) und „ClustalW“ (Thompson et al, 1994) verwendet. Die Darstellung ähnlicher Sequenzen in einem phylogenetischen Baum erfolgte mit Hilfe der Funktion „phylogenetic tree design“ des Programmpaketes „BioEdit Version 5.0.9“.

Das Programm „BLAST 2 Sequences“ gibt beim Vergleich zweier Nukleotidsequenzen zusätzlich zum Grad der Ähnlichkeit noch einen sog. „score“ an. Dieser *score* stellt einen Absolutwert für die Ähnlichkeit unter Berücksichtigung der Länge und des Anteils übereinstimmender Nukleotide dar. Jeder Position innerhalb der ähnlichen Sequenzen wird ein positiver (für identische Nukleotide) oder ein negativer Wert (für Abweichungen, Beginn oder Elongation von Lücken) zugeordnet. Der *score* entspricht der Summe dieser einzelnen Werte über die gesamte Länge der ähnlichen DNA-Abschnitte.

Wurden in die Analysen zusätzlich zu den eigenen noch Sequenzen anderer Stämme oder Spezies mit einbezogen, wurden die Daten zumeist aus der an das NCBI angeschlossenen Sequenzdatenbank „GenBank®“ (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) bezogen. Auch von den Internetseiten einiger Genomsequenzierungsprojekte wurden Sequenzdaten heruntergeladen:

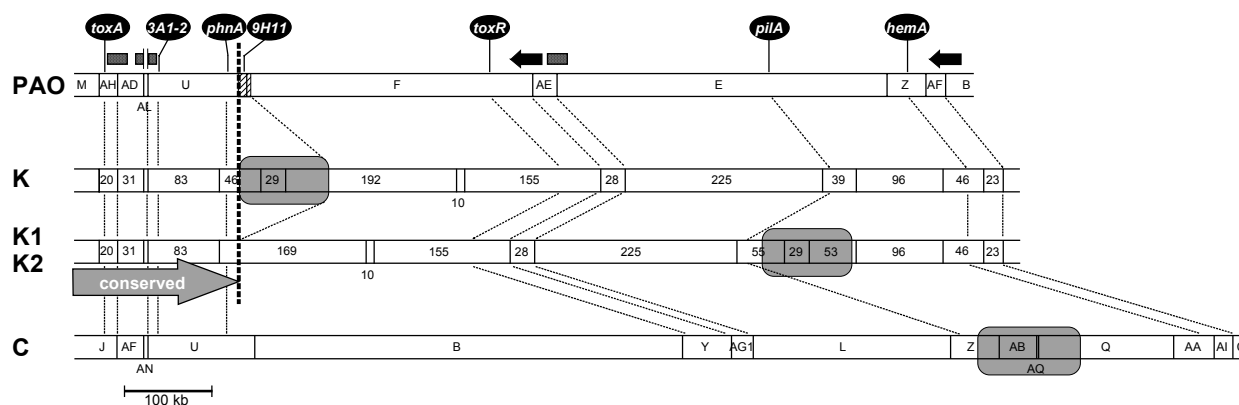
<b>Stamm:</b>	<b>Internetadresse:</b>
<i>P. aeruginosa</i> PAO1	( <a href="http://www.pseudomonas.com">http://www.pseudomonas.com</a> )
<i>Burkholderia fungorum</i> LB400	( <a href="http://genome.jgi-psf.org/draft_microbes/burfu/burfu.home.html">http://genome.jgi-psf.org/draft_microbes/burfu/burfu.home.html</a> )
<i>Ralstonia metallidurans</i> CH34	( <a href="http://genome.jgi-psf.org/draft_microbes/ralme/ralme.home.html">http://genome.jgi-psf.org/draft_microbes/ralme/ralme.home.html</a> )

# Ergebnisse und Diskussion

## 3 Analyse des Plasmides pKLC102

### 3.1 Hintergrund

Das *Pseudomonas aeruginosa* Plasmid pKLC102 liegt in Klon C Stämmen als episomales Plasmid und als in das Genom integrierte Insel vor. In Klon K Stämmen findet man ein Plasmid pKLC106, das ein fast identisches Restriktionsmuster aufweist (Kiewitz et al., 2000). Dieses Plasmid integriert anscheinend reversibel an zwei verschiedenen Positionen ins Chromosom, in der Nähe des *phnA*- und des *oprL*-Gens und in der Nähe des *pilA*- und des *hemA*-Gens. Dagegen tritt pKLC102 in Klon C Stämmen nur in der Nähe des *pilA*-Locus im Genom auf (siehe Abbildung 3.1).



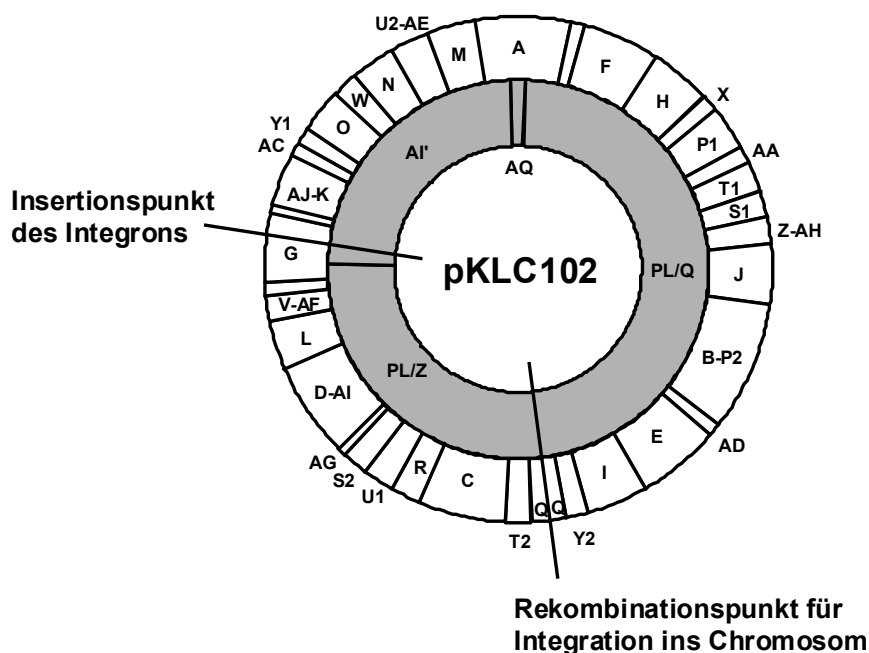
**Abbildung 3.1:** *SpeI*-Restriktionskarte der Regionen in Klon K und Klon C Stämmen mit integriertem Plasmid pKLC106 bzw. pKLC102 (nach Kiewitz et al., 2000). Die inserierten Plasmide sind durch graue Blöcke dargestellt. Schwarze Indikatoren kennzeichnen die Positionen von Markergenen im PAO-Genom, die entsprechenden Positionen in den Klon K und C Stämmen sind durch Linien gekennzeichnet.

In mehreren Klon C Stämmen liegt keine episomale Version des Plasmides vor. In der Subgruppe C dieser Stämme findet man eine zusätzliche Insertion von ca. 23 kb in der genomisch integrierten Form von pKLC102, die in den anderen Subgruppen und auch im episomalen Plasmid nicht auftritt (Römling et al., 1997).

Im Rahmen der Arbeiten von Dr. K. D. Larbig waren Cosmidbibliotheken für das episomale Plasmid pKLC102 (isoliert aus Stamm C17) und für das gesamte Genom des zur Subgruppe C gehörenden Stammes C angelegt worden. Mit Hilfe dieser Bibliotheken war u. a. eine physikalische Karte des Plasmides erstellt (siehe Abbildung 3.2), der Rekombinationspunkt

für die Integration ins Chromosom im Plasmid-Fragment BmQ lokalisiert und aus der Bibliothek für Stamm C das Cosmid pKSCC187 detektiert worden, dass pKLC102-DNA mit der zusätzlichen 23 kb-Insertion trägt. Das Fragment BmQ und das Cosmid pKSCC187 waren vollständig sequenziert worden. Dadurch konnte die inserierte Sequenz als Integron (23061 bp) definiert und annotiert werden. Der Insertionspunkt für das Integron auf der pKLC102-DNA wurde exakt lokalisiert und es waren 15,5 kb der den Insertionspunkt umgebenden pKLC102-DNA bekannt (K. D. Larbig, Dissertation 2001).

Im Rahmen dieser Arbeit wurden die chromosomalen Insertionspunkte für Klon K und Klon C genauer analysiert und exakt lokalisiert (in Zusammenarbeit mit Dr. K. D. Larbig). Die gesamte pKLC102 DNA wurde sequenziert und charakterisiert, dabei erfolgte auch eine Überarbeitung der Annotation des oben beschriebenen Integrons. Außerdem wurde anhand von DNA-DNA-Hybridisierung gezeigt, welche Abschnitte von pKLC102 in pKLC106 konserviert sind.



**Abbildung 3.2:** Physikalische Karte des Plasmides pKLC102, erstellt mit *SpeI* (innen, grau) und *BamHI* (außen) nach K. D. Larbig (Dissertation 2001). Der Insertionspunkt des Integrons in Stamm C und der Rekombinationspunkt für die chromosomale Integration sind angegeben. Bei chromosomaler Integration wird die Plasmid-DNA in Fragment BmQ geöffnet.

### 3.2 Analyse der Integrationspunkte auf dem Chromosom

Die Sequenz des Restriktionsfragments BmQ (GenBank *acc. no.* AF285416) enthielt eine 45 bp lange Sequenz mit 100 % Identität zu zwei Abschnitten in der Genomsequenz von

PAO1. Diese 45 bp entsprechen dem 3'-Ende eines tRNA<sup>Lys</sup>-Gens. Kopien dieses tRNA<sup>Lys</sup>-Gens sind im PAO1-Genom auf dem Restriktionsfragment SpE zwischen den ORFs PA4541 und PA4542 (in der Nähe des Markergens *pilA*) und auf dem Fragment SpF zwischen ORF PA0976 und PA0977 (in der Nähe des Markergens *phnA*) lokalisiert. Dies entsprach den Regionen, in denen integrierte Formen von pKLC106 und pKLC102 detektiert worden waren. Die 3'-Enden von tRNAs sind als typische Erkennungssequenzen für die Integration von Phagen beschrieben (Campbell, 1992, 1996), aber auch für die chromosomale Integration eines Plasmid-ähnlichen Elements von 105 kb (Ravatn et al., 1998(A) u. 1998(B)). Im Fragment BmQ war neben den PAO-identischen 45 bp auf der einen Seite ein *soj*-Gen (kodiert für ein *chromosome partitioning* Protein), auf der anderen Seite ein putatives Phagenartiges Integrasegen (*xerC*) identifiziert worden. Dies führte zu der Hypothese, dass die Plasmide pKLC102 und pKLC106 an den 3'-Enden von tRNA<sup>Lys</sup>-Genen ins *P. aeruginosa* Genom integrieren und diese Integration nach einem für Phagen beschriebenen Mechanismus erfolgt. Bei der Phagen-Integration (z. B. für P4- oder  $\lambda$ -Phage) vermittelt eine Integrase eine Rekombination zwischen einer Integrationssequenz auf der Phagen-DNA (*attP*) und einem identischen Gegenstück auf dem Wirtsgenom (*attB*). Bei der Rekombination erfolgt innerhalb eines kurzen Sequenzabschnittes (*att*-Kernelement (Campbell, 1992)) ein Strangaustausch. Die *attP*- und *attB*-Sequenzen sind nach der Integration an den Übergängen zwischen der inserierten und der chromosomalen DNA zu finden (*attL* und *attR*).

Entsprechend dieser Hypothese der Plasmid-Integration nach Phagen-artigem Mechanismus wurden die 45 bp vom 3'-Ende der tRNA<sup>Lys</sup>-Gene im Genom als *attB* und die identische Sequenz im Plasmidfragment BmQ als *attP* definiert. In Genom sollten nach der Integration folgende Sequenzabschnitte aufeinander folgen:

1. Übergang: genomische DNA - *attL* - Plasmid-DNA (aus BmQ)
2. Übergang: Plasmid-DNA (aus BmQ) - *attR* - genomische DNA

Dabei sollten an einem Übergang genomische DNA und *attL* oder *attR* (je nach Leserichtung) wieder eine vollständiges tRNA<sup>Lys</sup>-Gen wie vorher in *attB* zu finden sein.

Die Überprüfung dieser Hypothese erfolgte durch kombinatorische PCR. Dafür wurden folgende *Primer* konstruiert:

- „BmQ1f“ und „BmQ3r“  $\Rightarrow$  in Fragment BmQ von pKLC102 oberhalb/unterhalb der vermeintlichen *attP*-Sequenz
- „SpE1f“ und „SpE2r“  $\Rightarrow$  im PAO1-Genom oberhalb/unterhalb des tRNA<sup>Lys</sup>-Gens in Fragment SpE

„SpF2f“ und „phn7“ ⇒ im PAO1-Genom oberhalb/unterhalb des tRNA<sup>Lys</sup>-Gens in  
Fragment SpF

(*Primer phn7* liegt in PAO1 jenseits einer Stamm-spezifischen 8,9 kb Insertion (ORFs PA0977 – PA0987) (Kiewitz et al., 2000). Diese Insertion trägt eine *SpeI*-Schnittstelle, so dass der *Primer phn7* auf dem nach SpF folgendem Fragment SpU liegt).

Die PCR wurde durchgeführt mit verschiedenen Kombinationen aus je einem Plasmid-*Primer* und einem Genom-*Primer*. Für die Stämme C und SG17M (Klon C) sowie K, K1 und K2 (Klon K) konnte mit folgenden *Primer*-Kombinationen chromosomale DNA amplifiziert werden, die dementsprechend den Übergang von genomischer zu integrierter DNA enthalten mussten:

Stamm C:	BmQ1f / SpE2r	und	BmQ3r / SpE1f
Stamm SG17M:	BmQ1f / SpE2r	und	BmQ3r / SpE1f
Stamm K:	BmQ1f / phn7	und	BmQ3r / SpF2f
Stamm K1:	BmQ1f / SpE2r	und	BmQ3r / SpE1f
Stamm K2:	BmQ1f / SpE2r	und	BmQ3r / SpE1f

Alle anderen Kombinationen je eines Plasmid- und eines Genom-*Primers* lieferten keine PCR-Produkte. Auf den Stämmen K1 und K2 konnte noch mit der Kombination genomischer *Primer* SpF2f / phn7, auf Stamm K mit den *Primern* SpeE1f / SpE2r ein PCR-Produkt generiert werden. Mit diesen Produkten sollte die Umgebung der tRNA<sub>Lys</sub> bzw. *attB*-Sequenz analysiert werden, in die pKLC102 im jeweiligen Stamm nicht inseriert war.

Alle dreizehn PCR-Produkte wurden sequenziert (Sequenzen bis auf Stamm K – SpE1f / SpE2r abgelegt unter GenBank *accession numbers* AF285417 – AF285426, entsprechende Produkte für C und SG17M identisch).

Die Ergebnisse bestätigten die Hypothese der Plasmidintegration in das 3'-Ende der tRNA<sub>Lys</sub>-Gene: An allen Übergängen wurden die 45 bp vom 3'-Ende der tRNA als Verbindung (*attL* bzw. *attR*) zwischen genomischer (PAO1-konservierter) DNA und der aus dem pKLC102-Fragment BmQ bekannten Sequenz gefunden. Die im Plasmid an *attP* bzw. im Genom an *attB* angrenzenden Sequenzen waren neben *attL* und *attR* vollständig erhalten, so dass die *attL*-Sequenz jeweils wieder Teil einer vollständigen tRNA<sub>Lys</sub> war. Vergleiche der Sequenz von um *attP*, *attB*, *attL* und *attR* sind in Abbildung 3.3 dargestellt.

**A: 1) pKLC102/pKLC106 attP 2) PAO attB 3) K1/K2 attB 4) tRNA<sub>Lys</sub>**

```

1)  soj.....ATCGGTACGGGGCTTTAAAACCCCTTCCTAGAGAGACCTTAGGCCAATTGTCTTTTAACCAATTGGT
2)  hemA.....ACCCGACCACCTCATACTTGGGTCGTTAGCTCAGTCGGTAGAGCAGTTGGCTTTTAACCAATTGGT
3)  oprL.....AGTATTATACGCCTCGCGTTGGGTCGTTAGCTCAGTCGGTAGAGCAGTTGGCTTTTAACCAATTGGT
4)                                     GGGTCGTTAGCTCAGTCGGTAGAGCAGTTGGCTTTTAACCAATTGGT

```

\*\*\*

```

1)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCAATTTTCTA-----CGGGGCGAGTTGCGTA.....xerC
2)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCAATTTCAAGACGAAAAA--GCCACCTGCGAA.....pila
3)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCAATTTAGAAAGGAGTTTCTGTAGCTCTCCGTA.....phnAB
4)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCA

```

**B: 1) K1/K2 attL 2) C/SG17M attL 3) K attL 4) tRNA<sub>Lys</sub>**

```

1)  hemA.....ACCCGACCACCTCATACTTGGGTCGTTAGCTCAGTCGGTAGAGCAGTTGGCTTTTAACCAATTGGT
2)  hemA.....ACCCGACCACCTCATACTTGGGTCGTTAGCTCAGTCGGTAGAGCAGTTGGCTTTTAACCAATTGGT
3)  oprL.....AGTATTATACGCCTCGCGTTGGGTCGTTAGCTCAGTCGGTAGAGCAGTTGGCTTTTAACCAATTGGT
4)                                     GGGTCGTTAGCTCAGTCGGTAGAGCAGTTGGCTTTTAACCAATTGGT

```

\*\*\*

```

1)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCAATTTTCTACGGGGCGAGTTGCGTAGGTCTAGG...pKLC106 (xerC)
2)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCAATTTTCTACGGGGCGAGTTGCGTAGGTCTAGG...pKLC102 (xerC)
3)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCAATTTTCTACGGGGCGAGTTGCGTAGGTCTAGG...pKLC106 (xerC)
4)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCA

```

**C: 1) K1/K2 attR 2) C/SG17M attR 3) K attR 4) tRNA<sub>Lys</sub>**

```

1)  pKLC106 (soj) ..AATCGGTACGGGGCTTTAAAACCCCTTCCTAGAGAGACCTTAGGCCAATTGTCTTTTAACCAATTGGT
2)  pKLC102 (soj) ..AATCGGTACGGGGCTTTAAAACCCCTTCCTAGAGAGACCTTAGGCCAATTGTCTTTTAACCAATTGGT
3)  pKLC106 (soj) ..AATCGGTACGGGGCTTTAAAACCCCTTCCTAGAGAGACCTTAGGCCAATTGTCTTTTAACCAATTGGT
4)                                     GGGTCGTTAGCTCAGTCGGTAGAGCAGTTGGCTTTTAACCAATTGGT

```

\*\*\*

```

1)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCAATTTCAAGACGAAAAAGCCACCTGCGAAG.....pila
2)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCAATTTCAAGACGAAAAAGCCACCTGCGAAG.....pila
3)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCAATTTAGAAAGGAGTTTCTGTAGCTCTCCGT.....phnAB
4)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCA

```

**Abbildung 3.3:** Vergleich der *att*-Sequenzen und der umgebenden Region bei der genomischen Integration von pKLC102 bzw. pKLC106. Mit aufgeführt ist jeweils die Sequenz des tRNA<sub>Lys</sub>-Gens, die Sterne markieren das Anticodon TTT. Übereinstimmende Nukleotide sind grau unerlegt, Übereinstimmungen mit dem tRNA<sub>Lys</sub>-Gen schwarz. A) Alignment der *attP*-Sequenz der Plasmide (identisch in pKLC102 und pKLC106) und der *attB*-Sequenzen in der *hemA-pilA*-Region (gezeigt für PAO1) bzw. der *oprL-phnA*-Region (gezeigt für K1/K2). Die 45 bp vom 3'-Ende der tRNA<sub>Lys</sub> (und ein weiteres T), die die eigentlichen *att*-Sequenzen darstellen, sind durch eine Linie angezeigt. B) und C) Vergleich der *attL*- bzw. *attR*-Sequenzen und der Umgebung. Gezeigt sind die Übergänge zwischen genomischer und integrierter Plasmid-DNA in der *hemA-pilA*-Region (Stämme K1, K2, C, SG17M) oder in der *oprL-phnA*-Region (Stamm K).

Für die Stämme C, SG17M, K1 und K2 konnte somit folgende Genomarchitektur in der *hemA-pilA*-Region detektiert werden:

*hemA* – chromosomale DNA – 5' tRNA<sub>Lys</sub> mit *attL* – (BmQ-Plasmid-BmQ)

– *attR* 3' – chromosomale DNA – *pilA*

In Stamm K liegt in der *oprL-phnA*-Region folgende Architektur vor:

*oprL* – chromosomale DNA – 5' tRNA<sub>Lys</sub> mit *attL* – (BmQ-Plasmid-BmQ)  
*attR* 3' – chromosomale DNA – *phnA*

Der Sequenzierungen der in den Klon K-Stämmen jeweils nicht genutzten *attB*-Regionen ergab Folgendes: Die Sequenz des SpeE1f / SpeE2r-Produktes auf Stamm K-DNA entsprach der Sequenz im PAO1-Genom, die tRNA<sub>Lys</sub> mit der *attB*-Sequenz ist auch in Stamm K die erste einer Gruppe von drei tRNAs zwischen PA4541- und PA4542-ORFs. Im SpF2f / *phn7*-Produkt auf Stamm K1 ist die tRNA<sub>Lys</sub> einerseits von PAO1-konservierter DNA bis hin zum ORF PA0976, auf der anderen Seite von konservierter DNA ab ORF PA0988 umgeben. Dieser Aufbau entspricht dem vom Stamm PAO1 abzüglich der oben beschriebenen 8,9 kb-Insertion (ORFs PA0977 – PA0987). Die *attB*-flankierenden Abschnitte genomischer DNA in Stamm K bzw. in K1 sind jeweils identisch mit denen, die in K1 und K2 vor *attL* und nach *attR* an den Übergängen zu finden sind. In den Klon K Stämmen ist demnach die jeweils nicht verwendete *attB*-Sequenz von Spezies-spezifischer DNA umgeben und weist keine inserierten DNA-Blöcke auf, so dass die Integration des Plasmides jeweils ebenso an der ungenutzten *attB*-Sequenz möglich wäre.

Tatsächlich scheinen auch beide *attB*-Sequenzen alternativ genutzt zu werden. Die Stämme K, K1 und K2 sind sequentielle Isolate aus der Lunge eines CF-Patienten, so dass im Verlauf der Kolonisierung eine Mobilisierung des Plasmides pCLK106 aus der einen Region und eine nachfolgende Integration in die andere Region des Klon K Genoms erfolgt zu sein scheint. Die Integration des Plasmides ist demnach reversibel und kann variabel an beiden potentiellen *attB*-Sequenzen stattfinden. Hierfür spricht auch die Beobachtung, dass nach Subkultivierungen des Stammes K1 *in vitro* das Plasmid nicht mehr in der *hemA-pilA*-Region detektiert wurde, stattdessen aber, wie vorher für Stamm K, in der *oprL-phnA*-Region (Kiewitz et al., 2000). Das zwischen den sequentiellen Isolaten K und K1 beobachtete Rearrangement des Genoms war während der Subkultivierung also wieder in Gegenrichtung verlaufen.

Dieselben *attB*-Sequenzen wie in Klon K liegen auch im Genom von PAO1 und den Klon C Stämmen vor. In den Klon C Stämmen wird die *attB*-Sequenz in der *hemA-pilA*-Region anscheinend nach dem gleichen Mechanismus für die Integration des verwandten Plasmides pKLC102 verwendet. An der anderen *attB*-Sequenz wurde keine pKLC102-Insertion beobachtet. Ebenso wie in PAO1 (Insertion von 8,9 kb, siehe oben) ist dort ein anderes



genetisches Element inseriert (siehe Kapitel 3.5), dass scheinbar die pKLC102-Insertion verhindert.

Zusammenfassend werden also beide Plasmide pKLC102 und pKLC106 durch einen Phagenartigen Mechanismus in das *P. aeruginosa* Chromosom integriert. Die Sequenz-spezifische Insertion findet an definierten Abschnitten von tRNA<sub>Lys</sub>-Genen statt, und wird vermutlich durch eine neben der Plasmid-*attP*-Sequenz kodierte putative XerC-Integrase katalysiert. Die Strukturen der Plasmid-Chromosom-Übergänge an *attL* und *attR* und der identifizierten *attP*- und *attB*-Sequenzen in den Plasmiden bzw. auf der chromosomalen DNA entsprechen denen, die bei der Integration vieler Phagen in Zielsequenzen am 3'-Ende von tRNA-Genen beschrieben sind (Campbell, 1996).

Beispiele für die Rekombination von Plasmiden oder ähnlichen genetischen Elementen mit tRNA-Genen sind bisher nur selten beschrieben, so z. B. für das Element pSAM2, das in eine tRNA<sub>Pro</sub> von *Streptomyces ambofaciens* inseriert (Raynal et al., 1998), für die Integration von pSE101 in eine tRNA<sub>Ser</sub> von *Saccharopolyspora erythraea* (Brown et al., 1994) und das in eine tRNA<sub>Gly</sub> inserierte 105 kb große *clc*-Element in *Pseudomonas sp.* B13. Bei diesen Beispielen waren ebenso wie für pKLC102 und pKLC106 Phagen-ähnliche Integrase-Gene (*int*) neben den *att*-Sequenzen detektiert worden.

Die *att* – *int* Sequenzabschnitte dieser Beispiele wurden mit den entsprechenden Abschnitten aus pKLC102 und pKLC106 sowie aus vier Bakteriophagen verglichen (mv4 (Auvray et al., 1997; Auvray et al., 1999), Sfi21 (Bruttin et al., 1997), VWB (Van Mellaert et al., 1998), Phage  $\lambda$  (Campbell, 1996)). Dabei war für die Sequenzen der Plasmide und ähnlicher Elemente untereinander keine größere Ähnlichkeit festzustellen als zu den Phagen-Sequenzen. Zwischen Integrase-Sequenzen, *attP*-Sequenz und Länge und Struktur des intergenischen Bereiches zwischen *attP* und *int*-gen konnte ebenfalls kein Zusammenhang gesehen werden. Auffällig war lediglich, dass die Distanz zwischen *attP* und Integrase-Gen bei pKLC102 und pKLC106 mit 369 bp größer war als bei allen anderen analysierten Beispielen.

### 3.3 Sequenzierung und Annotation von pKLC102

#### 3.3.1 Erstellung eines Cosmid-Contigs zur Abdeckung der Plasmid-Sequenz

Aus den Arbeiten von K. D. Larbig (Dissertation, 2001) war bereits die Sequenz des Restriktionsfragmentes BmQ bekannt, das die Rekombinationssequenz *attP* für die Integration ins *P. aeruginosa* Chromosom enthält. Außerdem war das Cosmid pKSCC187 aus der Genombibliothek von Stamm C sequenziert worden. Dieser Stamm gehört zu der Subgruppe von Klon C Stämmen, in denen nur eine integrierte Form der pKLC102-DNA mit einem zusätzlichen Integron von 23 kb detektiert wurde, aber kein episomales Plasmid. Durch die pKSCC187-Sequenz war die Sequenz des Integrons und von ca. 15,5 kb pKLC102-DNA bekannt (siehe Kapitel 3.1). Ausgehend davon wurde entschieden, die restliche pKLC102-DNA auch in der in Stamm C auftretenden Form zu sequenzieren.

Dafür mussten geeignete Cosmide aus der pKSCC-Bibliothek ausgewählt werden. Deren inserierte DNA sollte zusammen mit der Sequenz aus pKSCC187 die pKLC102-DNA möglichst vollständig abdecken, aber dabei nur wenig überlappen. Für die Auswahl dieser Cosmide wurde wiederum auf Ergebnisse aus der Dissertation von K. D. Larbig zurückgegriffen: pKLC102-DNA war in 24 Cosmiden aus der pKSCC-Bibliothek detektiert worden. Für die Identifizierung des Rekombinationspunktes waren die *Bam*HI-Restriktionsfragmente dieser Cosmide mit denen von DNA des episomalen Plasmides verglichen worden. Dabei hatte sich gezeigt, dass nur ein Cosmid (pKSCC867) den *attL*-Übergang (mit dem kompletten tRNA<sup>Lys</sup>-Gen) von pKLC102-DNA zu chromosomaler DNA in Stamm C (siehe Kapitel 3.2) enthält.

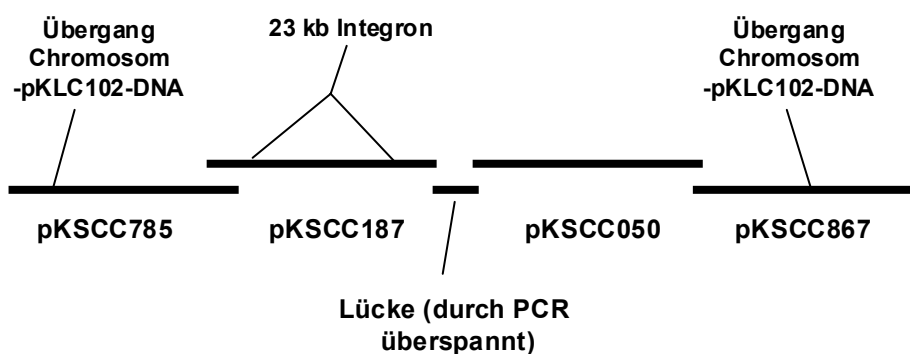
Die *Bam*HI-Restriktionsmuster von pKSCC187 und pKSCC867 wurden mit der physikalischen Karte (siehe Abbildung 3.2) verglichen und die durch diese beiden Cosmide noch nicht abgedeckten *Bam*HI-Fragmente bestimmt. Für die übrigen 22 präselektierten Cosmide wurde untersucht, welche der noch fehlenden *Bam*HI-Fragmente in ihrem Restriktionsmuster zu finden waren. Daraufhin erfolgte die Auswahl zweier weiterer Cosmide, pKSCC785 und pKSCC050, die die gewünschten Abschnitte (fast) vollständig enthalten sollten.

Die vier gewählten Cosmide deckten folgende Abschnitte der physikalischen Karte ab:

pKSCC785:	BmQ ( <i>attR-soj</i> )	–	BmG (partiell)
pKSCC187:	BmL (partiell)	–	BmY1 (partiell)
pKSCC050:	BmO (partiell)	–	BmS1 (partiell)
pKSCC867:	BmS1 (partiell)	–	BmQ ( <i>attL-int</i> )

Dabei sollten die Inserts von pKSCC050 und 867 auf dem Fragment BmS1 überlappen. Zwischen pKSCC187 und 050 blieb allerdings eine Lücke, die Teile der Fragmente BmY1 und BmO umfassen sollte (siehe Abbildung 3.4). Die Größe dieser Lücke wurde auf 2,1 – 2,5 kb geschätzt.

Die Cosmide pKSCC785, pKSCC050 und pKSCC867 wurden daraufhin sequenziert. Nach dem Erhalt der Sequenz von pKSCC050 sollte dann noch ein PCR-Produkt generiert und sequenziert werden, das die verbleibende Lücke zwischen den Enden von pKSCC187 und 050 überspannt.



**Abbildung 3.4:** Übersicht über den erstellten pKLC102-abdeckenden Contig in Stamm C

### 3.3.2 Sequenz von pKLC102 und Annotation

#### Erstellung der Gesamtsequenz

Die Inserts der einzelnen Cosmide hatten folgende Größen:

pKSCC785:	36864 bp
pKSCC187:	38548 bp (einschließlich Integron mit 23061 bp)
pKSCC050:	38900 bp
pKSCC867:	39561 bp

Auf den Enden der Inserts von pKSCC187 und pKSCC050, die auf Restriktionsfragment BmY1 bzw. BmO lagen, wurde je ein *Primer* generiert (*Primer* 187gap und 050gap). Mit diesen *Primer* konnte ein PCR-Produkt („gap-PCR“) generiert werden, das die verbliebene physikalische Lücke im Contig schloss. Die Sequenzierung bestätigte die Überlappung dieses gap-PCR-Produktes mit den Insertenden von pKSCC187 und pKSCC050. Die Größe dieses PCR-Produktes betrug:

gap-PCR:	2600 bp
----------	---------

Aus diesen 5 Sequenzen wurde ein durchgehender Contig von 145275 bp erstellt. An den Enden wurden jeweils Abschnitte mit PAO1-konservierter DNA detektiert. Auf der einen Seite war in dieser DNA gegenüber PAO1 ein Abschnitt von 54 bp aus einer *repeat*-Struktur deletiert, die übrige Sequenz war zu 99,6 % mit der PAO1-Sequenz identisch und enthielt Homologe zu den ORFs PA4538 – PA4541. Auf der anderen Seite betrug die Sequenzidentität 99,67 %, identifiziert wurden nach dem tRNA<sub>Lys</sub>-Gen ein tRNA<sub>Pro</sub>- und ein tRNA<sub>Asn</sub>-Gen, sowie Homologe zu den ORFs PA4542 – PA4548. Wie schon in der Analyse der Integrationspunkte (Kapitel 3.2) beschrieben, ist die chromosomale DNA, die die ehemalige *attB*-Sequenz umgeben hatte, konserviert und flankiert die inserierte pKLC102-DNA.

Der Gesamt-Contig wurde in Kolinearität mit der PAO1-Genomsequenz (Stover et al., 2000) angeordnet. Dadurch findet man das *xerC*-Integrase-Gen und den Übergang zur chromosomalen DNA mit dem kompletten tRNA<sub>Lys</sub>-Gen (analog zum vorigen Kapitel als *attL* bezeichnet) am Ende der inserierten Sequenz und *attR* an deren Anfang.

Nach Abzug der flankierenden chromosomalen DNA (einschließlich der tRNA-Lys) wurde aus dem Contig noch das in pKLC102 inserierte Integron herausgenommen, das separat analysiert wurde (siehe Kapitel 3.4). Danach verblieb für die pKLC102-DNA ein Contig von 103532 bp.

#### Sequenzanalyse und Annotation:

Die allgemeinen Charakteristika der ermittelten pKLC102-Sequenz wurden mit denen des PAO1-Genoms (Stover et al., 2000) und von PAGI-2(C), einer anderen Geninsel vergleichbarer Größe in *P. aeruginosa* C (Larbig et al., 2002), verglichen. Die Werte sind in Tabelle 3.1 aufgeführt:

<b>Genomregion</b>	<b>Größe [bp]</b>	<b>GC-Gehalt</b>	<b>Anteil kodierender Sequenz</b>	<b>Anzahl der ORFs</b>	<b>Anzahl der ORFs pro 10 kb</b>
pKLC102	103532	60,9 %	86,3 %	105	10,1
PAGI-2(C)	104955	64,7 %	90,4 %	112	10,7
PAO1-Genom	6624403	66,6 %	89,4 %	5570	8,9

**Tabelle 3.1:** Allgemeine Charakteristika von pKLC102, PAGI-2(C) und PAO1-Genom

Annotiert wurden auf der pKLC102-DNA insgesamt 105 ORFs, wobei zwei kleinere im Gegenstrang von größeren ORFs definiert („*inner*“ ORFs CP62b, CP103b) wurden. Die DNA-Sequenzen aller einzelnen ORFs und die Sequenz des vollständigen Plasmids pKLC102

sind im Anhang aufgeführt (Kapitel 12.3). Außerdem wurden die Gesamtsequenz und die Proteinsequenzen der einzelnen ORFs in die Datenbank GenBank eingegeben (GenBank *acc. no.* AY257538).

Die Anordnung der annotierten ORFs innerhalb der Gesamtsequenz und ihre Leserichtung sind in Abbildung 3.5 dargestellt, die jeweiligen Annotationsergebnisse sind in Tabelle 3.2 zusammengefasst. Die Nummerierung der ORFs (CP1, CP2 usw.) wurde hinter der *attP*-Sequenz begonnen und entspricht damit der Abfolge nach Insertion der pKLC102-DNA ins Chromosom. Gennamen wurden nur bei sehr hoher Homologie der Aminosäuresequenz zu bereits funktionell charakterisierten Proteinen vergeben.

Tabelle 3.2 (folgende Seiten): Annotationsergebnisse der ORFs im Plasmid pKLC102

Tabelle 3.2: Annotationsergebnisse der ORFs im Plasmid pKLC102									
ORF	Koordinaten		Orientierung	Länge [aa]	GC-Gehalt [%]	Name des Gens	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	Bestes BLAST-Ergebnis	
	links	rechts						GenBank-Nr	E-Wert
CP1	113	997	→	294	60.23%	<i>soj</i>	Protein zur Chromosomenaufteilung XF1785	NP_299073	6E-67
CP2	999	1724	→	241	59.78%		Konserviertes hypothetisches Protein ( <i>Pseudomonas resinovorans</i> )	NP_758706	2E-25
CP3	1721	2218	→	165	62.25%		Konserviertes hypothetisches Protein PA2226 ( <i>Pseudomonas aeruginosa</i> )	NP_250916	5E-27
CP4	2224	2970	→	248	61.85%		Konserviertes hypothetisches Protein, codiert von Gen Z2097 im Prophagen CP-9330 ( <i>Escherichia coli</i> O157:H7 EDL933)	NP_287555	6E-10
CP5	2967	3653	→	228	64.05%		Konserviertes hypothetisches Protein Magn3145 ( <i>Magnetospirillum magnetotacticum</i> )	ZP_00050489	1E-10
CP6	3653	4354	→	233	64.53%		Konserviertes hypothetisches Protein ( <i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Typhi)	NP_456007	1E-09
CP7	4351	5058	→	235	58.62%		Konserviertes hypothetisches Protein EsV-1-119 ORF119 ( <i>Ectocarpus siliculosus</i> virus)	NP_077604	0.039
CP8	5042	5260	→	72	57.08%		Hypothetisches Protein	-	-
CP9	5323	6600	→	425	61.11%	<i>dnaB</i>	Replikative DNA Helicase PA4931 ( <i>dnaB</i> ) ( <i>P. aeruginosa</i> )	NP_253618	1E-122
CP10	7039	7395	←	118	55.74%		Hypothetisches Protein	-	-
CP11	7838	8365	→	175	61.74%		Hypothetisches Protein	-	-
CP12	8362	8619	→	85	60.08%		Hypothetisches Protein	-	-
CP13	8612	9109	→	165	62.85%		Hypothetisches Protein	-	-
CP14	9102	9335	→	77	66.24%		Konserviertes hypothetisches Protein Bcep0486 ( <i>Burkholderia fungorum</i> )	ZP_00027718	1E-06
CP15	9335	10351	→	338	64.01%		Konserviertes hypothetisches Protein PA3849 ( <i>P. aeruginosa</i> )	NP_252538	1E-175
CP16	10348	10602	→	84	58.43%		Putatives DNA-Bindungsprotein PA3385 ( <i>AlgZ</i> ) ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAD55364	0,028
CP17	10599	12332	→	577	58.36%		Konserviertes hypothetisches Protein SG102 ( <i>P. aeruginosa</i> ), mit <i>ParB</i> -ähnlicher Nuclease-Domäne	AAN62323	1E-104
CP18	12360	13115	→	251	59.13%		Konserviertes hypothetisches Protein Bcep0488 ( <i>B. fungorum</i> )	ZP_00027720	1E-30
CP19	16188	16197	→	242	63.24%		Konserviertes hypothetisches Protein C104 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAN62197	4E-64
CP20	16500	17048	→	182	60.84%		Konserviertes hypothetisches Protein C103 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAN62196	1E-24
CP21	17095	17934	→	279	60.83%		Putativer Antirepressor sb41 ( <i>Salmonella typhimurium</i> Phage ST64B)	NP_700414	6E-23
CP22	17964	18452	→	162	62.17%	<i>ssb</i>	Putatives DNA-Einzelstrang-bindendes Protein <i>ssb</i> ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAN62318	5E-30
CP23	18871	19152	←	93	53.90%		Hypothetisches Protein	-	-
CP24	19289	19549	←	86	52.87%		Hypothetisches Protein	-	-
CP25	19571	19981	←	136	60.83%		Putatives Nukleinsäure-bindendes protein mit PIN-konservierter Domäne ( <i>S. typhimurium</i> LT2)	NP_461950	2E-51
CP26	19981	20211	←	76	57.57%		Putatives Virulenz-assoziiertes Protein im Zytoplasma ( <i>S. typhimurium</i> LT2), <i>VagC</i> Domäne	NP_490591	2E-20
CP27	20467	22386	→	639	62.19%	<i>topA</i>	Topoisomerase I XFa0003 ( <i>X. fastidiosa</i> )	NP_061659	1E-148
CP28	22694	22903	→	69	51.90%	<i>cspA</i>	Kälteadaptationsprotein / Kälteschockprotein PA3266 ( <i>CspA</i> ) ( <i>P. aeruginosa</i> )	NP_251956	2E-18
CP29	23124	25013	→	629	60.37%		Hypothetisches Protein	-	-

Tabelle 3.2 (Fortsetzung)

ORF	Koordinaten		Orientierung	Länge [aa]	GC-Gehalt [%]	Name des Gens	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	Bestes BLAST-Ergebnis	
	links	rechts						GenBank-Nr	E-Wert
CP30	25010	26983	→	657	64.18%		Putative Helicase Psyr4003 ( <i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>syringae</i> ); Protein aus Familie DEAD-artiger Helicasen mit entsprechenden N-und C-terminalen Domänen	ZP_00127683	0
CP31	27105	27887	→	260	46.23%		Putativer ABC-Transporter mlr7981 ( <i>Mesorhizobium loti</i> ), ATP-bindendes Protein	BAB53638	9E-85
CP32	27920	29173	→	417	41.55%		Konserviertes hypothetisches Protein SMA2241 ( <i>Sinorhizobium meliloti</i> Plasmid pSymA)	NP_436454	1E-126
CP33	29347	30471	→	374	65.16%	<i>pilL</i>	<i>PilL</i> ( <i>Yersinia pseudotuberculosis</i> )	AAL05416	3E-36
CP34	30471	32180	→	569	63.86%	<i>pilN</i>	<i>PilN</i> ( <i>E. coli</i> )	AAL05518	8E-56
CP35	32298	33509	→	403	64.03%	<i>pilO</i>	<i>PilO</i> ( <i>Salmonella typhi</i> )	AAF14815	5E-13
CP36	33499	34032	→	177	70.97%	<i>pilP</i>	<i>PilP</i> ( <i>S. typhimurium</i> plasmid R64)	BAA77976	2E-04
CP37	34041	35621	→	526	63.25%	<i>pilQ</i>	<i>PilQ</i> ( <i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Dublin)	AAF81213	7E-74
CP38	35621	36700	→	359	63.80%	<i>pilR</i>	<i>PilR</i> ( <i>S. typhi</i> )	AAC98886	2E-40
CP39	36779	37252	→	157	60.13%	<i>pilS</i>	<i>PilS</i> ; Präpilin ähnlich einem hypothetischen protein ( <i>P. syringae</i> pv. <i>syringae</i> B728a) und einem Typ IV Präpilin ( <i>Yersinia pseudotuberculosis</i> )	ZP_00127690	3E-18
CP40	37249	38190	→	313	66.03%	<i>pilU</i>	<i>PilU</i> , „twitching motility“ Protein ( <i>P. aeruginosa</i> )	S54702	1E-15
CP41	38195	39523	→	442	63.81%	<i>pilV</i>	<i>PilV</i> ( <i>E. coli</i> )	CAA44099	6E-48
CP42	39552	39989	→	145	68.26%	<i>pilM</i>	<i>PilM</i> ( <i>S. typhimurium</i> plasmid R64)	BAA77973	1,1
CP43	40911	41300	→	129	60.00%		Hypothetisches Protein	-	-
CP44	41373	41552	→	59	53.33%		Hypothetisches Protein	-	-
CP45	41554	41688	→	44	58.52%		Hypothetisches Protein	-	-
CP46	42012	42491	→	159	57.29%		Konserviertes hypothetisches Protein ( <i>Pseudomonas fluorescens</i> )	ZP_00087894	4E-46
CP47	42861	43058	→	65	53.54%		Konserviertes hypothetisches Protein ( <i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Typhi)	NP_458626	1E-10
CP48	43163	43441	→	92	50.18%		Hypothetisches Protein	-	-
CP49	43544	44251	→	235	52.68%		Konserviertes hypothetisches Protein Pflu5179 ( <i>P. fluorescens</i> )	ZP_00087892	1E-41
CP50	44487	44837	→	116	63.25%		Hypothetisches Protein	-	-
CP51	44894	45685	→	263	61.62%		Konserviertes hypothetisches Protein XF1760 ( <i>X. fastidiosa</i> )	NP_299049	2E-42
CP52	45788	46150	→	120	58.13%		Konserviertes hypothetisches Protein ORF C77 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAN62171	9E-21
CP53	46218	46472	→	84	61.18%		Konserviertes hypothetisches Protein XAC2240 ( <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>citri</i> )	NP_642557	2E-08
CP54	46564	47169	→	201	64.03%		Konserviertes hypothetisches Protein XAC2241 ( <i>X. axonopodis</i> pv. <i>citri</i> str. 306)	NP_642558	1E-50
CP55	47199	48644	→	481	63.69%		Konserviertes hypothetisches Protein Bcep3609 ( <i>B. fungorum</i> ),	ZP_00030785	1E-133
CP56	48743	50998	→	751	63.25%		Putative Helicase Psyr4040 ( <i>P. syringae</i> pv. <i>syringae</i> ), Protein aus Familie DEAD-artiger Helicasen mit entsprechenden N-und C-terminalen Domänen	ZP_00127717	0
CP57	51579	52364	←	261	55.47%		Putative Polyketid-Synthase XF2135 ( <i>X. fastidiosa</i> ), HCCA-Isomerase-Domäne	NP_299414	8E-23
CP58	52303	52644	←	113	58.48%		Konserviertes hypothetisches Protein Bcep7601 ( <i>B. fungorum</i> ); Carboxymuconolacton-Decarboxylase-Domäne	ZP_00034706	2E-15

Tabelle 3.2 (Fortsetzung)

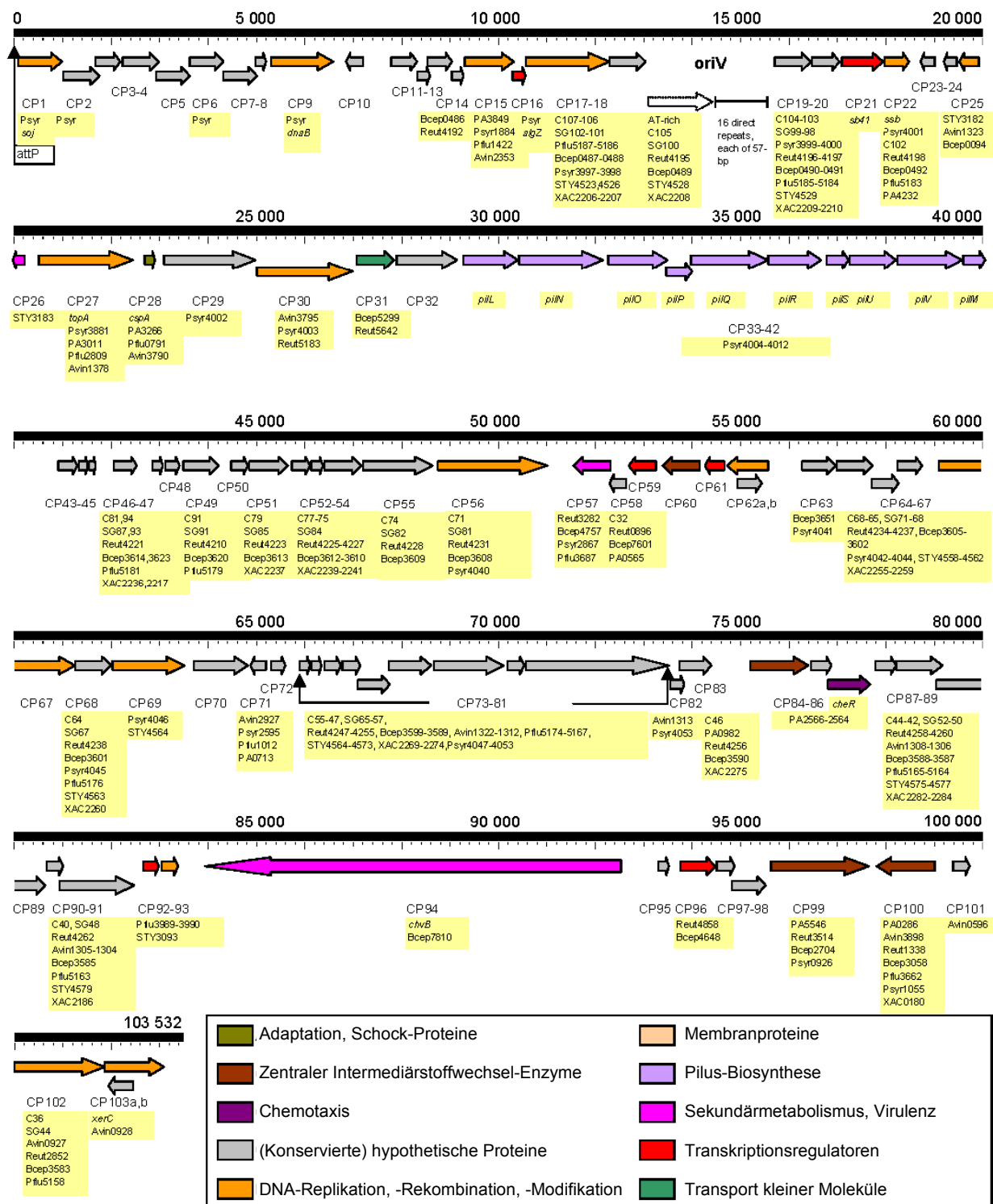
ORF	Koordinaten		Orientierung	Länge [aa]	GC-Gehalt [%]	Name des Gens	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	Bestes BLAST-Ergebnis	
	links	rechts						GenBank-Nr	E-Wert
CP59	52739	53299	←	186	54.55%		Putativer Transkriptionsregulator ORF43 ( <i>P. putida</i> plasmid pWWO), TetR-Familie	NP_542832	3E-17
CP60	53362	54147	←	261	58.78%		Putatives Reduktase-Pprotein ORF44 ( <i>P. putida</i> plasmid pWWO), „short chain“-Dehydrogenase-Domäne	NP_542833	3E-76
CP61	54303	54716	←	137	59.66%		Putativer Transkriptionsregulator MA2493 ( <i>Methanosarcina acetivorans</i> ); TetR-Familie	NP_617399	0,12
CP62a	54709	55560	←	283	57.51%		Putative Phage-Integrase; ähnlich hypothetischem Protein Reut5633 ( <i>Ralstonia metallidurans</i> )	ZP_00026607	1E-23
CP62b	54904	55407	→	167	59.52%		Hypothetisches Protein, „inner ORF“ der putativen Phage-Integrase CP62a	–	–
CP63	56331	57023	→	230	63.78%		Konserviertes hypothetisches Protein Psyr4041 ( <i>P. syringae</i> pv. <i>syringae</i> )	ZP_00127718	2E-26
CP64	57034	57789	→	251	65.21%		Konserviertes hypothetisches Protein Psyr4042 ( <i>P. syringae</i> pv. <i>syringae</i> )	ZP_00127719	5E-53
CP65	57774	58355	→	193	65.64%		Konserviertes hypothetisches Protein ORF SG70 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAN62161	5E-35
CP66	58352	58852	→	166	66.27%		Konserviertes hypothetisches Protein ORF SG69 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAN62291	7E-31
CP67	59134	61365	→	743	65.10%		Putatives Konjugationsprotein <i>TraG</i> ; ähnlich zu hypothetischem Protein Psyr4044 ( <i>P. syringae</i> pv. <i>syringae</i> ); <i>TraG/TraD</i> - Domäne	ZP_00127721	0
CP68	61365	62111	→	248	61.18%		Konserviertes hypothetisches Protein ORF SG67 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAN62289	5E-52
CP69	62122	63603	→	493	59.85%		Putative Helicase; ähnlich einem hypothetischen Protein Psyr4046 ( <i>P. syringae</i> pv. <i>syringae</i> ), <i>UvrD</i> -Helicase-Domäne	ZP_00127723	0
CP70	63735	64844	→	369	46.58%		Konserviertes hypothetisches Protein; ähnlich putativem RND Efflux-Transporter-Protein ml1426 ( <i>M. loti</i> )	NP_103018	4,4
CP71	64889	65200	←	103	49.68%		Konserviertes hypothetisches Protein PA0713 ( <i>P. aeruginosa</i> )	NP_249404	5E-16
CP72	65373	65672	→	99	57.00%		Hypothetisches Protein	–	–
CP73	65883	66104	→	73	67.57%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1322 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089650	3E-24
CP74	66107	66340	→	77	64.53%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1321 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089649	2E-08
CP75	66358	66714	→	118	57.98%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1320 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089648	3E-15
CP76	66725	67111	→	128	66.93%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1319 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089647	1E-32
CP77	67108	67767	→	219	61.06%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1318 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089646	4E-78
CP78	67764	68648	→	294	66.33%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1317 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089645	5E-88
CP79	68710	70137	→	475	64.15%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1316 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089644	1E-149
CP80	70211	70558	→	115	64.94%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1315 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089643	1E-47
CP81	70558	73500	→	980	63.00%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1314 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089642	0
CP82	73497	73781	→	94	58.25%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1313 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089641	2E-19
CP83	73778	74434	→	218	62.25%		Konserviertes hypothetisches Protein PA0982 ( <i>P. aeruginosa</i> ); putatives <i>outer membrane</i> Protein	NP_249673	3E-87



Tabelle 3.2 (Fortsetzung)

ORF	Koordinaten		Orientierung	Länge [aa]	GC-Gehalt [%]	Name des Gens	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	Bestes BLAST-Ergebnis	
	links	rechts						GenBank-Nr	E-Wert
CP84	75208	76395	→	395	62.88%		Putative Flavoprotein-Reduktase; ähnlich hypothetischem Protein PA2566 ( <i>P. aeruginosa</i> )	NP_251256	0
CP85	76418	76840	→	140	66.43%		Konserviertes hypothetisches Protein PA2565 ( <i>P. aeruginosa</i> )	NP_251255	5E-25
CP86	76830	77696	→	288	63.78%	<i>cheR</i>	<i>CheR</i> , trans-Aconit 2-Methyltransferase PA2564 ( <i>P. aeruginosa</i> )	NP_251254	1E-126
CP87	77834	78265	→	143	61.81%		Putatives Membranprotein Avin1308 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089637	6E-20
CP88	78265	79203	→	312	64.86%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1307 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089636	1E-123
CP89	79038	80603	→	521	64.56%		Putatives Membranprotein C42 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAN62272	1E-122
CP90	80603	80950	→	115	62.64%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1305 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089634	0,001
CP91	80947	82482	→	511	58.72%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin1304 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089633	0
CP92	82924	83256	→	110	60.61%		Konserviertes hypothetisches Protein ( <i>Pseudomonas fluorescens</i> ), <i>NikR</i> -Transkriptionsregulator-Domäne	ZP_00086716	8E-16
CP93	83260	83610	→	116	62.68%		Konserviertes hypothetisches Protein AGR_C_2415 ( <i>Agrobacterium tumefaciens</i> strain C58, Cereon); ParE-Domäne von Proteinen aus Plasmid-Stabilisationssystemen	G97518	5E-15
CP94	83988	92501	←	2837	65.32%	<i>chvB</i>	Beta-(1→2)-Glucan-Biosynthese-Protein <i>ChvB</i> ( <i>A. tumefaciens</i> )	NP_533395	0
CP95	93343	93567	→	74	61.33%		Konserviertes hypothetisches Protein Pflu4565 ( <i>P. fluorescens</i> )	ZP_00087289	0,13
CP96	93782	94501	→	239	61.25%		Transkriptionsregulator-verwandtes Protein SO2551 ( <i>Shewanella oneidensis</i> ); <i>helix-turn-helix</i> - und cAMP-Regulatorprotein-Domänen	NP_718137	5E-78
CP97	94572	94934	→	120	60.33%		Hypothetisches Protein	-	-
CP98	94852	95532	→	226	64.02%		Konserviertes hypothetisches Protein XF0240 ( <i>X. fastidiosa</i> )	NP_297533	7,1
CP99	95641	97659	→	672	62.51%		Fusionsprotein, putative <i>fatty acid</i> -Synthase ähnlich <i>cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid</i> -Synthase ml4091 ( <i>M. loti</i> )	BAB50831	3E-67
CP100	97815	99008	←	397	61.81%		Putative Fettsäure-Desaturase PA0286 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAG03675	1E-124
CP101	99396	99752	→	118	45.94%		Konserviertes hypothetisches Protein Avin0596 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00088936	3E-21
CP102	99964	101883	→	639	58.70%		Konserviertes hypothetisches Protein; putative konjugative Relaxase <i>Tral</i> , ähnlich hypothetischem Protein Avin0927 ( <i>A. vinelandii</i> )	ZP_00089260	0
CP103a	101880	103163	→	427	60.00%	<i>xerC</i>	Phagen-ähnliche Integrase <i>XerC</i> ( <i>P. syringae</i> )	AAM77365	1E-101
CP103b	101970	102476	←	168	60.36%		Hypothetisches Protein, „ <i>inner ORF</i> “ der putativen Integrase CP103a		

Abbildung 3.5: Übersicht Annotation pKLC102



**Abbildung 3.5 (vorige Seite):** Übersichtskarte der annotierten ORFs in pKLC102. Als Startpunkt der Sequenz wurde die *attP* gewählt (durch Fähnchen markiert). Die 5'-3'-Richtung wurde in Kolinearität mit der PAO1-Genomsequenz festgelegt. Annotierte ORFs sind durch Pfeile dargestellt, deren Richtung die Transkriptionsrichtung angibt. Die ORFs sind, je nach zugeordneter Funktion, farblich verschiedenen Kategorien zugewiesen (siehe Legende). Alle putativen Gene sind entsprechend den Bezeichnungen in Tabelle 3.2 benannt. Durch Datenbankvergleiche identifizierte Homologe in anderen Spezies sind unter den ORFs in gelben Kästen aufgelistet. Der wahrscheinliche Replikationsursprung ist als *oriV* angegeben. Zwischen CP18 und CP19 ist eine Region als möglicher ORF gekennzeichnet, der in pKLC102 als nicht kodierend definiert wurde. Gebogene Pfeile markieren eine Gruppe von neun hypothetischen Proteinen, die in der gleiche Folge in anderen Spezies hochkonserviert sind.

#### Gene für Plasmid-Replikation und Rekombination:

Von den 105 Genen wurden 60 als hypothetisch oder konserviert hypothetisch klassifiziert. Viele dieser konservierten hypothetischen Gene liegen neben ORFs, die vermutlich für DNA-Replikations-, Modifikations- und Rekombinationsproteine kodieren (siehe Abbildung 3.5). Blöcke homologer ORFs in gleicher Abfolge wurden auch in anderen Spezies gefunden, z. B. in *P. fluorescens*, *Burkholderia fungorum* LB400 und *Azotobacter vinelandii* sowie in den *P. aeruginosa* Geninseln PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) (Larbig et al., 2002). Diese Gene könnten eine Rolle bei der Stabilisierung der Plasmid-DNA und beim horizontalen Gentransfer spielen. Mindestens 18 ORFs kodieren für Proteine, die in Konjugation, Rekombination und Transfer von DNA involviert sind, so z. B. für zwei Phagen-ähnliche Integrasen (CP62a, CP103a), ein *Soj*-Protein zur Chromosomenaufteilung (CP1), vier putative Helicasen (CP9, CP30, CP56, CP69), ein DNA-Einzelstrang-bindendes Protein *Ssb* (CP22) eine Topoisomerase *TopA* und zwei putative Konjugationsproteine (*TraG*, *TraI*, kodiert von CP67 bzw. CP102). Dabei scheint die Integrase *XerC* (CP103a) die chromosomale Integration von pKLC102 nach einem Phagen-artigen Mechanismus zu katalysieren (vgl. Kapitel 3.2). Dieselbe Funktion ist für die Phagen-artige Integrase im *clc*-Element von *Pseudomonas sp.* B13 beschrieben (Ravatt et al., 1998(B)).

#### *OriV*-Region:

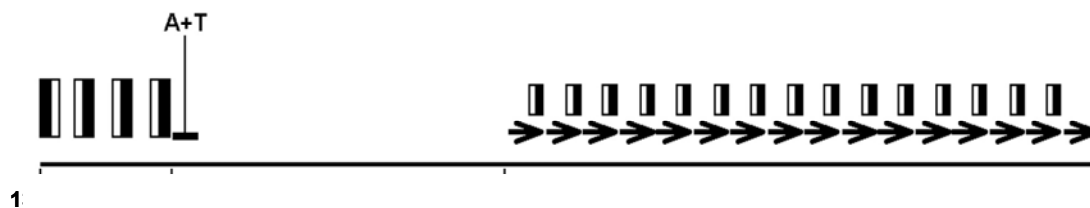
Der Bereich zwischen den ORFs CP18 und CP19 wurde als möglicher Replikationsursprung *oriV* des Plasmides pKLC102 definiert (siehe Abbildung 3.5). Hierfür sprechen: Der rechte Teil des *oriV* besteht aus 16 hochkonservierten wiederholten Basenabfolgen (*direct repeats*) von 57 bp Länge. Alle *direct repeats* (bis auf den letzten) enden mit dem 19 bp Palindrom 5'-GTGGTGCCACTGGCACCAC-3' (die komplementären Basen sind unterstrichen).

Eine ähnliche Struktur ist im Bereich des Replikationsursprungs des Plasmides pL6.5 aus *P. fluorescens* beschrieben worden („*synchron* zur Synchronisation von Plasmid und

Chromosom“) (P. Herbelin, dazu kein veröffentlichter Artikel; Sequenzen unter GenBank *acc. no.* AJ250853 abgelegt).

Die hochkonservierten nicht-palindromischen Teile der *direct repeats* könnten Bindungsstellen für Replikationsproteine darstellen, ihre Sequenz weist aber keine Ähnlichkeit zu entsprechenden Itron-Sequenzen in experimentell charakterisierten *oriV*-Regionen anderer Plasmide auf (Del Solar et al., 1998). Im linken Teil wurden vier Palindrome (GAGTTCGGATGCCGAACTC) identifiziert, wobei die Sequenz des ersten spiegelverkehrt zu den anderen drei angeordnet ist. Auf diese vier Palindrome folgt ein AT-reicher Abschnitt (*oriV*-Struktur siehe Abbildung 3.6). Eine ähnliche Gesamtstruktur weist auch die *oriV*-Region zwischen den Genen *Psy3998* und *Psy3999* im Genom von *P. syringae* pv. *syringae* B728a auf, allerdings besteht der rechte Teil dort nur aus vier *direct repeats*.

In pKLC102 sind in der Nähe der *oriV*-Region Gene lokalisiert, die typisch für die Umgebung von Replikationsursprüngen in Plasmiden sind. Identifiziert wurden *dnaB* (CP9), *ssb* (CP22), und *topA* (CP27).



**Abbildung 3.6:** Struktur des Replikationsursprungs in pKLC102. Schwarz-weiße Kästen stellen Palindrome dar, die Pfeile repräsentieren 16 *direct repeats*. Die AT-reiche Region ist durch einen schwarzen Balken angezeigt. Die Positionen innerhalb der pKLC102-Sequenz sind angegeben.

Für die Replikation von pKLC102 wurde ein *strand displacement* Mechanismus postuliert (Del Solar et al., 1998; Gophna et al., 2003). Anhand des GC-skews konnte für die pKLC102-Sequenz kein Wechsel zwischen *leading* und *lagging* Strang lokalisiert werden, was einen Replikationsterminus anzeigen würde. Zudem wurden mit Programmen zur Analyse von DNA-Sekundärstrukturen für den *oriV*-Bereich Haarnadel-artige Strukturen vorhergesagt, die typisch für eine Replikation nach *strand displacement* Mechanismus sind (Berechnungen von GC-skew und DNA-Sekundärstrukturen, durchgeführt von Dr. O. Reva).

Anhand von Genidentifikationsprogrammen wurde in der pKLC102-Sequenz nach CP18 zunächst noch ein potentieller ORF angezeigt, der mit dem linken Teil der *oriV*-Region überlappte. Für diesen ORF wurden auch Homologe in anderen Spezies gefunden (siehe Abbildung 3.3). Aufgrund der vielen Hinweise, vor allem der *repeat*-Strukturen, wurde der Sequenzabschnitt zwischen CP18 und CP19 aber trotzdem als putativer *oriV* annotiert. In den

anderen Spezies wurden keine *ori*-artigen Strukturen identifiziert, so dass dort kodierende DNA lokalisiert sein kann.

#### Phänotypische Hinweise:

Als Plasmid-kodierte Gene, die zu auffälligen Phänotypen des Wirtsgenoms führen könnten, wurden ein Block von Pilin-Genen (*pilL – pilM*, CP33 – CP42) und ein *chvB*-Gen (CP94) von 8514 bp identifiziert, das vermutlich ein cyclo- $\beta$ -(1,2)-Glucan-Synthetase-Protein kodiert.

Die höchste Homologie von CP94 besteht zum *chvB*-Gen von *Agrobacterium tumefaciens*. Cyclo- $\beta$ -(1,2)-Glucan ist als Zelloberflächenmolekül für diese Spezies und für *Sinorhizobium meliloti* und *Brucella abortus* beschrieben. Wird das Synthetase-Gen ausgeschaltet, findet keine Nodulation von *Sinorhizobia* im Wirtsgewebe statt (Castro et al., 1996; Geremia et al., 1987), wird in Pflanzenzellen die Tumorinduktion durch *Agrobacterium* gestoppt (Douglas et al., 1982) und die intrazelluläre Multiplikation von *Brucella* in Säugetiergeweben verhindert (Briones et al., 2001). Diese Glucan-Synthasen sind als essentiell für die Interaktion zwischen der bakteriellen Spezies und dem eukaryontischen Wirt charakterisiert (De Iannino et al., 1998), daher wurde auch das *chvB*-Gen von pKLC102 als wichtige Komponente für die Besiedlung von Wirtsgeweben und/oder Virulenzfaktor charakterisiert.

Die Sequenz, Größe und Gen-Abfolge des putativen Pilin-Gen-Operons (CP33 – CP42) ist in den *Pil* Operonen des *E. coli* IncI-Plasmides R64 (Yoshida et al., 1999) und einer der Pathogenitätsinseln von *Salmonella enterica* serovar Typhi (Zhang et al., 2000) konserviert. In beiden Fällen kodieren die *pil*-Gene „schlanke“ Typ IV Sex-Pili (Llosa et al., 2002). Ein weiteres Operon mit noch höherer Homologie zum pKLC102-*Pil*-Operon wurde im *P. syringae* pv. *syringae* B728 Genom detektiert, ist dort aber nicht funktionell charakterisiert. Sequenz und Genabfolge von CP33 – CP42 weisen keine Ähnlichkeit zum Operon im *P. aeruginosa* Genom auf, das für Pili für *twitching motility* und Typ II Sekretion kodiert (Mattick, 2002).

Wie in enterobakteriellen Operons, die Pili zur Adhäsion an eukaryontische Zellen kodieren, gibt es in pKLC102 Gene für ein Präpilin *PilS* (CP39), ein *PilU* (CP40), das das *PilS* vor der Assemblierung durch Abspaltung eines Signalpeptides prozessiert, und für ein *PilV* (CP41), das das Adhesin an der Spitze des Pilus bildet. Das *Pil*-Operon in pKLC102 besitzt aber hinter dem *PilV* keine *shufflon* Sequenzen (Komano, 1999) und kein *rci*-Rekombinase-Gen, sondern endet (wie das Operon in *P. syringae*) mit einem *PilM* (CP42), Rekombinase-Gene folgen nicht. Somit fehlen die Komponenten, mit Hilfe derer Enterobakterien bei Pilin-vermitteltem Angriff auf eukaryontische Zellen deren Immunabwehr ausweichen.

Die Komponenten für die Ausbildung von Sex-Pili zwischen Bakterienzellen sind aber vorhanden. Für den DNA-Transport durch solche Sex-Pili sind Pilot- (konjugative Relaxase) und *FtsK*-Proteine (*coupling* Proteine) erforderlich (Llosa et al., 2002). Als entsprechende Gene wurden auf pKLC102 CP102 (*traI*-Relaxase-Gen) und CP81 annotiert. CP81 ist zwar als konserviertes hypothetisches Protein klassifiziert, das Genprodukt weist aber (schwächere) Homologie zu einer konservierten *FtsK*-Domäne auf. *FtsK*-Proteine werden wiederum durch *XerC*-Integrasen gesteuert (Abremski u. Gottesman, 1981). Als *XerC*-Integrase wurde das Genprodukt von CP103a definiert (siehe oben), so dass auf pKLC102 scheinbar alle nötigen Komponenten für Plasmid-Konjugation kodiert sind. Dies spricht wiederum für die Klassifizierung der auf pKLC102 kodierten Pili als Sex-Pili.

Außer für *chvB* und dem *Pil*-Operon konnten anhand der Annotation den pKLC102-Genprodukten keine weiteren eindeutigen Funktionen zugewiesen werden, die zum Phänotyp des Wirtsstammes beitragen könnten. Identifiziert wurden noch zwei Gene, die Fettsäure-Synthetasen kodieren (CP99 und CP100), ein Chemotaxis-Operon (CP84 – CP86) und ein Kälteschockprotein-Gen (CP28). Als potentielle Virulenz-assoziierte Gene kamen noch ein putatives Polyketid-Synthase-Gen (CP57) und CP26 in Frage, dessen Genprodukt eine *VagC*-Domäne besitzt. Solche Domänen werden laut Datenbanken eben nicht weiter klassifizierten putativen Virulenz-assoziierten Proteinen zugeschrieben. Außerdem wurden vier putative Gene für Transkriptionsregulatoren (CP59, CP61, CP62, CP92) identifiziert.

Nähere phänotypische Hinweise ließen sich daraus aber nicht ableiten.

#### Inner ORFs in Integrase-Genen:

ORF CP103a wurde als *xerC*-Integrase-Gen annotiert, das die Integration des Plasmides pKLC102 an der *attB*-Sequenz im tRNA<sub>Lys</sub>-Gen katalysiert. Da die Integration außer in Stamm C reversibel zu sein scheint (siehe Kapitel 3.2), müsste es auch ein Genprodukt geben, dass die Plasmid-DNA wieder aus dem Chromosom ausschneidet (Mobilisation). Eine solche Excisionase-Funktion ist z. B. dem Produkt des *xis*-Gen zugeschrieben worden, das bei Enterobakterien bzw. deren integrierten Phagen neben dem Phagen-*int*-Gen lokalisiert ist. Die Steuerung der DNA-Rekombination bei Integration und Mobilisation über diese beiden Gene ist für den *E. coli* Phagen  $\lambda$  charakterisiert (Better et al., 1982; Echols et al., 1983; Kim et al., 1992; Sarkar et al., 2001).

Im Phagen  $\lambda$  überlappen diese beiden Gene. Bei der Annotation des ORFs CP103a lieferten Genidentifikationsprogramme einen zweiten möglichen ORF für diesen Bereich mit fast

ebenso guten Kriterien für die Kodierung eines Proteins wie CP103a. Dieser ORF lag innerhalb der Sequenz von CP103a auf dem Gegenstrang, auf dem auch eine potentielle Ribosomenbindungsstelle (RBS) und eine Haarnadelstruktur zur Termination der Transkription identifiziert wurden. Diese Strukturen lagen ebenfalls in einem potentiellen *inner* ORF eines CP103a-homologen Gens von *A. vinelandii* vor.

Da durch das Beispiel des Phagen  $\lambda$  immerhin schon eine teilweise Überlappung von *int* und *xis* gezeigt wurde, erfolgte die Annotation des *inner* ORFs als CP103b mit eventueller *Xis*-Funktion für die Mobilisierung des Plasmides aus dem Chromosom. Dafür spricht, dass dem zum CP103b-Genprodukt schwach homologen *Cox*-Protein aus Phage P2 (Saha et al., 1982; Yu et al., 1993) eine Excisionase-Funktion und auch eine Rolle als Transkriptionsregulator für an der Phagenmobilisierung beteiligte Proteine zugeschrieben wird.

Eine divergente Transkription von *int* und *xis* in einem Locus würde eine gezielte Steuerung von Integration und Mobilisation von entsprechenden Geninseln ermöglichen. Für das experimentell charakterisierte *clc*-Element aus *Pseudomonas sp.* B13 ist die Bedeutung einer Phagen-ähnlichen Integrase für Integration und Mobilisation nachgewiesen (Ravathn et al., 1998(B); Sentschilo et al., 2003(A) u. 2003(B)). Dabei wurde die Mobilisation des *clc*-Elements unter definierten Stressbedingungen beobachtet, was eine so gezielte Steuerung des *int*-Gens vorausgesetzt, wie sie durch eine divergente Transkription von in einem Locus vereinten *int*-

und *xis*-Genen möglich wäre. Trotzdem bleibt die Vorhersage eines in CP103a gelegenen *inner*-ORFs und vor allem dessen *Xis*-Funktionszuweisung spekulativ. Das gilt umso mehr für den anderen *inner* ORF CP62b. Der überlappende ORF CP62a ist als Phagen-ähnliche Integrase annotiert (siehe Tabelle 3.3), und auch hier bestand laut Genidentifikationsprogrammen die Möglichkeit eines überlappenden ORFs auf dem Gegenstrang. Die Annotation von CP62b als potentieller *inner* ORF erfolgte daher allein aufgrund der vergleichbaren DNA-Struktur von CP103a und CP103b.

### Zusammensetzung der Plasmid-DNA

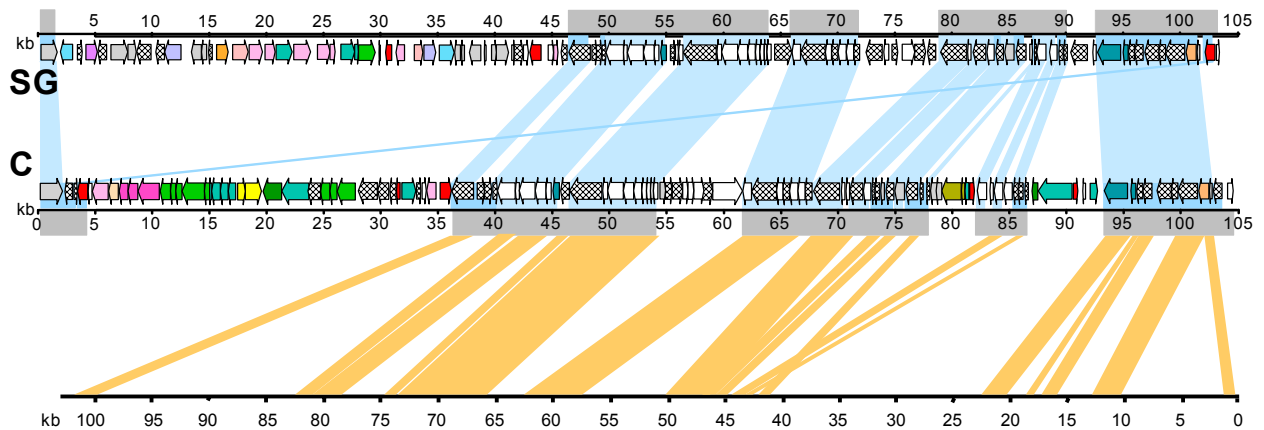
Wie an den in Tabelle 3.2 aufgeführten Homologen für die pKLC102-ORFs zu erkennen ist, setzt sich das Plasmid mosaikartig aus DNA-Abschnitten mit Ähnlichkeiten zu DNA aus verschiedenen Proteobakterien zusammen. Ähnlichkeiten zu *P. aeruginosa* PAO1 wies dabei nur das Operon CP84 – CP86 auf. Für *oriV*, den *Pil*-cluster und Konjugationsproteine ergaben sich Ähnlichkeiten mit Geninseln in *P. syringae* pv. *syringae* B728 und Genomen von Enterobakterien, was für alle Beispiele auf eine Herkunft dieser Gene von einem gemeinsamen Plasmid-Vorläufer hinweist. Viele andere DNA-Blöcke haben homologe

Gegenstücke in verschiedenen tRNA-assoziierten Geninseln. So sind 36 ORFs von pKLC102 (lokalisiert in verschiedenen Bereichen) ähnlich zu potentiellen Genen in den Geninseln PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) im gleichen *P. aeruginosa* Stamm C bzw. einer klonalen Variante SG17M (Larbig et al., 2002). Die Reihenfolge der konservierten ORFs im Plasmid gegenüber der in den beiden Geninseln ist fast komplett identisch (siehe Tabelle 3.3, Abbildung 3.7). Nur der ORF CP46 erscheint gegenüber den Homologen in den anderen Inseln an veränderter Position. Somit könnte pKLC102 auch mit diesen Geninseln gemeinsame Vorfahren haben und in die gleiche „Familie“ partiell konservierter DNA-Elemente gehören. Die Ähnlichkeit von PAGI-2(C) zu PAGI-3(SG) innerhalb dieser Familie ist aber größer als die zu pKLC102, das weniger konservierte ORFs, eine andere Integrase (*XerC*-Typ) und eine andere Integrationssequenz (tRNA<sup>Lys</sup> statt tRNA<sup>Gly</sup>) aufweist.

A	B	C	A	B	C	A	B	C
C1	SG1		C53	SG63	CP75	C80	SG86	
C4	SG105		C54	SG64	CP74	C81	SG87	CP46
C36	SG44	CP102	C55	SG65	CP73	C83	SG89	
C39	SG47		C64	SG67	CP68	C89	SG90	
C40	SG48	CP91	C65	SG68	CP67	C91	SG91	CP49
C41	SG49		C66	SG69	CP66	C93	SG92	
C42	SG50	CP89	C67	SG70	CP65	C94	SG93	CP47
C43	SG51	CP88	C68	SG71	CP64	C101	SG96	CP27
C44	SG52	CP87	C69	SG72		C102	SG97	CP22
C45	SG53		C70	SG73		C103	SG98	CP20
C46		CP83	C71	SG81	CP56	C104	SG99	CP19
C47	SG57	CP81	C72	SG82	CP55	C105	SG100	oriV???
C48	SG58	CP80	C74	SG83		C106	SG101	CP18
C49	SG59	CP79	C75	SG84	CP54	C107	SG102	CP17
C50	SG60	CP78	C76		CP53	C108	SG103	CP1
C51	SG61	CP77	C77		CP52	C109	SG104	
C52	SG62	CP76	C79	SG85	CP51			

**Tabelle 3.3:** Homologe ORFs in PAGI-2(C) (jeweils Spalten A), PAGI-3(SG) (jeweils Spalten B) und in pKLC102 (jeweils Spalten C).





### Plasmid pKLC102

**Abbildung 3.7:** Anordnung homologer ORFs in PAGI-3(SG), PAGI-2(C) und Plasmid pKLC102. Die wechselseitig homologen ORFs sind bei PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) durch blaue Flächen miteinander verbunden (47 ORFs), bei PAGI-2(C) und pKLC102 durch orange Flächen (36 ORFs). Für pKLC102 wurde die Sequenz spiegelverkehrt dargestellt, um die im Vergleich zu PAGI-2(C) konservierte Abfolge der ORFs zu zeigen.

## 3.4 Das Integron TNCP23

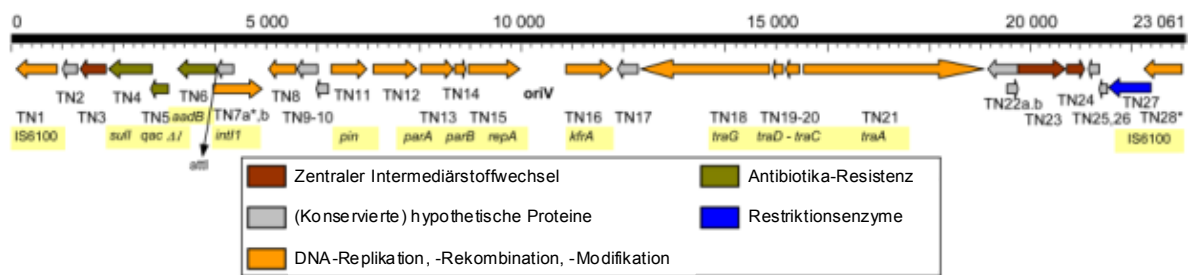
In Stämmen, die zur Subgruppe C von *P. aeruginosa* Klon C Stämmen gehören, liegt innerhalb der chromosomal integrierten pKLC102 DNA noch ein zusätzliches DNA-Element mit einer Größe von 23 kb. Dieses Integron TNCP23 fehlt auf dem episomalen Plasmid pKLC102. (Römling et al., 1997, siehe auch Kapitel 3.1).

Die Sequenz des Integrons war schon durch die Sequenzierung des Cosmides pKLC187 bestimmt und bereits von Dr. K. D. Larbig analysiert worden (K. D. Larbig, Dissertation, 2001). Diese erste Annotation wurde noch einmal überarbeitet (u. a. aktualisierte Datenbankvergleiche) und die Ergebnisse leicht modifiziert. Die Gesamtsequenz von TNCP23 ist in der Datenbank GenBank abgelegt (*accession number* AY257539) und im Anhang dargestellt. In diesem Kapitel sind die wichtigsten Charakteristika und die Besonderheiten des Integrons TNCP23 beschrieben.

TNCP23 besteht aus 23061 bp und ist im Chromosom von *P. aeruginosa* C in die integrierte pKLC102-DNA an deren Position 28440 inseriert. TNCP23 beinhaltet an beiden Enden ein Insertionselement IS6100 (Smith u. Dyson, 1995). Durch den Insertionsmechanismus wurden die letzten 8 Nukleotide vor dem Insertionspunkt (pKLC102-Position 28433 – 28440) dupliziert, so dass 17 bp *inverted repeats*, die die Enden von IS6100 bilden, außen von einem 8 bp *direct repeat* flankiert werden. Um den Insertionspunkt auf pKLC102 herum konnten

keine typischen Rekombinationssignale wie beispielsweise weitere *repeat* Strukturen detektiert werden. Auffällig war nur, dass der den Insertionspunkt umgebenden DNA-Abschnitt über ca. 2 kb einen auffallend niedrigen GC-Gehalt von 42 % aufweist (gegenüber durchschnittlich 60,9 % für das komplette Plasmid pKLC102).

Die Annotationsergebnisse von 30 in TNCP23 lokalisierten ORFs sind in Tabelle 3.4 zusammengefasst. Abbildung 3.8 zeigt die Anordnung der ORFs innerhalb der Sequenz und den strukturellen Aufbau des Integrons.



**Abbildung 3.8:** Übersichtskarte für das Integron TNCP23. Die Sequenzrichtung wurde an die umliegende pKLC102-DNA angepasst. Pfeile zeigen die potentiellen Gene und ihre Transkriptionsrichtung, die Farben geben die jeweils zugeordnete funktionelle Kategorie an (siehe Legende). Die Gene sind mit den in Tabelle 3.4 verwendeten Bezeichnungen versehen, aus Platzgründen wurde dabei allerdings „TNCP“ durch „TN“ ersetzt. Vergebene Gennamen sind unter den entsprechenden ORFs angeben. *oriV* bezeichnet den putativen Replikationsursprung.

Die beiden identifizierten IS6100-Elemente haben eine Größe von jeweils 880 bp und kodieren jeweils eine Transposase *Tnp*. In der linken Kopie ist *Tnp* (CP1) 100 % identisch zur Transposase *TnpA* in Tn610 aus *Mycobacterium fortuitum* (Smith u. Dyson, 1995). Das *Tnp*-Gen in der rechten IS6100-Kopie (CP28) weist eine Mutation gegenüber CP1 auf, die den Leserahmen verschiebt, was möglicherweise zu einem inaktiven Transposase-Protein führt.

Die linke Kopie von IS6100 bildet mit den ORFs TNCP2 bis TNCP7 ein konserviertes In7 Klasse 1 Integron (Fluit u. Schmitz, 1999; Nesvera et al., 1998) von 4871 bp. In diesem befindet sich ein Integrase-Gen *int1* (TNCP7a) und daneben ein Integron-typisches Rekombinationssignal *attI*, in das weitere mobile Genkassetten inseriert und mit Hilfe von in *int1* gelegenen Promotorsequenzen exprimiert werden können (Hansson et al., 1997). Dabei stellt TNCP7 eine am 5'-Ende um 203 bp trunkierte, vermutlich inaktive Version von *int1* dar. Weiterhin wurden mit den ORFs TNCP3 – TNCP5 drei weitere Gene detektiert, die typisch für Klasse 1 Integrons sind (*qacEdelta*, *sull* und ein Homologes zu *P. aeruginosa orf5i*, siehe Tabelle 3.4).

Tabelle 3.4: Annotationsergebnisse der ORFs in TNCP23

ORF	Koordinaten		Orientierung	Länge [aa]	GC-Gehalt [%]	Name des Gens	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	Bestes BLAST-Ergebnis GenBank-Nr.	E-Wert
	links	rechts							
TNCP1	63	857	←	264	61.01%	<i>tnp</i>	Putative Transposase, ähnlich Transposase aus <i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar typhimurium	AAG03007	E-112
TNCP2	1.023	1.310	←	95	64.31%		Konserviertes hypothetisches Protein; ähnlich ORF6 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAK96399	8E-33
TNCP3	1.334	1.834	←	166	66.27%		Putative Acetyltransferase; ähnlich ORF5 ( <i>P. aeruginosa</i> )	CAA11478	1E-90
TNCP4	1.962	2.801	←	279	61.57%	<i>sull</i>	Dihydropteroat-Synthase <i>Sul1</i> ( <i>P. aeruginosa</i> ), Sulfonamid-Resistenz-Protein	AAA25859	E-143
TNCP5	2.795	3.142	←	115	50.00%	<i>qacE delta</i>	Ethidiumbromid-Resistenz-Protein <i>QacEdelta1</i> ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAC44316	1E-42
TNCP6	3.299	4.048	←	249	51.76%	<i>aadB</i>	Aminoglycosid-Adenyltransferase <i>AadB</i> ( <i>P. aeruginosa</i> ), Streptothricin/Spectinomycin- Resistenz-Protein	AAD39934	7E-97
TNCP7a	3.978	4.937	→	319	61.25%	<i>int1</i>	Phagen-Integrase <i>Int</i> ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAA25857	E-154
TNCP7b	4.068	4.376	←	102	62.35%		Konserviertes hypothetisches Protein; ähnlich ORF2 ( <i>E. coli</i> )	B26839	3E-47
TNCP8	5.054	5.596	←	180	63.17%		ISxac3-Transposase XACa0010 ( <i>X. axonopodis</i> pv. <i>citri</i> )	NP_644696	1E-18
TNCP9	5.602	5.997	←	131	62.37%		Konserviertes hypothetisches Protein XCC1632 ( <i>X. campestris</i> pv. <i>campestris</i> )	NP_637002	4E-40
TNCP10	5.994	6.245	←	83	61.51%		Konserviertes hypothetisches Protein XCC1631 ( <i>X. campestris</i> pv. <i>campestris</i> )	NP_637001	1E-35
TNCP11	6.310	6.993	→	227	64.77%		Putative Invertase/Recombinase ( <i>X. axonopodis</i> )	NP_644692	2E-75
TNCP12	7.113	7.964	→	283	69.25%		Putative Resolvase; ähnlich pVS1-Resolvase	AAD19676	2E-80
TNCP13	8.045	8.677	→	210	63.98%	<i>parA</i>	<i>ParA</i> -DNA-Aufteilungsprotein ( <i>Serratia marcescens</i> )	BAB71950	9E-92
TNCP14	8.698	8.919	→	73	60.36%	<i>parB</i>	Putatives <i>ParB</i> -Protein (Plasmid-Stabilisationsprotein) ( <i>Pseudomonas alcaligenes</i> )	AAD40335	0,006
TNCP15	8.972	9.985	→	337	63.91%	<i>repA</i>	RepA Replikationsprotein ( <i>X. axonopodis</i> pv. <i>citri</i> )	NP_642756	1E-110
TNCP16	10.900	11.790	→	296	70.82%	<i>kfrA</i>	<i>KfrA</i> -Protein ( <i>X. axonopodis</i> pv. <i>citri</i> )	NP_644728	2E-12
TNCP17	11.964	12.356	←	130	69.47%		Hypothetisches Protein	-	-
TNCP18	12.367	14.889	←	840	25.68%	<i>traG</i>	Putativer Plasmid-Transferfaktor; ähnlich <i>TraG</i> ( <i>M. luti</i> )	BAB54919	8E-36
TNCP19	14.924	15.145	←	73	59.46%	<i>traD</i>	Putatives Konjugationsprotein; ähnlich <i>TraD</i> ( <i>Rhizobium</i> sp.)	NP_443830	0,22
TNCP20	15.168	15.425	←	85	55.81%	<i>traC</i>	Putatives Konjugationsprotein; ähnlich <i>TraC</i> ( <i>Brucella suis</i> 1330)	AE014536	1E-12
TNCP21	15.442	18.963	→	1173	18.26%	<i>traA</i>	Putatives Konjugationsprotein; ähnlich <i>TraA</i> ( <i>M. luti</i> ), <i>MobA/MobL</i> -Familien-Domäne	BAB52121	1E-132
TNCP22a	19.145	19.717	←	190	63.70%		Hypothetisches Protein; ähnlich N-terminaler Domäne von Phagen-Integrasen	-	-
TNCP22b	19.511	19.729	→	72	63.01%		Hypothetisches Protein, evtl. „inner ORF“ von TNCP22a	-	-
TNCP23	19.716	20.651	→	311	68.27%		Serin-Protease Ycg4E ( <i>Corynebacterium glutamicum</i> )	AAG00285	4E-74
TNCP24	20.747	21.085	→	112	66.67%		Konserviertes hypothetisches Protein; ähnlich Coenzym F390-Synthetase XF1916 ( <i>X. fastidiosa</i> )	NP_299202	0,16
TNCP25	21.148	21.354	←	68	66.18%		Konserviertes hypothetisches Protein Xfas00625 ( <i>X. fastidiosa</i> )	ZP_00040826	1E-06
TNCP26	21.351	21.524	←	57	71.84%		Hypothetisches Protein	-	-
TNCP27	21.521	22.357	←	278	63.08%		Putatives Typ II Restriktionsenzym; ähnlich XfasA1931 ( <i>X. fastidiosa</i> Dixon)	ZP_00039987	1E-104
TNCP28	22.284	23.030	←	248	60.78%	<i>tnp</i>	Putative Transposase, ähnlich Transposase <i>Tnp</i> ( <i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar typhimurium)	AAG03007	1E-112

In die *attI*-Sequenz dieses Klasse 1 Integrons ist eine *aadB*-Genkassette integriert. Das *aadB*-Gen (TNCP6) kodiert eine Aminoglycosid-Adenyltransferase, die Gentamicin- und Tobramicin-Resistenz vermittelt. Eine solche inserierte Genkassette und ein trunkiertes *intI* sind bisher für ähnliche Integrons nicht beschrieben (vgl. Integron in *P. aeruginosa* Plasmid R1033 (GenBank acc. no. U12338) und in *Corynebacterium glutamicum* Plasmid pG4 (Nesvera et al, 1998).

Ungefähr die Hälfte der TNCP23-Gene außerhalb des Klasse 1 Integrons sind Homologe von typischen Plasmidgenen wie *traACDG* für Konjugation (TNCP18 – TNCP21), *repA* und *kfrA* (TNCP15 u. TNCP16), sowie eine *oriV*-Region für Replikation und *parA*, *parB*, *resA* sowie ein putatives Rekombinase-Gen (TNCP11 – TNCP14) für die Verteilung von Plasmid-DNA während der Zellteilung. Für die übrigen Gene lieferte die Annotation nur allgemeine funktionelle Hinweise, oder die Genprodukte wurden als (konservierte) hypothetische Proteine klassifiziert.

Parallel zu zwei annotierten Integrasen (TNCP7a aus dem Klasse 1 Integron und TNCP22a) wurden auf deren Gegenstrang wieder potentielle divergent transkribierte *inner* ORFs identifiziert, die für *Xis*-Genprodukte kodieren könnten (vgl. Kapitel 3.3.2).

Insgesamt stellt TNCP23 ein Mosaik aus einem Klasse 1 Integron, IS-Elementen und Plasmid-artiger DNA dar. Die durch *AadB* vermittelte Aminoglycosid-Resistenz könnte als Triebkraft für die Inkorporation von TNCP23 in die pKLC102-DNA von *P. aeruginosa* C gewirkt haben, da dieser Stamm aus der Lunge eines CF-Patienten isoliert worden war, der kontinuierlich mit Tobramicin behandelt wurde. Alle zur Subgruppe C gehörenden Klon C Stämme tragen das Integron innerhalb der chromosomal integrierten pKLC102-DNA. Damit scheint eine irreversible Fixierung der Plasmid-DNA im Genom einherzugehen, da in diesen Stämmen pKLC102 nicht mehr episomal detektiert werden konnte.

In einigen Stämmen der Subgruppe C kommt dem Integron TNCP23 noch eine zusätzliche Bedeutung zu: In diesen Stämmen erfolgte eine intrachromosomale Duplikation des linken IS6100-Elements und eine Inversion der gesamten chromosomalen DNA zwischen dieser neuen Kopie von IS6100 und der linken Kopie in TNCP23.

Solche Inversionen wurden in sequentiellen Klon C Isolaten aus den Lungen von CF-Patienten detektiert (Römling et al., 1997). Als zweite Bruchpunkte bei solchen Inversionen wurden für drei Stämme jeweils Gene identifiziert, deren Ausschalten *P. aeruginosa* eine bessere Adaptation an die Umgebung in einer CF-Patienten-Lunge bzw. ein Ausweichen der Immunabwehr ermöglicht (Kresse et al., 2003; siehe auch Kapitel 3.7).

## 3.5 Sequenzierung und Analyse der Geninsel PAGI-4(C)

### 3.5.1 Hintergrund

Das Plasmid pCLK106 kann in *P. aeruginosa* Klon K Stämmen in zwei chromosomale Kopien eines tRNA<sup>Lys</sup>-Gens reversibel integrieren (bzw. in die *attB*-Sequenzen innerhalb der tRNA<sup>Lys</sup>). Die chromosomale Integration des verwandten Plasmid pKLC102 in Klon C Stämmen tritt dagegen nur in dem tRNA<sup>Lys</sup>-Gen in der *hemA-pilA*-Region auf („tRNA<sup>Lys</sup>-2“). Die Kopie in der *oprL-phnA*-Region („tRNA<sup>Lys</sup>-1“) wird nicht genutzt.

Bekannt war aus den Analysen der Integrationspunkte (siehe Kapitel 3.2), dass in Klon K-Stämmen die tRNA<sup>Lys</sup>-2 zwischen den konservierten ORFs PA0976 und PA0988 liegt (Stämme K1, K2), wenn dort nicht reversibel das Plasmid pCLK106 integriert ist. In PAO1 liegt die tRNA<sup>Lys</sup>-2 zwischen den ORFs PA0976 und PA0977 (Stover et al., 2000). Der in Klon K-Stämmen fehlende Bereich mit PA0977– PA0987 war als 8,9 kb große, PAO1-spezifische Insertion definiert worden. Diese ist einerseits von der tRNA<sup>Lys</sup>-1 und andererseits von 22 duplizierten Basen der tRNA<sup>Lys</sup> begrenzt, die die ehemalige *attP*-Sequenz des inserierten DNA-Elements darstellen könnten.

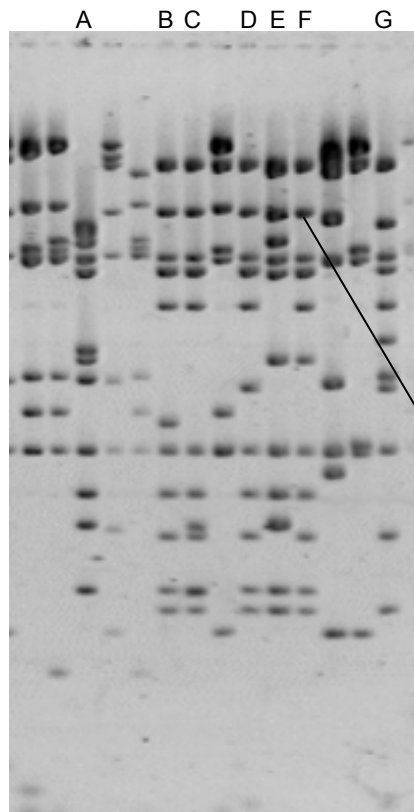
Bei Klon C Stämmen sprachen die Erkenntnisse früherer Arbeiten ebenfalls für ein in dieser Region integriertes Element: Die Cosmidbibliothek von Stamm C war mit dem Restriktionsfragment BmQ des Plasmides pKLC102 hybridisiert worden, das dessen Rekombinationspunkt für chromosomale Integration überspannt (Römling et al., 1997; K. D. Larbig, Dissertation, 2001). Dabei waren einige Cosmide detektiert worden, deren Inserts nicht in der Region des inserierten Plasmides, der *hemA-pilA*-Region, lagen sondern auf dem genomischen Restriktionsfragment SpB (Schmidt et al., 1996), auf dem auch ein großer Teil der *oprL-phnA*-Region mit der tRNA<sup>Lys</sup>-1 liegt.

Für eines der Cosmide, pKSCC673, war im Rahmen der Dissertation von K. D. Larbig als kreuzhybridisierende DNA ein 5,4 kb großes *EcoRI-HindIII*-Restriktionsfragment identifiziert worden. Laut Sequenzierung setzte dieses Fragment sich aus einem Plasmid-BmQ-ähnlichen und einem PAO1-ähnlichen Abschnitt zusammen, die durch ein tRNA<sup>Lys</sup>-Gen getrennt waren.

Somit war anzunehmen, dass in Stamm C an der tRNA<sup>Lys</sup>-1 ein DNA-Element ins Chromosom inseriert ist. Dieses Element schien die *attB*-Sequenz für eine pKLC102-Integration zu blockieren, andererseits aber Ähnlichkeiten zu diesem Plasmid aufzuweisen. Der entsprechende DNA-Abschnitt sollte sequenziert und analysiert werden.

### 3.5.2 Cosmidauswahl und Sequenzierung

Folgende 7 auf SpB lokalisierte Cosmide waren durch Kreuzhybridisierung mit pKLC102-BmQ aufgefallen (s. o.): pKSCC260, pKSCC423, pKSCC478, pKSCC622, pKSCC638, pKSCC673 und pKSCC867. Diese Cosmide wurden nun mit *EcoRI* und *HindIII* doppelverdaut, um ihre Restriktionsmuster zu vergleichen. Das 5,4 kb Fragment aus pKSCC673 konnte außer in diesem Cosmid nur in vier weiteren detektiert werden, es fehlte in pKSCC260 und pKSCC867 (siehe Abbildung 3.9). Die Muster dieser beiden Cosmide unterschieden sich am meisten voneinander und wiesen auch weniger Übereinstimmungen zu den übrigen 5 Cosmiden auf, deren Muster einander ähnelten. Deren Inserts schienen somit weitgehend zu überlappen, während pKSCC260 und pKSCC883 den größtmöglichen Sequenzbereich um die tRNA<sup>Lys</sup>-1 herum abdecken sollten. Deren Insertenden wurden mit Hilfe der T3- und T7-Promotorprimer sequenziert.



**Abbildung 3.9:** *EcoRI*/*HindIII*-Verdau der 7 mit BmQ kreuzhybridisierenden SpB-Cosmide. Dargestellt ist ein Ausschnitt (Gelphoto invertiert) aus einem Gel, auf dem zeitgleich auch andere geschnittene Cosmide aufgetrennt wurden. Die Buchstaben bezeichnen die 7 analysierten pKSCC-Cosmide. Das 5,4 kb große Fragment von pKSCC673 ist angezeigt.

A: pKSCC260  
 B: pKSCC423  
 C: pKSCC478  
 D: pKSCC622  
 E: pKSCC638  
 F: pKSCC673  
 G: pKSCC883

Die Sequenzen der Insertenden wurden mit der PAO1-Genomsequenz verglichen.

pKSCC260-T3-Ende	homolog zu	PA1003
pKSCC260-T7-Ende	homolog zu	PA0976
pKSCC883-T3-Ende	homolog zu	PA0939
pKSCC883-T7-Ende	keine Homologie zu	PAO1

Daraus folgte, dass das Insert von pKSCC883 zwar in die vermutete Insertion an der tRNA<sup>Lys</sup>-1 hineinragt, zum größten Teil aber aus PAO1-konservierter DNA aus dem Bereich vor der tRNA besteht (vermutlich homolog zum Abschnitt PA0939 bis PA0976). Die Enden von pKSCC260 waren homolog zu PAO1-ähnlichen Bereichen unmittelbar vor der tRNA<sup>Lys</sup>-1 (PA0976) bzw. zu Bereichen dahinter (PA1003). Eine an der tRNA<sup>Lys</sup>-1 inserierte Geninsel wurde demnach vom pKSCC260-Insert komplett abgedeckt. Das Cosmid pKSCC260 wurde daraufhin vollständig sequenziert.

Das Insert dieses Cosmides bestand aus insgesamt 34398 bp. Davon waren auf der einen Seite 298 bp bis einschließlich der tRNA<sup>Lys</sup>-1 zu 99,3 % identisch zu PAO1, auf der anderen Seite 10705 bp zu 99,8 %. Die dazwischen liegenden 23395 bp wurden als Geninsel PAGI-4(C) definiert und annotiert. Die Sequenz dieser Region ist unter der *accession number* AY258138 in der Datenbank GenBank abgelegt und auch im Anhang aufgeführt (Kapitel 12.3).

### **3.5.3 Sequenzanalyse von PAGI-4(C)**

Die allgemeinen Charakteristika der Geninsel PAGI-4(C) sind in der Tabelle 3.5 aufgeführt und mit dem Plasmid pKLC102 (siehe Kapitel 3.3.2), der *P. aeruginosa* C Geninsel PAGI-2(C) (Larbig et al., 2002) und dem PAO1-Genom (Stover et al., 2000) verglichen.

<b>Genomregion</b>	<b>Größe [bp]</b>	<b>GC- Gehalt</b>	<b>Anteil kodierender Sequenz</b>	<b>Anzahl der ORFs</b>	<b>Anzahl der ORFs pro 10 kb</b>
PAGI-4(C)	23395	56,0 %	86,6 %	24	10,3
pKLC102	103532	60,9 %	86,3 %	105	10,1
PAGI-2(C)	104955	64,7 %	90,4 %	112	10,7
PAO1-Genom	6624403	66,6 %	89,4 %	5570	8,9

**Tabelle 3.5:** Allgemeine Charakteristika von PAGI-4(C) sowie pKLC102, PAGI-2(C) und dem PAO1-Genom.

In PAGI-4(C) wurden 24 potentielle ORFs identifiziert. Die Annotationsergebnisse für diese ORFs sind in Tabelle 3.5 zusammengefasst. Die ORFs wurden mit CL1, CL2 usw. bezeichnet. Die Reihenfolge ist an die der umliegenden PAO1-konservierten Sequenz angepasst.

Tabelle 3.6: Annotationsergebnisse der ORFs in der Geninsel PAGI-4(C)

ORF	Koordinaten		Orientierung	Länge [aa]	GC-Gehalt [%]	Name des Gens	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	Bestes BLAST-Ergebnis GenBank-Nr. E-Wert	
	links	rechts							
CL1	125	253	←	42	54,26		Hypothetisches Protein protein; ähnlich einem Teil von PA0977, wahrscheinlich trunkierter ORF	AAG04366	1E-12
CL2	371	1651	←	426	60,34	<i>xerC</i>	Putative Phagen-artige Integrase <i>XerC</i> aus Plasmid pKLC102 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AY257538	0
CL2b	1055	1744	→	229	60		Putativer "excision regulator" CP103b aus Plasmid pKLC102 ( <i>P. aeruginosa</i> ), "inner ORF" von CL2a	AY257538	0
CL3	1648	3474	←	608	58,95		Konserviertes hypothetisches Protein CP102 aus Plasmid pKLC102 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AY257538	0
CL4	3898	4248	←	116	60,97		Konserviertes hypothetisches Protein CP93 aus Plasmid pKLC102 ( <i>P. aeruginosa</i> ); <i>ParE</i> -Domäne	AY257538	1E-51
CL5	4252	4491	←	79	62,5		Konserviertes hypothetisches Protein CP92 aus Plasmid pKLC102 ( <i>P. aeruginosa</i> ); DNA-bindende Dömane wie in Transkriptionsregulatoren	AY257538	3E-52
CL6	5013	6524	←	503	58,93		Konserviertes hypothetisches Protein CP91 aus Plasmid pKLC102 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AY257538	0
CL7	6521	6868	←	115	62,93		Konserviertes hypothetisches Protein CP90 aus Plasmid pKLC102 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AY257538	2E-57
CL8	6868	8250	←	460	64,64		Konserviertes hypothetisches Protein CP89 aus Plasmid pKLC102 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AY257538	0E+00
CL9	8274	9212	←	312	65,81		Konserviertes hypothetisches Protein CP88 aus Plasmid pKLC102 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AY257538	0E+00
CL10	9212	9643	←	143	62,5		Konserviertes hypothetisches Protein CP87 aus Plasmid pKLC102 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AY257538	2E-69
CL11	10022	10306	→	94	47,37		Konserviertes Hypothetisches Protein PA0980 ( <i>P. aeruginosa</i> )	AAG04369	4E-43
CL12	10830	13844	→	1004	55,85	<i>tnpA</i>	Putative Transposase <i>TnpA</i> aus Tn4652 ( <i>P. putida</i> )	NP_758719	0
CL13	13841	14203	→	120	56,75	<i>tnpC</i>	Putativer Transposase-Regulator/Repressor <i>TnpC</i> , <i>TnpC</i> neben <i>TnpA</i> wie in Tn4652 ( <i>P. putida</i> )	NP_542894	1E-39
CL14	14373	14837	←	154	41,29		Putative Acetyltransferase; homologes Plasmid-kodiertes Protein in <i>Nostoc sp.</i>	NP_490276	2E-18
CL15	14845	15750	←	301	48,45		Putatives Transmembranprotein; bis zu 10 TM-Domänen vorhergesagt	TP_00083447	1E-02
CL16	15747	16475	←	242	42,25		Hypothetisches Protein	NP_442107	2E-16
CL17	16491	17900	←	469	45,39		Putative Homospermidin-Synthase	ZP_00003187	1E-121
CL18	18312	19628	←	438	56,26		Konserviertes hypothetisches Protein	NP_758589	0
CL19	19650	20393	←	247	60,62		Putative ABC-Transporter-Untereinheit; Domänen wie in Bakteriophagen-Protein gp37 und in DNA-Reparatur-Photolyase <i>SplB</i>	NP_758590	1E-128
CL20	20423	21394	←	323	59,88	<i>tnpS</i>	<i>cointegrate resolution protein S</i> ; ( <i>TnpS</i> ) aus Tn4652 ( <i>P. putida</i> )	NP_758591	1E-153
CL21	21575	22576	→	333	62,97	<i>tnpT</i>	<i>cointegrate resolution protein T</i> ( <i>tnpT</i> ) aus Tn4652 ( <i>P. putida</i> )	NP_758592	2E-66
CL22	22615	22836	→	73	60,36		Hypothetisches Protein	-	-
CL23	22869	23171	←	100	55,78		Hypothetisches Protein; Ähnlichkeit zu <i>conserved domain protein</i>	AAN70967	4E-23

Der Vergleich der pKSCC260-Sequenz mit der PAO1-Genomsequenz bestätigte, dass in Stamm C ebenso wie in Stamm PAO1 ein genetisches Element an der tRNA<sup>Lys</sup>-1 inseriert ist. PAGI-4(C) „ersetzt“ in C aber nicht nur die PAO1-Insertion von PA0977-0987 (s. o.). In Stamm C fehlen darüber hinaus auch die ORFs PA0988 – PA0994 einschließlich des



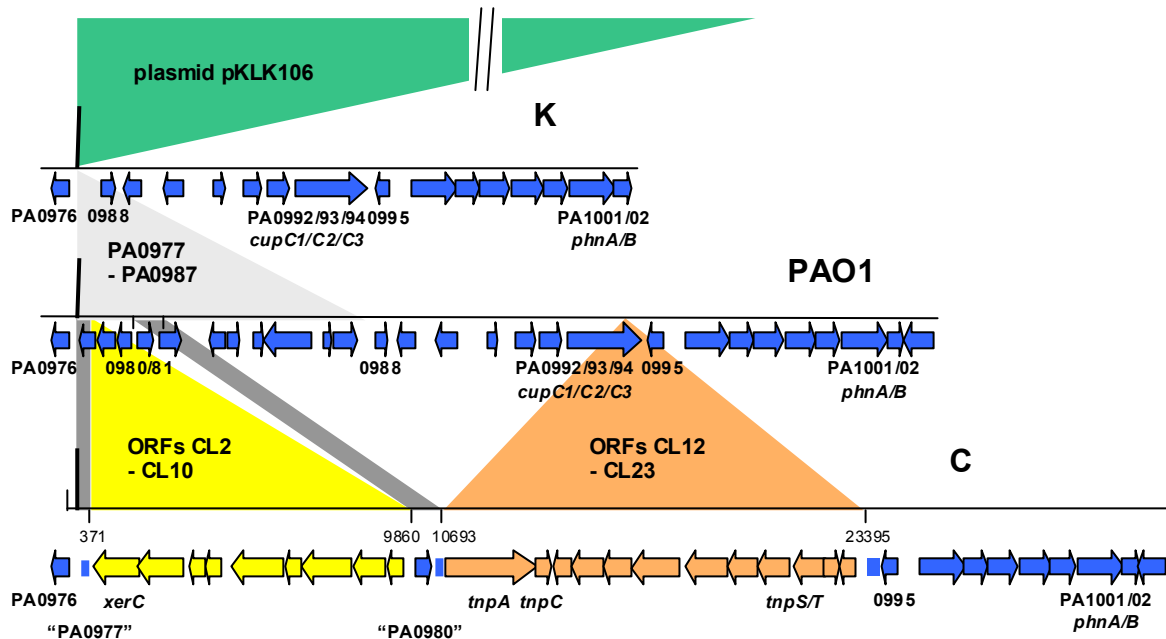
*Chaperon-usher cupC*-Clusters (ORFs PA0992 – PA0994 (Vallet et al., 2001)), die in den Klon K-Stämmen konserviert sind. Nach der Geninsel PAGI-4(C) folgen noch die C-terminalen 293 bp des *cupC3*-Gens (PA0994), der erste wieder vollständig konservierte PAO-ORF ist PA0995. Ein 3'-Ende des tRNA<sup>Lys</sup>-Gens konnte im Bereich des Übergangs nicht identifiziert werden.

PAGI-4(C) lässt sich in vier Bereiche unterteilen, zwei große Blöcke ohne Ähnlichkeit zu PAO1 und zwei kürzere Abschnitte mit gewisser Homologie zu PAO1 (siehe Abbildung 3.10). Nach der tRNA<sup>Lys</sup>-1 folgen zunächst 370 bp mit 92 % Sequenzidentität mit PAO1. Der darin lokalisierte ORF CL1 erscheint als trunkiertes Homologes von PA0977. CL1 ist dabei durch eine den Leserahmen verschiebende Mutation um 48 bp kürzer als PA0977. Der weitere PAO1-ähnliche Abschnitt umfasst 832 bp und liegt ungefähr in der Mitte von PAGI-4(C). Diese 832 bp weisen 95 % Identität mit der PAO1-Sequenz auf, darin liegt ein PA0980-homologes Gen und die ersten 57 % der Sequenz von PA0981, bevor die Ähnlichkeit zu PAO1 abrupt abbricht.

Es folgen 12,7 kb DNA, die somit von zwei trunkierten PAO1-ORFs (PA0981 und PA0984) flankiert werden. In diesen 12,7 kb mit den ORFs CL12 – CL23 sind typische Transposon-Proteine kodiert, deren Struktur in Tn4652 von *P. putida* konserviert ist (Horak u. Kivisaar, 1998). Aufgrund dessen wurde dieser Abschnitt von 12,7 kb als separates Transposon angesehen. CL12 kodiert eine Transposase *TnpA*, CL13 einen Transposase-Regulator *TnpC* und CL20 und CL21 sogenannte *cointegrate resolution* Proteine *TnpS* und *TnpT*.

Den übrigen 8 ORFs in diesem Abschnitt konnten nur vereinzelt putative metabolische Funktionen zugeschrieben werden (siehe Tabelle 3.6). Unter den möglichen Genprodukten finden sich ein Transmembran-Protein mit bis zu zehn Transmembrandomänen (CL15) und eine putative Homospermidin-Synthase (CL17).

Der vordere spezifische, 9,5 kb große DNA-Block umfasst die ORFs CL2a – CL10. CL2a ist als *XerC*-Integrase-Gen annotiert, zu der, wie schon für andere Integrasen beschrieben (vgl. Kapitel 3.3.2), ein *inner* ORF (CL2b) auf dem Gegenstrang als potentiell *Xis*-Excisionase-Gen existiert. Die ORFs CL3 – CL10 sind als konservierte hypothetische Proteine klassifiziert. Alle ORFs von CL2a – CL10 sind hochkonserviert in Plasmid pKLC102. Die dazugehörigen Aminosäuresequenzen sind 87 % - 99 % identisch zu denen der pKLC102-ORFs CP103a/b, CP102 und CP93 – CP87. Auch die Abfolge der homologen ORFs stimmt überein.



**Abbildung 3.10:** Karte der  $tRNA^{Lys}$ - $phnA$ -Region in den Chromosomen der Stämme K, PAO1 und C. Die  $tRNA^{Lys}$ -Gene sind durch schwarze Balken dargestellt. In Stamm K integriert hier reversibel das Plasmid pKLK106 (grünes Dreieck), Stamm PAO1 trägt eine spezifische Insertion (graues Dreieck) mit den ORFs PA0977 – PA0987. In Stamm C ist an dieser Stelle die Geninsel PAGI-4(C) inseriert. Die Zählung der Basenpaare beginnt nach dem  $tRNA^{Lys}$ -Gen. Die zwei dunkelgrau markierten Abschnitte von PAGI-4(C) sind PAO1-homolog (mit den ORFs PA0977 bzw. PA0980). Die größeren Abschnitte, dargestellt in Gelb bzw. Orange sind C-spezifisch. Blaue Pfeile symbolisieren PAO1 Gene und ihre homologen Gegenstücke in K und C, gelbe Pfeile spezifische ORFs innerhalb von PAGI-4(C). Blaue Kästchen stehen für trunkierte PAO1-Homologe in Stamm C.

Im Plasmid folgt zwischen CP87 und CP86 eine 239 bp Sequenz, die sich zwischen CP84 und CP83 wiederholt und somit als *direct repeat* die Genkassette CP84-CP86 flankiert (siehe Kapitel 3.3.2). Eine entsprechende Sequenz (216 von 239 bp (90 %) identisch) wurde in PAGI-4(C) nach dem CP87-Homologen CL10 identifiziert. Die ersten 68 bp dieser Sequenz (mit 88 % Identität) wurden auch im PAO1-Genom gefunden. Dort sind diese im intergenischen Bereich zwischen PA0981 und PA0982 lokalisiert, also in der Nähe des Abschnittes um PA0980, der noch zu 95 % in PAGI-4(C) konserviert ist (siehe Abbildung 3.10)

Konservierte kurze Abschnitte Donor- und Empfänger-DNA können an DNA-Integrations- und Rekombinationsvorgängen beteiligt sein (Dubnau, 1999). Dies impliziert eine Beteiligung dieses 239 bp Sequenzabschnittes an einem Entwicklungsprozess, durch den eine Mosaik-Struktur wie in PAGI-4(C) entstehen kann.

Hypothetisch könnte PAGI-4(C) so durch eine Folge verschiedener Rekombinationsereignisse in der Umgebung der  $tRNA^{Lys}$ -1 entstanden sein:

In das Chromosom eines Vorläufers von Stamm C wurde, vergleichbar zu Klon K Stämmen, das Plasmid pKLC102 in die tRNA<sup>Lys</sup>-2 inseriert. In das Plasmid wurde dann die beschriebene 239 bp Sequenz aufgenommen. Diese war teilweise identisch mit einem Sequenzbereich ähnlich dem zwischen PA0981 und PA0982 und bildete so einen konservierten *repeat*. Die konservierte Sequenz war in diesem Szenario ähnlich wie in PAO1 in der näheren Umgebung der *att*-Sequenz am Übergang von Plasmid-DNA zu chromosomaler DNA lokalisiert. Die durch diese konservierten Sequenzen „markierten“ DNA-Abschnitte sind dann prädisponiert für mögliche Rekombinationen. Im Stamm C Vorläufer wären dann durch solche sekundären Ereignisse große Teile des Plasmid-DNA und der Übergang mit der *att*-Sequenz und eventuell angrenzender chromosomaler DNA ausgeschnitten worden, und nur jenseits der 239 bp Sequenz gelegene Abschnitte der pKLC102-DNA (oder von deren Vorläufer) sind im Genom verblieben (CL2a – CL10).

Für so induzierte Rekombinationen spricht, dass im Klon K Genom, in dem die Plasmid-Integration reversibel in beiden möglichen Loci verläuft, kein *repeat* der 239 bp Sequenz vorkommt. Der Abschnitt PA0977 – PA0987 und damit der intergenische Bereich zwischen PA0981 und PA0982 fehlt in Klon K Stämmen.

Das putative Transposon (CL12 – CL23) scheint nach diesen Rekombinationen in die Region inseriert zu sein und hat deren Struktur weiter verändert.

Datenbankvergleiche der 239 bp *repeat* Sequenz ergaben keine weiteren Homologen in anderen Spezies, lediglich ein kurzer 20 bp Abschnitt (Position 158 – 177) tritt in den Klon C Geninseln PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) auf. In diesen tRNA<sup>Gly</sup>-assoziierten Geninseln (Larbig et al., 2002) ist der konservierte 20 bp Abschnitt dabei auch am Ende der Geninseln, in der Nähe der *att*-Sequenzen lokalisiert.

### 3.6 Nachweis der Konservierung von pKLC102-DNA in pKLC106

Wie in Kapitel 3.2 beschrieben, besitzen die beiden Plasmide pKLC102 und pKLC106 eine identische *attP*-Sequenz, ein *xerC*-Integrase-Gen und integrieren nach dem gleichen phagenartigen Mechanismus an tRNA<sub>Lys</sub>-Genen in das *P. aeruginosa* Genom. Außerdem weisen sie ein fast identisches Restriktionsmuster aus (Kiewitz et al., 2000), das sich nur in drei Bereichen der physikalischen Karte von pKLC102 unterscheidet, und zwar im Bereich der Fragmente BmA, BmD-BmAI-BmAG und BmZ-BmAH von pKLC102 (vgl. Abbildung 3.2).

Die beiden Plasmide wurden daher als sehr ähnlich angesehen. Aber schon allein aufgrund ihres leichten Größenunterschiedes (auf ca. 4 – 5 kb geschätzt) müssten zumindest in einem der beiden Plasmide spezifische DNA-Blöcke vorhanden sein, die dem anderen fehlen.

Nach Abschluss der Sequenzierung von pKLC102 sollte durch ein Hybridisierungsexperiment nachgewiesen werden, welche DNA-Abschnitte von pKLC102 in pKLC106 konserviert sind.

Dazu wurde die pKLC102-DNA auf einem Agarosegel aufgetrennt, auf Hybond N<sup>+</sup>-Membran transferiert und mit DIG-markierter pKLC106 DNA (isoliert aus dem Stamm K1) hybridisiert.

Als pKLC102-DNA wurden die pKSCC-Cosmide aus der Stamm C Genombibliothek t, auf denen auch die Sequenzierung durchgeführt wurde, und das *gap*-PCR-Produkt verwendet (siehe Kapitel 3.3.1). Die Cosmide wurden vor der Auftrennung mit drei verschiedenen Restriktionsenzymen gespalten (*EcoRI*, *Hind* III, *PvuII*, jeweils Einzelverdau), so dass jede Region von pKLC102 mindestens einmal in diagnostischen Fragmenten vertreten sein sollte. Das 2,6 kb *gap*-PCR-Produkt wurde unverdaut aufgetragen.

Anhand der bekannten Sequenz konnten die zu erwartenden Restriktionsfragmente errechnet werden. Dabei war zusätzlich zu den Inserts der SuperCos 1-Rahmen der Cosmide mit zu berücksichtigen, der nach Verlust von 1082 bp bei der Verpackung (siehe Material und Methoden, Kapitel 2.1.6), noch eine Größe von 6857 bp hat. Bei *EcoRI* wird der Vektor beidseitig knapp neben der *Bam*HI-Klonierungssequenz geschnitten. So entsteht ein Fragment aus reinem Vektor mit 6792 bp, an den äußeren Insertfragmenten hängen noch 33 bp bzw. 32 bp vom SuperCos 1-Rahmen. *Hind*III schneidet einmal im Vektor, aber nicht in der Nähe der Klonierungssequenz. So entstehen neben reinen Insertfragmenten immer 2 Mischfragmente aus den jeweiligen Randfragmenten des Inserts und 4596 bp bzw. 2261 bp Vektorsequenz. *PvuII* schneidet die Vektorsequenz dreimal. So entstehen zwei reine Vektorfragmente (762 bp, 360 bp) und zwei Mischfragmente, bei denen zu den Randfragmentgrößen der Insert noch 3212 bp bzw. 2423 bp vom SuperCos 1 kommen.

Beim Restriktionsverdau der Cosmide pKSCC785, 187, 050 und 867 entstanden Fragmente mit den in der Tabelle 3.6 angegebenen Größen: Reine SuperCos 1-Fragmente sind durch ein V gekennzeichnet, Mischfragmente aus Insert und Vektor durch ein M. Bei *EcoRI*-Mischfragmenten ist der Vektoranteil nur äußerst gering (33 bzw. 32 bp).

Die Verdau wurden dann per Gelelektrophorese aufgetrennt und die DNA-Fragmente auf eine Hybond-N<sup>+</sup>-Membran geblottet. Der Blot wurde mit DIG-markierter pKLC106-Plasmid-DNA inkubiert. Gel und Hybridisierungsergebnis sind in Abbildung 3.12 dargestellt. Die Auswertung der Hybridisierung erfolgte dahingehend, dass festgestellt wurde, welche Restriktionsfragmente aus dem Gel (Abbildung 3.12 A) keine Hybridisierungssignale zeigten (Abbildung 3.12 B) oder schwächere Signale aufwiesen, als anhand der Intensität der Bande

im Agarosegel zu erwarten gewesen wäre. Den identifizierten Fragmenten wurden dann der jeweilige Bereich in den Cosmiden und wenn möglich in der Gesamtsequenz von pKLC102 zugewiesen.

pKSCC785			pKSCC187			pKCCC050			pKSCC867		
<i>HindIII</i>	<i>EcoRI</i>	<i>PvuII</i>	<i>HindIII</i>	<i>EcoRI</i>	<i>PvuII</i>	<i>HindIII</i>	<i>EcoRI</i>	<i>PvuII</i>	<i>HindIII</i>	<i>EcoRI</i>	<i>PvuII</i>
[bp]	[bp]	[bp]	[bp]	[bp]	[bp]	[bp]	[bp]	[bp]	[bp]	[bp]	[bp]
35930 M	17768	11199	13142 M	26034M	19472	11387	15888	9451 M	16192 M	16730	11070
4846	6792 V	10678	10340	9207	8177 M	9614	9440	9204	9719	9419 M	7745
2668 M	5738	7017 M	9642	6792 V	7937M	7509	6792 V	4795	9397	6792 V	4867 M
267	4762	5931	4846	3372 M	5015	6804 M	4876 M	4768	6768 M	4644 M	4663 M
	3614 M	4008 M	3372		2068	2914 M	4866 M	4676	1550	3312	4050
	3592	3526	2032		1089	2789	3894	2846 M	1365	2145	3227
	1242	762 V	1338		762 V	1365		2770	1071	1857	2907
	212 M	360 V	267		570	844		2212	208	1519	2212
		240	159		360V	769		1380	150		1887
						670		1376			1463
						563		1157			1081
						529					762 V
											360 V
											114

**Tabelle 3.6:** Erwartete Fragmentgrößen bei Verdauen von pKSCC785, 187, 050 und 867. Reine SuperCos 1-Fragmente sind durch ein V gekennzeichnet, Mischfragmente aus Insert und Vektor durch ein M. Bei *EcoRI*-Mischfragmenten ist der Vektoranteil nur äußerst gering (33 bzw. 32 bp).

Identifiziert wurden so eine Reihe von Fragmenten, die ganz oder teilweise aus SuperCos 1-DNA bestanden, die aus dem Integron TNCP23 stammten (in pKSCC187) und die pKLC102 flankierende PAO1-DNA enthielten (in pKSCC785 und 867).

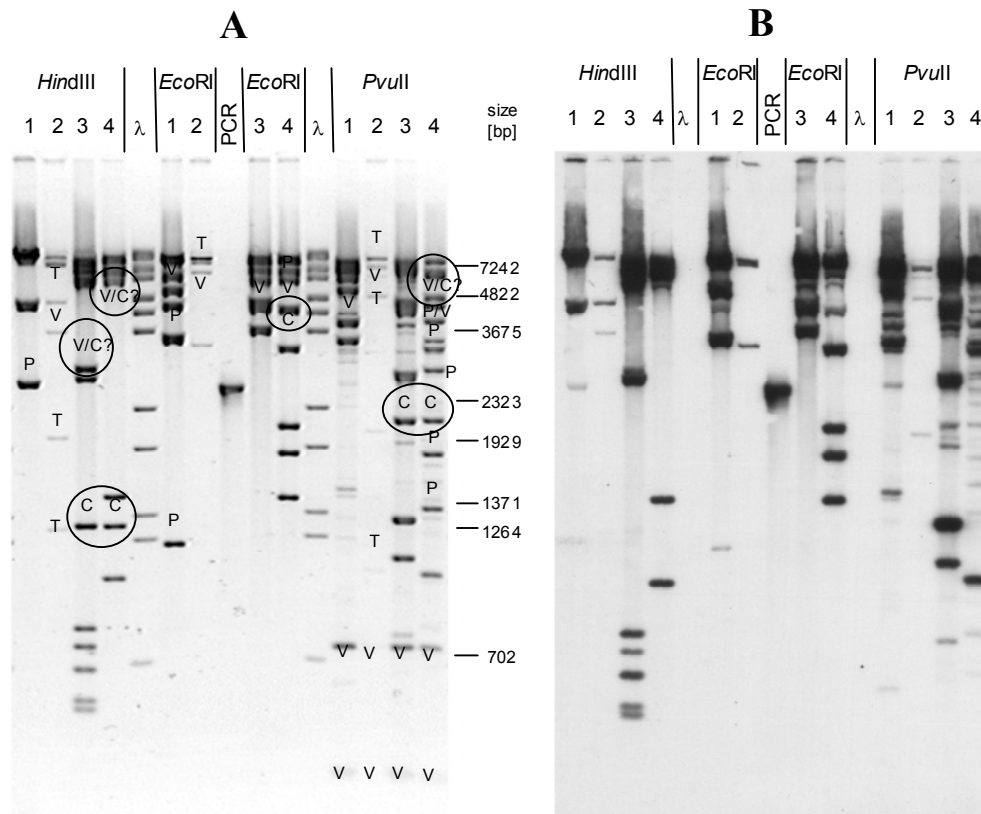
In den *HindIII*- und *PvuII*-Verdauen von pKSCC050 und 867 konnten eindeutig Banden identifiziert werden, die ausschließlich pKLC102-DNA enthalten, aber nicht mit pKLC106 hybridisieren (siehe Markierungen in Abbildung 3.12 A).

pKSCC050 - *HindIII*: → 1365 bp – Fragment

pKSCC867 - *HindIII*: → 1365 bp – Fragment

pKSCC050 - *PvuII* → 2212 bp – Fragment

pKSCC867 - *PvuII* → 2212 bp – Fragment



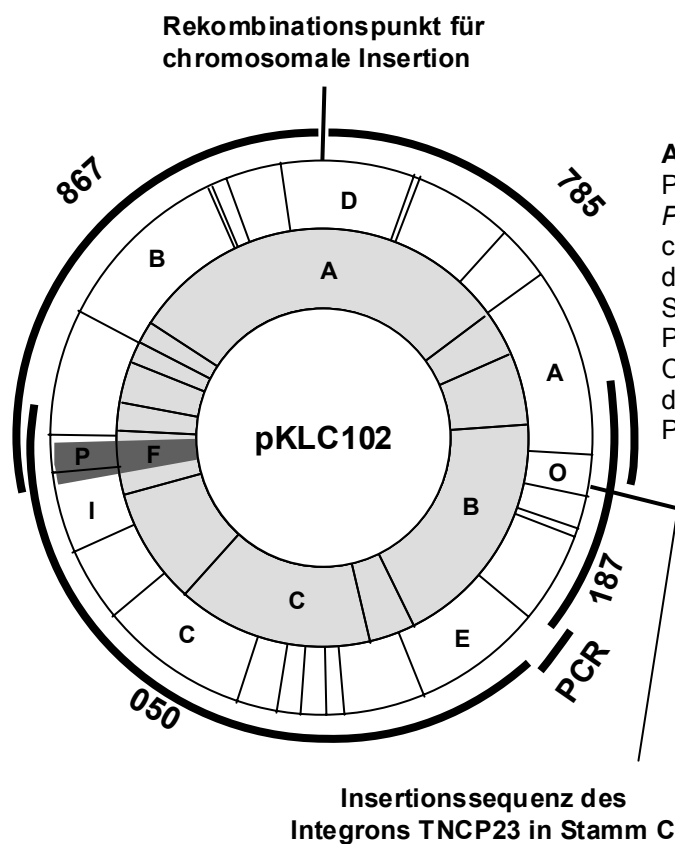
**Abbildung 3.11:** Vergleichende Restriktionsanalyse. A) Restriktionsverdau mit *Hind*III, *Eco*RI und *Pvu*II von pKSCC785 (jeweils Spur 1), pKSCC187 (jeweils Spur 2), pKSCC050 (jeweils Spur 3) und pKSCC867 (jeweils Spur 4). Mit aufgetragen ist das unverdaute *gap*-PCR-Produkt (Spur PCR). Als Größenstandard wurde  $\lambda$ -*Bst*EII-Verdau mit aufgetragen (Spuren  $\lambda$ ). B) *Southern Blot* von Gel A, hybridisiert mit Plasmid pCLK106. Die Buchstaben im Gel A markieren die Restriktionsfragmente, die mit der pCLK106-Sonde kein oder nur ein verhältnismäßig schwaches Signal ergaben und daher folgende DNA enthalten, die nicht in pCLK106 vorkommt. T: Integron TNCP23 (nur in pKSCC187); P: PAO1-konservierte DNA im Insert von pKSCC785 und 867; V: Vektor-DNA (SuperCos 1); C (eingekreist): pKLC102-spezifische DNA, die nicht in pCLK106 konserviert ist.

Den Fragmenten wurden die theoretisch ermittelten Größen zugewiesen, wie sie in Tabelle 3.6 aufgeführt sind. Diese DNA aus den *Pvu*II- und *Hind*III-Fragmenten sollte also in pCLK106 nicht konserviert sein.

Das identifizierte *Pvu*II-Fragment PvP entspricht in der pKLC102-Sequenz ungefähr dem Sequenzbereich der Basen 75800 – 78000 und ragt damit über die Ränder des ebenfalls identifizierten *Hind*III-Fragments von 1365 bp hinaus. Daher wurde der Bereich des Fragments PvP mit eventuellen kurzen umliegenden Abschnitten als pKLC102-spezifisch definiert. Diese Region deckt sich nahezu mit dem Bereich des Operons CP84 – CP86 (siehe

Tabelle 3.2). Alle anderen ORFs des Plasmides lagen in Restriktionsfragmenten, die deutliche Hybridisierungssignale ergeben hatten

Demnach ist das Operon CP84 - CP86 der einzige Abschnitt von pKLC102, der nicht in pKLC106 konserviert ist. Dies bestätigt den hohen Grad der Verwandtschaft der beiden Plasmide, deren genetisches Material größtenteils konserviert zu sein scheint. Allerdings hätten mit dieser Methode wohl kleine, wenige Hundert Basen lange pKLC102-spezifische Fragmente nicht detektiert werden können. Außerdem bleibt offen, welche DNA-Abschnitte von pKLC106 nicht in pKLC102 konserviert sind.



**Abbildung 3.12:** Physikalische Karte des Plasmides erstellt mit *EcoRI* (innen) und *PvuII* (außen). Der Rekombinationspunkt für chromosomale Integration und die Position der Insertion von TNCP23 sind angegeben. Schwarze Bögen repräsentieren den Plasmid-abdeckenden Contig aus pKSCC-Cosmiden und dem *gap*-PCR-Produkt. Die dunkel unterlegte Region fehlt im verwandten Plasmid pKLC106

Die ORFs CP84 – CP86, für deren Genprodukte die Annotation putative metabolische Funktionen ergeben hatte (siehe Kapitel 3.3.2) sind die einzigen drei ORFs in pKLC102 mit hoher Homologie zu ORFs aus PAO1 (PA2566, PQ2565, PA2564). Außerdem wird das Operon von 239 bp langen *direct repeats* flankiert. Daraus konnte geschlossen werden, dass das Operon CP84 – CP86 eine mobile Genkassette darstellt, die wahrscheinlich erst in das Plasmid inkorporiert wurde, nachdem sich pKLC102 und pKLC106 aus einem gemeinsamen Vorläufer heraus zu zwei separaten Plasmiden entwickelt hatten.

Interessanterweise wurde die Sequenz des *direct repeats* auch mit 90 % Identität in PAGI-4(C) gefunden, dort am Ende eines Abschnittes pKLC102-homologer Sequenz neben einem CP87-ähnlichen ORF. Das Auftreten dieser Sequenz als *direct repeat* in pKLC102, in vergleichbarer Position (zwischen CP86 und CP87) um eine mobile Genkassette herum, lässt eine mögliche Involvierung der homologen Sequenz in die Rekombinationsereignisse vermuten, in deren Folge die Geninsel PAGI-4(C) entstanden ist (siehe Kapitel 3.5).

### 3.7 pKLC102 als Kernelement für Genomevolution in *P. aeruginosa* Klon C

Durch die Analyse intraklonaler Genomdiversität anhand von Kartierungen und Sequenzierungen vergleichbarer Regionen können Rückschlüsse auf die Umgestaltung bakterieller Genome und die zugrundeliegenden Rekombinationsereignisse gezogen werden (Kiewitz u. Tümmler, 2000). In unserer Arbeitsgruppe wurden in Laufe der letzten Jahre viele Ergebnisse zur Genomdiversität von Klon C Stämmen zusammengetragen. Dadurch wurde es möglich, eine „Evolution“ des bakteriellen Genoms von *Pseudomonas aeruginosa* Klon C in Verbindung mit dem Plasmid pKLC102 zu beschreiben. Die verschiedenen Schritte dieser Evolution sind dabei durch die Genotypen verschiedener Klon C Isolate repräsentiert (Kiewitz et al., 2000; Römling et al., 1997; Kresse et al., 2003).

Abbildung 3.11 zeigt die verschiedenen „Evolutionsstufen“ von Klon C Stämmen, wie sie miteinander in Verbindung gebracht werden können, und stellt sie der Situation in Klon K Stämmen gegenüber.

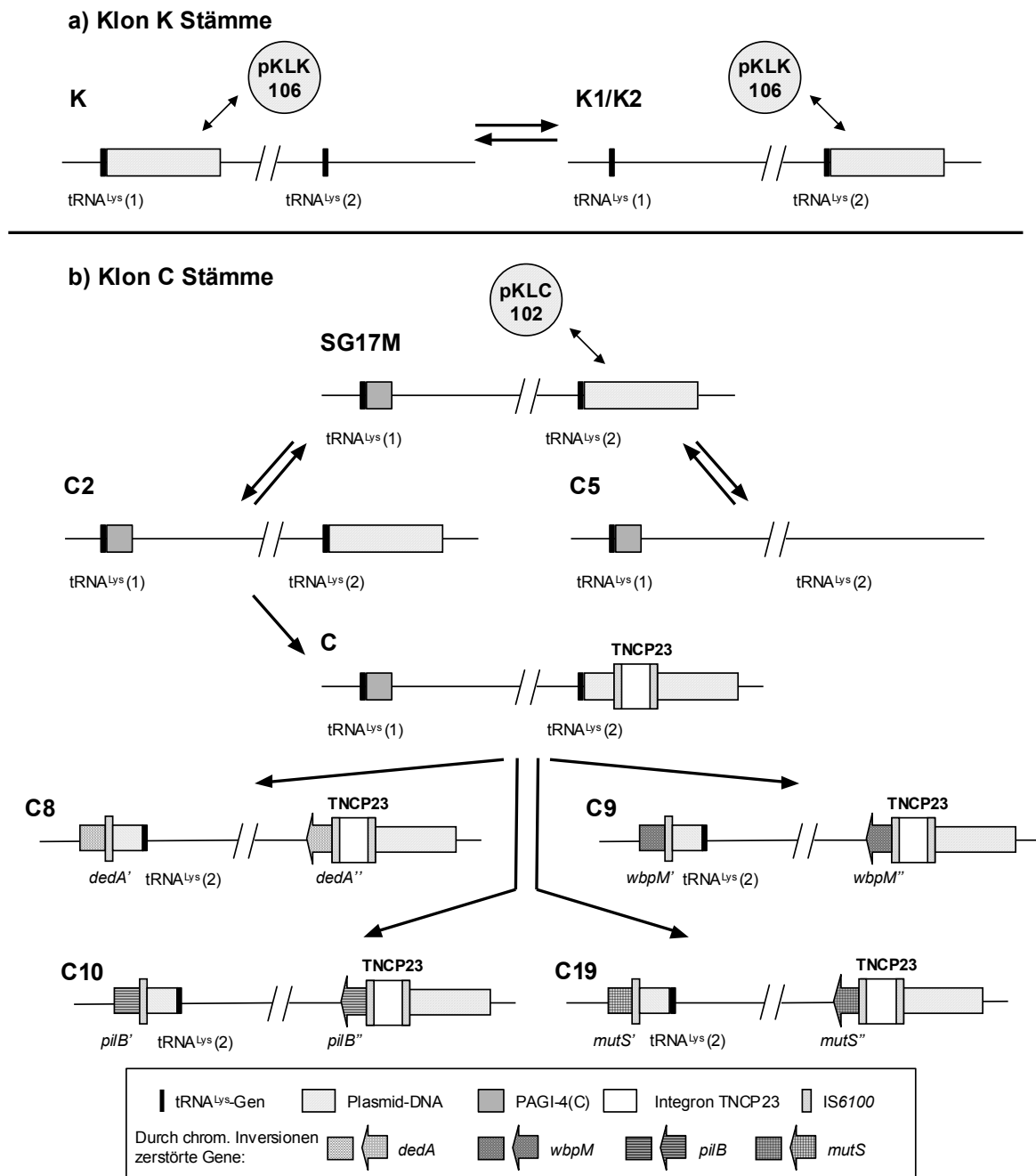
Die Entwicklung kann dabei wie folgt dargestellt werden:

pKLC106 und pKLC102 sind eng verwandte Plasmide, die mit dem gleichen phagen-ähnlichen Mechanismus (siehe Kapitel 3.2) an tRNA<sup>Lys</sup>-Genen ins Chromosom von Klon K und Klon C Stämmen integriert werden können. pKLC106 integriert reversibel in eins von zwei möglichen tRNA<sup>Lys</sup>-Genen (Abbildung 3.13, Teil a). In allen untersuchten Klon K Stämmen wurde sowohl freies als auch chromosomal integriertes Plasmid detektiert. Bei Subkultivierungen von Klon K Stämmen *in vitro* wurde der mögliche Transfer der Plasmid-DNA von einem Integrationspunkt in den anderen nachgewiesen.

Das Plasmid pKLC102 inseriert in Klon C nur an einer der Positionen, die in Klon K genutzt werden, reversibel ins Chromosom (tRNA<sup>Lys</sup>-2, siehe Abbildung 3.13, Teil b). Der andere Integrationspunkt ist durch die Geninsel PAGI-4(C) blockiert, die zum Teil aus pKLC102-ähnlicher DNA besteht. Diese Insel könnte einen durch Genomrearrangements trunktierten Überrest eines integrierten Plasmides darstellen, der irreversibel im Chromosom inkorporiert ist (siehe Kapitel 3.5). In allen Klon C Umweltisolaten und Isolaten aus



Krankenhausumgebungen wurde die integrierte und die episomale Form von pKLC102 detektiert (Genotyp repräsentiert durch SG17M). In vielen Isolaten aus Lungen von CF-Patienten aber lag pKLC102 gar nicht mehr (C5) oder nur noch in integrierter Form (Stamm C2) vor.



**Abbildung 3.13:** *P. aeruginosa* Evolution in Verbindung mit Plasmid-DNA. a) Reversible Integration von Plasmid-DNA in zwei mögliche tRNA<sup>Lys</sup>-Gene von Klon K Stämmen. b) Verschiedene auftretende Formen von Plasmid-DNA in Klon C. In Subgruppe SG17M liegt pKLC102 episomal und chromosomal integriert vor (nur an einem der tRNA<sup>Lys</sup>-Gene). Stamm C5 hat pKLC102 scheinbar verloren, in Stamm C2 tritt nur noch die integrierte Form auf. Subgruppe C trägt zusätzlich das Integron TNCP23 auf der pKLC102-DNA, freies Plasmid wurde nicht mehr detektiert. TNCP23 ist von IS6100-Kopien flankiert. Die linke IS6100-Kopie wird intramolekular transponiert, gefolgt von chromosomaler Inversion zwischen IS6100 im Transposon und der transponierten Kopie (C8, C9, C10, C19), wodurch definierte

Gene zerstört werden. In diesen Stämmen ist das durch PAGI-4(C) blockierte tRNA<sup>Lys</sup>-Gen nicht mehr mit dargestellt.

Den nächsten Schritt stellt die Subgruppe C (repräsentiert durch Stamm C) dar, die unter den Klon C Subgruppen die einzige ist, in die ausschließlich Lungen-Isolate von CF-Patienten eingeordnet worden waren. Die Stämme dieser Subgruppe tragen als einzige auf der integrierten pKLC102-DNA das TNCP23-Integron, das eine Aminoglykosid-Resistenz ins Genom einbringt und so einen Selektionsvorteil bei Behandlung mit solchen Antibiotika vermittelt. Die pKLC102-DNA wird durch TNCP23 scheinbar endgültig im Chromosom fixiert.

Weitere Rekombinationsereignisse gehen wiederum in einigen Subgruppe C Stämmen (C8, C9, C10, C19) von dem Integron TNCP23 aus. Ein in TNCP23 lokalisiertes IS6100-Element stellt einen der Bruchpunkte für chromosomale Inversionen dar. Durch diese Inversionen wird am zweiten Bruchpunkt jeweils ein Gen ausgeschaltet. In den betreffenden Subgruppe C Stämmen sind dies z. B. Gene zur O-Antigen-Bildung oder zur Ausbildung von Pilin-Strukturen (Kresse et al., 2003). Die verminderte Produktion solcher extrazellulärer Strukturen stellt eine generelle Strategie von *P. aeruginosa* zur Adaptation an das CF-Lungen-Habitat dar (Tümmler u. Kiewitz, 1999; Lyczak et al., 2002). So ist die Ausschaltung entsprechender Gene durch die chromosomalen Inversionen als weiterer Evolutionsschritt der Klon C Stämme anzusehen. Einhergehend mit den Inversionen wurde die DNA von pKLC102 auf zwei verschiedene Regionen des Genoms aufgeteilt. Die zwei *att*-Sequenzen wurden dabei so weit voneinander entfernt, dass die ehemalige DNA nicht mehr in einem Stück ausgeschnitten werden könnte.

In dem sich mit den verschiedenen Stämmen ändernden Auftreten der pKLC102-DNA in Klon C (siehe Abbildung 3.11) spiegelt sich demnach eine Evolution wieder, in deren Verlauf aus einem ursprünglich mobilen genetischen Element eine am Ende zerstückelte, in verschiedenen chromosomalen Regionen fixierte Geninsel wird. Einige Schritte dieser Evolution scheinen dabei nur bei Bakterien stattzufinden, die eine besondere Umgebung kolonisieren, in diesem Fall die Lunge eines Mukoviszidose-Patienten.

## 4 Analyse der Geninsel in der SpB-Region

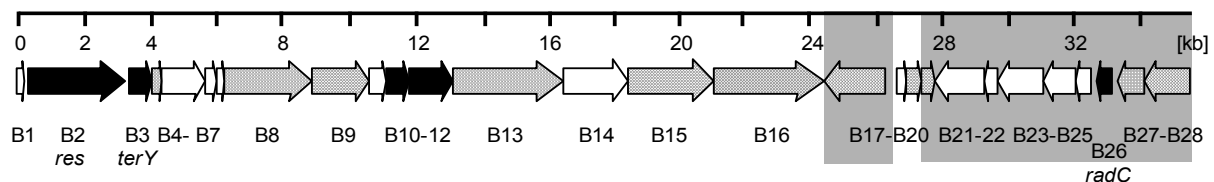
### 4.1 Hintergrund

Zur Analyse der Geninsel PAGI-2(C) (Larbig et al., 2002) war die Genombibliothek von *P. aeruginosa* C nach Cosmiden mit DNA aus dieser Region durchsucht worden. Dabei wurden mehrere Cosmide detektiert, die auf PAGI-2(C)-DNA hybridisierten, obwohl sie DNA aus einer anderen Region des Genoms, dem Restriktionsfragment SpB, enthielten. Diese Region war als hypervariable Region 3 von Klon C beschrieben worden (siehe Kapitel 1.3), in der im Stamm C eine spezifische Insertion vorliegen sollte (K. D. Larbig, Dissertation, 2001).

Eines der detektierten Cosmide, pKSCC1013, war näher analysiert worden. Dessen Restriktionsfragmente hybridisierten teilweise außer auf SpB und PAGI-2(C) auch noch auf DNA auf dem Plasmid pKLC102 und der Geninsel PAGI-3(SG), nicht aber auf PAO1. Andere Fragmente von pKSCC1013 hybridisierten hingegen ausschließlich auf SpB.

*P. aeruginosa* C enthält demnach im Restriktionsfragment SpB eine stammspezifische Insertion, die teilweise gegenüber PAGI-2(C) konserviert ist.

Dies wurde durch die Sequenzierung des Cosmids bestätigt. Die ersten 24,5 kb aus pKSCC1013 stellten spezifische DNA dar, während die ORFs in den übrigen 11 kb (bis auf zwei Ausnahmen) in der gleichen Reihenfolge in PAGI-2(C) konserviert waren (siehe Abbildung 4.1). Die (vorläufig so bezeichneten) ORFs B17 und B20 – B28 waren homolog zu den ORFs C36 und C39 – C47. Diese gehören zu den 47 Genen, die zwischen PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) konserviert sind und liegen auch in diesen Geninseln an den Übergängen zwischen dem spezifischen und dem konservierten Teil (Larbig et al., 2002). Die Geninsel im Restriktionsfragment SpB scheint also eine ähnliche zweiteilige Struktur aufzuweisen.



**Abbildung 4.1:** Annotationsübersicht des Cosmids pKSCC1013 und Vergleich mit PAGI-2(C). Die ORFs sind durch Pfeile dargestellt. Die verwendeten Bezeichnungen stammen aus der früheren Annotation von K. D. Larbig (Dissertation, 2001) und sind in der aktuellen Annotation (siehe Tabelle 4.8) durch andere ersetzt. Schwarz: Genprodukt mit guter Funktionsvorhersage (evtl. mit vergebenem Gennamen). Gerastert: konservierte hypothetische Proteine. Weiß: hypothetische Proteine. ORFs B1 und B28 sind unvollständig. Der grau unterlegte Bereich ist homolog zu PAGI-2(C).

## 4.2 Sequenzierung und Analyse der Insertion in SpB

Die Sequenzierung der Geninsel im Restriktionsfragment SpB von *P. aeruginosa* C ist nicht nach Erstellung eines durchgängigen, die Insertion abdeckenden Cosmid-Contigs erfolgt. Stattdessen wurden schrittweise an bekannte Sequenzen angrenzende neue Abschnitte identifiziert und sequenziert. Auf diese Weise wurden zwei große Contigs (bezeichnet mit 1 und 2) erstellt, durch die aber noch nicht die gesamte inserierte DNA in dieser Region abgedeckt wird. Daher besteht zur Zeit noch eine physikalische Lücke in der Sequenz.

Die Ergebnisse der Sequenzanalysen werden am Ende umfassend für beide bestehenden Contigs beschrieben, Teilergebnisse für einzelne Abschnitte werden aber schon vorher angeführt, soweit sie für die Identifizierung angrenzender Abschnitte von Bedeutung waren.

Ausgangspunkt war die aus früheren Arbeiten bekannte Sequenz des Cosmides pKSCC1013, dessen Insert inmitten der Geninsel lokalisiert worden war (siehe vorheriger Abschnitt).

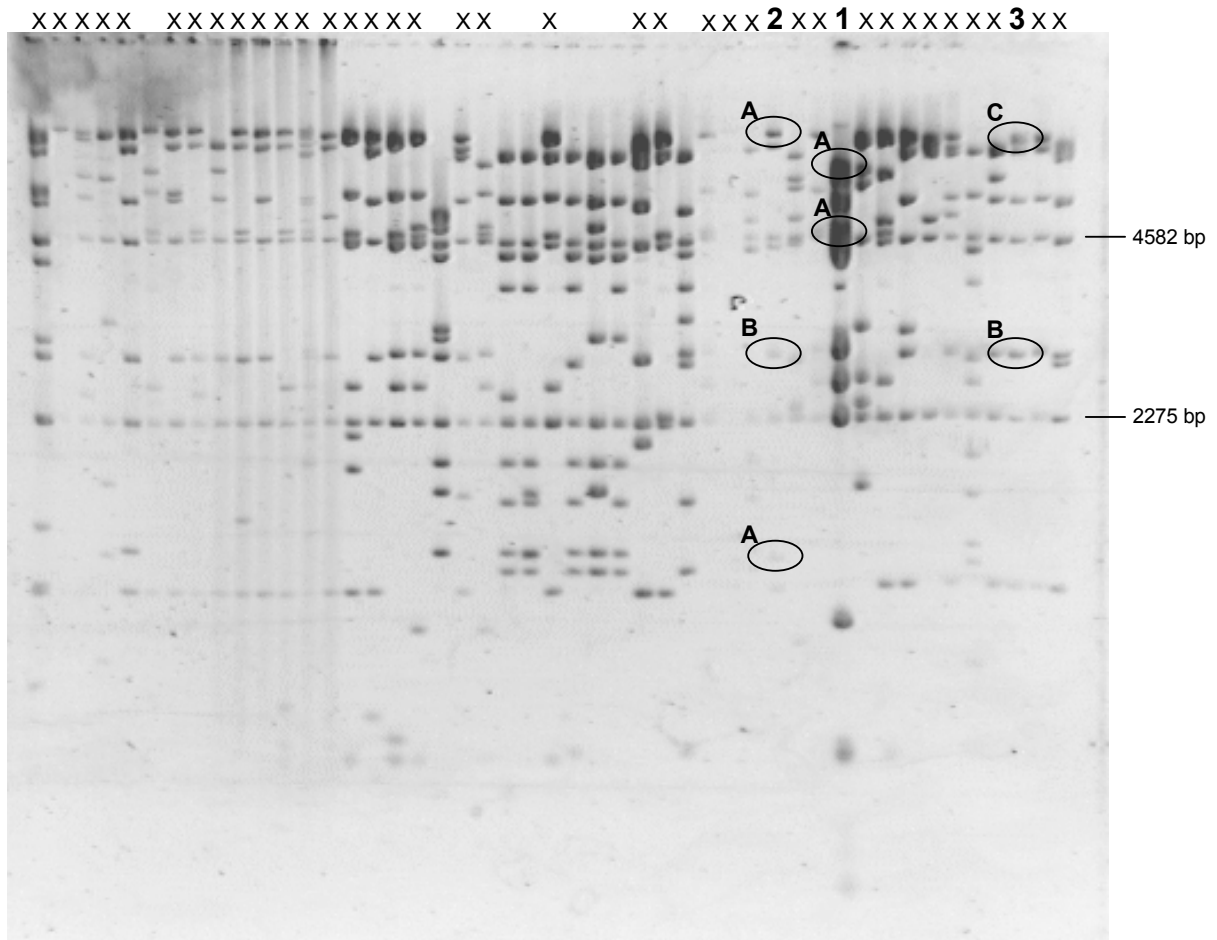
### 4.2.1 Erstellung des SpB-Contigs 1

Aufgrund der Homologie von pKSCC1013 zu PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) wurde die Hypothese aufgestellt, dass der Aufbau der Insertion dem der beiden anderen Geninseln entspricht und die zwischen PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) homologen ORFs auch in der SpB-Insel konserviert sind. Die entsprechende konservierte DNA müsste demnach in dem Bereich von SpB zu finden sein, der an den zu PAGI-2(C) homologen Bereich in pKSCC1013 (zum T7-Ende hin gelegen) anschließt. Außerdem sollte die DNA, bei ähnlichem Konservierungsgrad wie in pKSCC1013, mit PAGI-2(C)-DNA kreuzhybridisieren.

Zur Identifizierung von Cosmiden, deren Insert den begonnenen Contig am pKSCC1013-T7-Ende fortsetzen, wurde nur ein kleiner Teil der Genombibliothek von Stamm C durchsucht. Vorab ausgewählt wurden 38 Cosmide, die bei der Erstellung des PAGI-2(C)-Contigs als falsch Positive aufgefallen und dann der SpB-Region zugeordnet worden waren (s. o.).

Die Analyse erfolgte über Vergleiche der Restriktionsmuster dieser Cosmide nach *EcoRI-HindIII*-Doppelverdau (siehe Abbildung 4.2) und über Hybridisierungsexperimente.

Die *EcoRI-HindIII*-verdaute DNA wurde auf Nylonmembran transferiert und zunächst mit einer pKSCC1013-T7-Endfragmentsonde (generiert mit asymmetrischer PCR) hybridisiert. Außer pKSCC1013 wurden damit 23 weitere Cosmide detektiert. Unter diesen fiel das Cosmid pKSCC1005 auf, dessen Restriktionsmuster keine Bande wie in pKSCC1013 aufwies (außer Vektorbanden). Hybridisierungssignale wurden in pKSCC1005 auf einem ca. 1400 bp-Fragment und einem sehr großen Fragment von mind. 14 kb detektiert.



**Abbildung 4.2:** *EcoRI-HindIII*-Restriktionsmuster von Cosmiden mit Insert-DNA aus der SpB-Insertion. Die Bahnen mit analysierten Cosmiden sind mit einem X gekennzeichnet. Größenangaben an der Seite bezeichnen die nach dem Verdau auftretenden Vektor-Banden. Spur 1 markiert pKSCC1013, Spur 2 pKSCC1005 und Spur 3 pKSCC1036. Die bei den Hybridisierungen detektierten Fragmente sind hervorgehoben (A: Sonde 1013-T7, B: 1005-EH3, C: SpV-E29).

Beide Fragmente konnten also mit den letzten beiden Fragmenten aus pKSCC1013 überlappen, was auf ca. 9 kb gleiche Sequenz in den Inserts hindeutete (siehe Tabelle 4.1).

Die nächste Hybridisierung wurde mit einem der nicht detektierten Restriktionsfragmente aus dem Cosmid pKSCC1005 durchgeführt, um den Contig weiter fortzusetzen. Ausgewählt wurde ein Fragment von ca. 3 kb, das eindeutig von allen anderen Banden separiert im Gel positioniert war. Diese Sonde 1005-EH3 hybridisierte außer auf pKSCC1005 auf 20 weiteren Cosmiden.

Zur weiteren Analyse erfolgte dann eine dritte Hybridisierung. Die verwendete Sonden-DNA repräsentierte einen der Bereiche am Ende der PAGI-2(C)-Geninsel, in der SpB-Insertion konserviert sein sollte. Diese Sonde SpV-E29 (hergestellt von K. D. Larbig, siehe Dissertation 2001) entsprach einem 5,9 kb *EcoRI*-Subfragment des Restriktionsfragmentes SpV und

umfasste den Bereich der ORFs C97 – C102 aus PAGI-2(C), wobei Homologe zu C101 und C102 auch in der SpB-Insertion vermutet wurden und mit der Sonde detektiert werden sollten. Diese Sonde hybridisierte auf 15 Cosmiden. Die Restriktionsmuster wurden daraufhin für die Cosmide verglichen, auf denen beide Sonden, 1005-EH3 und SpV-E29, hybridisiert hatten. Aus diesen Kandidaten wurde das pKSCC1036 ausgewählt. Bei diesem Cosmid wurde dasselbe 3 kb Fragment identifiziert, das aus pKSCC1005 als Sonde isoliert worden war. Die Sonde SpV-E29 hatte auf einem ca. 12 kb großen Fragment von pKSCC1036 hybridisiert (siehe Tabelle 4.1). Anhand des Restriktionsvergleichs mit pKSCC1005 war nicht auszuschließen, dass neben der 3 kb Bande auch noch eine große Bande (10 - 12 kb) in beiden Cosmiden identisch war. Trotzdem ergab die Abschätzung, dass durch die Kombination der Inserts aus pKSCC1005 und 1036 die bestehende pKSCC1013-Sequenz um bis zu 50 kb verlängert würde.

In PAGI-2(C) beträgt der Abstand vom ORF C47, dessen Homologes am T7-Ende von pKSCC1013 beginnt (s. o.) bis zum Ende der Geninsel ca. 57 kb. Ähnliche Strukturen beider Geninseln vorausgesetzt, könnte demnach ein Contig pKSCC1013-1005-1036 den vermuteten PAGI-2(C)-homologen Bereich in der SpB größtenteils oder eventuell sogar vollständig abdecken.

Restriktionsfragmente pKSCC1013 [bp]	Restriktionsfragmente pKSCC1005 [bp*]	Restriktionsfragmente pKSCC1036 [bp*]
383	1300	1300
4861	<b>1400</b> (1013-T7)	2900
1106	<b>3000</b> (1005-EH3)	<b>3000</b> (1005-EH3)
2810	4500	5800
4596	10000	10000
6078	<b>15000</b> (1013-T7)	<b>14000</b> (SpV-E29)
671	4582 (Vektor)	4582 (Vektor)
2495	2275 (Vektor)	2275 (Vektor)
171		
<b>4821</b> (1013-T7??)		
<b>7715</b> (1013-T7)		
4582 (Vektor)		
2275 (Vektor)		

**Tabelle 4.1:** Vergleich der pKSCC-Cosmide 1013, 1005 und 1036 nach Restriktionsverdau und Hybridisierungen. Angegeben sind die Größen der *EcoRI-HindIII*-Restriktionsfragmente (\* = Größe im Agarosegel abgeschätzt). Durch Hybridisierungen detektierte Fragmente sind fett geschrieben, die jeweilige Sonde dahinter in Klammern angegeben. Überlappende bzw. übereinstimmende Fragmente in den Cosmid-Inserts sind grau unterlegt und durch die Linien mit dem jeweiligen Gegenstück verbunden.

Von pKSCC1005 und 1036 wurden als nächstes die T3- und die T7-Enden der Insertsequenzen bestimmt. Durch Identität der 1005-T3-Endsequenz mit der pKSCC1013-Sequenz wurde eine 9,1 kb Überlappung dieser beiden Cosmid-Inserts bestätigt. Die T7-Endsequenz von pKSCC1036 wies Identität zu PAO1-DNA auf, die übereinstimmende Sequenz lag im ORF PA0732. Damit schien ein Contig pKSCC1013-1005-1036 tatsächlich bis zum Ende der SpB-Insertion zu reichen und den Übergang zu PAO1-konservierter DNA zu beinhalten. Die Cosmide pKSCC1005 und 1036 wurden daraufhin vollständig sequenziert. Bei der Betrachtung von der Umgebung von ORF PA0732 in der PAO1-Genomsequenz fiel ein tRNA<sup>Gly</sup>-Gen zwischen den ORFs PA0729 und PA0730 auf. In Analogie zu PAGI-2(C) wurde für die SpB-Insertion daher dieses tRNA-Gen als ehemaliger Insertionspunkt vorhergesagt, an dem in Stamm C der Übergang zwischen Insertion und PAO1-konservierter DNA zu finden sein sollte.

Dies wurde durch die Sequenzierungsergebnisse bestätigt. Die Inserts von pKSCC1013, 1005 und 1036 ergaben zusammen einen Contig von 80826 bp. In diesem Contig wurden die Basen 77701 – 77774 als tRNA<sup>Gly</sup>-Gen identifiziert, gefolgt von 3,1 kb DNA mit 99,3 % Identität zur PAO1-Genomsequenz. In diesen 3,1 kb wurden Homologe zu den ORFs PA0730 – PA0732 identifiziert. Die SpB-Insertion schien also tatsächlich am tRNA<sup>Gly</sup>-Gen zwischen PA0729 und PA0730 ins Genom integriert zu sein, dessen 3'-Ende - ein ähnlicher Integrationsmechanismus wie für PAGI-2(C) oder pKLC102 vorausgesetzt - eine ehemalige *attB*-Sequenz darstellen könnte (vgl. Kapitel 3.2).

Im Contig wurden insgesamt 49 ORFs identifiziert, die homolog zu ORFs aus PAGI-2(C) waren, darunter auch nahezu alle ORFs, die zwischen PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) konserviert sind (siehe Tabelle 4.2). Die SpB-Insertion stellte also eine vergleichbare Geninsel mit semikonservierter Struktur und gleichem tRNA-Gen als Integrationssequenz dar (Die detaillierte Übersicht über die Sequenzanalyse, die annotierten ORFs und ihre Homologen ist im Kapitel 4.2.5 aufgeführt.).

A	B	A	B	A	B
BR76	C1	BR39	C54	BR60	C89
BR21	C36	BR40	C55	BR61	C90
BR24	C39	BR46	C64	BR62	C91
BR25	C40	BR47	C65	BR63	C93
BR26	C41	BR48	C66	BR64	C94
BR27	C42	BR49	C67	BR65	C95
BR28	C43	BR50	C68	BR66	C101
BR29	C44	BR51	C69	BR67	C102
BR30	C45	BR52	C70	BR68	C103
BR31	C46	BR53	C71	BR69	C104
BR32	C47	BR54	C72	BR70	C105
BR33	C48	BR55	C74	BR71	C106
BR34	C49	BR56	C75	BR72	C107
BR35	C50	BR57	C77	BR73	C108
BR36	C51	BR58	C79	BR74	C109
BR37	C52	BR59	C81	BR75	C110
BR38	C53				

**Tabelle 4.2:** Homologe ORFs im SpB-Contig 1 (jeweils Spalten A) und PAGI-2(C) (jeweils Spalten B). Die ORFs aus dem Contig 1 sind entsprechend der Annotationstabelle in Kapitel 4.2.5 bezeichnet. Grau unterlegte ORFs sind nicht in PAGI-3(SG) konserviert. Dagegen gibt es Homologe zu C4, C80 und C83 in PAGI-3(SG), aber nicht im SpB-Contig 1.

Am anderen Ende der pKSCC1013-Sequenz (T3-Ende) sollte sich die SpB-Insertion fortsetzen, bei Analogie zu PAGI-2(C) sollte hier SpB-spezifische DNA folgen und die Insertion irgendwann mit einer Kopie des 3'-Endes des tRNA<sup>Gly</sup>-Gens (*attR*) enden. Wenn die Größe mit der der anderen Insertionen vergleichbar wäre (ca. 105 kb), wären noch ca. 28 kb DNA zwischen dem pKSCC1013-T7-Ende und der vermuteten *attR*-Sequenz zu erwarten.

Um den Contig in diese Richtung fortzusetzen, wurde die Genombibliothek mit einer Sonde durchsucht, die das entsprechende pKSCC1013-Ende repräsentierte. Die Sonde 1013end bestand aus einem 467 bp PCR-Produkt, dass auf dem Cosmid-Insert mit den *Primern* 1013endf und 1013endr generiert wurde (Basen 129 – 595 im pKSCC1013-Insert). Bei der Hybridisierung wurden damit lediglich drei Cosmide detektiert. Die *EcoRI-HindIII*-Restriktionsmuster zweier dieser Cosmide (pKSCC236 und 316) stimmten nahezu völlig mit dem von pKSCC1013 überein, das des dritten Cosmides pKSCC186 zeigte auch mehrere übereinstimmende Banden, so dass alle drei Cosmide gleiche oder ähnliche Inserts wie pKSCC1013 zu haben schienen (siehe Tabelle 4.3). Eine Hybridisierung der *EcoRI-HindIII*-Verdaue mit der Sonde 1013end bestätigte dies. Von pKSCC236 und 316 wurden die gleichen Fragmente wie in pKSC1013 detektiert (siehe Tabelle 4.2.). Bei pKSCC186 unterschied sich das Hybridisierungsmuster etwas. Dessen Auswertung und der Vergleich der



Restriktionsmuster ergab, dass nur 5,4 - 6,8 kb DNA des Inserts von pKSCC186 nicht in pKSCC1013 vorkommen konnten.

Restriktionsfragmente pKSCC1013 [bp]	Restriktionsfragmente pKSCC186 [bp*]
<b>383</b>	650
<b>4861</b>	<b>700</b>
1106	<b>1100</b>
2810	2000
4596	<b>2500</b>
6078	<b>2900</b>
671	3100
<b>2495</b>	3400
171	<b>4600</b>
<b>4821</b>	4800
7715	<b>4800</b>
4582 (Vektor)	6200
2275 (Vektor)	4582 (Vektor)
	2275 bp (Vektor)

**Tabelle 4.3:** Vergleich der pKSCC-Cosmide 1013 und 186 nach Restriktionsverdau und Hybridisierungen. Angegeben sind die Größen der *EcoRI-HindIII*-Restriktionsfragmente (\* = Größe im Agarosegel abgeschätzt). Mit der Sonde 1013end detektierte Fragmente sind fett geschrieben. Überlappende bzw. übereinstimmende Fragmente in den Cosmid-Inserts sind grau unterlegt und durch die Linien mit dem jeweiligen Gegenstück verbunden. Das 171 bp Fragment war im Gel nicht zu identifizieren, sollte aber auch in pKSCC186 vorkommen. Eines der nicht markierten Fragmente in pKSCC186 musste einem Teil des 7715 bp Fragments aus pKSCC1013 entsprechen.

Die nachfolgende Ansequenzierung ergab, dass das T3-Ende des Inserts von pKSCC186 dem Sequenzbereich 30300 – 31060 von pKSCC1013 entsprach und somit beide Cosmide um fast 31,1 kb überlappten. Der von pKSCC186 abgedeckte Abschnitt reichte damit sogar bis in den von pKSCC1005 gebildeten Teil des Contigs. Der spezifische Anteil in pKSCC186 wurde daraufhin auf 5,7 kb abgeschätzt und vollständig sequenziert. Als tatsächliche Größe ergaben sich 5475 bp, die zu dem bestehenden Contig hinzugefügt wurden. Somit bestand ein SpB-Contig 1, der 83175 bp der SpB-Insertion abdeckte.

Auf pKSCC186 folgende Cosmide konnten in der Genombibliothek nicht identifiziert werden. Mit den *Primern* 186endf und 186endr wurde ein PCR-Produkt (Basen 193 – 689 in der pKSCC186-Sequenz) als Sonde generiert. Mit dieser Sonde wurde aber außer pKSCC186 selbst kein Cosmid aus der Bibliothek detektiert. Anscheinend ist der gesuchte Bereich in der Genombibliothek unterrepräsentiert, so dass der SpB-Contig 1 auf diese Weise nicht fortgeführt werden konnte. Spezifische Teile der SpB-Insertion und der zweite Übergang zur PAO1-konservierten DNA fehlten.

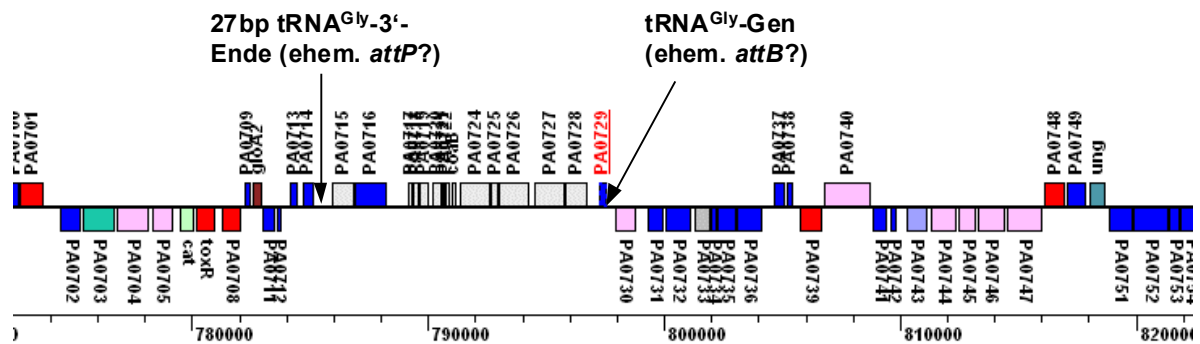
### 4.2.2 Beginn des SpB-Contigs 2

Der SpB-Contig 2 wurde erstellt, um den noch fehlenden zweiten Übergang zwischen SpB-Insertion und konservierter chromosomale DNA zu analysieren. Außerdem sollte er dem im vorigen Kapitel beschriebenen SpB-Contig 1, für den keine weiterführenden Cosmide identifiziert werden konnten, entgegenlaufen und den fehlenden Bereich der Insertion soweit wie möglich abdecken.

Ansatzpunkt für diese Analysen war die Identifizierung des tRNA<sup>Gly</sup>-Gen als Übergang zwischen inserierter und chromosomaler DNA im Contig 1 (siehe Kapitel 4.2.1). In Analogie zu den Geninseln PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) wurde am anderen Übergang eine Duplikation einer unbekannt Anzahl Basen des tRNA<sup>Gly</sup>-3'-Endes vermutet, die die ehemalige *attP*-Sequenz des inserierten DNA-Blocks darstellen sollten. Neben dieser *attP*-Sequenz sollte PAO1-konservierte DNA wie im sequenzierten Genom lokalisiert sein.

Das tRNA<sup>Gly</sup>-Gen liegt im PAO1-Genom zwischen den ORFs PA0729 und PA0730. Ein PA0730-homologer ORF wurde am Übergang zwischen SpB-Insertion und PAO1-konservierter DNA in Contig 1 identifiziert (siehe Kapitel 4.2.1). Daher sollte nun zum Auffinden von Cosmiden mit dem zweiten Übergang eine Sonde verwendet werden, die den Bereich des ORFs PA0729 repräsentierte. Dafür wurden die *Primer* PA729f und PA729r generiert, mit denen ein PA0729-überspannendes PCR-Produkt (PAO1-Sequenz 797098 – 797635) amplifiziert werden sollte. Die Amplifikation gelang aber nur mit PAO1-DNA als Matrize, nicht mit genomischer DNA von *P. aeruginosa* C. Dies deutete daraufhin, dass in Stamm C der ORF PA0729 nicht konserviert ist und neben der SpB-Insertion nicht dieselbe DNA zu erwarten war wie in PAO1 neben dem tRNA<sup>Gly</sup>-Gen.

Eine genauere Betrachtung der PAO1-Sequenz in dieser Region (siehe Abbildung 4.3) lieferte weitere Hinweise. Vor dem tRNA<sup>Gly</sup>-Gen wurden hier mehrere hypothetische ORFs und vor allem diverse Gene für putative Phagen-Proteine annotiert (PA0715, PA0717 – PA0728) (Stover et al., 2000; siehe auch PAO1-Genomprojekt, <http://www.pseudomonas.com>).



**Abbildung 4.3:** Übersicht des Sequenzabschnittes 782000 – 822000 aus dem PAO1-Genom (aus Genomkarte unter [www.pseudomonas.com](http://www.pseudomonas.com)). Gezeigt sind die annotierten ORFs von PA0701 bis PA0753. Der Bereich der vermeintlichen integrierten Phagen-DNA (ORFs PA0715 – PA0729) ist von einem kompletten tRNA<sup>Gly</sup>-Gen und einer Kopie von dessen 3'-Ende umgeben.

Zwischen den ORFs PA0714 und PA0715 wurden außerdem 27 bp identifiziert, die identisch zum 3'-Ende des tRNA<sup>Gly</sup>-Gens waren (Basen 785311 – 785337 in der PAO1-Sequenz). Somit schien im Stamm PAO1 in dieser Region ein Phage in die chromosomale DNA integriert zu sein, der die ORFs PA0715 – PA0729 umfasst und in die *attB*-site im tRNA<sup>Gly</sup>-Gen inseriert ist. Die 27 bp vom tRNA<sup>Gly</sup>-3' Ende stellen dessen ehemalige *attP*-Sequenz dar. Da in Stamm C der ORF PA0729 nicht konserviert zu sein schien, wurde die Hypothese aufgestellt, dass die gesamte putative Phagen-DNA eine PAO1-spezifische Insertion (später bestätigt (Wolfgang et al., 2003)) darstellt und in Stamm C fehlt, die davor in PAO1 auftretende DNA bis einschließlich ORF PA0714 hingegen konserviert ist.

Um die Genomarchitektur von C in dieser Region zu überprüfen, wurden PCR-Experimente durchgeführt, um nachzuweisen, welche entsprechende DNA aus PAO1 in C tatsächlich konserviert ist und welche nicht.

Dazu wurden diverse *Primer* generiert, mit denen ausgewählte Abschnitte zwischen PA0710 und PA0729 auf dem PAO1-Genom amplifiziert werden konnten. Parallel wurden die gleichen PCRs mit genomischer DNA von Stamm C als Matrize durchgeführt, um Hinweise zu erhalten, welche Abschnitte in Stamm C konserviert sind oder in dieser Region gegenüber PAO1 fehlen. Eine Zusammenfassung dieser PCR-Ergebnisse ist in der folgenden Übersicht gegeben:

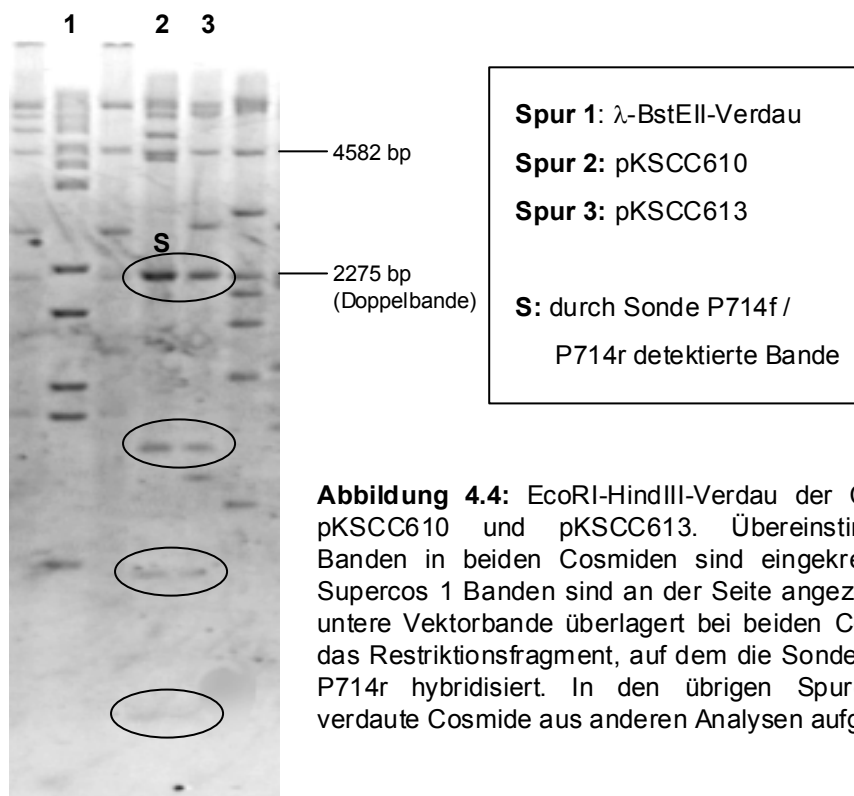
<i>Primer-Kombination</i>	in PAO1 amplifizierter Sequenzabschnitt	Größe des PCR-Produkts [bp]	PCR-Produkt auf Stamm C
P710f / P710r	782555 – 782928	664	ja
P711f / P712r	783338 – 783816	479	ja
P714f / P714r	784772 – 785240	469	ja
P716f / P716r	787997 – 788511	515	nein
P723f / P724r	791119 – 791630	512	ja
P727f / P727r	794919 – 795397	479	ja
P729f / P729r	797098 – 797635	538	nein
P711f / P714r	783338 – 785240	1903	ja
P714f / P716r	784772 – 788511	3740	nein
P723f / P727r	791119 – 795397	4279	nein
P727f / P729r	794919 – 797635	2717	nein

Vor allem die Ergebnisse mit den unteren vier *Primer-Kombinationen* ließen darauf schließen, dass tatsächlich die PAO1-DNA bis hin zu ORF PA0714 in Stamm C konserviert war, der Phagen-ähnliche Bereich PA0715 – PA0729 hingegen nicht. Allerdings scheinen Homologe zu einzelnen ORFs in C vorzukommen, was die PCR-Produkte P723f / P723r und P727f / P727, die auch in C amplifiziert werden, belegen. Diese Homologen könnten aber auch in anderen Regionen des Genoms liegen, eventuell auch in anderer ehemaliger Phagen-DNA. Die kurzen PCR-Produkte liefern keinen Hinweis auf eine Lokalisation in der SpB-Insertion bzw. in dessen direkter Umgebung.

Da PA0714 der letzte konservierte ORF vor der SpB-Insertion zu sein schien, wurde das PCR-Produkt P714f / P714r (generiert auf Stamm C) als Sonde verwendet, um die Genombibliothek zu durchsuchen. Dabei sollten Cosmide identifiziert werden, die außer dem Übergang von chromosomaler zu inserierter DNA auch einen möglichst großen Teil der SpB-Insertion abdecken.

Zunächst konnten mit dieser Sonde fünf Cosmide detektiert werden, von denen sich aber drei bei Kontrollexperimenten als falsch positiv erwiesen. Übrig blieben die Cosmide pKSCC610 und pKSCC613.

Diese beiden Cosmide wurden *EcoRI-HindIII*-doppeltverdaut und die Fragmente dann erneut mit der Sonde P714f / P714r hybridisiert. Die Sonde band bei beiden Cosmiden auf demselben Fragment (ca. 2,3 kb, überlagert von einer Vektorbande, siehe Abbildung 4.4).



Außer diesem Restriktionsfragment waren noch weitere für beide Cosmide identisch, vor allem die jeweils größten Fragmente (> 8 kb) aber schienen sich zu unterscheiden. Daher wurde angenommen, dass die von den beiden Inserts abgedeckten Bereiche um vermutlich mehr als 12 kb gegeneinander verschoben waren. Die genaue Positionierung wurde wieder anhand der T3- und T7-Endsequenzen der Inserts überprüft.

Dabei war die T3-Endsequenz von pKSCC613 identisch zur PAO1-Sequenz von Position 764652 – 765398 (Bereich von ORF PA0692). Das Insert würde demnach, bei PAO1-Konservierung bis ORF PA0714, ca. 20,7 kb PAO1-konservierte DNA enthalten, die restlichen 10 - 15 kb des Inserts entfielen auf die SpB-Insertion.

Bei pKSCC610 lag die T7-Endsequenz weiter in Richtung des vermuteten Übergangs zur SpB-Insertion. Die Endsequenz war identisch zum PAO1-Sequenzabschnitt von 779911 – 780660 (Bereich von ORFs PA0706 / PA0707) und lag damit nur 5,4 kb vom 3'-Ende des tRNA<sup>Gly</sup>-Gens entfernt. Das pKSCC610-Insert enthielt somit nach dem vermuteten Übergang ca. 25 – 30 kb DNA aus der SpB-Insertion. Das Insert von pKSCC610 wurde daraufhin vollständig sequenziert.

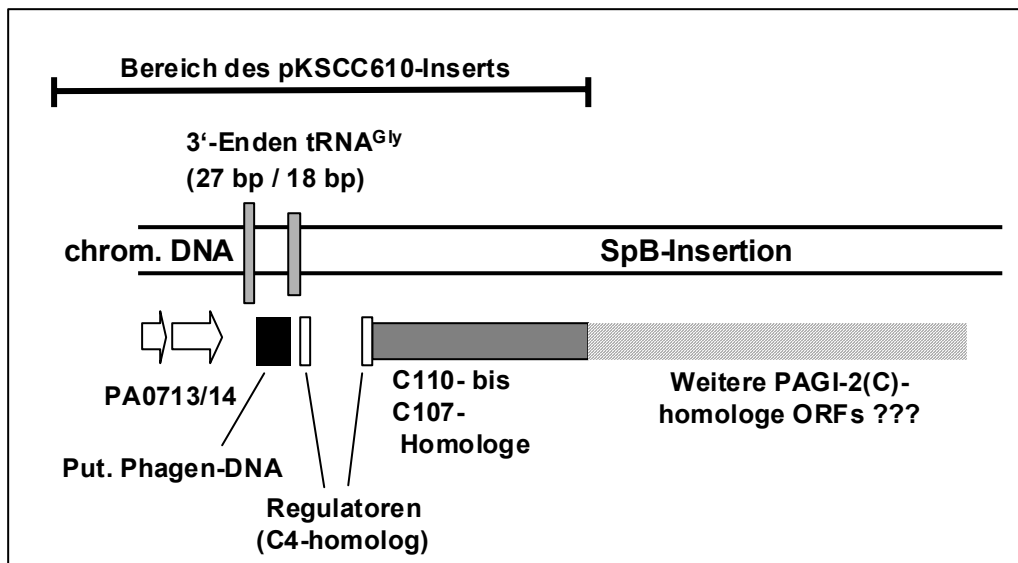
Das Insert von pKSCC610 war insgesamt 36520 bp groß. Die ersten 5404 bp waren zu 98,8 % mit der PAO1-Sequenz bis hin zu 3'-Ende der tRNA zwischen den ORFs PA0714 und

PA0715 identisch. Danach wurden wieder 27 bp, die identisch zum 3'-Ende des tRNA<sup>Gly</sup>-Gens sind, identifiziert, gefolgt von 31,1 kb DNA aus der SpB-Insertion, nicht aber PA0715. Damit hatte sich die Hypothese bestätigt, dass das tRNA<sup>Gly</sup>-Gen vor dem ORF PA0730 sowohl in PAO1 als auch in Stamm C als Integrationssequenz für spezifische DNA-Blöcke verwendet worden war. In beiden Fällen scheint der zusätzliche DNA-Block nach einem Phagen-ähnlichen Mechanismus in das Chromosom integriert worden zu. Der jeweils andere Übergang von Insertion zur chromosomalen DNA (die ehemalige *attP*-Sequenz) besteht jeweils aus einer Kopie der letzten 27 bp des tRNA<sup>Gly</sup>-Gens, nach der wieder chromosomale DNA (beginnend mit ORF PA0714) konserviert ist. Die Phagen-DNA (PA0715 – PA0729) aus PAO1 ist wie vermutet in Stamm C an der entsprechenden Position nicht konserviert.

Mit den 31,1 kb aus dem Insert von pKSCC610 und den 83,2 kb aus dem SpB-Contig 1 (siehe Kapitel 4.2.1) waren nun 114,3 kb der SpB-Insertion bekannt. Ein geschlossener, die Insertion abdeckender Contig, bestand aber noch nicht, da die Inserts von pKSCC610 und pKSCC186 nicht überlappten. Per PCR konnte die verbleibende Lücke nicht geschlossen werden (Versuche mit *Primern* 186T7end und 610T3end), die demnach nicht nur wenige kb umfassen konnte.

Die Größe der SpB-Insertion (mit vermutlich mehr als 120 kb) war nicht mit den Geninseln PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) oder dem Plasmid pKLC102 (103 – 105 kb) zu vergleichen. Die Sequenzanalyse des pKSCC610-Inserts lieferte Hinweise auf einen anderen strukturellen Aufbau dieser Geninsel, aus dem der Größenunterschied resultieren könnte:

Die 31,1 kb der Insertion aus dem pKSCC610-Inserts ließen sich in drei Bereiche einteilen (siehe Abbildung 4.5). Von den 33 annotierten ORFs (Sequenzanalyse und annotierte ORFs sind im Kapitel 4.2.5 genauer beschrieben) scheinen die ersten acht, die nach der ehemaligen *attP*-Sequenz folgen, zu einem integrierten Phagen zu gehören. In diesem Bereich wurden Ähnlichkeiten zu ORFs aus dem *P. aeruginosa* Phagen Pf1, darunter zum putativen Phagen-Integrase-Gen, und zum im PAO1-Genom als Phagen-ähnlich beschriebenen Bereich der ORFs PA0716 und PA0717 beschrieben (Stover et al., 2000; s. o.). Nach diesem ORF wurde zudem ein weiteres 3'-Ende des tRNA<sup>Gly</sup>-Gens detektiert, in diesem Fall 18 bp groß. Die DNA zwischen diesen beiden vermeintlichen *att*-Sequenzen wurde deshalb als separat integrierte Phagen-DNA angesehen. Nach dem zweiten tRNA-3'-Ende folgte zunächst ein putatives Transkriptionsregulator-Gen mit Homologie zum PAGI-2(C)-ORF C4, das im Contig 1 nicht vorkam (siehe Kapitel 4.2.1), und dann 18 spezifische ORFs. Von den letzten sechs ORFs wiesen fünf interessanterweise wieder Homologien zu PAGI-2(C)-ORFs auf, erneut zum ORF C4 sowie zu den ORFs C110 – C107.



**Abbildung 4.5:** Schematische Darstellung der konservierten Bereiche im Insert von pKSCC610. Gezeigt sind die verschiedenen Abschnitte innerhalb des Inserts. Die Größe und Position der einzelnen Blöcke ist nicht maßstabsgerecht dargestellt. Konservierte PAO1-ORFs sind durch Pfeile angedeutet, die neben dem Insert vermuteten weiteren PAGI-2(C)-homologen ORFs durch die schraffierte Fläche. Die zwischen den C4-Homologen liegenden SpB-spezifischen ORFs sind nicht gezeigt.

Das Auftreten von zwei C4-Homologen und von erneuten C110- bis C-107-Homologen führte zur Vermutung, dass innerhalb der SpB-Insertion noch ein zweites Block von eventuell über PAGI-2(C)-homologen ORFs konserviert sein könnte. Wäre die SpB-Insertion demnach eine Kombination aus zwei PAGI-2(C)-artigen Geninseln (und dem beschriebenen Phagen-ähnlichen Abschnitt), würden für einen abdeckenden Contig noch große DNA-Bereiche zwischen den Inserts von pKSCC186 und 610 fehlen. Ca. 40 PAGI-2(C)-homologe ORFs, ein Integrase-Gen und eine unbekannte Anzahl spezifischer ORFs müssten noch in der Lücke verborgen sein.

Vor der weiteren Suche nach Cosmiden, die den Contig fortsetzen, sollte daher zunächst die bestehende physikalische Lücke genauer analysiert werden.

#### **4.2.3 Kartierung der physikalischen Lücke**

Um die Contig-Lücke zwischen den Inserts von pKSCC610 und pKSCC186 genauer zu analysieren und vor allem ihre Größe abschätzen zu können, sollte die entsprechende Region des SpB-Restriktionsfragmentes nach dem von Smith und Birnstiel beschriebenen Verfahren feinkartiert werden (Smith u. Birnstiel, 1976). Ausgenutzt wurde, dass die das Fragment begrenzende *SpeI*-Schnittstelle fast genau mit dem Beginn der Insertion im Insert von pKSCC610 zusammenfiel (*SpeI*-Schnittstelle in den Basen 200 - 205 der inserierten Sequenz;

die ersten 199 bp der SpB-Insertion liegen damit eigentlich im benachbarten Restriktionsfragment SpY). Das mit den *Primern* 610mpf und 610mpr generierte PCR-Produkt von 822 bp (Basen 519 – 1340 der SpB-Insertion) wurde als Sonde „610mp“ für die Kartierung eingesetzt.

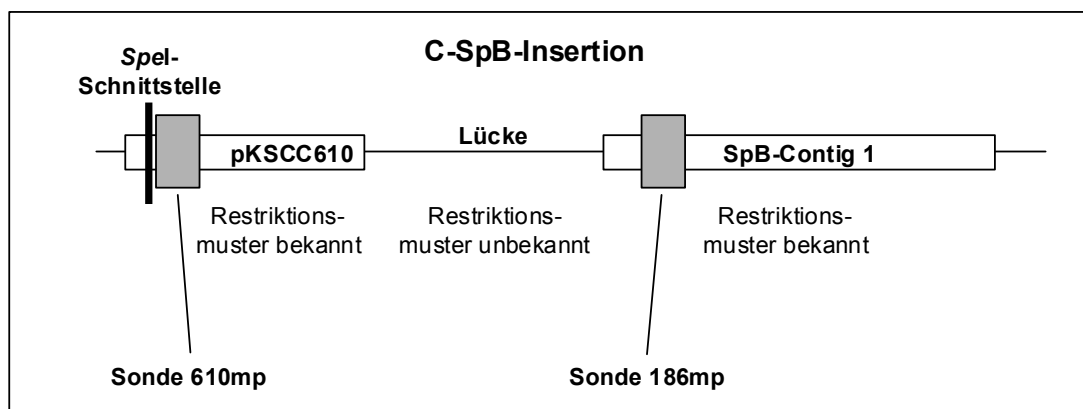
Zunächst war eine Kartierung mit den Restriktionsenzymen *EcoRI*, *DraI*, *PmlI* und *NotI* geplant. Die *SpeI*-totalverdaute genomische DNA von *P. aeruginosa* C wurde mit diesen Enzymen partialverdaut, per WFGE aufgetrennt, auf einer Membran fixiert und mit der Sonde 610mp hybridisiert. Für die vier Partialverdau-Enzyme konnten die Restriktionsmuster in den die Lücke umgebenden bekannten Abschnitten errechnet werden (Insert pKSCC610, SpB-Contig 1). Diese sollten sich in der Größe der detektierten Partialverdau-Banden widerspiegeln. Das in der Hybridisierung detektierte Partialverdaumuster sollte demnach zwei bekannte Abschnitte mit den errechneten Bandenabständen enthalten, die ein durch die Lückensequenz entstehendes Muster umgeben. Nach Identifizierung der erwarteten Musterabschnitte hätte dann der zur Lücke zugehörige Bereich und über den Abstand zur SpB-Schnittstelle im pKSCC610-Insert auch dessen Größe bestimmt werden können.

Diese Strategie schlug fehl. Die Abschnitte, in denen die errechneten Partialverdau-Muster zu erwarten gewesen wären, lagen in unterschiedlichen Größenbereichen, die im Wechselfeldgel nicht gleich gut aufgetrennt werden konnten. Dadurch waren Muster, bei denen die Größe der Partialverdau-Banden sich nur um wenige kb unterschied, nicht zu erkennen.

Der Ansatz wurde daraufhin folgendermaßen geändert:

- Partialverdaue wurden nur noch mit *EcoRI*, *NotI* und jetzt zusätzlich mit dem seltener schneidenden Enzym *XbaI* durchgeführt
- Mit aufgetrennt wurde genomische DNA von C, die außer mit *SpeI* noch mit *XbaI*, *SnaBI* oder *HpaI* totalverdaut wurde
- Die transferierte DNA wurde in einem zweiten Experiment mit der Sonde „186mp“ (siehe Abbildung 4.6) hybridisiert, die auf der anderen Seite der Lücke im SpB-Contig 1 liegt (*Primer* 186mpf u. 186mpr, 683 bp PCR-Produkt, Position 2933 – 3615 im SpB-Contig 1)





**Abbildung 4.6:** Schema zum Kartierung der physikalische Lücke in der SpB-Insertion.

Würden in den Totalverdauen von beiden Sonden die gleichen Fragmente detektiert, wären diese Lücken-überspannend, so dass aus deren Größe die Größe der Lücke errechnet werden könnte. Bei den Partialverdauen sollten beide Sonden das gleiche Muster ab einem Größenbereich detektieren, in dem Lücken-überspannende Fragmente vorliegen, was ebenfalls eine Abschätzung der Größe der physikalischen Lücke ermöglichen würde. Eine Feinkartierung war allerdings nur noch bedingt möglich.

In der folgenden Tabelle 4.4 sind die Positionen der Schnittstellen für die verwendeten Enzyme in den bekannten Abschnitten angegeben:

Enzym	Position der Schnittstelle im 610-Insert* [bp]	Position der Schnittstelle im SpB-Contig 1 [bp]
<i>SpeI</i>	5604	-
<i>SnaBI</i>	keine	48016; 75156; 75180
<i>HpaI</i>	keine	48457; 68140
<i>XbaI</i>	6254 (in Sonde 610mp)	23615
<i>EcoRI</i>	8447; 8777; 19325; 24940	1933; 5206; 5853; 10724; 11830; 19326; 28480; 33472; 50625; 61845; 64653
<i>NotI</i>	(2815; 3961;) 18755; 27871; 32400	6662; 65713; 82247;

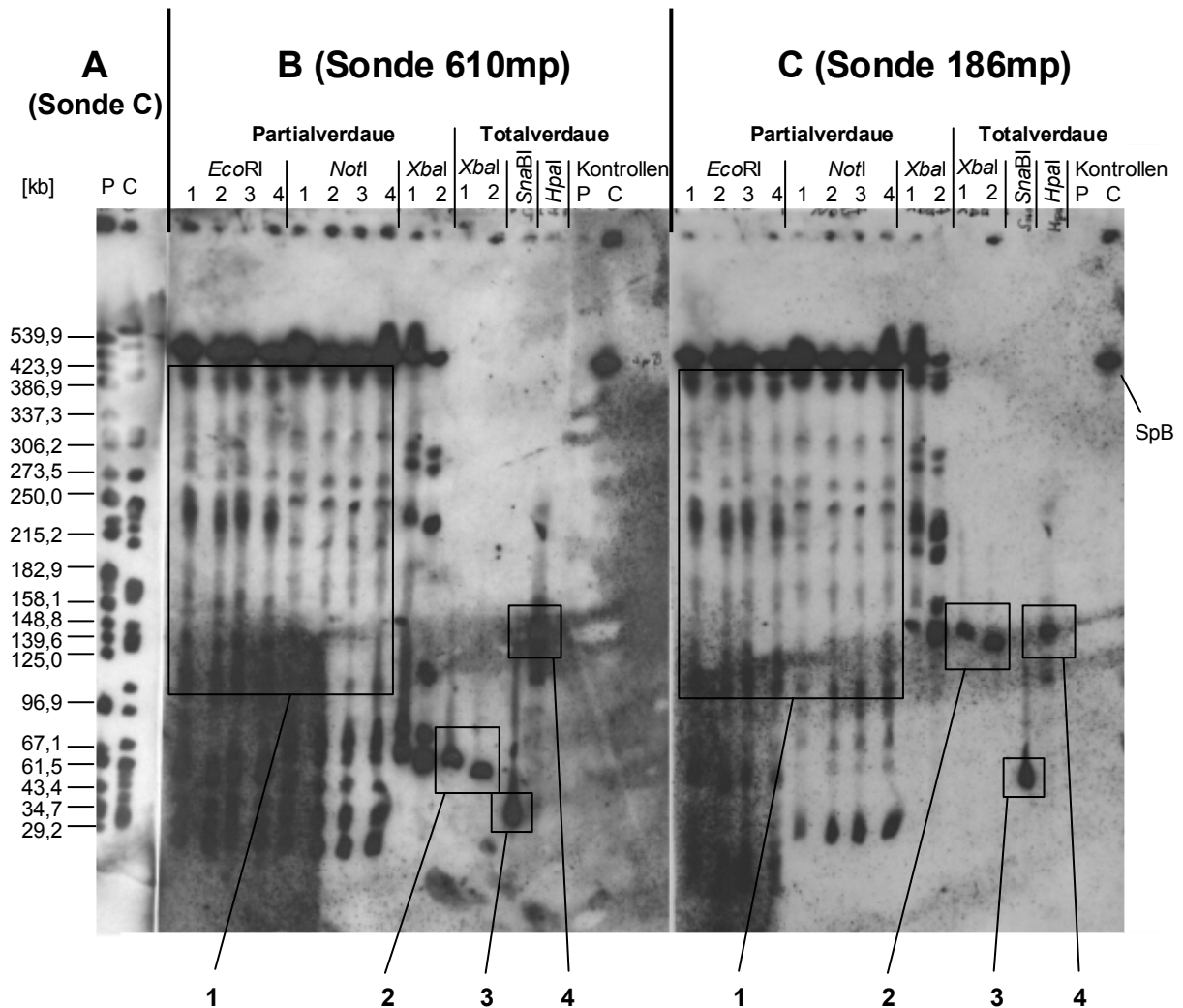
**Tabelle 4.4:** Verteilung der Schnittstellen der in der Kartierung verwendeten Enzyme im pKSCC610-Insert und im SpB-Contig 1. \*: Zählung auf das gesamte Insert bezogen. Insertion ab Position 5405, Bereich der 610mp-Sonde 5923 - 6744. Bereich der 186mp-Sonde im SpB-Contig 1 2933 – 3615

In der WFGE wurden außerdem noch Totalverdauere der genomischen DNAs von PAO1 und Stamm C mit aufgetrennt. Diese wurden zum einen separat mit genomischer DNA von Stamm C hybridisiert, wodurch die Signale der Fragmente als Größenstandard verwendet werden konnten (siehe Material und Methoden, Kapitel 2.5.4). Zum anderen diente diese

DNA zur Kontrolle der verwendeten Sonden 186mp und 610mp, die keine PAO-DNA und von Stamm C nur das Restriktionsfragment SpB detektieren sollten.

Durch die Hybridisierungen wurden folgende Ergebnisse erzielt (Abbildung 4.7):

Die Kontrollen der Sonden verliefen wie erwartet (jeweils Bahnen P und C in den Hybridisierungen mit den Kartierungssonden), nur das SpB-Fragment wurde detektiert. Bei den *EcoRI*- und *NotI*-Partialverdauen ergaben sich im Bereich kleinerer Fragmente verschiedene Hybridisierungsmuster mit den beiden Sonden. Ab einem Größenbereich von ca. 100 kb aber waren beide Muster identisch, so dass ab dieser Größe Fragmente existierten, die beide Sondenbereiche überspannen (markierte Flächen 1 in Abbildung 4.7). Für die *XbaI*-Partialverdaue unterschieden sich die Signalmuster aber auch noch bis in den Bereich von ca. 230 kb. In den *XbaI*-Totalverdauen detektierten die Sonden verschiedene Fragmente, die Sonde 610mp ein ca. 65 kb Fragment, Sonde 186mp ein ca. 140 kb Fragment (markierte Flächen 2 in Abbildung 4.7). Auch im *SnaBI*-Totalverdau wurden verschiedene Signale detektiert (markierte Flächen 3 in Abbildung 4.7; ca. 35 kb Signal für 610mp, ca. 55 kb Signal für 186mp). Im *HpaI*-Totalverdau hybridisierten beide Sonden aber auf dem gleichen Fragment von ca. 140 – 145 kb Größe (markierte Flächen 4 in Abbildung 4.7).



**Abbildung 4.7:** Hybridisierungsergebnisse der WFGE-Membran

Teil A: *SpeI*-Verdaue (P = PAO1, C = Stamm C), hybridisiert mit genomischer DNA von Stamm C (für Größenstandard). Für PAO1 sind Fragmentgrößen angegeben, die anhand der Genomsequenz ermittelt wurden (siehe Kapitel X.X).

Teil B: *SpeI*-Verdaue von C, weiter total- oder partialverdaut, hybridisiert mit Sonde 610mp

Teil C: *SpeI*-Verdaue von C, weiter total- oder partialverdaut, hybridisiert mit Sonde 186mp

1: Gleiches Hybridisierungsmuster bei *EcoRI*- und *NotI*-Partialverdauen im Bereich über 100 kb

2: Unterschiedliches Hybridisierungssignal bei *XbaI*-Totalverdauen

3: Unterschiedliches Hybridisierungssignal bei *SnaBI*-Totalverdau

4: Gleiches Hybridisierungssignal (ca. 140 - 145 kb) bei *HpaI*-Totalverdau, diagnostisch für die physikalische Lücke

Nach den Totalverdauen mit *SnaBI* und *XbaI* lag demnach kein die Lücke überspannendes SpB-Subfragment vor, woraus geschlossen werden konnte, dass jeweils eine oder mehr Schnittstellen für diese Enzyme in der Lückensequenz lagen. Das von beiden Sonden detektierte *HpaI*-Subfragment schien hingegen die Lücke und beide Sonden-Bereiche zu überspannen. Die Größe des Fragments war auf der Membran mit 140 – 145 kb bestimmt worden. Da im pKSCC610-Insert keine *HpaI*-Schnittstelle vorkommt, wird ein Teil dieses Fragments von den bekannten 30,9 kb zwischen der *SpeI*-Schnittstelle in dem Ende des

Inserts gebildet. Im SpB-Contig 1 folgt die erste *HpaI*-Schnittstelle nach 48,5 kb, so dass ein weiterer großer Teil des die Lücke überspannenden Fragments aus bekannter Sequenz besteht. Nach Abzug dieser zusammen 79,4 kb bekannter Sequenz blieb für die physikalische Lücke eine Größe von ca. 60 – 65 kb.

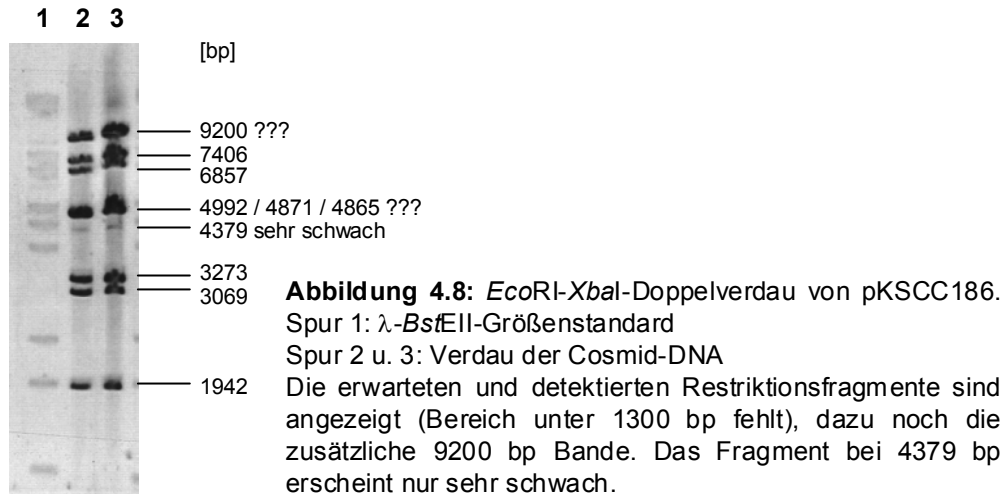
Dieses Ergebnis wurde durch die Betrachtung der *EcoRI*- und *NotI*-Partialverdau bestätigt. Die kleinstmöglichen Partialverdau-Fragmente, die beide Sondenbereiche umfassen, mussten von der *SpeI*-Schnittstelle über die Lücke bis zur ersten *NotI*- bzw. zur zweiten *EcoRI*-Schnittstelle im SpB-Contig 1 reichen. Dadurch waren 37,6 kb bzw. 35,4 kb dieser Fragmente bekannt, wodurch bei Fragmentgrößen ab 100 kb für die Lücke wiederum eine Größe von ca. 60 – 65 kb verblieb.

Die Signale in den *XbaI*-Partialverdauen ließen sich hiermit zunächst nicht in Einklang bringen. Das kleinste von beiden Sonden detektierte Fragment wies eine Größe von ca. 230 kb auf, was nach Abzug der bekannten Randsequenzen eine Lücke mit einer Größe von ca. 175 kb bedeuten würde. Zusammen mit den bekannten Sequenzabschnitten hätte dies für die SpB-Insertion eine Größe von ca. 290 kb ergeben. Dies erschien insofern unwahrscheinlich, als dass sich das gesamte Fragment SpB in seiner Größe gegenüber dem entsprechenden Fragment z. B. in Fragment SG17M (trägt die SpB-Insertion nicht) „nur“ um 214 kb unterscheidet (Römling et al., 1997)).

Die unerwartete Größe des kleinsten beide Sonden überspannenden *XbaI*-Subfragments und auch des durch 186mp detektierten Fragments im *XbaI*-Totalverdau (ca. 140 kb) wurde darauf zurückgeführt, dass die an der Position 23615 identifizierte *XbaI*-Schnittstelle im SpB-Contig 1 für das Enzym gar nicht oder nur schlecht zugänglich sein könnte (z. B. wegen DNA-Sekundärstrukturen). Im Partialverdau würde an einer solchen Stelle die DNA kaum geschnitten, die entsprechenden Subfragmente würden so gut wie gar nicht gebildet werden. Zur Überprüfung dieser Hypothese wurde das Cosmid pKSCC186, das den fraglichen Bereich enthält mit, *EcoRI* und *XbaI* doppelverdaut. Bei vollständigem Verdau hätten Fragmente folgender Größen auftreten müssen:

7406 bp; 6857 bp (Vektor); 4992 bp; 4871 bp; 4865 bp; 4379 bp; 3273 bp; 3069 bp; 1942 bp; 1106 bp; 647 bp

Dabei entstehen das 4865 bp und das 4379 bp Fragment nur, wenn die DNA an der fraglichen Stelle von *XbaI* geschnitten wird.



Im Gel konnten nach dem Verdau alle diese Fragmente detektiert werden (siehe Abbildung 4.8). Ein mögliches 4865 bp Fragment wäre durch zwei weitere Fragmente ähnlicher Größe überlagert. Das 4379 bp Fragment war aber gegenüber allen anderen nur äußerst schwach zu erkennen, und bei ca. 9,2 kb trat eine zusätzliche intensive Bande auf, die einer Kombination der beiden um die *XbaI*-Schnittstelle gelegenen Fragmente entsprechen würde. In diesem Testverdau hatte also das Enzym *XbaI* an der fraglichen Position die DNA kaum schneiden können. Bei ähnlicher Situation im Partialverdau vor der Kartierung wären somit die beide Sonden überspannenden Fragmente bis zur nächsten *XbaI*-Schnittstelle verlängert. Da im SpB-Contig 1 (und in den nach der Insertion folgenden 50 kb DNA aus PAO1) keine *XbaI*-Schnittstelle identifiziert werden konnte, wären diese Fragmente unverhältnismäßig groß.

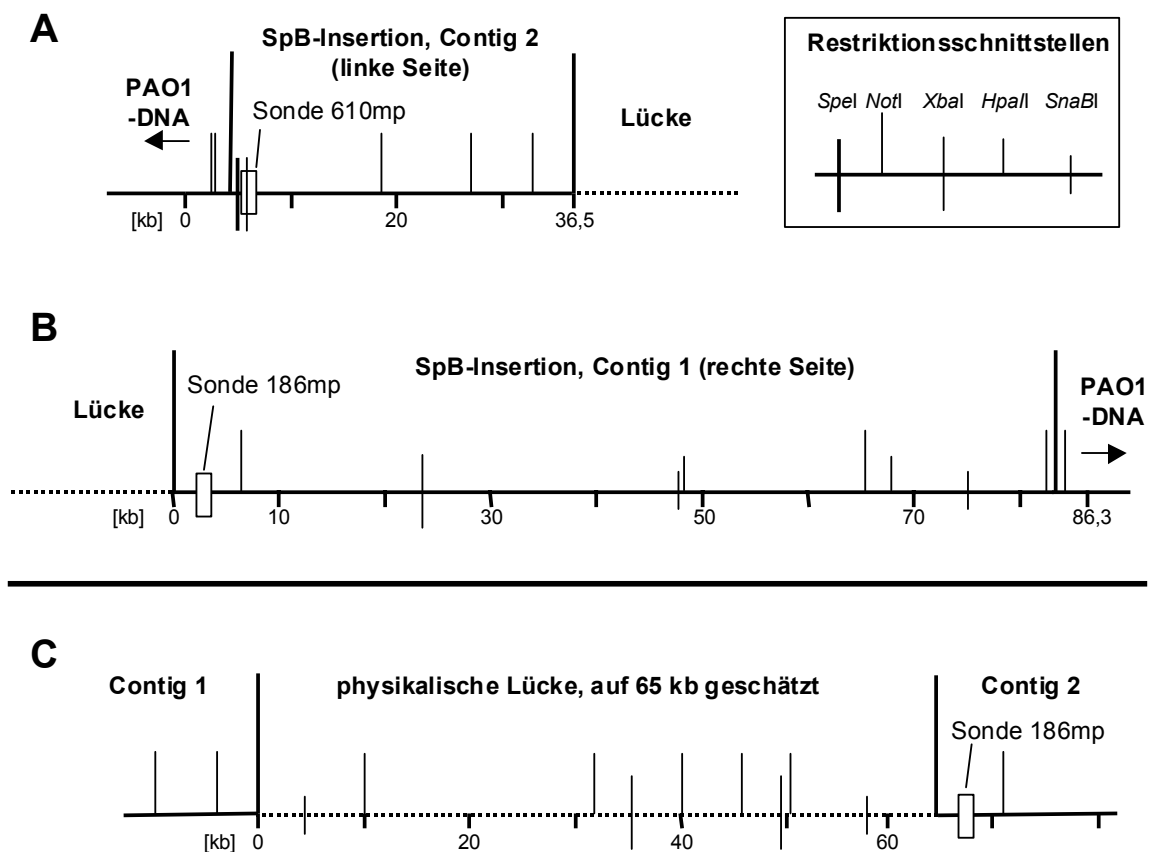
Das Ergebnis der *XbaI*-Partialverdaue widersprach damit nicht mehr den Ergebnissen der übrigen Verdaue. Für die Größe der physikalischen Lücke im Contig der SpB-Insertion wurde daher ein Wert von 60 – 65 kb angenommen. Durch die unsichere Größenbestimmung der durch die WFGF aufgetrennten Fragmente war eine Abweichung zum tatsächlichen Wert aber nicht auszuschließen. Anhand der durch die Sonden 610mp und 186mp detektierten Banden konnte außerdem noch das Auftreten einiger Schnittstellen für die Enzyme *NotI*, *SnaBI* und *XbaI* innerhalb der Lücke nachgewiesen werden.

Die Signale im *SnaBI*-Totalverdau wiesen auf (mind.) zwei Schnittstellen für dieses Enzym innerhalb der Lücke hin, die 610mp-Signale in den *NotI*- und *XbaI*-Partialverdauen auf fünf *NotI*- und zwei *XbaI*-Schnittstellen. Aus den Positionen der dazugehörigen Signale auf der Membran wurden folgende Positionen dieser Schnittstellen innerhalb der Lückensequenz abgeleitet. Die Lückensequenz wurde dazu als 65 kb groß angesehen, die Zählung beginnt am Übergang zum pKSCC610-Insert:

Restriktionsenzym	<i>NotI</i>	<i>SnaBI</i>	<i>XbaI</i>
Position der Schnittstellen in der physikalischen Lücke	10000	5000	35000
	32000	58000	50000
	40000		
	45000		
	50000		

**Tabelle 4.5:** Abgeleitete Positionen von *NotI*-, *SnaBI*- und *XbaI*-Schnittstellen in der physikalischen Lücke in der SpB-Insertion.

Mit diesen Informationen konnte folgende Karte der Lücke und der umliegenden bekannten Sequenzen erstellt werden:



**Abbildung 4.9:** Abschnitte der SpB-Insertion mit ausgewählten Restriktionsschnittstellen (Legende siehe folgende Seite).

**zu Abbildung 4.9:** Abschnitte der SpB-Insertion mit ausgewählten Restriktionsschnittstellen.

A: Contig 2. Die bekannte Sequenz betrug zu dem Zeitpunkt 36520 bp (Insert von pKSCC610). Dargestellt ist das gesamte Cosmid-Insert einschließlich der ersten 5,4 kb, die nicht zur SpB-Insel gehören. Die flankierende Sequenz auf der linken Seite entspricht der PAO1-Sequenz bis hin zum ORF PA0714.

B: Contig 1. Dargestellt ist der gesamte vorhandene Sequenzcontig von 86,3 kb. Die SpB-Insel endet nach 83,2 kb, gefolgt von einem tRNA<sup>Gly</sup>-Gen und PAO1-identischer Sequenz ab ORF PA0730.

C: Physikalische Lücke. Dargestellt ist die Lücke mit der Größe (ca. 65 kb) und den Positionen von Schnittstellen, wie sie aus dem Kartierungsexperiment abgeschätzt wurden.

Für die Größe der gesamten SpB-Insertion ergab sich mit einer Lücke von 60 – 65 kb und den vorhandenen Contigs 1 und 2 (83,2 und 31,1 kb) ein Wert ca. 175 – 180 kb. Dabei entfielen ca. 7,3 kb auf die vermutliche Phagen-DNA (siehe Kapitel 4.2.2). Wenn der übrige Teil der SpB-Insertion tatsächlich aus einer Kombination zweier PAGI-2(C)-ähnlicher Geninseln bestünde, müsste zumindest einer dieser Bausteine deutlich kleiner sein als PAGI-2(C), PAGI-3(SG) oder das strukturell ähnliche Plasmid pKLC102, die alle eine Größe von 103 – 105 kb aufweisen.

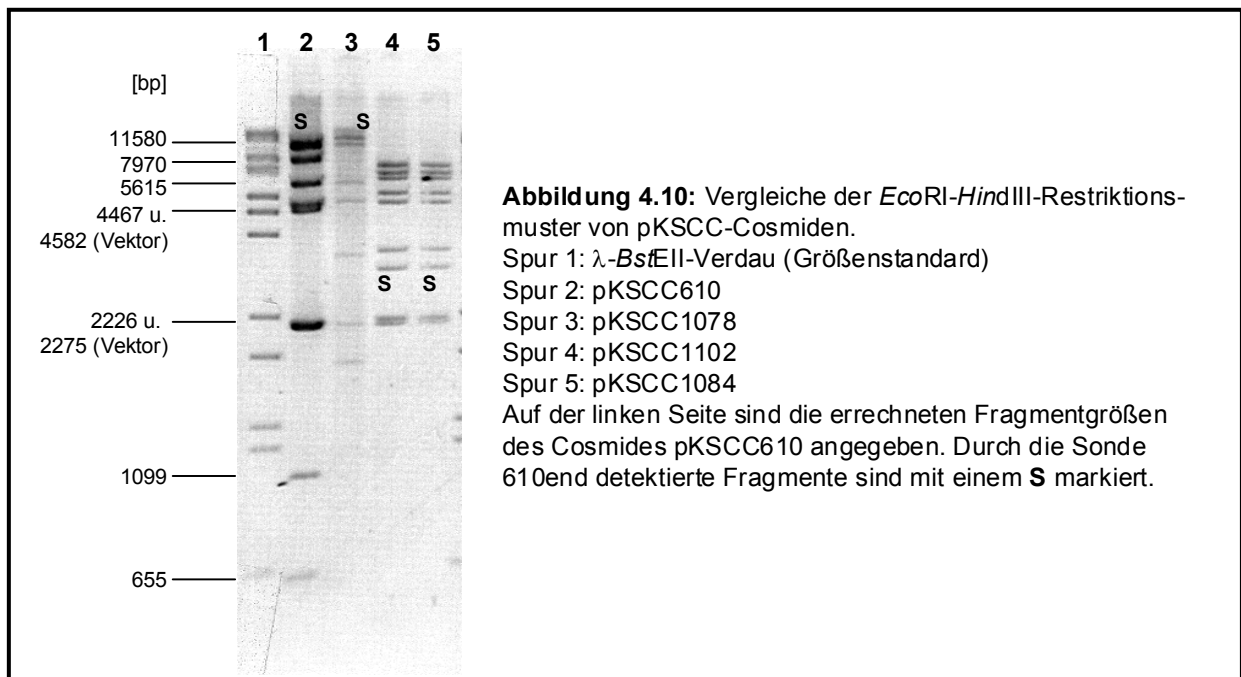
#### **4.2.4 Erweiterung des SpB-Contigs 2**

Um den durch pKSCC610 begonnenen SpB-Contig 2 (siehe Kapitel 4.2.2) in die physikalische Lücke hinein zu erweitern, wurde per PCR eine neue Sonde generiert, mit der die Genombibliothek von *P. aeruginosa* C durchsucht werden sollte. Amplifiziert wurde ein am Ende des pKSCC610-Inserts gelegener Abschnitt von 663 bp (Insert-Position 35620 – 36282; *Primer* 610endf u. 610endr).

Diese Sonde 610end repräsentierte damit einen Abschnitt des zu C105 homologen ORFs am Ende des 610-Inserts, zu dem außer in PAGI-2(C) auch noch Homologe in pKLC102 und im SpB-Contig 1 der SpB-Insertion selbst bestehen. Bei der Hybridisierung bestand also die Gefahr, dass falsch positive Cosmide detektiert würden, deren Inserts nicht im SpB-Restriktionsfragment, sondern in anderen Regionen des Genoms liegen. Nach den ersten Hybridisierungen auf den *dot-blot*-Membranen der Genombibliothek konnten daher detektierte Cosmide wie pKSCC273 (PAGI-2(C)-Region (K. D. Larbig, Dissertation 2001)), pKSCC1036 (SpB-Contig 1, siehe Kapitel 4.2.1) oder pKSCC785 (pKLC102, siehe Kapitel 3.3) gleich wieder aussortiert werden.

Die übrigen positiv detektierten Cosmide wurden durch *EcoRI-HindIII*-Doppelverdau näher analysiert und die Restriktionsfragmente nach Transfer auf Nylonmembranen erneut mit der Sonde 610end hybridisiert. Nach dem Aussortieren weiterer falsch positiver blieben drei

Cosmide übrig, pKSCC1078, pKSCC1084 und pKSCC1102, wobei die beiden letzteren ein identisches Restriktionsmuster aufwiesen (siehe Abbildung 4.10).



In den Restriktionsmustern stimmte (außer den Vektorbanden) kein Fragment aus pKSCC1084/1102 mit einem aus pKSCC1078 überein. Die Inserts dieser Cosmide schienen also entweder kaum zu überlappen, oder - was wahrscheinlicher war - eines der Inserts lag nicht in der SpB-Region. Für pKSCC1102/1084 konnten keine übereinstimmenden Banden mit pKSCC610 identifiziert werden. In pKSCC1078 schien dagegen ein 5,6 kb Fragment aus pKSCC610 konserviert zu sein. Da die Sonde bei beiden Cosmiden auf ca. 11,5 kb großen Fragmenten hybridisierte (siehe Abbildung 4.10), war eine Überlappung von über 17 kb beider Inserts möglich.

Die genaue Lokalisation der Inserts von pKSCC1078, 1084 und 1102 im Genom von Stamm C wurde dann wiederum durch die Sequenzierung der T3- und T7-Insertenden bestimmt.

Die T3- und T7-Endsequenzen der Cosmide pKSCC1084 und 1102 waren identisch mit DNA aus der Geninsel PAGI-2(C). Die Positionen unterschieden sich jeweils nur um wenige Basen, beide Cosmid-Inserts deckten einen Abschnitt von ORF C71 bis ORF C107 ab. Bei der Hy-



bridisierung mit der Sonde 610end waren diese beiden Cosmide also genauso als falsch positive detektiert worden wie z. B. pKSCC273.

Die T7-Endsequenz zeigte keine Übereinstimmung mit den verschiedenen genomischen Regionen von Stamm C. Die T3-Endsequenz war aber identisch zum Sequenzabschnitt 28747 - 29638 aus dem Insert von pKSCC610 (36520 bp). Das Insert von pKSCC1078 lag demnach in der SpB-Insertion und setzte die pKSCC610-Sequenz weiter in den Bereich der Lücke hinein fort. Die Überlappung der beiden Inserts war mit 7,8 kb auch deutlich kleiner als aufgrund des Restriktionsmusters angenommen (s. o.). Bei einer anhand der Fragmente abgeschätzten Insertgröße von 36 kb konnte der SpB-Contig 2 somit um vermutlich 28 kb erweitert werden.

Die vollständige Sequenzierung ergab für das Insert von pKSCC1078 eine Größe von 38127 bp. Mit der Sequenz des pKSCC610-Inserts konnte hieraus ein insgesamt 66865 bp großer Contig gebildet werden, von dem 61461 innerhalb der SpB-Insertion lagen.

Innerhalb der neu dazugekommenen 30,3 kb wurden 30 weitere ORFs annotiert (die Ergebnisse der Sequenzanalyse sind in Kapitel 4.2.5 genauer beschrieben). Unter diesen fanden sich erneut 24 ORFs mit Homologie zur PAGI-2(C). Auch die Reihenfolge dieser konservierten Gene entsprach wiederum der in PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) sowie der im SpB-Contig 1. Die insgesamt 30 PAGI-2(C)-ähnlichen ORFs im SpB-Contig 2 sind in Tabelle X.X aufgeführt. Durch diese Homologien wurde die Hypothese bestärkt, dass in der SpB-Insertion eine Kombination aus zwei partiell konservierten Geninseln vorliegt.

A	B	A	B	A	B
BL9	C4	BL50	C72	BL40	C101
BL28	C4	BL49	C74	BL39	C102
BL58	C64	BL48	C75	BL38	C103
BL57	C65	BL47	C77	BL37	C104
BL56	C66	BL46	C79	BL35	C105
BL55	C67	BL45	C81	BL34	C106
BL54	C68	BL44	C83	BL33	C107
BL53	C69	BL43	C89	BL31	C108
BL52	C70	BL42	C91	BL30	C109
BL51	C71	BL41	C93	BL29	C110

**Tabelle 4.6:** Homologe ORFs im SpB-Contig 2 (jeweils Spalten A) und PAGI-2(C) (jeweils Spalten B). Die ORFs aus dem Contig 2 sind entsprechend der Annotationstabelle in Kapitel 4.2.5 bezeichnet. Grau unterlegte ORFs sind nicht in PAGI-3(SG) konserviert. Zu C4 existieren im SpB-Contig 2 zwei Homologe.

#### **4.2.5 Sequenzanalyse und Annotation der Contigs 1 und 2 aus der SpB-Insertion**

Die allgemeinen Charakteristika der ermittelten Sequenzabschnitte der SpB-Insertion wurden mit denen des PAO1-Genoms und mit denen der Geninsel PAGI-2(C) aus dem selben Stamm C verglichen. Die Werte sind in Tabelle 4.7 aufgeführt:

<b>Genomregion</b>	<b>Größe [bp]</b>	<b>GC-Gehalt</b>	<b>Anteil kodierender Sequenz</b>	<b>Anzahl der ORFs</b>	<b>Anzahl der ORFs pro 10 kb</b>
SpB-Insertion in Contig 1	83175	60 %	91 %	76	9,1
SpB-Insertion in Contig 2	61461	63,4 %	85,5 %	63	10,3
PAGI-2(C)	104954	64,7 %	90,4 %	113	10,7
PAO1-Genom	6624403	66,6 %	89,4 %	5570	8,9

**Tabelle 4.7:** Allgemeine Charakteristika der bekannten Sequenzabschnitte der SpB-Insertion, verglichen mit PAGI-2(C) (Larbig et al., 2002) und dem PAO1-Genom (Stover et al., 2000).

Annotiert wurden für die SpB-Insertion 76 ORFs im Contig 1 und 63 ORFs im Contig 2. Die DNA-Sequenzen aller einzelnen ORFs und die Sequenzen der beiden SpB-Contigs sind im Anhang (Kapitel 12.3) aufgeführt.

Die Anordnungen der annotierten ORFs innerhalb der Contigs sind in den Abbildungen 4.11 und 4.12 dargestellt, die jeweiligen Annotationsergebnisse in Tabellen 4.8 und 4.9 zusammengefasst. Die Nummerierung der ORFs in Contig 2 (BL1, BL2 usw.) wurde nach dem Übergang von chromosomaler zu inserierter DNA begonnen. In Contig 1 wurde eine separate Nummerierung (BR1, BR2 usw.) durchgeführt. Die Richtungen sind dabei jeweils an die der umliegenden PAO1-Sequenz angepasst. Gennamen wurden nur bei sehr hoher Homologie der Aminosäuresequenz zu bereits funktionell charakterisierten Proteinen vergeben.

##### SpB-Contig 1:

Nach den 83175 bp des SpB-Contig 1, die zur SpB-Insertion gehörten, wurde ein komplettes tRNA<sup>Gly</sup>-Gen (74 bp, Position 83176 – 83249 im gesamten Contig) identifiziert. Dieses stellt den vermeintlichen Integrationspunkt dar, an dem die Geninsel - vermutlich nach einem Phagen-ähnlichen Mechanismus - in das Chromosom inseriert wurde (siehe Kapitel 3.1). Innerhalb der inserierten Sequenz wurden die potentiellen ORFs BR1 – BR76 identifiziert

und annotiert. Dabei erschien der ORF BR1 unvollständig, der fehlende N-terminale Bereich wurde in der neben dem Contig gelegenen unbekanntem Sequenz vermutet.

Tabelle 4.8: Annotationsergebnisse der ORFs im SpB-Contig 1										
ORF	Koordinaten links	Koordinaten rechts	Orientierung	Länge [aa]	GC-gehalt [%]	Name des Gens	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	bestes blast-Ergebnis Organismus	Genebank-Nr.	E-Wert
BR1	<1	1067	→	355	63,19%		Putative Helicase, SNF2-Familie (C-terminaler Teil)	<i>Chlorobium tepidum</i> TLS	NP_661799	1E-116
BR2	1159	2946	→	595	59,90%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Nostoc sp. PCC 7120</i>	NP_487655	1E-121
BR3	2943	3737	→	264	63,52%		Hypothetisches Protein	<i>Chlorobium tepidum</i> TLS	NP_661800	1E-58
BR4	3749	4132	→	127	61,72%		Hypothetisches Protein, ähnlich DNA-Methylase	<i>Chlorobium tepidum</i> TLS	NP_661801	2E-46
BR5	4087	5748	→	553	50,12%		Putative Typ III Restriktionssystem - Methylase	<i>Chlorobium tepidum</i> TLS	NP_661801	1E-145
BR6	5760	8765	→	1001	58,92%	res	Typ III Restriktionsendonuclease	<i>Chlorobium tepidum</i> TLS *	NP_661804	0
BR7	8846	9580	→	244	51,70%	terY	Putatives Protein aus Tellurit-Resistenz-Cluster HP0428	<i>Helicobacter pylori</i> (strain 26695) *	NP_207226	3E-20
BR8	9580	9849	→	89	51,85%		Hypothetisches Protein	<i>Helicobacter pylori</i> J99	NP_222779	6E-05
BR9	9866	11176	→	436	55,61%		Hypothetisches Protein, ähnlich putativem Sekretionsprotein	<i>Agrobacterium tumefaciens</i> str. C58	NP_354111	3E-06
BR10	11173	11517	→	114	50,43%		Hypothetisches Protein			
BR11	11510	11740	→	76	47,19%		Hypothetisches Protein			
BR12	11728	14412	→	894	50,76%		Hypothetisches Protein, evtl- ATP-bindend	<i>Helicobacter pylori</i> J99 *	NP_222783	7E-66
BR13	14409	16172	→	587	49,32%		Hypothetisches Protein	<i>Helicobacter pylori</i> (strain 26695)	NP_207777	4E-16
BR14	16169	16657	→	162	57,46%		Hypothetisches Protein			
BR15	16654	17370	→	238	57,60%		Hypothetisches Protein, ähnlich Protein-Phosphatase 2C (ptc1)	<i>Helicobacter pylori</i> (strain 26695)	NP_207229	6E-12
BR16	17363	18712	→	449	58,74%		Putative Proteinkinase C, delta-Typ	<i>Helicobacter pylori</i> (strain 26695) *	NP_207230	8E-35
BR17	18709	22077	→	1122	52,86%		Hypothetisches Protein, ähnlich DNA/RNA-Helicasen	<i>Helicobacter pylori</i> (strain 26695)	NP_207245	4E-51
BR18	22071	24026	→	651	52,45%		Hypothetisches Protein			
BR19	24911	26656	→	581	52,00%		Hypothetisches Protein HP0452	<i>Helicobacter pylori</i> (strain 26695) *	NP_207250	1E-76
BR20	26653	29997	→	1114	47,83%		Hypothetisches Protein HP0453	<i>Helicobacter pylori</i> (strain 26695)	NP_207251	9E-22
BR21	30023	31957	←	644	61,81%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92900	0
BR22	32191	32508	→	105	62,58%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21*	CAE92901	2E-38
BR23	32508	32966	→	152	59,04%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Nitrosomonas europaea</i> *	NP_840379	1E-73
BR24	32994	33359	→	121	62,57%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92903	8E-28
BR25	33371	34891	←	506	63,51%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92904	0
BR26	34907	35278	←	123	69,89%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92905	2E-24
BR27	35341	36759	←	472	66,60%		Kons. hypothetisches Protein C42	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62135	0
BR28	36704	37651	←	315	65,93%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92907	1E-175
BR29	37648	38094	→	148	62,64%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92908	1E-53
BR30	38259	38753	←	164	58,79%	radC	Putatives DNA-Reparaturprotein C45	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C*	AAN62140	4E-68
BR31	38947	39711	←	254	66,27%		Kons. hypothetisches Protein C46, putative Protein-Disulfid-Isomerase	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62139	4E-89
BR32	39727	42636	←	969	65,36%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>citri</i> strain 306	NP_642591	0
BR33	42636	43085	←	149	65,11%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00030768	2E-57
BR34	43066	44475	←	469	65,82%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00030769	0
BR35	44465	45394	←	309	67,63%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92914	1E-124
BR36	45391	46083	←	230	65,95%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00030771	1E-118
BR37	46080	46490	←	136	67,15%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00030772	4E-60

ORF	Koordinaten links	Koordinaten rechts	Orientierung	Länge [aa]	GC-gehalt [%]	Name des Gens	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	bestes blast-Ergebnis Organismus	Genebank-Nr.	E-Wert
BR38	46504	46863	←	119	63,33%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21*	CAE92917	6E-51
BR39	46880	47113	←	77	64,96%		Kons. hypothetisches Protein C54	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62148	8E-26
BR40	47110	47493	←	127	67,45%		Kons. hypothetisches Protein C55	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62149	2E-42
BR41	47619	48107	←	162	53,78%		Hypothetisches Protein			
BR42	48095	49090	→	331	54,72%		Hypothetisches Protein	<i>Methanosarcina acetivorans</i> strain *	NP_618330	2E-63
BR43	49168	50175	→	335	56,35%		Hypothetisches Protein	<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> VPI-5482*	NP_813442	6E-42
BR44	50160	50666	→	168	54,24%		Hypothetisches Protein	<i>Psychrobacter</i> sp. 273-4*	ZP_00204003	3E-25
BR45	50663	52540	→	625	54,95%		Hypothetisches Protein	<i>Psychrobacter</i> sp. 273-4*	ZP_00204004	2E-27
BR46	52632	53381	←	249	62,93%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92921	1E-115
BR47	53378	55561	←	727	65,06%		Kons. hypothetisches Protein C65	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62159	0
BR48	55566	56114	←	182	70,67%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92923	2E-60
BR49	56111	56716	←	201	68,48%		Kons. hypothetisches Protein, ähnlich lytischer Murein-Transglycosylase	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92924	3E-81
BR50	56698	57435	←	245	69,11%		Kons. hypothetisches Protein C68	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62162	1E-110
BR51	57450	58091	←	213	66,82%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92926	4E-68
BR52	58088	58666	←	192	66,49%		Kons. hypothetisches Protein, ähnlich pilL	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92927	1E-68
BR53	58900	61179	←	759	64,12%		Kons. hypothetisches Protein C71, putative DNA/RNA-Helicase (SNF2-Familie)	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62165	0
BR54	61316	61627	←	103	62,82%		Kons. hypothetisches Protein CP55	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> plasmid pKLC102 *	AAP22547	3E-21
BR55	61728	62849	←	373	63,81%		Kons. hypothetisches Protein C74	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62168	0
BR56	62914	63564	←	216	65,44%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00030786	1E-111
BR57	63647	64048	←	133	63,18%		Kons. hypothetisches Protein C77	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62171	2E-57
BR58	64143	64841	←	232	63,09%		Kons. hypothetisches Protein C79	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62173	1E-97
BR59	64896	65810	←	304	64,48%		Kons. hypothetisches Protein C81	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62175	1E-141
BR60	66187	66999	←	270	63,71%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00030794	1E-133
BR61	67279	67557	←	92	60,22%		Kons. hypothetisches Protein C90	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62183	4E-33
BR62	67652	68389	←	245	61,52%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92941	1E-125
BR63	68602	68994	←	130	62,09%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92943	2E-65
BR64	69016	69228	←	70	62,44%		Kons. hypothetisches Protein XF1772	<i>Xylella fastidiosa</i> 9a5c	NP_299061	2E-29
BR65	69558	69803	←	81	58,54%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00030800	2E-27
BR66	70327	72339	←	670	65,38%	<i>topB</i>	Putative DNA-Topoisomerase	<i>Pseudomonas putida</i> RR21	CAE92947	0
BR67	72615	73058	←	147	65,09%	<i>ssb</i>	Putatives DNA-Einzelstrang-bindendes Protein XF1778	<i>Xylella fastidiosa</i> 9a5c	NP_299066	2E-66
BR68	73132	73659	←	175	61,93%		Kons. hypothetisches Protein, putativer Integrase-Regulator R	<i>Pseudomonas</i> sp. B13	CAD60671	8e-78
BR69	73656	74456	←	266	65,04%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas</i> sp. B13	CAD60670	1E-116
BR70	74774	76018	←	414	62,25%		Putatives DNA-Einzelstrang-bindendes Protein XF1781	<i>Xylella fastidiosa</i> 9a5c	NP_299069	1E-159
BR71	76022	76582	←	186	61,50%		Putatives DNA-Einzelstrang-bindendes Protein XF1782	<i>Xylella fastidiosa</i> 9a5c	NP_299070	8E-91
BR72	76598	78226	←	542	65,56%		Kons. hypothetisches Protein, ähnlich ParB-Nuklease	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00027719	0
BR73	78451	79326	←	291	65,53%	<i>soj</i>	Protein zur Chromosomenaufteilung XF1785	<i>Xylella fastidiosa</i> 9a5c	NP_299073	1E-129
BR74	79369	79581	←	70	59,62%		Hypothetisches Protein, Phagen-ähnlich	<i>Xylella fastidiosa</i> 9a5c	NP_299074	1E-26
BR75	79700	80455	←	251	62,30%		Kons. hypothetisches Protein XF1787	<i>Xylella fastidiosa</i> 9a5c	NP_299075	1E-123
BR76	81007	82935	←	642	61,02%	<i>int</i>	Phagen-ähnliche Integrase	<i>Azoarcus</i> sp. EbN1	CAD58332	0

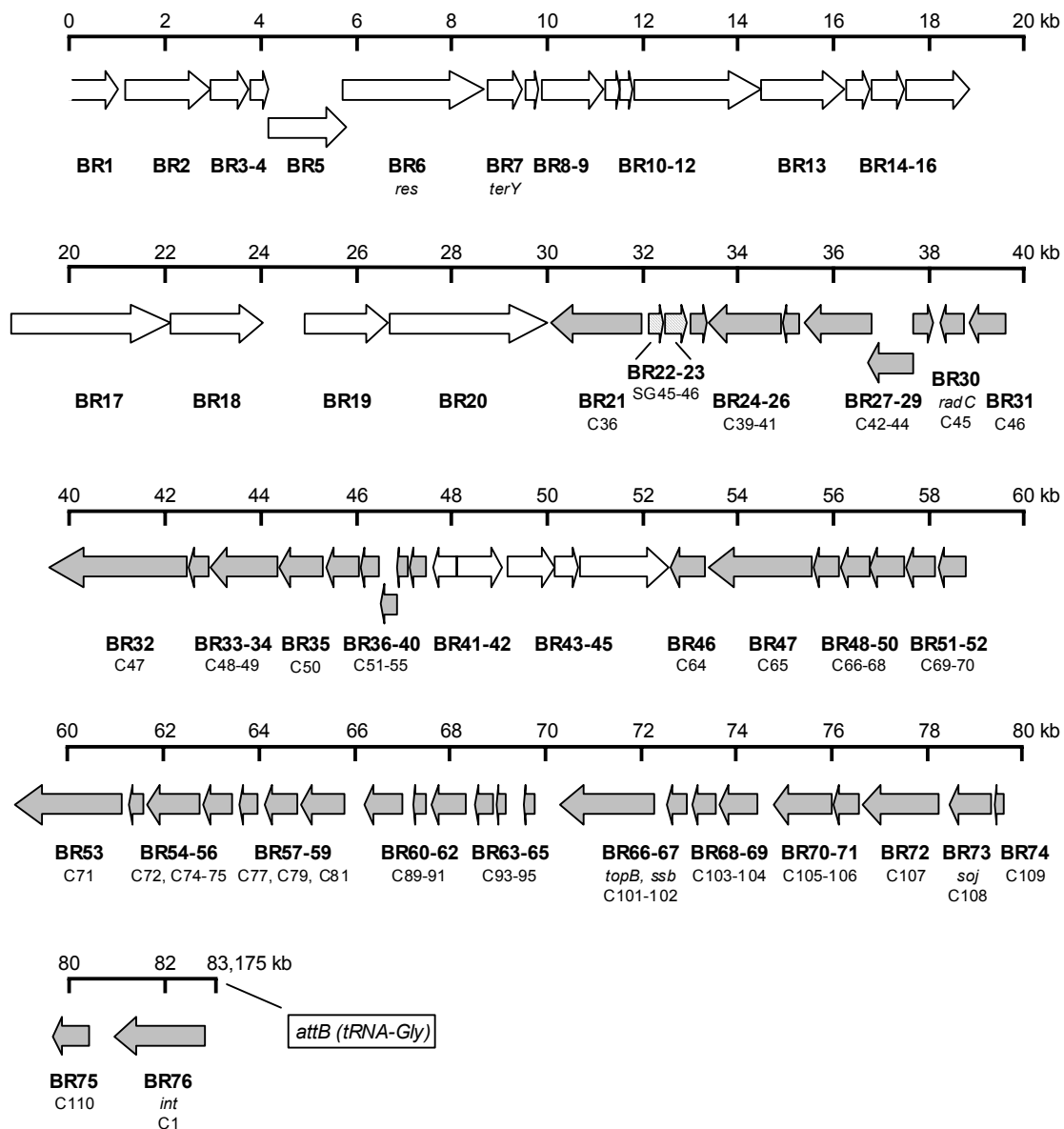
Von den 76 ORFs wiesen 49 Homologien zu putativen Genen aus der Geninsel PAGI-2(C) auf. Für viele dieser 49 ORFs existierten auch weitere Homologe in anderen bakteriellen Spezies und definierten Geninseln, z. B. in PAGI-3(SG) und dem Plasmid pKLC102 aus *P. aeruginosa*, in *Burkholderia fungorum* LB400, in *Xylella fastidiosa* 9a5c oder in *P. putida* RR21. Zusätzlich waren noch zwei weitere ORFs (BR22 u. BR23) u. a. in PAGI-3(SG) konserviert, nicht aber in PAGI-2(C). Die Datenbankeinträge mit der jeweils größten Ähnlichkeit waren zumeist putative Gene aus der PAGI-2(C)-Geninsel oder aus *P. putida* RR21, stammten zum Teil aber auch aus anderen Organismen (siehe Tabelle 4.8).

Die konservierten ORFs lagen dabei als nahezu durchgängige Reihe vor (BR21 – BR76), die lediglich von den spezifischen ORFs BR41 – BR46 unterbrochen wurde (siehe Abbildung 4.11). In PAGI-2(C) sind die konservierten ORFs häufiger durch kleine spezifische DNA-Abschnitte, z. T. einzelne ORFs, voneinander getrennt (siehe Einleitung, Kapitel 1.3 und Abbildung 4.13, Kapitel 4.2.6). Die Reihenfolge der konservierten ORFs war in PAGI-2(C), PAGI-3(SG) und dem SpB-Contig 1 bis auf zwei Ausnahmen identisch. Das Phagen-ähnliche Integrase-Gen (BR76) wurde zwar in SpB wie in den beiden anderen Geninseln auch neben dem tRNA<sup>Gly</sup>-Gen identifiziert, lag im Verhältnis zu PAGI-2(C) und –3(SG) in SpB aber auf der anderen Seite des konservierten DNA-Blocks (hinter dem C110-Homologen BR75, siehe Abbildung 4.11). Außerdem fehlte im SpB-Contig 1 ein ORF mit Homologie zum ORF C4, einem putativen Transkriptionsregulator, der sowohl in PAGI-2(C) als auch in PAGI-3(SG) konserviert ist. Allerdings ist dieser ORF innerhalb der beiden Geninseln in verschiedenen Regionen lokalisiert.

Innerhalb der konservierten Bereiche fielen noch die ORFs BR30 und BR31 auf, die Homologe zu den ORFs C45 und C46 darstellten. Diese ORFs waren in den anderen Beispielen nie gemeinsam konserviert gewesen, in PAGI-3(SG) wurde nur ein C45-homologes, im Plasmid pKLC102 nur ein C46-homologes Gen identifiziert.

Die Genprodukte der meisten konservierten ORFs wurden, wie in den anderen Beispielen auch, im SpB-Contig 1 als konservierte hypothetische Proteine beschrieben. Nur für wenige ergaben die Datenbankvergleiche funktionelle Hinweise. Identifiziert wurden neben der Phagen-ähnlichen Integrase (BR76) eine putative DNA-Topoisomerase (BR66), ein DNA-Einzelstrang-bindendes Protein *Ssb* (BR67), sowie ein *Soj*-(*ParA*)-Protein (BR73) und ein putatives *ParB*-Protein (BR72). *ParA*- und *ParB*- Proteine sind an der DNA-Aufteilung bei der Zellteilung von Bakterien beteiligt (Quisel u. Grossman, 2000; Figge et al., 2003).

Entsprechende Gene wurden auch in mobilen Elementen identifiziert (Haug et al., 2003; siehe auch Plasmid pKLC102, Kapitel 3.3.2).



**Abbildung 4.11:** Annotation der SpB-Insertion, SpB-Contig 1.

Die Zählung beginnt am Anfang des Contigs. Die Richtung wurde in Kolinearität mit der PAO1-Genomsequenz festgelegt. Die annotierten ORFs und ihre Transkriptionsrichtung sind durch Pfeile gekennzeichnet und tragen die Bezeichnungen, die in der Tabelle 4.8 aufgeführt sind. Unter den Bezeichnungen sind die vergebenen Gennamen und eventuelle homologe ORFs in der Geninsel PAGI-2(C) aufgeführt. ORFs mit Homologen in PAGI-2(C) sind durch graue Pfeile dargestellt. Die gestreiften Pfeile kennzeichnen die beiden ORFs, die Homologe in PAGI-3(SG) aufweisen (homologe ORFs angegeben), aber keinen entsprechenden ORF in PAGI-2(C). Das Ende des dargestellten Bereichs stimmt mit dem Ende der Geninsel überein. Das nachfolgende *tRNA<sup>Gly</sup>*-Gen, das den Übergang (ehem. *attB*) zwischen Insel und PAO1-identischer Sequenz bildet, ist angezeigt.

Wie für PAGI-2(C) (Larbig et al., 2002) könnten die Genprodukte der ORFs in den konservierten Abschnitten eine Rolle spielen bei der strukturellen Organisation der inserierten DNA und bei der Integration ins Genom nach Phagen-ähnlichem Mechanismus, vielleicht

auch bei der Mobilisierung der Geninsel aus dem Chromosom. Weiterhin wurden unter den konservierten ORFs ein für ein *RadC*-artiges Protein (DNA-Reparatur-Protein) kodierendes Gen identifiziert (BR30), ein *pill*-ähnlicher ORF (BR52) und ein putatives Helicase-Gen (BR53). Das Genprodukt von ORF B31 wies Ähnlichkeiten zu einer putativen Protein-Disulfid-Isomerase auf.

Die 25 spezifischen ORFs im SpB-Contig 1 waren auf zwei Regionen verteilt. Die ORFs BR41 – BR45 waren inmitten der konservierten ORFs lokalisiert, der andere Block mit den ORFs BR1 – BR20 lag am Rand des Contigs. Konkrete phänotypische Hinweise für die spezifischen DNA-Abschnitte konnten aus der Annotation nicht abgeleitet werden.

Für B41 – B45 ergaben Datenbankvergleiche nur Ähnlichkeiten mit anderen hypothetischen ORFs, aber keine funktionellen Hinweise (siehe Tabelle 4.8). Innerhalb des Bereichs von BR1 – BR20 wurden zwei putative Helicase-Gene (BR1 und BR17) und zwei putative Proteinkinasen bzw. -phosphatasen (BR15 und BR16) annotiert. BR7 wies Ähnlichkeit zu einem Gen *terY* aus einem Tellurit-Resistenz-Gencluster aus *Helicobacter pylori* 26695 auf. In diesem Organismus folgen nach dem *terY*-Gen zwei weitere ORFs und dann Homologe zu den vermeintlichen Proteinkinase-Genen BR15 und BR16. ORF BR6 schien für eine vermeintliche Typ III Restriktionsendonuklease zu kodieren. Die ORFs BR4 und BR5 wiesen beide Ähnlichkeiten zu verschiedenen Abschnitten der gleichen DNA-Methylase (aus einem Restriktionssystem) auf (siehe GenBank-Nr. der ähnlichen Datenbankeinträge in Tabelle 4.8). BR4 und BR5 könnten somit (inaktive) Fragmente des größeren homologen Proteins (aus *Chlorobium tepidum* TLS) sein, eventuell entstanden durch eine Mutation, die den Leserahmen verschoben hat. Möglich ist aber auch, dass diese Leserahmenverschiebung nur *in silico* aufgrund eines Sequenzierungsfehlers festgestellt wurde und im bakteriellen Genom selbst gar nicht auftritt.

Innerhalb der spezifischen ORFs BR1 – BR20 ließen sich zwei größere Gruppen definieren: Für BR1 und BR3 – BR6 existierten homologe Abschnitte im Genom von *Chlorobium tepidum* TLS; BR7, BR8, BR12, BR13, BR15 – BR17 sowie BR19 und BR20 wiesen Ähnlichkeiten zu *Helicobacter pylori* Genen auf (siehe Tabelle 4.8). Solche blockweise auftretenden Homologien könnten Hinweise auf die Herkunft der Bausteine der SpB-Insertion geben (DNA aus diesen Organismen übernommen? oder ähnliche DNA-Quelle von beiden Organismen genutzt?). Außerdem zeigt dieses Beispiel erneut, dass die spezifischen Bereiche von Geninseln modulartig aus Genclustern zusammengesetzt sein können, die aus verschiedenen DNA-Quellen akquiriert wurden (Vergleiche Kapitel 1.1). Vor allem im Vergleich mit *Helicobacter* aber entsprechen die ähnlichen ORFs im SpB-Contig 1 nicht

einem geschlossenen Abschnitt aus dem *H. pylori*-Genom, sondern ähneln vereinzelt konservierten Fragmenten eines größeren Abschnitts.

### SpB-Contig 2:

Innerhalb der 66865 bp des SpB-Contigs 2 stellen die ersten 5404 bp PAO1-konservierte DNA dar (siehe Kapitel 4.2.2), die übrigen 61461 bp gehörten zur SpB-Insertion in *P. aeruginosa* C. Die ersten 27 bp der Insertion entsprechen den 27 bp vom 3'-Ende des im Contig 1 identifizierten tRNA<sup>Gly</sup>-Gens und bilden vermutlich die (ehem.) *attP*-Sequenz des inserierten DNA-Elements. In der nachfolgenden Sequenz wurden insgesamt 63 potentielle ORFs (BL1 – BL63) identifiziert und annotiert, wobei die im Contig liegende Sequenz von BL63 nur einen Teil des eigentlichen ORFs darstellt. Dessen Sequenz scheint über das Contig-Ende hinauszuragen.

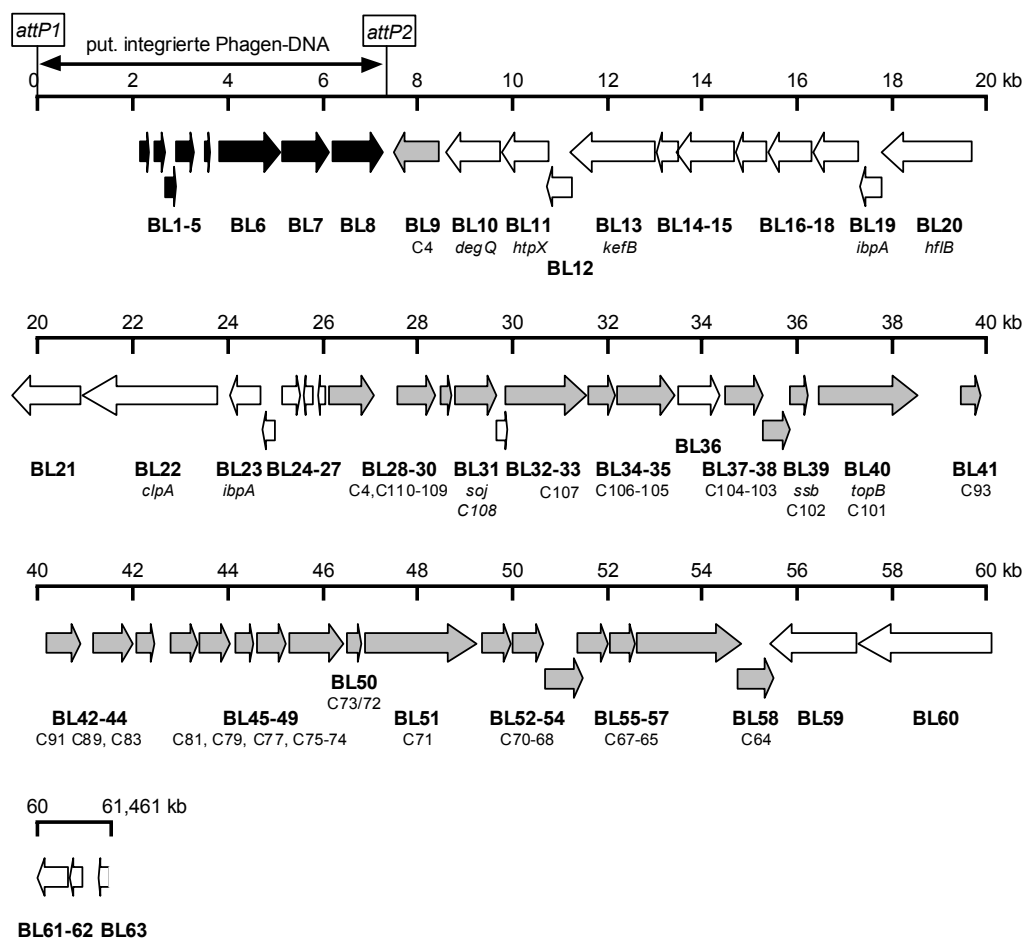
Tabelle 4.9: Annotationsergebnisse der ORFs im SpB-Contig 2										
ORF	Koordinaten links	Koordinaten rechts	Orientierung	Länge [aa]	GC-gehalt [%]	Name des Gens	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	bestes blast-Ergebnis Organismus	Genebank-Nr.	E-Wert
BL1	2064	2258	←	64	57,95%		hypothetisches Protein			
BL2	2422	2637	→	71	62,04%		hypothetisches Protein			
BL3	2634	2855	→	73	61,26%		Hypothetisches Protein Pf1p10	<i>P. aeruginosa</i> Phage Pf1	NP_039609	2E-07
BL4	2848	3237	→	129	65,38%		hypothetisches Protein			
BL5	3612	3722	→	36	62,16%		hypothetisches Protein			
BL6	3867	5159	→	430	58,86%		hypothetisches Protein Pf1p08, ORF PA0727 in <i>P. aeruginosa</i> PAO1	<i>P. aeruginosa</i> Phage Pf1	NP_249418	0
BL7	5159	6145	→	328	58,16%		Putative Bacteriophagen-Integrase, ORF PA0728 in <i>P. aeruginosa</i> PAO1	<i>P. aeruginosa</i> Phage Pf1	NP_249419	1E-169
BL8	6171	7241	→	356	47,34%		hypothetisches Protein			
BL9	7529	8476	←	315	64,35%		Putativer Transkriptionsregulator (ähnlich <i>bphR</i> )	<i>Azotobacter vinelandii</i> *	ZP_00091409	3E-74
BL10	8670	9821	←	383	65,28%	<i>degQ</i>	Trypsin-ähnliche, periplasmatische Serin-Protease	<i>Desulfovibrio desulfuricans</i> G20	ZP_00128771	0
BL11	9846	10811	←	321	68,22%	<i>htpX</i>	Zn-abhängige Protease mit Chaperon-Funktion	<i>Methylobacillus flagellatus</i> KT	ZP_00173839	1E-100
BL12	10789	11286	←	165	59,84%		Putatives Membranprotein	<i>Desulfovibrio desulfuricans</i> G20 *	ZP_00128772	7E-46
BL13	11283	12998	←	571	65,56%	<i>kefB</i>	Putativer K <sup>+</sup> -Transporter (Kef-Typ), Membran-Komponente	<i>Yersinia enterocolitica</i>	CAE46782	1E-81
BL14	13002	13442	←	146	65,08%		Thiol-Disulfid-Isomerase	<i>Methylobacillus flagellatus</i> KT	ZP_00173837	2E-69
BL15	13431	14597	←	388	55,27%		Hypothetisches Protein Mflag020124	<i>Methylobacillus flagellatus</i> KT	ZP_00173836	1E-169
BL16	14657	15268	←	203	54,58%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Methylobacillus flagellatus</i> KT	ZP_00173835	1E-81
BL17	15365	16252	←	295	58,90%		Hypothetisches Protein Mflag020122	<i>Methylobacillus flagellatus</i> KT	ZP_00173834	1E-114
BL18	16355	17269	←	304	59,13%		Hypothetisches Protein Mflag020121	<i>Methylobacillus flagellatus</i> KT	ZP_00173833	8E-95
BL19	17292	17750	←	152	58,17%	<i>ibpA</i>	Chaperon, ähnlich Hsp20-Typ	<i>Methylobacillus flagellatus</i> KT	ZP_00173832	2E-34
BL20	17838	19655	←	605	65,35%	<i>hflB</i>	ATP-abhängige Zn-Protease	<i>Methylobacillus flagellatus</i> KT	ZP_00173831	3E-27
BL21	19683	21113	←	476	66,88%		Phosphatidylserin-Synthase-ähnliches Enzym	<i>Methylobacillus flagellatus</i> KT	ZP_00201887	0



ORF	Koordinaten links	Koordinaten rechts	Orientierung	Länge [aa]	GC-Gehalt [%]	Name des Gens	Funktionsvorhersage bzw. ähnliches Genprodukt	bestes blast-Ergebnis Organismus	Genebank-Nr.	E-Wert
BL22	21130	23898	←	922	65,47%	<i>clpA</i>	ATPase mit Chaperon-Funktion	<i>Desulfovibrio desulfuricans</i> G20	ZP_00128776	0
BL23	24073	24681	←	202	60,10%	<i>ibpA</i>	Chaperon, ähnlich Hsp20-Typ	<i>Desulfovibrio desulfuricans</i> G20	ZP_00128777	1E-106
BL24	24678	24959	←	93	58,87%		Putativer Transkriptionsregulator	<i>Methylobacillus flagellatus</i> KT	ZP_00201885	6E-35
BL25	25244	25621	→	125	67,99%		Hypothetisches Protein, wie Teil einer Transposase	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	CAA09339	8E-24
BL26	25735	25911	←	58	68,36%		Hypothetisches Protein, wie Teil einer Transposase	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PA14	AAP84184	8E-19
BL27	25954	26106	←	50	64,71%		Hypothetisches Protein, wie Teil einer Transposase	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00034074	4E-05
BL28	26228	27136	→	302	64,36%		Putativer Transkriptionsregulator (ähnlich <i>bphR</i> )	<i>Azotobacter vinelandii</i>	ZP_00091409	1E-80
BL29	27676	28434	→	252	66,80%		Kons. hypothetisches Protein XF1787	<i>Xylella fastidiosa</i> 9a5c	NP_299075	5E-55
BL30	28576	28794	→	72	67,12%		Hypothetisches Protein, Phagen-ähnlich	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	AAN62325	1E-20
BL31	28835	29701	→	288	70,36%	<i>soj</i>	Protein zur Chromosomenaufteilung XF1785	<i>Xylella fastidiosa</i> 9a5c	NP_299073	1E-114
BL32	29685	29921	→	78	70,04%		Hypothetisches Protein	<i>Ralstonia metallidurans</i> CH34	ZP_00025200	4E-19
BL33	29908	31557	→	549	69,45%		Kons. hypothetisches Protein, ähnlich <i>ParB</i> -Nuklease	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00027719	1E-180
BL34	31575	32135	→	186	65,95%		Kons. hypothetisches Protein C106	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62199	1E-76
BL35	32139	33332	→	397	67,59%		Kons. hypothetisches Protein C105	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62198	1E-127
BL36	33463	34323	→	286	63,76%		Hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>tomato</i> DC3000	NP_789869	1E-65
BL37	34512	35300	→	262	68,06%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas species</i> B13	CAD60670	1E-101
BL38	35297	35845	→	182	65,57%		Kons. hypothetisches Protein SG98	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> SG17M	AAN62319	4E-55
BL39	35842	36225	→	127	65,89%	<i>ssb</i>	Putatives DNA-Einzelstrangbindendes Protein SG97	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> SG17M	AAN62318	9E-57
BL40	36520	38535	→	671	67,81%	<i>topB</i>	Putative DNA-Topoisomerase	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00027725	0
BL41	39579	39971	→	130	64,63%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00030798	1E-51
BL42	40222	40938	→	238	66,67%		Kons. hypothetisches Protein SG91	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> SG17M	AAN62312	4E-81
BL43	41229	42026	→	265	65,79%		Kons. hypothetisches Protein SG90	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> SG17M	AAN62311	1E-112
BL44	42092	42457	→	121	65,30%		Kons. hypothetisches Protein XF1764	<i>Xylella fastidiosa</i> 9a5c	NP_299053	8E-49
BL45	42801	43352	→	183	64,86%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PA14	AAP_84199	4E-38
BL46	43408	44019	→	203	66,34%		Kons. hypothetisches Protein XF1760	<i>Xylella fastidiosa</i> 9a5c	NP_299049	3E-52
BL47	44109	44474	→	121	66,39%		Kons. hypothetisches Protein C77	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62171	6E-33
BL48	44616	45209	→	197	66,16%		Kons. hypothetisches Protein C75	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62169	2E-83
BL49	45275	46384	→	369	66,49%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Burkholderia fungorum</i>	ZP_00030785	1E-180
BL50	46486	46791	→	101	65,03%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PA14	AAP_84189	1E-19
BL51	46891	49176	→	761	64,61%		Kons. hypothetisches Protein C71, ähnlich <i>Helicase</i> C	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62165	0
BL52	49374	49943	→	189	71,75%		Kons. hypothetisches Protein C70, ähnlich <i>pilL</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62164	2E-30
BL53	49940	50587	→	215	70,37%		Kons. hypothetisches Protein C69	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62163	1E-26
BL54	50596	51393	→	265	73,06%		Kons. hypothetisches Protein C68	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> C	AAN62162	2E-72
BL55	51378	51998	→	206	72,79%		Kons. hypothetisches Protein SG70	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> SG17M	AAN62292	1E-57
BL56	51995	52528	→	177	73,03%		Kons. hypothetisches Protein SG69	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> SG17M	AAN62291	1E-39
BL57	52537	54693	→	718	67,27%		Kons. hypothetisches Protein, ähnlich bakteriellem Konjugationsprotein <i>TraG</i>	<i>Pseudomonas putida</i> Plasmid pWWO	NP_542873	0
BL58	54690	55439	→	249	67,20%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Pseudomonas putida</i> Plasmid pWWO	NP_542872	1E-112
BL59	55494	57257	←	587	58,90%		Kons. hypothetisches Protein, ähnlich Chaperon <i>HptG</i>	<i>Neisseria meningitidis</i> Z2491	NP_283255	7E-12
BL60	57293	60028	←	911	63,16%		Kons. hypothetisches Protein	<i>Nitrosomonas europaea</i>	NP_842303	0
BL61	60028	60672	←	214	61,55%		Hypothetisches Protein	<i>Nitrosomonas europaea</i>	NP_842306	9E-86
BL62	60672	60917	←	81	50,81%		Hypothetisches Protein			
BL63	61248	>61461	←	>70	45,79%		Hypothetisches Protein, ähnlich Adenin-spezifischer DNA-Methylase	<i>Nitrosomonas europaea</i>	NP_842306	1E-16

Zwischen den ORFs BL8 und BL9 wurde eine weitere Sequenz identifiziert, die dem 3'-Ende des tRNA<sup>Gly</sup>-Gens entspricht. Diese zweite putative *att*-Sequenz umfasst 18 bp (Position 7343 – 7360 innerhalb der Insertion, 12747 – 12764 im Gesamtcontig).

Von den zwischen beiden *att*-Sequenzen lokalisierten ORFs BL1 – BL8 wiesen BL3, BL6 und BL7 Homologien zu Genen aus dem *P. aeruginosa* Phagen Pf1 auf, wobei BL7 eine putative Phagen-Integrase codiert (siehe Tabelle 4.9). Die Sequenz von der ersten bis zur zweiten vermeintlichen *att*-Sequenz wurde daher als Phagen-DNA annotiert, die vermutlich separat in diese Genomregion integriert ist und aufgrund der Verwendung einer ähnlichen *att*-Sequenz direkt neben der „eigentlichen“ SpB-Insertion im Genom lokalisiert ist.



**Abbildung 4.12:** Annotation der SpB-Insertion, SpB-Contig 2.

Die Zählung beginnt mit der *attP1*-Sequenz, die die Geninsel zur flankierenden PAO1-identischen Sequenz hin abgrenzt. Die Richtung wurde in Kolinearität mit der PAO1 Genomsequenz festgelegt. Die annotierten ORFs und ihre Transkriptionsrichtung sind durch Pfeile gekennzeichnet und tragen die Bezeichnungen, die in der Tabelle 4.9 aufgeführt sind. Unter den Bezeichnungen sind die vergebenen Gennamen und eventuelle homologe ORFs in PAGI-2(C) aufgeführt. ORFs mit Homologen in PAGI-2(C) sind durch graue Pfeile dargestellt. Die beiden identifizierten potentiellen (ehem.) *attP*-Stellen sind durch Kästchen angezeigt. Der Bereich der vermutlich separat integrierten Phagen-DNA ist durch einen Doppelpfeil markiert. Schwarze Pfeile kennzeichnen die in dieser Region annotierten ORFs.

Wie schon in Kapitel 4.2.2 beschrieben, wurden wie im SpB-Contig 1 auch in Contig 2 konservierte ORFs mit Homologien zu PAGI-2(C)-ORFs identifiziert. Homologe zu diesen ORFs existierten in denselben weiteren Geninseln und Spezies wie für die konservierten BR-ORFs aus dem Contig 1 (s. o.).

Insgesamt wurden 30 solcher konservierten ORFs im Contig 2 detektiert (ORFs BL9, BL28 – BL31, BL33 – BL35 sowie BL37 – BL58). Dabei wurde der ORF BL9 direkt neben der vermeintlichen Phagen-DNA lokalisiert, die übrigen waren blockartig nebeneinander angeordnet. Dieser konservierte Abschnitt wurde nur von den spezifischen ORFs BL32 und BL36 unterbrochen. Die größten Ähnlichkeiten zu den einzelnen konservierten ORFs wiesen oft die entsprechenden Homologen aus den Geninseln PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) auf, vereinzelt aber auch Homologe aus anderen Spezies.

Zu den 30 konservierten ORFs existierte bis auf wenige Ausnahmen auch jeweils ein ähnlicher ORF im SpB-Contig 1. Die Anordnung der ORFs untereinander stimmte überein, bei Ausrichtung der Contigs nach der umgebenden PAO1-DNA erscheint die Reihenfolge in Contig 2 jedoch invertiert (siehe Abbildung 4.12). Identifiziert wurden in Contig 2 gleich zwei Homologe zum PAGI-2(C)-ORF C4 (BL9 u. BL28). Da ein solcher ORF im Contig 1 fehlte, könnte einer der beiden C4-Homologe dem „Set“ konservierter ORFs aus dem Contig 1 zugeordnet werden. Die ungewöhnliche Lokalisation könnte dabei durch die in der Insertion vorliegende Kombination zweier solcher „Sets“ verursacht worden sein.

In Contig 2 wurden bisher keine Homologen zu den PAGI-2(C)-ORFs C1 (Integrase-Gen), C36, C40 – C44, C45 oder C46 sowie C47 – C55 detektiert, die in den allen vergleichbaren konservierten Geninseln und auch im SpB-Contig 1 vorhanden waren. Solche ORFs wurden in der verbliebenen Sequenzlücke der SpB-Insertion vermutet und könnten eventuell identifiziert werden, wenn der Contig 2 in diese Lücke hinein verlängert würde.

Für die 30 konservierten ORFs konnten gleiche DNA-organisierende Funktionen wie für die entsprechenden Abschnitte im Contig 1 vorausgesetzt werden (s. o.), da prinzipiell ähnliche Genprodukte identifiziert wurden. So konnten neben vielen konservierten hypothetischen Genprodukten auch wiederum eine DNA-Topoisomerase (BL40), ein *Ssb*-Protein (BL39), ein *Soj*-Protein (BL31) und ein putatives *ParB*-Protein (BL33) annotiert werden.

Der spezifische Teil der inserierten DNA im SpB-Contig 1 umfasste 25 ORFs, die Blöcke BL10 – BL27, B59 – B63 (am Ende des Contigs), sowie die von den konservierten Abschnitten umgebenen ORFs BL32 und BL36. Dabei wiesen innerhalb des Blocks BL10 – BL27 die meisten Genprodukte Ähnlichkeiten zu (z. T. putativen) Proteinen aus *Desulfovibrio desulfuricans* G20 oder *Methylobacillus flagellatus* KT auf. Die ORFs BL14 – BL20 schienen in *Methylobacillus* in unveränderter Anordnung konserviert zu sein (siehe

Tabelle 4.9), was auf die gleiche Funktion der Genprodukte aus diesem Abschnitt für diesen Organismus und für *P. aeruginosa* C hindeutet.

Auffallend waren die vielen Chaperon-Gene unter den spezifischen ORFs im SpB-Contig 2. BL11 (*htpX*), BL19 (*ibpA*), BL22 (*clpA*), BL23 (*ibpA*) und BL59 (*hptG*) wurden als putative Chaperon-kodierende Gene annotiert. Außerdem wurden mit BL10 (*degQ*) und BL20 (*hflB*) noch zwei putative Protease-Gene und mit BL14 ein Thiol-Disulfid-Isomerase-Gen identifiziert. Insgesamt lagen damit in den spezifischen Bereichen acht Gene vor, deren Genprodukte Proteinstrukturen modifizieren können (davon sieben ORFs in Block BL10 – BL27). Möglich wäre, dass das Wirtsgenom diese kodierten Funktionen nutzen kann, um sich an Bedingungen zu adaptieren, die Strukturänderungen von Proteinen erfordern, oder unter denen die Strukturänderung von bestimmten Proteinen blockiert werden muss (Chaperone). Funktionelle Hinweise ergab die Annotation noch für das Genprodukt des ORFs BL13, das Ähnlichkeiten zur Membrankomponente *KefB* eines Kalium-Transporters (*Kef*-Typ) aufwies. Ansonsten lieferte die Annotation nur wenige Anhaltspunkte für die Genprodukte der spezifischen ORFs. So wurde BL24 als mögliches Transkriptionsregulator-Gen annotiert, BL21 zeigte Ähnlichkeiten zu Phosphatidylserin-Synthase-Genen, und BL63 könnte ein methylierendes Protein kodieren. Auffällig waren zudem die ORFs BL25 – BL27, die alle Teilen von verschiedenen Transposase-Genen ähnelten. Dass diese drei Fragmente die Überreste eines ehemals funktionellen Transposase-Gens darstellen, kann nicht ausgeschlossen werden; allerdings sind die durch die Datenbankvergleiche angezeigten ähnlichen Transposase-Gene alle größer als der Sequenzabschnitt von BL25 – BL27.

#### **4.2.6 Vergleich der beiden PAGI-2(C)-homologen Bereiche in der SpB-Insertion**

Wie schon in den Beschreibungen der beiden SpB-Contigs 1 und 2 ausgeführt, finden sich in zwei Regionen der SpB-Insertionen ähnliche ORFs wie in der Geninsel PAGI-2(C).

Im SpB-Contig 1 wurden 49 konservierte ORFs identifiziert. Dieses „Set“ konservierter ORFs war bis auf wenige Ausnahmen identisch mit den 47 ORFs, die zwischen den Geninseln PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) konserviert waren (siehe Kapitel 4.2.1 und 4.2.5), auch die Anordnung innerhalb der Geninseln war in allen drei Fällen sehr ähnlich. Die Geninseln besaßen damit eine vergleichbare Struktur; die kaum variierenden „Sets“ konservierter ORFs wurden als typische Bausteine der offensichtlich verwandten Geninseln angesehen, von den der größte Teil auch im Plasmid pKLC102 auftrat (siehe Kapitel 3.3.2).

Beim Vergleich der konservierten ORFs aus dem SpB-Contig 1 mit PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) fiel zunächst auf, dass in SpB die Blöcke konservierter ORFs seltener durch spezifische ORFs unterbrochen wurden. Der Grad der Konservierung schien zwischen SpB-Contig 1 und

PAGI-2(C) etwas höher zu liegen als zwischen PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) (etwas höhere Anzahl konservierter ORFs, höhere Konservierung der Aminosäuresequenzen,), obwohl auch zwischen PAGI-3(SG) und SpB-Contig 1 zwei ORFs konserviert waren, die keine Homologen in PAGI-2(C) aufwiesen (ORFs BR22 – SG44, BR23 – SG45).

Die in den drei Geninseln identifizierten Homologen ORFs sind in Tabelle 4.10 aufgelistet.

Auffallend war im SpB-Contig 1 die Position des Phagen-ähnlichen Integrase-Gens im Vergleich zu den übrigen konservierten ORFs, das nach dem letzten konservierten DNA-Block (Homologe zu ORFs C101 – C110) folgte, während das Integrase-Gen in PAGI-2(C) und -3(SG) auf der anderen Seite der Geninsel weit entfernt vom betreffenden DNA-Block lokalisiert war. Außerdem fehlte im SpB-Contig 1 ein Homologes zum ORF C4 (ein putatives Regulatorgen). Dieser ORF war im vorderen Teil von PAGI-2(C) neben dem Integrase-Gen der einzige konservierte ORF, in PAGI-3(SG) war das Homologe dagegen hinter den letzten konservierten DNA-Blöcken am Ende der Geninsel zu finden (ORF SG105). Die Position dieses ORFs war demnach variabel und konnte sich auch außerhalb des SpB-Contigs 1 in der Insertion befinden.

A	B	C	A	B	C	A	B	C
C1	BR76		C53	BR38		C83		BL44
C4		BL9, BL28	C54	BR39		C89	BR60	BL43
C36	BR21		C55	BR40		C90	BR61	
C39	BR24		C64	BR46	BL58	C91	BR62	BL42
C40	BR25		C65	BR47	BL57	C93	BR63	BL41
C41	BR26		C66	BR48	BL56	C94	BR64	
C42	BR27		C67	BR49	BL55	C95	BR65	
C43	BR28		C68	BR50	BL54	C101	BR66	BL40
C44	BR29		C69	BR51	BL53	C102	BR67	BL39
C45	BR30		C70	BR52	BL52	C103	BR68	BL38
C46	BR31		C71	BR53	BL51	C104	BR69	BL37
C47	BR32		C72	BR54	BL50	C105	BR70	BL35
C48	BR33		C74	BR55	BL49	C106	BR71	BL34
C49	BR34		C75	BR56	BL48	C107	BR72	BL33
C50	BR35		C77	BR57	BL47	C108	BR73	BL31
C51	BR36		C79	BR58	BL46	C109	BR74	BL30
C52	BR37		C81	BR59	BL45	C110	BR75	BL29

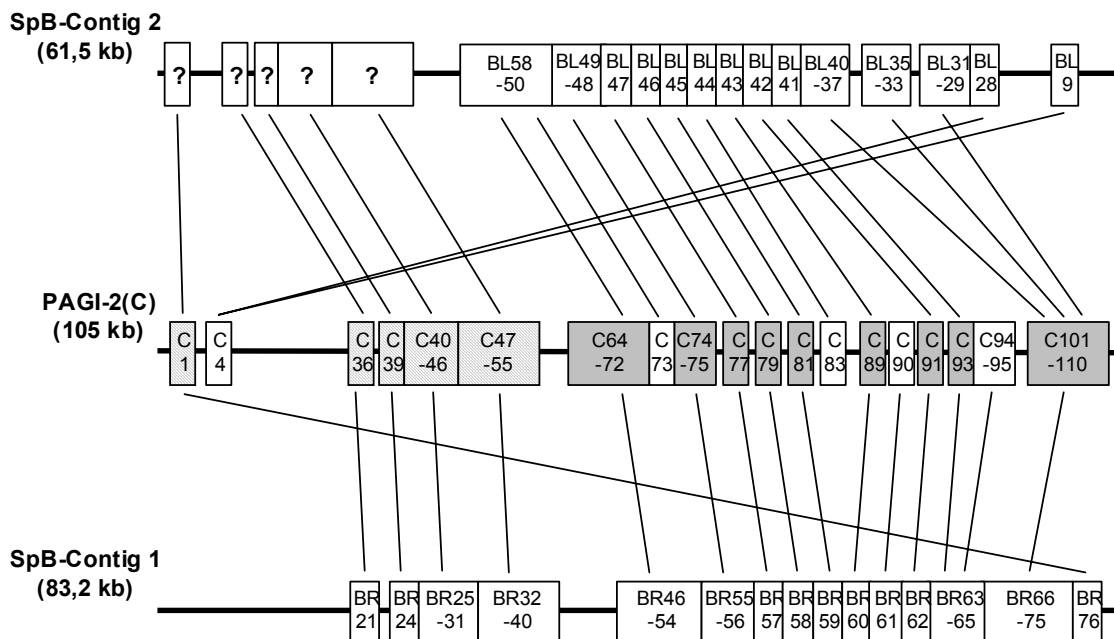
**Tabelle 4.10:** Homologe ORFs in den beiden SpB-Contigs und PAGI-2(C). An Spalten A sind jeweils die PAGI-2(C)-ORFs aufgelistet, in Spalten B die ORFs aus SpB-Contig 1 und in Spalten C die ORFs aus SpB-Contig 2. Die SpB-ORFs sind entsprechend der Annotationstabellen in 4.2.5 bezeichnet. Grau unterlegte ORFs haben nur ein Homologes in der SpB-Insertion. Der ORF C4 und die beiden im SpB-Contig 2 liegenden Homologe sind durch einen gesonderten Rahmen markiert.

Im SpB-Contig 2 wurden dementsprechend zwei C4-Homologe ORFs und ein weiteres „Set“ der konservierten ORFs identifiziert. Das eine C4-Homologe müsste demnach dem „Set“ konservierter ORFs im SpB-Contig 1 zugeordnet werden, ist aber innerhalb der komplexen Struktur der SpB-Insertion von diesem getrennt lokalisiert.

Das zweite „Set“ konservierter ORFs war, soweit im Contig vorhanden, dem „Set“ im Contig 1 am ähnlichsten. Auch hier waren die Blöcke konservierter ORFs weniger durch spezifische Abschnitte unterbrochen als in PAGI-2(C) oder PAGI-3(SG). Bis auf drei Ausnahmen war Konservierung zu PAGI-2(C) immer für beide „Sets“ in der SpB-Insertion gleichzeitig festzustellen (Ausnahmen siehe Tabelle 4.10).

Das zweite „Set“ konservierter ORFs in der SpB-Insertion schien im Vergleich zu den anderen „Sets“ noch nicht vollständig zu sein, so dass weitere PAGI-2(C)-Homologe in der bestehenden Lücke zwischen den Contigs vermutet wurden (siehe Abbildung 4.13). Aufgrund der Konservierung zwischen PAGI-2(C) und SpB-Contig 1 wurde die Hypothese aufgestellt, dass in der Lücke noch Homologe zu folgenden ORFs lokalisiert sein müssten:

C1 (Integrase-Gen), C36, C40 – C46, C47 – C55

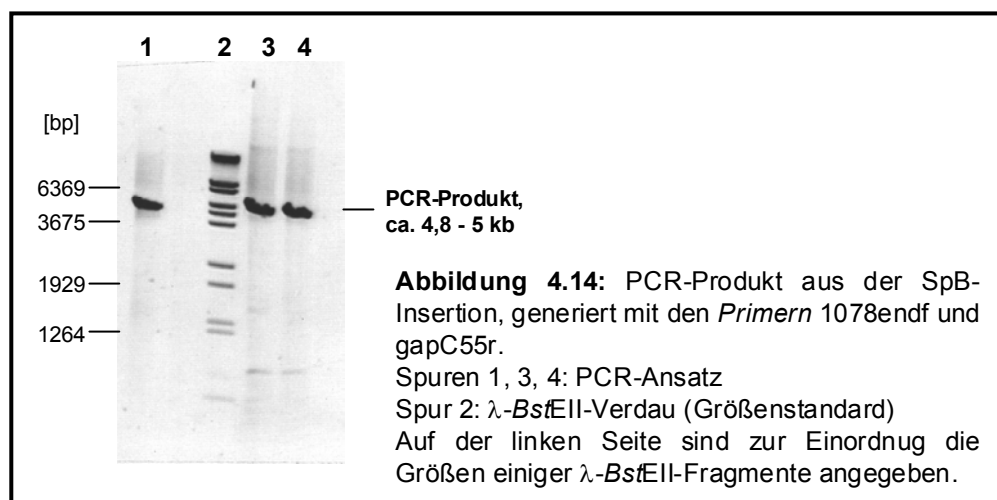


**Abbildung 4.13:** Vergleich der konservierten ORFs in PAGI-2(C) und der SpB-Insertion. Dargestellt sind für PAGI-2(C) die einzelnen ORFs und die Blöcke, die in einem (weiße Kästen) oder in beiden Teilen (graue Kästen) der SpB-Insel konserviert sind. Für die SpB-Contigs sind die jeweiligen homologen ORFs angegeben und mit dem entsprechenden PAGI-2(C)-ORF verbunden. Die Größen der ORFs und die Abstände sind nicht maßstabsgerecht dargestellt. Die Reihenfolge der BL-ORFs (aus dem Contig 2) wurde umgekehrt um sie an die Abfolge der Homologen aus den beiden anderen Sequenzen anzupassen. Gestreifte Kästen kennzeichnen ORFs, für die noch keine Homologen im SpB-Contig 2 gefunden wurden, aber in der verbliebenen Sequenzierungslücke vermutet werden.

Ausgehend von dieser Hypothese wurde per PCR versucht, Teile der in der Lücke lokalisierten DNA-Abschnitte zu amplifizieren. Dazu wurde ein *Primer* identisch zur Sequenz am Ende von SpB-Contig 2 generiert (*Primer* 1078endf; Position 66187 – 66206 in SpB-

Contig 2) und mit einem *Primer* gapC55r kombiniert. Dieser *Primer* war anhand der Sequenz des PAGI-2(C)-ORFs C55 generiert worden und sollte auf dem in der Lücke vermuteten C55-homologen ORF binden. Der letzte konservierte ORF im Contig 2 war C64-homolog, gefolgt von fünf nicht konservierten ORFs. C55 stellte in den anderen Geninseln den nächsten konservierten ORF jenseits eines spezifischen Abschnittes dar.

Mit dieser *Primer*-Kombination wurde demnach versucht, spezifisch den DNA-Abschnitt der SpB-Insertion zwischen dem Ende des Contigs 2 und dem nächsten in der Lücke vermuteten konservierten ORF zu amplifizieren. Dabei konnte ein PCR-Produkt mit einer Größe von 4,8 - 5 kb generiert werden.



In der Contig-Lücke schien es demnach tatsächlich C55-homologe DNA zu geben. Dies bekräftigte die Hypothese, dass sich das noch unvollständige zweite „Set“ konservierter ORFs der SpB-Insertion in der noch nicht bekannten Lückensequenz fortsetzt und insgesamt aus fast denselben „Bausteinen“ (aus konservierten DNA-Blöcken) besteht, die im SpB-Contig 1 und in PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) gefunden werden. Endgültig ließe sich dies aber erst nach Schließen der Lücke und Vervollständigen der Insertionssequenz belegen.

#### **4.2.7 Zusammenfassung des aktuellen Status der Analyse der SpB-Insertion**

Zur Zeit existieren zwei große Sequenzcontigs, die zusammen ca. 144 kb der SpB-Insertion abdecken. Bei Anordnung analog zur Richtung der PAO1-Genomsequenz umfasst der auf der linken Seite der Insertion liegende SpB-Contig 2 bei einer Größe von insgesamt 66,9 kb 5,4 kb flankierende PAO1-konservierte Sequenz, den Übergang zur SpB-Insertion (3'-Ende eines tRNA<sup>Gly</sup>-Gens als ehem. *attP*-Sequenz) und 61,5 kb zur Geninsel gehörende DNA.

Der die rechte Seite der Insertion abdeckende SpB-Contig 1 ist insgesamt 86,3 kb groß. Zur SpB-Insertion gehören 83,2 kb der DNA, auf die ein vollständiges tRNA<sup>Gly</sup>-Gen (mit der ehem. *attB*-Sequenz) und bis zum Contig-Ende noch 3,1 kb PAO1-konservierte DNA folgen. Die vor der Insertion lokalisierte PAO1-konservierte DNA umfasst Homologe zu den ORFs PA0706 – PA0714. Das tRNA<sup>Gly</sup>-Gen, das in Stamm C die SpB-Insertion auf der anderen Seite flankiert, entspricht dem in der PAO1-Sequenz zwischen den ORFs PA0729 und PA0730 gelegenen tRNA<sup>Gly</sup>-Gen. Die darauf noch im Contig folgende PAO1-konservierte DNA enthält Homologe zu den ORFs PA0730 – PA0732.

Zwischen den beiden Contigs besteht noch eine Lücke, für deren Bereich die Sequenz der SpB-Insertion noch nicht ermittelt werden konnte. Vor der Erweiterung des SpB-Contigs 2 war für diese Lücke eine Größe von ca. 65 kb ermittelt worden. Durch die Erweiterung des Contigs 2 konnte davon ein Abschnitt von 30,3 kb sequenziert und analysiert werden, so dass noch eine Lücke von ca. 35 kb verblieben ist. Für die Größe der SpB-Insertion ergab sich daher insgesamt ein Wert von ca. 180 kb. Durch Sequenzanalyse der inserierten DNA wurde an der linken Seite der Insertion ein 7,3 kb großer Phagen-ähnlicher Abschnitt identifiziert.

**Abbildung 4.15 (folgende Seite):** Übersicht über die gesamte SpB-Insertion.

In der Übersicht wurden der Contig 2, die verbliebene Lücke und der Contig 1 zusammengesetzt. Für die Lücke wurde eine Größe von 35 kb angenommen. Die Insertion ist in Kolinearität mit der umgebenden Sequenz des Kerngenoms dargestellt. Die Zählung der Basen beginnt am Übergang von chromosomaler zu inserierter DNA. Annotierte ORFs und ihre Transkriptionsrichtung sind durch Pfeile gekennzeichnet und tragen die Bezeichnungen aus den Tabellen 4.8 und 4.9: Vergebene Gennamen und homologe ORFs in PAGI-2(C) oder PAGI-3(SG) sind unter diesen Bezeichnungen angegeben. In PAGI-2(C) und/oder PAGI-3(SG) konservierte ORFs sind durch graue Pfeile dargestellt. Die vermutlich separat integrierte Phagen-DNA ist durch einen Doppelpfeil gekennzeichnet, die ORFs aus dieser Region sind durch schwarze Pfeile dargestellt. Für ORFs in den flankierenden Bereichen des Kerngenoms sind die Bezeichnungen der entsprechenden PAO1-ORFs angegeben. Anfang und Ende der bestehenden Sequenzcontigs und die Übergänge der Insertion zum Kerngenom sind durch vertikale schwarze Balken angegeben. Die an den Übergängen identifizierten *att*-Sequenzen sind durch Fähnchen dargestellt. Die noch unbekannt Sequenz in der physikalischen Lücke ist durch eine gepunktete Linie symbolisiert. Im Bereich dieser Lücke vermutete PAGI-2(C) homologe ORFs sind durch gestreifte Pfeile dargestellt (siehe Kapitel 4.2.6). Für solche ORFs ist als Bezeichnung „???“ und dazu der entsprechende PAGI-2(C)-Homologe angegeben. Zusätzlich sind für die ganze Region die Schnittstellen für die in der Kartierung verwendeten Enzyme *NotI*, *SnaBI*, *HpaI* und *XbaI* angegeben. Die mit \* gekennzeichneten ORFs BL63 und BR1 ragen über die Contig-Enden in die Lücke hinein, ihre Sequenz ist noch nicht vollständig bekannt.



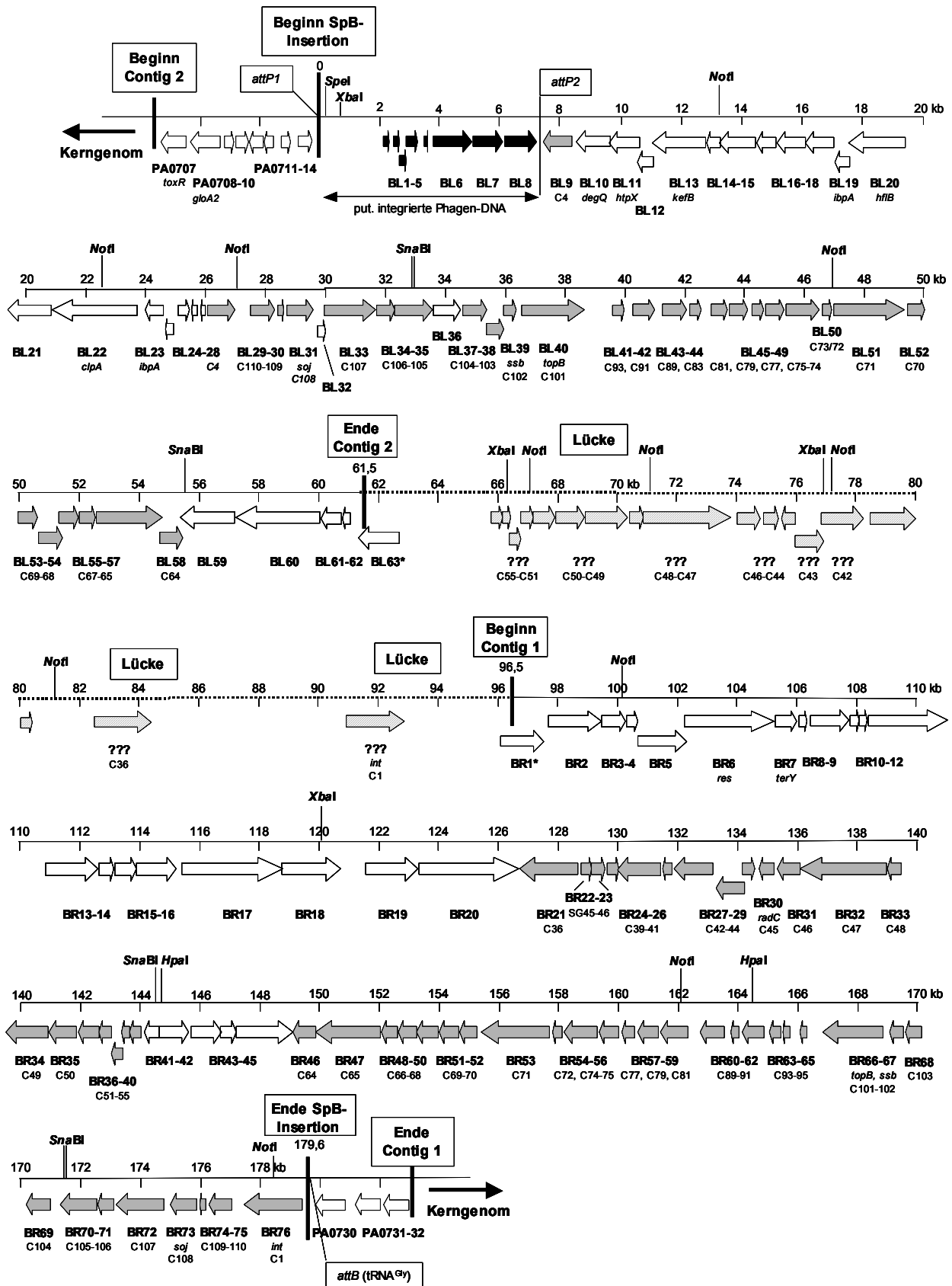


Abbildung 4.15: Übersicht über die SpB-Insertion in *P. aeruginosa* C (hypervariable Region 3).

Sowohl im SpB-Contig 1 als auch im Contig 2 liegen eine große Anzahl potentieller Gene mit Homologien zu PAGI-2(C) in fast komplett konservierter Reihenfolge. Dieses „Set“ konservierter Gene umfasst 49 ORFs im Contig 1. Im Contig 2 sind 30 Gene gegenüber PAGI-2(C) konserviert. In diesem Bereich scheint das „Set“ konservierter ORFs noch nicht vollständig, in der verbliebenen Sequenzlücke könnten weitere folgen.

Durch diese charakteristischen DNA-Abschnitte erscheint die SpB-Insertion insgesamt als eine Kombination zweier PAGI-2(C)-ähnlicher Geninseln und einem inserierten Phagen.

Um die verbliebene Lücke zwischen den Contigs zu schließen, könnte zunächst wieder mit einer Sonde, die das Ende des pKSCC1078-Inserts repräsentiert, die bestehende Genombibliothek durchsucht werden, um auf diese Weise den Contig 2 zu erweitern. Aufgrund der bisherigen Erfahrungen ist aber fraglich, ob geeignete Cosmide identifiziert werden könnten. Eine Lücke von 30 – 35 kb könnte zwar durch die Inserte von ein oder zwei Cosmiden überspannt werden, die Hybridisierungsergebnisse mit der Sonde 610end (siehe Kapitel 4.2.4) und vor allem mit der Sonde 186end (siehe Kapitel 4.2.1) deuten aber daraufhin, dass der mittlere Bereich der SpB-Insertion in der Genombibliothek in ihrem bisherigen Umfang unterrepräsentiert sein könnte. Mit der Sonde 186end konnten z. B. keine an die Sequenz von pKSCC186 anschließenden Cosmide detektiert werden.

Möglich wäre es, die Genombibliothek bzw. ihren geordneten Teil von 1536 Cosmiden zu erweitern. Von der Generierung der Bibliothek her stehen noch weitere Transformationsansätze mit Cosmid-tragenden *E. coli* Stämmen zur Verfügung (K. D. Larbig, Dissertation 2001). Aus diesen Ansätzen müssten die Bakterien vereinzelt werden („Ordnen der Cosmidbank“), um die Cosmide individuell untersuchen zu können.

Alternativ könnte versucht werden, den fehlenden Bereich der Insertion aus dem Restriktionsfragment SpB herauszuschneiden und partiell in geeignete Vektoren subzuklonieren, so dass dann ausreichende DNA-Mengen zur Analyse zur Verfügung stünden. Dazu müsste eventuell vorher die verbliebene Lücke feinkartiert werden, um die bestehende Restriktionskarte zu verbessern und eine genauere Abfolge von Schnittstellen für diesen Bereich festzulegen.

Eine dritte Möglichkeit wäre, per *long range* PCR (PCR-Systeme zur Generierung langer Produkte) Teilabschnitte der DNA in der Lücke zu amplifizieren, die zwischen den vermuteten konservierten Genen liegen und so die fehlende Sequenz stückweise zu ermitteln. Nach diesem Prinzip konnte bereits ein PCR-Produkt generiert werden, das die DNA vom Ende des Contigs 2 bis hin zu einem C55-homologen ORF in der Lücke repräsentiert (siehe Kapitel 4.2.6).

## 5 Epidemiologie konservierter Geninseln in *P. aeruginosa*

Nach PAGI-2(C) und PAGI-3C(SG) waren mit der pKLC102-Plasmid-DNA und der SpB-Insertion (siehe Kapitel 3 und 4) weitere scheinbar verwandte, partiell konservierte Geninseln identifiziert worden. Dies legte die Vermutung nahe, dass solche Geninseln nicht nur in den *P. aeruginosa* Stämmen C und SG17M, sondern auch in anderen Stämmen dieser Spezies auftreten konnten. In den Genomen dieser Stämme sollten dann ähnliche DNA-Abschnitte konserviert sein wie zwischen PAGI-2(C) und den anderen sequenzierten Inseln (siehe Kapitel 1.3; 3.3.2; 4.2.5), was als kennzeichnend für die Präsenz von Geninseln dieses Typs angesehen wurde.

Diese Hypothese der Präsenz in weiteren Stämmen wurde durch die Sequenzanalyse eines Gens aus *P. aeruginosa* TB (Tümmler et al., 1991) bestärkt, einem weiteren CF-Lungenisolat, das nicht zu den Klon C Stämmen gehört. Dieses Gen (analysiert von Dr. Lutz Wiehlmann) wies signifikante Ähnlichkeiten mit dem ORF C47 aus der PAGI-2(C) auf. C47 gehörte zu den ORFs mit Homologen in den anderen sequenzierten Inseln (ORF SG57 in PAGI-3(SG), BR32 in der SpB-Insertion, CP81 in pKLC102), und war darüber hinaus Bestandteil einer signifikanten Folge von neun ORFs (C47 – C55), die immer als unveränderter Block in den anderen Inseln konserviert waren. Daher konnte vermutet werden, dass auch im Genom von Stamm TB größere Abschnitte PAGI-2(C)-ähnlicher DNA und damit vermutlich (mindestens) eine ähnliche Geninsel enthalten sein sollte.

Um die generelle Verbreitung von PAGI-2(C)-ähnlichen Geninseln in der Spezies *Pseudomonas aeruginosa* zu charakterisieren, sollte eine Auswahl von 71 Stämmen analysiert werden. Diese Auswahl bestand aus ausgesuchten Stämmen mit nicht verwandten *SpeI*-Genotypen aus den über 3000 *P. aeruginosa* Isolaten einer vorhandenen Stammsammlung (Stammsammlung der Medizinischen Hochschule Hannover). Die Auswahl enthielt sowohl Umweltisolate als auch Klinik- und Patientenisolate aus verschiedenen Ländern und Regionen (siehe Tabelle 5.1) und repräsentierte die verschiedenen in Europa detektierten Klone/Subgruppen der Spezies. Die Stämme PAO, C und SG17M waren in dieser Auswahl vertreten; der Stamm TB selbst fehlte, wurde aber durch die fast identische klonale Variante 892 (Nr. 62) vertreten.

Die Identifizierung von partiell konservierten Geninseln in diesen Stämmen erfolgte durch Hybridisierungsexperimente, in denen das Vorkommen von DNA-Abschnitten mit Homologien zur Referenzinsel PAGI-2(C) detektiert werden sollte.

Auswahl von 71 *P. aeruginosa* Stämmen

Nr.	Stamm	Beschreibung und Angaben zur Herkunft
1	ATCC 10145	Neotyp, Typenstamm; Prag, Tschechische Republik (<1960)
2	ATCC 14886	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> (Schroeter) Migula, Bodenisolat
3	ATCC 15522	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> (Schroeter) Migula, Bodenisolat
4	ATCC 15691	Wundisolat; Melbourne, Australien (1952) ATCC15691 = PAT
5	ATCC 21472	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> (Schroeter) Migula, Bodenisolat von einem Ölfeld
6	ATCC 21176	Bodenisolat, Japan (1974)
7	ATCC 33348	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> (Schroeter) Migula, serotype 1
8	ATCC 33356	Internationaler Serotyp 9, Stuhlprobe; Heidelberg, Deutschland (1965)
9	ATCC 33364	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> (Schroeter) Migula, serotype 17
10	ATCC 33818	Isolat vom Pilz <i>Agaricus bisporus</i>
11	ATCC 33988	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> (Schroeter) Migula, Isolat aus einem Benzintank; Ponca City, Oklahoma, USA
12	63741	Wundisolat
13	A 5670	Wundisolat; Heidelberg, Deutschland (1992)
14	A 5803	Lufttröhrenisolat; Heidelberg, Deutschland (1992)
15	AL 5846	Wundisolat; Heidelberg, Deutschland (1992)
16	2733/92	CF-Patient, Sputum-Probe; Kopenhagen, Dänemark (1992)
17	2813 A/92	CF-Patient, Sputum-Probe; Kopenhagen, Dänemark (1992)
18	BST 1	CF-Patient, Rachenabstrich; Hannover, Deutschland (1985)
19	KB 1	CF-Patient, Rachenabstrich; Sarstedt, Deutschland (1985)
20	SS 1	CF-Patient, Rachenabstrich; Lüneburg, Deutschland (1985)
21	MF 6	CF-Patient, Rachenabstrich; Bremen, Deutschland (1987)
22	PD 1	CF-Patient, Rachenabstrich; Hannover, Deutschland (1985)
23	RN 4	CF-Patient, Rachenabstrich; Oldenburg, Deutschland (1986)
24	RP 1	CF-Patient, Rachenabstrich; Hannover, Deutschland (1985)
25	Va 24437	CF-Patient, Sputum-Probe; Halle, Deutschland (1992)
26	Va 26232	CF-Patient, Sputum-Probe; Halle, Deutschland (1992)
27	Va 27081	CF-Patient, Sputum-Probe; Halle, Deutschland (1992)
28	Va 27260	CF-Patient, Sputum-Probe; Halle, Deutschland (1992)
29	DM	CF-Patient, Sputum-Probe; Hamburg, Deutschland (1984)
30	ZW 30	CF-Patient, Rachenabstrich; Innsbruck, Österreich (1997)
31	ZW 31	CF-Patient, Rachenabstrich; Innsbruck, Österreich (1997)
32	ZW 41	CF-Patient, Rachenabstrich; Verona, Italien (1997)
33	ZW 43	CF-Patient, Rachenabstrich; Genua, Italien (1997)
34	ZW 49	CF-Patient, Rachenabstrich; Verona, Italien (1997)
35	ZW 54	CF-Patient, Rachenabstrich; Mailand, Italien (1997)
36	ZW 64	CF-Patient, Rachenabstrich; Lund, Schweden (1997)
37	ZW 77	CF-Patient, Rachenabstrich; London, Großbritannien (1997)
38	ZW 79	CF-Patient, Rachenabstrich; Galway, Irland (1997)
39	ZW 81	CF-Patient, Rachenabstrich; London, Großbritannien (1997)
40	ZW 83	CF-Patient, Rachenabstrich; London, Großbritannien (1997)
41	ZW 85	CF-Patient, Rachenabstrich; Aberdeen, Großbritannien (1997)
42	ZW 88	CF-Patient, Rachenabstrich; London, Großbritannien (1997)
43	ZW 92	CF-Patient, Rachenabstrich; Marseille, Frankreich (1997)
44	ZW 98	CF-Patient, Rachenabstrich; Den Haag, Niederlande (1997)
45	ZW 102	CF-Patient, Rachenabstrich; Leuven, Belgien (1997)
46	ZW 113	CF-Patient, Rachenabstrich; Rotterdam, Niederlande (1997)
47	ZW 117	CF-Patient, Rachenabstrich; Wien, Österreich (1997)
48	ZW 119	CF-Patient, Rachenabstrich; Posen, Polen (1997)
49	SG1 (= C)	CF-Patient, Rachenabstrich; Bückeberg, Deutschland (1986); (Klon C Typenstamm)
50	SG31	Flusswasser-Isolat; Mülheim, Deutschland (1993); SG31 = SG17M
51	PT 2	Wasser-Isolat, Mülheim, Deutschland (1992)

52	PT 6	Wasser-Isolat, Mühlheim, Deutschland (1992)
53	PT 12	Wasser-Isolat, Mühlheim, Deutschland (1992)
54	PT 20	Wasser-Isolat, Mühlheim, Deutschland (1992)
55	PT 22	Wasser-Isolat, Mühlheim, Deutschland (1992)
56	PT 36	Wasser-Isolat, Mühlheim, Deutschland (1992)
57	641 HD 11/ml	Wasser-Isolat, Mühlheim, Deutschland (1992)
58	Gr 2052	Klinikisolat; Athen, Griechenland (1995)
59	Gr 2057	Klinikisolat; Athen, Griechenland (1995)
60	Gr 2248	Klinikisolat; Athen, Griechenland (1995)
61	PAO	Referenzstamm DSM 1707
62	892	CF-Patient, Sputum-Probe; Hannover, Deutschland (1983)
63	PAK	Laborstamm; Japan (<1960)
64	HJ2	Sputum-Probe; Köln, Deutschland (1990)
65	G7	CF-Patient, Sputum-Probe; Stade, Deutschland (1986)
66	H2	Klinikisolat aus einem Katheter
67	K9	CF-Patient, Sputum-Probe; Husum, Deutschland (1985)
68	DSM 288	unbekannt
69	DSM 939	Wasser-Isolat
70	DSM 1128	Patientenisolat, Ohrinfektion; USA (1980)
71	DSM 1253	unbekannt

**Tabelle 5.1:** Auswahl von 71 *Pseudomonas aeruginosa* Stämmen.

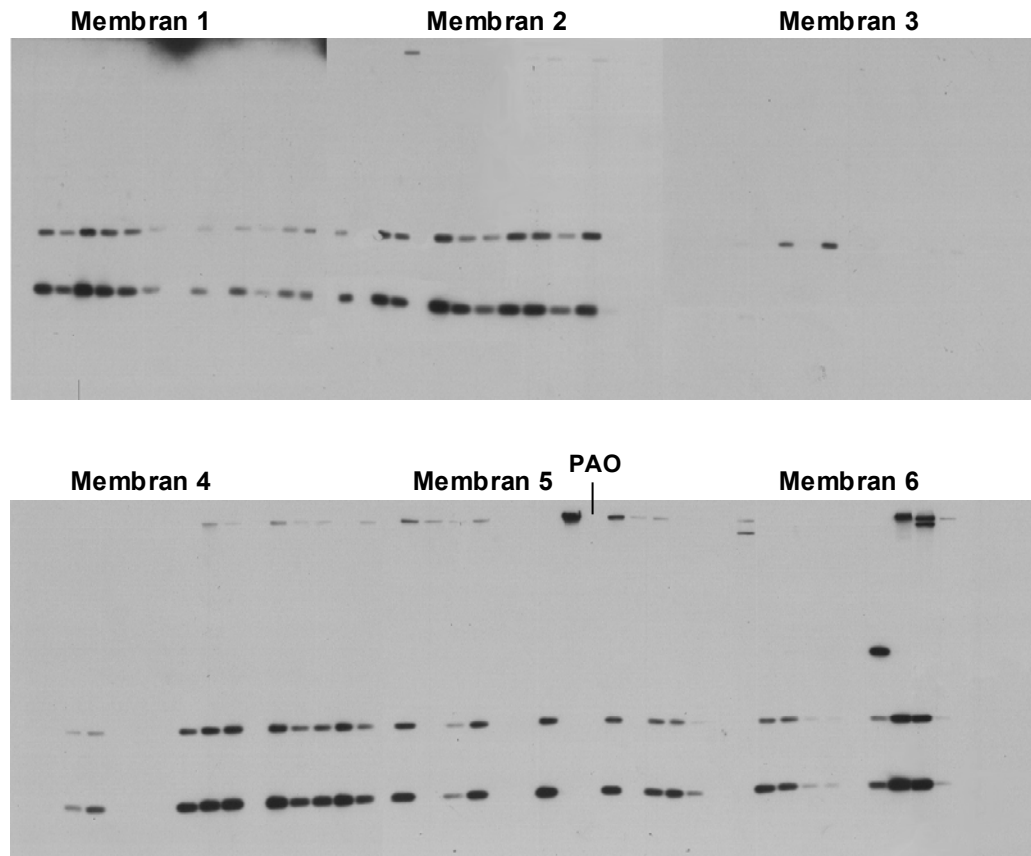
Alle Stämme wurden auf das Vorkommen von PAGI-2(C)-ähnlichen Geninseln hin analysiert. Angegeben sind die Bezeichnungen der einzelnen Stämme, die bei der Beschreibung der Analysen verwendeten Nummern innerhalb der Auswahl und - soweit bekannt - Angaben zu Art und Herkunft der Isolate.

## 5.1 Detektion eines „Geninsel-Indikators“ in *P. aeruginosa* Stämmen

Aufgrund der Vergleiche der sequenzierten Geninseln wurde angenommen, dass homologe DNA zu bestimmten Abschnitten aus PAGI-2(C) in allen partiell konservierten Inseln dieses Typs auftreten und diese somit kennzeichnen würden. Einer dieser Abschnitte beinhaltete die ORFs C47 – C55. Nach der Detektion eines Homologen zu ORF C47 aus PAGI-2(C) im Stamm TB (s. o.) wurde dieser ORF als eine Art „Indikator“ ausgewählt. Die 71 *P. aeruginosa* Stämme wurden daher zunächst auf C47-ähnliche DNA hin untersucht, um eine Präselektion vornehmen zu können und die Stämme auszuwählen, die detaillierter auf das Vorkommen von konservierten Geninseln hin untersucht werden sollten.

Für diese Analysen wurde jeweils 1,5 – 3,5 µg genomische DNA der 71 Stämme restriktionsverdaut und auf Nylonmembranen übertragen. Diese Membranen wurden mit C47-spezifischen Sonden hybridisiert.

Die Hybridisierungen erfolgten mit zwei verschiedenen Sonden - C47c und C47d. Beide wurden aus PCR-Produkten generiert. Das PCR-Produkt C47c (Primer C47cf und C47cr) repräsentierte einen 636 bp großen Abschnitt aus dem vorderen Bereich des ORFs, C47d (Primer C47df und C47dr) 522 bp aus dessen C-terminalem Bereich.



**Abbildung 5.1:** *XhoI*-Verdaue genomischer DNA von *P. aeruginosa* Stämmen, hybridisiert mit Sonde C47c. Dargestellt sind 6 Membranen mit Restriktionsverdauen der 71 Stämme aus der *P. aeruginosa* Auswahl. Markiert ist die Spur mit der DNA aus Stamm PAO, in der wie erwartet kein Hybridisierungssignal auftrat.

Zunächst erfolgten Hybridisierungen von Membranen mit *XhoI*-Verdauen der genomischen DNAs. Dabei konnten für mehr als 35 Stämme Hybridisierungssignale detektiert werden (siehe Abbildung 5.1). Trotz einiger falsch positiver Signale deutete dies auf C47-ähnliche DNA in vielen der analysierten *P. aeruginosa* Stämme hin. Der Referenzstamm PAO, dessen Genomsequenz keine PAGI-2(C)-ähnliche Geninsel aufweist, wurde als Negativkontrolle zur Überprüfung der Sonden herangezogen. Den Erwartungen entsprechend konnten für diesen Stamm auch keine Hybridisierungssignale detektiert werden.

Für genauere Untersuchungen wurden weitere Membranen für die Hybridisierungen hergestellt, darauf fixiert wurden *BclI*- und *NcoI*-Verdaue der genomischen DNAs. Zusätzlich wurden auch Verdaue von drei Cosmiden mit auf die Membranen transferiert. Diese Cosmide stammten aus den genomweiten Bibliotheken für die Stämme C und SG17M (K. D. Larbig, Dissertation, 2001; siehe auch Kapitel 2.1.5), auf den Inserts waren der ORF C47 bzw. dessen Homologe in der Insel PAGI-3(SG) und der SpB-Insertion lokalisiert:

Cosmid pKSCC1064 → ORF C47

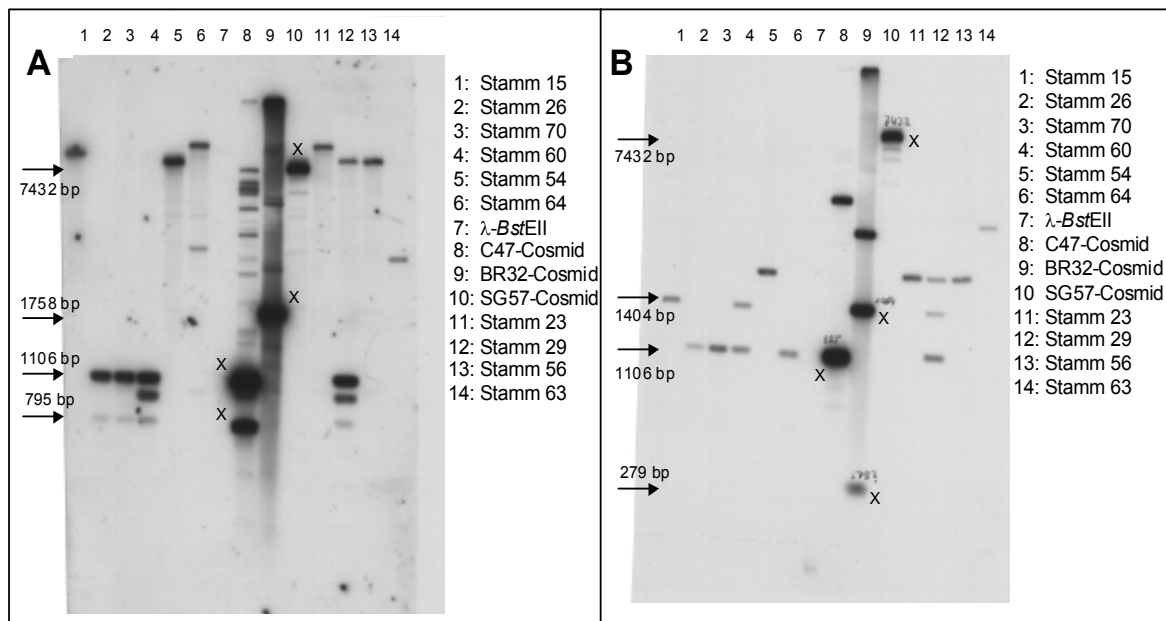
Cosmid pKSCC1005 → ORF BR32

Cosmid pKSCS427 → ORF SG57

(kein Cosmid für ORF CP81, da die Sequenz des Plasmides pKLC102 zu dem Zeitpunkt noch nicht vorlag)

Anhand der bekannten Sequenzen der Cosmide wurden deren erwartete Restriktionsmuster errechnet und bestimmt, auf welchen Fragmenten die C47-Sonden binden sollten. Die entsprechenden Signale wurden nach den Hybridisierungen markiert und mit den Signalmustern der 71 *P. aeruginosa* Stämme verglichen. Auf diese Weise konnte zugeordnet werden, in welchen Stämmen die durch die Sonden detektierte homologe DNA bzw. ihre Umgebung Ähnlichkeiten zu der aus den Cosmiden aufwies (siehe Abbildung 5.2). Gleiche Signalmuster wiesen auf hochkonservierte Restriktionsmuster hin, wodurch zugeordnet werden konnte, ob die konservierte DNA größere Homologien zur C47-Umgebung, zur SG57-Umgebung oder zu der von ORF BR32 aufwies, oder ob sie einen eigenständigen Typ darstellte. Hieraus ergaben sich erste Hinweise, ob die bereits bekannten Geninseln in weiteren Stämmen komplett oder zumindest mit so hoher Sequenzidentität konserviert sind, dass sie innerhalb der „Familie“ der PAGI-2(C)-ähnlichen Geninseln verschiedenen Untergruppen zugeordnet werden können. Allerdings war so nur eine recht grobe und fehlerbehaftete Einteilung möglich, da ein bestimmter Grad der Konservierung von DNA-Abschnitten nicht automatisch die Konservierung einzelner Restriktionsschnittstellen in gleichem Maße bedeuten muss und sich trotz sehr großer Ähnlichkeit unterschiedliche Restriktionsmuster ergeben können.

Die Ergebnisse der Hybridisierungen von *BclI*- bzw. *NcoI*-verdauter DNA mit den Sonden C47c und C47d ergaben, dass C47-ähnliche DNA in 31 der 71 Stämme aus der *P. aeruginosa* Auswahl detektiert worden war (siehe Tabelle 5.2). Für diese Stämme wurde die Vorhersage getroffen, dass in deren Genomen PAGI-2(C)-ähnliche Geninseln integriert waren, was ein Vorkommen solcher (partiell) konservierter Geninseln in über 40 % der analysierten Stämme bedeuten würde. Dabei war das Auftreten von C47-homologer DNA weder auf Stämme aus ähnlichen Habitaten noch auf Isolate bestimmter regionaler Herkunft beschränkt (vergleiche Tabelle 5.1).



**Abbildung 5.2:** Membranen mit *NcoI*-verdauter genomischer DNA, hybridisiert mit C47-Sonden. Auf beiden Membranen war genomische DNA verschiedener *P. aeruginosa* Stämme und Cosmid-DNA mit ORF C47 bzw. C47-Homologen nach Verdau mit *NcoI*-fixiert. *BstEII*-verdauete  $\lambda$ -DNA diente als Größenstandard. Membran A war mit der Sonde C47c hybridisiert worden, Membran B mit C47d. Die mit „X“ markierten Banden in den Cosmid-Spuren repräsentieren Restriktionsfragmente mit C47-DNA bzw. mit DNA von homologen ORFs (errechnet anhand der Cosmid-Sequenzen). Die Größe dieser Banden ist jeweils auf der linken Seite angegeben. Die Spuren mit Cosmid-DNA wiesen vor allem in Membran A deutliche Partialverdaubanden auf, an die die Sonden ebenfalls gebunden hatten.

Anhand der Signalmuster in den verschiedenen Experimenten wurde für die 31 positiven Stämme die Anzahl der detektierten C47-Homologen und damit der vermeintlichen Geninseln im Genom bestimmt. Für 12 Stämme wurde eine Insel vorhergesagt, für weitere 11 Stämme zwei Inseln und für die übrigen 8 Stämme drei Inseln oder mehr. Die Hybridisierungssignale ließen sich dabei anhand ihrer Position auf den Membranen in mehrere Typen einteilen: Für viele Stämme wurden Signale detektiert, deren Muster dem des ORFs C47 entsprach („C-Typ“), andere Signale ähnelten dem des ORFs BR32 („B-Typ“) oder (in wenigen Fällen) dem des ORFs SG57 („SG-Typ“). Von den anderen Signalen konnten einige identische oder ähnliche einer vierten Kategorie zugewiesen werden („Typ 3“, da u. a. in Stamm 3 identifiziert), die übrigen wurden nicht eingeordnet. Die jeweiligen Ergebnisse dieser Auswertung für die 31 *P. aeruginosa* Stämme sind in der Tabelle 5.2 zusammengefasst.



Stamm	Bezeichnung	Anzahl C47-Homologe	Signaltypen
3	ATCC 15522	1	Typ 3
7	ATCC 33348	1	Typ C
9	ATCC33364	1	Typ C
14	A 5803	2	Typ C, 2. Signal nicht einzuordnen
15	AL5846	1	Typ B
16	2733/92	2	Typ C, 2. Signal nicht einzuordnen
21	MF 6	1	Typ C
22	PD 1	1	Typ C
23	RN 4	1	Typ 3
24	RP 1	2	Typ C, 2. Signal evtl. Typ SG
25	Va 24437	3	Typ C, 2 x Typ 3
26	Va 26232	1	Typ C
29	DM	3	Typ C, Typ 3, 3. Signal evtl. Typ B
33	ZW 43	3	Typ C, Typ 3, 3. Signal evtl. Type SG
35	ZW 54	3	Typ C, 2 x Typ 3
45	ZW 102	3	Typ C, 2 x Typ 3
46	ZW 113	2	Typ C, Typ 3
48	ZW 119	2	Typ C, Typ 3
49	SG1 (C)	4 ? (evtl. mehr)	Typ C, Typ B, Type SG, 4. Signal nicht einzuordnen
50	SG31 (SG17M)	3 (evtl. mehr)	Typ C, 2x Typ SG
52	PT 6	3	Typ C, Typ SG, 3. Signal nicht einzuordnen
53	PT 12	2	Typ C, 2. Signal nicht einzuordnen
54	PT 20	1	Typ 3
55	PT 22	2	Typ C, 2. Signal nicht zuzuordnen
56	PT 36	1	Typ 3
60	Gr 2248	2	Typ C, Typ B
62	892	2	Typ C, 2. Signal evtl Typ 3
63	PAK	1	Signal nicht einzuordnen
64	HJ2	2	Typ C, 2. Signal nicht einzuordnen
67	K9	2	Typ C, 2. Signal nicht einzuordnen
70	DSM1128	1	Typ C

**Tabelle 5.2:** Auswertung der Hybridisierungen verdauter genomischer DNA mit den Sonden C47c und C47d. Angegeben ist die Anzahl detektierter C47-Homologer in den einzelnen Stämmen und die Zuordnung der Signalmuster zu verschiedenen Typen.

Auffallend war, dass die im Cosmid pKSCC1064 detektierten Signale, die zum ORF C47 selbst gehören, in den Mustern der meisten Stämme ebenfalls auftraten (Signaltyp C).

Bei komplizierteren Hybridisierungsmustern gestaltete sich die Zuordnung der verschiedenen Signaltypen schwieriger, vor allem für die Stämme 49 und 50 (Stämme C und SG17M) war zudem auch die Anzahl der detektierten C47-homologen Abschnitte nicht eindeutig zu bestimmen. Anhand der Signalmuster könnte bei beiden Stämmen auch noch ein weiterer konservierter Bereich vorliegen.

Generell könnte bei der Suche nach konservierten Bereichen mit Hilfe von Hybridisierungen auch methodenbedingt homologe DNA übersehen werden. Mit den Sonden konnten nur DNA-Abschnitte detektiert werden, deren Sequenzidentität hoch genug war, um eine DNA-DNA-Bindung zwischen Sonde und genomischer DNA bei den gewählten Reaktionsbedingungen zu ermöglichen. An DNA mit zu geringer Sequenzidentität konnten die Sonden nicht binden, so dass konservierte Abschnitte mit schwächerer Homologie eventuell nicht detektiert worden waren.

Die Bindung von Sonden auf homologer DNA ist dabei nicht allein von der Sequenzidentität im gesamten ähnlichen Abschnitt abhängig, sondern auch von der Verteilung der identischen Nukleotide innerhalb der Sequenz, da zur Initiierung einer DNA-DNA-Bindung 10 – 20 bp Bereiche mit übereinstimmender Sequenz ohne Basenfehlpaarungen nötig sind.

Einen Eindruck über die Abhängigkeit der Signalintensitäten vom Grad der Konservierung der homologen DNA lieferte eine Betrachtung der Signale auf den verdauten Cosmid-DNAs mit den verwendeten C47c- und C47d-Sonden. Dabei wurde die abgeschätzte Intensität der Signale mit den Sequenzidentitäten der Sonden-DNA zu den C47-homologen ORFs verglichen:

Cosmid	C47-homologer ORF	Sequenzidentität mit Sonde C47c (636 bp)	rel. Intensität des C47c-Signals	Sequenzidentität mit Sonde C47d (522 bp)	rel. Intensität des C47d-Signals
pKSCC1064	C47	100%	1	100%	1
pKSCC1005	BR32	86%	0,2	89%	0,5
pKSCS427	SG57	73%	0,02	80%	0,4

**Tabelle 5.3:** Relative Intensitäten der Signale auf den C47-homologen ORFs nach Hybridisierungen mit C47c und C47d im Verhältnis zur Intensität der Signale auf ORF C47 selbst (Sequenzidentität 100 %).

Schon anhand dieser abgeschätzten Werte ließ sich ersehen, dass die Signalintensitäten mit fallender Sequenzidentität deutlich geringer wurden. DNA-Abschnitte mit Sequenzidentitäten deutlich unter 70 % wären unter diesen Reaktionsbedingungen kaum noch mit den Sonden detektiert worden.

## 5.2 Generierung eines PAGI-2(C) repräsentierenden Makroarrays

Um nicht nur die Konservierung des ORFs C47, sondern homologe DNA zu allen Bereichen der Geninsel PAGI-2(C) in anderen Stämmen nachweisen zu können, wurde für Hybridisierungsexperimente ein „Makroarray“ generiert, der die meisten ORFs der Geninsel

repräsentierte. Dieser Makroarray umfasste 96 PCR-Produkte, die mit Hilfe einer *Dot-Blot*-Apparatur (siehe Kapitel 2.4.1) auf Nylonmembranen übertragen und dort fixiert wurden. Diese Membranen wurden mit DIG-markierter genomischer DNA der zu analysierenden *P. aeruginosa* Stämme hybridisiert.

Von den 96 möglichen Positionen auf dem Makroarray waren fünf für Positiv- und Negativkontrollen reserviert worden. Auf die restlichen Positionen wurden 91 PCR-Produkte verteilt, deren Amplifikate definierten Abschnitten einzelner potentiellen Gene aus PAGI-2(C) entsprachen. Für kleine ORFs wurden vereinzelt auch PCR-Produkte generiert, die zwei benachbarte ORFs abdeckten. Dementsprechend repräsentierten einige Punkte des Arrays zwei ORFs (C54/C55; C76/C77; C82/C83). Für den ORF C47 wurden beide PCR-Produkte aufgetragen, die in den vorherigen Untersuchungen als Sonden eingesetzt wurden (C47c, C47d, siehe Kapitel 5.1). 20 ORFs aus der Geninsel waren nicht auf dem Makroarray repräsentiert, da nicht genügend Positionen zur Verfügung standen. Weggelassen wurde dabei möglichst solche ORFs, die laut Annotation zu putativen Operons oder laut Sequenzvergleichen mit anderen Inseln immer zu größeren konservierten Blöcken gehörten. Auf die Konservierung dieser ORFs konnte dann aus den Ergebnissen für die benachbarten potentiellen Gene geschlossen werden.

Durch die aufgetragenen 91 PCR-Produkte waren 93 verschiedene ORFs auf dem Makroarray repräsentiert. Die PCR-Produkte wurden mit ORF-spezifischen *Primern* generiert:

PCR-Produkt C1: *Primer* C1for und C1rev; PCR-Produkt C2: *Primer* C2for und C2rev; usw.

Ausnahmen:	PCR-Produkt C54/C55:	<i>Primer</i> C55for/C54rev
	PCR-Produkt C76/C77:	<i>Primer</i> C77for/C76rev
	PCR-Produkt C82/C83:	<i>Primer</i> C83for/C82rev
	PCR-Produkt C47c:	<i>Primer</i> C47cf/C47cr
	PCR-Produkt C47d:	<i>Primer</i> C47df/C47dr

Welche Positionen des Arrays mit PCR-Produkten welcher ORFs belegt wurden, ist zusammen mit der variierenden Länge der einzelnen PCR-Produkte in Abbildung 5.3 (Teil A und B) dargestellt. In den fünf Kontrollpositionen (Positivkontrollen P1, P2a, P2b; Negativkontrollen N1, N2) sind folgende PCR-Produkte aufgetragen:

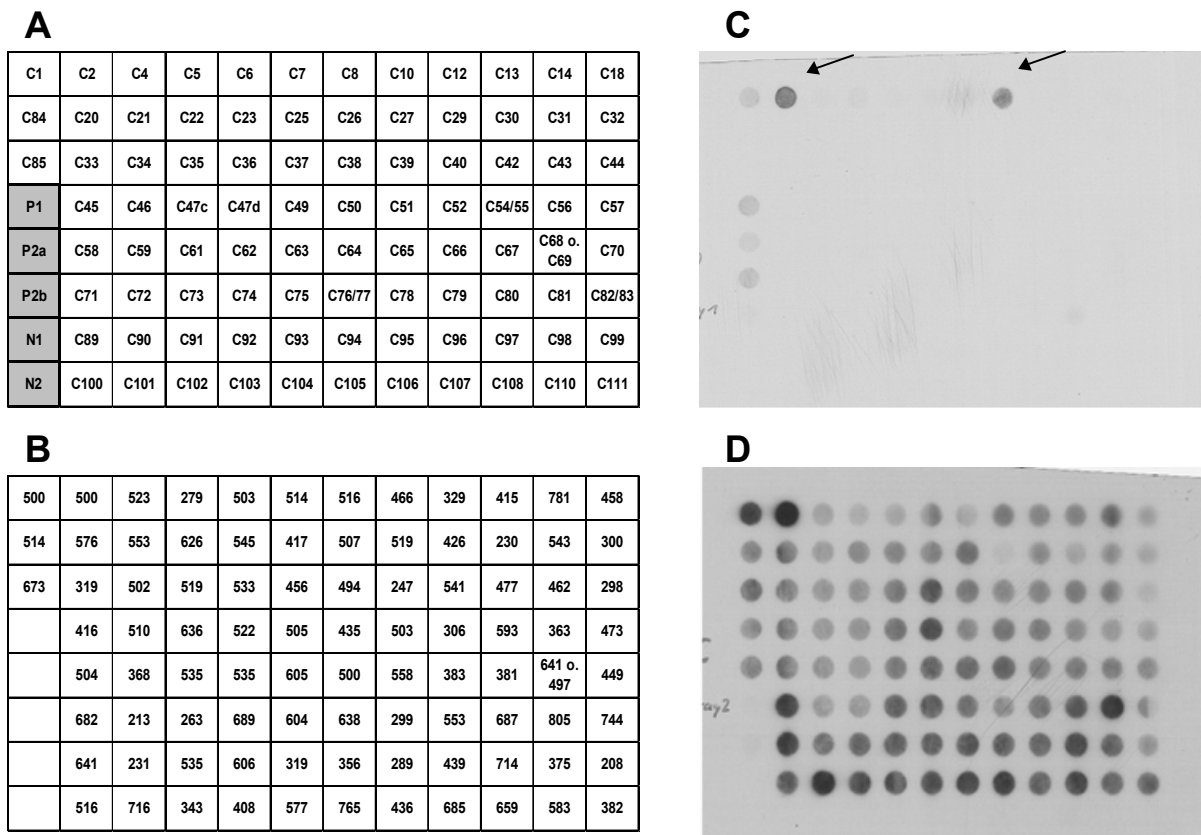
P1: „cit2/3“; 650 bp aus Gen *gltA* (Citrat-Synthase), amplifiziert auf genomischer DNA von *P. aeruginosa* C (*Primer* cit2 und cit3).

P2a: „fliCa“; 530 bp aus Gen *fliCa* (Flagellin-Filament-Protein Typ a), amplifiziert auf DNA von *P. aeruginosa* C (Primer fla3a und fla4a)

P2b: „fliCb“; 800 bp aus Gen *fliCc* (Flagellin-Filament-Protein Typ b), amplifiziert auf DNA von *P. aeruginosa* TB (Primer fla3b und fla4b)

N1: „PP5“; 1289 bp aus dem Genom von *P. putida* KT2440, aus intergenischer Region zwischen ORFs PP5238 und PP5239 (Genom-Position 5974091 – 5975379)

N2: hobi“; 300 bp Abschnitt des humanen Gens *hob* (*human obese gene*), generiert mit Primern hob1 und hob2 auf humaner DNA (Präparation erhalten von Dr. Frauke Stanke)



**Abbildung 5.3:** Schema des PAGI-2(C)-Makroarrays und erste Kontrollhybridisierungen.

A: Belegung des Makroarrays mit ORF-repräsentierenden PCR-Produkten. Die Positionen der Positiv- und Negativkontrollen sind grau markiert. B: Länge der in den einzelnen Positionen aufgetragenen PCR-Produkte. C: Hybridisierung mit genomischer DNA von *P. aeruginosa* PAO (Negativkontrolle). Pfeile markieren falsch positive Signale, die in allen Experimenten mit Arrays der ersten Generation auftraten. D: Hybridisierung mit *P. aeruginosa* C (Positivkontrolle). Signale (z. T. nur sehr schwache) in allen 91 Positionen mit PAGI-2(C)-DNA.

Bei paralleler Herstellung mehrerer Makroarrays aus den gleichen PCR-Produkten wurde gleiche Aliquots auf die Membranen aufgetragen. Dadurch waren zwar die DNA-Mengen in den einzelnen Positionen eines Arrays verschieden, für gleiche Positionen in verschiedenen Arrays aber konstant.

Bei der Herstellung weiterer Makroarrays wurden dann neue PCR-Ansätze verwendet. Diese Makroarrays der „2. Generation“ unterschieden sich von den älteren:

Ausbeuten und Qualität der PCR-Produkte konnten nicht als konstant angesehen werden, was bei gleicher Hybridisierung zu veränderten Verhältnissen der relativen Signalintensitäten innerhalb der 91 Werte eines Makroarrays führt. Makroarrays aus der ersten und zweiten Generation wurden daher parallel mit gleichen genomischen DNA-Proben hybridisiert, um aus den relativen Signalintensitäten Umrechnungsfaktoren für den Vergleich von Hybridisierungen von älteren und neueren Makroarrays zu bestimmen.

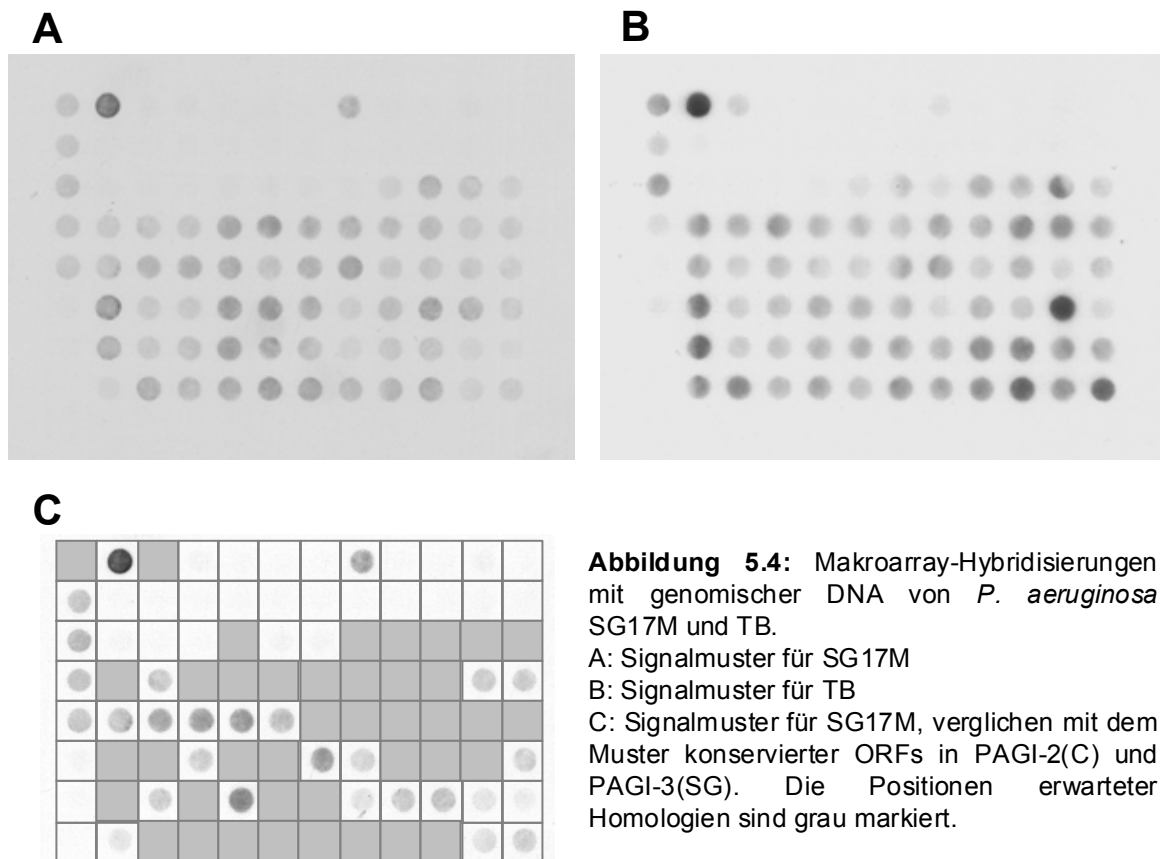
An den Positionen der Punkte C2 und C10 traten bei allen Experimenten mit älteren Arrays intensive Signale auf (siehe Abbildung 5.3), nicht jedoch mit neueren Arrays. Daher wurde davon angenommen, dass in Position C2 und C10 auf den älteren Membranen falsch positive Signale detektiert wurden, vielleicht hervorgerufen durch Kontamination der aufgetragenen PCR-Produkte.

Während der Generierung der neueren Makroarrays gelang keine Amplifikation des PCR-Produkts C69 mehr. Anstelle dessen wurde an dieser Position das PCR-Produkt C68 aufgetragen, das den benachbarten ORF repräsentierte. Hybridisierungssignale in dieser Position durften also bei Experimente mit neuen und alten Arrays nicht miteinander verglichen werden.

Als Positivkontrolle wurde ein Makroarray mit genomischer DNA von *P. aeruginosa* C hybridisiert. Wie erwartet, wurden Signale in allen 91 PAGI-2(C)-Positionen und den Positivkontrollen des Arrays detektiert (siehe Abbildung 5.3., Teil D). Als Negativkontrolle erfolgte die Hybridisierung mit Stamm PAO, der laut Genomsequenz keine PAGI-2(C)-ähnliche Geninsel enthielt. Durch diese Hybridisierung wurde überprüft, ob andere Abschnitte der genomischen DNA auf den Makroarrays binden konnten und falsch positive Signale verursachten. Außer auf den Positivkontrollen und in den Positionen C2 und C10 (bei verwendetem älteren Makroarray immer falsch positiv, s. o.) wurden aber nur ein Signal in Position C1 und zwei sehr schwache in den Positionen C5 und C97 detektiert (siehe Abbildung 5.3, Teil C). Auf der DNA, die das Integrase-Gen C1 von PAGI-2(C) besitzt, waren demnach falsch positive Signale möglich, verursacht möglicherweise durch andere ähnliche Integrase-Gene im PAO-Genom. Für C5 und C97, das laut Annotation Homologie zum PAO-ORF PA3690 aufwies, schienen schwächere falsch positive Signale möglich zu sein, die sich nur leicht vom Hintergrund abhoben.

### 5.3 Hybridisierungen der Makroarrays mit *P. aeruginosa*-DNA

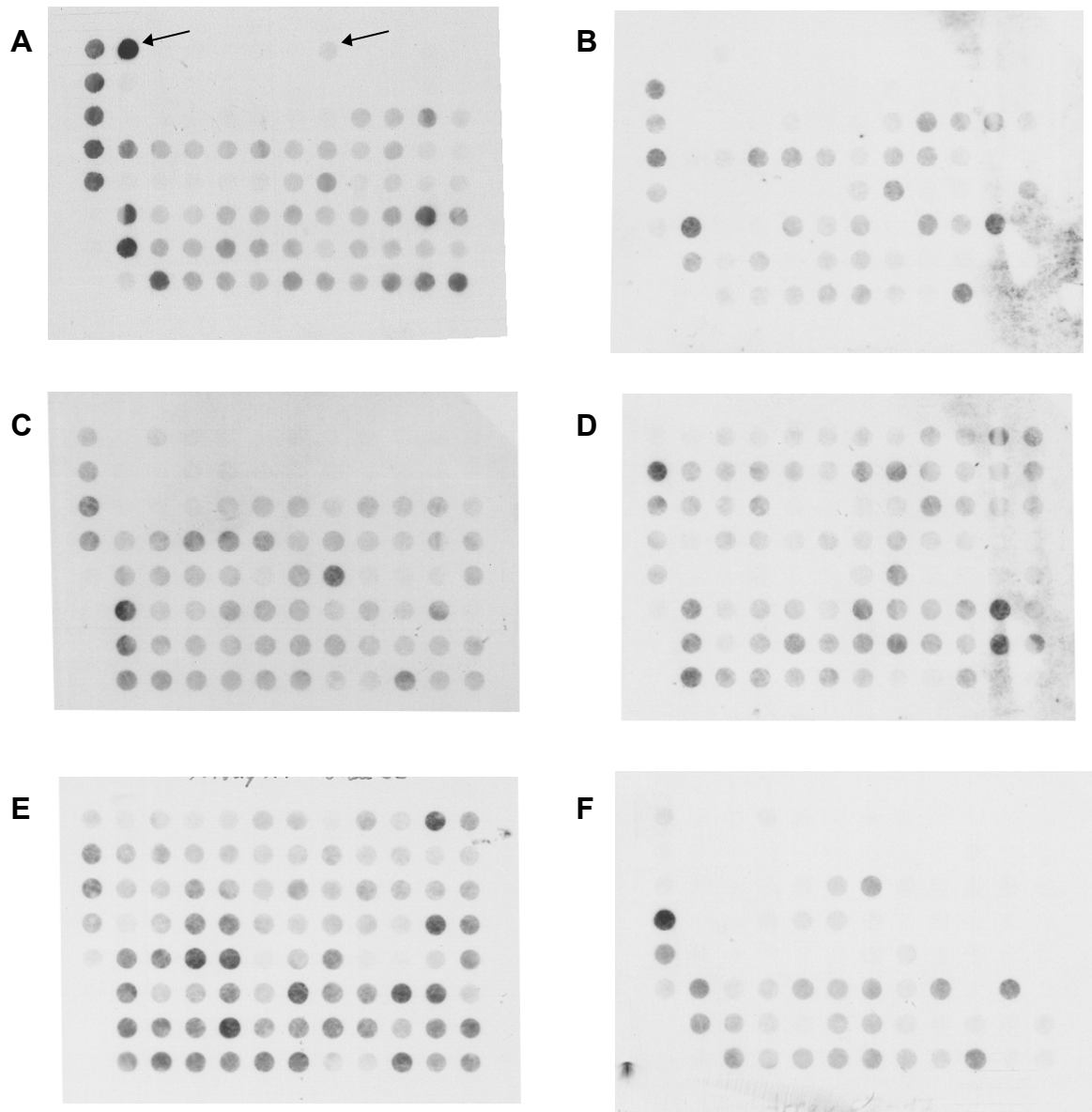
Weitere Hybridisierungen der Makroarrays wurden zunächst mit DIG-markierter genomischer DNA von *P. aeruginosa* SG17M und TB durchgeführt. Für SG17M wurde ein Hybridisierungsmuster erwartet, dass sich die partielle Konservierung der PAGI-2(C)-DNA in der Geninsel PAGI-3(SG) und im Plasmid pKLC102, das in diesem Stamm ebenfalls vorkommt, widerspiegelt. Es sollte sich also ein Muster mit einem Gemisch aus Signalen und signalfreien Bereichen auf dem Makroarray ergeben. Die signalfreien Bereiche sollten vor allem im oberen Teil der Membran, in dem die vermeintlichen spezifischen ORFs von PAGI-2(C) repräsentiert waren, zu finden sein. Das tatsächlich detektierte Signalmuster zeigte in etwa dieses erwartete Bild (siehe Abbildung 5.4, Teil A). Allerdings waren im unteren Bereich Signale in allen Positionen zu finden, auch in denen mit DNA, die nicht in PAGI-3(SG) konserviert sein sollte (siehe Abbildung 5.4, Teil C). Signale in Positionen für signifikante ORFs, z. B. C56 – C63, C96 – C100 oder C110 und C111, konnten auch nicht aus Homologien zur pKLC102-DNA resultieren (vgl. Kapitel 3.3.2). Daher scheint in SG17M eine dritte partiell konservierte Geninsel vorzuliegen, in der noch größere Abschnitte Homologien zu PAGI-2(C) aufweisen als in den bereits bekannten Geninseln dieses Stammes. Für den Stamm TB ergab sich nach der Hybridisierung ein ähnliches Signalmuster wie für SG17M (siehe Abbildung 5.4, Teil B). Im Genom von TB schien demnach ebenfalls mindestens eine PAGI-2(C)-ähnliche Geninsel integriert zu sein, wie nach der Identifizierung C47-homologer DNA vorausgesagt worden war (siehe Kapitel 5.1). Zumindest für diesen Stamm hatte sich damit bestätigt, dass die Konservierung von ORF C47 als Indikator für die Präsenz von PAGI-2(C)-ähnlichen Geninseln geeignet war.



#### 5:4 Makroarray-Analyse von Stämmen aus der *P. aeruginosa* Auswahl

Mit Hilfe der Makroarrays wurden die 31 Stämme der *P. aeruginosa* Auswahl untersucht, in deren Genom durch Hybridisierungsexperimente Homologe zum Indikator-ORF C47 nachgewiesen worden waren (siehe Kapitel 5.1). Dabei wurden für alle 31 Stämme Signalmuster detektiert, die auf größere PAGI-2(C)-ähnliche Abschnitte und damit auf vergleichbare (partiell) konservierte Geninseln im jeweiligen Genom hinwiesen. Beispiele der Hybridisierungsergebnisse sind in Abbildung 5.5 dargestellt.

Viele Signalmuster ähnelten denen, die für die Stämme SG17M oder TB detektiert worden waren und wiesen außer in den Positionen C1 und C4 (und eventuell den falsch positiven Signalen in C2 und C10) keine Signale im oberen Bereich des Makroarrays auf. Im unteren Bereich variierten die Muster:



**Abbildung 5.5:** Makroarrays hybridisiert mit genomischer DNA von *P. aeruginosa* - Stämmen (Beispiele).

Dargestellt sind die Signalmuster für sechs Stämme aus der *P. aeruginosa* Auswahl.

A: Stamm 3 B: Stamm 15 C: Stamm 33 D: Stamm 54 E: Stamm 55 F: Stamm 63

Die Pfeile in A markieren die Positionen C2 und C10, in denen falsch positive Signale auf den älteren Membranen auftraten.

Für viele Stämme wurden Signale in allen Positionen detektiert, bei anderen fehlten Signale auf einzelnen oder mehreren benachbarten DNA-Punkten der Membran, auch die relativen Signalintensitäten in den einzelnen Punkten variierten von Stamm zu Stamm.

Eine detaillierte Übersicht der Hybridisierungsergebnisse bzw., daraus abgeleitet, der Konservierung von PAGI-2(C)-ORFs in den 31 Stämmen ist in Tabelle 5.4 dargestellt.



ORF in PAGI-2(C)	Stämme der <i>P. aeruginosa</i> Auswahl																																
	3	7	9	14	15	16	21	22	23	24	25	26	29	33	35	45	46	48	49	50	52	53	54	55	56	60	62	63	64	67	70		
C1	x	x	x	x		x	x	x	x	x	?	x	x	x	x	x	x	x	x	x	?	x	?	x	x	?	x	x	x	x	x	x	
C2																																	x
C4						x				x	?		?	x	?	x	?	?					x	x	x				x	?			x
C5																								x	x	x							x
C6																								x	x	x							x
C7																								x	x	x							x
C8																								x	x	x							x
C10																								x	x	x							x
C12																								x	x	x							x
C13																								x	x	x							x
C14																								x	x	x							x
C18																								x	x	x							x
C20																								x	x	x							x
C21																								x	x	x							x
C22																								x	x	x							x
C23																								x	x	x							x
C25																								x	x	x							x
C26																								x	x	x							x
C27																								x	x	x							x
C29																								x	x	x							x
C30																								x	x	x							x
C31																								x	x	x							x
C32																								x	x	x							x
C33																								x	x	x							x
C34																								x	x	x							x
C35																								x	x	x							x
C36																								x	x	x							x
C37																								x	x	x							x
C38																								x	x	x							x
C39																								x	x	x							x
C40																								x	x	x							x
C42																								x	x	x							x
C43																								x	x	x							x
C44																								x	x	x							x
C45																								x	x	x							x
C46																								x	x	x							x
C47																								x	x	x							x
C49																								x	x	x							x
C50																								x	x	x							x
C51																								x	x	x							x
C52																								x	x	x							x
C54																								x	x	x							x
C55																								x	x	x							x
C56																								x	x	x							x
C57																								x	x	x							x
C58																								x	x	x							x
C59																								x	x	x							x
C61																								x	x	x							x
C62																								x	x	x							x
C63																								x	x	x							x
C64																								x	x	x							x
C65																								x	x	x							x
C66																								x	x	x							x
C67																								x	x	x							x
C70																								x	x	x							x
C71																								x	x	x							x
C72																								x	x	x							x
C73																								x	x	x							x
C74																								x	x	x							x
C75																								x	x	x							x
C76																								x	x	x							x
C77																								x	x	x							x
C78																								x	x	x							x
C79																								x	x	x							x
C80																								x	x	x							x
C81																								x	x	x							x
C82																								x	x	x							x
C83																								x	x	x							x
C84																								x	x	x							x
C85																								x	x	x							x
C89																								x	x	x							x
C90																								x	x	x							x
C91																								x	x	x							x
C92																								x	x	x							x
C93																								x	x	x							x
C94																								x	x	x							x
C95																								x	x	x							x
C96																								x	x	x							x
C97																								x	x	x							x
C98																								x	x	x							x
C99																								x	x	x							

**zu Tabelle 5.4 (vorige Seite):**

x: ORF in diesem Stamm konserviert      ?: Konservierung fraglich, kein eindeutiges Hybridisierungssignal.

Wenn zwei ORFs in einem DNA-Punkt des Arrays repräsentiert waren (C54 und C55, C76 und C77, C82 und C83), wurden Hybridisierungssignale nicht weiter differenziert und beide ORFs als konserviert bewertet. Die jeweils nur auf einigen Makroarrays repräsentierten C68 und C69 sind in der Tabelle nicht dargestellt, da kein Konservierungsvergleich für alle Stämme möglich war.

Die Stämme 53, 55 und 70 wiesen ebenso wie die Positivkontrolle Stamm 49 (= Stamm C) Signale in allen 91 Positionen des Makroarrays auf. In diesen Stämmen lag demnach eine Kopie der kompletten PAGI-2(C)-Geninsel mitsamt des großen vermeintlichen spezifischen Bereichs vor. Dieser spezifische Bereich war auch in Stamm 54 konserviert, die komplette Geninsel schien in dessen Genom aber nicht integriert zu sein, da für einige Bereiche keine homologe DNA detektiert werden konnte. In Stamm 54 schien demnach eine Sonderform der Insel PAGI-2(C) vorzuliegen.

Die wenigsten Signale wurden für Stamm 63 detektiert. In diesem Stamm fehlten scheinbar mehrere ORFs, die in allen anderen Stämmen konserviert waren (C50 – C55, C70, C89), zudem waren in vielen Positionen des Makroarrays nur sehr schwache Signale aufgetreten, was auf einen geringeren Konservierungsgrad einiger homologer ORFs hindeutete. Im Genom von Stamm 63 schien demnach eine PAGI-2(C)-ähnliche Insel enthalten sein, die entweder weniger konservierte Abschnitte als anderer Beispiele aufwies, oder in der konservierte Abschnitte vorlagen, die aufgrund von zu geringerer Ähnlichkeit der DNA-Sequenzen mit dem angewandten Hybridisierungsverfahren nur teilweise detektiert werden konnten.

Durch Vergleich der Konservierungsmuster der verschiedenen Stämme konnten auch einzelne ORFs und größere Abschnitte von PAGI-2(C) bestimmt werden, die in allen analysierten Stämmen konserviert zu sein schienen, so z. B. die ORFs C40, C42 – C55 (Ausnahme: Stamm 63), C71, C74/C75, C81, C91, C94 oder C101 – C108 (Ausnahme: Stamm 60). Homologe zu diesen ORFs waren auch in der sequenzierten Geninsel PAGI-3(SG) und in der SpB-Insertion identifiziert worden (siehe Kapitel 1.3; 4.2.1).

Für andere Bereiche variierte das Vorkommen homologer DNA von Stamm zu Stamm. Zu diesen Abschnitten gehörten z. B. die ORFs C56 – C63, C82/C83, C92 und C110/C111. Entsprechende Homologe zu C56 – C63 oder C92 fehlten auch in PAGI-3(SG) und der SpB-Insertion. Auch Signale für C4 und C36 – C39 fehlten für einige Stämme, für andere waren nur schwache oder sogar fragliche Signale aufgetreten. Homologe zu diesen ORFs schienen daher häufig variabelere Sequenzen mit geringeren Ähnlichkeiten aufzuweisen.

Eine Besonderheit zeigte noch das Signalmuster für Stamm 15, da kein Signal in der Position des Integrase-Gens C1 detektiert werden konnte. Dies deutete daraufhin, dass in der Geninsel von Stamm 15 vermutlich ein Integrase-Gen anderen Typs ohne Sequenzhomologien zu C1

lokalisiert war. Ein vergleichbarer Fall lag im Plasmid pKLC102 vor, dessen Integrase-Gen *xerC* ebenfalls keine Homologien zu Sequenz von C1 aufwies.

Diese Ergebnisse bestätigten das Bild von PAGI-2(C)-ähnlichen Geninseln, das sich schon nach den Vergleichen der sequenzierten Beispiele angedeutet hatte. Die Geninseln scheinen zu einer weitverzweigten „Familie“ zu gehören, deren Vertreter unterschiedlich viele Gemeinsamkeiten aufweisen können. Der Umfang der zwischen zwei verwandten Geninseln konservierten Bereiche ist variabel, einige Abschnitte scheinen aber obligatorisch konserviert zu sein. Diese könnten eine Art Grundgerüst dieser „Familie“ von Geninseln darzustellen, das auf einen möglichen gemeinsamen Vorläufer hinweist. Andere Bereiche wären dann während der Entwicklung verschiedener Subgruppen mosaikartig integriert worden und treten daher nur in einem Teil der Geninseln auf. Diese Abschnitte sind dann nur in den Genomen von Bakterien detektierbar, in die näher verwandte Geninseln integriert worden sind.

Die Hybridisierungsergebnisse zeigten, dass zu den obligat oder potentiell konservierten Bereichen der gesamte hintere Abschnitt der PAGI-2(C)-Geninsel mit den ORFs C36 – C111 gehörte, außerdem noch der ORF C4 und das Integrase-Gen C1. Als spezifisch für PAGI-2(C) und damit als vermeintliches „Cargo“ dieser Insel (siehe Kapitel 1.3) konnten daher nur noch der vordere Bereich mit den ORFs C5 – C35 und eventuell die ORFs C2 und C3 definiert werden.

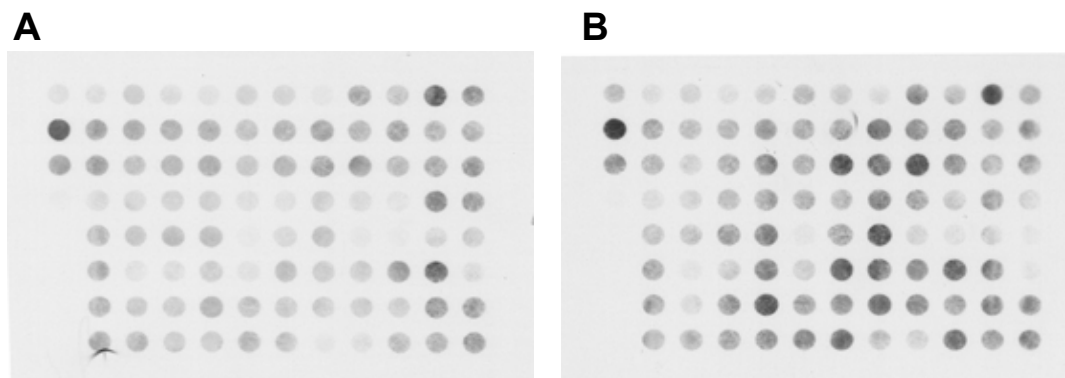
Generell sind Vertreter der „Familie“ PAGI-2(C)-ähnlicher Geninseln in Stämmen der Spezies *Pseudomonas aeruginosa* offensichtlich weit verbreitet. Durch die Makroarray-Hybridisierungen konnten solche Geninseln in über 40 % der analysierten Stämme detektiert werden, wobei alle Stämme mit C47-homologer DNA am Ende auch (mindestens) eine Geninsel aufwiesen. Ob dieser Zusammenhang allerdings verbindlich ist, bleibt unklar, da das Auftreten von partiell konservierten PAGI-2(C)-ähnlichen Geninseln ohne einen C47-homologen ORF nicht generell ausgeschlossen werden kann.

## **5.5 Quantitative Analyse der Makroarray-Hybridisierungen**

### **5.5.1 Standardisierung und Differenzierbarkeit der Makroarray-Signale:**

Die Intensitäten der einzelnen Signale, die nach den Hybridisierungen der Makroarrays detektiert wurden (siehe voriges Kapitel), waren, außer von experimentell bedingten Einflüssen, von zwei Eigenschaften der analysierten genomischen DNA abhängig: zum einen

von der Anzahl homologer Abschnitte in dieser DNA, zum anderen vom Grad der Sequenzidentität zwischen den homologen Abschnitten und der auf den Makroarrays fixierten DNA. Eine quantitative Analyse der Signalintensitäten könnte demnach Rückschlüsse auf die Anzahl der PAGI-2(C)-ähnlichen Geninseln in den untersuchten Stämmen, die in den einzelnen Inseln vorliegenden homologen ORFs und deren Konservierungsgrad ermöglichen. Voraussetzung für solche Analyse war zunächst eine Editierung der gemessenen Werte zur Berücksichtigung der experimentellen Einflüsse auf die Signalintensitäten (siehe Material und Methoden, Kapitel 2.4.7). Von den gemessenen Absolutwerten wurden daher zunächst Hintergrundwerte subtrahiert, bevor sie dann in relative Signalintensitäten umgerechnet wurden. Für diese Werte war eine weitere Standardisierung erforderlich, um die Einflüsse der unterschiedlichen Mengen und Qualitäten der PCR-Produkte in den einzelnen Makroarray-Positionen zu berücksichtigen. Diese Standardisierung erfolgte anhand der Hybridisierungsergebnisse für *Ralstonia metallidurans* CH34 (siehe Abbildung 5.6). Im Genom dieses Stammes war eine Kopie der kompletten PAGI-2(C)-Insel mit nahezu 100 % Sequenzidentität detektiert worden (siehe Kapitel 6.1), so dass bei Hybridisierungen Unterschiede in den Signalintensitäten allein auf die auf den Arrays fixierte DNA zurückzuführen waren. Die relativen Signalintensitäten für *R. metallidurans* CH34 wurden daher als „Standardisierungsfaktoren“ in die Auswertung der Ergebnisse für die *P. aeruginosa* Stämme eingesetzt.



**Abbildung 5.6:** Makroarrays hybridisiert mit genomischer DNA von *R. metallidurans* CH34. A: Hybridisierung mit Wildtyp B: Hybridisierung mit Derivat AE3

Für die Berechnung dieser Faktoren wurden die Ergebnisse mehrerer Makroarray-Hybridisierungen mit dem Stamm CH34 herangezogen (mit dem Wildtyp und mit mehreren Derivaten, die ebenfalls die komplette Geninsel aufwiesen, siehe Kapitel 6.1). Für die relativen Signalintensitäten aus diesen Experimenten (Verhältnis gegen das Signal in Position

C92) wurden Mittelwerte errechnet. Dadurch ergaben sich folgende „Standardisierungsfaktoren“ für die 91 Positionen auf dem PGI-2(C)-Makroarray:

Nr. der Position	PCR-Produkt	"Std.-faktor"	Nr. der Position	PCR-Produkt	"Std.-faktor"	Nr. der Position	PCR-Produkt	"Std.-faktor"
1	C1	0,357	32	C42	0,665	62	C76/77	0,691
2	C2	0,251	33	C43	0,672	63	C78	0,380
3	C4	0,411	34	C44	0,975	64	C79	0,467
4	C5	0,224	35	C45	0,238	65	C80	0,810
5	C6	0,247	36	C46	0,392	66	C81	1,111
6	C7	0,548	37	C47c	0,484	67	C82/83	0,200
7	C8	0,397	38	C47d	0,584	68	C89	0,840
8	C10	0,120	39	C49	0,335	69	C90	0,422
9	C12	0,893	40	C50	0,220	70	C91	0,552
10	C13	0,584	41	C51	0,401	71	C92	1,000
11	C14	1,968	42	C52	0,258	72	C93	0,557
12	C18	1,175	43	C54/55	0,176	73	C94	0,611
13	C20	1,071	44	C56	1,023	74	C95	0,846
14	C21	0,816	45	C57	0,825	75	C96	0,560
15	C22	0,867	46	C58	0,616	76	C97	0,461
16	C23	0,851	47	C59	0,638	77	C98	0,866
17	C25	0,684	48	C61	0,805	78	C99	0,900
18	C26	0,776	49	C62	0,775	79	C100	0,839
19	C27	0,924	50	C63	0,064	80	C101	0,719
20	C29	0,620	51	C64	0,307	81	C102	0,515
21	C30	0,834	52	C65	0,670	82	C103	0,514
22	C31	0,569	53	C66	0,089	83	C104	0,739
23	C32	0,752	54	C67	0,086	84	C105	0,899
24	C33	0,874	55	C68	0,262	85	C106	0,375
25	C34	0,574	56	C70	0,442	86	C107	0,274
26	C35	0,821	57	C71	0,842	87	C108	0,847
27	C36	0,938	58	C72	0,191	88	C110	0,729
28	C37	0,545	59	C73	0,279	89	C111	0,931
29	C38	0,947	60	C74	0,584	90	C84	1,771
30	C39	0,805	61	C75	0,189	91	C85	0,941
31	C40	1,114						

**Tabelle 5.5:** Standardisierungsfaktoren (Std.-faktor) für quantitative Analysen der Makroarray-Ergebnisse, ermittelt aus Hybridisierungen mit *Ralstonia metallidurans* CH34. Die Werte geben relative Signalintensitäten im Verhältnis zum Signal in Position 71 (C92) an. Niedrige Standards, die aus sehr schwachen Hybridisierungssignalen resultierten, sind grau hervorgehoben. Den einzelnen Positionen im Array wurden für die weiteren Analysen fortlaufende Nummern zugeordnet.

Aufgrund schwacher Hybridisierungssignale ergaben sich für einige Positionen sehr niedrige und ungenaue Standardisierungsfaktoren (siehe Tabelle 5.5). Für die Analysen der Signalintensitäten aus Hybridisierungen mit *P. aeruginosa* Stämmen wurden deren Werte durch diese Faktoren dividiert, so dass die Resultate für die bezeichneten Positionen sehr stark fehlerbehaftet waren.

Bei der Bestimmung der Standardisierungsfaktoren hatten sich außerdem Schwankungen der relativen Signalintensitäten in den verschiedenen *Ralstonia*-Experimenten gezeigt. Diese wiesen zum einen auf generelle Ungenauigkeiten der Faktoren hin, verdeutlichten aber vor allem, dass die Fehlerbreite bei der Detektion und Quantifizierung der Hybridisierungssignale zu groß sein würde, um anhand der Signalintensitäten letztendlich verlässliche Werte für unterschiedliche Sequenzidentitäten der hybridisierten DNA errechnen zu können. Die zu

erwartenden Unterschiede in den Signalintensitäten würden zumindest teilweise von den experimentell bedingten Fehlern überlagert werden.

Die Hybridisierungen von Makroarrays mit markierter DNA des Klon C Plasmids pKLC102 und des Klon K Plasmids pKLC106 bestätigten diese Annahme. In pKLC102 waren nach den Annotationsergebnissen 36 ORFs mit Homologien zu PAGI-2(C)-ORFs lokalisiert (siehe Tabelle 3.3). Diese homologen Abschnitte waren in 35 Positionen des Makroarrays repräsentiert. Dieselben Bereiche sollten auch in pKLC106 konserviert sein, wenn auch dort eventuell mit unterschiedlich hohen Homologien. Am Beispiel von pKLC102 konnte damit der Zusammenhang zwischen Sequenzidentität und der Signalstärke betrachtet werden.

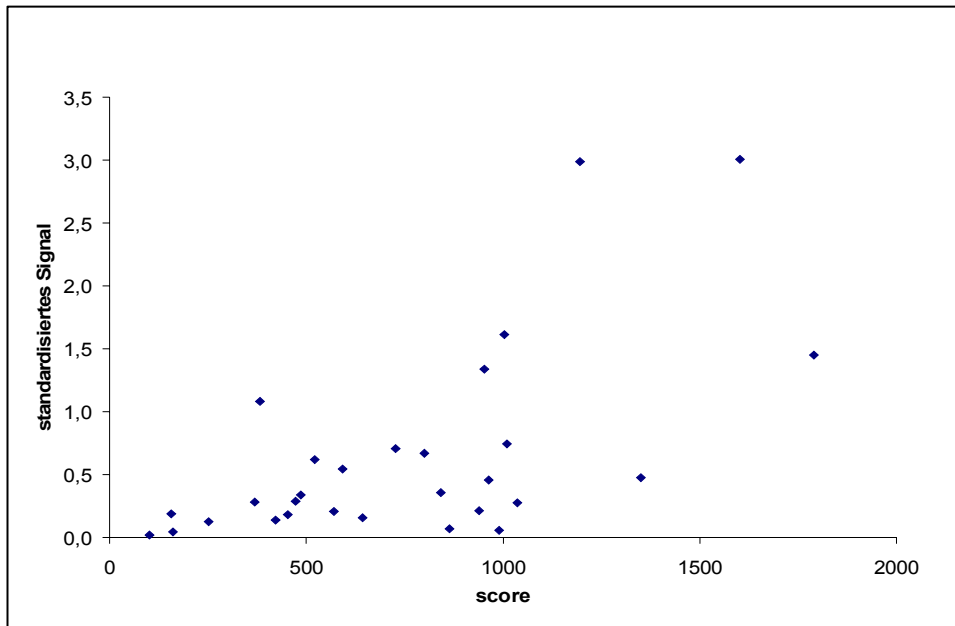
Plasmid pKLC102												Plasmid pKLC106											
C1	C2	C4	C5	C6	C7	C8	C10	C12	C13	C14	C18	C1	C2	C4	C5	C6	C7	C8	C10	C12	C13	C14	C18
C84	C20	C21	C22	C23	C25	C26	C27	C29	C30	C31	C32	C84	C20	C21	C22	C23	C25	C26	C27	C29	C30	C31	C32
C85	C33	C34	C35	C36	C37	C38	C39	C40	C42	C43	C44	C85	C33	C34	C35	C36	C37	C38	C39	C40	C42	C43	C44
	C45	C46	C47c	C47d	C49	C50	C51	C52	C54/55	C56	C57		C45	C46	C47c	C47d	C49	C50	C51	C52	C54/55	C56	C57
	C58	C59	C61	C62	C63	C64	C65	C66	C67	C68	C70		C58	C59	C61	C62	C63	C64	C65	C66	C67	C68	C70
	C71	C72	C73	C74	C75	C76/77	C78	C79	C80	C81	C82/83		C71	C72	C73	C74	C75	C76/77	C78	C79	C80	C81	C82/83
	C89	C90	C91	C92	C93	C94	C95	C96	C97	C98	C99		C89	C90	C91	C92	C93	C94	C95	C96	C97	C98	C99
	C100	C101	C102	C103	C104	C105	C106	C107	C108	C110	C111		C100	C101	C102	C103	C104	C105	C106	C107	C108	C110	C111

**Abbildung 5.7:** Übersicht der Makroarray-Hybridisierungsergebnisse für pKLC102 und pKLC106.

Dunkelgraue Positionen: Deutliche Hybridisierungssignale  
Hellgraue Positionen : schwache und fragliche Signale

Für pKLC102 konnten nur in 26 Positionen mit homologer DNA Signale detektiert werden (siehe Abbildung 5.7). In den übrigen neun Positionen schien die Homologie zwischen der DNA auf der Membran und den entsprechenden Abschnitte auf pKLC102 nicht hoch genug zu sein, so dass keine Hybridisierung erfolgte. Für das ähnliche Plasmid pKLC106 schien der Grad der Homologie im Durchschnitt sogar noch geringer zu sein, da nur 12 Hybridisierungssignale detektiert wurden.

Für die Sequenzidentitäten zwischen der pKLC102-DNA und den betreffenden auf dem Makroarray fixierten PCR-Produkten wurden dann genaue Werte ermittelt. Eine Auftragung dieser Werte gegen die relativen (standardisierten) Makroarray-Signale von pKLC102 ergab folgendes Bild:



**Abbildung 5.8:** Vergleich der Signalintensitäten für pKLC102 mit der Sequenzidentität der homologen DNA.

Auf der Ordinate sind die (standardisierten) relativen Signalintensität aus der Makroarray-Hybridisierung mit pKLC102 aufgetragen, auf der Abzisse der Grad der Sequenzhomologie zwischen pKLC102 und der DNA auf dem Array. Für die Homologie wurde ein „score“ angegeben, der einen Absolutwert für die Länge und die Identität ähnlicher Sequenzen darstellt (siehe Material und Methoden, Kapitel 2.7).

Die Signalintensitäten stiegen nicht kontinuierlich mit steigendem Konservierungsgrad der DNA, sondern schwankten bei geringerer Homologie („score“ unter 1000, siehe Abbildung 5.8) in einem niedrigen Intensitätsbereich. Eine Zuordnung zu bestimmten Graden der DNA-Konservierung war nicht möglich. Bei höherer Homologie stiegen die Signalintensitäten stark an, konnten aber auch in diesem Bereich nicht genauer nach Sequenzidentität differenziert werden. Der Übergang von schwächeren zu stärkeren Signalen schien ab einer Identität der Sequenzen von 70–75 % zu erfolgen. Dies entsprach den Erfahrungen aus den Hybridisierungsexperimenten mit den Sonden C47c und C47d, bei denen ein sehr starker Rückgang der Signalintensitäten für homologe Sequenzen mit einer Identität von unter 80 % beobachtet worden war (siehe Tabelle 5.3).

Eine detaillierte quantitative Analyse der Signale zur Bestimmung des Konservierungsgrades und der Kopienzahl der auf den einzelnen Positionen des Arrays hybridisierten DNA war demnach nicht möglich.

### **5.5.2 Klassifizierung von Inseltypen anhand der Makroarray-Ergebnisse:**

Anstelle der detaillierten quantitativen Analyse einzelner Signale aus den Makroarray-Experimenten erfolgte eine semi-quantitative Betrachtung der gemessenen Intensitäten. Mit dieser Analyse sollten die einzelnen PAGI-2(C)-artigen Geninseln, die in den 31

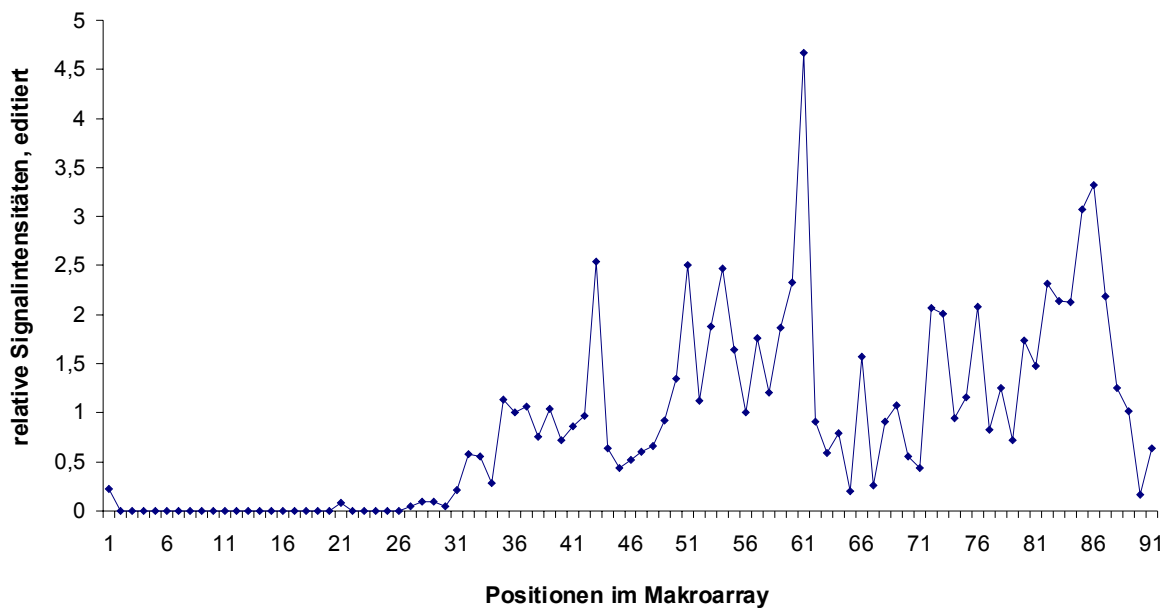
*P. aeruginosa* Stämmen enthalten waren, näher charakterisiert und verschiedenen Typen von Geninseln zugeordnet werden.

Die ermittelten absoluten Signalintensitäten aus den einzelnen Experimenten wurden dafür, wie für die quantitative Analyse beschrieben, editiert:

- Subtraktion der Hintergrundwerte aus einzelnen Experimenten (siehe Kapitel 2.4.7)
- für alle als positiv gewerteten und fraglichen Signale Errechnung von relativen Signalintensitäten (Verhältnis zur mittleren Signalintensität des jeweiligen Experiments)
- bei Hybridisierungen, die mit älteren Makroarrays hybridisiert wurden, Umrechnung der relativen Signalintensitäten mit Korrekturfaktoren, um die auf älteren und neueren Arrays gemessenen Werte vergleichen zu können (siehe Kapitel 5.2)
- für die einzelnen Positionen im Array Division der relativen Signalintensitäten durch die „Standardisierungsfaktoren“ (siehe Tabelle 5.5)

Diese editierten relativen Signalintensitäten wurden gegen die einzelnen Positionen im Makroarray aufgetragen. Dadurch ergaben sich für jedes Experiment derartige Kurven:





**Abbildung 5.9:** Auftragung der editierten relativen Signalintensitäten gegen die Positionen im Makroarray.  
Als Beispiel ist die Auftragung der Ergebnisse für *P. aeruginosa* Stamm 62 dargestellt.

Auch wenn die aufgetragenen Werte aufgrund der verwendeten Methode zur Bestimmung der Signalintensitäten und der Verwendung ungenauer Korrekturfaktoren bei der Editierung fehlerbehaftet waren (siehe Kapitel 5.5.1), repräsentierte die Form dieser Kurven doch die Charakteristika der Geninseln in den analysierten Stämmen. Diese Form unterschied sich für die verschiedenen Inseln je nachdem, welche ORFs aus PAGI-2(C) gar nicht oder nur mit geringerer Sequenzidentität konserviert waren, und sollte für die verschiedenen Geninseln jeweils charakteristische Bereiche mit niedrigen Werten bzw. Nullwerten für die relativen Signalintensitäten aufweisen.

Beim Vergleich der Kurven für die 31 analysierten *P. aeruginosa* Stämme wurden die Werte für bestimmte Positionen des Makroarrays nicht beachtet:

- Position 1 (C1), da auch DNA, die nicht aus PAGI-2(C)-ähnlichen Geninseln stammte, in dieser Position hybridisieren könnte und die gemessenen Signalintensitäten dann nicht spezifisch wären (siehe Kapitel 5.3)
- Positionen 90 und 91 (C84 und C85), da zu den entsprechenden ORFs mehrere Homologe in *R. metallidurans* CH34 existierten und somit für die Editierung dieser Signale keine geeigneten Standardisierungsfaktoren vorlagen

- Positionen 43, 50, 53, 54, 58, 61 und 67 aufgrund sehr niedriger Standardisierungsfaktoren (siehe Tabelle 5.5), die zu überhöhten Werten für die editierten Signalintensitäten führen könnten (vgl. Abbildung 5.9, Maximum der Kurve in Position 61)
- Positionen 2 und 8 (C2 und C10), wenn für die Experimente ältere Makroarrays verwendet worden waren, da in diesen Positionen falsch positive Signale auftraten (siehe Kapitel 5.2)

Für die Bewertung der Kurven wurden die Ergebnisse der Hybridisierungen mit den Sonden C47c und C47d (siehe Kapitel 5.1) zugrunde gelegt. Durch Hybridisierungen restriktionsverdauter genomischer DNA mit diesen Sonden war für die *P. aeruginosa* Stämme die Anzahl der C47-Homologen bestimmt worden. Diese wurde mit der Anzahl PAGI-2(C)-ähnlicher Geninseln gleichgesetzt. Demnach lagen in den 31 Stämmen folgende Anzahlen (partiell) konservierter Geninseln vor, deren kombinierte Charakteristika den Verlauf der Intensitätskurven bestimmten:

Anzahl der Geninseln	<i>P. aeruginosa</i> Stämme
1	3, 7, 9, 15, 21, 22, 23, 26, 54, 56, 63, 70
2	14, 16, 24, 46, 48, 53, 55, 60, 62, 64, 67
3	25, 29, 33, 35, 45, 52, 50 (= SG17M, evtl. mehr als 3 Inseln)
4	49 (= C, evtl. mehr als vier Inseln)

**Tabelle 5.6:** Vorhergesagte Anzahl PAGI-2(C)-artiger Geninseln in den *P. aeruginosa* Stämmen.

Für die in 12 Stämmen einzelnen vorliegenden Geninseln wurden anhand der Signalintensitätskurven die Konservierungsmuster bestimmt (siehe Abbildung 5.10). Anhand signifikanter Unterschiede in diesen Mustern wurden vier verschiedene Inseltypen definiert und die 11 verschiedenen Geninseln (das Muster für die Inseln in den Stämmen 23 und 56 war identisch) diesen als Subtypen zugeordnet (siehe Tabelle 5.7).



Inseltyp	Subtyp	Stamm	Anmerkungen
1	1a	70	scheinbar identisch mit PAGI-2(C)
1	1b	7	fast wie 1d
1	1c	9	fast wie 1e
1	1d	21	fast wie 1b
1	1e	22	fast wie 1c
1	1f	26	
3	3a	3	
3	3b	23, 56	
3	3c	54	
4		15	
5		63	

**Tabelle 5.7:** Definierte Typen PAGI-2(C)-artiger Geninseln in *P. aeruginosa* Stämmen. Im Genom der jeweiligen Stämme lag keine weitere ähnliche Geninsel vor.

Für Stämme mit mehr als einer Insel repräsentierte die Form der Signalintensitätskurve eine Kombination der einzelnen Konservierungsmuster, bei homologer DNA in den verschiedenen Inseln setzten sich die Signale in den einzelnen Positionen des Makroarrays additiv zusammen. Für die Bewertung dieser Kurven und die Zuordnung von Inseltypen wurde versucht, Merkmale der bereits bekannten Konservierungsmuster innerhalb der Kurvenverläufe zu identifizieren. Die Ergebnisse dieser Auswertung sind in Tabelle 5.8 aufgeführt.

Bei zwei Geninseln konnten zumeist ein oder zwei der bereits beschriebenen Muster innerhalb dieser Kombination identifiziert werden, dem jeweiligen Stamm wurden die entsprechenden Inselsubtypen zugeordnet. Die nicht identifizierbaren Muster wiesen alle Ähnlichkeiten zu charakteristischen Punkten der Muster von Typ 1 Geninseln auf, daher wurden für diese Fälle neue Subtypen (1g – 1k, siehe Tabelle 5.8) definiert. Genaue Konservierungsmuster wie für die Subtypen 1a – 1f konnten aus den additiv zusammengesetzten Signalen nicht erstellt werden.

Bei drei oder mehr Geninseln wurden die Kombinationen der Konservierungsmuster so komplex, dass darin nur noch vereinzelt die Muster von definierten Subtypen identifiziert werden konnten. Die meisten Inseln in diesen Stämmen konnten nur grob zugeordnet oder nicht näher klassifiziert werden.

Stammmname	Stamm-Nr.	Anzahl (partiell)	
		konservierter Geninseln	Inseltypen bzw. -subtypen
ATCC 15522	3	1	3a
ATCC 33348	7	1	1b
ATCC33364	9	1	1c
AL5846	15	1	4
MF 6	21	1	1d
PD 1	22	1	1e
RN 4	23	1	3b
Va 26232	26	1	1f
PT 20	54	1	3c
PT 36	56	1	3b
PAK	63	1	5
DSM1128	70	1	1a
A 5803	14	2	1c, 1e
2733/92	16	2	1b, 1d
RP 1	24	2	1b, 1b
ZW 113	46	2	3a, 3b
ZW 119	48	2	1e, 1e
PT 12	53	2	1a, 3b
PT 22	55	2	1a, 1h
Gr 2248	60	2	1i, 1j
892	62	2	1b, 1e
HJ2	64	2	3b, 4
K9	67	2	1e, 1k
Va 24437	25	3	(3 Inseln unklassifiziert)
DM	29	3	1e, 1g (eine weitere unklassifiziert)
ZW 43	33	3	3b (zwei weitere unklassifiziert)
ZW 54	35	3	1b (zwei weitere ähnlich Typ 1)
ZW 102	45	3	(3 Inseln ähnlich Typ 1)
SG31 (SG17M)	50	3?	2a, 2b, 3a
PT 6	52	3	(3 Inseln ähnlich Typ 1)
SG1 (C)	49	4?	1a, 4 (zwei weitere unklassifiziert)

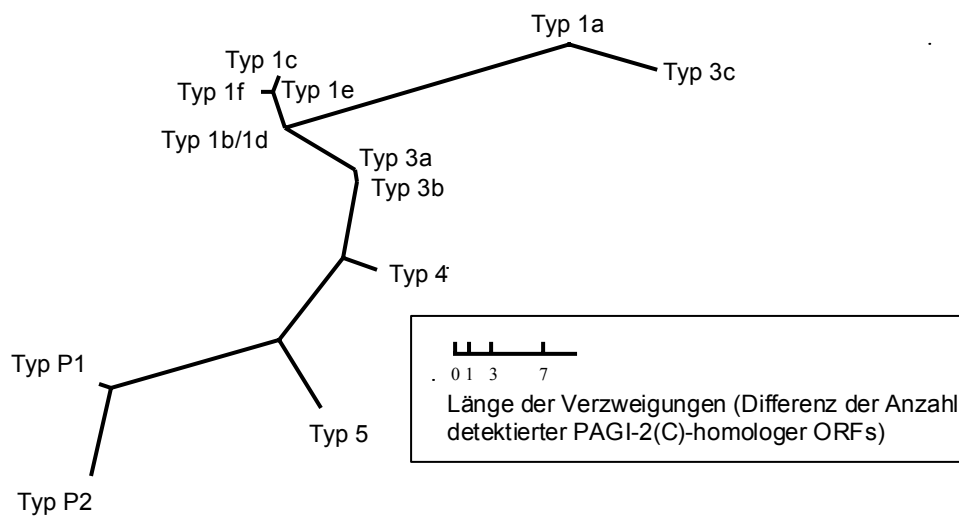
**Tabelle 5.8:** Klassifizierung der PAGI-2(C)-artigen Geninseln in den Genomen von 31 *P. aeruginosa* Stämmen. Die Klassifizierung erfolgte durch Analyse der Hybridisierungsmuster auf PAGI-2(C)-Makroarrays.

Bei den Stämmen 49 und 50 (C und SG17M) flossen in die Zuordnung der Inseltypen die Kenntnisse über bereits sequenzierte Geninseln mit ein: Für Stamm 50 wurde einmal der Subtyp 3a identifiziert, andere bereits bekannte Konservierungsmuster waren nicht zu erkennen. Die beiden nicht definierten Geninseln schienen sehr ähnliche Muster aufzuweisen. Eines dieser Muster wurde der im Genom von Stamm 50 lokalisierten Insel PAGI-3(SG) zugewiesen, deren konservierte Abschnitte auf dem Makroarray detektiert werden sollten. PAGI-3(SG) wurde daher als neuer Subtyp 2a unter den partiell konservierten Geninseln

definiert, die dritte Insel aus Stamm 50 aufgrund des vermeintlich ähnlichen Konservierungsmusters als Subtyp 2b.

Für Stamm 49 wurde neben der Insel PAGI-2(C) selbst (Subtyp 1a) das Muster einer Typ 4 Insel identifiziert. Diese Insel lag einzeln im Stamm 15 vor. Für diesen Stamm waren in den Hybridisierungsexperimenten mit der C47c- und der C47d-Sonde die gleichen Signalmuster wie für den ORF BR32 aus der SpB-Insertion in Stamm C (aus SpB-Contig 1, siehe Kapitel 4.2.5) detektiert worden (siehe Tabelle 5.2). Dies deutete darauf hin, dass mit dem Konservierungsmuster des Typs 4 in Stamm 49 der eine konservierte Abschnitt der SpB-Insertion identifiziert worden war. Für zwei weitere vorhergesagte Geninseln in Stamm 49 konnte anhand der Signalintensitätskurve keine Aussagen über deren Konservierungsmuster getroffen werden. Möglich wäre, dass der zweite konservierte Bereich in der SpB-Insertion (linker Teil) und die integrierte Plasmid-DNA pKLC102 diese beiden Inseln darstellen. Bei Hybridisierung eines Makroarrays mit pKLC102-DNA waren allerdings zumeist nur schwache Signale detektiert worden, für einige homologe Abschnitte auch gar keine Signale (siehe Abbildungen 5.7 und 5.8). Das Konservierungsmuster eines solchen Inseltyps würde daher in der Signalintensitätskurve von denen der anderen Inseln im Genom von Stamm C leicht überlagert werden.

Insgesamt betrachtet gehörten von den PAGI-2(C)-ähnlichen Geninseln in den analysierten Stämmen die meisten zum Typ 1 (siehe Tabelle 5.8). Inseln dieses Typs, dem auch PAGI-2(C) selbst als Subtyp 1a zugeordnet wurde, schienen demnach innerhalb der Spezies *P. aeruginosa* weit verbreitet zu sein. Ebenfalls häufiger identifiziert wurden auch Inseln des Typs 3. Beim Vergleich der Konservierungsmuster der verschiedenen Inseltypen und -subtypen wiesen die Vertreter des Typs 3 auch die größten Ähnlichkeiten zu den verschiedenen Typ 1 Inseln auf (siehe Abbildung 5.11). Als signifikanter Unterschied war in den Typ 3 Geninseln nur ein Block von 8 ORFs (C56 – C63, siehe Abbildung 5.10) gegenüber den Vertretern des Typs 1 nicht konserviert. Eine Besonderheit stellte dabei die Typ 3 Geninsel aus Stamm 54 dar (Klassifiziert als Subtyp 3c), in der scheinbar auch der große spezifische Bereich von PAGI-2(C) mit den ORFs C5 – C35 konserviert war.



**Abbildung 5.11:** Vergleich der Konservierungsmuster der definierten Inseltypen, dargestellt als Dendrogramm (*unrooted tree*).

Die Länge der Verzweigungen gibt die Unterschiede in der Anzahl PAGI-2(C)-homologer ORFs an, die mit Hilfe der Makroarrays detektiert wurden. Verglichen wurden die Hybridisierungsmuster der 11 genau definierten Subtypen (siehe Tabelle 5.7 und Abbildung 5.10) und der Plasmide pKLC102 und pKLK106 (Typen P1 und P2; siehe Abbildung 5.7).

Die Konservierungsmuster der Inseltypen 4 und 5 wiesen, ebenso wie die der Plasmide pKLC102 und pKLK106, weniger konservierte ORFs gegenüber PAGI-2(C) auf. Innerhalb der Stämme mit einer oder zwei Geninseln, für die Konservierungsmuster gut zu identifizieren waren, konnte nur in Stamm 63 eine Typ 5 Insel detektiert werden, der Inseltyp 4 nur in den Stämmen 15 und 64 (sowie im Stamm 49 (vier Inseln)). Die verschiedenen definierten Inseltypen waren demnach in den 31 *P. aeruginosa* Stämmen nicht mit gleicher Häufigkeit vertreten. Es bestand scheinbar eine Präferenz für die Typen 1 und 3.

## 6 PAGO-2(C)-artige Geninseln in anderen Stämmen und Spezies

Bereits bei der Annotation der ORFs aus den Geninseln PAGO-2(C) und PAGO-3(SG) hatten sich erste Hinweise darauf ergeben, dass zu konservierten ORFs aus diesen beiden Inseln auch Homologe in anderen Spezies existieren können. Zu einigen der konservierten ORFs waren Homologe im Genom des Pflanzenpathogens *Xylella fastidiosa* 9a5c gefunden worden (Larbig et al., 2002). Zu vielen der konservierten ORFs aus den Geninseln fehlten aber Homologe in dieser Spezies (s. u.). Als im Laufe der letzten Jahre immer mehr Sequenzdaten bakterieller DNA in den Datenbanken verfügbar wurden, zeigte sich, dass auch in anderen Stämmen und Spezies ähnliche DNA-Abschnitte bzw. putative Gene wie in PAGO-2(C), PAGO-3(SG), pKLC102 oder in der SpB-Insertion von *P. aeruginosa* konserviert waren.

Durch Analyse von Sequenzen aus der Datenbank, Vergleiche mit den *P. aeruginosa* Geninseln und Detektion konservierter DNA mit Hilfe der Makroarrays (siehe Kapitel 5.4) konnte nachgewiesen werden, dass in anderen Spezies nicht nur wenige DNA-Abschnitte aus PAGO-2(C) konserviert sind, sondern dass auch dort vergleichbare teilkonservierte Geninseln in den Genomen vorliegen. Die verschiedenen identifizierten Beispiele sind in den folgenden Abschnitten beschrieben. Als Grundlage für die Darstellungen konservierter DNA-Abschnitte und Gene wurde dabei die Ähnlichkeit mit der PAGO-2(C)-Sequenz bzw. mit den darin lokalisierten ORFs gewählt.

### 6.1 PAGO-2(C)-artige Geninseln in *Ralstonia*

Bei Datenbankvergleichen der Nukleotidsequenzen von einigen PAGO-2(C) ORFs wurden Abschnitte mit 100 % Sequenzidentität im Genom des Bakteriums *Ralstonia metallidurans* CH34 detektiert. Durch Vergleiche mit der Sequenz der gesamten Geninsel wurde dann überraschend festgestellt, dass im Genom dieses *Ralstonia* Stammes eine nahezu identische Kopie der PAGO-2(C)-Geninsel vorlag. Diese Kopie war ebenfalls neben einem tRNA<sup>Gly</sup>-Gen lokalisiert und wies über die gesamte Länge von 104954 bp lediglich 29 Abweichungen in der Basensequenz auf; die Sequenzidentität auf Nukleotidebene lag damit bei 99,97 % (Larbig et al., 2002). Weitere PAGO-2(C)-ähnliche DNA konnte nicht identifiziert werden.

Das Auftreten einer identischen Kopie in *Ralstonia (R.) metallidurans* CH34 unterstützte die Hypothese, dass Geninseln wie PAGO-2(C) auf andere Stämme, auch über Spezies-Grenzen hinweg, übertragen werden können. Von der Taxonomie her gehört die Spezies *Ralstonia*



*metallidurans* zwar zur Gruppe der  $\beta$ -Proteobakterien, weist metabolisch aber Ähnlichkeiten zu Pseudomonaden auf. Trotzdem war das Vorkommen identischer Geninseln in den zwei Stämmen ungewöhnlich, da diese zu unterschiedlichen Zeiten aus sehr verschiedenen Lebensräumen isoliert worden waren. *P. aeruginosa* C war 1986 in Deutschland aus den Atemwegen eines Mukoviszidose-Patienten isoliert worden (Römling et al., 1994(B)), *R. metallidurans* CH34 im Jahr 1976 aus einem Wassertank einer Zink-Fabrik in Belgien (Mergeay et al., 1978).

Der *Ralstonia* Stamm war resistent gegen eine Reihe verschiedener Schwermetallionen, unter anderem z. B. gegen  $Zn^{2+}$ ,  $Ni^{2+}$ ,  $Hg^{2+}$  oder  $Pb^{2+}$ . Die Gencluster, die die beteiligten Proteine kodieren, waren auf zwei sog. „Megaplasmiden“ lokalisiert worden (Taghavi et al., 1997). Ob auch PAGI-2(C)-Genprodukte zu solchen Resistenzen beitragen konnten, blieb nach der Annotation unklar. Allerdings wiesen einige ORFs Ähnlichkeiten zu Schwermetallresistenz-Genen auf (Larbig et al., 2002, siehe Einleitung, Kapitel 1.3; Mergeay et al., 2003).

Zum damaligen Zeitpunkt war auch die Lokalisierung der PAGI-2(C)-Kopie im Genom von *R. metallidurans* LB34 noch nicht bekannt. Vermutet wurde, dass die Geninsel wie die diversen Resistenz-Gencluster auf einem der beiden Megaplasmide pMOL28 oder pMOL30 lag. Um diese Hypothese zu überprüfen, wurden PAGI-2(C)-Makroarrays mit DIG-markierter genomischer DNA des Stammes CH34 und dreier Derivate überprüft. In diesen drei Derivaten fehlten pMOL28 und/oder pMOL30 (Mergeay et al., 1985):

Derivat AE126:	pMOL30 fehlt
Derivat AE128:	pMOL28 fehlt
Derivat AE104:	pMOL28 und pMOL30 fehlen

Die Hybridisierungsergebnisse auf den Makroarrays (siehe Kapitel 5.5.1, Abbildung 5.6) waren aber in allen Fällen gleich. Für alle 91 Punkte des Arrays, die PAGI-2(C)-ORFs repräsentierten, konnten Signale mit ähnlichen Intensitätsverhältnissen in allen vier Experimenten detektiert werden. Das Vorkommen von PAGI-2(C)-DNA in *R. metallidurans* CH34 war demnach nicht von der Anwesenheit der Megaplasmide abhängig. Die Hypothese der Lokalisation der PAGI-2(C)-Geninsel auf einem der beiden Megaplasmide war widerlegt, die Geninsel müsste demnach im Chromosom des Stammes vorliegen.

Parallel dazu wurde auch ein weiteres Derivat von *R. metallidurans* CH34 mit Hilfe eines PAGI-2(C)-Makroarrays analysiert. Dieses Derivat AE3 wies gegenüber dem CH34-Wildtyp einige Genomrearrangements auf, darunter Deletionen größerer DNA-Abschnitte (Taghavi et al., 1997). Auch nach Hybridisierung mit markierter genomischer DNA dieses Derivats

wurden auf dem Array vergleichbare Signale wie für den CH34-Wildtyp detektiert. Von den Deletionen war also die PAGI-2(C)-Geninsel weder vollständig noch teilweise betroffen.

Die Intensitäten der Hybridisierungssignale, die mit markierter DNA vom *R. metallidurans* CH34-Wildtyp und von den Derivaten auf den Makroarrays erzielt wurden, wurden für die quantitative Auswertung von Makroarray-Analysen als Standardwerte verwendet (siehe Kapitel 5.5.1, Epidemiologie-Analysen). Aufgrund der (nahezu) identischen Sequenz der PAGI-2(C)-Kopien in *P. aeruginosa* C und *R. metallidurans* CH34 sollten in diesen markierten DNAs für alle auf den Makroarrays fixierten Sonden passende Gegenstücke in gleichen Mengen mit 100 % Sequenzidentität vorliegen. Variationen in den gemessenen Signalintensitäten sollten somit allein auf Unterschiede in den DNA-Punkten zurückzuführen sein, die auf den Membranen fixiert sind.

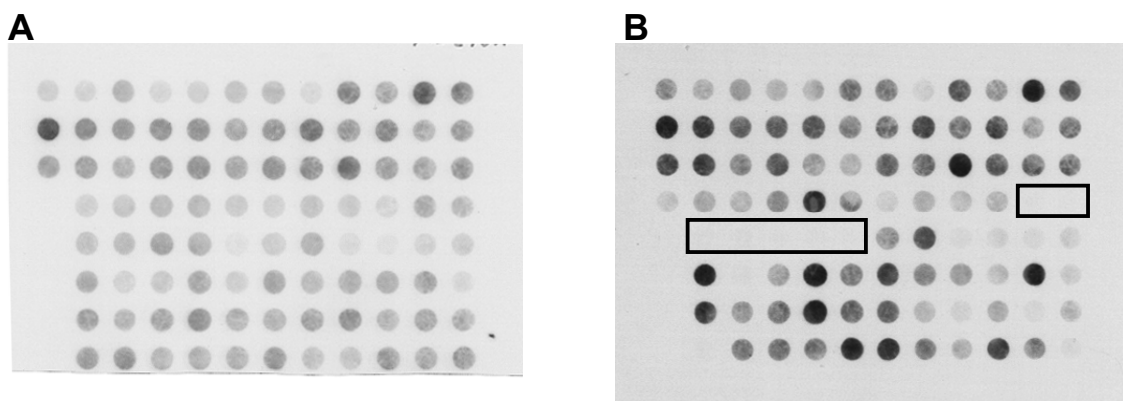
Um zu untersuchen, ob das Auftreten von PAGI-2(C)-artiger DNA in *Ralstonia* Stämmen auf *R. metallidurans* CH34 beschränkt ist oder weiter verbreitet ist, wurden noch 7 weitere *Ralstonia* Isolate mit den Makroarrays analysiert. Bei diesen Stämmen handelte es sich um drei in Deutschland (KT01, KT02, KT21) und zwei in Belgien (CH42, CH79) isolierte *Ralstonia metallidurans* Stämme (Goris et al., 2001), sowie um zwei amerikanische *Ralstonia* Isolate (AE2700, AE2701), die vermutlich zur Spezies *R. campiniensis* gehören (nicht veröffentlicht). KT01, KT02 und KT21 waren dabei aus Abwasser bzw. Klärwerksanlagen isoliert worden, CH42 und CH79 zusammen mit CH34 aus einer Zink-Fabrik (s. o.).

Die Isolate wurden, ebenso wie der Stamm *R. metallidurans* CH34 und dessen vier Derivate, zur Verfügung gestellt von Dr. Max Mergeay (*Laboratory for Microbiology, Division Waste & Clean-up & Section of Radiobiology, Division Radioprotection, Belgian Nuclear Research Centre SKC/CEN, Mol, Belgien*).

Die Hybridisierungen zeigten für KT01, KT02, KT21, AE2700 und AE2701 vergleichbare Ergebnisse wie für CH34 (siehe Abbildung 6.1). Auf allen 91 PAGI-2(C)-Punkten konnten Signale detektiert werden, was auf eine vollständig konservierte PAGI-2(C)-Insel in diesen Stämmen hindeutete. Auch die ermittelten relativen Signalintensitäten waren vergleichbar, lediglich beim Stamm KT02 waren Abweichungen gegenüber den Werten aus den anderen Experimenten zu erkennen. Solche Abweichungen könnten mit einem unterschiedlichen Konservierungsgrad der PAGI-2(C)-DNA in diesem Stamm zu erklären sein. Demnach wäre die Sequenzidentität im Vergleich zur Geninsel in *R. metallidurans* CH34 in den Stämmen

KT01, KT21, AE2700 und AE2701 wahrscheinlich sehr hoch, in der Sequenz der Geninsel im Stamm KT02 sollte der Anteil ausgetauschter Basen etwas größer sein.

Für Stamm CH42 konnten auf dem hybridisierten Makroarray CH42 nur zwei eindeutige Signale identifiziert werden, und zwar auf den DNA-Punkten für die ORFs C84 und C85, die in PAGI-2(C) zu einem putativen Quecksilberresistenz-Operon gehören. Im Stamm CH42 könnte demnach ein ähnliches Operon vorliegen, das aber nicht innerhalb einer PAGI-2(C)-artigen Geninsel lokalisiert ist. Eine solche konservierte Geninsel liegt nach den Hybridisierungsergebnissen im Genom dieses Stammes nicht vor.



**Abbildung 6.1:** Beispiele für PAGI-2(C)-Makroarrays, hybridisiert mit markierter genomischer DNA von verschiedenen *Ralstonia* Stämmen. A: *R. campiniensis* (?) AE2701 B: *R. metallidurans* CH79. Stamm AE2701 enthält anscheinend eine nahezu identische Kopie der Geninsel PAGI-2(C). In Stamm CH79 scheint eine hochkonservierte Geninsel mit großer Ähnlichkeit zu PAGI-2(C) vorzuliegen, ein signifikanter Gencluster (ORFs C56 - C63, Array-Positionen schwarz umrandet) fehlt aber.

In Stamm CH79 scheint es eine Geninsel zu geben, die zu PAGI-2(C) sehr große Ähnlichkeiten aufweist. Im Vergleich zu Stamm CH34 fehlten bei CH79 im Makroarray Hybridisierungssignale für 7 DNA-Punkte, die die ORFs C56 – C59 und C61 – C63 repräsentieren (siehe Abbildung 6.1). Auf allen anderen PAGI-2(C)-DNA-Punkten konnten Hybridisierungssignale detektiert werden, deren relative Intensitäten unterschieden sich aber für einige Signale von denen, die für CH34 oder z. B. KT01 oder AE2701 ermittelt worden waren. Dies deutete auf eine hochkonservierte Geninsel in Stamm CH79 hin, bei der der Konservierungsgrad der einzelnen ORFs aber zu variieren scheint. Im Verhältnis zur Geninsel PAGI-2(C) ist fehlt CH79 der DNA-Abschnitt mit den ORFs C56 – C63 (C60 nicht auf dem Makroarray repräsentiert). Diese ORFs scheinen einen der Mosaiksteine darzustellen, aus denen die PAGI-2(C)-Geninsel zusammengesetzt ist. Der entsprechende DNA-Abschnitt ist in der Struktur der Insel zwischen zwei konservierten Abschnitten positioniert und in keiner der anderen sequenzierten *P. aeruginosa* Geninseln konserviert (siehe Kapitel 1.3 und 4.2.5).

Spezies Stamm	Ralstonia								Ralstonia							
	met. CH34	met. KT01	met. KT02	met. KT21	met. CH42	met. CH79	camp.? AE2700	camp.? AE2701	met. CH34	met. KT01	met. KT02	met. KT21	met. CH42	met. CH79	camp.? AE2700	camp.? AE2701
C1	x	x	x	x		x	x	x	C56	x	x	x	x		x	x
C2	x	x	x	x		x	x	x	C57	x	x	x	x		x	x
C4	x	x	x	x		x	x	x	C58	x	x	x	x		x	x
C5	x	x	x	x		x	x	x	C59	x	x	x	x		x	x
C6	x	x	x	x		x	x	x	C61	x	x	x	x		x	x
C7	x	x	x	x		x	x	x	C62	x	x	x	x		x	x
C8	x	x	x	x		x	x	x	C63	x	x	x	x		x	x
C10	x	x	x	x		x	x	x	C64	x	x	x	x	x	x	x
C12	x	x	x	x		x	x	x	C65	x	x	x	x	x	x	x
C13	x	x	x	x		x	x	x	C66	x	x	x	x	x	x	x
C14	x	x	x	x		x	x	x	C67	x	x	x	x	x	x	x
C18	x	x	x	x		x	x	x	C68	x	x	x	x	x	x	x
C20	x	x	x	x		x	x	x	C70	x	x	x	x	x	x	x
C21	x	x	x	x		x	x	x	C71	x	x	x	x	x	x	x
C22	x	x	x	x		x	x	x	C72	x	x	x	x	?	x	x
C23	x	x	x	x		x	x	x	C73	x	x	x	x	x	x	x
C25	x	x	x	x		x	x	x	C74	x	x	x	x	x	x	x
C26	x	x	x	x		x	x	x	C75	x	x	x	x	x	x	x
C27	x	x	x	x	?	x	x	x	C76	x	x	x	x	x	x	x
C29	x	x	x	x		x	x	x	C77	x	x	x	x	x	x	x
C30	x	x	x	x		x	x	x	C78	x	x	x	x	x	x	x
C31	x	x	x	x		x	x	x	C79	x	x	x	x	x	x	x
C32	x	x	x	x		x	x	x	C80	x	x	x	x	x	x	x
C33	x	x	x	x		x	x	x	C81	x	x	x	x	x	x	x
C34	x	x	x	x		x	x	x	C82	x	x	x	x	x	x	x
C35	x	x	x	x		x	x	x	C83	x	x	x	x	x	x	x
C36	x	x	x	x		x	x	x	C84	x	x	x	x	x	x	x
C37	x	x	x	x		x	x	x	C85	x	x	x	x	x	x	x
C38	x	x	x	x		x	x	x	C89	x	x	x	x	x	x	x
C39	x	x	x	x		x	x	x	C90	x	x	x	x	x	x	x
C40	x	x	x	x		x	x	x	C91	x	x	x	x	x	x	x
C42	x	x	x	x		x	x	x	C92	x	x	x	x	x	x	x
C43	x	x	x	x		x	x	x	C93	x	x	x	x	x	x	x
C44	x	x	x	x		x	x	x	C94	x	x	x	x	x	x	x
C45	x	x	x	x		x	x	x	C95	x	x	x	x	x	x	x
C46	x	x	x	x		x	x	x	C96	x	x	x	x	x	x	x
C47	x	x	x	x		x	x	x	C97	x	x	x	x	x	x	x
C49	x	x	x	x		x	x	x	C98	x	x	x	x	?	x	x
C50	x	x	x	x		x	x	x	C99	x	x	x	x	x	x	x
C51	x	x	x	x		x	x	x	C100	x	x	x	x	?	x	x
C52	x	x	x	x		x	x	x	C101	x	x	x	x	x	x	x
C54	x	x	x	x		x	x	x	C102	x	x	x	x	x	x	x
C55	x	x	x	x		x	x	x	C103	x	x	x	x	x	x	x
									C104	x	x	x	x	x	x	x
									C105	x	x	x	x	x	x	x
									C106	x	x	x	x	x	x	x
									C107	x	x	x	x	x	x	x
									C108	x	x	x	x	x	x	x
									C110	x	x	x	x	x	x	x
									C111	x	x	x	x	x	x	x

**Tabelle 6.1:** Konservierte PAGI-2(C)-ORFs in *Ralstonia* Stämmen, identifiziert durch Hybridisierungen von Makroarrays. Angegeben sind die Konservierungen für die 93 auf den Makroarrays repräsentierten ORFs.

x = Homologe/identische DNA zum jeweiligen ORF detektiert      ? = Konservierung nicht eindeutig,  
Hybridisierungssignal zweifelhaft      met. = *R. metallidurans*      camp. = *R. campiniensis*

Insgesamt ergaben die Makroarray-Hybridisierungen (siehe Zusammenfassung in Tabelle 6.1), dass die PAGI-2(C)-Geninsel außer im sequenzierten Stamm *R. metallidurans* CH34 auch in 6 weiteren von 7 analysierten *Ralstonia* Stämmen konserviert zu sein schien. Dabei

waren in 5 Stämmen scheinbar alle DNA-Abschnitte von PAGI-2(C) konserviert, im sechsten Stamm (CH79) fehlte ein DNA-Abschnitt mit acht ORFs, die eventuell ein separates Operon darstellen.

Kopien der Geninsel PAGI-2(C) oder hochkonservierte Varianten könnten demnach in Bakterienstämmen des Genus *Ralstonia* ebenso wie in *Pseudomonas aeruginosa* weitverbreitet sein, zur Bestätigung dieser Hypothese müssten aber noch weitere Stämme epidemiologisch untersucht werden. Das Auftreten scheint nach den bisherigen Erkenntnissen aber weder auf die Spezies *R. metallidurans*, noch auf Isolate aus nur einer Quelle beschränkt zu sein.

Unklar ist, ob es in *Ralstonia* Stämmen ähnlich wie in *P. aeruginosa* viele lediglich teilkonservierte Geninseln gibt, die gegenüber PAGI-2(C) unterschiedliche „Cargo“-ORFs beinhalten, und ob das Auftreten einer zu 100 % identischen Kopie in *R. metallidurans* CH34 eine Ausnahme darstellt. Offen bleibt auch die Frage, ob weitere Geninseln aus *Pseudomonas* Stämmen mit allen DNA-Abschnitten in *Ralstonia* konserviert sind, oder ob dies nur für PAGI-2(C) der Fall ist.

## 6.2 Homologie der *clc*-Geninsel zu PAGI-2(C)

Die *clc*-Geninsel ist ein 105 kb großes konjugatives DNA-Element, auf dem Genprodukte zum Abbau von Chlorocatechol kodiert sind (Ravatn et al., 1998(A)). Dieses DNA-Element ist in *Pseudomonas sp.* B13 an einem tRNA<sup>Gly</sup>-Gen ins Genom integriert, kann aber auch ausgeschnitten werden und ein circuläres Intermediat bilden (Sentchilo et al., 2003 (A) u. 2003(B)).

Erste verfügbare Sequenzabschnitte des *clc*-Elements in den Datenbanken wiesen bei Vergleichen mit den Sequenzen von pKLC102 und PAGI-2(C) signifikante Ähnlichkeiten auf. So konnte auch im *clc*-Element ein Phagen-ähnliches Integrase-Gen neben dem tRNA<sup>Gly</sup>-Gen identifiziert werden, am anderen Ende der Geninsel befand sich eine Kopie der letzten 18 bp der tRNA<sup>Gly</sup>. Außerdem wies die *clc*-Sequenz Homologien zu dem Abschnitt aus PAGI-2(C) auf, der die ORFs C101 – C108 umfasst. Diese ORFs waren auch in den anderen sequenzierten *P. aeruginosa* Geninseln hochkonserviert.

Um zu überprüfen, ob das *clc*-Element weitere PAGI-2(C)-ähnliche DNA beinhaltet und möglicherweise einen weiteren Vertreter aus der Familie teilkonservierter, PAGI-2(C)-ähnlicher Geninseln darstellte, erfolgte die Hybridisierung eines PAGI-2(C)-Makroarrays mit

markierter genomischer DNA von *Pseudomonas sp.* B13. Zur Kontrolle des erhaltenen Hybridisierungsmusters wurde ein weiterer Makroarray mit genomischer DNA des Stammes *Ralstonia sp.* JS705 hybridisiert, in dessen Genom eine *clc*-ähnliche Geninsel integriert ist. Im Stamm JS705 enthält das *clc*-Element noch einen zusätzlichen 5 kb großen DNA-Abschnitt (Müller et al., 2003). Durch diese zweite Hybridisierung mit einem *Ralstonia* Stamm sollte außerdem verhindert werden, dass PAGI-2(C)-ORFs mit eventuellen Homologien zu anderen Genomregionen von *Pseudomonas sp.* B13 irrtümlich als im *clc*-Element konserviert interpretiert werden könnten. Beide analysierten Stämme wurden von Dr. Jan Roelof van der Meer zur Verfügung gestellt (*Swiss Federal Institute for Environmental Science and Technology* EAWAG, Dübendorf, Schweiz).

In beiden Experimenten konnten vergleichbare Hybridisierungsmuster detektiert werden, die nur geringe Abweichungen aufwiesen (siehe Abbildung 6.2). Unterschiede in den relativen Intensitäten einiger Signale wurden auf verschiedenen hohe Sequenzidentitäten der konservierten DNA-Abschnitte zurückgeführt.

<i>Pseudomonas sp.</i> B13												<i>Ralstonia sp.</i> JS705											
C1	C2	C4	C5	C6	C7	C8	C10	C12	C13	C14	C18	C1	C2	C4	C5	C6	C7	C8	C10	C12	C13	C14	C18
C84	C20	C21	C22	C23	C25	C26	C27	C29	C30	C31	C32	C84	C20	C21	C22	C23	C25	C26	C27	C29	C30	C31	C32
C85	C33	C34	C35	C36	C37	C38	C39	C40	C42	C43	C44	C85	C33	C34	C35	C36	C37	C38	C39	C40	C42	C43	C44
	C45	C46	C47c	C47d	C49	C50	C51	C52	C54/55	C56	C57		C45	C46	C47c	C47d	C49	C50	C51	C52	C54/55	C56	C57
	C58	C59	C61	C62	C63	C64	C65	C66	C67	C68	C70		C58	C59	C61	C62	C63	C64	C65	C66	C67	C68	C70
	C71	C72	C73	C74	C75	C76/77	C78	C79	C80	C81	C82/83		C71	C72	C73	C74	C75	C76/77	C78	C79	C80	C81	C82/83
	C89	C90	C91	C92	C93	C94	C95	C96	C97	C98	C99		C89	C90	C91	C92	C93	C94	C95	C96	C97	C98	C99
	C100	C101	C102	C103	C104	C105	C106	C107	C108	C110	C111		C100	C101	C102	C103	C104	C105	C106	C107	C108	C110	C111

**Abbildung 6.2:** Schematische Darstellung der Makroarray-Signale nach Hybridisierung mit *Pseudomonas sp.* B13 und *Ralstonia sp.* JS705. Die Positionen der detektierten Signale nach der Hybridisierung mit genomischer DNA sind dunkelgrau unterlegt. Hellgraue Flächen kennzeichnen Positionen mit zweifelhaften Signalen.

In mehr als vierzig Positionen des Arrays konnten übereinstimmend für beide Stämme eindeutige Signale festgestellt werden. Zusätzlich gab es einige weitere Positionen, in denen für einen Stamm ein eindeutiges und für den anderen Stamm ein recht schwaches Signal auftrat. Aus diesen übereinstimmenden Signalen wurde dann abgeleitet, welche PAGI-2(C)-ORFs in der *clc*-Geninsel konserviert sind (siehe Abbildung 6.3).

Für Stamm JS705 wurden eindeutige Signale in den Positionen detektiert, die den ORFs C84 und C85 aus dem putativen Quecksilber-Resistenz-Operon von PAGI-2(C) entsprechen (siehe Kapitel 1.3). In Stamm B13 fehlten solche Signale. Daher wurde angenommen, dass C84 und C85 (und der übrige Teil des Operons) im *clc*-Element nicht konserviert waren. Im Genom

von *Ralstonia sp.* JS705 muss in einer anderen Region des Genoms ein ähnliches Operon lokalisiert sein, das diese Hybridisierungssignale hervorrufen konnte.

C1	C2	C4	C5	C6	C7	C8	C10	C12	C13	C14	C18
C84	C20	C21	C22	C23	C25	C26	C27	C29	C30	C31	C32
C85	C33	C34	C35	C36	C37	C38	C39	C40	C42	C43	C44
	C45	C46	C47c	C47d	C49	C50	C51	C52	C54/55	C56	C57
	C58	C59	C61	C62	C63	C64	C65	C66	C67	C68	C70
	C71	C72	C73	C74	C75	C76/77	C78	C79	C80	C81	C82/83
	C89	C90	C91	C92	C93	C94	C95	C96	C97	C98	C99
	C100	C101	C102	C103	C104	C105	C106	C107	C108	C110	C111

**Abbildung 6.3:** Vorhersage PAGI-2(C)-homologer ORFs in der *clc*-Geninsel.

PAGI-2(C)-ORFs, die laut Makroarray-Analyse im *clc*-Element konserviert sind, sind grau hervorgehoben. Für die durch schraffierte Flächen gekennzeichneten ORFs war nach der Analyse keine genaue Aussage über die Konservierung möglich.

Die PAGI-2(C)-ORFs, die im *clc*-Element konserviert waren, entsprachen bis auf wenige Abweichungen denen, die auch in Geninseln wie PAGI-3(SG) oder der SpB-Insertion (Contig 1) Homologe aufwiesen (siehe Kapitel 1.3, 4.2.1). Ebenso wie in diesen wurden im *clc*-Element z. B. Homologe zu den ORFs C42 – C44, C47 – C55 oder C101 – C108 detektiert, die signifikante Blöcke in den konservierten Teilen von PAGI-2(C)-artigen Geninseln darzustellen scheinen, oder auch Homologe zu den ORFs C36, C40 und C81 gefunden.

Die typischen als „Cargo“-Bereiche beschriebenen Abschnitte aus PAGI-2(C) mit den ORFs C5 – C35 und C56 – C63 waren im *clc*-Element nicht konserviert.

Das *clc*-Element konnte somit ebenfalls in die Familie PAGI-2(C)-ähnlicher Geninseln eingeordnet werden. Innerhalb dieser Familie war dabei offensichtlich die Ähnlichkeit zu PAGI-2(C) selbst oder auch zu PAGI-3(SG) und der SpB-Insertion größer als zum Plasmid pKLC102. Hierfür sprach die Konservierung von PAGI-2(C)-ORFs, die keine Homologe im Plasmid aufweisen (z. B. C4, C39, C89, C90, C92, C93, C95), die Ähnlichkeit des *clc*-Integrase-Gens zu C1 und die chromosomale Integration in ein tRNA<sup>Gly</sup>-Gen.

Von den beschriebenen *P. aeruginosa* Geninseln unterschied sich das *clc*-Element vor allem dadurch, dass mit der gezeigten Beteiligung am Abbau aromatischer Komponenten genaue experimentelle Daten zur Funktion von Genprodukten aus dem spezifischen Bereich einer Geninsel vorhanden waren. Andere Kenntnisse über das *clc*-Element erwiesen sich insofern als interessant, als dass sie eventuell charakteristisch nicht nur für diese spezielle Geninsel, sondern auch für die beschriebenen Inseln aus *P. aeruginosa* sein könnten. So wurde zum

einen gezeigt, dass durch die Integration eines zusätzlichen katabolen Genblocks in das *clc*-Element aus *Ralstonia sp.* JS705 der Wirtstamm zusätzlich zu Chlorocatechol auch das ähnliche Substrat Chlorbenzol abbauen konnte. Somit hatte eine Art Evolution des kodierten Abbauweges für Aromaten im *clc*-Element stattgefunden (Müller et al., 2003).

Dieses Beispiel könnte verdeutlichen, wie die spezifischen Abschnitte der Geninseln durch Zusammensetzen mehrerer Mosaiksteine entstanden sind (und sich eventuell auch weiter verändern). Demnach hätten sich die Fähigkeiten, die dem Wirtsgenom durch die „Cargo“-Abschnitte der Inseln vermittelt werden, schrittweise entwickelt und könnten weiter ausgebaut werden.

Zum anderen war für *Pseudomonas sp.* B13 unter definierten Stressbedingungen die Expression des Integrase-Gens im *clc*-Element und eine Mobilisierung der gesamten Geninsel aus dem Chromosom nachgewiesen worden (Sentchilo et al., 2003 (A)). Grundsätzlich scheint damit eine Mobilisierung von PAGI-2(C) und den anderen tRNA<sup>Gly</sup>-gebundenen Geninseln möglich zu sein. Um dies zu bestätigen, müssten zunächst aber die Identitäten aller beteiligten Komponenten gegenüber dem *clc*-Element detailliert untersucht werden. Außerdem müssten noch geeignete Bedingungen für die Mobilisation in *P. aeruginosa* ermittelt werden.

### **6.3 PAGI-2(C)-ähnliche Geninseln, entdeckt durch Datenbankvergleiche**

Durch Datenbankvergleiche der Nukleotid- und Proteinsequenzen aus PAGI-2(C) konnten noch weitere partiell konservierte Geninseln in den Genomen anderer Stämme und Spezies detektiert werden. Im folgenden sind die entsprechenden Inseln kurz beschrieben, darunter auch der DNA-Abschnitt aus *Xylella fastidiosa* 9a5c mit den bereits bekannten konservierten ORFs (Larbig et al., 2002). Die identifizierten PAGI-2(C)-ähnlichen ORFs in diesen Geninseln sind in der Tabelle 6.2 zusammengefasst.

#### **6.3.1 Burkholderia fungorum LB400:**

Das Sequenzierprojekt für dieses Bodenbakterium ist noch nicht abgeschlossen. PAGI-2(C)-homologe DNA wurde in mehreren in den Datenbanken verfügbaren Teilsequenzen der Genomsequenz identifiziert. Die Bestimmung der PAGI-2(C)-ORFs, die auf den konservierten Sequenzabschnitten lagen, ergab, dass in aufeinanderfolgenden Teilsequenzen von *Burkholderia (B.) fungorum* LB400 insgesamt 53 ORFs konserviert waren. Diese 53 ORFs lagen in den typischen Bereichen von PAGI-2(C), die auch in den *P. aeruginosa* Geninseln konserviert waren. Für die vermeintlichen „Cargo“-Abschnitte von PAGI-2(C) (C5



– C35, C56 – C63, C96 – C100) konnte keine homologe DNA identifiziert werden (siehe Tabelle 6.2), stattdessen lagen *Burkholderia*-spezifische DNA-Abschnitte zwischen den konservierten Blöcken. Ein mögliches Phagen-artiges Integrase-Gen (C1-homologe DNA) war auch in *B. fungorum* LB400 neben einem tRNA<sup>Gly</sup>-Gen positioniert. Daraus wurde gefolgert, dass auch in diesem *Burkholderia* Isolat eine partiell konservierte Geninsel vorliegt, in der noch mehr ORFs aus PAGI-2(C) konserviert sind als in PAGI-2(C).

### **6.3.2 Xylella fastidiosa 9a5c:**

Homologien zwischen PAGI-2(C)-ORFs und Genen des Pflanzenpathogens *Xylella fastidiosa* 9a5c waren schon bei der Annotation der Geninsel festgestellt worden. In diesem Genom (GenBank *acc. no.* NC\_002488) waren 28 PAGI-2(C)-ORFs konserviert, darunter die ORFs C1 – C4 und C101 – C110, signifikante Genblöcke wie C42 – C44, C47 – C55 oder C64 – C68 fehlten jedoch. In *Xylella* waren die konservierten Gene in einem 66 kb großen DNA-Abschnitt des Genoms lokalisiert, der insgesamt die ORFs XF1718 – XF1787 beinhaltete. Vor der putativen Integrase XF1718 konnte in der Genomsequenz ein tRNA<sup>Gly</sup>-Gen identifiziert werden.

Daher ergab sich die Hypothese, dass dieser Abschnitt des Genoms von *Xylella fastidiosa* 9a5c eine integrierte Geninsel mit Ähnlichkeiten zu PAGI-2(C) darstellte. Diese mögliche Geninsel war allerdings deutlich kleiner als die *P. aeruginosa* Inseln, und große Blöcke der typischen konservierten Struktur fehlten.

Der Inselcharakter dieser Region aus Stamm 9a5c wurde später durch genomweite Microarray-Analysen von insgesamt 12 *Xylella fastidiosa* Stämmen nachgewiesen (Nunes et al., 2003). Der beschriebene DNA-Abschnitt, nun als *genome island* GI<sub>2</sub> bezeichnet, war außer in 9a5c nur noch in zwei weiteren Stämmen konserviert. Nach den Ergebnissen dieser Analysen ist die Insel etwas größer als erwartet (ca. 68 kb), auf der entsprechenden Sequenz sind die ORFs XF1718 – XF1792 lokalisiert.

### **6.3.3 Pathogenitätsinsel SPI-7 in Salmonella enterica:**

In *Salmonella enterica* serovar Typhi (*S. typhi*) wurde die Pathogenitätsinsel SPI-7 als PAGI-2(C)-ähnliche, partiell konservierte Geninsel identifiziert. Im sequenzierten Stamm *S. typhi* CT18 (GenBank *acc. no.* AL62783) beinhaltete die 134 kb große Insel die ORFs STY4521 – STY4680 (Pickard et al., 2003). Abzüglich eines integrierten Bakteriophagen SopE und eines weiteren separat integrierten DNA-Blocks verblieb noch ein mit PAGI-2(C) vergleichbarer Bereich von ca. 84 kb. Die Insel SPI-7 war neben einem tRNA<sup>Phe</sup>-Gen in das Genom

integriert und wies in dem 84 kb großen Abschnitt Homologe zu 29 PAGI-2(C)-ORFs auf (siehe Tabelle 6.2). Die Ähnlichkeit zu PAGI-2(C) war damit nicht hoch wie z. B. wie PAGI-3(SG) oder dem *clc*-Element (siehe Kapitel 6.2). Die identifizierten Homologen und ihre Anordnung innerhalb der Geninsel wiesen auf eine etwas größere Ähnlichkeit zur Plasmid-DNA pKLC102 hin. Hierfür sprach auch, dass das identifizierte Integrase-Gen STY4666 homolog zum Integrase-Gen *xerC* aus pKLC102 war.

Im Gegensatz zu den anderen beschriebenen Geninseln konnte SPI-7 aufgrund seiner „Cargo“-Regionen eindeutig als Pathogenitätsinsel klassifiziert werden. In den nicht konservierten Abschnitten waren ein Operon, das Typ IVb Pili zur Adhärenz an eukaryotische Zellen kodiert, und ein *viaB*-Operon lokalisiert (Pickard et al., 2003). Das *viaB*-Operon kodiert Proteine für die Produktion von Exopolysaccharid-Kapseln (Vi-Antigen) (Robbins u. Robbins, 1984; Liu et al., 1995). Damit waren mit der Geninsel SPI-7 gleich zwei Gencluster zur Expression von Pathogenitätsfaktoren in das *S. typhi* Wirtsgenom inseriert worden.

Eine ähnlich angeordnete Abfolge konservierter PAGI-2(C)-ORFs wie in SPI-7 wurde auch im Genom von *Xanthomonas (X.) axonopodis* pathovar Citri gefunden. Im Genom dieses Stammes (GenBank *acc. no.* AE011859) waren innerhalb eines 91 ORFs beinhaltenden DNA-Abschnitts 26 Homologe zu PAGI-2(C)-ORFs identifiziert worden. Dieser Bereich könnte eine mögliche Geninsel darstellen, erworben durch horizontalen Gentransfer; eine Bestimmung der Grenzen war jedoch nicht möglich (Kommunikation mit Derek Pickard, *Centre for Microbiology and Infection, Department of Biological Sciences, Imperial College of Science, Technology and Medicine*, London, Großbritannien). In der Nähe der homologen ORFs konnte kein tRNA-Gen identifiziert werden.

In der Tabelle 6.2 sind die homologen ORFs in *Xanthomonas* zum Vergleich der Konservierungen mit aufgeführt. Die übrigen ORFs aus der betreffenden Region wurden nicht näher betrachtet.

Stamm Insel	PA14 PAPI-1	XF 9a5c	BF LB400	ST CT18 SPI-7	XA306		PA14 PAPI-1	XF 9a5c	BF LB400	ST CT18 SPI-7	XA306
C1		XF1718	x			C56					
C2		XF1719				C57					
C3		XF1720				C58					
C4		XF1721/22	x			C59					
C5						C60					
C6						C61					
C7						C62					
C8						C63					
C9						C64	RL046		x	STY4563	XAC2260
C10						C65	RL047		x	STY4562	XAC2259
C11						C66	RL049		x	STY4560	XAC2257
C12						C67	RL050		x	STY4559	XAC2256
C13						C68	RL051		x	STY4558	XAC2255
C14						C69	RL052		x	STY4557	
C15						C70			x	STY4539	XAC2253
C15b						C71	RL063		x		
C16						C72	RL064				
C17						C73	RL064				
C18						C74			x		
C19						C75	RL065		x		
C20						C76	RL066	XF1757	x		
C21						C77	RL067	XF1758	x		
C22						C78		XF1759			
C23						C79	RL069	XF1760	x		
C24						C80					
C25						C81	RL074	XF1761	x		XAC2236
C26						C82		XF1762	x	STY4534	
C27						C83		XF1764	x		
C28						C84					
C29						C85					
C30						C86					
C31						C87					
C32						C88					
C33						C89			x		
C34						C90			x		
C35						C91	RL071		x		
C36	RL003	XF1753	x	STY4665	XAC2196	C92			x		
C37		XF1754				C93		XF1771	x		
C38		XF1755				C94	(RL072)	XF1772	x	STY4535	XAC2217
C39		XF1756	x			C95		XF1773	x		
C40	RL014		x	STY4579	XAC2286	C96					
C41			x			C97					
C42	RL016		x	STY4577	XAC2284	C98					
C43	RL017		x	STY4576	XAC2283	C99					
C44	RL018		x	STY4575	XAC2282	C100					
C45			x		XAC2281	C101	RL092	XF1776	x	STY4530	XAC2212
C46	RL020		x			C102	RL095	XF1778	x		
C47	RL022		x	STY4572/73	XAC2274	C103	RL096	XF1779	x		
C48	RL023		x	STY4571		C104	RL097	XF1780	x	STY4529	XAC2209
C49	RL024		x	SYT4570	XAC2273	C105	ori-like*	XF1781	x	STY4528	XAC2208
C50	RL025		x	STY4569	XAC2272	C106	RL101	XF1782	x	STY4526	XAC2207
C51	RL026		x	STY4568		C107	RL102	XF1783/84	x	STY4523	XAC2206
C52	RL027		x	STY4567	XAC2271	C108	RL115	XF1785	x	STY4521	XAC2205
C53	RL028		x	STY4566	XAC2270	C109		XF1786	x		
C54	RL029		x	STY4565		C110		XF1787	x		
C55	RL030		x	STY4564	XAC2269	C111					

**Tabelle 6.2:** PAgI-2(C)-ORFs und Homologe in anderen partiell konservierten Geninseln. Angegeben sind die konservierten ORFs der beschriebenen PAgI-2(C)-ähnlichen DNA-Abschnitte. Die verwendeten ORF-Bezeichnungen wurden aus den dazugehörigen Datenbankeinträgen übernommen.

PA14 - PAPI-1: Pathogenitätsinsel PAPI-1 aus *P. aeruginosa* PA14

XF 9a5c: Putative 68 kb große Geninsel aus *Xylella fastidiosa* 9a5c (ORFs XF1718 – 1792)

BF LB400: Genomregion mit Sequenzhomologien zu PAgI-2(C) in *Burkholderia fungorum* LB400

ST CT18 - SPI7: Pathogenitätsinsel SPI-7 aus *Salmonella enterica* serovar Typhi CT18

XA306: Block put. ORFs (XAC2196 – XAC2286) aus *Xanthomonas axonopodis* pathovar Citri 306

ori-like\*: entsprechende Sequenz in PAPI-1 weist einige *repeats* auf; in pKLC102 dort *oriV*-Struktur

### 6.3.4 Geninsel PAPI-1 aus *P. aeruginosa* PA14:

Eine PAGI-2(C)-ähnliche Geninsel wurde auch im Genom eines weiteren *P. aeruginosa* Stammes identifiziert. Der als Pathogenitätsinsel PAPI-1 beschriebene DNA-Abschnitt aus dem hochvirulenten Klinik-Isolat PA14 aus den USA wies eine Größe von 108 kb auf (He et al., 2004; Sequenz abgelegt unter GenBank, *acc. no.* AY273869). In dieser Geninsel waren unter anderem ein *Cup*-Gencluster zur Fimbrien-Biogenese bzw. Assemblierung von Pili-Strukturen, *rCS*-Gene zur Regulation der Synthese von Kapsel-Strukturen und ein putatives Pyocin S5-Gen lokalisiert.

In PAPI-1 existierten Homologe zu 38 ORFs aus PAGI-2(C), wodurch auch diese Insel aus PA14 in die Familie teilkonservierter, PAGI-2(C)-ähnlicher Geninseln eingeordnet werden konnte. PAPI-1 wies dabei aber größere Ähnlichkeiten zum Plasmid pKLC102 auf als zu PAGI-2(C) selbst. Zwischen diesen beiden Inseln waren nicht nur nahezu dieselben ORFs wie zwischen PAPI-1 und PAGI-2(C) konserviert, sondern noch 32 weitere (siehe Tabelle 6.3). Wie in pKLC102 war auch in PAPI-1 die Position des C81-homologen ORFs gegenüber der Reihenfolge in PAGI-2(C) verändert.

pKLC102	PAPI-1	PAGI-2(C)	pKLC102	PAPI-1	PAGI-2(C)
CP103a	RL002		CP56-55	RL063-064	C71-C72/73
CP102	RL003	C36	CP54-52	RL065-067	C75-73
CP93	RL011		CP51	RL069	C79
CP92	RL013		CP50	RL070	
CP91	RL014	C40	CP49	RL071	C91
CP90	RL015		CP47	(RL072)	C94
CP89-87	RL016-018	C42-44	CP46	RL074	C81
CP83	RL020	C46	CP42-33	RL077-86	
CP82	RL021		CP30-31	RL089-90	
CP81-73	RL022-030	C47-55	CP27	RL092	C101
CP72	RL031		CP22,CP20-19	RL095-97	C102-104
CP69	RL034		CP18-17	RL101-102	C106-107
CP68	RL035	C64	CP16-11	RL103-108	
CP68-67	RL046-047	C64-65	CP9, CP7-5, CP3-2	RL109-114	
CP66-64	RL049-051	C66-68	CP1	RL115	C108
	RL052	C69			

**Tabelle 6.3:** Auflistung von PAPI-1-ORFs mit Homologen in pKLC102 und PAGI2(C).

Parallel zu den ORFs aus der Geninsel PAPI-1 (Bezeichnungen RL002, RL003 usw.) sind die jeweiligen Homologen in pKLC102 und PAGI-2(C) dargestellt. Blockweise konservierte PAPI-1-ORFs sind in einer Reihe zusammengefasst. Grau gekennzeichnet ist der ORF C81 aus PAGI-2(C), dessen Homologe CP46 und RL074 innerhalb der jeweiligen Geninsel in veränderter Position detektiert worden waren.

PAPI-1 war im Genom von PA14 neben dem gleichen tRNA<sup>Lys</sup>-Gen lokalisiert, das in *P. aeruginosa* C als Integrationssequenz für pKLC102 identifiziert wurde (zwischen ORFs

PA4541 und PA4542, siehe Kapitel 3.2), besaß ein *xerC*-ähnliches Integrase-Gen und wies einen *Pil*-Gencluster auf. Laut Annotation von PAPI-1 sollte dieser Cluster ein Typ IVb Pilus zur Adhäsion kodieren. Die Abfolge der einzelnen Gene im Operon entsprach aber der im *Pil*-Operon von pKLC102, das Typ IV Sex-Pili zu kodieren scheint.

PA14 weist also sehr viele Merkmale auf, die aus pKLC102 bekannt waren. Die komplexe *oriV*-Struktur aus pKLC102 ist aber nicht konserviert, lediglich einige *repeats* konnten in der vergleichbaren Region der Pathogenitätsinsel identifiziert werden. PAPI-1 könnte daher ein ehemals freies Plasmid darstellen, das nach chromosomaler Integration zu einer fest fixierten Geninsel in *P. aeruginosa* PA14 geworden ist.

## 6.4 Zusammenfassung:

Außer in den analysierten europäischen *P. aeruginosa* Isolaten (siehe Kapitel 5.4) konnten PAGI-2(C)-ähnliche Geninseln auch noch im Stamm *P. aeruginosa* PA14 und in diversen anderen Spezies identifiziert werden. Unter diesen Spezies waren sowohl  $\gamma$ - (*X. fastidiosa*, *S. typhi*) als auch  $\beta$ -Proteobakterien (*Ralstonia*, *B. fungorum*). Soweit bestimmbar, weisen die meisten dieser Geninseln Größen von 100 – 110 kb auf, identifiziert wurden aber auch kleinere Inseln (*S. typhi* oder *X. fastidiosa*).

Die spezifischen Abschnitte, die mit den Geninseln in die Wirtsgenome integriert wurden, scheinen mosaikartig zusammengesetzt zu sein. Anhand der bisherigen Beispiele lässt sich keine Beschränkung dafür erkennen, was für „Cargo“ in verschiedenen partiell konservierten Inseln auftreten kann. Identifiziert wurden u. a. sowohl Pathogenitätsfaktoren (SPI-7, PAPI-1) als auch Gencluster für spezielle metabolische Funktionen (Aromaten-Degradation im *clc*-Element). Ebenso wurde gezeigt, dass das Vorkommen von PAGI-2(C)-ähnlichen Geninseln nicht auf Bakterienstämme aus einem bestimmten Habitat beschränkt ist, sondern sich auf Umwelt- und Bodenbakterien (*Ralstonia*, *Burkholderia*, *P. aeruginosa*), Pflanzenpathogene (*Xylella*) und auch humanpathogene Isolate (*P. aeruginosa*, *S. Typhi*) erstreckt.

Als Zielsequenzen für die Integration der Geninseln in die Bakterienchromosomen wurden verschiedene tRNA-Gene identifiziert (tRNA<sup>Gly</sup>, tRNA<sup>Lys</sup>, tRNA<sup>Phe</sup>). Welche PAGI-2(C)-ORFs in den verschiedenen Geninseln konserviert sind, variiert mit den verschiedenen analysierten Beispielen. Für einige signifikante Blöcke und auch einzelne ORFs (z. B. C36, C40, C47 – C55, C64 – C68, C101 – C104, C106 – C108) sind aber sowohl in allen analysierten Geninseln aus *P. aeruginosa* als auch in den identifizierten Beispielen aus

anderen Spezies Homologe identifiziert worden (Ausnahme: *X. fastidiosa* 9a5c). Diese ORFs scheinen eine Art Grundgerüst für die verwandten Geninseln darzustellen.

Anhand des Vergleichs der jeweiligen konservierten Abschnitte lässt sich eine Art Gruppierung der einzelnen Inseln vornehmen. Das *clc*-Element und der homologe Bereich im Genom von *Burkholderia fungorum* LB400 weisen dabei ebenso wie PABI-3(SG) größere Ähnlichkeiten und mehr konservierte ORFs gegenüber PABI-2(C) auf als die anderen Beispiele. Für alle diese Inseln sind tRNA<sup>Gly</sup>-Gene als Integrationssequenzen identifiziert worden. Diese Beispiele scheinen somit eine Art Subgruppe innerhalb der „Familie“ der partiell konservierten Geninseln darzustellen. Von den anderen Beispielen wiederum zeigen pKLC102, PABI-1 und zum Teil auch SPI-7 gemeinsame Charakteristika und könnten eine andere Subgruppe repräsentieren.

Neben den diversen Beispielen partiell konservierter Geninseln konnte als Sonderfall auch die Konservierung der kompletten PABI-2(C)-Geninsel in Stämmen detektiert werden, die einem anderen Bakteriengenus angehören. In *Ralstonia metallidurans* CH34 ist eine identische Kopie von PABI-2(C) identifiziert worden. Die Ergebnisse der Hybridisierungsexperimente deuten darauf hin, dass das Vorkommen speziell dieser Geninsel mitsamt den vermeintlich spezifischen ORFs, ins Genom vieler *Ralstonia* Stämme inseriert ist und sich auch nicht nur auf eine Spezies beschränkt.

## 7 Transkriptionsanalyse für PAGI-2(C)-ORFs

Für viele der in den partiell konservierten Geninseln kodierten Genprodukte existieren nach der Annotation keine oder nur wenige Hinweise auf die tatsächliche Funktion, viele Genprodukte aus den konservierten und den spezifischen Abschnitten sind als hypothetische oder konservierte hypothetische Proteine beschrieben. Generell bestand die Hypothese, dass Genprodukte der konservierten ORFs vornehmlich zur DNA-Organisation der Geninsel, zur Integration und Stabilisierung im Genom sowie eventuell zu deren Mobilisierung beitragen, spezifische Cargo-ORFs dagegen Proteine mit speziellen Funktionen kodieren, die den Phänotyp des Wirtsstammes beeinflussen (siehe Kapitel 1.1).

Von den 113 in PAGI-2(C) kodierten Genprodukten gehören über 60 % in die Kategorie der (konservierten) hypothetischen Proteine. Für die übrigen Genprodukte war meist nur eine grobe Zuordnung zu verschiedenen Enzymkategorien möglich. Eindeutige Funktionen (und eventuell damit phänotypische Eigenschaften des Bakterienstammes) konnten aufgrund der Datenbankvergleiche nur für wenige Proteine vorhergesagt werden. Ein größeres Operon aus dem spezifischen Bereich (C11 – C18) scheint Proteine zur Cytochrom Typ C – Biogenese zu kodieren und ein integriertes Transposon (C84 – C88) eine Quecksilberresistenz zu vermitteln (siehe Annotationstabelle, Kapitel 1.3).

Zur Generierung funktioneller Daten für PAGI-2(C)-Genprodukte wurden im Rahmen dieser Arbeit erste Transkriptionsanalysen für die annotierten ORFs durchgeführt. Die Analysen erfolgten durch DNA-DNA-Hybridisierungen, wobei DNA, die ORFs aus der Geninsel repräsentierte, als Sonde auf Nylonmembranen fixiert wurde. Bakterielle RNA wurde in cDNA umgeschrieben und diese dann für die Hybridisierungen mit Digoxigenin (DIG) markiert. Auf diese Weise konnte die Transkription vieler Gene parallel betrachtet werden. Die Hybridisierungen wurden dabei zunächst mit Membranen mit restriktionsverdauter Cosmid-DNA durchgeführt, später mit dot blot Membranen, auf denen PCR-Produkte fixiert worden waren („Makroarrays“, siehe Kapitel 5.2).

### 7.1 cDNA-Hybridisierungen auf restriktionsverdauter Cosmid-DNA

Bei dieser Methode wurden pKSCC-Cosmide aus der Genombibliothek von Stamm C restriktionsverdaut und auf Nylonmembranen transferiert. Die Geninsel PAGI-2(C) wird

durch den folgenden Contig von fünf Cosmid-Inserts vollständig abgedeckt (K. D. Larbig, Dissertation 2001):

pKSCC323 - pKSCC022 - pKSCC1064 - pKSCC1065 - pKSCC273

Die Transkriptionsanalyse erfolgte jeweils separat für einzelne Cosmide. So konnten immer ORFs, die auf demselben Cosmid lokalisiert waren, parallel betrachtet werden. Die einzelnen Cosmide umfassten dabei Abschnitte mit bis zu 50 ORFs. Aus den Sequenzen wurden die zu erwarteten Fragmentmuster für Einzel- und Doppelverdaue der Cosmide mit verschiedenen Restriktionsenzymen errechnet und bestimmt, welche ORFs vollständig oder partiell auf welchen Restriktionsfragmenten lokalisiert sein würden. Durch parallele Verdaue mit verschiedenen Enzymen sollten so informative Restriktionsmuster entstehen, bei denen die einzelnen ORFs in individuellen Kombinationen von Fragmenten lokalisiert waren. Für transkribierte ORFs sollten diese Muster dann auch im Ergebnis der Hybridisierung zu identifizieren sein.

Die cDNA, die in diesen Analysen DIG-markiert wurde, war mit ORF-spezifischen *Primern* generiert worden (siehe Material und Methoden, Kapitel 2.6.5). Solche *Primer* waren für jeden PAGI-2(C)-ORF anhand der zum kodierenden Strang komplementären Sequenz konstruiert worden (*Primer* C1rev, C2rev, usw., siehe Anhang). Die reverse Transkription erfolgte mit einem Gemisch aus *Primern* für die ORFs, die innerhalb eines Cosmid-Inserts lokalisiert waren. Bei cDNAs für die durchgeführten Hybridisierungen auf Cosmid-DNA von pKSCC022 und pKSCC273 waren dies:

cDNA 022:	<i>Primer</i> C10rev – C47rev (39 <i>Primer</i> )
cDNA 273:	<i>Primer</i> C101rev – C111rev (11 <i>Primer</i> )

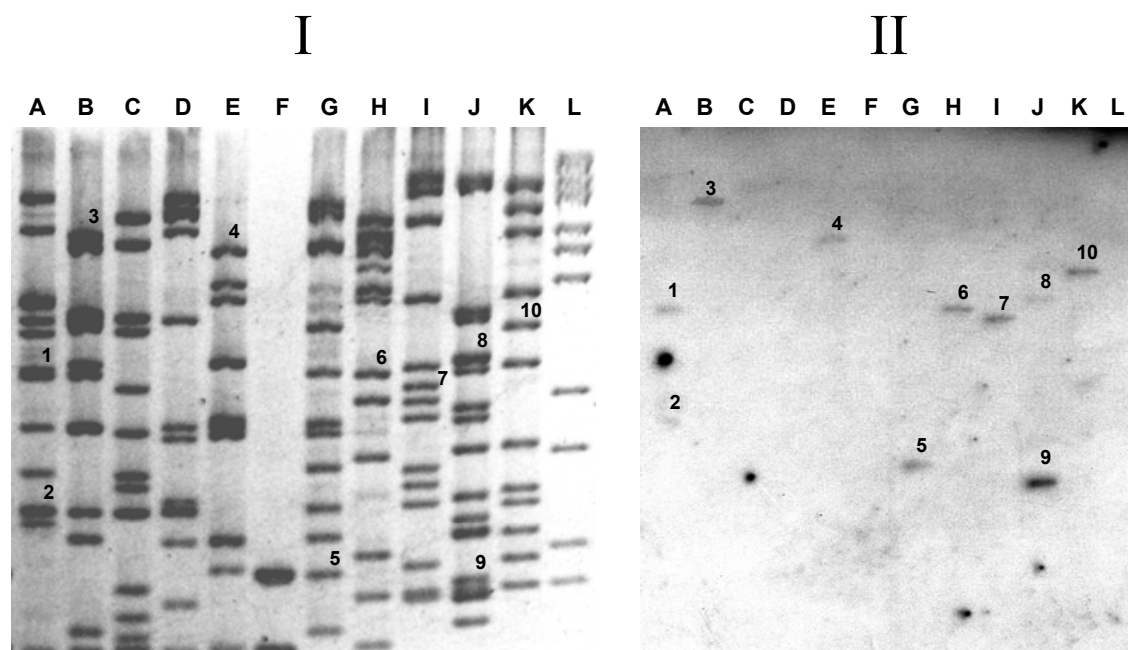
Im Insert von pKSCC022 sind viele der spezifischen ORFs der PAGI-2(C)-Geninsel (ORFs C10 – C35) und die ersten konservierten DNA-Abschnitte (mit ORFs C36 – C47) lokalisiert. Die ORFs C101 - C111 aus pKSCC273 stellen den hochkonservierten Gencluster am Ende der Geninsel dar.

In die Ansätze zur cDNA-Synthese wurden jeweils die gleichen Mengen Gesamt-RNA aus *P. aeruginosa* Stamm C eingesetzt. Untersucht wurde die Transkription der oben genannten ORFs bei planktonischen Zellen, die bis in die logarithmische Wachstumsphase hinein in Vollmedium kultiviert wurden. Dazu waren 20 ml LB-Medium mit Bakterien aus einer Stamm C Vorkultur auf eine optische Dichte ( $OD_{600\text{ nm}}$ ) von 0,05 angeimpft worden. Nach



4,5 – 5 h Inkubation bei 37°C erfolgte die Ernte der Bakterienzellen bei  $OD_{600\text{ nm}} \approx 1$  und anschließend die RNA-Isolation wie in Kapitel 2.6.2 beschrieben.

Bei Hybridisierungen mit DIG-markierter cDNA 273 konnten auf den entsprechenden pKSCC273-Membranen keine Restriktionsfragmente detektiert werden. Nach Hybridisierung der pKSCC022-Membran mit markierter cDNA 022 konnten für die meisten Verdauungen ein oder zwei Signale identifiziert werden:



Doppelverdau: A) *SmaI-EcoRI* B) *SmaI-Bsp68I* C) *SmaI-PagI* D) *SmaI-Alw44I* E) *Bsp68I-PagI*  
 G) *Eco72I-Bsp68I* H) *Eco72I-PagI* I) *Eco72I-Alw44I* J) *Alw44I-Bsp68I* K) *Alw44I-PagI*  
 Größenstandards: F) φX174-DNA, *Haell*-verdaut L) λ-DNA, *BstEI*-verdaut

**Abbildung 7.1:** Teil I: Agarosegel mit Doppelverdauen des Cosmides pKSCC022; Teil II: dazugehörige DNA-Membran nach Hybridisierung mit markierter cDNA 022. Die Ziffern 1 - 10 kennzeichnen die Restriktionsfragmente, die nach der Hybridisierung detektiert werden konnten.

Alle Signale konnten Fragmenten zugeordnet werden, die vollständig oder partial den ORF C14 aus dem spezifischen Teil der Geninsel repräsentierten. C14 kodiert für ein an der Cytochrom C – Biogenese beteiligtes Protein *CcmF*. Dieser ORF war demnach der einzige der 50 analysierten ORFs aus PAGI-2(C), für den Transkription unter den angewandten Kulturbedingungen detektiert werden konnte. Alle anderen Gene wurden also entweder gar nicht oder nur in nicht detektierbarem Maße transkribiert.

Beim Hybridisierungssignal von C14 bestanden zudem Zweifel, ob dadurch wirklich eine Transkription von ORF C14 aus der Geninsel angezeigt wurde, oder ob es durch homologe cDNA hervorgerufen worden war. Im PAO1-Genom existiert ein C14-homologes Gen, das

ebenfalls ein *CcmF* Protein kodiert (ORF PA1480). Der Vergleich von C14 und PA1480 ergab allerdings nur für einen kleineren Bereich der Nukleotidsequenzen eine signifikante Ähnlichkeit. Bei Konservierung des ORFs PA1480 in Stamm C und dessen Expression unter den angewandten Kulturbedingungen wäre ein falsch positives Signal auf C14 in der oben beschriebenen Analyse demnach eher unwahrscheinlich, aber nicht völlig auszuschließen.

Eine schwache Sequenzähnlichkeit bestand allerdings auch zwischen den umliegenden ORFs des Cytochrom C-Biogenese Operons in PAGI-2(C) und PAO1 (z. B. zwischen C15 und PA1479 oder C16 und PA1477). Für diese war kein Hybridisierungssignal detektiert worden. Fraglich blieb, ob diese Sequenzähnlichkeiten bei Expression des PAO1-Operons nur zu einem falsch positiven Signal für C14 oder auch für C15 und C16 führen würden.

Aber selbst wenn die C14-Signale nicht auf eine solche „Kreuzhybridisierung“ zurückzuführen waren, ist unter den angewandten Kulturbedingungen scheinbar nur ein einziger der 50 analysierten PAGI-2(C)-ORFs transkribiert worden. Für keinen konservierten ORF der Geninsel konnte dessen Transkription nachgewiesen werden, und auch die analysierten spezifischen ORFs („Cargo“) wurden bis auf C14 nicht exprimiert, selbst die übrigen Gene des C14 umgebenden Operons nicht.

## **7.2 cDNA-Hybridisierungen auf PAGI-2(C)-„Makroarrays“**

Für eine weitere Transkriptionsanalyse wurden die gleichen PAGI-2(C)-„Makroarrays“ verwendet, die auch für Untersuchungen zur Epidemiologie von PAGI-2(C)-ähnlichen Geninseln eingesetzt wurden (siehe Kapitel 5.4). Da auf diesen Membranen insgesamt 93 (siehe Abbildung 7.2) PAGI-2(C)-ORFs durch PCR-Produkte repräsentiert waren, konnte durch Hybridisierung mit entsprechender cDNA die Transkription nahezu der gesamten Geninsel analysiert werden. Diese Analysen folgten daher einem ähnlichen Prinzip wie Expressionsanalysen mit Hilfe von DNA *microarrays*, z. B. mit dem „*P. aeruginosa* Genome Array“, einem genomweiten DNA-Chip der Firma Affymetrix für *P. aeruginosa* PAO1. Auf solchen DNA-Chips sind die Gene durch verschiedene Oligonukleotide repräsentiert.

Im Gegensatz zu Arbeiten mit *microarrays* wurden die Makroarray-Membranen mit DIG-markierten cDNA-Fragmenten hybridisiert. Die Detektion erfolgte nach dem gleichen Protokoll wie für andere DNA-DNA-Hybridisierungen auch (siehe Kapitel 2.4.5).

C1	C2	C4	C5	C6	C7	C8	C10	C12	C13	C14	C18
C84	C20	C21	C22	C23	C25	C26	C27	C29	C30	C31	C32
C85	C33	C34	C35	C36	C37	C38	C39	C40	C42	C43	C44
P1	C45	C46	C47c	C47d	C49	C50	C51	C52	C54/55	C56	C57
P2a	C58	C59	C61	C62	C63	C64	C65	C66	C67	C68	C70
P2b	C71	C72	C73	C74	C75	C76/77	C78	C79	C80	C81	C82/83
N1	C89	C90	C91	C92	C93	C94	C95	C96	C97	C98	C99
N2	C100	C101	C102	C103	C104	C105	C106	C107	C108	C110	C111

**Abbildung 7.2: Macroarray für die Geninsel PAGI-2(C).**

PCR-Produkte, die 93 von 113 ORFs der Geninsel PAGI-2(C) repräsentieren, wurden auf Nylonmembranen transferiert. Die Positionen von Positivkontrollen (P1, P2a und P2b) und Negativkontrollen (N1, N2) sind grau unterlegt (Details siehe Kapitel 5.2)

### **7.2.1 Wachstum von *P. aeruginosa* C in Gegenwart von Quecksilber-Ionen**

Mit Hilfe der Makroarrays sollte die Expression von PAGI-2(C)-ORFs bei Wachstum des Stammes C unter möglichen Stressbedingungen analysiert werden.

Die Annotation der Geninsel hatte ergeben, dass die ORFs C84 – C88 zu einem integrierten Transposon gehören. Dabei kodiert das Operon C85 – C88 vier Proteine *MerA*, *MerP*, *MerT*, *MerR* (*merRTPA*-Operon, siehe Einleitung, Tabelle 1.3), die in der gleichen Abfolge in zwei integrierten Transposons im Genom von *Ralstonia metallidurans* CH34 konserviert sind. In diesem Genom sind die beiden Transposons Tn4378 und Tn4380 auf sogenannten „Megaplasmiden“ lokalisiert (Mergeay et al., 2003). Außerdem konnte im Genom von *R. metallidurans* CH34 eine nahezu 100 % identische Kopie der Geninsel PAGI-2(C) (Larbig et al., 2002; siehe auch Kapitel 6.1) und somit auch ein weiteres *merRTPA*-Operon detektiert werden; ein viertes *mer*-Operon in diesem Genom besteht aus Homologen zu drei Genen (*merR*, *merT*, *merP*).

Für die in Tn4378 und Tn4380 kodierten *Mer*-Proteine war gezeigt worden, dass sie eine Quecksilber-Resistenz vermitteln (Diels et al., 1985; Mergeay et al., 2003). Ein Wachstum von *R. metallidurans* CH34 war auch bei einer  $\text{Hg}^{2+}$ -Konzentration von 0,5 mM im Medium möglich (Mergeay et al., 1985). Möglicherweise trägt zu dieser Resistenz auch das *merRTPA*-Operon aus der PAGI-2(C)-identischen Geninsel bei, allerdings fehlen in diesem Operon im Vergleich zu denen aus Tn4378 und Tn4380 die Gene *merE* und *merD* (Mergeay et al., 2003). Aufgrund dieser Hinweise war also eine Resistenz gegen Quecksilber-Ionen ein möglicher Phänotyp, der durch ORFs aus der Geninsel PAGI-2(C) vermittelt werden könnte. Allerdings

war für *P. aeruginosa* C keine Resistenz gegen ähnlich hohe  $\text{Hg}^{2+}$ -Konzentrationen zu erwarten wie für *R. metallidurans* CH34.

Um zu überprüfen, ob *P. aeruginosa* C im Beisein von Quecksilber-Ionen wachsen kann, wurden Kulturen dieses Stammes und parallel dazu Kulturen von *P. aeruginosa* PAO1 und *R. metallidurans* CH34 in VB-Medium angelegt, das mit unterschiedlichen Konzentrationen Quecksilber-(II)-chlorid versetzt worden war. Die Kulturen wurden über Nacht bei 37°C inkubiert. Die drei Stämme zeigten dabei unterschiedliche Quecksilbertoleranz (siehe Tabelle 7.1).

c(HgCl <sub>2</sub> ) [µM]	0	2,5	5	7,5	12,5	20	25	50	100	250
<i>P. aeruginosa</i> PAO1	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>P. aeruginosa</i> C	+	+	+	+	(+)	-	-	-	-	-
<i>R. metallidurans</i> CH34	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

**Tabelle 7.1:** Wachstum von *P. aeruginosa* PAO1, *P. aeruginosa* C und *R. metallidurans* CH34 in VB-Medium mit HgCl<sub>2</sub>.

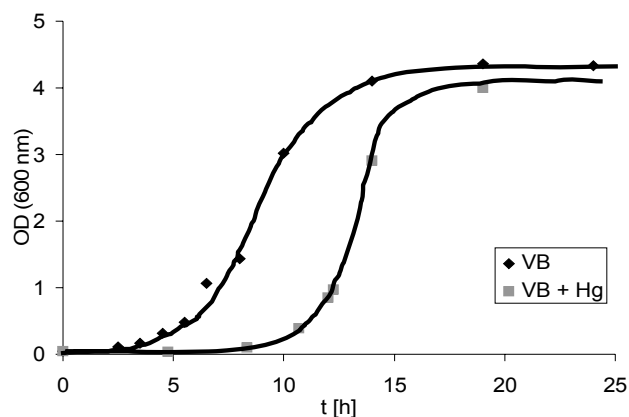
*R. metallidurans* CH34 wuchs wie erwartet bei allen HgCl<sub>2</sub>-Konzentrationen, während PAO1 keinerlei Quecksilber-(II)-Resistenz zeigte. *P. aeruginosa* C konnte bis hin zu einer Konzentration von 12,5 µM HgCl<sub>2</sub> wachsen. Gegenüber PAO1 schien C also Mechanismen für eine Quecksilber-(II)-Resistenz zu besitzen. Die Größenordnung dieser Resistenz war allerdings nicht mit der von *R. metallidurans* CH34 zu vergleichen, die laut Literatur (Resistenz gegen 0,5 mM  $\text{Hg}^{2+}$ , s. o.) mindestens um den Faktor 40 höher liegt.

Für Stamm C wurde daraufhin das Wachstum in reinem VB-Medium und in VB-Medium mit 7,5 µM HgCl<sub>2</sub> miteinander verglichen. Entsprechende Kulturen wurden mit Stamm C auf eine optische Dichte (OD<sub>600 nm</sub>) von 0,05 inokuliert und bei 37°C inkubiert. Im Verlauf von 24 h wurden dann zu verschiedenen Zeitpunkten wieder die OD<sub>600 nm</sub>-Werte der Kulturen bestimmt.

Bei der Betrachtung der Wachstumskurven (siehe Abbildung 7.3) fiel auf, dass bei beiden Bedingungen eine typische sigmoide Kurve zu beobachten war. Diese Kurven waren aber signifikant gegeneinander verschoben. In reinem VB-Medium traten die Bakterien nach ca. 3,5 Stunden in die exponentielle Wachstumsphase ein. Bei Zusatz von 7,5 µM HgCl<sub>2</sub> verblieb die Stamm C Kultur viel länger in der lag-Phase. Die optische Dichte nahm sogar ab (auf Werte um 0,035), bevor die Bakterien sehr viel später als in reinem VB-Medium zu replizieren begannen und nach ca. 9 – 9,5 h in die exponentielle Wachstumsphase eintraten. Das Wachstum verlief von da an ähnlich, die VB +  $\text{Hg}^{2+}$  -Kultur lag gleichsam im Wachstum

5,5 - 6 h gegenüber der VB-Kultur zurück. So erreichte die VB-Kultur einen  $OD_{600\text{nm}}$ -Wert von 1 nach 6 - 6,5 h, die VB+HgCl<sub>2</sub>-Kultur erst nach 12 - 12,5 h. Für beide Kulturen wurden am Ende in der stationären Phase optische Dichten von 4 - 4,4 gemessen.

Der Verlauf der Kurven deutete darauf hin, dass eventuelle Resistenzmechanismen gegen Hg<sup>2+</sup>-Ionen zu Beginn der Kultivierung in Stamm C noch nicht aktiv waren und die



**Abbildung 7.3:** Wachstumskurven von Stamm C in Vogel-Bonner-Medium (VB) und in Vogel-Bonner-Medium mit Zusatz von 7,5 µM HgCl<sub>2</sub>.

Replikation der Bakterien zunächst gehemmt ist. Erst nach einigen Stunden war die Replikation möglich, dann aber mit vergleichbaren Verdopplungsraten wie im Quecksilberfreien Medium. Dies könnte sowohl durch nach einer Anlaufzeit konstant aktive Resistenzmechanismen in C ermöglicht werden, als auch durch Mechanismen, die die Quecksilber-Ionen in den ersten Stunden neutralisieren und dann ein Wachstum wie in reinem VB-Medium erlauben.

Ob während dieses Wachstums ORFs aus PAGI-2(C) exprimiert werden und eventuell zu der beobachteten Hg<sup>2+</sup>-Resistenz von *P. aeruginosa* C beitragen, sollte durch Expressionsanalysen mit Hilfe der PAGI-2(C)-Makroarrays untersucht werden. Von den putativen Quecksilber-Resistenz-Genen in PAGI-2(C) war auf den Makroarrays der ORF C85 (*merA*, putatives Hg<sup>2+</sup>-Reduktase Gen) repräsentiert (s. o.).

### **7.2.2 Transkriptionsanalyse mit PAGI-2(C)-Makroarrays**

Analysiert werden sollte die Transkription von PAGI-2(C)-ORFs bei Wachstum in  $\text{Hg}^{2+}$ -haltigem und bei Wachstum in  $\text{Hg}^{2+}$ -freiem VB-Medium, um durch den Vergleich einen möglichen Einfluss der Quecksilberionen auf die Expression der ORFs detektieren zu können. Für das  $\text{Hg}^{2+}$ -haltige Medium wurden dem VB-Medium  $7,5 \mu\text{M HgCl}_2$  zugesetzt. Die Bakterien wurden jeweils bis in die logarithmische Wachstumsphase hinein kultiviert und bei  $\text{OD}_{600 \text{ nm}} \approx 1$  für die RNA-Isolation geerntet.

Für die Expressionsanalyse wurde ein ähnlicher Ablauf befolgt, wie er innerhalb der Arbeitsgruppe für Expressionsanalysen mit genomweiten *P. aeruginosa* DNA-Chips (Affymetrix) etabliert worden war (F. von Götzt, Dissertation 2003). Dabei wurden für jede Wachstumsbedingung immer drei Bakterien-Kulturen zur RNA-Isolation parallel inkubiert. Durch geringe Abweichungen bei der Anzucht und der RNA-Präparation konnten die Mengen der mRNAs innerhalb der Gesamt-RNA leicht variieren. In die anschließende cDNA-Synthese wurden gleiche Mengen RNA aus jeder der drei Präparationen eingesetzt, um solche Abweichungen möglichst auszugleichen.

Aus den Aliquots der Gesamt-RNAs wurde dann, wie im Abschnitt Material und Methoden beschrieben (siehe Kapitel 2.6.5), cDNA nach der „*random priming*“ Methode erzeugt, diese fragmentiert und mit Hilfe des „Terminal Transferase Kit“ (Roche) DIG-markiert. Mit den markierten cDNAs „VB1“ (Kultur in reinem VB-Medium) und „Hg1“ (Kultur in VB-Medium mit  $7,5 \mu\text{M HgCl}_2$ ) erfolgte dann die Hybridisierung der PAGI-2(C)-Makroarrays.

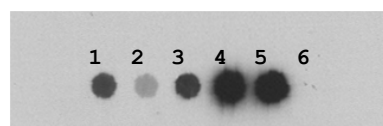
Da Variationen in der Generierung der cDNA und der Hybridisierung auftreten konnten, wurden für beide Wachstumsbedingungen aus jeweils drei weiteren Kulturen erneut RNA isoliert und daraus eine zweite markierte cDNA-Probe („VB2“ und „Hg2“) generiert. Auch mit diesen zweiten Proben wurden Makroarrays hybridisiert.

So konnten pro Wachstumsbedingung zwei Transkriptionsmuster für PAGI-2(C)-ORFs untereinander auf leichte Variationen hin abgeglichen werden, bevor der Vergleich zwischen den verschiedenen Wachstumsbedingungen erfolgte. Für diesen Vergleich standen somit insgesamt vier Hybridisierungsmuster zur Verfügung.

Parallel zu den Makroarrays wurde mit jeder markierten cDNA auch ein sogenannter Kontrollstreifen hybridisiert. Auf diesen Membranen waren jeweils die folgenden sechs PCR-Produkte fixiert (als *dot blot*), die Positiv- und Negativkontrollen für die Transkriptionsanalyse darstellten.

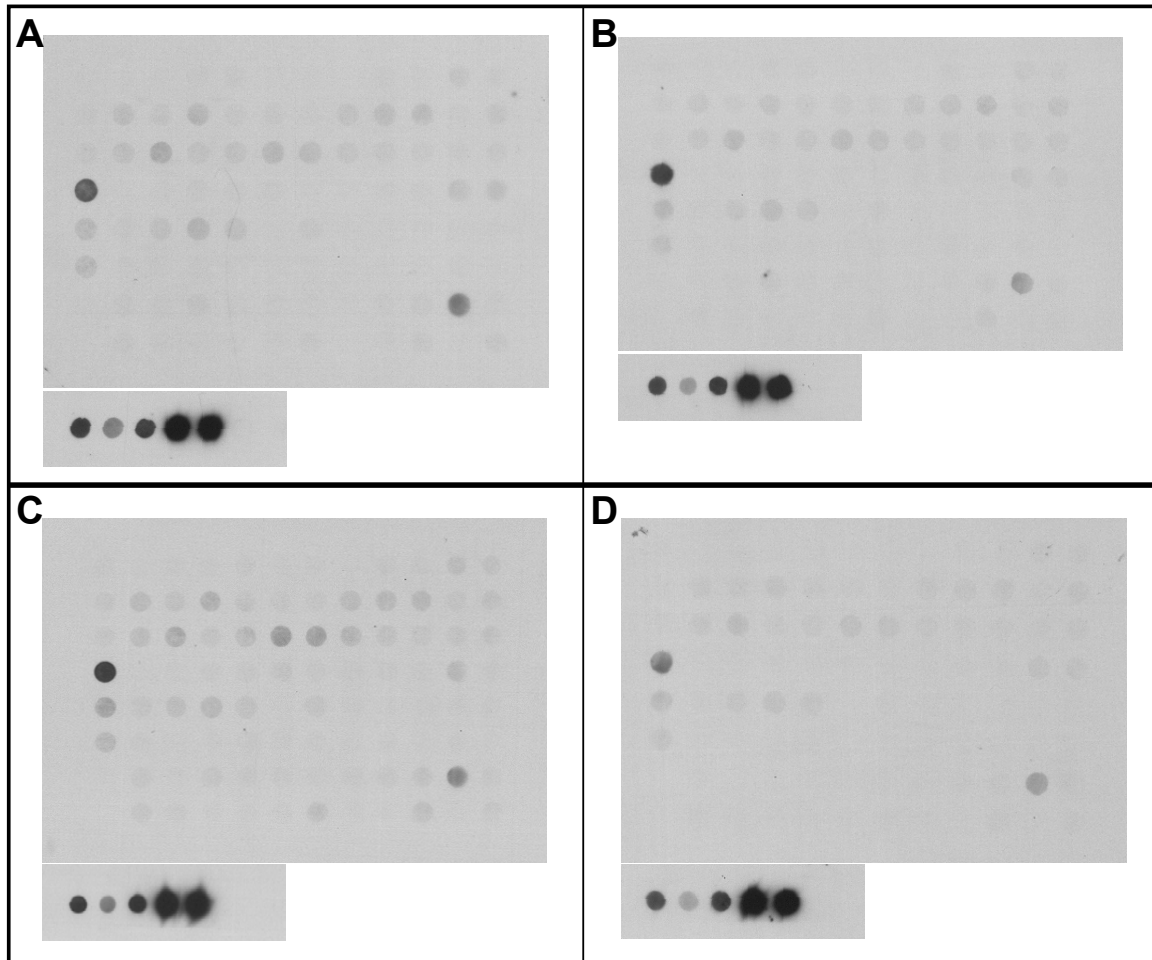
- 1) PCR-Produkt „cit2/3“; 650 bp Abschnitt des Gens *gltA* (Citrat-Synthase), amplifiziert auf genomischer DNA von *P. aeruginosa* C mit den Primern *cit2* und *cit3*
- 2) PCR-Produkt „rpoN“; 833 bp Abschnitt des Gens *rpoN* (RNA Polymerase Sigma-54 Faktor), amplifiziert auf genomischer DNA von *P. aeruginosa* C mit den Primern *rpoNf* und *rpoNr*
- 3) PCR-Produkt „rpsL“; 339 bp Abschnitt des Gens *rpsL* (30S ribosomales Protein S12), amplifiziert auf genomischer DNA von *P. aeruginosa* C mit den Primern *rpsLf* und *rpsLr*
- 4) PCR-Produkt „PA16S1“; 626 bp Abschnitt der 16S rDNA, amplifiziert auf genomischer DNA von *P. aeruginosa* C mit den Primern *PA16Sf1* und *PA16Sr1*
- 5) PCR-Produkt „PA16S2“; 562 bp Abschnitt der 16S rDNA, amplifiziert auf genomischer DNA von *P. aeruginosa* C mit den Primern *PA16Sf2* und *PA16Sr2*
- 6) PCR-Produkt „hobI“; 300 bp Abschnitt des humanen Gens *hob* (*human obese gene*), generiert mit Primern *hob1* und *hob2* auf humaner DNA (Präparation erhalten von Dr. Frauke Stanke)

Die PCR-Produkte 1 – 5 stellten Positivkontrollen dar, da die dazugehörigen Gene bei hochregulierter Proteinbiosynthese in Zellen in exponentieller Wachstumsphase konstant exprimiert werden sollten. Die mittleren Signalintensitäten auf einer Membran konnten sich auch in parallelen Experimenten aufgrund von leicht variierenden Mengen markierter cDNA oder Schwankungen im Detektionsprozess unterscheiden. Daher sollten die Signale auf den Makroarrays gegen die der Positivkontrollen verrechnet werden, um die Ergebnisse aus verschiedenen Experimenten vergleichen zu können. PCR-Produkt 6 diente als Negativkontrolle, die durch die markierte cDNA nicht detektiert werden sollte (siehe Abbildung 7.4). „cit2/3“ und „hobI“ waren ebenfalls als Kontrollpunkte auf den PAGI-2(C) Makroarrays aufgetragen (siehe Kapitel 5.2).



**Abbildung 7.4:** Hybridisierter Kontrollstreifen für Expressionsanalysen. PCR-Produkte generiert auf: 1) *gltA*, 2) *rpoN*, 3) *rpsL*, 4) und 5) *16S rDNA*, 6) *hobI* (Negativkontrolle)

Mit den cDNA Sonden VB1, VB2, Hg1 und Hg2 ergaben sich auf Makroarrays und Kontrollstreifen folgende Hybridisierungsmuster:



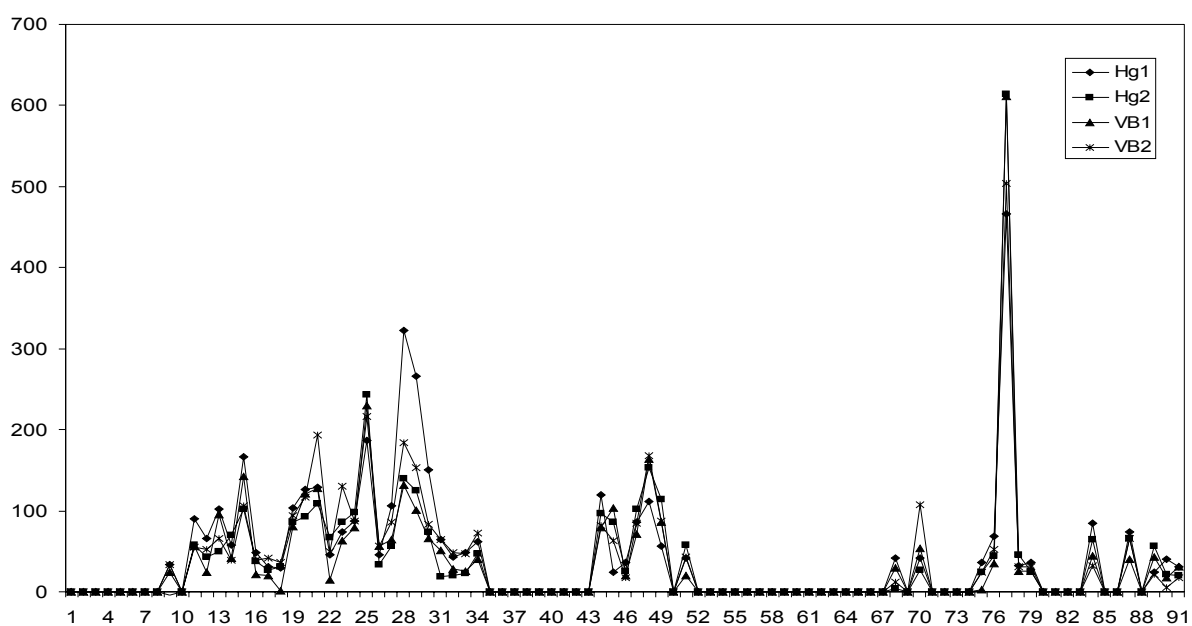
**Abbildung 7.5:** Hybridisierungen von PAGI-2(C)-Makroarrays und Kontrollstreifen mit markierter cDNA.  
 A: cDNA VB1 B: cDNA VB2 (jeweils generiert aus *P. aeruginosa* C, Kultur in VB-Medium)  
 C: cDNA Hg1 D: cDNA Hg2 (jeweils generiert aus *P. aeruginosa* C, Kultur in VB-Medium + 7,5  $\mu\text{M}$   $\text{HgCl}_2$ )

Auf den ersten Blick war kein signifikanter Unterschied zwischen den vier Hybridisierungsmustern zu erkennen. Dies deutete daraufhin, dass der Zusatz von 7,5  $\mu\text{M}$   $\text{Hg}^{2+}$ -Ionen unter den hier überprüften Kulturbedingungen keinen Einfluss auf die Expression der PAGI-2(C)-ORFs hatte.

Dies wurde durch einen quantitativen Vergleich der Signalintensitäten bestätigt: Von den Positivkontrollen konnten nur die Intensitäten der Signale auf dem PCR-Produkt „*rpoN*“ anhand der Schwärzung des Punktes unterschieden werden, die Signale auf den anderen Punkten waren meist zu intensiv (siehe Abbildung 7.5, Kontrollstreifen). Um die Signalintensitäten aus den verschiedenen Experimenten vergleichen zu können, wurden daher die Verhältnisse der Intensitäten der *rpoN*-Signale bestimmt. Mit diesen Faktoren konnten dann die Signalintensitäten der Punkte auf den dazugehörigen Makroarrays verrechnet werden. Beim Vergleich dieser verrechneten Signalintensitäten fielen für keinen Punkt signifikante Abweichungen der Werte auf (siehe Abbildung 7.6). Leichte Unterschiede ergaben sich beim Vergleich der Signalintensitäten aus den Hybridisierungen mit den



„gleichen“ markierten cDNAs VB1 und VB2 sowie Hg1 und Hg2, genauso wie beim Vergleich zwischen Werten aus den VB- und Hg-Experimenten. Demnach wurde die Transkription keines PAGI-2(C)-ORFs während des logarithmischen Wachstums von *P. aeruginosa* C in Vogel-Bonner-Medium durch die Zugabe von 7,5  $\mu\text{M}$   $\text{HgCl}_2$  zum Medium beeinflusst. Auch die Signalintensitäten für den ORF C85 (Punkt in Position 91 auf dem Makroarray, siehe Abbildung 7.6), dessen Genprodukt als Quecksilber-(II)-Reduktase *MerA* annotiert worden war, wichen nur wenig voneinander ab und waren in allen vier Experimenten kaum vom Hintergrund zu unterscheiden.



**Abbildung 7.6:** Vergleich der absoluten Signalintensitäten aus den vier Experimenten (nach Verrechnung mit den Intensitätsverhältnissen der Positivkontrolle *rpoN*). Hg1, Hg2, VB1, VB2: verrechnete Signale nach Makroarray-Hybridisierung mit den entsprechenden markierten cDNAs. Die Werte auf der Ordinate geben die jeweilige Signalintensität als Absolutwert entsprechend der PCBAS-Auswertung mit Editierung an (siehe Kapitel 2.4.7). Auf der Abszisse sind die Positionen der einzelnen ORFs bzw. DNA-Punkte auf den Makroarrays angegeben (siehe Tabelle 5.5).

Eine Vermittlung der für *P. aeruginosa* C beobachteten Resistenz gegen geringe Mengen  $\text{Hg}^{2+}$ -Ionen durch Expression von ORFs aus der PAGI-2(C)-Geninsel konnte demzufolge nicht gezeigt werden. Dies könnte darauf hinweisen, dass die Genprodukte, die die Resistenz vermitteln, in anderen Regionen des Genoms kodiert sind. Wenn Genprodukte der PAGI-2(C)-ORFs trotzdem zu dieser Resistenz beitragen sollten, müssten sie während der *lag*-Phase exprimiert werden. Eine durch  $\text{Hg}^{2+}$ -Ionen induzierte Transkription findet in der exponentiellen Wachstumsphase nicht mehr statt. Nicht auszuschließen ist aber eine Beteiligung von PAGI-2(C)-Genprodukten an Resistenzmechanismen, die die Quecksilber-

Ionen in nicht toxische oder weniger toxische Formen überführen, bevor die Replikation der Bakterienzellen einsetzen kann.

Unter der Voraussetzung, dass alle vier Hybridisierungsmuster unabhängig von der HgCl<sub>2</sub>-Zugabe zum Medium den gleichen Transkriptionsstatus der Bakterien wiedergeben, wurden die Signale der einzelnen DNA-Punkte auf den Makroarrays weiter quantitativ verglichen. Dadurch sollte der Transkriptionsstatus der einzelnen PGI-2(C)-ORFs bei Wachstum in Minimalmedium (VB-Medium) miteinander verglichen werden. Außerdem wurde versucht, die Transkription der ORFs zahlenmäßig mit der des Gens *rpoN* aus der Positivkontrolle zu vergleichen.

Durch Vergleich der Ergebnisse aller vier Experimente wurden zunächst die Signale auf den einzelnen Punkten des Makroarrays als eindeutig oder schwach positive (nur wenig intensiver als der Hintergrund) eingeordnet. Positiv wurden insgesamt 36 Signale bewertet, 15 davon als schwach positiv (siehe Abbildung 7.7). Auf 55 Punkten war kein Hybridisierungssignal und damit für die darin repräsentierten PGI-2(C)-ORFs keine Transkription detektiert worden.

C1	C2	C4	C5	C6	C7	C8	C10	C12	C13	C14	C18
C84	C20	C21	C22	C23	C25	C26	C27	C29	C30	C31	C32
C85	C33	C34	C35	C36	C37	C38	C39	C40	C42	C43	C44
	C45	C46	C47c	C47d	C49	C50	C51	C52	C54/55	C56	C57
	C58	C59	C61	C62	C63	C64	C65	C66	C67	C68	C70
	C71	C72	C73	C74	C75	C76/77	C78	C79	C80	C81	C82/83
	C89	C90	C91	C92	C93	C94	C95	C96	C97	C98	C99
	C100	C101	C102	C103	C104	C105	C106	C107	C108	C110	C111

**Abbildung 7.7:** Schema des PGI-2(C)-Makroarrays mit Hybridisierungssignalen aus der Expressionanalyse. Dunkelgraue Flächen markieren Punkte mit eindeutigen Signalen in allen vier Experimenten, hellgraue Flächen Punkte mit schwächeren Signalen. Insgesamt wurden Signale für 36 Punkte detektiert. Weiße Flächen kennzeichnen Punkte ohne Hybridisierungssignale.

Die meisten der nicht exprimierten Gene gehörten zu den konservierten Abschnitten der Geninsel (siehe Kapitel 1.3). Dies bestätigte wiederum die Hypothese, dass im konservierten Teil vornehmlich Genprodukte für die DNA-Stabilisation, chromosomale Integration und eventuell für die Mobilisierung der Geninsel kodiert sind und die entsprechenden ORFs unter gewöhnlichen Wachstumsbedingungen nicht exprimiert werden.

Die meisten der scheinbar exprimierten Gene gehörten zu den spezifischen „Cargo“-ORFs der Insel. Unter diesen befand sich auch der ORF C14, der als einziger in der früheren Expressionsanalyse (siehe Kapitel 7.1, cDNA-Hybridisierungen auf restriktionsverdauter Cosmid-DNA) detektiert werden konnte. Wie bei dieser Analyse konnte auch jetzt für einige direkt neben C14 lokalisierte ORFs (C12, C13), die zum selben Cytochrom C-Biogenese Operon gehören, keine Transkription nachgewiesen werden.

Die detektierten Transkriptionslevel der zu den 36 positiven Signalen gehörenden ORFs wurden dann mit der Expression von *rpoN* verglichen.

Aus genomweiten Expressionsanalysen mit dem „*P. aeruginosa* Genome Array“ (Affymetrix) war der Transkriptionsstatus des Gens *rpoN* aus *P. aeruginosa* bekannt. Bei Wachstum in Minimalmedien gehörte *rpoN* während der logarithmischen Wachstumsphase zu den weniger stark exprimierten Genen, die detektierte Menge des Transkripts war um den Faktor 5 - 6 geringer als für das Citratsynthase-Gen *gltA* (Daten generiert von Mario Juhas).

Auf den Kontrollstreifen konnte das Signalverhältnis von *rpoN* zu *gltA* in den Hybridisierungen bestimmt werden. Da das *gltA*-PCR-Produkt auch auf dem Makroarray aufgetragen war, wurde mit diesem Signalverhältnis ein „theoretisches *rpoN*-Signal“ für die Makroarrays errechnet. Dieses sollte näherungsweise die Signalintensität beschreiben, die im Makroarray ermittelt werden könnte, wenn Gene in ähnlichen Mengen transkribiert werden wie *rpoN*.

Für die 36 Punkte mit Hybridisierungssignalen wurden die mittleren Intensitäten der Signale aus den vier Experimenten errechnet. Auf diese wurden dann zur Standardisierung die Korrekturfaktoren angewandt, durch die die unterschiedlichen Hybridisierungseigenschaften der DNA-Punkte auf den Makroarrays berücksichtigt wurden. Diese Korrekturfaktoren wurden aus den Auswertungen der Makroarray-Analysen zur Epidemiologie der PAGI-2(C)-Geninsel übernommen (siehe Kapitel 5.5.1). Abschließend erfolgte die Umwandlung der Absolutwerte in relative Signalintensitäten, die das Verhältnis der Signale zum oben beschriebenen „theoretischen *rpoN*-Signal“ angaben.

Diese Werte gaben nun, wenn auch nur ziemlich ungenau aufgrund der Umrechnungen der Signalintensitäten und der Bestimmung des „theoretischen *rpoN*-Signals“, die Transkriptionslevel der 36 exprimierten PAGI-2(C)-ORFs im Vergleich zu *rpoN* an.

Die 36 ORFs wurden anhand dieser Werte in drei Kategorien eingeteilt:

Transkriptionslevel im Vergleich zu <i>rpoN</i>	ORFs
höher (rel. Signale > 1,5)	C98 (rel. Signal 2,06) C34 (rel. Signal 1,53)
ähnlich (rel. Signale 0,7 – 1,5)	C61 (rel. Signal 1,04) C37 (rel. Signal 0,92) C59 (rel. Signal 0,74)
niedriger (rel. Signal < 0,7)	C14, C18, C10, C21, C22, C23, C25, C26, C27, C29, C30, C31, C32, C33, C35, C36, C38, C39, C40, C42, C43, C44, C56, C57, C62, C64, C91, C97, C99, C105, C108

**Tabelle 7.2:** Vergleich der Transkriptionslevel von PAGI-2(C)-ORFs mit *rpoN*.

Da *rpoN* in *P. aeruginosa* während der exponentiellen Wachstumsphase in Minimalmedien auf einem eher niedrigen Level exprimiert wird, musste für die meisten dieser PAGI-2(C)-ORFs auch auf eine eher geringe Transkription geschlossen werden. Dies galt auch für die meisten ORFs aus dem vermeintlichen „Cargo“-Bereich der Geninsel (ORFs C14 – C35) (siehe Abbildung 7.8). Einen etwas höheren Transkriptionslevel wiesen C34 aus dem „Cargo“-Bereich und C98 auf. C98 liegt in einem Abschnitt von PAGI-2(C), der nur in einem Teil der in anderen *P. aeruginosa* Stämmen detektierten Geninseln konserviert ist (siehe Kapitel 5.5.2). In PAGI-3(SG) oder in der SpB-Insertion ist dieser ORF nicht konserviert (siehe Kapitel 1.3 u. 4.2.5)

C1	C2	C4	C5	C6	C7	C8	C10	C12	C13	C14	C18
C84	C20	C21	C22	C23	C25	C26	C27	C29	C30	C31	C32
C85	C33	C34	C35	C36	C37	C38	C39	C40	C42	C43	C44
	C45	C46	C47c	C47d	C49	C50	C51	C52	C54/55	C56	C57
	C58	C59	C61	C62	C63	C64	C65	C66	C67	C68	C70
	C71	C72	C73	C74	C75	C76/77	C78	C79	C80	C81	C82/83
	C89	C90	C91	C92	C93	C94	C95	C96	C97	C98	C99
	C100	C101	C102	C103	C104	C105	C106	C107	C108	C110	C111

**Abbildung 7.8:** Schema des PAGI-2(C)-Makroarrays mit Transkriptionsstatus der ORFs im Vergleich zu *rpoN*. Schwarze Flächen markieren ORFs mit höherer Transkription als *rpoN*, dunkelgraue Flächen ORFs mit ähnlicher und hellgraue Flächen ORFs mit niedrigerer Transkription. Für ORFs in weißen Flächen konnte keine Transkription nachgewiesen werden.

Für C34 und C98 existierten funktionelle Hinweise, ein direkter Zusammenhang zur Expression unter den gewählten Kulturbedingungen ergab sich daraus aber nicht. C34 kodiert eine putative Hydroxybutyryl-Dehydratase *FenO*, C98 einen putativen

Transkriptionsregulator. C98 könnte laut Annotation mit den ORFs C96 und C97 ein Operon darstellen. Für C97 konnte aber nur ein sehr niedriger Transkriptionslevel ermittelt werden, C96 wurde gar nicht exprimiert. Ähnlich wie für die putativen Hg<sup>2+</sup>-Resistenzgene (C85 – C88) existiert auch für diese drei ORFs ein zweiter homologer Gencluster in *R. metallidurans* CH34 (Mergeay et al., 2003). Der betreffende *pbr*-Gencluster, der Resistenz gegen Blei-Ionen vermittelt, umfasst in *R. metallidurans* allerdings drei zusätzliche Gene.

Eine Erklärung für die Expression von C98 während des Wachstums in Minimalmedium lieferte diese Homologie der Operons nicht. Möglich wäre auch, dass das C98-Genprodukt die Transkription von Genen reguliert, die nicht neben dem Regulatorgen selbst, sondern in anderen Regionen lokalisiert sind, eventuell sogar außerhalb der Insel PAGI-2(C).

Zusammenfassend ergab sich aus den durchgeführten Expressionsanalysen das Bild, dass während exponentiellem Wachstums von *P. aeruginosa* C die konservierten ORFs aus PAGI-2(C) nicht exprimiert werden. Nur für wenige Ausnahmen wurden mit Hilfe der Makroarrays geringe Transkriptionslevel detektiert. Für viele spezifische ORFs konnten durch die Makroarray-Analysen geringe Transkriptionslevel detektiert werden, C98 oder C34 wurden auch in einem etwas höheren Maße exprimiert. Eine Beteiligung von PAGI-2(C)-Genprodukten an der beobachteten Quecksilber-Resistenz konnte nicht nachgewiesen werden. Grundsätzlich scheint aber eine vergleichende Expressionsanalyse für PAGI-2(C)-ORFs mit Hilfe der Makroarrays möglich. Auch scheinbar geringe Transkriptionslevel wurden detektiert, so dass Änderungen in der Transkription von ORFs bei verschiedenen Wachstumsbedingungen nachgewiesen werden könnten. Wenn Wachstumsbedingungen gefunden werden, bei denen die Transkription von PAGI-2(C)-ORFs gegenüber den Standardbedingungen variiert, könnten mit weiteren Analysen Transkriptionsdaten für die ORFs gesammelt werden, aus denen sich Rückschlüsse auf die Expressionsbedingungen und funktionelle Hinweise für die dazugehörigen Genprodukte gewinnen ließen.

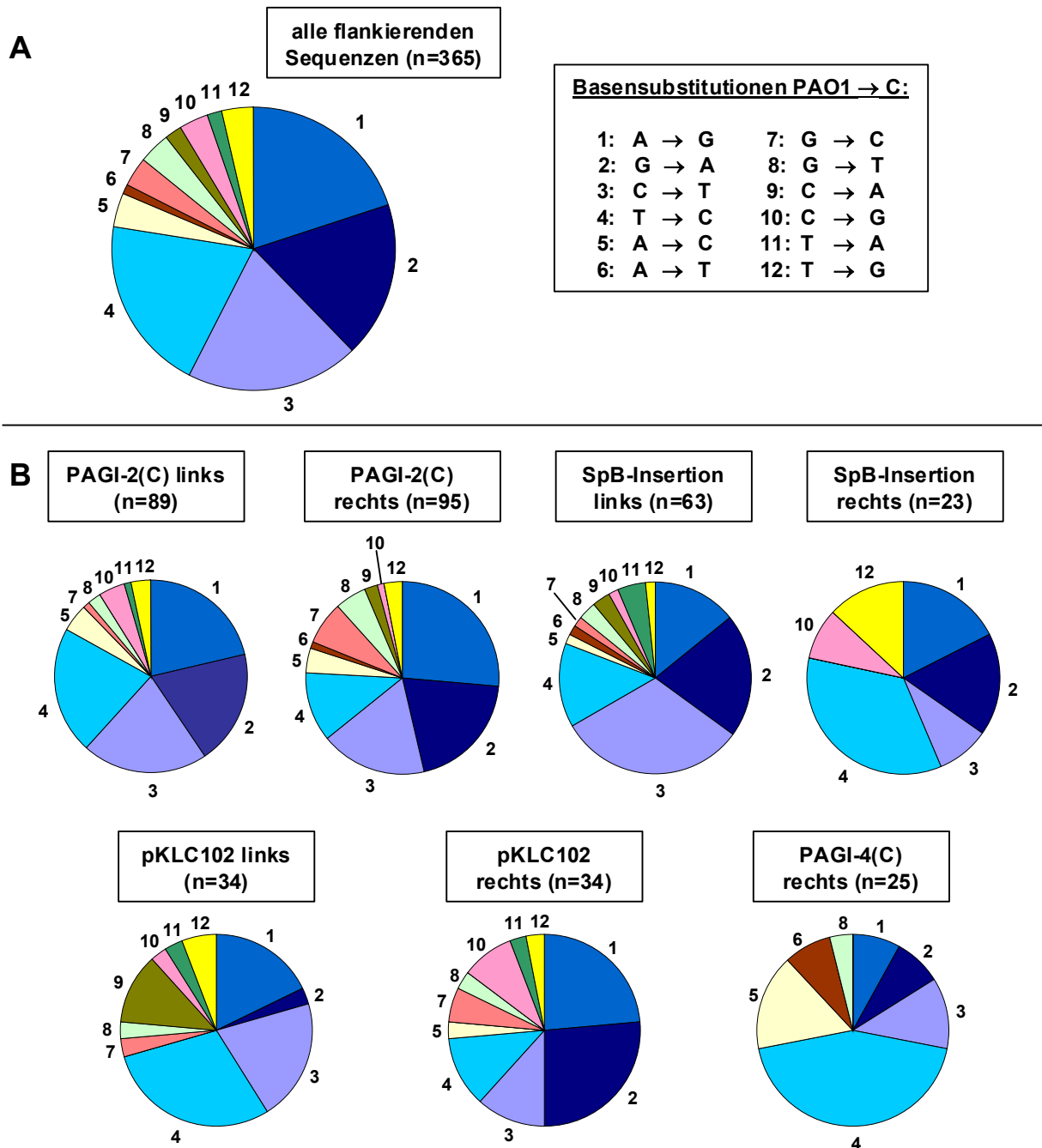
## 8 Sequenzvariation zwischen *P. aeruginosa* C und PAO1

Bei den Sequenzierungen der verschiedenen Geninseln von *P. aeruginosa* C beinhalteten die Ergebnisse auch jedes Mal Abschnitte, die nicht zur eigentlichen Geninsel gehörten. Diese die Inseln flankierenden Abschnitte waren gegenüber der Sequenz des Stammes PAO1 hoch konserviert und stellten spezies-typische DNA dar. Die bekannte flankierende DNA der Geninseln PAGI-2(C), pKLC102 und PAGI-4(C) sowie der SpB-Insertion umfasste zusammen 84578 bp. Für diese Sequenzen wurden die Nukleotidsubstitutionen zwischen der PAO1- und der C-Sequenz bestimmt, um die Sequenzvariation zwischen diesen beiden Stämmen zu beschreiben.

Die DNA-Sequenzen aller analysierten Bereiche aus *P. aeruginosa* C wurden im Anhang (Abschnitt „flankierende Sequenzen“) abgelegt. In Tabelle 8.1 sind die entsprechenden Sequenzen beschrieben und die identifizierten Nukleotidsubstitutionen dargestellt.

	PAGI-2(C) - links	PAGI-2(C) - rechts	SpB-Insel - links	SpB-Insel - rechts	pKLC102 - links	pKLC102 - rechts	PAGI-4(C) - links	PAGI-4(C) - rechts	Gesamt
<b>Größe des flankierenden Bereichs [bp]</b>	19080	27284	5404	3126	8500	10181	298	10705	<b>84578</b>
<b>PAO1-homologer Bereich</b>	3152452 - 3171531	3173600 - 3200883	779907 - 785310	797721 - 800846	5078371 - 5086925	5086926 - 5097106	1060134 - 1060431	1077011 - 1087715	
<b>Sequenz-identität</b>	99,53%	99,65%	98,83%	99,26%	99,60%	99,67%	99,33%	99,77%	<b>99,57%</b>
<b>Basen-substitutionen</b>									
<b>A → G</b>	19	25	9	4	6	8	-	2	<b>73</b>
<b>G → A</b>	17	19	13	4	1	9	-	2	<b>65</b>
<b>C → T</b>	19	17	20	2	7	4	-	3	<b>72</b>
<b>T → C</b>	19	11	9	8	10	4	1	11	<b>73</b>
<b>A → C</b>	4	4	1	-	-	1	-	4	<b>14</b>
<b>A → T</b>	-	1	1	-	-	-	-	2	<b>4</b>
<b>G → C</b>	1	7	1	-	1	2	-	-	<b>12</b>
<b>G → T</b>	2	5	2	-	1	1	1	1	<b>13</b>
<b>C → A</b>	-	2	2	-	4	-	-	-	<b>8</b>
<b>C → G</b>	4	1	1	2	1	3	-	-	<b>12</b>
<b>T → A</b>	1	-	3	-	1	1	-	-	<b>6</b>
<b>T → G</b>	3	3	1	3	2	1	-	-	<b>13</b>
<b>Transitionen</b>	<b>74</b>	<b>72</b>	<b>51</b>	<b>18</b>	<b>24</b>	<b>25</b>	<b>1</b>	<b>18</b>	<b>283</b>
<b>Transversionen</b>	<b>15</b>	<b>23</b>	<b>12</b>	<b>5</b>	<b>10</b>	<b>9</b>	<b>1</b>	<b>7</b>	<b>82</b>
<b>Gesamt</b>	<b>89</b>	<b>95</b>	<b>63</b>	<b>23</b>	<b>34</b>	<b>34</b>	<b>2</b>	<b>25</b>	<b>365</b>

**Tabelle 8.1:** Geninseln flankierende Sequenzen von *P. aeruginosa* C und Nukleotidsubstitutionen gegenüber PAO1. Die Bezeichnungen „links“ und „rechts“ der flankierenden Sequenzen beschreiben die Lage neben der integrierten Geninsel, ausgerichtet in Kolinearität mit dem PAO1-Genom. Die Nukleotidsubstitutionen sind als Austausch von PAO1 nach C dargestellt.



**Abbildung 8.1:** Basensubstitutionen von Stamm PAO1 zu Stamm C in der Umgebung der analysierten Geninseln in Stamm C. Die Substitutionen wurden in Teil A für alle acht flankierenden Sequenzen aufsummiert, in Teil B für die einzelnen Sequenzen dargestellt. Für den Bereich "PAGI-4(C) links" wurde kein separates Diagramm erstellt, da in der kurzen Sequenz nur zwei Basensubstitutionen vorlagen (1x T → C; 1x G → T).

Die Sequenzidentität zwischen PAO1 und C variierte in den verschiedenen Sequenzbereichen nur leicht und betrug insgesamt 99,57 %. Die entsprechende Sequenzdiversität von 0,43 % lag damit in dem für *P. aeruginosa* Stämme üblichen Bereich von 0,3 – 0,5 % (Kiewitz u. Tümmler, 2000; Spencer et al., 2003). Bei den 365 Nukleotidsubstitutionen überwogen deutlich die Transitionen (siehe Abbildung 8.1, blaue Segmente), das Verhältnis von

Transitionen zu Transversionen betrug 3,5 : 1. Dieser Wert lag noch über denen, die bei Stammvergleichen von *P. aeruginosa* (2,5 : 1 (Spencer et al., 2003)) und *E. coli* (3 : 1 (Perna et al., 2001)) oder bei Vergleichen von Markergenen in *P. aeruginosa* und *Salmonella* (3 : 1 (Kiewitz u. Tümmler, 2002)) beobachtet worden waren.

Die vier möglichen Transitionen wurden nahezu gleich häufig detektiert. Innerhalb der möglichen Transversionen waren die Substitutionen A → T und T → A deutlich unterrepräsentiert. Die Zahl der Austausche von A oder T nach G oder C glich in etwa der der umgekehrten Substitutionen (173 bzw. 158). Dies entsprach in etwa den Daten aus Stammvergleichen von *P. aeruginosa*, die auf einen Mechanismus zur Aufrechterhaltung des hohen GC-Gehalts hindeuteten (Spencer et al., 2003). Auf eine gezielte Steuerung wies auch ein Vergleich der detektierten Substitutionen mit den Zahlen hin, die bei einer statistischen Verteilung der Basenaustausche auf der Grundlage eines GC-Gehalts im Genom von 66,6 % zu erwarten gewesen wären (siehe Tabelle 8.2). Laut durchgeführter Analyse waren die Abweichungen zwischen den detektierten und den erwarteten Werten hoch signifikant (hohe  $\chi^2$ -Werte, sehr niedrige *P*-Werte). Sowohl die Zahlen der einzelnen Nukleotidsubstitutionen als auch das Verhältnis von Transitionen und Transversionen wichen eindeutig von einer statistischen Verteilung ab. Die Validierung der Signifikanz der Abweichungen wurde mit dem Programm „Clump.c“ durchgeführt (Sham u. Curtis, 1995)

Basen-substitutionen (n = 365)	detektierte Anzahl	erwartete Anzahl	$\chi^2$	<i>P</i>
Transitionen	283	122	319,1	< 0,00001
Transversionen	82	243		
A → G	73	21	408,9	< 0,00001
G → A	65	41		
C → T	72	40		
T → C	73	21		
A → C	14	20		
A → T	4	20		
G → C	12	41		
G → T	13	40		
C → A	8	41		
C → G	12	40		
T → A	6	20		
T → G	13	20		

**Tabelle 8.2:** Vergleich der Anzahl tatsächlich detektierte Nukleotidsubstitutionen mit den zu erwartenden Zahlen bei statistischer Verteilung. Die Signifikanz der Abweichungen ist durch die Werte  $\chi^2$  und *P* angegeben.



## 9 Geninseln als Quelle der Genomdiversität in *P. aeruginosa*

Die bakterielle Spezies *Pseudomonas aeruginosa* zeichnet sich durch ein breites Spektrum an Morphotypen, metabolische Diversität und ubiquitäre Verbreitung in der Natur aus. Damit einher geht ein hohes Maß an genomischer Variabilität, in *P. aeruginosa* Stämmen kann über 20 % des genetischen Materials individuell unterschiedlich sein.

Die Identifizierung und Analyse klon- und stammspezifischer DNA ermöglicht eine Beschreibung des individuellen genetischen Repertoires und potentieller Charakteristika einzelner Stämme. Gleichzeitig werden dadurch Rückschlüsse auf die grundlegenden Rekombinationsereignisse ermöglicht, aus denen die beobachtete Genomdiversität resultiert. In den Genomen von Stämmen des Klons C, eines in Mitteleuropa bei Mukoviszidose-Patienten dominierend auftretenden Klon, waren drei sogenannte hypervariable Regionen detektiert worden, auf die sich entsprechende Insertions- und Deletionsereignisse im Genom konzentrierten (Römling et al., 1997). In einer dieser Regionen waren in den Stämmen C (CF-Lungenisolat) und SG17M (Umweltisolat) die partiell konservierte Geninseln PAGI-2(C) und PAGI-3(SG) identifiziert, sequenziert und analysiert worden (Larbig et al., 2002).

Für Stamm C konnten auch in den beiden anderen hypervariablen Regionen des Genoms Geninseln nachgewiesen werden, die vermutlich über einen Phagen-ähnlichen Mechanismus in tRNA-Gene inseriert worden waren.

In der hypervariablen Region 2 wird diese Geninsel durch chromosomal integrierte Plasmid-DNA gebildet. In anderen Klon C Stämmen liegt dieses 103,5 kb große Plasmid pKLC102 zusätzlich in episomaler Form vor. In Stamm C wurden an den Übergängen zwischen chromosomaler und Plasmid-DNA auf der einen Seite ein komplettes tRNA<sup>Lys</sup>-Gen, auf der anderen Seite eine Kopie von dessen 3'-Ende (45 bp) identifiziert. Diese wurden in Analogie zur Terminologie von Phagen-Integrationen als *attL*- und *attR*-Sequenzen bezeichnet. Die chromosomale Integrationssequenz *attB* war also in einem tRNA<sup>Lys</sup>-Gen lokalisiert, das bei der Rekombination mit der *attP*-Sequenz der Plasmid-DNA vollständig rekonstruiert wurde (siehe Kapitel 3.2). Die gleichen *attL*- und *attR*-Sequenzen wurden in Klon K nach reversibler chromosomaler Integration des Plasmids identifiziert. Außer dem identischen Integrationsmechanismus konnte für dieses Plasmid auch eine Konservierung des größten Teils des genetischen Materials aus pKLC102 festgestellt werden (siehe Kapitel 3.6). In den *P. aeruginosa* Klonen C und K liegen demnach hoch homologe Plasmide vor.

In Klon K Stämmen konnte die Plasmid-Integration alternativ auch in einem anderem tRNA<sup>Lys</sup>-Gen stattfinden, nicht aber in Klon C. In der vergleichbaren Position im Stamm C

wurde neben dem tRNA<sup>Lys</sup>-Gen stattdessen eine kleinere Geninsel PAGI-4(C) identifiziert. Deren Sequenzanalyse ergab, dass diese Insel aus einem hochkonservierten Fragment des Plasmides pKLC102 und einem vermutlich nachträglich inserierten Transposon besteht (siehe Kapitel 3.5). Diese Insel ist vermutlich durch Rekombinationsereignisse nach einer früherer pKLC102-Integration entstanden, bei der die integrierte DNA vollkommen umgestaltet worden ist. Die Insel PAGI-4(C) stellte das Produkt dieser Rekombinationen dar. Ihre Präsenz scheint eine (erneute) Integration des Plasmides in dieses tRNA<sup>Lys</sup>-Gen zu blockieren.

Auch die in der hypervariablen Region inserierte pKLC102-DNA war in weiterführende Rekombinationsereignisse involviert. In Stamm C und anderen Stämmen aus der gleichen Subgruppe wurde innerhalb dieser DNA ein nachträglich inseriertes, 23 kb großes Integron TNCP23 identifiziert, in dem unter anderem ein Integron mit einer Gentamicin-Resistenzkassette lokalisiert ist (siehe Kapitel 3.4). Durch diese Transposon-Insertion scheint die Integration von pKLC102 irreversibel geworden zu sein, da in diesem Stamm kein episomales Plasmid mehr auftrat. In mehreren Stämmen der Subgruppe waren außerdem die Bruchpunkte von chromosomalen Inversionen in TNCP23 lokalisiert worden.

Das Plasmid pKLC102 stellt somit das Kernelement eines Genomevolutionsprozesses in *P. aeruginosa* Klon C Stämmen dar (siehe Kapitel 3.7), durch den die intraklonale Genomdiversität weiter zunimmt und mit der eventuell die Adaptation an individuelle Habitate einhergeht. Im Verlauf dieses Prozesses ist das ursprünglich reversibel integrierte Plasmid zunächst im Genom fixiert worden. Weitere DNA wurde in die pKLC102-DNA inseriert und schließlich die ursprüngliche Struktur des mobilen DNA-Elements durch Genomrearrangements vollkommen verändert. Auf diese Weise ist aus einem mobilen Element eine chromosomal fixierte Geninsel geworden.

Die Sequenzanalyse der pKLC102-DNA (siehe Kapitel 3.3.2) zeigte einen mosaikartigen Aufbau. Auffällige Bausteine sind vor allem ein 8,5 kb großes Gen, das eine putative cyclo- $\beta$ -(1,2)-Glucan-Synthetase kodiert und einen potentiellen Virulenzfaktor darstellt, so wie ein Operon zur Synthese von Typ IV Pili. Anhand des Aufbaus des Operons und der Identifikation von Genen, die Konjugationsfaktoren kodieren, wurden die Typ IV Pili als Sex-Pili klassifiziert. Die episomale Form von pKLC102 z. B. in Stamm SG17M stellt demnach ein konjugatives Plasmid dar. Außerdem zeigte die pKLC102-Sequenz auffällige Ähnlichkeiten zu den Geninseln PAGI-2(C) und PAGI-3(SG). In pKLC102 wurden 36 ORFs mit Homologien zu PAGI-2(C) identifiziert. Diese partielle Konservierung und der jeweils verwendete Phagen-ähnliche Integrationsmechanismus deuten auf eine Verwandtschaft dieser DNA-Elemente und die Entwicklung aus gemeinsamen Vorläufern hin. Gegenüber PAGI-2(C) ist die Ähnlichkeit von pKLC102 nicht so hoch wie die von PAGI-3(SG). Die Anzahl

homologer ORFs ist geringer, die Integrationssequenz ist innerhalb eines tRNA<sup>Lys</sup>-Gens anstelle eines tRNA<sup>Gly</sup>-Gens lokalisiert und das neben der *att*-Sequenz lokalisierte Integrase-Gen kodiert für einen unterschiedlichen Integrase-Typ (*XerC*). Außerdem wurde auf pKLC102 eine *oriV*-Region identifiziert. In PAGI-2(C) fehlt eine entsprechende Sequenz.

In der dritten hypervariablen Region des Stamm C Genoms wurde eine weitere zu PAGI-2(C) verwandte Geninsel detektiert (siehe Kapitel 4). Für diese vorläufig als SpB-Insertion bezeichnete Insel wurden wie bei PAGI-2(C) an den Übergängen zur chromosomalen DNA ein tRNA<sup>Gly</sup>-Gen und eine Kopie von dessen 3'-Ende identifiziert. Die DNA-Sequenz der ca. 180 kb großen Insertion konnte noch nicht vollständig bestimmt werden, da eine physikalische Lücke im Contig von ca. 35 kb noch nicht geschlossen werden konnte. In den bekannten Sequenzabschnitten wurden erneut Homologe zu nahezu den gleichen PAGI-2(C)-ORFs identifiziert, die auch in PAGI-3(SG) konserviert waren. Ein solches „Set“ konservierter ORFs war in der SpB-Insertion zweimal vorhanden. Dazwischen waren spezifische DNA-Abschnitte positioniert. Die gesamte Insertion besteht demnach aus zwei kombinierten PAGI-2(C)-ähnlichen Geninseln und einem scheinbar separat integrierten Phagen (siehe Kapitel 4.2.7).

Der spezifische Anteil der SpB-Insertion ist zum Teil modulartig aus Abschnitten mit Homologien zu bestimmten Spezies zusammengesetzt. Dies weist erneut auf den mosaikartigen Aufbau der Geninseln auch in den spezifischen Abschnitten hin, wobei die einzelnen Bausteine scheinbar aus unterschiedlichen Quellen akquiriert worden sind. Welche phänotypischen Eigenschaften dem Stamm C durch diese Geninsel vermittelt werden, war anhand der Annotationsergebnisse für die Genprodukte nicht ersichtlich. Auffallend war lediglich eine größere Anzahl kodierter putativer Chaperone und anderer Proteinstrukturen modifizierender Proteine, durch die dem Wirtstamm eventuell Selektionsvorteile unter extremen Wachstumsbedingungen zukommen können.

Für eine genaue Charakterisierung solcher durch die verschiedenen Geninseln vermittelten phänotypischen Eigenschaften fehlen funktionelle Daten zu den kodierten Genprodukten. Daher wurden erste Transkriptionsanalysen für die ORFs aus der Insel PAGI-2(C) durchgeführt. Während des exponentiellen Wachstums von Stamm C wurde dabei keine signifikante Expression dieser ORFs detektiert (siehe Kapitel 7). Dies bestätigte die Vorstellung, dass Proteine, die in Geninseln kodiert sind, nur unter speziellen Wachstumsbedingungen exprimiert werden, unter denen die von ihnen vermittelten Eigenschaften zum Tragen kommen. Eine dementsprechende Expression von ORFs aus PAGI-2(C), die als

Quecksilberresistenzgene annotiert worden waren, konnte bei Wachstum in Gegenwart mikromolarer Mengen  $\text{Hg}^{2+}$ -Ionen allerdings nicht nachgewiesen werden.

Insgesamt waren in allen drei hypervariablen Regionen des Genoms von *P. aeruginosa* C partiell konservierte, in tRNA-Gene inserierte Geninseln identifiziert worden. Diese drei Geninseln weisen zusammen eine Größe von fast 400 kb auf und stellen damit einen großen Teil der stamm- und klon-spezifischen DNA des Stammes C dar. Dies unterstreicht die Bedeutung der chromosomalen Integration von Geninseln in tRNA-Gene als eine der Hauptursachen für die hohe Genomdiversität innerhalb der Spezies *P. aeruginosa*.

Darüber hinaus scheinen die drei Geninseln aus Stamm C und die Insel PAGI-3(SG) durch die Integration verwandter mobiler DNA-Elemente entstanden zu sein. Charakteristisch sind jeweils der Phagen-artige Integrationsmechanismus und große Abschnitte mit homologen ORFs.

Funktionelle Hinweise für einige Genprodukte in den konservierten Bereichen (Protein zur Chromosomenaufteilung (*Soj*), DNA-Topoisomerase, DNA-Einzelstrang-bindendes Protein (*Ssb*)) deuten an, dass die homologen ORFs Proteine für die Stabilisierung und strukturelle Organisation der DNA in den Geninseln und zum DNA-Transfer kodieren könnten und somit eine Art Grundgerüst einer solchen „Familie“ mobiler Elemente bzw. der nach der Integration vorliegenden Geninseln darstellen. In die konservierten Grundgerüste ist individuell unterschiedliches „Cargo“ inseriert, das mit diesen mobilen Elementen transferiert und in das Wirtsgenom integriert werden kann. Das „Cargo“, das für verschiedene Funktionen kodieren kann, ist in den spezifischen Teilen der einzelnen Geninseln lokalisiert.

Durch epidemiologische Untersuchungen wurde eine weite Verbreitung dieser Geninsel-Familie in der Spezies *P. aeruginosa* nachgewiesen. Durch Hybridisierungen eines Makroarrays, auf dem DNA aus der als Referenz gewählten Insel PAGI-2(C) fixiert war, konnten homologe Abschnitte in den Genomen von 31 Stämmen aus einer Auswahl von 71 repräsentativen *P. aeruginosa* Isolaten detektiert werden (siehe Kapitel 5.4). Diese homologen Abschnitte zeigten die Präsenz einer oder mehrerer (partiell) konservierter Geninseln in diesen Stämmen an. Für diese Geninseln konnten jeweils die gegenüber PAGI-2(C) konservierten ORFs detektiert werden und anhand derer eine Zuordnung zu verschiedenen Subtypen innerhalb der Familie erfolgen. Die Geninseln stellten sich so als weitverzweigte Familie dar, in denen je nach dem Grad der Verwandtschaft unterschiedlich viele ORFs aus PAGI-2(C) konserviert waren (siehe Kapitel 5.5.2). Durch einen Vergleich der Konservierungsmuster der verschiedenen Subtypen wurden die auf dem Makroarray

repräsentierten PAGI-2(C)-ORFs als obligat oder potentiell konserviert klassifiziert (siehe Abbildung 9). Die obligat konservierten ORFs ließen dabei Rückschlüsse auf den Umfang des Grundgerüsts an Genen zu, das diese Familie verwandter Geninseln charakterisiert und kennzeichnend für diese Familie mobiler DNA-Elemente ist.

Hervorgegangen sein könnten diese DNA-Elemente aus einem Plasmid-ähnlichen Vorläufer, aus dem durch divergente Entwicklung (Aufnahme verschiedener DNA-Bausteine?) die verschiedenen Subtypen entstanden sind. pKLC102 (und das hoch homologe pKLC106) würde dann eine Form dieser Elemente darstellen, bei der im Laufe der Entwicklung aus dem Vorläufer heraus der Plasmid-Charakter erhalten geblieben ist.

C1	C2	C4	C5	C6	C7	C8	C10	C12	C13	C14	C18
C84	C20	C21	C22	C23	C25	C26	C27	C29	C30	C31	C32
C85	C33	C34	C35	C36	C37	C38	C39	C40	C42	C43	C44
	C45	C46	C47c	C47d	C49	C50	C51	C52	C54/55	C56	C57
	C58	C59	C61	C62	C63	C64	C65	C66	C67	C68/69	C70
	C71	C72	C73	C74	C75	C76/77	C78	C79	C80	C81	C82/83
	C89	C90	C91	C92	C93	C94	C95	C96	C97	C98	C99
	C100	C101	C102	C103	C104	C105	C106	C107	C108	C110	C111

**Abbildung 9.1:** Konservierung von PAGI-2(C)-ORFs in den verschiedenen Subtypen verwandter Geninseln.

Schwarze Felder repräsentieren obligat konservierte ORFs. Dunkelgrau dargestellte ORFs weisen Homologe in den meisten Subtypen auf, hellgrau dargestellte nur in einigen. Weiße Felder zeigen spezifische „Cargo“- ORFs in PAGI-2(C) an.

Durch Datenbankvergleiche wurden weitere partiell konservierte Geninseln auch in Stämmen anderer bakterieller Spezies entdeckt, z. B. in *Burkholderia fungorum* LB400, *Salmonella enterica* serovar Typhi CT18, *Xylella fastidiosa* 9a5c oder in *Xanthomonas axonopodis* (siehe Kapitel 6.3). Als PAGI-2(C)-ähnlich wurden außerdem das *clc*-Element aus verschiedenen *Pseudomonas* und *Ralstonia* Stämmen und die Pathogenitätsinsel PAPI-1 aus *P. aeruginosa* PA14 identifiziert. In mehreren Stämmen von *Ralstonia metallidurans* war die komplette Geninsel mitsamt dem spezifischen „Cargo“ konserviert, im sequenzierten Stamm *R. metallidurans* CH34 mit nahezu 100 % Sequenzidentität.

PAGI-2(C)-ähnliche Geninseln können demnach in verschiedenen bakteriellen Spezies auftreten, sind dabei wie in *P. aeruginosa* nicht auf Stämme aus bestimmten Habitaten beschränkt und treten nicht nur in Isolaten aus lokal begrenzten Regionen auf.

Vertreter der hier beschriebenen Familie mobiler Elemente, aus denen die partiell konservierten Geninseln hervorgehen, können in ein breites Spektrum an Wirtsgenomen

inserteren. Die DNA-Elemente können dabei eventuell als universelles Vehikel für die Integration unterschiedlichster „Cargos“ dienen. So wurden beispielsweise Geninseln mit spezifischen Bereichen identifiziert, in denen Cluster für die Synthese von Pathogenitätsfaktoren (Vi-Kapsel, Insel SPI-7 in *Salmonella enterica* serovar Typhi) oder Gene zur Degradation aromatischer Verbindungen (Gene zum Chlorocatechol-Abbau, *clc*-Element aus *Pseudomonas sp.* B13) lokalisiert waren.

Dementsprechend können weitere bakterielle Spezies auf die Vertreter dieser Familie von Geninseln hin untersucht werden, um so die Verbreitung dieser DNA-Elemente zu charakterisieren. Bei weiteren Analysen sollte jedoch das Hauptaugenmerk auf der Generierung funktioneller Daten für die Genprodukte in den verschiedenen Inseln liegen, um die von den Geninseln vermittelten Eigenschaften charakterisieren zu können. Konkrete Aussagen könnten z. B. durch die Analyse von Mutanten mit einzelnen ausgeschalteten ORFs aus den Geninseln und damit einhergehenden, veränderten Phänotypen getroffen werden. Eine weitere Möglichkeit wäre die Fortsetzung der für PABI-2(C) begonnenen Expressionsanalysen. Konkrete funktionelle Hinweise zu den ORFs ergäben sich aber nur bei Variationen in deren Transkriptionsstatus unter veränderten Umweltbedingungen für den Bakterienstamm. Dementsprechende Kulturbedingungen müssten zunächst identifiziert werden.

Insgesamt zeigt diese Arbeit, dass die chromosomale Integration von Geninseln neben der Aufnahme von Plasmiden und Phagen eine der Hauptursachen für die beobachtete Genomdiversität von *P. aeruginosa* ist, da die in Geninseln lokalisierte DNA einen bedeutenden Anteil der variablen DNA der Genome einzelner Stämme darstellt. Für den Stamm C sind bisher über 350 kb solcher DNA sequenziert und analysiert worden.

Die analysierten Beispiele gehören alle zu einer Familie von partiell konservierten Geninseln, die vermutlich aus verwandten Plasmid-ähnlichen Vorläufern hervorgehen. Geninseln dieses Typs sind in *P. aeruginosa* weit verbreitet und kommen auch in anderen Spezies aus unterschiedlichen Habitaten vor. Somit wurde ein neuer Typ mobiler DNA-Elemente charakterisiert, dessen Vertreter „Cargo“-DNA mit verschiedensten kodierten Funktionen beinhalten und durch horizontalen Gentransfer auch über Spezies-Grenzen hinweg auf andere Bakterienstämme übertragen werden können.

## 10 Abkürzungsverzeichnis

aa	Aminosäuren	mind.	mindestens
AP	alkalische Phosphatase	MOPS	Morpholinopropan- sulfonsäure
bp	Basenpaare	OD	Optische Dichte
BSA	Rinderserumalbumin	ORF	„open reading frame“; mögliches Gen
bzw.	beziehungsweise	PCR	Polymerase-Kettenreaktion
ca.	circa	pot.	potentiell
CF	zystische Fibrose	put.	putativ
d. h.	das heißt	rel.	relativ
dATP	Desoxyadenosin-Triphosphat	rpm	Umdrehungen pro Minute
dCTP	Desoxycytidin-Triphosphat	RT	Raumtemperatur
ddUTP	Didesoxyuridin-Triphosphat	s. o.	siehe oben:
dGTP	Desoxyguanidin-Triphosphat	sp.	Spezies
DIG	Digoxigenin	s. u.	siehe unten
dNTP	Desoxynucleosid-Triphosphat	sog.	sogenannt
dTTP	Desoxythymidin-Triphosphat	Std.	Standard/Standardisierung
dUTP	Desoxyuridin-Triphosphat	Tris	2-Amino-2-(hydroxymehtyl) -aminomethan
EDTA	Ethylendiamintetracetat	U	„Unit“ (Einheit für enzymatische Aktivität)
et al.	und andere (et a)	u.	und
EtBr	Ethidiumbromid	u. a.	unter anderem
EtOH	Ethanol	usw.	und so weiter
evtl.	eventuell	vgl.	vergleiche
g	Erdbeschleunigung (9,81 m/s <sup>2</sup> )	z. B.	zum Beispiel
GC	Guanosin u. Cytosin		
kb	Kilobasenpaare		
kons.	konserviert		
M	molar (mol/l)		
Mb	Megabasenpaare		
min	Minute		

### Abkürzungen für Bakteriengattungen:

<i>B.</i>	<i>Burkholderia</i>
<i>E.</i>	<i>Escherichia</i>
<i>P.</i>	<i>Pseudomonas</i>
<i>R.</i>	<i>Ralstonia</i>
<i>S.</i>	<i>Salmonella</i>
<i>X.</i>	<i>Xylella</i>

## 11 Literaturverzeichnis

- ABREMSKI K, GOTTESMAN S. Site-specific recombination Xis-independent excisive recombination of bacteriophage lambda. *J Mol Biol.* 1981 Nov 25;153(1): 67-78.
- ALLEFS JJ, SALENTIJN EM, KRENS FA, ROUWENDAL GJ. Optimization of non-radioactive Southern blot hybridization: single copy detection and reuse of blots. *Nucleic Acids Res.* 1990 May 25;18(10): 3099-100.
- ALTSCHUL SF, GISH W, MILLER W, MYERS EW, LIPMAN DJ. Basic local alignment search tool. *J Mol Biol.* 1990 Oct 5;215(3): 403-10.
- AUSUBEL FM, BRENT R, KINGSTON RE, MOORE DD, SEIDMANN JG, SMITH JA, STRUHL K. Current Potocols in molecular biology (3 Bände). 1987 – 1995. JohnWiley & Sons, Inc
- AUVRAY F, CODDEVILLE M, ORDONEZ RC, RITZENTHALER P. Unusual structure of the attB site of the site-specific recombination system of *Lactobacillus delbrueckii* bacteriophage mv4. *J Bacteriol.* 1999 Dec;181(23): 7385-9.
- AUVRAY F, CODDEVILLE M, RITZENTHALER P, DUPONT L. Plasmid integration in a wide range of bacteria mediated by the integrase of *Lactobacillus delbrueckii* bacteriophage mv4. *J Bacteriol.* 1997 Mar;179(6): 1837-45.
- BAAR C, EPPINGER M, RADDATZ G, SIMON J, LANZ C, KLIMMEK O, NANDAKUMAR R, GROSS R, ROSINUS A, KELLER H, JAGTAP P, LINKE B, MEYER F, LEDERER H, SCHUSTER SC. Complete genome sequence and analysis of *Wolinella succinogenes*. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2003 Sep 30;100(20): 11690-5.
- BAGDASARIAN M, LURZ R, RUCKERT B, FRANKLIN FC, BAGDASARIAN MM, FREY J, TIMMIS KN. Specific-purpose plasmid cloning vectors. II. Broad host range, high copy number, RSF1010-derived vectors, and a host-vector system for gene cloning in *Pseudomonas*. *Gene.* 1981 Dec;16(1-3): 237-47.
- BALL CA, DOLINSKI K, DWIGHT SS, HARRIS MA, ISSEL-TARVER L, KASARSKIS A, SCAFE CR, SHERLOCK G, BINKLEY G, JIN H, KALOPER M, ORR SD, SCHROEDER M, WENG S, ZHU Y, BOTSTEIN D, CHERRY JM. Integrating functional genomic information into the *Saccharomyces* genome database. *Nucleic Acids Res.* 2000 Jan 1;28(1): 77-80.
- BEABER JW, HOCHHUT B, WALDOR MK. Genomic and functional analyses of SXT, an integrating antibiotic resistance gene transfer element derived from *Vibrio cholerae*. *J Bacteriol.* 2002 Aug;184(15): 4259-69.
- BESEMER J, BORODOVSKY M. Heuristic approach to deriving models for gene finding. *Nucleic Acids Res.* 1999 Oct 1;27(19): 3911-20.
- BETTER M, LU C, WILLIAMS RC, ECHOLS H. Site-specific DNA condensation and pairing mediated by the int protein of bacteriophage lambda. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 1982 Oct;79(19): 5837-41.
- BIRNBOIM HC, DOLY J. A rapid alkaline extraction procedure for screening recombinant plasmid DNA. *Nucleic Acids Res.* 1979 Nov 24;7(6): 1513-23.
- BIRREN BW, LAI E, CLARK SM, HOOD L, SIMON MI. Optimized conditions for pulsed field gel electrophoretic separations of DNA. *Nucleic Acids Res.* 1988 Aug 11;16(15): 7563-82.
- BOLTNER D, MACMAHON C, PEMBROKE JT, STRIKE P, OSBORN AM. R391: a conjugative integrating mosaic comprised of phage, plasmid, and transposon elements. *J Bacteriol.* 2002 Sep;184(18): 5158-69.
- BOTZENHARDT K, DÖRING G. Etiology and epidemiology of *Pseudomonas aeruginosa*, 1-18. In: Campa M, Bendinalli M, Friedmann H (eds.). *Pseudomonas aeruginosa* as an opportunistic pathogen, 1993; Plenum Press New York.
- BRAVENY I, KRUMP-SCHMIDT W. *Pseudomonas aeruginosa* 1985, W Zuckschwerdt Verlag München



- BRIONES G, INON DE IANNINO N, ROSET M, VIGLIOCCO A, PAULO PS, UGALDE RA. *Brucella abortus* cyclic beta-1,2-glucan mutants have reduced virulence in mice and are defective in intracellular replication in HeLa cells. *Infect Immun.* 2001 Jul;69(7): 4528-35.
- BROWN DP, IDLER KB, BACKER DM, DONADIO S, KATZ L. Characterization of the genes and attachment sites for site-specific integration of plasmid pSE101 in *Saccharopolyspora erythraea* and *Streptomyces lividans*. *Mol Gen Genet.* 1994 Jan;242(2): 185-93.
- BRUTTIN A, FOLEY S, BRUSSOW H. The site-specific integration system of the temperate *Streptococcus thermophilus* bacteriophage phiSfi21. *Virology.* 1997 Oct 13;237(1): 148-58.
- BURRUS V, PAVLOVIC G, DECARIS B, GUEDON G. conjugative transposons: the tip of the iceberg. *Mol Microbiol.* 2002 Nov;46(3): 601-10.
- CAMPBELL AM Bacteriophages. In *Escherichia coli and Salmonella: Cellular and Molecular Biology* 2nd edn., 2325 - 2338. Edited by F.C. Neidhardt & others, 1996, Washington, DC: American society for Microbiology
- CAMPBELL AM. Chromosomal insertion sites for phages and plasmids. *J Bacteriol.* 1992 Dec;174(23): 7495-9.
- CASTRO OA, ZORREGUIETA A, IELMINI V, VEGA G, IELPI L. Cyclic beta-(1,2)-glucan synthesis in Rhizobiaceae: roles of the 319-kilodalton protein intermediate. *J Bacteriol.* 1996 Oct;178(20): 6043-8.
- CHO JJ, PANOPOULOS NJ, SCHROTH MN. Genetic transfer of *Pseudomonas aeruginosa* R factors to plant pathogenic *Erwinia* species. *J Bacteriol.* 1975 Apr;122(1): 192-8.
- COSTERTON JW: *Pseudomonas aeruginosa* in nature and disease, 15-24. In: *SABATH CD (ed.). Pseudomonas aeruginosa: the organism, diseases it causes, and their treatment*, 1980; Hans Huber Publishers, Bern.
- DEL SOLAR G, GIRALDO R, RUIZ-ECHEVARRIA MJ, ESPINOSA M, DIAZ-OREJAS R. Replication and control of circular bacterial plasmids. *Microbiol Mol Biol Rev.* 1998 Jun;62(2): 434-64.
- DERETIC V, SCHURR MJ, YU H. *Pseudomonas aeruginosa*, mucoidy and the chronic infection phenotype in cystic fibrosis. *Trends Microbiol.* 1995 Sep;3(9): 351-6.
- DIELS L, DONG Q, VAN DER LELIE D, BAEYENS W, MERGEAY M. The *czc* operon of *Alcaligenes eutrophus* CH34: from resistance mechanism to the removal of heavy metals. *J Ind Microbiol.* 1995 Feb;14(2): 142-53.
- DIELS L, FAELEN M, NIES D. Mercury transposons from plasmids governing multiple resistance to heavy metals in *Alcaligenes eutrophus* CH34 *Arch Intern Physiol Bioch.* 1985;93: 27-28
- DIMOPOULOU ID, RUSSELL JE, MOHD-ZAIN Z, HERBERT R, CROOK DW. Site-specific recombination with the chromosomal tRNA(Leu) gene by the large conjugative *Haemophilus* resistance plasmid. *Antimicrob Agents Chemother.* 2002 May;46(5): 1602-3.
- DOBRINDT U, HOCHHUT B, HENTSCHEL U, HACKER J. Genomic islands in pathogenic and environmental microorganisms. *Nat Rev Microbiol.* 2004 May;2(5): 414-24.
- DORING G, MAIER M, MÜLLER E, BIBI Z, TÜMLER B, KHARAZMI A. Virulence factors of *Pseudomonas aeruginosa*. *Antibiot Chemother.* 1987;39: 136-48.
- DOUGLAS CJ, HALPERIN W, NESTER EW. *Agrobacterium tumefaciens* mutants affected in attachment to plant cells. *J Bacteriol.* 1982 Dec;152(3): 1265-75.
- DUBNAU D. DNA uptake in bacteria. *Annu Rev Microbiol.* 1999;53: 217-44.
- ECHOLS, H., AND G. GUARNEROS. Control of integration and excision, p. 75-92. In: *R. W. Hendrix, J. W. Roberts, F. W. Stahl, and R. A. Weisberg (ed.), Lambda II.* 1983; Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y.
- ERNST RK, YI EC, GUO L, LIM KB, BURNS JL, HACKETT M, MILLER SI. Specific lipopolysaccharide found in cystic fibrosis airway *Pseudomonas aeruginosa*. *Science.* 1999 Nov 19;286(5444): 1561-5.

- EVANS GA, LEWIS K, ROTHENBERG BE. High efficiency vectors for cosmid microcloning and genomic analysis. *Gene*. 1989 Jun 30;79(1): 9-20.
- FEINBERG AP, VOGELSTEIN B. A technique for radiolabeling DNA restriction endonuclease fragments to high specific activity. *Anal Biochem*. 1983 Jul 1;132(1): 6-13.
- FIGGE RM, EASTER J, GOBER JW. Productive interaction between the chromosome partitioning proteins, ParA and ParB, is required for the progression of the cell cycle in *Caulobacter crescentus*. *Mol Microbiol*. 2003 Mar;47(5): 1225-37.
- FIGGE RM, GOBER JW. Cell shape, division and development: the 2002 American Society for Microbiology (ASM) conference on prokaryotic development. *Mol Microbiol*. 2003 Mar;47(5): 1475-83.
- FITZGERALD JR, STURDEVANT DE, MACKIE SM, GILL SR, MUSSER JM. Evolutionary genomics of *Staphylococcus aureus*: insights into the origin of methicillin-resistant strains and the toxic shock syndrome epidemic. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2001 Jul 17;98(15): 8821-6.
- FLUIT AC, SCHMITZ FJ. Class 1 integrons, gene cassettes, mobility, and epidemiology. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 1999 Nov;18(11): 761-70.
- FRANK DW. The exoenzyme S regulon of *Pseudomonas aeruginosa*. *Mol Microbiol*. 1997 Nov;26(4): 621-9.
- GEREMIA RA, CAVAINAC S, ZORREGUIETA A, TORO N, OLIVARES J, UGALDE RA. A *Rhizobium meliloti* mutant that forms ineffective pseudonodules in alfalfa produces exopolysaccharide but fails to form beta-(1----2) glucan. *J Bacteriol*. 1987 Feb;169(2): 880-4.
- VON GÖTZ F. Transkriptomanalyse verschiedener Morphotypen von *Pseudomonas aeruginosa*, isoliert von Patienten mit Cystischer Fibrose/ von Franz von Götz Hochschulschrift: Hannover, Univ., Diss., 2003
- GOLDBERG JB, PIER GB. *Pseudomonas aeruginosa* lipopolysaccharides and pathogenesis. *Trends Microbiol*. 1996 Dec;4(12): 490-4.
- GORIS J, DE VOS P, COENYE T, HOSTE B, JANSSENS D, BRIM H, DIELS L, MERGEAY M, KERSTERS K, VANDAMME P. Classification of metal-resistant bacteria from industrial biotopes as *Ralstonia campinensis* sp. nov., *Ralstonia metallidurans* sp. nov. and *Ralstonia basilensis*. Steinle et al. 1998 emnd. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2001 Sep;51(Pt 5): 1773-82.
- GOVAN JR, DERETIC V. Microbial pathogenesis in cystic fibrosis: mucoid *Pseudomonas aeruginosa* and *Burkholderia cepacia*. *Microbiol Rev*. 1996 Sep;60(3): 539-74.
- GOVAN JR, NELSON JW. Microbiology of lung infection in cystic fibrosis. *Br Med Bull*. 1992 Oct;48(4): 912-30.
- GROTHUES D, TÜMMLER B. Genome analysis of *Pseudomonas aeruginosa* by field inversion gel electrophoresis *FEMS Microbiol. Lett*. 48: 419-422.
- HACKER, J. & KAPER, J. B. (eds) *Pathogenicity Islands and the Evolution of Pathogenic Microbes* 2002; Springer, Berlin.
- HANAHAN D. Studies on transformation of *Escherichia coli* with plasmids. *J Mol Biol*. 1983 Jun 5;166(4): 557-80.
- HANSSON K, SUNDSTROM L, PELLETIER A, ROY PH. IntI2 integron integrase in Tn7. *J Bacteriol*. 2002 Mar;184(6): 1712-21.
- HARDALO C, EDBERG SC. *Pseudomonas aeruginosa*: assessment of risk from drinking water. *Crit Rev Microbiol*. 1997;23(1):47-75.
- HAUG I, WEISSENBORN A, BROLLE D, BENTLEY S, KIESER T, ALTENBUCHNER J. *Streptomyces coelicolor* A3(2) plasmid SCP2\*: deductions from the complete sequence. *Microbiology*. 2003 Feb;149(Pt 2): 505-13.
- HAUSSLER S, TÜMMLER B, WEISSBRODT H, ROHDE M, STEINMETZ I. Small-colony variants of *Pseudomonas aeruginosa* in cystic fibrosis. *Clin Infect Dis*. 1999 Sep;29(3): 621-5.

- HE J, BALDINI RL, DEZIEL E, SAUCIER M, ZHANG Q, LIBERATI NT, LEE D, URBACH J, GOODMAN HM, RAHME LG. The broad host range pathogen *Pseudomonas aeruginosa* strain PA14 carries two pathogenicity islands harboring plant and animal virulence genes. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2004 Feb 24;101(8): 2530-5.
- HOCHHUT B, JAHREIS K, LENGELER JW, SCHMID K. CTnscr94, a conjugative transposon found in enterobacteria. *J Bacteriol*. 1997 Apr;179(7): 2097-102.
- HOLLOWAY BW. Genetic recombination in *Pseudomonas aeruginosa*. *J Gen Microbiol*. 1955 Dec;13(3): 572-81.
- HORAK R, KIVISAAR M. Expression of the transposase gene *tnpA* of Tn4652 is positively affected by integration host factor. *J Bacteriol*. 1998 Jun;180(11): 2822-9.
- HORAN TC, WHITE JW, JARVIS WR, EMORI TG, CULVER DH, MUNN VP, THORNSBERRY C, OLSON DR, HUGHES JM. Nosocomial infection surveillance, 1984. *MMWR CDC Surveill Summ*. 1986;35(1): 17SS-29SS
- INON DE IANNINO N, BRIONES G, TOLMASKY M, UGALDE RA. Molecular cloning and characterization of *cgs*, the *Brucella abortus* cyclic beta(1-2) glucan synthetase gene: genetic complementation of *Rhizobium meliloti* *ndvB* and *Agrobacterium tumefaciens* *chvB* mutants. *J Bacteriol*. 1998 Sep;180(17): 4392-400.
- ITO T, KATAYAMA Y, HIRAMATSU K. Cloning and nucleotide sequence determination of the entire *mec* DNA of pre-methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* N315. *Antimicrob Agents Chemother*. 1999 Jun;43(6): 1449-58.
- KAWARABAYASI Y, HINO Y, HORIKAWA H, JIN-NO K, TAKAHASHI M, SEKINE M, BABA S, ANKAI A, KOSUGI H, HOSOYAMA A, FUKUI S, NAGAI Y, NISHIJIMA K, OTSUKA R, NAKAZAWA H, TAKAMIYA M, KATO Y, YOSHIZAWA T, TANAKA T, KUDOH Y, YAMAZAKI J, KUSHIDA N, OGUCHI A, AOKI K, MASUDA S, YANAGII M, NISHIMURA M, YAMAGISHI A, OSHIMA T, KIKUCHI H. Complete genome sequence of an aerobic thermoacidophilic crenarchaeon, *Sulfolobus tokodaii* strain7. *DNA Res*. 2001 Aug 31;8(4): 123-40.
- KIEWITZ C, LARBIG K, KLOCKGETHER J, WEINEL C, TÜMMLER B. Monitoring genome evolution ex vivo: reversible chromosomal integration of a 106 kb plasmid at two tRNA(Lys) gene loci in sequential *Pseudomonas aeruginosa* airway isolates. *Microbiology*. 2000 Oct;146 ( Pt 10): 2365-73.
- KIEWITZ C, TÜMMLER B. Sequence diversity of *Pseudomonas aeruginosa*: impact on population structure and genome evolution. *J Bacteriol*. 2000 Jun;182(11): 3125-35.
- KIEWITZ C, TÜMMLER B. Similar profile of single nucleotide substitution types in bacteria and human genetic diseases. *Genome Letters*. 2002; 3: 111-114
- KIM, S.-H., AND A. LANDY. Lambda Int protein bridges between higher order complexes at two distant chromosomal loci attL and attR. *Science* 1992; 276: 198-203.
- KOMANO T. SHUFFLONS: multiple inversion systems and integrons. *Annu Rev Genet*. 1999;33: 171-91.
- KRESSE AU, DINESH SD, LARBIG K, RÖMLING U. Impact of large chromosomal inversions on the adaptation and evolution of *Pseudomonas aeruginosa* chronically colonizing cystic fibrosis lungs. *Mol Microbiol*. 2003 Jan;47(1): 145-58.
- LARBIG KD. Intraklonale Genomdiversität in *Pseudomonas aeruginosa* / von Karen D. Larbig Hochschulschrift: Hannover, Univ., Diss., 2001
- LARBIG KD, CHRISTMANN A, JOHANN A, KLOCKGETHER J, HARTSCH T, MERKL R, WIEHLMANN L, FRITZ HJ, TÜMMLER B. Gene islands integrated into tRNA(Gly) genes confer genome diversity on a *Pseudomonas aeruginosa* clone. *J Bacteriol*. 2002 Dec;184(23): 6665-80.
- LAWRENCE JG, ROTH JR. Selfish operons: horizontal transfer may drive the evolution of gene clusters. *Genetics*. 1996 Aug;143(4): 1843-60.
- LIU PV. Extracellular toxins of *Pseudomonas aeruginosa*. *J Infect Dis*. 1974 Nov;130 Suppl(0): S94-9
- LIU SL, SANDERSON KE. Genomic cleavage map of *Salmonella typhi* Ty2. *J Bacteriol*. 1995 Sep;177(17): 5099-107.

- LLOSA M, ZAMBRYSKI P. On the origin and function of pili. *Trends Microbiol.* 1998 Mar;6(3): 98-9.
- LUKASHIN AV, BORODOVSKY M. GeneMark.hmm: new solutions for gene finding. *Nucleic Acids Res.* 1998 Feb 15;26(4): 1107-15.
- LYCZAK JB, CANNON CL, PIER GB. Lung infections associated with cystic fibrosis. *Clin Microbiol Rev.* 2002 Apr;15(2): 194-222.
- MAHENTHIRALINGAM E, CAMPBELL ME, SPEERT DP. Nonmotility and phagocytic resistance of *Pseudomonas aeruginosa* isolates from chronically colonized patients with cystic fibrosis. *Infect Immun.* 1994 Feb;62(2): 596-605.
- MATTICK JS. Type IV pili and twitching motility. *Annu Rev Microbiol.* 2002;56: 289-314.
- MAURELLI AT, FERNANDEZ RE, BLOCH CA, RODE CK, FASANO A. "Black holes" and bacterial pathogenicity: a large genomic deletion that enhances the virulence of *Shigella spp.* and enteroinvasive *Escherichia coli*. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 1998 Mar 31;95(7): 3943-8.
- MERGEAY M, HOUBA C, GERITS J. Extrachromosomal inheritance controlling resistance to cadmium, cobalt, copper and zinc ions: evidence from curing in a *Pseudomonas*. *Arch Int Physiol Biochim.* 1978 May;86(2): 440-2.
- MERGEAY M, MONCHY S, VALLAEYS T, AUQUIER V, BENOTMANE A, BERTIN P, TAGHAVI S, DUNN J, VAN DER LELIE D, WATTIEZ R. *Ralstonia metallidurans*, a bacterium specifically adapted to toxic metals: towards a catalogue of metal-responsive genes. *FEMS Microbiol Rev.* 2003 Jun;27(2-3): 385-410.
- MERGEAY M, NIES D, SCHLEGEL HG, GERITS J, CHARLES P, VAN GIJSEGEM F. *Alcaligenes eutrophus* CH34 is a facultative chemolithotroph with plasmid-bound resistance to heavy metals. *J Bacteriol.* 1985 Apr;162(1): 328-34.
- MORAN NA. Microbial minimalism: genome reduction in bacterial pathogens. *Cell.* 2002 Mar 8;108(5): 583-6.
- MULLER TA, WERLEN C, SPAIN J, VAN DER MEER JR. Evolution of a chlorobenzene degradative pathway among bacteria in a contaminated groundwater mediated by a genomic island in *Ralstonia*. *Environ Microbiol.* 2003 Mar;5(3): 163-73.
- NESVERA J, HOCHMANNOVA J, PATEK M. An integron of class 1 is present on the plasmid pCG4 from gram-positive bacterium *Corynebacterium glutamicum*. *FEMS Microbiol Lett.* 1998 Dec 15;169(2): 391-5.
- NICAS TI, IGLEWSKI BH. Production of elastase and other exoproducts by environmental isolates of *Pseudomonas aeruginosa*. *J Clin Microbiol.* 1986 May;23(5): 967-9.
- NUNES LR, ROSATO YB, MUTO NH, YANAI GM, DA SILVA VS, LEITE DB, GONCALVES ER, DE SOUZA AA, COLETTA-FILHO HD, MACHADO MA, LOPES SA, DE OLIVEIRA RC. Microarray analyses of *Xylella fastidiosa* provide evidence of coordinated transcription control of laterally transferred elements. *Genome Res.* 2003 Apr;13(4): 570-8.
- OLSEN GJ, WOESE CR, OVERBEEK R. The winds of (evolutionary) change: breathing new life into microbiology. *J Bacteriol.* 1994 Jan;176(1): 1-6.
- PALLERONI NJ. *Pseudomonas* classification. *Antonie Leeuwenhoek*, 1993; 64: 231-251.
- PALLERONI NJ. Taxonomy of *Pseudomonads*, In: *Sokatch JR (ed.): The Bacteria, Volume X; The biology of Pseudomonas.* 1986; 3-25.
- PEDERSEN SS, HOIBY N, ESPERSEN F, KOCH C. Role of alginate in infection with mucoid *Pseudomonas aeruginosa* in cystic fibrosis. *Thorax.* 1992 Jan;47(1): 6-13.
- PELLET S, BIGLEY DV, GRIMES DJ. Distribution of *Pseudomonas aeruginosa* in a riverine ecosystem. *Appl. Environ. Microbiol.* 1983; 45: 328-332.

- PENG X, HOLZ I, ZILLIG W, GARRETT RA, SHE Q. Evolution of the family of pRN plasmids and their integrase-mediated insertion into the chromosome of the crenarchaeon *Sulfolobus solfataricus*. *J Mol Biol*. 2000 Nov 3;303(4): 449-54.
- PERNA NT, PLUNKETT G 3RD, BURLAND V, MAU B, GLASNER JD, ROSE DJ, MAYHEW GF, EVANS PS, GREGOR J, KIRKPATRICK HA, POSFAI G, HACKETT J, KLINK S, BOUTIN A, SHAO Y, MILLER L, GROTEBECK EJ, DAVIS NW, LIM A, DIMALANTA ET, POTAMOUSIS KD, APODACA J, ANANTHARAMAN TS, LIN J, YEN G, SCHWARTZ DC, WELCH RA, BLATTNER FR. Genome sequence of enterohaemorrhagic *Escherichia coli* O157:H7. *Nature*. 2001 Jan 25;409(6819): 529-33. Erratum in: *Nature* 2001 Mar 8;410(6825): 240.
- PETERS JE, GALLOWAY DR. Purification and characterization of an active fragment of the LasA protein from *Pseudomonas aeruginosa*: enhancement of elastase activity. *J Bacteriol*. 1990 May;172(5): 2236-40.
- QUINN JP. Clinical problems posed by multiresistant nonfermenting gram-negative pathogens. *Clin Infect Dis*. 1998 Aug;27 Suppl 1: S117-24.
- QUISEL JD, GROSSMAN AD. Control of sporulation gene expression in *Bacillus subtilis* by the chromosome partitioning proteins Soj (ParA) and Spo0J (ParB). *J Bacteriol*. 2000 Jun;182(12): 3446-51.
- RAHME LG, STEVENS EJ, WOLFORT SF, SHAO J, TOMPKINS RG, AUSUBEL FM. Common virulence factors for bacterial pathogenicity in plants and animals. *Science*. 1995 Jun 30;268(5219): 1899-902.
- RAVATN R, STUDER S, SPRINGAEL D, ZEHNDER AJ, VAN DER MEER JR. Chromosomal integration, tandem amplification, and deamplification in *Pseudomonas putida* F1 of a 105-kilobase genetic element containing the chlorocatechol degradative genes from *Pseudomonas sp.* Strain B13. *J Bacteriol*. 1998(A) Sep;180(17): 4360-9.
- RAVATN R, STUDER S, ZEHNDER AJ, VAN DER MEER JR. Int-B13, an unusual site-specific recombinase of the bacteriophage P4 integrase family, is responsible for chromosomal insertion of the 105-kilobase *clc* element of *Pseudomonas sp.* Strain B13. *J Bacteriol*. 1998(B) Nov;180(21): 5505-14.
- RAVATN R, ZEHNDER AJ, VAN DER MEER JR. Low-frequency horizontal transfer of an element containing the chlorocatechol degradation genes from *Pseudomonas sp.* strain B13 to *Pseudomonas putida* F1 and to indigenous bacteria in laboratory-scale activated-sludge microcosms. *Appl Environ Microbiol*. 1998 (C) Jun;64(6): 2126-32.
- RAYNAL A, TUPHILE K, GERBAUD C, LUTHER T, GUERINEAU M, PERNODET JL. Structure of the chromosomal insertion site for pSAM2: functional analysis in *Escherichia coli*. *Mol Microbiol*. 1998 Apr;28(2): 333-42.
- RHAME FS. The ecology and epidemiology of *Pseudomonas aeruginosa*, 31-54. In: *SABATH CD (ed.) Pseudomonas aeruginosa: the organism, diseases it causes, and their treatment*. 1980; Hans Huber Publishers, Bern.
- RIDGWAY HF, SAFARIK J, PHIPPS D, CARL P, CLARK D. Identification and catabolic activity of well-derived gasoline-degrading bacteria from a contaminated aquifer. *Appl Environ Microbiol*. 1990 Nov;56(11): 3565-75.
- ROBBINS JD, ROBBINS JB. Reexamination of the protective role of the capsular polysaccharide (Vi antigen) of *Salmonella typhi*. *J Infect Dis*. 1984 Sep;150(3): 436-49.
- RÖMLING U, FIEDLER B, BOSSHAMMER J, GROTHUES D, GREIPEL J, VON DER HARDT H, TÜMMLER B. Epidemiology of chronic *Pseudomonas aeruginosa* infections in cystic fibrosis. *J Infect Dis*. 1994(A) Dec;170(6): 1616-21.
- RÖMLING U, SCHMIDT KD, TÜMMLER B. Large genome rearrangements discovered by the detailed analysis of 21 *Pseudomonas aeruginosa* clone C isolates found in environment and disease habitats. *J Mol Biol*. 1997 Aug 22;271(3): 386-404.
- RÖMLING U, WINGENDER J, MÜLLER H, TÜMMLER B. A major *Pseudomonas aeruginosa* clone common to patients and aquatic habitats. *Appl Environ Microbiol*. 1994(B) Jun;60(6): 1734-8.
- SAHA, S., HAGGÅRD-LJUNGQUIST E., NORDSTRÖM K. The *cox* protein of bacteriophage P2 inhibits the formation of the repressor protein and autoregulates the early operon. *EMBO J*. 1987; 6:3191-3199.

- SAIKI RK, GELFAND DH, STOFFEL S, SCHARF SJ, HIGUCHI R, HORN GT, MULLIS KB, ERLICH HA. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science*. 1988 Jan 29;239(4839): 487-91.
- SARKAR, D., M. RADMAN-LIVAJA, AND A. LANDY. The small DNA binding domain of integrase is a context-sensitive modulator of recombinase functions. *EMBO J*. 2001; 20: 1203-1212.
- SCHAAL KP. Die Gattung *Pseudomonas*, 464-471. In: BRANDIS H, KÖHLER W, EGGERS HJ, PULVERER G (eds.) *Lehrbuch der Medizinischen Mikrobiologie*, 7. Auflage, 1994; Gustav Fischer Verlag, Stuttgart.
- SCHMIDT KD, TÜMMLER B, RÖMLING U. Comparative genome mapping of *Pseudomonas aeruginosa* PAO with *P. aeruginosa* C, which belongs to a major clone in cystic fibrosis patients and aquatic habitats. *J Bacteriol*. 1996 Jan;178(1): 85-93.
- SCHMIDT, H. & HENSEL, M. Pathogenicity islands in bacterial pathogenesis. *Clin. Microbiol. Rev.* 17, 14–56 (2004).
- SCHWARTZ DC, CANTOR CR. Separation of yeast chromosome-sized DNAs by pulsed field gradient gel electrophoresis. *Cell*. 1984 May;37(1): 67-75.
- SENTCHILO V, RAVATN R, WERLEN C, ZEHNDER AJ, VAN DER MEER JR. Unusual integrase gene expression on the *clc* genomic island in *Pseudomonas* sp. strain B13. *J Bacteriol*. 2003(A) Aug;185(15): 4530-8.
- SENTCHILO, V., A. J. ZEHNDER, AND J. R. VAN DER MEER. Characterization of two alternative promoters for integrase expression in the *clc* genomic island of *Pseudomonas* sp. strain B13. *Mol. Microbiol.* 2003(B); 49:93-104.
- SHAM PC, CURTIS D. Monte Carlo tests for associations between disease and alleles at highly polymorphic loci. *Ann Hum Genet.* 1995 Jan;59 ( Pt 1): 97-105.
- SMITH B, DYSON P. Inducible transposition in *Streptomyces lividans* of insertion sequence IS6100 from *Mycobacterium fortuitum*. *Mol Microbiol.* 1995 Dec;18(5): 933-41.
- SMITH CL, ECONOMO JG, SCHUTT A, KLCO S, CANTOR CR. A physical map of the *Escherichia coli* K12 genome. *Science*. 1987 Jun 12;236(4807): 1448-53.
- SMITH HO, BIRNSTIEL ML. A simple method for DNA restriction site mapping. *Nucleic Acids Res.* 1976 Sep;3(9): 2387-98.
- SOUTHERN EM. Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis. *J Mol Biol.* 1975 Nov 5;98(3): 503-17.
- SPENCER DH, KAS A, SMITH EE, RAYMOND CK, SIMS EH, HASTINGS M, BURNS JL, KAUL R, OLSON MV. Whole-genome sequence variation among multiple isolates of *Pseudomonas aeruginosa*. *J Bacteriol.* 2003 Feb;185(4): 1316-25.
- STOVER CK, PHAM XQ, ERWIN AL, MIZOGUCHI SD, WARRENER P, HICKEY MJ, BRINKMAN FS, HUFNAGLE WO, KOWALIK DJ, LAGROU M, GARBER RL, GOLTRY L, TOLENTINO E, WESTBROCK-WADMAN S, YUAN Y, BRODY LL, COULTER SN, FOLGER KR, KAS A, LARBIG K, LIM R, SMITH K, SPENCER D, WONG GK, WU Z, PAULSEN IT, REIZER J, SAIER MH, HANCOCK RE, LORY S, OLSON MV. Complete genome sequence of *Pseudomonas aeruginosa* PA01, an opportunistic pathogen. *Nature*. 2000 Aug 31;406(6799): 959-64.
- TAGHAVI S, MERGEAY M, VAN DER LELIE D. Genetic and physical maps of the *Alcaligenes eutrophus* CH34 megaplasmid pMOL28 and its derivative pMOL50 obtained after temperature-induced mutagenesis and mortality. *Plasmid*. 1997;37(1): 22-34.
- THOMPSON JD, HIGGINS DG, GIBSON TJ. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Res.* 1994 Nov 11;22(22): 4673-80.

- TOUSSAINT A, MERLIN C, MONCHY S, BENOTMANE MA, LEPLAE R, MERGEAY M, SPRINGAEL D. The biphenyl- and 4-chlorobiphenyl-catabolic transposon Tn4371, a member of a new family of genomic islands related to IncP and Ti plasmids. *Appl Environ Microbiol*. 2003 Aug;69(8): 4837-45.
- TÜMMLER B, KIEWITZ C. Cystic fibrosis: an inherited susceptibility to bacterial respiratory infections. *Mol Med Today*. 1999 Aug;5(8): 351-8.
- TÜMMLER B, KOOPMANN U, GROTHUES D, WEISSBRODT H, STEINKAMP G, VON DER HARDT H. Nosocomial acquisition of *Pseudomonas aeruginosa* by cystic fibrosis patients. *J Clin Microbiol*. 1991 Jun;29(6): 1265-7.
- VALLET I, OLSON JW, LORY S, LAZDUNSKI A, FILLOUX A. The chaperone/usher pathways of *Pseudomonas aeruginosa*: identification of fimbrial gene clusters (cup) and their involvement in biofilm formation. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2001 Jun 5;98(12):6911-6
- VAN DELDEN C, IGLEWSKI BH. Cell-to-cell signaling and *Pseudomonas aeruginosa* infections. *Emerg Infect Dis*. 1998 Oct-Dec;4(4): 551-60.
- VAN HAM RC, KAMERBEEK J, PALACIOS C, RAUSELL C, ABASCAL F, BASTOLLA U, FERNANDEZ JM, JIMENEZ L, POSTIGO M, SILVA FJ, TAMAMES J, VIGUERA E, LATORRE A, VALENCIA A, MORAN F, MOYA A. Reductive genome evolution in *Buchnera aphidicola*. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2003 Jan 21;100(2): 581-6.
- VAN MELLAERT L, MEI L, LAMMERTYN E, SCHACHT S, ANNE J. Site-specific integration of bacteriophage VWB genome into *Streptomyces venezuelae* and construction of a VWB-based integrative vector. *Microbiology*. 1998 Dec;144 ( Pt 12): 3351-8.
- WALKER JM. In: *Methods in Molecular Biology, Bd. 2 Nucleic Acids*, Humana Press, Clifton New Jersey
- WICK MJ, HAMOOD AN, IGLEWSKI BH. Analysis of the structure-function relationship of *Pseudomonas aeruginosa* exotoxin A. *Mol Microbiol*. 1990 Apr;4(4): 527-35.
- WOLFGANG MC, KULASEKARA BR, LIANG X, BOYD D, WU K, YANG Q, MIYADA CG, LORY S. Conservation of genome content and virulence determinants among clinical and environmental isolates of *Pseudomonas aeruginosa*. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2003 Jul 8;100(14): 8484-9.
- YOSHIDA T, KIM SR, KOMANO T. Twelve pil genes are required for biogenesis of the R64 thin pilus. *J Bacteriol*. 1999 Apr;181(7): 2038-43.
- ZHANG XL, TSUI IS, YIP CM, FUNG AW, WONG DK, DAI X, YANG Y, HACKETT J, MORRIS C. *Salmonella enterica* serovar typhi uses type IVB pili to enter human intestinal epithelial cells. *Infect Immun*. 2000 Jun;68(6): 3067-73.

## 12 Anhang

### 12.1 Verzeichnis wissenschaftlicher Publikationen

- **KIEWITZ C, LARBIG K, KLOCKGETHER J, WEINEL C, TÜMMLER B (2000):**  
Monitoring genome evolution *ex vivo*: reversible chromosomal integration of a 106 kb plasmid at two tRNA(Lys) gene loci in sequential *Pseudomonas aeruginosa* airway isolates. *Microbiology*, **146** (10): 2365-2373.
  
- **LARBIG KD, CHRISTMANN A, JOHANN A, KLOCKGETHER J, HARTSCH T, MERKL R, WIEHLMANN L, FRITZ HJ, TÜMMLER B (2002):**  
Gene islands integrated into *tRNA(Gly)* genes confer genome diversity on a *Pseudomonas aeruginosa* clone. *Journal of Bacteriology*, **184** (23): 6665-6680.
  
- **KLOCKGETHER J, REVA O, LARBIG K, TÜMMLER B (2004):**  
Sequence analysis of the mobile genome island pKLC102 of *Pseudomonas aeruginosa* C. *Journal of Bacteriology*, **186** (2), 518-534.



## 12.2 Lebenslauf

Name: Klockgether

Vorname: Jens

Adresse: Einemstr. 1, 30163 Hannover

Tel.: 0511 / 3940064 email: klockgether.jens@mh-hannover.de

Geburtsdatum: 05.10.1973

Geburtsort: Oldenburg (Oldb.)

Eltern: Helmut Klockgether und Anneliese Klockgether, geb. Saathoff

Nationalität: Deutsch

Schulbesuch: 1980 – 1984 Grundschule Wardenburg

1984 – 1986 Orientierungsstufe Wardenburg

1986 – 1993 Graf-Anton-Günther-Schule Oldenburg (Gymnasium)

Schulabschluss: Abitur, 10.05.1993

Wehrdienst: Grundwehrdienst bei der Bundesmarine, 01.07.1993 – 30.06.1994

Studium: Diplom-Biochemie, Oktober 1994 – Dezember 1999 an der Universität Hannover;

Diplomarbeit im Institut für Medizinische Mikrobiologie an der Medizinischen Hochschule Hannover

Promotion: von April 2000 bis Mai 2004 in der Klinischen Forschergruppe „Molekulare Pathologie der Mukoviszidose“ an der Medizinischen Hochschule Hannover (Tag der Disputation: 13. Juli 2004)

von Oktober 2000 bis September 2003 als Stipendiat Mitglied im europäischen Graduiertenkolleg „*Pseudomonas*: pathogenicity and biotechnology“

Hannover, 10.09.04

## 12.3 Primärdaten

### 12.3.1 Geninsel PEGI-2(C)

**Gesamtsequenz von PEGI-2(C), 104954 bp (Pos. 49109 (T) aus altem Contig ausgeblendet)**

AGTTTTGATCTACAGACTTCCACTGACGTCTGTAAGTCATTGAAATTAGGGGCTTCGGCCCTTTTTTCATTCCAGCCAA  
 AGCCACGGAAATCCACCGACAGCCAGCGTTTTTTGAGGCCAAAATTGAGGCCAGAGAATGCGGGTGGTGCCGGTTCCGGGT  
 TGTTGCTGGGGTTGGATCGGGATGACCAGCAGCATTGAGCCTAAGTCTCACGACTTAGGAGTTTGATGATGGCACTCTCT  
 GATCTGACCGTGCGGCAAGCCAAAGGCCGCCAAGAAAACCTACAGCATCCCCGATAACCGATGGCCTCGGCCTGGTGGTCCG  
 CCCCACCGGGCGCAAATCGTGGCACCCTGCGCTACTACTGGCTCGGCAAGCAAAAAACGCATATCCCTGGGCAACTATCCCCG  
 AGATCGGCCTGCGCGAAGCCCACCTTGGCGACGAAGCCAGGGCGCTCCTGGCCCAAGGCATCAACCCCCACACCGAC  
 CGCAAGCAAGAACGGCATGCGGTCAAGCTGGCCTCGGACTACACATTCAAGGCAGTCTTCGATGCTTGGGTGAGCACC  
 CGCAAGGAACTCAAGGAAGGCCGGAACAGCACACTGTCGAGATCAAGCGGATCTTCGAGAAAAGACGTGCTGCCAGCC  
 TCAAGCAGATGTCGATCTATGACATTCGAGGCCGCAACTCCTGGGCGTCTGGCGGGATCGAGAAAGCGGAGGCCCTT  
 ACCACTGCCGAAAAGGTCCGGACCTGGCTGGGGCAGCTATTTCCGCTATGCGCTCGTCATCGTGGGGCATGGAGGCCAA  
 TCCGGCCACGGACCTGGACGTAGTGGCCGAGCCCAAGCCCGGGTGACCCATAACCCCTACCTGCACCTGCCAGGCTTC  
 CCGAGTTCCTCCAGAAGCTCAGGCTCTACAACCCGCGCGGCTGGCAAACCCAGCTCGGTATCCGCTGCTGTTCTTGACC  
 GCGTGCACACCGCGAAGTGGCGTGGCGACCCCGGATCAGTTCGACCTCGACCGTGGGCTTTGGATCATCCCCCGCA  
 GATCGTCAAGCAGCTTCAGGACGAGATGCGCAAAGCGGGGAAGCGGCCGAGGACGTACCGCCCTACATCGTGCCGCTGT  
 CCCTTCAGGCCATCGAGATCGTGGCTACCTCCTGGGGTGTGCGGCCCGCCAGCGCCACCTGCTGACGCACCGCAGC  
 GAACTCAAGAAGCGCATCAGCGAGAACACGCTCAACGCCGCTTGAAGCGGATGGGCTACGAGGACAAAAGTACCGGCCA  
 CGGTATTGTTGGAACCATCTCGACGGCACTCAACGAGATCGGCTATCCCAAGATTTGGGTGGACGCGCAGCTTTGCAAT  
 CCGACCCAAACAAGGTGAGTTGCGCCTACAACCACGCCAAGTACGTGGAACCGCGCCCGGATGATGCAGGACTGGGCC  
 GACCGCCTCGACTTGCTCGAACAGGGCCAAAGTGAAGCGGCCAGCGCGCACCTCACTATCCACATCGAGGGCGTACCGGC  
 CATGGCGGAGGAGGACAAGCCCCGACGCCATCGTTGCAGCTTCTCTGCGCCTCCCGTTCGCGCGGTGGTGCCACCCCA  
 TCGTGTGACGCCGAACGAAGGGGGCATCACCTTCCAACGTTGTGCGAGGTGCCGCCATCCCCGACTCATGCGCCAGAA  
 CCGAGGTGTGCGCCATCCAGCGCGAGCGCGAGGAAATGCTGGCCATCTACGAATCGCCGAGCAGTCTGCCGGTGGCCCT  
 GTTCCGGCAAGTTGGCTGGAAAGTCCAAGGACAGATCAACCGGAGTTGAAGGCGGGCAAGCTGCTCTCCATCAGCCTGG  
 GCAACCGGGGGCAGCGAGTTCCCGATTGGCAACTGGTGCCGCTCAAACACAAGCTGGCCCAGGTGCTCATGCGCCAGTAC  
 CCCCAGGCGGATTATGGGAGCTTTACCGCATGCTGACCCAGCCACATCCCGACCTGGGTGACCGCGCGGCCATCGACAT  
 CGTGACGCCAAGCAATCTGGGCATGGTGGTACAGATCATCGCAGGCAGCGAGCCACATGCGAATGCTCCCGAGGTGCTAC  
 CGCCGCGCCTATCTCCGAAGAGTGGCCAGAGTGTTCGCGCTACATCGATGAGGAGCGCTGTGCTGCTTGGACGGCGCATAG  
 GGTACAGCCTCGCGGGGGCCTTACGGCCCCGCGCTACATCTGCACCGCTGCATGAGTTCGTCAGCAGCTGTGCG  
 GGAGCGAAGGACACGGCGCCGATGCGCCGTCGAGAAATCGAGCAGACGATCATGCATGTCCAGCAGATCGCCGGACGC  
 CTGGCGTCTGCACATCAGGGAACGCTCAGCGCGGGCGCGCTATCGGGTATTGATTTGGACTGCACTATCCTTGGCTACCT  
 GCATCGCTCTGCGCTCGAACCCTCAGAAAACCGCTTAGTTTCGTCTTTGAGGCGCTGCAGATGAGTCACGACCTCGTAG  
 GGCCCTCGGCCAGCGCCGGGCGGTGATCCCCATGCATCAGCGCGCTCGATGCGCGATTGCGCGGTGATCCCGACACC  
 ATAGCCAGCGCCGACCCATAGCGCCAACATGTGAAACGAGGTACATGCTGGACGCTCTGCCGCTTAAAGACGGGAGGG  
 ATGACAGCCGCTGATCCAGTAGTGAGCAGCTTTCTGCCGCGCAGCGAAAACACGGGGTAGTCCAAAAGTTGCGCGATCGTA  
 AGCTTTGTCTGGCGGAGCAAGGGGGACACAATGGCATGGCAACAGCGATGTTCTCGATCCACAAGGGTTGGCTTTTCAG  
 AGACGGAGCGCTTACGGCCCCGAAGCGACATTCCTGCGTCTGTAACGACCTTCATCAATGCCGTCACCAGGTCGTCACTTG  
 ATGTCTCAAAGAACCGCATAGTGAATTTCCGGCTCTTCCGCGCGTTGAGGGCGAGAAGCGAGGAGAAGCATGAGGATGGC  
 ACCCCAGGTGCTATCGCAAGCCTGAGATGGGGAAACTGGCTGGTGGCATCATGCATGCGAGCCCCCAAAGTGTCTGG  
 CCGAGTAGGTGAAGTTGCATCGTGGTCAAGAGTGAAGTTTAAACGCCGTTATCTTTTAAACGTGGTTAATTTTTGGCAGATTGT  
 TTGACGCTTCTGCTAATGCAGAAATCAACCATTAGCCAGGCCGTCTTCTGGCACAACAACGTATGAATCCCGCAGCGGC  
 GACAGCTTTCCGACAGGCCGTCGCGCTGCGCGCTCGCACAAGGAGTCGCGCAAGACGAGTTTCGATCTCGGGCAGGCA  
 TTTCCGCTCGCACATGGGCAAGATCGAGCGTGGAGAGCACGTGCCACGCTGCCCTCATACTGAAAATTTCACTAGCA  
 CTTGGGAAAGCGCGGCTGAATTTGATGGCGGCCACCGAGCGCAATCTTCGTGCCGAAAACCGATCTTTGAGGGTGTCTGCC  
 AGCGGGCCCTTACGCGCTCGCAGAGTCAGTAGGCAGGCAACGATGAAACCGCTCCAGCGAAGCCGACAAAATCACTGCTGTCG  
 CCCCAGCAGCAAGTAAGTCTGATGACGGCTGAATCGATGAGGAGTCCAGGCGGATCACCAGTCCGGGGCTTTGGCAAACCGG  
 AATCTTGTCTCGCCGCGAGAAAGCCGATACCGTAACCAGCACCGCAAGGTGAGCATCATGTCCAGCAGGACACCTCCT  
 CGACGACGTTCAACTTGTGCTCAAGCACCTGCAGCAGTCTGTGAGTTCCCGCAGTAGCCCTCGCACGCATGGGGATCG  
 CACAAGACCAGTGGATGGATCCCGACTTCTTGGAGCGGGACCTTTTTTGTGGGCGAGCAGTGGGTGCCGTCGCCGACGGC  
 AATGACCAATGGATCTCGCCAGATGGGCTCAGCCCGTATGTGTCGCGGACGTCGGCCGATGCGCGAATCCGATCATGA  
 AATCCCCGACCGCAGGCCGCGCAACTGCTCGGCCAGCGGAACTCGGACAGCCGATCTTCGATCTCCGGCTCCTCCGCG  
 CGGCACCGGGCCAGAAATGCCGACAGGGCAGCATCGATTGCCCGCTCGAAATCGCGATGCGCAGACTGCCTCGCAAACC  
 TGCTGCCACGGCCTGGGCGTTTTTTCGCTGCCTGTTTCGAGCACGGTGAACAATCTGCGGATATCTTGAAGAAAAGACAAC  
 CCGCCGACGTCAGCACGGTTCCACGGCGGTTCCGGTCAACAGCACGACCCCTAGCTCGTCTCCAGTTCTTTGATGGCA

CGGGACAAGGGGGGCTGTTTCGATGTGCAGGGCGCTCGGGCGGCGCGGTGAAATGCAACTCTTCAGCCAGGGCCATGAAATA  
 GCGCAGATGTCGTAATTCATGGTCTCAGCCCCCCCATGCCGAACCGGCAGTCGCGTGCTACGCCCGTATGTAGATCCAT  
 CCCGCTTGCTGCATGCGCGCCATCTCGATAACAGCAGGCCCCGTCCAGTACTTCGAGCGGCTCTCTGTTGTCCCTGCCGAT  
 CCGCGAAAGTGTGTTCCGGGCATAACCCAGGTGAGCGCGTTCGAGGTTCGGAAGGTGCCGTGTCCAGGGCGGGCGGACGGCTT  
 GCGCGTTTCGCAACGATGCGCACATCGGCATCGGGCGCCGCGCGCTTGAGATTGGTTGCATTGCTTCGCGCACGCTCAAAG  
 GCTTCTGCCGTGGTGGTGGAGGATCACTTTCAATGTGGGGCGCTGGGTGTCTTGGGTTCATGGTTCGGTTCGGTGGTGCAG  
 TCAGAAGGGTTGTTACGGGGCGCATCTGCTGGGATGCGGATTTCAAGGCGCTTTCAGCATCTCCTCGATGGAGGGGTGG  
 TAGTACGGCATGGCCAGCAGATCGTTGACGGTCTGCTTCGCTGGATCGCCCAAGCGATCAGGTGCGCCAGGTGCTCGCC  
 TTGCGTCAGGAGCATGCTGGCACCGAGCAAGGCGCTGAGCCGGGTTCGGCATAGATGTGCAGCAGGTTTTCCGGAGCAC  
 CAAGAATCTTGGAGCGCCGTTGCGGCTGCCTTCCGCGGTGCGGACGACCGCGCTTCCGACCGCCCTCGTAGGTC  
 ATGCCGACTGCGCACGCATCCGGGTGGTGAACAGGATCGTGATCGGCACGCGCCGGGATGCGCCCGGCCAACTTTCGCC  
 GCGCAAGCTCGCCAGTGCAGGCTTGCCTGCCATCTGACCCTCGTCCGCGGCTCGTGCATCAGAGGGCGATCCGGCTGCA  
 CATCGCCTGCGAAGAAAATCGGCACCTGGGACGGCCCGCAGGCTTCATGGTTCGCGGGTTCGATGCTCGGTTCGGCCAGCC  
 TGATCCAAGGAGATGCCGGCCGCGGCGAGATCGAGCGCCTCGGTATTGGGTTGTCTCCCGTTCACGACGAGAAGCCGATC  
 CACGAGCGCTGCGCTCGCCGGCGCGCATGCGCACCTGGTGCCTTCAAGGCTGACTTCGACGGCGGCGCCCAACCACA  
 TCGGCAACTCGGTCTCGAACCTGGCGATCGCCGCTCCAGGACATCGGGGTCTGGATGCCGCCGATGGCGTCTTTCTGG  
 TCTGCCGCGACCACCTGCACATCCAAGCGAGACAGGGCCAGGCCGAGTTCCAGCCGATGGCGCCAGTCCAGGATTC  
 CATCCGTGCGGGCAGGACGCCAGGTTCGAACAGGGTATCGGTGGTTCAGGATGCGGGAGGCAACGCCGTTCGAGCGCTTTGG  
 GGACCACCGGGCGAGAGCCCGTTCGCCACGATGAAGGCGCTGGCCTCGATCCGTTGTTACCTGCCTGCAAGATGCCCGGC  
 GCGACGAAGCGCGCTTCGGCCATGATCAGGCTCTCGCCAGCCGCTTGCCTGCGCTCGCCTCCGCGGCGGCGCCGGCCAGCGC  
 ATCCCTGGTCTGGCGGGCGTGGGACCATAAGGCTTCGCGCCCTTGGGTTCGATGGCGTGGCGCTCGCTGCCAGTGCCCTTGG  
 CGACCTTCCAGTGCATGCCGGCATGCAGGGCCGCTTTCGAGGGCATGCATCCGACGCGCGCGCAGGTTCGTCCTCCCAATGGC  
 CCCCAGTGCATCAGAACCACCTGTTTGCCTGTCTGCTTTCAGCGCATGGAATGCGGTGCTGCCAGCGGTTCCCGCGCCAAT  
 GATGGCGACATCTACTTTCCTTGTCTGCATTGAATTTTCCCGTCCACAATCAATTAATCGAACATCGGACCTCTAGCCAA  
 CATTGCGCATGAGCATGAGGGCCGCCACGGCCACGAGGTGATCGAAAAACCCCGCTGGAGCATCTTTGAGGGAATCCTG  
 CGTCCAGAACACCGCCGAGCAGATGCCACGAGCGCGCTGAGAACAGCATATGTCAGGCGGGCGCGGTGAGCGTGCATGCG  
 ATGACTCCACGCGATGAACACGGTTACAGCGGACAGCAGCGCATACCAATGAGCGAGGTTCGCGACGATGCTGTGCATGC  
 GCAGCTCGCTGAAATGCGCCAGAGCCGGACGATGATGAATCCGCGCCCAACCCCAACATGCCCCGTCGTCGTCGTCGTCG  
 ACGATGCCGATGCTCCCCAGCGTGGTTCGCTGTTTCGCACGTTCCAGACGAAGCGGCGCGGTGTCCTTGGAGATCTTGCAGAC  
 CCGGGCTGGCTCGTCAGCCAGATCGTCTGCGTCTGGCTGCCGCGAGATGACATGAACATCCGGTAGGCCACCACGAGCA  
 TGATGGCGACGAAGATCAGGTTTCAGCCATCGAGGCGAAAGCCAGTGGGCAAACTGCACGCCAGCGGAGCCGTCACGGCG  
 CCGGCGAGCCGCAACATCATCGCTGCCTTGTACCGAACTACCCCTGGCGCAAGCCCTGCAAAGCGCCAGGGTTCGCGC  
 TGCTCCACGGCGAGCAGCGCCACGGGCGCGGCTGACGGATGTCCATGCCAGGCCGAACACCAGCGCCGGCACCAGCGA  
 AGATGCCCGCCCGGGCGCCAGTCAATCCAGCACGGCTCCGATGATGAGGCCAGCACTCCACCCGTCAGCGAGAGCATA  
 GTGAATGATCCTTTGTGCAATTTCCGTTGAGCAGCCTGAGATGCGGGCTGAGAGAAGCGGCCATCAGGTTTCGGCGCCTGG  
 GCGGCTGGTTTCAGCGCGGCCCCAGCACTTACCCCAATTGCGCCCTTCGCGGCATGCCGTTGTACTTCTTTCAGGATCCCAT  
 TGGGGCCCGTACAACGATGCCGGGCGTCCCCGGAAGCCGTTGCTCGCCATGAGTGCCAGGTTGTCATCGAGGATCTTG  
 CGCACATCGGCAGGCACGCTCTTGGCTGGCGTAATCCCGCCCTGGCCAAACTGCCGCTCGTTCGTCACAAACGCCGCACT  
 CCGGTTCAGGCGCGCCAAGAATGGCCGCGGCTTTGGCCGGGCTGTTCATCCTTTCGATGATGCCTACCAGAATGTGCCGCAACT  
 GGACCTTGCCGGAATCCACCCAGGGGCGTGCAGCTTCCAGAAGGCGTTGCAATAGGGGCGAGTTGGCATCGCTGAAGGTG  
 TAGATGACGCGCGGCGCATCTGCCTTGCCTTCCAGCACCCAGGTGGACGACTGCAGCTGCGACCATTCCTTGTCTGCTGAC  
 CGGCTTGGCGGCGAGCTTTTCCAGGTCCGCTTCGTCATTGGCTTCGCTTCGCTTGGCGTTTCAGGCGAGTTCCACGATGGCAT  
 TGCCATCGCTCGTATGTACACGGCAATGGGCGGTCACCCGAGCAGCGAAGCGCGCAGACCAGCCCGGCACTTTCG  
 AATTCCTGCGTGCAGGCTCAGGCCCTGACCTTCCAGCGCCTTGAGGACGCGCGGCTTGTACGCGCTCTCTGCTTGTGCA  
 GCCGGTACCACCATGAAGCTGGCGGCCAGCAGGAACGAAATGTGCGAGCGTTGTGCAAAACATGGTTACTCTCTTGTCTGT  
 CTTGATCTGTTGGGCTGGCGCAATCGGCGCGACACCGTGTGTTTGGAGCTGGCCATCGTGAGTTTCGCCCAGATGGGTAT  
 CCACCAGGCGTCTTGTCTCATCGAAGAACAAGGTGGTGGGCGAGGCTTCGCGATGCGACGGCTGCATGGTCTGGGAAGCG  
 GGGTTCGAGCAGCACATCCTTTCAGATGCAGGCGTTCGCTCTCAAGAAAGGCGCGGGCTTGTGGGCGCTCTCTCCCTGGTT  
 GACCATGACAAAAGCGATATCGGGATACTGCGCTTGTGCTGCTCGAACACCGGCATCTCGCGACGGCATGGTGGACACC  
 ACGACGCCAGAGGTTGAGCACGACGGGCGCCAGCATAGGAATTCAGGACGACTGGCTGTTTCATCGAGCGTTGCGAGC  
 GTCAACGCTGGCAACGGCGGTGCCGAGCGCTGCAGCAGAGCCAGTACGCCCCGGTAGCAAACAGGCTGCGAGTCCGAC  
 CGCAACTCCCGCCAATACAGGCCGGCGCAATGCCCGAACCGCACGGGTGCGCCACCAGATGAGCGCCAGCGCTGCCAGGA  
 CACCGACCCACCAGAAAAGCCTTGGTTCGCAATGGAATCATGGACATCGGCGACTGCGGTAATCTTCCACCATTGCG  
 GCGATGTAGCCGAGGCGAGCCGCCACAAACCCACAAAAGCGGCGTCCAGCAACATTCCGCCGGCCGCTTGTACGGAGA  
 GTCGGGCAACCGCTTGGCAACCATGCGCGCCACCGCCAGGCCAGCAGGACGGCCAGGAAGACGGCAACGACTTGGACGG  
 AGAACGGACCTACGCTGATCATCAGGAACCTGCCTTGTCCAAGCGCACCCAGGAAGGCGCGGGCATCGATCTCACCAGCA  
 CGCGCAGGTCCCGGCGTTCGGTACCGTCCGGGCCAACAGAAATGAGCGTGGGCGGCCCCATGACACCCCAATGCTTGGAGC  
 AAGGCTGATCGGTTCGATCATTGCGCGTACATCTGGTTCGACGACCTGCATCCGGGCCAGGCGGGACGCGACGGCGGG  
 GTCGCCGAATACGTTGCGTTCGATCACATGGCAACTGACGACACAGTTCGGCGTAGAAGTTCGATCAGGGTCCATTGGCCG  
 GCGAAGCGGCTGTGCCAAATGCGCATCCACGTCCTCGACCGATTTCGCTGCAAGTAAGCGACGCCGCCCGCCGCGGCT  
 GCTGAGCGAAGTTCGAACCCGCGAGGTGGGCGAGGCTGCAATGCCGATTCGCGCCAGAGGCGCGCCGACCCAGCAT  
 CAGGATGGACCACAAGCCGGCGAAGACGGCGCCGAGCGACCATGCCAGCCGATGCTTCGCTGCCACGGCTGGC  
 CCCACGCGATCAGGCCAATCGCCACCGACAAGACCCATGCGCCCCACAGAACCAGGCTGACCGTTCGCGGGCGGAAGCGC

GTCAGCATCATCACGGCCATGCCACCATGACGTAGCCGAATGCCACGCGCACGCGGTCCATCCACGCGCCAGGCCGTGG  
CAGGACCCGGGCACCGAACACGGCGATGGCCAGCAGGGGCAGTCCCATGCCCAAACCCAGCGCGAACAAAGGCCATGCCAC  
CGTAGACCCGCGCTGCCGGTCTGCCCGATGTACAGCAATGCGCCTGCCAATGGAGCGGTCATGCAAGGCCCGACCAGAAGC  
GCCGAGAGGAAGCCAGCGCCGCGCCGCGGAGATGCTCCCGCCGAGCGATCTCTACCGGCGGATTCGACCCGATTGAT  
CAGCGCCGAGGGCATCTGCAGCTCGAACAGGCCGAACAGTGAACCTGCCAGGACCAGGAACAAGGCTGCAAAACGCTCCGA  
GCAGCCAAGGCGATTGCAGTGTGGCTTGCCAGGTTGGCCCCGGCAAGCCAGCGGCCACGCCACCAGCGGGCTAGGTGCC  
GCCATCGCCAGGACATAGGACAGAGAGAGGAAGAAAGCCCCGCGCGCTTGGCTGGCTGCCGACGACCATGGTGGAGAC  
GATGGGGATCATCGGGAGCGAGCATGGTGTGAAAGCGAGCAGCAAGCCGAAGCCAAAAACAGCAGTGTTCACACACGG  
GGCCCAATGCTAGGCGCTGCGCTGCCGCTTGATCCTCTGCCACCTCGGTAGCTCCGCCCAAGCTGACTGTGTTGGTG  
GAGGTCAAAGCCGAACCTCCGCTGTACGGAGTCATTGCCGGTCCGGGATGTGCCGCCACCCTGCCGCCAATGCCACATT  
CATGGTCTGCGGCGGATAGCAGATACCTGCCTCCGCGCACCCCTTGCCAATGCAGTGTGACGGGGCCGGGGCGGTGGCGG  
GAAAGCGCAGATTGAGGGCATCGCCCGTATAGATTTCCGTATCGCCAAAGAATTCGTGCTGTTTTGGCTGTTCTGCCGGA  
AGCGTCAGGCTGACTTCATGGCCCTGCGCATCGACCAACTTGATGGCATGGCGATAAACGTAGTAGCCATCGGCAACGTG  
TCCAGCGGCCGAGAACGAATCGCCCTGCTGCTGCACAGCGTCCAGCTTGAGAACTTCGGCAACGTCCAGAAAATTGCCGCT  
CGCTGCGGCCCCAGGAGGGAAAAAGGCCGCTCCGCCACGCACTGCCGACCGCACAACCACACAGGAGAAAAGATCGCTACG  
ATGCGCCGATAAAAAGCCAAATCCGAGTCTCCAAGCAAAGCTGCCTGGATCATGCGATGACCCGATTAAGCGAAACTAA  
AGGTCCCCCAATGGCCCGTGGGGGACGGGGATGCCATCAAGGCTTTGCGCTTGGCTCTGGTGTGACCATGGGCGAGT  
TCCGCTGCTCCGTCCGGGCCCGTTCAATCCCGGCCGCGACGACTTTCGCCGCTCGGAATCGGGGGCATCATCCCGAG  
CAGCTTCTCCAGTGCAGCATGGCCGTTTGATAGTCCCGCGCTGCACCCGACGAGCGCCGCGCCAGAGTCAGAGGCAGGG  
CTGCATTGGGATCGAGCGACAAGGCGCGCTCAAGCAGACGAGTGGGCTCTCCCTCAAAACCGGAGCCACGGATTCTGGAC  
AGCGACTCCGCGTACTCCGCCAACGCCTGTGGATCGTTCGGACCAGCTCATTGGCGTGGGTGAAGGCATTGACGGCTTG  
CTCATGATCGCCGAAGTAACGGTAGGAACGCGCCAGCATGAGCCAGCCTCCAGGATCATCGGGGTGCTGGGCCAGCCGTG  
CCTGAAGAGAGGGCCACCATTGCTTGCACATCGGTTTGGCTCGTCATGCTCGCGCTGCGAACCTGTGACGGGTCCGTGGCG  
GCCGATTTCCCAGGTACGAATAGGTGAGCGCTGTGCGCATCGGCAGCAGAATGGCGACAGTGTGCTGCCCGCTTGT  
TCCAGCAGGCGGCCCAATTTCAACGGAGGAGCAGCAGTTCATTACGCGCTCGCCGCTGAAGATCAGATCTTGATCGG  
CCAAATTCATGGCCGACACTGCCATTGATGTTGCTCTCTCCAACCTCGCCCAATGATCGCGCAGTACCAGCGAGCTTC  
ACGCTTTCAGGGCAACTTGGTTCGCTCGCACCATGCTCCCTCGCCAGAGAACGAAAGCCATATCGAGACGCTCC  
CACGAGCACCGACGCCAGAGTCAGGAAAACGATGCTCATGTTTCGTCCAGTACATTGTGTGGCGGAGACGACGCGCGT  
CGCGTGTCTGCGCTCCTCTTCATTGAGTGCAGCATGCTTCGGCTTGGGTTTCGGCTGCGCAGATTTCATGACCAAGACCA  
CAATGCCCAAAGCAAGCACACGAACGGGCCAAACCAAAAGCAACATCGTTGTGCGCTTCAAGGGCGGGCGATAGAGCAG  
AAATCGCCGTATCGCTCGACCATATAAGTCCGGATGTGCTCATGCTCTTGGCCGACGGATCTGCTCGCGGATCTGTTG  
GCGCAAGTCAGCGGCAAGATCGGCCTGCGAAGCTGCAATCGATTCAATCTGGCAAACAGGCAACGTAACCTCGGATGCAA  
TGCCAGCATTCCGTCTCGGCCGCTTGGTTCGCTGGCCAGACCGGAGCCGTGAACAGAAAAGAAAAACAATGCCACCCGC  
CAGAGAATCATTCTCAAGCTCCCGCACCGAGCGGACGAGCTCGCCGCGCATTTCCCCCGCTCAATCGCCCCGCTGTG  
TTGTAGCGAATGATGCCTGCCTTATCGATCACATAGGTTTCCGGCACGCCGTACACCCGAAGTCGATGCCGACCGCCCC  
ATGCGCATCGGAGACCGTCTGTTCAAAGGCATTGCCATTGCGCCGTAGCCAGGCGATGGCGTTCTGGGGCGTGTCTTGT  
AGTTCATGCCGACCACCGAAACAGCATGCCTGCTGGCCAATTCGGTGTGACAGGATGCTCCTCAAGACAGGGCGCGCAC  
CAGGAAGCCCACACGTTTTCAGTACCCAAACTTTCCCGATCATGCTCTCGGATGAGAAGGTCAGGTCCGGAGCTTGCAGTTG  
CGGAAGGCTGAAGCGCGGGCGGGCTTGTGATCAAGGGCGATGGCACCTCGCTGGGCTTGGAGCTCAGGCCACTGCCGA  
GGAACGACACCAAGACAAGGAATCCGAGCAGCGGCCATAGGAAACGGTTCATGATGCGGCCTCGGGCAATGGCGGAGCGA  
CGTGTGACGGCGAGGCTTCAGACGGTATCGACGATCGCTGATGGCCAAGCCACCGCCAAGCGCCATCAGGATGCAGCCG  
ATCCAGATCCAGTCAACGAATGGCTTGTGGTAGACACGAACGCTCCAAACACCGTCCCGAGCGGTTCCCGAGCGCCG  
GTAGACGTGGCGCAGTCCGTTTGCATCGATCGCCACCTCGGTATCGGATCTGCGAGGCCGGTAATTCGCTTTTCCG  
GATGACGCCGCGCAAGACCTTCCGCTCGCGGACAGTTTCGATATCGCCTATCTGCGCCCACTGATGGGCCCCCGGTG  
CTTCTGACCCGATCAAAGTGAAGTTCGTAGCCGCGGATGCTGACGGACTCGCCCTGGCCCAATCGAACGTCCTCGCTCGGT  
CTCATACCCACTGACGATGGTACGCCAGTCACGAATACCGCGATGCCAGATGCGCCATATGCATCCCAAGCCAACTGC  
GTGGCTGGGCACGCAACCCGCGCGGGTGGCGCGCATTCGGCCGAAGATGCCCGTACCACCACGACCCGCAATCCACGTG  
GCGAGCATCAAGCCCAACGCCGAGAAAGTACCAGTGGCCAGCAGCAACGGGGCGGTGAGGCCACCAGGGGTGCAGC  
AATCATCGGCACGCGCAACTGCCTGAAGATGGCACCGAACTGGGCGCCTTCCAATGGCGGCGGGTCTTACCAGCAATCA  
GAAGCAACGCGGGGATCATCAATGGCACGAACACCGCATTGAAGTATGGCGGCCCCAGGAGAGCTTGCCAGGCCAGC  
GCATCGACGAGCAGTGGGTACAGCGTACCGAGCGGACAGCGCCGCGAGTGCAGACCAACAGCACATTGTTGACAGCAG  
CAAGGACTCCCTGGAGACCATGTGCAACCGTCTCCCATGCCGACCTTAGGGGCTCGCCATGCGAACAAAGCGAGCGAGC  
TGCCACAATGACCGTCCAGCAGAATCAGAATGAATAACCCGCGTCCGGATCGGTGGCAAATGCATGCACAGAAGTCAGT  
ACGCCCCGAGCGCACCGAAAGGCACCCAAAAGCGAGCAAGAAAATGCGCCGATCGAGAGCAGCACCGTCCAGTTCTTGAA  
ACTGGCCCCGCTTTTCCGTACCCGCCAAAGAGTGGATCAAGGCGGTGCCACCAGCCAGGGGATGAACGACGAGTTCCTCGA  
CCGGGTCCCAAACACCAGCCCCCAGCCCAACTCGTAGTAGGCCACCAACTCCCCAAGGCGATTCCGACCGTCCAGA  
TTTGCCAGGCTGCGGTGGCCAGGGACGAGACCAGCGTGGCCACGTGAGTCCAGTTGTCCGGCAAGCAATGCAGCAAT  
CGCGAATGCGAAGGCCACCGAAAATCCGACGTACCCCATGTAAAGCAGCGGTGGATGAAAAGATCAAGCCGATATCCTGCA  
GGAGCGGATTGATCCCATCCATCTTGGGTACCGGAAAAGTTCGCTCGAAGGGATTGGAGGTCAACAGGACGAACAGC  
AGGAACCTGGCCGTACCCAGGCCGAGCAGCCAGAAAGCGCGCCACCATGGCATCCGGAAGCTGTTTCGACAACCGGCT  
GACCGATAGGCTCAGCCGCTGTCATCAGCATCAGCAGCAGGAGCGCAACCCCTCATGTCGCCCCAGACCGCGCCATT  
TGTAGCCCGAGCGGAGCTGAGAATTGGAGTTTTGAGCAGCAGTAGGCGACCGAGTAGTCTTCGCGACAAAGGCCAGGTG  
AGCGCGGCAAAACCGACCATCACCAACAGGAATTGAGCGCGTGCAGCGGGCGGGCGAACCGCATCCAGGTGAGGTTGGC

TCGCGCCGCGCCGGCCAGGGCAAGAACACCTTGAGCGAGTGCCACGAACAAGGCAGCGATGAGGGCGAGGTGGCCGATTT  
CTGGAATCATGGGTCAAGGCTTCTTGAAGCCGGCTTCTTCTGGACTTCGTCCAGCGCATGCTGGGCCCTCGGGCGGCATG  
TAGTTCTCGTCTGTGCTTGGCCAGCACCTCCTCGGGCGGAAAGAGGGCCGGCACTGTCCAGCCGTCCTTGAACAACCACCCC  
TTTTCTTCACTGAACAGGTGAGGCAAGATGCCCCGAATACGTGACCCGGGATTTGCTTTGACCGTATCGGTGATGACGAACT  
GCACGGCAAGCTCACCACGCTGGCGCTTACAGACTACCTCGTTCCACCATGCCGCCGACTCGAAAAGTGCCTCCAGTGGT  
GCCTCCCCGGCACTGACCTGCGAGGGCGTGAAGAAGAACAAGGTTGCTCTGAAAAGGCATTTAGCACCAGCGCGGTGGC  
GATGCCGAGGGCGGATAGCCCCGGCGACGATGAGTGCATGCGTCTATTTCTGGCTTACGCGCGCCTCCTTGCCAGC  
AATTCGACTGGATGCGCCATAGCGCTGCTCGGCGCCGGCGCCGGAGCATTCGGCATTCAGTCCAGAGCAACACCACCGT  
CGTCAGGGCCGATCCCCAACGTACACGCCATATCCGCCATCGCCACGGAATCACCACACTGGCCAGTTTCATCGCTT  
CACCTCCTCGATGTCTGCGAGCCAGCCGGCGTGTGTTCCGCTTCCAGGATGATGACGCGACACGCGCCAGCCGCGCC  
CAGCCGTGTAAGCCAGGCCGCAAGAACCATGATCAGCATGCCCAACAACATGACCGTCCCATGGAGGGCGAACGAGTC  
AGCGATACCGAGGCGCCCTGGTGAAGGTGTTCCACCCTGCACGGAGAAATAGATCAGAGGGATGTTACCACGCGCCGAC  
CAGTGCCAGCACGGCGCCTGCCCGGTGGCACGGCGACGATCTTCGATCGCCGACTGGAGTGCATGAAAACCGATGTACA  
GAAACAGCAGGACTAGTTTCAAGAGGTGAGCCGCGCATCCAGACCCACCAGGTTCCCCACATCGGCTTTCCCCACAAGGCG  
CCGGTCCACAGAGAAAGGAAGGTGAACAGTGCACCCGTGGGGCCAGCGCCGAGGCCATCATTGCCGACAGGCGGCTGTT  
GAACACCAGGCCAATGCCGGCCAGAACGCCATCGCCAGATAGATGACCATGGACATCCATGAAACCGGCACGTGCAGGA  
AGATGATGCGATAACCCCTCTCCCTGCTGGGCGTGGTGGGTGCCAAGAAGAACCCACATAGACGCCCGCGAGCGACAGC  
GCCGCGGGCTCACGCCGAGCAAGGGACGAGCTTCCCCGCGAGTGGGTAGAACGCCTTGGGAGATGAAAACCTGAACCA  
GTTGACCATACGCTTTCGCTCCTCAGTACTCCAGTGCATGCGCAGCGATGCACTCGCTGCGAATGGCGTGAAGAACGCCG  
CCAAGACGAACACGGCGGGCAGCAAGAGAGGTTGGCCGACGCTCCCTGACCGATGATCGACGCATCGACCGCGCCGGCA  
CCGAAGATCAGCACCGGGATGTAGAGCGGCAGCACACCAGCACAGCAACGAGGACACCCCTGCGCGTACGCCCAGCGTCAG  
CCCCGCGCCGACGGCGCCGATGAGGCTGAGCACCGGCGTACCGATAACGAGCGATGCGGTCAAAAATCCAGAGGGACAAGG  
CAGGCAGGTGCAACTGCAATGCCAGCGCGGGCGCAAGCAAGGCCAAGGGCAAACCGGACAACAGCCAATGCGCCGCGATC  
TTGCCGACGACCAACATGGCCAACGGCGCTGGCGACAGCATCATCTGCTCCAGCGTGCATCGGCGTATCCTGCTCGAA  
CAGGCGATTGAGCGAAAGCATGCTGGCCAGCAACGCCGATACCCACAGGACGCGCCGGAGCGATCCGTGCGAGCATTTTCG  
GCTCGGGCCGATACCCAATGGAACAGACTGACGCCACAGCAAAAGAACGAAAGAGGTATCAGCGCGTCTGACCCCTTCGG  
AGCAAGGCGAGCTTCAAGTCCCGCGCATCACGACAAATACCGGATTTGGCAACGAGGGTCCGCTCATGCCCATCCCG  
ACGGTCTGAGAAGTTTTCAAGGCCAGCTCCTGGTGACTCGTCAGAACGACCATGCCGCCGCTGAGTGGTGGCCGATGGAT  
CAGTTCACCAAGCCATCGCGCACCGAATTGGTCCAGCGCTGTGGAGGGCTCATCGAGAATCCACAACCTTCTCCTGTAGA  
GGAGCAATCGAGCCAGGCTTGCACGACGCTTTTGGCCTTGTGACAACATCCGGAACGGCAAGTGCTGTGCTCGGCCAAG  
CCAACTTCGTCCAACGCTGATTCCACGCATTCGTTGGTGAACCGCTCACAGCGATGGCGCCGCGGCAAGCAGGTTGTC  
CAAGGCATTAGGTCTTCTTTGAGTCCAATGCCATGGCCGTTGTAACAGGTTTCGCGTGGTATTCCTCCACTGGTTGC  
GCAGCGGCTTTCTTTCCACAAGACTCTGCCAGCAGCAGGCGTAGCGAACCTGCAAGCGTTCGCAATAGCGTGGTCTTC  
CCGCTGCCGTTCTCGCCGTGCACCCGACAGGCACTCGCCCGGCACGATCCGAAAGTCAAATGGTCAAACAGGCGGCGCTC  
CCCGCAACGCGCCGAGATCGAGAGCTTCAAGCATGGGCCGGGTATAGTTTCATGCACATGGGCATCCCTGGAAGGTGC  
GCCCTCAAGGGGCAATCTTCAAATCATGTCTTCTCCCGATTAAGTGAAGAATTAGCGGGAACCTTGGCTCCTACCTTGCTG  
TCATTTCTGGCCTAACATGAGCGTGTCAAACAAGCAAATTCAGGTTGGTAGGCGCCATGCGAATACTGTTGGTGGAAAGAC  
GACAAACTGATCGGACGGGGGATCGTGGCCGGTCTGCACAAGCACGGCATCGCGGTGCATCACGTCGGCACCCGAGAGA  
AGCCGAAGCCACGCATGCGGAAGACACCTTCCATGCCCTGGTGTGATCTCGGGCTGCCTGACCGGGACGGCATGGAGT  
TGCTGGCCAGCATGCGGGCCGTGCAACCTCAATTGCCCGTCTGATCCTCACGGCGGGGACGCCATCGAACACAGGCTC  
AAAGGGCTGCATGAAGGTGCCGACGACTACATGATCAAACCGTTCGACCTGCGTGAACCTGCAGCCCGGTTGCATGCGCT  
GGTCAGACGCACGAAGGCCGTGCGGCCAGGTCATCTCGGCCGTCGCTCCTCGCGGCTGGAGCCGGAGAGCGGGCTGGCCT  
GGTCCAGGGCAGCCGCTCTCCTTGTGCGCCGCGAGGTCGATCTGCTGGCCATCTCGCCACGCCGATGGCCGGTGG  
GTCCCGCCGACATGCTCAACGAGCGCTTGTACGGCCTCGGGGAAGAGATCGGCAGCAACGCGTGAATGTGCATATCCA  
CAACATCCGCCGAAGCTCGGCGCCGAAGCCATCGAGACGGTCCGTGGGCTCGGCTATCGGCTGGGCTGGAGGCTTGCAT  
CATGAGCCTGCGGCTGCGCGCCGTTCTGATCGCCGGCATTTCGCTGTTGGTCTGTGGGGCGCTGCCGCCGGCTGGATGA  
TGCGCGGGCTTCAATCCAATCTCGACCGGACCCCTCGACGGTCTGCTTTGCCATGTGCGCACGCATGGTGTGCGGGCTTCTT  
GAACGCGCCGCGCTGGCTCCGAATGCAGCGTCCAACGACTTCACCGAGGCGGTGCGCGTCAGCGGCAAGGAGGGCATCGC  
ATGCGAAATCCGGTCTTTGAGGGAGAGATCCTGGCACGAACGACACCAGGACCTCACTCGGAGTTCGAGTCACTGCCGG  
CCGGCTTACGACGCGGGACGTTTTGGGACATCAGTGGAGGGTCTACGTTCTTCGTGCCAATGGCTACCAGATCACGACG  
GCGGATCGCGTGGATCAGCGGGATATGCTGATCAACGAATTGCTAAGCGTGGCTGGCGTGCCCTTCTTGATTGCCCTTCT  
GGGCGGCTGGCTGCCCTTTGGATCGGCATCGGACGGGGGCTCGCCCCCTGGAGGCTCTGTGCGACGAATTGCGCGACA  
AACACGCGGACGACACGTCCCCGATCGCCGTCAACCATTACCCCTCGGAACCTGCGCCCGGTTCTGGACGCAATGAATGGG  
CTTCTCAAGCGCCTGGCACGGACACTCGCCAGCAACGGGCATTCACCGACGCCGCGGGCGCAGAGCTGCGCACGCCGTT  
GACCGTGCATGCATACGCACCTGCAGGTGGCCCCGATCAGTGAAGGCGACGAGGTGGCGTCCCTCTCTTTCCAGTGCAGAGG  
AAGGCGTGAAGCGGCTGAGGCGCACCTTGGACCAGATGATGATACTGGCCCGCGCCGAGACGCTTGCCGACAAGGCGGAT  
GGTTGCACTTCGGTGGTGCCTTCCGTGCGCGGGCGTGTGGAACAGTGGAAAGGCCGAGAAAAAGAGCGCTTGTGCTTGA  
CGTCAGCGGCGAGGACATCGGAACCCCGGTGCCAAGTCGATGCTGGAAACGGCGGTTTCGCAATCTGGTTGACAACGCGA  
TGCGCTATTTCGCCGCGAGATACGGCCATCGAGGTGGGCGTGTTCCTGGATCCGAATGCACAGCAGTGTGTGATTAGCGTG  
TCGGACCGTGGCCCCGGCTGACTGCCGAGCAGGATGCCAAATTGGCCAACGTTTCTGGCGCGGTGATCAGGGCCGAAA  
GAGCAAGGACGGGGCGGCTGGGCAATTCGATCGTTCCGCGCAATTGCGAGAGATTTGGTGGGGCCCTGAATCTCGAAC  
CCCGGAAGGCGGAGGCTGGTTGCGAAATTTCTCGTCCCAACCGACCCCAAAAAAGGTCAGGCTAGGCTAGGCTGCA  
GGGCGTGGCTTGGATTCAAACCGTAGGTTCCGACCCCTGCCAGGGATAGCGCGGTACAGCCAATGGACGCGAGGCGTGT

GATGTGGTTTCGCCTTCGTTTCGATCCAGCGCCTGACTTCGGAGTAGGCATCCGCCAGGGATCAGGCGCATGGCGGTGCTCG  
TGCGGCTGCCGCTCTTTCGACTACCGTGGGGTCGGGCGCCGTACGAGAGCAGCCAATACTATCCCTACCAGCAACAGGAC  
CGGCTGGTTCGCCATAGCGAACATACGGCGTCAGGCCGCTCATGCCTTGTACGGTTCGCGGACAACACGCCCGGCGGATGTG  
GCGGCAGAGCGGCAACGACCCGTCCTTTTCGGATCGATCGAGGCCGTGATGCCTGTATTTCGTGGAGGTCACCATAGGCCGA  
GCGGTCTCGATGCTGCGCAACCGCCCGATCTGCAGATGCTGGCGAAGCGCCAGGTCTGGCCGAACCAAGCGAGGTTGCT  
CAAGTTCACGAGCACGCTCGCGCCGGGTCCTGCGCCTGGGGTCGGCAGGAGCGACGGGAGCAGCTCGGAACCGAAAACAT  
CCTCGTAGCAAATGTTGAACGCCAAATGCTGATCATTACCGAGAATGGTCTCTGGACCGGGGCTCCACGATCGAAGTCA  
CCCAGCGCATTTTTTCAGCATCCGCGTGAACCACTCGAACCCAGCCGGTACATATTCGCCCCAGGGCACGAGGTGGTGTCT  
GTCGTAGCGTAGCCGGCACGGAGGCGTCGACAAGCTGCTGCAACGGCGTCCCGGAGTCGAAGCCGATGGCGCTGTTGGTGT  
AGCGCGAACTGCCGTGCGCCGCCATGCTGTGCAAAGGGACGCCCATCGCGATCGTGTGCGTGGTTCGCGCTACGTCG  
AGCCAGGTTTTTCAAATCATCGGGTCGAGCTGGTCTTGAATACGGGCACGACGGTCTCTGGCAAGACGATCAGGTCCGG  
ATGCGGCTCTCCGGGGCCCGGTGGCTGTGCGGCCAGCCGCAAGTGAAGTGGCGATGCCGCTTCAAGCAGGGTTCGGGTCGA  
ACTTCTGCGATTGATCGATGTTTCCCTGCACTAGCCTCAGATGCAGCGGCTCGCCTTCGGCCGTCGACCAATCGAGGCCGA  
GTAAGTGTCCATCCCGTGGCGATCAGGATCAGCACCGTCGCCAGCAAAGACACGTTTCGAGCGCATGGAAGCCGCGGCCGG  
ACGCGACAGGAACGCCACGGTCCCCGAGGCGCACGCCGCGAGCAGCGCGACGCCATGCACGCCAGCAACGGCGCCGAGC  
CGACCAAGGGGCTGTCCACATGGGCGTAGCCAATGTTTCAGCCACGAAAGCCCGAGAACAGCACGCCGCGCAGCCATTCC  
GAGGCGGCCAGACAGCTGACCAGACCAGCACTTGTGACAGCGCTGCTCCCCGCGAGTGCAGACTGCAGCCACTTGTCT  
GATCGCGCAGGCAAGAGCGGGAAACAGCGCGAGAAAGGCAGACAGCGCCACGACGCTCGCACCGGCCAGTGGCGCGGACA  
AACCACCGTAGTCATGGATGCTGATGAACAGCCAGTACAAGCCGACCGCAAAATGACGAAGCCGAACGCCCATCCGCGA  
AGGAATGCCTGCCGGCCGCGCTCGGCGGCAAAGCTGGCGCGTGCACAGCACCGCCAGCGGAGGATTTGAACGATGGGCAG  
CGACCACTGGGGCAACGGATCCGGGGCGAACGTCAACGCATGTGCGCTACCGGCAAAACGCCAAGGTTCGCGGCATTTTCGCC  
ACCGCGCAAGCCTGCTCACAGCCTGAGCATTCCAGTGTCTTTTCAGGACGCAGCCGGCTTGGCCTGCATCGACTTGTCA  
CAGACGACGCGGCCCTGCAGCAGCCTGCAGGTGTTTCAGGAGCACCGACGCGCTGCTGGCCAGCATGGCGAGCGCGGGCGC  
AAAGGGCGTCACGCCTGCTTCGAACAGCACGACAATCACGGCGAGGTTGTACACGACGGAAAATGCGAGATTTTCGCCGA  
CGATGCGATCAAACCTGCGAGCCAACTCACGGTCTCGACGACAGCGCCACGCTGCCGTGCGCGATCACCACCCCGGCT  
CGGAAACAGCCAGCACTCGATCCTGGGATGGCGATTCCGAGGTCCTCCGAGGTCGCTGGCCAGGACCACTCGTTGGCGCC  
GTCGCCCACGAATGCGACAGGCGCTGGGCTCTTTGCCACGATGTGCGCTTTTTCTTCGAGAGCAATCGCGCTCGACCC  
GGTCGAAGTCTATGCCAGGTTCAGCCGTCAGGCGTTCGGACGCTGCGCTGGAATCCCCGGTCAGCAACCAGAGTTTTCAAT  
CCCTGCGCACGTAACCGCTGCAGTGACGAACGGGCGTCTGTCGCGAGGGGCATCCTGCAGACGCAAGGAGCCGAGCCAATC  
CCGGCCATTGGCTACGTGTACCAGCCCTGGCAGGCCATCTTCCGGCGGCATGCCCTCGACTCCCAGCGGCGAGCAGCCAAT  
GCCTTTACCCACCCACACGGTCTCGCCGCGGGGACATGCATCGTTCACGCTTTTCGCGCACGCCGTCACCTGGCATCCG  
TCGGGCTCGCACGCGCTGCTCATTCCAGACTGCCGGCCGCGAGGACCACCGCTGTGCAATGGGGTGCAGCAGCCGGC  
CTCGGCCCTTGGCGAAGGTTCGATGAGGTCTGTTTCGGCCCCCGTGCCTGCTGGATGCTGACGATACGCATCTGAC  
CGCACGTCAATGTGCCGGTCTTGTGCAACGCCATGATCCTTGCCTGGCGAGCGCTTCGACGCTCGCGGAGTCTCTCAGG  
AGGACGCCGCGCCGCGCGGCCCTCGCGGCAGGTAAGGCGTAGGCCAGCGGCATCGCCAGACCGACCGCGCAAGGGCAGGC  
TGCGACCAGAAGGCTCAGCGCACCGAGCAACGCCTGGTCTGCGCTTTCAGCCGTTCCACAGGTAATGGACGAAGGCGAGCA  
GAGATGCCGTACCACGACCGGGAGCAGTATCCGGACGAAGCGCTCGGCCGCTTCGGACAACGACGAACGAGCGCCAAAC  
AGCTCAAGCATGCGCAGGCCGAGCACGTCCAATCGTCCGGTCCCCCGCACCGGCGGTTCAGTGGACCGTTCAGAGGTCGCGG  
CAGGTTACCGACCCGGCGAAGACCCGTTTCGCCAGGCTGAACGCTGCGAGGCGCGGACTCGCCTTTCAGCAGCGAGAGAT  
CGACGGCCGACTGTCCCGCTACGACGATGCCATCGACCGCGATGCGCTCGTTGGCGGTATCAAAAAGGATACACCGGGC  
GCGAGCTCTGCCAGCAGGACGGTGTCTTCGGCCTTTTCGCCGCGGCGAGAAGTCAGCTTCGTTCGCGGTTTTCGGCGCAAG  
GCTGCGCAATGCTTGTACGGCAAGTCCGCTCTCCTGCCGGCATGGATTTTCGATCAATCTTCCGATCAGCAGAAAAGTGA  
TCAACATGTTGGCGGCTCGGTGTAATCGCCACGGAACCCCATGGCAGGACCCGACACAAAGAGGGAGCCAAAG  
ACAGCAACAGAGGCAAGACGTCATCCTGCGATCCCGCGCGCAGCGAACCGGGCGCGGCTGAGAAATCCCAACGC  
CGAATATCCGACGACGGGAAGGCTTGTACGACGCTGGCCAGGCGATGACGAGCGCCCGGCTCGTTCGGCGTTTCAGGT  
AAAGCACCCATGAGCCAGCATGCTCCACATCCCGAAGACGACCGCGACGGTCAACTGCAAGCGGATCTTCTGGCCTGC  
CGCTGCAGGGCCGCTTCCAGCTCGTTCGCTGCTTTTCAACGGGGACAGTGCCTAGCCAGACCCCTCGGCCTTTCGCGAGCAG  
CAAGGGGAAGTGCATCGACTCCGGGACCCAGGTACCAGCGCCGAACCGGAGGTGAAATTCACCGTTCGCCGAGACCACGC  
CGGGCACACGCTGCAGGACGCGCTGCAAGGCCATCGCACAGCTCACGCACAAAGCCCGTCTACGAAAAACACCATCCGG  
CCCGCCACACGGGCTGCTCATAGTCGAAATCCCCACCGAACTACGGTCCGCTCTTGGCATCCGTTCCAACCCCAAGCA  
GTTTTCCGCCACGACCTTCCCGTAGTAGCTTTGCTCACCTTCGTGGTATTTCTCCAGCGCTCAGCCACGGTTCCGGTC  
TGGCGTGTGCTCTTGGGGCGTTTCGTGGCTGTTGATGAATGCCGCCAGTCCCAGGCTCCTGTTCTGTCAGACTGTATGG  
CTTTCCAAGCGGCATGTTTCGCCAGATAAAGCCCGCTGCAGTATCGATGCGGGCCATGCCGGCGCCCCAGTTGTACGACT  
CGGGTCCCCAAAGCGGGGAAATCTCATCTTCCGTTTTTCTCCCGCTGCCCTGTCCATCAGGACCATGGCACAGTGGC  
CAATTTTGTGATAGACCGCCAGACCTCGGCCACGTCGTAGTTCGCTTTTGGTTTTTCGGCACCTTGGGATAGAGCGCTCC  
GCGCGGCTTGTGTCGGCGGGCAGCCCATCGGCCATCCAGGCCATATAGGTTCATGAGATCGCGGTACACATCGCTGCCAG  
CGGGCGGGGTTTTCCCGGAGGACGACGCCTGGGCGTTCATCGAATAGGTGAAACAGCCCATGATCCGGTCTTCGAGCGTG  
CTGATGGTCCCGGCTTGTGTCGAAAAGCGGGGTAGGACGCATAGGCCGCCACATCGGTGCGGCATTTCTCTCGCCGTCC  
CGAGTTCAGGTTGGCAGTTCGCGCAGGCCAGCGAATTGCCACGTTGGTCTTTGACCATGGCGCCAGTGTCCGTTGAAGATTT  
TCATTTCTCCCGGATGGCATCGCCATAGGGTCTTTTCGGAATGTATCCTCCGAGGCGGGAGGTAGTAGCCGTCCGCA  
CCGACGGGCATACCGGGCGAGACGCCTTGGCGCTTTTTCGTCGATGCTTGCAGCAGCTTCCATATCTGCTCTCGAATA  
GGGCGCGGCCAAGGAATCGTGACCGTTTTGCGCTGATCGCGTACAGATAACCCATCAGCCCGCTCTCGTAGACGC  
CGTAACCTGCCGAAAACAGCAGGAGACCCAGCGCCGAGCATAACCGGCACCGCGGAGTGTCCCCGTGTGCGCAGAGCGG

CGATCACCGTTGTTTCGTCATGATTGCCTCCTTTGCTGCCCGGACGCAAAGATCCGAAATACTGAGCCACATCGCGCATGT  
CTTGGTCCGACATGCGCGACGCGATGTCATCCATCAAGGATTGCGGGCAATTGTGGCGATGGCCGCTTTCCATGAGACC  
AACTGGTGAAGATGTACTCGGGCTGCTGACCCGCCAGCGCAGGGAAATGGCCGCCGACACCCCTCACCCCTGCTGGCCATG  
ACAGGTACGCACGCCGGGATATCCTTTTTCCAGTCGCCCGTTTCGGCTCAGTGCCTCTCCACGCGCCGCTCTCCGCCCA  
GATCGACGGGCGGCCGGCAACGTGCGGCAGCGCAGCGTAATAGGCCGAGACTTGGCCGATCTCCTCGGGCCTCATTTGCA  
CTGGCCACGTACCGCATGGACTCGTTGGGGCGGCTTCCGGTAGCGAAGTCGTGGAGTTGCTTCGCGATGTAGGCTTCGGA  
CAGGCCGGCCAGCGCGGGCGTCAGCCCCGCGCCAGCACCCGTGGTCGCCGTGACATGACGCGCAGGCCCAGACGATGTCGT  
TGCCCTGAAAGACGAGCACCCGGCGCTCATCGGAACTGCGGGCGCCTGCTGCTTCGGCGCAACGGTCCCGCCAATCGCC  
GCCCGCGATTTCGGCGCCAGGTTCGGCGATGTAGCTCAAAGCGCCCCAGACATCGCCAGCCAGGAAGATGGCCAGCACAAA  
CAAGGGAATGGGACGCGATTGCTCCCAGGGGTCAATGTGCGGTCTACGTCTTGAACACGACGCCCCCTTGCCCGCTCAGCT  
CGGATTTTCATCTCGCCCCCTCATTGACGCGGGCCCTTCTGAGTTTTTCGGATCGTAGCCACGATCACGCAATGTCGCCTCTT  
TGGCGCTGACGGGGTAGGAACGGTCCAGGCTCAACAGGTACGCGACCAGGTTCGAGCGCCTCCTGTGCGGGCCACCACCT  
TTCCCGTCCGCGGGACGGTACTCCTGCGGCAACTTGACCACGACCTCGCCGGGCGGGCTTCTCCTTGACCTCGAAGAG  
GAAGGGGTACGAAGGCATGATGCTCCAGTCAAGATGGCCCTGGGCTGGTACAGGTGGGTCAATTGCCAGTCCCAGGCTCG  
GCAGGCGCACCCCGACATTCAGCAAATCGGGGCGGCTGCGCATCGTCCGAGCAGTTGGGGAGCGTCGTAGGCGTAGTTCG  
CCCCGCGTGGACGGCTTCCCCAGCCCCGGGCTGATCCGCCAGCGTCTGGCCACTCGAACGAGGCTGCTGGCTGTGACA  
GTAGACACAGCCATTGGCCACGTACTGCGCACGGCCTCTTAGCTGTTTCGATCGTGTAGTTCTGCAACTGCGCAGGTGCCT  
GGACCGTACGGACCTGCAGGCCGGGGAGCACACGAGCATGACGGTTCGCGAACACCAAGATTCCGACAGCGCCGACGAAC  
AATGGAATCAGCCGGTTCATGCGTCACCTCGCCGTTTTTCGACCAGAGTAGGGCCATCGCATGGAAGGCAAAGACGAAGTGT  
CCCAGCGTCATCATGCCGCCGCCACCGATCGACCTTCGAGATACGGCACGATGTTGCGGGTGATGTCAGCGAAACTGGT  
CTGTGGATCGAGCAGCGACATGCCTTGCAGGAAACCGCCGATGGTCAATGACAGGAAATAGATCAGAAAACCCAGGACCG  
TCAGCCAATAGTGGATGGCGATGAGTCGCGGACAGGGCCAGTTCTTGGCCGTCAGGTAGGGCAAAGATAGTAGAAGGCG  
CCGAACAGCACGATGGAGACGAATGCGTAAGCTCCCAGGTGCGCATGCCCCACCGTGTAGTGCCTGAAGTGGGTGATCGA  
GTTGATGGCCCGTACAGCCTCCAGCGATCCCTGGAAGGATGCGGCCGTGTACATCAATGCGCCCGTGGACACGAAGCGCA  
GCGCCATGGACTCCTTGAACGCCCAGAAATTCTGCGCGACCGTACGTCGTGATTGATCGCCACCGCGATGACAGGAATG  
AACATCATACGCTGTGACATCGACAGCGTAGCCACCCAGTCCGCGCAGCGTCCGCGCAGCCAGGCCCCACCGATCAGGTGATGAATACCCAC  
TTGGCTGTAGAACAAGGCAAGGCCAGAGCCAGCAGCAGCGAAACGCTATACGAATAGATCGGCTTGCCGATGATCTTGG  
GAATCAGGTAATAGGCAGCACCCAGCCCCAGCGGTGTAGCCAGAGGCCAAGCACGTTATGCGCGAACCACCCAGCTTGGT  
GTGGCTTGCACGCCTGAATGCAGGCCCGGGATATTTCGCGATGAAGAACAGAATGGGGAACCATGCCAGTCCCAGCGAG  
GTAGTACCAGCCGCTGACGTAGATGTGGTGAACGTTGCGTTTTTCGGGTGTCGCGATGGCGGACCATGCGATGAAGAAGC  
CGCCGAGGGCCAGGACGATGTGATCTGCCATGGGATTTTCGAGCCACTCCAGGCCGTCGCTCCATCCATTGGCAATGGCA  
ATGGCACCGGCCGCCACGCCGAGGGCCCCACAGCACCGCGCCACCATCGCCATTCGCGGGCCTTCGACGGGGCGTATGAAA  
CATGCGAGGGATGATCCAGAGCGCGACCGCTATGCCCCCTGTGGACAGCCAGCCGTACGCGACCAGATTTCAGATGGACGG  
TGCAGCGCGCCCCGAAGGTGGTGAACGCCTGACTCGCCAGCCAGTCCGGCCAGTGCACCTTCAGCGAGGCGATCATCCCC  
AACAGCGAGCCAACGATCAGGAACAGGAAGGAAGCGATGGACAGGACCAGTACGACGTTCCGACCCGGGGCGTCGACGCC  
GGCACGCAAGGCGTCAATCGATGCTCGGCCGCCCTTCATCGAATGAAGATGGATCATCCGGGGAGCCGGCTTCGCCCT  
CCAGAAATATGGTCAAGCCTCCTTCTTTCCCGCATGGATCTGGCGCGTACGATGGACCAGATCAACCGCGCCAGAGCC  
GCCAGCGAGACGATAAAGCTCAGAGCAAGGAGAAACCTTAGGCTTTTCATTCATGGGCGCTCCAGAAATGGCGCGCAACCA  
TCCGAATTGGTTCGGATGCCAACCACTGGTGTGGCGATAGTGTTCATCAGGGCTTGCCCTCAGCATTTGTTTTATGAAT  
GTCGATGTGAATCACGGGAATGATGGTCAGCCTCGATTAAGCGAAAGTTAAGAGTGTTTTTTCGAGGTGCCCCGCGCTCT  
TTGACCGTGGACTGTCTGGATGGCGAGATCCAAATACAGTCGGCCCCGATATTCGAATCGTCGTGACGCGAAGGTCTCGG  
CCGCCTCGCGGACACACCCGGCGCTGCGCCTGGGGTCAGCATCGGCAGGGGGCGGGACGATCGCTTGTTCGCCTAGTGCC  
AGGAAATCACAGTGGACGACGATCCGTTATAACCAACCCGATCCCGAAGGACAGTCTCCCTGGCAGGGATAGCCGCT  
GTTGAGGCTCGGAGGGCCGAATGCCGCTCCTTCTTCGCCGCACTATGAGCGTCGTTTCCATGTCCCGCGATGACG  
CATGCGGGCGCTCACCCGTCGAGAGGACAGGATGCGCGAGCCATTTCGCGGCCCTTGAGCATGCCGTCCCAATAGACCGG  
CGGCAGGATGCGTTCCTTCAGCAGCCACGCCAGCGATGACGGCCGCTTGGCGTCGATGAACCATTTTCGGAAACGAAGGCG  
CCAGCTTGCCGCCGTAGGCAAATTCGCCAGCACGATCTTGGCCGCTCGACAGTGAAGCGGGCAGGAGCCATAGCCGTCA  
TAGCTGGCCAGGCGCGTGGACCCGCTCCGGGCGGCGAGCAGGTTGTGCGCGACCACCGGCGCTGCTTGCCTGCGGGCCG  
AGCAGTCTTGGCATTGGTGGTGTGGTGCAGTCGCCGAGTGCAGAACGTTGGCGTACTTCTTGTGGCGCAGGCTCGACG  
GGTCCACGTCCACCCAGCCCGCAGCGTCCGCCAGCGGGCTCACTCGGATGAAGTCCGGCGCTTCTGTGGCGGCACGGCG  
TGCAGCAGGTCAAATGGACGGGTGACGCGCTCCTTGGTGGCGTCCGGCTTCGTGCGGATGAAGGTGGCTTCATGCGCTGC  
GCCATCGACGGCCACGAGCTGGTTGCTGAATTGCAGATCGATGCCATAAGCCTTCACGTAATCCATGAGCGCGGGCACGT  
AGTCCGGCACGCCGAAGAGCACGCCTCCCGCGTTGCAGAACTCGATGTGGATGTTCTTGAAGCACGCCCTGCCGCTTCCAG  
TGATCGGCCGAGAGGTACATCGCCTTCTGCGGCGCACCCGCGCATTTGATGGGCATGGGCGGCTGCGTGAACAGGGCCTG  
GCCGCTCCTTGAAGTTCTGCACACGTTCCAGGTGTAGGGCGCGAGGTTCGTAGCGGTAGTTGGAGGTGACGCCGTTGCGGC  
CCAGTGTTCAGGTAGGCCCTCGATGCCGTTCCAGTCGAGTTTCAGGCCCGGGCAGACCACGAGCTGCTGGTACTTGACG  
ACGCGGCAGCCATCGAGCACGAGGGCGTTCGCGCTCGGGCTCGAACCGGGCGACGGCCATCTTGATCCACTTGACGCCGCG  
CGGAAGCACGCTCGCCATCGTGCAGCGCCGTGTGCGCAGGCGGAAAGATGCCCGCGCCACCATCGTCCACCCCGGCTGGT  
AGTAGTGCACATCCGCCGGGTGATGACGGCGATGTCCGCGTCCGGCTTGCAGCGGAGCAGGCTGGACGCCACCGCGATG  
CCCAGCGCGCCCGCCGACGATCACGATGTATCGCTGCGCTCCACGACTTCGGTGGGTGTGCGCCCGCCTTGGCGAT  
GCGCCGGGCGCACCGCGGAGGTTCGTAGCCGCGCAGGCTGCGCGGCTTCGAGGATGGAGGCCAAGGCTGACGCTGCGCCT  
GGCTCAGCGCCCACAGCGTGGCCGAGCGGTGCCGCTGCGGCGAGTAGGCGAACACCGGGCCAGGCTTGGCGTCAACG  
GTCCCGAAGGCTGGGCTGCTGGTCCGTTTTCGCCGACTCGACGGGCGAGGTAGGTCGCCGCCATACCCAGTACTG

GGCGCCTGCTCGATTTTCGCTGAAGCCGGGCTGATCGCCCCGCTTCTCCATCGGGCCGATTGCAGATCACCGAGCGGTAGC  
CAGCCTCGGCATGGCCTGCAGGTCGGTGGCAGCGATCTGGCCGCTGACGGCCAGTCCCTGGTCCAAGGCTTTGATGTCC  
ATGAGGGTCTCCTGCCCGAAATTGTCTTTTCAGCCGGTGGTGGCCGCTCTCAGAGGGCATCGATGGGAATCTTGAGGTA  
GTGGACGCCGTTGGATTTCGGCAGGCGGCAACTCGCCGGCCCGCATGTTACCTGCACGGAGGGCAGCAGAAGCACGGGCA  
TCGCCAGCGTGGCGTTCGCGCTGCTCGCGCTGGCCGCGAAGTCATCCTCGCTGATGCCGTACGCACATGGATGTTGTGC  
GCACGCTCCTCGGCCACGGTGGTCTTCCATTGAAGCTCGCGCCCCCGGGGCGGTAGTCGTGGCACATGTAGAGCACGGT  
CTCCGGCGGCAGCGACAGCACGCGGCCGATCGAGCGGAACAGTGTGCGCGCTGCCACCCGGAAAGTCGCAACGCGCCG  
TGCCATAGTCGGGCATGAACAGCGTGTGCCCCACGAAGGCTGCGGCAGGCGCTTCAGGTGTGGCGTGTGCTTGACCAGA  
TAGGTCATGCAAGCGGGCGTATGGCCGGGGTATGCATGGCCCCGACCTGCAGCGTGCAGCATGAAGTCTCGCCGTA  
GTCGAACAGACGATCAAACCTGCGGCCGTCACGCGCGAAGGCGGCTCGCGCTTGAAGAGCTGGCCGAACACCTGCTGTA  
CGGTACGGATGTTTCGCCCCAATGCCGGTTCGGCCGCCAGGCACGAATGGAGATACGGCGCGGCGCTCAGGTGATCTGCG  
TGCACATGCGTCTCCAGAATCCACTGGACGCTCGCCCCAGTTCCCGCACGCGCTCGGCCATGCGGTCCGCGCCGGCGCG  
CGAGGTGCGGCCGATTAGGATCGTAGCCGAGCACGCTGTGATGATGGCGCACTGACCCTTTTCGTGTCCAGCACGA  
TGTAGCTGAAGGTGCTGGTGTCTCGTCAAAGAAGGGTTCGATCTTCACGGTGTCTTTGCCTCGCTGAATGTATGACCCG  
TCTGTTGTGCCCCAAGCTCCCTTGATCGGATGTTTGTGGGTGCTTCTCACATGCCAGATGGTGTCCGGGTGCAATTAAC  
CAAATTAACAACTTGCCGTGCGATGTTCTTGCCGACCGCGGCCGAGTGAAGAAATCGCTTCCCCACCCGTAGACTCAG  
CCGGCCAGCGCGCGGGCTTCCAGGGCATGCGCATCAGCACGCGCGGAGCCACAGAACCCGAGACACCGGCGAAGAC  
CAGCCCCGCGCCACGAAGCCCCGAAAGCACATGGAACCATGGCGAAATCGTGGCGCCAGCACGGCACCCAGCACGATCA  
AGGACCCCGCAACAATCTGCACCTGCCGTTGCAGCTCCAGGGGTTGAGAGGCGTCCGCCACGACGGGCAGGCCGGCCCTC  
TTCCAGGCGTCCAGCCCGCTTCAAGCACGTAGGCCTCGCAGGCCGTGCATGCCCCAGCGTCCGGGGCGTTCACCCGCGT  
CCGGTTGCCCGAGCGGCAGTGAAGATGATTGCCGAAGCGCCGTCGAGCGGCAGGCCGCCGCTTCGCAAGCGGTCCATCG  
GCACATGGCGTGCCTGCGCGATGCGCTCACGGGCATGTTGCTCCGCCGACGGATGTCCACCAGAACGGCACCCCTGGTTC  
ATGAGTTCGCTGGCAGCTTGGGGCGAGATGGATTTACAGGGACATGGCAATGGCTCCGAGGGTGGATCAGGGACAGAAGA  
TGGCCTTGAGCGTGGCGATGAGCTTGGCCACGTGGGGTGTGCGATACGGTAGTGCAGGGTCTGCGACTCTCGCCGATAG  
GTCACCAGGCTTCTCCTCGCGCATCTTGGCCAGGTGCTGGGACAAGGCGGACTGGCTCAGCGCCACGTTTTCGTGCAGGGC  
ACCGCATGTCATCTCGCATGCTCAGCAGGACAGAGAACCGCAGGCGATGCTCATTGCCAGCCGTCCGCGCATGG  
CCGACGCTTGGCCGCGCCGCTCTGTAGAAACGACTGGTCTTTCTTGTCAACCATCATGGCAGCTTGTATTTAACATGTA  
TCTAATTTAGCATAAGCTAATAAAATATCAAGGCACTTCTCGAAGGCAGGAAGTGCGGCAGGTCTTCTGCGCGTGTTC  
TCATGCTGCGGCGTGGGTTGCGCTGACACCTCATTCTGATTCGTTTCATGACGCCACCTGCTTTCGCTGCCACCGCCCGCT  
GCGACAGATGCCCCGCCAATGTGGGCTGCTGATGGCCGCCAATCGCTGGGCGGCGCCGCGCCACCCATCATCATTTTC  
GCTGGGCGGCATCGTGGGTGAGATGCTGGCCAGCAACCCTTCGCTGGCCACACTGCCGGTTCAGCCTCTACAACCTGGGGC  
TGGCGCTGTGACCATCCCTGCGGCCCTGCTGATGCGTCTGCGTGGGCGGCGCGGCGCTATGCGTTGGGGGCGCTGCTG  
GGTTCGGTGTCCGGCTCATCGCCGATTTGGGCGTCTGTGGGCGAGTTTCGAGACCTTCTGCGTGGGCACGGCGATGGC  
TGGCTTCTACGGCGCGTGCCTGCGAGACTACCGCTTTCGCGCCAGCGATGCGGTGCCGCCCGCGACGCGCCACCGTCA  
TCTCGCGCATCATGATCGGCGGCTGATCGCCGCGGTATCGCCCCGAGGTCGTATCTGGACGCGGACGCTTGGCC  
ATGGCGCGGTTTCGCTGGCAGCTTCTCGGGCAGGCGGGCTGGCGCTGCTGGCCTTGGCGCTGCTGATGCTGCGCAT  
GCCGCCGCCAGGCGTCCGCCGCTGCTGGGCGCGGCGCGCCCGCTGGCAGTGATCGCGCGAGTCCAGGCTTCGTGCTGG  
CCGTACGGCGGGCATCGTGTCTACGGCTGATGGCTTTTCATCATGACGGCCGCGCCGATGGCCATGGTGGGTTGCGGC  
CACACCGTGGGCGAGGCGGGCTGGGCATCCAGTGGCACGTGCTCGCCATGTTTTCGCGGAGCTTCTTACCGGGCCACCT  
GATCGCGCGTTCGGAAGACCGCCATCACGGCGTGGGACTGGTGTGATCGGCACCTTCGGCTGCTGGCCCTGGCCG  
GCCTCGAATTTCTGCACTTCTGGGGCTCGCTGATCCTGCTGGGCGTGGGCTGGAATTTTCGGCTTCATCGGCGCCACGGCG  
CTGGTGACCGACTGCTACACCGCGCCCGAGCGCGCAAGGTGCGAGGACTCAACGATTTCTGCTGGTGTTCGGCACCGTGGC  
CGTCCGCTCGTTTCGGTTCGGGCGGCTGCTGAACACCTCGGCTGGGAAACCATCAACGGCTGATGCTGCCCTCATCG  
CGTCTGCTGCGCTGCTGGGTTGGCTGGCTTGGCGCAACCGCCGAGGCTCGGCGCGGCGTGCATGAAGAGCTG  
CTGGGTCGGTTCGAGCGTGCGGTCAACCCGGTTTCATATTGATGTTCCAAAACCATGAGGAGTTCGCGATGACGACAA  
GTTACCGGCAACTGACGCAGGACGTGGTGGCTCACCTGGCGCCCTGCACAAGGGAGTGGCGCAGGTCATGAAGAGTTTT  
GGTGAGATGGGCAAGGCAGCGATCGCCGACGGCGCACTCGACGCCAAGACGAAAAGAGCTGATCGCGTTGGCGATCGGCGT  
GGCCGCGCGGTGCGATGGCTGCATCGGCTTTTCATGCCAAGGCATTTGGTCAAGCTCGGCGCGACGGCTGCGGAGGTCATG  
AGGCCCTGGGCGTGGCCATCTATATGGGAGGGGTCGTCGGCGATGTACGCATCGAACGCGGTGGCCGCTTCAACGAG  
TTCGCGGCGCTGTCCAGCATTCCGGGCGCGCCGCGCCAGCGCCCCGAGCCTGGGCGCGGTCCGTGCTGCGGCGCCGCGGA  
CCGCTGCATCCGGTGCCAGAGCTTTGCACCTCCAACCTCGCATCCCCACAGTGCCTGTTTATCACAAGGACCTAGCCAT  
GCAGACCACCGACTTTCGTTGCGACATTTTTGACGGAAGAAGCAATCCCAACAAGGTGACCGTGACCTTCATCATGGCGC  
TCAACGCGCTGCTCAAGGGACATACGGCGACCATCATCCTGATGGTGGAAAGCCGTGGAACCTGGGACAACCCGCGCGGCC  
GCTGGATTGGACATCGGCAAGCCTTTTCGAACCCGTTGCCGATCTGCTGGAGAAATTCCTGGAAAAGGGAGGTGCGATTGC  
CATCTGCGGCTCGTGCATGATCCACAACGGTATGACCGCCGCGCAGATGGACCCGCGTTTTAGCGTTCATCAACGACCCCG  
ATGTGGTGGAGTTGCTGATGGGCGCCAGGGGTCCTTGAAGTGAAGTACCTGAGCCCAGCCATGACGCGGTTCGCGCATCGCTG  
GCCGAGGCCGGTAGCGCGCTTGAAGATCAAGCATTGAGTTGGACCTTGTGCGCCTTCTTGTTCACGAAATCGCCAG  
GCGCTCCTGCACATCGTACCCTGCTGGATCATGGCCATCACAGCCCCCTCGGTGAACAGCCCGTCCGTGGCCGACATGT  
CGGCACTCGGCTGATGGCGTGCAGATGGCGTAGTTTTGAAAGGGGCGCATTTGCCCGCATCTTCTTTGCGAGGGTTCAGG  
GCGAAGTCCGGTTCGGGCTGTCGCTTTTCGCGATGTCGATAGTGGGCAACCCAGTTTCGCGGCCCTCCGCGC  
ATCGAGGACCCGTCCGGTGCATCTCCACCATGCGAGGGGCGAGATGATCCGCGCAGTGCACACCGTGGCGCCGCGC  
CGCCCGTGAAGATGCCTCGGGTGCCTCGGGCAGTGCGAAGAAGGTGCGGCTGTGCGCAACCGCACGTCGGGCTGCGCTG  
GCCAGTTCCAGCCCGCCGCCACGACCGCTCCCTGCAGGAGGCGACCACGGGAATGCCCCATGCTGGATCTTGTGCGAA



CGCGCGGTGCCAGCCCTGGCAGACGCGCATGAACTCGACGCCGCTGCGTGCCTTGTCTGTGATGTTCTTGTAGGTCCAGGC  
CGGCACAGAAGTGATCGCCCTTGGCCGTCAGGAGGATGGCCCCGATGTGGCTGGGCACCGCTGAGAAATAGGCGTCGATG  
GCGGCGATCGCTTCTCATTGAGCGCGTTGCGCTTGTGCGCCATGTTGAGCGTGACGATGCCGATGTTGTCTTGTTCGGA  
GGTCAGCAGAATGGGCTCGGACATGAAGTTCTCCTTGCAGTGGGTTCATGAACATGGTGGTCTGCGGCGGGCAGGTCGATA  
TGCTCGGTCCGGCAGGCATCGGCCGCTCGCCGCTGCGGTGACGGCATGGCCCCACTGAAGCGGACCATCCGTTCAAGG  
CCGAGGATCTATGCCAATGTTGCCAATTCTTGCACACTGAGCCTGGCCTGGGCGGAAGTGCAGAGAGACCGCCGGAATC  
GCGGTGCAACCTCGCAGCCGATACTATTGAGGGGCTTTACCTTTTCCATGCCCGTAGATTACTTACCGGGGATGCTGGG  
CTCAATTGCCAATAGCGCCGTGAAATTTGCAAAAACGACAATCTCGTCAGGCCGCCAAGAGGACTTCTTGCAGGCCAA  
ATGCCGTCGCGGCGCCACGGTCTCATGCGATCTGGTGGAGGACCTGCTGCGCAGCCTGCGCTCGCTGTGCTCGGACCAG  
GCCCTGGATCGTGCCTGCAGCAGGCCGGCATCGTGAAGGCATTTCATCAGCCACCCCGCTCGCTGACGCACGATCA  
ACTGGTCGGGCTGTACCGACGAAGCGCCGCTGCCACCGCGATGAAATGATGGGACTGTGGAGCCGGCCATACGGACC  
GCGCTTTGAAGTACATCGTCCGAGCGGTTCATGGACGCGCAAGCATCGAGGTAGCGCTGTATCGCTTACGCAGGTCTGG  
AACCTGCTGCTGGACGACTACAGGCTGAGTCTCACGAAGGCAGACGCTCCTTGCCTTGGAACTTGTCCCGCGGTCTTC  
CAAAGCGGGGGGAACCGATTTCGGGCACGACTGATGCTGAAGCTGACGCACGGCATCGTGTTCATGGCTCGCCGGCCGAG  
AGGTCCCGGTGCGCAGTGTGGCCTTTCGCTTTTCCACGCCCATCATTTGCAGCCGACTATTCGATCCTGTTTCCGGCCCCG  
ATCGATTTCTGCGGACCCCTCTCTCAGATCACCTTTACGCCGAACCTCGCAAAGGTCCGGCCGAAACGCAGCGCTCCGA  
CGCGCGCAGCTTCTTGGAGCGGGCGCCGCGCAGCTGGATTTTACCTCCTACCACCAGCAGCCCTCCGGCTGAAGGTGC  
GTGAGCTGCTGCATGTGGATCTCGGACGGACGCTGGACGATGTTTCCAGCCGGCTGCACATGCTCTCGCGGACATTGATG  
CGCAAGCTGCAGCAGGAAGGGCTGTGCTTCCAGGGCATCAAGGATGAGTTGCGCAGGGATCTGGCCATCCTCCACCTTGT  
GCGCAACGACAGCTCACTGGAGGAGATATCCGATGCTTTGGGCTTCAGTGCCCTGCCGCTTCCACCAGCGCGTTCGGCC  
ACTGGACGGGTATGACCCCGGACGATACCGGGCGGCGCAGCAGGGCATTTCCCATGGGGTTACGCTCTGACCTGTGCAC  
CGAAGAGCGGGCATCCGGACCGCGCCACTGGATATCCTCATTTTCGAGCCAGCGAGACTTCACGCCCCGCTCCTCGTT  
GAAGAGGCACAAGTAGGGGTTGTTGGGCGGCACTCGCTCGAACAACGCACCGGGCTGCGTCAACAGGTAGCCGTGCAACT  
GCCGCGATTTGCGCGGCCCTGAGACGTGACAAGTCCAGATGTTTTCAGGCCGCTGGCCTGCTTTCGGTTCGCGGCCAGCTTC  
TCGAAGCGCTTTTGTGCCCACTGCCACGGCTCCAGTTTTTCTGGCGGGCAATGGCTGCCAATGCGGATGCTCTTGAGC  
GTATCGGACGCAACACTTCCGGCTGACCAAGTATGCGGTATCGCTGACGGTATGCAGGATGCAGAGTGCCTTCGCGTCA  
TGAGCCGACGCGAGGCAATCCCTGTTTTAGCCATGCAATGAAGTCTGCCAGATGGCTGCACCGTTCGCTGCTGCTGCT  
GTGGCCGCGGGCGCCGGTGTGAGGGTGAAGATGCCACGATCGATGGTGGTGGTGTCTTCAGGGCGTGTGCGCAGAGTTC  
GGTGGGGATGGTTGACTCATCTGCTGTGTGGCGGACGAATCGCCCATTTCTACCATCGTTCAGCAGATCCTCCATGACGT  
CGGGCATGGCCTCAGCCAGGGGGGCGATAAATTGGGTGAGCAGCGCTGCCGCTTCCCATGGCGGGGATTCCTGACCTCCT  
GGGGTTCGGTTTCGCGCGACCTCCGGCGACGATGCCGAGCGGCTGCTTCTCGACAGGTGACGTGTGATCGCTACCGT  
CCCGGCGAACGGCGCCGGTTCGCTCGCCAGCCTCCAGATCAGCGCAGGTGCGAGGCGCAGCAGCTGAATGAGTGGGTCC  
AGCCGGCGTTCGCTGGTTCAGGTCGCCCCGACAGCCGCTTCCCGTCCAGTGTGGGCTGCAACATGCCGTGGTCTGCAGC  
ACGTTGAAGACGGCGGTGTTGTTTCGAGGGATGCCATCGATGCCCTGCGATAACAGGTGCGCGCGCAGCTTGTCCGAGC  
CGTCTTGCTCACCAGCCACAAGGCATCCTCGGTGAGCCAGCCATCGGAGGCCCTCGGGCTGATTCAACTTCAACTCTTCT  
TGAGCAGGTAGCGCAACCCGTCAAGCAGCTTTCGCTTGCAGCGCGTTCGTTGGGCGCGCCATGGCGCGCGCCGATCGCCG  
CCCAGTTCTTGGGCCACGGAGGCGCGGTTCGGCCTGCACCACGAGTTCGCCCCAGCACACCGGCATGCTCGTACTGGCCGGC  
CAGGACGTAGAGCAGCGGTCCCCACAGGTTCGCGATAGTCACTGAGCCAGTCCAGGAGTTGGGTGTCCAGCAGTTGGCGGT  
AGAGCAAGCCCGTTCGCCGCGCTGTGCAGGCGGTATTCGCGATCGTTCGCGGTAGCGGAAGCGGTACGGCTGGTGCAGCGGA  
CCGTACCACGGGTGCCACAGCGAGCCATCGGCCAGTTTCGACGTGCAGATCGACGGCGATCTTGGCGATGTCGTGCAACAA  
CGCGGCATAGGCGACCGCAGCAGTCCAGGCTTCAGCCTGCGCAGCTTGGTCTTCGGGGCTTTCGCGCGATGGGAAGCAGAT  
GGGACTGCCGCGAGCTTGAAGGCATAGGCAACGATCTCCAGGCCATGGTTCGAGCATCCCGCCCGGGTACGCATGATGATGC  
GATTCGGAAGCGGGGAAGCCCTGAACAGTTCGCGGTAGCGCTCCAGCGCGCGGCTACAGGACGGCGAAGCTGCTTGGC  
CGACAGAGACGTGCGTGCAGATGTGCTCCAGCAGCTTCTGCCAGCGGGGTGGCCAGCAGATCGCGCCGACTCGG  
GCCGATCAACCCTTTTCGGGAGGTTCGGATGCGGGTGGTGGCGTTGGAGCGGTAGCGACCGGGCGCTTTTCGCTGGAAC  
AGGGAAAGCATGTGGGTGTCTGATGACGGCCGATCGGGAGGCCTTTTGGCCTTTTTCGAGGTAGGGCCTTTCCCTTGC  
ACCCCGTTCCCTTGGCATTTCGGCCCTTTCGGCCTTTTACCGTTTTCGGTATAGCGGGGCACGGGATGCGATTCCAGCGTCA  
ATGGGGAACCTCGGTGGAATGGATTGGACGGCGAGCCGGTGTGGTTCGCGCTCTATGCTGAGTGGACGCCGCTTCCGCGG  
GCAGGTTCTCGAAAGGCGACAAAGTTGACAAAAGCGACAATAGAGACTAGAGTGAATCCTGTCTCAAACCTGCCTGGGAG  
ATCACCATGCCAATGCCATTGAATTCATTGCCGATCGCCTGCCGCGGTACGGTGGAGGATGTGCGCCGCTTCGCGGA  
TACCGTCGAAATCCGGGATGCGCCGGCTTTTCGCGCCGAGTTGCAGGCTTTTATTACGAGCGCGTGGAGGCGGTGAAGC  
TGCCCGCAACTTGGACGGAGAGACGGTGGGGCAGGCCCTGGCACGCAAGGCGGCGCGCTGCGCACCGAAACGCGCTGG  
GCACCGACTGAAACCGACGTCCAGCGAGGCCGCGCCGTTGCTGGAAGCCTTCAACCAGCCGATAACCTGCCGATCCC  
CGAGTACGCCAAGCTGGCGGACAAGTTCGCGCCAGCAGATCTACAAGGACATCCTCGCCCGTGGCTGTGGCGCTGAACG  
TGGGGCCGCGCGGTTCAGAAGCTGCCCGACTGGCAGCTCGACCCGGTAAAGCAGCAGTTGACCCAAACCGTGTCTCAGGAG  
GTCGAGGGCATCGACCCCTGGACGATCTACCGCGCGCTGTCCGAACCGCTCGAAGGCTTGGGCGGGCGCTCGCCGGTGG  
TGCGGTGACGCACAGCAGATCGATGACGTGGCCGATGCCGTTTCAACGTAAGTGGGCGTTTCAGGTGCATTGAAGCGAGA  
TCGCCATGAGCCACGAGCTGCCTTCGTTCTGATCGATGCCGGTGAAGTGTCTCCAGCATGTGAGCCGCGTCTGCTATCGG  
GGCAGCCCGCTGTACTATGGCCGACGAGCAACCAATCGCTACGATGACCCGGCGCGGGCTACGGCGTGTCTTACCTGGG  
GCGCGACCTGCCACGGCGCTGATGGAGTCGGTGTTCATAAGCACCAGTGGCTTGCAGACGAAAGCGCTCGATCGCGC  
TGAAAGAAGTCCAGGCCCGGATGGTTCGCGCAGTAGCGGTGATGACGATGTGCTTTCGGCCACTCACGGCCCGGGC  
GTCATGGCGGGCTACTTTCGGCTGAACCTGGAGCAGTTGGCCAGCCGACTACACGCACAGCAAGTGTCCCGCCCA  
GGTGCATGCAATTCTCGGAGACGACGGCCAAGCGCTGTTTCGACGGGGTGTCTATCCGTTCGCGCAACAACTATCCCGCCA

AGAGCATCGCCCTGTTTCGAGCGTGCGGCAGCAAAGGTAGGCGTTGTTCGATGACATCGACCTGGTGGACCATGTGGACTGG  
CCGCACTTCGTTGCCACGTATCGCGTTCGACGTGGAGCCTGACCCCGGCCCGGTGGAACCGGATGACGAAGCGTCATGAAG  
CACTTTGAAGCCCGCAGCAGAATGAAATGGACCAAATTTGGAATAGGCATCCCTCAGTAGCAGGAGACGACCATGAGCACC  
ACGACCCGCATCAGCACTGCGGAACGCCTCGGCCGCGCCCTTGGCCGCGGGTGGCGCGCTATGCGCGCAGCGAACGTCG  
GGCGTGAAGTGGTTGGTGTCCAAGGGTGTGCCGTTGGCTGCCGCGCCGCGCTGCTGTGGGCCGGCAAACCTGGCTGTCC  
TGGGGCTGCTGCTCTACGTTGCTTTCTGGCTGGCGTTGCTGCTGGTTCGCGCTGGTGTFTTGTGGCCCCGGGGCAGCAGTACC  
GTCGAATGGGAGCCGCCGAACAGAGTGGCGGCACGGGCACGCCGTTTGGCCTCTATAACCCACGATGAGTATCGGAT  
AGATTACATGATCCATCTGATGAGACCTAGCGAAGAAGCAAGGCACTACTTCTCTTGTGGTGTGATGCCACTTC  
ATAGCGCCGCCAAAGGCCATGTTCGGCGGCTTTGCCGCGCCGCTTTGGCGCCTGACCGTACCAGCAGCAAGCCCTTGCAA  
CATGCCCCCAGCGGTAGCCCGCCATCCCAAGGCGTTACCCAGAACAAGGGCAGCAGCATGAACATCGTCCCATGA  
CGAAATTCAACAGCATGTCTCCGAAGGCATTGTTGAGGCCATGACCGGATCGAAATTCGTATGCGGCCGTTCCATCCC  
CAGCCCCATCCGTAGAGCGCGTCCAGAATGGTGTGTCGATCCAGCGCGGAGTTGGAACAGAAAATCCACGAAGAACAG  
CGAAACTGCACCACGCTGACCGTACAGAGTGTTCAGGTTGTAGGTGCTAACCATGAGCACCACCGGAATGCAGACAA  
CCAGCGCCATCTTCAAGAGCGCCAGCACCATCGGAAGAGCCTGGCGCATTCATCCATGGAGGGGAAGTAGCCAGCGAG  
CCTACCGCCAGTCTACGTGCGCCGCCGCCGGGTGATGATGTTGGGTGCGTCATTTGATCTGGCCACCGTAGTCCGT  
ATAGACGCTGCCTTGGTTAGCTTCTGCTGTGCGGTGACGCGATCGCGCGGATCACCGAATCGTCCACCTCGGCACGGC  
TCAGGAAGCCAGCCAGCCCGCCAGGCGATTGAGCAGGCTCGGGTCCACCTGACCCAGCAAGCGTGCCCGCAGTCCATTG  
CTGCCATCGGCCACCATTGCCTGCAGGTGCGATAGCCGCCCGCTGGCCACCTGCGCAAGCCCTGCGTTCGCGCGTGT  
GTCATAGGGCCAGTCTCGCGCGGGGTGCTGGAACGGTATGTGTCGATAGTACCGTTTCGTGTCCGTGAAGAAGCGTGAGC  
CGATCCAGGTTACGTGCTGACGCTGCTGCTCATCGAGTTGAGGCCGCTGCATGAACAATTTGCCCCGCGCAGCCCCATAG  
CAATCCCGCGAGAAATCCGCTACTTCCCTGAGCCAACTGGGTGCTCAATGCGAGTTCGCGTGCATCTCCATGCGCATCTG  
CCGCAGGTCCGTGCCGCACGGGATCGCTGCCACTGAAGCGCCCGTGACGGCGCGGAGAGCGGTGCATGAACGCCCCACC  
ACACCGGCACCTTCGCCGACTGGTTGTTGATGGTGTGAAAGATTGCGACCAGCCGGTATTCGAGGGCTGCGGCACACTG  
ACCTGGCATTGCGCCGAGCGCGAGCTGTGCTACTGGATGGTGTGAGGTCCACGTGATGAACGGGATGCCCGCGAACAT  
CACCACCAGTATGGCGACGAAGACCCGGTTCTCGATGCGGGCGCGCTCAGCACGCCTTTATTCGCTCGTGGCGCCTT  
CTGATGCGCCCTTCAACACTCTTGCACGATCGCCAGCAAGGCAAGGCGAGCGGAAGACCGCGTGGATACCCAGCAGGCC  
CAGATGCCGTTGTTGACGATCCAGGACACCGATGAGTAAAGTAACTCCAGGTAGTCGTTGTAACAGAGTATGCCCCG  
AATCTCTCTCAGCCCTGCATCAACAGGCTGGCTTCCAGCGCCACGATGGCGACGACGCTGCGATCTCGGTGCGCACCA  
GGCGGTGCCGCGCCTGGGCGTGTCTCACGTACCAGCAGCCGGCGCGCATCCAGATCCACCCGTACACCGTCCGCCCG  
TATAGACACAGCCGCCACACGAATAAGTAACCCGCGAGCGGGCGGAGCCACCGCTCCCAGCCGGCAACGCTGCCGACCAG  
GTAGATGCCGCGGATGTTGGCCGCGACCGCGGGCGCAACGATCAGCACCGTCCACAGCAGCGCTTCGCCGCGCGCCGGC  
TGAACAGCCAGCGCAAGGGGCGCAAGTATGCGCGCCGCGCTCATGGCTGGTCTTGGATTGCCCTTCTGCAACTGGT  
CGAGGCGGTGCGGTACCGGATCACCTCGTAGATGCCGCGGAGCCTGCCGCGCGGTACCGTGCCGCTGGATGATGGCC  
ATCGGTGAGTTGTTTGGCAGCTCGCGCCGAAGCTCCAGCTCCGTCTTTCAGGTTGCGGATCTCCCGGTGAGCGTGTGCT  
CTCGTGGTTACGGCCCTTGCACCGGAGTTGCTTGGCTGCGACGTTGGGCTCCTTCTTGGCCGTGAGCAGCGTGCCTGGA  
GCAGCAGCGCTTTTTCCAGCACCGACGACAGCGCCACCTCCGACGCGAGGCGCCGCGCCAGAAGGTCTTGGTCCGGCTCG  
TCGCGCAGCGCCTCGATCACGCCACGCGTATTGGCAGCGACGTGCTGCCAGCCTCGCGCAGGTTCTCAAAGGTGGTAGT  
GCGCGTGGCCGAAACCAGCTCCTGAAGGACCTCCAGCTTCGCCTCGTACTCTTCTTGGATCAGCGGCGTCCAGCCGACGC  
CGGGCACCGTCTCGGTCTTGGTGCAGGAGTCCAGGTGCGCTGCACCTGCTCTCCGAGGACCCCGGTGGCCCATTCGGTC  
GCCTGCTGCCGCGACGTCCAGGTCTGGCAGGACAGGCTCGCAACTGGCGGACCGGATGGAGGATGTGTCCGTACAGCC  
ACGACCGTTGACCAGGTTGTAGCCCGCGCGGGTACGTCGCCGACCACCCGGATGGCGGACTGGCTGCGCCACCAGCAT  
TGCTGCCACCCACCCAGGGCACGCCGTCGTTGCCGCGCGCGTCTCGGCTGCTCGACGGCCGACACGGCATCGTTGCTG  
CCAACCGCTCACGCAAGGCCATGCCTTCGGCCATCTGGCTCCAGCCAAAGTGGCCACCCGCTGTCTCGGCCATCTTCTC  
CGCCATGGCGCGCACGCTTGGAGCGGTCGAAGTCCAGCCGCGCTGCAGCACCGCTTGGTTCAGCAGGTTGTGTACA  
GGCCCGGATCGGCGCGCTGAATGATCAGCGCCGCGAGGGACGCTACCGCGCTGGTGGCGCTTGGATTACGTTGCTCATG  
ATCTGCTGAAAGCCGTTTCGTGATGCCGTTGAGCTGATTGCGCAGCGTGGTCTGGATGCTCATGTGCGCCGAGATCAGGTT  
GCTGTTCCACCCACACCGACCCCGATGGAGCGCATGCCGGCCGCGCGGCCCATGGACACCGCGCTGCCGCCCGCGATCG  
AGTACATGACGTATCGCCAATGACGGGGCCGCTGTTCTGGTATCCGACCTGTGCCACGCCAGGCCGAGACCAGGGCG  
AGCGTGCCGGCCAGTCCGCTCGGGCGCAGCAGGCGGCACGCTTGGTGGACAGGTTCTTCGGTTTCAGGACGCTTCATCGT  
GGCACCTCAGAGGAAATCGACGCTGCCGAGGAACACCTGGCCCCGGCGTTCGACGACGCATACGGACGCCACAGCGCC  
ACGCGTAGTGCCTTGGCTGGGCTTGGGTACGCTGCCGCTGTGGGGAAACACCACGAGGTGTTTCGACAGGCGCGGCGTC  
AGTTCTGCCACTTGGCCGTCGAGGCATCACCTTCCATCAGCGCGCCGGCCGGCCAGTAGCCATCAGCGCGTTGGCGAG  
CAGCGGCTGGTACACGTGCAACTGCCCGCGCCGCTGACGACGTCACCGGCGCGCTGAGCCACGACCCGCCGATTTGT  
GGTCTGCTGGTCTGGTGCAGGAAGCCGCCGCGCGGATAGACATTGCCCCAGAGGTTTCATCGTGGTGGCGCACCCGACCTCG  
CGCCGGCCCGGGATCAGCGCCTCCGGGTAGGCCATCTCGGGCACGTTGTAGCGCCAGGCCAGCGTGTCCAAGGTGCTGAG  
CAGATACGGCATGAAGGCCGTTCCCGCGCCTTGGCAAAAATAGCCCGAGGACGAGGCCGAACTGGTTGAACACCTCGCCGC  
CGGGATGGCCGATGACATCGGCGTTCTTGAATTTGGCGAGGTTGTTTTCGTGGTCTTCGTGGTGGTGCCGTCGCCGCCCT  
GCCTGGGCCGAGGCGTTCCGGCATGCTCATCGCTCGCACTTCGACCCAGGGGTTCTCTCCGGTGTGCTGTAGCTGGAGAC  
GACCGCATCGGGGACGTAGTCCCGGACCTTGGTGGACGTGCGCACCGAGCAGCCGCCATAGGTGCAATACAGCCAGTAGC  
AGATCCCCACCCCGTACTCCAGGACGTCGCGGACATGACGAGGACACGATGGTTCAGGCTGTTTCAGGGCGTAGCTG  
CCCGTGGCGCTGACCAAGCAGCAGCGAGGCCACGGCGAGCGCGCAGGATCGAATGGGCGATAGGTACCGGT  
TGCCCTCCTCCGGTGTGCTGATGACAGGACAGGCCCGGGCCACGTCAGGCTCGCCATAGACCACATAGCGTTGGTCCAC  
CACGACGGCCGGGATGGTGTGACACCCAACTCCATGCGTCCGGTATGCCCTGGTAGGCGGTGCCAATGCGGGCGTGAA

GGTCGGTGCCGCCTTGGTTTCAGGCGTTGCCGGACGATGGCTGCTGCGCGCTCGGGGTCGGCTGGCAGATCTGCGGAAAGC  
TCTGCTTCGAGCCCCGATGCCCGGTCCAGCTCGATCAGCCGCTCGCCGCCCATGGTCTTGACCGGGTGGCGGCTGTGGT  
GACGACCACCACGTCGGCGGCGAACCGCGCCGGGCTGAATGCCCGGAACGACGCCGGCAGCACGATGGCCAGGCCAAGGG  
TTCGCCAGCCTGGTGCGAACCGGGTAAAAGCTCCTGGCATGTCTTGACCCCCGGAAGTTGATCAGGGCCATAGTCAAACG  
CCGAACCCCATGCGGCCCAACAAACAATGCGCATCGCGGCCACCCCGCATACCTGCTTGTGTGCGCCGCGAGAAAAATG  
CGGAGGCCGAAGCCTCCGCGCTGATCAACGAAGCAGTACAACCTTACAGCAGGCCGGACTCCGCAAAGGAGAACGGGGC  
ACCCTGGCCGACGATGATGTGGTCCAGTACCCGCACATCGATGAGCGCCAGCGCGGCTGCAGTTGCTGGGTGACATGC  
GATCCGCGCTCGACGGCTCGGAAATGCCCCAGGGGTGCTGGTGC CGGAAGACCACCGCGGCCGATCAACTGCAGAAC  
CGATGCACAACGACACGCGGATAGACCGAAGTCGGGTTGATCGTGCCCGTGAACAGCGCTCGTAGGCCAGTACCTGGTG  
CATGCTGTCCAGGAACACAGCGACGAATATTTGTTGGGCTCGGCCACCAGCTTACCGCAGGTAGTCGCGCAGCAGGCCG  
TGGGGTCGAGGAGTTTCGGACCCGCTTTGAAAACCCGCTTCTCCAGCAGCGCAATGGCTTGTGGATGATCCAGTCCCTCG  
TGCTGGGCAGCGATGGCGGAAAGCGACTCCAGGCAGGAGTCATTGACGACGAAAAGACATGGCGAACCTCCAAATGGTGAG  
ATCGGAGGGCGCGCGCCCGGGGAGGGCAAGCCCTCCTGGGGAACGAACAAGGTGCATCCATCACC CGGGTGGCGGTGATC  
GTTTCGCGGCCAGGATGCGAGGCGAACGGGTTGCGGTGAGCGCAGCGGACTGCGCCGTAGCCTTGAAGACCGGGGCTACCT  
GGGCATGTGCGCGACGACGTGCGCAGGCATTTCCGATGTGGGTATGGCGGCGGGATCGCCGGCCGCGAGCATGTCCATGG  
CCGACAGCAAGGCATCGCCCTCGATCGGGCCCTGCAGCAGGATCGCCTTGCCGGTTTCGCGATCGTGCAGCCGACGCGAT  
GGCGTGGCGATCACGCCGCTGTTCTGTTGGCTTCCGCCGCTGCGCGCGGATCGGTGCATCGGGCCGCTCGCTCGCCAGACA  
CTGCTCGATCGCTGGAGTGAGGTGCGGGTAGCGCAGCCCTCAGGCAAGCCCTGGCCGTGCTCCGCTGTGGGCATAGA  
CCCATTGACGGCCTGCCAAAAGGCGGCATGGCTGCCGGCTTCGCCCGCGCATTCGCCAGGCGCGCTTCGGCGGACGCG  
GCTGGCTCATGCGCGGCCAACGGCAGGTGGTGCCATTGCAAGGTACAGTCCGCATTGCCGGCCACCCAACGCTTGAGCAC  
TGGAAAATAGGACCGGCGAGAACGGGCATTCGAGGTCCGCGTAGAGCGTCAGCGTGAAAACGCCCTTCGGGATTGCCCATCT  
GCCACGGAGGCCAGCCACCTGCGTGTGCTGACTGGCGCCGAAGTCTGAGGTGTGGACCCGCTGGCGAACGTGACACG  
AGCCAGATCAGCAGCAGCGCAACCAGCACCGCGGCCAATGCCAGGGCCAGCGGAACTGCCAGCGCCGACGACGGAAACGC  
CTGGACCTGCATCGGAATGGATGGGCGTTTTCTGTTCCATGGCGTTTCCGGTGTACGGCAGATTCAGGGCAGGTCCAGGG  
CCGGCGACTCGATGCCGCGTGCCTCGGTCGATCTTCTCGGCCACCTTGAAGGCGGCATCCAACCTCGTGACGCCGTGCTGC  
TGATGAGCTGGTAGCCTCGCCCTTCTCTTCGGGTTGCTGCGCGAGATACAGGTCGCGCGGACGCGGATCGCGCGGCGG  
GAAGAGCACCTCCATGCTCTTGGAGAGGATGACGCCCTCGGTGAACCTGCCCGCTTCTTGGCTGCGGAGAGCATCAGCG  
CTTTCTGCGCTTGGCTCAGTTTCGCGGAACCGCGCGATCTTCTCCACTTCATCGGGGGGCATCGACGCGAGATCCACCAC  
TCGATCATGTTGAGCATCGGCTCCGCGGCGCGCGGTAGGTGCTCAATATTTTTGTGTAGCTAGCCAGTACCAGGCCCCAG  
CTTGCGCCACATTTTTGTAATTTTACGGTATACGGCGGAGCAGCGGGTTCTTGGTGATCACGTGGCCTTCGTGCGGTCA  
CGTTGATGATCGGGCGGCCGAGATACTGGTACGCTCCGCGATGTTGTTTACCCTGCTGATGAGGCTGATGTACGCGATC  
GAGAGCTGCGCGTGTAGCCCTCGCGGGCGTAGGTGCGCAGATCGACCAGCGTATGTCGGCCTCGGGCCACGGCGTGCC  
GTCGCGGTGCAACATCTCGCCGTCCGTGCCTTGGCAGAACATGTCCATCGCGTCCGCCATCTCCAGCAGCCGACGCGCC  
GCATCTCGGGCAACGTGCGGTCTTGGCCGCGGGTGCAGCGCATTCGCGACATCGCGCTGAGCACAGTGCCTTCTCT  
GCCACGCAATGTTTCGGCCGCGTCGAGGATGCACTGGCGGATCAGCGAGCGGTGCGCCCGCTCATCCGCGCTTCTTCTCT  
GTCTTCCGCCCGCCGTGATCATCAGCCGTGCCGTGATCTCCAGCTCGCCAGCACGTGCGCGTGTCTGTCGCTCCGCTCCATGG  
CCGAGGCATCCGGTGGCAGGTCTTCGTCCAGTGCATCGGCATCGAGCGTTCGACGTCGCTGGGCGTTTCGATCAGCCGG  
CGTGCGTGGCGAACCGGCGCCAGGCTGATGCCCGAGCCGGGTGCCAGCTTGACCCGGTTTACGGTCAGCCCCAGGCGCCT  
GGCGAAGTCGCTGAACAAGCCGAAGCTGTTGCCGGCTTCCACGATGAAGAGGGCGCGGCCGATAGATCGCGGTGACCTGGT  
TCAGCAGGTTGTTGAGCGTGGCGCTCTTGGCCGAGCCCGTGGGACCGAACAGGAACAGATGGGCATTCATCTGCCGATCC  
AACCTGTTCAAGGGGTCAAACGTAATCGGGCCGCCTCCGCGATTGAACATCGTGATGCCGGGGTGGCCGTGCCCTGGGC  
GCGGCCCCACACCGGCGACAGGTTCCGCCGCTGCTGGGCGAACATCAGTTGCGTGTACCACCGGCGCCGGTCCCTTGCCGG  
GGTTGTAGCAGCACGGCAGCGCAGGTAGCTGTTGAGCGGCCACCTCGTCTCGCGACCGGCTGCAGGCCG  
GCGTTGAGCATCACGTTTCGCGAGGTCAGGCCGCGCGATCCAGTTCGCGCTCGTCCGCGCCGCTGAGTAGAACGCGCAG  
AGTGCCCGGTAGAGCTTGTGCGCGCTGCCGATCAGGGAGCGGGCTTCATGCACGTCTTGCAGCGTCTGCTCCGAGCCCA  
GCGTCTCGCCACAGCTTTCTTCGCCAGATGGTTGAGGTCCGATTTCAGAGACGTCTGCGGCGTGGCCACCATGGTGAGA  
CACATCAAGGTGTCCTCGGGCATCTGATCGAATAGCGTGTGATCGCGTCTCCCTTGCGGGTCTCGCCGGTCCAGGTGCC  
GGTGCCGGGCGGCATGCGCAGCCGGTCCGGTATCAGCACGCGGTGCGGCATGCCGTGAAAGTACCAGGCCCTTGCGCCA  
CGTCCGAGCGCGGCTGCCCAAAGAACAGCCGCTGGCTGAAATCCCGCCGCTCGCAACTCGATCTCGCCGGCTCGCTT  
TCCTCGGTACTGTCCGGATAGCGCGCCAACCGTAGAAGCGCTCCCGTCTCCACCCAGGGCCGAGCAGCGTGGGGCG  
CGGGTTGAACCATCGCAGCAGCCAGTTCGTAACGTCCGCTGCAACCATGCGCCGGGCTGGATGCCGGCGTTCGCCAGGC  
CGCCGCATAGGCGGTGCGCAGACGATGCCAGCATCTGCTCGGGTGTCTGGCCGCGGCGGTTTGCCTGTCCCTGTCCGCTC  
GCGCGGCGGTACACCACCATGCGCACACGCGCGTCTGCCCGGCCAGCGCAGCCGCTAACACCCTGTCTCGAACAG  
GCCGCCGGGCTTGGCCACAGCGCGCAGGTGGTGGCCGAAGAAGCGCAAGTAGAACTCGGTGAACGCCGAGCCGCGCGCAC  
GTGGCTGCACGTAATCGCGCAAGGTCTGCATGTAAGTGGTGAAGCTCGGTTTCGTCTGGGCATAGAGCTGGAGCACCCAC  
GGGTTCTCGTCCAGTTCATCGAAACTGTCTGAAGCGCGTTTTTCAGGGCGTTCGCGGGCATGCGCGAGCCAGCCGGGTTT  
CCGGCCTTCGGTGGCCAGCGGCACAGTTCGTAGAACGCCGCCACCGATTGGCCATCTCCAGGAGCATCGATTTTCGACC  
CGGGCAAGAACTCCACCCAGGGCAGCAGTTCACGAAGGACGGCGCAACGTGCTACAGCGCTGCTCGTCCGGCCACGGTC  
GCTGGCTTGGCGCGTGGACTGCCGAACCGGTTTCGGGGATGCCGGCCTGGCGCAAGGCCCTCGACGTGGCGCTGCCAGCT  
GTCCTGGTGTCTCGCTAGCCGGGCTACTGGAGCCGGCGCCGGCCAGCTTCGGCCATGGGAGTTTCCACCGCATCAGTA  
GTCCTCCACGCGCTCGCCCGGCATCGCGTACTGGATGCGCTGCGGTAGAGCGGGAAGACGGTCTGTAGCCGGCAGCCGCA  
CGGGATCGGTGCCGGCCAGATGCGGGTACAGTACATCAGGAGATCGGGATTGGGCAGGCGTGGAACTGGCGGCTGGACC  
TCATTGCGCGCGGTGCGCGTGTAGCGCATCTGCTCGACAGGTGCGGCCTGCACGTCGCGCTCGGTTCAGGGGCCGACGCG

GCTCTGGCGCGCATCGAGCAGCTGGCGGGCCGGCGTTCCGTCGGGCTGCGCCACCGCCGTCGCCGGCCTCCTGCTGCCAGA  
TGTCCATCATCGTGCAGGTACCGTGGGTGAGCAGCTTTTCCTTGCTGGTGGCGCAGCCGCCGAGCACCGCCAGCGGCGAGG  
GCCAGCACCAGGCCCTTAATCGAGTTCGAGAGCATGGCTTTCTCCTGCGCGGTGATCGACCTTGCGGCCTTCGGGATCGA  
AGTCGATGGCGAGCGGTTTTTCGAGGTGGACGGCGACCTTGGCGCCGGGTGCACATAGACGGCGGGCGAACGCCCTGGCCG  
TAGAGCTTGTGACCCAGGCCGACATGTCCCGGACACCGCCCCGCGAGAATCTGGCCGACCCTTCTGGCCGGTGTATGCC  
CACGGTGGCGATGGAGCCGTCCGAGCCGACATAGGACATGCGGCCGCTGTGCTCTCGATGAGCGAGGCCACGCCGGCAC  
CGGCCGCGGTGATCAGGGCCTGCGAGCCGAGGTAAGTGTGGGCGTTGCTGCGCCGCTGCGCGCTGACGCAGGGGATGCCG  
TGCGGGTCGCTGATCCAGCCCAAGCCGTGCGGTTGCTGGTTGTTCTGCTGGTTGCCCTCGCGGTCTTCGGGGATCGTGCG  
GATCGTGCCGTCGTTGAAGACGAACGTGATGCTGCGCACCTTGCCCGCGCACGCACGAAAGCGTCCAGTCGCCCGATGCCG  
TGCCGCTGAACACGGCGCCGGCCACGTGCGGAATGTGATGCCATTGGCGGTGAGTTGTTCGGCCCGACAGGACTTTG  
AACGGATAGGGATCGTTGACCGTGCCGTGATCGGCACGCGGCCGATCAGCGCGGTTCATGGCGACCAGCCATGAGCGT  
GGAGTTGGTCGGCACGGTATAGACCGGCTTGGCACTCTTGACCCAGAGGGCGGGCGCCCGGTTGGCCACGGTTTCCG  
CGGTGGTTTTGAGCGTGTCTGCGCCGGGCCGAAGCTCGTGGGGAAGCTCATTCCGCCGCTGCGGCCACGACCGCCGTTG  
CGCCCCGCGGGGCTTTGCGTGTCCGGCTCGACCCACCGCACGCCGCCCTCCATGCCGGCCTCGTCGCCGCCCTGCGAG  
CCCCAGGCCACGGGCAGGTCCGCATGGCCGCCGCGCGCCCGCGATGCTGTCCAGGCGCCGCTGCAGGTGCGCGAGCA  
GCCCTTCGGTCTGCTGGCGCGCGCTGGCCGCTGCTCCTGGTTCGCGCGCAGGTTGGACCCTCGGATTCGAGCGCCGAG  
TTGATGCGCTGGTCGATGGAGTTCTGCGCTGGCGCAGTCGCTGGTTCTCTTACGCTGCGACTTGTGTCCGAGAGCGC  
GGTCTGAAGCTCGGTGCGCAACTGCTTCACTTGGGCAACGAGCGTCGCCACGGTGTGCGCGGGGTGTGCTTTCGATGC  
CCAGCGCCTTCAATTCCTCGGGCGTGAGCTGGGCGCCGTTGTCCGCCGCGGGTGGCGCCGTGCTGCCCTCCACCCGAGA  
AGCCGGATACCGACGAACAGCACCAGGATGGCGACAGGGATCATCAGCCACTTGAGCAGGCCGTTACTGCGCATGGCGGG  
CCTCCTTGGCGTTCTCGTTCGCCGTCCGGCTGCGGCAGATGCACGGCAGGGTGAAGCGGTGAATCGCCGGCAGCAGCGAC  
TGCGCGAGGCCGCGGGCCGCCGTGACCAGGTAGAGGACGGTGTGCTCCTCGGGCGTGGCCGCGGGCCAGCGCCTCGTG  
CTGGAAGGTGGCGGTGAGGAAATCGCCTTGACGACGCGCGGGTTCGAGCGGACCCAGTGGCGCCGGTGTGGTAAGGC  
GCACGGCAGTCAACCTTGGTCTTCCAGGCGCCACGACGCGAGCGGACCGCGCGCACCGGCAGCGTTGGCATCAGTGTG  
TCCAGGTTCAGGTTCGCGGGGCGAGGTTGACCCGCATGACGCCCGGAAGCGGCTCGACGGTGCAGCGGTGCGTAGAGGTT  
CTGCGCGGCGAAGCGGTCAGCACGACAGGGACCGGATTTTCGCGCGCGGTCGCGGCACCTCGCTTGGCCCTGGGCGC  
GTGCCGGGGCCTCGGCACTGTGCGGCTGCTCGCCATAGCTCCCGGTGCGCTGTCACCTCGACGATGCGCACCGCTCC  
AGCTCGGCTTCCCCGCTCTTGGGCGGTTGCGCTGCGATGTCCAGCAGGATCAGCGCGCCCGTGTGCGGCTCCTGCGAGTTG  
CAACCGCGTGGGCTCGATCGGCTGCTGGCGCGCAGGTACACCGCGCCACCCGCACTCTGCACGCGCAGGCGTTGCCCA  
CGCCCGCGGGCACGCCACGCGCACGTTCCGGTTCGATGAACACGATGCGTTTCTGACCGACCTTCAGCGGCCTGCGCAGT  
GGCATGCGTTCCCAACGCAGGATCTCCACCGCCTGGGCGACGGGTGCGCGGGCCACGGCCAGTAGCCCCAGCAGCGCGAG  
TACAGGATGCTTTCATGGGGTGTTCCTCCTTGGGCGCTTGGCGAGACAGGCCACTCGACGCCGGGCGCGCCGGCTCCGG  
TGCATGATGCGCTGGGGCGCGCCTTCGTAGCAGTCCAGCGCCAGGCCGAACGGGTTCGCGGGCGGGATCGACGTCCACCC  
GCGTGACCTTGCATCGGATAACGCACCAGGGCGCGCTTACCTGCTGCGCGCCGTAAGTACTCGTCCGCCGTGATGTCCAGC  
GTCACCACCCAGTTCGCGATCGGACACGGTGCAGCAGCGCGCCGTGGGGTTCGTCGCCATAGCCGCGCCGGGAATCTCGTA  
GATGCCCGCGCAGCGCTGGCGTAGCTCGCCGGTGGAGCGCGGTAAGTTCGATAGTCCGCGGAAGGAAGGCTGGCAGGACG  
GGGTGAGGTACGGCGAGAGCGTGTGGAGGTTGCGCGAGTAGTCTTCTTCGCCATTGGTTCGCCAGCCGTTTACGCTTGG  
AACACGTAGAACGTGAACGCATAGACCGATTTCGGGCGGCACTTCCCACCACTTTCGGGTACTGCCAGAGCGCAGGTCCGG  
CGGGACGTGGATGGTTCAGGTGCGCGGGCGCGCTCCACCAGCCGCCGCCATGACCAGGGCGACAATGACCAGCGCGCCCG  
CGCCAGGGCGAAGGTCTTGATGTGCGCCTGCAGGTGGGCGATCTCGTTCTTGAAGCGACTCATCGCATGCTCCTGCGGG  
TGGACCAGAAGCCCGAGCGCGAGATCAGCACGTGGCCGCCACCCAGCCGGCCATCAGCGGATGGCCCGTTGCGATGCGC  
CACTGCAACTGCCGATAAAGCCAGGTGTTCGGGGCGCCACGCTTGGAGCGGGCAGGATGCGCGCCGCGATGAACACGCC  
CAAGGCCACGCCAGGACACGAACGTGCGGTGCGATGCTGCGGAAACACCCAGAAAGCGGCGCGCCGACGACGA  
GGCCGGCGGGCCGAGCAGGCGCAGCAGATCCACAGCTGCTGCGCGGTGAGGCCGCGCACCAACGGATGGCGGTTG  
AGCCGGTGCAGGAAGGAACGTGACCGTCCCGTCCGACAGGACGTGCTGCTGCTCGGACATACCCGCTCGCTTACAGGAT  
GCCCGTGGCTTTCGGTTCGAGCAGCCAGATGCCGATCAGCAGCAACACGGCGCCGATGGCGACCGTGAGGCCGAATGGCCCC  
ACGCTTTCGCGCCGGTGTGGATCTCCGCGTAGGTTCCGTAGGCGTGGTAGCAGACGCCGATGAACATCGACGCCACCACC  
AGCAGGGCCACGAGCATGATGATGTGCTAGCCGTAGTTGCGGATCGTCTCCATGATGCCGTTGCGGGTGGCGCGCGTCCG  
GTTCTCCAACCTGCGGCAGGCCTTGGCGGAACGACAGCGGGCAGCGCGGGCGCCAGGGCCATGGCGGCGCGTGGG  
CGAGACGGGAAGTGGGATGCGGTTGTGATGGTTCGGGCTTTCAGGTTCAGGACAGAAGGAAGAACTCAGGACGAGGTA  
CATCGCGACGAAGCGGATGCAGACGCCGAGGAACTGGCGCTGGTTGAGGCGGCTCTCGGACCACCCACGTAGGCCGTTT  
GGATGGCCAGACGCCCCACACGAGCAGGACCGCGAACACGACGCCGACCAGGACGGTTCGCCATTGCGGAAGGCGCGATG  
CCGCTGTTGGCTTGAATGCCGAGACCTGGGCGCCGTTTCAATTGCTTGGCCCCGCGATCGTCCCGGCGAGCGGCTCGGCC  
GCCCGCTCGGTGCGGTAGTGCGCCGCCAGTTTCGGAGGGTTCGCGCGGCTGAGCGCGCGATGGCGTCAGGTGAACTGGAT  
GCCGGCGCGAACGCGCGCCAGGTTCAGCCAGCAGCCGCGGGTAGTCGAAGTGGTAGCGCTCGCCCGGCTGGATGGGGGCAT  
GCGCGGGCGCTGTCCGCGACGGTGCCTCCAGCGCGTTCGAGCTGGCGCAGTGGCGGACCGTCTTGGCGCTGTGCCGGA  
GACTCGGCCAAGGCCATCTGGGACTGACCCAGCAGGAGGGCCGTACAGAGAAAAGTGGGCACGCCGCGATGCGCGGGCGG  
CAGCCAGATCGAAGCCACCATCGCGCCATTCTGTGTGATCAGCAATGGGGTGTGTTGGAGATCAGGGCTGTTTTAGGC  
CGAAACAATAGGAACGGCGGACGACCGGATTTGGGCATACCGCGAGCGAACCTACAAAAGCCCGGGTGGAGTTTCGATT  
ATTGCGTTTTTCGAGTGTTCGAATATGATCGGCTGCAACCGTTTTGCTTAGGAGCTACCATGACCACCGCCACTG  
CCAATCCAAGATGACCTTCCCGCGGGAGAGGTTAAGCGAGCTCCAGGGTCAACGTGCTTGGCGGCTTACCTC  
GCAACCCAGTTTCGAGACGACACATCCAGATCTTTGATGACCACAAACAGGCTCATCAGTGGGAACCTGCCACCTCGGC  
TTTACGCCTGCTGGTCGACATCCTGGCCGAGTTGGCCGATGGCAATGCAGTAAAGGTGGTGGCCCGTCCATGCAGAGCTGA

CGACCCAAGAGGCGGGGACTTGTCTCAACGTGTCCCGTCCCCATTTTCGTCAAGCTGCTAGAAAGATGGGGTGTGGCATTTCATCGCACCGGCAAGCACCGCAGGGTGTAGGTTTCGCCGATCTGATGCAGTACAAGGAAGCGCGAGCGCCAGTGTAGCAGGCGATGGCCGAACCTCGCTCAGCAGTCGCAAGAGTTGGGAATGGGATACGAATGAGGCATTTCCCATTCACCGCCGTCTACGACGCGTGCCTTCTATATCCCGCGCCACTGCGGGATTTTCTGATGTGGCTCGGCCTGTCTGGCCGCTTCCGGGCGCGGTGGAGCCAAGCCATTCATGAGGAGTGGAAACGCAATCTGTTGATCAACCGCCCCGATCTCACCCGGGTTCAAGTGCACAGGACGTTCGGATCTCATGGACAGGGCCATTCCGGACGGCTTGGTGGAGGGCTACGAAGCGCTCGTGGCAGGCTGACATTACC CGATCCGAACGATCGGCACGTCTGGCTGCGGCGATTTCGTGCGGTGCGAGCGTGATTTGTGACGTTCAACGAACGTGATTTCCC GAACGATCTGCTGGCTCCGTACGGCATCGAATCGCAGCACCCCGATGAGTTTGTGGACAACCTGCTGGATCTGGATCGGAGGCGG TAGTGTGGCTGCGCAGCGCCAGCTGCCAACTCAAGCATCCCGCGATCGATGTGGACCCGCTATCTCGA AATCCTGCTGCGCAAGGCCTTGTGCAAACGACCAAGGTGCTGGCGACCTATCGACCAATCTCTGACCCCGGAGACC ACGGATGACCAAGAATCCTTTCATCAGACGCCACTTTGCCGAAAGGCATCCATCGAAGCTGGAAGCTGCCGGATAAGTCGC TGGGTGACTTGTGGGATTCGATCGTGATGGACGAAGCCATCAAAAAACAGTTGCTGTGCACAAGCGATCGTCAACTTCACG GTGCGCCCCAAGGTGGAGCGCACGGTACTCCCCCTGCACGGCGTGATCTTGTGGTTCGGCCCGGGGACTGGGAAGAC CTCCTTGGCACGGGGCTTGGCGCATCGTGTGGCCGAATCTTTTTCTTCTGCGAAGTTTCGATTGCTGGAAGTGGAGCCTC ACACGCTGACGAGCTCTGCAATGGGAAAGACTCAACGCGCCGTGGCAGACCTGTTCTCGCAATCGATCGCAGAATCCGCA GCGGCGGGCCCGACGATCGTCTTCTGGACGAGGTGAAACGCTTGGCGCTGATCGAGCGAAGCTCAGCCTGGAAGCCAA CCCGTTGATGTGCACCGGGCCACCGACGCGGTGTTGGTGCAGTTGGACATGTTGGCCGAACGCAACCCGCATCTGCTGT TCGTGGCCACCAGCAACTTCCACAGGCCGTGCACAGTGCCTTCTATCTCGTTGCGACATGTTGATGGAGTGGCCACTG CCCGGCAAGGATGCCTGCAAGCAGATCCTAGTGGACTGCCTGAATGGCCTGGCAAAGACATTTCCGGGATTTGGCAAGCT TTCCTCGGCTCACAGTTCGACGCGTGCCTGGCGAGTGCCTCGGATTGGATGGTTCGGGCCATTCGCAAGGTCGTAGCCA ACGCCCTCGCGGCCGACCCGCAAGTGGCTATCGATCCGAACAAGCTTTCCGTAGAGCACTTGGCGAGTGCATACGACAG GCAAAGCAAATGCGCCTTCAAGGAGGGAAAGCAAAAATGACCACCGTTGTCAGCCGGACGTTTCGCGAGCTCGCCGCACCGC GATGCGTTGCAGACATGGGATGCCATTGTGCAACTGCTCACTCAGGGCAAGGACGGCACGGCTCGCTCTGAACTCAGGGC CGTGACGGGCGTGGCCGCCAGCTTGCATCGCCGACCAGGCACCCAAGAGCGCGCCATCGTTGCGACATGCGATGGACCAC GGACCAGGATCTACTGCCTCTTCGACGAAGACGCGATCTATGGTGTGATGCCAACGAAGAAGTCTTGGGGTTCGAGCCG TTCTCGCATCATTGACGCGGACTTGAGCCAAAGGAATTGCCACGACGCGCAGGCCGATGCTGGCAAGCGCTGTCGCTCG ACCTCGGAGGTTTCTCAAGTCATGAGCACCGTGCACCACTACTCGTACACGCACTCGGTTTACTATGTGACCCACAACA TCCTCAAGAGCTTGAAAGACATCATCCTGCTCAGTGGGCTGGACCCTGAGCACTTTGCGGATCGCTGGGAGAGCAATACC CGAGCCATCAAGACGTGGCTCGGGACCGGTGATCTGCGCAAGGTGATTTCTGGAGATCTACAACCCGGCAACCGACAAGCT CGTGACCCGATGGGATATCGACATCGTGTATGGGTGGTCCGATGGCGACGGCAGCTTCTGGACAGATACCGAGCAGTTGA AGTACGCGATCAAGAAAGCTGGGCTGCTGCCATCGCAGGCCAAGTACAAGTTAATGCTCGATACAAAGCCAGGGCGACCT GATGTGGAGGGATGGAGCAAAGGAAGTTATCGCTCGACGGATGGAATGGTCAAGCAGAGCCTAGGCTCGACTGTGCAACA CAGCGCCCTGGCGGGTTCAGGCCGGATATTGGAGGCAACGCTGATGCTGTGATCGATGAAGCTTTTCGCAAGTTCAAGTC GCGTCTGGAACCTCAACGAACGCGAACAAGAATGCCTCGCAACGCCAGAACGAAGTGCGGGACTACCTGCAGACCAAGT TCGGCATTGCGCGCAGCTTCCGTGACCGGTTCTATGCTCGATACACGAAGACGAAGCCGCTCAAGGATATCGACATCTTC TTCGTGCTGAAGGACTCGGAGAAGCATTACCACGGCAAGGCCGCATCGGTAGTGTGGATGATTTCCACTCTGCATTGGT GGAGAAATACGGTTCGGCGGCCGTGCGCAAACAGGCGCGCTCGATCAACGTGGATTTCCGGTGTTCACATCGACGCGGAGG ACAACACGGACTACCGGGTGGTTCAGCGTGGATGCGGTGCCCGCATTCGATACCGGGCAGCAGTATGAGATCCCCGATACG GCGTCCGAAAGTGGATCAAGACGGACCCGGAGATCCATAAGGACAAGGCGACCGCAGCGCACCAAGCCTATGGCAATGA GTGAAAGGTCTCGTGCATGGTGAAGTACTGGAACAACAATCCCAAGCACGGCGATCTGAAGCCGGTGAAGCCCTCGT TCCTGATCGAGGTAATGGCCCTTGAGTGTCTTTACGGCGGCTGGGGAGGATCGTTTCGATCGCGAGATCCAGTCTGTTCTT GCCACGCTTGGCCGCTCAGTTCATGACGAGTGGCCGATCCCGGACTTGGCCCGGATCGCAACGATATGGATGC CGCGCAAGACGCGCAGCGCATGCTGTTGCCAGGCGCAAGCAGCAAGCATGCCATCGACCCGCGTCTGACCCGCGCTCGT GTCGCAATATCGAAGCGCTTTCGCGCCTGGCGCGCACTGTTTGGCCCCAAGTTCCTACTGTTCTGATCCATCGGCTTCCA TACACGTTCCATCGAGGTACAGCATGTCCCAGTGGTTCGCTTTCCAGCTCCTGTGCTCCCTGCATGAGGACATCCAGCAG CGCTTGTCCGTAGTACGCAAGACCTTTCGGTACCCCGGTACGAAGGGGGATGCGAGCGAGAACGTTGGATCGACATGCT GGATACCTATCTGCCCAAACGGTACCAGGCGGCCAAGGCGCATGTGGTGGACAGCCTGGGGAACTTCAGCCAGCAGATCG ATGTGGTGGTGTGTTGATCGGCAATATTCGCCTTTTATCTTACCTACGAGAACGAGACGATCATTCAGCCGAAAGCGTG TACGCCGTTTTTCAGGGCAAGCAGACGGCTGACGCGGGCTTGTGGCCTATGCCAGGAGAAGGTCGCCAGTGTGCGCAG GCTGCACCGCACGAGCCTGCCGATCCCGCACGCTGGCGGGACCTACCAGCGAAGCCGTTGATTCGATTTCTGGGTGGCT TGCTCACCTTCGAGAGCGAATGGAGTCTGCAATTGGTCCATCCATGGACAAGGCGCTGAACGCAAACCTCACCGAGGGG CGTCTGGACATCGGATGCGTTGCCGCCACGGGCACTTTTTCTATGACCAAGCCAGCGCGCTACAGCTACACCAACGA AAACAAGCCGGCGACCGCGTTTTCTTTTCAAGCTGATCGCGCAGCTTCAGTTTCAGTGGAAAGGTTCCCATGATCGATGTGG AGGCTTACGGTTCAGTGGTTGACCAAGTGGAGGGGGCGCTGTGGCAAGCATAACGTTTCGGAGTACCACCGGTTCTGGCGCAC TTGGCGCAGCGGCACGTGCACGACGACGTGCGCCGGCTGGCGCACCTGGTGTGCTCGATCACCTGCAGCCACTGGCCGAGGT CCGTGTGACGCGCGGGGGCGCTCCACGCGCTTGGCGCCGCTGGCCATCGCGCATCTGGCGCAGATGCCTGTGCGCTACG ACGGGGACGCGCGCGGGCCCCGAAAACGGGCCGGCGCTCGGGCGACTGCACCAGCTCGAAGTTCGGGCCGTTTCGAGGATTC ATGCGGCAGGAGAGCTTCGACCTCAGCCATGACATCACCTTGGTCTACGGTGCCAACGGCACCGGCAAGAGCAGCTTCTG CGAAGCCTTGAAGTGGCCATGCTCGGTTTCATCAGCAGGCAAGCGAGGCGGTCGACCGGACGTAAGTACTGCAACA ACCTGCTGCTGACGCGCCAGCTGCGCGCAGTCTGCTGCTACGGCGCGGCGAAGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGAA GCTGAGTATCGCTTCTGCTTTCATCGAGAAGAACCCTCGACGATTTCCGCCGAATCGCCGCGGACCCCGAGCGATCA GCGCCAGCTCATCGCCACCCTGTTTCGGCGTGGACCAGTTTCAGCGAGTTTCGTGCGCGGCTTCAACCCCTCGCTCGATCAGG

ACCTGATGCTTGCCGGCGTGCAGGGCGGCGCAGCTGGCGCAGCGTCGCTGCGGTTGGCGAACTCCGAACAGACCATCGCC  
GCCTACCCGCAGAAGATCGCAGCGGTTCGAGGGCCTGGAACAAGCTTTGGCGCAGCGCATGTCACCTGGCGCGACCTATCA  
AGCCTGCGTGGACTGGCTGCTGGGTACGCCGCAGCAGCAAGGACGGCTACCGTATGTCCAGGCTCAGCTGGACGCCAACC  
CGCCTGCCATTACAGAGGTGACCCAGGCCCGCCTGCAAGCGTTGCTGGCAGAGGCTACCGCGTCCAGGGACTGTGGCAA  
GCGTCTTCCGCGCAACTCGCGGGCCGCGCGGGGCGAGGTGTCTGACGCGAAGCTCTACGAGGCGGTGCAAGCGTTGGCGGA  
CGGGGCGACCGCGTGTCCGGCATGTGGAACCGGACTGGCCGCTGTGGCACAGGACCCGTTCCGACGGGCGCGAATGGGCC  
TGGAGCAGCTCGCGCAACTGGCCGTCCTGCAGCAGCAAGAGGCCGGGCATCGGACGCAGTTGAGCGAGGCGGTCCGAGCG  
CTGTGGGACGAAATGCGCCGCGTGGTGGCGGGCTGGGGTCGCTTGTCTGCCAATCGCAGGCCGCGGGCCTGCCACT  
GCTGCCCTCCACGTCCGGCGGCAATTGGCTCGGCGGCTGGGTGAATGGGGACCAGCGCGCTGGCAAGCCCTCTTACGGA  
TCGCACAGATCATCGAAGGCTTCGACGCGCAGGCGCGCAGCTGCATGCCACGCGCGGATGGCCAGCGCGGATGGCCAGGCGGGAC  
CGCCTGCAACAGCATCAGCTGGAGATCGAACGGCTGCGGACCATGCGCACGACTGCGGATCAGGAGCTGGCGGGCCGCCG  
CCAAACCGTGGCCCAATTCGACGACGCGAACCCGCGGCTGATCCAGGCGGCCACGGACGAAATGCCGGTGGTGGTGCACC  
ATCAGCGGGTCAAGGCCGCTACGACGGCTTCTACCCGAGATTAGGCATACCTGACCGCTCTGCCGGGGTCTTGCTA  
CAGGGGCTGGGAGACCAAGCCCGCCATCTCTACAACGCATTCAACCGGGCCGATCCGCCCGGCGATCTGCTGCACGCGCT  
GTGGTTGCCCGTGGCCGAGAACGGCAAGATCGAGGTGGAGTTCCGCGGCGAGCCGGGCGTGCCTACGACGCGTTGATCG  
TCTTCAGCGAAGGGCACATCAAATGCTTGGGTCTGGCGATTCTGCTTGCCAAGAACCCTCGCGCAGGGCTGCCCGTGGTC  
ATCTTCGATGACGTCGTCAATGCGATAGACGACGACCATCGCGATGGCATCTGGCGTACCTTCTTCGAGGACGGTTTGT  
CCACGGCAAGCAGGTTATCTCACCTCGCACGAGAGGAGTTCTGACCCGCATCCAGCAGGAGTTGGGCGTGCGCCGCG  
CCGCGGCCATCAAGCGCTACAAGTTTCTCCCGCATCAGGGAGAGCACGAACTGCGGGTGCACAGCGACCCGCCAGCGAAG  
AACTATGTTCTTCTGGCCAGCAGGCGTTGGCGGCTGACGAGAAACGCGAGGCACTGCGCCAGGCCCGGCCGGCGCTGGA  
GAGTCTGACGGACCGCCTGTGGACGTGGCTGGGTCCGGCGGGCGGACGGCCGGATCGACATCAAGCTGAGCGGGCCCGCG  
CGCCTTGGGAGCTGAACAATAAATGCACCAAGTTGCGGTCCGGCTCGAGCGTATCGCGGCGCAACATGCGGGTGCGCCG  
GATGCCGTAGGGGCGTTGGTCAGGCTGCTCAATGTCAGCGGTACGAGTATTGAATGGGGTTACCTCAATAGCGGTGTGCA  
CGACGCTCAGCGCGATCATGAGTTGATCGGGCGACGGTAAGAACGGTCGTGAGGCGGTTACGGCGTTGGATGCTGCTC  
TTGATACCTTGACAGAACCGATGAACGGCACACGGCTTTGCAGAGCAGTCCCGCCGTTGTCACCTCATAAGTACTTCTTGA  
AGTCTCCGCGGTGAGGCTGACCTGCCATCCCCAGCAACGCGCGCTGGGACGAGGATGACCAAGGATGCACCGCTATG  
GGCAGTGCAGATAGGTGACCAAGCGCAGCAGGCGCAACGGCATCAGGCTGGCCTTCGCGCGTGTAGATGAAGCCGGA  
TTCGCGGCCCGCGCCGAACCGGCGCACATCCCGTTCGACACCAGGCCGTCGATCAGGCCGACGAATGCTGCAGTGAAGATCA  
GCGGCAGCGTGAAGTACCAGGACCAGCAGGCGCACAGGAAGGTGAGCGTGTGAAGGCCGACGCGATCAGGTAGCTTTTCG  
GCCCAGACATAGACTTGGCTGATGTAGTAGCGGAAGTTGCGGCTCTGCCCGTGGCTGGCCGCGCGGGCGCGCTCGGGCGT  
CTGGCTCATGCGCTCCAGCAACCCCGAGCGCACGAACACCCACTCGTACCCGGTATCCACCAGCTCGTGCGCCGCGCGCC  
CGGGCTCCTGCACCACCACGCTGCGCGTGAAGTGGTTGGACAGGTGCCGAGTTCGTAAGTGCAGCATCTGCTGGGAGTGG  
CGCCAGCCCTGGTCTTCCAGAACAGGTGCATGCCGACGACTCCACCAGATCGAGAACAGCAGCGAGCCGATGAGCAC  
CCCGAGCAGCCGGAACGGCAAGGTGATGGTGGCGACGATCAGCCCTGGCGCTGGTTCTGCTCCCGCTGCGCGGTCGAGG  
CGGCATCCTTCATGGTGGCGCTCGCCGGTGTGCTGCTCGGCGCCGGTGGCCACCGCTCAGGCTCGGCTGGAGCGGCGT  
CATCCAGCAGGTCGTGGGCAAGGCTGCATGCGGCAAGGCTGCGGAACTGGTGAAGTCCCACCCTGCGTGGCTCGCTG  
TAGCTCTGGCGCATATACCCGGCCAGTTGCTGCAAGTCCGTCGGCATCACTTCATCGGGGTCTGGCGCCGGAAGCGGCAT  
GCGCACCTTCCAAAGCTGGCCGCCCTGCAGCAGCGCGAAGCATTGGCCCTTGGGCGAGCCGACGACGCTGTGACGGCTCGA  
TCATCGGCACGCTGGCCATGCTGATGCGGTCTGGGTGTTGACGTTGAAGTCCGTCGCGCCGCGGATGCTGAGCTGTCC  
GTCGCGCCCGAGACGATGGTGGTGTATAGACCTCGACCTTCGGCAACTGCCTCGTCAGCAGTTCCGCGGTGGCCGCTC  
GCGCACGCGCAACATGAATAAATTGTTGAAATTCCCAGTCACTTGGCCGGCCTTCGCGCGGTTGCCGATGCGGGCCTCGA  
TGTCCGAAAGCGTTTGCCTGTAGGCGGTGACTTGCAGGCCCGCGCCACCGCCCTTGTGATGAGCGGAATGAACTCGTCA  
CCCATCAATTCAATGAACTCGTCCGCATGCACCTGTATCGGCACGCGCACCAGCCGATGCGCCCGGCGAGGCCATCGT  
GATTCGCTGCTTGTAGATGTGCCAGCCAGCAGGACGAGATCGTGAACATCGAGTTGCCAGCCGCTCGGCGACCTCCG  
CATCGGACAGCGCTCCAAGCCGACATAGACGACGCGCGCTTCTGATCACCTGCATCCAGTCCAGTGAAGATCGGGCGCGG  
TCGGCCAGGTGCGAGTAGTTCCGGCGCCAGGAGCTGGGCGATCTTGGCGCTCGTGAGCTTTTCCAGCAGCGGCAGCAGCGA  
TGCAACGATCTTGTGCAAGTAGGTCTTGTGCTAGCGCACCCCGAGCGCAGGCCATCGAGCACAGGGTTCGTAGTTGCGCG  
CCTGGGAGAGGTATTGCTCCAGCGCCACCACAGCTTCTCGCGCCCGATCATGTTCTTGGGATGTTCTTCTCGTTGAGC  
TTGGCCTCGATCTGGACGATCACCTCCCAGGCTTGGGCTCCGCTTGGCAAAGTAGTGTGGGCGTACTCAATGAACAG  
CGCGTGCATGTTGATGACGTGGCGCTGGATCAGCATGTAGTCCGGGCGCTGCCCCAGTTCACCAGGGCGCGGGCGATGA  
TGTTACGAAGCGCCATGCGAACTCGCGGAACCGCGCTGTTGCCCTTCGCGGAGAGCTGCCCCGCGATGCGTGTGCC  
ACTTCCGAGATCCGACCGAAGCGGGCCACGGCGTTGTAGCGGGCGCTGATTTCCGGCCAGCCCAAGTGGAAGATGTAGAA  
CTCGCCTTCGCGGCCAGCGCGCTGGGCTTCGACGTACATCCGTTTCAAGAGATCGGCATCCCCCTTGGGGTTCGATGACGA  
TGACGACCTCATGCTCGCCGGCAGCATTCTGCGACGGATGTCTGCGTGACGAACAACCTCGGCCAGGCGCGCTTTGCC  
ACCCGCGTGGTGGCCAGCACCAGCGAGTGGCCGACGCGCTCGCCAGCGGCAGGCTGACGTTCACTTCGTCGGGCTCGAT  
GCCGTGCAGCCTTGGCAGGCCGCGGACAGGCGGCAACGGGCGCACGGGGTTGAAAGGCGCGTCCAGCCGGTGGCTTCG  
GCAGGCGCGAGAGCGGCAATGGCGCGAACTCCAGCCGTTCTCCAGGCGCCTGGTCAGCCGGTAGGCCGGCGTCGGCTCG  
ACGTAGCGGCGGAACTCGGGCCGGTACGTCTGCATCAGCCGATGCGTGTGCTTCTGCTCCAGAGAAAGCCGCGCCCCAC  
GAATAGGCGCTGTGGCTGACCGGCACGTCCTTGTGGTTCATCAGTAACGCGGCAGACGGCGGATGTTGCGCCGGTAGC  
GCAGGATGATCGGGCATCGGGTAGCGGATCGCGCCGATAGCGCCGAAAGGCGTTCGCGATGCCATGCCCATGCCCAGG  
CTCAGCGCGAGCCATGGGGCCACCAGGCACAGAAACGCGCGCCTGCACACGCGCGACGGTGTATAGTCCACCCG  
TGGGCGTAGCAGAACCCTCGACCGGCTGTTTGGCCGACATGGCTTCAATTGCTCGATGCCGCGTGCATCAGCGCCGG  
TAGTGCCGCGAGGCCAGGCGATCGGCCAGGTGCTCGCCGGCCACGGGCGGAGCGGCACGCCCGGACCCAGGGCGCGCAG

CCGCGCCAGGCCCTGCGCGGTCTCGACGTTGACGACCAGGCCGACCCGCGCCACGTTTCGCGCAAAGCGGCGGCGCGCGCT  
GCAACCAGGCCCGGGAAGCCTCGTTCGTCGCGGATGACCACGAACGGCCGAGGCCGGGCGCTTCGATCACCCGTCGCGCG  
ACGGTGCCGGGCGTGAGCTTGGCGCTGCGCACCCGGCAGCATCGCGGCTTCGTCCGCCCGTGTGGCAGGAACCTGGGGCGT  
CGGGATGGACGGCCGCGCCGGTTCGCTTGGCGCGCGGCTGGAGATTCAGGGCTTCGTAGTACGGCAATGCCGACGTGCCGC  
CACGGTCTCGACAACGATCAGTGGCTCGCCGGCACGGCAGGGCCAGCGGCAGGCCTGACAGCAGCATGAGTAGGCCCGTG  
AACGCGAGATGGGCGGGATGGGGTTTCGTCATGGGGAGGTCTCTGGCGCGCCGCGAGGACCAGCGGCGGCTGGTCGCGTG  
CCCTGCACGCGGGCAAGGTGGCGCGACACGCTGCGCCGATAGCGGGCGGCGGGCTCGCCGCTCGGGGCGGTGGTAGCG  
GCCGATCGCCAGCAGCCAGTCTCGCCGGGGTGTGCTGCTCCTTCAGGATCTCGGCGGAACGGCCAGGTTGCATACG  
GATCCAGCAGGTGCGACGCGCCGGTAAAGCGGTGCTTGTGGTAGCCGAGGTTGATCTGGCCAGGCCCGCATCAATGCGC  
GTGTGCGGCGTGGCGCGCATCGCCTGCTGAGGCCAGCGCAGGCGTGGCGCGCGTGGCGAAGCGCGCATGGCCGGC  
GACGTTGAGGGACCACGGCCACGGCACAGGCGCCGTTGCGCCGATGCCGCTCTCTGCAAGGCCACGGCGTAGAGCA  
CGGTTCGAGGGATGCCTGCGCGCTGGGCGGCAAGCTGGTAAGCCGGTGGCGGAACCTCCTGGGCCAGGGCGGCAACGGCA  
TACAGGCCGGCAGTGAGCACCAGTGCAGCGCAGGGGCATGGCTACGGCTGGCGCTGCCATTGGCCGTTCACTTCGCGCACG  
GCGGCGGGCAGATCGCCGGGCGAGGCCAGTGACAGCCAGCGGCCGCGTGTGGTTGAGCGTGATGCTGCCGGCGCGCAC  
GCGCGCCGGTTCGATCTGCGCGCGCTTGGCCAGTGCAGGATGCAGCGCTCATCCTGGCGGCTGCCACCATGTACAGGT  
CGAATCCGCGCCCGAGGATTGCAGGCGCTGCAGAGCTGTCCGAGGCTGCGCAGCCGCTCTTGACGAACACCGCCATG  
CGGCCGCTGCCGCGCAAGGGACTGCTGGATGGGCCGGCGCCCGGCTTGTGTCGGGCGAGGTTACGCGCTGCATCCCCG  
ATTCAGGCGCTGCCAGGCCTCGTTCGTAGGCGCGCTGGTAGGCGAGCAGCTTCTCGACGCGGCGCGCTTCCACCTGCACCT  
GCAGTTCGCGCATAGCGGCGCCGTTCTTCGTCCGTGCGAGCTTCGATGCCAGGGCGGACAGCGGTTCCAGGTTGGGCGAG  
TAGATACCCAGCGGCCCATCCATCAGCTCGCGGTAGCGTGCCATTCTTGTGGCTGCAAGCCCCATTCCGTTGCCACCCG  
GTCGTCCAGCACGCGGGCGGCCAGCGGGCGCTCCTGGCTCTGTGCGTTGCGCGCCGAGGTCGTTGCGGGCTGCTGCGCCC  
AGGCGGGCCATTGCGACGACGCCACCAGGACCAGGAAAAGGAGGATCGACGGCTTCATGGGGTGCTCCGGTCAGGGAAATC  
GCCACGCGGGCGGTCTGGTTGCCGGCCTGGAACACTGCGGTGTTGCCCTCGATCGCCTGCAGGCGCCACGGGCGGACCGC  
ATCCCCGGGCAGCAGCACCTGAAGTTGGGCGGGCGTGAAGTCCCCGATGCTCGGCGGACGGACACGCTGCGCTGGCCGG  
CGCGAGTTCGGCGCCGACGACGCGGAATGGCAGCGCGGCGAGCTCGGTCCTGGAGGCGGCGGACGTCGCGATGCGCGC  
CGCTGGGCGGGTGGTGGCAGCGCGCGGCTTGGCGCGCTTGCATCTGCTCGACTCCGCGCGCAGCCTGGAGGTC  
GTCGGCCGCTGCGTGCCTGACTGAGAGATTTCTCGACCTGGGCGCGCGCTGCTTCCAGAATCTGGCGGGTGTCTTTGAGGT  
CAGCGTCCGTCGCGACGGCCGGGCGCTGCTGGATGGCCTCGATCGTCTCGGCCAAGCCAGTTGCCTGCGCTTCCAGGCGT  
TGCAGGCGGGAATCCAGCCGCTCCTGGTTCGGCCTGGTTCGCTGAGGGCCTGGTAGCCAGGGCCGCAAGACGCTGAGGAA  
GATCAACCAGAGCCACATCAGGCTCTGCACCACCAGGCGGCGGTTCGATCGCTGGGCGAGGTTGCGGGGCGTTCATGGCTG  
GCCTCCCGAAACCATGGGTGCCAGCGGGAACGTTGACCCGCTCGGTGGCGGGTGGCTCGGATGGGGACTCGGCGACCG  
CGCGATCGCCGGGCGCTCGAAGCAGATTTGCCGTGCGCGGTTCATCCGCGTGCAGTTCAGGCGGGCCAGCCAGCGTG  
AGCAGCGCATCGCGCAAGGTTCATGGGGCCGAGGTGCAGGTGTACCGCCGCAACGGCAGCGGTACAGCTCGATCACGGC  
ATGCGCGGTCTGGCACAGGCCATAGCCGCTGCGTTTGCAGCAGTGCAGGAAAGCCATCCCCGACCGTGGCGCGGGCATCCT  
CGGGCATGGACACGTCGATGGTCTGCAACAACAGGTGCGGCTGCGCCGCCATGGGTGCCAGTTCGACCAGTGTGTAGCGG  
GCGTAGCGCACGACCGGGATGTACTCGGAAGCCTCGGGTTCAGGCGCGGCCAAGACTTCCGCGATGGTGTGCGGCGCGAC  
CGGCGCAGTTCGTCGCGCAGCCACCAGCCAGCACCAGCAGGCCGAGAAATCCCCGAGAAAGGCGGCGTTCGG  
GATAGTGAAACCACGGTGGAGAGGGGACATAGCTCGGCGTCTGAAACATCCAGCCCTCACCATCGCCGCTCAGGCCGC  
GAGCGGCAGCAACAATGCGAACAGGCGAGCGTCCGATTTACCGGGAGCGGCAAAAAAAAAACGGCCCCGAAAGGGCCGTAAG  
TGGAACGTGTTCATGCGGCGACAAGCTGCCGGGCCAGTGCAGCTTCGACGGAATCACCGTCTGGTTTCAGGACATCGAGCC  
CGGATTCGGGCACGTCGCCCCGAGGTGGACTGCGAGACCATGATCTTCTTGGCCATCAGCTCCAGGCGAGTTCATCTGCGAG  
GAACCGGCGTAGCCGAGGTAGATCACACGCACGGGTGCTTCTGCCCGATGCGCCAGGAGCGGCGTGCAGGCTGCTGGAG  
CGAGTACAGTGTAGCCGACTGCATGAACACGATGCTCGGGAACCTCAACAGGTCAGCCCGCTTTCAGCAACTCGG  
GGTTGGTGTAGAGCAGCTGCATGCCACGGTCCAGTGTGCTCGGCGATCCAGTCTTCGCGCGGCTGGCATCCAGCTCGCG  
CGCAGCACCGCCACCTTGAAGCCTTCTGCTCCAGCAACACCTTCAGGCGCGACGTTGGTGTGCGCGGTATAGAC  
CGTGTAGGCCAGGACCTTGCAGCCCTGCGCCTTCTCCTCTTTGCAGATGTGATCAGCTCACGCTCCTTGGGGCTGATCT  
CGAATCGTTGAACTGAGCCGGGACAAACGCCAAGGTGTTGCGCGTGCAGGATGCACCACGGTCTCCGACCGGAAGCAG  
CAATCCGGCCAGGCCAGCAGCACGTTGAGGACCACACCCAGCAAGGTTCGATCGCGTGCAGCCAGGCTGTTTCAGCTC  
CGCGGTTCAGCCGACCCGCCAGATCGCGGTAGGCCGCGGCTTGCAGCGTGTCCATCGCGACTTCAGGAACTCCTCGTCAT  
ACGGCGGACAGGACGTTGCCACCGATGTCTTTCAGCTTGCAGAAAGATCGTGAACGGCAGGATGCAGCGCAGCACGCCCTT  
GGGCCAAACCCCGGGGCTTGCAGCTGCGCACCGATACTTGGTGCCTTGGCCGCTTGTGCGCGTGCAGGCTGCTGCTC  
GGAGTAGATGTCTTCAACACCCCGTGCATGCGCATGAACGCCATCGCAGCCGAGGTCATGCTGCCGCTCGTGGTTCGGG  
GGTAGCCGTTTCGATCATCCGCCCGGAAGGGCTCGGAACAGCAGGTGGAACAGGTCGTCGCCGTCAGCCGCCATCAAC  
GTGCCGGTTCAGCAGCAAGGCTTTCGAGGCTTCGCCGCCAGCACGCCCATGGCCTGGCCCTGGGCACTGCCCGCTTCTT  
GACTCATGTGCCTCATCGGCGATGAGCAGGTGCAACGTGCCTTGCAGGAGGTAGCGTTCGATGAACTCGGACGGCTGAT  
AGCCGCCCTCGCCAAAGCCGAACTCCATGTTGGCCATCGCACGTTCCATGCGCGTGGCCTGACGGTTCGGAAAACACCAGC  
TCGCCGTTGCCATCCATGAGGTTGATGAACTCATGGATGTTGTCGCCGAGCATCGACGCCAGGAACCCGTCACCGAACTT  
TTGCATCAGCTTCTGCGCGGTGACCTCTCCGATGGTTCGGTATGCGCTTTAAGGCTTTGAGCACGGCCGAGGACTGGTCG  
TGCCGGACAGACTGCGCGGGCGGATCAGTGTCCACAGGGGCGCGGCGAGTGGCCGCACTTCTGCGGCACTCCTCGGCT  
TGGAGCGCATCGGTTGACCGGCTCGCCGTCGGTTCGGTATGACCGTGCAGGTCAGGTCGGCGAGTCCGGGCGAGGCCACGTCG  
GTGCGGGTGCAGCGCTGGTGAAGACAGGCTTCCAGTGAAGCCCATCCGATCCTGACGCGCCCCAGGACGAAGAAT  
CCTGGCCCGTGGGCTGCAGCCCAACTGCTCGCGCAGCTTGCAGGCTGACGAGCGTATCCGGCCGTTGAGTACCAC  
ACCTTGGCACCGGCCACCGTCTCCTGGATCTCGCGCCGCCACTTGTAAACCAGGTGGGGCGGCGACAGCACAGAGTGC

GCGATAGCCTTCGGCGTTGAGCACGGCGGCCGTGGCAATGCCGACGGTCGTCTTGCCGACGCCATCTCGCCATTGACGA  
TCGCAGCACGTTTCGCCACGGTCGATCAGCAGCTCGGCGGGCGGTGGACGACTTCGGCCTGGGCTGGGAACAGCTTGC  
TTGAGGCTGGCGACCACAGTTGCCGGTGCCTGCGGTTGGCCGGTATAGACCGGGCGGATTAGCGCTGTTGAGGGCGTC  
GAGTAGTTCGTCGCCGAACCTCGCCGACAAAATCCTGAAGGCTCAGGGTCAGAGGGGAAGATTCCGCGTCGAGCAGTTCCG  
CCTGTACGGGCGCGGATTAGCGGCGAGTGGTTTCGAGATCGAGGGACATGGTGTGCTCCAAAAGAAAAATGGGGCATGCA  
CCACCCAGCGGGGCAATGGCATGCCCCGTGGTGGGAAGAGAATCGACGCGTGGCTGAGGGTGGTTGAAGGTGCTGGCC  
TGGGCGGCCCGCAGGTGAACCGTGTCTAGTCTTCGGACGGAAGCAGATGACGGTTGCGCAGCGCTGCGAATCGGTGACG  
ATGCGAATGGCGAGCCCCGGATGGATCACGTAGTGCATTCCAGCGACGCGCCCGATTGAAGCGCGCTGCTGTTCTGCTG  
CCATTGGCTGGATGTTGACGTGCCCCAGTTCGCCACGGTGTGGCGCCTGAAGTACGGGATCGGGTCCAGGCGACCCGCG  
GGACCAGGCGGTCTACACCTCTGTGAAGATGAGCGCCCCGATGGGGAACGCCAGCCGCTGGCAGTAGGTTTCGATGCGA  
TGCGATGCCATGGGCTCCTCCTTGATGAGTCATTGAGCCACGACACCCCTGCCGGAGTGAAGTGGCTCCGTCAGGTGGAT  
GAGGATGACGATGTGGGGCTCAGATCAGGTCCCCTCTTCGGGAAGCTGGACCACCGTGGTCTGGTGGTCCCTCGCTGGT  
CTTGACGATCAGCGCCAGGTCCGGCGTGATCCTGAACTGCGAGATCATTAGGTTGTCTGTTGGATCGCCACGTGCTTGG  
CTTGGCGTGTGGCCTCATCGATCTCGCCCCAGTCCCCGCGCACATGGCGCTGGACATAGGCCAAGGGGTGATCAGGCC  
CGCCGGCCAGCCAATGCACCTTCTCGCTCAACTTCAACGTACTCGGTGCGAACAACGGTTGCTTGTGCGGCGCAGGCC  
CTTGAACGGATTGGGGATCATGGTGTCTCTCCTTCGAGTTGGTACAGCAGGACGGCAGCGCTCCGGTGGATCAGCGAAT  
GGTCAACACCTCGCCCCGTGTGCGGGAGCCAGGTGTCTATGTCCCACGCGCGGATGACGGGAACGAACTTGTGCGTGAGGA  
TGCGGGTCTCGGCGATGGAGCCGTCTTCGCGTTCGGTGAACCTCCGCTGGAGCGTCTTGTCTTGTGGGTGTACCTTTG  
ACGACGAGCACGCGCCCGTCTTGGAGCGCACAAACCCCGAGATCGCACCCGCGCCAGAGCCAGGGCGAGATGCCAGCG  
GGACAAGGCCCGCGCCGGTGGACGCGAGGATTGCTGCGCAGCCCCAGGTGCGTGTCTGCGATGGCCACAAGCCTTGCA  
GCCTGCCAACCTCATCGGCGAATGCTCGGGCTCCATCGTACGCGGAAGAAATGCTCTGGCTCGGCCGGGTGGCGGGG  
ACGATGTACGGCAGGAACGGCCACTCGCTCGGCAGTTCTCGGCTTCGACTTCGCTTGCCTTACCTGCAACAGCAGATT  
GCGCACGGCCTTGACGCCATCGGGCACCTGCTCGCGCTGGCGCACCCGGCGTCCGAAGATCACACCTGCTTGAACGCG  
TCTCCACCGCTCGGTAGATGCGCAGGTCCGTGTAGTGGCGCTCAGCCAGCCGACCAACTCCGCGTCGAGCACGTAGCCG  
GGGACGATGAAAACAGCAGCGCCCGCTATTGACAGCAGGAGAGCGTGCCTGGTAGAACAGCTTTTCAAGGCGGGCAG  
GCCCTGGCCCTGATAGCCGATGTTGCCGTTGACGCTCTGGACAGGTCCCCATACGGCGGGTGGCCAGAGCCCGCA  
AGGACTGCTTGGAGACATCGTGTCCATCAGTCCGCGTGCAGGAGTGCAGGATCGACCCAGCCGCGGATGGCGCGCCCG  
TCCGCGTCGAACTCGACGCGCAACGCCTTTGCCTGCTCGCGCCCGAGGGCATGGGCGGCTTCGGGATCGCCACGCCTTC  
GCCGGCGCAGGGATCGAGGATGCACATCGGCCCGTCTGCTGGGCATCAGTGCCTTGAAGCGCTCTTTTCGAGCGTGGGTTCGT  
CGGTTCGGGAATATCCGTTCTTGACGAAATTCGGGGCGAGCCGCGGGAACATGAGGGCCATGGAAGTCTCCTGGTTGGCG  
GGGATGAAACACGGAAGTACGCCAAGGCGTGCCTCCGAGGGTGGTCAAGCCGCTACCGCTTCCGGCGTCCAAATCTTGG  
CCGATACGGATAGGCGGTGAGCGCGTCTGCGGATCAGGGAGCCGAGCGCCAGGGTCAGCGCCGGCACGTGATGGCG  
AGCCGATGGCCTTCCAGCGGCCCGAGGGCGAACGGAAGGCGGGCCAGCATCTCGCGGGTTTGCAGCAGTTCCAGCAGGT  
CTCGCGCCAGTATCGAGCAGCGGCAACGGGCGAGGTGTCCCGCACCAGCATCCACAGGCGGTCAAGCTGTGGGCGCTGT  
CGCGTGGCAGCAGTCCAATGCGCTGGCGTTGGCCTTGTGCGGCTTTCGAGCAGCGCCGGTTCGAAACAGCCACAGTTGGAC  
AGCGAGCCGAACAGCGTCCGCGGTTACGCGCGCTGATGCGCTTTTCCAGGCGATCGACGTTGCCGATGAATACCGGGAC  
GCTGCCGCCCTGGTTCGGTGTGACGTGGAACCTGGTCCAGTCCCTGCTCGTTCGCGCCCGAGGGTCAGGCGAGCGAGGAACT  
GCTGGACGGCGGTGTCCCGCGCCAGATGGACAGGAAGATCAGGTTGCCCTGGTTCATCGCCGACGAGGCGTCCGGCCATC  
ACGTCCGGGCAATTCGTGATGCGGTACAGCGTGAAGAAGTGTTCGCGGCATGGTGGTGTCTCGGATGAACGGGGAACA  
GCACCGCCCGCTGGGGCAAGTACTGCCCCAGGGGGTGAAGAAAACCGCTCAGTCCGGCTCGAACTGCCGGGTGTGCGGG  
TTGAAGTGAAGCGGCTCGTCCGCCAAGTGTGATCGGCGTGAAGCCTTCCAGGTAGATGTTGTTGAGGTAAGTGGTTCGCGGTA  
GGTCAAGTGCCTGCCGTGCCTGGTTCCTCGGTGAGGCGGTTGTGATGAAGTACGCCAGCATTTCTCCTCGTTCGGAGGACACTT  
CGTGCCTGGACAACTCCCTTCAACGAGTGCACCAACGAGGCGGGAAGCGTTGCCAGGATCGGGTCCATGTCGTTTCT  
CCTGGCTCAGGCACTCGACGCGCGGGATGCGCGGATGCGCGGTTGCGGGTGTGCGCCCGGGCGTGTAGCGCGCAACGC  
CTGCACGCCAGTTCGGCGGACTGCTCCGGTGCAGGTTCCAGATAGGACAGCGGGCACGTGTAGTAGTACGGGTGCATGGAC  
TCGTCCAAGGACTTGTAGCCCCACTGGCCGCGCTTCGTTCAAGCAGATCGCAGCGGATGTAGCGCAGGGACTGGCCCGG  
TGCGAGATCACGATGCACGCCTTTCGACCTTGGCGGTCACTTCGGCGACGGACCACAGCACGTTGCCGCGCAGGGTGTGAG  
CGATGACCTTTCGCTGGCGCGCTCGGTCTCTTTCGGGTGCGATCAGTTCCGCGATCAGTTTCGGACCCGCGATTGGTTTGG  
AAATACCAGCCCATGAGAGGCTCCTCGAAAAGTTGAGCTGAAGGCTCCCGTGGGGAAGAACCCCGAGCGGGTGTGAG  
AATGCCGCATCTGCGGCGAAGGAACCTATGCGTGCCTCAATCCAGTGCATCGTCTCGATCACAAACGGCCGGGCA  
GTAGCCGAACCTCGATCCCGTGCAGCAATAGCCATGCTCCGATTCAGTCTGGGTTTCTGCGGTTTCGGCAGGTGTTG  
CGTAGTCCCATTCTGGGCCGCGATTTTCGAGAGCCTGAGCACGTTGCTCATCCGGCAAACGATTGGCTGTGCGTTCGATC  
GCCGAACCTGAAGAGCGTACGATAGTGGTTCGTAGGACAAGCCGCAACCCGCGCTGGGCGTGTGCGGCGGCCGCTTTGCAAAG  
GTCCCGCCACGCGGGTTCATCCAGCGTTGAACGCGGGGTATCGCAAGCGATGGTGGACATGATGAGGACCTCCAGAAAAT  
GGCCAGGGCCTCCCCCGCATGGGAAAGGAACCCCGGGCGGGTGGATGAAGAACACCCGCGCATGCGGCGTCTGCGATCACGC  
AGGTTTTGGTTTCGGCCTGGCGGCTCCACTCCTGCGTCTTGAAGTCCAGCGCTAGCCCAGCTCGCCCAGGCGGGCGATCT  
GCGCGCGCAGGGTGGCGGCGTGCATGGTTCGAATCCAGTTTTCACGGACTCGCCAGCGGCCACAGCAGGCCGAAGAGCGCG  
GCGTACCGTCTTCGGTGTGTCGGGGGGCAGCGGCGGTAGCAGGCGGTGGCGCATCCACGCCAAGGGCGTGGTATCGAC  
CAGCGGGTCCGCGGACGCCTGCACGGTTCGGGCTTGGCGGGCTGGACGCTTTGGTGGGCTTGGCCGGCGTTGCCGCG  
GCTGCGCCCTTGTCTTTCATCAGCGGATCGACGCTCCTGGTGGCGAAGCTGCGGGCTTGTGCGGCTGAGTTTGTGTCG  
ATGCCGTTGAGCGTCATGCCGTGCGAGGCTGCGAGGATCTCGAACCAGTGCAGCCGCGGACCGGATAGGACTTCGGGAA  
GATGTACCTGATGATGAATTCCTCGTACTTCCCTTCCGGTACTGCTCCAGTCCCGGCTTTGACCTCGAAAGTAC  
CGAGGTGCGTTCGCGAGGCGGCAACCGTGAACGGGCCCTTTCGCGCGGATGGTACGCAGCGTGGCTGGCCGGGACG



ACGATGGGCGCAACAGATTTCTCGGAAGCCGATGGGGTTGCCATGATGGTTCTCCTGATGATGAATGACGGGCCGCCGAC  
GGCACCCGGTGGATGAGAGGAAATGGCCTCGCCCCGAGGTGGGCGAGGTCCGCGTGGCATCACGCCTTGAGCTGGCGCATG  
CCTTCGGCCAGCAGCCACAACGCCCGGTTTCAGGCGCAGGTTCTGGTTCGATGCCTTGACCCGGACGGGTGCGTGTATGCG  
GCCGTTGGCCGTGCGTCCGTTTCAGGCCCTTTGACTAGGTTCTCCTGGACGCGGTTGAAGACGGCCCCACAGGTCGTTCT  
TGCGGTTCGATCGCCGAGGGGCCAGCAGTTGGCTCTCGGTGACAGGCGTGGACTTGGCCGGATCGTCTACTTGTAGT  
GCGAGCGCAGAGTTTCGCAAAGACCTCCGCTTCGCCCTCATCGAGGGTGGTGGCGCATCGCATCGCGCGGTTATGCAC  
GCGCTCGAAACCTTCGAGGACTCCGTAGGCACCTTCGATCACCTGGCTGGCCACGTCCGCTTGTGGGGAACCGCGATGT  
CTGCGGTGGTGTACCCGCAAACACAGGCCGTTGTGGCAGACGAACCGAAACATGCCGGCGAGCATCTGATAGCTGCTCGTG  
CCGTACATGGCTGTTGAGCAGGATGATCTCGTTCCGCTCGTCCGCTGATCTGGCTTGCATGGCGAAGTCGGATGAGGTG  
CTTCGTGTACTCGCGCCGGTCTTCGTTGGCAGCGCGCTGACACACCATGAAGGGCTCGAAGCCCTCCTGGCGCAGCT  
TGGTCAGCACGGTTCGAGGTCGGTATGTAGGCATACCGATCGGACCGGCTCCCATGTGGAGCGTCGGCGAAGATCGACGGA  
ACGACGGCACGAATGCGGTTCGTCGAGAGTGGGCGATCAGAGCGCAGGATCGGGGATTGCGGAGCAAAGCGGGATACCAG  
AGACATGGCTGATCTCCTTTGAGAAATTCGACAACCGCGTGGCCGTGAGACCACCGGAACTCGGGGGATGAAATGCGCA  
AGCACGCGTCTGGGGACGCGGCGTACGTGGGGAGGAAAAGCGACAAGGCCCGTGAGAGGCCGTGCCGGATCAGAACGA  
AGCAGCCAATGCCGGCTCCTGCTCCTGGACTTGCCTCGGGCTCGCGCTCGGCGGGCTCGTGGCCGTGTCGATGGCAT  
CGTCCGCTTCGGACGCGGATGCGTCTTCGGCCGGCGGCGCTCGGCTTGCCTGGCTCGTGGATAGACCTGGGTGCCG  
TCGATCTTGATGAGACCGATGTGGACCAGCGTCGATTCCAGGCTGGCGGCCGGTTCGCCGGCTGCTCACCTTGGTGGC  
GATGTACGGATCGATCTTCATGTGCTTCAGACGGAAGGCGATCAGCACCTTGGGTCACCTCGACGGCTGAACGCACC  
GGCGAACAGGTGCTCGGCTTCGGGGTGGCGACGATGGTGTGGAAGTACCGATACTCCGTTTCATCGACAGGCCCGGCC  
AGTGCCGCGACGGTGAAGAGAGGAACGAGTGCACGCTTTTGGGGTGACGTCCTTCACACGATTGAGATAGCCGATGCC  
GCGGGTGATCAACTCGTGTGCTCGATCGAAGCCAGTTCGGCCCCGGTTCGATCAGTTCGGCCTTGAGCAGTCGCGCCTTGA  
GGGACGCGGCGGCTGACCCTTCTGCTCACCTTGTTCGCGGATGTACACATCGCCCCACAGGTCACCGAGGCGAAAGCGC  
ACCAGCGGGCGCTGCTTGGGATCGTCAACGCCGATGTAGCGCTGAACGAGCTTCTTGGCTTCGGCACCCGAGACCTTGAC  
GTCGAAGTAGCGGTAGCTGGGGTCCCGGGCGGGGCCGACCAGCGCGGCGATGGTGCATGCCAGGAAAGGCTGCGCACGGC  
GGCGCCCCGGACGGGCACTTCACGGACACGCTGGATGTAGCCGATGCCCGAGGTGTGGAGGTGCAAAATACGATTTCTCG  
TTGGAGTGGTGTTCATGTTGAATCTCCATTGGGATGAAGCGGAGACACACCGGCCACGCATCGGGGGAAGGTGCGTGA  
CCCCGCGTGGTGTGATAAGGCGAAAGCATCCGCCACCAGAGGCTGGTGGCCGCTCGCGGAAGGATGCGTGCAGTGG  
CTCGGTCACGCAAGTGGGAAGTGCGCCCAACCTCGAAGACCGATGGTTGCCTGGCATGTGCTGACGCTCAGCAGGCA  
TGGGGCCAGCATGGCGGGGCTCGCGCGCGGCGAGCAATCAATCGGCACCCGGGCGCTTCCCTTTGTCCGCGCCACCCG  
GCGCCTGTACAGGCACTTGGCGCCGCGCAGGTGCTCGGGGGTATCGGCGCGCGGACGGCCGGGACGGCTCCAGGCGCCG  
CCACCGCGCGCGCGATCAGCCGCCAGCCGGCGGCGCGCAGGCTGGCGCCACCTTCGTCGGGCATGGTGTAGGTGAGCAG  
GCGTATGTAGCCAGCGCCCTTGCCTGCTGCCAGGCCGCGCGCTAGAGCTTGTGTCAGGCGCTGGGTGTGCCGTCCGTTG  
ACAGCCGCGTGACTTCCAGCGTCCAGGTGCCGCGGACCGGGCGGCCGACAATGGCCACGCCGTGGATCAGGTGCTGTC  
GCTCAGCGTGACGGCCAGGGCGAAGCTTCGCGCCCTGGACCGGGCGGTGGTGGCGATGGTGCAGACAACGAATGCATTGG  
CCGTGCGCAGCGACACCGGTAGGAGGTGCAGCCTCGGCGAGGTTCGATGGCGTGTTCATGCGGTTGTCTCCGTTGGCATGC  
CGGCGTTGTGGCCGGCGGGGCGTGCCTCGGCGGCTGGAGACAAACGCGCACCGCGCGGATGGCGGCGGTGCGAACAAAA  
GAAGGCCCGCGATGCGGGGGCTGCGAGGCGGTTGCCGCGTCAGGCGGGAGGCACCACTGCTAAGGACAGGTGCGTGGCGG  
TGGCGGAAAGCACGAGATCGTCCGCCGAGTGTGGAGGCGCGTGAACAGGCCGTCCTTCGGGTGCAAAATACTCCGCGAAG  
TCATCGCCGCCAGCTCGCGGCCGGCGAGGTGCCACCAGTCATCGAACGGGTTCGGTGTCCGGGTTGCATCCGACGGCGTA  
GGCGAGCAGTGCCTGGCGCCCATCCGGGCGACGCTCCCCACGCTCGGCGAGGAAGTACACGCCCTGATCCTTGACCAGGA  
CAATGCGGCACTGATTGGGGACGTCTCAGAAAACGGAAAAAATCGTACGCTAAGCCGGTTCAGCGGTCGTAGCGGCTG  
AAGTTGCCCGCGCCGATCTTGGCGCTGCTGCAGAGGTAATCGCCGGTTCAGGTTGATGTGCTCCAGCCAGCGGCGA  
CAGGTACTGCACAACAGGCGCTCATCGACAGTCTGGCCGTGACCGCGTAAGCGCTTTGAGGCCCTTCAGATAGACCGTGT  
TCCACAACACTATGGCCGCGCTCACCAGGTTGAGGCGCTGGCCCGGTAGCGCTGCTCGAAACTGCGGTCGCGGAT  
TCGCCAGCCGGTTGAAGAACACGGCGCGGGCTAGCGGTTGCGGGCTTCGCCCTTGTTCAGTCCGGCATGCACGCGGCG  
GCGCAGCTCGACGCTTTCAGCCAGTCCAGGATGAACAGCGTTCGCTCGATGCGGCCAGCTCGCGCAGCGCCACGGCCA  
GGCCGTTCTGGCGCGGGTAGCTGCCGAGTTTCTGAGCATCAGCGAGGCGCTCACCGTGCCTGCTTGATCGAGGTGGCC  
AGCCGCACCTTGGCGTTGATCGCCTTGCAGGACGCTGGAAGTGTGCTGATGCTTGTGCTTGGCAGCGTTGAACAGCTT  
GCCCAGGATGCGGTTCGTCAGGTCGATGATTTTCGTCGGTACGGTGGCCATGCCCTCGATGGCGAGCGCACAGGGTCCG  
GTAGCGGCGTGTGCTCGAAGTTGGCCAGATCGGCGGGCGTTCATCTGGCCGCTTCGCGGGCGATCTTGAAGCGGTT  
TCTGGTGCACCGACCGCTCGATGCCGGAAGGACAGTTCGAGCGCTGCCAGGCTTTGAGGCGCTCGATGTGTTGAGTATG  
TGGCGCGAGTTTCGGCTTACGGGCGACTGGCGCAGCCAGGCCAGGTCGCTTTCGCTTGTGCTGGCGCTTGGAGCAG  
ATCGTTCAGGCGGTTGCCGTTGGGTGGCCGACAGGGGATCGGACAAGGCCGCGTAGATGCGGCGGTTGGCGCGGCTGTAGG  
CGTTTCATCGAACACCTCCCTTTTCTCATCCGGCGCAACAGGACAGTTGCTTCACGTCCTTGTGTAAGGTCGCGCCGCG  
AGCTTCAGTCCCTCGACCATGGTCAGGTAGGGGAACAAGTGGTTCGGCCAGCTCCTGCACGGTTCATCCGGTGGCGGATCGC  
CAGCGCGGCGGCTTGGATCAGTTTCGCCCGCTTCCGGCGCGACCGCTGTACGCCGATCAGCCGCCCTGAGCCAGCTTCCG  
CCACCAGCTTGTGTAAGCCGCGCGTGTGCAAGTTGGCGAGCGCCCTCGGCACGTTGTGTCAGCGTCAGCAGCCGGCTGTCCG  
GTCTCGATGCCGTTCGTTGGTGCCTTCCGCTCGCTGTAGCCACGGTGCACACCTGCGGATCGGTGAACACCACCGCCG  
CATCGCCGTTCAGTCCAGCGCGCGCTCGCCGCGGTCATGTTGATCGCGGCGCGCTGCCGGCCGCCGCCACATAGA  
CGAAGTTCGGCTGGTTCGAGTCGCGCGGAGCAAGATGTGCGGTGCGCTCGTGCAGTGGCGCGGTCGATGACGATG  
GCTCCCTGCGCAATGACTTCGACGCTTCCGCTTCAAGGTTTCAGGTTGCGCGTGTTCGGCGCGGACCGGTTGGCGACCA  
CAGCTTGTTCGGCGCGACTTCCCTTCCCGGTTGGTGGACGAAATTCGCCCGCATAGGCAACGTTGGTCCGCTCGCTGGG  
TGTGGTCCAGCACCTCGATGCCCTCGGCGCGGAAGGCGTCTGTTACGGCTTCCCCGATGGCCGGGCTTCTTCGGAAGAAC

AGCGTGCTGCGCGCCAGGATCGTGACCTGGCTGCCAGCCGGGCGAAGGCTTGCGCCAACTCGACCGCCACCACGGAGGA  
ACCAATCACGGCCAGCCGCTCGGGGAGCGAGCTGCTTTCCAGCGCCTCGGTGGAGGTCCAGTGGGGTGTGTCCGCAAGGC  
CCGGGATTGGCGGAAGCGCCGGGCTCGCGCCGGTGGCAATCAGGCAGCGGTGCAAGTTCACTCGTGCCTGCCGCGTCA  
GCGGTGCGCCACGGTCAGCGTGCCTGTCCCTGAACCGGGCTCGCCGCGCAGCACGGTGATGGCCGGAGTGCTTGCCAG  
GATGCCTTCGTACTTGGCATGGCGCAGCTCCTCGACCGGGCTTGTGCTGGGCCAGCAGCCGCTCGCGCAGTACAGCGG  
GCGCTGCGGCCGGCAGGCCAGCATCGAACGGGCTTTCGCGGCGCAGGTGGACGATGTGCGCGGCGCGGATCATGATCTTG  
GACGGCACGCAGCCGACATTGACGCAGGTGCCGCCGATGGTGCCGCGCTCGATCAGCGTGACCGGGCGCCTTGCTCCAC  
GGCCTTCAAGGCAGCCGCCATCGCCGCGCCGCGCTGCCTATCACAGCCACGTGCAGCGCTTGTTCACCGCCAACATGCT  
TCGTTTTCCGCCACCGAGCCAGCCAGCGCTTGTCTAGCAGGCCGGCAGGCTTGTTCGGCGTGTTCGTTAAGCCGTGCGCGA  
TAGCCGAGCGTGGCCACTGCGGCAACCAGCGGGGCCACGCTCACGCCTGCATTCGGCTCGATTTCGGCTGCCGCTGCGG  
ATAGGACACCGAGGCCGCGCGCACGCCGGGCACGTTTCGTCAAAGCCTGCTGGACGTGCTCGGCGCACGACGTGCAGGTCA  
TGCTTTCGATGTGGAGGTGATCGCCTCGGCCATGATTACGCCCTCACTGCTTGACGCTGGACGGGTAAACCCGCGTTTGC  
GGTGGCCTTGGTCAAGGCGTGGCATTGGTCTTGGCCTCGTGAAGGTGACGACGGCCTCCCGCTTCTCGAAGCTGACTT  
CGGCCTTCTCGACGCGGCGACCTTGGACAGAGCCGTCTTGACCGTGATCGGGCACGCGGCGCAGGTTCATGCCGGGCACC  
GACAGGGTGACGGTCTTGGTGGCAGCCCAGGCGGGCGCGCTTAGAGCGGCGGCCAGGGCGATGAGGGTGGTGAGGGTGGT  
GAGTTTCTTTCATGGTGATCTCCTTTCAGTAGAACAGCGGCAGGACGTAGGGAAACGCGAGGGCAACCAGAACCAGGGCGG  
CCACGATCCAGAAGATCACCTTGTAGGCAGTCCGCACTTGGGGCACGGCGCAAACGTGCGCGGGCTTGCAGGCATGGCT  
GGTCCGAAGATGCTGCGCCAGGCGAAGAACAGCGCGATGAGCGCTGCGCCGATGAAGATCGGCCGATACGGCTCCAGCAC  
GGTCAGGTTGCCGATCCACGCGCCAGAGAAGCCGAGCGCGACCAGGACAAGGGGGCCGAGGCAGCAGGCCGAGGCGAGGA  
CGGCCGCGACGCCCGCGGTGCGCAGTGCGCCGAGCCGTTCTTGGGTTCCGACATAAGGTTCTCCTTCCGGGACTTCGCT  
TGATGCTGTAACGTTACTTCCGTAGTCAACTACGGAGTCAAGCGCCATGGAGAACGCTCAAGAGAATCTGACCATCGGGG  
CCTTCGCCAAGGCAGCCCGGGTCAACGTGGAGACGATCCGCTTCTATCAGCTCAAGGGCTTGCTACCCAGCCGGAGCGG  
CCCTACGGTGCATCCGCCGCTACGGGCAGGCGGACGTGGCGCGGTGAAGTTTCGTGAAGTCAGCCAGCGCCTGGGATT  
CAGCCTGGATGAAGTCGGCCAGCTCCTGAAACTGGAGGACGGCACCCATTGCAGCGAGGCGGCCGAACTGGCTGCTCACC  
GGCTAGCCGATGTGCGCGCACGCATGGCGGACCTCACGCGGATGGAAGAGGCCCTGTGACGCTAGTGAGAGAGTGCAAC  
GCGCACCATGGTAATGTTTTCTGCCCGTTGATCGCAGCTTTGCATTGCTGCTAAAGGGCCACTTCGGCTCTTAGCGTAC  
GATTTTTTTCCGTTTTCTGAGACGACCCCTGATTGGCGATGGCTTCCGTCAGCACGGGGCCAGCTCAGCGCCTTTGAAT  
CGCAGTGACATGGATGAAATCTCCTGTGTGGAAGAATGAGAAAGCCTCCATCCGATGGGATGAAGGGCTGTAGTGAC  
GCGGCCGGAACGGCTGGAACGCCGTGGCGGATGCCTCGGGTCAGCCGACGACCAGCCCGGTTTTTCGCTGCGGGGCGTCA  
CCGGGACGGCCTGGCGCTTGGGGCCGCTTTCGCGTGCAGGATGCTCACGTGATCTGGCGCCAGCGCCCGTTCGTCGATG  
AGCCTCTCCAGCACTTCGCCGAGCATGTGAAATACACCTCGTTCGTGCCGATCGACCAGTTTCAGCCGATTCACCGTTCTG  
ACGGTGCAGTTCCACCACGTAGGTGTCTCCGCCGCGGTTCGTAGAGGATCGTCACCCGGCCCTCGAACTTCGCGGTCGAGA  
CCGTGAAGCTGATCGCCGGCGGGGTCTCGATGATCTTGGAGGGCGTGGGATCGACCCAGGTGAAGTCGCGGGCACCGGCA  
TCCACCAGCATGTGGGTGATGCGCCGGAAGCGATCGGGGGCCGGCATCTCCTCAAATGCTCGATGAGCTGGCCAACTC  
CATGCACTGCGGCGTGGGAATGGGCAGCTTGGCCGGCGCCGAGCCGAGGATGTGCTCGTGTGATGGTGTACGGCGTGCCGT  
CCGAAGTCTCCTCGGTGATGACCTCCGGCGTGTCCGCGCGCAGTCCGTCGAAGCGACGACGGGCATAGGGTTGGACATGC  
ACCTTGGCGCCTTCGGCAGGAACCGTGGTCACCAGGCTGGGATCGAGCACCCGCGAACTCGGAAGGCTTGAGCTTGACGAC  
GATGGCATCGTCCGTGCGGGCAGCACCTTGGCGTGAAGGGTTGGGGGTCGATGGCGAAGCCCAGCGTTGAGGACAGCG  
GCTGATCATCGAACACGCGGTACTTGAACGACCCGACGTTGCGGGGCACATGGCCTGCGACCAGCGAAGGCATCATGGAT  
TTGATGAGGGAACGATCCATGGGAAACTCCTTGAAGAAAAACAAGGGATTCCCGCCCGCAAGGGAGAGGTCCCTTGTG  
GGTGGCGTGGATGGACGCGGTAGGTCCGTAGGAAGAAACGACCAGCACGGTTTCCCGCGCTTGCAGCCTCGAAGGTCTCG  
ACTGCCTGGGCATGTGCGGGCAACGCCGACGAACATGGGGCAAGCATGGCCCTGGGGCGGTCTGCCTGCCCGCAGGAAAC  
GGCACCGCAGTCAACCGTTTTCTGTGCTGCGGGCAAGAAAGCCCTCGAAAGGGGCTGGAGGAATCAGGCTTGGTA  
CACGAAGTACCTGCGCTGACGCGGAAAGAACAGTGTTCACGTGCTCGCCGCTGTGTGTCACCCGCTCGAAGACGA  
CCATTTTCGTAGTTCACAGTCCGCTGTCACAGGTGCGCGCTGGCGATATGGCGCATGTGACGCTGCGCGTCCATCGCGC  
TCGAATACCAGGATCTGGCCGATGGCATCTTCCGTGGCTCATGGCGTTGACGCAGGCTCCGAGTTGGTGTGCTCGAAGTCCGA  
TGCGGGTGTGATGAGGTGCGGGAACATGGGATCGCTCCTGTGAAAGTGCGCCGGCCCGGCTCTCTGGCGGGAGACCGGGC  
CGGCATGCGGTGAGGACAAGGAAGGCCGGGGATGTGTGTGGCAGCTATTTCGCCGGCCAGCGATAGGCCCGGCAACACGGG  
TGCGTGGCATCGAGGATGAGGATGCGCACGTGCGCCTGGCCGGCCAGTTCAAGGATCTGTGCCAGCTCGTCCGGCATGC  
CCTTGTGCGGTGCTCCTGCCGAAGCTGCTCGGCGCGATCCCTCGACGTCTGCAGGTGCTGGTCCGTCCAGGGCGTG  
GAGATCAGCTTGACGCCGATCGCCGGGCTGTAGGGAATCCGGAACGCGATGAACAAAAAGGCTCCGGCGTCCGAGGTC  
AGCCAGGTTGGCCAGGTACTGGCCGGTTTTTCGCGGCTGATGTGCGCGCTGCTGATTTCCAGCACCGGCTGTAGTAGCCGG  
TCTCGAAGCTCAACCGCTGCACGACTTCCCGTGCGGCCTCGGCCGAATAGGTGTGCCAATGTGGACGGGGCGGCCGTG  
AAGTCGTGCGCGTGGATCGCGTACACCACGGCACCCACCATGCCTTCCGCCGCTGCCCCCTTCAGCCGCGTGCATTCGGC  
GATCAGTGCGGCGCCGACAGGTTCCGGTGCCAGTCCGTGACCACCGCGAAGTCGCTGGTGATGATGCAAGGAGAAGAAACCA  
GCGCCGCGTGCAGAGGTGCTGCTGGCTCGGGTGGATGTTTCGCCAAACATGCGGGCTTCCGTCCCTCGTAGCTGATGGAC  
AGCGTGCAGGACGATTTTCAGATTCCAGTAGCCGCGTAGAAAGGGATTGGGATTCTGGGACATGGGATTTCTCCAACAGAA  
TAATGATGGAGCAAATCCCGCCACCGGGAATTGACCCCGGTGGGTGGAAAGAAAGGAAACAGCGTCAGGTGACGCTGAT  
CGTTGGCGTTTTGGGCCAATCGCTCGGCGACGCGCCGGCGCAAATTCATGCGGAATGGCTCGTGCCTGACGCCCGCCAGCA  
GATTTAGTGTCTCCAGCGCATCAGGGCCGAAGCCTCTTCGATGCTCGGCGGCCACAATGGTCTTGCGCAATTGGTCCGCC  
AGCTGGAGGGCCTGGAGGAGGAGCTGATGAAGCGGACCTCGGGCTCAGGTAGCAGCCGTTGCCGCCGAACTCGAACAG  
CCGCGGCTTGTGCTGAGTACCAGCAGCCCTCGAACTGGATGGCGGTGAGTGGTGGTCCCGTCCATCGAACCCGCTGCGCATCA  
GAAACAATGCGTTCGAGATCGGCGGTGTCCTCGAACGAATGACGGTGCATCAAGTTCCCCAGCTCTTCGTTCTCATCGGCA

CGGAAGTGCACGGCGAGCAGTTCGAGCAGCGGGCGGGATCGACAGCCCTTCGTCTCGTCCGGCATCGGAATACCGAGTTGCGT  
 GGCCAGGTCTTCAGGCCATCGAGCACGTCCGGCCATTGCGGATTGGTGGTCTCGGGCATCTGGGGCATGTAGGCCTGCC  
 CGTTGCCGGGGTGGCTCTCGTCCAGCGCGAAGGCGCCGAACAGCGCCTGGATGACGGGGCTCACACGGTTCGAGCACGAGA  
 ACGCCGGTGGCTTCGTAGTAGTTGTTGGCCATGAAGGCTCCTTTTCGATGAATGAACGGAGCCAGCCCTTCGGGACGATGG  
 CATCCGCAGGGGAAACCGCTGATGCCGGATGGCGCTGGGCGGGGAGAAAACCGGAGGGACATGGCCTCGAACGAGGCGC  
 ATGTCCCTCATGGGGTCCCGTGAACGCAGTGTGAAGGTGTGCCAGGGACCGGCTCACCAACCGCTGTAGTTACAGCAGCA  
 GGTGGCGATCACCTGGCGACGTTGCAGATCGAGACCATCGAAGTCCGACAGTCTTGGAAAGTGGCAGCGCTTGAGCATG  
 GCACCGCCCTCGCGCGGTTGTAGAACTGAACATGGCGGACAGGAACATGCGTTCGCCGCTGCTCAGGACGCCGAGTGC  
 GTCGTTGGCACGCAGCATGTTCGGGACCGAGATCCCACCTTGCTCTTTGCCTGGTTCAGGCCTTCGCGCGTGCCTCGCCAA  
 ACCATTGGGGCCTGCGATCTCGACGCGCGCTCCAGACCTCGAAGAAGGCTTGGGGCGCGCGAAATGCTGCTCT  
 TCCCGCATGATCTGATCGACGACTTCCGGGGCAAAAGCTGGTTCATGACGTGGTTCCTCCAGTTGGATCAGGGTGTGGC  
 GAGCTGGGACCAGCCGCTCTTTTCGAGGGCACGTTGAGCCGCGGCATAGCTGCGGAAGTACTGGCAGGATTCGCCGCAAA  
 CGGGACCTTCTGTATCGCGCGTGGCGATGTAGTGGCCGGCGGCTATGCAGGATTTTCGAGCGGCAGGAACTTGCCGCAA  
 TGGATCAAGGCCAACTGGCCGAAAGAGGCTTGTGGACATGGACGGGCTCCTTGGAAAAAGCGGGGCTCGTCCCTCAC  
 GGGATGGCAGCTCCCGCACGCGGTTGAGAAAAAGCATCGGCGTACGGGTGACGCGCTCCGACACTCGATGCGATGG  
 CGGACTGGCGGGTAGCGCGGAAAGAATCCGCGGCAGCCTGGAACTCTGGCTGCTGGCATGGTGTGACGAATCAGCGAC  
 ACATGCGGGCAGCTTCATGCGCGAGGCGAGCCGCGTCCAGCCGAAATCGGCATTTGCAACAGCCCCGATTGGCGAACGCG  
 GAAAAAGAAAGCCCCGCAATAAGTGCGGGGCTGTCAGGAGGATGAGGCGAAACTGGGTTCAGCGAGGCTGTGCGCCAGT  
 ACATGCTGCTTCCACAGGGCGAATGCCTCGTCCGGTCCCAGCTCTGCGAGGATGACGATGGGCTGGCCCCGACGGGCACG  
 CAGCGATGCGAAATACGCTGGCCGGTTCGGCGATGGCGTTGAGCTTGATGCCCTTTAGGAACAGCAACTGGCGGGGGCGAA  
 CTTTGGTGGTAACGCAGGCATGATTGCGCTTGTGGGGCAAAAGGGCCAGCGAAGCGGGCGGACACGGCCAGAAAACCG  
 CGACGAATACTTGTACTTGGCAGGCGAGGCGAACGGGTGACATCAGCATATCGCTATGCGGTAAAGAAAGACCGTCTTAA  
 AGCTTGCAGGATCCCGGCATAGCTTCATCATCACCTCTCCGTGACGGCTCATTTGGAACGAAAAAGGCCAGCATCGCCGTG  
 ATGGACTTTCATAATTGCCAGGTCAACTGGCTTGGTGTGTTTATTACAGCAAGGCATTTGCGACGTCGTTGCAGCAAT  
 CGCCGCTCGCAACAGGGCGTTGCAGCAAAAGCGGGCTGGGCGCTAGCATGAGGGCCAAGCCGCGGCCGCTCATGCTG  
 GGGCCGTTCTCTTCAGATTGGTGTCTGACCGTGTGCAATTTCCGATTCGTCATGCTCCCAATGTCATCGGGACTCCT  
 TTGTGGCGGGGTTCTCCACGCTCATGAACGACTGGGCCACCGCGCATCGCCCCGCCCCAGTATCGCCATGTCAGCTCAGCG  
 ATGTTGAAGGCGGGCCAGTGCCAGCCGTGACGGTGAAGTTCGATGTAGTCGATAACGTGCCCGCGCTGGCGCGGTGCGAA  
 CGCGTTGCCCAATGCGCCGCCAGAATGAGGCTGTACGAAAGGCTTCCGTTTTGCGCAGCGGCCGGGAGAGCAGCCATG  
 CGAGCCATGCCGATATTGCGAACCGGATCGCCAGAAAAACCACCGCTGCCAGCCGCCCGCGCCAGCAAGGAAGCTGAAC  
 GCCGCGCCGGGATTGAGAGCGTGAAGTAGGTTGAAGAATGACGCCACCTCGTGCAGCAACCCAAGGGAGTTGTGCGGTC  
 AATGTAGCTCTTAGCTGCCTGATCGCCGGCGAATAAAGCATCGCGAGTGTAGTACCCTGCGTCTTGCAGAGAGATGGTT  
 CATCCATTGTTTCATGCGCCTTGAACCTCAGGAGGCGCAGCCATTGACGACAACCAAAAGACTTGCCCCATGTCAGCG  
 AACACAGCCATCCACATGGTGGCATGCCCTGTGAACGTCAACGCAAGGAACACCGCCTTGATGCCAAGGGCCAGAAGCAT  
 GTTCTGCGTGAGGATCGCCGAGTGTACGCGACAGCCGGATGAAGGCGGGGATCTTGCAGAGTGTGCTCCATCAGGG  
 CGACGTGCGCTGTTTCGATCGCGGTGTGCGTGCAGCGCCCGCATGGCGAAGCCGATGTCGGCACGGGCGAGCGGGC  
 GAATCGTTGATGCCGTGCCCCACCATGCCACCTGGCCCTCGCCGCCGACCAGGCTTTTCGATGGTCTTGAGCTTGTCTTC  
 GGGCAGTTGGTACCACGGGCTTCAGAGATTCCGACCTGGGCAGCGATGGCCGCGGCCGCTGTGCTGGTTGTCCCCCGTCA  
 GCATCAGCGTGCACACCCAGCGCCTGCAGGTGGCCACCGCTCACGGCTGGTTTCCCTTACGGTGTGCGCCACTGCA  
 AAAATGCCGAGCACGGTGCATCGTCCATCAGCAGGATCGCTGTCTTGCTTGGCGCTCCAGGGTCTCCAGCCGAGCCTG  
 GAGCGTCGCTTCGCTCAGGCCAGCTCCTGGGCGAGCCTGTGGTTGCCCATGTGCAACATGCGCCCGGCGACGCGGCCG  
 GCACGCCGCGGCCAGGCGAGCGCCGCAAGTGTGACCTCGTGCAGCGGATGCCGTACGGTTTCGCTTGCAGGGCGATG  
 GCCTGAGACACAGGATGGTCCGAGCGTCCGCGAGGCTTGCAGCCAGCGGCAACTTCTGCGCTCGCCGATCAGCGG  
 CACGAAGTCCGTTGCTCGGGCTTGCATGTGTGAGTGTGCGGCTTGTCCAGGGCCAACGCTTGTAGCTTGCAGCGG  
 CCTCCAGGTAGACGCCACCCTTGATCAGGATGCCGCGTGGGGCGGACGCGCCAAAGCCGCTGACGATGGTGCAGCCGCTG  
 GAGATGACCAGAGCGCAGGGGCGAGGATCACCAGCAGTACCAGGGCCTTGTAGACCCAGTCAAACCATGCGCCGCCGAA  
 GGCGAGCGGGCGCACGACGGCAACCAGCACGGACACCGCAACACCGCCGGCGTGTAGACCGGGCGAACTGGTTCGACGA  
 AGCGCTGCGTGGGCGCACGGCTGCCCTGCGCGGACTCCACGGCATGGATGATGCGCGGAGCGTTCGAGTTCGCTGGCGCT  
 GCGGTACCTTGTATTCGAAAGAGCCGGTCTCATTGATGGTTCCGGCGAAGACCTGGTACCTTCGGCCTTCTCGACGGG  
 CAGGCTCTCGCCGGTGTGGGCGCCTGGTTGATGGCCGATCGACCCGAGGTGATCAGGCCGTCCAGTGCATGCGCTCGC  
 CAGGACGCACGGACCACCGCGCCCTTTGCGACCTCCTTGGCCGGCAGCTCTGTCCATGAGCCATCGCCTGCCGCAG  
 GTCGCGGTCTCGGGCGCAAGTCCATCAGCCCCGAATGGCGTTGCGGGCGCGGTCCAGCGACTTCGCTCGATCACTTC  
 CGCAACCGCAACAGGAACATGACCATGGCGGCCCTCCGGCCAGTGGCCGATCGCCATGCCCGCGGTGACCGCATGGCCA  
 TCAGGGCGTTTCATGTTTCAGGTTGAGGTTCTTTCAGCGGATCCAGCCCTTCTTGTAGGTGCTGAGGCCGCCGTTGAAGATC  
 GAAACAGTGCAGCACGATCACGGCCCAATGATTGCCGTGCTTGAACAGTACACGCCTTCGGCGGCCACCGCCGCAAC  
 GCCCGAAACCGCCATCGGCCACCAATTGGTCTTGTGCGCGGCCACCGGGGCATCGCGCGGCTCATCAGTCTCTGGACCT  
 CGGCTTCCATGCCAGCGATTTCGATGGCTTCGACTGCCGGCTTGTGCGGTTGATCGCGTGGGTGTGTCGGAACCGTTCGCG  
 TGCATCAGGTTGAAATCCATTCCCTGCACGCCCCGATGCCTTGACGCTTGGCGGGATCAGACTTTCCTCGGTTCGGACA  
 GTCCATCTTCGCGATGCGAAGTACCGTGGTGGTGTCTGCATGTCTGCCGCGCAGCCTGCATTTCAATGGAAGCAAGCG  
 CCTTCTCGATCGGCGCTGAGGTTCGCCAGCGTGTGCTGCATCCCAGCACAGCTGCATCAGATTGAAGTTCGAGCGCGGTC  
 ACACCCGGCAGCTTGGCCAGCCGGTTCGCGGATCAGCCTTCTTCCGTCGGGCAATCCATGTTCTCGATCCGGTTCAGTAC  
 CCGCTCGCCGATCGCGCGCGGAAACCGGCAGCGGTTGGTTGCTGCTGCAGGGCCGAGGATGGGATCACAGCCCGGCTTC  
 CGATCGGCCCGTGTGGCCGAAGGTCTGCTCCTTGGCGCGCATGCCGATCGAGGCCAGGACCTGCTCCATCTGCGCGCGT

GCCTGAGCGAGGTGTTTACCGACAGGGTGCCTCAGCGAGGTGCAAGTCGAGGTCTGAATTCCCTCGACTGCCCGAG  
GTGCGAGCGGATGAGTTTCTCCTCGCTCGGGCAGTCCATGTTCTCGATGCGGTAGGTGGTCGACACGGCGGCTCTCGGA  
CAGCCTGAGCCTTCATGCCACCGAATTCAGCGCTTGCTCCAAGGCATCGGCCGAGACTTCGCGGTGCGAAATGGTCAAC  
AAACGCTGCGGAAGATCGAACAGGAGCCGCTCGACACCGGGCATGCCCTCCAGCGTTTCGCCGACCAGTGCTTCCCTCATT  
GCGGCAATCCATGTTGCTCACGTGGAAAACGGTGGTTTTAGTGTGGCCTGCTCACTGGCGCACGCCGTCTGTTGGCCAT  
TGCCGCCGAGCAGGCGCATGGGCTGGAAGGTTCTTTGTTTCATAGATCGCTCTTCATTGACAAGGTTTTCCCGGATGCC  
ATCATTAGAAAACCTCTAGTAGATATAGAGTCAAGTTTTTATAGGAAGCAACCATGATGCGGATCGGTGAACTGGGCAA  
GAAGGCAGATTGCTTGGTGCAGACCCTGCGCTTTTACGAGTCAGAAGGCTTGCTGCCGAGCCTGCACGTAGCGAGGGCA  
ACTTCAGGCTCTATGACAAAGTCCATTTGCAGCGCTTGCTGTTTCATCCGCCGCTGCCGGCGAAGGACATGACGCTGGAT  
GAGATCCGTCAACTGCTGAACTTACGGGATCGGCCAGAGTTGGGCTGCCGCGAGGTGAACGCGCTGGTCGACGCTCATAT  
CGCGCAAGTGCAGCAAGATGAAGGAATTGCGCGCCTTGGAGCGCGAGTTAATGGATCTGCGACGCTCTGCGATAGCG  
CCCGAACCTCGCGCGAGTGCAGCATTCTCAACAGCTTGGCCGAGCCCGCTGAAAGCTCGAGCGTGTATCGGTGCTGGAA  
GTGATCGGGTCCAGTTCTGAGAGCCACGTGCCGCGCTCCATCATGCGAAAAGCGCGGATTTCTGACGTTTTGAGACGGCGT  
GCGACCGAGGGCGTGGCCACAGGAGCCAGCGGAGCCGACACTGCGCGCCGAATCTCCGCCACCTTACGGGTTCT  
CCAGGCCAGACCGAGCATCGCGCGTGGCTGCGCAGGTGCAGGTGCAGGCCAAGGTAGCAGTGCGCCACGACGCGGCCCG  
ACTCATGGGCACGCCACGCAACTCGCGATCGCTTCGCAAGAAGCCGCAAGGCCGACTCGCGCAAGAATGCGACGTGGGC  
AAGATCGTATAGCCAGCAGCGCAAGCGTTTTGCCGCTGCTGGCCGGCTCCGGAAGGGATAGACAAGCTGCGGGCCGTAGTC  
CATTGGAAGTCCATCTTTCTTGAGTGTCACTCTTTGGCGCCAGCGTGTGCTTTTGCAGCCGAAAGCGCTGAACAAGT  
GGCCCCGGGCATCCAGAAATCGCCGTAGTTGACTTGGGCGTCTTCGTGCTCACGCTTGTGATGCCAGCGATGGGCTTCA  
GCCACCCCGATCAACAATCCCAACGGCCCGACCCGGTATCCCAGATTGGAGTGCTGGAAGGCCAGATGCACGACCAAGAA  
GCCGAGCCATGCGCCGACGGCCAACACAGCTTGGAAACGCCGCTACTGGCTCAACGGGGAGTGGAAGGCCGCCGCCCT  
CTAGCAAGGGCGCACAAAGCGAGCGCGACGATCACTGTGAGTAGCTCCGTCCGAAAAGACGGCCGGCCGGTTCGCGAGCTCG  
CCGAAGAGCACAAACCGCAGTGGCGCCACGGATCAGTGGATAGCAGCCATAACGGATGACAGTGCATGAAGGGGGCGCA  
TTGGTGCTCATCTGTTCTGTCTAAAGCTCTGACTGGATTGGAACCTTCTAGCTACGGTAGAGTCAAGGGCGTCCGGG  
AAGACCTGTGGCAAGTTCTGTTGCATCTGCGCCTTACTCTCCAGCCGCTACAGGCTTCAGCATCCATCGATTTGGAAG  
AACATGCTATGCTGAAAACACAGAAATCACGAAAACGACGAGTTGGGCGCCTAGATGCGAGCGATGCGAAGGACCGA  
AAGATTTCTTACTGTGTTGCTGATCAACCTGACGACCGCCGCGCATTGGCCTTGGCATTGGCTGGCTGGCTTAC  
GGCGCTGATGGGCGCCGGGTTGGACAACCTCGCCGATGCGTCCGTCTATGCGGTTAGCCTGTATGCCGTCCGTCCGTGCGG  
CAACGGTCAAGGTGGGCGCGGCCCGCTTGTGCGGTTTTCTTGCTAATCGGCCTGGCCGCGCTGCTGCTGTTGGAAGTCTTA  
CGCCGCTTCGCTGGAGGGGAAGAGCCTGTGCGCCAGCCATGATGGCCATGGCCGCGCTGAACGCGGCTTTGAACTAGT  
GTGCCTCAGACTACTGCGCCGCCATCGCGGGGAAGATGTGAACTTCAAGGCGTCAGCGATCTTTACCAGCAACGACTCCA  
TCGTCAATGGTGCATTTGTGCTGTCCGGGGTGTGGTGTGATGGGGTTCGGGTCGAACATCCCGGATCTGGTGTGGGCGTC  
ATCGTGGCCGAATCGCAGCGAATGGGGGGCGGAAATCTGCGCGAAGCATCGGAAACAGCTCGCCGTAAGCGGGCAC  
ATAAGGCATGTTTTCGCCAGTTTCATCCCGAGTTTACCTCTGCAAAAAGAGGTAGTCCAGCCTTTGGGCTACGGCCTCGG  
CTGCAGCCGAGCGTACCATTGGCGATGGCCGCGCGATAGGCGGGCATGCCGTTCTCGACCTCCGTCTGCCGTACAGCAGC  
GGTGCAGCAAGGTTGAGGGTGCATGTGCTCTCTCCTGTTGTTGTTGGCCAGGCCAATGGCCGGGCGGGACGTTGATGGGC  
AGGAGAATGGCGCCGAAGGCCAACGGCCTTCGGCTCGGGAGAAAAGAGGAACCACCCGTGGGCTGATTGGCAGGCCCGG  
TCGTGCTAGAACCGTCTGCTCATCAAGCAATCACACCCGGCCCATGTCGTGGCTGGGGCCGGCATCGTCTGGCGCACAT  
CCGCGCACAAAGGGAGCCCGTTTTTGCACCGGGCGGGCACCGGCACCGATTACCGCTGACCACGAAGGGTCTCCCGGTGGC  
TCGTGCAGCCTGGCAAGCCACCGGGAGACCCTTCGACAGAGGGCGGAAGAAACGCAGATCAACAGAACGCGCGTGGTGCAG  
CTCGCAGAGAAGCTACCTTCAGGTCCCGCGGCCGGGACGGCTGGGCGGGACGCGCACACGGATCAAGAAGGCGTTGCGC  
GCTGGGCGTCCCGCAGGGCATGCGGCGGAGTGCGGGACAGGGGCCACGCCGCCGAAGGCGGGCACGGCTCACGGGGAACG  
GGGCGGTCAGGAGCCTTTGCGGCCGCTACGGCGGGCGGAGCGCGCCGCTTGAGCTGCGCGGATTCGACTGGCAGTGCAGC  
GTGCCTTTGAGTCCGGTTAGCGGCTGCACGACAGAACGGGCGCTTGGCCGCTGCGCCTGGCGCTGGCGTGGCTGCGCGCA  
CTGCGGGCATGCCGGCCCTTGGGGAACCTTGATGGACAGGGAGGCGCTGCCGTAAGCGCAATCAACTGCGAAATCCACG  
CGGCCTGCTTGGCGATGAACACGTCCAGGGTGTGCTGTCGGCCTCGATCATGTCGAGCGCCTGTTCCAGACGGCGGTG  
GTGCCAGGGTTCGCAATCGCCGAGGCACGGCATCGATCAAAAGTGAAGCCGCATCCGAGGCGCGGATGGCGCGCCCTT  
CTTACAGAGGTAGCCGCGAGCGATCAGGCCCGGATGATGTTGGCCCGGCTCGCTTCGGTGGCGATGCCAACCGTATCCT  
TGAGCTTCTGCTTACGGCGGGGATCGGACACCAGCTTGGCGACGCTTTCATGGACTTGACCAACTCGCCTTGCCTGTAC  
GGTTTGGGCGGACGCTTGTAGTGCCTTGTAGATCGACGTGCGCCACCTGGCATGCCAGGCCCTCATACAGTTTTCGGCAG  
CGCGGGCAGCACCTGGGCGCGGACCGCAGTATCGCCCTCGCCATCACCGTCTTCGGCTGCGGCTCGGCGAGCACCTGGC  
GCCAACCCGGGATGACAACCTGCTTGGCCGTGGCCGCCAGGTTCTGCCCCCGCACGAAAACCTTGGCCACAGTGGGTCG  
AACTCGTGGTGTAGGGAGGAACTGCGCCAGGTAATGCGACCGGATGAGCCTGTACACGGCCAGTTCTTCTCGCTCATGGC  
GGAGAGCTTTCGCCGGTTTCGAGCGTCCGGATGATGCCGTGGTGCGCCGTGACCTTGCATCGTTCAGGCGCGCGAGCGCT  
GCGAGCGGTTCGAGCTGGCCCATGATCGAGCGCAGCGAGGGATCGGTCTTGTAGCAGGCTGTGAGAACGGTGGGCACTTCG  
GCAAACATGCTCTCGGGCAGGTAGCCGGAGTCCGAGCGGGGTACGTGCTGGCCTTGTGCGTCTCGTACAGGGCTTGGGC  
AATCTCCAAGGTTTCTGACAGTCCAGCCAAAGCTGCTTGGAAACACACTTCTTCAAGGTGCCAGGTTCGACGGCAGCG  
GCGGGCCTTCGCGGACACGCTCAGTCTCCACCGACACGACGTGGGCACTGCCCGCAGCGCGGATCTGCTGCATGGTCTGC  
TGTGCGACCGGCTGCCGAGGACGCGGCTGCGTCTGCGTGCAGCATCGGGTGGAAACCATTCGCGGGCGAAAGTCGA  
ACCGCTTCGCAACAGGACGCGGATGGCCAGTATGTTACGGACAGCAAGCGCGGATCTCGCGGTCGCGGTCACAAA  
CGAGCTTGAGCCTGGGGTCTGTACGCGGCCAGCAGCAGCCGCTGTAACCCGCTGTGCCCCAGCACCTGTGAA  
AGCCGGCTCAGGTTTCATGCCACGAGCAATCCGCACGGAGCGCGCCAGCGGAGTGGTACATCGAAAGCGTCTCGGC  
CGAAGGCCGACGCTTGGCCAGTGCCGCCCGAATGGACGCATCGTTGAGCGCCGACAGCCACAGGCGTTCGATGGGGCCG

GGTAGCCGCAAAGCTCCACGATCTCGCGGGCGATCAATTGCCCCTCGCGGTTCGGCATCGGTGGCGATAACCAGGTGAGTC  
GCCTTCGCCAAGAGCGCCTTGACGACCTTGAATTGCGTGGCGGTCTTCGGTTTGACCTCGACCCGCCAGTGTGGGGAAT  
GATGGGCAACTGCTCAACGGACCATCGTTTTGAGCTGCTCGTTCGTAGGCCTCGGGCGGCGCCCTCCACGAGATGGCCGA  
TGCACCAGGTGACCGTGACGCCGGAACCGTTGAGGCAGCCTTACCCGCGCTGCGTGGCGCCGAGAAATCCGGCCAATGTCT  
TTGCCCTGGGAGGGCTTCTCGCACAAAGAAGCCGCATATCCGTCCATCCCGATTCTGTGTTCATGGAGTTGCTGGGA  
TCGAGGATGCCGAGCGCAGCCCCCTGGCAGCAGCAAACAAGCCGCATGCGGCAGCGACCGCTTTCACGCCGATGAAATGGC  
GAGTGCGGGAAGGTGCGTGGCCGGAAGTGTGCGGGCCGAGAGCCGCGATTTCGGGAGCGCGCGTGGAACTCGGTGGAC  
GTTGGTGGAGCTATCCCCTGGGGATAATTTCGACGCGCATGGAGGGCGGCGAAGCACTGCGGCAGCCGCCCTCCATGCCCG  
ATCACTTCAGCGCTTGGTCTCTTTTCGGCGCCGTCGATTCCCTGGGTGGCCTGGGGCTTCGGCTCTGCCTCCTGTGGCTTC  
GGGCTGAGGGCCACAGACTCGATGCGGTACGGCAGGATGCCGACACTGCGCGCTTGACCTGCCAAGTCTCACGCGGCTG  
ATCTTCGTTGTCCGTCCAGGGGTGCGCTCCATGCGGCCGACGACCAGCACCCGCATGCCCTTCTGGTAGAGCTGCTGCC  
AGCGGTTCGGCGTTCGTGGTGCAGAGTTCCACCCGGCGCCAGAAGCCGCCGCGGTCTCGAACTCGCCGCCCTTGGTGGGG  
ACGGGGTTGTGCAAGTACAGTTTACGCCGAGCAACCCGGCAGGATCGTTCGTTGCCATTGGGGAAATTCGCGGTACTCGGG  
AGGCGATCCGATGTTGCCCTCGCCGATGAATTGTGTGCTCATGTTGGAATCTCCGTGGTGGTTGAAATACCCGTGCCCTCG  
TTGGGCTCGGGCGCGTGTCTCGGATGGCAGGCGCAATCACCGATCGCGCACTGCGGCAGGAACGGACGCGAGCCGGCGCAG  
GTAGGTGTTGTCCGCTGCGCGCCTTGTGGCGCATTCTGTGCTTGCCTGCCAGGGTGTGCAGCAGGCTGATCTGCA  
TGTTTCAGCATGACGCGCTGCAGTTCGATCTCGTGCAGGTCGTGCAGCAGGTTGACCGCGTGTGGGGCTCGCCATCAGC  
TCCTGCCACAACGCCACGCCCATGGCCGATCGATCGTGTTCGCGCCAGCGAAGAAAGGTGCTGCCTGCGCCAGTGGTCTG  
CTGGGCCAGCTCGACGGGAAGCAGGTGGAAGGGATGCCCGCACGCTGTGGCAGCACCTGTGCTGCGCCAGGGCAATCA  
ACTCGTTCGCGCATGGCGAAGCACTGGCTGGCCAGGCCTCGAAGTCCCCTTTACCTTTAAAAGGCTTTAAAAGGCCTTTT  
AGAGAGGCCGCGTGTTCAGCCGCATGAAGGCTGGCTGTTCCAGACGACGGAAGTAGCGCGGTTTCGGGTTCGGGTGCGT  
CATGCCGGTTCGTCCTCGCCGGCGGCTGTGGACTTGGCCTCGGCCGAATCGGCGGCAGCGCCTTCGTCGGTGGGAGATGC  
GGCTGCGGCAGCGCTATCACACGCTGTTGCAGACCACGGCGCACGACGGGCGGCGCAAATTCGAGCGGCGCATGCCCT  
CGAGCACGTCCTGCGGCAGTTTCGCCGAATTTCTCAATGCTGCCCGAGCTGCGGCGTTCCTTGGCCGGAAGTTCGTCGCGG  
GTGCAGCCCGAGTAGCGGTATTGCTGGGCCAGGCTGAACAGGCTGCGCAGCGCGTGGGCACCTTCGTTGAGCCAGCGCTC  
CAACGTCGAGCATCGATCAGCGCGGTGTGGTGGCGAGGATCAGTTCGCGGGCGATGTCGTCGTAGTCGCGCCAGCAGAT  
AGACGGCGGCAAAGCCGAGCTGCGCGTTACGAACAAGGGAGGACTTACCAGGCTGCACGTTGAGGTTCTCACCCAGGCTC  
AACGCCGACGGCACGCCGGCCAGTGCCTGGTCAACCTGCTCGCGCAGCGATTGCAACGTGGTCTGGTCTGGTTCGAGCTT  
TTCTCGATGCGCAACATCCACCAGTCGCTGTACGGGTGCTCCTGCTCCGAGCCGCGCTTCATCTTGTTCATCACGGCGA  
TGTAGCCGTTTCCAGCCGACGATGCCGGGTGCGCCCTCGGCGGCGGCGCGGCCATGCCAGATGCGCGAGGCGTGGTGGGTG  
TGCAGCGTCAGCGACATCGCGCTGCGCAGGGAGCCGAGGTTGAGTTGCAATGGTTTCGTTGCTGGTTGCCATGGTATCGC  
TCGCTGGTGGACAGGGAGCCGCCAGCATCCGCATGCAGCGAAGGCAGTCAACAAACCAGAAATGAGCCGACCCCG  
GTTCTGTGCGCGCTGGCGGCGCAGCGCGCAACGGTCCCCTGGGGACCGCTCCGCAGATGGGCACTCACATCGGCGTTC  
GTCCTCGGTTGTTGACGGTATGCGTGTGTCACCGCACGTCGCGCTGCCGTTGACACGATCCTTCGCCGCGCAGCCGTC  
CCAGGGGACCGTTCCGTTGAGCGCCATGGAGGTCGTTTCATGGTCTTGCATGCGCTCTACTCAGGTTTTGCGCAGCATG  
TCGCGCCGTGCGCCGGCGCTTACCAGCACAGCCGTCGCCAGGGGACCGTTTCTGCCGACCCGCATGGAGATCTACTTAC  
GGCTTTGACAAGCCCTGTGCTCAGGATTTGCGCAGCAGATCGCGCAGGCGCTCGATGTGCTGCCGGGCCACTCGGGCGG  
CACGACGTTGCGCGGCGGCTCGGTTGGTGGCGCTGCGCGCCCGGATGGTGTGGCGGTGCCGGGCGGCTCGCTTGGCCC  
AGGCATTGAACTCGCCGCGCATGGCGCGCTGGATGATGCCGAACAGATAACCAGGCGGGGTTGCGGATGCCATGCTTGGCC  
CACCGTGGCGCCATTCGTTCCAGCACGGCCTGCCGACGGGCGAGCGTCCACCTGCTGCAACGCCATCTTGGCTCCGGCCG  
CTGTTCCGCTTCAGTTCCGCGAAGCGCTTGGGCCATTGCAGGTCGCCAGCGCACGCGCTGCGCGGTAGTACGTACTT  
CATCAATACGACTACTACGTAAGTGTACGGTCCGCTGCTTTCGAATTCGAAGAGCGCCGCTTCGGCGGGGTTTCGGCCCTGCT  
TCGGATACTCCGAAGATGGGCGATCGCCATTCGGAAGAAGGCTCGCGGGCCCTTCTTCGGAATCGTGGACCGCATCCTCCCTG  
TGGATAACCTTCGGAGGCGGTGATGCCCTGGTCGGCCAGGCGCTCGCGGAGCACTGCAACCGCGCAGGCAAGTTCGCGTC  
CGGACAGCATCGGGTTCGTCGCGATCTCCTGGAGGTTGAGTCCCACCACCTGGACGGCCTTGGCCGAATGCCCCAGC  
GACTGGCTGACAGGGCCAGGTAGTGGCGTGCAGTTGCATCGCCTCGAACGGCGTTCAGCGGTTTCGTCGTGCAGGACGTA  
GAGGTTGCCGAGGATGCGACCGGCTTGGGGTTCGCGCCGTCGTCGACGAGGCTCAGCCAGCGCGTTCAGGCGCAGCAGCG  
TCAGCGCCCGCGCCACGGTCTCATGGGAGGCTGGCCTGCGCAGGGCATCGACGCCAGCCAGGGGCGCAACTGCTCATAG  
GTGGGAAATGCCGTGACGCCATCGTTCGTTGAGCATCAATCGGAACACCTGCCAGGCGTTGCGCTCCAGCGGTGTCAGGCG  
GCGGTGAGGAACAGCCGCCGCGGCGCACGCTCTCGTGCCGATTGCCACTGAACAGGAAGGCGTTCGCCGACGTTAGGAGGCG  
TGGGCGTTGGAGCAGGCAGGGACGCGGGAGCGCCAGAGCTGGACTTGGGCGGAGGTCCTTCAGCGCAGCGTTCGAACAGG  
TCGGCGAGTGCATGGGGCCAGGGCGCTGGGCTCGTGGGGCGGTGTCGTCACGGCCATGGCCTAGCCCAATCCCTGATC  
GACCCAGTTCTGATCGCGGCCAGACCACCGAGAGCGGCAGCGACATGCCCTCGGCCAGGTCATGGCCGCATCGAGAA  
TCGAGGTCTCGTCTCCAGATCGACGTTCTGCTGCTGGTTCACGGCTTTCCATTGCCGCCACAGTTCGGTGTCTGGGTTC  
TCGTCAGGACGGGGTGGCGCCCTTGGCCTTGGGCAGGCCGAGGATCTCCCGCCGAGGGCGACTTCTGATGGGTTCAG  
GCCATAGAAGCGGCTGACCATCTCCGTGCTGGCCCCAGCCGACGATGCGATCGACCGTGGCGATTTCCTTCTCCACGT  
CCTGTGCTGGTTGAGCAGGCGCTGCAGCACTTCGCGGTTGACCGTTCAGCGAGCACCAGAGACGCTGGCGTTGGCCAGC  
ACGCTGATCAGCGCGGGGTGCTTGGAGCGCATCCAGCTCGGCCTCGCCGAAGCCCATGGCCTTGCAGCGGCGCAGTTGGCC  
GTTGCGAAGGTTCATACAGCGCTGGGCAATCACGGCCTGGTTGAGCGGATGCGATGTGGACATGCGGCTCCCTCGCTCA  
CGTCCCAGGCGCTGGTGGCGGCTTCCAGTCCAGCAGCAGCAGCGGGCGAGGCGCAGCAGCCGAAAGAGCTTGAACACG  
CCGTGTGCTCAAGCCCTTGGCGCCGTCATGGCCTTGGCTTGGCCGTGCAACAGGGTTCGCGAGGTCGCGCGGCGGAGC  
TGCGGCCGCTCCAGGCCGCTTTCGGCGACGGGCTGACCCGTGAGGGAAGTGCAGCGTTCAGCAGCGCGCGGCGGAGCGG  
CGACGGGGCTTGGCCGCGGGCGGCGCACGCAAACCCGATGCCATCGGCGGATCCTCGATGCACTCGTCCAGGCCGCT

CCCCGGCGATCTCGCGCGGAACCTGCGCGATGTGGATGCGCAGCCGATCGGGCGTGTCCAGGCCGGCGTCGATGTACCAG  
ACGTCGGGAGATCGGATAGAGTCCGCCGGCTTGCACCCGGGATGGACTGCAGCACGCTCGCCGAGAAGTCGGGCGGCAGCGC  
ATCGCCCAACTGGTCGGCGACCATGCGCTGGATCGATTGGAGCCGTTCTGTCTGTCGGTGTGGCGAGACGATGTGCTCGC  
GAAGCAGATCGCCCCGGTGCGGCCGGCTGGCTTCCCGTGGCCGCTTCGCCAACCCGCGTGTCTGTCGTGGCGCAAGGTGGGC  
TCGGACGCCGGAGGGCTGGCGGGTGGAGGACCCGGCCCGCTGCAGGCGTGGCGATGGACGATGCTGCGCCCGGCGGAGT  
CGGCGTGC CGGCGGTGGGCGAAGGCAACGCCGGCTGCGCCGACGGTGGCGTGGGTCACTGACCAGCGCCCGGTGGCGGC  
TTTCCGATTCCGTCAGGTCCAGCGCCAGCACGTCTGAGCCGATGCCAGCAGCTCGGACATCTGGCCGATCAGCTCGTCT  
TGCACGCGCTGCGGCGGAACCTGCTCGCCCTGCGTGTGGAACCTGCGCCAGCACCTCCTGAAAGAAACTGTGGAAGTCCAG  
CGGCAGCGAACCGTCTTGGCGTAGTGTCTCCAGGTGCGTTTGCAGGCCGTCGCGATGACCGACAGCCGCTCGAGGTGATGTGC  
GGCGCCCCAGGCCGCCATAGAGCACAGTGGGAATGGCGGGCAGCAGGTAGCGCACCCGCTCGGCCATGCGGGTGTGTGC  
GACCGCTGGACGGGGAAGCCATCGGCCGCCAGGCGGGCCAGTTCCGACTGGCTCAGGGCGGCGCCGCTCCTCGCTC  
GTAGAACTCCCGTGTCTTCTCGACGCCGAGCGCGCTCGATGAACGTGAGGCCGCCGCGCAGTTCTGTCTCGGCAAGAT  
GCCCGGTGACGCGACGATTTACCGCGCTCCGGCCATGGTCGGAACAGGCACGATATGCGGAAGAAGCGTTCTTCTTCTG  
GTCTCCGACCAGAGTTCGCGCAGGATCGCCAGTGCCTGTTGCCCGCTTGGCGATGATGTAGTGGTCTCGCCGGGCCCT  
GCGCGTGTGGCCGGCGCCGCTCCAGGCCGCGCTGCGGATGGATGCCTTGTATTTCTCGTAAGCCGGGTTGCGCTTCA  
TGCGCGGGTTCATGGTGTAGGGCCGCAACTGGTCCAGCGTCACGACCATGGGCGTGTCCGCGATCGGGTGTCTCAAGGCC  
GTAGCCGCTGGGCCGCTGCGCTCGAAGCCGGCCGCGAGCAGCTTGCCTGCCATGTCTGCGAGGTTCATGTACGCCATGGC  
CGCACCCCTCGCAGTCCCCACGACCCGCGCGGCCATGCGGGCCTCTCGCTCGGCGCGCGGATCTGCGCACGGGCG  
TTCAATTCCGCCCGGTGGTCACTCGCTGTGGAACCTGCTGTAGATCGCCGCGCAGCCGGCTTGGTGAACCTGAGGTGCC  
GCCCGCGTGCCTTGACGTGCCAGCCCTCACCGACCGGAACCTCGATCAGGGCGCGCAGCCGCTTGTGGCCGCGGGCCA  
GCTCATGTGCGTTCCGCATGGGGCCTCCAGGATCAAGAGGTGCTGCGGGCGGCGGATACTTGAAGCCAGTCCGGTCTG  
CCATTGCGGGAACAACCTCGCTGGCGAGCGCGCGCATCGTGTGAGCGCGGCAGGGGCGACTCTGCCGGCGGCTGGCGGT  
GCTCGACCCGATGCACCGGCAGGCCGCGCGTTCGCGCACGTGGATACGCTTCTATGGCCGGCACGTGGTGGCGAGCACG  
CGGATGCCGGCGCTGTCTTGAACAGGTGCGCAAGGCCTGCTGGATCAGCCGTGCGTTGGCGGACACCGGGTGGACGCG  
GTTGATGAGCAAGTGCAGCGGCGCGGTTTCGATGCCAGGTGCCGGTACGGCGCAATGTCTTCGAGCAACTGCATGGTGC  
CGGCGCGAGCTCGCTCGCCGAGGATCTCCGGCTGACGGGCGAGATCGGAGGCGAGCACCGCCATCTCC  
AGCAGCACGGAACGCGCGCCCTGGGTGTGATCAGCACCAGGTGCTAGAGGGGAGCAAGTTCGCGCAGATGCCGCA  
CCGCAGGCGGCCATCCGGCGCATGCGCAACAACGTGTTAGCTCGCCCCGGTGGTGTGCGGACAGCACCAGGTCCAGGC  
CCGCGATGATCGTGCGGGACACGAGCTGGCCAAGGTGCGCGCTCGTTGAAGGCCAACAGCTCATAGATGCCGCCCGGCG  
CGCTGGGTGAGTTGCTAGTAGGAGGACAAGGTGGGCTGCACGTGAGATCGAGCAGCAGCACGCGCAGGCCCGCGTCCGC  
GGCGAGCCCGCCAGGTTGGCGGCGTGTGGTCTTGGCGACCCGCCCTTCTGTGAAATGATGGACACGACCTGCATGG  
CGCTCTCCGGTGGGAATGGGAAGTCCGCGGGAGAGCGGGTCAAGTCCGGTGGTGGAGGCGCTCGGCGATCCACTGGTGC  
ATTTGATCGAATCCCAGCCGACAGCGCGCACGCCAGGCGCAGCGCTGAGGGAACCTGGCGCTTCTTTCATCAGGTTGTA  
GATGTGGGCGGTTTGAAGCCGGACTTTCGCTTCGACTTCATCGAGCCGAGGATGCGGCGCTCGTTCGGCGGGAGTACAG  
GGGTCTGCGACATGGCGGTCACTCCTGAACGCTCGGTGGCGTTTGTGGCGTGACCTCTATTCAATAGACCTGGCTGCGG  
AAAGACATTGCAATGCAATCTCCGCGATTGCACATAACAAGCTGGATAACCTCATGCGCTTGGCTTACGAACGTACCTCT  
TAGCGTTGGCGAACTTTCCGTTAAGGTGCGCTCAGTGATGCCCATGGTGGCCCGTAGTGGGCGACCAATGCAGAGACA  
AGGGCCTCCTGCGTTTTGAAGCTGGAATAGGGCACGCTGAAGGCGACTGGCTCAGCATCAGCGTCAACATCCCTCCAAT  
GATGTTGAGATAGGTGCTTTCCGCCGTTTCGCTGATCTCGCATGCTTGGATGCCAACAGCACCCGAGGATGCTTGAGTA  
GCGTGTCTGCTGCTCCTGCAGTTCTCGCATCTACGTGCGGCTTGTTCAGCGCGGCTGAAGGGCCAGCCGCTCCACG  
AGGATCGCCTGTCTGTTCCATGGTGTGAAAGGATGCGCCATGCGTTGCCACGGCTGAACAGAAAATCCTGGCCGGTG  
CTCGGATAGTGGGTGCGCATCCAGCGTTTTAGATCGACATGGCGAACAGTCAGATCCAGAGAAATGAGCAGGTTCCGAT  
CATTGAGCTGATCCCGTTCTTGGCGTAGGCGAGCTCCGTTGAGGATGCCGTATAGATACGTTCCGAGTGCAGGAGG  
CACTCAATCCATCGAGGGCAGTTCAGCGACCGGACGAGCACCGGATGACCGGATCGTGGCCAGGATCATCGGCGGATA  
CCGCAGCAACCCAGCCCATCGGATGGCCGCTCGATGGGACGATAGAACACCTTTGATGTTGAAATGCTCTTGTGATGT  
CTTCTGCTCCTTTCCGGTGCCTACATCACCAGGCTCCTTTCTTGGCCAAAGGGCTGTTGTGTGCTTATGGCCTGCGACGGA  
CGTTGAGGCGATGCCCTAAGCGAAGGCGGAGGAGGCCATGGCGTCCGCCGAGGTGGCCTTGTCTTGTGATATGCA  
AGAATCGATCAGTTGCCGGCCCATCGAGCGATGAGGACGCAAGCTCGATATTGGCGCTCACGGTACCAGCGTCAATAGGTG  
GCGCAAAGCCCATCAAGACCGATTTGGTATGGTCTGATATCCAGACGGTTCAGACCGAGGTTGAAGCGTTCCGACGCC  
CCTACGTCCAGTTGGGGACTGGAAATCAGCGGTTAGTGATGCATCGCTCCACATGCTGATATATCGACAAAGTATCTGCC  
GCAGTACCAGTGACCCTGCCAGGTTGCCCCAGCACATAGGAGACGGAGATGGCTGAACATTTCCATGAACATCAACATCA  
CACATCCGGTCAGATGGGTAAGCACGGCCGACCATAACGCAAGTTCTGGGTGAACATGGTGTGGGCTCGTGTCTATGT  
ACTTCGTAATGTTTCCAGTATGATCGACGGCGCCAGGGACTTCAGAAACAATCTCAACATGCTCTACATGGCGGTCACTATG  
TGGGCGCAATGGGCATCTTTCATGCTAGCGACAATGCCCGCATGTTTCCAAACCGGCGGCTCAATCTCGTGTGTACGG  
CTTGTGTTGCCGTTCTCACACTCGGTTCTTTTGGCGTACCCGTGCTCAAACCGGAATCGGCGATCGACAGTTCATCGCGT  
CTATGGTCCCGCACCATTCGGGAGCGATCCTCATGTGCCGCGAGGCGCAGCTCTCAGATCCGGAACCTGTC AACCTATGC  
CAAGCGATTTCCGATGGCCAGCGCGCGGAGATCGAGCAGATGAACCGGATGCTGCACGCCTTCGTTGAGGCTGGCTGCC  
ACTACACTGGCGCCGCTTGGCGTCCGGCGAAGTTAGCCGCGAGCGATGTAAAGATGAGTACTTGGGTTGTTCCGATGCCG  
GCGGTTGTGTCTACAGCCGTCCAGGTGCCAGGTAGTCCACGCGACACCACCCCGCGTGCCTGCGGAGCGAGCGCAAGT  
CATGATCGTCGAAGTTGGAGTTCGATAGCGAACCCTCAGCAGCTGGACGCATCAGGCGTAACGACGGGTGGATGGAT  
CATCCTTGGACGCTGGTGGAAAGTGGTTGGATGAACTTTGTTGCCGAGGGCGAAAAACAAGGCTATAATTGAGTTCCTCGC  
TGATCACCACAGTGGAGAAAGTGATTGGGAAACAGAGACTTAGCGCTCTAGTGCATGACTCGTTTCCCGCTCCA

## Sequenzen der einzelnen ORFs

>C1, 1932 Basen

ATGGCACTCTCTGATCTGACCGTGCGGCAAGCCAAGGCCGCCAAGAAAACCTACAGCATCCCCGATACCGATGGC  
 CTCGGCCTGGTGGTCGCCCCACCGGCGGCAAATCGTGGCACCTGCGCTACTACTGGCTCGGCAAGCAAAAACGC  
 ATATCCCTGGGCAACTATCCCGAGATCGGCCTGCGCGAAGCCCGCACCTTGC GCGACGAAGCCAGGGCGCTCCTG  
 GCCAAGGCATCAACCCCCACACCGACCGCAAGCAGAAACGGCATGCGGTCAAGCTGGCCTCGGACTACACATTC  
 AAGGCAGTCTTCGATGCTTGGGTCGAGCACCGCGCCAAGGAACTCAAGGAAGGCCGGAACAGCACACTGTGCGAG  
 ATCAAGCGGATCTTCGAGAAAGACGTGCTGCCAGCCTCAAGCAGATGTGATCTATGACATTCGACAGCCGCAA  
 CTCCTGGGCGTCTGGCGCGGATCGAGAAGCGCGAGGCCTTACCACCTGCCGAAAAGGTCCGGACCTGGCTGGGG  
 CAGCTATTCCGCTATGCGCTCGTCATCGTCGAGGGCATGGAGGCCAATCCGGCCACGGACCTGGACGTAGTGGCC  
 GAGCCCAAGCCCGCGGTGACCCATAACCCCTACCTGCACCTGCCGAGCTTCCCAGATTCTCCAGAAGCTCAGG  
 CTCTACAACCCGCGCGGTGGCAAACCCAGCTCGGTATCCGCCTGCTGTTCTTGACCGGCTGCGCACCGGCGAA  
 CTGCGGCTGGCGACCCCGGATCAGTTCGACCTCGACCGTGGGCTTTGGATCATCCCCCGCAGATCGTCAAGCAG  
 CTTCAGGACGAGATGCGCAAAGCGGGGAAGCGGCCGAGGACGTACCGCCCTACATCGTGCCGTGTCCCTTCAG  
 GCCATCGAGATCGTGCCTACCTCCTGGGGGTGATGCGGCCCGCCAGCGCCACCTGCTGACGCACCGCAGCGAA  
 CTAAGAAGCGCATCAGCGAGAACACGCTCAACGCCGCCTTGAAGCGGATGGGCTACGAGGACAAACTGACCGGC  
 CACGGTATTCTGGAACCATCTCGACGGCACTCAACGAGATCGGCTATCCCAAGATTTGGGTGGACGCGCAGCTT  
 TCGCATTCCGACCCAAACAAGGTGAGTTCGGCCTACAACCACGCCAAGTACGTGGAACCGCGCCCGCGGATGATG  
 CAGGACTGGGCGACCGCCTCGACTTGCTCGAACAGGGCCAAGTCGAAGCGGCCAGCGCGCACCTCACTATCCAC  
 ATCGAGGGCGTACCGGCCATGGCGGAGGAGGACAAGCCCGACGCCATCGTTGCAGCTTCTCTGCGCTCCCGTT  
 CCGCCGGTGGTGGCCACCCCATCGTCTGACGCCGAACGAAGGGGGCATCACCTTCCAACGGTTGTGCGAGGTG  
 CCGCATCCCCGACTCATGCGCCAGAACCAGGTGTGCGGCATCCAGCGGAGCGCGAGGAAATGCTGGCCATC  
 TACGAATCGCCGAGCTGCTGCCGTGCCCTGTTTCGGCAAGTTGGCTGAAAAGTCCAAGGACCAGATCAACCGC  
 GAGTTGAAGGCGGGCAAGCTGCTCTCCATCAGCCTGGGCAACCGGGGCGAGGATTTCCCGATTGGCAACTGGTG  
 CCGCTCAAACACAAGCTGGCCAGGTGCTCATGCGCCAGTACCCCGAGCGGATTCATGGGAGCTTTACCGCATG  
 CTGACCCAGCCACATCCCGACCTGGGTGACCGCGCGCCATCGACATCGTGACGCCAAGCAATCTGGGCATGGTG  
 GTACAGATCATGCGAGGCGAGCCACATGCGAATGCTCCCGAGGTGCTACCGCCCGGCTATCTCCGAAGAG  
 GTGCGCCAGAGTGTTCGCCGGCTGATGGAGAGCGCTGTGCGCTTGGACGGCGCATAG

>C2, 657 Basen

ATGCATGATGCCACCAGCCAGTTTTCCCATCTCAGGCTTGGGATAGCACCTGGGGTGCCATCCTCATGCTTCTCC  
 TCGCTTCTCGCCCTGCAACGCGCGGAAGAGCCGAAATCACTATCGCGTCTTTTGGACATCAAGTGACGACCTG  
 GTGACGGGCATTGATGAAGGTGCTTACGACGCAGGAATGTGCTTCCGGCCGTAAGCGCTCCGTCTCTGAAAAGC  
 CAACCCTTGTGGATCGAGAACATCGCTGTTGCCATGCCATTGTGGTCCCCCTTGCTCGCCAGACAAAAGCTTACG  
 ATCGCCCACTTTTGGACTACCCCGTGTTCGCTGGCCGCGAGAAAGCTGCTCACTACTGGATCAGCGGCTGTCA  
 TCCCTCCCCTCTTTAAGCCCGCAGAGCGTCCAGCATGTGACCTCGTTCGACATGTTGGCGCTATGGGTGCGCGCT  
 GGCTATGGTGTGCGGATCACCGCGCAATCGCGCATCGAGCGCGTGTGATGCATGGGGGATCACCGCCCGCCGCTG  
 GCCGAGGGCCCTACGAGGTGCTGACTCATCTGCAGCGCCTCAAAGGACGAACCTAACCGGTTTCTGAGCGGTTT  
 GAGCGCAGAGCGATGCAGGTAGCCAAGGATAGTGCAGTCCAATCGAATACCCGATAG

>C3, 294 Basen

ATGCAGAAATCAACCATTTCAGCCAGGCGCTCCTTCTGGCACAACAACGTATGAATCCGCAGCGGCGACAGCTTTC  
 GGACAGGCCGTGCGCGCTGCGCGCGTGCACAAGGAGTGC GCAAGACGAGTTCGCATCTCGGGCAGGCATTTCCG  
 CGCTCGCACATGGGCAAGATCGAGCGTGGAGAGCACGTGCCACGCTGCCCTCATACTGAAAATTTAGTAGCA  
 CTTGGGATAAGCGCGGCTGAATTGATGGCGGCCACCGAGCGCAATCTTCGTGCCGAAACCGATCTTTGA

>C4, 891 Basen

ATGGAATTACGACATCTGCGCTATTTTCATGGCCCTGGCTGAAGAGTTGCATTTACGCGCGCCGCCGAGCGCCTG  
 CACATCGAACAGCCCCCTTGTCCCGTGCCATCAAAGAAGTGGAGGACGAGCTAGGGGTGCTGCTGTTGACCCGG  
 AACCGCCGTGGAACCGTGTGACGTGCGCGGGTGTGCTTTCTTCAAGATATCCGCAGATTTGTTACCGTGCTC  
 GAACAGGCACGCGAAAACGCCAGGCCGTGGCAGCAGGTTTGCAGGACAGTCTGCGCATCGCGATTTCCGACGGG  
 GCAATCGATGCTCGCTGTGCGCATTTCTGGCCCGGTGCCGCGGAGGAGCCGGAGATCGAGATACGGCTGTCC  
 GAGGTTCCGCTGGCCAGCAGTTGCGCGGCTGCGGTCCGGGATTTTCATGATCGGATTCGCGCATACGGCCGAC  
 GTCGGGACGACATACGGGCTGAGCCCATCTGGCGAGATCCATTTGGTCAATTGCCGTGCCGCGGACGCGCATG  
 CTCGCCACAAAAGGTCCCCTCCAAGAAGTGGGATCCATCCACTGGTCTTGTGCGATCCCCATGCGTGGGAG  
 GGCTACTGCCGGAACTGACACGACTGCTGCAGGTGCTTGGAGCACAAGTTGAACGTCGTCGAGGAGGTGTCTCG  
 CTGGACATGATGCTCACCTTGGTGGTGGTTACGGTATCGGCTTTCTCGCGGCGAGCAAGATTTCCGGTTTGC  
 CAACGCCCGGACGTGGTGTGCTGCCCTGGCCATCGATTTCAGCCGTTCATCACGACTTACTTGTGCGGGCCGAC  
 AGCAGTGATTTGTGCGCTTCCGTGGAGCGGTTTCATCGTTTCGCTACGTGACTCTGCGAGCGGCTGA

>C5, 324 Basen

ATGACCCAAGACACCCAGCGCCCCACATTGAAAGTGATCCTCCACGCACCGACGGCAGAAGCCTTTGAGCGTGCG  
 CGAACGAATGCAACCAATCTCAAGCGCGCGGCCCGCATGCCGATGTGCGCATCGTTGCGAACCGCGCAAGCCGTC  
 GCCGCCGCCCTGGACACGGCACCTTCCGACCTCGACGCGCTCACCTGGGTATGCCCCGAACACACTTTTCGCGGATC  
 GGCAGGGACAACAGAGAGCCGCTCGAAGTACTGGACGGGCTGCTGTTATCGAGATGGCGCGCATGCAGCAAGCG  
 GGATGGATCTACATACGGGCGTAG

>C6, 1377 Basen

ATGCAGACAAGGAAAGTAGATGTGCGCATCATTGGCGCGGGAACCGCTGGCAGCACCGCATTCATGCGCTGAAA  
 GCGACAGGCAAACAGGTGGTTCTGATCGATCGGGGGCCATTGGGGACGACCTGCGCGCGCTCGGATGCATGCC  
 TCGAAGGCGGCCCTGCATGCCGGCATGCACTGGAAGGTCGCCAAGGCACCTGGCAGCGAGCGCCATCGACC  
 CAAGGGCCGACAGGCCTTATGGTCCACGCCCCGACAGACCAGGGATGCGCTGGCCGGCGCCGCCGCGAGCGCACG  
 CGCAAGGCGGCTGGCGAGAGCCTGATCATGGCCGAAGCGCGCTTCGTCGCGCCGGGCATCTTGCAGGCAGGTGAA  
 CAACGGATCGAGGCCAGCGCCTTCATCGTGGCGACGGGCTCTCGCCCGGTGGTCCCCAAAAGCGCTCGACGGCGTT  
 GCCTCCCGCATCCTGACCACCGATAACCCTGTTGACCTGGGCGTCTGCCCGCACGGATGGGAATCCTGGGACTG  
 GCGGCCATCGGGCTGGAACCTCGGCCTGGCCCTGTCTCGCTTGATGTGAGGTGGTCGCGGCAGACCAGAAAAGAC  
 GCCATCGGCGGCATCCAGGACCCCCGATGTCTGGAGCGGGCGATCGCCAGGTTCGAGACCAGTTGCCGATGTGG  
 TTGGGCGCCGCCGTCGAAGTCAGCCTTGAAGGCGACAGGTGCGCATGCGCGCCGGCGAGCGCGACGCGCTCGTG  
 GATCGGCTTCTCGTGTGACGGGACGACAACCCAATACCGAGGCGCTCGATCTCGCCGCGCCGGCATCTCCTTG  
 GATCAGGCTGGCCGACCGAGCATCGACCCCGCGACCATGCAGGCCTGCGGGCCGTCCCAGGTGCCGATTTCTTC  
 GCAGGCGATGTGACGCCGGATCGCCCTCTGATGCACGAGGCCGCGGACGAGGGTCAGATGGCAGCGCAAGCCGCA  
 CTGGCGAGCTTGGCGGGCGAAAGTTGGCCGGGCGCATCCCGGCGCGTGCAGATCACGATCCTGTTACCGACCCG  
 GATGCGTGCAGTCGGCATGACCTACGAGGCGGGCGGTGCAGGAAGGCGCGGTGCTCGGCACCGCGGAAGGCAGC  
 GGCAACGGGCGCTCCAAGATTCTTGGTGCTCCGAAAACCTGCTGCACATCTATGCCGACCCCGGCTCAGGCGCC  
 TTGCTCGGTGCCAGCATGCTCCTGACGCAAGGCGAGCACCTGGCGCACCTGATCGCTTGGGCGATCCAGGCGAAG  
 CAGACCGTCAACGATCTGCTGGCCATGCCGTAACACCCCTCCATCGAGGAGATGCTGCAAAGCGCCTTGAAA  
 TCCGCATCCCAGCAGATGCGCCCCGTGA

>C7, 807 Basen

ATGCTCTCGCTGACGGGTGGAGTGCTGGGCCTCATCATCGGAGCCGTGCTGGGATTGACTGGCGCCGGCGGGCGGC  
 ATCTTTCGCGGTGCCGGCGCTGGTGTTCGGCCTGGGCATGGACATCCGTGAGGCCGCGCCCGTGGCGCTGCTCGCC  
 GTGGGAGCAGCGGCGACCCTGGGCGCTTTGAGGGCTTGCGCCAGGGGGTAGTTGCGGTACAAGGCAGCGATGATG  
 TTGGCGGCTGCCGGCGCCGTGACGGCTCCGCTGGGCGTGCAGTTTGCCACTGGCTTTCGCTCGATGGCTGAAC  
 CTGATCTTCGTCGCCATCATGCTCGTGGTGGCCTACCGGATGTTTCATGTCATCTCGCGGCAGCCAGACGCAGGAC  
 GATCTGGCTGACGAGCCAGCCCCGGTCTGCAAGATCTCCAAGGACACCGGCCGCTTCGCTTGAACGTGCGAACA  
 GCGACCACGCTGGGGAGCATCGGCATCGTCTCCGTTTGGCCACGGGCATGTTGGGGGTGGGCGGCGGATTCATC  
 ATCGTCCCAGGCTCTGGCGCATTTTCAGCGAGCTGCGCATGCACAGCATCGTTCGCGACCTCGCTCATGGTGTGATCGCG  
 CTGCTGTCCGCTGTAACCGTGTTCATCGCGTGGAGTCATGGCATGACGCTCACCGCGCCCGCTGGACATTCGTT  
 CTCACGGCGCTCGTGGGCATGTGCTCGGCCGTGTTCTGGCACGCGAGGATTCCTCAAAGATGCTCCAGCGGGTG  
 TTTTCGATCACCTGCGTGGCCGTGGCGGCCCTCATGCTCATGCGCAATGTTGGCTAG

>C8, 774 Basen

ATGTTTTGCACAACGCTCGCACATTTTCGTTTCTGCTGGCCGCCAGCTTCATGGTGGTCACCGGCTGCAGCAAGGCA  
 GAGACGGCTGACAAGCCGGCCGTCCTCAAGGCGCTGGAAGGTCAGGGCCTGACCGTCACGCAAGGAATCAAGGTC  
 GCGCGCGGTCTCGCGCCTTCGCTGCCGTCGCGGGTGACCGGCCATTGCCGTGTACATCAGGAGCATGGCAAT  
 GCCATCGTGGAACTCGCCTGAACGCCAAGGGCGAGCCAATGGACGAAGCGGACCTGGAAAAGCTGGCCGCCAAG  
 CCGGTGAGCGACAAGGAATGGTCGAGCTGAGTCCACCTGGGTGCTGGACGGCAAGGCAGATGCGCCGCGC  
 GTCATCTACACCTTCAGCGATGCCAACTGCCCTATTGCAACGCTTCTGGGAAGCTGCACGCCCTGGGTGGAT  
 TCCGGCAAGGTCCAGTTGCGGCACATTCTGGTAGGCATCATCAAGGATGACAGCCCGGCCAAAAGCCGCGGCCATT  
 CTTGGCGCGCCTGACCGGAGTGCGGCGTTGTTGACGAACGAGCGGCAGTTTGGCCAGGGCGGGATTACGCCAGCC  
 AAGAGCGTGCCTGCCGATGTGCGCAAGATCCTCGATGACAACCTGGCACTCATGGCGAGCACCGGCTTCCGGGGG  
 ACGCCCGCATCGTTGTACGCGGCCCAATGGGATCCTCAAGAAGTACAACGGCATGCCGCGAGGGGCGCAATTG  
 GGTGAAGTGTGGGGCCGCGCTGA

>C9, 837 Basen

ATGATCAGCGTAGGTCCGTTCTCCGTCCAAGTCGTTGCCGCTTCTTCCGCGCTGCTGGCCTGGGCGGTGGCG  
 CGCATGGTTGCCAAGCGGTTGCCCGACTCTCCGTACAAGGCGGCCGGCGGAATGTTGCTGGACGCCGCTTTTGTG  
 GGGTTTGTGGCGGCTCGCCTCGGCTACATCGCGCAATGGTGGGAAGAGTACGCGCAGTCGCCGATGTCCATGATT  
 TCCATTGGCGACCAAGGCTTTTCGTTGGTGGGTGGTGTCTTGGCAGCGCTGGCGCTCATCTGGTGGCGCACCCGT  
 GCGGTTCCGGCATTGCGCCGGCCTGTATTGGCGGGAGTTGCGGTGCGACTCGCAGCCTGGTTTGTACCGGGGGC  
 GTACTGGCTCTGCTGACGCGCTCGGCACCGCGTTGCCAGCGTTGACGCTCGCAACGCTCGATGAACAGCCAGTC  
 GTCCTGAAATTCATGTGTTGGGCGGCCCGCTGCTCAACCTCTGGGCGTGTGGTGTCCACCATGCCGTCGCGAG  
 ATGCCGGTGTTCGAGCAGGCACAAGCGCAGTATCCCGATATCGCTTTTGTGTCATGGTCAACCAGGGAGAGAGCGCC  
 CAGCAAGCCCGCGCCTTTCTTGAGAGCGAACGCCTGCATCTCAAGGATGTGCTGCTCGACCCCGCTTCCAGACC



ATGCAGGCCGTGCGATCGCGAGGCCTGCCACCACCTTGTCTTCGATGAGCAAGGACGCCTGGTGGATAACCCAT  
 CTGGGCGAACTCACGATGGCCAGCCTCAAACACACGGTGTGCGGCCGATTGCGGCCAGCCAAACAGATCAAGACA  
 GACAAGGAGTAA

>C10, 1854 Basen

TTGGAGGACTCGGATTTGGCTTTTTATCGGGCGCATCGTAGCGATCTTTCTCTGTGTGGTTGTGCGGTTCGGCAGT  
 GCGTGGGCGGACGGCCTTTTTCCCTCCTGGGGCCGACGAGCGGCAATTTCTGGACGTTGCCGAAGTTCTCAAG  
 CTGGACGCTGTGCAGCAGCAGGGCGATTTCGTTCTCGGCCGCTGGACACGTTGCCGATGGCTACTACGTTTATCGC  
 CATGCCATCAAGTTGGTCGATGCGCAGGGCCATGAAGTCAGCCTGACGCTTCCGGCAGGAACAGCCAAACACGAC  
 GAATTTCTTTGGCGATACGGAAATCTATACGGGCGATGCCCTCAATCTGCGCTTCCCGCCACCGCCCCGGCCCG  
 CTGACACTGCATTGGCAAGGGTGCAGCGAGGCAGGTATCTGCTATCCGCCGACAGCCATGAATGTGGCATTGCCG  
 GCAGTGGTGGCCGGCACATCCCCGACCGGCAATGACTCCGTACAGCGGAGTTTCGGCTTTGACCTCCACCAACACA  
 GTCAGCTTGGGCGGAGCTACCGAGGTGGCAGAGGATCAAGCGGCAGCGCAGCGCCTAGCAGCATTGGGCCCCGTG  
 TGGGGAACACTGCTGTTTTTTGGCTTCGGCTTGCTGCTCGCTTTACACCATGCTCGCTCCCGATGATCCCCATC  
 GTCTCCACCATGGTCGTCGGCAGCCAGGCCAAGCCGCGGGGCTTTCTTCTCTCTCTGTCTATGTCTGGCG  
 ATGGCGGGCACCTACGCCGCGGTGGGCGTGGCCGCTGGCTTGGCCGGGGCCAACCTGCAAGCCACACTGCAATCG  
 CCTTGGCTGCTCGGAGCGTTTGCAGCCTTGTTCCTGGTCTGGCGAGTTCACTGTTGCGCCTGTTTCGAGCTGCAG  
 ATGCCCTCGGCGCTGATCAATCGGGTCAATCCGCCGGTAGAGATCGCTCGGGCGGGAGCATCTCCGGCGCGGGC  
 GCGCTGGGCTTCTCTCGGCGCTTCTGGTCGGGCCTTGATGACCGCTCCATTGGCAGGCGCATTGTGTACATC  
 GGGCAGACCGGCAGCGCGGTCTACGGTGGCATGGCCTTGTTCGCGCTGGGTTTGGGCATGGGACTGCCCTGCTG  
 GCCATCGCCGTGTTTCGGTGCCTGGGCTCTGCCACGGCCTGGCGCGTGGATGGACCGGTGCGCGTGGCATTCCGGC  
 TACGTCATGGTGGGCATGGCCGTGATGATGCTGACGCGCTTCTTCCCGGCACGGTCAGCCTGGTTCTGTGGGGC  
 GCATGGGTCTTGTGGTGGCGATTGGCCTGATCGCGTGGGGCCAGGCCGTGGCAGCGAAGCATCGGCTGGCATGG  
 TCGCTGCGGTCCGGCGCCGTCTTCGCCGGCTTGTGGTCCATCCTGATGCTGGTGGCGCGGCCCTTGGCGGGCAA  
 TCGGCATTGCAGCCGCTGGCCCACCTGCGCGGTGGTTTCGACTTCGCCAGCACCGGCGGGCGGGCGGCTCGCTTAC  
 CTCAGCCGAAATCGGTGAGGACGTGGATGCGCATTTGCGCACAGCCCGCTTCGCGCGGCCAATGGACCCTGATC  
 GACTTCTACGCCGACTGGTGCCTCAGTTGCCATGTGATCGAACGCAACGTATTTCGGCGACCCCGCCGCTCGCCTCC  
 CGCCTGGCCCGGATGCAGGTGCTGCGACCAGATGTGACGCGCAATGATGCGACCGATCAGGCCTTGTCAAGCAT  
 TGGGGTGTGATGGGGCCGCCACGCTCATTCTGGTTGGCCCGGACGGTACGGAACCGCGGGACCTGCGCGTCTG  
 GGTGAGATCGATGCCCGCGCCTTCTGGTGGCCTTGGACAAGGCAGGTTCTCTGA

>C11, 882 Basen

ATGAGCATCGTTTTCTGACTCTGGCGTGGTGTCTGCGTGGGAGGCGTCTCGATATGGCTTTCTTTTCGTTCTCTGG  
 CGAGGGGGACATGGTGCAGCGACCAAGTTGCCCTGAAAGCGTGAACGTCGCGGTAATGCGCGATCAATGGGCG  
 GAGTTGGAGAGAGACCACATCAATGGCACGTTGTGCGCCAATGAATTGGCCGATGCAAGATCTGATCTTCAGCGG  
 CGAGCGCTGAATGAAACTGCTGCTCCTCCGTTGAAATTGGGGCCGCCTGCTGGAAGCAAGCGGGCAGCGATCACT  
 GTCGCCATTCTGCTGCCGATCGCGACAGCGCTCACCTATTCGTACCTGGGAAATCCGGCCGCCACGGACCCGTCA  
 CAGGTTTCGAGCGCGAGCATGACGACGCAAACCGATGTGCAAGCAATGGTGGCCTCTCTTCAGGCACGGCTGGCC  
 CAGCACCCCGATGATCCTGGAGGCTGGCTCATGCTGGCGCGTTCCTACCGTTACTTCGGCGATCATGAGCAAGCC  
 GTCATGCCTTACCCACGCCAATGAGCTGGTCCAGAACGATCCACAGGCGTTGGCGGAGTACGCGGAGTTCGCTG  
 TCCAGAATCCGTGGCTCCGGTTTTGAGGGAGAGCCACTCGTCTGCTTGGAGCGCCTTGTGCTCGATCCCAAT  
 GCAGCCCTGCCTCTGACTCTGGCCGGCGCTGCTGCGGTGCAGCGCCGGACTATCAAACGGCCATCGCGCACTGG  
 GAGAAGCTGCTCGGGATGATGCCCCCGATTCCGAGGCGGCGAAAGTCTGTCGCGCCGGGATTGAACGGGCCCCG  
 ACGGAGCAGGCGGAACTCGCCCATGGTTCGATCACCAGAGCCAAGCGCAAAGCCTTGA

>C12, 456 Basen

ATGATTCTCTGGCGGGTGGCATTGTTTTTTCTTTCTGTTACGGCTCCGGTCTGGGCCAGCGACCAAGCGGCCGAG  
 GACCGAATGCTGGGCATTGCATCCGAGTTACGTTGCCTGGTTTGGCAGAATGAATCGATTGCAGCTTCGCGAGGCC  
 GATCTTGGCGCTGACTTGCGCCAACAGATCCGCGAGCAGATCCGTGCCGGCAAGAGCGATGACGACATCCGGACT  
 TATATGGTCGAGCGATAACGGCGATTTTCGTGCTCTATCGCCCGCCCTTGAAGCCGACAACGATGTTGCTTTGGTTT  
 GGCCCGTTCTGTTGCTTGCCTTGGGCATTGTGGTCTTGGTCATGAATCTGCGCAGCCGAAACCGCAAGCCGAAG  
 CATGCTGCACTCAATGAAGAGGAGCGCAGACACGCGGACGCGCTGCTGGCTCCGCCACACAATGTAATGGACGAA  
 ACATGA

>C13, 525 Basen

ATGAACCGTTTCTATGGCCGCTGCTCGGATTCCTTGTCTTGGTGTGCTTCTTCGCGAGTGGGCTGACGCTCAAG  
 CCCAGCGAGGTGCCATCGCCCTTGATCAACAAGCCCGCGCCGCGCTTACGCTTCCGCAACTGCAAGCTCCGGAC  
 CTGACCTTCTCATCCGAGAGCATGATCGGGAAAGTTTGGGTACTGAACGTGTGGGCTTCTTGGTGCAGCCCTGT  
 CTTGAGGAGCATCCTGTATCACCGAATTGGCCAGCAGGCATGCTGTTTCGGTGGTTCGGCATGAACTACAAGGAC  
 ACGCCCCAGAACGCCATCGCCTGGCTACGGCGCAATGGCAATGCCTTTGAAACGACGGTCTCCGATGCGCATGGG  
 GCGGTGGCATCGACTTCGGGGTGTACGGCGTGCCGGAAACCTATGTGATCGATAAGGCAGGCATCATTTCGCTAC  
 AAGCACACCGGGGCGATTGACGCGGGGGAAATGCGCGGCGAGCTGCTGCCGCTGGTTCGGGGAGCTTGGAAATGA

>C14, 1962 Basen

ATGATTCCAGAAATCGGCCACCTCGCCCTCATCGCTGCCTTGTTTCGTGGCACTCGCTCAAGGTGTTCTTGCCCTG  
 GCCGGCGCGGCGAGCAACCTCACCTGGATCGCGTTTCGCCCCCCCCGCTGCACGCGCTCAATTCCTGTTGGTG  
 ATGGTCGGTTTTGCGCGCTCACCTGGGCCTTTGTGCGAAGGACTACTCGGTGCCTACGTCGCTCAAACTCC  
 AATTCTCAGCTCCCCTGGGCTACAGAATGGCCGCGGTCTGGGGCGGACATGAGGGTTCGCTCCTGCTCTGGCTG  
 CTGATGCAGACCGGCTGGGCCTATGCGGTACAGCCGTTGTGAAACAGCTTCCGGATGCCATGGTGGCGCGCGTT  
 CTGGGCGTGCTCGGCCTGGTGACGGCCGGCTTCTGCTGTTTCGTCTGTTGACCTCCAATCCCTTCGAGCGACTT  
 TTCCCGTACCGCAAGATGGATGGGATCTGAATCCGCTCCTGCAGGATATCGGCTTGATCTTTCATCCACCGCTG  
 CTTTACATGGGGTACGTCGGATTTTCGGTGGCCTTCGCATTTCGCGATTGCTGCATTGCTTGCCGGACAACCTGGAG  
 TCGACGTGGGCACGCTGGTCTCGTCCCTGGGCCACCGCAGCTGGGCAAATCTGACGGTCGGAATCGCCTTGGGG  
 AGTTGGTGGGCCTACTACGAGTTGGGCTGGGGGGGCTGGTGGTTTTGGGACCCGGTCGAGAACTCGTCGTTTCATC  
 CCCTGGCTGGTGGGCACCGCCTTGATCCACTCTTTGGCGGTGACGGAAAAGCGGGCCAGTTTCAAGAACTGGACG  
 GTGCTGCTCTCGATCGGCGCATTTTTCTTGCTCGCTTTTGGGTGCCTTTCTGGTGCCTCGGGCGTACTGACTTCT  
 GTGCATGCATTTGCCACCGATCCGCGACGCGGGTTATTCAATTCTGATTCTGCTGACGGTCATTGTGGGCACGTCG  
 CTCGCTTTGTTTCGCATGGCGAGCCCTAAGGTCCGCATGGGAGGACGGTTCGACATGGTCTCCAGGGAGTCCCTG  
 CTGCTGGTCAACAATGTGCTGTTGGTTCGTCACTGCCGGCGCTGTGCGCTCGGTACGCTGTACCCACTGCTCGTC  
 GATGCGCTGGGCCTGGGCAAGCTCTCCGTGGGGCCGCATACTTCAATGCGGTGTTTCGTGCCATTGATGATCCCC  
 GCGTTGCTTCTGATTGCGGTAGGACCCCGCCCAATTGGAAGGCCGCCAGTTTCGGTGCATCTTCAGGCAGTTG  
 CGCGTGCCGATGATTGCTGCACCCCTGGTGGGCCTGACCGCCCCGTTTCGTGCTGGGGCACTGGTCACTTCTGCG  
 GCGTTGGGCTTGATGCTCGCCACGTGGATTGCGGTGTCGGTGGTGCAGGGCATCTTCGGCCGAATGCGCGCCACC  
 CGCGGCGGGTTGCGTGCCAGCCACGCAGTTGGCTTGGGATGCATATGGCGCATCTGGGCATCGCGGTATTCGTG  
 ACTGGCGTGACCATCGTCAGTGGGTATGAGACCGAGCGAGACGTTTCGATTGGCCAGGGCGAGTCCGTCAGCATC  
 GCGGGCTACGACCTCACTTTGATCGGCGTCAGAAGCACGCGGGGGCCCAACTACGTGGCGCAGATAGGCGATATC  
 GAACTGTGCGCGACGGCAAGGTCTTGCCTCGGCTGCATCCGAAAAGCGCAATTACCCGGCCTCGCAGATGCCG  
 ATGACCGAGGTGGCGATCGATGCAAACGGACTGCGCCACGTCTACGCGGCGCTCGGCGAACCGCTCGGCGACGGT  
 GTTTGGAGCGTTCGTGTCTACCACAAGCCATTTCGTTGACTGGATCTGGATCGGCTGCATCCTGATGGCGCTTGGC  
 GGTGGCTTGGCCATCAGCGATCGTCGATAACCGTCTGAAGCCTCGCCGTCAACACGTGCTCCGCCATTGCCCGAG  
 GCCGCATCATGA

>C15, 447 Basen

GTGAAGCCACGAAATAGACGCATCGCACTCATCGTCGCCGGGCTATCCGCCCTCGGCATCGCCACCGCGCTGGTG  
 CTCAATGCCTTTTCAGAGCAACCTTGTGTTCTTCTTACGCCCTCGCAGGTGAGTCCGGGGAGGCACCACTGGAG  
 CGCACCTTTTCGAGTCGGCGGCATGGTGGAAACGAGGTAGTCTGAAGCGCCAGCGTGGTGAGCTTGCCGTGCAGTTC  
 GTCATCACCGATAACGGTCAAAGCAATCCCGGTACAGTATTCGGGCATCTTGCCTGACCTGTTCAAGTGAAGAAAA  
 GGGGTGGTTGTTCAAGGACGGCTGGACAGTGCCGGCCTCTTTTCGCGCCGAGGAGGTGCTGGCCAAGCACGACGAG  
 AACTACATGCCGCCGAGGCCAGCATGCGCTGGACGAAGTCCAGAAGAAGCCGGCTTCAAGGAAGCCTTGA

>C15b, 192 Basen

ATGAAGTGGGCCAGTGTGGGTGAGTTCCTGGCGATGGGCGGATATGGCGTGTACGTTTGGGGATCCGTCCTGACG  
 ACGGTGGTGTGCTCTGGACTGAATGCCGAATGCTCCGGCGCCGGCGCCGAGCAGCGCTATGGCGCATCCAGTCC  
 GAATTGCTGGGCAAGGAGGCGCGGCGTGAAGCCACGAAATAG

>C16, 738 Basen

ATGGTCAACTGGTTCAAGTTTTTCATCTCCCAAGGCGTTCTACCCACTCGCGGGGAAGCTCGTCCCTTGCTCGGC  
 GTGACCGCCGCGCGCTGTGCTCGCGGGCGTCTATGTGGGGTTCTTCTTGGCACCCACCGACGCCAGCAGGGA  
 GAGGGGTATCGCATCATCTTCTGACAGTCCCGTTTTTCATGGATGTCCATGGTCATCTATCTGGCGATGGCGTTC  
 TGGGCGCGCATTTGGCCTGGTGTTCACAGCCGCTGTGCGCAATGATGGCCTCGGCGCTGGCCCCACGGGTGCA  
 CTGTTACCTTCTTCTGTTGGACCGGCGCCTTGTGGGAAAAGCCGATGTGGGGAACCTGGTGGGTCTGGGAT  
 GCGCGGCTGACCTCTGAACTAGTCTGCTGTTTCTGTACATCGGTTTCATCGCACTCCAGTCCGCGATCGAAGAT  
 CGTCGCCGTGCCACCGGGCAGGCGCCGTGCTGGCACTGGTGGCGTGGTGAACATCCCTGTGATCTATTTCTCC  
 GTGCAGTGGTGAACACCTTGCACCAGGGCGCCTCGGTATCGCTGACTCGTTCGCCCTCCATGGCGACGGTCATG  
 TTGTTGGGCATGCTGATCATGGTTCTTGGCGCCTGGGCTTACACGGCTGCGGCGGCGCTGGCGCGTGTGCGCTGC  
 ATCATCCTGGAACCGCAACATCACGCCGGCTGGCTGCAGGACATCGAGGAGGTGAAGCGATGA

>C17, 687 Basen

ATGAGCCGGCCCCCTCGTTGCCAATCCGGTATTTGTGCTGATGCGCCGGGACTTGAAGCTCGCCTTGCTCCGAAGG  
 TCAGACGCGCTGATACCTCTTTGCTTCTTTGTGCTGGTTCGTCAGTCTGTTTCCATTGGGTATCGGCCCCGAGCGC  
 GAAATGCTCCGACGGATCGCTCCGGGCGTCTGTGGGTATCGGCGTTGCTGGCCAGCATGCTTTCGCTCAATCGC  
 CTGTTTCGAGCAGGATCACGCCGATGGCACGCTGGAGCAGATGATGCTGTGCCAGCGCCGTTGGCCATGTTGGTC  
 GTCGGCAAGATCGCGGCGCATTTGGCTGTTGTCCGGTTTGCCTTGGCCTTGTTCGCCCCGCGCTGGCATTGCAG  
 TTCGACCTGCCTGCCTTGTCCCTCTGGATTTTACACCGCATCGCTCGTTATCGGTACGCCGGTGTCTCAGCCTCATC  
 GCGCCGCTCGGCGCGGGCTGACGCTGGGCGTACGCGCAGGGGGTGTCTCCTGTTGCTGCTGGTGTGCTGCCGCTC  
 TACATCCCGGTGCTGATCTTCGGTGCAGGCGCGGTCGATGCGTTCGATCATCGGTTCAGGGAGCGTCCGGCCAACTC

TCTTTGCTCGCCGCGTGTTCGTCTTGGCGGGCTTCTTACGCCATTTCGACGAGTGCATCGCTGCGCATCGCA  
CTGGAGTACTGA

>C18, 612 Basen

ATGCTTGAAGCTCTCGATCTCGCGGGCGTTCGCGGGGAGCGCCGCTGTTTGACCATTTGACTTTCCGGATCGTG  
CCGGGCGAGTGCCTGTTCGGTGCACGGCGAGAACGGCAGCGGGAAGACCACGCTATTGCGAACGCTTGCAGGGTTC  
GCTACGCCTGCTGCTGGCAGAGTCTTGTGGAAAGGAAAGCCGCTGCGCAACCAGTGGAGTGAATACCAACGCGAA  
CTGGTTTACAACGGCCATGGCATTGGACTCAAAGAAGACCTGAATGCCTTGGACAACCTGCTTGCCGCGGCCGCC  
ATCGCTGGTGAGCCGGTACCACGGAATGCGTGGAAATCAGCGTTGGACGAAGTTGGCTTGGCCGAGCACAGGCAC  
TTGCCGTTCCGGATGTTGTACAAAGGCCAAAAGCGTCTGCAAGCCTGGCTCGATTGCTCTACAGGAGGAAG  
TTGTGGATTCTCGATGAGCCCTCCACAGCGCTGGACCAATTTCGGTGC GCGATGGCTTGGTGAACGATCCATCGG  
CACCAGTACGCGGGCGGCATGGTCGTTCTGACGAGTACCAGGAGCTGGCCTTGAAAACCTTCTCAGACCGTCCGG  
ATGGGGCATGA

>C19, 669 Basen

ATGCGAATACTGTTGGTGAAGACGACAAACTGATCGGACGGGGGATCGTGGCCGGTCTGCACAAGCACGGCATC  
GCGGTGCATCACGTCCGCACCGCAGAAGAAGCCGAAGCCACGCATGCGGAAGACACCTTCCATGCCCTGGTGCTC  
GATCTCGGGCTGCCTGACCGGGACGGCATGGAGTTGCTGGCCAGCATGCGGGCCGTCGAACCTCAATTGCCCGTC  
CTGATCCTCACGGCGCGGGACGCCATCGAACACAGGCTCAAAGGGCTGCATGAAGGTGCCGACGACTACATGATC  
AAACCGTTTCGACCTGCGTGAACCTCGCAGCCCGGTTGCATGCGCTGGTTCAGACGCACGCAAGGCCGTCGCGCCAG  
GTCATCTCGGCCGGTCCCCTGCGGGCTGGAGCCGGAGAGCGGGCTGGCCTGGTTCCAGGGCGAGCCCGTCTCCTTG  
TCGCGCCGCGAGGTTCGATCTGCTGGCCCATCTCGCCAACGCCGATGGCCGGTGGGTCCCGCCGACATGCTCAAC  
GAGCGCTTGTACGGCCTCGGGGAAGAGATCGGCAGCAACGCGCTGAATGTGCATATCCACAACATCCGCCGCAAG  
CTCGGCGCCGAAGCCATCGAGACGGTCCGTGGGCTCGGCTATCGGCTGGGCTGGAGGCTTGCATCATGA

>C20, 1386 Basen

ATGAGCCTGCGGCTGCGCGCCGTTCTGATCGCCGGCATTTCGCTGTTGGTTCTGTGGGGCGCTGCCGCCGGCTGG  
ATGATGCGCGGCTTCAATCCAATCTCGACCGGACCCTCGACGGTCTGCTTGGCCATGTCGGCACGCATGGTGTCTG  
GGGCTTCTTGAACGCGCCGCGCTGGCTCCGAATGCAGCGTCCAACGACTTCACCGAGGCGGTGCGCGTCAGCGGC  
AAGGAGGGCATCGCATGCGAAATCCGGTCTTTGCAGGGAGAGATCCTGGCACGAACGACCACCGGACCTCACTCG  
GAGTTCGAGTCACTGCCGGCCGGCTTTCAGCACGCGGGACGTTTGGGACATCAGTGGAGGGTCTACGTTCTTCGT  
GCCAATGGCTACCAGATCACGACGGCGGATCGCGTGGATCAGCGGGATATGCTGATCAACGAATGCTAAGCGTG  
GCTGGCGTGCCCTTCTTGATTGCCCTTCTGGGCGGCTGGCTGCCCTTGGATCGGCATCGGACGGGGGCTCGCC  
CCCCTGGAGGCTCTGTGCGCAATTCGCGGACAAACACGCGGACGACACGTCCTCCGATCGCCGTCAACCATTCA  
CCCTCGAACTGCGCCCGGTTCTGGACGCAATGAATGGGCTTCTCAAGCGCTGGCACGGACACTCGCCAGCCAA  
CGGGCATTACCCGACGCCGCGGGCGCACGAGCTGCGCACGCCGTTGACCGTGCATACGCACCTGCAGGTGGCC  
CGGATCAGTGAAGGCGACGAGGTGGCGTCTCTCTTTCAGTGCAGAGGAAGGCGTGAAGCGGCTGAGGGCGACC  
TTGGACCAGATGATGATACTGGCCCGCGCCGAGACGCTTGCAGCAAGGCGGATGGTTGCACTTCGGTGGTTCGCT  
TCCGTCGGCGGCGTGTGGAACAGTGAAGGCCGAGAAAAGAGCGCTTGTGCTTGAACGTCAGCGGCGAGGAC  
ATCGGAACCCCGGTGCCAAGTCGATGCTGGAACGGCGGTTTCGCAATCTGGTTGACAACGCGATGCGCTATTCG  
CCGCGAGATACGGCCATCGAGGTGGGCGTGTCTTGGATCCGAATGCACAGCAGTGTGTGATTAGCGTGTCCGGAC  
CGTGGCCCCGGGCTGACTGCCGAGCAGGCATGCCAAATTGGCCAACGTTTCTGGCGGGTGCATAGGGCCGAAAG  
AGCAAGGACGGGGCGGGCCTGGGCATTTTCGATCGTTCGGGCCATTGCAGAGAGATTTGGTGGGGCCCTGAATCTC  
GAACCCCGGAAGGCGGAGGCCTGGTTGCGAAATTTCTCGTGCACCCGACCCCGCACCCAAAAAAGGTCAAGCT  
AGGCCTGCAGGGCGTGGCTTGGATTCAAACCGTAG

>C21, 1599 Basen

GTGAGCAGGCTTGC GCGGTGGCGAAATGCCGACCTTGGCGTTTGGCGGTAGCGCACATGCGTTGACGTTTCGCC  
CCGGATCCGTTGCCCCAGTGGTTCGCTGCCCATCGTTCAAATCCTCGCGCTGGCGGTGCTGGCACGCGCCAGCTTT  
GCCGCCGAGCGCGGCGGCGAGGCATTCCTTCGCGGATGGGCGTTCGGCTTCGTCAATTTTGGCGTGGCTTGTAC  
TGGCTGTTTCATCAGCATCCATGACTACGGTGGTTTGTCCGCGCCACTGGCCGGTGCAGCGTCTGTCGCTGTCT  
GCCTTTCTCGCGCTGTTTCCCGCTCTTGCCTGCGCGATCAGCAAGTGGCTGCAGTCTCGACTCGGCGGGGAGCA  
GCGCTGTACAAAGTGTGGTCTGGTTCAGCTGTCTGGGCCGCTCGGAATGGCTGCGCGGCGTGTGTTCTCGGGC  
TTTCCGTGGCTGAACATTGGCTACGCCCATGTGGACAGCCCTTGGTGGGCTGGGCGCCGTTGCTGGGCGTGCAT  
GGCGTGC GCGTGTCTCGCGGCGTGC GCGCTCGGGGACCGTGGCGTTCTGTGCGGTCCGGCCGCGGCTTCCATGCGC  
TCGAACGTGTCTTGTGTCGGGACGGTGTGATCCTGATCGCCACGGGATGGACACTTACTCGCCTCGATTGGTTCG  
ACGGCCGAAGGCGAGCCGCTGCATCTGAGGCTAGTGCAGGGAAACATCGATCAATCGCAGAAGTTTCGACCCGACC  
CTGCTTGAAGACGGCATCGCCAGTCACTTGC GGCTGGCCGACAGCCACCGGGCCCCGGAGAGCCGCATCCGGAC  
CTGATCGTCTTGGCAGAGACCGTGTGCGCGTATTCCAAGACCAGCTGCACCCGATGATTTGGAAAACCTGGCTC  
GACGTAGCGGCGAACAGCGCAGCAGCATCGCATGGGCGTCCCTTTGCACAGCATGGCGGCCGACGGCAGTTTCG  
CGTACACCAACAGCGCCATCGGCTTCGACTCCGGCACGCGGTTGCAGCAGCTTGTGACGCGCTCCGTGCGGCTA  
CGTACGACAAGCACACCTCGTGCCCTGGGGCGAATATGTACCGGCTGGGTTTCGAGTGGTTACGCGGATGCTG  
AAAATGCCGCTGGGTGACTTCGATCGTGGAGCCCCGGTCCAGAGACCATTCTCGGTGAATGATCAGCATTTGGCC

TTCAACATTTGCTACGAGGATGTTTTTCGGTTCCGAGCTGCTCCCGTCGCTCCTGCCGACCCCAGGCGCAGGACCC  
 GGCGCGAGCGTGCTCGTGAACCTTGAGCAACCTCGCTTGGTTTCGGCCAGACCTGGGCGCTTCGCCAGCATCTGCAG  
 ATCGGGCGGTTGCGCAGCATCGAGACCGCTCGGCCTATGGTGACCTCCACGAATACAGGCATCACGGCCTCGATC  
 GATCCGAAAGGACGGGTGCTTGCCTCTGCCGCCACATCGGCCGGGCGTGTGTCCGCGACCGTACAAGGCATG  
 AGCGGCCTGACGCCGTATGTTTCGCTATGGCGACCAGCCGGTCTGTGCTGGTAGGGATAGTATTGGCTGCTCTC  
 GTACGGCGCCCGACCCACGGTAG

>C22, 2316 Basen

GTGAGCAAAGCTACTACGGGAAGGTTCGTGGGCGGAAAACCTGCTTGGGGTTGGAACGGATGCCAAGAGCGGACCGT  
 AGTTCGGGTGGGGATTTTCGACTATGAGCAGGCCCGTGTGGCGGGCCGGATGGTGTTTTTTCGTAGACGGGCTTTGG  
 TGCGTGAGCTGTGCGATGGCCTTGACGCGCTCTGCAGCGTGTGCCCGGCGTGGTCTCGGCGACGGTGAATTTTC  
 ACCTCCGGTTCGGCGCTGGTGACCTGGGTCCCGGAGTCGATCGACTTCCCCTTGCTGCTGCGAAAGGCCGAGGGT  
 CTGGGCTACGCACTGTCCCCGTTGAAAGGCAGCGACGAGCTGGAAGCGGCCCTGCAGCGGCAGGCCAGGAAGATC  
 CGCTTGACGTTGACCGTTCGCGGTTCGTTTCGGGATGTGGAGCATGCTGGGCTCATGGGTGCTTTACCTGAACGCC  
 GACGAGGCGGCGGCGCTCGTCATCGCCTGGGCCAGCGTCGTAGCAAGCCTTCCCGTCTGCGGATATTCGGCGTGG  
 GATTTCTACCGCGCCGCCCGCTTTCGCTGCGCGCCGGATCGCAGGGATGGACGCTTTTGCCTCTGTTGCTGTC  
 CTTGGCTCCCTCTTTGTGTGCGTTCGGTCCCTGGCCATGGGGTCCGTGGCGATTTACACCGACGCCGCCACCATG  
 TTGATCACTTTTCTGCTGATCGGAAGATTGATCGAAATCCATGCCCGGCAGGAGAGCGGACTTGCCGTACAAGCA  
 TTGCGCAGCCTTGCGCCGGAACCGCGACGAAGCTGACTTCTGCCGGCGGCGAAAAGGCCGAGAGCACCGTCCCTG  
 CTGGCAGAGCTCGCGCCCGGTGATAACGTTTTGATACGCGCCAACGAGCGCATCGCGGTGATGGCATCGTCCGTA  
 GCGGGACAGTCGGCCGTCGATCTCTCGCTGCTGCAAGGCGAGTCCGCGCCTCGCAGCGTTCAGCCTGGCGAACGG  
 GTCTTCGCCGGGTCCGTGAACCTGCGCGGACCTCTGACGGTCCACGTGACCGCCGGTGCGGGGGACCGACGATTG  
 GACGTGCTCGGCCTGCGCATGCTTGAGCTGTTTGGCGCTCGTTCGTGCTTGTCCGAGACGGCCGAGCGCTTCGTC  
 CGGATACTGCTCCCGGTGCTGGTGACGGCATCTCTGCTCGCCTTCGTCCATTACCTGTGGAACGGCTCAAGCGCA  
 GACCAGCGTGTGCTCGGTGCGCTGAGCCTTCTGGTTCGAGCCTGCCCTTGCAGCGTGGTCTGGCGATGCCGCTG  
 GCTACGCTTTTACCTGCCCGAGGCGCGCGCGGCGGCTCCTCCTGAGAGACTCCGCGAGCGTCAAGCGCTC  
 GCCAGGGCAAGGATCATGGCGTTCGACAAGACCGGCACATTGACGTGCGGTGAGATCGTATCGTACGATCCAG  
 ACGCGGCACGGGGGGGCCGAACAGGACCTCATCGACCTTGCGGCAAGGGCCGAGGCCGCGTCCGCGACCCCAT  
 GCACACGCGGTGGTCTCGCGGCCCGGCAGTCTGGAATGAGCAGCGCTGCGAGCCCGACGGATGCCAGGTGACG  
 GCGTGCGCGAAAGGCGTGACGATGCATGTCCCGGCGGCGAGACCGTGTGGGTGGGTGAAAGGCATTGGCTGCTC  
 GCCGCGGGAGTCGAGGGCATGCCGCGGAAGATGGCCTGCCAGGGCTGGTACACGTAGCCAATGGCCGGGATTGG  
 CTCGGCTCCTTGCCTGTCAGGATGCCCTCGCGACGACGCCGTTTCGTCACTGCAGCGGTTACGTGCGCAGGGA  
 TTGAAACTCTGGTTGCTGACCGGGGATTCCAGCGCAGCGTCCGAACGCCTGACGGCTGACCTGGGCATAGACTTC  
 GACCGGGTCGAGGCCGATTGCTCTCCGGAAGAAAAGCCGACATCGTGGCAAAGAGCCAGCGCTGTGCAATTC  
 GTGGGCGACGGCGCCAACGATGGCCTGGTCTTGGCCAGGCAGCCTGCGGAATCGCCATCCCAGGATCGAGTTCC  
 GTGGCTGTTTTCCGACCGCGGGGTGGTGTATCGCGCACGGCAGCGTGGGCGCTGTGCTCGAGACCCGTGAGTTGGCT  
 CGCAAGTTTGATCGCATCGTCCGGCAGAATCTCGCATTTTCCGTCGTGTACAACCTCGCCGTGATTGCTGCTGCTG  
 TTCGAAGCAGGCGTGACGCCCTTTGCCGCGCGCTCGCCATGCTGGCCAGCAGCGCGTGGTCTCTGAAACACC  
 TGCAGGCTGCTGCAGGGCCGCGTCTGTGACAAGTCGATGCAGGCCAAGCCGGCTGCGTCTCTGA

>C23, 1098 Basen

ATGACGAACAACGGTGATCGCCGCTCTGCGCACACGGGGACACTCCGGCGTGCCGGTTATGCTGCGGCGCTGGGT  
 CTCCTGCTGTTTTTCGGCAGGTTACGGCGTCTACGAGAGCGGCGTGATGGGGTATCTGTACAGCGGATCAGCGGC  
 AAAACGGTCAAGATTCTTTCGGCCGCGCCCTATTTCGAGAGCAGATATGGAAGCTGCTCGCAAGGCTACGCAAAA  
 GACGCCAAGGCGTCTCCGCCCGGTATGCCCGTTCGGTTCGGGACGGCTACTACCTCCCCTGCGGAGGATGACATT  
 CCGAAAGGACCCTATGGCGATGCCATCCGGCGAGGAATGAAAATCTTACCAGACTGGCGCCATGGTCAAAGAC  
 CACGTGGGCAATTGCTGCGCCTGCGCAACTGCCACCTCGACTCGGGACGGCGAGAGAATGCCGCACCGATGTGG  
 GCGGCCTATGCGTCTACCCCGCTTTTTCGAGCAAGACCGGGACCATCAGCACGCTCGAAGACCGGATCATGGGC  
 TGTTTACCTATTTCGATGAACGCCAGGGCGTCTCTCCGGGAAACCGCCCGCTGGCAGCGATGTGTACCGC  
 GATCTCATGACCTATATGGCCTGGATGGCCGATGGGCTGCCCGCCGGAACAAGCCGCGGAGCGCTCTATCCC  
 AAGGTGCCGAAACCAAAGGACGACTACGACGTGGGCCGAGGTCTGGCGGTCTATCAACAAAATGCGCACTGTGC  
 CATGGTCTGATGGACAGGGCACGCGGGAGGAAAACGGCAAGATGAGATTTCCCCCGCTTTGGGGACCCGAGTCG  
 TACAACGGGGCGCCGGCATGGCCCGCATCGATACTGCAGCGGGCTTTATCTGGGCGAACAATGCCGCTTGAAAAG  
 CCATACAGTCTGACAGAACAGGAGGCTGGGACGTGGCGGCATTTCATCAACAGCCACGAACGCCCAAGGACACA  
 CGCCAGACCGGAACCGTGGCTGAGGCGCTGGAGAAAATACCACGAAGGTGAGCAAAGCTACTACGGGAAGGTTCGTG  
 GCGGAAAACCTGCTTGGGGTTGGAACGGATGCCAAGAGCGGACCGTAG

>C24, 819 Basen

ATGAGGGGCGAGATGAAATCCGAGCTGAGCGGCAAGGGGCGTTCGTGTTCAAGACGTAGACCCGACATTCGACCCC  
 TGGGAGCAATCGCGTCCCATTCCCTTGTGTTGCTGGCCATCTTCTGGCGCTGGCGATCTGGGGCGCTTTGAGC  
 TACATCGCCGACCTGGCGCCGAATCGCGGGGCGGCGATTGGCGGGACCGTTGCGCCGAAGCAGCAGGCGCCCGCA  
 GTTCCCAGATGACGCGCCGGTCTGCTCTTTTCAGGGCAACGACATCGTCTGGGCTGCGCGTCAATGTACGCGGCAC  
 CACGGTCTGGCGCGGGGCTGACGCCCCGCGCTGGCCGGCCTGTCCGAAGCCTACATCGCGAAGCAACTCCACGCAC

TTTCGCTACCGGAAGCCGCCCAACGAGTCCATGCGGTACGTGGCCAGTGCAATGAGCGCCGAGGAGATCGGGCAA  
 GTCTCGGCCTATTACGCTGCGCTGCCGCACGTTGCCGGGCCGCCCGTCGATCTGGGCGGAGACGCGGCGCGTGA  
 GAGGCACTGAGCCGAACGGGCGACTGGAAAAAGGATATCCCGGCGTGCCTGACCTGTCATGGCCAGCAGGGTGA  
 GGTGTGGGCGGCCATTTCCCTGCGCTGGCGGGTACAGCAGCCCGAGTACATCTTCCACCAGTTGGTCTCATGGAAA  
 GCGCGCCATCGCCACAATTGCGCGCAATCCTTGATGGATGACATCGCGTTCGCGCATGTTCGGACCAAGACATGCGC  
 GATGTGGCTCAGTATTTCCGATCTTTGCGTCCGGGCGAGCAAAGGAGGCAATCATGACGAACAACGGTGA

>C25, 642 Basen

ATGAACCGGCTGATTCCATTGTTTCGTCGGCGCTGTTCGGAATCTTGGTGTTCGCGACCGTCATGCTCGTGGTGTCTC  
 CCCGGCCTGCAGGTCCGTACGGTCCAGGCACCTGCGCAGTTGCAGAACTACACGATCGAACAGCTAAGAGGCCGT  
 GCGCAGTACGTGGCCAATGGCTGTGTCTACTGTACAGCCAGCAGCCTCGTTTCGAGTGGCCAGACGCTGGCGGAT  
 CAGGCCCGGGGCTGGGGAAGGCCGTCCACGCCGGGCGACTACGCCTACGACGCTCCCCAACTGCTCGGGACGATG  
 CGCACCGGCCCGGATTTGCTGAATGTTCGGGGTTCGCGCTGCCGAGCCGGGACTGGCAATTGACCCACCTGTACCAG  
 CCCAGGGCCATCTTCGACTGGAGCATCATGCCTTCGTACCCCTTCTCTTCGAGGTCAAGGAGAAGGCCGCGCCC  
 GCGGAGGTCTGGTCAAGTTGCCGAGGAGTACCGTCCCGCGACGGGAAAGTGGTGGTGGCCCCGACAGGAGGCG  
 CTCGACCTGGTTCGCTACCTGTTGAGCCTGGACCGTTCTACCCCGTCAGCGCCAAAGAGGCGACATTGCGTGAT  
 CGTGGCTACGATCCGAAAACCTCAGAAGGGCCCCGCGTCAATGA

>C26, 1557 Basen

ATGAATGAAAGCCTAGGGTTTCTCCTTGCTCTGAGCTTTATCGTCTCGCTGGCGGCTCTGGGCGCGTTGATCTGG  
 TCCATCGTGACGCGCCAGATCCATGCGGGAAAGAAGGAGGCTTCGACCATATTTCTGGAGGGCGAGGCCGGCTCC  
 CCGGATGATCCATCTTCATTTCGATGAAGGGGCGGCCGAGCATCGATTTCGACGCTTGCCTGCGCGCTCGACGCC  
 CCGGGTCGGAACGTCGTAAGTTGCACTGGCCCCGACTGGCTGGCGAGTACAGGCGTTACCACCTTCGGGCGCGCGCACC  
 GTCCATCTGAATCTGGTTCGCTACGGCTGGCTGTCCACAGGGGGCATAGCGGTTCGCGCTCTGGATCATCCCTCGC  
 ATGTTTTATACGCCCCCTGCGAAGGCCCGCAATGGCGATGGTGGGCGCGGTGCTGTGGGCCCTCGGCGTGGCGGCC  
 GTGCCATTGCCATTGCCAATGGATGGAGCGACGGCCTGGAGTGGCTCGAAATCCCATGGCAGATCGACATCGTCTC  
 CTGGCCCTCGGCGGCTTCTTCATCGCATGGTCCGCCATCGCGACGACCCGAAAACGCAACGTTACCCACATCTAC  
 GTCAGCGGCTGGTACTACCTCGCGGGACTGGCATGGTTCCCCATTCTGTTCTTCATCGCGAATATCCCGGGCCTG  
 CATTACAGGCGTGCAGCAAGCCACCACCAACTGGTGGTTCGCGCATAACGTGCTTGGCCTCTGGCTGACACCGCTG  
 GGGCTGGGTGCTGCCTATTACCTGATTCCCAAGATCATCGGCAAGCCGATCTATTTCGTATAGCGTTTCGCTGCTG  
 GGCTTCTGGGGCCTTGCTTGTCTACAGCCAGGTGGGTATTTCATCACCTGATCGGTGGGCCCCGTGCCGACGTGG  
 GTGGTACGCTGTGATCGTGCACAGCGTCATGATGTTTCTGTCATCGCGGTGGCGATCAATCAGCACGTG  
 ACGGTTCGCGCAGAATTTCTGGGCGTTCAAGGAGTCCATGGCGCTGCGCTTCGTGTCCACGGGCGCATTGATGTAC  
 ACGGCCGCATCCTTCCAGGGATCGCTGGAGGCTGTACGGGCCATCAACTCGATCACCACCTTCACGCACTACACG  
 GTGGGGCATGCGCACCTGGGAGCTTACGCATTCGTCTCCATCGTGTCTTCGGCGCCTTCTACTATCTCTTGCCC  
 TACCTGACGGGCAAGAAGTGGCCCTGTCCGCGACTCATCGCCATCCACTATTGGCTGACGGTCTGGGTTTTCTG  
 ATCTATTTCTGTCATTGACCATCGGCGGTTTTCTGCAAGGCATGTTCGCTGCTCGATCCACAGACCAGTTTCGCT  
 GACATCACCAGCAACATCGTGCCTGATCTCGAAGGTCGATCGGTGGGCGGCGGCATGATGACGCTGGGACACTTC  
 GTCTTTGCCTTCCATGCGATGGCCCTACTCTGGTTCGAAACGGCGAGGTGACGCATGA

>C27, 1671 Basen

ATGGACATCAAAGCCTTGGACCAGGGACTGGCCGTACGCGGCCAGATCGCTGCCACCGACCTGCAGGCCATCGCC  
 GAGGCTGGCTACCGCTCGGTGATCTGCAATCGGCCCGATGGAGAAGCGGGCGATCAGCCCGGCTTCAGCGAAATC  
 GAGCAGGCCGCCAGTCACTGGGTATGGCGGCGACCTACCTGCCCGTCGAGTCCGGCAAAGTGACCGACCAGCAG  
 GCCCAGGCCTTCGGGACGCTGATGACGCAACTGCCCGGCCGGTGTTCGCTACTGCCGACCGGCACGCGCTCG  
 GCCACGCTGTGGGCGCTGAGCCAGGCGCAGCGTCAGCCGTTGGCCTCCATCCTCGAAGCCGCGCGCGGTGCCGGC  
 TACGACCTGTCCGGCGTGGCCCCGGCGCATCGCCAACGGCGGGCGCACACCACCGAAGTCGTGGACGCCACGCAT  
 GACATCGTGATCGTTCGGCGCGGGCGCGGGCGGCATCGCGGTGGCGTCCAGCCTGCTCGCGCGCAAGCCGGACGCG  
 GACATCGCCGTTCATCGACCCGGCGGATGTGCACTACTACCAGCCGGGTGGACGATGGTGGGCGCGGGCATCTTT  
 CCGCCTGCGCACACGGCGCGCACGATGGCGAGCGTCTTCCGCGCGGGCTCAAGTGGATCAAGATGGCCGTTCGCC  
 GCGTTTCGAGCCCAGCGCGACGCCCTCGTGCTCGATGGCTGCCGCGTCTCAAGTACCAGCAGCTCGTGGTCTGC  
 CCGGGCCTGAAACTCGACTGGAACGGCATCGAGGGCCTACCTGAAACACTGGGCCGCAACGGCGTCACTCCAAC  
 TACCGCTACGACCTCGCGCCCTACACCTGGGAAGTGGTGCAGAACCTCAAGAGCGGCCAGGCCCTGTTACGCGAG  
 CCGCCCATGCCCATCAAATGCGCGGGTTCGCGCCGAGAAGGCGATGTACCTCTCGGCCGATCACTGGAAGCGGCAG  
 GCGGTGCTCAAGAACATCCACATCGAGTTCTGCAACCGGGGAGGCGTCTTTCGGCGTGCCGGACTACGTGCC  
 GCGCTCATGGAGTACGTGAAGGCTTATGGCATCGATCTGCAATTCAGCAACCAGCTCGTGGCCGTTCGATGGCGCA  
 GCGCATGAAGCCACCTTCATCCGCACGAACGCCGACGGCACCAAGGAGCGCGTCAACCGTCCATTTGACCTGCTG  
 CACGCCGTGCCGCCACAGAAGGCGCCGGACTTCATCCGAGTGAAGCCGCTGGCGGACGCTGCGGGCTGGTGGAC  
 GTGGACCCGTGAGCCTGCGCCACAAGAAGTACGCCAACGTTCTTCGCACTCGGCGACTGCACCAACACCACCAAT  
 GCCAAGACTGTGCGGCCGACGCAAGCAGGCGCGGTGGTTCGCGCACAACTGCTCGCCGCCCGGAGCGGGTCC  
 ACGCGCTGGCCAGCTATGACCGCTATGGCTCCTGCCGCTCACTGTCGAGCGCGCAAGATCGTGTTCGGCGGAA  
 TTTGCCTACGGCGGCAAGCTGGCGCCTTCGTTTTCCGAAATGGTTCATCGACGGCAAGCGGCCGCTCATCGTGGCC

TGGCTGCTGAAGGAACGCATCCTGCCGCCGGTCTATTGGGACGGCATGCTCAAGGGCCGCAATGGCTCGCGCAT  
CCTGTCCTCTCGGACGGGTGA

>C28, 960 Basen

GTGAGAACGACCCACAAACATCCGATCAAGGGAGCTTGGGCGACAACAGACGGGTTCATACATTCAGCGAGGCAAA  
GACACCGTGAAGATCGAACCCCTTCTTTGACGAGGACACCAGCACCTTCAGCTACATCGTGCTGGACACGAAAAGC  
GGTCAGTGCGCCATCATCGACAGCGTGCTCGGCTACGATCCTAAATCCGGCCGCACCTCGCGCGCCGGCGGGAC  
CGCATGGCCGAGCGCGTGCGGAACTGGGGGCGAGCGTCCAGTGGATTCTGGAGACGCATGTGCACGCAGATCAC  
CTGAGCGCCGCGCCGTATCTCCATTCGTGCCTGGGCGGCCGAACCCGGCATTGGGGCGAACATCCGTACCGTACAG  
CAGGTGTTTCGGCCAGCTCTTCAACGCCGAGCCGGCCTTCGCGCGTGACGGCCGGCAGTTTGATCGTCTGTTCGAC  
GACGGCGAGACCTTCATGCTCGGCACGCTGCAGGTGCGGGCCATGCATACCCCGGCCATACGCCCGCTTGCGATG  
ACCTATCTGGTCCAGGACAACGCCACACCTGAAGCGCCTGCCGCAGCCTTCGTGGGCGACACGCTGTTCATGCCC  
GACTATGGCACGGCGCGTTGCGACTTTCCGGGTGGCGACGCGCGCACACTGTTCCGCTCGATCGGCCGCGTGCTG  
TCGCTGCCGCCGAGACCGTGCTCTACATGTGCCACGACTACCGCCCCGGGGGCGCGAGCTTCAATGGAAAGACC  
ACCGTGGCCGAGGAGCGTGCGCACAAACATCCATGTGCGTGACGGCATCAGCGAGGATGACTTCGCGGCCACGCGC  
GAGCAGCGCGACGCCACGCTGGCGATGCCCGTGTCTGCTGCCCTCCGTGCAGGTGAACATGCGGGCCGGCGAG  
TTGCCGCTGCCGAATCCAACGGCGTCCACTACCTCAAGATTCCCATCGATGCCCTCTGA

>C29, 528 Basen

ATGTCCTGAAATCCATCTCGCCCCAAGCTGCCAGCGAACTCATGAACCAGGGTGCCGTTCTGGTGGACATCCGT  
GCGGCGGACGAACATGCCCGTGAGCGCATCGCGCAGGCACGCCATGTGCCGATGGACCGCTTGCGAAGCGGCGGC  
CTGCCGCTCGACGGCGCTTCGGCAATCATCTTCCACTGCCGCTCGGGCAACCCGGACCGGGGTGAACGCCCCGACG  
CTGGGGCATGCACGGCCTGCGAGGCCTACGTGCTTGAAGGCGGGCTGGACGCTTGAAGAAGGCCGGCCTGCC  
GTCGTGGCGGACGCCTCTCAACCCCTGGAGCTGCAACGGCAGGTGCAGATTGTTGCGGGGTCCTTGATCGTGCTG  
GGTCCCGTGTGGGCGCCACGATTTCCGCATGGTTCCATGTGCTTTCGGGCTTCGTGGGCGCGGGGCTGGTCTTC  
GCCGGTGTCTCGGGTTCGTGGGCTCGCGCGCGTGCTGATGCGCATGCCCTGGAACCGCCGCGCGCTGGCCGGC  
TGA

>C30, 312 Basen

ATGATGGTTGACAAGAAAGACCAGTCGTTTTCTACAGGACGGCGCGGCCAAGGCTGCCGCCATGCTGCGGACGGTC  
GGCAATGAGCATCGCCTGCTCGTTCTCTGCCTGCTGATCGAGCATGGCGAGATGACCGTCGGTGCCCTGCACGAA  
AACGTGGCGCTGAGCCAGTCCGCCTTGTCCCAGCACCTGGCCAAGATGCGCGAGGAAGGCCTGGTGACCTATCGG  
CGAGAGTCGACAGCCCTGCACTACCGTATCGACAACCCGACGTGGCCAAGCTCATCGCCACGCTCAAGGCCATC  
TTCTGTCCCTGA

>C31, 1227 Basen

ATGACGCCACCTGCTTCGCTGCCACCGCCCGCTGCGACAGATGCCCGCCGCAATGTGGGCCTGCTGATGGCCGCC  
CAATCGCTGGGCGGGCGCCGCGCCACCCATCATCATTTTCGCTGGGCGGCATCGTGGGTTCAGATGCTGGCCAGCAAC  
CCTTCGCTGGCCACACTGCCGGTACGCTCTACAACCTGGGGCTGGCGCTGTGACCATCCCTGCGGCCCTGCTG  
ATGCGTCTGTTGGGCGGGCGCGCGGCCTATGCGTTGGGGGCGCTGCTGGGTTCGGTGTCCGGGCTCATCGCCGCA  
TTGGGCGTCTGTGGGGCAGTTTCGAGACCTTCTGCGTGGGCACGGCGATGGCTGGCTTCTACGGCGCGTGCGTG  
CAGAGCTACCGCTTCGCGGCCAGCGATGCGGTGCCGCCGCCGCGCAGCGCGCCACCGTCATCTCGCGCATCATGATC  
GGCGGCTGATCGCGGGTTCATCGGCCCCGAGGTCGTGATCTGGACGCGCGACGCCTGGCCATGGCGCCGTTTC  
GCTGGCAGCTTCTCGGGCAGGCGGGCCTGGCGCTGCTGGCCTTCCCGCTGCTGATGCTGCGCATGCCGCCG  
CCCCAGGCGTCCGCCGTGCTGGGCGCGGCCCGCCGCTGGCAGTGATCGCGCGCAGTCCAGGCTTCGTGCTGGGCC  
GTCACGGCGGGCATCGTGTCTACGGCCTGATGGCTTTCATCATGACGGCCGCGCCGATGGCCATGGTGGGTTGC  
GGCCACACCGTGGGCGAGGCGGGCGCTGGGCATCCAGTGGCACGTGCTCGCCATGTTTGGCGCCGAGCTTCTTCACC  
GGCCACCTGATCGCGCGTTTCGGCAAGACCGCCATCACGGCGTGGGACTGGTGTGATCGGCACCTCTGGCCTG  
CTGGCCCTGGCCGGCCTCGAACTTCTGCACTTCTGGGGCTCGCTGATCCTGCTGGGCGTGGGCTGGAATTTCCGGC  
TTCATCGGCGCCACGGCGCTGGTGACCGACTGCTACACCGCGCCGAGCGCGCAAGGTGCAGGCACTCAACGAT  
TTCCTGGTGTTCGGCACCGTGGCCGTCGCTCGTTCCGGTTCGGGCGGGCGGCTGCTGAACACCTCGGGCTGGGAAACC  
ATCAACGGCCTGATGCTGCCCTCATCGCGCTCGTGCTGGCCCTGCTGGGTTGGCTGGCTTGGCGCAACCGCCG  
CAGTCGGCGGGCGGCCGCTGCGCCATGA

>C32, 378 Basen

ATGACGACAAGTTACCGGCAACTGACGCAGGACGTGGTGGCTCACCTGGCGCCCCTGCACAAGGGAGTGCCGCAG  
GTCATGAAGAGTTTTGGTGAGATGGGCAAGGCAGCGATCGCCGACGGCGCACTCGACGCCAAGACGAAAGAGCTG  
ATCGCGTTGGCGATCGGCGTGGCCGCGCGGTGCGATGGCTGCATCGGCTTTCATGCCAAGGCATTGGTCAAGCTC  
GGCGCGACGGCTGCGGAGGTCCATGAGGCCCTGGGCGTGGCCATCTATATGGGAGGGGGTCCGTGCGCGATGTAC  
GCATCGAACCGGTGGCCGCCTTCAACGAGTTTCGCGCGCTGTCCAGCATTCGGGGCGCGCCGGCCAGCGCCCC  
TAG

>C33, 372 Basen

ATGCAGACCACCGACTTCGTTGCGACCATTTTTGACGGGAAGAAGCAATCCCAACAAGGTGACCGTGACCTTCATC  
 ATGGCGCTCAACGCGCTGCTCAAGGGACATACGGCGACCATCATCTGATGGTGGAAGCCGTGGAACCTGGGACAA  
 CCCGGCGCGGGCCGCTGGATTGGACATCGGCAAGCCTTTTCGAACCCGTTGCCGATCTGCTGGAGAAATTCCTGGAA  
 AAGGGAGGTGCGATTGCCATCTGCGGCTCGTGCATGATCCACAACGGTATGACCGCCGCGCAGATGGACCCGCGT  
 TTTAGCGTCATCAACGCACCCGATGTGGTGGAGTTGCTGATGGGCGCCAGGGGGTCTTTGCAAGTGACCTGA

>C34, 795 Basen

ATGTCCGAGCCCATTCTGCTGACCTCCGAACAAGACAACATCGGCATCGTCAAGCTCAACATGGCGCACAAAGCGC  
 AACGCGCTCAATGAGGAAGCGATCGCCGCCATCGACGCCTATTTCTCAGCGGTGCCAGCCACATCCGGGCCATC  
 CTCCTGACGGCCAAGGGCGATCACTTCTGTGCCGGCCTGGACCTCAAGGAACATCAGACAAGGCACGCAGCGGC  
 GTCGAGTTTCATGCGCGTCTGCCAGGGCTGGCACCGCGCGTTTCGACAAGATCCAGCATGGCGGCATTCCCGTGGTC  
 GCCTGCCTGCAGGGAGCGGTCTGTTGGGCGGGGCTGGAACCTGGCCAGCGCAGCCACGTGCGCGTTGCCGACAGC  
 CGCACCTTCTTCGACTGCCCGAGGGCACCCGAGGCATCTTCACGGGCGGGCGGCCACGGTGCACACTGCGCGG  
 ATCATCTCCGCCCTCGCATGGTGGAGATGATGCTCACCAGGACGGGTCTTCGATGCGCGGGAGGGCCGCGAACTG  
 GGTGGGCCACTACGTATGCGACATCGCGAAAGGGCAGACGCCCCGACCCGAGTTCGCCCTGACCTCGCAAAG  
 AAGATCGCGGGCAATGCGCCCTTTCAAACACTACGCCATCGTCAGCGCCATCAGCCGCATCGCCGACATGTCGGCC  
 ACGGACGGGCTGTTACCCGAGGGGCTGGTGTGATGGCCATGATCCAGCAGGGTGACGATGTGCAGGAGCGCTGGG  
 GATTTCTGTAACAAGAAGGCGCACAAAGGTCCAACCTGAATGCTTGA

>C35, 996 Basen

GTGGAGGACCTGCTGCGCAGCCTGCGCTCGCTGTGCTCGGACCAGGCCCTGGATCGCTGCCTGCAGCAGGCCGGC  
 ATCGTGAAGGCATTCATCAGCCACCCCGGCTCGCGTCTGACGCACGATCAACTGGTTCGGGCTGTACCGACGAAGC  
 GCCGCTGCCACCGGCGATGAAATGATGGGACTGTGGAGCCGGCCATACGGACCGGGCGCTTTGAAGTACATCGTC  
 CGAGCGGTTCATGGACGCGCAAGCATCGAGGTAGCGCTGTATCGCTTACGCAGGTCTGGAACCTGCTGCTGGAC  
 GACTACAGGTGAGTCTCACGAAGGCAGACGCCTCCTTGCCTTGGAACTTGTCCCGCGGTCTTCCAAAGCGGGG  
 GGAACCGATTTCGGGACGCATGATGCTGAAGCTGACGCACGGCATCGTGTTCATGGCTCGCCGGCCGAGAGGT  
 CCGGTGCGCAGTGTGGCCTTCGCTTTTCCAGCCCATCATTTGCGAGCCGACTATTTCGATCTGTTTCCGGCCCG  
 ATCGATTTCTGCGGACCCCTCTCTCAGATCACCTTTACGCCGAACCTCGCAAAGGTCCGGCCGAAACGCGCCGCG  
 TCCGACGCGCGCAGCTTCCCTGGAGCGGGCGCCGCGGACTGGATTTTACCTCCTACCACCAGCACGCCCTCCGG  
 CTGAAGGTGCGTGAGCTGCTGCATGTGGATCTCGGACGGACGCTGGACGATGTTTCCAGCCGGCTGCACATGTCC  
 TCGCGGACATTGATGCGCAAGCTGCAGCAGGAAGGGCTGTGCTTCCAGGGCATCAAGGATGAGTTGCGCAGGGAT  
 CTGGCCATCTCCACCTTGTGCGCAACGACAGCTCACTGGAGGAGATATCCGATGCTTTGGGCTTCAGTGCCCT  
 GCCGTCTTCCACCGCGCTTCCGCCACTGGACGGGTATGACCCCGGACGATAACCGGGCGGCGCAGCAGGGCATT  
 TCCCATGGGGTTACGCTCTGA

>C36, 1893 Basen

ATGCTTTCCCTGTTCCAGCGAAAACGGCCCCGCGGTGCTACCGCTCCAACGCCACCACCCGCATCCGACCTCCCG  
 AAAGGGTTGATGCGGCCCGAGTCGGCCGCATCGCTGCTGGCCACCCCGGCTCGGCAGAAAGCTGCTGGAGCACATC  
 TGGCAGCGCACGTCTCTGTGCGCAAGCAGTTTCGCCGCTCTGTACCGCGCGCCGCTGGAGCGCTACGCCGAACTG  
 GTTACAGCCTTCCCGGCTTCCGAATCGCATCATCATGCGTACCCGGGCGGGATGCTCGACCATGGCCTGGAGATC  
 GTTGCCTATGCCCTCAAGCTGCGGCAGTCCCATCTGCTTCCCATCGGCGAAGCCCCGAGGACCAAGCTGCGCAG  
 GCTGAAGCCTGGACTGCTGCGGTGCGCTATGCCGCGTGTGTTGCACGACATCGGCAAGATCGCCGTCGATCTGCAC  
 GTCGAACCTGGCGATGGCTCGCTGTGGCAGCCCGTGGTACGGTCCGCTGCACCAGCCGTACCGCTTCCGCTACCG  
 GACGATCGCAATACCGCTGCACAGCGCGGACCGGGCTTCTACCCGCAACTGCTGGACACCCAACTCCTG  
 GACTGGCTCAGTACTATCGCGACCTGTGGGGACCGCTGCTACGCTCCTGGCCCGGAGTACGAGCATGCCGCT  
 GTGCTGGGCGAACTCGTGGTGCAGGCCGACCGCGCTCCGTGGCCAGGAACCTGGGCGGCGATCCGGCGCGCGCC  
 ATGGCCGCGCCCAAGCACGCGCTGCAACGCAAGCTGCTTGACGGGTTGCGCTACCTGCTCAAGGAAGAGTTGAAG  
 TTGAATCAGCCCCGAGGCTCCGATGGCTGGCTACCCGAGGATGCCTTGTGGCTGGTGGAGCAAGACGGTCTCGGAC  
 AAGCTGCGCGCGCACCTGTTATCGCAGGGCATCGATGGCATCCCTGCGAAACAACCCGCGCTTCAACGTGCTG  
 CAGGACCACGGCATGTTGAGCCACACTGGACGGGAAGGCGGTCTGGCGGGCGACCGTGACCAGCAACGCCGGC  
 TGGACCCACTCATTACGCTGCTGCGCCTCGCACCTGCGCTGATCTGGGAGGCTGGCGAGCGACCGGCGCCGTT  
 GCCGGGACGGTAGCGATCGACACGTCACCTGTGAGAAGCACGCCGCTGCGGCATCGTCCGGAGGTCGCGGCG  
 AAACCGACCCAGGAGGTCAGGAATCGCCGCCATGGGAAGGCGGCAGCGCTGCTGACCCAATTATCGCCCCCTG  
 GCTGAGGCCATGCCGACGTCATGGAGGATCTGCTGACGATGGTAGGAATGGGCGATTCTCCGCCACACAGCAG  
 GATGAGTCAACCATCCCCACCGAACTCTCTGCCACACGCCCTGAAGCACCACCACCATCGATCGTGGCATCTTCA  
 CCCTCATACCCGGCGCCCGCGGGCCACACCAGCAGCGACAACGGTGCAGCCATCTGGCGAGCACTTCATGGCATGG  
 CTGAAACAGGGGATTGCCTCGCGTCCGGTTCATCATCAATGACCGGAAGGCACTCGTGCATACCGTCAGCGATACC  
 GCATACTTGGTCAGCCAGGAGTGTTCAGCGATAACGCTCAAGAGCATCCGCAGTTGGCAGCCATTGCCCGCCAG  
 GAAAACTGGAGCCGTGGCAGTGGGCACAAAAGCGCTTCGAGAAGCTGGCCGCGCACCGCAAGCAGGCCAGCGGC  
 CTGAACATCTGGACTTGTACGCTCTCAGGGCCGCGCAAATCGCGGCAAGTGCACGGCTACCTGTTGACGCAGCCC  
 GGTGCGTTGTTGAGCGAGTGCCGCCCCAACACCCCTACTTGTGCCTCTTCAACGAGGAGGCGGGGCGTGAAGTC  
 TCGCTGGCTGCGAAATGA

>C37, 627 Basen

ATGCCCAATGCCATTGAATTCATTGCCGATCGCCTGCCGCGCGTACCGGTGGAGGATGTGCGCCGCTTCGCGGAT  
 ACCGTGCGAAATCCGGGATGCGCCGGCTTTTCGCGGCCGAGTTGCAGGCTTTTCATTACAGAGCGCTGGAGGCGGTG  
 AAGCTGCCCCGCAACTTGGACGGAGAGACGGTGGGGCAGGCCCTGGCACGCAAGGCGGCCGCGCTGCGCACCGAA  
 ACGCGCTGGGCACCGACTGAAACCGACGTCCAGCGAGGCCGCGCCGTGTTGCTGGAAGCCTTCAACCAGCCGCAT  
 AACCTGCCGATCCCCGAGTACGCCAAGCTGGCGGACAAGTTCGCGCCAGCAGATCTACAAGGACATCCTCGCCCGT  
 CGGCTGTTGGCGCTGAACGTGGGGCCGCGCGGTGAGAAGCTGCCCGACTGGCAGCTCGACCCGGTAAAGCAGCAG  
 TTGACCCAAACCGTGTTCAGGAGGTCGAGGGCATCGACCCCTGGACGATCTACCGCGCGCTGTCCGAACCGCTC  
 GAAGGCTTGGGCGGCCGCTCGCCGGTGGATGCGGTGACGCACAGCACGATCGATGACGTGGCCGATGCCGTGTT  
 AACGTACTGGGCGTTACAGGTGCATTGA

>C38, 633 Basen

ATGAGCCACGAGCTGCCTTCGTTCCCTGATCGATGCCGGTGAAGTGTCCAGCATGTGAGCCGCGTCTGCTATCGG  
 GGCAGCCCGCTGTACTATGGCCGACGAGCACC AATCGCTACGATGACCCGGCGCGGGCTACGGCGTGTCTAC  
 CTGGGGCGCGACCTGCCACGGCGCTGATGGAGTCGGTGTTCATAAGCACCAGTGGCTTGGCGACACGAAGCGC  
 TCGATCGCGCTGAAAGAAGTCCAGGCCCGGATGGTGC GCGCAGTAGGCGTGTGACGATGTGCTCTTGGCCGAC  
 CTCACGGCGCCGGGCGTTCATGGCGGGCTACTTCGGCCTGAACCTGGAGCAGTTGGCCAGCCGCGACTACACGCAC  
 ACGCAGCAAGTGTCCGCCAGGTGCATGCAATTCTCGGAGACGACGGCCAAGCGCTGTTGACGGGGTGTCTAT  
 CCGTCGCGCAACA ACTATCCCGCAAGAGCATCGCCCTGTTTCGAGCGTGC GCGCAGCAAAGGTAGGCGTGTGTCGAT  
 GACATCGACCTGGTGGACCATGTGGACTGGCCGCACTTCGTTGCCACGTATCGCGTCGACGTGGAGCCTGACCC  
 GGCCCGGTGGAACCGGATGACGAAGCGTCATGA

>C39, 360 Basen

ATGAGCACCACGACCCGCATCAGCACTGCGGAACGCCTCGGCCGCGCCCTTGGCCGCGGGTGGCGCGCCTATGCG  
 CGCAGCGAAACGTGGGGCGTCAACTGGTTGGTGTCCAAGGGTGTGCCGTTGGCTGCCGCCCGCGCTGTGTGG  
 GCCGGCAAACCTGTCTGCTGGGGCTGCTGCTACGTTGCTTTCTGGCTGGCGTGTGCTGCTGGTTCGCGCTGGT  
 TTTGTGGCCCGGGGACGATACCGTCAATGGGAGCCGCCCGAACCAGAGTGGCGGCACGGGACGCCGTTTTT  
 GGCCTCTATACCCACGATGAGTATCGGATAGATTACATGATCCATCTGATGAGACCTAG

>C40, 1548 Basen

ATGACTCTGTTACAGACCGACTACCTGGAGTATTACCTTACGCTGGTGTCTTGGATCGTCAACAACGGCATCTGG  
 GCCGTGCTGGTATCCAGCGCGCTCTTCGCGCTGCCTTTTCGTGGCGATCATCGTGCAGGAGTGGTTGAAGGCCCGT  
 GCAGAAGGCGCCGACGAGGGCAATAAAGGCGTGTGAGCGCCCGCCGATCGAGAACC GGCTCTTCGTCGCCATC  
 GTGGTGGTGTATGTTTCGCGGGCATCCCCGTTTCATCGACGTGGACCTCAACACCATCCAGTACGACAGCTCGCGCTCG  
 GCGCAATGCCAGGTCAAGTGTGCCGAGCCCTCGAATACCGGCTGGTTCGCAATCTTTTCAGCACCATCAACAACCAG  
 TCGGCGAAGGTGCCGGTGTGGTGGGCGTTCATGCACGCGCTCTCGCGCGCCGTCACGGGCGCTTCAGTGGCAGCG  
 ATCCCGTGC GCGCACGGACCTGCGGCAGATGCGCATGGAGATCGACGCGACTCGCATTGACGACCCAGTGTGGCT  
 CAGGAAGTAGCGGATTTCTCGCGGGATTGCTATGGGGCTGCGCGGGCGAAATTTGTTTCATGCAGCGGCCCTCAACTC  
 GATGAGCAGCAGCTGCACGACGTAACCTGGATCGGCTCACGCTTCTTCACGGACACGAACGGCTACTACGACACA  
 TACCGTTCCAGCACCCCGCGGAGGACTGGCCCTATGACAGCACGCGGACGCGAGGGCTTGGCAGGTGGCCAGC  
 GGCGGCGGCTATCCGACCTGCAGGCAATGGTGGGCGGATGGCAGCAATGGACTGCGGGCACGCTTGTGGGTGAG  
 GTGGACCCGAGCCTGCTCAATCGCCTGGCGGGCTGGGCTGGCTTCTGAGCCGTGCCGAGGTGGACGATTCGGTG  
 ATCCGCGCAGCTCGCTACCCGCGACGAGAAGCTGAACCAAGGCAGCGTCTATACGGACTACGGTGGCCAGATC  
 GAAATGACCGACCCAAACATCATCACCCGGCGGCGGCGACTAGGACTGGCGGTAGGCTCGCTGGGCTACTTTC  
 CCCTCCATGGATGCAATGCGCCAGGCTCTTCCGATGGTGTGCGCTCTTGAAGATGGCGCTGGTTGTCTGCATT  
 CCGGTGGTGTCTATGGTTAGCACCTACAACCTGAAAACACTCGTGACGGTCAGCGTGGTGCAGTTTGCCTGTTTC  
 TTCGTGGATTTCTGGTTCCAACCTCGCGCGCTGGATCGACAGCACCATTTCTGGACGCGCTCTACGGATGGGGCTGG  
 GGATGGAACCGGCCGCATACGAATTTTCGATCCGGTTCATGGGCTCAACAATGCCTTTCGGAGACATGCTGTTGAAT  
 TTCGTATGGCGACGATGTTTCATCGTGTGCCCCTGTTCTGGGTAACCGCCTTGGGATGGGCGGGCTACGCCGTG  
 GGGGGCATGTTGCAAGGGCTTGTGCTGGTACGGCAGGCGCCAAAGCGGCCGGCGGCAAAGCCGCCGACATGGCC  
 TTTGGCGCGCTATGAAGTGGGCATCGACACCCAGCAAGAGGAAGTAG

>C41, 357 Basen

ATGAGCGCGGCGCGCATGACTTGGCGCCCTTTCGCGTGGCTGTTTCAGCCGGCGCGCGGCGAAGGCGCTGCTGTGG  
 ACGGTGCTGATCGTTGCCGCCGCGGTTCGCGGCCAACATCGCCGGCATCTACCTGGTTCGGCAGCGTTGCCGGCTGG  
 GAGCGGTGGCTCGCCGCCGCTGCGGGTTACTTATTCGTGTGGCGGCTGTGTCTATACGGGGCGACGGTGTACGGG  
 TGGATCTGGATGCGCCGCCGCTGCTGGTACGTGAGGACGACGCCCAGGCGCGGACCCGCTGGTTCGCACCCGAG  
 ATCGCAGGCGTGTTCGCCATCGTGGCGCTGGAAGCCAGCCTGTTGATGCAGGGCTGA

>C42, 1395 Basen

ATGAAGCGTCTGAACCGAAGAACCTGTCCACCAAGGCGTGGCCCTGCTGCGCCCGACGGCACTGGCCGGCACG  
 CTCGCCCTGGTCTGCGGCCTGGCGTGGGCACAGGTTCGATACAGAACAGCGGCCCGTCATTGGCGATGACGTC  
 ATGTACTCGATCGGCGGCGGACGCGGGTGTCCATGGGCGCGCGGCCGGCATGCGCTCCATCGGGGTGCGTGTG



GGGTGGAACAGCAACCTGATCTGCGGGGACATGAGCATCCAGACCACGCTGCGCAATCAGCTCAACGGCATCAG  
AACGGCTTTCAGCAGATCATGAGCAACGTAATCCAGAGCGCCACCAGCGCGGTAGCGTCCCTGCCGGCGCTGATC  
ATTCAGCGCGCCGATCCGGGCTGTACAACCTGCTGACCAACGGCGTGTGACGCGCGGCTGGACTTCGACCCG  
TCCAAGCTGACGTGCCGCGCCATGGCGGAGAAGATGGCCGAGACAGCGGGTGGCCAGCTTGGCTGGAGCCAGATG  
GCCGAAGGCATGGCCTTGCGTGACGCGGTTGGCAGCAACGATGCCGTGTGCGCCGTGACGAGCGCCGAGACGCGC  
CGCGGCAACGACGGCGTGCCTGGGTGGGTGGCAGCAATGCTGGTGGCGCAGGCCAGTCCGCCATCCGGGTGGTC  
GGCGACGTACCCGCGCGGGCTACAACCTGGTCAACGGTGTGGCGTGACGGACACATCCTCCATCGCGTCCGCC  
AGTTGTGCGAGCCTGTCTGCCAGACCTGGACGTGCGCCGACGAGCGACCGAATGGGCCACGCGGGTCTCGGA  
GAGCAGGTGCAGCGCACCTGCGACTCCTGCACCAAGACCGAGACGGTGCCTGGCGTGGCTGACGCCGCTGATC  
CAGGAAGAGTACGAGGCGAAGCTGGAGTCCCTCAGGAGTGGTTCGGCAGCGGCATACCACCTTTGAGAAC  
CTGCGCGAGGCTGGCAGCACGTGCTGCCAATCACGCGTGGCGTGATCGAGGCGCTGCGCGACGAGCCGGACCAG  
GACCTTCTGGCGCGGCGCCTCGCGTGGAGGTGGCGCTGTGCTGCGGTGCTGGAAAAAGCGCTGCTGCTCCAGCGC  
ACGCTGCTCACGGGCAAGAAGGAGCCCAACGTGCGAGCCAACGAACTCGCGGTCAAGGCCGTGAACCACGAGAGC  
GACACGCTCGACCGGGAGATCCGCAACCTGAAGACGGAGCTGGAGCTTCGGCGCGAGCTGGCAAAACAACCTACCCG  
ATGGCCATCATCCAGCGGCACGGTACGCGCGCGGAGGCTCGCGCGGCATCTACGAGGGTGTATCCGGTACCCGAC  
CGCTCGACCAGTTGCAGAAGGGCAATCCAGGAGCCAGGCCATGA

>C43, 951 Basen

GTGACCTATCGCCATTTCGACCTGCTGCGCCGCTGCGCGTGCCTGCGCTGCTGCTGGTTCAGCGCCACG  
GGCAGCTACGCCCTGAACACCGTACCCATCGTGTCTCCGTGATGTCGCCGGACTGCCTGGAGTACCGGGTGGTG  
GGCATCTGCTACTGGCTGTATTGCACCTATGGCGGCTGCTCGGTGCGCACGTCCACCAAGGTCCGGCACTACGTC  
CCCGATGCGGTGCTCTCCAGCTACAGCAACACCGGAGAGAACCCTGGGTGGAAGTGCAGGCGATGAGCATGCCG  
AACGCCTCGGCCCAGGCAGGCGGCGACGGCACCACCAACGAAGACCACGAAAAACAACCTCGCCAAAATTCAGAAC  
GCCGATGTATCGGCCATCCCGGCGGCGAGGTGTTCAACCAGTTCGCCTCGTCTCGGGCTATTTTTGCCAAGGC  
GCGGGAACGGCCTTCATGCCGTATCTGCTCAGCACCTTGGACACGCTGGCCTGGCGCTACAACGTGCCCGAGATG  
GCCTACCCGGAGGCGCTGATCCCGGGCGGCGAGGTTCGGTGCAGCGCACCGATGAACCTCTGGGGCAATGTC  
TATCCGCGCGGGCGGCTTCTGCACCAGACCGACGACCAAAATCCGGGGCGGTGCTGGCTCAGCGCGCCGTTGAC  
GTCGTACGCGGGCGGGCAGTTGCACGTGTACCAGCCGTGCTCGCCAACGCGCGTGATGGCTACTGGCCGGCC  
GGCGCGCTGATGGAAGGTGATGCCTCGACCGGCAAGTGGCAGGAACTGACCCGCGCCTGTGCAACACCTGCGTG  
GTGTTCCCCACAGCGGCACGCTGACCCAAGCCAGCAAGGCGACTACGCGTGGGCGCTGTGGCGTCCGTATGCC  
TGCTGCGAACGCCGGGGCCAGGTGTTCTCGGCAGCGTGCATTTCTCTGA

>C44, 447 Basen

ATGCCAGGAGCTTTTACCCGGTTTCGCACCAGGCTGGCGAACCCCTTGGCCTGGCCATCGTGCTGCCGGCGTCGTT  
GCGGCATTTCAGCCCGGCGCGTTCGCCGCGGACGTGGTGGTGCACCGACAGCCGCCACCCGTTCAAGACCATG  
GGCGGCGAGCGGCTGATCGAGCTGGACCGGGCATCCGGGCTCGAAGCAGAGCTTTCGCGAGATCTGCCAGCCGAC  
CCCGAGCGCGCAGCAGCCATCGTCCGGCAACGCCTGAACCAAGGCGGCACCGACCTTCAGCGCCGATTTGGCACC  
GCCTACCAGGGCATCACCGACGCATGGAGTTTTGGGTGTACGACCATCCCGGCCGTCGTGGTGGACCAACGCTAT  
GTGGTCTATGGCGAGCCTGACGTGGCCCGGGCCGTGCTCTGCATCGAGCAGCACCGGAGGAGGCAACCCGTGA

>C45, 573 Basen

ATGTCTTTTCGTCGTAATGACTCCTGCCTGGAGTTCGCTTTCCGCCATCGCTGCCAGCACGAGGACTGGATCATC  
CAGCAAGCCATTGCGCTGCTGGAGAAGCGGGTTTTCAAAGCGGGTCCGAAACTCCTCGACCCACGGCCGTGCGC  
GACTAAGCTGCGCTGAAGCTGGTGGCCGAGCCCAACGAAATATTCGTCGCTGTGTCTCCGACAGCATGCACCAG  
GTACTGGCCTACGAGCCGCTGTTTCAGGGGCACGATCAACGCGACTTCGGTCTATCCGCGTGTGTTGTGCAGCGT  
GTTCTGCAGTTGAATGCGGCCGCGGTGGTCTTCGCGCACAGCACCCCTCGGGCATTTCGAGCCGTCGAGCGCG  
GATCGCATGCTGACCCAGCAACTGCAGGCCGCGCTGGCGCTCATCGATGTGCGGGTACTGGACCACATCATCGTC  
GGCCAGGGTGCCCGTTCTCCTTTGCGGAGTCCGGCCTGCTGTAA

>C46, 765 Basen

ATGGAACAGAAACGCCCATCCATTCCGATGCAGGTCCAGGCGTTCGGTGTGCGCGCTGGCAGTTCGGCTGGCCC  
TGGGCATTGGCCGCGGTGCTGGTTGCGCTGCTGCTGATCTGGCTCGTGTACGTTCCGACGGCGGGTCCACACCT  
CAGACTTCGGCGCCAGTCAGCGACACGCAGGTGGCTGGGCCTCCGTGGCAGATGGGCAATCCGGAAGGGCGTTTC  
ACGCTGACGCTCTACGCGGACCTCGAATGCCCGTTCTGCCGGTCTATTTCCAGTGTCAAGCGTTGGGTGGCC  
GGCAATGCGGACGTGACCTTGAATGGCACCACCTGCCGTTGGCCGCGCATGAGCCAGCCGCGTCCGCCGAAGCG  
CGCCTGGCGGAATGCGCGGGCGAAGCCGGCAGCCATGCCGCTTTTGGCAGGCGGTGCAATGGGTCTATGCCAC  
ACGCGGAGCGACGGCCAGGGCTTGCTGAAGGGTGCCTACCCGACCTCACTCCAGCGATCGAGCAGTGTCTG  
GCGAGCGAGCGGCCCGATGCACCGATCCGCGCCAGACGGCGGAAGCCACGAAACAGCGGCGTGTATGCCACGCCA  
TCGCTGCGGCTGCACGATCGCGAAACCGGCAAGGCGATCCTGCTGCAGGGCCGATCGAGGGCGATGCCTTGCTG  
TCGGCCATGGACATGCTCGCGGCCGGCGATCCCGCCGCATACCCACATCGGAAATGCCTGCCGACGTGCTGCGC  
GACATGCCCAGGTAG

>C47, reverse, 2892 bp

TCAGGGCAGGTCCAGGGCCGGCGACTCGATGCCGCGTGCCCGGTCGATCTTCTCGGCCACCTTGAAGGCGGCATC  
 CAACTCGCTGACGCCGTGCTGCTGCATGAGCTGGTAGCGCTCGGCCCTTCTCTTCGGGTTCGGTCTGCGCGAGCGC  
 GAGATACAGGCTCGGGCGCACGGCGCGGAAGAGCACCTCCATGCTCTTGGAGAGGATGACGCCCTCGGTGAACTT  
 GCCCGCTTCTTGCCTGCCGAGAGCATCAGCGCTTTCTGCGCTTGGCTCAGTTTCGCGGAACCGCGCGATCTTCTC  
 CACTTCATCGGGGGGCATCGACAGGCAGATCCACCACTCGATCATGTTGAGCATCGGCTCCGCGGCGCGCGGTAG  
 GTCGTCAATATTTTGTGTAGCTAGCCAGTACCAGGCCCCAGCTTGCGCCACATTTTTGTAATTTTCACGGTATA  
 CGGCGCGAGCAGCGGGTCTTGGTGATCACGTGGCCTTCGTGCGTACGTTGATGATCGGGCGGCCGAGATACTG  
 GTCACGCTCCGCGATGTTGTTTACCCTGCTGATGAGGCTGATGTACGCGATCGAGAGCTGCGCGTTGTAGCCCTC  
 GCGGGCTAGGTTCGCGAGATCGACCAGCGTGATGTCGGCCTCGGGCCACGGCGTGCCGTGCGGTCGAACATCTC  
 GCCGTCCGTCCCTTGGCAGAACATGTCCATCGCGTCCGCCATCTCCAGCAGCCGCGCATCTCGGGCAA  
 CGTCCGGTCTTGGCCGCGGGTGCGCAGCGCATTGCGCACATCGCGCGTGAGCACAGTGCCTTCTTCCACGCA  
 ATGTTCCGGCCGCGTTCGAGGATGCACTGGCGGATCAGCGAGCGGTTCGGCCCGCTCATCCGCGCTTCTTCTTGT  
 TTCGCGCCCGTGCATCATCAGCCGTGCCGTGATCTCCAGCTCGCCAGCACGTCGCGCTGCTCGTCCGCCCTCCAT  
 GGCCGAGGCATCCGGTGGCAGGTCTTTCGTCCAGTGCATCGGCATCGAGCGTCTGCACGTCGTTGGCGTTTCGAT  
 CAGCCGGCGTGCCTCGGCGAACGGCGCCAGGCTGATGCCCGAGCCGGGTGCCAGCTTGACCCGGTTACGGTCAG  
 CCCCAGGCGCCTGGCGAAGTTCGCTGAACAAGCCGAAGCTGTTGCCGGCTTCCACGATGAAGAGGCGCGCCGATA  
 GATCGCGGTGACCTGGTTCAGCAGGTTGTTGAGCGTGGCGCTTTCGCCGAGCCGTGGGACCGAACAGGAACAG  
 ATGGGCATTTCATCTGCCGATCCAACCTGTTCAAGGGGTCAAACGTAATCGGGCCGCTCCGCGATTGAACATCGT  
 GATGCCGGGGTGCCTCGTGCCTGGGCGCGGCCCCACACCGGCGACAGGTTCCGCCGCTGCTGGGCGAACATCAG  
 TTGCGTGTACCACGGCGCCGGTCTTTCGCCGGGTGTTAGCAGCACGGCAGCCAGCGCAGGTAGCTGTTGAGCGG  
 CGCCACCTCGTGCCTCGCGCACCGGCTGCAGGCCGGCGTTGAGCATCACGTTTCGCGAGGTCCAGGCCGCGCCG  
 ATCCAGTTCGCGCTCGTGCGCCCGCGTAGGTAGAACGCCAGAGTGCCCCGGTAGAGCTTGTGCGCGCTGCCGAT  
 CAGGGAGCGGGCTTCATGCACGTCCTTTCGAGCGTCTGCTCCGACGCCAGCGTCTCGCCACAGCTTTCTTCGCCAG  
 ATGTTGAGGTCCGATTTCGAGGACGTCCTGCGGCGTGGCCACCATGGTTCGAGACACATCAAGGTGTCCTCGGGCAT  
 CTGATCGAATAGCGTGTGATCGCGTCTCCCTTTCGGGTCTCGCCGGTCAGGTGCCCGGTGCCGGGCGGCATGCG  
 CAGCCGGTTCGATCAGCAGCGGTGCGGCTCGGCTCGAAGTACCAGGCCCTTTCGCCACGTCGCGGCGGCTCGG  
 CTGCCCAAAGAAGCAGCGCTGGCTGAAATCCCGCCCGCTCGCCAACCTCGATCTCGCCGGCTTCTTCTCGGT  
 ACTGTCCGGATAGCGCGCAACCGCTAGAAGCGCTCCCGTCTCCACCCAGGGCCGAGCAGCGTGGGGCGCGG  
 GTTGAACCATCGCAGCAGCCAGTTCGTAACGTCGCTGCAACCATGCGCCGGGCTGGATGCCGGCGTTCGCCAG  
 GCCGCCGATAGGCGGTTCGAGACGATGCCAGCATCTGCTCGGGTGTCTGGCCGCGGCGGTTTGCCTGTCCCTG  
 TCCGCTCGCGCGGCGGTACACCACCATGCGCACACCGCGCTTTCGCCGCGCCAGCGCAGCCGCTAACCCCGT  
 GTCCTCGAACAGGCCGCGGGCTTGGCCACAGCGCGCAGGTGGTGGCCGAAGAAGCGCAAGTAGAACTCGGTGAA  
 CGCCGAGCCGCGCGCACGTTGGCTGCACGTAATCGCGCAAGGTCTGCATGTAAGTTCGAGTTCGGTTCGTCCTG  
 GGCATAGAGCTGGAGCACCCACGGGTTCTCGTCCAGTTCATCGAAACTGTCCTGAAGCGGTTTTCAGGGCGTC  
 GCGGGCATGCGCGAGCCAGCCGGGTTCCCGGCTTCCGTGCCAGCGGCACCAGTTCGTAGAACCGCCACCAG  
 TTGGCCATCCTCCAGGAGCATCGATTTTCGACCCGGGCAAGAACTCCACCCAGGGCAGCAGTTCACGAAGGACGG  
 CGCAACGTCGTACAGCGCCTGCTCGTCCGCCACGGTTCGCTGGCTTTCGCGCCGTGGACTGCCGAACCGGGTTCGGG  
 GATGCCGGCCTGGCGCAAGGCCTCGACGTGGCGCTGCCAGCTGTCCGGCTGCTCATCGCTAGCCGGGCTACTGGA  
 GCCGGCGCCGGCCAGCTTCGGCCATGGGAGTTTCCACCCGAT

>C48, 441 Basen

ATGCTCTCGAACTCGATTAAGGGCCTGGTGCTGGCCCTCGCCGTTCGCGGTGCTCGGCGGCTGCGCCACCAGCAAG  
 GAAAAGCTGCTGACCCACGGTGACCGCACGATGATGGACATCTGGCAGCAGGAGGCGCGACGGCGGTGGCGCA  
 GCCGGACGGAACGCCGGCCGCGCAGCTGCTCGATGCGCGCCAGAGCTGCGTTCGGCCCTGACCGACCCGACGTC  
 CAGGCGCACCTGTCGAGCAGATGCGCTACACGCGCACCGCGCGCAATGAGGTCCACCCGAGTTCAGCGCCCTG  
 CCAATCCCGATCTCGTATGTACGTGTACCCGATCTGGCCGGCACCGATCCCGTTCGGCTGCCCCGCTACACG  
 ACCGTCTTCCCGCTTACCAGCGCATCCAGTACGCGATGCCGGGCGAGCGGTGGAGGACTACTGA

>C49, 1419 Basen

ATGCGCAGTAACGGCCTGCTCAAGTGGCTGATGATCCCTGTGCCATCCTGGTGCTGTTTCGTCGGTATCCGGCTG  
 TTCTCGGGTGGAGGCAGCACGGCGCCACCCGCGGCGGACAACGGCGCCAGCTCACGCCGAGGAAATGAAGGCG  
 CTGGGCATCGAAGGCGACACCCCGCGGACACCGTGGCGACGCTCGTTGCCCAAGTGAAGCAGTTGCGCACCGAG  
 CTTTCAGACCGGCTCTCGGACAACAAGTTCGAGCGTGAAGAGAACCAGCGACTGCGCCAGCGGAGAACTCCATC  
 GACCAGCGCATCAACTCGGCGCTCGAATCCGAGCGGTCCAACCTGCGCCGCGACCAGGAGCAGCGGCGGCGAGCGG  
 CGCCAGCAGACCGAAGGGCTGCTCGCCGACCTGCAGCGGCGCCTGGACAGCATCGGCGGGCGCGGCGGCGCCAT  
 GCGGACCTGCCCGTGGGCTGGGGCTGCAGGGCGGCGACGAGGCCGGCATGGAGGGCGGCGTTCGGTGGGTCGAG  
 CCGGACGACGCAAGCCCGCGGAGGGGCGCAACGGCGGTTCGTGGCGGAGCGGCGGAATGAGCTTCCCCACGAGC  
 TTCGGCCCGGCGCAGAGCACGCTCGAAACCACCGGAAACCGTGGCCAACCGGGCGCCCGCGCTTTCGGGTC  
 AAGAGTGCCAAGCCGGTCTATACCGTGGCGACCAACTCCACGCTCATGGGTTCGGTTCGCCATGACCGCGCTGATC  
 GGCACGCTGCCGATCGACGCGCACGGTCAACGATCCCTATCCGTTCAAAGTCTTGGTTCGGGCGGACAACCTGACC  
 CCCAATGGCATGCATTTCCGACGTTGCCCGGCGGCTGTTTCAGCGCACCGCATCGGGCGACTGGACGCTTTTCG  
 TGCGTGCGCGGCGAGGTGCGCAGCATCACGTTTCGTTCAAACGACGGCACGATCCCGCAGATCCCGGAAGACCGC  
 GAGGGCAACCAGCAGAACAACCAGCAACGCGACGGCTTGGGCTGGATCAGCGACCCGACGGCATCCCCGCGCT

AGCGGCGAGCGGGCGCAGCAACGCCAGCAGTACCTCGGCTCGCAGGCCCTGATCACCGCGGCCGGTGCCGGCGTG  
 GCCTCGCTCATCGAGAGCGACAGCGGCCGCATGTCTATGTTCGGCTCGGACGGCTCCATCGGCACCGTGGGCATC  
 ACCGGCCAGGAAGCGGTTCGGCCAGATTCTCGCGGGCGGTGTCCGGGACATGTTCGGCCTGGGTCAACAAGCTCTAC  
 GGCCAGGCGTTTCGCCGCCGTCTATGTGCAGCCCGCGCCAAGGTTCGCCGTCCACCTCGAAAAACCGCTCGCCATC  
 GACTTCGATCCCGAAGGCCGCAAGGTTCGATCACCGCGCAGGAGAAAGCCATGCTCTCGAACTCGATTAA

>C50, 912 Basen

ATGAAGCATCCTGTACTCGCGCTGCTGGGGCTACTGGCCGTGGCCGCGGCACCCGTGCCCAGGCGGTGGAGATC  
 CTGCGTTGGGAACGCATGCCACTGGCAGTGCCTGTAAGGTTCGGTCAGGAACGCATCGTGTTCATCGACCAGAAC  
 GTGCGCGTGGGCGTGGCCGCGGGCGTGGGCGAACGCCTGCGCGTGCAGAGTGGCGGTGGCGCGTGTACCTGCGC  
 GCCAGCGAGCCGATCGAGCCACGCGGTTGCAACTGCAGGACGCCGACACGGGCGCGCTGATCCTGCTGGACATC  
 GCAGCCGAACCGCCCAAGGACGGGGAAGCCGAGCTGGAGCCGGTGCATCGTTCGAGGGTGCACGGCACCCGGGA  
 CGCTATGGCGAGCAGGCCGACAGTGGCAGGCCCGGCACGCGCCAGGGCCAGGCAGGTGCGCGGACCGCGCGG  
 CGCGAAACTCCGGTCCCTGTCTGTGCTGACGCGCTTCGCCGCGCAGAACCTCTACGCACCGCTGCGCACCGTTCGAG  
 CCGCTTCGGGGCGTTCATGCGGGTCAACCTGCCCCGCGACCTCGACCTGGACACACTGATGCCAACGCTGCCGGTG  
 CGCGCGGTTCGCGCTCGCGTTCGTGGCGCCTGGAAGACCAATGGGTGACTGCCGTGCGCTTACCAACACCGGCGCC  
 GACTGGGTTCGCGCTCGACCCGCGCGTTCGTGCAAGGCGATTTCCCTCACCGCCACCTTCAGCACGAGGCGCTGGGC  
 CCGCGCGGCACGCCCCGAGGACACGACCGTCTCTACCTGGTTCACGGGCGGCCGCGGCTTCGCGCAGTTCGTGCTG  
 CCGGCGATTACCGCTTCGACCCCTGCCGTGCATCTGCCGACGCCGACGGCGACGAGAACGCCAAGGAGGCCCGC  
 CATGCGCAGTAA

>C51, 693 Basen

ATGAGTCGCTTCAAGAACGAGATCGCCACCTGCAGGCGCACATCAAGACCTTGGCCTGGGCGCGGGCGCGCTG  
 GTCATTGTTCGCCCTGGTTCATGGGCGGGCGGTGGTGGAGCGCGCCGCGGACCTGACCATCCACGTCCCGCCGAC  
 CTGCGCTCTGGCAGTACCCGCAAGTGGTGGGAAGTGCCTGCCCGCAATCGGTCTATGCGTTCACGTTCTACGTGTT  
 CAGACGCTGAACCGTGGCCGACCAATGGCGAAGAAGACTACTCGCGCAACCTCCACACGCTCTCGCCGTACCTC  
 ACCCGTCTGCCAGGCTTCCCTTCGCGCGGACTACGACTACCGCGCTCCACCGGCGCGTCCACCGGCGCGTG  
 CGCGGCATCTACGAGATTCCCGGCCGCGGCTATGGCGACGACCCACGGCGCGCGTGGCGACCGTTCGGATCGC  
 GACTGGGTGGTGACGCTGGACATCACGGCGGACGAGTACTACGGCGCCGAGCAGGTCAAGCGCGCCCTGGTGGCT  
 TATCCGATCAAGGTTCAGCGGGTGGACGTCGATCCCGCCCGCAACCCGTTTCGGCCTGGCGCTGGACTGCTACGAA  
 GGCGCGCCCCAGCGCATCAGTGCACCGGAGCCGGCGCGCCCGGCGTTCGAGTGGCCTGTCTCCGCAAGCGCCTCAA  
 GGAGGAAACACCCCATGA

>C52, 399 Basen

ATGTCGAGCAGCAGCACGTCCGTGCGGACGGGACGGTTCACGTTCCCTTCCGCACCGGCTCAACCGCCATCCCGTT  
 GTCGTGCGCGGCCTCACCGCCGACGAGCTGTGGATCTGCTGCGGCCTGTCCGGCGCCGCGGCTGCTGGTTCGGC  
 GCGCCGCTTTTCGTGGGTGTTCCGCACGATCGCCATCGCACCGACGTTTCGTTGTCCTGGGCGTGGCCTTGGGCGTG  
 TTCATCGGCGGGCGGCATCCTGCGCCGCTCAAGCGTGGGCGCCCCGACACCTGGCTTTTATCGGCAGTTGCAGTGG  
 CGCATCGCAACGGGCCATCCGCTGATGGCCGGCTGGGTGGGCGGCCACGTGCTGATCTCGCGCTCGGGCTTCTGG  
 TCCACCCGCGAGGAGCATGCGATGA

>C53, 360 Basen

ATGCACAACCGCATCCTCACTTCCCGTCTCGCCAGCGCGCCGCATGGCCCTGGGCGCCGCGCGCTGCCCGCG  
 CTGTGTTTCGCGCAAGGCCTGCCGAGTTGGAGAACCCGACGCGCGGCACCGCAACGGCATCATGGAGACGATC  
 CGCAACTACGGCTACGACATCATCATGCTCGTGGCCCTGCTGGTGGTGGCGTCGATGTTTCATCGGCGTCTGCTAC  
 CACGCTACGGAACCTACGCGGAGATCCACACCGGCCGCAAGACGTGGGGCCAATTTCGGCCTCACGGTTCGCCATC  
 GCGCGCGTGTGCTCGTGATCGGCATCTGGCTGCTCACCGAAGCCACGGGCATCCTGTAA

>C54, 234 Basen

ATGAACGGCGCCAGGTCTCGGCATTTCAAGCCAACAGCGGCATCGCGCCTTCCGCAATGGCGACCGTCTGGTTC  
 GCGTTCGTTTCGCGGTCTGCTCGTGTGGGCGTCTGGGCCATCCGAACGGCTACGTGGGGTGGTCCGAGAGC  
 CGCCTCAACCAGCGCCAGTTCCCTCGGCGTCTGCATCCGCTTCGTCGCGATGTACCTCGTCTGAGTTTCTTCCTT  
 CTGTCCTGA

>C55, 384 Basen

ATGGTGGCTTCGATCTGGCTGCGCGCCGCGCATCGCGGCGTGGCCACTTTTCTCGTGACGGCCCTCCTGCTGGGT  
 CAGTCCCAGATGGCCTTGGCCGAGTCTCCGGCACAGCGCCAGGAGCTGGTTCGCCGACTGCGCCAGCTCGACGCG  
 CTGGAGCGCACCGTTCGCGGACAGCGCCGCGCATGCCCCATCCAGCCGGGCGAGCGCTACCACTTCGACTACCCG  
 CGGCTGCTGGCTGACCTGGCGCGCGTTCGCGCCGGCATCCAGTTTACCTGACGCCATCGCGCGCTCAGCCGCGC  
 GACCCCTCCGAACCTGGCCGGCGACTACCGCACCGAGCGGGCGGCCGAGCCGCTGCCGGCGACGACTGCGGGGGG  
 AAGCAATGA

>C56, 471 Basen

ATGACCACCGCCACTGCCAATCCAAGATGACCCTTCCCGCCGCGGGAGAGGTTAAGGCAGCCGTCAGGGTCAA  
 CGTGCCTTGGCGGCTTACCTCGCAACCCAGTTCGAGACGCAGCACATCCAGATCTTTGATGACCACAAACAGGCT  
 CATCAGGTGGAACCTGCCTACCTCGGCTTTACGCCTGCTGGTGCACATCCTGGCCGAGTTGGCCGATGGCAATGCA  
 GTAAAGGTGGTGCCTGTCATGCAGAGCTGACGACCCAAGAGGCGGGCGGACTTGCTCAACGTGTCCCGTCCCCAT  
 TTCGTCAAGCTGCTAGAAGATGGGGTGTGGCATTTCATCGCACCGGCAAGCACCGCAGGGTGAGGTTCCGCCGAT  
 CTGATGCAGTACAAGGAAGCGCGCGAGCGCGCCAGTGAGCAGGCGATGGCCGAACCTCGCTCAGCAGTCGCAAGAG  
 TTGGGAATGGGATACGAATGA

>C57, 576 Basen

ATGAGGCATTCCCCATTACCGCCGCTCTACGACGCGTTCGCTTCTATATCCCGCGCCACTGCGGGATTTCTGATG  
 TGGCTCGGCCTGTCTGGCCGCTTCCGGGCGCGGTGGAGCCAAGCCATTCATGAGGAGTGGAACGCAATCTGTTG  
 ATCAACCGCCCCGATCTCACCCGGTTTCAGGTTCGACAGGACGTCGGATCTCATGGACAGGGCCATTCCGGACGGC  
 TTGGTGGAGGGCTACGAAGCGCTCGTGGCAGGCTGACATTACCCGATCCGAACGATCGGCACGTCCTGGCTGCG  
 GCGATTGCTGCGGTGCGAGCGTATTGTGACGTTCAACGAACGTCATTTCGGAACGATCTGCTGGCTCCGTAC  
 GGCATCGAATCGCAGCACCCCGATGAGTTTGTGGACAACCTGCTGGATCTGGATGCGGCCGCGTAGTGTCCGCT  
 GCGCAGCGCCAGCGTGCCCAACTCAAGCATCCGCGATCGATGTGGACCGCTATCTCGAAATCTGCTGCGCCAA  
 GGCCTTGTGCAAACGACCAAGGTGCTGGCGACCTATCGCACCATTTCTCTGA

>C58, 915 Basen

ATGACCAAGAATCCTTCATCAGACGCCACTTTGCCGAAAGGCATCCATCGAAGCTGGAAGCTGCCGGATAAGTCG  
 CTGGGTGACTTGTGGGATTTCGATCGTGTGACGAAAGCCATCAAAAAACAGTTGCTGTCAAAAGCGATCGTCAAC  
 TTCACGGTGCGCCCAAGGTGGAGCGCACGGTACTCCCCCTGCACGGCGTGATCTTGTGGTTCGGCCCCCGGGG  
 ACTGGGAAGACCTCCTTGGCACGGGGCTTGGCGCATCGTGTGGCCGAATCTTTTTCTTCTGCGAAGTTTCGATTG  
 CTGGAAGTGGAGCCTCACACGCTGACGAGCTCTGCAATGGGAAAGACTCAACGCGCCGTGGCAGACCTGTTCTCG  
 CAATCGATCGCAGAATCCGACGCGGGCGGGCCGACGATCGTCCTTCTGGACGAGGTCGAAACGCTTTCGGCTGAT  
 CGAGCGAAGCTCAGCCTGGAAGCCAACCCGGTTGATGTGCACCGGGCCACCGACGCGGTGTTGGTGCAGTTGGAC  
 ATGTTGGCCGAACGCAACCCGCATCTGCTGTTGCTGGCCACCAGCAACTTCCCACAGGCCGTCGACAGTGCCTTC  
 CTATCTCGTTGCGACATGGTGTGAGGTTGCCACTGCCCGCAAGGATGCCTGCAAGCAGATCCTAGTGGACTGC  
 CTGAATGGCCTGGCAAAGACATTTCCGGGGATTGGCAAAGCTTTCTCGGCTCACCAGTTCGACGCGTGCCTGGC  
 GAGTGCCTCGGATTGGATGGTTCGGCCATTCGCAAGGTGCTAGCCAACGCCCTCGCGGCCGACCCGCAAGTGGCT  
 ATCGATCCGAACAAGCTTTCCGTAGAGCACTTGCAGTGCAGTACGACAGGCCAAAGCAAATGCGCCTTCAAGGA  
 GGGAAAGCAAAAATGA

>C59, 471 Basen

ATGACCACCGTTGTGACCCGGACGTTTCGCAGCTCGCCGCACCGCGATGCGTTGCAGACATGGGATGCCATTGTC  
 GAACTGCTCACTCAGGGCAAGGACGGCACGGCTCGCTCTGAACTCAGGGCCGTGACGGGCGTGGCCGCCAGCTTG  
 ATCGCCGACCAGGCACCCAAGAGCGCGCCATCGTTGCGACATGCGATGGACCACGGACCAGGATCTACTGCCCTC  
 TTCGACGAAGACGCGATCTATGGTGTATGATGCCAACGAAGAAGTCTTGGGGTTTCGAGCCGTTGAAGGGAGACTGG  
 GGAGTCTCGCTGCCGTGTCCGAAGGAGCAGCTCGGCTGGGTGCAAAGCGCGCTCAAAAAGCACAGTTCTCGCATC  
 ATTGCACGGGACTTGAGCCAAGGAATTGCCACGCAGGCGCAGGCCGATGCTGGGCAAGCGCTGTGCTCGACCTC  
 GGAGGTTTCTCAAGTCATGA

>C60, 501 Basen

ATGAGCACCGTCGCCACCTACTCGTACACGCACTCGGTTACCTATGTGACCGACAACATCCTCAAGAGCTTGAAA  
 GACATCATCTGCTCAGTGGGCTGGACCCTGAGCACTTTGCGGATCGCTGGGAGAGCAATACCCGAGCCATCAAG  
 ACGTGGCTCGGGACCGGTGATCTGCGCAAGGTGATTCTGGAGATCTACAACCCGGCAACCGACAAGCTCGTGACC  
 CGATGGGATATCGACATCGTGTATGGGTGGTCCGATGGCGACGGCAGCTTCTGGACAGATAACCGAGCAGTTGAAG  
 TACGCGATCAAGAAAGCTGGGCTGCTGCCATCGCAGGCCAAGTACAAGTTAATGCTCGATACAAAGCCAGGGCGA  
 CCTGATGTGGAGGGATGGAGCAAAGGAAGTTATCGCTCGACGGATGGAATGGTCAAGCAGAGCCTAGGCTCGACT  
 GTCGAACACAGCGGCCTGGCGGGTCAGGCCGGATATTGGAGGCAACGCTGA

>C61, 903 Basen

ATGCTGTGATCGATGAAGCTTTTCGCAAGTTCAGTTCGCGTCTGGAACCTCAACGAACCGGAACAGAAGAATGCC  
 TCGCAACGCCAGAACGAAGTGCAGGACTACCTGCAGACCAAGTTCGGCATTGCGCGCAGCTTCTGACCGGTTCC  
 TATGCTCGATACACGAAGACGAAGCCGCTCAAGGATATCGACATCTTCTTCTGCTGAAGGACTCGGAGAAGCAT  
 TACCACGGCAAGGCCGATCGGTAGTGTGGATGATTTCCACTCTGCATTTGGTGGAGAAAACGGTTCCGGCGGCC  
 GTGCGCAAACAGGCGCGCTCGATCAACGTGGATTTCCGGTGTTCACATCGACGCGGAGGACAACACGGACTACCGG  
 GTGGTCAGCGTGGATGCGGTGCCCGCATTCGATACCGGGCAGCAGTATGAGATCCCCGATACGGCGTCCGGAAAAG  
 TGGATCAAGACGGACCCGGAGATCCATAAGGACAAGGCGACCGCAGCGCACCAAGCCTATGGCAATGAGTGGAAA  
 GGTCTCGTGCATGTTGAAGTACTGGAACAACAATCCAAGCAGGCGATCTGAAGCCGGTGAAGCCCTCGTTTC  
 CTGATCGAGGTAATGGCCCTTGAGTGTCTTTACGGCGGCTGGGAGGATCGTTTCGATCGCGAGATCCAGTCTGTT  
 TTTGCCACGCTTGCCGATCGAGTTCATGACGAGTGGCCGGATCCCCCGGACTTGGCCCCGGGATCAGCAACGAT  
 ATGGATGCCGCGCAAGCAGCGCGCAGCAGCTGCTGTTCCAGGCGAGCCAAGACGCAAGCATCGCCATCGAC

CACGCGCGTTCGTGGTTCGCAATATCGAAGCGCTTCGCGCCTGGCGCGCACTGTTTGGCCCCAAGTTCCTCACTGTCC  
TGA

>C62, 960 Basen

GTGGCCGGATCCCGCCGGACTTGGCCCGGGGATCAGCAACGATATGGATGCCGCGCGCAAGCAGCGCGCGCAGCA  
GCTGCTGTTCCAGGCGAGCCAAGACGCAAGCATCGCCATCGACCACGCGCGTTCGTGGTTCGCAATATCGAAGCGCT  
TCGCGCCTGGCGCGCACTGTTTGGCCCCAAGTTCCTCACTGTCTGATTCCATCGGCTTCCATACACGTCCCATCG  
AGGTACAGCATGTCCAGTGGTTCGCTTTCCAGCTCCTGTCTGCTCCCTGCATGAGGACATCCAGCAGCGCTTGTCC  
GTAGTACGCAAGACCTTCGGTACCCCGGGTACGAAGGGGGATGCGAGCGAGAACGTCTGGATCGACATGCTGGAT  
ACCTATCTGCCCAAACGGTACCAGGCGGCCAAGGCGCATGTGGTGGACAGCCTGGGGAACCTTCAGCCAGCAGATC  
GATGTGGTGGTGTGGTTCGATCGGCAATATTCGCTTTTATCTTACCTACGAGAACGAGACGATCATTCCAGCCGAA  
AGCGTGTACGCCGTTTTTCGAGGCCAAGCAGACGGCTGACGCGGGGCTTGTGGCCTATGCCAGGAGAAGGTCGCC  
AGTGTGCGCAGGCTGCACCGCAGAGCCTGCCGATCCCGCAGCTGGCGGGACCTACCCAGCGAAGCCGTTGATT  
CCGATTCTGGGTGGCTTGTCTACCTTCGAGAGCGAATGGAGTCTGCAATTGGGTCCATCCATGGACAAGGCGCTG  
AACGCAAACCTCACCGAGGGGCGTCTGGACATCGGATGCGTTGCCGCCACGGGCACCTTTTTCTATGACCAAGCC  
AGCGGCGCGTACAGCTACACCAACGAAAACAAGCCGGCGACCGCGTTTTCTTTCAAGCTGATCGCGCAGCTTCAG  
TTCAGTGAACGGTCCCCATGATCGATGTGGAGGCTTACGGTTCAGTGGTTGACCAAGTGA

>C63, 2625 Basen

GTGGCAAGCATACTTCGGAGTACCACCGGTTCTGGCGCACTTGGCGCAGCGGCACGTGCACGACGACGTGCGC  
CGGCTGGCGCACCTGGTGTCTCGATCACCTGCAGCCACTGGCCGAGGTTCGGTGTCTGCACGCCGGGGGGCGCTCCACG  
CGCTTGGCGCCGCTGGCCATCGCGCATCTGGCGCAGATGCCTGTTCGCTACGACGGGGACGCGCGCGGCCCGAA  
AACGGGCCGGCGCTCGGGCGACTGCACCAGCTCGAAGTTCGGGCCGTTTTCGAGGATTCATGCGGCAGGAGACGTTT  
GACCTCAGCCATGACATCACCTTGGTCTACGGTGCCAACGGCACCGGCAAGAGCAGCTTCTGCGAAGCCTTGAA  
GTGGCGATGCTCGGTTTCGATCAGCGAAGCGCAGGCCAAGCGGGTCGACCAGCGGACGTAATGCAACAACGCTCGC  
CTGCGCCGCGCAGCTCGCGCCAGTCTGTCTACGCGCGGGCGGAGCGCAAGCGCAGGCGCTCCAGCCCCGACGAAGCT  
GAGTATCGCTTCTGCTTCATCGAGAAGAACCCTCGACGATTTTCGCCCCGAATCGCCGCGCGGACCCCCGAGCGAT  
CAGCGCCAGCTCATCGCCACCCTGTTTCGGCGTGGACCAGTTTCAGCGAGTTTCGTGCGCGGCTTCAACCCCTCGCTC  
GATCAGGACCTGATGCTTTCGGCGCGTGCAGGCGGCGCAGCTGGCGCAGCGTTCGCTGCGGTTGGCGAACTCCGAA  
CAGACCATCGCCGCCTACCCGCAAGATTCGAGCGGTCGAGGGCTTGGAAACAAGCTTTGGCGCAGCGCATGTCA  
CCTGGCGCGACCTATCAAGCCTGCGTGGACTGGCTGCTGGGTACGCCGAGCAGCAAGGACGGCTACCGTATGTC  
CAGGCTCAGCTGGACGCCAACCCGCTGCCATTACGAGGTGACCCAGGCCCGCTGCAAGCGTTGCTGGCAGAG  
GCCTACCGCGTCCAGGGACTGTGGCAAGCGTCTTCCGCGCAACTCGCGGCCCGCGCGGGCGAGGTGTCGTACGCG  
AAGCTCTACGAGGCCGTGCAAGCGTTGGCGGACGGGGCGACCGCGTGTCCGGCATGTGGAACCGGACTGGCCGCT  
GTGGCACAGGACCCGTTTCGCCAGGGCGCGAATGGGCCTGGAGCAGCTCGCGCAACTGGCCGTTCTGCAGCAGCAA  
GAGGCCGGGCATCGGACCGAGTTGAGCGAGGCGGTCCGAGCGCTGTGGGACGAAATGCGCCGCGTGGTGGCGGCG  
GCTGGGGTTCGCTTGTCTGCCGAATCGCAGGCCGCGGGCCTGCCACTGCTGCCTCCACGTCGCGGGGCAATTTGG  
CTCGGGCGGCTGGGTGAATGGGGACCAGCGCGCCTGGCAAGCCCTCTTACGGATCGCACAGATCATCGAAGGCTTC  
GACGCGCAGGCGCGCAGCTGCATGCCAGCGCGGCGCGATGGCCCAGGAGCGGGACCCGCTGCAACAGCATCAG  
CTGGAGATCGAACGGCTGCGGACCATGCGCACGACTGCGGATCAGGAGCTGGCGGCCGCCCGCCAAACCGTGGCC  
CAATTTCGACGACGCGAACCAGCGGCTGATCCAGGCGGCCACGGACGAAATGCCGGTGGTGGTGCACCATCAGCGG  
GTCAAGGCCGCTACGACGGCTTCTTACCCGAGATTCAGGCATACCTGACCGCTCTGCCGGGGTCTGCTACAG  
GGCTGGGAGACCAAGCCGCCATCTCTACAACGATTCAACCGGGCCGATCCGCCCGGCGATCTGCTGCACGCG  
CTGTGGTTGCCCGTGGCCGAGAACGGCAAGATCGAGTTGAGTTGCGCCGCGGAGCCCGGCTGCGTACGACGCG  
TTGATCGTCTTTCAGCGAAGGGCACATCAAATGCTTGGGTTCGCGATTCTGCTTGGCAAGAACCTCGCGCAGGGC  
TGCCCCGTGGTTCATCTTCGATGACGTCGTAATGCGATAGACGACGACCATCGCGATGGCATCTGGCGTACCTTC  
TTCGAGGACGGTTTTGCTCCACGGCAAGCAGGTTATCCTCACCTCGCACGAGGAGTTTCTGCACCGCATCCAG  
CAGGAGTTGGGCGTGCGCCGCGCGCGGCCATCAAGCGCTACAAGTTTTCTCCCGCATCAGGGAGAGCACGAACTG  
CGGGTGCACAGCGACCCGCCAGCGAAGAATATGTTCTTCTGGCCAGCAGGCGTTGGCGGCTGACGAGAAAACGC  
GAGGCACTGCGCCAGGCCCGGCCGGCGCTGGAGAGTCTGACGGACCGCCTGTGGACGTGGCTGGGTTCGGCGGGCG  
GACGGCCGGATCGACATCAAGCTGAGCGGGCCCCGCGCCTTGGGAGCTGAACAATAAATGCACCAAGTTGCGG  
TCGGCCGTCGAGCGTATCGCGGCGCAACATGCGGGTTCGCGCGGATGCCGTAGGGGCGTTGGTTCAGGCTGCTCAAT  
GTCAGCGGTACGAGTATTGAATGGGGTTACCTCAATAGCGGTGTGCACGACGCTCAGCGCGATCATGAGTTCGAT  
CGGGCGACGGTAAGAACGGTTCGTCGAGGCGGTTACGGCGTTGGATGCTGCTCTTGATACCTGCAGAACCAGTGA

>C64, 750 Basen

ATGAAGGATGCCGCCTCGACCGCGCAGCGGGAGCAGAACCAGCGCCAGGGGCTGATCGTCCGGCACCATCACCTTG  
CCGTTCCGGCTGCTCGGGGTGCTCATCGGCTCGCTGCTGTTCTCGATCGTGGTGGAGTTCGCTCGGCATGCACCTG  
TTCTGGAAGGACCAGGGCTGGCGCCACTCCCAGCAGATGCTGCAGTACGAACTCGGGCACCTGTCCAACCACTTC  
ACGCGCAGCGTGGTGGTGCAGGAGCCCCGGGCGCGCGGCGCAGGCTGGTGGATAACCGGGTACGAGTGGGTGTTT  
GTGCGCTCGGGGTTGCTGGAGCGCATGAGCGACAGCCGCGAGCGCGCCCGCGCGGCCAGCCACGGGCGAGCCGC  
AACTTCCGCTACTACATCAGCCAAGTCTATGTCTGGGCCGAAAGCTACCTGATCGCTGCGGCCCTTCACGACGCTC  
ACCTTCCGTTGGTGCCTGCTGGTCTGGTACTCACGCTGCCGCTGATCCTCACTGCAGCATTCGTTCGGCCTGATC

GACGGCCTGGTGCACGGGATGTGCGCCGGTTCGGCGCGGGCCGCGAATCCGGCTTCATCTACCACCGCGCGAAG  
 GCCAGCCTGATGCCGTTGGCCGTGCTGCCTTGGGTACCTATCTCGCACTGCCCATAGCGGTGCATCCTCTGGTC  
 ATCCTGCTGCCAGCGCGGCTTGGTGGGGATGGCAGTCAGCCTGACCCGAGGCAGCTTCAAGAAGTACTTATGA

>C65, 2190 Basen

ATGTCGGGCAAACAGCCGGTTCGAGGTTCTGCTACGCCAGCGGTGGAGCTATACACCGTCGCGGCGTGTGCAGGC  
 GCCGCGTTTCTGTGCCTGGTGGCCCCATGGTCGCTCGCGCTGAGCCCGCCATGGGCATCGGCAGCGCCTTGGCC  
 TTCGGCGCTACGGCGCGATCCGCTACCGCGATGCCCGCATCATCTGCGCTACCGGCGCAACATCCGCCGCTGTG  
 CCGGTTACGTGATGACCAGCAAGGACGTGCCGTCGAGCCAGCAGCCTATTCTGTTGGGGCGCGCTTTCTCTGG  
 GAGCAGAAGCACACGCATCGGCTGATGCAGACGTACCGGCCGAGTTCCGCCGCTACGTGAGCCGACCGCGCC  
 TACCGGCTGACCAGGCGCCTGGAGGAACGGCTGGAGTTCGCGCCATTGCCGCTCTCGCGCCTGCCGAAGCTCACC  
 GGCTGGGACGCGCCTTTCAACCCCGTGCGCCCGTTGCCGCTGTGCGCGGCTGCCAAGGCTGCACGGCATCGAG  
 CCCGACGAAGTGGACGTGAGCCTGCCGCTGGGCGAGCGCTCGGGCACTCGCTGGTGTGGGCACCACCGGGTG  
 GGCAAGACGCGCCTGGCCGAGTTGTTCTGTCACGCAGGACATCCGTGCGAGGAATGCTGCCGGCGAGCATGAGGTC  
 GTCATCGTCATCGACCCCAAGGGGGATGCCGATCTCTTGAAACGGATGTACGTGGAAGCCAGCGCGCTGGCCGC  
 GAAGGCGAGTTCTACATCTTCCACTTGGGCTGGCCGAAATCAGCGCCGCTACAACGCCGTGGGCCGCTTCGGT  
 CGGATCTCGGAAGTGGCGACACGCATCGCGGGGAGCTCTCCGGCGAAGGCAACAGCGCGGCTTCCGCGAGTTC  
 GCATGGCGCTTCGTGAACATCATCGCCCGCGCCCTGGTGGAACTGGGGCAGCGCCCGACTACATGCTGATCCAG  
 CGCCACGTCAACATCGACGCGCTGTTTATTGAGTACGCCAGCACTACTTTGCCAAGACGGAGCCCAAGGCC  
 TGGGAGGTGATCGTCCAGATCGAGGCCAAGCTCAACGAGAAGAACATCCCAAGGAACATGATCGGGCGCGAGAAG  
 CGTGTGGTGGCGCTGGAGCAATACCTCTCCAGGCGCGCAACTACGACCTGTGCTCGATGGCCTGCGCTCGGGC  
 GTGCGCTACGACAAGACCTACTTCGACAAGATCGTTGCATCGCTGCTGCCGCTGCTGGAAAAGCTCACGAGCGGC  
 AAGATCGCCCAGCTCCTGGCGCCGAACACTACTCCGACCTGGCCGACCCGCGCCGATCTTCGACTGGATGCAGGTG  
 ATCAGGAAGCGCGCCGCTCGTCTATGTCGGCTTGGACGCGCTGTCCGATGCGGAGGTGCGCCGAGCGGTGCGCAAC  
 TCGATGTTTCAGCGATCTCGTCTCGGTGGCTGGGCACATCTACAAGCACGGAATCGACGATGGCCTGCCGGGCGCA  
 TCGGCTGGTGCAGCGCTGCCGATCAACGTGACGCGGATTCGAGTTCAATGAATTGATGGGTGACGAGTTCATTCGG  
 CTCATCAACAAGGGCGGTGGCGCGGGCCTGCAAGTACCAGCTACACGCAACCGCTTTCGGACATCGAGCCCGC  
 ATCGGCAACCGCGCAAGGCCGGCCAAGTATCGGGAATTTCAACAATTTATTCATGTTGCGCGTGGCGGAGACG  
 GCCACCGCGGAACCTGCTGACGAGGCGAGTTGCCGAAGGTGAGGTCTATACGACCACCATCGTCTCGGGCGCGACG  
 GACAGCTCAGACATCCGCGGCGCGACGGACTTACGTGGAACACCCAGGACCGCATCAGCATGGCCAGCGTGCCG  
 ATGATCGAGCCGTCACACGTGCTCGGTCTGCCAAGGGCAATGCTTCGCGCTGCTGCAGGGCGGCCAGCTTTGG  
 AAGGTGCGCATGCCGCTTCCGGCGCCAGACCCCGATGAAGTATGCGGACGGACTTGCAGCAACTGGCCGGGTAT  
 ATGCGCCAGAGCTACAGCGAGGCCACGCAGTGGTGGGAGTTTACCAGTTCCGCGACCTTCCGCGATGCAGCCTTG  
 CCCGACGACCTGCTGGATGACGCGGCTCCAGCCGAGCCTGACGCGGTGGCCACCGGCGCCGACGACAGCACCGGC  
 GAGGCCGACCATGA

>C66, 549 Basen

ATGACGAAACCCCATCCCGCCATCTCGCGTTCACGGGCTACTCATGCTGCTGTCAGGCCTGCCGCTGGCCTCG  
 CGTGCCGGCGAGCCACTGATCGTTGTGCGAGGACCGTGGCGGCACGTCCGCATTGCCGTAACGAAAGCCCTGAAT  
 CTCCAGCCGCGCGCAACGCACCGGCGCGGCGCTCCATCCCGACGCCCCAGGTTCTGCCACACGGGCGGACGAA  
 GCCGCGATGCTGCCGCTGCGCAGCGCCAAGCTCACGCCCGGCACCGTTCGCGGACGGGTGATCGAAGCGCCCGGC  
 CTGCGGCCGTTTCGTGGTTCATCGGCGACGACGAGGCTTCCCGGGCCTGGTTGCAGCGCCGCGCCGCTTTGCGC  
 GAACGTGGCGCGGTCCGCTGGTTCGTCACGTCGAGACCGCGCAGGGCCTGGCGCGGCTGCGCGCCCTGGTGCCG  
 GCGTGGCGCTCGCGCCCGTGGCCGGCGACGACCTGGCCGATCGCCTGGGCTGCGGCACTACCCGGCGCTGATC  
 ACGGCCACCGGCATCGAGCAATGA

>C67, 591 Basen

ATGGCAGCGCCAGCCGTAGCCATGCCCTGCGCGCACTGGTGCTCACTGCCGGCCTGTATGCCGTTGCCGCCCTG  
 GCCAGGAGGTTCCGCCACCGGCTTACCAGCTTCCGCCAGCGCGCAGGCATCCCTCGACCGTGTCTACGCC  
 GTGGCCTTGCAGGAGAGCGGCATCCGGCGCAACGGGCGCCTGGTGGCGTGGCCTGGTCCCTCAACGTGCGCCGC  
 CAGTCGCGCCGCTTCGCCACGCGCGCCGACGCTGCGCTGGCCTGCAGCAGGCGATGCGCGCCACGCCGACACG  
 CGCATTGATGCGGGCCTGGGCCAGATCAACCTCGGCTACCACAAGCACCCTTTACCGGCGGCTGCGACCTGCTG  
 GATCCGTATCGCAACCTGGCCGTTGCCGCCGAGATCCTGAAGGAGCAGCACACCCCGGCGAGGACTGGCTGCTG  
 GCGATCGGCCGCTACCACCGCCCCGAGGCGGCGAGCCCGCCCGCTATCGGCGCAGCGTGTGCGGCCACCTT  
 GCCCGCGTGCAGGGCAGCGACCGAGCCGCGCGGTCTCGCGGCGCGCCAGGAGACCTCCCCATGA

>C68, 738 Basen

ATGAAGCCGTGATCCTCCTTTTCGCGGTCCTGGTGGCGTGTGCAATGGCCCGCCTGGGCGCAGCAGCCCGCA  
 ACGACCTCGGCGCGCAACGCACAGAGCCAGGAGCGCCCGCTGGCCGCCCGGTGCTGGACGACCGGGTGGCAACC  
 GAATGGGGCTTGACCCACAAGAATGGGCACGCTACCGGAGCTGATGGATGGGCGGCTGGGTATCTACTCGCCC  
 AACCTGGACCCGCTGTCCGCTGGGCATCGAAGCTCGCAGGACGAAGAACGGCGCCGCTATGCGGAAGTGCAG  
 GTGCAGGTGGAAGCGCGCCGCTCGAGAAGCTGCTGCCTACCAGCGCGCTACGACGAGGCTGGCAGCGCCTG  
 AATCCGGGGATGCAGCGCGTGAACCTGCCCGACGACAAGCCGGGCGCCGGCCATCCAGCAGTCCCTTGGCGGGC

AGCGGCCGCATGGCGGTGTTTCGTCAAGGACGGCTGCGCAGCCTGCGGACAGCTCGTGCAGCGCCTGCAATCCTCG  
 GGCGCGGAGTTTGACCTGTACATGGTGGGCAGCCGCCAGGATGACGCGCGCATCCGCGACTGGGCCAAGCGCGCG  
 CAGATCGACCCGGCGCGCGTGCAGCGCCGGCAGCATCACGCTCAACCACGACGGCGGCCGCTGGCTGTCACTGGGC  
 CTGCCCGGCGATCTGCCCGCCGCGCTGCGCGAAGTGAACGGCCAATGGCAGCGCCAGCCGCTAG

>C69, 645 Basen

ATGAACGCCCCGCAACCTGCCCAGCGATCGACCGCCGCGCTGGTGGTGCAGAGCCTGATGTGGCTCTGGTTGATC  
 TTCCTCAGCGTCTTGGCGGCCCTGGGCTACCAGGCCCTCAGCGACCAGGCCAGGAGCGGCTGGATTCCCGC  
 CTGCAACGCCCTGGAAGCGCAGGCAACTGGCTTGGCCGAGACGATCGAGGCCATCCAGCAGCGCCCGGCCGTCGCG  
 ACGGACGCTGACCTCAAAGACACCCGCCAGATTCTGGAAGCACGCGCGGCCAGGTCGAGAAATCTCTCAGTGGC  
 TACGACGCGGCCGACGACCTCCAGGCGCTGCGCGCGGAGGTCGAGCAGATCAAGGCGGCCAAGCCGCGCGCGT  
 GCCACCGCACCCGCCAGCGCGCGCATCGCGCACGTCCGCCGCTCCAAGACCGAGCTGCCGCCGCTGCCATTTC  
 CGCGTGTGCGCGCCGAACTGCGCGCCGGCCAGCGCAGCGTGTCCGTGCGCGCGAGCATCGGGGACTTCACGCCC  
 GCCCAACTTCAGGTGCTGCTGCCCGGGGATGCGGTGCGGCCGCTGGCGCCTGCAGGCGATCGAGGGCAACACCGCA  
 GTGTTCCAGGCCGGCAACCAGACCCGCCGCGTGGCGATTCCCTGA

>C70, 600 Basen

ATGTGCCCTCTCCACCGTGGTTTCACTATCCCGAACGCCGCTTCTGGCGGGATTCTCGGCCTGCTGTGGTGC  
 GTGCTGGCCGGTGGCTGCGCGACGACGACTGCGCCGGTTCGCGCCCGACACCATCGCGGAAGTCTTGGCCGCGCCT  
 GAACCCGAGGCTTCCGAGTACATCCCGGTGCTGCGCTACGCCCGCTACACACTGGTCGAACTGGCACCCATGGCG  
 GCGCAGCGCGACCTGTTGTTGCAGACCATCGACGTGTCCATGCCCGAGGATGCCCGCGCCACGGTCGGGGATGGG  
 CTTCCGCGACGTGCTCAAACGCAGCGGCTATGGCCTGTGCCAGACCGCGCATGCCGTGATCGAGCTGTACGCGCTG  
 CCGTTGCCGGCGGTACACCTGCACCTCGGCCCATGACCTTTCGCGCATGCGCTGCTCACGCTGGCTGGCCCGGCC  
 TGGAACTGCACGCGGATGACCGCGCACGGCAAATCTGCTTCGAGCGGCCCGGCGATCGCGCGGTGCGCGAGTCC  
 CCATCCGAGCCACCCGCCACCGAGGCGGTGCAGACGTTCCCGCTGGCACCCATGGTTTCGGGAGGCCAGCCATGA

>C71, 2280 Basen

ATGTCCCTCGATCTCGAAACCACTGCCGCTGAATCCCGCGCCCGTACAGGGCGAACTGCTCGACGCGGAATCTTCC  
 CCTCTGACCCTGAGCCTTTCAGGATTTTGTGCGCGAGTTCGGCGACGAACTACTCGACGCCCTCAACAGCGCTAAT  
 CCGCCGGTCTATAACCGCCAACCGCAGGCGCACCGGCAACTGGTGGTTCGCCAGCCTCAAGCGCAAGCTGTTCCTCA  
 GCCCAGGCCGAAGTCGTCCACGCCCGCCGAGCTGCTGATCGACCGTGGCGAACGTGCTGCGATCGTCAATGGC  
 GAGATGGGCTGCGGCAAGACGACCGTCCGCATTGCCACGGCCCGCTGCTCAACGCCGAAGGCTATCGCCGCACT  
 CTGGTGTGTCGCGCCCCACCTGGTTTACAAGTGGCGGCGCAGATCCAGGAGACGGTGGCCGGTGCCAAGGTG  
 TGGTACTCAACGGGCCGGATACGCTCGTCAAGCTCATCAAGCTGCGCGAGCAGTTGGGCGTGCAGCCACGGGC  
 CAGGAGTTCTTCGTCTGGGGCGCGTCAGGATGCGGATGGGCTTTCCTGGAAGCCTGTCTTACCACGCGGCGC  
 ACCCGCCACGGCGACGTGGCGGCCCTGCCCGGACTGCGGCACGGTTCATCACCGACCTCGACGGCGAGCCGTTCAAC  
 CCGATCGCGCTCCAAGCCGAGGAGTCCCGCAGGAAGTGCAGGCCACTGCGCCGCGCCCTGTGGACACTGATCCGC  
 CCGCGCAGTCTGTCCGGCAGCGACCGTCCCGCGCTGCTCAAAGCCTTAAAGCGCATACCGACCATCGGAGAG  
 GTCACCGCGCAGAAGCTGATGCAAAAGTTCCGGTACGGGTTCCCTGGCGTTCGATGCTCGGGCACAACATCCATGAG  
 TTCATCAACCTCATGGATGGCAACGGCGAGCTGGTGTTCCTCCGACCGTCAGGCCACGCGCATGGAACGTGCGATG  
 GCCAACATGGAGTTCGGCTTTGGCGAGGGCGGCTATCAGCCGTCCGAGTTCATCAAACGCTACCTGCCGCAAGGC  
 ACGTTGACCTGTCTATCGCCGATGAGGCACATGAGTACAAGAACGGGGGAGTCCCAGGGCCAGGCCATGGGC  
 GTGCTGGCGGCGAAGGCTCGAAGACCTTGTCTGCTGACGGCAGCTGATGGGCGGCTACGGGGACGACCTGTTTC  
 CACTGCTGTTCCGAGCCCTTCCGGGGCGGATGATCGAAGACGGCTACCGCCCGACGAGCGCGCATGACC  
 TCGGCTGCGATGGCGTTCATGCGCGATCACGGGGTGTGGAAGGACATCTACTCCGAGAGCACCGGCACGGCGCAC  
 AAGACGGCCAAGGGCACCAAGGTATCGGTGCGCACGGTCAAGGCCCGGGGTTTGGCCCCAAGGGCGTGTGCGC  
 TGCATCCTGCCGTTACGATCTTTCTCAAGCTCAAGGACATCGGTGGCAACGTCTTCCCGCCGATGACGAGGAG  
 TTCCGTGAAGTGCAGATGGACACGGCGCAAGCCGCGGCTACCGCGATCTGGCGGGTGGCTGACCGCGGAGCTG  
 AAACAGGCTCTGGCGCGACGCGATAACGACCTTGTGGGTGTGGTCTCAACGTGCTGCTGGCCTGGCCGGATTGC  
 TGCTTCCGGTTCGGAGACCGTGGTGCATCCGCGCACGCGCAACACCTTGGCGTTCGCTCCCGGCTCAGTTCAACGAG  
 TTCGAGATCAGCCCCAAGGAGCGTGTGATCGACATCTGCAAAGAGGAGAAGGCGCAGGGCCGCAAGGTCCTG  
 GCCTACACGGTCTATAACGGCACGCGGACACCACGTGCGCCTGAAGGTGTTGCTGGAGCAGGAAGGCTTCAAG  
 GTGGCGGTGCTGCGCGGAGCGTGGATGCCAGCCGCCGGAAGACTGGATCGCCGAGCAACTGGACCGTGGCATC  
 GACGTGCTCATACCAACCCGAGTTGGTCAAGACGGGGCTGGACCTGTTGGAGTTCCTGACGATCGTGTTCATG  
 CAGTCGGGCTACAACGTGTACTCGCTCCAGCAGGCGGCACGCCGCTCCTGGCGCATCGGGCAGAAGCAGCCCGTG  
 CGTGTGATCTACCTCGGCTACGCCGGTTCCTCGCAGATGACCTGCCTGGAGCTGATGGCCAAGAAGATCATGGTC  
 TCGCAGTCCACCTCGGGCGACGTGCCCGAATCCGGGCTCGATGTCTGAACCAGGACGGTGTATCCGTCGAGGTC  
 GCACTGGCCCCGGCAGCTTGTGCGCCGATGA

>C72, 306 Basen

ATGGCATCGCATCGCATCGAAACCTACTGCCAGCGGCTGGCGTTCCCCATCGGGGCGCTCATCTTCAGCAGAGGT  
 GTAGACCGCCTGGTCCGCGCGGGTCCGCTGGACCCGATCCCGTACTTCAGGCGCCACACCCGTGGCGACTGGGGC  
 GACGTCAACATCCAGCAATGGCAGACGAACAGCAGCGCGCTTCAATCGGGCGCGTTCGCTGGAATCGCACTACGTC

ATCCATCCGGGGCTCGCCATTCGCATCGTCACCGATTTCGCAGCGCTGCGCAACCGTCATCGTGCTTCCGTCCGAA  
GACTGA

>C73, 321 Basen

ATGATCCCCAATCCGTTCAAGCGGCCTGCGCCGCACAAGCAACCGTTGTTTCGCACCGAGTACGTTGAAAGTTGAGC  
GAGAAGGTGCATTGGCTGGCCCCGGCGAGGCCTGATCGACCCCTTGGCCTATGTCCAGCGCCATGTGCGCGGGGAC  
TGGGGCGAGATCGATGAGGCCACACGCCAAGCCAACGACGTGGCGATCCAACAGGACAACCTAATGATCTCGCAG  
TTCAGGATCACGCCGGACCTGGCGCTGATCGTCAAGACCAGCGAGGACCACCAGACCACGGTGGTCCAGCTTCCC  
GAAGAGCGGGACCTGATCTGA

>C74, 1110 Basen

ATGGCCCTCATGTTCCCGCGGCTCGCCCCGAATTTTCGTCAAGAACGGATATTTCCCGACCGACGAACCCACGCTC  
GAAAGAGCGCTCAACGCACTGATGCCAGCGACGGGCCGATGTGCATCCTCGATCCCTGCGCCGGCGAAGGCGTG  
GCGATCGCCGAAGCCGCCCATGCCCTCGGGCGCGAGCAGGCAAAGGCGTTCGCCGTCGAGTTCGACCGGGAGCGG  
GCGCGCCATGCCCGCGGCCTGGTCGATCACTGCCTGCACGCGGACCTGATGGACACGATGGTCTCCAAGCAGTCC  
TTCGGGCTGCTCTGGCTCAACCCGCCGTATGGGGACCTGTCCAAGGACGTCAACGGCAACATCGGCTATCAGGGC  
CAGGGCCGTGCCCGCCTTGAAAAGCTGTTCTACCAGCGCACGCTCTCGCTGCTGCAATACGGCGGCGTGTGGTT  
TTCATCGTCCCCGGCTACGTGCTCGACGCGGAGTTGGTTCGGCTGGCTGACGCGCCACTACACGGACCTGCGCATC  
TACCGAGCGGTGGAGACGCAGTTCAAGCAGGTGGTGATCTTCGGACGCCGGGTGCGCCAGCGCGAGCAGGTGCC  
GATGGCGTCAAGGCCGTGCGCAATCTGCTGTTGCAGGTAGGGCAAGGCGAAGTGAAGCCGAGGAACTGCCGAGC  
GAGTGGCCGTTTCCCTGCCGTACATCGTCCCCGCCAGCCCCGGCCGAGCCAGAGCATTCTTCCCGCTGACGATGGAG  
CCCCGAGCAGTTCCGCCGATGAGGTTGGCAGGCTGCAAGGCTTGTGGCCATCGCAGGACACGCACCTGGGGGCTGCG  
CAGCAATCGCTGCGTCCACCGGCGCGGGCCTTGTCCCGCTGGCATCTCGCCCTGGCTCTGGCCGCGGGTGCGATC  
TCGGGGGTTGTGCGCTCCAAGACCGGGCGCGTGTCTCGTCAAAGGTGACACCCACAAGGACAAGACGCTCCAG  
CGGGAGTTCACCGAACGCGAAGACGGCTCCATCGCCGAGACCCGCATCCTCACCGACAAGTTCGTTCCCGTCACT  
CGCGCTGGGACATGACACCTGGCTCCGCGACACGGGGCGAGGTGTTGACCATTTCGCTGA

>C75, 648 Basen

ATGCCCGCAAACACTTCTTCCACGCTGTACCGCATCGACGAATGCCCGGACGTGATGGCCGACGCCCTGCGTCGGC  
GATGACCAGGGCAACCTGATCTTCCCTGTCCATCTGGGCGCGGGACACCGCCGTCCAGCAGTTCCCTCGCTCGCCTG  
ACCCTCGGGCGCGACGAGCAGGGACTGGACCAGTTCCACGTCACTACCGACCAGGGCGGCAGCGTCCCGGTATTC  
ATCGGCAACGTGATCGCCTGGAAAAGCGCATCACGCGCGCTACCGCGGACGCTGTTTCGGCTCGCTGTCCAAC  
GTGTGGCTGTTTCGACCGGCGCTGCGTCAAGCCCGACAAGGCCAACGCCAGCGCATTTGGCACTGCTGCCACGCGAC  
AGCGCCACAGGCTTGACCGCCTGTGGATGCTGGTTCGGGACACCTGCCCGTTGCCGCTGCTCGATCACTGGCGC  
GAGACCGTGTGAACTGCTGCAAACCCGCGAGATGCTGGCCCGCCTTCCGTTCCGCTCGGCGCGCTGGAAGGC  
CATCGGCTCGCCATCGACGTGCCGGCGCTGACCCTGGCGCTCGGCTCCCTGATCCGCGAGCAGCGCTCACCGCC  
TATCCGTATCCGGCCAAGATTTGGACGCCGGAAGCGGTAGCGGCTTGA

>C76, 261 Basen

ATGGACCCGATCCTGGCAACGCTTCCGCCCTCGTTGCTGGCACTCGTTGAAGGGAGTTTGTCCAACGACGAAGTG  
TCCTCCGACGAGGAAATGCTGGCGTACTTCATCGACAACGGCCTCACCGAGGACCAGGCACGGCAGGCACTGACC  
TACCGCGACCAGTACCTCAACAACATCTACCTGGAAGGCTTACGCCGATCACTTCGGCGGACGAGCCGCTTAC  
TTCAACCCGCACACCCGGCAGTTTCGAGCCGGACTGA

>C77, 408 Basen

ATGGGCTGGTATTTCTCAAACCAATCGCGGTCCGAACTGATCGCGGAACTGATCGCACCGCAAGAGACCGAGCGC  
GCCAGCGTCAAGGTCACTCGCTCACACCCTGCGCGGCAACGTGCTGTGGTCCGTCGCCGAAAGTGACCGCCAAGGTC  
GAAGGCGTGCATCGTATCTCGCACCGGGCCAGTCCCTGCGCTACATCCGCTGCGATCTGCTTGAACGAAGCGGC  
GGCCAGTGGGGCTACAAGTCTTGGACGAGTCCATGCACCCGTAATACTACACGTGCCCGCTGTCTATCTGGAC  
CTCGCACCGGAGCAGTCCGCCGACTGGCGTGCAGGCGTTTCGCGCCTACCACGCCCGGGCGGCACACCCACGGCA  
TCCGCGGCATCCGCCGCGGCGTTCGATGGCCTGA

>C78, 342 Basen

ATGTCCACCATCGCTTGCATACCCCGCGTTCAACGCTGGATGAACCCGCGTGGCGGGACCTTTGCAAAGCGGCC  
GCCGCACACGCCAGCGCGGTTGCGGCTTGTCTACGACCACTACGTGACGCTCTTTCAGTTTCGGCGATCGACGCA  
CAGGCCAATCGTTTTGCCGGATGAGCAACGTGCTCAGGCTCTCGAAAATCGCGGCCAGGAAATGGGACTACGCAACA  
CCTGCCGAACGGCAGGAAACCCAGGACTGGAATGCGGAGCATGGCTATTTGCTCGCACGGGATCGAGTTCGGCTAC  
TGCCCGGCCGTTGTGATCGAGACGATGACGACTGGGATTGA

>C79, 690 Basen

ATGGCAACCCCATCGGCTTCCGAGAAATCTGTTGCGCCCATCGTTCGTCGCCCGGCCAGCTCACGCTGCGTACCATC  
CGCGGCAAGAACGGCCCGTTACAGGTTGGCCGCTCGCGACGCACCTCGGTACTTTTCGAGGTTCAAAGACCCGGAG  
CTGGAGCAGTACCCGAAGGCAAGTACGACGGGAATTCATCATCAGGTACATCTTCCCGAAGTCTTATCCGGTC



GGCGGCGGCATGCGGTTTCGAGATCCGTGCCAGCCTCGACGGCATGACGCTCAACGGCATCGACAAACTCAGCCG  
 GACGAAGCCCGCAGCTTCGCCACCCAGGACGTCGATCCGCTCGATGAAGAGCAAGGGGCGCAGCCTGCGGCAACG  
 CCGGCCAAGCCACCAAGCGTCCAGGCCCGCAAGCCCGCACCCGTGCAGGCGTCCGCGGACCCGCTGGTCGAT  
 ACCACGCCCTTCGGCGTGGATGCGCCACCGCTGCTACGGCCGCTGCCCCGGCAGCACCGAAGACGGTGACGCC  
 GCGCTCTTCGGCCTGCTGTGGCCGCTGGGCGAGTCCGTGAAACTGGATTTCGACCATCGACCGCCGACCCCTGCGC  
 GCGCAGATCGCCCGCTGGGCGAGCTGGGCTACGCGCTGGACTTCAAGACGCAGGAGTGGAGCCGCCAGGCCGAA  
 CCAAAACCTGCGTGA

>C80, 828 Basen

ATGTCTCTGGTATCCCGCTTTGCTCCGCAATCCCGATCCTGCGCTCTGATCGCCACTCTCGGACGACCGCAT  
 CGTGCCGTCGTTCCGTTCGATCTTCGCCGACGCTCCACATGGGAGCCGGTCCGATCGGTATGCCTACATACCGACC  
 TCGACCGTGTGACCAAGCTGCGCCAGGAGGGCTTCGAGCCCTTCATGGTGTGTGACAGCGCGTGCACAACGAA  
 GACCGGCGCGAGTACACGAAGCACCTCATCCGACTTCGCCATGCAAGCCAGATCAACGGCGACGAGGCCAAGCAG  
 ATCATCCTGCTCAACAGCCATGACGGCAGGACGACTATCAGATGCTCGCCGGCATGTTCCGGTTCGTTGCCAC  
 AACGGCCTGGTTTTCGGGTGACACCACCGCAGACATCCGCGTTCCCAACAAGGGCGACGTGGCCAGCCAGGTGATC  
 GAAGGTGCCTACGGAGTCTCGAAGGTTTCGAGCGCGTGCATAACGCGCGGATGCGATGCGCACCATCACCCCTC  
 GATGAGGGCGAAGCGGAGGTCTTTGCGAACTCTGCGCTCGCACTCAAGTACGACGATCCGGCCAAGTCCACGCCT  
 GTCACCGAGAGCCAAGTCTGGCCCTCGGCGATGGGACGACCGCAAGAACGACCTGTGGGCCGTCTTCAACCGC  
 GTCCAGGAGAACCTAGTCAAAGGGGGCTGAACGGACGCACGGCCAACGGCCGAATCAGCGCACCCGTCCGGTG  
 CAAGGCATCGACCAGAACCTGCGCCTGAACCGGGCGTTGTGGCTGCTGGCCGAAGGCATGCGCCAGCTCAAGGCC  
 TGA

>C81, 999 Basen

ATGCTTTCGCCTTATCAACCCACCGCGGGGTACGCACCTTCCCGCATGCGTGGGCGGGTGTGTCTCCGCTTCA  
 TCCCAATGGAGATTACCATGAACACCACGTCCAACGAGAAATCGTATTTGACCTCCACACCTCGGGCATCGGC  
 TACATCCAGCGTGTCCGTGAAGTGCCCGTCCGGGCGCCGCGCGCAGCCTTTCCTGGCATGCACCATCGCC  
 GCGCTGGTTCGGCCCCCGGGACCCAGTACCCTACTTCGACGTCGAGGTCGAGGTCGAGGTCGAGGCAAGGAG  
 CTCGTTTCAGCGCTACATCGGCGTTGACGATCCCAAGCAGCGCCCGCTGGTGCCTTTCGCTCGGTGACCTGTGG  
 GCGATGTGTACATCCGCGACAAGGGTGAGCAGAAGGGTCAGGCCGCGCGTCCCTCAAGGCGCGACTGCTCAAG  
 GCCGAAGTGCATCGACCGGGCCGAAGTGGCTTCGATCGAGCAGCAGGTTGATCACCCGCGGCATCGGCTATCTC  
 AATCGTGTGAAGGACGTCACCCAAAAGCTGGCGACTCGTTTCTTCTTGCACCGTTCGCGGCACTGGCCGGGCT  
 GTCGATGAACCGGAGTATCGGTAATTCGACACCATCGTCGCCACCCGGAAGCCGAGCACCTGGTTCGCCGGTGC  
 GTTCAGGCCGTCGAGGGTGACCGCAAGGTGCTGATCGCCTTCCGTCTGAACGACATGAAGATCGATCCGTACATC  
 CGCACCAAGGGTGAGCACGCCGGGGAACCGGCCGAGCCTGGAATCGACGCTGGTCCACATCGGTCTCATCAAG  
 ATCGACGGCACCCAGGTCTATCCGACGAGCCAGGCGCAAGCCGAGGCGCCGCGCCGCGGAAGACGCATCCGCGTCC  
 GAAGCCGACGATGCCATCGACACGGCCACCGAGCCCGGAGCGCGAGCCGAGGCGCAAGTCCAGGAGCAGGAG  
 CCGGCATTGGCTGCTTCGTTCTGA

>C82, 285 Basen

TTGTTCGGCCCGCCGGTTCGCGCGCACCTGGACGCTGGAAGTCACGCGGCTGTGCACCGACGGCACACCCAGCGCC  
 TGCAGCAAGCTCTACGGCGCGGCCTGGCAGGCGGCAAGGGCGCTGGGCTACATACGCTGCTCACCTACACCATG  
 CCCGACGAAGGTGGCGCCAGCCTGCGCGCCGCGGCTGGCGGCTGATCGGCGCGCGGTTGGCGGCGCCTGGAGC  
 CGTCCCGGCCGTCCGCGCGCCGATAACCCCGAGCACCTGCGCGGCGCCAAGTGCCTGTGA

>C83, 261 Basen

GTGTACTTCTTCGCGAGCGTGGGGAGCGTCGCCCGGATGGGCGCCGGGCACTGCTCGCCTACGCCGTCGGATGC  
 AACCCGGACACCGACCCGTTTCGATGACTGGTGGCACCTCGCCGGCCGAGCTGGGCGGCGATGACTTCGCGGGAG  
 TATTTTCGACCCGAAGGACGGCCTGTTACGCGCCTCCAGCACTCGGCGGACGATCTCGTGCTTTCGCCACCGCC  
 ACGCACCTGTCTTAGCAGTGGTGCCTCCCGCCTGA

>C84, 642 Basen

ATGGCCACCGTACCGACGAAATCATCGACCTGCACGACCGCATCCTGGGCAAGCTGTTCAACGCTGCCAAGCAC  
 AAGCATCAGCAGCAGTTCCAGGCGTCCGGCAAGGCGATCAACGCCAAGGTGCGGCTGGCCACCTCGATCAAGCAG  
 GGCACGGTGCAGGCTCGCTGATGCTCAGGAACTCGGCAGCTACCCGCGCCAGAACGGCCTGGCCGTCGGCGCTG  
 CGCGAGCTGGGCGCATCGAGCGAACGCTGTTTATCCTGGACTGGCTGCAAAGCGTCGAGCTGCGCCGCGCGCTG  
 CATGCCGGACTGAACAAGGGCGAAGCCCGCAACGCGCTAGCCCGCGCCGTGTTTCAACCGGCTGGGCGAAATC  
 CGCGACCGCAGTTTCGAGCAGCAGCGCTACCGGGCCAGCGCCTCAACCTGGTGACGGCGGCCATAGTGTGTGG  
 AACACGGTCTATCTGGAACGGGCTCAAACGCCTTACGCGGTACGGCCAGACTGTCGATGACGCCCTGTTGACG  
 TACCTGTGCGCGCTGGGCTGGGAGCACATCAACCTGACCGGCGATTACCTCTGGCGCAGCAGCGCCAAGATCGGC  
 GCGGGCAAGTTACAGCCGCTACGACCGCTGCAACCGGCTTAG

>C84b, 516 Basen

ATGAACGCCTACAGCCGCGCCAACCGCCGCATCTACGCGGCCCTTGTCCGATCCCCCTGTTCGGCCACCCACCGGCAC  
 CGCCTCGACGATCTGCTCAAGCGCCACGACAACGGCAAGACGACCTGGCTGGCTGGCTGCGCCAGTCGCCCCGTC  
 AAGCCGAACCTCGCGCCACATACTCGAACACATCGAGCGCCTCAAAGCCTGGCAGGCGCTCGACCTGCCTTCCGGC  
 ATCGAGCGGTTCGGTGCACCAGAACCGCCTGCTCAAGATCGCCCCGGAAGGCGGCCAGATGACGCCCCCGGATCTG  
 GCCAAGTTCGAGGCACAGCGCCGCTACGCGACCCTGGTGGCTCGCCATCGAGGGCATGGCCACCGTCACCGACG  
 AAATCATCGACCTGCACGACCGCATCCTGGGCAAGCTGTTCAACGCTGCCAAGCACAAGCATCAGCAGCAGTTCC  
 AGGCGTCCGGCAAGGCGATCAACGCCAAGGTGCGGCTGGCCACCTCGATCAAGCAGGGGCACGGTGA

>C85, 1689 Basen

GTCGTGCGCCGAGCACGTCCAGCAGGCTTTGACGAACGTGCCCGGCGTGCAGCGCGCCCTCGGTGTCTATCCGCA  
 GCGGCAGGCCGAAATCGAGGCGGATGCAGGCGTGAGCGTGCCCGGCTGGTTGCCCGCAGTGGCCACGCTCGGCTA  
 TCGCGCACGGCTTACCACACGCCGAACAAGCCTGCCGGCCTGCTAGACAAGGCGCTGGGCTGGCTCGGTGGCGA  
 AACGAAGCATGTTGGCGGTGAACAAGCGCTGCACGTGGCTGTGATAGGCAGCGGCGGCGCGGCGATGGCGGTGC  
 CTTGAAGGCCGTGGAGCAAGGCGCCGCGTACGCTGATCGAGCGCGGCACCATCGGCGGCACCTGCGTCAATGT  
 CGGCTGCGTGCCGTCCAAGATCATGATCCGCGCCGCGCACATCGTCCACCTGCGCCGCAAAGCCCGTTTCGATGC  
 TGGCCTGCCGGCCGAGCGCCCGCTGTACTGCGGAGCGGCTGCTGGCCAGCAACAAGGCCGCGTTCGAGGAGCT  
 GCGCCATGCCAAGTACGAAGGCATCCTGGCAAGCACTCCGGCCATCACCGTGTGCGCGGCGAGGCCCGGTTTCAG  
 GGACACGCGCACGCTGACCGTGGCGACCGCTGACGGCGGCACGCACGAGGTGAACTTCGACCGCTGCCTGATTGC  
 CACCGGCGCGAGCCCGGCGCTTCCGCCAATCCCGGGCCTTGCGGACACACCCCACTGGACCTCCACCGAGGCGCT  
 GGAAAGCAGCTCGCTCCCCGAGCGGCTGGCCGTGATTGGTTCCCTCCGTGGTGGCGGTCGAGTTGGCGCAAGCCTT  
 CGCCCGGCTGGGCGAGCCAGGTACGATCCTGGCGCGCAGCACGCTGTTCTTCCGAGAAGACCCGGCCATCGGGGA  
 AGCCGTAACAGACGCCTTCCGCGCCGAGGGGCATCGAGGTGCTGGACCACACCCAGGCGAGCCACGTTGCCATATGC  
 GGGCGGGGAATTCGTGCTCACCAACCGGGCAGGGGGAAGTGCAGCGCCGACAAGCTGCTGGTTCGCCACCGGTCGCGC  
 GCCGAACACGCGCAGCCTGAACCTTGAAGCGGCAGGCGTGAAGTCAATGCGCAGGGAGCCATCGTCAATCGACCG  
 CGCCATGCGCACGAGCGCACCCGCACATCTTTGCTGCCGGCGACTGCACCGACCGCGAGTTTCGTCTATGTGGC  
 GCGGCGGCGCGCACGCGCGCCGCGATCAACATGACCGCGCGGACGCGGCGCTGGACCTGACGGCGATGCCGCG  
 GGTGGTGTTCACCGATCCGCGAGGTGGCGACCGTGGGCTACAGCGAGGCGGAAGCGCACCGACCGCATCGAGAC  
 CGACAGCCGGCTGCTGACGCTCGACAACGTGCCGAGGGCGCTCGCCAACCTTCGACACGCGCGGCTTCATCAAGCT  
 GGTGGCGGAAGCTGGCTCAGGGCGGCTGATCGGCGTACAGGCGGTCGCGCCGGAAGCGGGCGAACTGATCCAGAC  
 GGCCGCGCTGGCGATCCGCCACCGGATGACCGTGCAGGAGCTGGCCGACCGATTGTTCCCTACCTGACCATGGT  
 CGAGGGACTGAAGCTCGCGGCGCAGACCTTCAACAAGGACGTGAAGCAACTGTCTGTTGCGCCGGATGA

>C86, 288 Basen

ATGAAGAACTCACCACCCTCACCACCCTCATCGCCCTGGCCGCGCTCTAAGCGCGCCCGCCTGGGCTGCCACC  
 AAGACCGTACCCTGTTCGGTGGCCGGCATGACCTGCGCCGCTGCCCGATCACGGTCAAGACGGCTCTGTCCAAG  
 GTCGCGGCGCTCGAGAAGGCCGAAGTCAGCTTCGAGAAGCGGGAGGCCGCTCGTACCTTCGACGAGGCCAAGACC  
 AATGCCGACGCCTTGACCAAGGCCACCGCAAACGCGGGTTACCCGTCACGCTCAAGCAGTGA

>C87, 351 Basen

ATGTCGGAACCCAAGAACGGCTGCGGCGCACTGGCGACCGGCGGCGTTCGCGCCGTCCTCGCCTCGGCCTGCTGC  
 CTCGGCCCCCTTGTCTGGTTCGCGCTCGGCTTCTCTGGCGCGTGGATCGGCAACCTGACCGTGTGGAGCCGTAT  
 CGGCCGATCTTCATCGGCGCAGCGCTCATCGCGCTGTTCTTCGCTGGCGCAGCATCTTCGACCGCCATGCC  
 TGCAAGCCCGGCGACGTTTGCGCCGTGCCCAAGTGCAGGACTGCCTACAAGGTGATCTTCTGGATCGTGGCCGCC  
 CTGGTTCTGGTTGCCCTCGCGTTTCCCTACGTCCTGCCGCTGTTCTACTGA

>C88, 408 Basen

ATGGAGAACGCTCAAGAGAATCTGACCATCGGGGCTTCGCCAAGGCAGCCCGGGTCAACGTGGAGACGATCCGC  
 TTCTATCAGCTCAAGGGCTTGTACCCCCAGCCGAGCGGCCCTACGGTTCGATCCGCCGCTACGGGCAGGCGGAC  
 GTGGCGCGGTTGAAGTTTCGTGAAGTCAGCCAGCGCCTGGGATTAGCCTGGATGAAGTCGGCCAGCTCCTGAAA  
 CTGGAGGACGGCACCCATTGCAGCGAGGCGGCCGAAGTGGCTGCTCACCGGCTGGCCGATGTGCGCGCACGCATG  
 GCGGACCTCACGCGGATGGAAGAGGCCCTGTGACGCTAGTGAGAGAGTGCAACGCGCACCATGGCAATGTTTCC  
 TGCCCGTTGATCGCAGCTTTGCATTGCTGCTAA

>C89, 825 Basen

ATGGATCGTTCCTCATCAAATCCATGATGCCTTCGCTGGTTCGAGGCCATGTGCCCGCAACGTGCGGTTCGTT  
 AAGTACCGCGTGTTCGATGATCAGCCGCTGTCTCAACGCTGGGCTTCGCCATCGACCCCCAACCTTCGACGGC  
 AAGGTGGTTCGCGCGACCGACGATGCCATCGTTCGTAAGCTCAAGCCTTCGAGTTCGCGGTGCTCGATCCCAGC  
 CTGGTGACCACGGTTTCTGCCGAAGGCGCAAGGTGCATGTCCAACCTATGCCCGTTCGCTTCGACGGACTG  
 CGCGCGGACACGCGGAGGTATCACCGAGGAGACTTCGGACGGCACGCGTACACCATCACGAGGCACATCCTC  
 GGCTCGGCGCCGCAAGCTGCCATTCCCACGCCGAGTGCATGGAGTTGGCCAGCTCATCGAGCAGTTGGAG  
 GAGATGCCGCGCCCGATCGCTTCCGGCGCATCACCCACATGCTGGTGGATGCCGGTTCGCGGACTTCACCTGG  
 GTCGATCCCACGCCCTCAAGATCATCGAGACCCCGCGCGATCAGCTTCACGGTTCGACCGCAAGTTCGAG  
 GGCCGGGTGACGATCCTCTACGACCGCGGCGGAGACACCTACGTGGTGAAGTGCACCGTTCAGAACGGTGAATCG

GTCGAACTGGTCGATCGGCACGACGAGGTGTATTTTCGACATGCTCGGGCAAGTGCTGGAGAGGCTCATCGACGAC  
GGGCGCTGGCGCCAGATCGACGTGAGCATCCTCGACGCGAAAGCGGCCCGCAAGCGCCAGGCCGTCCCGGCATGA

>C90, 279 Basen

ATGTTCCCCGACCTCATCACACCCGCATCCGACTTCGAGCACCAACTCGGAGCCTGCGTCAACGCCATGAGCCAG  
GAAGATGCCATCGGCCAGATCCTGGTATTCGAGCGCATGAGCGGCACGCTGCACATGCGCCATATCGCCAGCGCC  
GACCTGGTGGACACCGACGTGGACGACTACGAAATGGTCGTCTTCGACGGTGGCAACACAAGCGGGCAGACGTGG  
AAACACGTGTTCTTTCCGCGTCAGCGCGAGCACTACTTCGTGTACCAAGCCTGA

>C91, 738 Basen

ATGTCCCAGAATCCCAATCCCTTTCTACGCGGCTACTGGAATCTGAAAATCGTCCGCACGCTGTCCATCAGCTAC  
GAGGACGGAAGCCCGCATGTTTTGGCGAAACATCCACCCGAGCCAGCAGCACCTCTGCGACGCGGCGCTGGTTTTCT  
TCTCCTTGATCATCACCAGCGACTTCGCGGTGGTCAGGACTGGCACCGAACCTGTGCGGCCCGCACTGATCGCC  
GAATGCGACGCGGCTGAAGGGGGCAGCGGCGAAGGCATGGTGGGTGCCGTGGTGTACGCGATCCACGGCGACGAC  
TTCGACGGCCGCCCCGTCCACATTGGCGACACCTATTTCGGCCGAGGCCGCACGGAAAGTCGTGCAGCGGTTGAGC  
TTCGAGACCGGCTACTACAGCCGGTGTGGGAAATCAGCAGCGCGCACATCAGCCGCGAAACCGGCCAGTACCTG  
GCCAACCTGGCTGACCTCGCGACGCCGGAGGCCTTTTTGTTTCATCGCGTTCGGATTCCCTACAGCCCGCGCATC  
GGCGTCAAGCTGATCTCCACGCCCTGGACGGACCAGCACCTGCAGGACGTCGAGGGGATCGCCGCCGAGCAGCTT  
CGGCAGGAGCACCGCAGCAAGGGCATGCCGGACGAGCTGGCACAGATCCTTGAAGTGGCCGGCCAGGCCGACGTG  
CGCATCCTCATCCTCGATGCCGACGCACCCGTGTTGCCGGCCTATCGCTGGCCGGCGAATAG

>C92, 738 Basen

ATGCCATCGTCCGCAAGGGCTGGCTCCGTTTCATTCATCGAAAGGAGCCTTCATGGCCAACAACACTACTACGAAGCC  
ACCGGCGTTCTCGTGCTCGACCGTGTGACGCCCCGTCATCCAGGCGCTGTTCCGGCGCCTTCGCGCTGGACGAGAGC  
CACCCCGGCAACGGGCGAGGCCTACATCGCCAGATCGCCGAGACCACCAATCCGCAATGGCCGGACGTGCTCGAT  
GGCCTGGAAGACCTGGCCACGCAACTCGGTATTCGATGCCCCGACGACGAAGGGCTGTCGATCCCGCCGCTGCTC  
GAACTGCTCGCCGTGCACTTCCGTGCCGATGAGGACGAAGAGCTGGGGAACCTGATCGACCGTTCATTCGTTGAG  
GACACCGCCGATCTCGACGCATTGTTTTCTGATCGCCACCCGGTTCGATGACGGGCACCACCTGACCGCCATCCAG  
TTCGAGGGCTGCTGGTACTGCAGCAAGCCGCGGCTGTTTCGAGTTCGGCGGCAACGGCTGCTACCTGAGCCGCGAG  
GTCCGCTTCATCAGCTCCTCCTCCAGGCCCTCCAGCTCGGGCAGCAATTCGCGCAAGACCATTGTGGCCGCCGAC  
ATCGAAGAGGCTTCGGCCCTGATCGCGCTGGAGACCATCAATCTGCTGGCGGGCGTCAGCGACGAGCCATTCGCG  
ATGAATTTGCGCCGGCGCGTTCGCCGAGCGATTGGCCCAAACGCCAACGATCAGCGTCACTGA

>C93, 393 Basen

ATGAACCAGCTTTTTGCCCCAGGAAGTCGTCGATCAGATCATGCGGGAAGAGCAGCATTTTCGCCGCCGCGCCCCAA  
GCCTTCTTCGAGGTCTGGAAGCGCGGGCGTCGAGATCGCAGGCCCGCAATGGTTTTGGCGACGGCACGCGCAAGGC  
CTGAACCAGGCAAAGAGCAAGTGGGATCTGCGTCCCAGCATGCTGCGTGCCAACGACGCACTCGGGCTCCTGAGC  
AGCGGGGAACGCATGTTTCTGTCGCCATGTTTCAGCTTCTACAACGCGCGCGAGGGCGGTGCCATGCTCAAGCGC  
TGCCACTTCCAAGGACTGTGCGACTTCGATGGTCTCGATCTGCAACGTCGCCAGGTGATCGCCGACCTGCTGCTG  
AACTACAGCGGTTGGTGA

>C94, 414 Basen

GTGTCGCTGATTTCGTCAGCACCATGCCAGCAGCCAGAGTTTCCAGGCTGCCGCGGATTTCTTTCCGCGCTACCCGC  
CAGTCCGCCATCGCATCGAGTCTGCGGACGCGCGTCACCCGTGACGCCGATGCTTTTTTCTCAACCGCTGCGGG  
AGCTGCCATCCCGTGGAGGACGAGGCCCGCTTTTTTCCAAGGAGCCCGTCCATGTCCCAGCAAGCCTCTTTCGGC  
CAGTTGGCCTTGATCCATTGCGGCAAGTTTCTGCGGCTCGAAATCCTGCATAGCGCCGCCGCGCCACTACATCGGC  
ACGCGGATACAGAAGGTCCCGTTTTTCGGGGAATCCTGCCAGTACTTCCGCGACTATGCCGCGGCTCAACGTGCC  
CTCGAAAGAGGCGGCTGGTCCCAGCTCGCCACACCCTGA

>C95, 312 Basen

ATGCTGATGTCACCCGTTTCGCTCGCCTGGCAAGTACAAGTAGTTTCGTCGCGGTTTTCTGGCCGTGTCGGCCCGC  
TTCGCTGGCCCTTTTGGCCCCAAACAAGCGCAATCATGCCTGCGTTACCACCAAAGTTTCGCCCCCGCCAGTTGCTG  
TTCCTAAAGGGCATCAAGCTCAACGCCATCGCCGACCGGCCAGCGTATTTTCGCATCGCTGCGTGCCCGTCGGGGC  
CAGCCCATCGTCATCCTCGCAGAGCTGGGACCGGACGAGGCATTCGCCCTGTGGAAGCAGCATGTAAGGGCGAC  
AGGCCTCGCTGA

>C96, 501 Basen

ATGGATGAACCATCTCTTCGCAAGACGCAGTGGTACTCACTCGCGATCGTTATATTCGCCGGCGATCAGGCAGCT  
AAGAGCTACATTGACGCGACAACCTCCCTTGGGTTGGTTCGACGAGGTGGCGTCATTCCTCAACCTAGTTTCACGCT  
CTCAATCCCGGCGCGGCGTTTCAGCTTCTTGTGGCGCGGGCGGCTGGCAGCGGTGGTTTTTTCTGGCGATCGCG  
TTCGCAATATCGGCATGGCTCGCATGGCTGCTCTCCCGCCGCTGCGCAAAACGGAAGGCCTTTCGTACAGCCTC  
ATTCTGGGCGGCGCATTGGGCAACGCGTTTCGACCGCGCCACGCGCGGGCACGTTATCGACTACATCGACTTTTCAC

CTGCACGGCTGGCACTGGCCCGCCTTCAACATCGCTGACATGGCCATCGTGGGCGGGGCGATCGCGCTGGTGGCC  
CAGTCGTTTCATGAGCGTGGAGAACCCGGCCGCCACAAAGGAGTCCCAGTGA

>C97, 2913 Basen

ATGAACAAAGAACCTTCCAGCCCATGCGCCTGCTCCGGCGGCAATGGCCAACAGACGGCGTGCGCCAGTGAGCAG  
GCCAGCACTGAAACCACCGTTTTCCACGTGAGCAACATGGATTGCCGCAATGAGGAAGCACTGGTGCGGCGAACC  
CTGGAGGGCATGCCCCGGTGTGAGCGGGCTCCTGTTTCGATCTTCCGACGCGTTTGTGACCATTTTCGACCCGCGAA  
GTCTCGGCCGATGCCTTGGAGCAAGCGCTGAATTCGGTGGGCATGAAGGCTCAGGCTGTCCGAGACGCCGCCGTG  
TCGACCACCTACCGCATCGAGAACATGGACTGCCCGAGCGAGGAGAACTCATCCGCTCGCACCTCGGGGCGAGTC  
GAGGGAATTCAGGACCTCGACTTCGACCTCGCTGAGCGCACCTGTTCGGTGAACACACCTCGCTCAGGCACGCGCG  
CAGATGGAGCAGGTCCTGGCCTCGATCGGCATGCGCGCCAAGGAGCAGACCTTCGGCCACACGGGGCGGATCGAA  
GCCGCGGCTGTGATCCCATCCTCGGCCCTGCAGCAGCAACCAACCGCTGCCGTTTTCCGCGCCGCCGATCGGGCAG  
CGGGTGACGTACCGGATCGAGAACATGGATTGCCCGACGGAAGAAGCGCTGATCCGCGACCGGCTGGGCAAGCTG  
CCGGGTGTGACCGCGCTCGACTTCAATCTGATGCAGCGTGTGCTGGGAGTCCAGCACACGCTGGCGACCTCAGCG  
CCGATCGAGAAGGCGCTTGCTTCCATTGGAATGCAGGCTGCGCGGCAGGACATGCAGACAGCCACCACGGTACTT  
CGCATCGGAAGATGGACTGTCCGACCGAGGAAAGTCTGATCCGCGCAAGCTGCAAGGCATGCCGGGCGTGCAG  
GGAATGGATTTCAACCTGATGCAGCGCACGCTCACGGTTCCGCGCACACCCGACGCGATCAAGCCGGCAGTCGAA  
GCCATCGAATCGCTGGGCATGGAAGCCGAGGTCAGAGGACTGATGAGCCGCGCGATGCCCGGTGGCCGCGCAC  
AAGACCAATTGGTGGCCGATGGCGGTTTTCGGGCGTTGCGGCGGTGGCCGCCGAAGGCGTGTACTGGGTCAACGAC  
GGCAATCATTGGGCCGTGATCGTGCTGGCACTGGTTTTTCGATCTTACCAGGCGGCCTCAGCACCTACAAGAAGGGC  
TGGATCGCGCTGAAGAACCTCAACCTGAACATGAACGCCCTGATGGCCATCGCGGTACCAGGCGGCATGGCGATC  
GGCCACTGGCCGGAGGCGCCATGGTCATGTTCTGTTTCGCGTTGGCGGAAGTATCGAGGCGAAGTTCGCTGGAC  
CGCGCCCGCAACGCCATTCGGGGGCTGATGGACTTGGCGCCCGAGACCGCGACCGTGCGGCAGGCCGATGGCTCA  
TGGACAGAGCTGCCGGCAAGGAGGTCGCAAGGGCGCGGTGGTCCGCGTGCCTGGCGAGCGCATCGCACTG  
GACGGCCTGATCACCTCGGGTTCGATCGGCCATCAACCAGGCGCCATCACCAGGCGAGGCTGCCCGTCGAGAAG  
GCCAAGGTGACCAAGTCTTCGCCGGAACCATGATGAGACCCGGCTCTTTCGAATACAAGGTGACCGCAGGCGCC  
AGCGACTCGACGCTCGCGCATCATCCATGCCGTGGAGTCCGCGCAGGCGAGCCGTGCGCCACGCGAGCTTTC  
GTCGACCAGTTTCGCCCGCGTCTACACGCGCGCGGTGTTTCGCGGTGTCCGTGCTGGTTGCCGTGCGCGCGCTC  
GCCTTCCGGCGCGCATGGTTTTGACTGGGTCTACAAGGCCCTGGTACTGCTGGTGATCGCCTGCCCTGCGCTCTG  
GTCATCTCCACGCGGTCACCATCGTCAGCGGCTTGGCCGCTGCCGCCGACGCGGCATCCTGATCAAGGGTGGC  
GTCTACCTGGAGGGCGGGCGCAAGCTCAAGGCGTTGGCCCTGGACAAGACCGGCACACTCACACATGGCAAGCCC  
GAGCAGACCGACTTCGTGCCGCTGATCGGCGAGGCGCAGGAAGTTGCCGCTGGGCCGCAAGCCTCGCGGCACGC  
TCGGACCATCCTGTGTCTCAGGCCATCGCCCGCAAGGCGAACCCTGACGGCATCGCGCTGCACGAGGTCGACGAC  
TTCGCGGCGCTGCCTGGCCGCGGCGTGCAGCGCCGCGTCCGCGGGCGCATGTTGCACATGGGCAACCACAGGCTC  
GCCAGGAGCTGGCCCTGAGCGAAGCGACGCTCCAGGCTCGGCTGGAGACCTGGAGCGCAAGGCAAGACAGCG  
ATCCTGCTGATGGACGATGCACCGTGTCTCGGCATTTTTTCAGTGGCCGACACCGTGAAGGAAACCAGCCGTGAG  
GCGGTGGCCGACCTGCAGGCGCTGGGTGTGCGCACGCTGATGCTGACGGGGGACAACCAGCACACGGCCGCGGCC  
ATCGCTGCCAGGTCGGAATCTCTGAAGCCCGTGGTGACCAACTGCCCGAAGACAAGCTCAAGACCATCGAAAGC  
CTGGTGGCGGCGAGGGCCAGGTGGGCATGGTGGGCGACGGCATCAACGATTCGCCCGCGCTCGCCCGTGCCGAC  
ATCGGCTTCGCCATGGGCGCGGCGGCACCGACACCGCGATCGAAACAGCCGACGTCGCCCTGATGGACGACGAC  
CTGCGCAAGATCCCCGCTTCATCCGGCTGTGCGGTAGCACTGCGGCGATCCTCACGCAGAACATCGTTCTGGCC  
CTTGGCATCAAGGCGGTGTTCTTGCCTGACGTTACAGGGCATGCCACCATGTGGATGGCTGTGTTTCGCTGAC  
ATGGGGCAAGTCTTTTGGTTGTGCTCAATGGGCTGCGCCTCCTGAAGTTCGAAGGCGGCATGA

>C98, 399 Basen

ATGATCGGGATCGGTGAACCTGGGCAAGAAGGCAGATTGCTTGGTGCAGACCGTGCCTTTTTACGAGTCAGAAGGC  
TTGCTGCCCGAGCCTGCACGTAGCGAGGGCAACTTCAGGCTCTATGACGAAGTCCATTTGACAGCGCTTGTGTTTC  
ATCCGCCGCTGCCGGGCGAAGGACATGACGCTGGATGAGATCCGTCAACTGCTGAACTTACGGGATCGGCCAGAG  
TTGGGCTGCGGCGAGGTGAACGCGCTGGTGCAGCCTCATATCGCGCAAGTGCAGGACCAAGATGAAGGAATTGCGC  
GCCTTGGAGCGCGAGTTAATGGATCTGCGACGCTCCTGCGATAGCGCCGAACCTCGCGCGAGTGCGGCATTTCT  
AACAGCTTGGCCGAGCCCCGCTGA

>C99, 237 Basen

TTGGCCGTCGGCGCATGGCTCGGCTTCTTGGTTCGTGCATCTGGCCTTCCAGCACTCCAATCTGGGATACCGGGT  
GGGCCGTTGGGATTGTTGATCGGGGTGGCTGAAGCCCATCGCTGGCATCACAAGCGTGAGCACGAAGACGCCCAA  
GTCAACTACGGCGATTTCTGGATGCCCGGGGGCCACTTGTTCAGCGCTTTCGGTTCGCAAAAAGCACACGCTGGGC  
GCCAAAGAGTGA

>C100, 636 Basen

ATGGCTGAAAACACAGAAATCACGAAAACGACGAGTTGGGCCGCTAGATGCGAGCGATGCGAAGGACCGAAAG  
ATTCTTCTGACTGTGTTGCTGATCAACCTGACGCAGTCCGCCCGGCATTGCCCTTGGCATCTGGGCTGGCTCT  
ACGGCGCTGATGGGCGCCGGGTTGGACAACCTCGCCGATGCGTCCGTCTATGCGGTTAGCCTGTATGCCGTCCGTT  
CGTGCGGCAACGGTCAAGGTGGGCGCGGCCCGCTTGTGCGGTTTTCTTGCTAATCGGCCCTGGCCGCGCTGTGCTG

TTGGAAGTCTACGCCGCTTCGCTGGAGGGGAAGAGCCTGTCGGCCAGCCATGATGGCCATGGCCGCGCTGAAC  
 GCGGCTTTGAACCTAGTGTGCTCAGACTACTGCGCCGCCATCGCGGGGAAGATGTGAACTTCAAGGCGTCAGCG  
 ATCTTTACCAGCAACGACTCCATCGTCAATGGTGCATTGTGCTGTCCGGGGTGTGGTGATGGGGTTCGGGTCG  
 AACATCCCGGATCTGGTGCTGGGCGTCATCGTGGCCGCAATCGCAGCGAATGGGGGGCGGGAAATCCTGCGCGAA  
 GCATCGGAAACAGCTCGCCGTAAGGCGGGCACATAA

>C101, 2031 Basen

GCCGGATTCTCGGCGCCACGCAGCGCGGTGAAGGCTGCCTCAACGGTTCCGGCGTCACGGTCACCTGGTGCATCG  
 GCCATCTCGTGGAGGCGGCGCCCGCCGAGGCTACGACGAGCAGCTCAAACGATGGTCCGTTGAGCAGTTGCCCA  
 TCATTTCCCGAGCACTGGCGGGTTCGAGGTCAAACCGAAGACCGCCACGCAATTCAGGTGCTCAAGGCGCTCTTGG  
 CGAAGGCGACTCACCTGGTTATCGCCACCGATGCCGACCGCGAGGGCGAATTGATCGCCCGGAGATCGTGGAGC  
 TTTGCGGCTACCGCGGCCCCATCGAACGCTGTGGCTGTGCGGCTCAACGATGCGTCCATTTCGGGCGGCACTGG  
 GCAAGCTGCGGCCTTCGGCCGAGACGCTTTTCGATGTACCACTCGGCGCTGGCGCGCTCCCGTTCGGGATTGGCTCG  
 TGGGCATGAACCTGAGCCGGCTGTTACGGTGTGGGGCGACAGGCGGGTTACGACGGCGTGTGTCGGTTCGGCC  
 GCGTACAGACCCCGACGCTCAAGCTCGTGTGGACCGCGACCGCGAGATCGCGCGCTTCGTGTCCGTACCATACT  
 GGGCCATCGCCGTGTCCCTGTTTCGAGGCGGTTTCGACTTTTCGCCGCGCAATGGGTTCACCCGATGCGTGCACCG  
 ACGACGAGGCGGCTGCCTGCGGCAGCCGGTTCGCACAGCAGACCATGCAGCAGATCCGCGCTGCGGGCAGTCCC  
 ACGTCTGTGCGTGGAGACTGAGCGTGTCCGCGAAGGCCCGCGCTGCCGTTTCGACCTGGGCACCTTGCAGGAAG  
 TGTGTTCCAAGCAGCTTGGGCTGGACGTGCAGGAAACCTTGGAGATTGCCCAAGCCCTGTACGAGACGCACAAGG  
 CCACGACGTACCCCGCTCGGACTCCGGCTACCTGCCCGAGAGCATGTTTTGCCGAAGTGGCCACCGTTCTCGACA  
 GCCTGCTCAAGACCGATCCCTCGCTGCGCTCGATCATGGGCCAGCTCGACCGCTCGCAGCGCTCGCGCGCCTGGA  
 ACGATGGCAAGGTACGGCGCACCCACGGCATCATCCCGACGCTCGAACCAGGCGAAGCTCTCCGCCATGAGCGAGA  
 AGGAACTGGCCGTGTACAGGCTCATCCGGTTCGATTACCTGGCGCAGTTCCCTCCCTCACCACGAGTTTCGACCGCA  
 CTGTGGCCAAGTTTTTCGTGCGGGGGGCGAAGCTGGCGGCCACGGGCAAGCAGGTTGTTCATCCCGGGTTGGCGCC  
 AGGTGCTCGCCGAGCCGAGGCGGCGAAGACCGTGTGGCGAGGGCGATACTGCGGTCCGCGCCAGGTGCTGCCCG  
 CGCTCCGAAACTGTATGAGGGCCTGGCATGCCAGTGGCCGACGTCGATCTCAAGGCACTCAAGACGCTGCCGC  
 CCAAACCGTACACGCAAGGCGAGTTGGTCAAGTCCATGAAAGGCGTCCCAAGCTGGTGTCCGATCCCGCCTGA  
 AGCAGAAGCTCAAGGATACGGTTGGCATCGGCACCGAAGCGACGCGGGCCAACATCATCGCGCGCTGATCGCTC  
 GCGGCTACCTCGTGAAGAAGGGGCGGCCATCCGCGCCTCGGATGCGGCTTTCACTTTGATCGATGCCGTGCCGTG  
 CGGCGATTGCCGACCCTGGCACCACCGCCGTCTGGGAACAGGCGCTCGACATGATCGAGGCGGGACAGCTCACCC  
 TGGACGTGTTTCATCGGCAAGCAGGCGCGTGGATTTTCGAGTTGATTGCGCAGTACGGCAGCGCCTCCCTGTCCA  
 TCAAGGTTCCCAAGGGCCGGCATGCCCGCAGTGCGGCGCACCCACGCGCCAGCGCAGCGGCAAGAGCGGCCCCGT  
 TCTGGTCTGTCAGCCGCTACCCGGACTGCAAAGGCACGCTGCCAGTCAATCCGGCAGCTCCAAGCGCGGCGCCT  
 CGCGCCCGCGCCGTAGCGGCCGCAAAGGCTCCTGA

>C102, 441 Basen

CCCGAGTACCGCGAATTCCTCAATGGCAACGACGATCCTCGCCGGTTGCTCCGGCTGAACGTGTACTTCGACAAC  
 CCCGTCCCCACCAAGGGCGGCGAGTTTCGAGGACCGCGGGCGGCTTCTGGGGCGCCGGTGGAACTCTGGCACCACGAC  
 GCCGACCGCTGGCAGCAGCTCTACCAGAAGGGCATGCGGGTGTGGTGTGTCGGCCGATGGAGCGCGACCCCTGG  
 ACGGACAACGAAGATCAGCCGCGTGAGACTTGGCAGGTCAACGCGCGCAGTGTGCGCATCCTGCCGTACCGCATC  
 GAGTCTGTGGCCCTCAGCCCGAAGCCACAGGAGGCAGAGCCGAAGCCCCAGGCCACCCAGGAATCGACGGCGCCG  
 AAAGAGACCAAGCGCAGGAAGTGA

>C103, 528 Basen

ATGAGCAGCCGAACCGCGAACCAGCGCTACTTCCGTCGCTTGGAAACAGCCAGCCTTCATGCGGCTGGAACACGCG  
 GCCTCTCTAAAAGGCCTTTTTAAAGCCTTTTTAAAGGTAAGGGGACTTCGAGGCTGGGCCAGCCAGTGTCTCGCC  
 ATGCGCGACGAGTTGATTGCCCTGGCGCAGCGACAGGTGTGCCACAGGCGTGGGGCATCCCTTCCACCTGCTT  
 CCCGTCGAGCTGGCCCAGCAGACCACTGGCGCAGGACGACCTTTCTTCGCTGGCGCAAGCAGATCGATCGGCC  
 ATGGGCGTGGCGTTGTGGCAGGAGCTGATGGCGAGCCCCAGCACGCGGTTCAACCTGCTGCACGACCTGCACGAG  
 ATCGAACTGCAGCGCTCATGCTGAACATGCAGATCAGCCTGCTGCACACCCTGGGCAGGCAAGCACAGGAATGC  
 GCCAGCAAGGCCGCGCAGGCGGACAACACCTACCTGCGCCGGCTCGCGTCCGTTCTGCCGAGTGCAGGATCGG  
 TGA

>C104, 792 Basen

ATGGCAACCAGCAACGAACCAATTGCAACTCAACCTCGGCTCCCTGCGCAGCGGATGTCGCTGACGCTGCACACC  
 CACCACGCCTCGCGCATCTGGCATGGCCGCGCCGCGCCGAGGGGCGACCCGGCATCGTTCGGCTGAACGGCTAC  
 ATCGCCGTGATGAACAAGATGAAGCGCGGCTCGGAGCAGGACGACCCGTACAGCGACTGGTGGATGTTGCGCATC  
 GAGGAAAAGCTCGACCAGACCAGGACCACGTTGCAATCGCTGCGCGAGCAGGTTGACCAGGCACTGGCCGGCGTG  
 CCTGCGGCGTTGAGCCTGGGTGAGAACCTCAACGTGCAGCCGGTGAAGCTCCCTTGTTCGTGAACGCGCAGCTC  
 GGCTTTGCCGCGCTCTATCTGCTGGCCGACTACGACGACATCGCCCGAAGCTGATCCTCGCCACCACACCGCG  
 CTGATCGATCGCTCGACGTTGGAGCGCTGGCTCAACGAAGGTGCCACGCGCTGCGCAGCCTGTTTCAGCCTGGCC  
 CAGCAATAACCGCTACTCGGGCTGCACCCGCGGACTTCGCGGCAAGAACCGCCGAGCTCGGGCAGCATTGGAG  
 AAGTTTCGGCGAAGTCCCGCAGGACGTGCTCGAAGGCATGCGCCGCTCGAAGTTTTCGCCCGCCCGTTCGTGCGCCGT

GGTCTGCAACAGCGTGGTGTATAGCGCTGCCGACGCCGCATCTCCCACCGACGAAGGCGCTGCCGCCGATTTCGGCC  
GAGGCCAAGTCCACAGCCGCCGGCGAGGACGAACCGGCATGA

>C105, 1239 Basen

ATGGCCGTGGACGACACCGCCCCACGAGCCCAGCGCCCTGGCCCCATCGCACTCGCCGACCTGTTTCGACGCTGCG  
CTGAAGGACCTCGCGCCCAAGTCCAGCTCTGGCGCTCCCGCTCCCTGCCTGCTCCAACGCCACGCTCCTACG  
TCCGGCGACGCCTTCTGTTCAGTGGCAATCGGCACGAGAGCGTGCCGCGGGCTGTTCTCGACCGCCGCTG  
ACACCGCTGGAGCGAACGCCTGGCAGGTGTTCCGATTGATGCTCAACGACGATGGCGTCACGGCATTTCACC  
TATGACAGCTTGCGCCCTGGCTGGCGTCGATGCCCTGCGCAGGCCAGGCTCCCATGAGACCGTGGCGCGGGC  
CTGACGCTGCTGCGCTGACGCGCTGGCTGAGCCTCGTGCAGACGAGCGCGACCCCAAGACCGTTCGATCCTC  
GGCAACCTCTACGTCCTGCACGACGAACCGCTGACGCCGTTTCGAGGCGATGCAACTCGACCGGACTACCTGGCC  
CTGGTCAGCCAGTCGCTGGGGCATTTCGGCCAAGGCCGTCAGGTGGTGGGACTCAACACCCTCCAGGAGATCGCG  
GACGACCCGATGCTGTCCGGACGCACCTTGCCGTCGCGGCTGCAAGTGTGCTCGCCGAGCGCTGGCCGACCAGGGC  
ATCACCGCCTCCGAAAGTTATCCACAGGAGGATGCGGTCCACGATTCCGAAGAAGGGCCCGGAGCCTTCTTCGG  
AATGGCGATCGCCCATCTTCGGAATCCGAAGCAGGGCCGAAACCCGCGCCAGACGGCGCTCTTCGGAATTCGAAG  
CAGGACCGTACAGTACGTAGTAGTTCGATTGATGAAGTACGTACTACCGCGCAGGCGCGTGCCTGGGCGACCTG  
CAATGGCCCAAGCGCTTCGCGGAACCTGAAGGCGGAACAGCAGGCCGAGCCAAGATGGCGTTGCAGCAGGTGGAC  
GCTGCCCTGCGGCAGGCCGCTGCTGGACGAATGGGCCGACGGTGCGGCAAGCATGGCATCCGCAACCCCGCCGCT  
TATCTGTTTCGGCATCATCCAGCGCGCCATGCGCGGCGAGTTCAATGCCTGGGCCAAGCAGACCGGCCCGGCACCG  
CCAACACCATCGGCGGCGGAGCGCCACCAACCGAGCCGCCGCGCAACGTCGTGCCGCCGAGGTGGCCCGGCACG  
CACATCGAGCGCCTGCGCGATCTGCTGCGCAAATCCTGA

>C106, 561 Basen

ATGTCCACATCGCATCCGCTCAACCAGGCCGTGATTGCCAGGGCGTGTATGACCTTCGCAACGGCCAACTGCGC  
CGCTGCAAGGCCATTGGCTTCGGCGAGGCCGAGCTGGATGCGCTCAAGCACCCCGCGCTGATCAGCGTGTGGCC  
AACCGCAGCTCTCGTGGTGTCTCGGTACGGTCAACCGCAAGCTGCAGCGCTGCTCAACCAGGCACAGGAC  
TGGAGAAGGAAATCGCCACGGTTCGATCGCATGCTCGGCTGGGGCCAGCAGCGAGATGGTCAGCCGCTTCTAT  
GGCCTGACCCATCAGGAAGTCGCCCTGCGGCGGGAGATCCTCGGCCGTCGCAAGCGCAAGGGGCGCCACCCGTC  
CTGGACGAGACCCAGGACACCGAAGTGTGGCGGAATGGAAAGCCGTGACCAGCAGCAGGAACGTCGATCTGGAG  
GACGAGACCTCGATTCTCGATGCGGCCATGGACCTGGCCGAGGGCATGTGCTGCCGCTCTCGGTGGTCTGGGCC  
GCGATCAGGAAGTGGGTTCGATCAGGGATTGGGCTAG

>C107, 1680 Basen

ATGGCTGACATGACCTCGCAGGACATGGCAGGCAAGCTGCTCGCGGCCGGCTTCGAGCGCAGCGGCCAG  
CGGCTACGGCCTTGAGCGACCCGATCGCGGACACGCCCATGGTTCGTGACGCTGGACCAGTTGCGGCCCTA  
CGACCATGACCCGCGCATGAAGCGCAACCCGGCTTACGAGGAAATCAAGGCATCCATCCGCGAGCGCGGC  
CTGGACGCGGCGCCGGCCATCACGCGCAGGCCCGGCGAGGACACTACATCATCCGCAACGGCGGCAACA  
CGCGACTGGCGATCCTGCGCGAAGTCTGGTTCGGAGACCAAGGAAGAAGCTTCTTCCGCATATCGTGCCT  
GTTCCGACCATGGCCGGAGCGCGGTGAAATCGTTCGCGCTGACCGGGCATCTTGCCGAGAACGAACTGCGC  
GGCGGCCTCACGTTTCATCGAGCGCGCGCTCGGCGTCGAGAAAGCACGGGAGTTCTACGAGCAGGAGAGCG  
GCGCCGCCCTGAGCCAGTCGGAAGTGGCCCGCCGCTGGCGGCCGATGGCTTCCCGTCCAGCGGTTCGCA  
CATCACCCGCATGGCCGACGCGGTGCGCTACCTGCTGCCCGCCATTCCACTGTGCTCTATGGCGGCCCTG  
GGCGCCATCCAGTTCGAGCGGCTGTTCGGTACGTGCGCACGGCCCTGCAACCGCACCTGGGAGCACTACGCCA  
AGGACCGTTTCGTTCCGCTGGACTTCGACAGTTTCTTTTCAGGAGGTGCTGGCGCAGTTCGACAGCAGGG  
CGACGAGTTTCGCGCCGAGCGCGTGAAGACGAGCTGATCGGCCAGATGTCGAGCTGTCGAGCTGTTGGGCTCGGC  
TACGACGTGCTGGCGCTGGACCTGACCGAATCGGAAAGCCGCCACCGGGCGCTGGTTCAGTACCCGAGCGC  
CACCTGCGGCGCAGCCGGCTTGCCTTTCGCCCACCGCCGCGACCGGACTCCGCGGGGCGCAGCATCGTC  
CATCGCCACGCTGCAGCGGCGGCGGCTCCTCCACCCGCCAGCCCTCCGGCGTCCGAGCCACCTTTCGCGC  
CACGACGACACGGCGGTTGGCGAAGCGGCCACGGGAAGCCAGCCGGCCGACCGGGCGATCTGCTTCGCG  
AGCACATCGTCTCGCCAGCACCGACGACAGAACGGCTCCAATCGATCCAGCGCATGGTTCGCCGACCAGTT  
GGGCGATGCGCTGCCGCCGACTTCTCGGCGAGCGTGTGTCAGTCCATCCGGTGAAGCCGGCGGACTC  
TATCCGATCTCCGACGTCTGGTACATCGACGCCGGCCTGGACACGCCCGATCGGCTGCGCATCCACATCG  
CGCAGTTTCGCGCGCAGATCGCCGGGGAGGCGAGCCCTGGACGAGTGCATCGAGGATCGCGCCGATGGCAT  
CGGGTTTTCGCTGCCGCGCCCGCGGCAAGCCCCGTCGCCGCTCGGCCGCGCGGTGCTGACGCTGCTCACT  
TCCCTGACGGGTTCAGCCCGTTCGCCGAAGCGGGCCTGGACGGCGCGCAGCTCGCCGCCGACCTGCCGACCC  
TGTTGCACGGCCAGAGCCAAGGCCATGGCAGCGGCGCAAGGCGCTTTCGAGCGACACGGCGTTGGTCAAGCT  
CTTTCGGCTGCTGCGCCTCGCCCGGCTGCTGTTGACCTGGAAGCCGGCACCCAGGGCGCCGGGACGTTGA

>C108, 876 Basen

ATGCAGGTCGTGTTCATTTCAACGAAGGGCGGCGTCCGCAAGACCACGACGGCCGCCAACCTGGGCGGGCTC  
GCCGCGGACGCGGCCCTGCGCGTGTGCTGCTCGATCTCGACGTGCAGCCACCTTGTCTCTACTACGAACTG  
ACCCAGCGCGCGCCGGGCGGCATCTATGAGCTGTTGGCCTTCAACGAGCGCGACCTTGCCAGCTCGTGTCCCGC  
ACGATCATCGCGGCCCTGGACCTGGTGTGTCGACGACACCACGGGGCGAGCTGAACACGTTGTTGCTGCATGCG

CCGGATGGCCGCCTGCGGTTGCGGCATCTGCTGCCAGCACTTGCTCCCCCTCTACGACCTGGTGCTGATCGACACC  
 CAGGGCGCGCTTCCGTGCTGCTGGAGATGGCGGTGCTCGCCTCCGATCTCGCGCTGTCGCCCGTCACGCCGGAG  
 ATCCTCGCGGCACGCGAGCTGCGGGCGCGGCACCATGCAGTTGCTCGAAGACATTGCGCCGTACCCGGCACCTGGGC  
 ATCGAACCGCCGCCGCTGCACTTGCTCATCAACCGCGTCCACCCGGTGTCCGCCAACGCACGGCTGATCCAGCAG  
 GCCTTGCGCGACCTGTTCCAGGACAGCGCCGGCATCCGCGTGCTCGCCACCGACGTGCCGGCCATAGAAGCGTAT  
 CCACGTGCCGCAACGCGCGGCCTGCCGGTGCATCGGGTTCGAGCACCGCCAGCCGCCCGGCAGAGTCGCCCTGCC  
 GCGCTCGACACGATGCGCGCGCTCGCCAGCGAGTTGTTCCCGCAATGGCAGGACCGACTGGCTCAAGTATCCGGC  
 CGCCCGCAGCGACCTCTTGATCTGGGAGGCCCATGGCGAACGCACATGA

>C109, 222 Basen

GTGACGCCATGTTCGACAGACCCCTGTACTCCCGCCGAACGAGCGCCGCATCTGCGGCTCGATGAAGTCGAAGCG  
 AAGTCCGGCTTCAAACGCGCCACATCTACAACCTGATGAAGAAGCGCCAGTTCCCTCAGGCGCTGCGCCTGGGC  
 GTGCGCGCTGTCGGCTGGGATTCGATCGAAATCGACCAGTGGATCGCCGAGCGCCTCAACCACCGGACCTGA

>C110, 747 Basen

ATGCACAAGGACATTTCAACATCAAAGGTGTTCTATCGTCCCATCGAGGGGCCATCCGATGGGCTGGGTTGCTG  
 CGGTATCTCCCGATGATCCTGGCCACGATCGCGTACCAGCGTGTCTGCCTCGGTGCTGAACTGCCCTCGATGG  
 AATGAGTGCCGGCTGCACTCGGAACGTATCTATGACGGCATCCTCAACGGAGAGCTGCCCTACGGCAAGAACGGG  
 ATCACGCTCAATGATCCGAACCTGCTCAATTCTCTGGATCTGACTGTTCCGCATGTCGATCTAAAACGCTGGATG  
 CGCACCCACTATCCCGAGCACCGGCCAGGATTTCTGTTTCAGCCGTGGCGAACGCATGGCGCATCCTTTTCATCACC  
 ATGGAACAGGACAGGCGATCCTCGTGGAGCGGCTGGCCCTTCAGGCCGCGCTTGAACAAGCCCGACGTGAGATG  
 CGAGAACTGCAGGAGCAGCACGACACGCTACTCAAGCAATCCTCGGTGCTGTTGGCATCCAAGCAATGCGAGATC  
 AGCGAACGGGCGGAAACGACCTATCTCAACATCATTGGAGGGATGTTGACGCTGATGCTGAGCCAGTCGCCCTTCA  
 GCGTGCCTATTCCAGCTTCAAACGCGAGGAGGCCCTTGTCTCTGCATTGGTCGCCACTACGGCGGCACCATG  
 GGCATCACTGAGCGCACCTTAAACGGAAAGTTCGCCAACGCTAAGAGGTACGTTTCGTAGCGCAAGCGCATGA

>C111, 501 Basen

ATGGCTGAACATTCCCATGAACATCAACATCACACATCCGGTTCAGATGGGTAAGCACGGCCGACCATACGCCAAG  
 TTCTGGGTGAACATGGTGTGGGCCTCGTTCGTCATGTAATTCGTAATGTTTCAGCATGATCGACGGCCGACGGGAC  
 TTCAGAAACAATCTCAACATGCTCTACATGGCGGTCACTATGTGGGCGCAATGGGCATCTTCATGCTAGCGACA  
 ATGCCCGGCATGTTTCCAAACCGGCGGCTCAATCTCGTGTGTACGGCTTGTGTTGCCGTTCTCACACTCGGTTCT  
 TTTGCCGCTACCCGTGCTCAAACCGGAATCGGCGATCGACAGTTCATCGCGTCTATGGTCCCGCACCATTCGGGA  
 GCGATCCTCATGTGCCGCGAGGCGCAGCTCTCAGATCCGGAACCTCGTCAACCTATGCCAAGCGATTTCCGATGGC  
 CAGCGCGCGGAGATCGAGCAGATGAACCGGATTGCTGCACGCCTTCGTTGA

### 12.3.2 Plasmid pKLC102

#### **Gesamtsequenz von pKLC102(aus Stamm C), 103532 bp**

TGGTGGGTGCTGTAGGATTCGAACCTACGACCAATTGGTTAAAAGACAATTGGCCTAGGTCTCTCTAGGAAGGGTTTTAA  
 AGCCCCGTACCGATTTAGCTGAGCAGCCTCTAATGACCCCATTAGAGGCTATCTCAATGAAAAGCGACTTCGGTTGTATCC  
 ACCAAGGTGGTGTAGGGAAGTCCACCACCGCCGCAACCTCGGTGCATTTTTCGCCGATGCTGGCCTGAAGACCCCTCCT  
 CATCGACCTGGACCCCGTCCAGCCCTCCCTATCTTCGTAACGAGCTTCCCTGAAGTCGCCAGGGCGGCATCTACGACC  
 TGCTCGCCGCAACATAAATGACCCAGCGAGGATCATCTCCAGGACGATTATCCCAACCTGGACGTGCTGATTTCCAAC  
 GACCAGAACAACCACTCAACAACCTACTGCTCCAGCGCCCGATGGCCGGCTCCGGCTGGCAAACCTCATGCCGTCCCT  
 GAAACAGGGCTACGACCTGGTGTGATCGACACCCAAGGTGCGCGCTCCGCTTTACTAGAAATGGTCTGCTCGCATCGG  
 ATCTGGTTGTTTTCCCCCTGCAGCCCAACATGCTCACTGCCCGCGAGTTCAACCGCGGCACCATGCAAATGCTCGATGGA  
 CTGCGTCCCTACGAGCGCCTCGGCATGCGGATCCCTCGGTTTCAGATCGTTCATCAACTGCCTGGACCAGACCAATGACTC  
 CCGGGCGATTACGAGAATGTGCGTGCCATCTTCGATGAGCATCAGGACATTTCTGTGCTCGAAAACGACTGTCCCGGATG  
 CCGTCTGTTTTCGCAACGCAGCATCGCGCGGGCTACCAGCGCACCGCTCGAAAACGCGCAACCTCCAATCGCACATCA  
 GCGCCCGCGCTGGAAATCATCCGTAACCTGGCCATCGAGGTCTTTCCCGAGTGGACTGACCGCTTCCCTCGCGCTGACGCC  
 GGAGGCGGTAGCAGCACTGGTCAAGGGAGGGCGCTGACATGGCGAAGCCTCCTATCACCCAAGCCCGCAGCTCGACGCG  
 GAACTTGTGCTGCAACTGAACAAGTTCGGCAGCGCCCGACCTTCGGAGCCAACAGGCCAAGTTGACCGCGCTGCGCG  
 AGAAATACGCAAGCTGACTGGTGGCGGTACCGACCTGTTCCGGGAAGCTGGGTTGCTACTTGAGCTTCGAGCAAAAGCAGC  
 TCCTACAAGACGCTGCGCGCTTGTCTGACTCGGTGAACCAGCAGGTCGAGCATGCGAAGGAAAAGCGTATCGCGACGAG  
 AAACAGGCCAAGAAGCGGCGTGAGCTGCGCGGGCGCCTGGCCAAGCAACTGGTTCGACTCGAACTACCCGCTTCCGGGAAA  
 TACGCTCGAAGAGCGGCTGGAAATCCTGCAGATCGCGTTGATCTACAACCGGGCCAAGGTGTTTCGATCCCTGTACTCCA

CGCACCAGCTCCACTCAAACCTCAAACGCTGGCTGGAGCGTCCCAAGCAGCTCATCGGGTGGCGCAGTGAAGCCGAGTAT  
TTCGCAAGTCAGGTGGGGAGCCTGCGATGTGACTTCATTAGCCACCTGACTCACGAAATCGCCTACGACGATGGCAGTGA  
AGTTCGAGGAGCGCCTGCGCGTCATCAAGCAGAAGACCGCACAGATCGCTCTGACCAGCGAGGAGCAGGAAACCCCTTCAGC  
TCTGGACAGACGCTCTGCAATCGGCTCCGGAGGGCCTCATATGAACCTCCAGAACCACAACCTCATCCTGAGCCTGA  
TCGCCGAGACCCAGTTCGACGCCTACGTGCAAGGCTACATGGCCAAAGCAGGCGCTGCCGCCGGTGGCTTCCGACAACTG  
CTGGTCGAGGCTGAAGGTGCTGCGATACTGCAGGGCCTTGTGCTCCGGTTCGCGCTCAGCAGCGTGCCTGTGGACAGCC  
ACTGCAGAACGCCCTGCTCCAAATCGCCACGACCTACTGTTGCAGACGAAGTCGCAACTGGCCATCGCGCCAATGCCA  
GCTCGATCCACGTGATCCAGCGGGACATGAACAGGGCTATCTGGAATATCGCGACTGCCATCGATCACCTGGCCGAGTTC  
GCCAACCCCTCCAGGACCCGTGAAGTTCATCGAGCGGCTGATGCTCTTCGTCGGCAGCTCGCCTAGCCCGGAAGGCCA  
GCAACTGGCCGACAGGCAAGTGCAGTGTCTGGCATGAGCGAGGGGGCCCTGGCATGAAGCCTATGATTCAAGCCACCT  
GGTCGAGCGCGACCAGTTCGGCTTCTGGACCCATCCGAACCTATCCGGACCTGGCCGACAACCTGCTCTCCAGCGAGGCGC  
AGGAAACGCTGCGCCGGCTTGGACTGGAGTTGCAGAACGTCTTCATGGAGTCGGATGCGCCTCGCCTCTACGACTCTGCC  
CGTTCGGACCAACGATACAGCGAGTGGATCCCAACGCGGCCCAAAGGCGCCGGTGGTTCGTGCTGTGATCCACGATAC  
CGATAACGCGCCGGTGTGTGAGTACGTGCGACCGCTCGGAGAGCACCTGAGTCCAATCGATCTCGATGCGGCAGCAGAAC  
AGCATGAGCGCCTGCTCAGCGAGGCTTGTGCCAAGGCTTGAATCAGCGTGACGTGCGCCTGGCCAGGGTCGCCCTCGCTT  
GAGTCCAAGCTGGCCGAACCTGGAGAAGCAGGAACCCGTTGGTGTGATGCGCGCTCAAGCGAGATGGGGGTAGCGCCTTA  
CGCGGATATCTGGCCTTGGCTGGAGCCTGGCCAAAAGCTCTACACCACCCAGTAGCCAGGCTCAGCACTGCGTGGTGC  
TGGACGCTGAGAAGCTGATCGCACAAATCAAGGACTGTGCGTGCATGCCGGAGATCCCGAGCGAGCTGCAGCATTCAAC  
GATGCAATCAGCGAGGTACACGCCATGCTCGCCGGCGCCCTTCCCAAGCTAAACCCAGCAGCGACGAAGAGCAGGGAGG  
CAGGCCATGAGTGAAGCCAAGCTCAAGCCCTGTCCACTCTGCGGCAGCACGAACATTGCAATGCTGGAACCCGAGCTGCT  
CGACACCGATGCCTGGAACCTGTGCCATTGAATGCCTGGACTGCCGGGTTACACATCGGGCCGTCTACTGCGAGCCAGACC  
CGTTAACAGCAAGGTATTCAGCACAGGTGACTGGAACAGGCGCCCAAAGCGCAAAAAGCCCCGCGGACGAGCGTGAGCAG  
TTCTTGATGGCCAACTGCTCGCCGCCCTGGAGGTGCGACTGGGCAACGTAGCAGCCCTGGCTATTTGTCGACCGGGTACG  
GCAGGTGCGAGACCGAATTTACCCAACCTTCAAACCTCTCCCTGTTCCGCAGGCTGGCTCGATGTACAGGCCGAGCGCC  
GGCGCCAGATCGCCGTGCAAGGCTTCGATACCAGAACGACGACGCTAGCGCTGGCCAGATCGCCCTGGCAGCCGGCTGC  
TACGCGCTCCATGCGCGGCGCATCGGCACCGACTGCCCGGCGCATTCGGAATGGCTTGCATGTTCTGGCCCTGGGA  
CGAAGAGTGGTGAAGCCTAAGTTCGGCGCGCAAAAACCTGGTACGCGCCGGCGCTCTGTTGCTAGCCGAGATCGAGCGCC  
TGGACCGCTCCGCCACCGAGCAGGGCTCAACCTGCTGCAAGGGGAGCGGTAATGGACAAGCAAAAAGTCTTGGCAAGG  
TCGAGAAGCTGATGGCCCTGGCGAATGCCAAGGGGGCCACGCCGAACGAGGCGGAAACCGCATTCGCGCCAGGCGCGATC  
CTGAAGCGCCAGTTCGACCTCAGCGAAGCGGAGATCTCGGCCACACGGTGGAAAACCGGTGCGTTCCCACTCGAACCAG  
GCGCTCTCCTGCCCCATGGCTGCATGAACTGGCCGGATCTGCGCCAATTCCTTCGGCTGCGACTACCTGGCGGCATACG  
CGATGCCAGCGGGCTGGACGTTCAAGTTCATGGGCCGAGGGATCGGCCCTGAGCTAGCCGCTCACGCCACTCTACGCTC  
CACCACCAACTGGTGGCGGCGCGCTCGGCTCATGTGCTCAACAGAAGCGCTGCAAGCTGTGACCAAGCGCCGTGCGAG  
CAAGCTCTTCGTGCAAGGCTGGCTTCTCGCAGTGCCTTCGCTGGTACGTGACTTTGCCGGCAGGCGGACGAGTGCAGT  
AAGCAGCCATCAAGGCCTACCTCGAACTACACCATCCGGAGCTGAAACTCCTGGAGCCGGCAGCGCCGACGAAGCCCTG  
GCCTATGACCAGGCTTCGCTGCACGCAGGCTGGGAGCACGGCAAAAACACTCGCCTGCACCGCGGCGTACGCCGGCGAGT  
TCAGGGCGCGCTCGAGCAGGGAGGGTCCCGATGACTCGCTCTGCTCTCTCGAACATCGCCTACGAGGCTCTGGTGCCTGC  
CCGCCGCAATTCAGCAACCGAGAGGAGCGCTGCATCCGCGAAAACCTGGACCGCCGAACAGGAACTGGTGCTGCTGCGCC  
TGTATCCGGATATGCCGAACGAGGTCTGGCAGCCAGGTTGAACAAAACGCTCCAGCAGATCTGCTCCAAAGCGTATCGG  
CTCGGGCTGAAAAAAGCCCCGAGTTCCTCAAGAAGATCCGGCAGGACTGGGACAGCGCAACTCGGTTCAAGAAGGGGAAA  
CACCCCATGGAACCTGCGGCATGAAGGGGCTTCCCGCGCGAGGACGCTCATCGGAAACGCAGTTCAAGAAGGGGCAAAAAC  
CCCACACATGGCTCCCAGTCGGCAGCACGCGGGTCAGCGCTGATGGCTACCTGCAACGAAAGATCTCGGATACCGGCTAT  
CCCCCCGGGACTGGAAGAGCATCCACATCCTGCTCGGGAAGAACACGCTCGGCCCATCCCAACCGGCCATTCGCTGTG  
CTTCAAGGACAACAAGCAGAACGTCGTATCGACAACCTGGAACCTCATCACCCGGCCGACGATCGCCGGCAACT  
CCATCCATCGCTATCCACCTGAGCTGAAGAGCGCAATCCGCGTTCATCAGCAAGCTCAAGCGCAACCTCAGGAGTTCGAG  
CATGAAAAACAAGATTGAGGATCTGCGTAATCACCTCTTTGCCACCATCGAAGGCTGCTGGACGAAGAGAACCCTCTGG  
ATATCGAACCGCGGAAAGCGGTGGCTCATGTGGGTTCCGGTATCATCGAGTCCGCCAAGGTGGAGGTGAAAGCGCTGGAG  
ATCATCGGCGCCCCGGGCGGAAGCACGTTTCATGCAGATCGGCCGGGAGGACTCGAAGTGAAGTGTTCGGAACCTCACGCCG  
CCGCACTCCGTGAGGGCGGAGCAAGGGGTACTCGGTGGCTGATGCTGGACAACCGGCATGGGACATTTGTCGGCGATCA  
CCTGCAGAAGGAGGACTTCTTCCGGCATGAACATCGGCTGATTTTACCGCCATCAGCGAGTTGGCCGCGAAGGACGCCC  
CGTTTGACGTGCTGACGGTGTGCGAAGCGATCGAAGACCTTCCAGAAGCCGGCGGGCTGGCTACCTCGGCCAGCTCGCT  
GACAACACGCCCTCCGTGGCCAATATCGAGGCTTACGCGCAGATCGTTTCGCGATCGGGCGCACCTGCGGCAGTTGATGTC  
TCTCGGGCACCCTGCACCAGAACCCTCGAACCACCAGGCGAATCCCTGTGAGGTTACAGGAGGAGATCGAGCAGAAGC  
TGTTTCGCCCTCGGCCAAGATCAGCACAAAGTCCGACTTTGTGATATCAACAAGGGCCTCGCGAAGATCGTTCGACACCATC  
GATTACCGCTTCAACAACAACGTGACGGTAACGGGGTCCCGACTGGCCTGAAGGATCTCGACGAGCTCACCGGCGGACT  
ACAGAAATCGGATCTCATCATCGTTCGGTGGCCGCCCGCGATGGGCAAAAACGTCGTTTGGCCCTCAACTTGATCGACGCCG  
CGCTGCAGAGCGAACAACAGAAGTCTGTCCAAGTTTACAGCATGGAAATGCCAGCAGAGCAGCTGCTGTTACGGCTGGCC  
GCCCTGCTTGGCCATCTGGACCTTGGCAAGCTGATGAAAGGCCAACTGCAAGAGGAGGATTTGGCCCCGGCTGTCTGTGCG  
GATCAAGCGCATAAACGGCTATGGCAGCCGCTGGTTCATCAACGACCAAGGGCAACCTCACGCCGACAGAGCTGCGCGCCA  
AGTTTCGCCCGCGGGCCAGGAAGTACGGCACCCCGTACTGATCTTGGTCGACTACCTGCAGCTGATGCGCTGCCAGGC  
CTGGAAAACCGAGCTCAACGATATCAGAGATCTCCCGCTCGTGAAGCGCTGGCCAAGGAGATGGACTGCCCCGCTGCT  
GGCCCTATCCGACCTCAATCGCACCCCTGGAGAACCAGGCGGAACAAGCAGCCGAACAACCGAGACTGCGTGGAGCGCGC  
CGATCGAGCAGGACGCGGACGTGATCATGTTTCGTGTACCGCGACGAGGTTACCACCCCAACCCGAGGCCAAGGGCAT



GCCGAAATCATCATCGGCAAGTACCGCAACGGCCCGATCGGCACCGTCCGCGCCGCTTCATCGCCAACCAGACCCGCTT  
CGCCGACCTTGCACCAACTTGGCAGGGAGCTCTTGCATGAGCCCCCTTCATTGAACTTCCGATCTCTCGCCGGCGGGAGCC  
GGCAAGGAGTCTAGTCATGCGTGACCAGCAGCCCCGCTAACAATCTCCTTTTCGATAGCGAGCGCCGAATGGATACAAGCCT  
TGCAGAACTTCTGCCACCACGGACGAGTGTATGACGGGTCCACCCGCAATGCCTGGCTATTGGATGCCTGCCTACTTGT  
CCCAACGCTGCCCTCATCCACGGTGTATCGAGTACGTTCTTAACAGCCGTGAGGACATAACCATACGGAGGGCTACGCCC  
AAGCTGGGTAGCTCAGCGGCTCAAGCAGGAGGGATTGATTAGTACCCGGTGCGGGGCAGTCTTGCCTGGCAGGAGCAGC  
GCTATCGCTTTTCCACGGTGGTCAGGATCGACCCCGAACAGATTTGGCCCCGATAAGCGCTCGAGACCCGAAGCATTGCTT  
ACCGGACCACTAGATAGCCAGGAGCTTGGGGTAATTGAAATCCTGGCGCATCCGAACGCCAGACGTCGTAGTCCGTCCCC  
GGTGCGCCAAGCAGCACTGGTTCGATCTTCGCTAGCCATACCTGCTAGCCCTTTCATCCCATTGCAAGTCCGCCAGCTC  
TTCATGCAGTGTAGCCACCTATCCCGAATTGGCATATCCCGAATGGTTTCCAGTGCCAGGAGTAGCGACGCATGAGCG  
CATACTCAATGGCGTCCATGCCCATAGCCTCCAGCCTTTGTACGTGCCAGTGAGTTACCAAGGGTACACAACACAAAG  
ACTTGGCTTATCCATTGGGCTCTGGCCATCGTCATAGCCAATCCGTCCCCGTTTTTGTGAGTCAGGAACGCATGCCTGGAT  
CTGGATAAGCATCTCGTCGTATCCAAAGCGGTATTGCTTTCGTATGCCGGACCTCCTGTGGTCTGGGTGGGTTTTGTTGG  
CGACGCCAACCTTACCACCGGATGTGTCCGGCTCCCTTCTAGCAGCGACCGTCACGCCTTACAGCCTACCGGTCCTGCAA  
CCTCATTTTTTCATCTCATCTTCCGCTGCCAGTTGCTGGCCCAAGCCGGCAAGGAGCCCATGCATGAACACCTCCCAGCAC  
CTGGTCACCCACCAGTGCATGAATTGTGGTCAGCACCACCATAACCACCTGGTGCGCCAGATTCTTCCCGCCGAGAACAC  
CCCAGAAGGAGAAGCCGAGGTGTTGGTCTGCCCTGCTGCGGGAGCTACGACGTCCATCAGTTGGAGGCTGTCTTTGATG  
AACACTGAAGCCCGCTTTCCGAGTATCCACGCCTCGGCCGCTTACCAGACTCGCGGTGGTTCATGCCAATCACGTTGG  
GGTCAACCCCATCGAGCTGGACGCCCTCAGCCAAGTGATCTCGCGCCTTTCGCGGGACGAGAGCACGGTCGCACCCAGTT  
CGATGGAGCGAGAGCTTCGTGAGCTGGAGGAACTGGGGTACATCGAAATCTCGACCACCCAGGCCGGAACCTGGTGGTC  
ACTACGCGCGCTCCGGGGCAACTGCTTTCCGGCCTACTTCTGGTCCGTATGGATCCCTCGCCACCTGTTAGTTGCTCGCT  
GAAGGTGAGCTTGATGCCACACCTCTGCTGCGGCACTCAGGGCTCCCAGCACCTCACCGCGGTGTTCCGCATTGCAGGCA  
GCAAGGACGCCGCACGTGAGTTCCTGCATCAGTTGGCCAACAATATCCCGGGCATGAGCCCCGAGTTGCCCGAAGTGGTG  
GCCGTTCCAGGTCCGTGATGCACTCAGCAAGGAGGCCGAATCATGAAGGCATCCAGACCTATCAGTGCATCGTCAAGTTC  
AATGGCGCCGGCTTCTGGACCAATACCATTGAGAAGCAGCGTGCACCTGCACCTGGAGCGACAAGGTGGCAGCCTCCCG  
CCTTGCCGAACCGGCTGTTTGGCGAGGACAACGCCTACATCCCGGCACAGCCGAGCCAGCCAGTCAAGCGCA  
TCCGAGCCGCTGGGAGCTGTGCTGTAGAAATCCCAAGGAGGTAGCGCGCATGGCTGACCTGCTACCAGCCGCT  
CGAGCACTTCCAGAAAGCGAGCTGATGCTCGAGCTCAAGTTGCGTGAAGGTCCCTTCGTGGATCTGTGAACTGCGGGT  
ATCACCTGGATGGCAGCGCGCACAGCCCTGCCCTGACTGCGGAAAGTTCGCGCTACTGGACCAGCGGTTGGAGTGTAGGT  
CGTGGCCATCGCTTCTCGGCAGCAAGGGAAGAGTGGGAAAGCCGCTCAGGACACGGTCGCGGGCACCTGTGCGCTCAAC  
GGCACAGTAGCAACTGACGACGTATGCACTCAACTGCGCACAGAGGTCCGCATGCTGCGTTCGCGCATGACGACCTGG  
CCTGCAGCCGGCAGAGCGATCGTCGCAGCCTTCCAGGCGTGGTGAACGCTCTCCTGCATGCCCGGCCACCGACAGCCTT  
CCCCGCTCCTTGGCAGAGATGGAGACCTGGCTGCAGCTCAACAGTAGTGAGGAGACCAGGATGCGTAGTTTTCTTCCGG  
GCGCCCCGGAAAGCGTCCGCCGGCTGGTGGCCTTCGCTCAAGCCGAAGGCTGGAGCGTCGACCGCTCCGCCGGCGCCAC  
TTGAAGCTCAGCAAGATCGGCTGCGCCTCGATCTTCATCTCTTCCACGCCAAGCGACGACGCGGCGAGCTCAATGCCCG  
CGCCCTGCTCCGTGAGCCGACAGGCAGCGTTCCTGAACCAGGAGTCTTCTGATGCCTATCAAACACGCCATTGTCCA  
CCTGATCGAGAAGAAGCCCGACGGCACCCCGGCCGCTGCTCCACGCGCGGACGCCGAAGTGGGCGACTCCAGGCCACCG  
AAAACCTGCTGGCCGACCTCAACGAAAGCTACAACGCCAAGAACAAGGCTGGGGCTTCTTCTACGGCGAGTCCGGCGCC  
TACCCGTTCCAGCGGCTGGCTCGGGCAGTACCTGGACGGCGCCCGGACTTCGTGCGGCTTCCAGCCGGAAGCGGTGGAGCA  
CCTGCAGAAGCTGATGGAAGAATCCAACCTCTCCACCAGCGGCCACGTGCTGTTCCGCCACTACCAGCAGGGCATGACCG  
ATTACCTGGCGATCGCCCTGCTGCACCACAGCGAAGGCGTGGCGGTGAACGAGTCGCTGGAGGTCTCCCCGTGCGGGCAC  
CTCGACTTCGGCCAACTGTACCTGGCCGCGCGGATCAACATCTCCGAGTGGCGTAACAACAAGCAGTCGATGCAGTACAT  
CTCGTTTCATCAAGGGCAAGGGCGGGGAAGAAGGTCACCGACTACTTCCGATTTCATCGGCTGCCAGGAGGGCATCGACT  
CACCGGGCGAAACCCCGCCCTGCTCAAGGCTTACAGCAGTCTCGTGAGAGCGAGGGCATGGCCGAGCAGCAGCCCGC  
GAGAAAACCGAGACGCTGGTTCGACTACGCCACCTCGCAGGCGCGCATCGGCGAGCCGATGACCTCGACGCGCTCTCGGA  
ACTGATGGACGAGCAGCAACCGCGGGCTTCTACGACTACATCCGCAACAAGGGCTATGGCCTGTGCGCCGAAATCCCGG  
CGGACAAGCGCACCTCAACCAGTTCCGCCGCTTACCAGGCCGCGCCGAAGGCTGTGATCAGCTTCGAGGGCGCACTTG  
CTGGGATCCAGAATCGAGTACGACGAGGAGCGGACACGCTGCGGATCAGCAGTCTCCCCACTCAACTCCGCGACCCAGCT  
CAAGCGGCGCAAGGCCCAAATTTGGAGAATGACCATGGCCCCGAGAAACCGAAGATAAGTTGCTTGTCCGTATGCCCTTGGG  
CTTGGCGGATCAGCTAAAGCAAAAAGCCGCGCATAACCACCGCTCGGCCAACAGCGAGATCGTCTACCAGGCTGGAGCGCA  
GCAACGAGCTCGAAGAAGAAGTTCGCTCGAGCGAACCGAATGGTCGACGAGCTCTTCGCCAAGAACCAGGCTCTGCAGGCA  
GAGCTAGCTGCGGCTAACACGCCTCAGGTGGCAGAGGCATGACAATGGCCAAGATCAACCCGCAAGATCTGAAAGACCGA  
CTGCTTGGCCCTGGTTTTACCGCGCCGCGCCGTTCTTGAACAGTTGTGCGACCCGATCAGCGACACGCCCATGGTGTGAC  
ACTCGACCAGGTCTCCCTGGCACGATAACCCCGGACCACTCGAAACCCGAAATACGATGAGTTGAAAGAATCGATCC  
GGCATCGAGGCTCGATACGCCGCCACCCAGTGACTCGACGCCCTGGGGAAAGACAAAATACCGCATTCGCAACGGCGGCAAC  
ACTCGCCTGGAAATTCTCAACGAGCTCTACAAAGAAACCGGGCAGCAACGTTACTTCCGCTTCAACTGCCTGTTCCAGGCC  
CTGGGACAAGCAGCGCGGGCAAATCATCGCGCTGACCGGTCACTTGGCCGAAAACGATTTGAAGGGTGACCTCAAGTTCA  
TTGAGCGAGCCGTGGGCATTGAGAAAGCGAAGGCCTTGTATGAGAAGGAGAAAGGCGAACCCGTGCGCATCCGCGAGCTG  
TCACGGAAGCTCACCGATGACGGCTATCCTGTTTTCACTCACACATCAGCAGAATGCTGGATGCCGTTGAGATACTGCT  
TCCAGCTACCTGTGATGCTGTATTCCAGGGCTCGGTAACCCGAAATCGAAAACTCCTGTCACTCAGAAAGTCCGGCAT  
CCTCCTGCTGGGCACTATACGCCGGTGAAGGGATTGACTTTGAAATGCTTCCAGGACACGCTGGCAATCTTCGCAC  
AGTAGCCCTGACGAGTTCATATTCGACCGCTTCCAGGACGAGCTCATCGATCAGATGAAGCGCCCTGGGCTGCGTTA  
TGACCAGATCCTGCTCGAGATCACCACGGCCAGCAGGAACAGCGCCGGGGCACTCTGGTTCGACCTGCCCGCACCTGCCT

TACCACCTGAAATCCCACCAGTAGGGCAGGAAAGTCTGCCGCGTCTGACTACTGGACAAGCACAATCACAGAGCCCCGCT  
GCCGGCCTCCAAACGTCCAAGACCAATAGCCTCCCGGGTAATCCCTCTACCCCGCCAACTCCGCGCTACCTGTACAACA  
GCAGCAACTGACCGATGAGGAGCGTGCAGCGCTCTTGGCAGGCCATATCGTGAGTCCGGTATCGACCAAGATCCAGCAGA  
CTCGCCAACGTCTGGCCGCTCTCGAGGGTGAACATCTACCTGTCTTCGAAGAAAACAGCTCTTCACGCAATCCCGGTGCAA  
GTCGGCGGCCTGCACCCGATTACCGACCTCTGGTACATCGAGCGGTGATCGATACTCCGAAAATCCTGCGACAGCACAT  
CGCTGATCTGGCTGAAGAAATCGCTCTGCACGTGGCGCCCCAGGCGAGATCGTCAGGATCCAGGGCGGTGTGGGTTACA  
CGTATCGCGAGCCCAATGAAGACCCTGAGATTACTGATTACAGCGCTGCACCTCATGACGCTGCTCAAGCGCTCAGCGGC  
CAGGTCCAAGTCGTCTGAACCTCACACGACCAGCAGACCTGCCGCGACGCCCTGGGCGAGTTCAATTCTCAGCTGGCCT  
CGCTCAGTTGCTGCTGGGCCAACCCACCACAGGCATCAGCCATCCCGCCAGGCGAGCCGCTCAATGACGAAGCCCTGG  
TGAAACTGTTCCGGATAAATTCGTCTTGGCCGACGCTGGTTGACCTTGAGCTGCCCGCCGCGCTCCGAGCAAGCAGCT  
ACCGACCAGTGATTTTCGCACGATTTGGGGAGGGATCGACATGTGGAAGTCGTTGATCAATGAAGCGGTCTTGACGCAGGT  
GATCAACCACCTGCGCAACGGCCAGCTCAGGCGTTGTGCCGAGATGGGACTGCGGCCGGAGATCCTGGCCCAGCTCCAAC  
AGCCCGCGCTCATGAGCATCCTGACCAATACCCCGGTTTCTTGGGTAGACGTGAGAGTGAACATCGACGTGATGGAGAAA  
ATCCTGGCCACAGCCGAGCGCAGCGCGCAGGAAGAGCTGCAGATCGAACGCGCACTGAAGCTGGGAGCCACCACAACGAT  
GATTCAGAGCTTTTTCGGTCTGTGCGCCGAGGACACCGCCACCAAGCGCTTGATCTTGAGATCCACCCGCGCCGCGGTC  
GCTGGCGGCAACTTGACGAACAGACCCGAACGCCAGATTTGGTTCCGCTGGGAGCACCTGATGCAAGAAAACCAGGTCCGC  
CTTGAGGACAGCATGGAGTTGCTGGACATCGCGATGATCCTCACCAGGAAGTCAACGCCGAGTCAACAAAGACAGTCC  
AGAGTTCATCAGCCTCGCCATCGTTTTGGTCTCTCATCCAGAGCTGGTTGAAAGACAGCCTCTACCAACCAAACAGGAAAG  
AACAGGCCAAGCCCGCCACCCTTTACCTGGCCAACGTGACGCTCACCTCCCCCTCGCTACGGCTCACCCGCCACAGAGC  
CCCCGCTTGGAGATTGAGTCTGCGCAGCAGCAACTCCTCAACCTGGTTGAGTCCGAAGGCGATACGACACCATGACAATG  
AGGCTGTGCGCTTTTCCATTTTCTGACTCTGCTGGACTCGGCCTCGGGACATCTCGAGGGCCACTTGTTTAAGAAGCGGCT  
TGATGCCGAGAGCGGCGAACCCTGGCTCAACAATATTCGGGCATCATTTTTCAGCGGTAACCCGCATGAAACCGTTCCCTC  
GGCGCTGCTGCTGGATAAACGCCTCACCCCGCTGGAGCGGAAGTCTGGCAAGTGTTCGCTTGTCTCATCAACGACGAC  
GGGCTGACCGCTTCCCTACATAACGACTACGCCCTTATCTCGGCATGCAGCCGGGTAAGATCGCCTCGCGGAAAC  
CATCGCCAAGGCACTCAAGGTCCTTTCGGTTGACACGCTGGCTCAGTCTCGGCCGTCGCTGCGCAACGACCTCAACGGGC  
AAGTACTGGCAACAGTCTACATCTCCACGCAACCGGATCCTCCCGCAGAAGCCCTGGAGTGGACCCGACTACATG  
CAGTTGCTGAGCAGTCCACCGCGCAGCAGCAACCGGACATACCGGAAATCGGCCAGTACATGGCCGGAGTTCAGGGA  
TGACCCGGACGTTGGTTCGCGCCTCCCAACCCATCTGGAGAAGCTCGAGGGACGCTTGAACACCAGCAATGGGCTATTG  
ATAGTCAGCTCGAAGCGGATCCAGCGGCAGAGTTCGGCATCCGAACCTCTGCCGATCTACCTCATTC AACCCCGAGTTTCG  
GATGCCGAACCTCAGTGAAATCAGCGGCAAGCAATGCGCTTTACCCTGAGTTCGGATGCCGAACCCAGACAGAATCCGCC  
GAGTACGCCCTTGGTTTCGGATGCCGAACCTCATATAGTACGTATAACAAAAGATTCAGTATGTA AAAAGCCAGTAC  
AACCGCAACACGCGAGAAAGCACATCCGAACCTGGCAGGGCCTCTTGCACGCACTGGAGGCCGAGCAACGGATCCAGGCG  
GTAAGCGCGCTCCGACGAGTGTCCGAGGATCTTCGGCTACCCATCATCGAGCAGTGGCAGCACCGATGTGCCGGCGGAAC  
CGTCCGTAATCCGTTTCGGCTACCTCATGACGCTCATCCAGCGTGCAGTCCAGGAAAAGTTC AACGCTTCTTGGGCTCCGG  
AAGAACCGGCTGAGCGAACCATCCAGCAGCGGAACGCCCATTCGTGCTCCAGCACCATCAAACCCACAACGCTTGAA  
CAGCCCCAAGTTCAACTGCGGGGTGATACCCGGACAGGGAGCGAGGTA CTGAGCCGCTCAAGGACCTCATTCGCGCCAG  
GCACGGATCGAGCGTGCCATCCGAGCGGGGTGATGAGCCATGAGAAAAGTCTCGGTCGGGCGTCGTGTTTTTTGGTGATGC  
GGCCCGCATCACTCTGCCAGGTCTGACCTCGGCACCGGTGGCGAACTGGGTGTTTTCCAGTGAAAACACTCTGCCAAGGA  
TCGACCTCGGCGCCGCGGCGAATTGGGTGGCTCCACTGGAACCACTTCACTAGGAACCAACCTCGGCGCCGGCGGCGGAG  
CTGGGTGTTGCCACTGGCAACACTCCGCCAGGACCAGGCTCGGCGCCGTCGACGAGCTGGGTGGTGGCACTGGCACCAC  
TTCACCAGGATCCGGCCTCGGCGCCGGCGGCGAGTTGGGTGGTGCCACTGGCACCCTTACCAGGATCCAGCCTCGGCG  
CCGTCGACGAGCTGGGTGGTGCCACTGGCACCCTTACCAGGATCCGGCCTCGGCGCCGGCGGCGAGTTGGGTGGTGCC  
ACTGGCACCTTACCAGGATCCAGCCTCGGCGCGCTCGACGAGCTGGGTGGTGCCACTGGCACCCTTACCAGGATC  
CGGCTCGGCGCCGGCGGCGAGTTGGGTGGTGCCACTGGCACCCTTACCAGGATCCAGCCTCGGCGCCGTCGACGAGC  
TGGGTGGTGCCACTGGCACCCTTACCAGGATCCGGCCTCGGCGCCGTCGACGAGCTGGGTGGTGCCACTGGCACCCT  
TACCAGGATCCGGCCTCGGCGCCGGCGGCGAGCTGGGTGGTGCCACTGGCACCCTTACCAGGATCCGGCCTCGGCGC  
CGCCGACAAGCTGGGTGATTCCACTGGAATCACCCACCAGGGACCGACCCAGCGCCGGCGGCGAGCTGGGTGATTCCGG  
CCCGAACCTTACCAGGGATCGACCTCGGCGCCGGCGCAAGCTGGGTGTTGCGGCCCGCAACTCTGCCAGGTCTCT  
GGCCTCGGCGCCGAGGGCTATCAACTTCTCCCTCCCAATAGGAACCGAAAAGATGTGCGACTCAATCGTGTATGCCCTA  
TGGACGAACTCGAATTCGAGCGGCTGCTAGGGCTGGCAACCTATTCAACGACAACGATGAATGGCCTATCGACTTTACG  
GAGCTGCAGGAACTGAGCGAGCTGCTCGGCAAGCTCAAAAGTTGCGTGCAGCTAGCGATAGACAACGCCCTGAGGGGGC  
CAAGAGCTGAAGGAAGCCAACCTCCATGAGCCGCAAGCGGGATGATGATGAACCCGCACTGCCAGCGGAAATACCCAGC  
TGCGAACTATGTATTTCTACTGCGCGCTCCTACCCCGATCAGCAGCATGTGGCCGTACCCCTCCCTATAAAGGAACACT  
GCACCATGGCTGAAACCCATCGGCTTCAGATCGGCTCTCTCCGCAGCGATGTGCGCCTGACGCTTCACACCTATCAGCC  
GCCCGCATCTGGACCGGCCGGCAGAAAGTCGGATGCCAAGCACAGCATCCTCGGCCTCTCCGGCTTCTGCGCATACGTGAA  
TCGCATGCACCGCGGGGCGAGCACAGGACGATCCGTA CTCCGACTGGTGGCTGGTTTCAGATCGAAGAGAAAAGTCGAGAGCT  
GCCAAGCCGCGCTCAAGGCCATCGACCAGCGCCTGGATGACGTGATGGCAAGCTGCCAGCGACCCCTCGATATCTCCGAG  
AACTTGTCGCTCACACCGGTCAAGGTCCCGTTGTTTCATCTCCAACCTCTCGGCTTCAAGGCGGTCTATCTCTTGACCAA  
CTATGACGAGCTCGCTCGCCGAATCTGTGGCCAGCAGCTCGGGCTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
ACGAAGCGCGCTCGGTGCTGCGCAGCCTTTTTGGTCTGGCCAGAGCTACCAGTCTCGGGCGCCACTCGCGACGACTTC  
GCCGGAACAACGCTCGCGCCGAAGCCGCGCAGAGTGTACGAGAAGTTCGGCGAGATCCCGCAGGACATCCTGGAAGG  
CTCCCGACGCTCGAACTTCGCTCCGCCGATCACCCGGGCGCTGACTGACGGTGATGCCGATGATGACGCTGACCCGTGTCG  
AGCTCGAGGACTGATCGGAATGCGGCAGCTCGATAAGGACCAGCAAGGCGCTCTGCAACAAAAGTGCCCTTCCGCCCCACTGC

AACAAACTGCCTTCCAGGCGCTGCAACACAGTGCCTCACTAAAAGGCCCTTTTAAAGCCTTTTAAAGGTAATAGGGAGCTG  
GCCAGTTGGCGGAGCAGTGCGAAGCCTTGGAGCAGGGATTGCTTGAACCTTGCCAGGGACTGCTGGCCAGGTTTCGTGC  
CCCGCCCTTCACTCTTCTGCCACCCGACTCATCGAGCAGCGCACATCCGCCCGACAACCTTTCTTCGCTGGCAGCACA  
TTGCAACGCGGGCGGATGGGCGTGGGGTGTGGGCGGAAATGCTGCGCCAGGACAAGACCCCGGAATACCTGCTGCAAGAC  
CTCTACGAGATGGAGCTGCAGCGCATCACCTCAACATGCAGATCAGCCTGATCCACTCCATCGGCAAGCAAGCCGCCGA  
GTGTGCGGAAAAGATGGGCCAGGCCGAGGCCGAGCTCATGGGCCGACTGCAGCAGAGTCAGACCCGCCCGGTTCCGTGG  
GCATGTAGCTGTACCGCTCTACACCTTTCGAAGCGATCACCAACGGAGAAAACAGCATGAGTAACGTCAGCAACCCAGCGG  
TAAGGCCGTATCCCCTCGACCACCCAGCCCTCCACCGAGGTCAGCGTCGAGATCACCGGCGGCAAGCCACCACGACCA  
GTCTCGACGTCGCAAGCATTTTTCGGAAGCAGCACAAAGGATGTACTCAAGAGCATTGCGAACCTGGAATGCTCACCTGAG  
TTTACACAGCGCAATTTTTCGCGCGTGTACCCGCCCTGGCTCCAACAACAAACCGGAGCCGACTTCCGCATGACCCGAGA  
CGGCTTACCTTCTCTGCATGGGATTACCCGGCAAGGAAGCCGCCCGGTGGAAGGAGGCCTACATCAACGCCCTTCAACA  
AGATGGAACAGGCGCTCATCGAGCAACCCGAGATCCTCAGTCACAACCACCTGCTCCAGTTTCGCCATCAAGACGCTCGAC  
CTGATGCGCGACCACACCCTCGGCGAGCCGGCTCGCCCCAGGACAGAAACAGGTGCTATGCAACTACCTGGCCGTGAGTC  
CTTGACGCGGCCACTCCCGAGCAGATCAAGCAGGCCCTGAACTTCTCCAGGGCCAGATCATCGGTGAAGGTGTGGCCG  
CCAAGTCTTGGCCAGCGTGGCCGGCTCCTCCATCGCCAAGGACCTGCTCTACGGCTTGTGCGCTCCGCTCATGACCG  
GAGCTGCTGTTCAATTCCCTCTACGACAGTGGCGTCGAAAAGCTGGCCAGCGAAGTGTTCAGGAGCACATGGCCAACAC  
CTTGGCTGCAACGTCTCGGCAAAACCCGTGAACTGCTCGGGTACGTGGCCAGCCGCGCCACTCGTCCCCCTTCAAACCAC  
GCTCCACCCACTAACCCCTACTCAACTGACTGGAGATTATCATGCTACCCCGTCTTCTGGGAAGGCAACATCGGCT  
CGGCGCCGGAGCACCGCAGCTTCCCGAACGGCAACAATCCCCCGCGGCAGTTGCTGCGTCTCAACGTGATGTTTCGACAAC  
TCGATTTCCCGATGGCCAGGGTGGCTACAAGGATCGCGGCGGCTTCTGGTGCAGTGTGAGTGGTGGCATCAGGATGCCCA  
GCGTTTTCGCCGAAGTGTTCGCGAAAGGTATGCGCGTCAAGGTGGAAGGCAGGGCGATCATGGACCCTGGCCCGACAAAG  
AGTCAGGGGAAGAAGTCCAGGCGCTGAAGGTGCAAGCCTCGCGCATTTCCATCCTTCCGCATCGCCTGGCCGAGGTCACC  
CTGTTGCCGTCTACCAACGGCCAGTCGACACAACATCAGCAGTCTCGGCAGGTGCCCGCAACCTGCTCAGCAGGATGC  
GACTCGCAGCAGGACTACGACAGCGCCTTCGACGACGACATCCCCATGTAGCAGGCGGCTTAATTTTTGGCCGCCATT  
CGTGAAGCTGCGGGTGGCAAGCACTACTCTTCGCCGCCCGCAGCCTTAAAAACACTCGAGCAACTGGATCAACCACAA  
TGATCGAAATCGACTGAGGGAAGAAAGGCTTCGACTGGAAGCCGTGTGTCAAAGAAAGCGACCGATACCGACAAGCTG  
GACAGACGACACTTCAACGATCCCCACCGGACTGTACGGGCTATTGGTGTGCTGAGGCCGCGGAAAGGCTACGGGTGTT  
CGACTGCCCTACAGTCATCCTGCGATGCGGGCGTCTGGTTGAAAGGGTTTTGCCAGGAGCAACAGCAGCTCGACT  
TCTGAAAACAGGTTCCCTTTTTCCCTCGGTTCTTCCCGACGAGATCTGGCAGATGGACCTTTGCCCTACTTATTCGTCT  
TCCAGGGGTTCCAACCTCCCCGTAGAGAGGGATCTCGTCCAAGTACATGTCTTCGGGACGGGCCAACCTCATAGGCGCGGAG  
AATCTTCTGTGCCAGGGCAACTGCTTGATCCTTCGGAACAACATAACGTACCAAGTCGGGATAGTGGGACTTCTCGGCC  
AGATCGTTTTGCTCTTGCCTACTGTGAATTCGTGATCCTTTGTAGCCATGCTGGTTTCTCGTTACTGAGCAGCCGAAGT  
GGGCTGCGGTCCAACCAGATACTCCCCGTACGAAGCCAGGACTGCTCAGCACCGTTGAATGATTTGAATTTCTTACCC  
ACCTCGCCTGGTTGAGCAGCACCGGGCGCGGCTCGGAGACACCGTCTCGAAGTACAAAACAGGCCATCGATCTCGGGC  
ATCATTTTCTAAGTGTTCGAAAGTCGAGAACGCATCAACCTCATGGCAACTTCATTTTGTGCTGCAGCTTGGCGTGTGT  
CGTTTTCGCTCATTGGCAAACCATCAGGCTGAGCCAGATCCGTCAGGCCACCTAACCGACTGATCTGCGCGTGAATATCTC  
CGACTCGATCTTCTCGCCGGCCTGTTAGACCTGATGAGCCATTCAAGCTGGGCAAGCTCTCGCTCTACAACGGTA  
AGAAGCGCTTGTTCCTAATCTTATCCATGGTGTCCGTATCTTCTCGGTTACACGATTGGGACGACCCAGTCCCTAAC  
TCTCAAGCCGGGTACGCGGTGCAACTCGCGGCGGTTATTGGTGAACACGATCAGGCCCTGAGAGCGGGCGTGCCCGGCAA  
TCATCTGGTCATAGGGGCCGATTTGCTTGGCGAGGCGGGCCAGTTTACGCGGAGCTGGCCGGTGTGGGCGGACGCTTCC  
TGGTCTGACTTGAGCACCTCCAGACGAGCAGCGAAGCCTTCCACGTCTGCAAGATTGCGCGAGGGGTTTCGAGGACTTCTC  
TGCGCCGTAGATCAGCTCCATCAGCGTACCGGTGCTGATGCACATCTGATCGTGGTGGCGCAGGAACGCCCTCGCGCACCT  
CTTGGCGGGCGGTTTTGATGGTGAAGATGAAGATGTTGGTGTGAGCATGAACTTGAGCATCAGAAAGTCTCGCGCTCCT  
GATCGGCAAGCTGTTTACGCTCTGCCATAAAGCTCGGAGTAACGCCCTCGCCATCGAACACAGCTATCCCAAGACTCGCC  
GCAGGCGTGATGATTCTGGCGCGCCCCACAACGACCACATCCACACGCTTAACGTCATCGGGAAGCCGACGACTGCCCTGGG  
CAGTCTTACGGCCTGGCTACGATTGCTCTGAAAAACAGAACCCTTGTTCATGACACACCTCACGGGATATACCAAACGTA  
TATCCCATAGTATCCACCTCTCGGGATATGTCAATGGGATATACAACAATGGCTTTATAACGCGACCTCGAAGGTCCGCC  
GACAGGAGCAGCAACAGCAGCTCGACTTCTGATGACTTACCCCTTCACTTCTCGAAAACTGCAACAGCGCACCCGTCC  
ATTTTCGATTGTTGGCCCGCTCTCTGACCGCGACAGTTCGACCGACTGTTCCGAGAGACTCCGCCGATGCACCTTGTAAAT  
CATTGAAGCCCCGGCAAGCTGAAAAAGCTGCGGTCCCTTCTCCCTCCATTCGTCCCGACGTGACCTGGCAGGTCGAAG  
CGACTGCCGGACATATCAGAGACCTACCCGTTACAGGCCAGGATCCGCAGATGCTCACCGTCCGCGTGGGCCAGGATTT  
AAACCGCACTACCAGATCCTCTCGGGCAAGGAAAAAACCGTCGCACGGCTGAAGGATCTGCAGCAGAAAGCTCTGGAGAT  
CTACGTGCGATCCGACCCGGATCGCGAAGGCGAAAGCATTGGCTGGCACATCCTCCAGGCTGCCGGGATCAAGAACTACA  
AGCGCGTTGCCTTCAAAGAGATCACCAAGTCATGCATCAGCGCCGAACCTCAGCTCGCCGCGTCCCTGGACCTCCCGAAG  
GTCGCTCGCAGGAATGCCGTGCGGTGCATCGATCGCCTGGTGGGGTATCTGGTACGCCAGAGTTGCGGCGCGTGTGGG  
CAGGCCAACACCAGCCGGGCGCGTGCAGTCCGTGCTGTGTACCTGGTGGTCTGCGAGAGCGGGAGATCCGCGCCCTTCA  
CAGCAATCAAGCACTTCGGGGTGGAACTGACCTTCGTTTCGCAAGCGACGGCCGTACTGGACGGCGGAATGGGATCCA  
GTGCCCGTGTGTTGCCAGCAAGGAGTTCCCGTATGTCCAGGATCGTCAACTCGCAGAACTGGTGGGGGCTATACGCAATGT  
CATCGTCGAGACCTGCATTGATGGCGAAGAAACCGTTACGCTCCGGCACCGTTCATCTCTCTCGCTCCAGATGGCCG  
CCGGGAATCGCTGAAGTGGTCACCCGACAAGACGATGAAGGTCGCCAGCGGCTGTATGAGCAGGGGCTCATCACCTAC  
CACCCGACGGACAACCCCAATATTTTGAAGGACTCGATGCCCCGATCCGTTGCTGCTGCAAGGCTTGGGCTTGAAGAG  
CGTTGAGCAACAGCGGATGTTCAAGGCTGATCAGGACGCCCCAAGAAGGCCACCCCGCATCACCCACCGGATTGGACGG  
CCGCTACCGCCGGTGAACCTGCTGATGAGCAGGCGCTGTACCAGCTCATTTCGAGTCCGCGCGCTTGGCAGCCAGATCGAA

GCTGCCGTGTACGCCGTGAGAACCATCACCCCTCCTGGGCGTCGGCCCCGACAAGAAGCCACTGCGCTTACTGCCAAAGG  
GAAGCTGTTGAGCGTGCCTGGCTGGCGAAAACCTGCTGCAGGGGGATGACGCCGAGGAGCAGAAGAACGAAACGCCCTCAA  
ACCCACCCCGGGCGCTGGAGCCAGGCCAGATCCTGCAGGTCTACAGCGGGCAGGTCTGGAGAAGAAGACCACCCCTCCC  
AAGCGATTACCCGATGCCAGCCTGGTGGGCGAGATGAAGCGCCGCGGGATTGGTTCGGCCATCCTCCTACGCCTCGATCGT  
GAAGAACATCATCGACAAAGGCCAGGTGCAGATAAAGGGGGCGAAGCCTGATCCCCGGCGAGCTGGGCGAGGCCACCATCG  
CGCTCCTGGAGCACAACCTTACGCTTCCCTCAGCCTCGACTTACCCGCAACCTCGAGGTAGCCCTGGACCGGATTGCCAAC  
AGCGAAGACACCTACATGAACGTGGTCCAGCAGTTCTACCAGCTCCTGCAGTCAGAGCTGCAGACGCTGCAGCGCACCC  
CAGCGCACAGGGCGACCCGCGAGCAAGCTCTACCGCCAGCGCTCCCACGGCGCCGGCTAGTGACTTCTCTGCGGCAAGT  
GCGGTCTGCCCTGGTCCACCCGCAAGAAAGCCGGCAAGGGCGGCTTCGACTTCTGGGGCTGCAGCGGCTACCGCACCC  
GGCTGCAAGGTCAACTATCCACCAAGAACGGCCGACCTGACTTCGACAACCCCGCTGGGCTATAGGTAGTACTCGAGGT  
GCCATGGATACTCCGCTAATTGAGCAGGCCACATGTGTGCGCTGTGCCGTCTTTCAGGCAATCACTCTAGCTTCCACCCG  
TGGCCGCCGCCCGTACAGTTACTCACCTCGGCAAAAATGAAAGCTATCTAATCTCACCGAAAACCTGTATGGTGGTCTCTAC  
TGCTTGCCAGTTTAGCGTCCCGCCTTGATGTTTACGCTGTTTCGATCCTCATCTCCTCGGTTTGTCTTCTCTGCAATC  
AGCTCTAGCCAGGCTTTGTACCTGCGCATTCTCAAATTTTGGAGATATACATCATGGCAACTCGCCAAACTGGTACTGTT  
AAGTGGTTTAAACGAAGTTAAAGGTTTTCGGCTTTCATCACCCCGAAAAGCGGCGCAGATGTTTTCTGTTCACTTCCGACAGAT  
CGAAGCTAGCGGTTACAAGTCCCTTGACGAAGGACAACGTGTAAGCTTCTTCGTTACTGCAGGCGCCAAAGGCCCGCAGG  
CCGAGCAAGTGAAGCTCTGTAGGGCTGTTAGCGCGAAAACAATAAGCCCCGCAATGCGGGGCTTATTGTTTCTACCTCAG  
AGCTATGCAGTTTACTGCTAGTCCACTTACCCGCTCACTATCTCCGTCAGCAACCCGGCCTCATAAGGCAGAGAAAAAC  
ATCCCATCGGGGCTGAGCATTTCGGTGCATACACAAGACACCGACCCGGCCACAGTGTACTCGCTTACACAGGAGCAAG  
CGCGTGGCACCACCTCGATAGCACTTCCCCCGCCGGGCGCTACAGGATCAATCCCTGGCCCGCTACAGCGAGCGGCAGCT  
CGCCGTTGCCAACACCTGGGCAACGCATTTCTCCCTCGCAGGGACAGCTCGAACCAAGTTCATCCGTCACTACCTGCGCA  
GCACCTCTACGACCAGGTGCTGGTGCATCACCGTCGCTGCGGATAATGGTGTGCGTTACACCATCATGCGTGCAGGGCCA  
CTGCTCCAGGTATTCGACGGTCAACTAATCGGTGCGTGGGAGTGCAGGCTGCCCATCGTATCCCGGCAAGCACGCCGTC  
CCCAGCAGGGGCGTTGAAGCTGCTACAGCGCCTTCAAAGTTTCGACGACGCAGTTGCTGTACTCAGCTCATAACCAGAC  
GAGCGCACGACCTAGCCACACAGATGGCCAGGGACGATCTCGACTGCAACGTGCGCTCGTGTATCCGAGCCACAGCAAC  
AAGCTACTACGCAACAGGCGCCAGTTCTACTTGAAGCAGCTCGGAGCTCGGAGCGGCTTTCGGAACCTTCAGGCAAGTCTGGA  
CAAGACCTGTGTTTCGCTATCCGCTCGGTTTCGGTTCGCTCTCGCCCCAGCTTACAACCTGGTGGTCAAGGCAACCCAGG  
CGCGCCGGCTGCAGATGCTGAAGGCTCAGCCGGTCTTGACCCGCTACTGGTGGATTGCGAGGAGGAGTCTGGCCTCAC  
ACGACGACCAACGACAACGGCGAGAGCATCTGCCATTTCTTCTTCCCTTTCCTTGGCCCTTTTTTCCCTGCTTGTGTCAGTGAACGACC  
GGCCGCCGCCGTCGCATGCGACTTGTACCTCGATATGGGCCGTATTTCTTGGGCAGGTGCGGGACGAAGGGATTTCGGTCA  
TCAACTTTTTTCGCTGGCTATTTTCAGGCGCCACGGGCTCGATTTCGATTTCTTAGTCACGTCAGTCCCGGCCGTCGCGGA  
GGAGCTCTCTTCCATCGCAAACGGGAAGGCCGATATTCGGGATGGCATACTCTCCTTATGGCAGCATCGCTAGGTAACCG  
GCGGCCGATCACTCGCGCTCAATGGACAGCATTCTATGCGCCTACAATGCGATCCCTTGGCAAGTTTACAACGCCAAGC  
CCGACTACAACCGTCTCTTCAACGGCTGCCCCGCTGATTGGCAGGATCCGGCATGGCTTGAATCACTGCACGGCTGAGA  
GATATCAAGGAGTTCTATAACCGCCCTCAACCAGGGGAACCTCACAGGTTGTTTCGGCAGGCGGCTAGCGTCTGCAAGCGTA  
TCTGGGTCAATTGTACCTACCGACAGGCTGGCAACCTGGTGGACGACTACCACCAGGTCCAGAGGGAACCTGCGCGCCACAG  
TACAGAGCAGCCTGCCGATCTGGTGCACACCGACGAGTACACCACCTGGGAGGGAATGCTGCTGTCAGCCTTATCGAT  
TGCCCAATGGCCTGGAGATCGTGCAGCTCCGCTGCCCTGCCGATCTCTATGCCGAACATATCGCGCTGGCCCATTTGCAT  
CGATAGCTACGACCAGGCCGCTACCGAGGAGACTGCCGACTGCTCTCAGTACGTGAGGCTGGCCGTCCACTGGCCTCTG  
CCGAATTGGAGCTTAGGCGTGAACATGGCGAGCCTCTAGGTAGGCCCTGGAATCCCAGCACCTTTCACGGTGCATTTG  
CGGAATTCGATAATGCCCCCGTGCAGGGCGACTCCCTGCTGGCAAGCATAACCGCTGGTTCATGGAACGGATTTCGCTC  
TGGAGCCATAGCGACGAACCTGAACTGGCCCGACATGACCGTCCACATGACGCGCTTCGCCGATGGTTCGTTGGAAGGCGG  
GCCTCGCCGAAGCCAGCGCAAGTGGCTGCTCACTCGGTTGGAAAACCGATGAGCCGTCCACGCTTGGTCAACCGTACCT  
CCGCGACTCCTTTCGACGCTTCTGCAGCGGGCTACTTTCGACGGCTACGACTTCGGCTTGAAGATCCCCTACATCGCAGGC  
AGCAACCGCGCGCTGCTGGAACGTCCGGCTTCTTTCATCAGCGCCCCGGGAGCATCCGTTGCACCCGCTACTGGCGGGTCCC  
CAAGGGCAAGTTGCTGCCGAACCTGGACTCGCTGTACAACCGACTCGCCGAGCTCGCTGGAGGCCTCCACTCACAGTCTT  
GGCGGGACTTCAGCGGCATGGTTCGAATCTGCACAGGCCTCGCTTGCACGACAGGCCTTACCTGTGGTTTGTGCTGCGC  
ATCGCGCCGCTGGCCGAGGGCGGCGTCTTGTGTCAGGCGAGTTCCATCCCGGTGTGGTGGCGGTGGCTCGGCGGATGCG  
CGGGGTGTTTCTGCGCCCATCGAGCTCCTGGCGCATCGACGCCACACCTGAGCTGCTCCGACGCAACCTGATCCTGGAGC  
TTGGCCTCGCCGAGGAACAATTCGAGATACTGGATAACCGTCCAGGAGCTGCTCAGCGACGGTAGCTTCGCGCCGGCGACC  
GAGCTGCCAGCATGAGCATCGCGGTTCCACAGCAGGAACCGGCAGCGCCATCCCTGGAGGACGAGTACGCTTGTGACAT  
CTACCTCGCCGCGGTGCCAGAGATCGAGCGCACCGAGTACAGCTCGGCTGATATCGAGGCGGCGCTTACGGGCTACTCGC  
TACTGGCCACCAGCCTGCCGGCATCGCTCACTTGTGTCAGAGAACCAGCGCCCTGTTGGCCGACGACATGGGATTGGGC  
AAGACCCGCCAGGCGGTTCATCGCCGCTTCGATCCGAGCGGCGGGCAGGCCAATTCCTGGTTCATCACCTGGCCACCTGTT  
GATCAATTGGCAGCGCGAAATCCAGGAGGTCTATCCCTCGGCCACCGTGGCCATCCAGCAGGACAACCCAGAGGGCGCAGT  
GGATCCTGGTCAACTACGAGCAGTTGAGCCCTTCGTGCGCAACGCTTCGCGCTTCGCCGTGATGGTTCATCGACGAGGCG  
CAGCGGATGAAGGAACCGACGGCGCAATGCACGCGGCACGGTTTTCGACATTCGCCGCCAAGTGGCGAACCGCTACCTGCT  
TACCGGCACGCCGGTGTCAACCGTGAACCGAGCTGCACACCCTGCTTCGCCTCTCAGGCCACCCATCGGACAACCTGC  
CGCTGAAAGAGTTCTGCGACCGTTTTCCCGGCAACCCGGAGTTCCGCCAGAGTCTGCGGGCGGAGCTGGGTGACTGGATG  
CTGCCAGGCGCAACAGATGTGCTGCCAGCCTCAAGGGCAAGCAGCGGAGTTGCTGAAGGTGGCCCTTCCACCGAGGA  
ACGCCAGCAATAACAGCTGCTGCTCAGGACCGACCGGCTTCGCGGACTCGGCGGCTGCGGCGCTTACCTGGAA  
CGGTGAAGGTTTCGCGTGGCGATGGACCTGTTGAGCAGCTCGACCCGAGGACAAGGTGATCTGTTCTCGGAGTTCAAAG  
CCGACCGTGGCTGCGCTGAAGGAACTCTGCGAGCAGGCCGGGCGACGGCTGCGTACGCTGGTGGCAATGACTCGCTCAC

CAAGCGGCAGAAAGCGATCGATCGCTTCCAGCAGGATCCCCACTGCCGGGTGTTTCATCTGCACCACGGCGGCCGCCGGGA  
CGGGCAACAACCTCACTGCGGGCAACTACGTGTTTTTCTCGGCCTGCCCTGGACTCCCGGTACAGCAGGAACAAGCCGAG  
GATCGCGCGTACCGCAACGGCCAGCTCCGCATGGTTCGTGGTGAAGATCCCCCTTAGTCGAGGCCACGATCGACGAGCAGCT  
GTGGCAACTGCTCAACGCGAAACGCCAGGTTGCCAGGACCTCATCGAGCCCCGAGCAGGTCGACGGAAACCGTGAACCTCG  
TTGCTAAGACATTGATTTTCATAGAAGTTTTCCCACTGTCTAGTCATAGCTAGGGCCCTGTATGCCACATGACTCCATAAG  
GTTATGATATCAAACCCATTGGTGGAGAAATTTCTATATGTTGGGGGCGACAGGTAAGGAAAAATGGCAGAAACACAGA  
TCGAATGGACCGACTCCACATGGAACCCCTGTAGCAGGATGCTCCATAATCAGTTCGGGCTGCAAGAATTGCTATGCTATG  
GAAATGGCAAGAAGATTAGAGTCGATGGGGGTTGAGAAATACTCTGGCCTAACTCGACTCAAAGGTAACGTACAGTTTG  
GAACGGTAAAATCACTGAAGACCATGATGCGCTCTCGATTCTTATTCGCTGGAGAAAAACCCAGGAAGATATTTGTTAAT  
CAATGAGCGACCTCTTTCATGAGAAAGTTAGCGATGACTTTTCTCAAGGTTTGAATGTCATGAGAGAAACGCCGCAT  
CATAACTACCAGATTCTGACCAAAAGACCAGAGCGAATGGCCGACATGCTCACCATAACATTAGAGAGGTACTTCCTAA  
TGTGTGGCTAGGCACCAGCATAGAGGAGCAAGAACTGCCAGAGGGTCTTTTACCTAAAAGAACCCAGCCCAATAA  
GATTCATCTCTTTCGAGCCATTAATCGGAAGTGTGGCGAGATTGACCTTTCAGGCATCGACTGGGCCATTGTTGGAGGA  
GAGAGCGGAAGCTTTCGAGGCCAATAAAAGAAGAGTGGATCGATGAGATCCATGAACAATGCATAGAATATGGAACAGC  
TTTCTTCTTTAAGCAATGGGGCACTTGGGGGAAAGATAACATCCGACGTTGCAAGAAAAGCTAACGGTCGAGAGTACCAG  
GCAGGACCTGGGATGAGATGCCGGTAAAAGTGTAGTCAGCATCGCTTAAAGAAAAGTTAGCCTGAGAGATAAGGAAGTTATA  
TGGAAGAAAAAAATTTGACTGGGAGAATGGCGCAAAGCTTGAAGACCACTCAAGAAGAAAAGCATAAAATACTGCGAGAA  
TACTTCTACCAATACATTATTACTCGCTGCCAACTTCCAAGCAAGAACGTTTTAGGTTAGCCATAATTGATGGCTTCTC  
AGGCGCAGGTCGCTACATATGTGGGACGGCAGGCTCGCCTATTATTTTCATGGAGGAGCTCAATAAGGCCACGAAATATA  
TCAATATTCAAAGAGCAGAGCAAGGCCTTCTCTAATTGAAATAGAGTGCTTTCTAATCTTAAACGACTCTGAGCCAATT  
GCGGTAGAACTCCTAAAAGAAAACATCTACCCACTGCACGCAGAAAATAAGAGACACTAACAGACAGCTACATATCAAGAC  
TCATTATATGAGCAATTTTTTTGAGCAGGCATATTCTGAGATCCAAAGTCTTCTTCGTGCAGGCCGTTACAAAAGCACAA  
TTTTCAACCTCGACCAGTGTGGGCACAGCCAGGTTCCGAACGAAACCCCTGGCCGATATAATACGCTCAAAACAACCCGCC  
GAAATATTCTACACTTTTGAATCGAGACACTTCTTGCCTTTCTTCAAAAAACAAATCCAAAACAACCTGCAACCCAGCT  
ATCACATTTATCAATAAACGAATACGACATTGCTCAGCTTGACACCATCATGGATAAGAAAAGTTGGCTGGGAAGTGCCTG  
AGAGATAGTTTTACTCAACTTTTAAAAAATGCGCACAATTTGTAAGCCCTTCTCCATCAACAACCCAAATGGTTGGAGG  
TATTGGCTCATCCACTTAGCCAGCTTTTATAGAGCCAGACAAGTCTACAACAACATTTCTACATTAACAGTGGTCTCA  
AGCTCATTACGGTAGGTCCGGACTGAATATGCTTGCACGACCCAAAGCGAAGAAGGCAAAATATATCTGTTTACTCAT  
CTGCTAGAGATGATGCAAAAATCCAATACTCGAAGACATTCCGAAACTTATTTCTCTGCTGGTGATGCTGTTTCGCATT  
GAGGACTTTTATAGTGGAATTTACAACCTCCACCCCGCCACAGTGACGACATAAACATTTGCTCTAATTGAAAACCCGTGA  
CATAGAGATAATAACTGAGAGCGGAGGAACCTCGTCGCAAAGCCTCTCAAATAAAAAATAGATGACACTGTTTCGACTTAAAA  
ACCAAAGAAGTTTCTTCCCAATCTTCTTGAACAATACGAATAAGAAAAGACTAGGAGAACAGGCCCTCCGGGGCCACTCC  
TCAAGTTTCATGCCACTACGCTGCCACGTGGCAAAAACCTGCTTTCACGTTGATAGGATAAAAAATCCCTAGCCCTCCGCC  
AGTATTTCTGCTGAGGCATAGCGATTGGCCTGCCATTGTGTGCCCCATCATCAAAGGGGGCCTCAATGACCAGGCAGTT  
GACCACTCTCACGCTGTGCCTGCTGCTCGCTCAGCTGCACGACCCACAAGGCTGAGCCGGCCAGGCCCGCTTCGACAGCA  
GCCGCAATCCAGACCTGCTCTCACCAGCCTGTACCCGAATGGCGTACAACCCGAGAAGGAGCCGCTCGTGCCTACGGG  
CGCTACACCCTGGTCAGCACCCAGCCGGACGCTGGCCAGCGCGACCTGATGGCACAGATTATCGACGTGACCATCCCGTC  
GAGCATGAACCCGAGTGTCAAGGACGCCATGCAGTACGTGATGAGCCGCTCGGGTTACTCGCTGTGCCGGCAGAGGCCG  
GTCATGTGAACATCCTCTACACCCTGGCCGCTGCCGGCGGCTCAGTACAAGCTCGGCCCATGACCCCTGCGCAACACCCCTC  
CAGGTCCTCTCCGGTCCAGCCTGGCAGGTTAAGGTGACGAAGTGGCGCGCAGGTCGCTTCGTGCTTCGCCCCGGGCTA  
TCAACTTCCCCCGGCGCCGAGGCCGAAACCCGTTCAACAACCTGTTTGCGAAGCCCGCTGCCCAACTCCGGCGGCGGTTAG  
CGCAATCCTCATCCACGGAAGAAAGTCAAGCAGCTGGAGTGCAGCCGCTCGTGGTTCGCTCGGTCGCCGACACCCGGCGCCGATC  
ACAACCCTCCACCTCCGGCCAAAGAGCCTGAATCCACCATGTGCTCCCCAGCAGCACCAGGTAAGTGGCCACTC  
CTTCTCTTACCCGCTTCCGACCCGATCAAGCCCTTGCTTCCGCTGGAAGTCCACGCGCCCACTCCGGCCACCG  
TGGCTTCCGCCCTCCGGTCAAGGTGCTCACGCGCGGAGCCGAGCCGACAGTTGGCACAGTTGGTTCAGCTGAGCCGAGACG  
GGATCAACCCCTGCGCGACACCTTGAAGCCTGGGCCAAGCACGCACGCTGGACCGTCCGCTGGGAGCCGAGGATCTCAA  
CTATCCGATCGAAGCTCCTCTGACCTTCCACGGCTCCTTTCGAGGACCGGATATCCGAAGTGTTCGCTGTATGACGCTG  
CCGAACGGTCTTCTGCTGTAACGCCAGCCGGCCGAGTCCCTGATCATCATCAAGGAGCGCAAGAAGTATGCGTGCCTG  
CCCTGAAGAACCTCTTGCCTTGCTCCTGATCCCCGCGCTGGCCAGTTGCTCGGTACGCGGGTGAACGAGTCCGGCGGAT  
CGTGTCAAGCTACGGCAGATTCCGCGTCGACGATCGCAGCACAGATGCGCAACACCCGACCCGATCGCCGCGATACGGT  
GGTTTTCTCCGACAAACCCCTGGGTGAGCACGAAGCCCTGAGCGTTTTCGCACACCTTGTCCAGTACTGCATCGTGACGT  
GGCGCCCTGCAGATGCAGCGTGCCTGCAGGAGGCCGCCAGGAAGTCAACCAATGCCACCTGGCGGTCAGTATCACG  
CCCGACGCGCTGAACCCGGCCGCTTTTGCCTGCAACCTCAGCAGCGCGCGAGCAACGCCCGCCACCCATCCAAGGCGG  
CCAGGACATGGCCACCATGCTGTTTCTGCTCCGTCGCCAACGGCATGTCCCTAGGTGCCGGCGGCGAGCATGGGGTCA  
GCTTCGGGTCTACGGCCCGCGGTGCTGTACAACATCAAATGGAACGGCAAGGTGACGGGTTCTCGATCTCATCGCC  
GCCCGCGCCGGCGTGTCTGGGCTACAACCCAAACCGAGAAGCGAGTTCAGATTCTACTACCTGGACACTCGGACCTTCCG  
CATCTACGCCTTCGACGACGTCAACACGGTGGACTCCACCGTGCCTTCGGTATGACGACGGCCCGGCCATCAGCGGGG  
ATGGCTCCGGATCCACTGGACAGAATGGCAGCTCCGGCATCAGCGGGGACTCCGGCAGCAAGCAGACCACCAGCTCCGAG  
CTGAAGACCTCGATCCTCAGCGACATAGAGAACCAGCATCAACTCGATGCTGACGCCGAGCATGGGACGCATGTCGCTGTC  
CGGTGCCACGGGACCCCTGACCGTCAACCGCAGCAGGAGGTCCTCAACCGCGTCCAGCAGCTGGTCAACCGGGAGAACG  
AGAGCATCAACAAGCAGGTGCTGCTGAACGTCAACGCTCTCGCTGCCCTGACCCGACAAGGATCAACTGGGGATCGAC  
TGGAACCTGGTCTACAAGTTCGCTCAACAACAAGTGGGGCATCGGCTGAAGAACACCATTGCCGGGCATCGACCAAAGTGC  
GATCTCCGGCTCCGTGAGCATCCTGGATAACCGCAACAGCGCCTGGGCAGGATCCAAGGCCATGGTCCAGGCGCTGGCCC

AGCAGGGCCGCGTCTCGACCGTCCGCTCCCCGTCCGTGACCACGCTCAACCTCCAGTCGGCGCCGATCCAGATCGGCCG  
TACGACAGCTACCTGGCCTCCAGCCAGATCTCCAACGTCGCCAGGTCGGCAGTACCACCTCGCTGATCCCGGGCGCCGT  
GACCAGCGGCTACAACATGAGCCTGCTGCCGTTCTGTGATGGAAAGCGGGCAGATGCTGCTGAAGATCAACATCAACATGA  
CCTCCCCGGCCGACGTTTCGAAATGCAGACCAGCGGAGACTCCAAAGCCCAGTTCCCGAGCTACGACATCCAGCTGTTTCGAC  
CAGAAGGTACGCCTGCGCAGCGGGCAGACCTTGGTGCTCTCCGGCTTCGACCAGACCACCGAGGATACCAACAAGGTCGG  
CACCGGCGACGCCGATTCTTCGGCCTTGGCGGGGGCTGACCCGCAATACCAAACCGCAGGTCATCGTGGTGCTGATCA  
CCCCGTCGTGCTGGGCTGAACCATGGAGAAGCCTGACATCGGTAGCCGTCGGACCAGACGTCCTCGATCCTGAGCTACCAC  
GGCAACAAGTTCGTGAGCGCCCTGTTCTGGCGCCGCTATCCAGCCAGCGGCAGTACATGAAGGAAGCGCGCAAGCTGGG  
CAAGGAAGAGCATCTGGACATCGTTGCCATCCCGATTCCGCCGACAGTCATCCAGGCCGCTTCGTTTCGAAGTCGCAAG  
GCGCAGTCAAGGGCATGTACTCCCTGGCCTCGGCCTTTCAGGCCAGTTCGAAGCGCATTCCTGGCCTGCTGGAAGGTC  
GACGAGGACCGCTACGCACTGGTCGCCACGCTCGATGGCGCGATCGTCCCCGGCCAGGACCTGGTCACCACCTTCGACGA  
AGCCAGGGACCGGATCAGGAAGCTCTCTACGCGCGGCTGCTTCGAAACGCACAGGTCCTTCGTTCCCGAAGGGTTCGATT  
TCCCCGTCAAGGACTTCGACATCGAGGAAGTCTCGCGCCGAAGCGCCTGCGGCGGACTACCAGCTCCGGCAACTCACC  
TTCGGCTTGTCCGCCAGGGAGTGGACGGCAGTGGCCCTGCTCGGTTGCTTGGTAGGCGGGTCGTAACCAGCTACTACCT  
ATGGAATGCCCACCAGCAAGAGCTCGCCAGACAAGCCGCGCTCCTCGAGGAGCAGAGGCGCTCGCCGAGCTGGCCGAGA  
AGAACGCCCAGGCCAAGCAGCCGCTGGACCTGGCGTCATTGCAGAAGCCTTGGACGCTCATGCTGACCTCGAGGACATG  
CTACGCGCCTGTAGCAAGGCAACGGGGTACTGTGCTGTGATCCAGGGCTGGCTCTTCGAATCCAGCAAGTGCACGG  
CAGGGTCTGGTGCACCTACCACCGTACCAGCAACAGCAGCGCAGCCGACCTGACAGCGCCAGCCAGCACCTGTTTCG  
CTGACCGCCCCGCTTTGTCATCGACAACGGCAACACCGCGGCCCTGAAGGTTGACCTGAAAGTCGCCATCGGTAGCGAT  
GAGCCGCTGCAGCCAGCCGACGACGCGCTGCAGGCGCTCACCAGCCATCTGTACCGTCAGGGTGTGAGCCCAAGCTGTC  
GATCAGCCAGGAGACAACCTCCGCCCTTCTGGCGCGGAAGCGGGCAGCGGAGCAGCAAGTGGTGTTCGCCCTCCTGGAAGA  
AATTCACCTTCAGCGCCCAGACCAGGCTCCCGGCAGACCTGACCTTCCAGGGGCTGCCCGCCCGGGGTCCGCATCACC  
AACCTCGAAACCACGCTCAAGGACAGCCAGTTGGACTGGACTGTACAGGAGAAAATCTATGCGAACTGAGCCGATCGGCA  
TGGCCGTGGCCGTGCTCTTCTCCTCGCGTCCGGCCAGGCTGCGCCGGCACCCTTGGCGAACTGGCGGAGATCCAGGCC  
CAGGCCATCCTCACCAGGGCCAAGGTGCGTCTGGCCACGGCGCAGCGGCAACTGGAGGGCAAAGGCGAAACCAGGCCAGGT  
CGTCAGCGCCAGGGGACAGCTTCGCCATCCCGGTCGCCGCGCGGCGGCGGACGATCAGCGCCGTTCCGCCGTTGG  
TGCGGACCATCTACGGCGCCGGGCAAGATGACTGCCACATTCTGTTCCCGGGCGGGTACGAGGTTGGACGCGCCAGC  
GGCGCGGAGCTGCCGGCAACTACCAGCTGAGTTCGATCTCCCTGGACCAGGTCGTACTCACCAGCAAGGACGGCAACC  
CGTACCCGTGGGCTTCTCCAGCGTTGCCCGACCCAAGCCGCTCCTCGGCCAAGGCGCTCCGTTCCGCCGGCGCTGC  
CCGGGGCGGTACCGCAGCCGTTTCATCCAGTAGGTACCGCCATGACGAACTTCAAATTCGCCGCGCTTGTACAGCCCTCCA  
TGGTGACCCAACTGCTCACCGCCGACGGTGGCGAGTGGGAGGTCTCGAAGTACCTGCAGGAGATCATGGCCCTGGCCGCC  
GACGGCAGCTCTATCTATCGGAGAGCCACCAGAACGACATTCACGTTCTGTGTTTCATCGACCGTCTCGATCGCCGTGG  
CTTCCGATACCGCTCAACCTCACCAGCTGCAGACATTCACCAGCTCTACCAGCGCCGTCGCCATGGACGGCCTGGTAG  
ATAGCGATGGCCAGCGCGCCACCCAGATGCAGGAGCGCGTGGTCAAGATCATTGTAAGGCCACTGAGCTGCGCGCCAGT  
GACGTGCATTTTCGTGAGTCCCGCCGGCACCAGGCAAGATCCGTTTCCGTGTCGACGGCTGCTGAAGACCGTTCGA  
GCAGTACCGCAGCCAGGAAGTGCACGAACCTTTCGCAACCATCTACCAGTCCATGTGCGACGTTGGCCGAGCCGCTTTTCA  
AGCCGCAACTGGACCAGGACGCGCGGATGAGCCAGGCTTCGTCGAGAAGCTGAACCTGTTCGGCGCCGGATCGCGACC  
CGCCCGCGCGCCGTTGGGTTCTGATGATCCTGCGGCTGCTCTACGACGATACCGGCTCGACAGCCTGGAGCAGCTCGG  
CTACCTGCCCGAGCAGAACGCGCTGTTTCGATCGCATGATGCGCATGCCTTACGGCATCAACATCCTGTCCGGCCCCACC  
GGTCAGGGAAGTCGATGACCTTGAAGGTACCATGGAAGGACTCGATAAGCTGCATGGCGGATCCAAGCATATCCTGACC  
ATCGAGGACCCACCGGAATACCACATTCGCGGCGAAGGCATCAACCAGACCCACTGGTCTATGACGCCACTGACCAGA  
CGCAGAACGCCAGGCTGGGCCGACGGCATCGCCAACGGCATGCGCCTGGATCCGGACTACATGATGATCGGCGAAGTGC  
GCGACCTCTTCGCGCTGTGCGCCGCTTCCGTGGCGCATGACCCGGCACGGCTGTGGTTCGACCTGCACACCAACAGC  
CGCATCGGATTTGTCAGCGCCTCAAGGACCTGGGCGCTGACTCCGGCTTGTGATCCCGCCCTGCTGACACCGCCT  
GATCAACCAGAGCCTGCTGCCAAAGCTCTGCCCCACTGCAAAGTGCAGCTTCCAAGACCACCAAGACCTGCGCGCCCG  
ATCTGGTTCGAACGGGTCCAGCGCTTGACCGATGTTTTCCAGGTGTACGTCAAGGGGCTGGCTGCCAGGCTGCCGTGGC  
TCCGGGGTCAACGGCCGCTCGATCGTCGCCGAGGTGGTGTGCCACCCTGGCCTTCATGCGTGTGTTTCGCCAAAGGCGG  
CCCAGCCGAGGACGCAACTACTGGGTCAAGACCATGCAGGGCATCACCAAGCACGCCACGCCATCCGCCGCATCAACG  
AGGGCATGTTTCGACCCGAGATGGTCGAGGATTTTATTGGCCACTCGACTTCGATGAGCATCTGCTCGACGACAGCTTC  
TACTCGAGGAGCGTGTGATGGGGGCTTCTGGGAGCAGTTGCAGTTTCGCTTCTACAGCAAGCAGTTTCGGCCGCAAG  
GAACGCTGCAGTTCTACGAAAGCATGTCCACCCTGCTCGAAAACGGGGTCCCGTTGAAGGACGCTGTGGCAGAGGTGCA  
TAAGATCTTCGCTCATGAGGGACAGCATCCGTTTTCATCCGGTGGCCATCGCCAGTCGGAAGCGCTGATGGGGCTGTCCA  
ACGGCAAGCGTCTGGCCACCGCCATGGCGCTTACCTGCCCGCCAGGAACGAGCGCTGATCGAAGCCGGCGAGATGAGC  
GGCAACCTGGTTTCAGGCCATGGGCGATGCCGCTCTCCCTGGTCGAGGCCCAGGCCAGGATCCGCGCCACCATCTGGCAGGC  
GCTGCTCTACCCCTCGGCGCTGTCCGCCATGATGGTGTTCCTGCTGTGCATCGTGGCCTATCGCATGGTCCCCAGCCTGG  
CCAGGCTTTCCGACCCAGTCACCTGGACCGGCCACTCGCCACGCTCAACGCCATTGCCAGCTTCGTCACAGGACCTGGT  
ATCTACGTTCTGGTCGCCGTCATCACCTCACGGTGGTGGTCATCGTCACCTTGCCGACCTACCCTGGAAAGGCCGGGT  
CTGGCTGGACCGGACGCTGCCGCCCTGGTCCATCTACCGCATGCTCCAGGGCACCACCTTCTGCTGAACATGGCGGTCA  
TGCTCAACGCCGGCATAACGCCCTTACGACAGCCTGGCCAGCATGATCAAGATCTCCCCGCCCTGGTGAAGCAGCGCTTG  
GAAGTGCCTGCTACGCGCTGGGCTGGGCGAGAATCTGGGAGTGCCTTTCGAGCGCCGCTCACGATTTCCCCGACCG  
ACAGGCCATCCAATACCTGTGCATCTCGCCAACCGGGGAGGCTTCTCCGAAGCGCTGGTCAAGTTTCAGCCCGCGCTGGC  
AGGAGACCAGCCTCAAGCAGATCGAGCTGGCCCGGGCTGGTGAAGAAGTTCGCCCTGATCTTCATCGCGCGCTGATG  
ATCCTGGTCTGCTCGGCGCCTACCAGGCACAGCAGCTCATCCAATCCATGAACCACTGAAACCTCACCAAGGAGCGCTC

CATGAGCACTACGCAACGCACCTTCCCCTCCGACGCAGGGCGGTTTCGTTTCCATCGAGATGATCATCGTGCTGATCATCA  
TCGCCATCGGGGTCGGCCTGGGCCTGGCCGCGAGCGGCTGGAATGTTTCAGTTTCGTCCAACGCCAACGAGGAACAGCGCAAC  
ATCAGCGTCATTGCGGCCAACGCACGCGCCCTGAAGACCTCTTCGGGCTACGGCTCCAGCGGTACCAACCTGATCCCAG  
CCTGATCGCAATCAACGGCGTGCCGAAGAACATGAGTGTCTCCTCCGGCGTGTCTACAACGTCTACGGCGGATCGGTCA  
CTGTCTCGTCCACCGGCATGGGCTTCTCGATCACCACCAGCAAGTTGCCCCAGGACGCCTGTATCACGCTGGCCACCAAG  
ATCGCGAAGAACACATTGCAACAGACCAAGATCAACAGCGGATCCGCGATCACTGGTGAAGTGACCACCGCAGCGGGCAG  
CCAGGCCTGCAGCAGCGACAGCAACAGCATTACCTGGACCTACAGTTTCGTGAGTGTGAACCCGATCATCCAGGCTCAGTT  
CGTCGACCTTTACCTCGGTGAAGGCTTCGCCGACGTGAAGGGCCTGGCCGGCGCCGGCGCGCCGAGTCGAGGTGCCTC  
GCGAGTGGGAGTCGCACGCCAGGAACCTCCAGCTCTGCAGGCAACCGTGGAGGAGCTGCAGGATCCTGAGTTTCGCC  
ATCGTCGTGCAGCGGCTTCTGTCTCGCGTCACCCTCCTCGAGGACGCGTTTCAGTGGCAGCGTATTTCGTGCGCCGGT  
GACCGCCCAATTGCGGGAGTTCCAAGAGATCGGCTATCCGAGCGAAGTGGTTTCCGCGCTGATGGATCCGCGAGCTGCAGG  
GCCTGGTCTGTCTGCGGCGAGATGGCGACAGGCAAGACCAGCTCCGCCGCTCTCTGCTCCTGGCCCGCTGCAGGAG  
CTGGGCGGGTGGGCTGCGCCGTCGAGGACCCGAGGAAACCAACCTCAGCGGTCAACATGGGCTCGGCCGCTGCATCCA  
GGTCAGAACCTCACGGCGCTCAGGCGGATACAGCGAGGCTCTGCTGCGCACGCTGCGGGCCGGCGCCGACCTGGTGTGA  
TTGGCGAGATCCGCGACGAGGACACCGCCTACCAGGCCTGCAAGGCCTCTCTGACCGGCAGCCTGGTGATCGCCACCATT  
CACGCGAAAAGCTGTTCATCAGGCGATCGAGCGCCTGGTGACGCTCGCCAGCCACTGGCGAGAAAACGCCTACGACGTGGT  
TGCCGAAGGCATCCAAGCGGTGATCTGCCAAGCGCTGGAGAGCGATGGTTCTTCGCGCCGCTGACCGCCGAGCCACTGC  
TGTTACCGGGCAGCAGCGGCCCGTCCATGCGCGACAAGATCCGCCGAAAGGAGGCTCATCTCTGCAGGACGACCAAGCT  
CGCCAGTCCCAGCAAGCCTGTGGAGATAACACCATGAGGAATAAGCGCAGCAGTGGATTTCATCTCGATCGAACTGATGA  
TCGCCCTGGTTCGTGATCGCCATCGCGACCGCCGGCGGCATATCGGTCTGATGAGCTACCTGGACGGCCTGGACGAGCAG  
CACGCGGCCAGCAGCAACAGCAGGTGGCCAAGGCAGCGGAGAAAGTACCTGAAGGACAACCTTCAGCACGGTTCCTGGCCAG  
CGCCGGCGCCACGGCCCGGGCGGTGATCACCGTCCCAGTGTTCGCGCAACACCCGTTACCTGCCCGCAGGCTTCCGCGACA  
CCAACATCTACGGCCAGCAATACCAGGTAAGTGGCCCGCAAGCCGGCGGCAACACAGCTCGAAAACGCTGATCGTGACCACG  
GGTGGACAGGTAGCTTCCGAACCTCTCGATCCGCCGGATCGCGCAGCTCATGGGAGCCACCGGGGGCTACATCTCGAAAAC  
CAACACCAGTATCGCCAGGGCGCCGCTGGCAGGTGGCCTTGAGCAATTTTCGGTAGCGCTCCCGCGCTGGACACCTGG  
CGACGGCGCTGTTCTCCAGGACGGCGCCATTGCCAACAGTACCTCACCAGCAATGCCGTCACCGGCTCCCGGGTTCATCCGAACTC  
AACCGGATGAATACCACCTGGACATGGGAGGCAACAATATCGCCGCGCCGGCGCATCAGCGCCAGCGGCAACATCAC  
CACCAGCGCGACATCAGCGCGCGCAACGTGACAGCCACTGGCACGGTGAAGCCGGCCTGCTGACGTGCGCCGCGGAG  
CGTACACCGGAGGCTGGTTTCAGGACCCGTTGGTGACACGGGCTGGTACAACGAGAAGTGGGGCGGCGGCTGGTACATGAGC  
GACAGCACCTGGGTGCGCTCCTGGATGAACAAGAAGCTCTACACCGCGGCGAGATGAAGGGCGGCAAACTCACCGCCGA  
GGGCGGACGGAAGTCGGCGAATACCTGCAGCTCAAAGGCGTGGCCACCGAAGGGGGCCGACTGCTCGCCGAAACGGGCTCG  
CCGGCATTACCAGCACCGGACTCTGGTTGTCTGCCAGAACGAAAGTGGGGCGAACCGCCGCTCCATGCGCATGAAT  
ACCACTGCGGGCGTGATCAAGGACTGGTGTACGTTGCACGGCCAGGACAGCGGCATGATGTACTACGACTATGTCCGCTA  
CGCGATCACCTGCGGGCGCCGATTCTGCGCGGTGGGCTTCAACCAGACCTTTGGCACCAACTACTCGTTTCGGCTGATCA  
CCGAGATCGGCCCGGGCTTCAACTATCCGGAGCCCTACAAGACCCCCGACTCGACCAACGTCACCGTTACCTGCGTGAAC  
TAGCAGGTGCGCCAGACTCAAGGACTGCCGTATGCCGCTGATGTGGATCGTCTGGTGCTCGCGCTGATCACCGGGACCT  
GGCTGAGTGTACAAAGCAACCACGCGACCTCGAGCGCCGAGCTGGCCGAGGTCGACACCCTGGCCAGGAGCTTGCTGCTC  
TACCCTCCAGGCTGGCGGAGTACGCACACGCCAACCCCGGTTTCAGCGGTTTCGCCGGCGGACTCCGCTCTTGGTCTACC  
GGCCTGGTTCCGCAAGCCAGTGCAGGCTTTCAGGGCTACATCGCCGCGGCGACCAGCTACGCCTTCATCGCCTCGCCGCGG  
CAGGGCTGGCGGCGGCGGTGGATAACGGTACGGAATCCGACCTGGTTGGCGTCAGGCGCAACGGCCAGTTAGTCACGCGC  
CGCCTCGGAGCCACTGCCATTGCGCTCCCTGCGCCCATCCCCGAGGGCGCGGTGGTTCGCGGTCAAATGACCTCCACAGGC  
CAGTAGACCCCGGCGAGCTTGATAAACCGGCCTTCTGAACACATAATGCCATCAACTTTGATTTACCCCGCTGGCTAC  
TGACGGTCATCAGTAGAGCCCTGGTGTGATGACGTTTCGCTCATTACCAAACCGTAAGCACGCTACAACACCGGGTGGGGC  
GTGCGGATCGTGTAGGATTCTCCCTGTGTCTCCCTGTTCTTTGCTTGTCCATGCGACCGCTCAACTCGTGTGAGCGAG  
TTTTAAAGGCACATAGGGTTCTCAAGAGGTTTCGGTGTTCCTCGATTTAAAGGGTTCGACTGGTGTACGGCCCTCCCTTTT  
CCCCCTCCATGGGTAGCCTGATGCTCCTGCTCCAGGACCATCAGGCTACCCATCGGGATCCTTCTCCCTGCGGGTGGCC  
CGCCGGTGATACGCAGGGCTCCCTTTGTACGCGGATGCGTGCTACTGTTTGGTGGCCAAGCCACGATAATGGCCGGGTG  
ATGGGATCGAGACGATCAATGCCAGGGATCGACGATTCAACCACAGGTGGCTCACTTGACTCCCTTCCAGACACGGCT  
GGGAAACCTTTGACAGGGTTTCTACCAGCCGCGCTCTTCGCCCTCGCTCTCCGCCGCTGCATCCTGCATCCGCTCCC  
CCCTCCTGCTTGACCTTGACACTTTCCGCCCCGCTTCGATGATGAGCGCGTGTCTGCTGACGTTGTCAGCGACATGCC  
CCATGCAGCTCGGATCCGAAGTGTGTCAGCACAGCCACCGTGTGATCCAACCAAGACCGTATAGCTTCTGGTAGCAC  
GGTGGTTCGGCTCGGTGATAGAAGCTCCCTTCCGCAACCCAGCGGGGAATCCACTTCCCCGCCAGGGCCAGTGTTC  
TCCGACCCCTCAACCTGCAGGAGAAACACCATGTCCAAGCAATCCACCAGCTTCGAAATCGGCTTTGCCCCGCGCAGTGT  
TGTGCGTGAGTTCCGCGAGAGCGCTCAGTCGCCCTCCGGTTCGTAGTGCAAGCACAAGCACCAGTTCGCTGAGCGTCCAGC  
GTATCGAGCCCGCATGCTTGTGGCCCCGACCGCCAAAGAGCTGGAACACATCAGCGACGTCGCCGGGATCGTCCGGTTG  
AAGAAAGTCAACCTCAATGACTGGTATCTGGCCAACACGCGGAAGTGCAAAAAGCCAAAGCGCGCGCAAAATCCAAACC  
GGCCAAGGCGACACCAAGGCCAAAACACCGGTACAGGAAGGAGCTCAAGCTGAGCTCCCTCGATCAACTGATCGCACCGG  
TTGATCCGCTGACCTGCTGATCCACACCTCCCACCAACCTGCGGGAAACCATCCCGCAGGGTGGTTTTCCGGTATTCA  
TCGAGGAAAACCATGGGGTCCGCAAAACTTTCCGCAATCGAGAAGATCTACGCAAGATTTGGAACCACGGCGGTAGCCG  
TGTTTTGATCGGCATTTTTCTCGGCGAGCATCGCATGCTGACTGCCCTTGCCTGTGCGGTAGGTGTGGTAATCTGGTCTA  
CAGGTATCTACTGACTCAGGAGGAATCTTGAGATGAGCCAAACGCTTTCGGCGTGATCATGCTGACCGCTTGTCTGT  
AGTGTCTTGTGATGGCGCCCTGGGCCGATTGGCCCAACCTCAAGCTTACGAAGTTGAACCATCGGCACCGCC  
CGCACTGACCTCAAGCCCTCCGTGTGAGGGGCTTTTTTCATTTCGCGGGGCTTGACAACCTGCAACAGGCCTTTTCATTCT

TTGCACCGTGAGCTGCTGACGTTGTTCGGCAACCCCTCCCCAGTAGTCATGATCTGAAAGACTACGACACGGATTTCCGTG  
TAGATCGAACCCAAGATCGCACCAGCTTCCGGTAGCGCGATCAATCAGCCACAGGTTGATGGAAGCCCTCTCCCTCTGC  
TTTACCTCCCAATACCGACCCATGCGGGGAATACTTTTTCCCTGACGGGCAAGGTGTTTTCTCCGCTTTTCGCTTACGAACT  
GGAGAACCATCATGAGCAACAACACCCCAAGCCCAAGAAGCCAAATATTTTCGACCTGCACACCACCGGTATCGGCTACCTC  
AATCGCATCCGCGAGGTACCGATCCGCGGAGGTGAACCGTTTCTCGCCGTAACCGTTCGCAGCCCTCCATGGCGCGGCAGA  
CAGCGTGAATAACACCTACATCGACTGCAAAGTGGTCGGCGCCAGGCTGAAAAGCTTGTCCGCGGTTGCAAGGAAGCAG  
TCGAGGCCAAGAAGAAGGTTCTGATTTCCCTCCGTATCGGCGATATCTGGGCGGATCCCTTCATCCACCAGAAAGGCGAG  
AAACAAGGCAAGCCCGACGCAAGTCTCAAAGGCCGGCTGCTCTTCATCTCCTGGATCAAAGTAGATGGCACCACCGTCTA  
CGATGCGAAGGAAGAAGCTGAAAAAGCCAGCAAGGCCAAGCGAACCAGCAAGGTGAACCCGACGCCCTGTGAACAAG  
CCGCTGCTTGAGCACGGCTTGATTGAATACCGGCCCTCATCCGAGGGCCCTTCACTACCTACGCTATGCGCCACTCTTC  
ATCGCATACCCATCCGGGGGGCACCATCTCCCCAGGGCGTGGTGTCTCCATTATCTGGAGATCATCTTGAGCAATATC  
CAAATCGTAGATCTGCCCGCCCTGCCGGAAGTAGAGGAAGTTTGCTCTCTGACATCGAGGACGAGTTGCTGCTCAGCAG  
GCATTTCTGCAACTTCGCTGGCTGTTTCTAGCCAGCAACAATGCCAGGTATCTGCCCTGGCTAACCGCCAAACATTT  
CCCATTTAGGGGACCTCAGTCCCCTTGGGACTGGTGTTCCTACCGAAAGGAGAATCACCATGCAATACGGAAAGCGGGC  
ACTCGCCCATCTTCATCTCGAACTGCCGCTGCAGGTTCTTATGTCCAACGCCGGCTTCTATATCGGCACCCTTGATGAAG  
AAGGACCAGCCTCGCGCGAGTCGGTTGAATATTACCCTCACGCGAACTTGCCCAACAGGCATTAGACAACGGCACTTGG  
ACGCAACGGGAATATTAAGCTTTACCCTTTTGCCCATGTGCATCTTCTAATTCAACCAGACGGGGTCATCACCCTGTT  
GGGTGGTGACCTCTCCGACTTGATTAAGAATTGGAAATCACCATGGACACATATCCAGAAAGGCTCCAGCTCTACTCAA  
CATCGGAGTGCATGCTGCACAAAGCAGGTTTCGAGTACATCCTGTGCAAAGGCTTGGTTGATGAGTTTGGCGATGCAGGAC  
TCAGTATCGAGCTCTATGTAATTCAAGATGCAATCGAAGCCTTGGCGCAGGCCGACTGCGAGCAGGTTGCGACTCGAGC  
ACCTCATTGATACTTCAATACTATGGCTTGGTAGAGCGATACCAGAAGGCTCGGCGTAAAAGAAGAACACCTATCGCGTTA  
ACTGCAACAACCTCGACATCACCAGGGCGCTTCCGGCGCCCTTACTTCTCTGGAGGTCCATAGCCTCCAAGGGCATGGGC  
TTCCCGGCAACCGGAGATATCCCATGACTCAACTCAATCCGTTTATTTCCCGGCTATGAGAGTTTCCGCATAGAGCGAAAC  
TTGCAGATTACGGATGAAGGCGACAATCTGCCGTGCTACCGTACCCTGCATGAAACTCAGCGACACCTCCAGACGAATA  
CTTTAAGTCCGAGCCGTGCTACTTCAATGACGATTTCCGCGTGGTAGCGCAAGAACTAGACAATGAAATAGTCGAAAAGT  
GCCCTACCAAGGAATAGTGAGAAACGTACTTTACAGCATCTACGTTAGCAGGACGGCAGAAAAAAGCTTATCGGAGAT  
CAATATTCACTGACCAAGCCGAGAGTGTCTGATACCTTTCTGTTCCGCGCGGTTACAACCCGCTGTGGGAGATCAG  
AAAAACACATCTGCCCATCACTACATGGAATAGCCTCTACGAAAAGTTCTCGACCAAGATGCCAGTCCGCTTGCCGTCGG  
TGTTGGTCTCGCTCTTCTGGTGTAAACGAGCACGGCGCCGTGGGCTTTTCGCTTGCACAACACCCCTTGGACGGATGAGTGC  
CTGGAGATCCTGGAGATGACCTCAGCAACTCTTCGAGAGCAGCAGCTTGCCTTTCGGCTCGACGAAACACCTGGTTCGATCT  
GCTTACCTCGCGGGACAAGCAGACATTCGGTTTCTGGTACTCGATCCATTCGCGCCACGCTCAAGGGCCTGCCGCTTT  
ATGACGATTGAGCAATCCGGCCGGCGGGACATCCCGCCAGCCCCGAATTCGAATTTGGCTCGCTGTCTGACAGCGCT  
CCCAAGGAGCCAGGGTTTAAAGGCTCCGGCGCGCAAGCGCTAACCCACCCAAGACCGCCACAGCACTCGGCAGCGCGGTCG  
CATCACGCAAGTGTGAGTGCATCCTACCCACCCACGCGGGACCTCATCCCGCGGGAGAGGCTGCGTATTCGGAGA  
CCTCTCATGACCTCTCTCAACAACCCTCCAGCGCAGGCCACACTGCTGCGTACCTCAAACCTCCGATCGTTCTCACCAA  
CGCGGCTGGCTGCGCCTGGTCTATCTCGCCAACCCCTGCCAGGGTCGACGAGATGGGCACCCGGCTGGCCAGTGTCTTC  
AAACCGCTGGCAGGAGCTTTTCGCTCCAGCCGACCGCAAGCACATCCGATTCCACCTGTACCACAAGGAGGAAGAGGGG  
CAGGACCGCGCACTCGCGCTGCTGGCCCTCTCGATAGTCGAGCCGTCCGATGAGCCTTCTACCTGCGCATCGAGCTGCA  
GGAAGAAAGCCTCCCGGGCAACCCGGATACCGAGTAGTTTCTCCCTCACCACGATCCCGCTTCGGCGGGATCATCCTTTT  
CGCAGGTACGCCATGATCAACATAACCGGCCAGTTGGCCATTCGAACCATCAACGGTCGCAATGGCGAGTTCAACGTGG  
GAAAGCTCTCGACCTCGATCGGGGAGTTTCGTATCAAGGACGCTCTCCTGGACCAGCACATCGAAGGCAAGTACCGCGGT  
GATTTCCGCATCACCAGAGATCCGTCCCTCCTACTACACCACCGCGCGGCTGGTTCGTCGAGATCCGCGCGAAGCTCGA  
CAGCATGACCTGGACGACGTGGACAACCTCAGCAGCAGGAGGACGAGCGTCTCTCTGGCAATGAGGTGGATCCGCTCG  
ACGAAGTCCCGGACTCCAGCAACCCACTGCCGCACCGCGGACCCGGAAGTCGCCCCAGAAACCAAGCCTCTGCGC  
CCCGCTGCAACCGGGGACGACACGCTTTTCGGTATGGACCCTCCGGCTCCTGCAAAACAGGCCCACTTGGACACAGA  
CGCAGATGCAGAAGTTCGGGACGGTCTGGCCGCTAGGCGAAATCGTCAAGCTGGACACCACGGTTCGACCGCAAGCGAC  
TACGCCAACAGTGTGTGCGACTCGGCGAGCTGGGCTATGAGCTCGACTTCAAACAACAAGTGTGGACCCGCAAGCGTGC  
CCTCTCCATGTTGGAGCCAACGCGGGGTCAATCAGTTCGCTAGACGATGACTACGAGCGCCGACGGCAGCCGGAGTGC  
TACTACAACCTGTTCCACCCACCAGGCTATCAGCGCAATGGCTGTAAGCGCTGCTGCTATTTGGCGTTGCTCTGTCAACCA  
GCTGACTCCTCCAGCGCTTTCGAGCGCAACACGCTAAAGCAACACCCCTACCCACCCCTGCCGGTTCTCCCGTCAGGGA  
GACCTGGCCAACCACAGGAGCACACCTATGGGATGGCTTTTCTCACATCAGACGAAGGAAGACCTGCTGCGTAAGCTGCT  
GGCCCCAACCAAGTACCTTCGAGGCGACACCGAGGTGCTGGCACACGCAGTCTCCGCAATGAACTTTGGACTGTCGTAA  
AACGAACCTTCCACCTTCCGGGATTTCTATTTTCGGCAAGCCGGCCGGTCACTCGATCACCATGATCGAGCTGCATTGCTG  
GACTGCTCGGCCGGGCAATGGGGCTACAAGACCATTCCGGAGAAAGCAGGCCCGTCTACTACGGCTGTCCGCTGGAGTT  
CCTGGACCTGGCTCACGATGAGACCAACCAGGAGTGGCGAGACCGTCTGACGCAAGAACACCAAGCCTGACCGCACCAAC  
CACTTCCCTTGGAGGGGCTCCCTCAAGGGCGCTCCTCGTCTACCACCAGGAACACACCATGAACCCACTGTTTACCAACCT  
CACCCAGGAAACCCCTCGCCTACCTCGAGGACCAACTGTCCAACAACGACGTCGCCGGCGACGACGAGCTCATCGACCTGT  
TCATCGAGGAGCTGTGCTGACCTTGGAGCAGGCGGAAGCGGCTGTTCGCGCTACCGGATCAGTACCTCTGCCAGGTCTTC  
CTGATCGGCCAAGGGCCGCTGCACCAAGCCGATGGGCTCTGCTTCGACCCTCACACCAAGAGCGTTTCGGTAACCACCAG  
CTCCCCTGCACCACTTGGACTACACCCCGAGGGGCTTACCGCCCTCAGGGCGGTGTGGCTCCTCCTTCCAGGAGGTT  
CCTATGCCAGTCCACCCCGCTTACCAGATCGAAGAGTGGCCAGACCTGTACGTCGACGCTGCGTGTGCGACGAGCA  
GCGCAACCTGGTCTTTCTTTTCGGCTGGGGCCGCGACACCGTGCACACAAGAGTTCTTGCCAGGCTGACGCTGGGCGGG  
AAGAAAATGGCATCGACATTTCCACATCATCGTGGACGGCCCGCTTACCTGTCTTCCCAAACCAAGGATCTCCTGGAG



AAACGCACCACCCGCCAGTTCCGCGGCACGTTGTTCCGGCAGCCTGCTCAATCTTTGGCTGTTGATCGGCGCGCCTCGGC  
GCCCCACCGAGGCAATCACCTCGCCTTCGCACTCCTGCAGCGCGATGAGGATCCACACCAGAGGCTCTGGCCGCTGGTGA  
TGGAAACCTGTCCGCTCCCCCTCCTGCAGCACTGGCGCGAGCCGGTGATGGAGGTCTCACCCAGCACCAGATGTTGACG  
GCCCTACCCGGGACGATCGGCAACGTCTGCGCCTGGCGACTCGCCCTGCGGGTGCAGCTGCTCGAGCCCACTCTCGGTGA  
GCTGATCCGCGAAAGCATTCTTACCACCGATGCTCAGGCGCAAGCCTGAGCCATCCCTCTCAGACTCAAGGAGGCCCAT  
GGCCCTCATGTTCCCGCGCTTGGCGCGCAACTTTGCACGCAACGGCTACTTCCCTACCGATGAGGTCAACCTCGAACGCG  
CTCTGCAGGCCCTCGCTCCCGCCCCGTCGGGCAGGATGAGGATCTGTGATCCCTGCGCCGGTGAGGGGGTTGCCCTGGCT  
GAGGCAGCACACATCTCGGCCGCGACAAGGTCCAAGCCCTCGCTGTGAGTACGACCCGCGAGCGCGCCGACCATGCTCG  
AGGCTTGCTTGACCGAGTGTGCACAGTGACCTTTTCGACACCATGATCAGCAGGCAGTCTCGGACTGCTCTGGACTCA  
ACCCGCCTTATGGCGACCTGGTGGCGGACCCTCCGGTGCCTCGCAGTACCAGGCGAGCCGCGCAGGCTCTGGAGAAA  
GCGTTCTACCAGCGCTGCCTGCCGTTGCTGCAGTACGGCGGCGTCATGGTCTTGATTGTTCTCACTACGTCCTGGACGA  
TGAGCTGACCGGCTGGTTGAGCAACCACTTACCAGCCCTGCGCATATACGCGAGCCGCGGATCCTACCTTCAAACAGGTGG  
TGATCTTCCGCATCCGGGTCCGTCGACAGGACCTGGCCCGGGCGGACGCCAATCAGGTGAGGTCTCGCCTGCAGGCGATC  
GGCGCGGGCCAGGAAAAGGCCGAGGAAATTCAGCGGCTTGGCCGTGGGAACCTATGTGGTTCTGCCGGCCACCAGCGA  
GCTGGAGCACTTCTATCGAGTAACCCTGGAGCCGGAGCAGTTCGCCGGCGAGATCCAGCGGCTGCGAGGTCTCTGGCCTG  
ACTTCAACCTGCACTTCGCGCAAGCGGGGCTGCAGCCCCGCCCTCCAGTCCGCGAGCTGTCTCGCTGGCACCTGGCTCTG  
GCCTTGGCCGCGGGCGGATTTCCGGCGTCTGTCGCTCGAAGTCCGGCCGATCCTGGTCTGAAGGGTGACACCTACAA  
GGACAAGGTCCGCAAGACCGAATTCACCGAAGACGAAGACGGCAACATCACCGAGGTGAGGATACTCACAGACCGTTTCA  
TCCCAGATCATCCGGGCATGGGAAATGACACCCTCCTCGGTCAATCAGGGCCGCGTCTGACCATCAGTCTGTCGGCTGCG  
ACCACGGAAGAGGCTGAAGAGCCCCAACCTGAGCCGGCCCCCGAACCGCTGCTGTTACGCCCTGGCCAAAGTCGTAATGAC  
CGCTGCCGTGAGCCACCTGGTGGAAACCGGTCAACTCAACCCAGCGCCTTTGCTGAACCGCCATCTGGCGGGAGATTGGG  
GGAGCTGGACCAGGAAGACTGGAACACCAACCAGAGAGCCCTGAAGTTCCGGCGATAGGCTGCTGTCTGCTTACGACATC  
GACGCCGGCGGCGAATCCAGGCTCTGGATCATCACTGAGGCCAATCGCAGTTCGACCACCCTGTTGCTCCCTAGCGACTA  
CTGACCTCGCCCCACGGCGATTTCCTTCCACTCCCCCTGCAGGGTATGCCGATACCCGAAAGGGACGTGCATGCCCTGC  
TTTTCTTCTTTCATCCGACAGGAGATGCACATGAACGCTCAGACCCAACCCGGCCGCCCTGGCCGCTTCCCCCTGAACATCA  
ACCTGACCACTTCCATCGACGAGTTCCGGCGACGACTCTCGGAGTCCGTCGCTCAATCGCTCAACCCCCCGTCTATACCGG  
TCCGACAACACTTACCAGCAGTTGGTGTGATGGACCGACTCAAGCGCAAGCCCTTCGCGGCCAGGCGGAGTCTCCAGGC  
CATCACCGCCCTGCTGCTGGACCGTACGAGCAGGCCGGGATCATCAACGCCGAGATGGGCGCCGAGGAAAACCATGATGG  
CCATCGCTGTGCGAGCGGTTCATGCACGCGGCCGGCTATCGCCGACCCTGGTTGTCTCTCCGCCGACCTGGTCTACAAG  
TGGCGCCGCGAGATTCTGGAGACCATCCCAGCCGCCCGCTGCTGGGTAATCAATGGCCAGATACTCTGCTCAAGCTGCT  
CAAGCTACGAGATCAGATGGGCGACGCTACGACGGACGCCAGGAGTTCCTTTCATCCTCGGCCGCGTGGGATGCGGATGG  
GTTTTCCATTGGCGGCTCGCCTGCTGGAAGAAGCGCGCCGCCGGCCAACTGCTCGCTGCGTGCCCGGATTGCGGCCAG  
GTCCTCGAGGACCTGGAAGGCAACCTGGTACGGTGGAGGAGTTCGAGCGTGGTGACCGTGCACGTACCTGTTCTCCTG  
TCGTGGGGCGCTCTGGACGCTGATCCGGCCAGGCAAGCCTGACGGCGGCAACCCGGCGCGCAACGATCCTCAAGTGCATGT  
GTCGGATTCCAACCATCGGCCCGGTGAGGGCGGAGCGCCTGCTGAACGACTTCGGCGAGGACTTCTGGCCACGATGTTG  
GTGGACAACGTCTCGGAGTTCATCAACCTGATGGACGCCAAGGGCAACTTCGCTTTCAGCGATCGGCAGGCCAAACGCAT  
GGAGCGATCGATGGCGAACATCGAGTTCGGCTTCGGCGAGGGCGGCTACCAACCGACCGAGTTCATCAAGCGCTACCTAC  
CTGATGGCTACTTTCGACCTGCTGGTGGTGGATGAGGGGCATGAGTACAAGAACAGCGGTTTCGGCCCAGGGCCAGGCCATG  
GGCGTTCTCGCAGCCAAGGCACGGAACCGGTGCTGCTGACCCGGAACGCTCATGGGCGGCTACGCCGACGACCTGTTCTA  
CCTCCTGTTCCGCATCCTCACCCAGCGCATGATCGAGGACGGCTATCGGCCAACCGCGCGCGGACGATGGCTCCCGCAG  
CCATGTCTGTTTCATGCGCGACACGGTGTGCTCAAGGATATCTACACCGAACCGGATGGTGACTCGCACAAGACCGCGCGG  
GGCAAGAAGCTCTCAGTACGCACGGTGAAGGCTCCCGGCTTCGGCCCGAAGGGCATCCACCGCTTCGTAATTGCCGTTTAC  
CGTGTCTCCTGAAGTCAAGGATATCGGTGGCAACGACTGCCCCGACTACCAAGAGGAGTTCGTCGACGTGCCATGGCGC  
CTGATGACGGCCTCGCCCTATCAGCGCCTGGCTGCCAGCTGACAGCAGGAGCTCCGCCAGGCTTCGGCGCAGCAGATACC  
ACGCTCCTAGGCGTGGTCTCAACGTGCTTCTGGCTTGGCCGGACTGCTGTTTCCGACCGGAGATCGTCAAGCATCCGCG  
AACCCGGGACACCCTGGCCTTCGTCGACGATCTTCGGCGACGAGCAGCTGATGCCCAAGGAGCAGGCGCTGGTGGATC  
TCTGCCTCGAGGAAAAGCGAAGGGCCGCAAGGTCTGGCCTACACGGTCTATAGCGGGACGCGCGACACTACGTCCCGG  
CTGAAGAAAGTGTCTCGAGCAATCCGGGCTGAAGGTGGCAGTGCTACGTGCCTCGGTGATACCTCTCGGCCGCGAGGACTG  
GATCCTCGACCAGGTGACCGTGGCATCGATGTGCTGATACCAACCCGAGCTGGTGAAGACCGGGTTGGACCTGCTCG  
ACTTCCCGACCATCGCCTTCTGCGAGCGGGGTACAACGTGTATACTTGCAGCAGGCCGCGCGGCGGTCATGGAGGATC  
GGGCGAAGCACCCGGTGCGGGTGGTGTCTTCGGCTACGCCGGCAGCTCGCAGATCACCTGCTTGCAGTTGATGGCGAA  
GAAGATCGCTGTGGCTCAAAGCACGTCCGGGAGACGTTCCCGAGTCAGGTCTCGACTCGTTGAACCAGGATGGGGATTCCGG  
TGGAGATGGCGTTGGCACGACAACCTATTGCGAGCATGAACTCACAGGCCACCTTCGGGTGGCCTTTGTTTTATTTTTTGC  
TGTAAGTTCTGAAGTCAGCTAGTGGTGTATTAGCGCCGATCAAGCCAGGTATCTTCGTCATCAGTGGCCACGAGTATCTCT  
AACAACCTCTATTAATCTCGTCTGTAAAACCTGGGACTAGCTGATCAAGCATGTAGCCCGGCATGAGAGCTAAAGTCTCTC  
CCACATGCTTCCCATTCGGACCATAATCAATATAGATGCCGGTGAGAATTAATTAATGATCACCCGACAACCACAAA  
TTGTCCGGCCGGCCTTGCCATAAAGCTCTTTAACCTTTAGCCACCACGTTGACAACAAGCTTATGGCAAAAACAGAGGCCAG  
GAAACTTAACGCCACAGACAGCAGACTTCCCTTCCATAAACATCGTTGCTCCTTTTGTAAACAGGAGCGTTACAACCAAAC  
CGACGACTGCTGTAGTCAGGAGAATGGGGACAACCTCGTGAGTACCGATAGTTATTCATGCTACAGAAAAATAACCGCCAC  
CTCTTAAAGTCGTGGATAAAAAATCAAAAAACGAAACACCCGAAAGCGATAACCTGTGAGTGCAGAACAGCCAGAAATC  
GAACAGCTGGTTGCAGTATTGCCTCTTTCATCACTGAAAGCTCTTCAATCGCGCGCGGAGCACTTTGGTAAACACTGC  
GGGTTCTGAGCGCCGAGATGTAGCGATTACCAATTGATCAGCAACAACCGAATGCCGATGCCGAGGCTGCTTACTGCTG  
TTTCATCGCTCAGGATTGCGGCCCTCCGCCGAATCAAAGCCGATGAGGTCCGGTGGCACCTATTTCAATCGCCAGATCTCGC

AGAACTCGTGC GTTGAAGATGTCC TTTGCCCTCAGTAGTTCCCGCCAAATAGAGCCGCTCTACATAGCGGACCTGCAACGC  
CGGATCGGCGATGGCCTTGACGTACTGATGAGCCGCGGACGTGTCCCCGAAGCGCATGACGTCAAATCGATAGTCCAAAC  
CCTCACGTGAAGCAGCTCCGCGAATGGCCCTCATGAACACATCCGCTCGGCCCTGGCTGCCTGTTTTTTGTACGAGCGCC  
TCTTTAAAAGGGATCGGGCTCATGCCTTTGGCCAAGCGGTATGCGCGTGGCACCAGATTTCAACTTCGACCTGGTCCCCGAG  
AGCATCAATTGCCTGCTCCAGGCGCTTCTTTGCTATCCAGCACCAGGGACAGACAAAAGTCGGACCAGACCTCGACCCGTAA  
TTTTCTTCATGGAACCTTCTCTCATCTGTCTCCGATGCTTATGGATCAGCCGCGGAGGGACCTCAGCTTTGAGGTTTGCT  
ATCCATCGCATCCAAGACGTGAGTGTGTAAACCACTGCCGCACCGGCGTTCAGGTTACAGGCCACGCCGAGAGCTTCCG  
CCACTTCTCCGTGGTAATGCCGAGCTTCTGGCTTCTGCCGCATGGAACGCAATGCAGCCATCGCAGCGCTGGTAACG  
GCAACTGCCAGTGCATCAGCTCAGGGTCTTCGCATCAAGCGCATTTGGTTTTGTACCTGCATTACCGAGCATTTGCCAC  
GCCACGCAGGGTGTCCGGGGAATGTGCGCCGAACCTTTTTCAGGCGGGCACTGACGTCGGTGATGGTTTTGTCCCAGTTAG  
GCATACTAGACATGATTACCACCCTACTAGTTGATAGGTAAGATCGGCCAAAAATAGGGCCGACCGGGTCCGCTATCGG  
CCCTGTTGTAGGCAGAGATCAGTACTCTGCGATCATCCGAATGACAGCAATATTACAGTCTCACCTTCCCTGGTGGCCC  
AGTTGATGAAGCTCGATCCCTCAAGGATACTGAGCAGCAAGTAAGACTTTTTCTCTGGCCCCCTCGCCCCGGGCTAACTCA  
CCAGCGCAATGCCTTCGTCCATCACTCTGGTCAACCAAGACAACCTGCACATCAAAGAACCGTCGTGTCAGGCGTTGAAG  
CCCGTCCGGCAATGCAGCCATTTTCAGCTGCTAGCGCACCACACAATGGCAACAGACCACCTCGGTGCTGGAGTAGAAGA  
GCACAAAGAAAGCCTTGAGCCTCTCAACTGCACCTGCCTGATTGATCTCGATTTCGCTCGAACTCGGCTTGACCCCGCGAG  
ACGTACTCTTCGACGATCGCGATCCCCAAGTCTTCTTTGTAGGGAAGTGGTAGTGAATGCTCGCTTGCGAATACCTAC  
CGCGTCTGCAAGATCTGCATAGCTGAACGCTGCATACCCTTTAGTGCGCATCAGCCCTTCAGCGCTTGAATTAACGCGT  
CCCGTGTGGCCAGTGCATAACTTCTCTGCGTAATCGCCCCGACCAGAAAAGAGCGATTCCGGCCACTACGCAGTTAT  
CTTACTTACCTTGCTTACGGCCAGCCATGACCCACCGTCCACGTCCCAAACAGCACCAGGTCACCCAGGACGCTTGTGTCG  
GAGAGCAGGAACACGATGGACTCAGCAACGTCACGCGGAGTGCCGTTACGGCCCCAGCGGGTGGAAAATTGTTGAAGTCATT  
CAGCGCACCAGCCAACCTGATCGCCGGGGATGAAGCGCTCGAAGATCTTCGTTTTCCACAATACCCGGGCTGACCGAGTTGA  
CGCGAATACCGTGTGGGCCAGCTCTGCTGCCGCGTGTGTGGTCAAGGTGTCCAGGCCAATTTTGGCCATCGAGTAGGCC  
GAGGCCGGAACACCCTCGACCGCCTGCCTGGCTGCTACCGCGGTGACGTTACGATCGAACCGGGTTTTGCCCTGAGCTAC  
CAGCTCCGCCGCTACTTGACGGGTTAGGAAGAAGATGGCGCGGTTACAGATTCAGGAAGTTGTGTAATCTCAAGCGAGT  
GCTCGATGAATGCTTTTCGGGTAGTAGATAACCCGGAATTACCATCAGATCAATGTCTTGTGGCTTGCGGCCAGGTTTC  
TCGATCAGCGCTTGAGCTGGCGAAATCGGTGAGTCTACAGCATAGGCCACGACCTTGTCTTCGCCGCAACCGCGGC  
CAGTTGTTGGCGTGCAGCTTTCGGCTTTCTCAGGGCGGTTGCCACGATCACAACCGAACCCGCTTGTCTCGCCGCAACCGCGC  
GCGCGGTTTTCGAGACCAATGCCACTCGTGCCACCCACTACCAGAAGCTTGGCAGCTTTGAACTGCATGGTGATGCCCTCT  
GTTTTGTCTACCTACTAGTTGGTAGACTAGATTTTGAACGGAGAGATGTCAAGCTACCGCTGATCGAGTAGTCAGAGAATG  
TCCGGTACACCCTTGACAGCACCAGGCTAAATCAACTCTGGACTGCAGAGTGTGCCAGGAGCTACTTTGCCCTGGTTTT  
TGGCGCAAGCTCGATGACCTTGCCCTTGAGCAACACCTTTTCAGCTGTGCTAGCTCAAGCATGAGGCGTTGATTACGGAGG  
CAAGGCGAGCGATCTCCTCCAGAAGTAGGCTGTTCTCTGCGCGGAGGGCTTTGTTGAGATCCTTCTCCTTCATGAGCGCC  
TGGTGTCTCGAATCACGCTGAGCGCGCTCGATTTCCCTATGAGGCTGCGGATACGCTCCGCCACGGCCGGGTAGGTGTT  
ATGGATCAGCCCGGGGGTGCAGCCTGCCGCTCTGGCGACCGAGGAGATGGAGAGCTTCTCATTGCCGCGAGCATCCTAT  
CGATGACCTTGTGAGCGCATCGGCAGTCTTTGGGCGAGAGCGGCCCTTGGACGGCTCGGTGCACTTGTAGCCATTAC  
AGCCTCCTCAAGCTCCTGGTCATCCGGCGACAACCAAGACTATTGATCACGTGAGGGCGACCTGCAGGTTCGCGCTCTG  
CACGCTGTTTTACTGCCGGCCCTGCGTCCCTCAATTTTTCAATTAGCTCCCCTTGGTGGGAGTAGATGCCTTGCCAAGTGCCT  
GCAAACGTCTCATCGATCACCGAGTGTGTTGACCCAGGGCACCTGGTGGCCTCGTACAACCCAGCGCTCCGCAACCACG  
CTCAGTGGCAATGCACCATCCGTGACCGGTTGCGCGAATGTTTCGATGAGGTGCCGTTTGGGCCAGCAAGGCGGCCCTGT  
CCTTGACCGGAATCGCACGCAACTCAACGATTTTGTCTCCGGCACCACTGCCAAAGGCTGGTCATCAAGCCAGGACTCA  
ATGAGGTGCATCTTGAACTCCGTATCTGCTGCAGGATCTCATCGAACAGCGTCAGATCCTGGAGCGGATTTGGAGGCGTA  
GAGCTGGGTCTGCTACTGCTGTGCTTGCATGCCACTTGGAGAAAGACGAGCGAGGTGCGCCCCATCCGCGACTCAA  
CGAAGCAACGGGCATAGGTTTCGCCGGCACTGGTGAGTGCAGCGGCGGCTTCCAGCGGCTTTTTCGATCGCTTGTG  
AAGGACTCATTTCAGCCAGCCTGTCCAAGCACTTCAATGTGCGCTAACCTTTCAGATTTGTTGCCCTGATCCGTTCAAACA  
GAGAAACAACCTCTTGAATCCTTTTCGGCCTTCTCTAACCGGAGCAAATGCTCAGCGGATCTGGACGAGGGTGCCATCT  
GCTCTAGCTCATAGACCTCAGCCTCAAGCTCTTGCCCTATTGGAGTCGTGCACCAGGCATTACCAGGCACTGCGCTATGC  
GATGAACCGAGCAGAAATTTAGCGCGGAGGCGCGCCCGCTCGACCTGATGACACCGGAACAGATGGAGCATTTGGCGAG  
AGCGTATCCGGGCGTATGATCGAGCCTACCGCGCCCGATGGCGCGACCACTTCGCTCTGACCTGAACGACACAGGGCG  
TATCTCGACACGATGAGGGAGTACAGACGCTGGCTAGCAAGAATCAACCGAATAGCTGGTAGCTGCGAACGCATAGGC  
TCAATTGGCCGAGACTCGAAGCGCAACGTACTCAGCTTCGATCTCCCGTAGAGTTCCGGCACCTCCTCGCTCATTTCCG  
TATTAGGCAACTGGCCGAGCACCAAAAGCGTACTCAGTGCATGGTAGCGAGCCAGGTATTGCTCCATGCCTCATCGAAG  
TGCGCGCTCTCAATCCCTGCCTCCCTCTTGCGATAAAAAGCAGCCACGGCGGCCAGTTCTTGGCGCGCTATATCGATGAT  
GGTTTTGTTTCGAGCTGGGGAAGGTCTGTATTTCATGGCCTAGGGCTTCCCTCGAAGCAGTGTAAACCAGAAATGACGCGAGCCT  
AGATGCGTGTGAAGGGCACCCAGAGTCGACTGATCTTTCGCATAGCGAATCAGGCCCGGCGATTTCGCCAGAATCCTATCCA  
AAAAATCCCACCCCACTCACCGAGTATTTTCTACTGCCTCAATGGGGGCGAGTCTGAGAGGGTGTCTCTGGCTTCGCGC  
GAGGACACTCATGAAACGCCCATCCCCTGCATCAATGATTCTTGGCCTCTGCTTTCAGCGCAATGGCCGGCCTGCTGGGCT  
ACCAGCAATACCAACTCATTTCAGCTCCGATCAGGCGTGGACAGTGCCGCGGAAAAGACCTCGCTAGAGGCGATCCTGGCT  
CGCTTGAATCGAGTCGACGAGCGCCTCGACGCGTGGATGGGCAGCACCTGGTCAGCAACGAGGACTTCCGCTCAGGCCA  
GCAGGCACTGTCCAACCGCATTTGACGCGCGCAGGCTTCGCCAAGCAGGCTCCGACGCGTTCGAGAACCTGGCTCAAA  
CCACCGCTCGGCCGCGATCTCTGGTGCCTCAAGGCTACAGTGGAGACGCTGGACGCTTCTGTCCGACGCTGCAAGAG  
AAGCAAGCCAAGGCTCCGCCGCTGATCGTGCTCCACCGAAGCGCGGTCCTTCCCTGTCAAGCCCAAGCGGAAACCCAA  
GCCAATCGAGCCTCCGCCCTTCTCAATCCTCGGCGTGGAGTATCGCGGGGGCGAACGGTTTTCTGTCCGTTGCACCTCCGG

GATCCACCCAGCTCAGCCAGATCTACCTCATTCGCCAGGGCGATGCCGTCGCCGGCAGCACCTGGCGACTGACCGACCTT  
GACGATCGTACCCGCGACTTCGACGTCGCCGGCGCCTCGCGCAGCGTTTCGCATCCAACCATAGGACCCCGCACATGAACA  
GAACCGTATCGCTCCTGTCCGGCCTGGTGTCTGCTGAGCTATCCCGCAGTCGCCCAGGAGGCTGCCGCAAGCCGAGAG  
GCCAGCAGCCAGCTGTCCGGTAGCCAACCTCGACACGCTGAAAACAGCAGACATCTCAGAGCGACCTGGCCCAGGAGTGGGG  
ACTGAATCAACAGGAATGGACCCGCTACCAGACGCTCATGCAAGGCCCCCGGGGCGTGTACTCACCTGGCATTGACCCGC  
TGACCCGCTGGGCATCGAGGCGCGATCGGCAGAGGAACGGCGGGCGGTATGCCGATCTACAGGTCCAGGCCGAACGGCGC  
CGGGTCGAGAAGGAACTCGCCTACCAGCGCGCATAACGACGAAGCCTTCGCCCAGCCTATCCAGGCGAGGGGGTTCATCCG  
CCTCACCGAAAGCAGCACGGCCAACCCGTCGGGCGCGCCGAACATGAGCCAGCGTTGCAGAGCAGCGGGCGCCTGGCCC  
TGTTTCGTCAGGACAACCTGCACCCGCTGCATCCAGCGGGTCCGCGACCTGCAACAGCAGAACAAGGAGTTCGATCTCTAC  
TTCGTCCGTAGCCAGAACGACGAGAGCGTGTGCGGCACTGGGCAATCCTCGCCGCGTCGACCCGAAGAAGTTCGCAG  
CAAGCAGATCACGCTCAATCATGACGAGGGCCGCTGGATGGCCCTGGGATTGGGCGGGGCCCTTCCCGCCCTGGTCCAGG  
AGGTGAACGGCCGATGGCAACGTCTGTAATCCGCGCCCTCCAACCTGGCCGCCCTGCTGGTCTGGCCAACATCGCTCAGG  
CCGCCGTGGATCCACCGCCGGCGTACAAGCAGATCGCCCTGCCCAAAGGGGTTCGGCCGAGGTGCTCTACTCGGTCCG  
CTGACCGAGAGCAAGGTCTGCTGCGCGGCAATACGTTCCCTGGCCCTGGACATTTAACGTCGCCGGGAAATCCTACTA  
CTACGCGACCCGCACCGCCGCTGCACAGCGCTACTCGCGCAATCAACCTCTACGGGGCCAAGAGCGTCGATTCCGGCC  
TCGGCCAGGTCAATATCGGCTGGAACGGACATCGTTTCTCCAGCCCCTGCGACTCCCTGGATCCGTACAAGAACCTGGAC  
GCCACCTCCGACATCCTGGTTCGAGCAGCGGGACGCTTGTACGCATCCGCCCTGGTAGGCCGTTGACTGGATCCAGGT  
TGCCGGCCGCTACCACCGCCCCGCGGGCGGAGCCTGCCGCCAAGTACCGCAGGACGGTATCCCGCCACCTTAGCCAAG  
TCCTCGGCGTCAACCTGCTGGTGAACCAATCCATGAAGAAGATCCTAGCCACGCTGGCATTCTGCACGGCGTTCGCGACTC  
AAGCCTGGGCCGCCGGGCTGATCGTTGTGGAAGACCTCGGCGGAGCCTCAGCGCTCCCCTACTACCAGGGCCTGGATCCG  
CAGCCATCCGCTGCCACACCAGGACCTGGCGACCTGGGTGTCCTGGCTCAGGTGCGTTTTCCAGTTCGCTCGGCACGCT  
TTCGCCAGGCCAGGTTCAGGGGCGCGCCATCAACGCCCCAGGCTGCAACCTCTGTTCCCTCGTCGGCGACGACACGCTGT  
CTCGAACCTGGCTGAAAGAGCGAGGCGACGAGCTCCGAGGCTCCACGCTGTGGGCTGGCAGTGAACGTGGCCAGCGAA  
GCGCGCCTGACGGAAATCCGTGCCTGGGGGAAAGGACTTCAGATATTGCCGGCGCCGGCGGACGACCTGGTCGACCGGCT  
CGGACTGCGGCACTACCCCGCCCTCATCACATCCACCGCCATCCAGCAGTAGGAGTCTCATGACTACTCACCTGATCAC  
CCTGGTCAACAGCAGGACGCTCAGGCAAGCAGCCTCATGACTACAGGAGTGTGCTCGGCTGATCTCAGCTACG  
GCGGTGAGGTGACGTCACGCGCCCTCGAGGACGAATCGACCCTCTGTGAGCTGCTGGAGCAGATGCTGCCGATCATGAG  
GTAGAGCAAGCCAGGAAACAGGTGCTCGAACTTCATGCCAAGCGCCGCCGACCGGGCCGCTGCATCGCCGGCAAGCCT  
GAAGGTGTAACCCATGGCTGGCCAGTACCCGCTGGAAGCGCTCTTGGCGCCTGCCGTGGAGCTCTACACCACCACCGTGT  
GCTTACCCGCGGCCGCGCTCTGCATCGTCGCCGCTGGACGTTTCGCCCTCACTCCGCTGTTTCGGCATCGTGGCCGCGCTG  
GGCTTCGTCTGGCTGGGCGTCTGCGGCTGAAGCAGGCCGGCGTGGTGTCTCCGCTACCGGCGGAACATTCGCCGACTGCC  
GAAGTACACGATGACCAGCGCCGAAATGCCGCTGAGCAACGAACACCTGTTTCATCGGTAGAGGCTTTCCTGGACGCGAGA  
AGCATAACGAGCGCCTGGCAGATACTACCTGCCCCAGTTCGCTCCTACGTCGAGCCCTCGCCGCTCTACGAGCGCGCG  
CGCCGTTGGAGAAGCAGCTTGGTTCGCCCCCTTCCCTCTGAAGCTGGTTCGCAAAGCCACCGCTGGGACGTGGCCTG  
GAACCCCGCACGGCCGCTGCCGCCCGTGGGCGGTTTTGCCTCGGCTCCATGGCATCGAGCCGCGGAACAGGATGTAGGCC  
TGCAACTGGGCGAGCGCTCGGCCACACACTGGTACTCGGCACTACGAGGGTGGGTAAGACCGGACTCGCGGAGCTGTTT  
ATCACCCAGGATATTGCCCGCACCCACTGCCGGGGCCGACGCCGGCGGGCGAAGATGGGCCGGCGAACCCAGACGGTTCA  
CCACGGCCACCGGCGCCGGCGCGCAGAGGAGCAGCCGGACTACGAAGTAGTGATCGTCTTCGACCCGAAAGGCGATGCAG  
ACCTGCTCAAGCGTATGTACGTGGAGTGGGAGCGTCCGGCCGCTGGATGAGTTCACGTGTTCCACCTCGGCCACCCT  
GACCTATCGGCACGCTACAACGCGCTCGGCCGTTTCGGCCGGATCTCCGAGGTGCCCACCCGCTCGCCGGCCAGCTCTC  
CGGCGAAGGCAACAGCGCGGCGTTCGCGAGTTTTGCCTGGCGGTTTCGTC AACATCATCGCCCGC GCACTGCACGCGCTGG  
GTATCCGCCCGGACTACCAGCAGATCCTACGGCAGCTCGTGAACATCGATGCGTGTGTTTCGTCGAGTACGCCCAGAAGTAC  
ATCAGCGAGCAGTACCCGAGGCTGGGACAGATCATCCATATCGAGGGCAAGCTCAACGACAAGAAGCTGCCATTCAA  
CATGAAAGGGCGGCCCTTCCGTGTCGTGGCCATCGACCAGTACTGACACAGAAACGATCGCCGACCCGCTCATGGAAG  
GCCTGAAGAGCGCCGTCGCTACGACAAGACCTACTTCGACAAGATCGTGGCCTCGCTGCTGCTGGAGAACTC  
ACCACCGGGCGGATCTCGGAGCTGCTTTTCGCCAACTACGCGGACCTCAACGATCCGCGGCCGATCTTCGACTGGATGCA  
GGTTCATCCGCAAACGCGCCGCTGGTCTACGTGCGCCTCGACGCACTATCGGATAACCGAGGTGCGCCGCCGCGGTGGGCAACT  
CCATGTTTCAGCGACCTGGTCTCGGTGCGGGTTCACATCTACAAGCATGGAGTTCGATGACGGCCTGCCCGGCTCACTCGCC  
GGCGGCAAGGTCCGATCAACCTGCATGCCGACGAGTTCAACGAGCTGATTGGCGACGAGTTCATCCCATGGTCAACAA  
AGCGGGCGGCGCCGCTGTGCAGGTGACGGCCTACACCAGACCATGAGCGACATCGAGGCCAAGATCGGCTCCCGTGCAG  
AGGCCGGTTCAGATCATCGGCAACTTCAACAACCTGTTTCATGCTGCGGGTGCAGGAGACCGCCACGGCCGAACCTTTGACC  
AACCAGCTCCCAAGGTCCAGATCTACACCAGCAGCCGGCGAGCGGCGCAACGACGCAATCAACAACAAGAAGGCAGC  
CTTACCTCCAGCTCGCACGACCAGGTGCAGATGACCAGCGTCCGATGCTCGAGCCGGCCACATCGTTGGTCTGCCCA  
AAGGACAGGCGTTTCGCGCTCCTCGAGGGCGGCAATCTTTGGAAGATCCGAATGCCGCTGCCGGCGGTGATCCCGACGAG  
GTGATGCCGAAAAGCCTGCAGGAGCTGGCTGCCGGTATGCGCAAGGGCCAGGCCGCTAACAGCGAGTGGTGGGAGGCGCC  
GGGATACTCCGCCCTGCAGGATGGTCTGCCCCAGGACCTGGTTCGACGATTTCCGTACCTCGGCGCCGGTGGAGATGCCG  
CCTGATGGCTGAAGTCACTCAACGTGCAGAGCAGCAACAAGAGAGCCAGAAGACCCTTCTCGGCACCATCATCAGTACGC  
CCTTCCAATTTCTCGGCGTGTGTTCCGTTTCGCTGGTTCGGCGCAATCATCGTGGAGTGGGTTTTCCTGTATTTCTTCTGG  
CCTGACGCGGGCTGGAAGCATGCCAGGCCATGTTTCAGTACGAACCTCAGTTGGCTGTGCAAGGGCTGCTACACAGCGT  
CGTCTGAGGAGCAAGTTCGAACCCGACCTGGCTGGCCAGTTGGCCTATGACTGGTGTTCGTGAAGACCGGGATAG  
TCGACTGGATGACCAACATGACACCACCTCGCGCAGGACGGCCACGGAGCCCTTGACGTTTCGATCTCACCGCCAG  
GGTGTCTCCACGCTGCAGAACTACGGCCTGGCCGCGCTGTACACGGTTCGATTCGTCGCGCTGGTGTATTCGTT  
CATGACGATCCCGTTGTTCTGATGGCCGCGTTACCGGCCTGGTGGACGGCCTGGTGCGCCGGGACCTGCGCAAGTTCG

GCGCCGGCCGGGAGTCCAGCTACCTCTACCACAAGGCGCGCGGCAGCATCATTCCGCTAGCGGTCTCCCTTGGACGCTC  
TACCTGGCAATCCCCATCAGCATCAACCCCTTGCTCATCTGCTGCCCTGCGCCGCGCTGCTCGGGCTAGCGGTATGCAT  
CACAGCATCCACCTTCAAAAAGTACCTGTAGGAGACCCGCCGTGCAGTGGACTCACGAACAGTCACCGATCATCCAGTCCG  
AAGGCATCGAAGATCCTGGTGCAGCCTTCCGCCGCACTGGCAAGACCACCACCTGGTGGGCTTTGCCAAGGCGAAGCC  
TACCCTGAGAATCCTCTATCTCTGCTACAACAGCTCGGTGGAGAAAGCCGCGAAGGGCAAGTTTCCCCGCAACGTAGTGT  
GCAAGACCGCCACAGCCTGGCTCATGCGGTGTACGGCATCCAGTACGCCACAAGAAGACGAAGAACCTGCGTCTGACC  
GATATCGCCCGCGGACTCGATACCCAAGACTGGGAGTTGGTACGTGACGTGCTGGCCACGCTGAACAACACTACATGGCCAG  
CGCCGACGCGAACTCGGCCGACCGCACTTCCCGCGCTTCCGCGACAAGGCGTTCCTCACCAGTGCCAGGAACGCTTCC  
TCAAGCAGGGCCTGGACATGGCGCGAGTAGTCTGGAGGCGCATGGTCGACCTCCAGGACACCGGCATGCTGATGCCCAT  
GACGGCTACCTGAAGCTGTATCAACTGAGCAAGCCCCGATTTGAGCCAGCGCTTCGACTGCATGCTCTGGACGAGGGACA  
GGACATCAACCCAGTGATCGCGGACATTGCCATTGGCAGCGCATCAGAATGGCTATCGTCGGCGATCCCCATCAGCAGC  
TCTACCGGTTTCAAGGGCGCGAAGATGCCCTGAACAGCGACTGGATGGTTCGGCGCCGAGGAGCACTACCTGACCCAGAGC  
TGGCGGTTTCGGCCCCGCGATTGCGCACGTGGCCAACATCATCCTCTCCTACAAGGGCGAGACACGGAAACTTCAAGGACT  
GGGCCGCGAGACGCTGGTGA AAAAGTCCCTCCCGCGGACCTTCTCACCAGTTCATTCACCGCACCGTTATCGGGC  
TCATCGAAAATGCCCTGCAGCGTGTGCGCAATAATCCGGCGCCCAAGTTTCTACTGGGTTCGGCGGTATCGACAGTTACTCG  
CTGCGCGACCTGGAGGATCTGTACGCATTACGCCGAGGCTGCGCCAAAACGTCAGAACAAAAGCTGCTCCGGGACTA  
CCGCGACTACACCCAGTACGTGGAGATCGCCGAGATCAGCCAAGACAGTGAAATGCTGCGCTCTATCAAGATCATCTCGA  
CCTACCCTGATCTACCGGCGCGGATCCTCGAGCTTCCGCTACTGACCTTGACGATGAGCTGGACGCAACAATCACCTTG  
ACCACCGCACACAAGGCCAAGGGGCTGGAATGGGATTTTCGCTGCTGCTGACGACTTCAACGCGGACCCGCTGGCCCC  
CGACACCGACCCAGGCAAGCGCGACGATGAGTTGAACCTGATCTACGTCGCGAGTACCCGCGCGATGAAGATCCTCGCCA  
TCAACAGCCTGGTGTGCTGTCGATCATGCAGCGGTACGTGGACGACAGAAAAGCTGAAGGAGCAGATAGCTAGCTGTGAAAA  
TGACTCAAAAAAATGATATTGGTACAGCGAATGCCTGACATTGACATAAGGCCAAAAGAGTTTTGTAGCCAACTCATTCAG  
CCTAGGAAGTACTCACACCAAGACTTTAACGTTAGGTACAGCGGAGCATTGAGATGAAGCTTATCCTTGATTTTCGACGG  
ACGCCTTCTAAATCCAAGCAACATGCTAGAGGCCCTATCAAAAAGCAGGAAAAGATAACCATCAGCATAAGCAACGCGC  
AAGCATTAAATATAGACACTCTTCTCAAGGCAACAACCACTGCAGAAAACAAAAAATCTCTCAACAACCTTCAACGGC  
GCAGAGCTGACTGCTAACAACCTTCAGGAAGTCATAAATTCAGCAGGATCATTAAACAGAGTATCCGCAATAGCCGCACA  
AGCATTAAATATAAACACTACTTCTTTCCGCAATATCTACAGCAGGCAACTCAAAGAGTTTTAGCGAGAATTCATGAGG  
CCCAACTCAGCAGCGACAATCTACTTAGAGCAGTAAATGCGCGAGGAACAACAACACTAGCATAAGCGTCAACACCGCACAA  
GCGGCAATATAACCGCCCTTCTTTCAGACTATTTCATGCAGCAGGTAACACAAAAACATTCAGCGCAGAGTTCAATGGCGC  
TCAACTTACTTCAACAACATTCACAACAGCTTTAGACGCCGAGGAACCCGAACATCCATTAGCGTCAACACCGCTCAGG  
CGGTTAATATAAGCACCCCTGCTAGCCCTCATCAATTCTGCCAAAGACACGAAAAAGTTTAGCGCCGACTTCAATGGTGCA  
CAACTAACAGCAGACAACCTTCAGCAAGCGATCAGCGCTGCGGCTCGGGTACCAGTATCAGCGTCAACACCGCTCAGGC  
GGCGAATATATCCACCCTTTTACAGGCCATCAACATCGCGGGCAACACTAAAAAATTCAGCGCAACTTTAATGGTGCC  
AACTCACTTCAACAACATCCAGCAGGCGCTGCGAGCGGCAAGATCAAACACATCAATCAGTATGAACTCCGCACAATCC  
GCCAACCAAGCACTCTACTTGAACCTTCTAGACATAGCAAGTTCCAGCAAGCAATTCGAAGCAATTCACACGGCGGCAT  
GTCTAATCCTAGCAACCTACAACAGATAGTTTTCTCGTGCAGGCGCTAGTGCAACCGTGTTTATTTCCGACGCACAAGCC  
TACCAATCGCAAATATCCTTACCCTTATATCATCTGCCGGATGAGACTTATAGCCGTGGATGAAAAACACACCATCCACG  
GCTATACCCTAGTCCATACTGCCTTTTATCTGAACTAGCCTTCCATCGACAAAACCTAAGCTTCTGGTACCAACCATTCCT  
TGGTCCGTATACCCAGTTTTTCGACAGTAGCAGCCCCCGCACCATATAGCCACTACCATCCACTGCGGGCCCTTCAACTT  
TACGGCTATCAGGGTTGCCGCACTTCCCTAAGCACATCATCAATCAAGTACCCTCACTAACAATTCGCCGACCCGATCGT  
AATGTAGCGGCAGCCACCCATAACTGTCCAACATAGCAGCCATGGCTAGCAAACTCCAATAGAGATGTTTTCTAAGCAT  
CAGCCGTCTCCCTTAGAAATATATATGAAATATACACCCAGACGTCCATACGTGTCTCTAAACCCGCCAACACCAGAAA  
TTCAGTGGTGTAGCTAGCTAGTATTTTCGGTTGAGGCCCTCTCCTGCTCTTGAACCCGTGCGGTTCTACTCGAACCCG  
CAGGAGCAGCTCATGAAGCAGACCTTCGAATACCATGTCGATAAACATCGTCAATCCCTACAAAACCTCAACGAGGCGT  
CGCGATGTTCAAACACAAAGAAGACACCTTGAACCCGACGACCACGCTTGTCTCAACCCCTCGCGCTGGCCGAGGTCG  
TGCGTCTGGGCCAGGAAGGCTGGGAGCTGGTGAGCGTTCAGCCACTCATGCGGGCGTAACCGAGATCGGTAATCAAAC  
GCCAAGGCTGGGCTTGGGGCGTGCCTCTGCCCGTACGCTACCTGCTGTTTTTCAAACCGCAACCTCATAAAAAAATAC  
CCCGGACCCGCGCCGAGTATTTCTTGGGAATGGAATCAGGGCGATCGGCAAGCTGATCGCACCCCTGATCTGCAAGAGAT  
TCGCCGTGAACACTCCACATCCATCCCTTCGCCGAAGCTGCCTGGCCGTCTTGGCTGCACTGCGCTGGTTCGCACAGGGA  
GCTTTCGACGCGAGCGCTCCGAGCAGGCGAACCTGGAGGTGATGATCCGGCAGCTCAACGCCCTCGAGGACACCGCCCG  
CCGCAGTGCACAGGCGCCGATGAGCCCGGACAGCGCTTCTACTTCGACTACTCAGCCTGGCCGTGACCTGCAGCGCA  
TCCGCCAAGGCTGCAGGACTACATGACGCCAGCCGCGCCCAACCGCGTGACCTTCCGACCTATCTGGGAATTACACC  
CTGCGCGGAGGGCCGATGCCGTGAGCATGAGCGGAGCCAGACATCAGCGTTCAGGCGCCGCTGGCTTTCCCCATCG  
GCCGGCGAGGGGCTGTTTCAATGGAGCAGCGATGACCTTCTTCTGCTGTGGTCCGCCTGGGCGATGTACAGCACCTGGCG  
CGGCTGGGCCACCAACAACCTCGACAGCGCCACTGCCGGCGCTTCCGCGATACGGATCTTGGTCCCTCCTCGGCATCACCT  
CTTTCTTCCCTCCTCAGCTGACCCATACGGAGACACTCATGCTGAAATTCACCCCTCCAGAAAAGTCCACCCCTCTGCCTGC  
GCCTGGCTGCCATCTCTTTGGTACTCCCAGGCGTGCCTTGGCTGCACTCCCCAAGCCGAGGCGCTAGCCGCGGGGAA  
GGGTTCGGGAATCATGCAAACCATCCAGAACTTCGGCTATGACGGAGCAATGCTCCTCGCGCTACTCATCTGCGTGGCTGT  
CTTTCTGGGGTTCGCTTGGCATACTACGGCACCTATACGCCATCCATGATGGGAAAAAGAAGTGGTTCGGATCTCGGAG  
CGGCGTGGCCGTAGGCACTCGCCCTGCTGATCTGATCATTATCTCTGTCACCAAAGCCACCACCATCATGTAAGGGCCT  
TCCCATGCCCCGAAGGACATCTGTTTTAGGATGGGACCCCTCAGCTTCCGCGACCCGCTTGAACCGGCAACCGGTTGTC  
TCGGCGCCTGACTGCGGACGAAATGTGGATCACGGTCTTACCAGCGGAGCAGCCGGTTTCGTACTTGGCATCCCGGCT  
GCCTTGGTTCGAGGTAACGCTGCCTGCATTCCACTGGGCGCGCTGCTGGTTCGGCGCCCTCGGCCCTGGGTATCGGCAGCCG

CGTCCTGCGGCGGATGAAGCGGGGGCGGCCCGATACTGGTTCTACCGCCAGGTGGAGTTGGCCCTCTCGCTGCGCGTTC  
CCGTCTTCGGCAACCGTTCGCCTGGTGACGCGCTCCGGCGCCTGGACCAGTCGACGCACGGAGTCCCATGAGTTTCAGAA  
AACACACCGCGCAACAGCAGGCACACATCAACACGTTCCGGTTTCATCACCGGCTTCTTGTGCATGGTCATCGTGGTGTG  
GCCTACTGCGTCTGGGAAGCCCGCAAGGACCTCTGGATCCACATTCGCCCCGACCTGCGCTCAGGGAGCACCCGGTTGTG  
GTGGGACATTCGCGCGGAGAGTGTCTATGCGTTCCGGCTTACATCTTCCAGCAGGTACAGCGTTGGCCCAAGGACGGCG  
AGGCGGACTACAAGAGCAACCTGTTCCGCTACGCCGCTACTTGACGCCTGCCTGCAAAAGTCTTCTGGAGAAGGACTTC  
GAGTTTCGTTCGTAACGCCGGTGAGCTCAGGGGGCGGAGCGCACCCACCTCGGAAATCCCCGGTCGAGGCATTGGCGAGAG  
CAATGGCCCGGTGATCCAGCACTCGATCAATGACTGGACCGTCAACCTGGACATGGACAGCACGGAGTATTACGCCGGCG  
AAAAGATCAAGCGCGCGCTGGCCCCGTACCCGTTGCACGTATCCGCGCCGACGTGACCCCGGAGACCAATCCCTTCGGC  
CTGCAGTGGGACTGCTACTCCGATACGCCTCAACGTATCGAACTCGAGGAGCCGGTCGCCCCATCAAGCGGGAGGGAGG  
TCTATGATCCGGAAGTCGACAGCCACGCTCTTGCTGATGCTTGCCCTTCCCGCACTGGCCCAAGCGGTGGAGATTCTGCG  
CTGGGAGCGCATTCCGCTGGCCATTCCGTTGACGGTTCGGCCAGGAACGCATTGTATTTCGTCGACAGGAACGTGCGAGTTG  
GCGTTCCCTCGGGACCTACAGGGCAAGTTGCGCGTCCAGAGTACCGGCGGTGCACTCTACCTGCTCGCCAACGAGCCGATT  
CCTCCGGCGCGCCTGCGCCTGCAGGACGCGACCAATGGCGAGCAGATGCTCATCGATATCGCCGCCACCGAAGCCGCGAGC  
CGATCAACAACCGCGCGAGCCGGTTCAGGATCGTCGCCGGCGAGCCCGTGGCTCCGCACTATGGCCAGCCCCGGGAAGCCC  
AGCCATCGGCAGCAGCGAAACAGACCCGAGCAGGACAGAACCGAAGGCCGTGCCGCGGAAACGCCCGTCCCCGTGGTT  
CTGACGCGCTATGCGGCGCAGATGCTCTATGCCCCGCTTCGCACGGTGGAAACCGGTAGATGGCGTCGGTCAGGTGCGCGT  
CAAGCGACAGCTCGACCTGACCACCCTGCTCCCCAGCCTACCCATCACGGCTACCGCCATGGGCGCTGGCGGTGGACG  
ACTACTACGTACCGCGGTGAAGCTGCAGAATGCCAGCGCCCAGCACCTGGCCCTGGATCCCAGGGACCTGATGGGCAAT  
TTCGTGCGCGCAACCTTCCAGCACCCGTACTTGGGACCCCCGGGGCGACGCTTCCGACACCACCACCGTGTATCTGGTGAC  
GCGCGGCCCGCGGCTTGGCCGACGCGCTCCTGCCCTCCTCCATCAGCCAGATCGATCCCAGGAGGGCCGTGCTGGCGCTG  
ACCGGTAATCCCCTCCTGAAATTGCTGGTCATCCCCGTGCTGATCGGGCCATCCTGATCGGCGTGAGCATGATGGGCAA  
GAAGGAAAGCGCGCAGTCAACAAGGCGCCGCAACCCCCGACGGTAACGTTCGGAAGAAGCGGCAACCCCTGGGCATCGACGGCG  
ACACGCCCGCGCACACTGCGCACCATCGTGGCGGAAAGCCGGCAGCTCAAGGACCAGATCAGCAAGGTTCATCCAGGAG  
AATGACTCGTCAAAGCCGCCAATGAGAACCTCAGGGCCGCTGCGCAACATCGATCAGAACATCGAGCAGAAGTCAA  
CAACACCGCCCAAGGCTGCAGCAACAGCAGGAGAACCCTAGCCAGCAGTCCCTGGACCAAGTACAGAAACCGGCTCGAGA  
ACCTAACCCACGTTCCCGAGGCCGCGACACCCGACCTGCCCTAGGATTCGGCGTGCAGCAGGATGGCCAGCAGCATTT  
CAGGGAGCGGGCTCGTCTTCATCGACATCGTCTGGATCGAGCCCCAGGACGCCCCGCGCAGTCGATGCCAATGGCCAGCC  
GCTGGCCGCGGGCTCCACCACCCAACCGAGCGGATTAGCTTCCCGACCTCCTTCGGCAATGCGGTTCGATCGCGGCCAGA  
ACGCGCTGGAGCGGATCGATGACGGGCTGCACCCCGTTCGGCCAACAGCGATCCGACCTCGAGAACCAGCAAGTTCGTCGCG  
AAGACCTACACGCTGCCGCGAAGTTCGACGCTCATGGGCTCGGTGGCCATGTCTGCGCTGATCGGTGCTGTGCCGGTTCGA  
CGGGACGGTCAATGATCCTTACCCGTTCAAATCCTCATCGGCCCGACAACCTCACCGCCAACGGCATCGAGCTGCCGG  
ACGTGCGCGGCGCGGTAGCCAGCGGGACCGCTCGGGCGACTGGACACTCTCCTGCGTGCCTGGGAGATCCGCAGCCTC  
ACGTTTCGTGTTCAACGACGGGACCGTTCGCGACCTTCCCGGCGCCGGCCGAAGAGGTGAATGACAACCAGAGCAACAACAA  
CCAGACCGCCAGCGCCGACCAGAAAACCATCCAGGGCGGCTCGGCTGGATCAGCGACCCCTACGGCATCCCCTGCATCG  
CCGGTGCATCGCCGATCCAATGCCAAGGAGTACCTGGGCAATCAGAGCCTACTCACGGCTGCCGGGGCCGGCATCGCCAAA  
CTCCTGGACGCCGACGAGAACAACACCAGTACCGTCTTCAGCGGCAACGGCACCCAGCTTCGGGACGACCAGCAACAG  
CAACTCGGCCCTCAACAGCATCCTCTCCGGCGGCGTTCGGCGACATCCGGCAGTGGATGAACAAGTTGTACGGGGAGGCCCT  
TCGCCGCGCTTACGTGCAACCGGGCGCGCGGGTTCGCCGTGCATCTCGATCAGCAACTGGCGATCGACTACGAACTCAAG  
GGCCGCAAGGTGCACTACAGCTCTGGAGCCGCTCATGCAACAGCAGACCTGGACTAACCCCTTCTTCGTCTCTGCGCCG  
GCCTGGCCTGCGCGCTGACCCTGGCAGCGTGTCCACCAGCAAGGAGGAGATGCTGCCCCACGGCGAGGCCAACATGCTC  
GACGTCTGGGAACAAGGTGCAACACAGCTCGATAGGCAACAGCCGTGGCCGGCTGCTCCTCGATGCCAGGCAACCGTGGC  
GCGCCGATCGATCCGAGCAGGCTGCCTCCGCGAACAGTACCCGCGATACACCCGACCGCCAGCAACGAGATCCACA  
GCCAGTTCAAACAGCTGCCAATCCCGACCTGGTTCATGATGTGTTCCCGACCTGGCCGCGCAGTACCCGCCCCGGTA  
CCGGGCTACACCACCGTGTTCCTTACCAGCGAGTCCAGTACGCCATGCCGGGCGAGCTACGGGACTACTAATG  
AGCCTCTTTCAAATCTTCTGCGCGGTTCGCACACAGCCTCAGTTCGGTACCGGCGAGAGGCTCCCGAAGATTGAGGAGCGCT  
GGACGTAGCGGCCGCGGAAGAAGCGACTGAGCGCTATCTGGCGCGACTGGCCGCCATGGGTATTCTCTGCCCAACACCG  
GGAGCAAGAATGGCGCCACGCAGGCTGAAGCGTCACGCCTTACGATCACGACCCATCGTTTCGTAGACCTGCTGCCCTGG  
GCTGAGTACCTGCCCGACGAGCAAGTGTGCTCCTGGAGGATGGGCGTTCGCGCGCCGCTTCTTCGAGCTGGTGGCCCTT  
GGGCACCGAGGGCCGCGATCCCAATTGGATGCAGAACGCCCGGACGCATTGAAAGAAGCCCTGCAGAATCCTTCGACG  
AGCACGAAACCTCGCCCTGGATCGTCCAGTTCTACGCCAGGACGAGATCAGCTGGGACAATTTCCAGGAGCAGTTGAGG  
CAGTACGTCCATCCTCGAGCGCGAGGATCGGCCTTACGCGAGATGTACCTGGCGCTCATGAAGCATCACCTGGAGGGCAT  
TTCGAAGCCGGGCGGACTGTTTCGTGACACCCGCGTTCAGCAAGCTGCCCTGGCGAGGACAACAGCGGCGCGTGCAGGATGG  
TGGTCTACCGCCGGATCCGCAACGCGGATGCGCAGATTCGCGGACAGGACCCGGCGGCGTATCTGAAATCCATCTGCGAG  
CGTATCCAAGGCGGCTGGCGAACGCCGGTATCGTTCGCTTCGCGCATGAGCGGCCAGGAGATCAGGAACCTGGTTGATCCG  
CTGGTTCAACCCGCACCCGGATCACCTCGGCAAGACCGATGCGGATCTACGTCTGTTCTACGAACTGGTCTGCCGGCCGG  
ACGAACCGATCCTGCAGGATGAATTACCACTGGCCGACGGCACCGACTTCTCCAAAACCTGTTCTATCGGCAGCCTGTT  
TCCGATGCCACCCAGGGCGTATGGCTCTTCGATGCCATGCCGACCGAGTGTGCTGGTTCGACCAGTTGAACAAGGCGCC  
GCTGACAGGGCATTTCACCGGTGAGACGCTCAAGGGCGATGGCCTCAACGCCCTGTTCGATCGCATGCCCGAGGACACGC  
TGCTGTGCATCACCATGGTTCGTGACGCGCAGGATATGCTGGAAGGGACCTGCAGCAGCTCTCGAAAAAGGCCGTTGGT  
GACACCCAGGCATCGATCCACACCCGAGAGGACGTGGCCACCGTAAGACCGCTGATCGGCCGAGAGCACAAGCTCTATCG  
CGGACCGATCGCTCTGTTTCGTGCGTGGCCGCGACCATACCCAGTTGGAGGAACGCTGCATCACCTGAGCAACGCTGCTG  
TCGGCGCCGGCCTGGTGGCCGGTTCGAACCGCAGAACGAAGTTCGACCCGTTGAACAGCTACCTGCGCTGGCTGCCCTGCAAT

TTCGATCCGAACGAGAAGCGAGCCCTGGAGTGGTACACCCAGATGATGTTTCGCGCAGCACATCGCCAACCTGTCGCCCAT  
CTGGGGGCGCACCACCGGTACCGGGCACCCTGGCTTACAGCTGTTCAACCGTGGCGGTGCACCGTTGACCTTCGACCCGT  
TCAACAAGCTGGACCGGCAGATGAATGCCACGGCTTCATCTTCGGGCCAACCGGGTCCGGCAAGTCAGCGTCCCTGACC  
AACCTCATCAGCCAGATGCTCGCCATGTACCTGCCACGGATGTTTCGTCGCGGAAGCGGGCAACAGTTTCGGCCCTGCTGGC  
CGACTTCGCCAAGCGGTTTGGCCTCTCGGTCCACCGGATCCGCTCGCCCCGGGCTCCGGGGTCAGCCTGGCGCCGTTTCG  
CGGACGCCATCAAGCTGGTTCGAGAGCCCCGACCTGATGAAGATCTTGGATGCCGAAGACATCGAGGACTCGGTTACCGTC  
CAGGGCAACAAGACCGACCTCGAGGACGACCAGCGAGACATCCTGGGCGAGATGGAGATCGTCGCGCGCTGATGATCAC  
CGGCGGCGAAGAGAAGGAGGACGCGCGCCTGACCCGTGCCGATCGCAGCGCCATCTGCCAGGCAATCTGGCGGCGGCCA  
GGACCTGCGCCCGCGCAACCCGACGGTACTGACCCAGGACGTGCGCGATGCACTCTACCAGGCTCCAGGAGCGGATGGC  
ACCGCGCCAGAACGACGCGCGGGTGGCCGAAATGGCGGAAGCCATGCAGATGTTTCGATGGGCGCCGACGCGGAGAT  
GTTCAATCGCGAAGGCACGCCCTGGCCTGAAGCCGATCTCACCGTGGTGGATTTTCGCGACCTACGCGCGCGAAGGCTACG  
CCGCCCAGCTCGGAATCGCCTACATCTCGTTGCTGAACACCGTAAACAACATCGCCGAACCGGACAGTTCAAGGGCCGG  
CCCATCGTCAAGATCACCGATGAAGGGCACATCATACCAAGCACCCGCTGCTGCTGCCCTACGCCATGAAGATCACCAA  
GATGTGGCGGAAACTGGGTGCCTGGTTCTGGCTCGCCACCCAGAACATCGATGACATCCAGCCTCCGGGGCGCCGATGC  
TGAACATGATCGAGTGGTGGTTGTGCCTGAACATGCCCCCGACGAGGTAGAGAAGATCTCCAGGTTCCGCGAGCTGTCC  
CCGGCGCAGAAGTCGATGATGCTCTCGGCCCGCAAGGAAAGCGGCAAGTTCACCGAGGGCGTGTCTCTGGCCAAGGGCAA  
GGAGTACCTCTTCCGTGTGGTTCCCCCGAGCCTTACCTGGCCCTGGCAATGACCGAGAACGAAGAAAAGAACAGCGCT  
ACAACATCATGCAAGCCACCGGCTGCGACGAGCTCGAGGCGGCCCTTGCAGGTCGCAGCGGATCTCGACAAGGCGCGAGGC  
CTGCCGCCCTTCCCCATTATTTTCCCAGACCAACCGGCAGTGGAGTGCAGGACGAATGAGAGCTCTGAATTTCGCTGACC  
CAGAACCTGATCGACAACCTGACCCAGATCCTGCAGAACCCCGAGGAAGATGCCCTGCAGACGCTCAGGATATGCGCTCC  
TGTACTGATCGAAGAGTTGCAGCAGATTAACCTGAGGGCGGTTCGATCGCCGGGATATCGTCCCGCAGATAAAGCAGCTCC  
TGGATGAATGGCTGCAACAACATCCACAGCCTGATACGGCCCAACAGGCGCTCATCGAGGCGGTGGACCGCGCGGAAACC  
CCACAGCGGAGGCAAGCGTGAGACTGTTGAAGGGCGGCTGGGCAGCGAAACGATTTCAAGGTCCCGCCCTGCCCTGGGCG  
GGGCTGTGGTCTTGTGGCTGCATCCGCCGTTGGGGTAGAGCTTCTGGTGAAGGGGCTGCCAGCCAACCACAGCCTCTA  
CGGCGATGCGAAAGCGCGCTGGACGATCAATGAATACGCGACCTGGAGTGGCCCTTCTGCAAGGTCTACACCCCGCGGC  
TTAAGCTGGTGGTAGACCATCCGGACGTGACCTGGTTGGCGGATCTTCCCTGCAGATGCATGGCGAGGCGGCC  
CGACCACAGGCTCGCTGGTGGAGTGCAGCGGGGATCCAAGGCGGCCAAAGCCTTCTGGAGCGCTATCGATCGCATCTT  
CGCTCAGTCGGCCGGCAACGGGGGCGGGCTGGCTGGCGGCACATTGGACTTTCTGAACCTGGACCACTCTCGACTGGAGA  
AATGTGCGAAAGACATGGACCTGGTGGACCAGTTGATTAAGACGGACATCGACACTGCACGGTGC AACCGCATTACAGCG  
ACCCCGACCCTGGTCATACGGGACAACCAGACGGGACGAAGCGTGAAGCTGGAGGGAATGGCCGACGAAACCACGTTGCT  
GTCGGCGATAGACTGGCTAGCCAAGGATCTCTAGCGTCGCGCCAAGAGACTCTTGGCTAAGAAAATCGGCGAGGATCCCAA  
CATCCCTCTTTTGGGCCTCCAAGATGCCCTGCACTTACCTGGCAGAACCTCGACCTCCTCCCATCCACCATCTTCACA  
ATTCTCTTGGCGCCGAGCTGGTGAAGCTAAGCCTCAACTCCATCGCCGGCCGGGCATTGATGTAATGCTCTCGAGCAA  
GCGCTCCATGACTTCGACCACTCCTTAACATCAATTAGCCAGCTACATAACAGGAATTATGCTACCCAGGACATGAAGGCG  
TCACCCCTACTTATGTACGCAGCAGCGCTCGATCACGGCTCGAAAAAATACACCACCTACGAGTTGATGATTTCTCAGC  
CTCCATCGGAAGCGATCCTGTCTCCTGTCTGTACCTTCTCGAATCGGTACAGACCCATGCTTCTCCATCACTCTCCCC  
TGGCTGGCGGCCACAAATGCTGGTCGTTGGCTTACTACTGATACTGCTGAGCGGCGCGAGTCAGGCCGAAACCTGGATCA  
TCACCGACAAGACTCATCCGGTCACTGCTACCCGATCTTTCGCGCGTTCCGCTTTCGGGACGCCCCCTGGAACACCTCGAGAA  
ACAACCTGACTGCGGCCTTGTCCCAGGATCCCCGGCATTTCAGCGGTAACCTTCCAACACAGCGCAGATTTTTCGGCCATA  
CCTACTAAGTTTTCACAGTAAATCCTCCTCATCAACTCCTGGCTCTGGGCTATAGGTATTTGCAGTAATCACACAAGAGCA  
GGGGATCATGGACCGAGTTATCATCGTCGGCGGCGGAGTAGGTGGCACCATGCTCGCCAACCTTCTCGTGGCCAGGCTCT  
ACGCTGAGGTCCTCAGCGGCAGAGTGCAGGTGATGCTATCGGATTCGCCGATCACTACTACAAGCCGGCGTTTCATG  
TACGTCCGCTTTCAGCAGTTCTTCTTGGAGATCTGAAGCAGCCGGAACGTTTCGCTGTTCGCGCCAGAAGTGGAGTTCCG  
AGTCGACAGGTTGGTCCGCTTCGATTTTCGCTCGCAAGAAGCTGCATAACCCGACGTGGCAAGCGGACCGGTACGACTATC  
TGGTCATTGCCACTGGCTGCGTGCCGGCTCCCGAGCGGATTGAAGGCTGAAGGAAGCCGGCGAGCACTTCTACCAGTAC  
CAGCCGGCGCGCCGGCTGGCGGAGCGCCTTGCCAACCTGGAGTGGGCGGATTTTTCATCACGGTGAGTTTCCCGAAAAC  
ACCGAACGTGCCCCACCAGTGCGGGATCGCGCCTGTGGAGACCACCTGATGCTCGATGACTATCTGCGCCGTCGGGGCG  
TCCGCGAACGTGTGGAGATCGTCTACACCTATCCACCCTGCCCAGCTGCTACGCAACTGCCTGTTCTTTCGCAACGGCCA  
ACCTGCGAGATCCTGCCGAGTCTATTCGAGCAGCGTGGCATTCTGTTTCAGCGTGGTTTACCTTGGCCAGGGTCGACCC  
CGAGCGGCGCATCGCCTATTCCGAAGAGGGCGATGAGCAGCCCTTGCACCTGCTCATGGCGACGCCCGGATTCGCGCAG  
TGGATGTCGTGAGGAGTGTGGCCTGTGCAATCCGCCCGGACGAAGGCTGGTTGCCGACGAACCATGAAACCTTGCAG  
GTGTATGGCGCCGAGCGGGTGTATAACCTGGGCGATAACCGTCGATCTACCGGTGAGCAAGGCCGGAGGCGCTGCCACAA  
CCAGGCGCCGGTGCATCGCCAGCAACATCGCCGCTGAGATCCGCTCGGCAGCCCTTGCGCAACCTACGACGACGGGTTTC  
AGGCCGTGCGACAGATGGGCCTGAACACCGGCATGCCGCTATGGTACGACTACAGGCACGACGTCCAGCCGACCCCGCCA  
ACCAAGCTTGGCGGTCTGTTGCGCCAGGGTTTTCAATCGCGGGCTGTACTGGGCGGTTCGCTCGCGGAATGCTTTGACCCCA  
CACGGGGAGGAGCCGACATGGATAGCCATCAGCAGCCTCGCGCCCGGGCGCAGGCCGATATTTCCCTGTTCCCCCAGCAG  
ACCCGGGAGGGCCTGCAGGCCCTGCTCGACAAGCTGCAGCCACTGATCGAGGGCCACCGCCTGGACAACCTGGTTCGACCT  
GCTCTCGCTACTTTTCGGATCTCATCGACCTGCTCGACCCGGCCATGGTGGACAGGCTGGCATCGCTCTTCGAGCAGGCCA  
CCAATGTCCGCTGGTCCGTCCGCAACGCAGTGCAGCGTGGCCAAGGCCGAGGTGCTGCGTGAGCAAGCGCCGAACCTTAAA  
GACCTATTGCGGCTGTTGCGGATGCCGATAACCGCAGCTGCGCGCTAGCCCTGGGGACCTTTCGCGAGCCTGGGGCG  
CCAGATTTGCCCGGAGGAGATCACCCATGGTGCCTGACGACGACGACCTGCGAACACCGAGACACACTGGGAT  
CCTTCCGCTACATGCAGTTTTCGCCGCTACGCCAGCGGCCGGTGGTTCGAGCTGCTCATATCGAGATGCACGCCCC  
CCAGCGGATTTATGACCTCGGCTGCGGCACCGGCATTGCCACCGAATTGCTCGCCCCCGCTGGCCGGATGCCGAGTTGC

ACGGCGTGGACAGTTCCGCGGAGATGCTCGCAGAGGGCGGCGCTTGCCGATCAAGGCATCCTGGGAACGTGCCAACCTG  
CAGCACTGGTGTGCCGAGCGTCCGGGCAGCCTGATATTCGCAGCGGGCGGTGCTACATTTTCATTGAGCGCCACGGAAGCCT  
GCTTCCGCGCCTGCTCGGGCAGTTGAGCCCCAGCGGCTGCCTGGCGGGCACATGCCGAACCTGGCGCGATGCATCCTGGT  
ATCGCCTGATGCTCGACGCGCTGGACAGCGCCGGTCTGCTGGCTCTCCACTCGGCAGCCCAGCGCTGCGCTACCTGATG  
CAACAGCGCAATGTGCTGTCCTTAGACAACACTACTACCGCTGCTGGCACCGCTCTGCGCAGAGGTAGATATCTGGGAGAC  
CGAGCACCTGCAGGTGGTGGATGGTAACGACCCGATCTTCGACTGGGTGAAGGTGTCAGCCCTGCGTCCGGTGCCTGGCG  
AGTTGGACGAGGAGGCCCGGGCGGCTTTCTCGATCGTTACCTGGAACCTGCTGCACCGTTACTACCCACGGGAGCTAGAT  
GGACGAACGCTGTTCCCGTTTTCCGCGCGTGTTCATCGTCGCCAGCCTTGCGCCACTGAAGACTCGGGCAAACCTCCGCCC  
TAAGGATGAAGCTTAACCCCTGGCGTACAGAATAAGCAAACAACCCGAAAATCCGCTAGAAAAATACTCCGTCGTCGCAC  
TGATGATTTCTGCTGCCCATCGGAAGCGATCCTGTCTGCTGTCTGTACTTCCCTCGAACCCGTACAGACCCATGCCTC  
TTCATCACTCTCCCCCTGGCTGGCAGCCACACACGCTGGCCGTTGGCTTACTACTGGTACTGCTGAGCGGGCGGAGCCAG  
GCCGAAACCTGGGTCAACACCGACAAGGCTCATCCGGTCAACCGCCACCGGATCATCGCGAGTCTGCTCCTGGATGCCCA  
GCAGCACCTTGAGGAGCAGCTGACTGACGCTTACCCAAGGATCCTCAACAAGCTCAGGCAGCATTTTCAGCAGTTACTAC  
AAAGCCCTGCGGGGCGACGCTGCAGGCAGAACTGGTTAAGGCACAACAAGACGTCGCCGATGCGTGGAGTCTCGGTGTC  
GAGAAGATCCCTGCCGTGGTAGTCGACAGGCAGTACGTGGTCTACGGCGAGCCGGATGTACCAGCGCGCTTGAGCTGAT  
CGCCAAGGCCAGGAGGTGCGCTGATGACCAGCCACAACCTCCGCCGCTGGCAGCGGGCGGCCACCTTCAGCCTCTC  
GTTACGGCCTCGGCCGCGATCAACAGCGCCGCCATCGTCTCCTCCACCCCTTTCGCCCCAGTGCCTCGAATAACAAGTTCG  
TCGGGATCTGCTACTGGCTGCTCTGCGGCCACATGGCTGCAAGGTGAAGACGTCGGTCAAGTCCGCCACTACGTGCCCT  
GACGCAGTCGTCTCCAGCTATGCGAATACCGGGAGCAACCCCTGGACCGAGGTGTCGGCGCTGGGCACACCGAATCCACT  
CGCCCAGGCCGGCAATGACGCGACCACCAACTACAAGACCGAGAACAGCATCGGCCGCTTCAAGGAAGCGGATGTGATCG  
GCCATCCTGGCGGAGCCACGTTTCAGCCGGTTTCGCCAGCGCCTCTGGGTACGTTTGTCTGGCGCTACCTTCCCGCTGGTG  
CCCTACTTCTCAGCACACTGGACGCCATTGGCTGGCGGCATGGAATTTCCCGAGCAGGTGTACCCCCGAGGCGTTGGTCCC  
AGGGCTGCGCGAGGTGGGGGGAATCTTCTCCGGCGACATGTGGGGGAACCTCTATCCGCGCAGCGGATTCCTGCACCAGA  
CCGACGACTACAAGACGGCAGCCGTCATCGCCCAGCGCGCCGGCGATATCACCACGCGAATCGGCCAACTCCACGTCTAC  
CTCCCCATGCGCGCAGCCCCCAAGGACGGCTACTGGCCGGCGGGCGAGCTGAAAGAGGGCGATGCCTTACCAGGAAATG  
GCAGGAGTGAACCCCTCCCTGAGCCTCAACTGCGCGGTGTTTCCCACTCAGGACCGAAGACGCAAGCCCTCGACGGCG  
ATTACGCCTGGGCGCTCTGGCGTCCCTACTCCTGCTGCCAGCGCAAGGGCAGATCTTCTCGGCAGTACCGACTTCCAA  
TAAGGACACGGAGACGAATCATGCGAATGAACATCACCTCGGTTCGCACTGACGTGGCTGCTCGCAGCGCAACTTGCCAG  
GCCGACGACCCGATCAACGTGTCCAAGACCGGCACGGTGTCTAGCGACGAGGTCTCTACAGCATTTGGCGGCGGCAGCGC  
GGTGAGCATGGGCAGCGCCGGCCAGATGGACTCGATCGGGCTCGGCTTTCGGCTGGAAACAACGACATGATGTGCGGAAACA  
TGAACCTGAGCACCACCCTGGAGAACCAGCTCAACGGTGCACACAGGGTTTCCAGAACATCATGGGCTCAGTCATCCAG  
AACCGGACCGGCGCGGTTCATGTGCTGCCGGCGTTGATCATCCAGCGCGGAACCTCAGCTCTACAACCTGATCACCAA  
TGGCATCCTGCAGGCGCGGATCGACTACGACCGCTCGAAAGGGACTTGCAGAGCGATCGCCGAGAAGATGGCTGACATCG  
CTGGCGAGCAGACCGGCTGGGGGAAAATCGCCGAAGGCCAGGCCCTGGGCGCCACGCTGGCTCTGGCGGAAAAGACGCC  
GTATCCGCCCTCGAAGCGGTGGAGAAGAAGGGCGCAACGATGGCGTAACCTGGGTGCGTGGAGACAAGGCCGGCGGCTC  
CGGCCAGAAGCCATTTCGCATCGTCAACGACGTGACCCGGGCGGGCTACAACCTGTTGACCAGCCGCTCAGTGAATGACT  
CGTCGAGCGTGCCTTCCGCCACATGCAACAATGGCCTGGTCTGCAACACCTGGTCTCCCCCAGGAAGCCGCCGCGTTC  
GCCACCCGGGTACTGGGCGAACAACAGCAACAGACCTGCGAAGGCTGCCAGAAGACGGTGACGGCTGCAGGCGTCCGGCCT  
CACCCCGCTGATCCAGGAGACCTACGACAAGAAGCTCCAGTGCCTGCAGGAGCTGCTGTGCAAGAGCAAACCACTGACTG  
CAGAGAACCTGGCTGCGGCCGGCACCGATGCTCTGCCAATTACCCGCGGCGTCATCGAGGCGCTGCGCGACGAGCGTGAC  
CAGGACGTCTGGCGCGCCGCTGGCGTCCGATGTCTCCCTGATGGACGTGCTCAGCAAGGCACTGCTACTGCAGCGCCT  
GATGTTCCGCGGCGCCAAAGAGCCCAACGTGCGCGCAACGGCCTGGCCACCCAAGCCGTCGATCAGCAGACCAGCCTCC  
TGCAGCAGGAGATCTCGAACCCTCAAGACCGAATGGAACCTCCGTCGCGAGTTGGCCAGCAATTCGCCCATGCGGGTTCATC  
GAGCGCGGCAACAGCGCGCCTCAGGGTCCAGTGGCGTGTTCGAGTCCGCGCCGATGATCGCTCGATCGCTCGCTGCA  
GGCCCCCTCTGCCGCGGCGGCAAGTCCGGGAGGGAGACCGTGTGTCAGATACGCTCACCACCCGAAAGCTCTCGGCCA  
GCTACTGGTCCGAGTGCTGATCGTTCGCTGGCAGTGGTTCGGTACGCTGCTCAGCCTCTTCCGCCCTGAACCACTTTCG  
GCGGCATCCAGGGCCTGGAGGCTGGCGGCAAAAGCAACTACTGGAGTTTGTCTCTCTGGAGGGCGCTGCTGTACTGCGCC  
CTGGCCATCGCCTGGTTCCGGCTCAAGCAGCGCAGGGAACCTGAGCGCGCATGAGCGGCAGCGCATTCGGCGGATCGAGAT  
CCTGGTGTGTTGCTGATCCTGCTCATCGAATTCAGCAAAGCCTACTTCCGCACGGGAGGCGCAGCATGACCTTCATGAC  
CAATGACTACCTGGAGTATTACCTCACCCCTCTCGGCTGGATCATCAACAACGGGATCTGGAACATGATCTCGGATACAG  
GGCTGTTCCGCGGTGCCCTTCGTGGCCATTGTGATGCGTGAGTGGCTGAAAGTTTCGCGGGGAAGGCGCCGACGAGGGCAAC  
AAGGGCGTGTGTCTCTGGCCCCGATCGAGACGCATATCTACGTCCGCTATATTGTGGTCCGCTTTCGCGGCATCCCGGT  
CGTCAACGTGAGCTTCGACACCATCGAGTTCGACCAGGCCCGCGCCAGCAGTGCCAATAACAATCTGCCGGCACCGGCGG  
ACACCGGCTGGTTCGAGCTCCTTCAGCAGCCTGGCCGGCAAGAGTGCAGCAGATGCCGCTCTGGTGGGCGATGATGCACGCC  
CTGTCCAAGGGCTTACCAGCCGGCGCGGTTAGCGGCCATTCTTTCGGGCACGGATCTGCGGCAGATGCGTATGGAGGTGGA  
TAACACCCGTGTGAACAACCCGCTGCTGGCACAAGAAAATCGCTGACTTTTCCAGGGACTGCTACGGACCTTCTCGTGCGC  
GGCTGTTTCATGCGGCAACCCGATCTGGGCTCCGTCGCCGAGGACAACAAGGCGCTACAGGACCTGAACTGGATCGGCTCC  
CGATTCTGTTGAACACCCCGGGGTAACGACACCGACTACTCGAAGAGTCCCGTTCAGTCTGGCCCTACAACGCCAC  
CCGCGACGCCGGGCTGCCCAAGGTGGGCGGTGGTGGTGGCTACCTACCTGCAAGCAGTGGTGGGCTGACTCAGGGATCG  
GTTTGCCTGATCGGATCAAGGGCCAGGTGGATCGGACCTGATGACAGCTTCTCAAGTGGGCGAAAATGGCTGAACCG  
GACGAGGTGAGCGAGGACATCCCGCCAGGTGATTTCCAGGCTCCAGCAGGTCAAGGGCAACGCTTACACCGATTACGG  
CGGGCAGGTTGGCGGCACCATCTGGAATGGACTGGCTCGTCCGGAGGACCCCTCGGAGTGCAATGGGTAGCCTGGCTT  
ACTTCCCGCGATGGATATGGTCCGCCAGGCGCTGCCGATGGTGATGTCATTCCTGAAGATGGCCATGGTTCATCTGCATT

CCGATGGTTCTGGTCATCGGCACCTATCAACTGAAAGTTGCCATGACGATGACGGTCGTCTTCTTTGCAATGATATTCGT  
CGACTTCTGGTTTCAGTTAGCCAGATATATCGATAGCACGATACTTGATGCTTCTATGGTTCGGGATCACCACATCTTT  
CGTTTCGACCCAGTCATGGGACTGAATACGGCGACTCAAGATGCAATCTTGAACCTTCGTGATGGGGGCGATGTTCAATTATA  
TTGCCCATGCTGTGGGTAACCTGCTGTAGGCTGGGCAGGCGTCCAAGTTGGAGCTCTCCTCAGCGATCTCAGTAATGGAGT  
CAAAGGGGTCCAACAGGCTGGGGCACAGGGTGGTGGCGTAGCTAAGCAGGCAATATCGTCGTCTCACCCAAAGGGGACT  
AACAGAAAGGGGCTAACAAGCCCCTTTTTTATTAATCTTCACGAGAGAGTACTCCATCATCTCTTCGCCCCATCCAGTCC  
AATTCATTACCGAAAACATCTCGGCCATATGGAGCTGCTTGGGCCTCATCCTCGTCCAACCTGGCGAAAAATAGAAAAGTTC  
TCCCTTAACCAACACAACACCAATCAGCCCAAACGACAACAAGGTCATGAATGTGCTGGCCAGCCAGGTAAAAGTTCTGTGA  
CAAAGATAACGAACAGCACCACGACCAGGCTCCGCTTGACCCAGCGACTGCAGGCCGACGATCATGCAGGCAGAAA  
CGCACAAAGCGTACCCAGACCAAACCGATCCGGGAGGCAAAACCTTTGTTGGTGTGCGCGTTTATCATCAATCTCCTTGGC  
TCCCAAAGGGAGGCATCCTGCTATCACCTATACGCCAAAAAAGATGATCTGGCAAGCCTTATGGCATATTATGCCACTAG  
CTATCTGCCGACTGGAGCCCCTCATGGCAACTCGAAACGTCGTCTTCCCGATCCGCTGGAGCAGGACATCAACGAGCTG  
GTGGAGACCGGCCGCTATCAAAACCGCAGTGAGGTCATCCGGGCAGGCCTCCGCCTGTTGCTGCAGCAGGAAAGCCAGAA  
TAGCGCCAAGCTCGAAGCCCTCCGCAACGCAACATCCAGTGGGCTGATGCAACTGGAGCGCGGCGAGTACGACGAGATCA  
CCAGCGACGACCTGGCCCAATACCTCGACGAGCTCGGCAACCAGGCGAGCCACTGAAGCATGGCCAAGTACCGCATATCC  
CATGATGCCCAAGCGGACATCGTCGATATCCTGCGCTTACCCACAACCGATTCGGCGATGCCGCGCGCCGGTGTACCA  
GGCCCTCATCGGCACCGCCCTGGAAGCGGTTGCGACAGACCCACTGCGGCTCGGCAGCCTCAGCCGCAAGAAGAGGGGC  
CAGGCCTGCGCAGCATCCACCTCGTTTACTGCCGCTCGATGCCCAACGTCGGTAAGGTTGTTTCGGCGCAGGCACCTTCGTC  
TTCTACCGGGTGGCGACAGCTCAGGTCCTCGAGGTGGTTCGCGTGTCTTACGACTCGATGGATCTGGATCAACACCTGCC  
TCCTCGATGAGCAGCCGTAGCAGGAGCAAATGGGTCAAAGGGGAAATGGCTTGAAAGGTGAAGGGAATGGTTACAAAGGG  
TAAAAGCCCTACCCGAAAAGGTTCGCTGGAGGCGGAAAAGGCCCGTACTCGCTCCGAGTCAAACATATGGTTTGCCTAGC  
ACCTCCATCTCATCTATGCCTTTCTGACTGGAATATAACCCCTTTTCGACTATTTAGCCATTCATGGCAAAAAGTTAGAAA  
GCGATTTTAAATATTAGCCTTCCGCTCAACCAGCTTAATACTCATATTTAAACAATTATACCCAGCTACCTTATTTAGAA  
TTTCGCTGCCATAAGACCATGTGCGCTATGTGCATTTTCCGGAGCCTAACCCCTTTCGGTTACTGCACTAAAGGCTCAGT  
CGCAAGCGGTGTGCTGACAATCGAGAGGCCACCCGCACCTTGCCATCGATACTCCACTTCGACGCGCGTCGAGGAAAGC  
CTCGCGCCGCTGGCTTCCGCTTCTCCGCTTCCGCTCCACCTGAATCTCGTAGTGCCCCCTCCACTCCAGGCTTACCT  
CGAAGCCCGACCATGTCCCGGAATGCACGGATCAATCAGCAACCAGGCAACCTGCGCGGAATTCGCACTAACCTTCG  
AGTCCGGCGCGGTACATCCAGGCGGCAGAGCCGGTATACCAGGTCCAGCCACCACGCGGACATGCGCGCGCTCGGAGTA  
GATATCGGCGGCCACCACATAGGGTTCCACTCGATAGCGTTCCACCTGTTCCGGTGTGAGCGCGTGGTTGATTGGATTGA  
GCAAGGAAAGCAATGTCCCGCCTTGTCCCCTTTGCCCTGGCGGACAAATGCCAGGACCGCCACATGGCCGCGTGGCTG  
TATTGCCCGCCATTCTCCCGCAGGCCAGTGGGTAGCCGCGGATATAGCCGGATCCGTGCCCTCTCGTCGAAAGGGGG  
CGTAAACAGCAGCGCAATCGATCGACTGGACGTAGCAGGTACCTCTCCAGTGGGTTCATGGCCATTCGCGCCCGCAGTG  
GGTGGCGCCCGCCAGGACGGCCAGGACTGTGCGATCGAATCGATGCGGCAGGCTTACCATCCTTCGAACCCAGCCAG  
GTTCCGTCATCGAAGGTGCTCGGCGATAACCAGTGGCCGTCCAGGCTCGCGCTCCATGGCCAGACGCAACCGCCCGGC  
ATGTTTCGCGCCAGTGACGGGCTCGCTCAGGGTCACGCGAACGGGCATAGCCATCGAAGCGCGGAGAGTCTCCAGCAGCA  
ACCAGCCGAGCCAGACGCTCTCTCCTGTGCCGCGCCGACCCGACGCGATTTCATGCCGTGTTCCAGTCCGCGGAACCAATC  
AGCGGCAAGCCCAACTTACCAGTCCAGCGTCAGACACTGGTCCAGGCTCGTGCACAGTGTTCGAATAGCGACGCGGACTG  
CTCCGACAGCATCGGCTGGAAGAAGGTGTCTGCTCGCCCTCTTGAACGGCGGCCCTTCGATGAACGGCAGGACTTCGT  
CGAGAATCCCGATGTGGCCGCTCGCCTCGAGATACAGCGAGGCGAGCATAACGCCAGCCAGACCCGGTTCGTCGAAATCCGC  
GTCCTTACCCCTGTCCCGAGTGGCGCAGCCACCAGTGTGCACATCACCTTCGCGAACTGCCGACCGGCGGCGCGCAG  
AAGATGCTCGCGGTTCAGCGCCGAGCGGCCAGGGACAGAGCCATGCCATCCTGCAGTTGATCGCGGAAACCATAGGCGC  
CGCTGGCCTGGTAGAACGCCGAGCGCGCCAGAGCGGACAGGCGAGGCTTGGTACAGCAGCCAGCCGTTGAGCAGGATA  
TCCAGCGAACGCTCGGGACTGCTCACCTGAACGGCTCCAAGGCTCCGCCAGTGCCTACCAACACCCGCCAGCGTCTC  
TTCCGGATCAGTCCGACGGTATCGCGTGACAGATCAGGGCATGAGCCAGGAGTCCGCTTGGCCGAATAATCGCAGCA  
TTTCCACCACCTCCCCGGTGCAGCTCGATCGAACAATGCTGCGCCATGCACGGGTTCGACCGGCGCCCGCCGCTGATCCG  
GAAAGTCCCGCCTCGCCGAGCAGCGCCGAGGCGCCGAGGGGTACCCGAGCGGCCCGAGGAATTCGCGACGATCACCGCT  
CCAGCTGCTTTGGCGGCCACACAGGTTCGGCAACAGGACACGCCCCGGGAAAGGCGGCGTTCCAGGGGTTGCGCGCAAGCA  
GCGCACCGCTTTTCGACATCCTGGCAGGTCTCGATGAAGGCCGCGGATGTGCCCCGGGCGCTGCCGAGTACCGGTTCCGCA  
TAGCTGGTGAACGACAGCCGTCGTGACTTGCCGAGAGGTTGCGCAGCACCAGTCCGGAAATCTTGATCGGGTCCGCCAG  
CGCGACGAATTGCACCAGATCCATGTGATGCCCTGGCAGCGATGGCCGAAACGGCTGTAGCCGAATCCGTGGCGTGGCG  
TGTAGAGCCCATCGTCGCAATCGGCCGCGCAGTGCAGCTCCACAGCGCCCGGCTGTCTCGTCGCGGAGGTAGAAGCT  
TCTACGAGGGATCGCCGACCGGATCGTTGGACCAGGGCGTCAGTTGATTTTCGCGACTGTTCTCCGCCAAGTATAGCC  
ACTGCCCTCCGCCGAGACCTGGAAGCCGAACCGGGGATTGGCGATGACATTGATCCATGGCGCTGGTGTGCTTTACCCCT  
TTTCCAGAAGAATCACGTACTCCTGGCCGCGACTGCCGAAGCCACCTAGCCCATTGAAGAACTCGAGAGCCTCACCCAGA  
CTCGTCTTATCCGCCCCCCCCCTCGTCGCTGGCCACCAGTCCGCGCCGTACCAGCAGTCCGAGCCGGAGTCCGGTATAGGCC  
GGAGGAGCACAGGGCGGCCAGTTGACTGGCGATCGGCCCTCGCCGGGCGAGCAGTACCACGCGTGCAGCCGCCAGCAACA  
GCGCCCTGCCCTCCTGGCTCATGAGATCGGCGCGCAAGGTGTGCACCTGACCGCGCCGCGCCGCTTTCGCCCCACGG  
GTACGCGACGGGCTGCTGCGCACGGCGGTCTCGATCGCCACCTGGAGATCCTGGATGTAGGACGAAGCGCGCTCATTGAC  
GACTGCCAGGTCCACCTCCAGGCCTTTTCGTCGCGAGTATTGGTGGAGCCCTCAGGATCTGCCGCAATTTGTTCAAGGTTCGT  
CGTGTTCGTCAGTTCGAGAAGCAGGATCGGACGGTCTCCGGATATCCCCAGGGGCCAGAGCCCGACTGAGGCCCTGAA  
CCGTGCCGGATCGACTCGGGCGGCGACGGTAACGTGCGTCGGCATACAGCAGCGGCGCCGACGGCGCTGGAATCGGC  
GGCCTCTCCGGCGGCGATATCGAGATCACGCAATTGTACTCTGCGCTGGGTCCAGGCCAGCTTCCGCGCGGTCGAAGC  
CGCTGCGCTCGTGGTGTGTTGTCGATCAGGTCAAGAGCGCCTCGCGGGTCTCAGCGACCACGATCCAGAAGGACACCCCTC



GCCATTTCCCCAGGCGGATACGCAATCGCCGGCGCAGAGAGAAAACCGGGTTCGAGCACCGTGC GGCGCTGCCGGATAA  
CGGCTGCCGCAGGTCCGCCAAGACATCGCGCAAGGTCTTCCGCGGCCAAGGAAGCGGGCACGGTTCGGACTCGTATTCGA  
CAGGTGCGGTTCAGGGAGCCCTCCACCACCGCGAAATGCGCGGCCCAAACCGGGCTCTCGGTGCCGGAGCGCAAACGCCGG  
GTAGCCACTAGGGCGGGCTACTCGGCGACGTACTCGGTCTGCACGAAAAGCTTGGAGAACGCCGGATGGGCATCGTCAGC  
GGCAGCCGGCGCGAGGACCAACTCAGCGTAGGAAGTCAGTTTCGATCTCCTGTGAACGACGACCGTTGTTGACCAGGGTAA  
TGCGCCGCACCTCGCCGTCGTCCTCGCCGAGACTAAGACTTCTAGCACGCTGCTCAGACTACCGTCTGTGGCGGCTGAAT  
TCCGCCCCGTCTTCGTGCAAGAGGATCTCTCCGCTGACCGGTACCTGCCCGCTCGGCTGGGTGGTGGCCGCCACGTGCC  
GCCGTATGAACGTCGCGCAGGAGGACATAGTAGCCCCAGTCTGTCGCGCTCGGATCTTCTCGCCACCGGGTTCACGGCGA  
TGTACGCCCAGCGACTGTAGCCAGCGCCCGAAGCGGACAGCATTACTGAATAGCGACCGTTGAAAAGCAGGTGGGTAACT  
GGTACTCGCCCGGCTCAATGCTACGCGCCGAAGCGTCGAGGCCCTCGATTCCGGCTTCGTATGACGAGACGCGCACTTC  
CTCAGCGCGCGGATGGGCCAGGAAGACATCGGAGGGAATGCGCTCCTGGAGCAGCAGCTCAACCGCACGGATCATCGGCT  
CGCGATGGAAGCGAGTGCATCCGCCCTCATCGAGGGCGTTGGCGATCGCCACGATGCTCATGCCCTGGTGATGGGCC  
ATATAGCTGTGGACGAGCGCCACCGCCGTCGCGTCGGGCGAGCCGCGACGGCGTGAAGTCCAGCGCTTCGTAGAAGCCGTA  
GCGCCCGCGCGCACCCAGTTCGGCCAGGCGCGCTAGTTAAACAACGCCGCACGCGGCTTGATCATCGCCGCCAACCCCG  
TGGCATAACGGCGCCACCACAGGTTCTCGGCCAGACCGCGCTTAAAGCCCAGCCCCGGCACACCGAAGTTCGAGTACTGG  
TAGGTGAACTCCAGGTCCCGCGCGTTGAAGGCCGACTCCGAGATGCCCCAGGGAACACCTTCTTCCGCCGTAGGCCTG  
CTGCACCTCCACCACAGGTGATTGCTCTGTTCCAGCAGGCTGCCGACGGGCGCCGCATGACCAGCGATGGCATGAGAT  
ATTCGAACATCGAGCCAGACCAAGATATCAGCGCCGATGCCGTCCCCACCGGTGTGCGGTACGACCCAGGCGGAACCAG  
TGGCGGGTAGGGACATCGCCTTTGGCGATGGCTATCAGGCTGGCCAAGCGCGCTCCGAGGCCAACAGGTCTGTAGCAACT  
GCTGTCCAGGCTGTTGTGCGCCAGGGAATAACCGATAGAAAACAGGTACGCTCGGTATTGAAGAGGAACCGCAAATCCA  
TCCCCGGCGACGAAGGCCCGGGCCTGCTTCGCCACGCTCCGCACGCGAGCCTCCAGCAACGGCGCAGCGAAAAGCAGGCGG  
TCACGCTGGTGTTCGACCACGGAGTTCCTCAGTGCCTCGAGCCAGAACAGAACTCATAGAAAAGTGCCTCCACTCCCCG  
GGGGGCCGATGCCACGGCATCTCTACGGCTTCTCCGCGAGCCGCCGAATCTGCCAAGCCCGTCTCGGCGGACTGCC  
GACCATCGATCTGCGCCTGGATCTCTTCCACGGTTCGTACGTAGTCGCCGCCAATGTCCGGCGCCACGGGGAAGCCCATCG  
AGCCCCGCGCACCGCCAGCGTATCGCCCAACCGTTCGCGCAAGCCGGCGACAGCGGCTCGTCGAGCCACTCTTC  
GCATCTTGGCCAAAGGCGATCAGATGACCCGAGGTTGCCGCTGTGACCCGAGGACACATAGGCCCGGCTCAAGCACAT  
GCAGGTGAGCGTGGCGTACCAGTTGAAGAAATGCCCCGATGGCCGATAGGCCGCTGCATGGCCGACGGTTCGCCCTCC  
AGGCGCTCAAGGGTTTTCTGCGTGCCTGCCCGCCAGCCGAAGTTCGCGAGCGGCGACCGCGGAAAGCAGATAGAGCCGATGTT  
GGTGGCGAGGTACGGTGTGCCACCACGGGCTTGGCTGGTCTTGGAAATGTCCGGCGGTAGCCGGTTATCCTCGGCGC  
CGACAAAGGTTTTGAAAGATCGCAAGTCTGTGCGCGATCAAACGCAGCCCCATTGCCTCCTCCGGCGCCAGGACCTTG  
CGCTTCGACGGCCGCGGCACTCGACTGCTGTATAACGCCAAGCCGGCGCCAGTGCCAGAGCAGCATGAAGGGTACGCC  
CAGAGCCAGGGAGGACGGCTGCAAATACAGCACAGTGCCTCCGCGCAAGTATCAGGGAGGTACCGCCAACCATCTGTA  
GATAGCTGATAGCCAAACCCGGGACGCGGTTTTCCCCACCGACTGCGCGGAGGTGGTCCACTCGAGCAGATGGCGACGAGTG  
ACGAACATCCGCAGCAACGTCCGCACGATCGCATCGCCATGCGCCAAGCCTGATCGGCCAGAAAAGCCAGGGACAGCAG  
CGTCTGTAACAGAGCGCGCCGAAGTTCGGCGGGCCAGGCGCTGAAGTGTGACGCGAGCCGATACCGCAGCCGCTGGCC  
ACAGTCTTAGGCACACCGGCAGACAGGCCGGGAGTGCCAGGCTCCCAACCAGTAGCAGGCTGCCGAACAACGCTGAGGC  
ATCGGCAGCAACCAGGAAAACAGCAGCGCGAGCGCGCGGAAGGCGCAAGCAGCGAACGGCGCAGGTTGTGAGCATCTT  
GCTGCGGCCGACCCACGGCACTGCCCATTCACCGCGCAATGACCGATGATCCATGGCAGCAGTTGCCAGTCCACCGCGCG  
TCCAGCGATGCAAGCGTTGAGCGACAACATCGAAGCGCGCCGGCGCTTCTCAACCACCTCCACATCGGAAGCCAGTCTT  
GCACGGGCGAATATGCCCTCGAACAATCATGACTGAGAACGCTGTTTTACCGATGCGGCCGGCCATGGCGGCTTCAA  
GGCATCTACATCGTAGATAACCTTGGCGGTGTAAGAGCCTTCGCCGAACAGGTCTTGGTAGACATCCGAGACCGCGGCTG  
CATATGGATCCATTCCACCCGGTCCGGAGAACACCCGCTGATAAAGCGAGCCTTCTCGGCCAAGCGGCAGTGCCGGCGTA  
ACCCGGGGCTGGAGCTAGCGTAGCCACTAAGTACGCGCTGAGTGCCTCGCCCTCGAACAGCGGCTGGTTCAAAGGGTGGGC  
CATCTTGGCCGATCAGACCGCCGCAACGCTCAGCTGCGAGCAGCTGTGTCAGCATCCAGGTTAATGACGAACCCGACCCCGG  
AAGGCACCGTTCGGTCTGACTCGCCGAGGCTGGCGAAGCTGGTGTGCGTTCGCGCCCCGCAAGAGGCGGTTTCAGTCTATGT  
AGCTTGCCACGCTTGCCTCCAGCCTATCCAGCGCCGTTCTTGGCGATTGAACCGGCGCTGCCGGTACAGCAATAGGAA  
ACGCGGCCCGCGGGGGCGGAGCATGACGCGGTTGAGCCGTTTCGATCGCTGCGGCGCCAGTTTTACGACAGCCGAACGT  
CGCGCTCGAGCACGGACTGTGCGCATCAATGCCATCGGCCAGGAGGGCGAAGCTGAGATCGCCGCGAGTGCCTGGTTAGA  
TAATGCACCTCCAGTTGCTCGATCTGCTCCAGCAGCTCCGCTTCGCCGCCAGCAGGGTGGCACCACGACCAGGGTCCG  
AAGCTCCTCCGGTATTCCATCGGCCAGTTCAGTCCCGGTAGGATGGCAGCTCCACTCCACCGGTTACCGCACGGTTGA  
CCAACGCCACCGCGGCTCGCTGAACGGAACGAACAGGGCACCTACCAGCGCCAGCCACTGCCACCACCGTCTCCCAGC  
CCCGGCACCTGCAGGACGTAGACGGTTCACGCGGAGCAGAAGCCCGCTGAGCAGCAGCGTTGCGCCGACATAGCCGAGGAT  
CCCCAGACGTCCGCCGAGACGACCGAGCCACAATGACGCGCGGCGACCGGAAGCCGATATGGGCTTCGAACGCGCGACGTC  
CGCCGCCGATCAAGTGGTAGCCCGGCTCGCTCCAGTGTTCGCCAGTATGCCGGGCGCCGCGGTGGAGTGTGCTTCGCC  
AGCGCCTGTTCCGGCGATAGCCAGTTTCGCTGAGCGGAGCGCTGCGGGCCAGTTGCTCGATGGCGCTGCGATAGAGGTTCCG  
GGTGGGGAAGTCCATCCTGCCGAAGGAGCCGTCGCATCCAAGCGGGCATCAACCAGGCTCACGCTTTCGAACAGTTTTCG  
CCCAGTCGATGGCAGAGATCAGGCGCATGCTGGTAATGACGTTACGCACGCTGACGTTTCGAGGCGCCCTGCCGCTGCTGC  
GCGTGTGCACCGCCTGCTCCACCGAACTGCCTTGTGTTGGAGCCGCTCGTCCAACAGTTGAGCGCTGGATTTGTCTT  
CGGTTCTGATCGCGCAGGCGCCTGGCCAACTGGGCGGCGAAGATCTCCGACAAGGCTGCCGGCGAGCGCCGGGCGATGT  
CCGTTGCCAGTTCGGAGCGGCGAGCCGGGCTCAGAAGGCGATCTGCCAGGCGATCGGCTTCGGCCCGCTCGGCCCTT  
CCCTGGCCGATTTGGTCCACCAGGCGCCGAGGTTCTCGACAAGGCGATGCGCAAGGTGATCGCCACCGCCCATAGTTT  
CCCGATGCTCAGCGGTTGGACACGCTGGTAGGCGCGATGAAACGCCGAACAACCTAAGATCGAGATGGCTGTGCGTAT  
GCGCGACGAAAGCCCATGCCAACCCGAAGACCCTCGGGTAGCCAGCAAAGGGGCCGACGCGAGCTTGGGCAACTGCCCG

TAATAGCCGGGAGGCAGGTTCGTTCGCGGATCTCGCGGATCTGCTCTTCCACCACGTGGTAATTATCCAGCAGCCATTTCAGC  
GGCGGGACCACCCTGCGTCCCTCGCTCCAGTTCGCTGGCGCTGGCCCGGTATGCCGTCAGCAGCGCCGCCGCTTGTTCAG  
CAAGACGCCTGCGCAGGGGGCGGACGATGGGAGGACACGCAGTGACCGGCTGGGCTGCGGCCAGGCTTTCTCCGTGCTGC  
TCGAGGCGTTTCGACGCCGAACAGTTTCTCGCGTACCGGGGGCCCGGTTCGTTCCACGGCGGGGAGGTGCGCCGCCAGCAGAG  
TCGGCCAAGCAGATCTGCCACCCTCGACGAGGTCTCGCGAAGCCCACTCCAGGTGCGCCAGGCACCTGTTCTGAATGAC  
GGCTCAACGGGAATGTTTTGGCAGGAGCTTCAAGACCCATGCACGGGTCCCGGCATAGCACTGCCGAGAAAAGACACGCGA  
CCGCCCGTCCGCGTTTCGCCCAGCCACGCCATTTCGCTGGCAAGCCAGACCGGCAGTGCAGCCGGAGGATACGGCGGCAAC  
AGAGTATGGGCATCGTTCGGTCCAGGCTCCGTCGATCCTTCGGCACGATGTGCGTCCCAAATGGGTCCGGACGTGGCTGA  
CGAGGGCTCCGTAGGGGTATTCATGATGAACCTCCACTGCAAACCGGCACCGGCACGATTCGCCGACCCCTGGCTTTTCCAG  
CCTGCACCCTTCAGGTGGCCGGTTCGGTTCGCTGCCACACTTAGCGCCGCTCCCTACTGAGTGCAGCGCCGGTTCG  
GCCTGGGTGCGGCAACGCACCGACAGCAAGACCGCGGCTCACCACAATGCCTGTCCAGCGTTCGACACTTTCGCGCGAGC  
GCGGGACACGATCCGAGGCAACATCATGGACAAGCACACCAAGCAAGCGCCGCGCAATGGTAATGGCGCCAACAGCCCC  
CCGAGCACCAGTCCGGCCAGCCCCCTGCCAGCCCCAGCAAGGCGGAACGCTACTCCGAGCGCAAGCCCTCTGAACAGAAG  
CCGGAGTCAGACGCCAAGGCAACTCGCGATCCCGTGAAGAATGGCAACAACCGCAGGCGCCCGCGGTGACGACGACCT  
GATGAGCCAGGAAGCCGGGCACCAGGGGCGCTTTCACAACAGAAATGAGCGAGCCTGGCACATGAGACTGACCTTTGAG  
CAGGCCCCGCGAGCTCATCGAACCCCTCCTTCTCACCCTTTCAGTGCAGTTGCACACGAGACCGGGACGGAGCGATGAGCAT  
CCTGCTGGGTAATGCCTTGACGGGCACCATCGAGGCATTTCAGCACCGGCATAGGCACCGAACAGTGGCGTACACCCGAAG  
CGGTGACCCAGCTCATCCGTGATCTGCGCCTGGACATCGCCCCCTAGCCACATCACTTCTAAGCGAATCCCTCCCAAGGG  
GGATTGCGCCCTTCCGTTCCGCTCTCATCGCTAGCCACGCTTTTCTGCGCCATTGCGGCTACACTGTCAGAGTTGATCCT  
CGAAAATATCTCAGCGCCCTGCGTTTTCCCTGCGCCACTCCACTGGCAATGTCAAGCGCAATCAGCCCTAACCCACCACA  
GGGAACCCACTGGTGGCCGACATGACCAATGACGTTTTCTCCCTGCAGAACCATCTGCTCGCCGCGCTTACCCAGGAGAT  
ACAAGAGCGTCTGATCCCGCACCTGGAGCGAGTTACTGCGCTCGGCAAGGTCTCTATGAATCGGGCGATGCCCTCC  
GACATGTCTACTTCCCCACCGACGCCATCGTTTTGCTGCTGTATGTTCATGGAGGACGGCGCTCCGCGGAGATATCCGTC  
GTCGGCAACGAAGGACTCATCGGCGTGGCGGTGTTTCATGGGTGGGAAAGCACTCCGAGCCGCGCCATTGTGCAAGCGC  
TGGGCACTGCCTACCGATTGCCCGGACAGAAGCTGAAGGACGAGTTCAATCGGCATGGCGAGATGCTGCAGTTGATGCTCC  
GTACACCCAGGCTTGATCACCAGATGGCTCAGACCGGCTGTGCAACCGCCATCACTGATCGACCAGCAACTCTGC  
CGTGGCTGCTGCTGCTCGCTCAGCCGGTACCAGCAACCGTGTGAGCATGACCCAGAACTCATCGCCAACTGCTGGG  
GGTCCGCCGCAAGGCGTACCAGGCGGCGGCAAGCTGCAGAACTCGGCGTGATCAAGTACAGCCGAGGGGCACATCA  
CCGTTCTCGACCGTCCGCAATTGGAAGCGCTCTGTTGCGAATGCTACGCGGTGGTCAAGCGCGAGACCGATCGCCTGCTT  
CCCTATCTGCCCGCCCGATGAGGATTTTCGTCGACGGCAACGAGACGGCGCGCCAGGCCGCTCACCCCTCTTCATCTCCG  
GAGGCGACACCATGAACATCGACGACGATATCTACGTACCCCGGCTACTTGGCGAAGGTTCATCTACCCGAAGGACGGACC  
CTGCGGACTACTTTCATCGCCCACGCACCGGCGGAACCCAGGGGTGGTTCAGCCGCGGATGCCGGAAGAACCCTGAA  
GAAGTTCGGCGGCGACAACGGCGTTCGAGTACTCCAGTTCGGGAAGCCAAGGAGGAGGCTCAAACAGTTTTCACGCAAC  
TGAACGTGGAGGAAACCGAAAACCTGGAAAAGGGAGTTTCGACAAAACAGCGCTATGTCCAGTGGCCATTGGCCTGGGCCGAC  
GCCATTCTCGAAGCGCGGCGCGCCGACTGCGGGTAAAAAGACTCCGACCTGACCTGGCAGCGATGCGCAGGTGGGCCG  
CCCTGGGTTTCGCTTTCGCGCACAGACGTTCGCTGGCCCCCGCCGTAGACTGGGAATCCATACTTCCGGGAGATCTGCCATG  
GTTGGCTACAGCCACCAGGTATCGGCCGTTTTCAACCTCCGGGCGCAGGCCGAAAGCGCTCGCAACGCTCGGTGACCCG  
AGGCCTCGGCCTCGAACAGTTAAGCATCCTCGGCGCTGAAGACGTTCCACTTCCAACAACCGCCGGCGGCTTCGTTTCATCC  
AGGTGCTGTCAAGTGGCGCAGCCGGCGCGCTAGCGGGGCTCCTCGTCAGCACGCTGGTTCACATTCGCTCTGACGCGAACC  
GAGGCCAGCCTGTTTCGGTGTATGCACCGTTGGCCTTTCGTTGGAGCAGCGCCCTGGGAGCGCTGTTTCGGAGGAGCGGT  
CGGCGCATCGGTGGATGTTCAGCCAAGTTCAGCGGTCCCTTCAGACAGGCTATCGCCAGGGCCATGTCGTTCTGCTGGCGA  
ATACCCGTTTCGGAATCGAGTCCCTGCTCGTTCGCTGATGTTCATCGAGAGTTCGTTGGGGTTCGGCGTGCACATGGACATC  
AGTCTGATCTGACCTCGCTCCGGGCACCTCGACTCGGTTACTCGCGATGTAAGTTTCGATATCAGACAGACCTGGGCCAGG  
ACCATAACAGGACACTCCGCTCCGGATGAACCGAGGTTCGACTCCGACTCTTCAAGCTCGAACACAGTAACTCGTACACC  
GGACCGATATCGCCTTCTACGTTGTCGGGGTACTGGTGTGCTGGCCGTTTGGCTCGGCCCTTTCTGCCCGCAGAACTGCGT  
CTGGAATGCCTGCTGCTGGCCGCGTTAGGTCTGGTGGCATGGTTCGCTGCTGGAATACCTCCTGCATCGCTTTGTCTCCA  
CGGACTATCACCCCTTTCGCCAATGGCACCAGTCCCATCACCAACGGCCCGGCGCGCTGATAGGGCTATCCACCCTGTCCA  
GTGCGGCCCTGTTTCATCGGCCTGGTCTACCTACCAGCGCTGCTCGCACTCGGCCCTGGAGAGGCTCCTCGCTGGCTTTG  
GGCATCATGTTCAGGCTACCTAGCGTACATCCTGACCCATCACGCGCTGCATCACTTCGATCACTCTGGCAACGCTGGCT  
GGCTCGCCGCCAGCTATGCCACCATCTGCATCACAGCGCACTTCGGCAAGCCGGGCACTTCGGGGTTACCTCGGCGTTCT  
GGGATCGCCTATTTCGCCAGCGATCGCCTGCCCCCGAACAGCCTCCGGCAAGTGGCGCAACGTCGCCGAGATCACCACC  
CGCCACGCCCGCAGCCTCAGCGCGCGCAAGTTCGTAATAATGCTCGGCCAGTTGTTCCGTGGCACAAGTAGCCGTATGAA  
CGCTCGGCTGTGGGACGGCACACTCCTGCAACTGGGGCCCACTGCCGGTACTCAGGCCCACTTACCTTGGTCTACAGGC  
ATGCGGACGGCGTACAGAAGATGATCCTAAGCAATAGCGACCCACAGCGCCTGGCCGAAGCCTATTTCCGCGACGACTTC  
GACATCGAGGGCGACCTTTCGCTGCCCTGGCGCTCAGGGAGCACATGCAAAACCGAGCGCAAGGTCTGGCACCGACGCGC  
ACGCCTGTTGTTTCGGCGCCATCATGCTGCCGAGCTCGGTCACTACCGAATCCGACAGACAGAAAAGGGTTCCTTGGCGCAAC  
AGATTACGACGGGGATGCACTCGGACGCGAGAAAACCCGACGCCACCACCTTCCGCTACGACCTGTCCAATGCGTTCTAC  
GGACTCTGGCTGGATCCGGCGATGGTCTACTCCTGCGGCTACTTCGAGCAAAATCGACGATAGCCTCGAACAGGCTCAACG  
GGTTCATCCTCCATGCAGCGCAATACCCAGGGTACACGCCATGGCATACCCCTAAGCCGGGAACAGCTGGCCCTGGCC  
CGCAAGCAATAGACGCGCGGGCTCCAGGCGCTAGTGCAGGTTGGAATGCTGCGACTACCGCGACCTAAAAGGTCAGCA  
GGTATACGACAAGATCGCCAGTGTTCGGACTGTCCGAGCACCCTGGCCCGGACAACCTGCCCTATTTCTCGACACGCTAC  
ACCGCCTTCTCAAGGATTCTGGGCTGTTTTCTCAACCAGGGCATCACTCAGTGCCCGGACGGGGGGCAACCGGACCGCGTCA

GCCCCCTGATCAATCGCTATCTCTTACCCGACGGCCAGCCGGATACCCCTGGGCAGCCTTGTGCGCAGGATGGAACAGGC  
GCAGTTGGAAGTACCCGATGTGCAATCACTGCGCCGTCCTACGGCCTGACCCTGCGCCTTTGGGTCTCTCGCCTAGAGC  
AGCGGCAGGGGCTTGCCGTGCAATATGTGCGCGAACCACCTACCGGGCCTGGCGCCTGTTAATGGCCGCCAGCGCGCTG  
GTGTTTCGAGGCCGGGAACTGGGCGTCTTCCAAATCGTAACGAGCCGACACAACGGAGCCCCAGCTCTCTGCCCTGAC  
CCGCCGCCCTTGTATCGCGACGACTGCTCCATTAGAGGCTCAGCGAGGCAGTGGACGCAACGCCATCCGCTCACCCGC  
CTCGCGCAAACGCCGACAGGCCCGGTGCGAGTCGACCCTGCTCGGTACCACGAAAATAGTCTCGGTATCCACAGGCTGGC  
GTTACGGTAAGTGGCGTACGCAACGTTGCAAATCTAGCAGGCGATCATGAAACATGGATCTCTCTTGAAGTCGATCCC  
CAGACCGGTACGTCCCCTCTTCCACGACTTCTCGTGCCCGCTTCAACGGCGAATCTACGGCACGATCTGCCGCGGAGCGT  
ACAGGCTGTAGCTGCACAGTAGCCCGGCAAACCTCCCTCAACGGACGTATCCCGCTGGCTTCCGCTCGGTTACCCAGCGT  
TTCAACGCCGATGTACTTCGCCAGGTCAGCCCCCGCATGTCATGTGCGCTGTAACGCCAGGCGATGCGCGCAGGC  
TAGCTGCATCACCTGGCTCCTGCCGACAGCTGAATGGAACAGGCTCTGCTGCAGATCGCTCAGCCTGTCTGGGTCCCGCA  
CCAGCAAACGGCTGGCGCGCCGACGAAATGCCGGGTGCGCGCATCACAGCGAGCGCTTTCTTCCGCTGCCAGCGGCCGC  
ATTACCCGTTTCCCGTATTGGGCCATGACCAGCAGACGATTGCGCAGGATGACTCCGCTGGCTTCCAGATCCAGCGCTCG  
CTTGTACAGTCCCCTGATGGTGGGCGAGCCACGTTGACCTGAGCCAGTCCGAGTGTCTCAGCAGACATATCCACG  
CCCAGCCCAGATCAAACCTCCAGGCTGCACGGAAAGCTTGGCCGAGCCCGGTAGGCATGATGGTTGTTATGCAACTCC  
TCGCCGCCGACGAGGACTCCCCACGGCAGCAGATTGCTCGAATCGTCCGGGCATTCGAAGGTGCGATAGCCGAAAGCATG  
GCCAGACCGTTGATCACACCGGCAGCCAGAAGGCGATCCAGATCATCTGCAGCGCCAGACTGTCAGCCCCGCGACGC  
CGAATAAAACCAAGTCCACACCGAGCATGAGGCCAGCCCGGCGTTCGGAAACCTACTGTAGAGGCGACGCTCCAGCCAG  
TCGTCCGGGCAGCCTCGGCCATAGGTCTGCAAGGTTTCCGGATTGCGAGCCTCGGCTCTATACAGTTCGGCACCTCGCAG  
CAACACCGTGAGCAGCCCTTGAACCTCGGGCTGTGCGGATCGTCCGGGCGTTTCGCAGCAGGCATGATGCCGGCGATGAA  
CGGCCGTCCACGCACGGGTGTTCAATCCCGTGTGTCAGCCACAGCCAGAAACGGAAAGAGTGTCTTAGCGCAGGGTGCAT  
TGCACCGAGCGATGAGCTGAATGGCGATGCAGATATAGCGTCACACTGATGATACTGACATGGGTGACGCCAAAGTCGC  
GACAATCAGTTGCCACAGCGTGGCTGTAAGATGCCGTGATACCACATGTTGAACACCTCTCTATAGCCATATGCCGGTC  
CCTTCTGGGCACCGACGGATCAATAGACCTCCCTCCATATTGGTGAACCTTAGAATACGGTGTGCGGTGACCCAGCGTACAT  
ATTACCTCGACAAATCCACGAGACAAAACGACCAAAGAGTTTCGACAACGCACAGAGCACGCATTAAGAAACGACCAA  
TATAGTGTAAACAGCAACATCAGAGAAATAATCATGAATAGTAACTCGAACGGAAACCCGTCATTTAGCACTAGCCCTC  
GACACATGCCCGTTCAACGCTCTAACTTATCCAAGAAGAGCGGAAGGCGAGAGAAACGCTCTGCACGCCCAAGGATTAAG  
ATCATCACCTTCTCAAGGCAGCGGAAGATATCATCATGAGCATTTTCAATCTTGACGGCTGGTGCAAGCTTTCCGATGAA  
GCCAAAGCTATTTCACTAAAGAACATTTCGATTTACCTCAACGATGGCGATGAAAAGCTCCTTGCCCAAGCAGAAGTGCA  
TCTGCAAATCACTGGTGAAAAGAGGTTTCAATATCCCTATTGACCAAGCCAGACTTAAGCTTGTGTTACCACACGAATGCC  
GGCCTATACGTGACTGTGACTACGAGTTTATCTCGACTCAAATACTAAACGGGGTTCGCTTTAACTTGACCGGGTATCGA  
ATAAGCGACGGCAGCCTGATCTACACCAGCGCGGTAACCTATTGAAAAGTGTATCCAATTCATCCCGTTGAAGCGATGG  
AAAATTATCAACATTGACTTACTAAGCTTAAGCAGCATTACAGATACCTTAAACTAAAGGCGACGAATAAAAAACGAAAA  
ACAAGCGCCAGAAGTAGCACTTTGCCATAAAAAATACCAACTACTTGAGGTGAGGATTTTCTGTTGTTCTCTTCCCTGG  
AATAAGGGAAAAGCCCGCTCCATGAATCACGATGGAGCCTCCCATGTTTCAACTCCTTTCTTGATATCCAGGAAGCCGT  
CCCCACCCACCAACCAAGCTGCCCCAGGGGTATTCTCTCTTCTTAAGCAGTACGGAACCTGCTCGACACGCCCTCGC  
CGCCGCCAGCTACTGGAGAACATCTGGCAGCGCGCCTCGCTATCCAAGCAGCAATTCGAGGAGATCTACCGGCGGCCACT  
GGCCAACTATGCCGAGCTGGTCCAGCAGCTCCCGGCTTCAGAAAACCATCACCATGCCCATCCAGGCGGGATGATTGATC  
ACGGCCTGGAGATCGTGGCCTACGCACTGAAGGTACGGCAGACCTACCTGCTCCCGATCGGGCAGCGCCGGAGTCACAG  
TCAGCCCAGACTGAAGCCTGGTCCGCCCGCCGACGCTATGGCGCCCTGGCTCACGACCTAGGCAAGATCGTCGTAGACCT  
GCAGGTGGAGCTGCAGGACGGCAGTACCTGGCACCCCTTGAACGGACCGATCAACCAGCCCTACCGCTTCAAGTACGTGA  
AGTCCCAGCAATACCACTCCACGGCGCTGCCTCAGCACTCCTCATCCACCAACTGCTACCGCGCACTGCACTCGACTGG  
CTCAGTCTGTTTTCCAGAGCTGTGGGCTCAATTGATCTACTTGTTCGAGGGCAGTACGACACGCCGGATCTTGGGCGA  
GATCATCGTGAAGCAGACAGCCCTCCGTCGCGCAGGAGTTGGGAGGTAATCCGGATCGAGCGCTGGCTGCACCGGAAGC  
AGTCGCTGCAGGCGAGTTGGCAGACGGGCTACGCTTCTGGTGAAGGACAAATTCAGCTGATCAGCCGGGCGCCCG  
TCCGACGGGTGGCTGACTCAGGACGCACTCTGGCTGGTGAAGCCCGCGGCCGATCAGTTGAGGGCCTACCTGCTGGC  
TCAGGGAATCGAAGGGGTCCCTCCTCCAACGCGTCATTTCTTCAACATGCTCCAGGACCAGGCGCTCATCCAGACGAACG  
CCGAGGACAAGGCCATCTGGACGGCCACGATAGACAATGGTGCTGGGTGGAGAAAACAGTTTACGCTCCTCAAGATCGCT  
CCAGCCTTGATTTGGGCTGACCCTGCCGAGCGGCCTGATTCTACAGCGGATCACTCGTCATTTGAAGAGGGCAACGCCCTC  
CTCTGAAAAGCCGGAACGACCTGCGAAATCCCCAACGATTTCGATTGAACAGCGACAGGCGCCAGAAGCCAAGATGACGC  
TCCGCCAACCTACGCCGAGCGTTGCGAAACCGTCAAACGAGATGCGGGCGATTGCGAAGCCCTCAGCTGAGGATCAGGAA  
GAAACAGATGATTTGTACGCGCTTCTTGGTAATATCAATTCGCCACCAGAAGAGCTAGACACTAGCCACGACTCACCGGC  
TGCTTCTTCTACGAACACTCGCGGGGAGGAGAACCTACAGCAGCCACTAGGGACCAAGGAGCCAACAGATTGCGCTCCTG  
AAGCAGTTGAAGATGATTTATGCCTAGCAGAAGCACTGATCTGGGACAGGGATTGCTTGGCTGGATGAAATCTGGCATC  
GCGGCCCGTGCCTGTTTCAACGACACCAAGGCTTTGGTGCATACCGTTCGACGGGACCGCCATGCTGGTCCAGCCAGG  
AATCTTCAAGCGCTATGTCCAAGAGCATCCGGAGCTTGAAAAACCTGGCCCAGGCCAAGGAAAACGACCGGCTGGAAGCTGG  
TGCAGCGCGCTTCCGAGAAACAGGGTCTTACCGAAAAGACCAGTAAGAACCTGAACATCTGGACCATCAAGGTTTCAAGT  
CCTCGAAGACAAAAGAGCTCAAGGCTTACCTGCTTACAGGATCCAAAACCTGCTGTTCCCTGTACAGCCTCTGGACAACCC  
AAGCCTCACGGTTCATCACCGATGCCGAAGGGGATGTGCAATGACGCCGACGAGCTCACCGAGGAGTACATCTTCCGCGCA  
CGATCTCCGAGAAGCCAGCGCAAGATCTACCCGCGCAACAAAGCGCTACTCAAGCACTTCGCCCCACGGCAACCC  
TACAGGACGTGGATCACAGGGCCGTCTGGGATGGCGGCGCAAGTACTGGAACAAGGCCCTGTGCAAGCGGAGCTGGAAC  
ACGTAICTGAACCACCTGCGCACGATCTGGGGCTACGCCATCGAGCAGGACTGGTGACCACTTCCAGGTTCAACCATT  
CCGAAAGACCACCGTGATTTCCCCCAGGCGAGCAAGCAAACCTGTGCGCCGCCAAGCCATCCTGCGCGCTCGCAGTTGGC

TCAGCATGCAAGTCGGCGCCGAGCGCTGCACCGGGCGATCGTGCACGCATCACTCCCGCCTGGTTCTGGCTTTGCACGTTT  
 GAGGTCTTCTACTACACCGGCATCCGGTTGAATGCGCTGCTGTGCATCCGCAAGCGCGACATCGACTGGGATAATCAACT  
 GATCCTCATCCGCGGGCAGACAGAGAAAACCTCATAAAGAGTTTCGTAGTGCCAATAACGGAGGGGCTTGTGCCACCTAT  
 CGCGGCTCCTGCAGGAAGCCGAGAAAAGCCGGATTCGCCGATGACGATCAGTTGTTCAACGTCAACCGGTTCTCACCGCAT  
 TACAAGAGCAAGACGATGAACTCCGACCAGGTCGAGGCCATGTACCGGAAAGTTGACCGAGAAGGTTGGGGTGCGGATGAC  
 CCCGCACCGTTTTCCGGCACACCCTGGCCACCGACTTGATGAAGGCACCCGAGCGGAACATCCATCTCACGAAGTGCCCTGC  
 TCAACCACTCGAATATCCAGACCACGATGAGCTACATCGAGGCCGACTACGACCACATGCGTGCCGTGCTGCATGCTAGA  
 AGCCTGGCCCAAGGCGCGCTGGAGAACGTGAGAAAGGTGGATTACAGCGGCTCTCCGCAAGCCTCTGCCAAACCGAAGCC  
 ATGCGGGCAACCTCTCGCTCGAGTGGGTGAAGTGCCGCCACCTGAGGCCAGGACAGAACCCTCAGAACCAAGGGAGCACA  
 CACAAGAGACAGGCATTTCAGAGAGGTTCAACCTCGTGGGAAGCAGAAGCGGTACCACAGCCACTGACACCTTCGAGCAA  
 AGCGTGCTGTTCACTCTGATGGCTCAACACTTATCGAACCGTGCCGCCACTGCATCCGCGGTTCCCGCCGCAACAAGCGG  
 ATCTGGTGAAGGGGATCTGCCGCCGAGACAGTCTCGCCTAGCGAGACCTGCCAGAGGGGGCCGGCTGCCGGACGAAAA  
 GGTAGCCGCGCGCCAGCAGATCGCTAGGCCTGTAGGAAGAATCTGGAATTACCGAGAGCGCTTGGATTCCAGCGCCGGC  
 ATGCTGGCAGAGCGCCGCAATTTACGGCTAAAACCGCAGTACCCTCTGTAATTGCTGATTACGTCGGGGGCGCATTGCT  
 ACGCCTGCAGAATGGTTTTAGGATCTTAGAAACAGAAAAGCCACCTAAAAAGGCGGGCTATTCATATTTGACATCACGT  
 CAATGCGGGCCTAATGTTTCGGCCCAGACGGCTGCAAGGCTAGAACGGTGAACACCCCTTCTTAGACCTACGCAACTCG  
 CCCCCTAGAAAA

## Sequenzen der einzelnen ORFs

>CP1, 885 bp

ATGACCCCATAGAGGCTATCTCAATGAAAGCGACTTCGGTTGTATCCACCAAGGGTGGTGTAGGGAAAGTCCACC  
 ACCGCCGCAACCTCGGTGCATTTTTGCGCCGATGCTGGCCTGAAGACCCTCCTCATCGACCTGGACCCCGTCCAG  
 CCCTCCCTATCTTCGTACTACGAGCTTCTGAAAGTCGCCCAGGGCGGCATCTACGACCTGCTCGCCGCCAACATA  
 ACTGACCCAGCGAGGATCATCTCCAGGACGATTATCCCAACCTGGACGTCGTGATTTCCAACGACCAGAAACAAC  
 CAGCTCAACAACCTACTGCTCCAGGCGCCCGATGGCCGGCTCCGGCTGGCAAACCTCATGCCGTCCCTGAAACAG  
 GGCTACGACCTGGTGTGATCGACACCCAAGGTGCGCGCTCCGCTTTACTAGAAATGGTGTGCTCGCATCGGAT  
 CTGGTTGTTTTCCCCCTGCAGCCCAACATGCTCACTGCCCGCGAGTTCAACCGCGGCACCATGCAAATGCTCGAT  
 GGACTGCGTCCCTACGAGCGCCTCGGCATGCGGATCCCCTCGGTTTCAGATCGTCATCAACTGCCTGGACCAGACC  
 AATGACTCCCGGGCGATTACGAGAATGTGCGTGCCATCTTCGATGAGCATCAGGACATTTCTGTGCTCGAAACG  
 ACTGTCCCGGATGCCGTGCTGTTTTCGCAACGCAGCATCGCGCGGGCTACCAGCGCACCCGCTCGAAACCGGGCAA  
 CCCTCCAATCGCACATCAGCGCCCCGCGCTGGAAATCATCCGTAACCTGGCCATCGAGGTCTTTCCCGAGTGGACT  
 GACCGCTTCTCGCGCTGACGCCGAGGGCGGTAGCAGCACTGGTCAAGGGAGGGCGCTGA

>CP2, 726 bp

ATGGCGAAGCCTCCTATCACCCAAGCCCCGCGACGTCGACGCGGAACCTTGTGCTGCAACTGAACAAGTTCCGGCAGC  
 GCCGCCGACCTTCGGAGCCAACAGGCCAAGTTGACCGGCGCTGCGCGAGAAAATACGCAAGCTGACTGGTGGCGGT  
 ACCGACCTGTTTCGGGAAGCTGGGTTGCTACTTGAGCTTCGAGCAAAAGCAGCTCCTACAAGACGCTGCGCGCTTG  
 CTCGACTCGGTGAACCAGCAGGTCGAGCATGCGAAGGAAAAGCGTGATCGCGACGAGAAAACAGCCAAAGAGCGG  
 CGTGAGCTGCGCGGGCGCCTGGCCAAGCAACTGGTGCAGTCAACTACCCGCTTCCGGGAAAATACGCTCGAAGAG  
 CGGCTGGAAATCCTGCAGATCGCGTTGATCTACAACCGGGCCAAGGTGTTTCGATCCCCTGTAATCCACGCACCAG  
 CTCCACTCAAACTCAAACGCTGGCTGGAGCGTCCCAAGCAGCTCATCGGGTGGCGCAGTGAAGCCGAGTATTTTC  
 GCAAGTCAGGTGGGGAGCCTGCGATGTGACTTCATTAGCCACCTGACTCACGAAATCGCTACGACGATGGCAGT  
 GAAGTCGAGGAGCGCCTGCGCGTCATCAAGCAGAAGACCGCACAGATCGCTCTGACCAGCGAGGAGCAGGAAACC  
 CTTAGCTCTGGACAGACGCTCTGCAATCGGCTCCGGAGGGCCTCATATGA

>CP3, 498 bp

ATGAACCTCCAGAACCGLCAACAACCTCATCCTGAGCCTGATCGCCGAGACCCAGTTTCGACGCCTACGTGCAAGGC  
 TACATGGCCAAAGCAGGCGCTGCCGCCGGTGTCTCCGACAATCTGCTGGTTCGAGGCTGAAGGTGCTGCGATACTG  
 CAGGGCTTTGCTCGCTCCGGTTCCGCGCTCAGCAGCGTGCCTGTGGACAGCCACTGCAGAACGCCCTGCTCCAAATC  
 GCCACGACCTACTGTTGAGACGAAGTCGCAACTGGCCATCGCGGCAATGCCAGTTCGATCCACGTGATCCAG  
 CGGGACATGAACAGGGCTATCTGGAATATCGCGACTGCCATCGATCACCTGGCCGAGTTCCGCAACCTCCAG  
 GACACCGTGAAGGTTCATCGAGCGGCTGATGCTCTTTCGTCGGCAGCTCGCCTAGCCCGAAGGCCAGCAACTGGCC  
 GCAGAGGCAAGTGCAGTGCTTGGCATGAGCGAGGGGGGCTGGCATGA

>CP4, 747 bp

ATGATTCAGCCACCTGGTCGAGCGCGACAGTTTCGGCTTCTGGACCCATCCGAACTATCCGGACCTGGCCGAC  
 AACTGCTCTTCCAGCGAGGCGCAGGAAACGCTGCGCCGGCTTGGACTGGAGTTGCAGAACGCTTTCATGGAGTCG  
 GATGCGCCTCGCCTCTACGACTCTGCCCGTTCCGACCAACGATACAGCGAGTGGATCCCAACCGCGCCAAAGGC  
 GCCGGTTGGTTTCGTGCTGTGATCCACGATAACCGATAACGGCCCGGTGTGTCAGTACGTGCGACCGCTCGGAGAG  
 CACCTGAGTCCAATCGATCTCGATGCGGCAGCAGAACAGCATGAGCGCCTGCTCAGCGAGGCTTGTGCCAAGGCC

TTGAATCAGCGTGACGTCGCCCTGGCCAGGGTTCGCCTCGCTTGAGTCCAAGCTGGCCGAACTGGAGAAGCAGGAA  
 CCCGTTGGTGTGATGCGCGCGTCAAGCGAGATGGGGGTAGCGCCTTACGCGGATATCTGGCCTTGGCTGGAGCCT  
 GGCCAAAAGCTCTACACCACCCAGTAGCCAGGCTCAGCACTGCGTGGTGTGGACGCTGAGAAGCTGATCGCA  
 CAATTCAAGGACTGTGCGTCGCATGCCGGAGATCCCAGCGAGCTGCAGCATTCAACGATGCAATCAGCGAGGTA  
 CACGCCATGCTCGCCGGCGCCCCTTCCCAAGCTAAACCCAGCAGCGACGAAGAGCAGGGAGGCAGGCCATGA

>CP5, 687 bp

ATGAGTGAAGCCAAGCTCAAGCCCTGTCCACTCTGCGGCAGCACGAACATTGCAATGCTGGAACCCGAGCTGCTC  
 GACACCGATGCCTGGAAGTGTGCCATTGAATGCCTGGACTGCCGGGTTCACATCGGGCCGTCCTACTGCGAGCCA  
 GACCCGTTAACAGCAAGGTATTTCAGCACAGGTCGACTGGAACAGGCGCCCAAGCGCAAAAAGCCCCGCGGACGAG  
 CGTGAGCAGTTCTTGATGGCCAACCTGCTCGCCGCCCTGGAGGTCGACTGGGCAACGTAGCAGCCCTGGCTATT  
 GTCGACCGGTACGGCAGGTCGAGACCGAATTTACCCAACTTCAAACCTCTCCCTGTTCCGACGGCCTGGCTC  
 GATGTACAGGCCGAGCGCCGGCGCCAGATCGCCGTGCAAGGCTTCGATAACCAGCAACGACGACGCTAGCGCTGGC  
 CAGATCGCCCTGGCAGCCGGCTGCTACGCGCTCCATGCCGGCGGCATCGGCACCGACTGGCCGGCGGCATTTCGG  
 AATGGCTCTGCACTGTTCTGGCCCTGGGACGAAGAGTGGTGAAGCCTAAGTCGGCGCGGAAAACCTGGTACGC  
 GCCGGCGCTCTGGTGTAGCCGAGATCGAGCGCCTGGACCGCTCCGCCACCGAGCAGGGCTCAACCTGCTGCAAG  
 GGGAGCGCGTAA

>CP6, 702 bp

ATGGACAAGCAAAAAGTCCTTGCCAAGGTCGAGAAGCTGATGGCCCTGGCGAATGCCAAGGGGGCCACGCCGAAC  
 GAGGCGGAAACCGCATTGCGCCAGGCCGCGATCCTGAAGCGCCAGTTCGACCTCAGCGAAGCGGAGATCTCGGCC  
 CACACGGTGGAAACCGCGTTCGCTTCCCACTCGAACAGGCGCTCTCCTGCCCCATGGCTGCATGAACTGGCCGGG  
 ATCTGCGCCAATTCCTTCGGCTGCGACTACCTGGCGGCATACCGGATGCCAGCGGGCTGGACGTTCAAGTTCATG  
 GGCCGAGGGATCGGCCCTGAGCTAGCCGCTCACGCTACTCTACGCTCCACCACCAACTGGTGGCGGCGCGCTCG  
 GCTCATGTGCTCAACAGAAGCGCTGCAAGCTGTGACCAAGCGCCGTGCGAGCAAGCTCTTCGTCGAAGGCTGG  
 CTTCTCGCAGTTCGCTGCTGTTACGTGACTTTGCCGGCAGGCCGGACGAGTCGACTCAAGCAGCCATCAAGGCC  
 TACCTCGAACTACACCATCCGGAGCTGAAACTCCTGGAGCCGGCAGCGCCGACGAAGCCCCTGGCTATGACCAG  
 GCTTCGCTGCACGCAGGCTGGGAGCACGGCAAAAACACTCGCCTGCACCGCGGCGTCAGCCGGCGAGTTCAGGGC  
 GCGCTCGAGCAGGGAGGGTCCCGATGA

>CP7, 708 bp

ATGACTCGCTCTGCTCTCTCGAACATCGCCTACGAGGCTCTGGTGCCTGCCCGCCGAAATTCAGCAACCGAGAG  
 GAGCGCTGCATCCGCGAAACCTGGACCGCCGAACAGGAAGTGGTGTGCTGCGCCTGTATCCGGATATGCCGAAC  
 GAGGTCCTGGCAGCCAGGTTGAACAAAACGCTCCAGCAGATCTGCTCCAAAGCGTATCGGCTCGGGCTGAAAAAA  
 AGCCCCGAGTTCTCCAAGAAGATCCGGCAGGACTGGGACAGCGCAACTCGGTTCAAGAAGGGGAAACACCCCATGG  
 AACTGCGGCATGAAGGGGCTTCCCGCGCAGGACGCTCATCGGAAACGCGAGTTCAGAAGGGGCAAAAACCCAC  
 ACATGGCTCCCAGTCGGCAGCACGCGGGTCAGCGCTGATGGCTACCTGCAACGAAAAGATCTCGGATACCGGCTAT  
 CCCCCCGGGACTGGAAGAGCATCCACATCCTGCTCTGGGAAGAACACGTCGGCCCCATCCCAACCGGCCATTGC  
 GTCTGCTTCAAGGACAACAACAAGCAGAACGTCGTCATCGACAACCTGGAACATCACCCGGGCGCAACGCATG  
 CGCCGCAACTCCATCCATCGCTATCCACCTGAGCTGAAGAGCGCAATCCGCGTCATCAGCAAGCTCAAGCGCACC  
 ATTCAGGAGGTCGAGCATGAAAAACAAGATTGA

>CP8, 219 bp

ATGAAAAACAAGATTGAGGATCTGCGTAATCACCTCTTTGCCACCATCGAAGGCCTGCTGGACGAAGAGAACCCT  
 CTGGATATCGAACGCGCGAAAGCGGTGGCTCATGTGGGTTCCGGTGCATCGAGTCCGCCAAGGTGGAGGTGAAA  
 GCGCTGGAGATCATCGGCGCCCCGGGCGGAAGCACGTTTCATGCAGATCGGCCGGGAGGACTCGAAGTGA

>CP9, 1278 bp

ATGCTGGACAACGCGGCATGGGACATTGTGCGGATCACCTGCAGAAGGAGGACTTCTTCCGGCATGAACATCGG  
 CTGATTTTACCGCCATCAGCGAGTTGGCCGGAAGGACGCCCCGTTTACGCTCGTGACGGTGTGCGGAAGCGATC  
 GAAGACCTTCCAGAAGCCGGCGGGCTGGCCTACCTCGGCCAGCTCGCTGACAACACGCCCTCCGTGGCCAATATC  
 GAGGCTTACGCGCAGATCGTTTCGCGATCGGGCGCACCTGCGGCAGTTGATGTCTCTCGGGCACCCTGCACCAGA  
 ACCGCTCGAACCACCAGGCGAATCCCTGTGAGGTTACAGGAGGATCGAGCAGAAGCTGTTTCGCCCTCGGCCAA  
 GATCAGCACAAGTCCGACTTTGTGATATCAACAAGGGCCTCGCGAAGATCGTCGACACCATCGATTACCGCTTC  
 AACAACAACGTGACGGTAACGGGGTCCCGACTGGCCTGAAGGATCTCGACGAGCTCACCGCGGACTACAGAAA  
 TCGGATCTCATCATCGTTCGGTGCCTCGCCCGCGATGGGCAAAACGTCGTTTGCCTCAACTTGATCGACGCCGCG  
 CTGCAGAGCGAACAACAGAAGTCTGTCCAAGTTTACAGCATGGAAAATGCCAGCAGAGCAGCTGCTGTTACGGCTG  
 GCCGCCCTGCTTGGCCATCTGGACCTTGGAAGCTGATGAAAAGGCCAACTGCAAGAGGAGGATTGGCCCCGGCTG  
 TCTGTGCGGATCAAGCGCATAAACGGCTATGGCAGCCGCTGGTTCATCAACGACCAGGGCAACCTCACGCCGACA

GAGCTGCGCGCCAAGGTTTCGCCGCGCGGCCAGGAAGTACGGCCACCCCGTACTGATCTTGGTCTGACTACCTGCAG  
 CTGATGCGCTGCCCAGGCCTGGAAAACCGAGCCACCGAGATATCAGAGATCTCCCGCTCGCTGAAAGCGCTGGCC  
 AAGGAGATGGACTGCCCGCTCGTGGCCCTATCCCAGCTCAATCGCACCCCTGGAGAACCAGGCGCAACAGCGACCG  
 AACACGCAGACCTGCGTGAGAGCGGGCGGATCGAGCAGGACCGGGACGTGATCATGTTTCGTGTACCGCGACGAG  
 GTCTACCACCCCAACACCGAGGCCAAGGGCATTGCCGAAATCATCATCGGCAAGTACCGCAACGGCCCCGATCGGC  
 ACCGTCCGCGCCGCTTCATCGCCAACCAGACCCGCTTCGCCGACCTTGCACCAACTTGGCAGGGAGCTCTTGCA  
 TGA

>CP10, 357 bp

TTACCGGACCACTAGATAGCCAGGAGCTTGGGGTAATTGAAATCCTGGCGCATCCGAACGCCAGACGTCTGTAGTC  
 CGTCCCCGGTGCCTGGCAGCACTGGTTCGATCTTCGCTAGCCATACCTGCTGAGCCTCTTCATCCCATTGCCAA  
 GTCCGCCAGCTCTTCATGCAGTGTAGCCACCTATCCCGAATTGGCATATCCGAATGGTTTCCAGTGGCCAGGA  
 GTAGCGACGCATGAGCGCATACTCAATGGCGTCCATGCCCCATAGCCTCCAGCCTTGTACGTGCCAGTGAGTT  
 ACCAAGGGTACACAACACAAAGACTTGGCTTATCCATTGGGCTCTGGCCATCGTCAT

>CP11, 528 bp

ATGAACACTGAAGCCCCGCTTTCGAGTATCCACGCTCGGCCGCGTTCACCGACTCGGCGGTGGTTCATGCCAAT  
 CACGTTGGGGTCAACCCCATCGAGCTGGACGCCCTCAGCCAAGTGATCTCGCGCCTTTCGCGGGACGAGAGCACG  
 GTCGCACCCAGTTTCGATGGAGCGAGAGCTTCGTGAGCTGGAGGAACCTGGGTACATCGAAATCTCGACCACCCAG  
 GCCGGAACCCCTGGTGGTCACTACGCGCGCTCCGGGGCAACTGCTTTCGGCCTACTTCTGGTTCGATGGATCCCT  
 CGCCACCTGTTTCAGTTGCTCGCTGAAGGTGAGCTTGATGCCACACCTCTGCTGCGGCACTCAGGGCTCCCAGCAC  
 CTCACCGCGGTGTTCCGCATTGCAGGCAGCAAGGACGCCGCACGTGAGTTCTTGCATCAGTTGGCCAACAATAT  
 CCCGGGCATGAGCCCGAGTTGCCCGAACTGGTGGCCGTTTCAGGTGCGGTGATGCACTCAGCAAGGAGGCCGAATCA  
 TGA

>CP12, 258 bp

ATGAAGGCATCCCAGACCTATCAGTGCATCGTCAAGTTCAATGGCGCCGGCTTCTGGACCAATACCATTTCAGAAG  
 CAGCGTGCACCTGCACCTGGAGCGACAAGGTGGCAGCCTCCCGCCTTGC CGAACGGCTGTTTGGCGAGGACAAC  
 GCCTACATCACCCGTATGCCGGCACAGGCAGGCAGCCACGATAAGCGCATCGAGAGCCGCTGGGAGCTGTGTGT  
 AGAAATCCCAAGGAGGTAGCGCGCGATGGCTGA

>CP13, 498 bp

ATGGCTGACGTCCTACCGGCCGCTCGAGCACTTCCAGAAAGGCAGCTGATGCTCGAGCTCAAGTTGCGT  
 GAAGGTCTTCGTGGATCTGTCTGAACTGCGGCTATCACCTGGATGGCAGCGGCGCACAGCCCTGCCCTGACTGC  
 GGAAAGTTCGCGCTACTGGACCAGCGGTTGGAGTGTAGGTTCGTGGCCATCGCTTCTCGGCAGCAAGGGAAAGAGTGG  
 GAAAGCCGCTCAGGACACGGTTCGCGGGCACCTGTGCGCTCAACGGCACAGTAGCAACTGACGACGTATGCACT  
 CAACTGCGCACAGAGGTCCGCATGCTGCGTTCGCGCATGACGACCTGGCCTGCAGCCGGCAGAGCGATCGTTCG  
 AGCCTTCAGGCGCTGGTGAACGTCTCCTGCATGCCGCCGCCACCGACAGCCTTCCCCGCTCCTTGGCAGAGATG  
 GAGACCTGGCTGCAGCTCAACAGTAGTGAGGAGACCACGGATGCGTAG

>CP14, 234 bp

ATGCGTAGTTCCTTCGCGGCGCCCGGAAAGCGTCCGCGGCTGGTGGCCTTCGCTCAAGCCGAAGGCTGGAGC  
 GTCGACCGCTCCGCCGGCGGCCACTTGAAGCTCAGCAAGATCGGCTGCGCCTCGATCTTCATCTCTTCCACGCCA  
 AGCGACGCACGCGGCGAGCTCAATGCCCCGCGCCCTGCTCCGTCGAGCCGACAGGCAGCGTTCCCTGAACCAGGAG  
 TCTTTCTGA

>CP15, 1017 bp

ATGCCTATCAAACACGCCATTGTCCACCTGATCGAGAAGAAGCCCGACGGCACCCCGGCCGCTGCTCCACGCGCGC  
 GACGCCGAACCTGGGCGACTCCCAGGCCACCGAAAACCTGCTGGCCGACCTCAACGAAAGCTACAACGCCAAGAAC  
 AAGGCCTGGGGCTTCTTCTACGGCGAGTCCGGCGCCTACCCGTTTCAGCGGCTGGCTCGGGCAGTACCTGGACGGC  
 GCCCGCGACTTCGTTCGGCTTCAGCCGCGAAGCGGTGGAGCACCTGCAGAAGCTGATGGAAGAATCCAACCTCTCC  
 ACCAGCGGCCACGTGCTGTTTCGCCCCTACCAGCAGGGCATGACCGATTACCTGGCGATCGCCCTGCTGCACCAC  
 AGCGAAGGCGTGGCGGTGAACGAGTTCGCTGGAGGTCTCCCCGTCGCGGCACCTCGACTTCGGCCAACCTGTACCTG  
 GCCGCGCGGATCAACATCTCCGAGTGGCGTAACAACAAGCAGTTCGATGCAGTACATCTCGTTTCATCAAGGGCAAG  
 GCGCGGAAGAAGGTCAACGACTACTTCCGCGATTTTCATCGGCTGCCAGGAGGGCATCGACTCACCGGGCGAAAAC  
 CGCCGCCCTGCTCAAGGCCTTCAGCGACTTCGTGGAGAGCGAGGGCATGGCCGAGCAGCAGGCCCGCGAGAAAAC  
 GAGACGCTGGTTCGACTACCCACCTCGCAGGCGCGCATCGGCGAGCCGATGACCCTCGACCGCTCTCGGAACTG  
 ATGGACGAGCAGCAACCGCGGGCGTTCTACGACTACATCCGCAACAAGGGCTATGGCCTGTCGCCGGAAAATCCCG

GCGGACAAGCGCACCTCAACCAGTTCCGCCGCTTACCGGCCGCGCCGAAGGCCTGTCGATCAGCTTCGAGGCG  
 CACTTGCTGGGATCCAGAATCGAGTACGACGAGGAGCGGACACGCTGCGGATCAGCAGTCTCCCCACTCAACT  
 CGCGACCAGCTCAAGCGGCGCAAGGCCCAAATTGGAGAATGA

>CP16, 255 bp

ATGACCATGGCCCCGAGAAACCGAAGATAAGTTCGTTGTCCGTATGCCCTTGGGCTTGC GCGATCAGCTAAAGCAA  
 AAAGCCGCGCATAAACCACCGCTCGGCCAACAGCGAGATCGTCTACCGGCTGGAGCGCAGCAACGAGCTCGAAGAA  
 GAACTCGCTCGAGCGAACC GAATGGTTCGACGAGCTCTTCGCCAAGAACCAGCGTCTGCAGGCAGAGCTAGCTGCG  
 GCTAACACGCCTCAGGTGGCAGAGGCATGA

>CP17, 1734 bp

ATGACAATGGCCAAGATCAACCCGCAAGATCTGAAAGACCGACTGCTTGGCCCTGGTTTACCGCGCCGCCGTT  
 CTTGAACAGTTGTGCGGACCCGATCAGCGACACGCCCATGGTGCTGACACTCGACCAGGTCCCTCCCTGGCACGAT  
 AACCCCGGACC ACTCGAAACCCGAAATACGATGAGTTGAAAAGAATCGATCCGGCATCGAGGCCCTCGATACGCCG  
 CCACCAGTGACTCGACGCCCTGGGGAAGACAAATACCGCATTCGCAACGGCGGCAACACTCGCTGGAAAATCTC  
 AACGAGCTCTACAAAGAAACCGGCGACGAACGTTACTTCCGCTTCAACTGCCTGTTTCAGGCCCTGGGACAAGCAG  
 CGCGGCGAAATCATCGCGCTGACCGGTCACTTGGCCGAAAACGATTTGAAGGGTGACCTCAAGTTTATTGAGCGA  
 GCCGTGGGCATTCAGAAAGCGAAGGCCTTGTATGAGAAGGAGAAAGGCGAACCCTCGGCATCCGCGAGCTGTCA  
 CGGAAGCTCACCGATGACGGCTATCCTGTTTACACTCACACATCAGCAGAATGCTGGATGCCGTTGAGATACTG  
 CTTCCAGCCATCCCTGTGATGCTGTATTTCAGGGCTCGGTAAACCGCAAATCGAAAACTCCTGTCACTCAGAAAG  
 TCGGCATCCTCCTGCTGGGCACGTCTATACGCCGGTGAAGGGATTGACTTTGAAATGCTGTTCCAGGACACGCTG  
 GCAATCTTCGACAGTAGCCCTGACGAGTTCATATTCGACCGCTTCCAGGACGAGCTCATCGATCAGATGAAGCGG  
 CCCCTGGGCTGCGTTATGACCAGATCCTGCTCGAGATCACCAACGGCCAGCAGGAACAGCGCCGGGGCACTCTG  
 GTCGACCTGCCCGCACCTGCCTTACCACCTGAAATCCCACCAGTAGGGCAGGAAAGTCTGCCGCTCGACTACT  
 GGACAAGCACAAATCACAGAGCCCCGCTGCCGGCTCCAAACGTCCAAGACCAATAGCTCCCGGTAATCCCTCT  
 ACCCCGCCAACTCCGCGCTACCTGTACAACAGCAGCAACTGACCGATGAGGAGCGTGCAGCGCTCTTGGCAGGC  
 CATATCGTGAGTCCGGTATCGACCAAGATCCAGCAGACTCGCCAACGTCTGGCCGCTCTCGAGGGTGAACATCTA  
 CCTGTCTTCGAAGAAACAGCTCTTCACGCAATCCCGGTGCAAGTCCGGCGGCTGCACCCGATTACCGACCTCTGG  
 TACATCGAGCGGTGATCGATACCTCCGAAATCCTGCGACAGCACATCGCTGATCTGGCTGAAGAAATCGCTCTG  
 CACGTCCGGCGCCCCAGGCGAGATCGTCAGGATCCAGGGCGGTGTGGGTTACACGTATCGCGAGCCCAATGAAGAC  
 CCTGAGATTACTGATTTCAGCGCTGCACCTCATGACGCTGCTTCAAGCGCTCAGCGGCCAGGTCCAAGTCGTCCCTG  
 AACTCACACGACCAGCAGACCTGCCGCGACGCCCTGGGCGAGTTTCAATTTCTCAGCTGGCCTCGCTCAGTTGCTG  
 CTGGGCCAACCACACAGGCGATCAGCCATCCAGCCAGGCGGCTCTCAATGACGAAGCCCTGGTGAAACTG  
 TTCCGGATAATTCGTCTTGGCCGACGCCTGGTTGACCTTGAGCTGCCGCCGGCCGCTCCGAGCAAGCAGCTACC  
 GACCAGTGA

>CP18, 756 bp

ATGTCGAAGTCGTTGATCAATGAAGCGGTCTGACGCGAGGTGATCAACCACCTGCGCAACGGCCAGCTCAGGCGT  
 TGTGCCGAGATGGGACTGCGGCCGGAGATCCTGGCCAGCTCCAACAGCCCGCGTCATGAGCATCCTGACCAAT  
 ACCCCGGTTTTCTTGGGTAGACGTCAGAGTGAACATCGACGTCATGGAGAAAATCCTGGCCACAGCCGAGCGCAGC  
 GCGCAGGAAGAGCTGCAGATCGAACGCGCACTGAAGCTGGGAGCCACCACAACGATGATTCAGAGCTTTTTTCGGT  
 CTGTCCGCCGAGGACACCCGCCAAGCGCTTGATCTTGGAGATCCACCCGCGCCGCGGTGCTGGCGGCAACTT  
 GACGAACAGACC GAACGCCAGATTTGGTTCCGCTGGGAGCACCTGATGCAAGAAAACCAGGTCCGCCTTGAGGAC  
 AGCATGGAGTTGCTGGACATCGCGATGATCCTCACCGAGGAAGTCAACGCCGGAGTCGAACAAGACAGTCCAGAG  
 TTCATCAGCCTCGCCATCGTTTTGGTCTCTCATCCAGAGCTGGTTGAAAAGACAGCCTCTACCAACCAACAGGAAA  
 GAACAGGCCAAGCCCGCCACCCTTTACCTGGCCAACGTGACGCTCACCTCCCTCGCCTACGGCTCACCCGCCA  
 CAGAGCCCCCGCTTGGAGATTGAGTCTGCGCAGCAGCAACTCCTCAACCTGGTTCAGTCCGAAGGCGATACGACA  
 CCATGA

>CP19, 729 bp

ATGGCTGAAACCCATCGGCTTTCAGATCGGCTCTCTCCGACGCGATGTCGCCCTGACGCTTACACCTATCACGCC  
 GCCCGCATCTGGACCGGCCGAGAAAGTCGGATGCCAAGCACAGCATCCTCGGCCTCTCCGGCTTCTGCGCATA  
 GTGAATCGCATGCACCGCGGGGCGACACAGGACGATCCGTA CTCCGACTGGTGGCTGGTTTCAGATCGAAGAGAAA  
 GTCGAGAGCTGCCAAGCCGCGCTCAAGGCCATCGACCAGCGCCTGGATGACGTCATGGCCAAGTGCAGCGACC  
 CTCGATATCTCCGAGAACTTGTCCGTCACACCGGTCAAGGTCCCCTGTTTTCATCTCCAACCTCTCGGCTTCAAG  
 GCGGTCTATCTTTCAGCAACTATGACGAGCTCGCTCGCCGAATCCTGCTGGCCAGCAGCTCGGGCTGGTCCGGT  
 CGCCGCGACATGGAGGTCTGGCTCGACGAAGGCGGCTCGGTGCTGCGCAGCCTTTTTGGTCTGGCCAGAGCTAC  
 CAGTTCTCGGGCGCCACTCGCGACGACTTCCGCCGGAACAACGCTGCGGCCGAAGCCGCGGGAAGATGTACGAG

AAGTTCGGCGAGATCCCGCAGGACATCCTGGAAGGCTCCCGACGCTCGAACTTCGCTCCGCCGATCACCCGGGGC  
CGCTCTGACGGTGATGCCGATGATGACGCTGACCGTGTGCGAGCTCGAGGACTGA

>CP20, 549 bp

ATGCGGCAGCTCGATAAAGGACCAGCAAGGCGCTCTGCAACAAAGTGCCCTCCGCCACTGCAACAAACTGCCTTC  
CAGGCGCTGCAACACAGTGCCTCACTAAAAGGCCTTTTAAAGCCTTTTAAAGGTAATAGGGAGCTGGCCAGTTG  
GCGGAGCAGTGCGAAGCCTTGGAGCAGGGATTGCTTGAACCTGCCCAGGGACTGCTGGCCAGGTTGTCGCCCCG  
CCCTTCACTCTTCTGCCACCCGACTCATCGAGCAGCGCACATCCGCCCGCACAACTTTCTTCGCTGGCAGCAC  
ATTGCAACGCGGGCGGATGGGCGTGGGGTGTGGGCGGAAATGCTGCGCCAGGACAAGACCCCGGAATACCTGCTG  
CAAGACCTCTACGAGATGGAGCTGCAGCGCATCACCTCAACATGCAGATCAGCCTGATCCACTCCATCGGCAAG  
CAAGCCGCCGAGTGTGCGGAAAAGATGGGCCAGGCCGAGGCCGAGCTCATGGGCCGACTGCAGCAGAGTCAGACC  
CGCCCCGGTTCGTTGGGCATGTAG

>CP21, 840 bp

ATGAGTAACGTCAGCAACCCAAGCGGTAAGGCCGTATCCCACTCGACCACCCAGCCCTCCACCGAGGTCAGCGTC  
GAGATCACCGGCGGCAAGCCCACCACGACAGTCTCGACGTCGCCAAGCATTTTCGGAAGCAGCACAAAGGATGTA  
CTCAAGAGCATTGCGAACCTGGAATGCTCACCTGAGTTTACACAGCGCAATTTTGCGCCGTGTAACCGCCCTGGC  
TCCAACAACAACCCGAGCCGTACTTCCGCATGACCCGAGACGGCTTACCTTCTCTGCATGGGATTCACCGGC  
AAGGAAGCCGCCCGGTGGAAGGAGGCCCTACATCAACGCCTTCAACAAGATGGAACAGGCGCTCATCGAGCAACCC  
GAGATCCTCAGTCACAACCACCTGCTCCAGTTCGCCATCAAGACGCTCGACCTGATGCGCGACCACACCCCTCGGC  
GAGCCGGCTCGCCCCAGGACAGAACAGGTGCTATGCAACTACCTGGCCGTCGAGTCCTTGGACGCGGCCACTCCC  
GAGCAGATCAAGCAGGCCCTGAACTTCTCCAGGGCCAGATCATCGGTGAAGGTGTGGCCGCCAAGTCTTGCCC  
AGCGTGGCCGGCTCCTCCATCGCCAAGGACCTGCTCTACGGCTTGTGCGCTCCGCTCATGACGCGGAGCTGCTG  
TTCAATTCCCTCTACGACAGTGGCGTCGAAAAGCTGGCCAGCGAAGTGTTCGAAGGACACATGGCCAACACCTTG  
GCTGCAACGTCTCGGCAAACCCGTGAACTGCTCGGGTACGTGGCCAGCCGCGCCACTCGCTCCCCCTTCAAACCA  
CGCTCCACCCACTAA

>CP22, 489 bp

ATGGCTACCCCGTCTTCTGGGAAGGCAACATCGGCTCGGCGCCGGAGCACCCGAGCTTCCCGAACGGCAACAAT  
CCCCCGCGCAGTTGCTGCGTCTCAACGTGATGTTTCGACAACCTCGATTCCCGATGGCCAGGGTGGCTACAAGGAT  
CGCGCGGCTTCTGGTGCAGTGTGAGTGGTGGCATCAGGATGCCAGCGTTTCGCCGAACGTGTCGCGAAAAGGT  
ATGCGCGTCAAGGTGCAAGGCGAGGCCGATCATGGACCGCTGGCCCCGACAAAGAGTCAGGGGAAGAAGTCCAGGCG  
CTGAAGGTGCAAGCCTCGCGCATTTCCATCCTTCCGCATCGCCTGGCCGAGGTCACCTGTTGCCGTCTACCAAC  
GGCCAGTCGACACAACATCAGCAGTCTCGGCAGGTGCCGCCGAACCTGCTCAGCAGGATGCGCACTCGCAGCAG  
GACTACGACAGCGCCTTTCGACGACGACATCCCCATGTAG

>CP23, 282 bp

TTATTTCGCTTCCAGGGGTTCCAACCTCCCCGTAGAGAGGGATCTCGTCCAAGTACATGTCTTCGGGACGGGCCAA  
CTCATAGGCGCGGAGAATCTTCTGTGCCAGGGCAACTGCTTGATCCTTCGGAACAACCTAAACGTACCAAGTCGGG  
ATAGTGGGACTTCTCGGCCAGATCGTTTTGTCCTTTGCCTACTGTGAATTCGTGATCCTTTGTAGCCATGCTGGT  
TTCCTCGTTACTGAGCAGCCGAAGTGGGCTGCGGTCCAACCAGATACTCCCCGTAC

>CP24, 261 bp

CTAAGTGCTCGAAAGTCGAGAACGCATCAACCTCATGGCAACTTCATTTTTGCTGCTGCAGCTTGGCGTGTGTCGT  
TTCGCTCATTGGCAAACCATCAGGCTGAGCCAGATCCGTCAGGCCACCTAACCAGACTGATCTGCGCGTGAATATC  
TCCGCACTCGATCTTCTCCTCGCCGGCCTGTTAGACCTGATGAGCCATTCAAGCTGGGCAAGCTCTCGCTCTAC  
AACGGTAAGAAGCGCTTGTTCCTCAATTCTTATCCAT

>CP25, 411 bp

TTACACGATTGGGACGACCCAGTCCTCAACTCTCAAGCCGGGTACGCGGTCGAACTCGCGGCGGTTATTGGTGAC  
CACGATCAGGCCCTGAGAGCGGGCGTGGCCGGCAATCATCTGGTCATAGGGGCCGATTTGCTTGCCGAGGCGGGC  
CAGTTCAGCGCGGAGCTGGCCGGTGTGGGCGGCAGCTTCTGGTCTGACTTGAGCACCTCCAGACGAGCAGCGAA  
GCCTTCCACGTCTGCAAGATTGCGCGAGGGGTTCGAGGACTTCTCTGCGCCGTAGATCAGCTCCATCAGCGTAC  
GGTGTGATGCACATCTGATCGTGGTGGCGCAGGAACCCCTCGCGCACCTCTGCGGGCGGTTTTTGATGGTGAA  
GATGCAGATGTTGGTGTGAGCATGAACTTGGACAT

>CP26, 231 bp



TCAGAAAGTCTCGCGCTCCTGATCGGCAGGCTGTTACGCTCTGCCATAAAGTCGGCAGTAACGCCCTCGCCATC  
 GAACCAGCTATCCCAAGACTCGCCGGCAGGCGTGATGATTCTGGCGCGCCCCACAACGACCACATCCACACGCTT  
 AACGTATCGGGAAGCGCGACTGCCTTGGGCAGTCTTACGGCCTGGCTACGATTGCTCTGAAAAACAGAACCTTG  
 TTCCAT

>CP27, 1920 bp

ATGCACCTTGTAATCATTGAAGCCCCGGGCAAGCTGAAAAAGCTGCGGTCCCTTCTCCCTCCATTTCGTCCCGAC  
 GTGACCTGGCAGGTGGAAGCGACTGCCGGACATATCAGAGACCTACCCGTTACGCGCCAGGATCCGCAGATGCTC  
 ACCGTCGGCGTGGGCCAGGATTTCAAACCGCACTACCAGATCCTCTCGGGCAAGGAAAAAACCGTCGCACGGCTG  
 AAGGATCTGCAGCAGAAAGCTCTGGAGATCTACGTGCGATCCGACCCGGATCGCGAAGGCGAAAAGCATTGGCTGG  
 CACATCCTCCAGGCTGCCGGGATCAAGAATAACAAGCGGTTGCCTTCAAAGAGATCACCAAGTCATGCATCAGC  
 GCCGAACTCAGCTCGCCGCGTGCCTGGACCTCCCGAAGGTGCCTCGCAGGAATGCCGTCGCTCATCGATCGC  
 CTGGTGGGGTATCTGGTCACGCCAGAGTTGCGGCGCGTGATGGGCAGGCCAACCCCGCCGGGCGCTGCAGTCC  
 GTCGCTGTGTACCTGGTGGTCTCTGCGAGAGCGGGAGATCCGCGCCTTACAGCAATCAAGCACTTCGGGGTGGAA  
 CTGACCTTCGTTTCGCCAAGCGACGGCCGTACCTGGACGGCGGAATGGGATCCAGTGGCCGTGTTTGGCAGCAAG  
 GAGTTCCCGTATGTCCAGGATCGTCAACTCGCAGAAGTGGTGGGGGCTATACGCAATGTCATCGTCGAGACCTGC  
 ATTGATGGCGAAGAAACCGTTACGCCTCCGGCACCGTTTCATCTCCTCCTCGCTCCAGATGGCCGCCGGGAATGCG  
 CTGAAGTGGTCACCCGACAAGACGATGAAGGTGCGCCAGCGGCTGTATGAGCAGGGGCTCATCACCTACCACCGG  
 ACGGACAACCCCAATATTTGAAGGACTCGATGCCGGATATCCGTGCTGTGCGCAAGGCCCTTGGGCCTGAAGAGC  
 GTTGAGCAACAGCGGATGTTCAAGGCTGATCAGGACGCCAAGAAGGCCACCCCGCCATCACCCACCGATTGG  
 ACGGCCGCTACCCCGGTGAAACTGCTGATGAGCAGGCGCTGTACCAGCTCATTCGAGTCCGCGCGCTTGGCAGC  
 CAGATCGAAGCTGCCGTGTACGCCGTGAGAACCATCACCTCCTGGGCGTTCGGCCCCGACAAGAAGCCACTGCGC  
 TTACTGCCAAAGGGAAGCTGTTGAGCGTGCCTGGCTGGCGAAAAGTGTGTCAGGGGGATGACGCCGAGGAGCAG  
 AAGAACGAAACGCCCTCAAACCCACCCCGCGCTGGAGCCAGGCCAGATCCTGCAGGCTTACAGCGGCGAGGTC  
 CTGGAGAAGAAGACCACCCCTCCCAAGCGATTACCGATGCCAGCCTGGTGGGCGAGATGAAGCGCCGCGGGATT  
 GGTGCGCCATCCTCCTACGCCTCGATCGTGAAGAACATCATCGACAAAAGGCCAGGTGCAGATAAAAGGGGCGAAGC  
 CTGATCCCCGCGGAGCTGGGCGAGGCCACCATCGCGCTCCTGGAGCACAAGTTCAGCTTCTCAGCCTCGACTTC  
 ACCCGCAACCTCGAGGTAGCCCTGGACCGGATTGCCAACAGCGAAGACACCTACATGAACGTGGTCCAGCAGTTC  
 TACCAGCTCCTGCAGTCAGAGCTGCAGACGCTGCGCGCGCACCCAGCGCACAGGGCGACCCGCGAGCAAGCTCT  
 ACCGCCAGCGCTCCACGGCGCCGGCTAGTGACTTCTCTGCGGCAAGTGGGCTTGCCTTGGTCCACCGCAAG  
 AAAGCCGGCAAGGGCGGCTTCGACTTCTGGGGCTGCAGCGGCTACCGCACCCAGGCTGCAAGTCAACTATCC  
 ACCAAGAACGGCCGACCTGACTTCGACAACCCGCGTGGGCTATAG

>CP28, 210 bp

ATGGCAACTCGCCAAACTGGTACTGTTAAGTGGTTTTAACGAAGTTAAAGGTTTCGGCTTCATCACCCCGGAAAGC  
 GGCGCAGATGTTTTCTGTTCACTTCCGACAGATCGAAGCTAGCGGTTACAAGTCCCTTGACGAAGGACAACGTGTA  
 AGCTTCTTCGTTACTGCAGGCGCCAAAGGCCCGCAGGCCGAGCAAGTGCAAGCTCTGTAG

>CP29, 1890 bp

GTGGCACCCTCGATAGCACTTCCCCCGCCGGGCGCTACAGGATCAATCCCTGGCCCCGTACAGCGAGCGGGCAG  
 CTCGCCGTTGCCAACACCTGGGCAACGCATTTCTCCCTCGCAGGGACAGCTCGAACCAAGTTCATCCGTCCTACTAC  
 CTGCGCAGCACCTCTACGACCAGGTGCTGGTGCATCACCGTCGCTGCGGATAATGGTGTGCGTTACACCATCATG  
 CGTGCAGGGCCACTGCTCCAGGTATTCGACGGTCAACTAATCGGTGCGTGGGAGTGCAGGCCCTGCCATCGTATC  
 CCGGCAAGCACGCCGTCCCCAGCAGGGGCGTTGAAGCTGCTACAGCGCCTTCAAAGTTCGACGACGCAGTTGCT  
 GTACTCAGCTCATAACCAGACGAGCGCACGACCTAGCCACACAGATGGCCAGGGACGATCTCGGACTGCAACGT  
 CGCCTCGTGTATCCGAGCCACAGCAACAAGCGCTACTACGCACCAAGGCCAGTTCCTACTTGAAGCAGATCGGA  
 GCGGTCTTGCGAACCTTCAGGCAGGTCTGGACCAAGACCTGCTGTTGCTATCCGCTCGGTTCCGTTGCCCTCTCG  
 CCCCAGCTCTACAAGTGGCTGGCTCAAGGCAACCAGGCGCGCCGGCTGCAGATGCTGAAGGCTCAGCCGGTCTTG  
 ACGCCGCTACTGGTGGATTGCGAGGAGGGAGTCTGGCCTCACACGACGACCAACGACAACGGCGAGAGCATCTGC  
 CATTTCTTCTTCCCTTTTTCCCTGCTTGTGAGTGAACGACCCGAGGCCGCCGCTGCCATGCGACTTGTAC  
 CTCGATATGGGCCGATTTCTTGGGCAGGTGCGGGACGAAGGGATTTCCGGTTCATCAACTTTTTTCGCTGGCTATTT  
 CAGGCGCCACGGCCCTCGATTTCGATTTCTTAGTCACGTCAATCCCGGCGTGCAGGAGGAGCTCTCTTCCATCGC  
 AAACGGGAAGGGCGATATTCGGGATGGCATACTCTCTTATGCGAGCATCGCTAGGTAACCGGCGGCGCCGACTC  
 CGCGCTCAATGGACAGCATTCTATGCCGCTACAATGCGATCCCTTGGCAAGTTCACAACGCCAAGCCGACTAC  
 AACCGTCTCTTCAACGGCTGCCGCTGATTGGCAGGATCCGGCATGGCTTGCAATCAGTGCACGGCTGAGAGAT  
 ATCAAGGAGTTCATACCGCCCTCAACCAGGGGAAGTACAGGTTGTTTCGGCAGGCGCGTAGCGTCTGCAAGCG  
 TATCTGGGTCAATTGTACCTACCACAGGCTGGCAACCTGGTGGACGACTACCACCAGGTCCAGAGGGGAAGTGGC  
 GCCACAGTACAGAGCAGCCTGCCGATCTGGTGCACACCGACGAGTACACCACCTGGGAGGGAAATGCTGCCTGTC  
 AGCCTTATCGATTGCCCAATGGCCTGGAGATCGTCGAGCTCCGCTGCCCTGCCGATCTCTATGCCGAACATATC  
 GCGCTGGCCCATTGCATCGATAGCTACGACCAGGCCGCTACCGAGGAGACTGCCGACTGCTCTCAGTACGTGAG  
 GCTGGCCGTCCTGCGCTCTGCCGAATTGGAGCTTAGGCGTGAACATGGCGAGCCTCTAGGTAGGCCCTGGAAT

CCCCAGCACCTTTCCACGGTGAATTGCGCGAATTTCGATAATGCCCCCGTGCCGGCCGACTCCCCTGCTGGCCAA  
GCATACCGCTGGTTTCATGGAACGGATTTCGCTCTGGAGCCATAGCGACGAACCTGAACTGGCCCGACATGACCGTC  
CACATGACGCGCTTCGCCGATGGTCGCTGGAAGGCGGGCCTCGCCGAAGCCACGGCGAAGTGCGTCTCACTCGG  
TTGGAAAACCGATGA

>CP30, 1974 bp

ATGAGCCGTCCACGCCTGGTCAACCGTACCTCCGCGACTCCTTCGACGCTTCTGCAGCGGGCTATCTTCGACGGC  
TACGACTTCGGCTTGAAGATCCCCTACATCGCAGGCAGCAACCGCGCGCTGCTGGAAGTGTCCGGCTTCTTCATC  
AGCGCCCGGAGCATCCGTTGCACCGCTACTGGCGGGTCCCCAAGGGCAAGTTGCTGCCCGAACTGGACTCGCTG  
TACAACCGACTCGCCGAGCTCGCTGGAGGCCTCCACTCACAGTCTGGCGGGACTTCAGCGGCATGGTCGAACTC  
GCACAGGCCTCGCTTGACCGACAGGCCTTACCTGTGGTTTTGCTGCTGCGCATCGCGCCGCTGGCCGAGGGCGGC  
GTCTTGCTGTGAGGCGAGTTCCATCCCGGTGTGGTGGCGGTGGCTCGGCGGATGCGCGGGGTGTTCTGCGCCCA  
TCGAGCTCCTGGCGCATCGACGCCACACCTGAGCTGCTCCGCAGCAACCTGATCCTGGAGCTTGGCCTCGCCGAG  
GAACAATTCGAGATACTGGATAACCGTCCAGGAGCTGCTCAGCGACGGTAGCTTCGCGCCGGCGACCGAGCTGCC  
AGCATGAGCATCGGCGGTCCACAGCAGGAACCGGCAGCGCCATCCCCTGGAGGACGAGTCAGCTTGTGACATCTAC  
CTCGCCCGGGTGCCAGAGATCGAGCGCACCGAGTACAGCTCGGCTGATATCGAGGCGGGCCTTCAGGGCTACTCG  
CTACTGGCCCCACCAGCCTGCCGGCATCGCTCACTTGCTGCAGAGAACCAGCGCCCTGTTGGCCGACGACATGGGA  
TTGGGCAAGACCCGCCAGGCGGTTCATCGCCGCTTCGATCCGAGCGGGCGGGCAGGCCAATTCCTGGTTCATCACCTG  
GCCACCCTGTTGATCAATTGGCAGCGCGAAATCCAGGAGGTCTATCCCCTCGGCCACCGTGGCCATCCAGCAGGAC  
AACCCAGAGGCGCAGTGGATCCTGGTCAACTACGAGCAGTTGAGCCCCTTCGTCGCCAACGCTTCGCGCTTCGCC  
GTGATGGTTCATCGACGAGGCGCAGCGGATGAAGGAACCGCGCAATGCACGCGGCACGGTTTCGACATTGCC  
GCCCAAGTGCCGAACCGCTACCTGCTTACCGGCACGCGGTGCTCAACCGTGAACCGAGCTGCACACCCTGCTT  
CGCCTCTCAGGCCACCCCATCGGACAACCTGCCGCTGAAAGAGTTCTGCGACCGTTTCGCCGGCAACCCGGAGTTC  
CGCCAGAGTCTGCGGGCGGAGCTGGGTGACTGGATGCTGCGCAGGCGCAAAGATGTGCTGCCAGCCTCAAGGGC  
AAGCAGCGGCAGTTGCTGAAGGTGGCCCTCTCCACCAGGAACGCCAGCAATACGACGTGCTGCGTCTCGAGGAC  
CGACCGGTCTTCGCGCGACTCGGCGCGCTGCGGCGTTACCTGGAAACGGTGAAGGTTTCGCGTGGCGATGGACCTG  
TTGAGCGAGCTCGACGCCGAGGACAAGGTGATCCTGTTCTGCGAGTTCAAGCCGACCGTGGCTGCGCTGAAGGAA  
CTCTGCGAGCAGGCCGGGCACGGCTGCGTACGCTGGTGGCAATGACTCGCTCACCAAGCGGCAGAAAGCGATC  
GATCGCTTCCAGCAGGATCCCGACTGCCGGGTGTTTCATCTGCACCACGGCGGCCCGGGACGGGCAACAACCTC  
ACTGCGGCGAACTACGTGTTTTTCTCGGCCTGCCCTGGACTCCCCTGAGCAGGAACAAGCCGAGGATCGCGCG  
TACCGCAACGGCCAGCTCCGCATGGTTCGTGGTGAAGATCCCCTTAGTCGAGGCCACGATCGACGAGCAGCTGTGG  
CAACTGCTCAACGCGAAACGCCAGGTTGCCAGGACCTCATCGAGCCCCGAGCAGGTCGACGGAACCGTGAACCT  
GTTGCTAAGACATTGATTTTCATAG

>CP31, 783 bp

ATGGCAGAAACACAGATCGAATGGACCGACTCCACATGGAACCCCTGTAGCAGGATGCTCCATAATCAGTTCGGGC  
TGCAAGAATTGCTATGCTATGGAAATGGCAAGAAGATTAGAGTCGATGGGGGTTGAGAAATACTCTGGCCTAACT  
CGACTCAAAGGTAACCGTACAGTTTGAACGGTAAAATCACTGAAGACCATGATGCGCTCTCGATTCTTATCGC  
TGGAGAAAACCCAGGAAGATATTTGTTAATTCAATGAGCGACCTCTTTCATGAGAAAAGTTAGCGATGACTTTATT  
CTCAAGGTTTGAATGTCATGAGAGAAAACGCCGATCATAACTACCAGATTCTGACCAAAAAGACCAGAGCGAATG  
GCCGACATGCTCACCAATACATTAGAGAGGTAATCTTAATGTGTGGCTAGGCACCAGCATAAGAGGAGCAAGAA  
ACTGCCCAGAGGGTCTTTACCTAAAGAAGACCCAGCCCAAATAAGATTTCATCTCTTTCGAGCCATTAATCGGA  
AGTGTGGCGAGATTGACCTTTCAGGCATCGACTGGCCATTGTTGGAGGAGAGAGCGGAAGCTTTCGACGGCCA  
ATAAAAGAAGAGTGGATCGATGAGATCCATGAACAATGCATAGAATATGGAACAGCTTCTTCTTTAAGCAATGG  
GGCACTTGGGGGAAAGATAACATCCGACGTTTGAAGAAAGCTAACGGTCGAGAGTACCGAGGCAGGACCTGGGAT  
GAGATGCCGGTAAAACCTAGTCAGCATCGCTTAA

>CP32, 1254 bp

ATGGTAAGAAAAAATTTGACTGGGAGAATGGCGCAAAGCTTGAAGACCACTCAAGAAGAAAAGCATAAAAATACTG  
CGAGAATACTTCTACCAATACATTATTACTCGCTGCCAACTTCCCAAGCAAGAACGTTTTAGGTTAGCCATAATT  
GATGGCTTCTCAGGCGCAGGTCGCTACATATGTGGGACGGCAGGCTCGCCTATTATTTTCATGGAGGAGTCAAT  
AAGGCCACGAAATATATCAATATTCAAAGAGCAGAGCAAGGCCTTCTCTAATTGAAATAGAGTGCTTTCTAATC  
CTAAACGACTCTGAGCCAATTGCGGTAGAACTCCTAAAAGAAAACATCTACCCACTGCACGCAGAAAATAAGAGAC  
ACTAACAGACAGCTACATATCAAGACTCATTATATGAGCAATTTTTTTGAGCAGGCATATTTCTGAGATCCAAAGT  
CTTCTTCGTGACGGCCGTTACAAAAGCACAATTTTCAACCTCGACCAGTGTGGGCACAGCCAGGTTTCGGAACGAA  
ACCCTGGCCGATATAATACGCTCAAACAACCTCCGCCGAAATATTCTACACTTTTGCAATCGAGACACTTCTTGCC  
TTTTCTTCAAAAACAAATCCAAAACAACCTTGAACCCAGCTATCACATTTATCAATAAACGAATACGACATTGCT  
CAGCTTGACACCATCATGGATAAGAAAAGTTGGCTGGGAACTGCTGAGAGAATAGTTTACTCAACTTTTAAAAAA  
TGCGCACAATTTGTAAGCCCCTTCTCCATCAACAACCCAAATGGTTGGAGGTATTGGCTCATCCACTTAGCCAGC  
TTTTATAGAGCCAGACAAGTCTACAACAACATTTCTTACATTAACAGTGGGTCTCAAGCTCATTACGGTAGGTC

GGACTGAATATGCTTGCACGACCCCAAGCGAAGAAGGCAAATTATATCTGTTTACTCATCTGCTAGAGATGAT  
 GCAAAAATCCAATACTACTCGAAGACATTCCGAAACTTATTTCTCGTCTGGTGATGCTGTTTCGCATTGAGGACTTT  
 TATAGTGGAAATTTACAACCTCCACCCCGCCACAGTGACGACATAAACATTGCTCTAATTGAAAACCTTGACATA  
 GAGATAATAACTGAGAGCGGAGGAACCTCGTCGCAAAGCCTCTCAAATAAAAAATAGATGACACTGTTTCGACTTAAA  
 AACCAAAGAAGTTTCTTCCCAATCTTCTTGAACAATACGAATAAGAAAAGACTAG

>CP33, 1125 bp

ATGACCAGGCAGTTGACCACTCTCACGCTGTGCCTGCTGCTCGTCAGCTGCACGACCCACAAGGCTGAGCCGGCC  
 AGGCCCGCCTTTCGACAGCAGCCGCAATCCAGACCTGCTCTCACCGGACCTGTACCCGAATGGCGTACAACCGGAG  
 AAGGAGCCCGTTCGTGCGCTACGGGCGCTACACCCTGGTCAGCACCAGCCGGACGCTGGCCAGCGCGACCTGATG  
 GCACAGATTATCGACGTGACCATCCCCTCGAGCATGAACCCGAGTGTCAAGGACGCCATGCAGTACGTGATGAGC  
 CGCTCGGGTTACTCGCTGTGCCCGGCAGAGGCCGGTTCATGTGAACATCCTCTACACCCGGCCGCTGCCGGCGGCT  
 CAGTACAAGCTCGGCCCATGACCCTGCGCAACACCCTCCAGGTCTCTCCGGTCCAGCTGGCAGGTTAAGGTC  
 GACGAAGTGGCGCGGCAGGTCTGCTTTCGTGCTTCCGCCGGGCTATCAACTTCCCCGGCGCCGAGGCCGAAACCG  
 GTCCAACAACCTGTTTTCGAAGCCCGCTGCCCAACTCCGGCGGCGGTAGCGCAATCCTCATCCACGAAAAAGTC  
 AGCACGCTGGAGTCGCCCCTCGTGGTTCGCTCGGTGCCGACACCCGGCGCCGATCACAACCAGCCCCGCTCCGGCC  
 AAGAAGCCTGAATCCACCACTGTGCTCCCCCAGCAGCACCCGGCCAAGGATGGCCACTCCTCTTCTCTTACCACG  
 GCTTCGGCACCGATCAAGCCCTTGGCTTCCGCCGTGAAGTCCACGCCGCCACTCCGGCCACCGTGGCTTCCGCC  
 CCTCCGGTCAAGGTGCTCACGCCGGCGGAGCCGAGCCGACAGTTGGCACAGTCTGGTCAGCCGAGACGGGATCA  
 ACCCTGCGCGACACCTTGGAAAGCCTGGGCCAAGCACGCACGCTGGACCGTCCGCTGGGAGCCGCAGGATCTAAC  
 TATCCGATCGAAGCTCCTCTGACCTTCCACGGCTCCTTCGAGGACGCGGTATCCGAAGTGTCCCGCTGTATGAC  
 GCTGCCGAACGGTCTTCTTGGTGAACGCCAGCCGGCCGAGTCCCTGATCATCATCAAGGAGCGCAAGAAGTGA

>CP34, 1710 bp

ATGCGTGCCCCCTGAAGAACCTCTTGCCTTGCTCCTGATCCCCGCGCTGGCCAGTTGCTCGGTCACGCGGGTG  
 AACGAGTCGGCGGATCGTGTGCAAGCTACGGCAGATTCCGCGTCGACGATCGCAGCACAGATGCGCAACACCCGA  
 CCGGATCGCCGCGATACGGTGGTTTTCTCCGACAAACCCTGGGTGAGCAGCAAGCCCTGAGCGTTTCGCACACC  
 TTGTCCAGTGACTGCATCGTGACGTGGCGCCCTGCAGATGCAGCGTCGCTGCAGGAGGCCGCCAGGAAGTCATC  
 AACCAATGCCACCTGGCGGTGAGTATCACGCCCAGCGCTGAACCCGGCCGCTTTTGCCCTGCAACCTCAGCAG  
 CGCGCGAGCAACGCCCCGCCACCCATCCAAGGCGGCCAGGACATGGCCACCATGCTGTTTTCTGCTCCGTCGCC  
 AACGGCATGTCCCTAGGTGCCGGCGGCAGCATGGGGTTCGAGCTTCCGGTCTACGGCCCGCGGTGCTGTACAAC  
 ATCAAATGGAACGGCAAGGTGAGCGGGTTTCTCGATCTCATCGCCGCCCGCGCCGGCGTGTCTGGCGCTACAAC  
 CCAACCGAGAAGCGAGTTCGAGTTCTACTACCTGGACACTCGGACCTTCCGCATCTACGCCCTTCGACGACGTC AAC  
 ACGGTGGACTCCACCGTGCCTTCCGGTATGACGACGGCCCGCCGCATCAGCGGGGATGGCTCCGGATCCACTGGA  
 CAGAATGBCAGCTCCGGCATCAGCGCGGACTCCGGCAGCAAGCAGACACCAGCTCCGAGCTGAAGACCTCGATC  
 CTCAGCGCATAGAGAACAGCATCAACTCGATGCTGACCGCAGCATGGGACGCATGCGCTGCGCTGCCAGCAG  
 GGCACCCTGACCGTACCCGACCGACCAGAGGTCTCAACCCGCTCCAGCAGCTGGTCAACCGGGAGAACGAGAGC  
 ATCACCAGCAGGTGCTGCTGAACGTCAACGTGCTCTCGGTGCGCCCTGACCGACAAGGATCAACTGGGGATCGAC  
 TGGAACCTGGTCTACAAGTGCCTCAACAACAAGTGGGGCATCGGCCCTGAAGAACACCATGCCGGGCATCGACCAA  
 AGTGCATCTCCGGCTCCGTGAGCATCTGGATAACGCCAACAGCGCTGGGCAGGATCCAAGGCCATGGTCCAG  
 GCGCTGGCCCAGCAGGGCCGCGTCTCGACCGTCCGCTCCCCGTCGTCGACCGCTCAACCTCCAGTCGGCGCCG  
 ATCCAGATCGGCCGCTACGACAGCTACCTGGCCTCCAGCCAGATCTCAACGTGCGCCAGGTTCGGCAGTACCACC  
 TCGCTGATCCCGGGCGCCGTGACCGAGCGCTACAACATGAGCCTGCTGCCGTTTCGTGATGAAAAGCGCGAGATG  
 CTGCTGAAGATCAACATCAACATGACCTCCCGGCCGACGTTTCAAATGACAGACCAGCGGAGACTCCAAAGCCCAG  
 TTCCCGAGCTACGACATCCAGCTGTTTCGACCAGAAGGTACGCCTGCGCAGCGCGGAGACCTTGGTGTCTCCGGC  
 TTCGACCAGACCACCGAGGATACCAACAAGGTCCGCCACCGCGCAGCCGGATTCTTCGGCCCTTGGCGCGGGCTG  
 ACCCGCAATACCAAACCGCAGGTCATCGTGGTGTGATCACCCCCGTCGTGCTGGGCTGA

>CP35, 1212 bp

ATGAAGGAAGCGCGCAAGCTGGGCAAGGAAGAGCATCTGGACATCGTTGCCATCCGCCATTCGCCGACAGTGATC  
 CAGGCCGGCTTCGTTTTCGAAGTCGCAAGGCGCAGTCAAGGGCATGTACTCCCTGGCCTCGGCGCTTTCAGGCCAG  
 TTCGAAGGCGACTTCTTGGCCTGCTGGAAGGTGACGAGGACCGCTACGCACTGGTCGCCACGCTCGATGGCGCG  
 ATCGTCCCCGGCCAGGACCTGGTCACCACCTTCGACGAAGCCAGGGACCGGATCAGGAAGCTCTCTACGCGCGGC  
 GTGCTTCGAAACGCACAGGTCTTTCGTTCCCGAAGGGTTCGATTTCCCCGTCAAGGACTTCGACATCGAGGAACTG  
 CTCGCGCCGAAGCGCCTGCGGCGGACTACCGCCTCCGGCAACTCACCTTCGGCTTGTCCGCCAGGGAGTGGACG  
 GCAGTGGCCCTGCTCGGTTGCTTGGTAGGCGGGTTCGCTAACCGCCTACTACCTATGGAATGCCACCAGCAAGAG  
 CTCGCCAGACAAGCCGCGCTCCTCGAGGAGCAGAGGCGCCTCGCCGAGCTGGCCGAGAAGAACGCCAGGCCAAG  
 CAGCCGCTGGACCTGGCGTCATTGCAGAAGCCTTGGACGCTCATGCCTGACCTCGAGGACATGCTACGCGCCTGT  
 AGCAAGGCAACGGGGTACTGTGCTGTGATCCAGGGCTGGCTCTTCAATCCAGCAAGTGCAGCGGCAGGGTC  
 CTGGTCCACCTACCACCGTACCGGCAACAGCACGGCAGCCGACCTGACAGCGCCAGCCAGCACCTGTTTCGCT

GACCGCCCCGCTTTGTTCATCGACAACGGCAACACCGCGGCCCTGAAGGTTGACCTGAAAGTCGCCATCGGTAGC  
 GATGAGCCGCTGCAGCCAGCCGACGACGCGCTGCAGGCGCTCACCAGCCATCTGTACCGTCAGGGTGTGAGGCC  
 AAGCTGTTCGATCAGCCAGGAGACAACCTCCGCCCTTCTGGCGCGGAAGCGGGGACGGAGCAGCAAGTGGTGTG  
 CCCTCCTGGAAGAAATTCACCTTCAGCGCCAGACCAGGCTCCCGGCAGACCTGACCTTCCAGGGGGCTGCCCCGC  
 GCCGGGGTCCGCATCACCAACCTCGAAACCACGCTCAAGGACAGCCAGTTGGACTGGACTGTACAGGAGAAATC  
 TATGCGAACTGA

>CP36, 534 bp

ATGCGAACTGAGCCGATCGGCATGGCCGTGGCCGTGCTCTTCTCCTCGCGTCCGGCCAGGCCTGCGCCGGCACC  
 GTTGGCGAACTGGCGGAGATCCAGGCCAGGCCATCCTCACCAGGCCAAGGTGCGTCTGGCCACGGCGCAGCGG  
 CAACTGGAGGGCAAAGGCGAAACCGGCCAGGTCGTACGCGCCAGGGGACAGCTTCGCCATGCCGGTGGCGGGC  
 GCGGCGCCGACGATCACGCAGCCGGTTCCGCCGGTGGTGGGACCATCTACGGCGCCGGCGGCAAGATGACTGCC  
 ACATTCTTGTTCGGGGGGGTACGAGGTGGACGCCGCCAGCGGCGGGAGCTGCCGGCAACTACCAGCTCGAG  
 TCGATCTCCCTGGACCAGGTCGTACTCACCACAAGGACGGCAACCGCGTACCGTGGGCTTCTCCAGCGTTGCC  
 CCGACCCAAGCCGCTCCTCGGCCAAGGCGCCTCCGTTCCGCCGGCGCTGCCCGGGGGCGGTACCGCAGCCGTT  
 ATCCAGTAG

>CP37, 1581 bp

ATGACGAACCTTCAAATTGCCGCGCTTGTACAGCCCTCCATGGTGACCCAACCTGCTCACCGCCGACGGTGGCGAG  
 TGGGAGGTCTCGAAGTACCTGCAGGAGATCATGGCCCTGGCCGCCGACGGCACGCTCTATCTATCGGAGAGCCAC  
 CAGAACGACATTCACGTTCTGTCTGTTTCATCGACCGTCTCGATCGCCGTGGCTTCCGATAACCAGCTCAACCTCACC  
 GACCTGCAGACCATTACCAGCTCTACCGCGCCGTCGCCATGGACGGCCTGGTAGATAGCGATGGCCAGCGCGCC  
 ACCCAGATGCAGGAGCGCGTGGTCAAGATCATTTCGTAAGGCCACTGAGCTGCGCGCCAGTGACGTGCATTTTCGTC  
 GTGAGTCCCGCCGGCACCGGCAGCAAGATCCGTTTCCGTGTGACGGCCTGCTGAAGACCGTCGAGCAGTACCGC  
 AGCCAGGAACTGCACGAACTTTGCGCAACCATCTACCAGTCCATGTGCGACGTGGCCGAGCCGCTTTTCAAGCCG  
 CAACTGGACCAGGACGCGCGGATGAGCCAGGCCTTCGTGAGAAGCTGAACCTGTTCCGGCCCGGATCGCGACC  
 CGCCCGCGCGCGGTGGGTTCTGTATGATCCTGCGGCTGCTCTACGACGATAACGGCCTCGACAGCCTGGAGCAG  
 CTCGGCTACCTGCCCGAGCAGAACGCGCTGTTTCGATCGCATGATGCGCATGCCTTACGGCATCAACATCCTGTCC  
 GGCCCCACCGGGTCAGGGAAGTCGATGACCTTGAAGGTCACCATGGAAGGACTCGATAAGCTGCATGGCGGATCC  
 AAGCATATCCTGACCATCGAGGACCCACCGGAATACCACATTCGCGGGCAAGGCATCAACCAGACCCCCACTGGTC  
 TATGACGCCACTGACCCAGACGCGAAGCCAGGCCTGGGCGCAGGCATCGCCAACGGCATGCGCCTGGATCCG  
 GACTACATGATGATCGGGCAAGTGCGCGACCTCTTCGCCGCTGTGCGCCGCTTCCGTGGCGCGATGACCGGGCAC  
 GGCCTGTGGTTCGACCCTGCACACCAACAGCGCGATCGGCATTGTCCAGCGCTCAAGGACCTGGGCGTCGACTCC  
 GGCTTGTGTTTCGATCCGGCCCTGCTGACCGGCCTGATCAACCAGAGCCTGCTGCCAAGCTCTGCCCCACTGC  
 AAGTGCCTTCCAAGACCACCAAGACCAGCTCGCGCCCGATGCTGGTTCGAACGGGTCCAGCGCTTGACCGATGTT  
 TCCCAGGTGTACGTCAAGGGGCTGGCTGCCAGGCCTCCGTTGGCTCCGGGGTCAACGGCCGCTCGATCGTCCGCC  
 GAGGTGGTGTGCCACCCTGGCCTTCATGCGTGTGTTTCGCCAAGGCGGCCAGCCGAGGACGCAACTACTGG  
 GTCAAGACCATGCAGGGCATCACCAAGCACGCCACGCCATCCGCCGATCAACGAGGGCATGTTTCGACCCGCGAG  
 ATGGTTCAGGATTTTATTGGGCCACTCGACTTCGATGAGCATCTGCTCGACGACAGCTTCTACTCGCAGGAGGCG  
 TGCTGA

>CP38, 1080 bp

ATGGGGGGCTTCTGGGAGCAGTTGCAGTTTCGCTTCTACAGCAAGCAGTTTCGGCCGCAAGGAACGCCTGCAGTTC  
 TACGAAAGCATGTCCACCCTGCTCGAAAACGGGGTCCCGTTGAAGGACGCTGTGGCAGAGGTGCATAAGATCTTC  
 GCTCATGAGGGACAGCATCCGTTTTCATCCGGTGGCCATCGCCAGTCGCGAAGCGCTGATGGGGCTGTCCAACGGC  
 AAGCGTCTGGCCACCGCCATGGCGCTTACCTGCCCGCCAGGAACGAGCGCTGATCGAAGCCGGCGAGATGAGC  
 GGCAACCTGGTTTCAGGCCATGGGCGATGCCGTCTCCCTGGTTCGAGGGCCAGGCCAGGATCCGCGCCACCATCTGG  
 CAGGCGCTGCTTACCCCTCGGCGCTGTCCGCCATGATGGTGTTCCTGCTGTGCATCGTGGCCTATCGCATGGTC  
 CCCAGCCTGGCCAGGCTTTCCGACCCAGTACCTGGACCGGCCACTCGCCACGCTCAACGCCATTGCCAGCTTC  
 GTCACAGGACCTGGTATCTACGTTCTGGTCCCGCTCATACCTCACGGTGGTGGTCACTCGTACCTTGGCCGACC  
 TACCCTGGAAAGGCCGGTCTGGCTGGACCGGACGCTGCCGCCCTGGTCCATCTACCGCATGCTCCAGGGCAC  
 ACCTTCCCTGCTGAACATGGCGGTTCATGCTCAACGCCGGCATAACGCCCTTACGACAGCCTGGCCAGCATGATCAAG  
 ATCTCCCCGCCCTGGCTGAAGCAGCGCTTGAAGGCTGCCCGCTACGGCGTGGGCTGGGCCAGAATCTGGGAGTC  
 GCCCTTCGACGCGCGGTACGATTTCCCGACCGACAGGCCATCCAATACCTGTGCATCCTCGCCAACCGGGGA  
 GGCTTCTCCGAAGCGCTGGTCAAGTTCAGCCGCGCTGGCAGGAGACCAGCTCAAGCAGATCGAGCTGGCCGCC  
 GGGCTGGTGAAGAACTTCGCCCTGATCTTCATCGGCGCGCTGATGATCCTGGTCTGCTCGGCGCTACCAGGCA  
 CAGCAGCTCATCCAATCCATGAACCACTGA

>CP39, 474 bp

ATGATCATCGTGCTGATCATCATCGCCATCGGGGTCGGCCTGGGCCTGGCCGCAGCGGCTGGAATGTTTCAGTTCG  
 TCCAACGCCAACGAGGAACAGCGCAACATCAGCGTCATTGCGGCCAACGCACGCGCCCTGAAGACCTCTTCGGGC  
 TACGGCTCCAGCGGTACCAACCTGATCCCGAGCCTGATCGCAATCAACGGCGTGCCGAAGAACATGAGTGTCTCC  
 TCCGGCGTCTGTACAACGTCTACGGCGGATCGGTCACTGTCTCGTCCACCGGCATGGGCTTCTCGATCACCACC  
 AGCAAGTTGCCCCAGGACGCCTGTATCACGCTGGCCACCAAGATCGCGAAGAACACATTCGAACAGACCAAGATC  
 AACAGCGGATCCGCGATCACTGGTGAAGTGACCACCGCAGCGGCGACCCAGGCTGCAGCAGCGACAGCAACAGC  
 ATTACCTGGACCTACAGTTCGTGA

>CP40, 942 bp

GTGAGTGTGAACCCGATCATCCAGGCTCAGTTCGTGACCTTTACCTCGGTGAAGGCTTCGCCGACGTGAAGGGC  
 CTGGCCGGCGCCGGCGCGCCGAGTCGAGGTGCCTCGCGAGTGGGAGTCGCACGCCCAGGAAGTCTCCAGCTC  
 TGCAGGCAAACGCTGGAGGAGCTGCAGGATCCTGAGTTCGCCATCGTTCGTGACGGCGTTCTGCTTCGCGTCACC  
 CTCCTCGAGGACGCGTTTCAGTGGCAGCGTATTCGTGCTGCGCCGGTTCGACCGCCCAATTGCGGGAGTTCGAAGAG  
 ATCGGCTATCCGAGCGAAGTGGTTTCCGCGCTGATGGATCCGCGAGCTGCAGGGCCTGGTCTGTTCTGCGGCGAG  
 ATGGCGACAGGCAAGACCAGCTCCGCCGCTCTCTGCTCCTGGCCCGCTGCAGGAGCTGGGCGGGGTGGGCTGC  
 GCCGTGAGGACCCGCGAGGAAACCAACCTCAGCGGTCAACATGGGCTCGGCCGCTGCATCCAGGTCAGAACCTCA  
 CGGCGCTCAGGCGGATACAGCGAGGCTCTGCTGCGCACGCTGCGGGCCGGCGCCGACCTGGTGTGATTGGCGAG  
 ATCCGCGACGAGGACACCGCCTACCAGGCCTGCAAGGCCTCTCTGACCGGCAGCCTGGTGTGATCGCCACCATTAC  
 GCGAAAAGCTGTTCATCAGGCGATCGAGCGCCTGGTGACGCTCGCCCAGCCACTGGCGAGAAACGCCACGACGTG  
 GTTGCCGAAGGCATCCAAGCGGTGATCTGCCAAGCGCTGGAGAGCGATGGTTCTTCGCGCCGCTGACCGCCGAG  
 CCACTGCTGTTACCGGCGACGACGGCCCGTCCATGCGCGACAAGATCCGCCGAAAGGAGGCTCATCTCCTGCGAG  
 GACGACCAAGCTCGCCAGTCCCGGCAAAGCCTGTGGAGATAA

>CP41, 1329 bp

ATGAGGAATAAGCGCAGCAGTGGATTTCATCTCGATCGAACTGATGATCGCCCTGGTTCGTGATCGCCATCGCGACC  
 GCCGGCGGCATATCGGTCTGATGAGCTACCTGGACGGCCTGGACGAGCAGCACGCGGCCAGCAGCAACAGCAG  
 GTGGCCAAGGCAGCGGAGAAGTACCTGAAGGACAACCTTCAGCACGGTTCGGCCAGCGCCGGCGCCACGGCCCCG  
 GCGGTGATCACCGTCCCGATGTTGCGCAACACCGTTACCTGCCCGCAGGCTTCGCGACACCAACATCTACGGC  
 CAGCAATACCAGGTAAGTGGCCCGCAAGCCGGCGGCAACCAGCTCGAAACGCTGATCGTGACCACGGGTGGACAG  
 GTAGCTTCCGAACCTCTCGATCCGCCGGATCGCGCAGCTCATGGGAGCCACCGGGGGTACATCTCGAAAACCAAC  
 ACCAGTATCGCCAGGGCGCCGCTGGCAGGTGGCCTTGAGCAATTTCCGGTAGCGCTCCCGGCGCTGGACACCTG  
 GCGACGGCGCTGTTCTTCCAGGACGGCGCCATTGCCAACGAGTACCTCTACCGCAATGCCGTCCCGGGTCAATCC  
 GAACTCAACCGGATGAATACCACGCTGGACATGGGAGGCAACAATATCGCCGCGGCCGGGGCGATCACGGCCAGC  
 GGCAACATCACACCAGCGCGGACATCAGCGCGCGCAACGTGACAGCCACTGGCACGGTGAAAGCCGGCACTGCT  
 GACGTGCGCCGGCGAGACGTACACCGGAGGCTGGTTTCAGGACCCGTGGTTCAGCACGGGCTGGTACAACGAGAAGTGG  
 GGCGGCGGCTGGTACATGAGCGACAGCACCTGGGTGCGCTCCTGGATGAACAAGAACGTCTACACCGGCGGCGAG  
 ATGAAGGCGGGCAAACCTACCCGCCGAGGGCCGGACGGAAGTGGCGAATACCTGCAGCTCAAAGGCGTGGCCACC  
 GAAGGGGCGACTGCTCGCCGAACGGGCTCGCCGGCATTACCAGCACCGGACTCTGGTTGTCTTCCAGAACGGA  
 AAGTGGGGGCGAACCCGCGCCTCCATGCGCATGAATAACCACTGCGGGCGTGTCAAGGACTGGTGTACGTTGCAC  
 GGCCAGGACAGCGGCATGATGTACTACGACTATGTCCGCTACGCGATCACCTGCGGCGGCGGATTTGCGCGGTG  
 GGCTTCAACAGACCTTTGGCACCAACTACTCGTTTCGGCCTGATCACCGAGATCGGCCCGGGCTTCAACTATCCG  
 GAGCCCTACAAGACCCCGACTCGACCAACGTACCCGTTACCTGCGTGAAGTAG

>CP42, 438 bp

ATGCCGCTGATGTGGATCGTCTCTGGTGTCTGCGCTGATCACCGGGACCTGGCTGAGTGTACAAAGCAACCACGCG  
 ACCTCGAGCGCCGAGCTGGCCGAGGTCGACACCCTGGCCAGGAGCTTGCTGCTTACCCTCCAGGCTGGCGGAG  
 TACGCACACGCCAACCCCGGTTTCAGCGGTTTCGCCGGCGGACTCCGCTCTTGGTCTACCGGCTGGTTCGCAAG  
 CCAGTGCAGGCTTCAGGGCTACATCGCCGCCGGCACCAGCTACGCCTTCATCGCCTCGCCGCCGGCAGGGCTGGCG  
 GCGGCCGTGGATACCGGTACGGAATCCGACCTGGTTGGCGTCAGGCGCAACGGCCAGTTAGTACAGCGCCGCTC  
 GGAGCCACTGCCATTGCGCTCCCTGCGCCCATCCCCAGGGCGCGGTGGTTCGCGGTCAAATGA

>CP43, 390 bp

ATGTCCAAGCAATCCACCAGCTTCGAAATCGGCTTTGCCCTCGGCAGTGTGTGCGTGAGTTCGCCAGAGCGCTC  
 AGTGCCTCCGGTCGTAGTGAAGCACAAGCACCGGTTGCGTTCGAGCGTCCAGCGTATCGAGCCCGCCATGCTT  
 GCTGGCCCCGACGCCAAAGAGCTGGAACACATCAGCGACGTCCCGGCGATCGTCCGGTTGAAGAAAAGTCAACCTC  
 AATGACTGGTATCTGGCCAACACGCGCAAGTGAAGAAAGCCAAAGCGCGCGCAAATCAAACCGGCCAAGGCG  
 ACACCCAAGGCCAAAACACCGGTCAGGAAGGAGCTCAAGCTGAGCTCCCTCGATCAACTGATCGCACCGGTTGAT  
 CCGCTGACCTGCTGA

>CP44, 180 bp

ATGGGGTCCGCAAACTTTCCGCAATCGCAGAAGATCTACGCAAGATTGGAACCACGGCGGTAGCCGCTGGTTTG  
ATCGGCATTTTTCTCGGCGAGCATCGCATCCTGACTGCCCTTGCGCTGTGCGGTAGGTGTGGTAATCTGGTCTACA  
GGTATCTACCTGACTCAGGAGGAATCTTGA

>CP45, 135 bp

ATGAGCAAACGACTTTCGGCGTGATCATGCTGACCGCCTTGCTTGTAGTGTGCTTGTGCGATGGCGGCCTGGGCC  
GATTGGCCCAACCTCAAGCGCAAGCTTACGAAGTTGAACCATCGGCACCGCCCGCACTGA

>CP46, 480 bp

ATGAGCAACAACACCCCAAGCCCAAGAAGCCAAATATTTTCGACCTGCACACCACCGGTATCGGCTACCTCAATCGC  
ATCCGCGAGGTACCGATCCGCCGAGGTGAACCGTTTCTCGCCGTAACCGTTCGCAGCCCTCCATGGCGCGGCAGAC  
AGCGTGGAAATACACCTACATCGACTGCAAAGTGGTTCGGCGCCAGGCTGAAAAGCTTGTCCGCCGTTGCAAGGAA  
GCAGTCGAGGCCAAGAAGAAGGTTCTGATTTTCTTCCGTATCGGCGATATCTGGGCGGATCCCTTCATCCACCAG  
AAAGGCGAGAAACAAGGCAAGCCCGACGCAAGTCTCAAAGGCCGGCTGCTCTTCATCTCTGGATCAAAGTAGAT  
GGCACCACCGTCTACGATGCGAAGGAAGAAGCTGAAAAGCCAGCAAGGCCAAGGCCAAGGTGAACCC  
GCAGCCCCTGCTGAACAAGCCGCTGCTTGA

>CP47, 198 bp

ATGCAATACGGAAAGCGGGCACTCGCCCATCTTCATCTCGAACTGCCGCTGCAGGTTCTTATGTCCAACGCCGGC  
TTCTATATCGGCACCCTTGATGAAGAAGGACCAGCCTCGCGCGAGTCGGTTGAATATTACCCCTCACGCGAACTT  
GCCCAACAGGCATTAGACAACGGCACTTGGACGCAACGGGAATATTAA

>CP48, 279 bp

ATGGACACATATCCAGAAAGGCTCCCAGCTCTACTCAACATCGGAGTGCATGCTGCACAAAAGCAGGTTTCGAGTAC  
ATCCTGTGCAAAGGCTTGGTTGATGAGTTTGGCGATGCAGGACTCAGTATCGAGCTCTATGTAATTCAAGATGCA  
ATCGAAGCCTTGGCGCAGGCCGACTGCGAGCACGGTTGCGACTCGAGCACCTCATTGATACTTCAATACTATGGC  
TTGGTAGAGCGATAACCAGAAGGCTCGGCGTAAAGAAGAACACCTATCGCGTTAA

>CP49, 708 bp

ATGACTCAACTCAATCCGTTTATTCCCGGCTATGAGAGTTTCCGCATAGAGCGAAACTTGCAGATTACGGATGAA  
GGCGACAATCTGCCGTGCTACCGTACCCTGCATGAAACTCAGCGACACCTCCAGACGAATACTTTAAGTGCAG  
CCGTGCTACTTCAATGACGATTTTCGCCGTGGTAGCGCAAGAAGTACGCAATGAAATAGTCGAAAAGTGCCCTCAC  
CAAGGAATAGTGAGAAACGTACTTTACAGCATCTACGGTGAGCAGGACGGCAGAAAAAAGCTTATCGGAGATCAA  
TATTCACTGACCCAAGCCGAGAGTGTGTTTCGATACCTTTTCGTTTCGGCGGCGGTTACAACCGCTGCTGGGAGATC  
AGAAAAACACATCTGCCCATCACTACATGGAATAGCCTCTACGAAAAGTTCTCGACCAAGATGCCAGTCCGCTTG  
CCGTCCGGTGTGGTCTCGCTCTTCTGGTGTAAACGAGCACGGCGCCGTGGGCTTTTCGCTTGCACAACACCCCTTGG  
ACGGATGAGTGCCTGGAGATCCTGGAGATGACCTCAGCAACTCTTCGAGAGCAGCAGCTTGCCTTCGGCCTCGAC  
GAACACCTGGTGCATCTGCTTACCTCGCGGGACAAGCAGACATTCCGGTTCCTGGTACTCGATCCATTTCGCGCCC  
ACGCTCAAGGGCCTGCCGCTTTATGACGATTGA

>CP50, 351 bp

ATGACCTCTCTCAACAACCACTCCAGCGCAGGCCACACTGCTGCGTACCTCAAACCTCCCGATCGTTCTCACCAAC  
GCGGCCTGGCTGCGCCTGGTCTATCTCGCCAACCCTGCCAGGGTCGACGAGATGGGCACCCGGCTGGCCAGTGTG  
GTTCAAACCGCCTGGCAGGAGCTTTTCGCTCCAGCCGACCGGAAGCACATCCGATTCCACCTGTACCACAAGGAG  
GAAGAGGGGCAGGACCGCGCACTCGCGCTGCTGGCCCTCTCGATAGTCGAGCCGTCCGATGAGCCTTCCTACCTG  
CGCATCGAGCTGCAGGAAGAAAGCCTCCCGGGCAACCCGGATACCGAGTAG

>CP51, 792 bp

ATGATCAACATAACCCGGCCAGTTGGCCATTTCGAACCATCAACGGTTCGCAATGGCGAGTTCAACGTGGGAAAGCTC  
TCGACCTCGATCGGGGAGTTTCGTCATCAAGGACGCTCTCCTGGACCAGCACATCGAAGGCAAGTACCAGCGGTGAT  
TTCGCCATCACCGAGATCCGTCCCTCCTACTACACCACCGGCGCCGGCTGGTTCGTCGAGATCCGCGCGAAGCTC  
GACAGCATGACGCTGGACGACGTGGACAACCTCAGCGACGAGGAGGCAGAGCGTCTCTCTGGCAATGAGGTGGAT  
CCGCTCGACGAAGTGGCCGCGATCCAGCAACCCACTGCCGCACCGGCGGCACCGCCGAAGTCGCCCCAGAAACCG  
AAGCCTCTGCGCCCCGCTGCAACCGGGGACGACACGCTTTTCGGTATGGACCCTCCGGCTCCTGCAAAACAGGCC  
GCCACTCTGGACACAGACGAGATGCAGAACTGTTTCGGGACGGTCTGGCCGCTAGGCGAAAATCGTCAAGCTGGAC  
ACCACGGTTCGACCGCAAGCGACTACGCCAACAGTGTGTGCGACTCGGCGAGCTGGGCTATGAGCTCGACTTCAA

CAACAAGTGTGGACCCGCAAAGCGTGCCTCTCCATGTTGGAGCCAACGCCGGGTCAATCAGTCGCTAGACGAT  
 GACTACGAGCGCCGCACGGCAGCCCGGAGTGCTACTACAACCTGTTCCACCCACCAGGCTATCAGCGCAATGGCT  
 GTAAGCGCTGCTGCTATTGGCGTTGCTCTGTCAACCAGCTGA

>CP52, 363 bp

ATGGGATGGCTTTTCTCACATCAGACGAAGGAAGACCTGCTGCGTAAGCTGCTGGCCCCAACAGTACCTTCGCA  
 GGCAGCACCGAGGTGCTGGCACACGCAGTCTCCGGCAATGAACTTTGGACTGTCGTAAAACGAACCTTCCACCTT  
 GCCGGATTCTATTTTCGGCAAGCCGGCCGGTCACTCGATCACCATGATCGAGCTGCACTTGGCTGGACTGCTCGGCC  
 GGGCAATGGGGCTACAAGACCATTCCGGAGAAAAGCAGGCCCGTTCTACTACGGCTGTCCGCTGGAGTTCCTGGAC  
 CTGGCTCACGATGAGACCAACCAGGAGTGGCGAGACCGTCTGACGCAAGAACACCAAGCCTGA

>CP53, 255 bp

ATGAACCCACTGTTACCAACCTCACCCAGGAAACCTCGCCTACCTCGAGGACCAACTGTCCAACAACGACGTC  
 GCCGGCGACGACGAGCTCATCGACCTGTTTCATCGAGGAGCTGTGCTGACCTTGGAGCAGGCGGAAGCGGCTGTC  
 GCGCTACGCGATCAGTACCTCTGCCAGGTCTTCTGATCGGCCAAGGGCCGCTGCACCAAGCCGATGGGCTCTGC  
 TTCGACCCTCACACCAAGAGCGTTCGGTAA

>CP54, 606 bp

ATGCCAGTCCCACCCGCTCTACCAGATCGAAGAGTGCCAGACCTGTACGTCGACGCCTGCGTGTGCGACGAG  
 CAGCGCAACCTGGTCTTTCTTTTCGGCCTGGGGCCGCGACACCGTGACACAAGAGTTCCTGGCCAGGCTGACGCTG  
 GGCCGGGAAGAAAATGGCATCGACATTTCCACATCATCGTGACGCGCCGCGCTTACCTGTCTTCCCAAACCAG  
 GATCTCCTGGAGAAACGCACCACCCGCCAGTTCGCGGCACGTTGTTGCGCAGCCTGCTCAATCTTTGGCTGTTT  
 GATCGGCGCGCCTCGGCGCCCGACCGAGGCAATCACCTCGCCTTCGCACTCCTGCAGCGCGATGAGGATCCACAC  
 CAGAGGCTCTGGCCGCTGGTGATGGAAACCTGTCCGCTCCCCCTCCTGCAGCACTGGCGCGAGCCGGTGTATGGAG  
 GTCCTCACCCAGCACCAGATGTTGACGGCCCTACCCGGGACGATCGGCAACGCTCTGCGCCTGGCGACTCGCCCTG  
 CGGGTCGACGTGCTCGAGCCACTCTCGGTGAGCTGATCCGCGAAAGCATTCTTACCACCGATGCTCAGGCGCAA  
 GCCTGA

>CP55, 1446 bp

ATGGCCCTCATGTTCCCGCGCTTGGCGCGCAACTTTGCACGCAACGGCTACTTCCCTACCAGTATGAGGTCACCCCTC  
 GAACGCGCTCTGCAGGCCCTCGCTCCCGCCCCGTCGGGCAGGATGAGGATCTGTGATCCCTGCGCCGGTGAGGGG  
 GTTGCCCTGGCTGAGGCAGCACACATCCTCGGCCGCGACAAGGTCCAAGCCCTCGCTGTGAGTACGACCCGCGAG  
 CGCGCCGACCATGCTCGAGGCTTGCTTGACCGAGTGCTGCACAGTGACCTTTTCGACACCATGATCAGCAGGCAG  
 TCGTTCCGACTGCTCTGGCTCAACCCGCCTTATGGCGACCTGGTGGCGGACCACTCCGGTGCCTGCGAGTACCAG  
 GGCAGCGGCCGAGGCGTCTGGAGAAAGCGTTCACCAGCGCTGCCTGCCGTTGCTGCAGTACGGCGGCGTCATG  
 GTCCTGATTGTTCTACTACGTTGGACGATGAGCTGACCGGCTGGTTGAGCAACCACTTCACCGGCTGCGC  
 ATATACGCAGCCGCGGATCCTACCTTCAAACAGGTGGTGATCTTCGGCATCCGGGTCCGTCGACAGGACCTGGCC  
 CGGGCGGACGCCAATCAGGTGAGGTCTCGCCTGCAGGCGATCGGCGCGGGCCAGGAAAAGCCGAGGAAATCCA  
 GCGGCTTGGCCGTGGGAACCCCTATGTGGTTCTGCCGGCCACCAGCGAGCTGGAGCACTTCTATCGAGTAAACCTG  
 GAGCCGGAGCAGTTCGCCGGCGAGATCCAGCGGCTGCGAGGTCTCTGGCCTGACTTCAAACCTGCACTTCGCGCAA  
 GCGGGGCTGCAGCCCCGCCCTCCAGTCCGCGAGCTGTCTCGCTGGCACCTGGCTCTGGCCTTGGCCGCCGGCGCG  
 ATTTCCGGCGTGCCTGCGCTCGAAGTCCGGCCGATCCTGGTGCCTGAAGGGTGACACCTACAAGGACAAGGTCCGC  
 AAGACCGAATTCACCGAAGACGAAGACGGCAACATCACCGAGGTGAGGATACTCACAGACCGTTCATCCCGATC  
 ATCCGGCATGGGAAATGACACCCTCCTCGGTCAATCAGGGCCGCGTGTGACCATCAGCTCGTCCGCTGCGACC  
 ACGGAAGAGGCTGAAGAGCCCCAACCTGAGCCGGCCCCGAACCGCTGCTGTTACGCCCTGGCCAAGTCGTAATG  
 ACCGTGCCGTGAGCCACCTGGTGGAAACCGGTCAACTCAACCCAGCGCCTTTGCTGAACCGCCATCTGGCGGGA  
 GATTGGGGGACGCTGGACCAGGAAGACTGGAACACCAACCAGAGAGCCCTGAAGTTCGGCGATAGGCTGCTGTCG  
 TCCTACGACATCGACGCCGGCGGAATCCAGGCTCTGGATCATCACTGAGGCCAATCGCAGTTCGACCCACCTG  
 TTGCTCCCTAGCGACTACTGA

>CP56, 2256 bp

ATGCACATGAACGCTCAGACCCAACCGGCCGCCCTGGCCGCTTCCCCCTGAACATCAACCTGACCGACTTCATC  
 GACGAGTTCGGCGACGAGCTCCTGGAGTCGCTCAATCGCTCCAACCCCCGGTCTATACCGGCTCCGACAACATT  
 CACCGCCAGTTGGTGATGGACCGACTCAAGCGCAAGCCCTTCGCGGCCAGGCGGAGGTGCTCCAGGCCATCACC  
 GCCCTGCTGCTGGACCGTACAGAGCAGGCCGGGATCATCAACGCCGAGATGGGCACCGGGAAAACCATGATGGCC  
 ATCGCTGTGCGAGCGGTGATGCACGCGGCCGGCTATCGCCGACCTGGTGTGCTCTCCGCCGACCTGGTCTAC  
 AAGTGGCGCCGCGAGATTCTGGAGACCATCCCAGCCGCCGCGTCTGGGTACTCAATGGCCCAGATACTCTGCTC  
 AAGCTGCTCAAGCTACGAGATCAGATGGGCGACGCTACGACGGACGCCAGGAGTCTTTCATCTCCGCCGCGT

CGGATGCGGATGGGTTTCCATTGGCGGCTCGCCTGCTGGAAGAAGCGCGCCGCCGGCGGCCAACTGCTCGCTGCG  
 TGCCCGGATTGCGGCCAGGTCTCGAGGACCTGGAAGGCAACCTGGTCACGGTGGAGGAGTTCGAGCGTGGTGAC  
 CGTCGACGTACCTGTTCTCCTGTCGTGGGGCGCTCTGGACGCTGATCCGGCCAGGCAAGCCTGACGGCGGCAAC  
 CGGCGCGCAACGATCCTCAAGTCGATGTGTGCGGATTCCAACCATCGGCCCGGTTCAGGGCGGAGCGCCTGCTGAAC  
 GACTTCGGCGAGGACTTCTGGCCACGATGTTGGTGGACAACGTCTCGGAGTTCATCAACCTGATGGACGCCAAG  
 GGCAACTTCGTCTTCAGCGATCGGCAGGCCAAACGCATGGAGCGATCGATGGCGAACATCGAGTTCGGCTTCGGC  
 GAGGGCGGCTACCAACCGACCGAGTTCATCAAGCGCTACCTACCTGATGGCTACTTCGACCTGCTGGTGGTGGAT  
 GAGGGGCATGAGTACAAGAACAGCGGTTTCGGCCCCAGGGCCAGGCCATGGGCGTTCCTCGCAGCCAAGGCACGGAAA  
 ACGGTGCTGCTGACCCGGAACGCTCATGGGCGGCTACGCCGACGACCTGTTCTACCTCCTGTTCGGCATCCTCACC  
 CAGCGCATGATCGAGGACGGCTATCGGCCCAACGCGCGGCGAGCATGGCTCCCGCAGCCATGTCGTTTCATGCGC  
 GACCACGGTGTGCTCAAGGATATCTACACCGAACGCGATGGTACTCGCACAAAGACCGCGGGGCAAGAAGCTC  
 TCAGTACGCACGGTGAAGGCTCCCGGCTTCGGCCCCAAGGGCATCCACCGCTTCGTATTGCCGTTCCACCGTGTTC  
 CTGAAGCTCAAGGATATCGGTGGCAACGTAAGTCCCGACTACCAAGAGGAGTTCGTGACGTCGCCATGGCGCCT  
 GAGCAGGCCTCGGCCTATCAGCGCCTGGCTGCCACGCTGACAGCGGAGCTCCGCCAGGCTCTGGCGCGACGAGAT  
 ACCACGCTCCTAGGCGTGGTCTCAACGTGCTTCTGGCTTGGCCGACTGCTGTTTCCGACCGGAGATCGTCAAG  
 CATCCGCGAACCCGGGACACCCTGGCCTTCGTGCCAGCGATCTTCGGCGACGAGCAGCTGATGCCCAAGGAGCAG  
 GCGCTGGTGGATCTCTGCCTCGAGGAAAAAGCGAAGGGCCGCAAGGTCTGGCCTACACGGTCTATAGCGGGACG  
 CGCGACACTACGTCCCGGCTGAAGAAAGTGTCTCGAGCAATCCGGGCTGAAGGTGGCAGTGTACGTGCCTCGGTC  
 GATACCTCTCGGCGCGAGGACTGGATCCTCGACCAGGTCGACCGTGGCATCGATGTGCTGATACCAACCCGGAG  
 CTGGTGAAGACCGGGTTGGACCTGCTCGACTTCCCGACCATCGCGTTTTCTGCAGACGGGGTACAACGTGTATACC  
 TTGCAGCAGGCCGCGCGGGCGGTTCATGGAGGATCGGGCAGAAGCACCCGGTGGCGGGTGGTGTTCCTTCGGCTACGCC  
 GGCAGCTCGCAGATCACCTGCTTGCAGTTGATGGCGAAGAAGATCGCTGTGGCTCAAAGCACGTTCGGGAGACGTT  
 CCCGAGTCAGGTCTCGACTCGTTGAACCAGGATGGGGATTTCGGTGGAGATGGCGTTGGCACGACAACCTTATTGCA  
 GCATGA

>CP57, 786 bp

TCAGTGCGAACAGCCAGAAATCGAACAGCTGGTTGCACTGATTGCCCTTTCATCACTCGAAAAGCTCTTCAATCGC  
 GGCGCGGAGCACTTTGGTAAACTGCGGGTTCCTGAGCGCCGAGATGTAGCGATTACCATTGATCACGAACAA  
 CGGAATGCCGGTACCGAGGCTGCTTACTGCTGTTTCATCGCTCAGGATTGCGGCCTCCGCCGAATCAAAGCCGAT  
 GAGGTGGTGGCACCTATTTCAATCGCCAGATCTCGCAGAACTCGTGCGTTGAAGATGTCTTGGCCTCAGTAGT  
 TCCCGCCAAATAGAGCCGCTCTACATAGCGGACCTGCAACGCCGGATCGGCGATGGCCTTGACGTAAGTATGAGC  
 CGCGGACGTGTCCCGAAGCGCATGACGTCAAATCGATAGTCCAAACCCCTCACGTGAAGCAGCTCCGCGAATGGC  
 CCTCATGAACACATCCGCTCGGCCCTGGCTGCCTGTTTTTTGTACGAGCGCCTCTTTAAAAGGGATCGGGTTCAT  
 GCCTTTGGCCAAGCGGTATGCGCGTGGCACGATTTCAACTTCGACCTGGTCCCCGAGAGCATCAATTGCCCTGCTC  
 CAGGCGCTTCTTTGCTATCCAGCACAGGGACAGACAAAGTCCGACCAGACCTCGACCGTAATTTTCTTCATGGA  
 ACTTCTCTCATCTGTCTCCGATGCTTATGGATCAGCCGCGGAGGGACCTCAGCTTTGAGGTTTGTCTATCCATCG  
 CATCCAAGACGTGAGTGTGTAAACCAGTGCAGC

>CP58, 342 bp

TCAGCTTTGAGGTTTGGCTATCCATCGCATCCAAGACGTGAGTGTGTAACCAGTGCACCGCACCAGGCGTTTCAGGTT  
 CACGGCCACGCCGAGAGCTTCCGCCACTTCCCTCGGTGGTAATGCCGAGCTTCCCTGGCTTCTGCCGATGGAACGC  
 AATGCAGCCATCGCAGCGCGTGGTAACGGCAACTGCCAGTGCATCAGCTCACGGGTCTTCGCATCAAGGCGATT  
 GGTTTTGTACCTGCATTACCGAGCATTGCCACGCCACGAGGGTGTGCGGGGAATGTGCGCCGAACTCTTTACG  
 GCGGGCACTGACGTGCGTGTGTTTGTTCAGTTAGGCAT

>CP59, 561 bp

TCAGTACTCTGCGATCATCCGAATGACAGCAATATTCACAGTCTCACCTTCCCTGGTGGCCAGTTGATGAAGCT  
 CGATCCCTCAAGGATACTGAGCAGCAAGTAAGACTTTTCTCTGGCCCTCGCCCCGGGTAACCTACCAGCGGC  
 AATGCCTTCGTCCATCACTCTGGTCAACCAAGACAACATGCACATCAAAGAACCCTGTCAGGCGTTGAAGCCC  
 GTCGGGCAATGCAGCCATTTTCAGCTGCTAGCGCACCAACACAATGGCAACAGACCACCTCGTGTGGAGTAGAA  
 GAGCACAAGAAAGCCTTGGACCTCTCAACTGCACCTGCCTGATTGATCTCGATTTCGCTCGAACTCGGCTTGCAC  
 CCGCGAGACGTACTCTTCGACGATCGCGATCCCCAAGTCTTCCCTTTGTAGGGAAGTGGTAGTGAATGCTCGCCTT  
 GCGAATACCTACCGCTGCAAGATCTGCATAGCTGAACGCTGCATACCCTTTAGTGCGCATCAGCCCTTCAGC  
 GGCTTGAATTAACGCGTCCCGTGTGGCAGTGCCAT

>CP60, 786 bp

TTACTTACCTTGCTTACGGCCAGCCATGACCCACCGTCCACGTCCCAAACAGCACCGGTCACCCAGGACGTCTT  
 GTCGGAGAGCAGGAACACGATGGACTCAGCAACGTACGCGGAGTGCCGTTACGGCCCAGCGGGTGGAAATTTGTT  
 GAAGTCATTACGCGCACAGCCAACCTGATCGCCGGGGATGAAGCGCTCGAAGATCTTCGTTTCCACAATACCCGG



GCTGACCGAGTTGACGCGAATACCGTGCTGGGCCAGCTCTGCTGCCGCGTGTGTGGTCAAGGTGTCCAGGCCAAT  
 TTTGGCCATCGAGTAGGCCGAGGCCGGAACACCCCTCGACCGCCTGCCTGGCTGCTACCGCGGTGACGTTACGAT  
 CGAACCGGGTTTTGCCCTGAGCTACCAGCTCCGCCGCTACTTGACGGGTTAGGAAGAAGATGGCGCGGTTACAGATT  
 CAGGAAGTTGTGCTAATCCTCAAGCGAGTGCTCGATGAATGCTTTTCGGGTAGTAGATAACCGCGGAATTGACCAT  
 CAGATCAATGTCCTTGTGGCTTGGCGCCAGTTTCTCGATCAGCGCTTGGACGCTGGCGAAAATCGGTCAGATCTAC  
 AGCATAGGCCACGACCTTGTCTTCGCCGGCAACGGCGGCCAGTTGTTGGCGTGCAGCTTCGGCTTCTCAGGGCG  
 GTTGCCACGATCACAACCGAACCGCCTTGCTCGGCGACCATCTGCGCGGTTTCGAGACCAATGCCACTCGTGCC  
 ACCACTACCAGAAGCTTGGCAGCTTTGAACTGCAT

>CP61, 414 bp

CTACTTTGCCCTGGTTTTGGCGCAAGCTCGATGACCTTGCCCTTGAGCAACACCTTTCAGCTGTGCTAGCTCAAG  
 CATGAGGCGTTGATTACGGAGGCAAGGCGAGCGATCTCCTCCAGAAGTAGGCTGTTCTCTGCGCGGAGGGCTTT  
 GTTGAGATCCTTCTCCTTCATGAGCGCCTGGTGTTCGAATCACGCTGAGCGCGCGTCGATTTCCCTATGAGGCT  
 GCGGATACGCTCCGCCACGGCCGGGTAGGTGTTATGGATCAGCCCGGGGTGACGCTGCGCTCTGGCGACCGA  
 GGAGATGGAGAGCTTCTCATTGCCGGCGAGCATCCTATCGATGACCTTGTGAGCGCATCGGCAGTCTTTGGGCG  
 AGAGCGGCCCTTGGACGGCTCGGTCGACTTGCTAGCCAT

>CP62a, 852 bp

CTAGCCATTACAGCCTCCTCAAGCTCCTGGTTCATCCGGCGACAACCCAAGACTATTGATCACGTCGAGGGCGAC  
 CTGCAGGTCGCGCTCTGCACGCTGTTTCACTGCCGGCCCTGCGTCTCAATTTTCATTAGCTCCCGTTGCTGGGA  
 GTAGATGCCTTGCCAAGTGCCTGCAAACGTCTCATCGATCACCGAGTGTTCGACCCAGGGCACCTGGTGGCCCTC  
 GTACAACCCAGCGCCTCCGCAACCACGCTCAGTGGAATGCACCATCCGTGACCGGTTGCGCGAATGTTTCGCATG  
 AGGTGCCGTTTTGGGCCAGCAAGGCGGCCCTGTCTTGACCGGAATCGCACGCAACTCAACGATTTTGTCCCGGC  
 ACCACCTGCCAAAGGCTGGTTCATCAAGCCAGGACTCAATGAGGTCGATCTTGAACCTCCGTCATCTGCTGCAGGAT  
 CTCATCGAACAGCGTCAGATCCTGGAGCGGATTGGAGGCGTAGAGCTGGGTCATGCTCATACTGCTGTGCTTGAG  
 CTGCCACTTGAGGAAGACGAGCGAGGTGCGCCCCATCCGCGACTCAACGAAGCAACGGGCATAGGTTCCCGGCA  
 CTGGTGAGTGCGCAGCGGCCAGTCACTTCCAGCGGCTTTTGCATGCGCTTGAAGGACTCATTCGAGCCAGCCTG  
 TCCAAGCACTTCAATGTGCGCTAACCTTTCAGATTTGTTGCCTGATCCGTTCAAACAGAGAAACAACCTCTTCGA  
 ATCCTTTTCGGCCTTCTCTAACCGGAGCAAATGCTCAGCGGATCTGGACGAGGGTGCCATCTGCTCTAGCTCATA  
 GACCTCAGCCTCAAGCTCTTGCCTCAT

>CP62b, 504 bp

GTGTTTGACCCAGGGCACCTGGTGGCCTCGTACAACCCAGCGCCTCCGCAACCACGCTCAGTGGCAATGCACCA  
 TCCGTGACCGGTTGCGCGAATGTTTCGCATGAGGTGCCGTTTTGGGCCAGCAAGGCGGCCCTGTCTTGACCGGAAT  
 CGCACGCAACTCAACGATTTTGTCTCCCGGCACCACCTGCCAAAGGCTGGTTCATCAAGCCAGGACTCAATGAGGTC  
 GATCTTGAACCTCCGTCATCTGCTGCAGGATCTCATCGAACAGCGTCAGATCCTGGAGCGGATTGGAGGCGTAGAG  
 CTGGGTCATGCTCATACTGCTGTGCTTGAGCTGCCACTTGAGGAAGACGAGCGAGGTGCGCCCCATCCGCGACTC  
 AACGAAGCAACGGGCATAGGTTCCCGGCAGTGGTGAGTGCGCAGCGGCCAGTCACTTCCAGCGGCTTTTGCAT  
 GCGCTTGAAGGACTCATTTCGAGCCAGCCTGTCCAAGCACTTCAATGTGCGCTAA

>CP63, 693 bp

ATGAAACGCCCATCCCCTGCATCAATGATTCTTGGCCTCTGCTTGACGGCAATGGCCGGCCTGCTGGGCTACCAG  
 CAATACCAACTCATTAGCTCCGATCAGGCGTGGACAGTGCCGCGGAAAAGACCTCGCTAGAGGCGATCCTGGCT  
 CGCTTGAATCGAGTCGACGAGCGCCTCGACGCCGTGGATGGGCGACACCTGGTCAGCAACGAGGACTTCCGCTCA  
 GGCCAGCAGGCACTGTCCAACCGCATTGACGCCGCGCAGGCCTTCGCCAAGCAGGCCTCCGACGCCGTCGAGAAC  
 CTGGCTCAAACCACCGCCTCGGCCGGCGATCTCCTGGTGTCTCAAGGCTACAGTGGAGACGCTGGACGGTTCTGTC  
 CGCACGCTGCAAGAGAAGCAAGCCAAGGCTCCGCCGCTGATCGTGCCTCCACCGAAGCGGTTGCCCTCCCTGTC  
 AAGCCCAAGCCGAAACCCAAGCCAATCGAGCCTCCGCCCTTCTCAATCCTCGGCCTGGAGTATCGCGGGGGCGAA  
 CGGTTTTCTGTCGGTTGCACCTCCGGGATCCACCCAGCTCAGCCAGATCTACCTCATTTCGCCAGGGCGATGCCGTC  
 GCCGGCACGACCTGGCGACTGACCGACCTTGACGATCGTACCGCGCACTTCGACGTCGCCGGCGCCTCGCGCAGC  
 GTTCGCATCCAACCATAG

>CP64, 756 bp

ATGAACAGAACCCTATCGCTCCTGTCCGGCCTGGTGCTGCTGCTGAGCTATCCCGCAGTCGCCCAGGAGGCTGCC  
 GCAAGCCGAGAGGCCAGCAGCCAGCTGTCCGGTAGCCAACCTCGACACGCTGAAAACAGCAGACATCTCAGAGCGAC  
 CTGGCCCAGGAGTGGGGACTGAATCAACAGGAATGGACCCGCTACCAGACGCTCATGCAAGGCCCCCGGGCGGTG  
 TACTCACCTGGCATTGACCCGCTGACCGCGCTGGGCATCGAGGCGGATCGGCAGAGGAACGGCGGGCGGTATGCC  
 GATCTACAGGTCCAGGCCGAACGGCGCCGGGTGAGAAGGAACTCGCCTACCAGCGCGCATACGACGAAGCCTTC

GCCCCGCGCCTATCCAGGCGAGGGGGTTCATCCGCCTCACCGAAAGCAGCACGGCCAACCCGTCGGGCGCGCCGAAC  
 ATGAGCCCAGCGTTGCAGAGCAGCGGGCGCCTGGCCCTGTTTCGTCCAGGACAACCTGCACCCGCTGCATCCAGCGG  
 GTCCGCGACCTGCAACAGCAGAACAAGGAGTTCGATCTCTACTTCGTTCGGTAGCCAGAACGACGCGAGCGTGTG  
 CGGCACTGGGCAATCCTCGCCGGCGTTCGACCCGAAGAAGGTTTCGAGCAAGCAGATCACGCTCAATCATGACGAG  
 GGCCGCTGGATGGCCCTGGGATTGGGCGGGGCCCTTCCCGCCCTGGTCCAGGAGGTGAACGGCCGATGGCAACGT  
 CTGTAA

>CP65, 582 bp

ATGGCAACGTCTGTAATCCGCGCCCTCCAACCTGGCCGCCCTGCTGGTCTGGCCAACATCGCTCAGGCCGCCGTG  
 GATCCACCGCCGGCGTACAAGCAGATCGCCCTGCCCAAAGGGTTCCGGCCGAGGTGCTCTACTCGGTTCGCGCTG  
 ACCGAGAGCAAGGTCTGCTGCGCGGCGAATACGTTCCCTGGCCCTGGACATTGAACGTCGCCGGGAAATCCTAC  
 TACTACGCGACCCGACCCGCCGCTGCACAGCGCTACTCGCGCAATCAACCTCTACGGGGCCAAGAGCGTCGAT  
 TCCGGCCTCGGCCAGGTCAATATCGGCTGGAACGGACATCGTTTCTCCAGCCCTGCGACTCCCTGGATCCGTAC  
 AAGAACCTGGACGCCACCTCCGACATCCTGGTTCGAGCAGCGGGACGCCCTTGTACGCATCCGCCCTGGTAGGCCG  
 GTGGACTGGATCCAGGTTGCCGGCCGCTACCACCGCCCCGCCGGCGGCGAGCCTGCCGCCAAGTACCGCAGGACG  
 GTATCCCGCCACCTTAGCCAAGTCTCGGCGTCAACCTGCTGGTACCAATCCATGA

>CP66, 501 bp

ATGAAGAAGATCCTAGCCACGCTGGCATTCTGCACGGCGTTCGCGACTCAAGCCTGGGCCGCCGGCTGATCGTT  
 GTCGAAGACCTCGGCGGAGCCTCAGCGCTCCCCTACTACCAGGGCCTGGATCCGCAGCCATCCGCTGCCACACCA  
 GGACCTGGCGACCTGGGTGTCCGTGGCTCAGGTGCGTTTCCAGTTCGCTCGGCACGCCCTTTCGCCAGGCCAGGTT  
 CAGGGGCGCGCCATCAACGCCCCAGGCCTGCAACCTCTGTTCCCTCGTCGGCGACGACACGCTGTCTCGAACCTGG  
 CTGAAAGAGCGAGGCGACGAGCTCCGAGGCCTCCACGCTGTGGGCTGGCAGTGAACGTTGCCAGCGAAGCGCGC  
 CTGACGGAAATCCGTGCCTGGGGGAAAGGACTTCAGATATTGCCGGCGCCGGCGGACGACCTGGTTCGACCGGCT  
 GGACTGCGGCACTACCCCGCCCTCATCACATCCACCGCCATCCAGCAGTAG

>CP67, 2232 bp

ATGGCTGGCCAGTACCCGCTGGAAGCGCTCTTGGCGCCTGCCGTGGAGCTCTACACCACCACCGTGTGCTTCACC  
 GCGGCCGCGCTCTGCATCGTCGCGCCGTGGACGTTTCGCCCTCACTCCGCTGTTTCGGCATCGTGGCCGCGCTGGGC  
 TTCGTCTGGCTGGGCGTTCGTGCGGCTGAAGCAGGCGCGGTGGTGTCCGCTACCGGCGGAACATTCGCCGACTG  
 CCGAAGTACACGATGACCAGCGCCGAAATGCCGGTGAAGCAACGAACACCTGTTTCATCGGTAGAGGCTTTCGGTGG  
 ACGCAGAAGCATAACGACGCGCTGGCAGATACCTACCTGCCAGTTTCGCCCTCTACGTCGAGCCCTCGCCGCTC  
 TACGAGCGCGCGCCGGTTGGAGAAGCAGCTTGAGTTTCGCCCCCTTCCCTCTGAAGCTGGTTCGCCAAGGCCACC  
 GCCTGGGACGTGGCCTGGAACCCCGCACGGCCGCTGCCGCCGTTGGCGGTTTGCCTCGGCTCCATGCAATCGAG  
 CCGCGCAACAGGATGTAGGCCTGCAACTGGGCGAGCGCTCGGCCACACACTGGTACTCGGCACTACGAGGGTG  
 GGTAAGACGCGACTCGCGGAGCTGTTTCATCACCCAGGATATTCGCCGCACCCACTGCCGGGGCCGACGCCGGCGG  
 GCGAAGATGGGCCGGCGAACCAGACGGTTTACCACGGCCACCGGCGCCGGCGCAGAGGAGCAGCCGGACTAC  
 GAAGTAGTGATCGTCTTCGACCCGAAAGGCGATGCAGACCTGCTCAAGCGTATGTACGTGGAGTGCAGCGTGC  
 GGCCGCTGGATGAGTTTACGTTTCCACCTCGCCACCCTGACCTATCGGCACGCTACAACGCCGTCGGCCGG  
 TTCGGCCGGATCTCCGAGGTTCGCCACCCGCGTTCGCCGGCCAGCTCTCCGGCGAAGGCAACAGCGCGGCTTCCGC  
 GAGTTTGCCTGGCGGTTTCGTCAACATCATCGCCCGCGCACTGCACGCGCTGGGTATCCGCCCGACTACCAGCAG  
 ATCCTACGGCACGTCGTGAACATCGATGCGTGTTCGTCGAGTACGCCAGAAGTACATCAGCGAGCACGACCCG  
 AGGGCCTGGGACACGATCATCCATATCGAGGGCAAGCTCAACGACAAGAAGCTGCCATTCACATGAAAGGGCGG  
 CCCTTCCGTGTGCTGGCCATCGACCAGTACCTGACACAGAAACGCATCGCCGACCCGGTTCATGGAAGGCCGTGAAG  
 AGCGCCGTGCGCTACGACAAGACCTACTTCGACAAGATCGTGGCCTCGCTGCTGCCGCTGCTGGAGAAATCACC  
 ACCGGGCGGATCTCGGAGCTGCTTTCGCCAACTACGCGGACCTCAACGATCCGCGGCCGATCTTCGACTGGATG  
 CAGGTTCATCCGAAACGCGCCGTGGTCTACGTCGGCCTCGACGCACTATCGGATACCGAGGTCGCCGCCGCGGTG  
 GGCAACTCCATGTTTCAGCGACCTGGTCTCGGTCGCGGGTACATCTACAAGCATGGAGTCGATGACGGCCTGCC  
 GGCTCACTCGCCGGCGGCAAGGTCGCGATCAACCTGCATGCCAGGTTCAACGAGCTGATTGGCGACGAGTTT  
 ATCCCCATGGTCAACAAAGCGGGCGGCGCGGTTGTCAGGTGACGGCCTACACCCAGACCATGAGCGACATCGAG  
 GCCAAGATCGGCTCCCGTGCAGGCGGTCAGATCATCGGCAACTTCAACAACCTGTTTCATGTCGGGTGCGC  
 GAGACCGCCACGGCCGAACTCTTGACCAACCAGCTCCCCAAGGTCCAGATCTACACCAGCACGCCGGCGAGCGGC  
 GCCAACGACGCAATCAACAACAAGAAGGCGAGCCTTACCTCCAGCTCGCACGACCAGGTGCAGATGACCAGCGTG  
 CCGATGCTCGAGCCGGCCACATCGTTGGTCTGCCCAAAGGACAGGCGTTCGCGCTCCTCGAGGGCGGCAATCTT  
 TGGAAGATCCGAATGCCGCTGCCGGCGGTTCGATCCCAGAGGTGATGCCGAAAAGCTGCAGGAGCTGGCTGCC  
 GGTATGCGCAAGGGCCAGGCCGCTAACAGCGAGTGGTGGGAGGCGCCGGGATACTCCGCCCTGCAGGATGGTCTG  
 CCCCAGGACCTGGTTCGACGATTTCCGTACCTCGGCGCCGGTGGAGATGCCGCTGA

>CP68, 747 bp

ATGGCTGAAGTCACTCAACGTGCAGAGCAGCAACAAGAGAGCCAGAAGACCCCTTCTCGGCACCATCATCAGTACG  
 CCCTTCCAATTTCTCGGCGTGATGTTTCGGTTCGCTGGTTCGGCGCAATCATCGTGGAGTGGGTTTGCCGTGATTTT  
 TTCTGGCCTGACGCGGGCTGGAAGCATGCCCAGGCCATGTTTCGAGTACGAACTCAGTTGGCTGTGCGCAAGGGCTG  
 CTACACAGCGTTCGTTCGTGCAGGAGCCAGGTGCAACCGCCACCTGGCTGGCCCAGTTGGCCTATGACTGGTTGTTT  
 GTGAAGACCGGGATAGTGCAGTGGATGACCAACATGACCACCATCGCGCAGGCAGGGCCACGGAGCCCTCTGGAC  
 GTTCGCTATCTCACCGCCAGGGTGTCTCCACGCTGCAGAACTACGGCCTGGCCGCGCTGTACACGGTGTGACA  
 TTCGTCGTGCGCCTGGTGAATTCTGGTCATGACGATCCCCTGTTCTGATGGCCGCGTTCACCGGCCTGGTGGAC  
 GGCCTGGTGCGCCGGACCTGCGCAAGTTTCGGCGCCGGCCGGGAGTCCAGTACCTTACCACAAGGCGCGCGGC  
 AGCATCATTCCGCTAGCGGTTCGTCCTTGGACGCTTACCTGGCAATCCCCATCAGCATCAACCCCTTGCTCATC  
 CTGCTGCCCTGCGCCGCGCTGCTCGGCGTAGCGGTATGCATCACAGCATCCACCTTCAAAAAGTACCTGTAG

>CP69, 1482 bp

GTGCAGTGGACTCACGAACAGTCAACGATCATCCAGTTCGAAGGCATCGAAGATCCTGGTGCAGCCTTCGCCGGC  
 ACTGGCAAGACCACCACCCTGGTGGGCTTTGCCAAGGCGAACCCTACCCTGAGAATCCTCTATCTCTGCTACAAC  
 AGCTCGGTGGAGAAAGCCGCGAAGGGCAAGTTTCCCCGCAACGTAGTGTGCAAGACCGCCACAGCCTGGCTCAT  
 GCGGTGTACGGCATCCAGTACGCCACAAGAAGACGAAGAACCTGCGTCTGACCGATATCGCCCCGCGACTCGAT  
 ACCCAAGACTGGGAGTTGGTACGTGACGTGCTGGCCACGCTGAACAACCTACATGGCCAGCGCCGACGCGGAACTC  
 GGCCGACCGCACTTCCCGCGCTTCCGCGACAAGGCGTTCCTCACCAGTGGCCAGGAACGCTTCTCAAGCAGGGC  
 CTGGACATGGCGCGAGTAGTCTGGAGGCGCATGGTGCACCTCCAGGACACCGGCATGCTGATGCCCCATGACGGC  
 TACCTGAAGCTGTATCAACTGAGCAAGCCCCGATTTGAGCCAGCGCTTCGACTGCATGCTCCTGGACGAGGGACAG  
 GACATCAACCCAGTGTATCGCGGACATTTGCCATTGGCAGCGCATCAGAATGGCTATCGTCGGCGATCCCCATCAG  
 CAGTCTACCGGTTTCAGGGGCGGGAAGATGCCCTGAACAGCAGTGGATGGTTCGGCGCCGAGGAGCACTACCTG  
 ACCCAGAGCTGGCGGTTTCGGCCCCGCGATTGCGCACGTGGCCAACATCATCCTCTCTACAAGGGCGAGACACGG  
 AAACCTCAAGGACTGGGCCCGCAGACGCTGGTGA AAAAGTCCCTCCCGCGGACCTTCTCACCAGCACTTTCATT  
 CACCGCACCGTTATCGGCGTCATCGAAAATGCCCTGCAGCGTGTGCGCAATAATCCGGCGCCCAAGTTCTACTGG  
 GTCGGCGGTATCGACAGTTACTCGCTGCGCGACCTGGAGGATCTGTACGCATTCAGCCGAGGCTGCGCCAAAAC  
 GTCCAGAACAAAAGCTGCTCCGGGACTACCGCGACTACACCCAGTACGTGGAGATCGCCGAGATCAGCCAAGAC  
 AGTGAATGCTGCGCTCTATCAAGATCATCTCGACCTACCCTGATCTACCGGCGCGGATCCTCGAGCTTCGCTCA  
 CTGACCCTTGACGATGAGCTGGACGCAACAATCACCTTGACCACCGCACACAAGGCCAAGGGCTGGAATGGGAT  
 TTCGTCGCTGTACGACGACTTCAACGCGGACCCGCTGGCCCCGACACCGACCCAGGCAAGCGCGACGATGAG  
 TTGAACCTGATCTACGTGCGAGTGACCCGCGCGATGAAGATCCTCGCCATCAACAGCCTGGTGTGTCGATCATG  
 CAGCGGTACGTGGACGACAGAAAGCTGAAGGAGCAGATAGCTAGCTGTGAAAAATGA

>CP70, 1110 bp

ATGAAGCTTATCCTTTGATTTTCGACGGACGCCTTCTAAATCCAAGCAACATGCTAGAGGCCCTATCAAAAGCAGGA  
 AAGAATACAACCATCAGCATAAGCAACGCGCAAGCATTAAATATAGACACTCTTCTCAAGGCAACAACCCTGCA  
 GAAAACACAAAAATCTCTCAACAACCTTCAACGGCGCAGAGCTGACTGCTAACAACCTTCAGGAAGTCATAAAT  
 TCAGCAGGATCATTAAACCAGAGTATCCGCAATAGCCGCACAAGCCATTAATATAAACATACTTCTTTCCGCAATA  
 TCTACAGCAGGCAACTCAAAGAGTTTTAGCGCAGAATTC AATGGAGCCCAACTCAGCAGCGACAATCTACTTAGA  
 GCAGTAAATGCGGCAGGAACAAACACTAGCATAAGCGTCAACACCGCACAAAGCGGCAAAATATAACCGCCCTTCTT  
 CAGACTATTCATGCAGCAGGTAACACAAAAACATTCAGCGCAGAGTTCAATGGCGCTCAACTTACTTCAAACAAC  
 ATTCAACAAGCTTTAGACGCCGAGGAACCCGAACATCCATTAGCGTCAACACCGCTCAGGCGGTTAATATAAGC  
 ACCCTGCTAGCCCTCATCAATTCTGCCAAAGACACGAAAAAGTTTAGCGCGACTTCAATGGTGCACAACATAACA  
 GCAGACAACCTTCAGCAAGCGATCAGCGCTGCGGCCTCGGGTACCAGTATCAGCGTCAACACCGCTCAGGCGGCG  
 AATATATCCACCCTTTTACAGGCCATCAACATCGCGGGCAACACTAAAAAATTCAGCGCAACTTAAATGGTGCC  
 CAACTCACTTCAAACAACATCCAGCAGGCGCTGCGAGCGGCAGGATCAAACACATCAATCAGTATGAACTCCGCA  
 CAATCCGCCAACC AAGCACTCTACTTGAACCTTCTAGACATAGCAAGTTCCAGCAAGCAATTC AAGCCAATTAC  
 AACGGCGGCATGTCTAATCCTAGCAACCTACAACAGATAGTTTCTCGTGCAGGCGCTAGTGCAACCGTGTATTAT  
 TCCGACGCACAAGGCTACCAATCGCAAAATATCCTTACCCTTATATCATCTGCCGGATGA

>CP71, 312 bp

CTAGTCCATACTGCCTTTTATCTGAACTAGCCTTCCATCGACAAACCTAAGCTTCTGGTACCAACCATTCCCTGG  
 TCCGTATACCCAGTTTTTCGACAGTAGCAGCCCCCGCACCATATAGCCACTACCATCCACTGCGGGCCCTTCAAC  
 TTTACGGCTATCAGGGTTGCGCACTTCCCTAAGCACATCATCAATCAAGTACCCTCACTAACAATTGCCGACCC  
 GCATCGTAATGTAGCGGCAGCCACCCATAACTGTCCAACATAGCAGCCATGGCTAGCAAAACTCCAATAGAGAT  
 GTTTCTAAGCAT

>CP72, 300 bp

ATGAAGCAGACCTTCGAATACCATGTCGATAACATCGTCATTCCCTACAAAACCCCTACCAAGGGCGTCGCGATG  
 TTCAAACACAAAGAAGACACCTTGGAACCCGACGACCACGCCTTGCTCAACCCTCTGCGCTGGGCGAGGTCGTG  
 CGTCTGGGCCAGGAAGGCTGGGAGCTGGTGAGCGTTTACGCCACTCATGCGGGGCGTAACCGAGATCGGTAATCAA  
 AACGCCCAAGGCTGGGCTTGGGGCGTCGCTCTGCCCGTCAGCTACCTGCTGTTTTTCAAACGCGCAACCTCATAA

>CP73, 222 bp

ATGATCCGGCAGCTCAACGCCCTCGAGGACACCGCCCGCCGAGTGCCAGGGCGCCGATGAGCCCGGACAGCGC  
 TTCTACTTCGACTACTCACGCCTGGCCGCTGACCTGCAGCGCATCCGCCAAGGCCTGCAGGACTACATGACGCC  
 AGCCGCGCCCAACCGCGTGACCCTTCCGACCTATCTGGGAATTACACCCTGCGCGGAGGGCCGATGCCGTGA

>CP74, 234 bp

ATGAGCGGAGCCAGACATCAGCGTTCCAGGCCGCCGCTGGCTTTCCCCCATCGGCCGGCGAGGGGCTGTTCATT  
 GGAGCAGCGATGACCTTTCCTTCTGCTGTGGTCCGCTGGGCGATGTACAGCACCTGGCGCGGCTGGGCCACCAAC  
 AACCTCGACAGCGCCACTGCCGGCGCTTCCGCGATACGGATCTTGGTCTCTCGGCATCACCTCTTCTTCCCTC  
 CTCAGCTGA

>CP75, 357 bp

ATGCTGAAATTCACCCTCCAGAACTGTCCACCCTCTGCCTGCGCCTGGCTGCCATCTCTTTGGTACTCCCAGGC  
 GTCGCCTTGGCTGCACTCCCCAAGCCCGAGGCGCCTAGCCGCGGGGAAGGGTTCGGGAATCATGCAAACCATCCAG  
 AACTTCGGCTATGACGGAGCAATGCTCCTCGCGCTACTCATCTGCGTGGCTGTCTTCTGGGGGTCGCTTGGCAT  
 ACCTACGGCACCTATCACGCCATCCATGATGGGAAAAAGAAGTGGTTCGGATCTCGGAGCGGGCGTGCCGTAGGC  
 ATCGGCCTGCTGATCTTGATCATTATCTCGTACCAAAGCCACCACCATCATGTAA

>CP76, 387 bp

ATGCCCCAAGAGCATCTGTTTCAGGATGGGACCCTCAGCTTCTGCGGACCCGTTTGAACCGGCAACCGGTGGTC  
 ATCGGCGGCCTGACTGCGGACGAAATGTGGATCACGGTCTTACCAGCGGAGCAGCCGGGTTCTGTAATTGGC  
 CCGGCTGCCTTGGTTCGAGGTAACGCTGCCTGCATTCCACTGGGCGCGCTGCTGGTTCGGCGCCCTCGGCCTGGGT  
 ATCGGCAGCCGCGTCTGCGGCGGATGAAGCGGGGGCGGCCGATACTGGTCTACCGCCAGGTGGAGTTGGCC  
 CTCTCGCTGCGCGTTCCCGTCTTCGGCAACCGTGCCTGGTGACGCGCTCCGGCGCCTGGACCAGTCGACGCACG  
 GATCCCCATGA

>CP77, 660 bp

ATGAGTTTTAGAAAACACACCGCGCAACAGCAGGCACACATCAACACGTTCCGGTTCATCACCGGCTTCTTGTGC  
 ATGGTCATCGTGGTGTGGCCTACTGCGTCTGGGAAGCCCGCAAGGACCTCTGGATCCACATTCGCCCCGACCTG  
 CGCTCAGGGAGCACCCGGTTGTGGTGGGACATTCCGCCGAGAGTGTCTATGCGTTCGGCCTCTACATCTTCCAG  
 CAGGTACAGCGTTGGCCCAAGGACGGCGAGGCGGACTACAAGAGCAACCTGTTCCGCTACGCCGCTACTTGACG  
 CCTGCCTGCAAAGTCTTCCCTGGAGAAGGACTTCGAGTTTCGTCGTAACGCCGGTGGAGCTCAGGGGGCGGAGCGC  
 ACCACCTCGGAAATCCCCGGTTCGAGGCATTGGCGAGAGCAATGGCCGCGTGATCCAGCACTCGATCAATGACTGG  
 ACCGTCAACCTGGACATGGACAGCACGGAGTATTACGCCGGCGAAAAGATCAAGCGCGGCTGGCCCGCTACCCG  
 TTGCACGTATCCGCGCCGACGTCGACCCGGAGACCAATCCCTTCGGCCTGCAGTGGGACTGCTACTCCGATACG  
 CCTCAACGTATCGAACTCGAGGAGCCGGTGCACCCCATCAAGCGGGAGGGAGGTCTATGA

>CP78, 885 bp

ATGATCCGGAAGTCGACAGCCACGCTCTTGCTGATGCTTGCCCTTCCCGCACTGGCCCAAGCGGTGGAGATTCTG  
 CGCTGGGAGCGCATTCCGCTGGCCATTCCGTTGACGGTCGGCCAGGAACGCATTGTATTCTGTCGACAGGAACGTG  
 CGAGTTGGCGTTCCCTCGGGACCTACAGGGCAAGTTGCGCGTCCAGAGTACCGGCGGTGCACTCTACCTGCTCGCC  
 AACGAGCCGATTCTCCGGCGCGCCTGCGCCTGCAGGACGCGACCAATGGCGAGCAGATGCTCATCGATATCGCC  
 GCCACCGAAGCCGACCCGATCAACAACCGCGCGAGCCGGTTCAGGATCGTTCGCCGGCGAGCCCGTGGTCCGCGAC  
 TATGGCCAGCCCCGGGAAGCCAGCCATCGGCAGCAGCGAAAACAGACCGAGCAGGCAGAACCGAAGGCCGCTG  
 CCGCGCGAAACGCCCGTCCCCGTGGTTCTGACGCGCTATGCGGCGCAGATGCTCTATGCCCGCTTCGCACGGTG  
 GAACCGGTAGATGGCGTTCGGTTCAGGTGCGCGTCAAGCGACAGCTCGACCTGACCACCCTGCTCCCCAGCCTACCC  
 ATCACGGCTACCGCCATGGGCGCCTGGCGGCTGGACGACTACTACGTACGGCGGTGAAGCTGCAGAAATGCCAGC  
 GCCACGACCTGGCCCTGGATCCCAGGGACCTGATGGGCAATTTCTGTCGCCGCAACCTTCCAGCACCCGTAATTG  
 GGACCCCGGGGCGACGCTTCCGACACCACCACCGTGTATCTGGTGCAGCGCGGCCGCGCCCTTGCCGACGCGCTC  
 CTGCCCTCCTCCATCAGCCAGATCGATCCCAAAGGAGGCCGCTCGTGGCGCTGACCGGTAA

>CP79, 1428 bp

ATGATGGGCAAGAAGGAAAGCGCGCAGTCAACAAGGCGCCGCAACCCCGACGGTAACGTCGGAAGAAGCGGCAACC  
 CTGGGCATCGACGGCGACACGCCCCGCGACACACTGCGCACCATCGTGGCGGAAAGCCGGCAGCTCAAGGACCAG  
 ATCAGCAAGGTCATCCAGGAGAATGACTCGCTCAAAGCCGCAATGAGAACCTGCAGGGCCGCTGCGCAACATC  
 GATCAGAACATCGAGCAGAAGCTCAACAACACCGCCAGGAGCTGCAGCAACAGCAGGAGAACCCTAGCCAGACG  
 ATCCTGGACCAAGTACAGAAACGGCTCGAGAACCTAACCCACGTTCCCGAGGGCCGGCGACACCGACCTGCCCCGTA  
 GGATTTCGGCGTGCAGCCAGAGGATGGCCAGCACTTTTCAAGGAGCGGGCTCGTCTTCATCGGACATCGTCTGGATC  
 GAGCCCCAGGACGCCCCGCGCAGTCGATGCCAATGGCCAGCCGCTGGCCGCGGGCTCCACCACCAACCGAGCGGA  
 TTCAGCTTCCCGACCTCCTTCGGCAATGCGGTGATCGCGGCCAGAACGCGCTGGAGCGGATCGATGACGGGCTG  
 CACCCCGTCGGGCAACAGCAGTCCGACCTCGAGAACCAGCAAGCTCGTCCGCAAGACCTACACGCTGCCGAGA  
 TCAGAGCTCATGGGTCGGTGGCCATGTCTGCGCTGATCGGTGTCGTGTGCCGGTCGACGGGACGCTCAATGATCCT  
 TACCCGTTCAAATCCTCATCGGCCCGGACAACCTCACCGCCAACGGCATCGAGCTGCCGGACGTCGCCGGCGCG  
 GTAGCCAGCGGGACCGCTCGGGGCGACTGGACACTCTCCTGCGTGCCTGGGCAGATCCGACGCTCACGTTTCGTG  
 TTCAACGACGGGACCGTGCACACTTCCCGGCGCCGGCCGAAGAGGTGAATGACAACCAGAGCAACAACAACCAG  
 ACCGCCAGCGCCGACCAGAAAACCATCCAGGGCGGCTCGGCTGGATCAGCGACCCCTACGGCATCCCCTGCATC  
 GCCGGTGCATCGCCGATCCAATGCCAAGGAGTACCTGGGCAATCAGAGCCTACTCACGGCTGCCGGGGCCGGCATC  
 GCCAACTCCTGGACGCCGACGAGAACAACACCAGTACCGTCTTCAGCGGCAACGGCACCAGCTTCGGGACGACC  
 GGAACCAACAGCAACTCGGCCCTCAACAGCATCCTCTCCGGCGGGCTCGGCGACATCCGGCAGTGGATGAACAAG  
 TTGTACGGGGAGGCCTTCGCCGCGCTTACGTGCAACCGGGCGCGGGTCCGCGTGCATCTCGATCAGCAACTG  
 GCGATCGACTACGAACCTCAAGGGCCGCAAGGTCGACTACAGCTCTGGAGCCGCTCATGCAACAGCAGACCTGGAC  
 TAA

>CP80, 348 bp

ATGCTGCCCCACGGCGAGGCCAACATGCTCGACGCTTGGGAACAAGGTGCAACCAGCTCGATAGGCAACAGCCGT  
 GGCCGGCTGCTCCTCGATGCCAGGCAAACGCTGCGGCGCCGATCGATCCGCAGCAGGCTGCCCTCCGCGAACGAC  
 CAGGCCGACTACACCCGCACGGCCAGCAACGAGATCCACAGCCAGTTCAAACGACTGCCCAATCCCAGCTGGTTC  
 ATGTATGTGTTCCCGCACCTGGCCGGCAGCGATCCCGCCCCGGTACCGGGCTACACCACCGTGTTCCCCTTCTAC  
 CAGCGAGTCCAGTACGCCATGCCGGGCGAGCGTACGGAGGACTACTAA

>CP81, 2943 bp

ATGAGCCTCTTTCAAATCTTCTGCGCGGTGCGACACAGCCTCAGTCGGTACCGGCAGAGGCTCCCGAAGATTCA  
 GGAGCGCTGGACGTAGCGGCCGCGGAAGAAGCGACTGAGCGCTATCTGGCGCGACTGGCCGCCATGGGTATTCCCT  
 CTGCCAACACCGGGAGCAAGAATGGCGCCACGCAGGCTGAAGCGTCACGCTCTACGATCACGACCCATCGTTC  
 GTAGACCTGCTGCCCTGGGCTGAGTACCTGCCCGACGAGCAAGTGATGCTCCTGGAGGATGGGCGTTCGCGCGCC  
 GCGTTCTTCGAGCTGGTGCCTTGGGCAACGAGGGCCGCGATCCCAATTGGATGCAGAACGCCCGGGACGCATTG  
 AAAGAAGCCCTGCAGAACTCCTTCGACGAGCAGCAAACTCGCCCTGGATCGTCCAGTTCACGCCAGGACGAG  
 ATCAGCTGGGACAATTTCCAGGAGCAGTTGAGGCAGTCCATCCTCGAGCGGAGGATCGGCTTCAGCGAG  
 ATGTACCTGGCGCTCATGAAGCATCACCTGGAGGGCATTTCGAAGCCGGCGGACTGTTTCGTGACACCGCCGTC  
 AGCAAGCTGCCCTGGCGAGGACAACAGCGGCGCGTGCAGGATGGTGGTCTACCGCCGGATCCGCAACCGGATGCG  
 CAGATTCGCGGACAGGACCCGGCGGCGTATCTGAAATCCATCTGCGAGCGTATCCAAGGCGGCTGGCGAACGCC  
 GGTATCGTTCGCTTCGCGCATGAGCGGCCAGGAGATCAGGAACTGGTTGATCCGCTGGTTCAACCCGCACCCGGAT  
 CACCTCGGCAAGACCGATGCGGATCTACGTCGTTTCTACGAACTGGTCTGCCGGCCGGACGAACCGATCCTGCAG  
 GATGAATTACCACTGGCCGACGGCACCGACTTCTCCAAAACCTGTTCTATCGGCAGCCTGTTTCCGATGCCACC  
 CAGGGCGTATGGCTCTTCGATGCCATGCCGACCGAGTGCATCGTGGTGCAGCAGTTGAACAAGGCGCCGCTGACA  
 GGGCATTTCACCGGTGAGACGCTCAAGGGCGATGGCCTCAACGCCCTGTTTCGATCGCATGCCGAGGACACGCTG  
 CTGTGCATCACCATGGTTCGTGACGCCGCGAGGATATGCTGGAAGGGCACCTGCAGCAGCTCTCGAAAAAGCCGTT  
 GGTGACACCCAGGCATCGATCCACACCCGAGAGGACGTGGCCACCGTAAGACGCTGATCGGCCGAGAGCACAAG  
 CTCTATCGCGGAGCGATCGCTCTGTTTCGTGCGTGGCCGCGACCATAACCGAGTTGGAGGAACGCTGCATCACCCTG  
 AGCAACGTGCTGCTCGGCGCCGGCCTGGTGGCCGTCGAACCGCAGAACGAAGTCGCACCGTTGAACAGCTACCTG  
 CGCTGGCTGCCCTGCAATTTTCGATCCGAACGAGAAGCGAGCCCTGGAGTGGTACACCCAGATGATGTTTCGCGCAG  
 CACATCGCCAACCTGTGCGCCATCTGGGGGCGCACACCAGGTTACCGGGCACCTGGCTTCACGCTGTTCAACCGT  
 GGCGGTGCACCGTTGACCTTCGACCCGTTCAACAAGCTGGACCGGCAGATGAATGCCACGGCTTCATCTTCGGG  
 CCAACCGGTCGGCAAGTACAGCTCCCTGACCAACCTCATCAGCCAGATGCTCGCCATGTACCTGCCACGGATG  
 TTCGTCGGGAAGCGGGCAACAGTTCGGCCTGCTGGCCGACTTCGCCAAAGCGGTTTCGGCTCTCGGTCCACCGG  
 ATCCGCTCGCCCGGGCTCCGGGGTACGCTGCGCCGCTTCGCGGACGCCATCAAGCTGGTTCGAGAGCCCGGAC  
 CTGATGAAGATCTTGGATGCCGAAGACATCGAGGACTCGGTTACCGTCCAGGGCAACAAGACCGGATCGAGGAC  
 GACCAGCGAGACATCCTGGGCGAGATGGAGATCGTTCGCGCGCCTGATGATCACCGGCGGCGAAGAGAAGGAGGAC  
 GCGCGCCTGACCCGTGCCGATCGCAGCGCCATCTGCCAGGCAATCCTGGCGGCGGCCAGGACCTGCGCCGCGCGG  
 AACCGCACGGTACTGACCCAGGACGTGCGCGATGCACTCTACCAGGCTCCAGGAGCGATGGCACCGCGCCAGAA  
 CGACGCGCGGGCTGGCCGAAATGGCGGAAGCCATGCAGATGTTCTGCATGGGCGCCGACGGCGAGATGTTCAAT  
 CGCGAAGGCACGCCCTGGCCTGAAGCCGATCTCACCGTGGTGGATTTTCGCGACCTACGCGCGGAAGGCTACGCC  
 GCCAGCTCGGAATCGCCTACATCTCGTTGCTGAACACCGTAAACAACATCGCCGAACCGGACAGTTCAAGGGC

CGGCCATCGTCAAGATCACCGATGAAGGGCACATCATCACCAGCACCCGCTGCTGCTGCCCTACGCCATGAAG  
 ATCACCAGATGTGGCGGAAACTGGGTGCCTGGTTCTGGCTCGCCACCCAGAACATCGATGACATCCCAGCCTCC  
 GGGGCGCCGATGCTGAACATGATCGAGTGGTGGTTGTGCCTGAACATGCCCCCGACGAGGTAGAGAAGATCTCC  
 AGGTTCCGCGAGCTGTGCGCCGGCGCAGAAGTGCATGATGCTCTCGGCCCGCAAGGAAAAGCGGCAAGTTCACCGAG  
 GCGTGTCTCTGGCCAAGGGCAAGGAGTACCTCTTCCGTGTGGTTCCCCCGAGCCTCTACCTGGCCCTGGCAATG  
 ACCGAGAACGAAGAAAAGAACCAGCGCTACAACATCATGCAAGCCACCGGCTGCGACGAGCTCGAGGCGGCCCTG  
 CAGGTCGACGCGATCTCGACAAGGCGCGAGGCTGCCGCCCTTCCCCATTATTTTCCAGACCAACCGGCGAGT  
 GAGTGCCAGGACGAATGA

>CP82, 285 bp

ATGAGAGCTCTGAATTCGCTGACCCAGAACCTGATCGACAACCTGACCCAGATCCTGCAGAACCCCGAGGAAGAT  
 GCCCTGCAGACGCTCAGGATATGCGCTCCTGTACTGATCGAAGAGTTGCAGCAGATTCAACTGAGGGCGGTCGAT  
 CGCCGGGATATCGTCCCGCAGATAAAGCAGCTCCTGGATGAATGGCTGCAACAACATCCACAGCCTGATACGGCC  
 CAACAGGCGCTCATCGAGGCCGTGGACCGCGCGGAAACCCACAGCGGAGGCAAGCGTGA

>CP83, 657 bp

GTGAGACTGTTGAAGGGCGGCTGGGCAGCGAAACGATTTCAAGGTCGCCCTGCCCTGGGCGGGGCTGCTGGTC  
 TTGCTGGTGCATCCGCCGTTGGGGTAGAGCTTCTGGTGAAGGGGCTGCCAGCCAACACAGCCTCTACGGCGAT  
 GCGAAAGCGCGCTGGACGATCAATGAATACGCCGACCTGGAGTGCCCTTCTGCAAGGTCTACACCCCGGGCTT  
 AAGCGCTGGGTAGACAGCCATCCGGACGTGAACCTGGTTTTGGCGGCATCTTCCCCTGCAGATGCATGGCGAGGCG  
 GCCCGCCACCAGGCTCGCCTGGTGGAGTGCAGCGGGGATCCAAGGCGGCGCCAAAGCCTTCTGGAGCGCTATCGAT  
 GCGATCTTCGCTCAGTCGGCCGGCAACGGGGGCGGGCTGGCTGGCGGCACATTGGACTTTCTGAACTGGACCAG  
 TCTCGACTGGAGAAATGTGCGAAAGACATGGACCTGGTGGACCAGTTGATTAAGACGGACATCGACACTGCACGG  
 TCGAACGGCATTACAGCGACCCCGACCCTGGTCATACGGGACAACCAGACGGGACGAAGCGTGAAGCTGGAGGGA  
 ATGGCCGACGAAACCACGTTGCTGTGCGGCGATAGACTGGCTAGCCAAGGATCTCTAG

>CP84, 1188 bp

ATGGACCGAGTTATCATCGTTCGGCGGCGGAGTAGGTGGCACCATGCTCGCCAACCTTCTCGTGGCCAGGCTCTAC  
 GCTGAGGTCCTCAGCGGCAGAGTGCAGGTGATGCTGCTATCGGATTCGCCGATCACTACTACAAGCCGGCGTTC  
 ATGTACGTCGCTTTCAGCAGTTCTTCTGGAAGATCTGAAGCGACCGGAACGTTTCGCTGTTGCGCCAGAAGTG  
 GAGTTCGAGTGCACAGGTGGTCCGCTTCGATTTTCGCTCGCCAAGAACTGCATACCCGAGTGGCAAGCGGCAC  
 GGCTACGACTATCTGGTCATTGCCACTGGCTGCGGTGCCGCTCCCGAGCGGATTGAAGGCTGAAGGAAGCCGCG  
 GAGCATTCTACCAGTACCAGCCGCGCGCCGGCTGGCGGAGCGCCTTGCCAACCTGGAGTCGGGCCGGATTTTC  
 ATCACGGTGAGTTTTCCCGAAAACACCGAACGTCGCCACCAGTGCGGGATCGCGCCTGTGGAGACCACCTGATG  
 CTCGATGACTATCTGCGCCGTCGGGGCGTCCGCGAACGTTGGAGATCGTCTACACCTATCCCACCCTGCCCAG  
 CTGCTACGCAACTGCCTGTTCTGCAACGGCCAACCTGCGAGATCCTGCCGAGTCTATTTCGAGCAGCGTGGCATT  
 CGTTTTCCAGCGTGGTTTTACCTTGGCCAGGGTCGACCCGAGCGGCGCATCGCCTATTCCGAAGAGGGCGATGAG  
 CAGCCCTTCGACCTGCTCATGGCGACGCCGCCGATTTCGCGCAGTGGATGTCGTCAGGGAGTGTGGCCTGTCGCAA  
 TCCGCCCGGACGAAGGCTGGTTGCCGACGAACCATGAAACCTTGCAGGTGATGGCGCCGAGCGGGTGTATACC  
 CTGGGCGATACCGTCGATCTACCGGTGAGCAAGGCCGGAGGCGCCTGCCACAACCAGGCGCCGCTGATCGCCAGC  
 AACATCGCCGCTGAGATCCGCTCGGCAGCCCTTGCACAACCTACGACGGACGGGTTTCAGGCCGTCGCACAGATG  
 GGCCTGAACACCGGCATGCCGCTATGGTACGACTACAGGCACGACGTCACGCCGACCCCGCAACCAAGCTTGGC  
 GGTCTGTTGCGCCAGGGTTTTCAATCGCGGGCTGTACTGGGCGGTTCGCTCGCGGAATGCTTTGA

>CP85, 423 bp

ATGGATAGCCATCAGCAGCCTCGCGCCGCGGCGCAGGCCGATATCCCCTGTTCCCCCAGCAGACCCGGGAGGGC  
 CTGCAGGCCCTGCTCGACAAGCTGCAGCCACTGATCGAGGGCCACCGCCTGGACAACCTGGTCGACCTGCTCTCG  
 CTACTTTTCGGATCTCATCGACCTGCTCGACCCGGCCATGGTGGACAGGCTGGCATCGCTCTTCGAGCAGGCCACC  
 AATGTCGGCTGGTCCGTCGGCAACGCAGTGCAGGTCGGCCAAGGCCGAGGTGCTGCGTGAGCAAGCGCCGAACCTT  
 AAAGACCTATTGCGGCTGTTGCGCGATGCCGATACCCGACCGGCTGGCGCTAGCCCTGGGGACCTTGCAGCAGC  
 CTGGGGCGCCAGATTGCCGCGGAGCAGGAGATCACCCATGGTGCCTGA

>CP86, 867 bp

ATGGTGCCTGACGACAGCTCAGCCGTGCGAACACCGAGACACACTGGGATCCTTCCGCCCTACATGCAGTTTGCC  
 CGGCTACGCCAGCGGCCGGTGGTTCGAGCTGCTCGATCATATCGAGATGCACGCCCCCAGCGGATTTATGACCTC  
 GGCTGCGGCACCGGCATTGCCACCGAATTGCTCGCCCGCCGCTGGCCGGATGCCGAGTTGCACGGCGTGGACAGT  
 TCCGCGGAGATGCTCGCAGAGGCGGCGCGCTTGCCGATCAAGGCATCCTGGGAACGTGCCAACCTGCAGCACTGG  
 TGTGCCGAGCGTCCGGGACGCTGATATTGCGAGCGGCGGTGCTACATTTCAATTGAGCGCCACGGAAGCCTGCTT

CCGCGCCTGCTCGGGCAGTTGAGCCCCAGCGGCTGCCTGGCGGGCAGACATGCCGAACTGGCGGATGCATCCTGG  
 TATCGCCTGATGCTCGACGCGCTGGACAGCGCCGGTCTGCTGGCTCTCCACTCGGCAGCCCAGCGCTGCGCTAC  
 CTGATGCAACAGCGCAATGTGCTGTCTTAGACAACACTACCGCCTGCTGGCACCGCTCTGCGCAGAGGTAGAT  
 ATCTGGGAGACCGAGCACCTGCAGGTGGTGGATGGTAACGACCCGATCTTCGACTGGGTGAAAGTGTGACCCCTG  
 CGTCCGGTGTGCTCGGGCAGTTGGACGAGGAGGCCCGGGCGGCTTCTCGATCGTTACCTGGAAGTGTGACCCGT  
 TACTACCCACGGGAGCTAGATGGACGAACGCTGTTCCCGTTTTCGCCGCGTGTTCATCGTCGCCAGCCTTGCGCCA  
 CTGAAGACTCGGGCAAACCTCCGCCCTAAGGATGAAGCTTAA

>CP87, 432 bp

ATGCCTCTTCATCACTCTCCCCCTGGCTGGCAGCCACACACGCTGGCCGTTGGCTTACTACTGGTACTGCTGAGC  
 GCGCGAGCCAGGCCGAAACCTGGGTCAACCGACAAGGCTCATCCGGTACCGCCACCGGATCATCGCGAGTC  
 CTGCTCCTGGATGCCAGCAGCACCTTGAGGAGCAGCTGACTGACGCTCTACCAAGGATCCTCAACAAGCTCAG  
 GCAGCATTTAGCAGTTACTACAAAGCCCTGCGGGGCGACGCTGCAGGCAGAACTGGTTAAGGCACAACAAGAC  
 GTCGCCGATGCGTGGAGTCTCGGTGTGAGAAGATCCCTGCCGTGGTAGTCGACAGGCAGTACGTGGTCTACGGC  
 GAGCCGGATGTACC GCGCGCTTGAGCTGATCGCCAAGGCCAGGAGGTGCGCCTGA

>CP88, 939 bp

ATGACCAGCCACAACCTCCGCCGCTGGCAGCGGGCGGCCACCTTCAGCCTCTCGTTCACGGCCTCGGCCGCG  
 ATCAACAGCGCCGCATCGTCTCCTCCACCCTTTCGCCCCAGTGCCTCGAATACAAGGTCGTGCGGATCTGCTAC  
 TGGCTGCTCTGCGGCCACATGGCTGCAAGGTGAAGACGTCGGTCAAGGTCCGCCACTACGTGCTGACGCAGTC  
 GTCTCCAGCTATGCGAATACCGGGAGCAACCCCTGGACCGAGGTGTGCGGCTGGGCACACCGAATCCACTCGCC  
 CAGGCCGGCAATGACGCGACCACCAACTACAAGACCGAGAACAGCATCGGCCGCTTCAAGGAAGCGGATGTGATC  
 GGCCATCCTGGCGGAGCCACGTTTCAGCCGGTTCGCCAGCGCCTCTGGGTACGTTTGTCTGGCGCTACCTTCCCG  
 CTGGTGCCTACTTCTCAGCACACTGGACGCCATTGGCTGGCGGCATGGAATTCGAGCAGGTGTACCCCGAG  
 GCGTTGGTCCCAGGGCTGCGCGAGGTGGGGGAATCTTCTCCGGCGACATGTGGGGGAACCTCTATCCGCGCAGC  
 GGATTCCTGCACCAGACCGACGACTACAAGACGGCAGCCGTCATCGCCAGCGCGCCGGCGATATCACCACGCGA  
 ATCGGCCAACTCCACGTCTACCTCCCCATGCGCGCAGCCCCAAGGACGGCTACTGGCCGGCGGGCGAGCTGAAA  
 GAGGGCGATGCCTCTACCGGGAAATGGCAGGAGCTGACCCCGTCCCTGAGCCTCAACTGCGCGGTGTTTCCCAAC  
 TCAGGACCGAAGACGCAAGCCGTCGACGGCGATTACGCCTGGGCGCTCTGGCGTCCCTACTCCTGCTGCCAGCGC  
 AAGGGGCAGATCTTCTCGGCAGTACCGACTTCCAATAA

>CP89, 1566 bp

ATGGCAGGAGCTGACCCCGTCCCTGAGCCTCAACTGCGCGGTGTTTCCCAACTCAGGACCGAAGACGCAAGCCGT  
 CGACGGCGATTACGCCTGGGCGCTCTGGCGTCCCTACTCCTGCTGCCAGCGCAAGGGGCAGATCTTCTCGGCAG  
 TACCGACTTCCAATAAGGACACGGAGACGAATCATGCGAATGAACATCACCTCGGTGCGACTGACGTGGCTGCTC  
 GCAGCGCAACTTGCCCAGGCCGACGACCCGATCAACGTGTCCAAGACCGGCACGGTGTCTAGCGACGAGGTCCCTC  
 TACAGCATTGGCGGCGGCAGCGCGGTGAGCATGGGCAGCGCCGGCCAGATGGACTCGATCGGCGTGGCTTCGGC  
 TGGAACAACGACATGATGTGCGGAAACATGAACCTGAGCACCACCCTGGAGAACCAGCTCAACGGTGCACACAG  
 GGTTCAGAACATCATGGGCTCAGTCATCCAGAACCGACCGCGCGGTGATGTGCTGCCGGGCTTGATCATC  
 CAGCGCGCAACCCCTCAGCTCTACAACCTGATCACCATGGCATCCTGCAGGCGCGGATCGACTACGACCGCTCG  
 AAAGGGACTTGCAGAGCGATCGCCGAGAAGATGGCTGACATCGCTGGCGAGCAGACCGGCTGGGGGAAAATCGCC  
 GAAGGCCAGGCCCTGGGCGCCACGCTGGCCTCTGGCGGGAAAGACGCCGTATCCGCCCTCGAAGCGGTGGAGAAG  
 AAGGGCGGCAACGATGGCGTAACCTGGGTGCGTGGAGACAAGGCCGGCGGCTCCGGCCAGAAGCCCATTGCGCATC  
 GTCAACGACGTGACCCGGGCGGGCTACAACCTGTTGACCAGCCGCTCAGTGAATGACTCGTCGAGCGTGCCTTCC  
 GCCACATGCAACAATGGCCTGGTCTGCAACACCTGGTCTCCCCCAGGAAGCCGCGGCTTCGCCACCCGGGTA  
 CTGGGCGAACAACAGCAACAGACCTGCGAAGGCTGCCAGAAGACGGTGACGGCTGCAGGCGTTCGGCCTCACCCCG  
 CTGATCCAGGAGACCTACGACAAGAAGCTCCAGTCGCTGCAGGAGCTGCTGTGAAAGACAAACCACTGACTGCA  
 GAGAACCTGGCTGCGGCCGCGCCGATGCTCTGCCAATTACCCGCGGCGTCATCGAGGCGCTGCGCGACGAGCGT  
 GACCAGGACCTCTGGCGCCGCGCCCTGGCGTCCGATGCTCTCCCTGATGGACGCTGCTCAGCAAGGCACTGCTACTG  
 CAGCCCTGATGTTTCCGCGGCCCAAAGAGCCCAACGTCGCGCCCAACGGCCTGGCCACCAAGCCGTCGATCAG  
 CAGACCAGCCTCCTGCAGCAGGAGATCTCGAACCTCAAGACCGAAGTGAAGTCCGTCGCGAGTTGGCCAGCAAT  
 TCGCCCATGCGGGTTCATCGAGCGCGGGCAACAGCGCGCCTCAGGGTCCAGTGGCGTGTTCGAGTCCGGCGCCGAT  
 GCTGATCGCCTCGATCGCCTGCAGGCCCCCTCTGCCCGGGCGGCAAGTCCGGAGGGAGACCGTGA

>CP90, 348 bp

ATGGCAGATACGCTCACACCCGAAAGCTCCTCGGCCAGCTACTGGTCCGAGTGTGATCGTTCGGTCTGGCA  
 GTGGTCCGTACGCTGCTCAGCCTCTTCGCCCTGAACCACTTCGGCGGCATCCAGGGCCTGGAGGCTGGCGGCCAA  
 AGCAACTACTGGAGTTTGTCTCCTGGAGGGCGCTGCTGTACTGCGCCCTGGCCATCGCCTGGTTCGGCTCAAG

CAGCGCAGGGAAGTCTGAGCGCGCATGAGCGGCAGCGCATTTCGGCGGATCGAGATCCTGGTGCTGTTGCTGATCCTG  
CTCATCGAATTCAGCAAAGCCTACTTCCGCACGGGAGGCGCAGCATGA

>CP91, 1536 bp

ATGACCTTCATGACCAATGACTACCTGGAGTATTACCTCACCCCTCCTCGGCTGGATCATCAACAACGGGATCTGG  
AACATGATCTCGGATACAGGGCTGTTTCGCGGTGCCCTTCGTGGCCATTGTGATGCGTGAGTGGCTGAAAGTTCGC  
GGGAAGGCGCCGACGAGGGCAACAAGGGCGTGTGTCTCTGGCCCGCATCGAGACGCATATCTACGTGGCTAT  
ATTGTGGTTCGCCCTTTCGCGGCATCCCGGTTCGTCAACGTGAGCTTCGACACCATCGAGTTCGACCAGGCCCGCGCC  
CAGCAGTGCCAATAACAATCTGCCGGCACCGGCGGACACCGGCTGGTTCGAGCTCCTTCAGCAGCCTGGCCGGCAAG  
AGTGCAGATGCGCTCTGGTGGGCGATGATGCACGCCCTGTCCAAGGGCTTCACCGCCGGCGCGGTAGCGGCC  
ATTTCCTTTCGCGCACGGATCTGCCGCGAGATGCGTATGGAGGTGGATAACACCCGTGTGAACAACCCGCTGCTGGCA  
CAAGAAATCGCTGACTTTTCCAGGGACTGCTACGGACCTTCTCGTGCAGCGGCTGTTTCATGCGGCAACCCGATCTG  
GGCTCCGTTCGCGGAGGACAACAAGGGCGTACAGGACCTGAACTGGATCGGCTCCCGATTCTGTTGAACACCCCG  
GGGTACTACGACACCGACTACTCGAAGAGTCCCCGTGAGTCGTGGCCCTACAACGCCACCCGCGACGCCGGGCTG  
CCCCAGGTGGGCGGTGGTGGTGGCTACCCTACCTGCAAGCAGTGGTGGGCTGACTCAGGGATCGGTTTTCGCTGAT  
CGGATCAAGGGCCAGGTGGATCCGGACCTGATGACCAGCTTCTCAAGTGGGCGAAATGGCTGAACCAGGACGAG  
GTGAGCGAGGCAGTCATCCGCCAGGTGATTTACCGTCCAGCCAGGTCAAGGGCAACGTCTACACCGATTACGGC  
GGGCAGGTTGGCGGCACCATCTGGAATGGACTGGCTCGTGCAGGAGGCACCCCTCGGAGTGGCAATGGGTAGCCTG  
GCTTACTTCCCGCGATGGATATGGTCCGCCAGGCGCTGCCGATGGTGTGATGTCATTCCTGAAAGTGGCCATGGTC  
ATCTGCATTCCGATGGTTCGTGGTTCATCGGCACCTATCAACTGAAAGTTGCCATGACGATGACGGTTCGCTTCTTT  
GCAATGATATTTCGTCGACTTCTGGTTTCAGTTAGCCAGATATATCGATAGCACGATACTTGATGCTTTCTATGGT  
TCGGGATCACCACATCTTTTCGTTTCGACCCAGTCAATGGGACTGAATACGGCGACTCAAGATGCAATCTTGAACCTC  
GCTGATGGGGCGATGTTTTCATTATATTGCCCATGCTGTGGGTAAGTACTGCTGTAGGCTGGGCGAGGCTCCAAGTTGGA  
GCTCTCCTCAGCGATCTCAGTAATGGAGTCAAAGGGTCCAACAGGCTGGGGCACAGGGTGGTGGCGTAGCTAAG  
CAGGCAATATCGTCTTCTCACCCAAAGGGGACTAA

>CP92, 333 bp

ATGATCTGGCAAGCCTTATGGCATATTATGCCACTAGCTATCTGCCGACTGGAGCCCCATGGCAACTCGAAAC  
GTCGTCCTTCCCGATCCGCTGGAGCAGGACATCAACGAGCTGGTGGAGACCGGCCGCTATCAAAACCGCAGTGAG  
GTCATCCGGGCGAGGCTCCGCTGTTGCTGCAGCAGGAAGCCAGAATAGCGCCAAGCTCGAAGCCCTCCGCAAC  
GCAACATCCAGTGGGCTGATGCAACTGGAGCGCGGCGAGTACGACGAGATCACCAGCGACGACCTGGCCCAATAC  
CTCGACGAGCTCGGCAACCAGGCGAGCCACTGA

>CP93, 351 bp

ATGGCCAAGTACCGCATATCCCATGATGCCAAGCGGACATCGTTCGATATCCTGCGCTTCACCCACAACCGATT  
GGCGATGCCGCGCGCCGGTGTACCAGGCCCTCATCGGCACCGCCCTGGAAGCGGTTGCGACAGACCCACTGCGG  
CTCGGCAGCCTCAGCCGCGAAGAAGAGGGGCCAGGCTGCGCAGCATCCACCTCGTTTACTGCCGCTCGATGCC  
AACGTGGTAAGGTTGTTTCGGCGCAGGCACTTCGTCTTCTACCGGTGGCGACAGCTCAGGTCTCGAGGTGGTT  
CGCGTGCTTTACGACTCGATGGATCTGGATCAACACCTGCCTCCTCGATGA

>CP94, 8514 bp

CTAAAGGCTCAGTCGCAAGCGGTGTGCTGACAATCGAGAGGCACCCGCACTTGGCCATCGATACACTCCACTTC  
GACGCCGTTCGAGGAAAGCCTCGCGCACGCCGTGGCTTCGCCCTTCTCCGGACTCCACCTGAATCTCGTAGTGCC  
CCCCTCCACCTCCAGGCTTACCTCGAAGCCCGACCATGTCACCGGAATGCACGGATCAATCAGCAACCAGGCACC  
CTGCCGGCGAATTTCCAGTAAACCTTCGAGTCCGGCGCGGTACATCCAGGCGGCAGAGCCGGTATACCAGGTCCA  
GCCACCACGGCCGACATGCGGGCGCCTCGGAGTAGATATCGGCGGCCACACATAGGGTTCACACTCGATAGCGTTC  
CACCTGTTCCGGTGTGAGCGCGTGGTTGATTGGATTGAGCAAGGAAAGCAATGTCCCCGCCCTGTCCCCCTTTGCC  
CTGGCGGACAAATGCCAGGACCGCCACATGGCCGCGTGGCTGTATTGCCCGCCATTCTCCCGCAGGCCCCAGTGG  
GTAGCCGCGGATATAGCCGGGATCCGTGCCCTCTCGTTCGAAAGGGGGCGTAAACAGCAGCGCCAATCGATCGAC  
TGGACGTAGCAGGTACCTCTCCAGTGCAGGTCATTGCCATTCCCGCCCGCAGTGGGTTCGGCGCCCGCCAGGACGGC  
CCAGGACTGTGCGATCGAATCGATGCGGCAGGCTTACCATCCTTCGAACCCAGCCAGGTTCCGTTCATCGAAGGT  
CGCTCGGCGATACCAGTGGCCGTCCCAGGCTCGCGCTCCATGGCCAGACGCAACCGCCCGGCATGTTTCGCGCCA  
GTGACGGGCTCGCTCAGGGTCACGCGAACGGGCATAGCCATCGAAGCGCGGAGAGTCTCCAGCAGCAACCAGCC  
GAGCCAGACGCTCTCTCTGTGCCGCCGGCACCGACGCGATTTCATGCCGTGTTCCAGTTCGCGGAACCAATCAG  
CGGCAAGCCCAACTTACCAGTCCAGCGTCCAGGCTCCAGGCTCGTGCACAGTGTTCGAATAGCGACGCGGA  
CTGCTCCGACAGCATCGGCTGGAAGAAGGTGTCTGCTCGCCCTCTTGCAACGGCGGCCCTTCGATGAACGGCAG  
GACTTCGTTCGAGAATCCCGATGTCCGGCCGTCCGCTCGAGATACAGCGAGGCAGCATAACGCCAGCCAGCCGGTTC  
GTCGGAAATCCGCGTCTTACCCTGTCCCGAGTGCAGGCGAGCCACCAGTGTGCACATCACCCCTCGCGGAACTG  
CCGACCGGCGGCGCGCAGAAGATGCTCGCGGGTCCAGCGCCGGAGCGGCCAGGGACAGAGCCATGCCATCCTGCGAC



TTGATCGCGGAAACCATAGGCGCCGCTGGCCTGGTAGAACGCCGAGCGCGCCAGACGCGACAGGCCAGGGTCTG  
GTACAGCAGCCAGCCGTTGAGCAGGATATCCAGCGAACGCTCGGGACTGCTCACCTGAACGGCTCCAAGCAAGGT  
CCGCCAGTGCCTACCAACACCCGCCAGCGTCTCTTCCGGATCAGTCCGACGGTATCGCGTGACCAGATCACGGGC  
ATGAGCCAGGGAGTCCGCTTGGCCGAATAATGCGACGATTTCCACCACCTCCCCGGTGCCAGCTCGATCGAACAA  
CTGCTGCGCCATGCACGGGTGAGCCCGGCCCGCTGCATCCGGAAAGTCCCGCCTCGCCGAGCAGCGCCGAGG  
CGCCGAGGGGTACCCGAGCGGCCCGAGGAATTCGCGACGATCACCGCTCCAGCTGCTTTGGCGGCCACACAGGTC  
GGCGAACAGGACACGCCCGGAAAGGCGGCGTTCCAGGGGTTCGCGCAAGCAGCGCACCGCTTTTCGACATCCTG  
GCAGGTCTCGATGAAGGCCGCCGATGTCGCCCGGGCGCTGCCGAGTACCGGTTCGCATAGCTGGTGAACGCAG  
CCGTCTGACTTGGCCGAGAGGTTGCGCAGCACCAAGTCCGGAAATCTTGATCGGGTCCGCCAGCGCGACGAATTG  
CACCAGATCCATGTCGATGCCCTGGCAGCGATGGCCGAAACGGCTGTAGCCGAATCCGTGGCGTGCCTGTAGAG  
CCCATCGTCGCGAATCGGCCGCGCAGTGACGCTCCACAGCGCCCGGCTGTCTCGTCGCGGAGGTAGAACGCTTC  
TACGCAGGGATCGCCGACCGGATCGTTGGACCAGGGCGTCAGTTGATTTTTCGCGACTGTTCTCCGCCCAAGTATA  
GCCACTGCCCTCCGCCGAGACCTGGAAGCCGAACCGGGGATTGGCGATGACATTGATCCATGGCGCTGGTGTGCT  
TTCACCCTTTTCCAGAAGAATCACGTACTCCTGGCCGCGACTGCCGAAGCCACCTAGCCCATTGAAGAATCGAG  
AGCCTCACCCAGACTCGTCTTATCCGCCCCCCCCCTCGTCGCTGGCCACCAGTTCGCGCCGTACCAGCAGTCGCAGC  
CGGAGTCGGTATAGGCTTGGAGGAGCACAGGGCGGCCAGTTGACTGGCGATCGGCCCTCGCCGGGCGAGCAGTAC  
CACGCGTGCAGCCGCCAGCAACAGCGCCCTGCCCTCCTGGCTCATGAGATCGGCGCGCAAGGTGTGCACCTGACC  
GCGCCGCGCCGCGTCTTCCGCCCTCACGGGTACGCGACGGGCTGCTGCGCACGGCGGTCTCGATCGCCACCTGGAG  
ATCCTGGATGTAGGACGAAGCGCGCTCATTGACGACTGCCAGGTCCACCTCCAGGCCTTTCGTCCGCCAGTATTG  
GTGAGCCCTCAGGATCTGCCGCAATTGTTCAAGGTGCTCGCTGTCTGTCGCAAGTCGCAGAAGCAGGATCGGCAGGT  
TCCGGATATCCCCAGGGGCCAGAGCCCGGACTGAGGCCCTGAACCGTGCCGGATCGACTCGGGCGGCGCACGGTA  
ACGTGCGTCGGCATAACAGCAGCGGCGCCGCCAGGCGCTGGAAATCGGGCGGCTCTCCGGCGGCGATATCGAGATC  
ACGCAATTGTACCTGCGCCTGGGTCCAGGCCAGCGTCTTGGCGCGGTGCAAGCCGCTGCGCTCGTGGTGTGTTGTC  
GATCAGGTGCAAGAGCGCCTCGCGGGTCTCAGCGACCACGATCCAGAAGGACACCCTCGCCATTTCCCCAGGCGC  
GATACGCAATCGCCGGCGCAGAGAGAAAACCGGGTCCAGCACCCTGCCGGGCTGCCGGATAACGGCTGCCGCG  
GTCCGCAAGACATCGCCTTCCCGGCGCAAGGTCTTCCGCGCCAAAGCAAGCGGGCACGGTCCGACTCGTATTGCA  
GGTTCAGGAGCCCTCCACCACCGCAAAATGCGCGGCCAAACCGGCTCTCGGTGCCGGAACAGCCCGGGT  
AGCCACTAGGGCGGCGTACTCGGCGACGTAAGTCTGACGAAAAGCTTGGAGAACCCGGATGGGCATCGTTC  
AGCGGCAGCCGGCGCAGGACCAACTCAGCGTAGGAAGTCAGTTTCGATCTCCTGTGAACGACGACCGTTGTTGAC  
CAGGGTAATGCGCCGACCTCGCCGTCGTCCTCGCCGAGACTAAGACTTCTAGCACGCTGCTCAGACTACCGTC  
GTGGCGGCTGAATTCGCGCCGGTCTTTCGTCGAAGAGGATCTCTCCGCTGACCGGTACCTGCCCGCTCGGTGGGT  
GGTGGCCGCCCACGTGCGGCCGTCATGAACGTGCGCAGGAGGACATAGTAGCCCAGTCTGTCGCGCTCGGATC  
TTCTCGCCACCGGGTACGGCGATGTACGCCAGCGACTGTAGCCAGCGCCGAAGCGGACAGCATTACTGAATA  
GCGACCGTTGGAAAGCAGGTGGGTAAGTGGTACTCGCCCGGCGTCAATGCTACGCGCCGAAGCGTCGAGGCCCTC  
GATTCGGGCTTCGTATGACGAGACGCGCACTTCTCAGCGCGGGATGGGCCAGGAAGACATCGGAGGGAATGCG  
CTCCTGGAGCAGCAGCTCAACCGCACGGATCATCGGCTCGCGATGGAAGCGAGTGCATCCGCCCTCATCGAG  
GGCGTTGGCGATCGCCACGATGCTCATGCCCTGGTGTGGGCCATATAGCTGTGGACGAGCGCCACCGCCGTGCG  
GTCGGGCAGCCGCGACGGCGTGAAGTCCAGCGCTTTCGTAGAAGCCGTAGCGCCCGCGCGCACCCAGTTCGGCCAG  
GCGCGCGTAGTTAAACAACGCCGACGCGGCTTGATCATCGCCGCCAACCCCGTGGCATAACGGCGCCACCACCAG  
GTTCTCGGCCAGACCGCGCTTAAGCCCCAGCCCCGGCACACCGAAGTTCGAGTACTGGTAGGTGAACTCCAGGTC  
CCGCGGCTTGAAGGCCGACTCCGAGATGCCCCAGGGAACACCTTTCTTCCGCCCGTAGGCCTGCTGCACCTCCAC  
CACCAGGTGATTGCTCTGTTCCAGCAGGCTGCCGACGGGCGCCCGCATGACCAGCGATGGCATGAGATATTCGAA  
CATCGAGCCAGACCAAGATATCAGCGCCGATGCCGTCGCCGCTCCCAACGGTGTGCGCGTACGACCCAGGCGGAACCATG  
GCGGGTAGGGACATCGCCTTTGGCGATGGCTATCAGGCTGGCCGCAAGCGCGCCTCCGAGGCAACAGGTCTGAGCA  
ACTGCTGTCCAGGCTGTTGTGCGCCAGGGAATAACCGATAGAAAACAGGTACGCTCGTATTGAAGAGGAACGC  
GAAATCCATCCCGGCGACGAAGGCCCGGGCCTGCTTCGCCACGCTCCGCACGCGAGCCTCCAGCAACCGGCGCAGC  
GGAAAGCAGGCGGTACGCTGGTGTTCGACCACGGAGTTTCTCAGTGCCTCGAGCCAGAACAGAAGCTCATCAGA  
AACTGCGTCCACTCCCCGGGGGGCCGATGCCACGGCATCTCTCACGGCTTTCTCCGCGAGCCGCCGAATCCTGC  
CAAGCCCGTCTCGGCGGACTGCGGACCATCGATCTGCGCCTGGATCTCTTCCACGGTCTGACGTAGTCGCCGCCA  
ATGTCCGGCGCCACGGGGAAGCCCATCGAGCCCTGCCGACCCAGCGCCAGCGTATCGCCAACCCGTTGCGCCA  
AGCCGGCGACAGCGGCTCGTCGAGCCACTTTCGCATGCATTGGCCAAGGCGATCAGATGACCGGCCAGGTTGCC  
GCTGTGACCCGAGGACACATAGGCCGGCTCAAGCACATGCAGGTCGAGCGTGGCGTACCAGTTGAAGAAAATGCC  
CCGATGGCGCGATAGGCGCTGCATGGCCGCCAGGGTTCGCTCCAGGCGCTCAAGGTTTCTGCGTGGCCGCCA  
GCCGAAGTCGCGAGCGGCGACCGCGGAAAGCAGATAGAGGCCGATGTTGGTGGCGGAGGTACGGTGTGCCACCAC  
GGGCCTTGGCTGGTCTGGAATTTGTCGGCGGTTAGCCGGTTATCCTCGGCGCCGACAAAGGTTTTCGAAGAATCG  
CCAAGTCTGTGCGCGGATCAAACGCAGCCCCATTGCCTCCTCCGGCGCCAGGACCTTTCGCTTCGACGGCCGCGG  
CACTCGACTGCTGTATACCGCAAGGCCCGGCGCCAGTGCAGAGCAGCATGAAGGGTACGCCCAGAGCCAGGGA  
GGACGGCTGCAAATACAGCACCAAGTGCAGCCCGCGCAAGTATCAGGGAGGTACCGCCAACCATCTGTAGATAGCT  
GATAGCCAACCCGGGACGCGGTTTCCCCACCGACTGCGCGGAGGTGGTCCACTCGAGCAGATGGCGACGAGTGC  
GAACATCCGCAGCAACGTCCGCACGATCGCATCGCCATGCGCCAAGCCTGATCGGCCAGAAAAGCCAGGGACAG  
CAGCGTCTGTAACAGAGGCGCGCAAGTTCCGCGGCCAGGCGCTGAAGTGTGACGACGAGCCGATACCGCGACG  
CCGTGGCCACAGTCTTAGGCACACCGGCGAGCCGGGAGTGCCAGGCTCCCAACAGTAGCAGGCTGCCGAA  
CAACGCCTGAGGCATCGGCAGCAACCAGGAAAACAGCAGCGCGAGCGCGGCGGAAGCCGCAAGCAGCGAACGGCG

CAGGTTGTCGAGCATCTTGCTGCGGCCGACCCACGGCACTGCCCATTCACCGCGCCAATGACCGATGATCCATGG  
 CAGCAGTTGCCAGTCCACCGCGCGTCCAGCGATGCAAGCGTTGAGCGACAACATCGAAGCGCGCCGGCGCTTCCTC  
 AACCACCTCCACATCGGAAGCCAGTCCCTGCACGGGCGAATATGCCCTCGAACAATCATGACTGAGAACGCTGTT  
 TTCACCGATGCGGCCGGCCATGGCGGCTTCAAAGGCATCTACATCGTAGATAACCTTGCCGGTGTAAAGAGCCTTC  
 GCCGAACAGGTCTTGGTAGACATCCGAGACCGCGGCTGCATATGGATCCATTCACCCCGTCCGGAGAACACCCG  
 CTGATAAAGCGAGCCTTCTCGGCCAAGCGGCAGTGCCGGCGTAACCCGGGGCTGGAGGATAGCGTAGCCACTAAC  
 TACGCGCTGAGTCGCCGCCTCGAACAGCGGCTGGTTCAAAGGGTGGGCCATCTTGCCGATCAGACGCCGCAACGT  
 CTCACGTGGCAGACGTGTGTGTCAGCATCCAGGGTAATGACGAACCCGACCCCGAAGGCACCGTCCGTCCTGACT  
 GCCAGGCTGGCGAAGTGTGTCGGTCCGCGCCCGCAAGAGGCGGTTACGCTCATGTAGCTTGCCACGCTTGCG  
 CTCCAGCCTATCCAGCGCGTTCCTTGCGGATTGAACCGCGCTGCCGGTACAGCAATAGGAAACGCGCCCGCC  
 GGGGGCCGGAGCATGACGCCGGTTGAGCCGTTGATCGCTGCGGGCGCCAGTTTCAGCAGCCGAACGTGCGCGTC  
 GAGCACGGACTGTGCGCATCAATGCCATCGGCCAGGAGGGCGAAGCTGAGATCGCCGCGAGTGCCGGTTAGATA  
 ATGCACCTCCAGTTGCTCGATCTGCTCCAGCAGCTCCGCTTCGCGGCCAGCAGGGTCCGCACCACGACCAGGGT  
 CCGAAGCTCCTCCGGTATTCCATCGGCCAGTTCAGTCCCGGTAGGATGGCAGCTCCCACTCCACCGGTTACCGC  
 ACGGTTGACCAACGCCACCGCGGCCTCGCTGAACGGAACGAACAGGGCACCTACCAGCGCCAGCCACTGCCACCC  
 ACCGTCTCCAGCCCCGGCACCTGCAGGACGTAGACGGTACGCGGAGCAGAAGCCCGCTGAGCAGCAGCGTTGC  
 GCCGACATAGCCGAGGATCCCCAGACGTCCGCCGAGACGACCGAGCCACAATGACGGCGGCGACCGGAAGCCGAT  
 ATGGGCTTCGAACGCGCGACGTCCGCCCGCGATCAAGTGGTAGCCCGGCTCGCTCCAGTGTTCGCCAGTATGCC  
 GGGCGCCGCGGTGGAGTGTGCCTTCGCCAGCGCCTGTTCCGGCGATAGCCAGTTCGCTGAGCGGAGCGCTGCGGGC  
 CAGTTGCTCGATGGCGCTGCGATAGAGGTTCCGGGTGGGGAAGTCCATCCTGCCGAAGGAGCCGTCCGCATCCAA  
 GCGGGCATCAACCAGGCTCACGCTTTCGAACAGTTTCGCCAGTTCGATGGCAGAGATCAGGCGCATGCTGGTAAT  
 GACGTTACGCACGCTGACGTTTCGAGGCGCCCTGCCGCTGCTGCGCGTGTGCACCGCTGCTCCACCGAACTGCC  
 TTGCTGTTGGAGCCGCTCGTCCAACAGTTGAGCGCTGGATTTGCTTCGGGTCCGATCGCGCAGGCGCCTGGC  
 CAACTGGGCGGCGAAGATCTCCGACAAGGCTGCCGGCGAGCGCCGGGCGATGTCCGTTGCCAGTCCGAGGCGGC  
 GCAGCCGGGCGTCAGAAGGGCATCTGCCAGGGCATCCGCTTCGGCCCGCTCGGCCCTTCCTGGCCGATTTGGTC  
 CACCAGCGCCGAGTTCTCGACAAGGACATGCGCAAGTGTATCGCCACCAGCCATAGTTCGCCGATGCTCAG  
 CGGTTGGACACGCTGGTAGGCGGCGATGAAACCGCGCAACAACACTCAAGATCGAGATGGCTGTCCGATGCGCGAC  
 GAAAGCCCATGCCAACCCGAAGACCCTCGGGTAGCCAGCAAAGGGGGCCGACGCGAGCTTGGGCAACTGCCGGTA  
 ATAGCCGGGAGGCGAGTTCGTCGCGGATCTCGCGGATCTGCTCTTCCACCACGTGGTAATTTATCCAGCAGCCATTC  
 AGCGGCGGGCACACCCTGCGTCTCGCTCCAGTTTCGCTGGCGCTGGCCCGGTATGCCGTCAGCAGCGCCCGCCG  
 GTTGTGCAAGACGCCTGCGCAGGGGGCGGACGATGGGAGGACACGCAGTGACCGGCTGGGCTGCGGCCAGGCT  
 TTCTCCGTGCTGCTCGAGGCGTTTCGACGCCGAACAGTTCCTCGCGTACCAGGGGCCGGTTCGTTCCACGGCGGGGA  
 GGTGCGCCGCCAGCAGAGTTCGGCCAAGCAGATCTGCCAC

>CP95, 225 bp

ATGAGACTGACCTTTGAGCAGGCCCCGGCAGCTCATCGAACCTCCTTCTCACCGTTCACGTGCAGTTGCACACGA  
 GACCGGGACGGAGCGATGAGCATCCTGCTGGGTAATGCCTTGACGGGACCATCGAGGCATTCAGCACCAGGCATA  
 GGCACCGAACAGTGGCGTACACCCGAAGCGGTGACCCAGCTCATCCGTGATCTGCGCCTGGACATCGCCCCCTAG

>CP96, 720 bp

ATGACCAATGACGTTTTCTCCCTGCAGAACCATCTGCTCGCCGCGCTTACCCAGGAGATACAAGAGCGTCTGATC  
 CCGCACCTGGAGCGAGTTACTGCGCTCGGCAAGGTCTCTATGAATCGGGCGATGCCCTCCGACATGTCTAC  
 TTCCCCACCGACGCCATCGTTTTGCTGCTGTATGTCATGGAGGACGGCGCCTCCGCGGAGATATCCGTCGTCGGC  
 AACGAAGGACTCATCGGCGTGGCGGTGTTTCATGGGTGGGAAAGCACTCCGAGCCGCGCCATTTGTGCAAAGCGCT  
 GGGCATGCCTACCGATTGCCCGGACAGAAGCTGAAGGACGAGTTCAATCGGCATGGCGAGATGCTGCAGTTGATG  
 CTCCGCTACACCCAGGCGTTGATCACCCAGATGGCTCAGACCGCGGTGTGCAACCGCCATCACTCGATCGACCAG  
 CAACTCTGCCGCTGGCTGCTGCTGTCGCTCGACCGGCTACCCAGCAACCAGTTGAGCATGACCCAGGAACTCATC  
 GCCAACATGCTGGGGTCCGCCGCGAAGGCGTACCCGAAGCGGCCGGCAAGCTGCAGAAACTCGGCGTGATCAAG  
 TACAGCCGAGGGCACATCACCGTTCTCGACCGTCCGCAATTGGAAGCGCTCTGTTGCGAATGCTACGCGGTGGTC  
 AAGCGCGAGACCGATCGCCTGCTTCCCTATCTGCCCGCCCGATGA

>CP97, 363 bp

ATGAACATCGACGACGATATCTACGTACCCCGGCTACTTGCCGAAGGTCATCTACCCGAAGGACGGACCTGCGC  
 GACTACTTCATCGCCCACGCACCGGCGGAACCCAGGGTGGTTCCAGCCGCGGATGCCGGAAGAACCCTGAAG  
 AAGTTCCGCGGCGACAACGGCGTCGAGTACTCCACGTTCCGGGAAGCAAGGAGGACGGCTCAAACAGTTTCACG  
 CAACTGAACGTGGAGGAAACCGAAAACCTGGAAGGGAGTTTCGACAAAACAGCGCTATGTCCAGTGGCCATTGGCC  
 TGGGCCGACGCCATTCTCGAAGCGCGGCGCGCCCGCACTGCGGGTAAAAAGACTCCGACCTGA

>CP98, 681 bp

ATGTCCAGTGGCCATTGGCCTGGGCCGACGCCATTCTCGAAGCGCGGCGCGCCGCCACTGCGGGTAAAAAGACTC  
 CGACCTGACCTGGCAGCGATGCGCAGGTCGGCCGCCCTGGGTTTCGCTTGCACAGACGTCGCTGGCCCCGCC  
 GTAGACTGGGAATCCATACCTTCCGGGAGATCTGCCATGGTTGGCTACAGCCACCAGGTATCGGCCGTTTTCAAC  
 CTCGGGGCGCAGGCCGAAAGCGCTCGCAAACGTCTGGTTCGACCGAGGCCTCGGCCTCGAACAGTTAAGCATCCTC  
 GGCCTGAAGACGTTCCACTTCCAACAACCGCGCCGGCGTTTCGTTTCATCCAGGTGCTGTCAAGTGGCGCAGCCGGC  
 GCGCTAGCGGGGCTCCTCGTCAGCACGCTGGTTCACATTCGCTCTGACCGAACCGAGGCCAGCCTGTTTCGGTGTAT  
 GCACCGTTGGCCTTGTCTGGGTTGGAGCAGCGCCCTGGGAGCGCTGTTTCGGAGGAGCGGTTCGGCGCATCGGTGGAT  
 GTCAGCCAAGTACAGCGGTCCCTTCAGACAGGCTATCGCCCAGGGCCATGTCGTTCTGCTGGCGAATACCCGTTTCG  
 GAAATCGAGTCCCTGCTCGTGCCTGATGTCATCGAGAGTTCCTGGGGTTCGGCGTGCACATGGACATCAGTCTG  
 ATCTGA

>CP99, 2019 bp

ATGCCACTCTTCAAGCTCGAACACAGTAAGCTCGTACACCCGGACCGATATCGCCTTCTACGTTGTCGGGGTACTG  
 GTGCTGGCCGTTTTGGCTCGGCCCTTTTCTGCCCCGAGAAGTTCGCTTGGAAATGCCTGCTGCTGGCCGCTTAGGT  
 CTGGTGGCATGGTTCGCTGCTGGAATACCTCCTGCATCGCTTTGTCCTCCACGGACTATCACCCCTTTCGCCAATGG  
 CACCAGTCCCATCACCAACGGCCCCGGCGCGCTGATAGGGCTATCCACCCTGTCCAGTTCGGCCCTGTTTCATCGGC  
 CTGGTCTACCTACCAGCGCTGCTCGCACTCGGCCCTGGAGAGGCTCCTCGCTGGCTTTGGGCATCATGTCAGGC  
 TACCTAGCGTACATCCTGACCCATCACGCCGTGCATCACTTCGATCACTCTGGCAACCGCTGGCTGGCTCGCCGC  
 CAGCTATGCCACCATCTGCATCACAGCGCACTCTGGCAAGCCGGCACTTCGGGGTTACCTCGGCCTTCTGGGAT  
 CGCCTATTCGCCAGCGATCGCCTGCCCCCGAACAGCCTCCGGCAAGTGGCGCAACGTCGCCGAGATCACACC  
 CGCCACGCCCGCAGCCTCAGCGCGCGCAAGTTCGTCAAAATTGCTCGGCCAGTTGTTCCGTGGCACAAGTAGCCGT  
 ATGAACGCTCGGCTGTGGGACGGCACACTCCTGCAACTGGGGCCACTGCCGGTACTCAGGCCCATTCACCTTG  
 GTCTACAGGCATGCGGACGGCGTACAGAAGATGATCCTAAGCAATAGCGACCCACAGCGCCTGGCCGAAAGCCTAT  
 TTCCGCGACGACTTCGACATCGAGGGCGACCTCTTCGCTGCCCTGGCGCTCAGGGAGCACATGCAAACCCAGCGC  
 AAGGTCTGGCACCGACGCGCACGCCTGTTGTTTCGGCGCCATCATGCTGCCGAGCTCGGTCACTACGGAATCCGAC  
 AGACAGAAAGGGTTCTTTCGCGCAACAGATTACGACGGGGATGCACTCGGACGCAGAAAAACCCGACGCCACCACC  
 TTCCGCTACGACCTGTCCAATGCGTTCTACGGACTCTGGCTGGATCCGGCGATGGTCTACTCCTGCGGCTACTTC  
 GAGCAAATCGACGATAGCCTCGAACAGGCTCAACGGGCCAAGCTTGAGCTGATCTGCCGAAACTCCAGTGCAT  
 CCCGGCGAGCACCTGCTCGATATCGGTTGTGGCTGGGGCGCGTTGATCCTCCATGCAGCGCAATACCACAGGGTA  
 CACGCCCATGGCATCACCCCTAAGCCGGGAACAGCTGGCCCTGGCCCGCAACGAATAGACGCGGGCGGGCTCCAG  
 GCGCTAGTGACGGTGGAAATGCTGCGACTACCGCGACCTAAAAGGTCAGCAGGTATACGACAAGATCGCCAGTGT  
 GGACTGTCCGAGCACCTTGGCCCGGACAACCTGCCGCTATTCTTCGACACGGTACACCGCCTTCTCAAGGATTCT  
 GGGCTGTTTCTCAACCAGGGCATCACTCAGTGCCTGGACGGGGGCAACGGACCGCGTACGCCCGCTGATCAAT  
 CGCTATCTCTTACCGACGGCCAGCCGGATACCCCTGGGCAGCCTTGTGCGCAGGATGGAACAGGCGCAGTTGGAA  
 GTCACCGATGTGCAATCACTGCGCCGTCACTACGGCCTGACCCTGCGCCTTTGGGTCTCTCGCCTAGAGCAGCGG  
 CAGGGGCTTGCCGTCGAATATGTCGGCGAACCCACCTACCGGGCCTGGCGCCTGTTAATGGCCGCCAGCGCGCTG  
 GTGTTTCGAGGCGGGGAACTGGGCGTCTTCCAATCGTAACGAGCCGACACAACGGAGCCCCAGCTCTCTGCC  
 CTGACCCCGCCGCCCTTGTATCGCGACGACTGCTCCATTACAGAGGCTCAGCGAGGCAAGGACGCAACGCCATCC  
 GCTACCCGCCTCGCGCAAACGCCGACAGGCCCGGTTCGAGTCGACCCTGCTCGGTACCACGAAAATAG

>CP100, 1194 bp

CTACGGCACGATCTGCCGCGGAGCGTACAGGCTGTAGCTGCACAGTAGCCCGGCAAACCTCCCTCAACGGACGTAT  
 CCCGCTGGCTTCCGCTCGGTTACCCAGCGTTTTCAACGCCGATGTAATTCGCCAGGTCAGCCCCGCATCGCT  
 CCATGTGCGCTGTAACGCCAGGCGATGCGCGCAGGCTAGCTGCATCACCTGGCTCCTGCCGACAGTGAATGGAA  
 CAGGCTCTGCTGCAGATCGCTCAGCCTGTCTGGGTCCCGCACCAGCAAACGGCTGGCGCGCCGAGCAAATGCCG  
 GGTGCCCGCATCACAGCGAGCGCTTTCTTCGCGTGCAGCGGCCGCAATTACCCGTTTCCCGTATTGGGCCATGAC  
 CAGCAGACGATTGCGCAGGATGACTCCGCTGGCTTCCAGATCCAGCGCTCGCTTGTTCACAGTCCCACTGGATGGT  
 GGGCAGCCACGGTTGACCTGAGCCAGTCCGAGTGTCTCAGCAGACATATCCACGCCAGCCAGATCAAACCTC  
 CCAGGCCTGCACGGAAAGCTTGGCCGAGCCCGGTAGGCATGATGGTTGTTATGCAACTCCTCGCCGCCGACGAG  
 GACTCCCCACGGCAGCAGATTGCTCGAATCGTCCGGGCATTTCGAAGGTGCGATAGCCGAAAGCATGGCCCAGACC  
 GTTGATCACACGGCAGCCAGAAAGGCGATCCAGATCATCTGCAGCGCCAGACTGTCAGCCCCGCGACGCCGAA  
 TAAAACCAAGTCCACACCAGCATGAGGCCAGCCCGGCGTTTCGGAAACCTACTGTAGAGGCGACGCTCCAGCCA  
 GTCGTCGGGCGACCCCTCGGCCATAGGTTCTGCAAGGTTTCGGATTGCGAGCCTCGGCTCTATACAGTCTCGGCACC  
 TCGCAGCAACACGCTGAGCAGCCCTTGAACCTCGGGCTGTGCGGATCGCTCGGGCGTTTCGACAGGCAATGATG  
 CCGGCGATGAACGGCCGTCACGCACGGGTGTTTCCGTCGTCAGCCACAGCCAGAAACGGAAGTATGCTT  
 TAGCGCAGGGTGCAATTGCACCGAGCGATGAGCTGAATGGCGATGCAGATATAGCGTCACACTGATGATACTGAC  
 ATGGGTGAGCGCCAAAGTTCGCGACAATCAGTTGCCACAGCGTTGGCTGTAAGATGCCGTGATACCACAT

>CP101, 357 bp

ATGAGCATTTCATCTTGACGGCTGGTGAAGCTTTCGGATGAAGCCCAAGCTATTTCACTAAAGAACATTCTGA  
 TTTCACCTCAACGATGGCGATGAAAAGCTCCTTGCCCAAGCAGAAGTGCATCTGCAAACTACTGGTGAAAAAGAG  
 GTTCATATCCCTATTGACCAAGCCAGACTTAAGCTTGTGTTACCACACGAATGCGGGCCTATACGTGACTGTCTGA  
 CTACGAGTTTATCTCGACTCAAATACTAAACGGGGTCGCTTTAACTTGACCGGGTATCGAATAAGCGACGGCAGC  
 CTGATCTACACCAGCGCGGTAACCTATTGAAAAAGTGTATCCAATTCATCCCCGTTGA

>CP102, 1920 bp

ATGTTTCAACTCCTTTCTGGATATCCAGGAAGCCGTCCCCACCCACCAACCAAAGCTGCCCCAGGGGTATTCT  
 CTCCTTCTCTAAGCAGTACGGAAGTCTGACACGCTCGCCGCCAGCTACTGGAGAACATCTGGCAGCGC  
 GCCTCGCTATCCAAGCAGCAATTTCAGGAGATCTACCGCGGCCACTGGCCAATATGCCGAGCTGGTCCAGCAG  
 CTCCCGCTTCAGAAAACCATCACCATGCCATCCAGGCGGGATGATTGATCACGGCTGGAGATCGTGGCCTAC  
 GCACTGAAGGTACGGCAGACCTACCTGCTCCCGATCGGCGCAGCGCCGGAGTACAGTACAGCCAGACTGAAGCC  
 TGGTCGGCCGCCGACGCTATGGCGCCCTGGCTCACGACCTAGGCAAGATCGTCTAGACCTGCAGGTGGAGCTG  
 CAGGACGGCAGTACCTGGCACCCCTTGAACGGACCGATCAACCAGCCCTACCGCTTCAAGTACGTGAAGTCCCGC  
 GAATACCAGCTCCACGGCGCTGCCTCAGCACTCCTCATCCACCAACTGCTACCGCGCACTGCACTCGACTGGCTC  
 AGTCGTTTTCCAGAGCTGTGGGCTCAATTGATCTACTTGTTCGCAGGGCAGTACGAGCACGCCGGGATCCTGGGC  
 GAGATCATCGTGAAAGCAGACCAGGCCTCCGTGCGCAGGAGTTGGGAGGTAATCCGGATCGAGCGCTGGCTGCA  
 CCGAAGCAGTCGCTGCAGCGGCAGTTGGCAGACGGGCTACGCTTCTGGTGAAGGACAAAATCAAGCTGAATCAG  
 CCGGGCGGCCCGTCCGACGGGTGGCTGACTCAGGACGCACTCTGGCTGGTGAAGCCCGCGGCCGATCAGTTG  
 AGGGCCTACCTGCTGGCTCAGGGAATCGAAGGGGTCCCCTCCTCAACCGCTCATCTTCAACATGCTCCAGGAC  
 CAGGCCGTATCCAGACGAACCGCGAGGACAAGGCCATCTGGACGGCCACGATAGACAATGGTGTGGGTGGAGA  
 AACAGTTTACGCTCCTCAAGATCGCTCCAGCCTTATTGGCTGACCCTGCCGAGCGGCTGATTCCTACAGC  
 GGATCACTCGTCATTGAAGAGGGCAACGCTCCTCTGAAAAGCCGAAACGACCTGCGAAATCCCCAACGATTCG  
 ATTGAACAGCGCAGGGCGCCAGAAGCCAAGATGACGCTCCGCCAACCTACGCCGAGCGTTGCGAAACCGTCAAAC  
 GAGATGCGGGCGATTGCGAAGCCCTCAGCTGAGGATCAGGAAGAAAACAGATGATTTGTACGCGCTTCTTGGTAAT  
 ATCAATTCGCCACCAGAAGAGCTAGACACTAGCCACGACTCACCGGCTGCTTCTTCTACGAACACTCGCGGGGAG  
 GAGAACCCTACAGCAGCCACTAGGGACCAAGGAGCCAACAGATTGCGCTCCTGAAGCAGTTGAAGATGTATTTATG  
 CCTAGCAGAAGCACTGATCTGGGACAGGGATTCTGGCTGGATGAAAATCTGGCATCGCGGCCCGTTCGCTGTTT  
 ATCAACGACACCAAGGCTTTGGTGCATACCGTCGACGGGACCGCCATGCTGGTACGCCAGGAATCTTCAAGCGC  
 TATGTCCAAGAGCATCCGGAGCTTGAAAAACCTGGCCAGGCCAAGGAAACGACCGGCTGGAAGCTGGTGCAGCGC  
 GCGTTTCGAGAAACAGGGTCTTACCAGAAAGACCAGTAAGAACCTGAACATCTGGACCATCAAGGTTTCAGGTCCT  
 CGCAAGACAAAAGAGCTCAAGGCTTACCTGCTTACGATCCCAAACCTGCTGTTCCCTGTACAGCCTCTGGACAAC  
 CCAAGCCTCACGGTCATCACCGATGCCGAAGGGGATGTCTGAATGA

>CP103a, 1284 bp

ATGACGCCGACGAGCTACCGAGGAGTACATCTTCGCGCACGATCTCCGAGAAGCCAGCGGAAGATCTACCGC  
 GCCGCAACCAAAGCGCTACTCAAGCACTTCGGCCCCACGGCAACCGTACAGGACGTGGATCACAGGGCCGCTCTG  
 GGATGGCGGGCAGAGTACTGGAACAAGGCCTGTGGAAGCGGAGCTGGAACACGTAAGTCAAGCCACTGCGCACG  
 ATCTGGGGCTACGCCATCGAGCAGGAGCTGGTGCACGACTCCAGGTCACCCATTCCGAAAAGACCACCGTGATT  
 CCCCCAGGCGAGCAAGCAAAACTGTCGCCCGCAAGCCATCCTGCGCGCTCGCAGTTGGCTCAGCATGCAAGTC  
 GCGCGGAGCGCTGCACCGGCGATCGTGCACGATCACTCCCGCCTGGTTCTGGCTTTGCACGTTTGGAGTCTTC  
 TACTACACCGGCATCCGGTTGAATGCGCTGCTGTGCATCCGCAAGCGGACATCGACTGGGATAATCAACTGATC  
 CTCATCCGCGGCGAGACAGAGAAAACCTATAAAGAGTTCGTAGTGCCAATAACGAGGGGCTTGTGCCTCACCTA  
 TCGCGGCTCCTGCAGGAAGCCGAGAAAGCCGGATTTCGCCGATGACGATCAGTTGTTCAACGTCAACCGTTCTCA  
 CCGCATTACAAGAGCAAGACGATGAACTCCGACCAGGTCGAGGCCATGTACCGGAAGTTGACCGAGAAGGTTGGG  
 GTGCGGATGACCCCGCACCGTTTCCGGCACACCCTGGCCACCGACTTGATGAAGGCACCCGAGCGGAACATCCAT  
 CTCACGAAGTGCCTGCTCAACCACTCGAATATCCAGACCACGATGAGCTACATCGAGGCCGACTACGACCACATG  
 CGTGCCGTGCTGCATGCTAGAAGCCTGGCCCAAGGCGCGCTGGAGAACGTGAGAAAAGTTGGATTACAGCGGCTCT  
 CCGCAAGCCTCTGCCAAACCGAAGCCATGCGGGCAACCTCTCGCTCGAGTGGGTGAAGTGCCGCCACCTGAGGCC  
 AGGACAGAACCGTCAGAACCAAGGGAGCACACACAAGAGACAGGCATTCAGAGAGGTTCAACCTCGTGGGAAGCA  
 GAAGCGGTACCACAGCCACCTGACACCTTCGAGCAAAGCGTGTGTTCACTCTGATGGCTCAACACTTATCGAAC  
 CGTGCCGCCACTGCATCCGCGGTTCCCGCCGCAACAAGCGGATCTGGTGAAGGGGATCTGCCGCCGAGACAGT  
 CTCGCCTAG

>CP103b, 507 bp

CTACTCAAGCACTTCGGCCCCACGGCAACCGTACAGGACGTGGATCACAGGGCCGCTCTGGGATGGCGGCGCAAG  
 GTACTGGAACAAGGCCTGTGGAAGCGGAGCTGGAACACGTAAGTCAAGCCACTGCGCACGATCTGGGGCTACGCC  
 ATCGAGCACGAGCTGGTGACGCACTCCAGGTCACCCATTCCGAAAGACCACCGTGATTCCCCCAGGCGAGCA  
 AGCAAAACTGTGCGCGCCGAAGCCATCCTGCGCGCTCGCAGTTGGCTCAGCATGCAAGTCGGCGCCGAGCGCTGC  
 ACCGGCGATCGTGCACGATCACTCCCGCCTGGTTCTGGCTTTGCACGTTTGGAGTCTTCTACTACACCGGCATC

CGGTTGAATGCGCTGCTGTGCATCCGCAAGCGCGACATCGACTGGGATAATCAACTGATCCTCATCCGCGGCGAG  
ACAGAGAAAACCTCATAAAGAGTTCGTAGTGCCAATAACGGAGGGGCTTGTGCCTCAC

### 12.3.3 Integron TNCP23

#### **Gesamtsequenz von TNCP23, 23061 bp**

GTTCCGAAGGCTCTGTTGCAAAGATTGGCGGCAGTCAGAGGTAGGCTGTGCTCTGCGCCGATCAGGCGGCTGCTGCGAA  
ATGGTGGTTGAGCATGCCCATGGCCTCCGTCAGCGCCGAGGGCCCAATGCCAAAAGCTCTCTCCACAAGGCGCACCTCGC  
CCCTGATGCCGGGCTGCAGGCACCAGGGGCGAGCCTGTCTTTGCGCAGGGCTCGCATGACTTCGAATCCCTTGATCGTG  
GCATAGGCCGTGGGGATCGATTTGAAACCGCGCACCGGCTTGATCAGTATCTTGAGCTTTCGGTATCGGCTCGATCAC  
GTTATTGAGATACTTACCTGCCGGTGGGCCGTCTCCCGGTCCAGCTTTCCTTCGCGCTTCAATTCGGTATCGCTGCAC  
CATAGCTCGGCGCTTTGTGCGGTATTGAGCGTGGCAGGCTTTTCCAGTGCTTTCAGGCCCTCGCAGGGCCTTGCCAGGAAC  
CGCTTTCGCTGCCTTGGCGCTGCGGGTTCGGCGACAGGTAGAAATCGATCGTGTGCGCCCGCTTGTGCGACTGCCCGGTACAG  
GTAGGTCCACTTGCCCCGCACCTTGACGTAGGTTTCATCCAGGCGCCAGCTCGGATCAAAGCCACGCCCCAGAACCAGC  
GCAGCCGCTTCTCCATCTCCGGGGCGTAGCACTGGACCCAGCGATAGATCGTGTGATGGTTCGACCGAAATGCCGCGTTC  
GCCAGCATTTCCTCAAGGTGCGGATAGCTGATCGGATAGCGACAATACCAGCGCACCGCCACAGGATCACATCACCTG  
GAAATGGCGCCACTTGAAATCCGTATCGTTCGGTCCGTCGAATCTCCGCCAAGCATGCTCAAGCTTACGATTTTTGCA  
ACAGAGCCACACGAGTATTGAGCATAGTCGAGATTGGTGCAGATCACTTCTGATATTGAACTGTCAGGAGCTGGCTGCA  
CAACAGCCATTACGCCCAATCAACTGGTGCAGTCGTCTTCTGAAAATGACATTTGGTATCTCTCATAAACGGATGTTTTT  
GAGAGAATCTTTCGGCCTTACACGCACGAAAGGCGGGCAAGCTCCGCCGTTAATCCGTCCGCCGGAGATCTCGCCCA  
GGCAGGCTGAAGGCCGAGCAAGCCTGACAGGCCCGAAAAGCCCGGCACGGGCGTTCGGCGGCGATGACGGCGGGCGGCA  
TCCAGGGTTGATGATGGAAGTGGAGGATATCGACAACCTCTCGCGCAACCAAGACATCGCGGTTCGGACTGCAAGTGATCT  
TGAAGCCACGGGCGGCTCCACCCCGACATGGACCTCGATGCCCGAACGGACGTTAGATTTTCGAGTTCTAGGCGTTCTGC  
GATGAAGGTTGGATCCCAGCCGGGATTGAAAGTGTGACGTTGGGTGAATCCGAGCCGCTCGTATAGGCCACGCAGGTTTCG  
GGTGGCAGTCGAGCCGAGCTTGGCGCACCCCTGCGTTCGCGCGGCATGGCGGCAAGCCTCGATCAGCGCGGAGCTGACA  
CCCCGGCCCGATGTGTCGTCACCCGCGAGCTTGTGCAGATATGCGGCCTCCCTTGAGGGCGTTCGGCCAGAATC  
GGATCCTCGGCCGACAAGGTGCAACAGCCGACGATGCCGTGCAACTCGCGACTAGGAGCTCGGATCTCAGGACGA  
AGGTCTCCGCGAATGTCCGGTTCGATCCGCGCGACGTCCAGGCGGGCGTTCCTTGGCGGACATCCACGCCGCGCTCG  
TGCATCAGCCGCACAACCTCGTTCGATATCACCCGAGCAGGCGACCCGAACGTTTCGGAGGCTCCTCGCTGTCCATTTCGCTC  
CCCTGGCGCGGTATGAACCGCCGCTCATAGTGCAGTTTGATCCTGACGAGCCAGCATGTCTGCGCCACCTTCGCGGA  
ACCTGACCAGGGTCCGCTAGCGGGCGGCCGAAGGTGAATGCTAGGCATGATCTAACCCCTCGGTCTCTGGCGTCGCGACT  
GCGAAATTTTCGCGAGGGTTTTCCGAGAAGGTGATTGCGCTTCGAGATCTCCAGGCGCGTGGGTGCGGACGTAGTCAGCGC  
CATTGCCGATCGCGTGAAGTTCCGCCGCAAGGCTCGCTGGACCCAGATCCTTTACAGGAAGGCCAACGGTGGCGCCCAAG  
AAGGATTTCCGCGACACCCGAGACCAATAGCGGAAGCCCCAACGCCGACTTCAGCTTTTGAAGGTTTCGACAGCACGTGCAG  
CGATGTTTTCCGGTTCGGGGCTCAAGAAAAATCCCATCCCCGGATCGAGGATGAGCCGGTTCGGCAGCGACCCCGCTCCGTC  
GCAAGGCCGAAACCCGCGCCTCGAAGAACCGCACAATCTCGTTCGAGCGCGTCTTCGGGTGCAAGGTGACCGGTGCGGGTG  
GCGATGCCATCCCGCTGCGCTGAGTGCATAACCACAGCCTGCAGTCCGCCTCAGCAATATCGGGATAGAGCGCAGGGTC  
AGGAAATCCTTGGATATCGTTTCAGGTAGCCACGCCGCGCTTTCGAGCGCATAGCGCTGGGTTTTCCGGTTGGAAGCTGTGCA  
TTGAAACACGGTGCATCTGATCGGACAGGGCGTCTAAGAGCGGGCGCAATACGTCTGATCTCATCGGCCGGCGATACAGGC  
CTCGCTCCGGATGGCTGGCGGCGCGTCCGACATCCACGACGTCTGATCCGACTCGCAGCATTTTCGATCGCCGCGGTGAC  
AGCGCCGGCGGGTCTAGCCGCCGGCTCTCATCGAAGAAGGAGTCTCGGTGAGATTCAGAATGCCGAACACCGTACCA  
TGGCGTTCGGCCTCCGCGAGCGACTTCCACGATGGGGATCGGGCGAGCAAAAAGGCAGCAATATGAGCCCCATACCTACAA  
AGCCCCACGCATCAAGCTTTTGCCTATGAAGCAACAGGCAATGGCTGTAATATGACGACGCCGAGTCCCAGCCAGACT  
GCATAAGCAACACCCGACAGGGATGGATTTTCAAGAACAGAGAAAAGAAAATAAAATGCGATGCCATAACCGATTATGACAAC  
GGCGGAAGGGCAAGCTTAGTAAAGCCCTCGCTAGATTTTAAATGCGGATGTTGCGATTACTTCGCCAACTATTGCGATAA  
CAAGAAAAGCCAGCCTTTCATGATATATCTCCCAATTTGTGTAGGGCTTATTATGCACGCTTAAAAATAATAAAAAGCAG  
ACTTGACCTGATAGTTTGGCTGTGAGCAATTATGTGCTTAGTGCATCTAACACCTGAGTTAAGCCGCGCCGCGAAGCGGC  
GTCGGCTTGGACGAATTGTTAGGCCGATATCGCGACCTGAAAGCGGCACGCAAGACCTCAACCTTTTCCGCCCGGAGTG  
AGGTGCATGCGAGCCTGTAGGACTCTATGTGCTTTGTAGGCCAGTCCACTGGTGGTACTTTCATCGGCATAGTAAAAGTAA  
TCCCAGATGATCGCCTCCAGCTGTTACAACGGACTGGCCGCCCGGCGATGACGCCCTCAGCCGCTCTGGGCACGAGCC  
CTGCGGAGCCTCCGCGATTTTCATACGCTTCGTCTGCCACCAAGCAGGTTTCGAGTCAAGTAACTCATCCCCGATCTCCG  
CTAAGAATCCATAGTCCAACCTCCTCCATGACGCGCCCGCCGAGCATTTCAACTATTGCCTCGAGCTCGCCGCGCCTCTCG  
CCGGGAAACGTGATCAATATCATCGTGTGCTTGCCTGTTACACGCCCTAGCCGTGCATCGATCGCCAGCCCCACCGAT  
CCAGAGCGGCAGATTTTCGCTCATCTGCCGAGCTAGAATTTTGTGTATCAATGTGACCTGCGTTGTGTCCATGCGGCCTA  
ACTTTGTTTTTAGGGCGACTGCCCTGCTGCGTAACATCGTTGCTGCTCCATAACATCAAACATCGACCCACGGCGTAAACGC  
GCTTGTGCTTGGATGCCCGAGGCATAGACTGTACAAAAAACAGTCATAAACAGCCATGAAAACCGCCACTGCGCCGTT

ACCACCGCTGCGTTCGGTCAAGGTTCTGGACCAGTTGCGTGAGCGCATAACGCTACTTGCATTACAGCTTACGAACCGAAC  
AGGCTTATGTCCACTGGGTTTCGTGCCTTCATCCGTTTCCACGGTGTGCGTCAACCGGCAACCTTGGGCAGCAGCGAAGTC  
GAGGCATTTCTGTCTGGCTGGCGAACGAGCGCAAGGTTTTCGGTCTCCACGCATCGTCAGGCATTGGCGGCCCTTGCTGTT  
CTTCTACGGCAAGGTGCTGTGCACGGATCTGCCCTGGCTTCAGGAGATCGGAAGACCTCGGCCGTCGCGGCGCTTGCCGG  
TGGTGTGACCCCGGATGAAGTGGTTCGCATCCTCGGTTTTCTGGAAGGCGAGCATCGTTCGTTTCGCCAGCTTCTGTAT  
GGAACGGGCATGCGGATCAGTGAGGGTTTGAACCTGCGGGTCAAGGATCTGGATTCGATCACGGCACGATCATCGTGCG  
GGAGGGCAAGGGCTCCAAGGATCGGGCCTTGATGTTACCCGAGAGCTTGGCACCCAGCCTGCGCGAGCAGCTGTGCGGTG  
CACGGGCATGGTGGCTGAAGGACCAGGCCGAGGGCCGACGCGCGTTCGCGCTTCCCAGCCTTTCGAGCGAAGTATCCG  
CGCGCCGGGCATTCCTGGCCGTGGTTCCTGGTTTTTTCGCGCAGCACACGCATTCGACCGATCCACGGAGCGGTGTCGTGCG  
TCGCCATCACATGTATGACCAGACCTTTCAGCGCCCTTCAAACGTGCCGTAGAACAAGCAGGCATCACGAAGCCCGCCA  
CACCGCACACCTCCGCCACTCGTTCGCGACGGCCTTGCTCCGACGCGGTTACGACATTCGAACCGTGCAGGATCTGCTT  
GTCGTTTTTTCAGAAGGCGACTGCACCAGTTCACTGGGCTGGCCGCGTGTGTGCATAGAACTTCTGACCGGGAACGGTTCAG  
AAGTTCTATGCACGAAGCGCCGCGAGAGATCGGAATTGCTCAGAACTCTTGTGCACGGCGCGACAAAGCCGGAACCGCCG  
AAAATTCGGCGATCAACCGGCAAGCTGCTTGATGCGCTCGGCCAGGCGGCCGAAAGCCTCGTTCACGTATTCAGCACC  
TTGGGTTCTGCGCCCTGCGTGCAGCAGGCTTTGAAGGCTTCAGGTTCGACAGCCATTGCCGATGCAGGCGGCCAG  
CTCGTCGAGCTGAGGCCGGAAGTCTTGGAGACTGCCGCTCGCACGAAACGCTGGTAGCCACGCTCAAGCGTGGCCGCCG  
TGGTGAGCAGTTGCGCGCCCATTTGCTTGTGCTGTTTCGAGAACTCGGCCATGCCGTCATAGGGCCGCAAGCCTTGC  
CGCTCGGCTTCGGATGCCTTTCATGATGCGGGCGTAGCGGTAGAACCCTGGGAACCTCGCGGACAGCGCCATGAGCTG  
CTGATCGGATGTGCCGACCCAAATCCTGTGCAGGTTCAGGCCCGTACCCCATCATGCGATTGATGATGGCATGGCCCTCGC  
TGACACCCTGGGCGGCAAGCTGCTGCATGTGTTGGTCGATCTTCGCGGCCAGTCGGCGGAATTCGTTTCATGCTCATGTCC  
GTCACAAAAGGCGCGTTGATTGCCCTTTCGCGCGTGAAGGTGCCACCGCCTTCTTATCGAAGGAAACGAAGGTTTCCCGG  
CCAAGCCAGTTGCCTTCGTAGGCAATGACGCCATCGGCAAAGTCTCCGCCCCGTCGAGCACCAGCAAGCCAGCCTCCAC  
GGCAGGCCGGTTCACTTCCACATTCGCGGGCGGCCAGTAGTGCCCGGATCGCGCTGGCCGCGTTCGGCTTGTGGAAGCCGT  
AGACACGCAGCAGCACCCAAACAAATTCGCATAGGCACGGCAGCGCACCGCGATCAACTCGGCGTCGGTCAAGACTGCG  
GCGGCAACGTCCGCTTGTGCGGGATCGTACGCACAACCGCACGCACAAGGACGTTGGTATCGACTGCGACCTTCATTG  
TTACCTGCCACCTTTCGCGCCGCTCGTTGATTTCTTCGATGGTGGCAACCTTCTGCGTCTTTCGCCGAGCAGCGCC  
GACAAAGCTGGCTATCGTCCCTGCGGGCCGTCGCGCCTTTCGATGGTGGCAACCTTTCGCGTCTTTCGCCGAGCAGCGC  
TGTCGCTGGCCTGATGCCGAGGTGTTGAGTACGTCCTTCCGAAACGTCACCTTGTCCCGTTCGGTAACGGTCAATGTG  
GTCATGGTGGTTTTGCCCTCGCAATCAAGGTTGATGCTTTCACATAGTAATGCAAAAATGCCTTACCGTCAATGTCCGTCAA  
ACGATCATTAGTCGGCCATGCCGGACACTGTCCAGCAAAGTTATTCACAAACGGGTTGTCGGACATTAAGATAGGCGGAC  
GGAATGACGGACAAGAGAGGGCGGCAAATGGCACTGATCGGCTATGCGCGGGTATCGACGGCGGAACAGGACACCGCCTG  
CAGACGGATGCGCTACGCAAGGCAGGCTGCGAGCGGTTTTTCAGGACACGGCTTCCGGGGCCAAGCCGACCGCCCCGG  
CTTGGCTGATGCGCTGGCCTACCTGCGCGACGGCAGCTGCTGGCCGTTCGGCGCTGGATCGGCTCGGGCGCTCTATGC  
CGCACCTAATCGAAACGATAGGCGCGCTGGAAGCGCGAGGCGTTCGGCTTCCGTTCTTCGACGGAAGCCATCGACACC  
ACGCCAGGCGGGCGGCTCATCTTCCACGTGTTTCGGCGCGCTGGGCCAGTTCGAGCGGACTTGCATCCGCGAGCGCACCAA  
GGCCGGGTTGACTGCCGCCGCGCTCGTGGGAGGAAGGGCGGGCGAAAGCCGGTTGTCACCGCCGACAAGTTGCAGCGAG  
CGCGGGAGCACATCGCCAACGGGCTTAATGTCCGAGAGGCCGCTACACGGCTCAAGGTGAGCAAGACGGCCCTGTACACC  
GCGCTGCAATCCACCAGTGCAGCCGACTCCTGATATTCCGTGCAGTCGTTCTTTCGAAAATGACACCACCTTGCCCTTTC  
CTGGCGTTTTTTGTGCGGTGTTTTAGTTGCATGAAATAGAATACTTTCGACTAGAACCGGAGACATTAACGCCATGAAAGA  
CAAGAGCGCCGCGCTGGCCTGCTGCTGGGATATGCCCGCGTCAGCACCGACGACCAGGACTTGACCAACCAACGCGCCG  
AGCTGCACGCCGAGGCTGCACGCGCATCTTTCGCGAGAAGATCACCGGCACCAGGCGCGACAGGCCCGAGCTGGCCCGC  
GTGCTCGATCACTTGCGCCCTGGCGATGTTGTGACTGTGACCAGGCTTGCACCGCTGGCCCGCAGCACCAGCCGACCTGCT  
GGCATTGCCAGCGTATCCAGCGGTCGGCGGGTTTTGCGCAGCCTGGCCGAGCCGTTGGCCCGACACCACCCAGCCCGG  
CCGACCGCATGGTTCGACCGTGTTCGCGGCATCGCCGAGTTCGAGCGTTCCTAATCATCGACCGACCCAGGAACGCGC  
CGGGAAGCGGCCAAGGCCCGAGGCGTGAAGTTTCGCCCCGCTTACCCTACCCCGCGCAGATCGAGCAGCGCCCGCGA  
GCTGATCGACCGTGACGGCCGACGGTGAAGGAAGCGGCCGAGCTGCTGGCCGTGCATCGTTTCGACCCCTTACCGGGCGC  
TGGCGCGTGGCGAGGAAGTGACAAAGACCGAGGCCCGCGACGTGGTGCCTTCGCCGAGGACGCATTGAGCGAAGCCGAC  
GCCCTGGCGGCCGTCGATGATGAACGCCAGGAAGAAGGCCCGCGCTTCTCGATGGCGACGGCCCGGCCCGCCGACCTGCC  
GCCCGCCCGTATCGAACGCAGAGCCTGCCGCAAATCCTGGCGGCCCTCCCGATGACGAGCTGGCGAGCTGGCCCGGTG  
AGCTGGCCGACCAGGAGCGGGAACGGCGTATTGCGGCTAAATGATGATAAGTGTCTTTACTCATTCGCTCATTTGTGCTAT  
GATGCAATGAGTAAGCCATCATCCGCACTACACCGGGAGAACACATGAAAGTCATTGCCGTGCTGAACCAGAAGGGCGGG  
AGTGGAACCAACCCATCGCCACCCACCTTGGCCGCGCCTTGAACCTGGACGGCGCGACGCTGTGCTAGTCGATTCCGA  
CCCCAGGGCAGCGCCCGGATTGGTCAGCCGTGCGGGAAGATCAGCCGCTAACCGTTGTCGGCATCGACCGGCCGACCA  
TTGACCGGGACGTGAAGAACGTAGCCCGCAAGGTGGATTTTGTGCTGATCGACGGCGCACCCCAAGCGGCCGACCTGGCC  
GTGTCCGGCATCAAGGCGGCCGACTTTCGTGCTGATTCCGGTGCAGCCATCGCCTTACGACATTTGGGCCACGGCCGACCT  
GGTGGAGCTGGTCAAGCAGCGCATCGAGGTCACGGACGGAAAACCTACAGGCCGCTTGTGTTGATCGCGTGGCCATCAAGG  
GCACCCGCATTGGCGGAGAAGTTGCCGAGGCGTTGGCCGGCTACGAGCTGCCCATTCGATGCCCCATCACGCGAGCGC  
GTGAGCTATCCCGGCACGGCCGCGCCGGCACGACCGTTCTTGAATCCGAGCCGGACGGCGATGCAGCGGCCGAGGTTTCG  
CGCCCTGGCCGCGGAAATCAAGCAAAAACCTCATTTGATACTTTAAGGAAATAAAGAAATGAGCAAAGCAGCAACCACACT  
CAGCGCCGCGCCGAGCGCACCGACCGACAATCAAAGCCGCCACGCTTGCAGCCTGGCCGACGACGCCAGCATGA  
AGCGGGTCAATTTTTGAATGTGCGCCGACCGACACCAAGCTGAAAATCTACGCAACCCGGCAGGGCAAGACCATCAAG  
GAACTATTGACCGAGTATGTCGCCAGCCTGCCGATTGACGCTCAAACACATATTTACTCATTTGAATTTTAGCGGCTAA  
AGGGCGAAGCCATGACAAAGAAGCAGCGAGAAGGGCAGGGCGCGCAGATCGGCGAGATCATGGGCGACCTACTGGCC

CAGGCGCAGATCAAAGCGGCGTTGCCGCCCCAAAGCGCCAAACCAAGAAGATCACGCCGGCCGGCCTCATCTTGACCGA  
GCGCGATCAAAGCTGATCGAGGCCAGCGCGGAGATTGCCACTACCCCCCGAGTGGCGAGGACATGGCTTTTACTCATG  
CCGTGCTGTGCCAGGTTGGTTTTGCCCCGCGCAAGGTGGAAGGCCGCGAGTTCATGCGGCAGTCCGGCGCGGCTTGGGT  
AATGTCCAGGCCGGCTACCTGGACGAAGGGCATGGCCCCGTTCTGCAACCTATCCCCTATGGCGTCATGCCCCGGCTTGG  
CCTGGCGTGGGTTTTCCACCTTCGCCGTGCGCAACAAAGAGCGGAAATCCCCATCGGTGACAGCGCCGCCGAGTTCTTGC  
GGCTCATGGGGATGGAGAGCGACGGCCGCCGCTATACGACCTTGCGGAAGCAGATGCACGCCCTTGGCCGCCGCTCGCCTG  
CAACTCGGATTCAAAGGGCGTACCTACAACGGCCAGCCAGTGCAGCAGTTCGATGCTTGGGTGGCGAACAAGGACACGCA  
GCAGCGGCCCTATGGCCTGGCGTCATGCTGTGTCAGAGGACTATTACGGCTCCCTGATCGAAAGCGCCGTGCCGCTGG  
ACAACCGCGCTTTGACAGCCCTGAAAGGTTCCGCACTGGCGTTGGACGTGTACGCCCTGGCTGGCCCATCGGCTGCACCCG  
ATCGAGGGCAGAGGGGTAACGCTGCACTGGAAGTTCGCTGCGCGAGCAGTTCGCCAGGAATACAGAGGGCAAAGACCCGGA  
CAAGGATTTCAAGAAGGAGTTTTTGGCCGTGCTGCGCAAGGTGCTGGCCGTCTATCCGCAGGCCAAGGTGAAGCCTGTCA  
CCGGCGCGTGTGCTGATCGGCTCGCCACCGCCATTCCCTACAAGGGCGGCCCCACGGTTTGTAGTAACTTCGTGAAA  
TCGCCCCCCCCCTTGACGACCGCACCGGCCGCCCAGATCGAGGCGGCCGCTGTTTTCTGGCGTGACCTGACCAGCACC  
TACCCCCGAGCGGTGCAACTGGGGATAAACCTGTGGATAGCTGCACTTATCCACGTGAAATCGCCCCCCCCAGGTTCTGT  
GAAATCGCCCCCCCCCTTCGCGGCTTATCCACGTGAAATCGCCCCCCCCCTAAACCTGTAAGGTAATCTTTTAAGATTTTT  
TCCTATAAATACTTGCCTGTAATTGGCAGGCAAATCGGTGGAATACTCGACCGGCAGCGCAAACCGAACCACCGCAACG  
CCCTACGGGCGCGCCTGCCCTCCGGTTCGCTTCCCTTCGCCCCGCGCTTCGCGTTCGGCTATCGCGGCCGATGGCC  
GCTCAAAAATGGCTGGCCTGCGGCCAGGCATCTACCAGGCGCGGCACGCCGCGCGGTGCCAACTCCACCGCTGCGCCC  
ACATCCAGCACCGCGGCCGCTGAAAGGTCGTCAAAGCGGTTTGTAGCAGGGAAAAGCAGGCAGGCCGACCGTCTGCGCTCA  
ACTCGAACACCTGCGCGAGCTGGAAGGCCGCAAGGTTGAACGCCAAGAAAGAAAGGGCCGCCAGGCTATCGAACTGGCCAG  
CATCGCCATATCCGACGATGACAACCGCCAAGCAATGCACCCAAGCCGCACAGGGACGCGCAGGAGGCGGAAAAGAGGGC  
CGAGGGTAGGGGATAGGTGCCGCCGACCCCAAAAACGCCGCCACGGGCCCCACAGGGCCGAATTTTCGGCCGCCACGCGCT  
CCCGGCCGGGCCGACCCGAGAACCAGGGCGCAAATAACGCTTGCAATAAGAAACAATAAGAATAATATATTTATTTATCTT  
ATCCGCCGGAGCCAAGGCCATGACGCAGCAAGCCCCCAAATTTCCGCCGACGTGCGCGAACGCATCATTTGCCGCCGCCG  
CCGATCTTTTCGAGCAGTCGGGCCGCGAGACGATGCCACCGTTCGATGCCGTGCGCCGTGCCGCCCGCTGGACATGAAC  
GCCGTCAGTCCCGTGAAGGAATGGGCGCAGGGCGCAGACGGCCAGCCGCGCCGCTGGCCGTAAGCTGCGCGGAATC  
CGTGCAGCAGGCGCAGCGCCGCCGCTGGCGACGATCTGGCAGCAGGCCAGGAGCTGGCGAAGCAATCTTCCGCGAGCG  
CACAGGCCGCATGGGAAACCAGCGGGCAGAGCAAGACGCCATGCGGCAAGAGCTGGCCGAGCTTTTCGAGCTCGAGGCC  
GGCGAGCTGGAAGCCTTGCAATCCCGCCTGGCGTCCATCGAGGCCGCCGAAGCGACCGCACGCGCGAAGCTACCGAGCT  
GCGCGGCCAACTGGCCGCCGCCAGGAGCAGGCGCACACGGCCGAGGCCCGCGCCAGGAGATCGAGCGCCGCGCCGGTG  
AGCTACGCACGGAGCTGGACAGGGCGCACACCAGACCAGCCAGGCCGCCGCCAGCTCGACCAGGTGCGCGGCGAAGCTG  
GCGAAGGTGCAGGCCAAGGCCGAAGCCGAACAGGAAGCGCACACCAGGAACAACGCAAGGCCGCGAGCAACCAGCGCACCG  
CATGGCCGAACGCCTCACCGCTGCCAGGCCGAACGCGATCAGGCCACGAAAGCCGCCGCGCCAGGCCCGCGAGGAAGCCG  
CACGCATGGCAGGGCAAATCGACACGCTCAAAGAGCAATCCGCCGCGCTGCTGGCCGATACGCCAGCCGAAGCCAAG  
CCGACCAGGAAGAAGCCCGCGCGGAGTGAATGCCTGCCCTCAAGTGTCAATAACCCGCTCGCTGGCCGTTTTGCACA  
AGCGCAGACAAAGAAAAGGCCGGAAGCATGGGGCGCTTTCCGGCCTGATATTGACACTTGAGGGGCGGCCAATTTTAGCC  
GCTAAAATCATTTACTCATAAAAGGTA AAAACTCAAAA ACTCTTTTATTCTTTTCTGCGCTGGCCGAAATGCCGCCAGG  
TCGATCACGTCCGCCGTGCGCCTTGTGGCGCCTGCATCGGCCGTGGGCGGCTTGACCCCGGCCGGGGCCGGGCTGGCCTT  
TGGCCGGAAGTGTGCCACAGTTCCGCGAAGAACGACCAGGCCAAGATGAAGGGCAGCAGCGGCAGCACCAGGACGAAGC  
CGACCAGGCCGGCCAGGGCGAGGCCGACCGGCCGAGGAAGGCCAGCGGCCGGCGCAGCAGATCGAGCAGCGCACCGCCG  
ACCAGCCATACGGCGCGAACAGGACGAACACCGCCGCAAAACAGGGCAGGGAAACAGCCGCCGAGGAACCACGCCAGGGC  
GATGACACCGAGAACCGCCGCGATGATGAACGCCATACGTCATCCCTCAACTATGGTAGGGATTCGCGTCAACAGCCCCG  
GCATATTCCGCTATCGCCAGGTAGTTTCAGCCGCTGAGCAGTGCAGGAGGGCGCTTCCCGCGCACCCAGGACAATCGATGCT  
CGGCCCCAGGCGCATGACTTTCATCCGGCCTGAGCAGTTCGCGCCGCTGAAATGCTGGCTGTGTCCGGTGTCTTGTCCCC  
GGTTTCATCGAGCCGCCGCCCTGATAGGCCGCTGCCGCTGTTCTTGGCCGTTTTTCCGCTCAAACTCAATCGTGGCT  
TTGCCAGGCTGTGCTGATGATTTTGGCCGTGTCGTAATCGTCAGTGCCAAAGAAGCTTTTTGGCGCTGTTCGCCAGGAA  
GGTCTGCCACTTGGGATAGGTGCCTTTGAGCTGCGACAGGTCTTGAATGAACACCCAGAAGGCCAGGCCGTAGCCGCGCA  
GCAGTGAACGGCGTCTCGATCTGCTTTCATGTAGCCGAGCTGGCCGAACTCATCGAGCAGGAACGCGACCCGGTGGCC  
GGCTGCACGTTACTGGACGTGATCGCGGCAATGATCGACCCGACAAAACAAGCGCAGGAAACGCGCATTTGGGGCCGATGCG  
GTTGGCGGGCATGACCAGGAACACCGTCATCAATTCCGACTTGTATCGCGGACAGGTGGAAGTCGGAGCGCGATAGCGCCG  
CTGCAATGCGCGGATCGTCCAAGAAGGCGGTATGCGTGCGGGCCGTTGAAATCACGTCTCCCGCGCTTGTGCGCCATG  
CCCATGATGGTATTCGCGGCCCTGGCCGGGATGCCGAAGCGGCCGTTTCGTCGGCGGCCATCATGCCAGGAGGTGCAA  
AAACTCGCCTTACCCGTTGGTCAGCAAGCGGCGCAGCTCGCCAGGTTCCGCCGTTCCGGCTCATCCAGGCTAACAACGT  
GAAGCATCAGTCTTGAAGTAGGTTTTTAGCCGACTCATCGAAGA ACTTGGATTTCGGCTTTCTCGCTGCCGATCACTAGG  
CAATCGGCCAGCGTGGCGGATTCGCTCACACAATCCGGGTTCCACACGTCCAGGCGATCCAGGACGTTGAAAGCGGCCG  
GCCGTCGCCATTGACCGCGAACGGATCGACCACATGCACGGCCTGGCCGAGCGCCCGGCCGGGCGGAGCCGTACGGCCG  
CGTTTTTCGCCCTTACGTCGAGAACCAGGGCCGATCCGGGATAGTCCAGGAGGTTTCGGAATCACCGCGCCAATGCCCTTG  
CCGGAGCCGGTCCGGGGCACGGTACGACATGGCCGGTAAAGCGGAAACGCTGATCGAGGCGCGGGCGCATCCGACAC  
CCGGCCAAGGGCGAAGCCGCCCGGCTTACCAGGCGCGACAGGTTGGCCGCCCTGGCGGATTTTCATCGACCGTTCCCAAC  
GGCCAGGCGCTGCAACCCAGCGGATGCGTGTGTTATCGACCGCGCGACCGCCGACCGCCGACCGCGCCGCAACTGGC  
CCGGACGTTGCACCTGGCCGCGCAGGTTTTCAATCGTTGCGCCGAGGATGCGCAGCCGCTTTCTGTGCGGAGACTCCGC  
GCCGACCAGGCCCGAGCCAGCCGAACACCCGCCCGCTTCAGATACGTTGCCACTGTTCCGGCAGCCGTCGCGCGCA  
GGATGAACCAGGCCGGAATGAATGGCGCGAACACGAACAGAAGCAACATGCCGACCGATGGAACGAGGAAGGCCAGACCA

ACGGCCGTGCCGACCGTACACAGGGTTCTGCCGTGCGTTGTGCGCCAGCCACGCGCCGACAAAGCAGACCGTGACCAGGTA  
GAACAACCAGCCACCGAAAGCCGCCTTGATGCGCTCGCCGAAACCGCCGAAATAGCCGCTCAGGTCGAGCCGCCGAGCT  
GTTCCATGCGTTCGCGCCGCGCTGCTGAACTTGGGCGCGATACTCCGCAAGAATCGTTTTCCGCTTGTCGCGTCCCGATG  
CCCTTGCCGAACCAACGCCTCGCGTCACGGATTGCTGCACGACATTGACGCCAGCCGTTGCCGCCGCCGCTGGCCGTTT  
GCCGTCCAGGCCCGCAGAATCCGGGCGCTGAAATCGTCCAGGCTGCCCGCCGAGGCAAGGCCCGCATTTGCAAGAACA  
GGCCCAAATCGTTGCGATACAGACTAAGGATGTTTGCCGCGCCTGGCGCGTTCGGTTCGCCACCGCAGCGGCTTCCAGT  
TCCTTCAACACCGGCAGCAATTCGGCCCACTTGTCCCGGTAGGCTTGCCAATTCGGGCGTTCGTCGCCATCGCCAAATC  
CTGCTGCCAACGTCAGGGCTTGCAGGCTGTTTTCCCACTTCTGGAATGCCGCTCTTGCGCATCACAAACGCGCTTCA  
CCCAGGCATCCGAATCTTCCGCGCCGTAGAACTTCGCGCCCTGCGCCGGTTCGATTTCAGGAAAACGCGGGCGTGC  
GCCGTGTTGCGCAACGACAGCACGAACGCCCAAAAAATACCGCTACGACAGCGGCCACAATTCGCCAAAAATCTCT  
AACGTCCATCATGCTTACCTCTATGTGAGGTTGAATTGACGGCTAGGAACGGTTGCCGCCGCTCTCCATCATCGGAA  
AAAGCCTCATCGCTGCCGCTCAAAGCGTGCTTTTTGTAGCGTCAGCGTTTGGCCCATTTAGCGCACCGGCCGCGAGGGT  
CAAAGCGCCCAAATCACAGACGCCGATAGCCCGCCATGCCGGACTTTATGACCAAGCCGCCGAGCTGGATTTTCCGGC  
GGGTATCTTCTCCTGGCGTTCATCCGAAGGCGTCCCAAATCGCGCTCAATCTGCGCTATTCGTTGCCGCCATCGGGGC  
AGCTTGCTTGCTTTCGTTTTGCGAAATTTGAGGCGACAGCCTCAAATCTTCCGCAATGAAGCGTCGTCATGTCGA  
GATCGCCGAGGCCAGCGGCAAGGGCAATCTTACCAATGCGTTCAGCGGCCCTGCTTTCCAATTCGGCCAGTTCGCTTG  
ATGCGGTTTCAGTTTCGGCCAGCTTGTGCGCCTTGCCTTCGATAACGCTTTTCGTCGCATCGTCATAGCTCCTTTGAGAT  
TGTGGGTTATGCGCACACGATCTTACCACCGGCGACGCTGTCGGGGAAGGCGCGCGCTGGTATAGTCATGGAGCGAAAG  
CGAAATGCGCACTTACGGGTTGCTGCGCAACCCTCATGCGGCCGGGGATACCCCGCACCCCTTTTTAGCGGCTAAAACG  
CCAAGGGAAAAAATGGCGATCTACCCTTGAACACGCACACGATAGGACGGGCGGCCGGGCATAGCGCCGTGGCCGCTGC  
CGCCTATCGTTCCGCGTTCGCTCGCTGGTAGATGAGCGCACCGGAGAAGTGTTCGATTTACCCCGCAAAGCGGGCGTGTGT  
CGTCCGAGATAGTCACGCCCGCAGGCGTGCCGGTTCCCGAGCGTGCCGCTTGTGGAATGCCGCCGAGACCGCCGAGAAG  
CGAAAAGATGCGCGAGTGGCCCGAGAGTGGCGGGCGGCCCTGCCGCATGAGCTGAACGAAGCCGACCGTAAAGAGCTGGC  
AACGCGCATGGGGCAGGCTATCGCAGACCGCTACGGCGTGGCCGTGGATGTGTGCATTCACGCACCAGACAAGGAGGGCG  
ACGACCGGAATTTTACGTTTCATATGCTGGCGACACCGCCAGCATTTCAGGCCGATGGAACGCTAGGCGCGAAGGCCGTC  
ATTGAGCTGGCGAACAAGACAGGCGAGAAGCGGGCATTCTTGCACAAGCCAGGGCGACATCGAGATTCGCCAGCA  
GTGGGCGGAGCTAACAAAGCAGGCGCTAGAGCGGGCCGGAATCAGCGCCCGCTAGATCATCGCAGTATGCGAGTACGATCAGG  
GCGTAGAACTCACACCAACCAAGCACATCGGCAGCGATGCCGTGGCGATGGACAGGCGCGCCTGGAGGCCGACCGCATC  
GACATTCACAACGCCGACCGGCAGGAGCAGGCGCGGAGATTGTGCGAGCGGCCGGAGATCATCTAGACAAGCTCACGGC  
CACGCAAGCGGTATTCACGCGCCGCGATATTGCCGAGAGCTGAACCGCTACATTGACGATGCCGACCAGTTCAGGGCT  
TGCTTGCCAGGCTGGAAAAATCGCCGCTTCTGGTTCGAGATGGAACCGGCCAACGGGCGGACCCGGCGAAGTTCTCTACC  
CGCGAAATGATCGACACCGAGCGCGGCATGGTGGACAGTGCAGCGCCTGGCGAGAACCGGCAGGCATGGCGTTTCCGG  
CCCCATCACGAACCGCGGATTGACGGCGCAGGCACCCTATCGGCAGAGCAGCAAAACGCCGTCCGGCACGTTCTCAAGC  
CGGGCAGCCTGGCCGTGGTTCATCGGCAGCGCCGGCACAGGCAAATCGTTCTCGATGAAGGTTGCACGCGAGGCATGGCAA  
GCGCAGGGCTTCAACGTGCGCGGCGCGGCCCTGGCGGGCAAGGCGGCCGACGAATTCAGGCGGGTAGCGGCATCGACAG  
CCGCACGCTGGCATCCCTTGAATTTGCCTGGAAGAACGGAAAAGACAAACTCACTTCCCGCGATGTTCTGGTGCATCGACG  
AAGCGGGCATGATCGGCAGCCGCCAGCTTGGCCGCGTGTGAAAGCCGCCGAGCAGGCCGGGGCAAAAGTCTCTCTGCTG  
GGCGACGACAAGCAGCTTGCCGCCATAGAGGCGGGCGCGGCTTTCCGGGGCGTGGTGCAGCATGTCGGCGGGCAGAAAT  
CACCGAGGTTTCGACGCCAGAAAGAGGCATGGGCGCGTGCAGCCGGCCAGGAGCTTGCAGCGGTTCCGTTGCCGATGGCT  
TGGCGGCCATGCGGAGCGCGGCCACGTCAAAATCCACGACAGCCGGGACGCCGCCCGGACAGCCTGGCGGGCCGCTTAT  
GTCGGCGACCAGGGCAAGGGTAGCCAGATCATCTTGCACAGCAATAAGGACGTGCAGGCGCTCAATGAAGCCGTGGC  
CGAGGCCCGCAAGGAACCGCGAGAGCTGCGCGGACCGCCGCTTTATGACCGAGCGTGGCGGCCGGGAATTTGCCCCAG  
GCGACCGCATCGTGTCTTCAAAAACGACCGCGACCTTGGCGTTAAGAACCGCACTTGGCACCGTTCGAGCGTGGCGAA  
GATGGAAGCTTCCGCTGCGCCTGGACAGCGGGCAAGCCCGGTTCCAGGCCGCAATATGCCCGCTGCATATGG  
TTATGCCGTACAGTTTCAAAAGCCAGGGCGTTACCGTCGATAGGGCTTACCTGCTGGCGACCCCTGGCATGGATAGGA  
GCCTTGCTATGTCGGCATGACCCGGCACCGCGAGGCGGGCACCCCTGTTTGCAGGAGCCGACGACTTCACAGACCGCCGC  
GCCGGCCGCTGGTTCGATCATGGCGCAGCGCCCTACGAGAACAAGCCGGAGAACCAGGGCCAGCTACTTTGCCACTCTGGA  
AAACGACAACGGCGAACCGGCACACCATTTGGGGCGTTCGATCTTGAACGCGCCATTGCGGCCAGCGCGCAAGCGAGGCG  
ACCGTATCGCCCTGGAACATGGCGGCTCTGAAACCGTGCAGCTGCCAGACGGCACACCGCCGAGCGCAACACCTGGCAC  
GTTTCGGCGCGCGCCGAGCTGGCCGCCGCAAGCTGGCCAGGTGCTAGGCCGCGAGCGTCCGAAGGAAAGCACTTTGGA  
CTTTGCCGACCGGCGGGCTTTGACGGTGAAGCGTGGTGCAGCGCTGGCTGGAACGTGGGCGGGCGAAGGTGGCCGAGC  
TGGCCGGGAAGATGCGCGACGGCCTGCGCCGCAACCTGGAACGCCACGGCCGCCCGACCTCATGCCCGCAGCCGACATT  
GCTGGCACGCCAACCGTGCAGCGGCCGACGAGAACGAGCGCACGCCAGAGGACGAGAAGAAGCGCCGGGCGGCCGAGAT  
CGCGGCGAAGTTCCGGCAGCAGGTGAGCGAGGAACCGCGCGAGCAGGCGCCGACGAGCGGCCAGGCGCCGAGCGCC  
CGGCACCCGACCCGCTGGCCGGATTCCGCGCCGGTGTGAGCGTGGCGAGGCGGCGAGGCGGCCGCTGGCCCTGGACGTG  
GCGAAGGCACAGCTTGCCGTGCGCCAGGAGTTCCACGCGGCCGGGAAAGACCCCGGCACCATTCGGCGGCCATCATGCA  
GGAAGGCCAGCAGCGGGCCTTTGCGGGCCTGGCGCAGCCGTCCAGGCCAAGGCCGAGCCGGAGCGCTGGCGGGCCGTTCC  
AGGTGAGCGAACAAGACCGCAAGCGGGCAGAGATGAATGCACGCCAAGAAGTCAGCCGGTTCAAGACGCTGGCAGCAGGC  
CGCCGCAACGGCATTGCCGGTTACACCGACCGCAGCCCGTCAAGTGGCAGGCATTCGCCGGGCGAGCTGCGCGAGCGCAT  
CAGCGGTTCAATGCCATGCCGAAAGAGCGTCAGCCGCTGAGCTGGACAAGATGCAGCGGAGCTTGGCGACAGGTATG  
CACGCAATCCGCGAGGAAATCACGCGACCGCACAGCAGCAGCTGAACAGGAGCGCGCCGCGATGGCGGGTGCAGGTTAT  
TGAGTTAAAACGCTTTTACTCATTTGCGTTTGTGTTATGCAATGAGTAAATGAGAATTTGAGGTTTACGCCAGGAG  
GAAAGACGATGAGCACCGAACCGACGAACGAAGAATTTGCCAAGAGCTATGCAACGAAGATCGAGCAGGCCCGAGGAGCGC



CGCGAGGCGAAAGACCAGGAGCGGGCTAGAGCGGCACGGCCAGGCGGGCCGCGCTGGCATCGCAGAACATCGAGGCCGAGCA  
 ACCGCAGGCCAAGCAGGCCAGGGCTTCGAGCTGGACGCGCAGAACCAAGACAGCGCAGAGCAGCGCATCGACCGCAACG  
 AGATCAACGGCCAGCAGGCCAAAGACGCTGGCAAAGGAATTGAACCGCGACAACGAGAGCGGGCAGCCAGGTGAAGCAAGCC  
 AGGGCGCGGGAAATCGCCGAGCGGTTCAAGGAGAAGGCGGCACGCGACCGGGAGCAGTCCCGCAGTTTCAGCCGCTAAAA  
 AGCGGTGCCAGGAAGGCGGCAACCCACCTGGACACCTGACCACAACCCACCTGACATAGAGGTGAAAATCATGGCTACTT  
 CCAATGTTACCGGCCGGGCGAGAACCCGGTATATCGAAATATTGCATCACCTTCGGCGTATCGCTGGCCGCGCTCATCCTG  
 GCCGGCGGCGTGTGGTCTTTTCTACTGGCAGCACGTGAGCTGCTGCATGAGGGCGACCGGTAGGCACGCGCCTGGA  
 ACGCTTGGGCCTGATCGACCGGGAGGGCGCACAGCATGAGCCGCGCTAAAGCCTGGCGGCGTGGCCCTTGCAACCTAC  
 ATCGCCCGGGCGCTGCATTTGACCTTGGCGGGCTACACCGTGGCGACCCAGCCGGAACGCCAACCCCTGCGCGCAC  
 GCGGGAGCGCATCGAGGACTTCCAGCGCGAGCAAACCGCCATTGCCGAGAACTCGATAAGCGCGGCCAGTGTGCGGCGCG  
 GCACCCTGCCCCCGACACCCGGCCGCTGTGCGCGCGGACTGGCCCGCCCTGGCCGAGCGGCCATGCCATCCGTGGTG  
 GCCCTGGCGGGCATCGACAAGCCCTATGGCACCGGCCAGAACAATCACGCCTGGCGTATTCTGGCGTTCAACAGAACGC  
 GGCTACGGCCGCCCTCACCCGATTCGCGCTTGGCATCGGGATTGGCCGAAAAGAGGATGCCAAGCGGGCGGACGCGCATCA  
 TCTGCGGGCGGCTGGCCGTGAAGGAAACAAGGTGCTGACCGTGGCCATTGTGTGAAGGCCAGGAAGCATTGCGCGTG  
 CGCACCGCTGCCGGCGAGTGGCGCGAGGCCCCGCTGATCGGCGCGGACATTTCCCGGACGTGGCGCTGATCGAGATCGA  
 GGGGACCCCCCTGCCCCGATTCCGGTTGCTGGCGTCATGCCCGCCAGGGGCGAGGACGTGATGGCGATCGGTTCCGCCAG  
 GCGGCTACGGCTTCGCCGTGGGCGTGGGCATCGTGGCGTGGTATGGCCGCGATGCCGCGATGCTTTCCCCGATGATTTT  
 ATGCTGGTGACGGCTTCAATCATCGGCGGCAACTCGGGCGGCGTTGTGCTGAACACCAGGGGCGAAGCCGTTTCACTGGT  
 GAGCTATGGCTATGGCATCTACACGCAGACCGTGCCGATAGACCGCGCCCAGGCAGTTGCGGCCGCGATCGAGCGCCGCG  
 TCGTGCGGTAAGCCCTGCACAGAACCCGAAGGCCGGGCGCTGCGCCAGGTGATACCGGACGCCGCCGGCGTCTCGATG  
 AATCCTCAACCTTTGGAGCAACAGCTATGAAACTTTCGCAATTCTTCCCGCTGGCGGCCGTGGCCGCCCTTCTGATCGCT  
 TCGACCGCGCACGCCGGCCAGGATGCCGACCGGGCCCGCTTTTTCGATCATGGCCCTGTCCAGGCGGCTTATGACGCCTA  
 CCAGGTACGGCGAGCCGGGCGCAGAACAACAATGGACAGCATCGAGGCCGAGCTACCGGAACCCGGCTTGTGCGGCCGAGC  
 GGCGCGAGCTGCTGGCGGTGTGCTTGGCACCCCTTCGCGCCCCGCGAGGCGGCCGATTTGGAGAGGCTGCACGCTGAATCA  
 GCCTTGGCACAGTTGAAGATGGCAGACTGGAACCGCGACCCGGTAACGGCGACCAGGAACAAGAAGGGCGGCCACTGGCCG  
 CCTTTTTCACGCTTGGATCTTGCATCGTTCCTTGGCGATTCCTGGCGATTCGCGGCCGCGTTCATCGTGAAGTGGCGCA  
 TGTGGCCAGCCCTCGCCTTCAAGGTTTCGAGGCGGCCACTCGCCGCCAACGGCGGCCATCGACCCATTTCCCGT  
 TCTTCGGGCGGTAGCGGCTGCGAATAGTCGGATTTCGGCCAGCAGCTCATCGAGCGTGTAGCGGGCGGCTCATCGGCGG  
 GCCTCATCGAGCCAGGCCAGCGTTCAGCTTTCGCGGGCGGCCACGCGGGCCACCAGCTCGCGCACCCAGGCCGGCCAGGCT  
 CATGCCGTGCGCTGCCGCGACGGCGGCGAGCTTCGGCTTTCACGTCCGCGAGGAACGGCGGCGCTGATGGTGGCAGCCTGGT  
 TCATACGGCCAAATCCAGCGGCAAATCGGAAATGTCTTTCAGGCGCTTGGCCATCGACCATCACGGCCAGCATGTGCGGCCG  
 CGTCCGTTCATGCCCAAGGCTTCTACCGTGGCTTGCAGCTCATAACGGGCGAAGTGATACACGCAATCAATGTCCCCGTT  
 CCCAGGGCGATAGAGGCAAGGCGGCTTGGTGTGCGTTTCGGCCGTGACGACCACCATGAGGCAGACGGCCCTTGGCGTT  
 GCGCACCGAGTTCAACGCTTCGGAACGGGCGTTCGCGCCCCGCTGCTGCGAATTGTCCATTTCATGAAATGCTGGCGT  
 GCAGCAGCGGCGAGGCCGCCGTTTTTCTTCCGCGAGGCTGGCAAGCGTGGTTCACACTGTCATCGACCAGGAGCGCCGGGGCG  
 TTGATGGCGCTGTGCTCCTCGGTGTGCGCACACCACACAATATCCGGCGTGTGATGGTGTAGTGTGCTGCCAGGGCGGCCG  
 CAGTTCCGGCATCGGCCTTGGCGGCCCGGTGCGAGCGCGACCGAGGTGCGCGTATTGCTCATAACGGGCAATTTCCAGGCGGT  
 TACGGCCGGGAGACTTGATGCACGTCCCAAATGCCGGGCCGGAGGTGGCCGAGCTTGAGGAAGGTTTCCCGCACGAAGCCT  
 GCGCAGATGCCTTCAAACCTGGTGGCTCTGTTGCAAAGATTGGCGGCAGTCAGAGGTAGGCTGTGCTCTGCGCCGATCAG  
 GCGGCTGCTGCGAAATGGTGGTTGAGCATGCCCATGGCCTCCGTGAGCGCCGAGGGCCCAATGCCAAAAGCTCTCTCCAC  
 AAGGCGCACCTCGCCCCTGATGCCGGGCTGCAGGCACAGGGGCGAGCCTGTCTTTGCGCAGGGCTCGCATGACTTCGA  
 ATCCCTTGATCGTGGCATAGCCGTGGGGATCGATTTGAAACCGCGCACCGGCTTGTATCAGTATCTTGGACTTTCCGTGAT  
 CGGCTCGATCACGTTATTGAGATACTTACCTGCCGTTGGGCGCTCTCCCGGTCAGCTTTCTTTCGCGCTTCAATTCG  
 GTGATCTGACACCATATGCTCGGCGCTTTGTCGGTATTGAGCGTGGCAGGCTTTCCAGTGTCTCAGGCTTCGACGGGCG  
 CTTGCCAGGAACCGCTTCGCTGCCTTGGCGCTGCGGGTTCGGCGACAGGTAGAAATCGATCGTGTGCGGCCGCTTGTGCGA  
 CTGCCCGGTACAGGTAGGTCCACTTGGCCCCGACCTTGGAGTAGGTTTTCATCCAGGCGCCAGCTCGGATCAAAGCCACGC  
 CGCCAGAACCAGCGCAGCCGCTTCTCCATCTCCGGGGCGTAGCACTGGACCCAGCGATAGATCGTGTGATGGTGCAGCCGA  
 AATGCCGCGTTCCGCCAGCATTTCTCAAGGTGCGGATAGCTGATCGGATAGCGACAATAACAGCGCACCGCCACAGGA  
 TCACATCACCTGGAAATGGCGCCACTTGAATCCGTTCATCGTTCCGTCCGTCCAATCTCCGCCAAGCATGCTCAAGCTT  
 CACGATTTTTGCAACAGAGCC

### **12.3.4 Geninsel PAGI-4(C)**

#### **Gesamtsequenz von PAGI-4(C), 23395 bp**

TTTTTCTACGGGGCGAGTTGCACAGGCCTAGGAAGGGGTGTTGCACCTTTTACTTGTCCAGCAGCCGTCTGGGCGGAACAT  
 TAGGCCCGCATTGACGTGATGTCAATATGGAATAGCCCCGCCATTTAGGTGGGCTTTTCTGTTTCTAAGGCCCTGAAACC

ATTCTGCAGGCGTAGCAATGCGCCCTCGACGTAATCAGCGATTACAGAGGGTACTGCGGTGTTGGCCTTGAAACTGCGGG  
GCTCTGCCAGCATGCCGGCGCTGGAATCTAGGCGCTCTCGGTAATTCAGATTTTCTTACAGGCCTAGCGAACTGCTGG  
GAGGCGCGGCTACCTTTTCGTCCGGTAGCCGGTCTTTCAGTACCGGTATCGCTAGGCGAGACTGCTTCGGGCGAGTAGATCC  
CCATCCACCAGATCCGCTTGTTCAGCGGGAGCCGCGGATGCCGAGGCGGCACGGTTCGATAAGTGTGAGCCATCAGAG  
TGAACAGCACGCTTTGGTTCGAAGGTGTCAGGTGGCTGTGGTAGCGCTTCTTCCCGCACGGTTGGACCTCCCTGAATGCCT  
GTCCCTGGTATGTGCTCCCTTGGTTCTGCAGGTTCTGTCTGGCCTCCGGCGGGTACTTCACCCATTCGAGCGAGAGG  
TTGCCCGCATGGCTTCGGTTTGGCAGAGGCTTGGCGGGAGCCGCTGTAATCCACCTTCTGACGTTCTCTAGCGCGCCTT  
GGGCCAGGCTTCTGGCATGCAGCACGGCACGCATGTGGTCGTAGTCGGCCTCGATGTAGCTCATGGTGGTCTGGATATTC  
GAGTGGTTGAGCAGGCACTTCGTGAGGTGGATGTTCCGCTCGGGTGCCTTCATCAAGTCGGTGGCCAGGTTGTCGGGAA  
ACGGTGCGGGGTCAATTCGCACCCCAACCTTCTCGGTCAACTCCGGTACATGGCTTCGACCTGGTTCGGAGTTCATCACCT  
TGCTCTTGTAGTGCGGTGAGAACCAGGTTGACGTTGAACAACCTGGTCGTATCGGCGAATCCGGCTCTATCGGCCCTCTGC  
AGGAGCCGCGATAGGTGAGGCACAAGCCCTCCGTTATTGGCACTACGAACTCTTTATGAGTTTTCTCTGTCTCGCCGCG  
GATGAGGATCAGTTGATTATCCAGTCGATGTGCGCTTGGGATGCACAGCAGCGCTTCAACCGGATGCCGGTGTAGT  
AGAAGACCTCAAACGTGCAAAGCCAGAACCAGGCGGGAGTGATGCGTGCAGCATCGCCGGTGCAGCGCTCGGCGCCGACC  
TGATGTTGAGCCAATTGGCGGCGCGCAGGATGGCTTCGGCTGCACGGTTTTGCTTGGCTCGCTGGGGGGATGACGGT  
GGTCTTTCTGAACGGGTTGACTTGGGAGTGCCTACAGCTCGTGTGATGGCATAACCCAGATCGTTCGCAGATGAT  
TCGAATACGTGTTCCAGCTCCTTTCGACAGGCTTGTTCAGGACCTTGCGCCCATCCAGCACAGACCTGTGGTCC  
ACCTCCTGTACGGTTGCCGTAGGGCCGAAGTGCTTGAGCAGCGCCTTGGTCGCGCGCGGTAGATCTTCGCGCTGGCTTC  
TCGGAGATCGTGCAGCAAGATGTACTCCTCGGTGAGCTGCTGCAGCGCTCATTCCACACCTCCTTCGGCATCGGTGATGAC  
CGTGAGGCTTGGGTTGTCCAGAGGCTGCACAGGGAACAGCAGTTCGGGATCCTGGAGCAGGTAAGCCTTGAGCTCCTTCG  
TCTTGCAGGACCAGAAACCTTGATGGTCCAGATGTTTCAGATTTACTGGTCTTTTCGGTGAAGACCTGTTCCTCGAAC  
GCGCGCTGCACCAGCTTCCAGCCGGCGGTCTCCTTGGCCTGGGCCAGCTTTTCAACCTCCGGATGCTCCTGGACATAACG  
CTTGAAGATTCCTGGCGTGACAGCATGGCGGTCCCGTCGACGGTATGCACCAAAGCCTTGGTGTGCTTGATGAACAGGC  
GACGGGCCGTGATGCCAGATTTTCATCCAGTCAACGAATCCCTGTCCAGATCAGTGTCTTCGCTAGGCATAAAATACGTCT  
TCAATTGCTTCAGGAGCGCAATCTATTGGTCTTGGTCCCTAGTGGCTGCTGTAGGTTCTCCTCCCGCGTGTGTTCCG  
AGGAGAACACCGCGAGTCGTGGCTAGTGTCTAGCTTCTTGGTGGCGAATTGATATACCAAGAAGTGCCTACAAAT  
CGTCTGTTTTCTTCTGATCATCAGTTGAGGGTTTCGCAATCGCCTGTATGTCGTTTTCGCAATGTTGCGCGCA  
GGCTGGCGGAGCGTCATCTTTGCTTCTGGCGCCTGTGCTGTTCAATCGGATCGTTGGGGATTTTCGAGGTCGTTTCCG  
CTTTTCAGGGGAGGCGTTGCCCTCTTCAACTACGAGTGATCCGCTGTAGGAATCAGGCCGCTCGGCAGGGTCAGCCCAA  
TCAAGGCTGGAGCGATCTTGAGGAGCGTGAACCTGTTTCTCCACCAGCACCATTGTCTATCGTGGCCGTCCAGATGGCC  
TTGTCTTCGGCGTTCGTCTGGATGACGGCCTGGTCTGGAGCATGTTGAAGAATGGCGCGTTGGAGGAGGGGACCCCTTC  
GATTCCTGAGCCAGCAGGTAGGCTCTCAACTGATCGGCCGCGGGCTTGTCTACCAGCCAGAGTGCCTCTGAGTCAGCC  
ACCCGTTCGGACGGGCGCCCGGCTGATTCAGCTTGAATTTGTCTTACCAGGAAGCGCAGGCGCTTGCCTACTGCCG  
TGCAGCGACTGCTTCGGTGCAGCCAGCGCTCGATCCGGATTACCCCCAGCTCCTGCGCGACTGAGGCTGGTCTGCCTT  
CACGATGATCTCGCCGAGGATCCCAGCGTGTCTGTAAGTGCCTTGCAGAACAGGTAGATCAATTTGGGCCACAGCTCTGGAA  
AGCGACTGAGCCAGTCGAGTGCAGTGCAGCGGAAGCAGTTGGTGGATGAGGAGTGTGAGGCGAGCGCCGTGGAGCTGGTAT  
TCGCGGGACTTCACGTACTTGAAGCGGTAAGGCTGGTTGATCGGTCCGTTCCAAGGGTGCAGGTCGTGCCGTCTGCAG  
CTCAACCTGCAGGTCGACGACGATCTTGCCATGTGCTGAGCCAGGGCACCATAAGCCGCGGGCGGCCGACCAGGCTTCAG  
CTTGGGCTGACTGTGACTCTGGCGCTGCGCCGATCGGGAGCAGGTAAGTCTGCCGCACCTTCAGTGCATAGGCCACGATC  
TCCAGGCCGTGATCGATCATCCCGCTGGATGGGCATGGTGTGTTTTCCGAAGCTGGGAGCTGCTGGACCAGCTCGGC  
ATAGTTGGCCAATGGCCGCGGGTAGATCTCCTCGAATTGCTGCTTGGATAGCGAGGCACGCTGCCAGATGTTCTCCAGTA  
GCTGCCGGCGCCGAGGCGTGCAGGACGCTCCATACTGTCTCAGAGGCGGGAGGAATCCCCAGCGGCAGCTTTGGTTGGT  
GGGTTGGGGACGGCTTCTTAGAGATCCAGGAAAGGAGTTGAAACATGGGAGGCTCCATGACGATTCATGGAGCGGGCTT  
TCCCGCAGATCAGGGGCTGGCAACAACGATAAAACAACGTTGCGGGCAAGGGTATTTGTTGGCAATGTGCCATCCC  
GGCCTTGTGCTCTGCCGGGGAGGAACGCGCAGGCTCAACCATTTGGGCACCTGCTGATGGATGTTACCCGCTAGCCTTT  
TCGTGTTCCCGGCGCGAACGCAGCCATTTCTGCCTTCCGGCAGGCCCTTTTCGGGTAGGGCTTTTACCCTTGTGAACCAT  
TCCATTCACCCTTCAAGCCCATTTCCCTTTGGGCCATTTGCTCCTGTACAGTTGCTCACCGATGGGGCAGGTGTTGAT  
CCAGATCCATGGAGTCGTGAAGCACGCGAACACCTCGAGCACCTGGTTCAGTCGCAACCCGGAAGAAGACGAAGTGCCCTG  
GGCCGAACAACCTTACCGACGTTGGGCATCGAGCGGCAGTAAACAGGTTGGATGCTGCGCAGGCCAGCTCCCAGCTCTTC  
ACGGCTGATGCTGCCTACCTGTTGTGGGTCTGACGCAACTGCTTCCAGCGCTGCGCCGATGAGTGCCTGGTAACGTCGGC  
GCGGGCATCGCCGAAGCGGTTGTGGGTGAAGCGCAGGATGTGATGATGTCGCTGAGCATCATGGGAGATGCGGTAT  
TTGGCCATGCTTCAGTGGCTCGCTGGTTGCCGAGCTCGTCGAGGATTTGGGCCAGGTCGTGCTGTTAAGCTCGTCGTA  
CTCGCCGCGCTCCAGTTGCATCAGCCACTGGATGTTGCGTTGCGGAGGGCTTCGAGCTTGGCGCTATTCGTTGGCTTCCCT  
GTTGCGCAACAGGCGCAGGCTGCCCGGATGACTTCGCTGCGGTTCTGATAGCGGCCGGTCTCCACCAGCTCGTTGATG  
TCCTGCTCCATCGGGTCAGGAAGGACGACATTTTCAGTTGCCATAGGGTGTCTCCAGTCCATAGATAGCTAGTGGCATAAT  
ATGCCATATGGCTTGCCAAATCACCTTTTTTCGGCGTATAGGTGATAGCAGGATACCTCCCTTTGGGAGCCAGGAGATTGA  
TCATGAATGCACACGCCAACAAGGTTTCGCCGCACGGGCCGGTTTCGGTCTGGGCACGTTTGTGCGCTTCTGCCTGCAT  
GATCGCCGTCCAGCTCTACGTTGGGTTAAGCGAGTTAGCCTATTCTTGTAGCAACTCTTGTAGTGTACAGAACTTTAT  
GTGGCTTGTGGGATCAATGACTCTACTATGTGATTTCTGGTGGGGTATGCCTTAGTTAAAGGGGATATCTCCGCTC  
CCAAAGAGTCTCCAAGTCGAGATGTCACAACAATGACTTCTCAAGCTGAAACTGAATCTGTAGCAGAGCTGTTTACTAT  
CAGGAGCTCACCAATTACGGGACTAGCCCCGGTAAATGGCTTTATACTTTTTTAAACCAGTTTTTTAACTCTATTTCCCT  
GCTTCTTACCAGCGGCTTGAACCTCCTTCGGTCCCTCTGCTCAATCCGTTTCAGTACAGACCTGCTTGAATTCGGACCA  
GCCGATCGCTGTCATCCACAGCAGTGGTAAACAATGAACATAGAACCATCACGAAGTTCAGGATTCATCTTGAGTTCG

CCGTATTCAGCCCCATAACTGGGTGCGAACGAAAGATGCGGTGATCCCCGAGCCATAGAAGGCATCAAGGATCGTGCTGTGCG  
ATGTATCTGGCTAACTGAAACCAGAAATCGACGAACATCATCGCAAAGAAGACGACCGTCATCGTCATGGCAACTTTCAG  
TTGATAGGTGCCGATGACCAGGACCATCGGAATGCAGATGACCATTGCCATCTTCAGGAACGACATCACCATCGGCAGTG  
CCTGGCGGACCATATCCATCGCCGGGAAGTAGGCCAGGCTGCCAGGGCAACGCCGAAGGTTCCAGCGGTTCTCGCGATG  
CCGTTCCAGACCGTACCGCCACCTGCCACCATAGTCGGTATAGACGTTGCCTTTGACCTGGCTGGACGGTGAAATCAC  
CTGGCGGATGACTGCCTCGGTACCTCGTCCTGGTCCAGCCATTTCCGCCATTTGAGGAAGCTGGTTCATCAGGTCCGGAT  
CCACCTGGCCCTTGATCCGATCACGCAAGCCGATCCCTGAGTCAGCCCACCACTGCTTGCAGGTTGGGTAGCCACCACCA  
CCGCCACCTGGGGCAGCCCGGCGTCGCGGGTGGCGTTGTAGGGCCACGACTGACGGGGACTCTTCGAGTAGTCGGTGTG  
GTAGTACCCCGGGTGTTCACGCGCGTATTGTCCACTTCCATTTCGCATCTGCCGAGATCCGTGCCGACGGAATGGCCGC  
GACCGCGCCGGCGGTGAAGCCCTTGACAGGGCGTGCATCATCGCCCACCAGAGCGGCATCTGCCACTCTTGCCGGCCA  
GGCTGCTGAAGGAGGTGACCCAGCCGGTGTCTGCCGGCGCTGGCAGGTTGTAAGTGGCACTGCTGGGCGCGGGCTGGTGC  
AACTCGATGGTGTGCAAGCTCACGTTGACGACCGGGATTCCCAGGCGACCCAGATGTAGCCGACGTAGATATGCGT  
CTCGATGCGGGCCAGAGACAGCACGCCTTTGTTGCCCTCGTCGGCGCTTCCCCGGAACCTTCAGCCACTCACGCATCA  
CAATGGCCACGAAGGGCACCGCGAACAGCCCTGTATCCGAGATCATGTTCCAGATCCCGTGTGATGATCCAACCGAGG  
AGGGTGAGGTAATACTCCAGGTAGTCATTGGTTCATGAAGGTTCATGCTGCGCTCCCGTGCAGGAGTAGGCTTTGCTGAAT  
TCGATGAGCAGGATCAGCAACAGCACCAGGATCTCGATCCGCCGAATGCGCTGCCGCTCATGCGCGCTCAGCTCCTTGCG  
CTGCTTGAGCCGGAACCAGGCGATGGCCAGGGCGCAGTACAGCAGCGCCCGCCAGGCGAACAACTCCAGTAGTTGCTTT  
GCCGCCAGGCCTCCAGGCCCTGGATGCCGCCGAAGTGGTTTAGGGCGAAGAGGCTGAGCAGCGTACCGACCACTGCCAGA  
CCGACGACGATCATCACTCCGACAGTAGCTGGCCGAGGAGCTTTCGGCTGGTGAGCGTATCTGCCATCACGGTCTCCCT  
CCCCGACCCGACTTGCCCGCCGGCGGCAGAGGGGGCTGCAGGCGATCAAGGCGATCAGCATCGGGCGCCGACTCGAACAC  
GCCGCTGGACCCTGAGGCGCGCTGTTGCCCGCGCTCGATGACCCGCATGGGCGAATGCTGGCCAACCTCGCGACGGAGTT  
CCAGTTCGGTCTTGAGGTTTCAGATCTCCTGCTGCAGGAGGCTGGTCTGCTGATCGACGGCTTGGGTGGCCAGGCCGTTG  
GCGGCGAGCTTGGGCTCCTTGCGCGCCGGCGAACATCAGGCGCTGTAACAACAGGGCCTTGCTGAGCACGTCCATCAGGGA  
GACATCGGACCGCAGGCGCGCCAGGACGCTCCTGCTCAGCTGCTCGCGCAGCGCTCGATGACGCGCGGGTGATTG  
GCAGCGCATCGGTGCCCGCGCAGCCAGGTTCTCGCGGTCAGTGGCTTACTTTTCGATAGCAGCTCCTGCAGCGATGG  
AGCTTCTTGTGCTAGGTCTCTTGATCAGCGGGGTGAGCCGACGCTGACGCCGTCACCGTCTTCTCGACGCTTCCACA  
GGTCTGCTGCTGTTGCTCCCCAGTACCCGGGTGGCGAATGCAGCGCTTCTTGGGGGGAGGACCAGGTGTTGCAGACCA  
GGCCGTTGTTACAACCTGGCGGAAGGCACGCTCGATGAGTCTTTCACCGAGCGGCTGGTCAACAGGTTGTAGCCCGCCCGG  
GTCACGTCGTTGACGATGCGAATGGGCTTCTGGCCGAGCCGCCGGCTTGTCTCCACCGACCCAGGTTACGCCATCGTT  
GCCGCCCTTCTTCTCCACTACTTCGAGGGCGGATACGGCGTCTTTCGCCAGAGGCCAGCGTGGCGCCAGGGCTGGC  
CTTCGGCGATTTTCCCCAGCCGGTCTGCTCCCAGCGATGTCAGCCATCTTCTCGGCATCGCTCTGCAAGTCCCTTTC  
GAGCGGTGCTAGTCGATCCGCGCCTGCAGGATGCCATTGGTATCAGGTTGTAGAGCTGAGGGTTTCGCGCGCTGGATGAT  
CAACGCCGTTAGCGACATGACCGCGCCGGTTCGCGTCTGGATGACTGAGCCCATGATGTTCTGGAAGCCCTGTGTGGCAC  
CGTTGAGCTGGTTCTCCAGGGTGGTGCTCAGGTTTCATGTTTCCGCACATCAGGTCGTTGTTCCAGCCGAAACCGACGCCG  
ATCGAGTCCATCTGGCCGGCGCTGCCCATGCTCACCGCACTGCCGCCGAATGCTGTATAGGACCTCGTTCGTCGAGCAC  
CGTGCCGGTCTTGACACGTTGATTGGGTGCTCGGCCTGGGCAAGTTGCGCTGCGAGCAGCCACGTACGCGGACCCGAGG  
TGATGTTTATTTCGCATGATTTCGTCCTTATTGGAAGTCGGTACTGCCGAGGAAGATCTGCCCTTGCCGCTGGC  
AGCAGGAGTAGGGACGCCAGAGCGCCAGGCGTAATCGCCGTCGACGGCTTTCGCTCTTCGGCCCTGAGTTGGGAAACACC  
GCGCAGTTGAGGCTCAGGGACGGGGTCAGCTCCTGCCATTTCCCGGTCGAGGCATCGCCCTCTTTCAGCTCGCCGCGCG  
CCAGTAGCCGTCCTTGGGTGCTGCGCGCATGGGGAGGTAGACGTGGAGCTGGCCGATTCGCGTGGTGTGTCGCCGGCGC  
GCTGGGCGATGACGGCCGCTTGTAGTCTGCTCGGTCGTTGTTGAGGAATCCGCTGCGCGGATAGAGGTTCCCCACATG  
TCCGCCGAGAAGATTCCACCACCTCGCGCAGCCCTGGGACCAACGCTTTCGGGGTACACTGCTCGGGAATGCCATGCCG  
CCAGCCAATGGCGTCCAGTGTGCTGAGGAAGTACGGCACCCAGCGGGAAGGTGGCGCCAGGGCAACCGTACCCAGAGGCGC  
TGGCGAACC GGCTGAACGTGGCCCCGCCAGGATGGCCGATCACATCCGCTTCCCTTGAAGCGGCCGATGCTGTTCGCGCC  
TTGTAGTTGGTGGTTCGCTCATTGCCGGCTGGGCGAGGGGATTCGGTGTGCCAGCGCCGACACCTCGGTCCAGGGGTT  
GCTCCCGGTATTTCGCATAGCTGGAGACGACTGCGTCAGGCACGTAGTGGCGGACCTTGACCGACGCTTTCACCTTGCAGC  
CATGCGGGCCGACAGCAGCCAGTAGCAGATCCCAGCAGCCTTGTATTTCGAGGCACTGAGGGGAAAGGTTGGAGGAGACG  
ATGGCGGCGCTGTTGATCGCGGCCGCGGCCGTAACGAGAGGCTGAAGGTGGCGGCCGCGCTGCCAGGCGCGGAGGTT  
GAGGCTGGTCATCAGCGCGTCTCCTGGCCTTGGCGATCAGCTCAAGAGCGCGCGGTACGTCCGGTTTCGCCGTAGACCAC  
GTACTGCCTGTGACTACCACGGCAGGGATCTTCTCGACACCGAGACTCCACGCATCGGTGACGCTTGTGTTGTGCCTTCA  
CCAGCTCTGCCTGCAGGCGTCGCCCTCGGGGCTCTGTAGCAACTGCTGAAACGCTACCTGAGCTTGTGAGGATCCTTG  
GGCAGAGCGTCAGTCAGTTGCTCCTCAAGGTGTTGCTGGGCATCCAGGAGCAGGACTCGCGATGATCCGTTGGCGGTGAC  
CGGATGGGCTGGTTCAGTGATGACCCAGGTTTTCGGCCTGGCTTGGCGCGGTCAGCAGTACAAGTAGTAAGCCAAACGGCCA  
GGGGGCGTGGCCACCAGGCTGGGGGGGAACGATGAAGAGGCATGGGTCTGTACCGGTTTCGAATAGGTACAGGTAGGAGAC  
AGGATCGCTTCCGATAGGGCAGCAGGAAATCATCACTACGTCGCCGGGGTATTTTTTACCCTGTAATGGCGAATGTTG  
GCGCATGGTGCAGAGGAGGGAGCCTGGTAACCTATAAGGTAGAAGTGAGCTTCCAAGCCATCTTTTTTTTCAGGTGTTTGC  
GCGGACTGAGCAGTCGCTGTGCAACAGTCATTTTTTGTGCTAAGAGGCAGGAAGGCTGCGCTGAGATTCATACTAGTAA  
AATTAGATAGTTGTTGCTTCTGAAACAGAATTGAAGCGAAATGGGGTAGGTTTTTCTAGGTGAAGGGTAACTCTTGAG  
AATTACAAGGTGTGACGCAAAATGTTGATTTTTCTTCCGGTATGAAGATGGGTGGTGGGGCGGATATAGGTGCTTTTT  
TCTATTTTTCTTTAATTGCTCTCATCTATGGGTGTGCTCGGTGGTGGAGGTGGGGCGGATGAGATTGGGCAGCACTGCTTTG  
AGAGAGAGCAGAAGATTTCCGGAGTTAATGATAATGAAGAGGGGAGTGTGAGGTTGAATCGGCTGAACTGCCGATCCAATT

GAGGGGCGTGTTCCTTGAATCAGAGAAGCTGATACGAAAGCCGCCCAATGAACTGGGTATTCACTGAATAAATAATTTTTTA  
GCATGGAGAGGTCTTTTGAATGAAAAAATTACTTTTTATGTGCGACTGTGCTTTTGGTGGCTAGCAATTTTCGCATGTGCT  
GATGAGGGCTCAAATGATGGAAGTGAGATATGTGCGGGCGCAGGGTGGGGTTGAAATAACAAGTCTAGGGGAAGTCTCAA  
GGGTGTGAATGTTGAAGATGTTGTAGTTTGTTCGATTCTTCCAATAATATGAAAGTTCGAGTCAAAGGGCGCCTACTCTCC  
CTCCTCTGCAAAGGATGATCATTTCGGCAATGCCTTACCAGGAACGGTCACTGTTTCTGCCAGCGGAGATAGGAAAGTTT  
ACAACATCTTGCCGGGCAAATCTTTATGCTCCACGTTATGCCAATTTATATCGGGGTTCATGCCGAGATAAGGGGAAAAAT  
CATTCAATTTGGAATGTAAGCCATTGCTCTGAAAGGCTTTCTATCCGGCAAGCGCTGGCTTGCACCTCATGGTCTATCTTT  
TCCGTCTGGTTCAAGGAAAGGAGTGACACATGGCATCCCTCGAACGTACCGCCTACCCTGTTTTGTGCGCTCCTATTCG  
AGGGCCGAGCTTCAGCGTGAATTCAGCTTCTCCGAGGAAGAAGTACAGTGGGTCAAAGTTCGCTAATGCAGCATTCGG  
ACTGAATCTCGTGTCTGTTCAAGACTTTTCCAGTACTCCGATACTTTCCAGAAATCGTGAAGTCCCGGAGCCAGTTG  
TCGATTTTCATCCGCACACAAATAGGTCTACGCAGCAAGGTTGCGCTATCACCTTACAAGTGGATGCAGCTTTACCGCCAT  
ATGAGTGGCGTTCGGGAAAACTTGGGGTTCGACCGTTCTACGGCTCGGATGGTCAAGACATAGCATCCACGCATGCACA  
GTTGATGGCTCCCCTCCTCGAACAGCGCGCTGACATTATTAATGCGATCATTGACGAGTTGCTGCGCCAAAACTACGAGC  
TGCCCGCCTATTCGACCTTGAATGACCTAGCAGAAGCCGCTCGTGCAGAAGCACAAGAGAAAAATCTTCAACCTTGTGGTA  
GCCAGAGCTCCAATCAAGGTGATCTATAAGCTAAGGGATCTTCTCGACACGGACTTCGGGCGTCCGAGAGTGACCTCAA  
CACACTCAAACAGGCACCCAAGAAACCTTCGCGCAAGCATCTGGAGGTAAGTATCGACACCTAGCCTGGCTAGAGAGTT  
TCGGGAAACTGGATGCCATTTTTGATGGGATCGTGCATAAGAAATTCGCCACTTTGCTGCCAAGCTGCGGCGTCCGGAT  
GTATCTGAACTGAAGGACTGCTCGCTGCCGAAGCGTTACACGCTGATGCTTGTGCTTGTATCTACCGTATGCGGTTGCGAAC  
CCGAGATCACCTGGCCGAGATGTTTCATCCGAAGAATCTCCACGATCCACAAACCGCCCAAGGAGGAGCTGGAGCAAATCC  
AGGCACGTCAACGTGAGAAGTTGGAACAACCTGGCGGCCACCCTGGACGGCGTGGTGCAGATTCCTGGTTCAAGAGCCGGAT  
GACCAGGAGGCTGGTAGCCTGATTCGAGAATACCTCTCCCCCGATGGCAACATGGATCGGTTGCGAGAGGTTTGTGCTGA  
AGTTTCAAGCCACAGGAGGTAATAACTACTTGGCGCTGATCTGGAGGCACTTCAAGTCCCATCGTTCACTGCTGTTTTCGCC  
TCAGCCACCTTCTCCAGTTGGAGCCCACCACCCAGGATCGCTCACTTATCCAGGCGCTTCAGCTCATTCAGGACAGTGAG  
AATCTGCACCGTGAATGGATCGATGAGCATGTGCGACTTGTGCTTTGCATCAGATCGCTGGGTGAAGATCGTGCCTGCCCC  
TACCAGTGAAGGGCCGCCTACCAACCGACGTTATCTGGAGGCTGCGTGTCTCCTACCTGGCCAGTGAAGTGCCTCGG  
GTGATCTGTGCTGAGGATCGGAATCCTTCCGCGACTCCGTAACAGTGTGCTGCCTTGGGAAGAGTGTCTCCAGCGG  
CTACCGGCATACTGCGAGAAGGTGGGCTTCTACCACAGCGAAGAGTTTGTGCGCTCGCTCAAGAGCCAGTGTGGAGGA  
AACCGCGCAACAGTTAGATGACAAGTTCCCTTCTGTGCGAGGGATGTGTGATCAACGATGCAGCGGAGCCGGTACTGC  
GGCGGGTATGGCACGGGACATCCCGCCTTACGCCATCTCGCTACAGACGGCGCTTATGCAGCGTATGCCAGCCAGGCAC  
GTGCTGGACATTATGGCCAACATTGAGCACTGGATTGAGTTTACGCGGCATTTTCGGACCGATGTCCGGCAACGAGCCAAA  
GCTCAAAGAGCCGGCCGAGCGCTACCTGATGACGATCTTCCGCATGGGCTGCAATCTCGGTCCAGCCAGGCCGCGCGGC  
ATCTGGCCGGTAATGTACACCGCATATGCTGTCTTATAACCAATCGCCGCCACCTCTCGCTGGAGAAAAGTGGACAAGGCT  
AATCGCGAGTTGGTGGAGCTCTATCTGCAACTTGACCTGCCAAGCTTTGGGGCGATGGCAAAGCAGTGGCCGAGACGG  
TACCCAGTTGCACTTCTATGACGACAACCTACTGGCCGGCTACCCTTCCGCTATCGCAAGATGGGGGCGTGGCGTACC  
GACACGTGGCCAACAACACTACATTGCAGTGTTCAGCACTTCACTCCCGCCAGGCATCTGGGAGGCGATCTATGTGATAGAG  
GGACTGCTCAAAGTTCAGCCTTAGCGTTCGAGCCGATACGGTCTACTCCGACACCCAGGGCCAGTTCGGCCACAGTATTCGC  
CTTCACTCATCTCCTGGGTATCAATCTGATGCCGCGTATCCGCAACTGGCGCGACCTAGTGATGTGCCGACCGGATCGAG  
GCGTATCGTACAAGCACATAAACCGACTGTTTACCAGCACTGCGGACTGGCACCTGATCGAAAAGTCACTGGCAGGATCTG  
ATGCAGATTGCGCTGTGATCCAGGCCGGCAAGATTTCTCGCCCATGCTGCTACGTAAAAGTGGCTCTTACAGCCGGCG  
CAACAAGCTCTACCTCGCAGCACAGACGCTGGGCAGTGTATCCGCACGATTTTCTGCTCAATTTGGATTGGCAGCCGAG  
AGCTGCGCCAGGAGGTCAGTGCGAACACCAACAAGATCGAGTCTACAACGGCTTCTCCAAGTGGCTCTCTTTTGGCGGC  
GATGTAATTCGCCGAAAACGATCCGGACGAGCAGCAGAAACGTTGCGTTACAACGACATGGTGGCTTCGTCGGTGTATTCT  
GCAGAACACCGTGGACATGATGCGCATCTTGCAAAACACTAGCCCGCAAGGGTGGCAGTTTACCAGTACGAGCAGTGTCT  
TTCTTAGCCCTACTGACAGTAACGTCAAGCGTTTTCGGCGAGTTCAACCTTAAGCTCAACCCGAGCCGCGGAGCCCTGG  
ATCAAGGATTCGGTATTCCAACAGGCTGCCGGCTGTTGCGAGTCAACTCGACAGTAAAGCCGCGGCGGAGGAGGCAAT  
ATGATCGAGATTGCGTTCAGCGTCTTTTTGAGTTCACACCTACGGTGGAGTGGACATCGCAGCACTGGACAGATGCGAGC  
CGGATTCGATACATCCCAACTTCTACGGCTAGTTGAAGGTTGGATGCATGCCTCTCGGAAAATGGGTGGTATCACCGCCT  
TGCGTGACGAACTGCTGAAATTTGCACGCAATGGCACTGACTATCGTTCGAGGGGACTGCCCGGCTGCGCCACCCGAGAAC  
GCGTGTATCTGGGCTGAAGCAGAATCTGTGAGTTGGGCTAGAAGCGCTGGCGACGTGGATTGCTCCGCTCAGGGCTT  
CCTAACTCCCTTGACCAGTCTTGAAGCTGAGCATCAGCAGTAGCTCGTTAAACCGTATCAAGCCGAGCCGGAATCAGCCC  
GGCTTGATCAGTGCCTAGCGATTTCGGTAGCCGCTGAGCGATCACGACAAAGAAACGCCGGCATTTGCCGAACGTCGACC  
AGTTTCAAGCAATTTGACAAGGGGCTGCGTAATCATAAAAATGTATATCTTTACTTGAAGTATGACTCATCATAACG  
AATCGCTCGCGAAATTCGAAACCTGACTTCTTATAAAGACTTACTGCTTTAGGATTAATTTTCGTCCACTTCTAGATGAAC  
TATTGCGGCACCTTGAAGTTCAGAAAGGACTTACCTTTTCTAGAATCTCACTGCCAAATCCCTGTCTCGGCACCTGTT  
CATCGATATAAAATTCATCAATCCAGACCTCAATCCCCCTGAACTCGATACTGTAGCAATTTGCAAGTAGCAATATATCCA  
ATCTGCTTGTGCAAGACAAATAATCCAAACGTTGCCCTTTTCTGAAGATGACAAGAGAGGGCGAAGTGCAGCCAGCCT  
GTCTTGTGATCATCTCAATACCATCGTATAGGTGGTATTTTTTTCATTAGCTCCACGAGTAAGAGCTCATCATCTATTG  
AGGCTGAGATCAACTTGATATTTGAATTTTTGCTCATGGCATCTTCCAGATCTTGGTTCATCATTAATACGCCGGCAACGAT  
TACGACTATGGCGCTCATGCGCTTATATGCGTCCGACGAGCTAAAGTTTTTCGCTGAGTATCTTTGGGTCAACTATTGCTA  
GCCAATGACTTAAGGCTAGCACAATATACCGGGTGAAGACTGACCAAAAACCGAGACCACCGCAACGTTTCCACCAGCAGAT  
AATCGCCAAATAAAAAGCGCGTATCCACCGCGTCAAGAGATTGCTCAGCGCATACACCCGCGGAGCCCTTTGGTGGCAT  
TTCGGAGACATCCTTTGCGATGGAATGGCGCCATTTCCGAACAGCAGCATCAGAGTCCCGCAAGACCCGTAGCCGTGCAT  
AGTTAAACATAAGAACCGAGGGCAGGCTGTGACTCAGGAGCAGGTGATCGTATAGTAGCGTAGCCACCCGCCCCAAAACT

GCTGAACCTATTAGAAGCAATACTGCTGATAAACTTATCGAGCCTGGTCTCCCTTTGCCGATTGCCACAGCAAAGTAAAC  
CCCGACAAAACCAAGGCAATGCCGAGCAGCTCAATCCCTGTTGGCGAATAGCCAAGCAAGAGGATCGATACGACAAGCA  
CCAGCAAAGGAGTTAACTGATGAAGCGCAATCGCAGTAGAGATATCGACCGACTTCAGCGGCATTGCGTATAGGAAATAC  
ATTCCAAAAATGCATAATCCTGACAGCAGGTTTCAAAGCGCTGAGGTTGTGTCAAAGTCAGATGGTGTAAAGAGAAGAAA  
AATCAGCGCAGAATAAAGAAGATTTCCAATGCTCAGGAGAAAATATAAATGTAGTCCAGTGAATTCGCATGATGGATCACTG  
CCAGCTTGTCCAGGATATTTGAAAGGCTCCACAGCAGTGGAGCCATAAGTGCATAACTAACCAGGTCATTTTCCCTCGAA  
GTACCTCTAATATGGTATCGCGACTATCCTTCAATAAAACATGAGAAAAGTCGTCCGTGTCATGGTCAAATATAAAGGTT  
CGCTGATAGTCGAAGCTCTCTGAAGTTTCAATCCACAATCTTGTCTAGAATCGCCTCAACCTCATCAAAGCGATGAGA  
GTGATTAAGGCGAAGAATTTTCATTGCAATTACCGTAATGGCTGCCTCATCACGGGCAGCATATCTAATCCAGGTTGAAA  
GAGACTCGTTTTCAAACGAGTCAAAGAAGCTTACATCTTGGCTGTAGGCTCTTGTGCTGGTCACTTCATCAAATGCGATA  
GAGAGAAGAATTGTGAATTCATCCTTCATGAAGTCTTCGATATGAGAAAAGTCCGGAGAGTTCGATCTAATCTCGCGATC  
AATCATGTCTTCCGGCATGGAGTAAAGTACGCTATTAATCTTTCTCAGTCCGCGATAATGATTTTGTCTCATCGAGATGCC  
ACAGGCATACGAACCTCGATAAATTCATTGCTAAATTTGAATGTGCGGACGGCCAAAACAAGTAGCGCAAGAAGTTTATTGAA  
TCAAATTCAGAGCTCATGTATGCCAAAAGAAAGGCCGACGCTCCTCGAGCTTTGAGGGATTCGACTTTATCTGTTCAAT  
TGACAAACCCTTCAGCAACTCCAGGGATGACCATTTCGTAGCTTTTAAAGACCAATACCCGACTTAACATTTGACACTTGAA  
CGCTCCTTGTTCAGAGGACAAAATTTGAGAACAGCCAGGGAGAGTTCGCTATCTATGGCCGAAAAGGTCCTGGGTTGTTT  
TTGGTAGGATTCAGTCCGAATAAACCCCTTTTAGTTTCGCTAGATACTGTGAAATATAAGATAGTGCCTTCATGATC  
CATGTCTTCGGCTTCAATTATTCCTGCCGACGGATGGCTCAGTATCCATAAGTAACCGAAAAGAACTCCGGCTGCTACCT  
GTAACGTTGTTGCAGTGTGAGAGTGGCAAGTTCCTTGGCCTTTTCGATGCTTAAGATAGATCCATAACCAATAACTAGAT  
TTTTTCGTGCCCCATAAGAAGAACACCGAGGTAATCAGAACCCGACAATATATCACCAGGACGAAGTACTTTTGTCTTTTC  
TGGAGTCATGCAATCATTGCCGAACCATTTCATGTACAGAGAGAATTGCTTCATCGCTTGGGGCATAGGCATAATGGACAG  
TTGGTCTATATGTCTCATCGGCAGTTCGTGAGCGTCAAAAAGTCAGCAATTTGAAATTTGCCTCGTGATGAGTTACCAAATAA  
CCTAAGCTAGGGCCGTTAAATGGCGTCCATGTCTTAACTCTAACAGAGGCCCTGGCTTCTCAATATAGATTTGCTGCTCC  
GCATCCATCTGTATGCATTGACGCATCCGTGGGTAGACTTCGCTCGTGACTTCCCAGCCAACTCTGCCGGTTGTTGCC  
ACTCACTTATGAACCCATGCACTGACCAAGTATTTACGAACCTACCCCTCTCCCTAGATTTCTGAGAAAATTTGCGAGTCG  
TACTCTGCGCATGGATTTTACACCCAACTTTGGCTTAGGATAGCCCACTGCTCTTTATTAGAGGGCTTTTTTACA  
ATCACCCAATATCTTCCGCTAAATCTAAAAGAGCAGCTTTAACGAAGTGGGATACCAACCCAGGATTCGCGCCATGCG  
CCACGAGAGCCGTCACCCCTGAGCCTAGCCTCTTTTTTACAGACAGCATTTGTTCTCTTAAAGTAGTAGTTAGTTTCGCTTA  
TGCAGTGGTATGGTTGGGTCATCATATCCGCCCTTCCACGGCTCAATGCATGTGTCTAAATAAAGAGCCCTGCGGAGCG  
GCATAATTCTATCAGGGCAAGACTTGAGACATCGGTTGATAGATTTATTAGAACCGTCCCTTACCAAGAATCGGCACAA  
GAATGTCGCGATAGTTGATTTGATCAATTGCAGAGTTGATAAATTTTAAAGCCAAAACCTGTAGCAAAAGTACTCAATAAGC  
GGTGGTGTTTTTGGATCGATCGCGTAGATTTCTAAAGTAGATAAGTCGTGAACCTTAGAAAAGGAGAGGAAGGAAGGACTG  
GGCAATCGTTCCTAGTCCCACAAAGACAATTCGCTGGGGGGGATTAATGAAAAATCCATTCAGCATCCTTACTGTCTA  
TTATGAAAATCTGTTTCCCTATGCCTGCATGTCTACTTTGAACTTGGCTGGCATGTCAAATATTTTTTCTGGATCGCCTA  
TATTTTCTTTTTAAATCAAATACTTAATCGATAGTTAACTTCGGAGAGGGAGGTGCCAACTGGGCAGGTTTTTAGTCAGCT  
CCGTGGCAAGTGACAATGATTTTCACTTGCACATCACGCACTATGCAGTTTTTGGGCTTGCCCGCTTGAAACTCCCTTCT  
TATCGCCGCACTCGTTGGAGCTTGCAATCAAGACTGGCAGCCAGGCCAGAGAAGGGGCCAGGCCTTAAACCGCAGTGGAG  
CGCTTGACCAGCGTTTTCGGTCGACAAGGCCAGGATCAGATCTAACACTGTTGGCGGCAGCGGTGTTGATGGTCAATGTGTC  
CCTGGACGTCTTCTTCTGTTGGGGAAAAGAAGAAAAACGTTCTGCGGGCGGCGGATCAGGATATCGGTGGACTTGATGC  
TCGTGCCTTTGCGCCGCTGCTCTTGCCTTCTTGTCCACTGCCTGGATATCGCCGTTGGCCACCAGCGACATCCAGGGCC  
AGCTTACGCGACTTTTCGTCTGCCATGGTGAAGTTGGTGAAGTCCCGGATCAGTCACTTGGTCAACTGGTGTCTCCTT  
GAATACCTGTTTGGGTAGCAGCTCGGACAGTTCACCCGCAATCCGGGTATCAGTCACTTGGTCAACTGGTGTCTCCTT  
CGCAGTAGTGGTCCGGTGGCCGCTCAGCCCACTCCCGGTCAGCTCGTAACCAAGAAGCAGGACGGTGATAACAGG  
TGGAGAAAATTTGTTCCGCTACTTCCAGTGTATGGCTTTTATCAGCTCGTGGTGGCGGTTAGTTCGCCAGTGGATGAA  
CCAGTAGGCCATGGGGTTGGTGGCGTGTGGGCGAATGAAGAACACCGTCATGAACCTGCGCCGCTTTTCTCGCTTGATCC  
CGTCCGACAGATAGCGCTGGATCAGGTAAGTCCCAATCCTGGGAGCTATGTGCTTTTTAAGTGGCGTAGCTGTTCCAGGGG  
ACATACTGTTCTAGACCGATACTGGCAATAGCCTTGGCGTTGGCGTGGCGGTCGCTAGGTACGTGATTAGAAAAGTTCGAC  
ATTGAAGGTGACGAGGACCTCAGCATTGCTGAGGTGCTGGAAGATCCATTTGATCTGGCCGAATGGCACGCTCCCGTAGC  
CGTACTGATCGAGCAGAAACAGAACGCGCTCGCTTTTTTCAAAGGCCTTGAGGCTTTGCGCAATGGCCGGAAGAGCTTTG  
GTGAACCTGGCGGTATGCAGGTGAATGTCTTCCAATGCGGGCCTGATGTCCGCGCTGGCCAGGACGGCGTGAAGCA  
AGCAGTATTCTTCGGCTTACATCCACAAAGTGTGCTGCGAGCAGATCGGTGATACTTGTATGCGCCCCACGTTGTTGC  
GCACTTCCGACTCCTGGATTGCTTCCAGGGCGATCACCGGGGAGCCGAAGTGGTGAACCGCTGCGCTGTCTTATATATA  
CCTCCACCCTGAAGCCATCGACAATTGATAGGCCAAGCAGTGGCATTGCTGATTCCGCATCAGGACATCGATGTAGGC  
CTGGATGTAGTCGTGATGATCTGGTGTGTTGCTGTGTGGGTCGATGGTGGGAAAAGGTTTGGGTTGCCAGTCCC  
AGCGGTACTTCTCGTCATCCTTGGCCATCGGGTCTCCTTGTTTTTGGTATCAGGCGAGGGTCAAGCAGCGGAATTTTCATCC  
CAGGTCTGGCCCTTCAGCAGCCGGCCATTAGCTTTCTTTGAAACGCTTACGCCATCGGAGCCCCAGCCGCCCCATTGTTT  
GAAAAAGAAAGCAGCGCCAAAGGCATCGCACTGGCGGTGGATGTTATCCACCCTCCTGCTTCATTTGGCCGGGCTTGG  
CGCCGACTCGCCGCGGACGATGACCCAATGGATGTGAGTCAAGTTCAGTTACCCAAGTCTTCTAGTAAGGGTTCCGCG  
GAGAGGAAACGGATCGCGGCTTGTATGCCACGAGGAGTTCGATTCTGGGCACGCGTACTCCCGGTCCTCGACCGAGAC  
CCCCAGCCAAGCGTTGGCCGGCGGTGTGCGCTGCTGAAATAGTCGGCCAGGCGCTCGGCCGCTTAGTGAGGATCTGGA  
AGGTGTGCTGTGAGGCTGGTGGATAACCCGCAACACCTGGTTCGATGTAGTGTCCGGCACCTGCTCATGGAACAGGTC  
GACATGGAATTGACAAAGTAGATGGTTCGCTTCTTGCCTGACAGGCTCCTGCAGTTTCTTGGGCGCAGGCTGAGGCG  
AAAGCCGTTCTCGTAGCCGGCGTGGCCATGGCCTGCAAGCGACGCGCCATGTTCTCGGCATAGCAGTGTTCGAGCCCC

GCGACACCTTGGTGCAACCCACCACCGGGTTCAGGTCATTTCCGTCCATTCGATGCTGGTCTGCGTACTCATTGCACCG  
TCACTCCTGTTCGTGCGTCGATGTTAGTGAGAAGCTGGCACTTGGAGTCAAAGTGGTGGCATTTAGTTCGAGAGCAGGCCTC  
GCAGCGAGGCCGCCAAAGGAGATGGCAGGGTTCGATGTAGCGCATCGCCGATTTGATGTCTTCCACCCACGTAAGTTCAT  
TAACGCCTTAATGTCCAGCCATTGGCCGTGGCCAGGTGGCGAAGCCTCGACGCAATGAGTGGCTGGTGTAAAGGTCAG  
CCTGGATCCCCGCACGCTGGAGTATCTGCCGAGTAGGACGATCAGACTGCCAGGATTCAGCCAGCCTCGTTCAAGTTG  
CCCCAACGGTCCAGCCGACGAAAAACCATCCCTCGAGCAATCCCTGCTGCACCGATCCAGTTCGAGATAGGCCTGTACTGG  
GCACAGCCGCCTCAGCGCAGGTACGTAGTGGTGGCAAGGTTGTCCCGGTACCCCTTGTCCAAGGCAAAAAACAGCG  
TCATGCCAGCACCCGGCTTCGGCTTGAATGTGCTCCACCTGCAAGCGGCACAGTTCATCGCTACGAAAGCCTCGCCAGAAG  
CCGATTAGTAGCAATGCCGTATCCCGCCGACAGCGCAAATATCCCGCCAGGTCTTCGGCTTGAAACAGACACATAGCCCTC  
CTGCTCCAACCACTCAACCGCATGCTCCAGATGCTGTAATTCAGCGCGCGCGCCCTTGTCTGGCTCGGGTGCAGGG  
TGCGAATTCCTTTCAGTACCTGGTGTACGGTCCGGGTCTTGGTGGGATCGGGGAAGCCGTGCCTGATATGCCACTGCGCG  
AGGGCGCGGAGGCGCTGCTTTAGCGTGTGAGGCTCAGCGTGTGCGGCTAGTCCACCAGGTAACGCACGATGGAGTCACT  
CGTGGCCGGAAGAAGCCGCCCCAGGTCACCTCGAAATGTTTCGACGGCCGACTGGTAGCTACGCCGGGTGTTTTCCCGCG  
TGCCGGCTTGACAGGTAGCGCTCGACGTCCTTCATCGCCGTGCGTGCCTTTGTGTACTGGGAAACGACCGCGAAGCAGC  
CGTTTTTGGCAATCATATTGAATAATCATCGGTTATTTTATCTGAAACAAGCCTTCAAATCTGCTTTACTTCATGACAA  
TTTAGTATGTAATAACATGGTATGTAATCCATTATGAAATCGTAGGAGCAGACCATGGCCCGGGCGGCATCAACAAGGC  
ACTGGTTCAGAAAGCCCGCCAGGCCATCCTGGCGGGGGTGAAGAATCCAGCATCGACGCAATACGGGTCGAGCTGGGCA  
ATACCGGCTCGAAAACCACCATCCATCGCTACCTGAAAGAAGTCAAGACGCCGACCGCGCCGGAACGCGGCCGATTCG  
CCGCTCAGCGAGCAGTTGGCCAACCTGGTGGCCAGTTGGCGGATCAGCTCAAGGAGGAAGCGCAGGCCGACATGGCCCA  
GGAGCGCAACAACCTGGCACGGGAACGACTCGATTACCAGAACCAGATTTCGGCAGGCCGAAAGCCGTATCCAGCAGCTGG  
AAGGTCAGCGCGCTGGGCTCACGGAGCAGTTCCAGGCTGCCCAGCAAGCACTGCTGCAGGAACAACAGCTGCGCCAACAG  
GCCGAGGTCGAGAATGCCCGCTGCAGCAAGCCAACCACGACCAGGAAGCGCGCCTGCAAGACCGCGCAGGGCAGATTTCG  
CTCGCTGGAGGACAAGCATCAGCATGCCCGTATGCCCTGGAGCACTATCGCCAGGCCAGCAAGGAGCAGCGTGAGCAAG  
AGCAGCGCCGGCACGAGTCGCAGGTACAACAACCTGCAACTGGAAGTGCACAGCTACAGCAGACCCTGATCGTCAAGCAG  
GACGAGCTGACCCACCTGAACCGCGACAATGCGCGCCTGCTTGGCGAGGCGCGGCAGCAGCAGAAGGATCAGCATGCGCA  
GCAGAAGCTACTGACGCGAGAAGGCTCAGGCTCTGGAGTGCAGGAGTGCAGGAGTGCAGGAGTGCAGGAGTGCAGGAGTGC  
CCCTGGAGCAGCGCTGCCACGCTCTGCAGGATGAGGTGACCCGGCTTGGTGAAGCCTCCTCGATTGAGGCACAGCAAACC  
CAGAGCCTGCAGGAGCGTCTGGCTAAAGCCACCGCGCAACTGAAATTGCTCGGGCAGGCACCGCCACGAGCAGCGGTGG  
CGCAAGTAGCTCATGATCCGGCACACTGAGGTGAGAAGCGGAGTGGAGGTTTCAGATGACGCTACCCCTACGAACGTACCCG  
CTCGGTGGTGCAGGCCAGGAGTTTCTCGTTCGAGCTCTCTCGTGACACCACCTTGTTCGGAGTCCATCCGCAATGAGGCTC  
GGCGGCTGCTGTGCTACTACCCGAGCAAGGGCGACATGCTGCAGGCCGGCCGGAATGAGGAGCAAGCGGCGGGTTCGATT  
TTCGAGCCTGTCTTCAGCTCTTCGATTGAAGACTGAACGGCTACCACTCCTGATATCTGCGCTCAGGCTCAGCCATCGCC  
CCAGAATTCGTCACGCCGACCAGGCCGAACCTCATCCTTCGTGGAATCAGGCTCCTCGTGAACATGGCGTTGACCATGC  
GCTCGCGACGTAGGCCGCTTAGTGTGCGGAAAAACCAAAGCTCGCAAAGATGAACCTTGTAGCGCTCGCCATCATGCTTG  
GAGCCATACCCCCAGTGTGCCTGAAGGGTTCCAAACTGTTGACCATAACCTTCAACGCTAGTGTCTGGCGGCAACATC  
ACAGGTAATGTCTACGACCGTTTCAACCGGTTGAGCGGCAGTGTGCTCCATGATCAGTACCTCCTGCGACGTTGAGGAA  
AGGGCCATCCAAAAGCCTCAAAGTCGTTTTCTGCGCTACGAGCGGATCAAAAACGCTGTGCGCGGATGGGAATGGAGTTCG  
CAGCACAAGATAGAGGCGGGTGTGGTTAATGCGATCATCGCCCTAGGGCTTTTCATGATCAAAAAACGCTACTTACAGACC  
AAATGAATGAATTTCCCCCTTATCTCGGCATGCC

### **12.3.5 SpB-Insertion**

#### **Sequenz der SpB-Insertion Contig 1, 83175 bp**

TTGTGTTACCCGCTTCTCGGACACGGCGCACTATCTCTACGCCCAACTTGCCCCCTGGGCCAGGGATAAGCAGGGCATG  
CACGCAGCGGTTCGTACCCGGCAGCGCCGGCATCCAGTCCACCTTGGCAGGTCGCGCAAGAACATGGGAGACGTGCTCTC  
AGCCTTCGCGCCGCGCGCAAGGAGCGCCCGCAAGACCTGGCGGATGAAGGCGAAATCGACTTGTGATCGCCACCGATT  
GCATCTCTGAAGGGCAGAACCTGCAAGACTGCGACTGGCTGATTAACCTACGACATTCAGTGGAAACCGGTGCGCATCATC  
CAGCGCTTCGGGCGTATCGACCGCATAGGCTCGCCCAACCAACGCATCCAGCTCGTGAACCTTCTGGCCCAACATGGAAC  
GGAGGAATACATCAACCTGGAACAGCGCGTTCAGCGGGCGCATGGTGTGCTCGATATCTCGGCCACCGGCGAAGAAAAC  
TGATCGAACAGCAGTCCGGCAACGCCATGAACGATCTGGAGTACCGGCGCAAGCAACTGCTCAAGCTGCAGGACACGGTG  
ATCGACATGGAAGATCTGTCCACCGGCGTGGCGATCACCGACCTCACCTGACCGACTTCCGCATCGACCTCGCGCAGTT  
CCTTAAAAGCCACCCCGGAAGCTGGACACCCAGCCGCTTGGGGCTTTTGGGTCACCACCACGCTGGATGCCGACATTC  
CCCCTGGAGTATCTTTGGCTACAAGCCTCGCGCCAGCGCAAAATCCCGCGCTCGTCCGACTACCCGCTCGCGCCGC  
ACTACCTGGTGCATGTCTGGCGATGACGGCCACGATTTGCTGCCATACCCGAGGCAAGCGCATCTTGGATCGCTCAAG  
CGCCTGGCGCTGGGGCGAGAACGGCCGGATGACAGTGCCTGCGCGCGCTTCGACAAGGCGCAAAAAGCGGTGAGGACAT  
GCGCCACGCCCGAAGCTGCTCGCGGCGGCCGTGGCATCCGTGCGCCGCAAGCATGAGGAACGGGCCGTTGCCAGCCTCT

TCACACCTGGCGGCACGCACGCCATGAAGGGCGAGTTTCGCTGGCAGTGACGACTTCGAGGTGGTGGCATTCTCTCGTCGTG  
CTGCCCCGATGAAAAAAGTATTTGATTACAAGGACCCGCATGAGCTTTCGCACCGCCGAACCCGCATTGAAAGATGTCCTC  
GATGGAATCGCATCGGGGCAAATCCAGCTTCTGACTTCCAACCGCGGTGGGTGTGGGATGACAACCATATTCGGTTCGTT  
GATCGCGAGCCTCTCGCTGTCTACCCGATCGGGCGGGTCATGTTTCTGGAAGCAGGTGGGGTACCCTCAAGCCCCGGC  
TGTTTGGCGGCGTCAACCTGCAGCCTGCGCCTACTCCAAAGACCCTCGTACTTGATGGTCAGCAACGCCTGACCTCGATG  
TACCTGGCGCTGCGCAGCGGCCAGCCCGTGCCGACGCGCACGGAGAAAGGCGCGAACATTCGCCGCCTGTATTTCCCTTGA  
CATGGCCCAATGCCTGGACGAATCGGCAGACCCGGAAGAAGCCGTTCTCTCGGTGCCGGAGACGCTGCAAGTCACGTCCG  
ATTTTCGGTTCGAAGGTTGAGCTGGACGTGACGCTCAGCACGCCAGACTTGCAATACAGCCAACGCCTCTTCCCTGTGACATTGCTT  
TTCGATATTCAGGGTTTCATGGCTTGGGAAGCGGCTTACGCGCCCATCACCCAGTTCGCAGCGGAAGCGATGCAGTTCAT  
GCAACGATTCCGCAACGCATCTGGCTACGCTTCCAGCAGTTCAAGGTTCCCGCCATCGAGTACTCAGGACACGCCAC  
GCGAAGCCGTGTGCCAGGTGTTTCGAGAAGGTCAATACCGGCGGGCTGACGCTCACCGTTTTTCGAGCTGATGACGGCCACC  
TTCGCAGCCGATGAATTAATCTGCGTGACGACTGGGAGGCCCGGGCGGGAGCGGTTGACCGCCAAGCATGACGTGCTCAA  
GGCGGTGGATGGCACCAGCTTTCTCACCGCAGTGACTCTGCTAGCCAGTTATCAAAGGCACAAGGCACAGGGCAGCCCCG  
TCAGTTGCAAGCGCGCCGACGTGCTGCGGCTGCCGTTGGCGGATTTCAAGGCGTTGCAACCCGCGCTGGAGCAAGGGTTC  
AAGCGCGCAGCAGAGTTGCTTGAGAAGAAAAATCTTCGACGACCGAAGCCTTCCCTATGCCACACAGCTCATAACCGTT  
GTCGGCCATCTGCGCTCACCTGGCAGACCCGACGACGCAACACGGCGTCAAACAGAAGCTGCTGCGCTGGTACTGGAGTG  
GTGTGCTTGGCGAAGTGTACGGTGGCGCCAACGAAACCCGTTTTAGCATGGACATCCAGGATGTGGTGCCTGGGTGCAA  
GGCGGCAGCGAACCCGCGCACGGTCCGCGATGCCAACTTCGCACCGACAAGGCTGCTCTCCCTGCAAAGCCGCTCGCTGC  
GGCCTACAAAGGGCTGGCCGCTTGTCTCATGAAGCACGGTGGCCGTGATTTGCCAGCGGCACGCCAATTGATCTCAATA  
CCTACTTCAACAACGCCATCGACATCCACCACGTCTTTCCCGCGCCTGGTGGCAAAAGCAGAACTGCCCAAGGAAAAG  
TGGAACAGCGTGGTCAACAAGGCTCCGCTGGCGGCAGGCACCAACCGCTTCATCAGTGGCGATGCCCCAGCGTCTACCT  
CGCCCGTATCCAGAAGGCCAAGCAGGTTGCCCCGACAGTCTCGATGAGTTTCTGACTTCGCATGTGATTCGGTACAGG  
CACTTCGCTCGGACGACTTTGATACTTTTCATCCGCCAACCGCGTGTGCGCTGTTGAAGCTCATCGAACAGGCCATGGGC  
AAAGCCATTGCCGGACGCGACAGCGAAGAAACCATCAAGGCTTTGGCGCGGAACTGTGTCATGAACCGGACGGATGTC  
GTTGCAGCACTGTGTCTTCCCGACAGCGCACGGGTGGATCAGCGCGTCCCAAGAAGCTGTTGCTGGAGAACGGTGCGCC  
CACGGCACCAGCAAGCGCTGATCACGGACCGGCTTGAAGAAATCCAGTGGCTTGCAGCTCAAGCCCAACACCATATG  
GCGTACCAGTACCAGGGACGCGCAGCGTGAATACCTGGAAGTACCAGTGGCTTGGCTTGACCTCGCTGGCACCCTCAAG  
CCCGCCAGTCTCGCTCGCCTTGCCGAATTGATGCATCGGGCCGTGCCGTATCCCGTGTGCTGCTTGTGCAAGGCCAGGC  
ACTGACCCTCTCGCTGGCGCACAAACGCTGGGCGCAGAACGAGGCAGGTAAGGTGCTGCTCGACGGCGACCCCGTGTGG  
CCTCGCTGCCCCACGCAACCGAAGATACCGCCGAGTGGAAGACGCAATAGCCCCGAAAATCGAGCGCGCCTTCGTGCGAG  
TCCCTGTGATTGCACGCCAACCCAGACCAGCTGCATGCCCTTATCAGGGTTGGATGGAGCGCGTGTGGGCCCTTGCA  
GGCGGCACGGCTGACGGGAACCTACCAGGCTGACACAACCCCGGAACAAGCGGCTGCCCGCTGGCAGGCGCTGGCTGATT  
GTGAGCGGCTGGAGAACGAGATCGGCCGCTGCGAGCGCAAGCCACCAAGGAAAAACAACCTGGCGCGCCAGGTAGAAGT  
AACCTGACGCTCAAGCGCATCCAGGCCGAACTGGCCGCTGCGCGCCGACAACCTTGAAGATTGAACGAATGACGGAGAAG  
ACCATGGA AAAACTCACGGCAGCCAGCCCCGAAGCCAGTCCGCCGACTTGGTGGCGGCAAAATATCGAACAGCTCAAGGC  
CCTGTTCCCGGAATTGATTACCGAAGGCGCGGACGGCGTGGCGGTGAATGTGGACGTGCTCAAGGCGTTGGTGGGTGATG  
CCAGCGTGACCGACGCCGATGAGAAGTACGGCCTCAACTGGCACGGCAACCGCCGCGCGGCAACTGGCGCTGACGCCC  
AGCACGGGCACCTTGCGCCCTGCCCGGAAGACAGCGTGGACTGGGAGACCACCCAGAACCTGATGATCGAGGGCGACAA  
CTTGAAGTGTCAAGCTGCTGCAAAAAGAGCTATGCCGGCAAGGTTAAGCTGATTTATATCGACCCGCCGTACAACACCGG  
CAAGGATTTTGTGTACCCGGACAATTTTCAGGACAACATCAAGAACTATCTGGAAGTACCCGGACAGGTAGAAGGTGGGC  
AGAGAATTAGCAGCAATACCGAGGCCAGCGGGCGGTTTCATACCGACTGGCTGAATATGATGTATCCACGACTTAAGCTG  
GCAAAAAATCTTCTCTCGATAGTGGATTAATAATTATCTCCATTGACTCTTCTGAAGCCACTAATTGCGGCTAATTAT  
GGACGAAGTTTTGCTCAAGAGAACTTCACTGGCTACTCGGCATCATGAACTGAAAGGCAATAACGATGCCTTCG  
CTTTCGCGGATTTAGTCAATTTACAGTTGTTTATGCTCGGAATAAAGAAAAATGTGTGTTTTCACTCCAGTGTCA  
GAGGAATCGCTAGATGATTGGCTGGAAGATGAGCGTGGCCTCTACAAGCGCGCTGACACTTTAAGGCGGACAGGGCAGGA  
TGCATCGAGGGAGCGCCGTCTTAACGGGTGGTTTTCCAGTCTTTATTGACGAAAAGGGTGAAGTCTACGCGACGCTTGATG  
ATGAGCCTCGCTCAGGTTTCAAGTTTAACTCTATGGCCAGTTTCAGAGGCAGGCGAAGAGCTCTCTTGGACGTGGAGCAAA  
AAGAAAATAAACGATGAAAACCTTAACTTGATTGTTGTTGAAGGTAGGTGAGGAAAAGAAATATCTACAAAAACAACGAGC  
CACTCTCGGCGACCTCCCAACCAGCAAGCCAAATCGATTCTCTACAAGCCTGAGTACAGTAGTAGTAATGGAACGGCCG  
AAATTTTCATCGTTGCTGGGAAGCAATGTGTTTCGATAGCCCTCCAAAACCTCGCTCATTAATTCGTGACTTTGTAACAATT  
GGTACGTCTCCTCAGGACATCATTCTTGATTTCTTTGCTGGAAGTGAACAACCTGGTTCATGCAGTAATGGCACAGAATTT  
CTTAGATGAAGGAAACCGTAGATTTATTCTTGTTCAACTCCCCAGTATCTCGATCCGGAGGATAAGGGGCAGAAAAATG  
CAGCCGAATTTCTGCGACCAGATCACCAGCCTCGTTCTATCGCAGAAGTCACTAAAGAGCGCTTACGCCGCGCAGGCACC  
AAGATTAAGGCTGAAAGCTCTGGCTGGCAGGGCGACACCGGCTTCCGCGTCTTCAAGCTCGACACCTCCAATATCCGCGT  
CTGGAATCCCAAACCAGACGATCTGGAAGCCACACTATTCGACCATCAGGATCATCTGCTCGAAGGTGCGCAGCGAGGCTG  
ATGTGCTTTACGAACTGCTGCTCAAGTTGGGGCTGGATCTGTGTGTGCCCATCGAACAGCGCAATATCGAAGGCCCTCAC  
GTCCATGCCATTGGCGGGCGGCTGCTGCTGGCGTGCCTGGCTGAGACCATCACCCGCGAACAGGTAGAGCCGCTCGCCCA  
GGGCATCATCGGCTGGCACAAGGCGTTGGCCCTGCCGGTGAACACCTGCGTGTTCGCGACAGCGCTTTTGCCGATG  
ACGTGGCCAAAACCAATCTCGCAGCCATTCTGGAGCAACACGGCATCCAGAACGTGCGCAGCTTGTAAAGGGGCTTGCCA  
TGAACCTGCACCTCGAGCCCAACCTCGACTACCAGATCGAGGCACTCGAGGCTGTATGCGATCTTTCCGTGGTCAAGG  
GTCTGCCGACCCGAATTCACGGTGACCATGAAATTGCCCGATGACGTGACGTGACTGGGCGTGGCGCAGTCCGACCT  
TGGCGTTGGCAACCGCTTGACCCTGCTCGATGACGAGCTGCTCAAGAATCTGGCTGACATCCAGTTGCGCGGTTGGCTTGC  
CGCCTTCCAGTTCGCTGACTTCGGGCGACTTCACTGTGGAATGGAGACCCGGCACCGCAAGACCTATGTGTATCTGCGC

TCGATTTTCGAGCTGAACAAACGCTACGGCTTCACCAAGTTCGTGATCGTGGTGCCTTCAGTGGCGATCAAGGAGGGTGT  
TTATAAAACCCTGCAGATCACCGAGGAACACTTCAAGGGGCTCTACGCGGGCGTACCCCTTCGATTACTTCTATACGACT  
CCGGTAAGCCGGGGCCGGTGCGCAATTTTCGCCACGAGCTCCAACATCCAGATCATGGTGGTGACGGTGGGCGCCATCAAC  
AAGAAGGATGTGAACAACCTCTACAAAGAGAGCGAGAAAACCGGCGGGCAGAAAGCCATCGACCTGATCAAGGCAACCCG  
GCCGATAATCATCGTGGATGAGCCGCAAAGCGTGGACGGCGGCATGGAAGGCCGTGGCAAGGAAGCACTGGACGCCATGA  
ACCCGCTCTGCACGCTGCGCTACTCCGCTACCCATGTGGACAAGCACCACATGGTATTTTCGCTCGATGCCGTGATGCC  
TACGAGCGCAAACCTGGTCAAGCAGATCGAGGTGGCGTCCGCCACGGTAGAGGACCGGCACAACAGGCCCTTTGTGCGCCT  
GGTGAAGGTGGAACAAGCGCGGGCCGCATCAGCGCCAAGGTCGAGCTAGATAAACAGACCGCCACTGGTGTGCAGCGGG  
CTGAAGTGACGGTCAGCGACGGCGACGACCTCCAGCAGAGCGCCGATGGCCCGCGATCTATGCCGATTTTCGCGTCCGG  
GAGATCAACACGGCCAAGGGCGAAGCGTTTCATGGAGTGCCTACCCCGGTGGCGAGGTGTTTTGCAACCTGGCCAAGC  
CCACGGTGATGTGGATGCGCTTGCCGTGCAACCGGAGATGATCCGCCGCACGATCAAGGAACACCTGGACAAGGAGAAGC  
ACCTGCGCCCCGCTGGGCATCAAGGTGTTGAGCCTGTTCTTCATCGACGCGGTGGACAAAATATCGTCAGTACGATGCGGAC  
GGCCAGCCGGTCAAGGGTGTGTATGCGCAGATGTTTCGAGGAGGAATATCGCCGTGCCGCCAAGTTGCCGGCTTACCAGAG  
TTTGTTCGCGAGATCGACCTGGAGTCCGCCGCCAAGAAGTGCACAACGGTTATTTCTCCATCGACAAGAAAGGCGGCT  
GGACTGACACCGCCGAGAACAATGCGGGTAACCGGGAGAATGCCGAACGCGCTACAACCTGATCATGAAGGAGAAGGAG  
AAGCTGCTGTCTTCGGTACGCGCTGAAGTTCATCTTCTCCACTCCGCCCTCAAGGAAGGCTGGGACAACCCCAACGT  
GTTCCAGATTTGCACCTTGCGCGACATCCAGACCGAGCGCGAGCGCCGACACCATTTGCCGTGGCTGCGTCTGTGCG  
TCAACCAGGATGGCGAGCGGGTACGCGGCTTTGAGGTCAACACCCTGACCGTGGTGGCCACGGAAAACCTACGAACAGTTT  
GCCGAAAACCTGCAGAAGGAAATCGAGAAAGACACAGGCATCCGCTTTGGCATCGTGGAGCAGCACAATTTGCCGCCAT  
TGCCGTGACTGGCGCTGATGGGCACGCCGACCGCTGGGCATCGAGCAATCAAGGCAGTGTGGGAGCAGCTGAAAGCCG  
CCGGCCATATAGATGCCAAAGGCAAGGTGCAGGATTCAGTGAACCGCGCTGAAGAACGGCACCTTGGAACTGCCGGAC  
GAGTTTGATGCGCAAAGGCCAGATTGCTGAAGTGTGCGCAAGGTGTGGGCGGGCTCGATATCAAAAAATGCCGATGA  
ACGCAGGCAAGTGGCGCTGCGCAAGGGCAAGGATGGCAAGGCCGTTTATCTGAGTGACGAGTTCAAGGCACTGTGGGACC  
GCATCAAGCACCAACAACGTACCGCGTGCAGTTCGATAACGCCAAGTTGGTGCAGGATTCATCGCAGCGTTGCAGAAG  
GCCCGGTGATTGCCAAAGCAGCACTGCAATGGCGCAAGGCCGACATCTCTATCGGCAAGGCGGGTGTGCGCCGACGGA  
GAAAGCGGGCGGGCAGCCGTGGTGTGCTGACGAGCGGATATTGCTGACCCGATTTGCTGACCCGACCTCAGGATCGCA  
CCCAGCTCACCGCGCACCATCGTCAGCATCCTGACGGGAAGCGGTGCGCTGAACGATTCAAACGCAATCCGCGCAG  
TTCATCGAATTGACTGCCGAAACCATCAACCGCTGCAAGCGCTTGGCCCTGGTTCGATGGCATCAAGTACCAGAAGCTGGG  
TGACCAGCATGTCTATGCGCAGGAGCTGTTGAGAAGGAAGAGCTCACCGCTATCTCAAGAACATGCTGCTGGATACCC  
AGAAGTCGATCTACGAGCACGTGGTGTACGACTCGACCACTGAGCGGGATTTTCGCCGATGGGCTGGAGAAGAACGACGCC  
ATCAAGCTCTACGCCAAGTTGCCAGGCTGGTTCAAAGTGCCACGCGCTGGGCACCTACAACCCCGACTGGGCGGTGTT  
GGTGAAGAAGACGGCACTCAGCACCTGTATTTTGTGGTGAACAAGAGCAGCTGTTCAACGACGATATGCGCGACA  
AGGAAAGCGCCAAGATCGAATGCGGCAAGGCGCATTTCACTGCGCTGGAGGGCGGCGAGAACCAGCCGGTATGTGGTT  
GCGCGCTCGGTTGGTGTCTTTTGACCGAGGCGGCAAAGGGGTAGGTTCTGCCGTGCGCAGGCACGATAAGTTTTGCT  
ATGCACACGAGCGGACACCGTAGCTTTGAATAAAGGAGTTTTTATATGAGCAATATCCATTCGACCCGTCGAAATTCAC  
GGCACCGAAAGCGAAGCCTCTACCAGTCTGTCTTCTTCGATGTGACGGCAGCATGAGCGGAGAGAAAATCCGCAATG  
TGAATGATGCCGTTTCGCGATATGTTGGATACGTTTCAGCGACACCGAGAACGGTGAACCTGAAATCCATGTTGCGATCATC  
ACTTTCCGGTTCTCAGGTAGCGCTGCATCAGCCGCTTGCAGCGCCAGCGATATTCATTGGCAGGACCTTTTCAGCTGGCGG  
CATGACTCCGCTTGGCACGGCATTGCAAATGGCCAAAGCGATGATCGAAGACAAAAGATGTCAATTCCTTCGCGTGCGTATC  
GTCCAACGGTCTGATTTGGTCTCTGATGGTGGGCTAATGATGCGTGGGAAAAACCTCTGAACGCGTTTATTAGCGACGGA  
CGCTCTGCAAAATGTGACCGTTTGGCAATGGCGATAGGCGCTGATGCTGACGAGGCGGTACTTGGGAAATTTATCGAAGG  
CACCTCGAATCGCCTCTTCTACGCAGAGAACGCCAAGCAGTACGTGACTTCTTCAAGTTTGTCAACATGTCCGTGACCA  
TTCGCACGAAGTACAGACGCCAAATAATGTACTTGAAGCGAGCACCATTGACATCCAGCCGGCCAAATCGAAGCAGC  
CAGGATAAACAAGACTCTGTGACACAAAAGTTCTTCGACAGAAGATGGAGGGTATTGGTAATGGCACAAGCAATCCGCGGAT  
CCAGAAGAACTTGAGCGCTTCGCATATTCGTTACAACAATTTATTGATTGCTCAACGATGCTCGCGCAATCTTAACGG  
TGCCTTTGCTTCACTCGGAGACACCTGGCAAGACGAAAAGCGGGCGGATTTGAGGAGGATTACAACCGCGCTCGTTTCAGC  
AGTTGCAACACTTCAACGACAACCGCTCTGAGCAGGTTCCATATCTGGCAGCGCTCGCGGCGCGGCTGCGGGATTATTTG  
CAAAGCTAAGGGCAGCGAGGTGCAATGGCACAAGTTTCAATTGGGCAAGTGGAGAATTTGGAAAGCTCGTGCAGGATC  
TGCAGTCAGTGCAGGAGGCGCTAGAGGCGCATGCCGCAACAAATGCTGTTGCGGAGCAGAAATGCGCAGAGGCTCGT  
GAAGAAGCGCAGAACAGCGCAAGCATGTTGGAAAGTGCATCCAGCAGGAGCAAGCCGCCACGCAAAAATGTTGACGGCGC  
TGAGCAAGCGCTCGATAGCAGTCAGAGCTCGCTTTCTTCCGCCGAGTCTGCGCTATCTGCTTGCCTTGTCTAGCCGCAG  
ATGACGATGGACGTTGCCCGGACTGCTCCGGCGAGGACTCTGCCGTGGCTGAAGCAGAAGCCGCTGTTGAGCAGGCTCAG  
AGCATGCTGGAGCAAGCAAGAGCAGAGCTTGAGGTGGCGAAAGGAGATCGCATATCCATGGAGCAGCGCTGGATCTTGC  
GAATCAGGCCGAGGCGATGGCGGAACATAACCTGGAGCAGACCTACAAGCATGCAATGCGCACTTGGCAACTGTCGATC  
AGGCGATTGAAGCTGGCACTGCACGCTTGATATCCGCGCAACAAGCACTGGATGCTTATCTCGCGACAAAACCCGTCCGCT  
GCGCAATTCATGCTTGGTTGAAATGGGACCCTGCCAAAGATGGCCGCCCTGTGACTCCGGATATGTTGCGAGACCCGAT  
GAACCTATCGTCAGAGCAGAGACGATTGCTTACAGGAATATCTTTACGACCGTGTATCCAGCGTATCGCAAGCAGGTCGATA  
AATTTCCGAACCAATGGGTAGCCGCCAAGGGTGTGTCAGAGCGAAAACATCGTTCGCACGTAAGGCACGGATACACCTGAGC  
GGTGAATTCGGGGAGCAGATAGTTCCGGCACGCACTTGCGCCACTTGGCGGCCGGATCGAGACGCAAGGGCGAACCTTTGT  
GGCGGATAACGGCAGTACACAAAAACAGATTTGATAGTCACTGACTTGCGGGTCCGGTCAATCTGGGACGTGGTGGAGG  
GCATGGGGGCTCCTGTGGGAGGCTCGATGGCATTGCAAGTCAAAATCGCGGAAAGCGGAATACCTTATTCGCAGAAAAGAT  
CACATGATTTTTTCAGGCCGAAGGGCACAAGCAAGCAGACGCGCAATGCACTCTTTGCTCAGGAGACATCCACGATTTGCC  
AGAAGAAAAACAGAAAGAACTGCGCGATGCCCTGCGCGAAGCTGGCTCACCGATGGTGGGAATGCTGCCAAGGAAAAATG



AAATAGATCAGTCCTGTCTTGATTTTCATCCGCCAAAACGAGGAGGAGCAACCATGAAAATACGTTTCGCAATTATTAGCC  
ATGACCTTCTCGCGCAAGTTCGAGCTGAGGTTGATGTTCTCCTGCGTGCAGTCAATGTCGGAAAATATGGACGGTGTGGAT  
GCGTCCACCGCACGCCTCTTGAGCTGACAGTTAATTGCAGATCGATTGAGTTGTCCGAGCAAGAGTGGCGCGCATTTCT  
AAGCGAACTCAGGGCCAAGAGCCCCGGAGTTCGAATCGAGCTACCTTTTGCCTGGGACTATTTGCGCACCCCTGTTTCCCA  
AAGTCTCGGTAGCTGACCACTATGTTCTCGAACTTCCAATCGATGGTGATATGGAAGAGGAGGAAGCTGATGTTTGATGA  
GGCTTTTGGAATGGCTGCGATGTGTGCTGGAAAATTTGCGGAGGGAGTGCCTGATACGTTTCGGCGCGTCCATTGTTGCCG  
ATGTACTTGATCCGATTCTCAAGGAAGTCGATTCACTCTGCATTTTCAATGCTGCTTTTCAGCAACAATCGCTCGCCATT  
GATCGAACTTTGAATGACGTTTCGCGAGCTTCAATTCAAAGACAGCGGGTGAATCAATGAGTGAAGCGCAAAGGATTTT  
CAGAGCATCATTTCCAAGCTACACAAGGCAGTTGCGGACTATCAAGAAGGTTGTGCGCGCATCGACCGAATTCGATAC  
CACCAAAAAAGCATTAAAGCGAAGACCAGGAACGCAATCGAAACATAAGGAGTTCGAATTTGGCAGGCTTTTCCAAAG  
AGTGGGAAAAGAAATGCAACTGCTATAGCGAACGCAAGCTCGCAGCTCAGACAACAACAACCTGCCTTCGTGGATTTTTGT  
GTAGATAAGCCATTGATGGCATCAGAAATTCAGCAGGTTTGTGCTTGGCACGGAGCAAGTCTCTTTTGAGAAGCTATC  
TTGTGAGGCCCTAAATTCATCTCATTCCCCTTATCCAGTGCTCTTGTTTTTTTCACAAGGCGATGCAGAGCAGAAACGCC  
TCGTGCATTGTCTCTTGTACGGTTGCTGCAGGCTTTGCCAGTAGGTCAAGTAGAGTTGACACTGATTGACCCCTGCAG  
CAGGGGCAATCGGTGAGCCGTTCCGGCCATTGCTGAAGGTAGAGCAATTTGGTGCCGCAAGGTCATGTTCTTACTCGTTC  
GGATGAAATCGAAGCTGCGCTCGGAAAGCTGACGGACGAAATTTAGGAGTTGATCCAGCAGCGGTTCAATGACAAGGCAT  
CCAATGGTTCGAATACAACGCGATCAACCCCGGCAATTCATTACCTTACAAGGTGGTGGTCTTTTTGATGTGCCAGAG  
CAGATGTGCGAAAAATCTCTCTGGTTTTCTTGGCCGATTTTTGAAAACGGTCCACGCTGCGCGCTGCTGCCATCGTTGC  
AATTGATGAGCAGCGCATGGAAGACCCGGCGATATGAAAAGCTCAACGCCACGCTGAAAAACTCAACCATGCAACTGAATG  
ATCTGTTGCAACGCGCTGGGGCTGGCGAGCTGTCATTACATACCAGCCGGAGCAATGGCCGCGACAGGATGTGCTGGAT  
GGCTTTCTCGCAAAGCTCGTTGAAGATTGTGCTGCTAAGACGCGCTTCAAGAAAAACGATGCCTGATCTCTGGACGAGCTT  
CGGCAAGGGTGAGACGACTCTTGTGCTTTGATATTTCCATCGGCTGGACGACCACAGGCGACTTCGCTCCCTGAGAC  
TGGGCGCGACGGACTCCGAGCATCATGTACTGCTTGCGGGGAAGACAGGCTCGGGAAAAATCCAATCTGCTCCATGTTTTG  
ATTCACACGTTATGCGAGAAATACCCGACCGAGGAGCTTGATCTTTATCTACTGGATTACAAGGAATCGACTGAGTTCAA  
TATTTACGCAACTCCCCAGTCCCACAAGCCCGCCTTGTGCTACGGAAGTGACCCTGAATATGGCGTCACTGTATTTAA  
GGCATCTTTGTGATGAATCGAAACGCGTGCACGATATTCAGTCAAAAATGTCAACGATTTACAGGAATACCGAAAA  
TCAAGCGGGATACGGTTGCCACGCGCTGTAGTCATAGATGAGTTCCAAATTCGTCTCAGAAAGTCCGACGTTGGC  
AGAAGCTGCTGAGCAGTTGCTGTGCAAGCTCTTGAACAGGGGCGCTCGTTTCGGTATTCACATCCTCTGGCTACTCAGA  
CTTTGAAAGGCATCAACGCACAGTCAATCGGAAGCATCATCACCCAGTTGGGATGCCGTATTGCACTGGCTTGTGGGCAG  
GAAGACTCCGCAATGATCCTCGGGGGCGGAATTTGGGCAGCCGAGAGCTGCGCAGCCACCTGAAGGCATCATCAACAA  
TGCTAATGGTGCCAAATCCGGCAATGTGAAGTTCATGATTCCATTTCGCGGAGAAAAGTGAGCATCGACGTGATTTGTTGA  
CGAAGTTGATAGCGGTACATCTCTTTCTGGGGTGGCTGAAAAAACAAAATCTTCAGCGGTGCATTCCTTCCGCAGATA  
CCGTCTCCCTTTGAATATCAGACAGCTTGTGCGCATGAAGAAGCTCTTCTTTTGGGCGAAAACCTCGCATTCGATTCAA  
ACCGTTGACGGTATCACTTACTCGTCGATCCGCGTTCAATGTTCTATTTCAGCGGCTACAATGACCACATTCACGATGGAC  
TCCTGTCCGCTACGCTTTTTAGTCTGACTTTTCGTCGATGGCTTTGATGAAATCGTGTACTTCAACGCGCGCGGGATCCCC  
CCAGGAGGAGGATTCTCAGCCGCGAGCGCAGATGCTCGGTGCACGCTCAAGATATTCGACGATATATCCGAGCTACCACT  
TCAAGCGATATCAGACGATATTGGGAATCGCCGCGTAGCATTGATTATCGATGGCTGGATTCCGAGAAAAGTACTACAGC  
CAGCCCCAGCGTTTTAGATCGCCCAAGCCTGGCGAACCACCTACCCCGGCTGACTTGTAAAGCGTCTCGCCGAGGACGGC  
CCAAGAAAGGGGACGTTTTGTATTTATTTTTGTTGACCGTTGGCAGCGCTGTGCCAGTGCCTGCAAAAGACCTTTTCTCCTT  
TTTCGAATTGCGCGTGGCGTACTGCATGAATGAAGACGATGCCGGATCGCTTGTGAGTGGCGGTGTTGGTAAGTTCAAAG  
GTATTGAAAACCGAGCCGAGCTGTATTTCGTAACAAAATGACGAATGACATCACATGGTTCCGGCCATATGTTCAAGAA  
AGCACTCAATGAAGAGATTTCTGCTCACGTGGTATGGAATCACCGATTTTCGCGCGTCTCTGGGGTTTTGAGAATACCGAC  
GGCCCTATTGCGAGCCCTTTCGGGGCGCTCCTACTCGGACATCATTACTTGGGTACACCCGAGCGATAATGATGC  
CAGCGAATTTGATCGAGGCACAGAAGCGTTCACGCTTGAATTTGGCCTCAATACGAAGCATGGGGCAAGAGAAAGATGGA  
AGCTTACTAATCAGTTTTGCTCCAGGTTCCGCAATACCTCTGTGCGCACATGAACATTTGAAAGCTTGGCTGAAAAAGAAA  
GCCGCGCCCTGGGCTGCAACGCAAGGATCCGTTTTAAATAGCGAGAAACTTTACCAGCTCAACGACACCCGAGGTATTTA  
CGTAGCGCAATGCGGGCGCTGGATGGGGTTGAACAGGAGCCAGGTGAAAAGCTCGTCACGCTCTATCTCAGCCCAGGAA  
CTCCGGTGATGGCCTTTGTCTGGGCGCTCGCGGCGCTGAGCTACCCTGAGCTCAAAAAAAGACTCATAGCATCGTCCATC  
ATTGGCAAAGCACCTGAAGTCATAGCGTTGCTGCTGAGTGGCTTGAGCGACACAGCTCAAAACAGGCTGCGATCCGAGG  
CATCTCCAACGGGTTTCGATGTGACATTCCATCTTTTTGGTGGAGCAACGGATGCCTGCCTTGTGAGCATCCGGCAATTTG  
AGTCGGCGCATCACATTTTTGTCAACTCAAAAGACTTCCCTGCTGCATGTATGCAAACCTTTATTGGCTCTCGGGACCTG  
CATGAACTTACCCTGACCCCTGGGATGATCGCGCTGTTACGAACAAATAACCGAGCTGGCAAAGCAATTTCCAGAAAA  
AACACGAATTTGAATCAATTTAACTGGCGGCACAAAATTTGATGTTTTGCTGGCGCGCTCTCTGCTGCACGTGAACTGGGCG  
CTGTTCCGTTTTATTTTACAGCAAGAATCGTCGCGTCATATTCATTGACAGTGTTCGGCGCGAAAAAATCAGGCAGATT  
GATTCATTCGAGACATTTTTGCACCTGAATAGCGATGGTTTGGAGATTGCAGGCAGTTCCTTTCATGAAGGATATATCGCC  
AAGTCGCCAACTTCTGACCGAGACCCCTTTGGCTGCATCGTGACAAGGTGCGTAGATTTTATAGAGAACTGACCGACTATA  
ACAATGCATTCAGGCCATTCGAGATTTGTGCTGACGGCTTCAATTTCAAGCTGGATGACATGGAGGCAGTATCCGTCCAG  
GGCTACGGATTAGATCTGAGATTTGAGAAATGGCCTGATTTCCGCAAAATACCTATCTGGCGGCTGGTTTCGAGGAGTTTGT  
TTATTTGCAGTGCAAACCTACGAGGATGCTGGAGTCATTCAAGACTTGGCATCAATGTCAAGCTGAACTTGAATTTAG  
AAGAGTCAAAAAGCTATTCGAGCTTCGGTGTGAATACAACGAGCTGGACATCACATTCACCGACGGTTATTCGCTTTAT  
ATCGTGAATGCAAGCGGGCAATGTAACGCAAGACGAGATTATGAAGCTGCAGAACCTTGTGCGCTTCTACGGAGGAAT  
TGAAGGTGCGGGTATCGTTGCTGCTGCTCCCAATACTGAGTGCCTGCAAGAAAAAATAAAAAGATGCCAGGCTGA  
TGCTTTGGAGTGGTGCATCATTTTTCTGAGCAGATAACGGCAATGATGAACAGCATCACTGACCGGGCTGAAGCGAGTGAG

GCAACGCCATGATGCTCCATTTGGTTTGGGACATCTCCGGCAGCATGAGTGAAGGAGGTAAGCCCTTCATCCTGCGAACC  
TTGGCCACGACCGTGGCGCAATGGGTGCGGCAGGGCTATGGACAGGCGGAAATCCACCTTTGTGCTTGGAGCAGTGAGGC  
ACGCAACATCCCGAACTGGAGCGTCAAGGAGGATCTCCCGGTGGAAATGCTGGTTTTGCCAAGGGGGTACCAATGGCGAGG  
CGCTGGTTCAACTGTTGGGTAGCGAGCCGGATGGAAAGGTTCTGATTCTCACGGATGGATTCTGGACAAGAGACGACGTG  
AAGACTCTGAGCCGCTGGCAGGAAGGCTTACC GCCGGACACACTGCGCGTCATCCAAATCGGCGCGGATGCTAACCCGCA  
TCTGTCCAAGGGGCTCAAAGGCGCAAAGGTGTTTTGTGCGAGAAGAAGTGTCTCCGTGCTCGATAACTGGCTGCAAGCGG  
ATGAGGAATGGGCATGACGCTTTGGAAAAGTTTTGGGGCAAGCGTTCGCGGCCCGCACCATATCGCCGAAGGTTTTGCCAA  
ATCAGGATGCGTGGGCGAAGTTCACCATGTTTTGGGGGGATGGCATCGTGTGTCGACGGGGTTGGCTCCAAGCCTTTC  
TCCAGCTTTGGCAGCGATGCCGCTTGTCTCGCTGTTGAGCTCGCGGCTCTGACTGCTGCCCTGATGGTGAAATCGAACG  
CAACTCGCTGTTGAGCAGCATCCAAGCTAACTGGCTAAGGCTTGTGCCCCGCTGGAACCTCGCGATTGTGCGGCCACCT  
GCCTCTTCGCGTTACGTCTGGATGGCGTGATCCACATAGGAATGCTCGGCGACGGACTTGCAGCCCTTGTCAAGTCCGAT  
GGATCAGTCGTTTTCGCTGTGCGAAAACAAGACGCAAGGCTTCTCCAATATCACCCTGCGCTTTCCGCCAATGTCTCCGC  
CAAAGACTGGCAATATTTGTGCTGTGCGCGGAGCAGTGCATCGCAGTATTGCTCTGCACCAGATGGCGTGGCTGACGATT  
TGGATAACGCTGACGGGTTTTGTGAGCAGCTTCGTGCAAGCGCATCGAACCTCGCTTCGGTAAGCGCCAACCGGCGCATC  
CACGAGATGCTCGAAAACCTGGCCTACGCCCAAGCACAGCGACGATAAAAACCTCGCTGCCTGTGCAGTGAGGAGGTGGC  
AGATGAGTGACTCCGAACTCCGGGCTCCTAAGCCACTTGTGGATGAATACGGCAATGTCCATCACATTGCCGATGAGCTT  
GCACGCGGTGGACAAGGCGTGGTCTATCGCACCAAGGATGCAGATTTGGCTGTCAAGCAACCCTGGATGCATCCGGCCA  
GCCGGATAAAAACGCCAATCTGCGCGAGCGTTTTCCAACGCATCCGCCTGCTGCCCATACCGCAACGTATCCCCGTTTTCC  
TGCCACTCGCCATTCTGCGTGACAAGCCGGGCTATGTGATGCGTCTGTTGAACGACATGAAGCCGTTACCCGTTTTTCGAG  
TTGGATGGAAGAAGCAAAAAGAAGCTAGAAGATGAAAGGCAAGCCTTGCCGCAATGGCTGACGAAGATTCTTGACAAGGA  
CCTGGCGCTTCGACTGCTGCATTACGCCAGCACGGGGTCTACACGTGCTGCTGCGAGCGCTGGCAAAGTGCGCCGCCA  
TCCTCGCTCGCCTTACAGCGCGGGACTGGTCTATGGCGACCTCTCCCCCAACAATGCGTTCTTGGTGAAGGCGACACT  
CCCGATGTCTGGCTCATAGATGCCGACAACATGCGCCTGGAATTATCCAGCGGCGGCTGTCCGTCTATACGCCCTGGTTA  
CGGTGCGCCGGAGGTGGTGCAGGGCCCGCATCAGTCCC GCCCGCAACGGATTGTTGGGCTTTCGCGGTAATGACCTTCA  
AGCTGTGGCTCTATGCCACCCTTTTCATCGGCAACAAAGTGTGCAAGCGGTGGACGAGGACGGGGTTGGGATGCTGAG  
TCGCACTGAGCGACGGTGGCGCCACCAATATGAGGCTGCCTGCGCGCTTGGTTGCAACAGAAGGATTCGCGCGCTATTTTCAGG  
AGATGACGACGCCAACCAGGTGTTGGTGGCTGCCTGCGCGCTTGGTTGCAACAGAAGGATTCGCGCGCTATTTTCAGG  
AAACTTTTCGGTGCGGGACGGGAAGTCCCGCACCGCCGACCTCCAATAGCGTTCTGGACACTGGAGCTTGCAAGGGCTGCG  
GATCTGTGCTGGACTGCCCCGTATGTGGCATGAGTCATTTTCGTGATGAACACGCGCAATGCCCGTATTGCGGCGCGAC  
GCATTCGGCCTTCATTCGCGTCAAAAACGCCGCTTGGGAAATCCTGATTCCC GCCGACGCCACGGCGTTCTGCTGCCGA  
AACGGCTGTTCTACCCGTTTTTCATTCGAGCATCACGACGACACGGTATACGAAGCCGTGCTCAACTTCGCGGCAAAAACC  
GCAGTCCCTGTGCGAGGCACGCAGCCTTTCCCGGACAACCTCAGCTTTGAGTTCGTGGAGGGCGGCAAAATGAAGTTTTAG  
GACATTCACCACCAACATCCTGAGTGTCCGCATCAAGCGGTCTGACAACGGCGAAGCCCTGCCAGAGCAGCCTATCTTCTC  
GGTGGATGCCAGACCAGCCCACGCGGATGAATTTGAAATTCGCTTGAGAATGCGGTGGCCATCGTCCGCCCTGTGCTTG  
CAGCAGATATTGCTGCGCTCAACGCCGAACCTGGCCAGCGGTGCTGCCCTGCTCGCCAACTTGCAAACCCCGCCGCGCAT  
GGCAGCGTGAATTTGCAAGTGCCTTTTTTCACTGGTGAATGCCTGGAAATGGGCGACGTCGAAATCGGCGTGGATGAATA  
TGTGAAAAGGGACTGAAGAAGATGGGGCATGGCTTCAAGGGCCAGAGCCCTACGAAAACCTCGGCCAACTCTGCAGCT  
TTCAGCAAGGCGAAAACAATTTTTTCTTTCTGACCTCTGGCTCTGCCATTTCATGGAGAGCTGGAAC TAGACGGCGAGAAT  
GCACCAACGAAACAAGGACAGAGGCAAGCCAAAAGAATTCCTTCGGCATTACC GGCGACACTATCCGCTTCGTTGCTAC  
TGAAAAGTCAATACCGGGCGGAAATTCATCTTCATCGCCACCCGCTGACCAAGCCAAAAGAACGAGCCTGACCGCGCCT  
TACGCCCTCGCCAAAGGCAGGCTGCGTTTTTGTGGACTGGACACAGGCGGGACAAGTGCAAAATCTTGCCAAAGCGCAATG  
ACAGCACTCACTCAGGACGATGGAAGCTATCTGAAAAAGTGGGACGAGTTCGGTGGAGGTTGAAGGTGAACTGCTGCTCAA  
TCAGGACGCTGCAGTCGGCAGCTTGCAGTTCACGATATGGAGCAGAGCGGGACGGGACTGTTACGGTTTCGCATTTGTCG  
AAGCCTCTGATTTAGCCATAACCACCTTGGCTGAAAATAAAGTACAGAGCTCGAATCGTAGATGAGTGCACAGCATAT  
TTGCTGAATGAGAACTTGAGTTTTCAAAGATTTTGAAAAGGCATAAAAAGTGTCTGCGGATCTCGATAAGAAAGATTGGAGA  
AAAATTCATACAGAGCAAAGAGTGGGTTTTCTTTTGCAGTAAAAAACTTTGACAAGGAAACCCGCTCACTTGCCTCAAAA  
CCGAAATTCGCCATCGGTATCCGGCACGCTCATTCTCTCACTCAAAGGTGATGTTGCCCAAATCGAGCGCCGAATGGCC  
GCCCGTCAAGCAATCTTGAGGGGACGTAGCGCTAACCTCAGTTGGGTTTTATTGATTGAAGAGCATGGGAAAATTCGACA  
AATCCGTGTGCCGCAAAATATTCACCGCTTACAGCATTGTTGCTGAAGAAAATTTTCGCAATGACCCAACCGTGATGC  
AGGAAAAGCCGTTGAGGTGCGATTGAACACACCCGACATCGCGCTTATTCAAGGTCCGCTGGTACTGGCAAGACAACC  
GTTATCGCTGCGATTTTGAACGCCTGAACGAGATGGCAGACAAGCGCGGTGTGCGTGTCAAAGGTCAAATCTATTGAC  
GGGTTTTAGCACGACGCGGTGGAGAACATGATCGAGCGGCTTTGCTCAACAGCCTACCCGTGCCGAAATTCGAAAAC  
GATCTGGCGCAGCAGAAGATGATTACAGTGCTTTGCAACGCAATCTTGAAAACCTGGTGTGCAATTTAGCCGCTGATTTG  
CGCGACCGTAATCCGCAGCTTGTGGGGTGGAGCAGGAAAGGGAGATAAAAACCTATTCTTGAATATGTCAGGCACC  
GACTCGCCATTGGCCGCCAGCCTTGTGAGAAAATCATCGCGCTTGGCATTTCGGTGCTTGGCGAAGACGACGCGCGGC  
GGGCGGACAATCTGGCGAAGAACCTGATGCGTGAAGAGCGACTTAACGTGATTCAGGCCAATGGCTTGTGCGGTACGC  
CGTCTGCGTGTGCGCTTCGAAAGTTTTGCTGATGATGGTGCGGCAAGGGCGGCGGACGCTTTGGACGACCTGAGCGATGT  
TCTTGAAAAAAGCGAACGCAAGCTGCTAGACGAAGCCAGCCTTTGGCGCAGCGAAGATGGCACGCCGCTTTTTCTGACGG  
AATTGGAAGCCCTGAAAAGGAGACTTCTTGTTCGGTTGACCACCCCGGCTTTTCGCGTGGAAAAACAACGACGAA  
GTGATTTGGCTGGCGAATTTGCCATCCAGCGCATCAAGACCTGAGGTAATCGGTTAAAGATAAAAAATCCGCTGCGCT  
GGTGGAGTTTTTGGCCAACTCGAAAGTAATCCATGGAATGATGATGCTGTTTCTGATTACAGCTTTGCTTTTTGCTG  
CCACTTGCCAGCAAAGCGTAAATCGGGGATGCAAAATGCAAAAAGGCATCATCGGGCGTGATGTCATGAGAACCCTGAAA  
GGGATGGAGTACGAGTATGTGATCGTGGACGAGGCCGCTCGGGTATCGCCTCGTGACTTGATGGTGGCTATGGCGCAAGG

CAAGCGCATTATTCTGGTGGGCGACCACCGGCAGTTGCCGCACATCATTGACGAAGAAGTAGCTCGCCAGATGGAGGAAG  
 GCGAAACGGGTGAGGGGAGAAAATGACTGGCTAAAAAATCCATGTTCCAGTATCTGTTTCAGTACCCGCTGAAGACCCTG  
 GAGGACGGCGACGGCATCACCCGCCGTGTACGCTGGACAAGCAATACCGCATGCATCCGCTGCTGGGTGGCTTTATCAG  
 CCGTAATTTCTACGAACGCTTTGATCACACGGAGAGGTTTGGCTCTGGGCGGCCAGAAAAGCGATTTTGCCACGCTCTGC  
 CCGGCACGAACGGCAAGCCTGCCGTTTGGTTGGATGTGCCAGCACAGAGAGGAAAAACATCAAAAAGGACGGGACCAGTTGG  
 ACGCGCCCCGAGAAAGTCACTGTCAATTGCCCGCCAGTTACAGGCATGGATGAGTTCGGATGCAGGGAAAAGATCTCTCCTT  
 CGGTGTTATTTCTGTTTTATAAGGCGCAGGCCGACAGCATCAGGGAAGAACTCAAAAAGGACGCTTGGCGGGATCGTGAGCG  
 ATGACAAGCAACTGCGTGTGGAAACGGTAGACTCCTTCCAAGGCATGGAGTTCGATGTCGTCTTCTCTCAATGGTGCGA  
 ACCTTGCCGCAAAAACCTGGCAGCCAAAGGATGATGACTGCGAGAAAACAAGCCAGAGGGCTGTTTGCCATCTCTGTCTTTA  
 CAACCGTCTGAATGTGCGCATGAGCCGGCAAAAAGAAATTTGCTGGTAGTCGTGGGTGATACTGTCGCTTGCAAAACAAG  
 TCGCGGCGGACTTTGTTCCGGGGTTGGTGGATTTTCTTACCTTTGCCAGCGTGAAGGTGTGGTGCTGCCATGCTGAGGC  
 TCCTGGACTACGGCAAGCCCAATCCCTTTCAGCGGCATCATCGGCAAGTCGCGCAATCTCGCATGGCCGGTAAACGCGTAT  
 CGCGTGACCCTGCCAAGAGCTCCAACGATCGTGATGGCTTGAACGCATTTGAGCGTGTCACTGAAAAATACTTGATGC  
 TGTCGGCGCGCTGGATGCAGATGATCTGGCGGCCGAAACTTGCATTCGCTTGATTTAATCAATGGCATTTCTTCTGCGCT  
 TGCAGGACAAGGGATTTATTGACGAATACAACGCCATCCTTATGACAGGACGATGATGGATTAGGCGGCGAAGATAAC  
 GCTCCGGTCTTCTGTTACCGCGCTTTTGTTCGTTGAACTTGCACCGGTAAAACTTCTACCTTCTCTGCACTGGTTGAACGA  
 CGCGAATCCATTGCAAAAAAAGGAAGGCGAGGAGAATGATTTTGAACAATCCGTTGGGATGCTATTACAAAAGGAAAACA  
 CGCCACACAACGCGATGTTATCAACGCATTGCGGGGCATGAAGAAAACGCGCGGCAGTTTGTGGCATGGAAGAAAAGATG  
 CCTCCTGTTTTCAGCAATCACGATAACTGCCGAACCAGAGCTGTATCACCTTGACTGCCCCATCGCCATTCAGAGAGTCGA  
 TAGCGAGTTCCGCGTTGCTGACCCGTTTGGTAACGGATTTTCTGTTGATTCTTGAAAAAGCCTTTGAGCAGCTTCTTGAGC  
 GAGAAGATAACCTGGCTGGATGGCTGCTCACTTGGAAAAAACTACTAAGTAGTTCTCGACCCGAGAAAACCGGACATCAGA  
 CAAAAGAGCCGTTTCGAGACAGATGCCAACTGGCAACGCTACCCGAAGCTCATTGCCAGTTTAAAGACCTGCAAGCAATGC  
 AGATTTTTCGAACCTTAGCCAAAATCCATGCATCCATAGAATGGGCGCTGTTCTACGCTGTTCTGTCCGTTCCATTCAAAA  
 ATGTCATCACAACTCAGACACACCGAACAGAGCCAACATGCTGCGCTCTTGGTGAAGGCAGCGCAACGATAGGGTTT  
 GAACTGCCATTGCAAGGTTTTCAGACCGATTTCGTGAGGGCAAGCTACGGGAGTTCGAGGTTCGGGGAGCCTATCAAGAGAC  
 GGTCTTGGCATCGCTTTCAGGCGCGCTTTCAGGCGGCTTTCAGGCAACCTTTCGCGGCGCTTGTCTCCGTGCATCCAGGTT  
 TCATAAACCGTCTTCTTCCGTCAGCGTCAAGCGCAACGAAAAAGCATACTGGCAAGGGGCGCGCATGCTCCACAGCAG  
 GAACTGGCTGATGACCCGTTTATGCGCGAAACAGTCTATGCGCTTGTGCCGGACATTGTTTTTGGCAGACACACCTGCTAT  
 TGGCTAGACAAGGACGTGCAAGGTGATGCACTGCTGGATGCCCGCGCCAGCATTTCAGGTGGAGTTGGGCTTCAAGTTGT  
 TCAATCGCCTGGGCACGAACCTGCAGGACCGACTGGTTACGCGGAGCGTTTTTTTCTGTCTTGCCATGATGGGGATGAT  
 GCTTTGGCCTATGTTCTAGACCTCTGTGCCGCGTACAAGCCTCATTTCAGAGGAGTTTTGGTAGGCAAGTTGCCGCTGA  
 CACCAATGACGCGCAGCTCAATAGCACGGCTGAAAGCAAGGCTATTGAGGCTGGTTTCTGTGCGGTCTGCCAGAGGTT  
 TGCTAACCGTCAAGACATTGGCTGTGCGCCAAACCTTGCAGGGTGGCAGTCAATCACTAGGCGCTTGCCTCATCGCGTTT  
 CTTCTGGTGTCTGACGAGGATGTACTTACCTCAATTTATGACGTACAGCCGCTCTTGTAGATGATATGGCCAGCCTCAT  
 TATTCGACGTGGGCACGGCAACGAGCCATTGCCCTGCCCAAGGGCGACATCGGGCATCTTCGCAATCAGCTCTTACAA  
 CTATCAGAACTCATGGAATTTTGAATAATGAATGGACCCACCAACTAGAAACCGAAGCCAGTGGCTTGCCGATTTGA  
 ACGCGCGTGAGAGCGGGATCAGAACCAAGGAAAGCGAAATCGCCGGCCGCAAAATCTCCGTGGCTGCAGTGAAGGCGAG  
 GCGACTGCAGAGCGTCAAGCCATCGAGCAAGACAAGGCCAAATTTGACGCGAGCGCGAGCAGGCCGTCACGCAGGCCGAGCA  
 AAAGCGCGATGCAGGCTTTGCCGCTGAACGAGCCGCGCTGAACGATGAGCTGCGTGAAGGCGCGCTCCAGGGCGAAAAGG  
 AGATCACCCATACCCGAGAAAATAAATAACTGCTCTGGAAGATGAAATTTGCCAGACTGAAAAGCGAAGCGCTTGGAGGCG  
 GTTGCCCATGCCGAAGACGTGCAACGGGAGCGCATCAGAGCGGAAATCGCCAAGGAGCGCGATGCATGGGCAAAAACA  
 GGATGACGCTCGACATCGGTTGAACTCAGATCGCAGCGAATTTGAAAAGCAAAAAGGCGCACTTCTGCTTGCAAAAGCG  
 AAGTCGAAGGTAGGACCGGAGCTTGCAGCTTGCAGGCAAGCTCGAACGCAAAAGAACAGCGGTTGGAACAGCAGAAAC  
 CAGAGGCGCAGCAGCAACTGGACGATGAGGTTGAGAGCGTCTTGGAGATCGCCGCAAAACGCTAGAGGCTGCTCAGGA  
 ATCTGCCAAAAGGAAAACATTCGGCTGCGCGAGGCGCTTTCACACTCAGGACCAACTTCTCGGCGCATTCGAGGATTA  
 AGCGGCAACTTGGTGGCAAGACCCGGCTGAAATTTGCGCGCGCTGAACAGCCAAGCCGACGAACTCAAGCGCTTGCGA  
 GAGGAACTTGCCACCCGCTCTACCGAGGAAATGCGTGAGCGGTATCAAGCCCTTGAATCGGAAGCCAAGAATCAGAAGGC  
 ACGGGCAGACCAGTTAGAACGGCAACTTGCCTAATGAGGCTGCGGTGCTGAAATTTGGCGAGCTGCGCCGTCAGGCT  
 CGGAGCTCAACGCCGAGAAACAAATCTTGGCGCAAAGGGCATCTATCTTCGAGGGAGCAGCAACGAAGCACAAGCCGAA  
 CTCAACCGTTTTCGCTGACGCTTATGAGCGCCCCGCTGAAGTTGCCGCTCGCTACAAAAGAAATGAGATGCCGCACATCAG  
 TGTGGATAAGGTCAAGCAGCCGGTGCAGCACGAGATCGATGAGCTAACTTGGCTCACTGGGATTTGGCAATGCTTGCAGCA  
 CATATGGGCTACATTTCAATCCGCGTATTTTGAAGGCTTTTTCATACAGCGCTCAAAAACAGCTGAATGGTGCAGGCTCACT  
 GTCCTGGCGGGGTTTTCTGGAACCGGAAAATCAGAATCCCGCGCCTTACTCGCACTTTGGCGGCATTTATTTTCAGGCC  
 GCTGTCTGTCCAACCGAATTGGGATTCGAGGAATCCATGCTGGGTTTTTTTCAATTCATAGACAACAAGTTTCGATGCGC  
 AGCCGGTGTGCGCTTTCTCGCGCAAAGTTCAGATATCAGGCCACGAACGATATGAACAGCGTATTAACGTTGGCAGAGT  
 ATGTCGCCGGATCAGCAAAATGGCACTTGACCCTGAGAAGGACAAAAATCTAATTTGAAGCGTTGAAAACAAGCAGATTATCC  
 AGGATTGCAGGACGCGAGTGTGTCTGGTTCTGCTTGTGATGAGATGAATCTAGCACACCCCGAGCTTTATTTTGGGATTTCT  
 TGAGCAAGCTAGAATGCGGCGTGGCAGAAAAGGTAATGACGTCCCGTTCATCCCGGTGAAAATCGGCGCAGGCATGGAG  
 CCCTATAAACTTCCCTCGGTGCAATGTGCTTTGGACAGGGACGATGAACCAAGATGAAACCACCAAGTCACTTTTCAGA  
 CAAGGTGCTTGCATGATCCATCATCAACTTTCCGCGCCGACGAGCTCAAACGCCGCTGAAGCTTGTCTCCACTTGA  
 ATGACAAAAATCGAGCCCATGACAAAACGCTCGTGGCAGAGTTGGCTAGCGCAAGGCAGCAACTTCTCCGACGAT  
 CAGGTGAGCCGTTCAAGAAATTCATTGAAGGAATCAATGCGCTCTCTCGCGGTACAGGCGGTGCTCTCGGTACCCGCGT  
 TTGGCAATCCATTGAATACTACATGGCCAATTACCCGGATGTTCTGTGCTGCACCCGATAAAGATGCGCTTGGCAGGGCTA

TGCATGTCGCCTTCGAGGATCAACTCGTGCAGAAGGTCATGCCCAAGTTGCGGGGTATAGATACACGCGCAAGAGCAAG  
ACGGAGTGCCTGGACAGGATTTCGTGGACAGCTCGTTACAGGAATCGGGAGTAACTCATTCAATCTGGCCGAGGATTTCTGA  
TCTCGCCTGCGATCTTGGATATGGTCAGTTTATCTGGCAATCAGCAAACCTAAACGCCGGCGATACTATCTCTGATA  
AAAAACCTACGGCTGCTCTGGCGCCGGACGGGAGCGAAGAGCCACATCCACTTTTTATGAAAAGAAATCAGATGCAGCCAAA  
CGCCGTAAACTCTGGAGCGCAAAGACACCTGAGCAACGAAAAGAGCTTAGTGAAAAGCTAGAAGCGAATGCCGGAAGGGT  
TCCACATAACTCATGACAGTCAATCTAAAAAAATCTATGTGGGTATTCGCGCTAAGGAGAAAAATTTCTAGCGCCTTACT  
TGAACAATTAGATTGGTTTTATCGGGCTGCAGATTTTCGATCCGAAAACAGGTTTGGCGTTGCCGCAGGCATTGTCTTCTT  
TTTTGAAGAAAATTGCGCAGCCTGTAATAACAGCATAATCCATGATCGGCTTTGGCGTATCACAGAGCACAGCCGTGCT  
GCCTCGAACATCTAATGAGATCACTCAACGAGAGCCCGCTCGTGAGCAAGCGTTGATGCCCATTCATGCTGTGCGCGA  
GCTCGACGCTAACAGTTTTATAAACTCAGCAATCGCCAGGGCGTACCATTTCGAGAAAAACTTGTGTTAAGCCCTATA  
TGCAGGCTGTGCGTCGTTTTCAATCTGTGATCTGCCGAAAATCGTCTATTGAAGGCATTTGTTCCGCATCTGTTGAA  
CTGCTTGAATTTGCGCTAGATTACCTCGGCCATGAAGACGAGATTCTGCCAAAAATACAATCTTGGCTGCACTCCGAAGA  
AGCCCAAGCGATTGGCAACTGGGACAATCTGCCACCCAATAATACGCTACTCTCGCACCCTGATTATCGACGCATTTGGG  
ATTCATGGCGGTGGCTACAGACCTTGGATGATGATGTGCTGGCGACTTTGTCCAGGTTGAGGCACGTGACAAAACGATG  
CGCTTATGGAGACAATGCGCGCAAATGTGGTCTTCCGAAAACATCTATTTTCTGAGATGCCGCTTATTTTTGACTACGA  
GAAGTTTGGATACTTCCCTGGTCTTCAAACCGCCCTTGTTCATAACATCAAGGAAGAATATTTGCGGGCATAGCCTGC  
AATGTGAAATCACCGATCCAGTTTGTGTTGATTTACGTCCTTGCGCCGAGTTACGACTGCGGCGACGTTGCATTCGCA  
CAGTCTTTGCCTGATACGTTTCTGTGGCAGCAATGGAGGCGCGATGATGAGAGCATCGACATCGAACTCTTCCACTCCGA  
TGCAGTTTGGCTTCATCCGCAATCGATAACCATATCCGGGCCAGACCTCTTATTTGCCAAAGGCAACACATCAGAGAACT  
GCGACCGTGCCTCGCGCATTCACTATTCCGCTGCACGAGATTTTCAGGAATGACACACTCTACTGGCTGGTTCCGGAT  
TTTTCTCAACGACTTTGAACCTTGGCTTATCCGTCGCAATCTCAATGCTCGTTTCTCCAACGCTGAACCGTTACCGCGCAG  
CGTGGCAGCAGTTTTGCGCTGGCTGATCCAGAAAAATAAAGGGTGAGGGTTATGCCGTCGTTGTTGTAGATACCATTG  
GCAACAAGACCTGTGCAGTCAAGCTACTTGCCAAATTCGACGAGAACCTGAAAAACGTTTCCATAACTCGCGGATTT  
TATTGGGAGCGCTGTCCACCAGTTATCATTGCTAACGCGGATGATAATAGAACCGAATTTCAAGGCTACGATATTAGCGT  
GGTTGATGCCAAGAACGGTGGCAGCATGCAATTTCCGCTAGCAGGAGCGGATACATCGATCCCGAGCACCTCAAGCGCG  
ATCGCGTATCGGAGGCTTCGCGTTCTGCATCAATCAACGGGAAGCCCGTTGCAGTTGGCTCCGCCTACATACCCTC  
CAGCAACAAGCAGGTGACATTTCCGCTATGGCGTATGATCAAAATCCAGAACTTCAATCAAGGTGATGAAAGATGGCCACTA  
CCAACGCTTTCACTTGGTTTTACGTTGGGACAACATCAAGCCTGTTGCGGAAAACCCGTTGATTTCCCATTTGCTGAAG  
AATTCACACTTCTAGCAGGAAAACAGCATTACTCGTTCCCACTCTACATCGGCAGCAATGCTGACGACCTTGGCTTTTTCC  
GCTCGTCTCGATTACCCGATTTTTCCGCTAAAAGGTGATGTCTGTGTGATTTAAAATTTGACCTTTGAATACGGCGCAGA  
CACCCCTTATAAGCTTGTGTTCACTCCACGCGCAGAATCAATTCGACCCATGCGGGCAACGTGGCAGCGCATGGACGAAA  
TCGTCATCAGCGATGCCCCCGCGCCAGAATATCCAACGCCGATAACGTGGTCAGATTTGCGGATTTTCCGAAAATCCGGC  
AGTAATGAAACTACCGACTTGTCTGACTGGATGCAGAGGGGAATTCACAGCTTGACCGCCATCTTTATATCCGTCCCAA  
GCCACGGATAACAGGTGAAATAAGCAGCGCATGGAAGATTGATAAAAAAGGAGGGAAATTTACCTTTGCGGCTTGCATG  
CAGTGGAGGACTCCGTTTTTTCATCCATCAGAATAGCTTTATTCATGAATTTGAAATTTGTTGACTTTTTCAGAGGGCAGGAA  
ATCTCATTTCGAGCTTCGAGAGCGCGAAGGGAAATACTCTGGCTGGAAAGTGGCTGGCCGACATATAAGGATGCGGTGCA  
TTTTAAGTTTTTTGATAAGGAATCAGAAAAAGACTTAGTCGCAATATTCGCAAGAGCCTTTATTTTCCAGTCAATTCAGG  
TTTTGGCGTGATGGTTCGCTCGATCAGTGATCCGGAATGCCCGCAAGATTTTAGCGCCGCAATGAAAATTAATTTGTGAGTAT  
CTCGTTGCCCTATTGTGAGAAGATGAGCTTCTGAAATCAGTGAGGGCAGAAAATATATTTCTGCTTTTTCTGTATGCATAA  
AGATGTGCCTGACGACTGCATTTCAGTTGATCTTCGATAAGATCAGAGATGGTAATATTTCTTGAAGAGCCTGGTCCGTT  
TCGCGCTTGGTGTGTTTTCAAAGCAATGGCAATATGATTTGCTATCAAAACTTGTGAGAATCTGACAGGCGATGTGCTT  
CGCATTTTTTCTTACGCCATCTGGCGAGAGCAGAATTTGTTGATAAAAATATGCCTCGCGGACATGCGTAGCATTTCTGAA  
TACTCTGAGCATCATGCTTGGTAACATAAAGCAGTGTCCGCCAGGAAATACGAGAAAAGCAGAAATGGACTGCGCGTAAT  
GGATTCTGTTCAACACGGAGCCACTTGAACTTTTGCTAGGCTGCTGCGCACCCGGCATCTTCAACCTGAAATCAAAA  
ATGCTCCTTCAACCGCATCAAAAAATAACTAAAGAATTTGCGAAGCAAATGAGCATGTAACATGAAATCATCTTGCAGTC  
GGATATTCCTTTTTTTTTCCGCTGTGCAACTCAATCTCCAGAAGCCGAAAGAGCGATGCGCGCCCCGATTTACTTTTATGCAC  
TGCGACTTTTACCTCGGCGGGGATGACGGAGCGGACGCGATTACATCTCCAGTGTTTCTGATGGAAATTTCTGATTGAAAT  
TTAAGCCTCATGGGTTATTTGACTAATTGATGGTTTTTTGATTTAATCAAAAAATAGATATGGATTATTTGAGGCCGGAAGA  
TCGAAAACCATTTGTGGTTTTGATAAGTAAATAGCCATGTAGCTTCTCGATTTTCTGGGGCTGTGACTTCGCACGTCCA  
GATGTTCAAACCACTCGGCTGCTTGCATGTAATTGCAGTCGCTCGAAGCGCTTCTGCACCCACTGCCAATCCTGCAGGT  
TCTCCTGTTTTGGCCAGTTTGCCTACCTGCGGGTGTCTTTGGGCATAGCGCTGAAATACGCCGGGGCTGACTAGGTAGGCG  
GTGTCGCTCACGGTATGCACCAGCGCTTTTCGCATCATTGATGATGAGTCGCCCGGTGGCGATGCCCTGTTTCAGCCACGC  
CATGAAGTGTTCGCCGGATGGCTGTGCCGTGAGGATGTGGAGGTCGGCGCGAAGGCGCAGCGCGGCCAGGGTCGGCA  
GTGGCGCATCCGAGAGAACGATGGGTGCTTCGTCCGGGGTGGTTTTCCACATCCTGATCGTTGGTTGGCGAGTTTCTTATT  
CCTACCATCGCCAGCATGTCTCCATGGCGTCAGGGATGGCCAGGGCCTTGGGCGGAAGGGCCGATGCGATTCCACGACC  
TTCCACTGGCGGAGCGTTTTTGGTTTTTCCAAGGCTGACGCCGCGCCGTCCGCGAGAAAAGGGGGGCTGCTGCCCTCGGCAGCTT  
CGCCTGCCAGTGCCGCGTCGATCGTCAACATCCCTGCAAAGGGTGTGGTTCGCTCACCAGATTTCCAGATCAGCGCGGGC  
GCGAGGCGCAACAGGGTGAACGAGTGAAGTCCAGCCGGTGAACACTGGTACGGTAGCGCGCCAGATCGCTTTGCCGTCCGG  
CGTGGACTGCAACATGCCGTGGTCTTGCAGCAGTGAACACGGCGGTGTTGTTTCGAGGGATGCCGTGATACCCTGGG  
ATAGCAAGTGCGCCGAGCTTGTCCGAGACCGTTTTGCTGACAGCACAAGCCATCTTCGGTGAAGCAGCCATCGGAG  
GCTTCCGGTGGTTTTCAGCTTCAACTGTTCTTTCGAGCAGGTAAGCACAATCGAGCAGTTCGCTTGCAGCGCGTGTCTT  
GGGTGCGGCCATGGCAGTGTGGGGTCGCCACCCAGTTCTGGGCCAGGAAGCCCGTTCGGCTCGACCACCCAGTTTCGC  
CCAGCACCCCTGCATGCTCGTACTGCCCGGCCAGGACATAAAGCAGCGCGCCACAGTGATGGGTAGCTGCTGAGCCAG

TCCAGGACTTCTCGGTCAAGCAGTTGGTGGTAGAGCAAACCGCTTGC GGCGCTGTGCAGGCGGTACTCGCGATCGTCAGG  
GTAGCGGAAGCGGTATGGCTGGTGTAGCGGGCCGTGCCACGGATGCCAGGTATTGCCGTCGGCCAACCTCGACGTGCAGAT  
CGACGGCGATCTTGCCGATGTCTGTGCAGCAGGGCGGGCTAGGCGATGGCAGCAGTCCACGCTTCGGCTTGCAGCTTGG  
TCTTCCGGGCTGGCGCCGATGGGCAGCAGATGAGACTGGCGCAGCTTCAGGCTGTAGGCAACGATTTCCAGACCGTGGTC  
GAGCATGCCGCTGGGTAGGCATGGTGATGCGCTTCGGAGGCAGGGAAAAGCTGGACCAGCTCGGCATAACGTTCCAGCG  
GCGCACGGTACAGCGCGGCGAACTGCTTGC GCGAGAGCGGAGGTGCGCTGCCAGATGTGTTCCAGCAGCTTCTGCCGGCGC  
GGTGTGCCAGCAGCGATGCCGGCCGATTCCGGCCAGATCAGCCCTTTCGGGAGGTCCGTGGTGGGTGCTGGCGATGGAGC  
GGCAGCGACCCGAGGCCGTTTCCGCTGGAACAGAGAGAGCATATGGATTTCTGGTGGCTGGCCAAGCGGGAGGCCCTTTT  
CGCCTTTTTCGGGTAGGGCCCTTTCCCTTGCACCCCATTCCTTGGCCCCCTTGACCTTTTGGCCTTTAGAAGCCTTTGGAT  
ATAGAGCGGTGAGCATGTGTCTGTCATCGTCAATGCGGGTATGGCGGGGCCGATTGATGCGGGAAGGTGGCTTGTCCC  
GCTCTACGATGCGATCCATTGTTGGATGCTGGAGAGCCGCGGTGAGACCACAGATTGACGAAGTAAGGATATTTCTTAC  
AATACAGGCATTGCGATCAGGAGAGCCGCCATGCCTGCCATTACGAAGTTGCCACGCTGACCTCCAAAGGTCAGATCAC  
GCTGCCCAAATCCATCCGGCAGGCGCTGGGTGCCGATACCGGCAGCAAGCTCGCGTTCCGAGCTTCGTGGCAGTGAAGTCA  
TCGTGACCCGCGCCGATGCCGAGCACGAGGACCCTGCCATTGCCGCTTCTGACCCTGCTGGCCCACGACATTTGAAGCG  
GGCCGGAATGTGCGCGGCCTGCCCGAGGATTTGGCTCGCACCATGCTGGAGCACGCGGGCCACAAGGTGGAGCTGGGCGA  
TGATTTCAATGAGGACGTGGAATCTGATGCGACAGCATGGCTGGACACTGCTGTTCCACGACAACCTGATCGAGCAGAT  
GATGAAGCTGCGTGC GGCTGTGCTGCGCGCCCAGGAGAACGACCCGGAAGGGTTTGATCGAACGCCAACGTCAAGTTCT  
TCCGGGCCCTTGGTTAGTTGATACAGGATGTGGTGGCAGTGATCCAGCACGCGACGAGTACCGTCAAGGCAATACCATG  
GGGCCGGTCTATCGCCACTGGCGGGCAGCCAAGCTCGGAAGGCGATAACAGGCTGTTCTTCCGCTACGACTCGAAGGCCAA  
GATCATCGTGTACGCTGGGTCAACGATGAGCAGACCCTGCGGTCTTCGGGGAGCAAATCAGACCCCTATGCCGTGTTCCG  
AGAAGATGCTCGGGCGCGGAACCCGCGGACGACTGGAGCGCATTTGGTAGAGTCAAGCAAGCAGGATTTGGAGCAAATG  
GAATAGGCATTTCTCATGTAGCAGGAGACGACCGTGAACACCACTTCTCGCACCCAGCACCCGAGAACGCCCTCGGACGTAC  
CCTTGGCCGTGGATGGCGCGCTTATGCGCGGGGCGAGCGGGCGACATCGAGCTGGTTGGTATCCAAGGGAGTGGCCGGTGG  
CCGGCACCCCGTGTGCTGTGGGCGGTCAAGTGGCTGTGCTGGGGCTGCTGCTATACGTTGCGTTCCTGGTTTCGCCCTC  
GTGTTGCTGGGCGTGTGGCGGCGAGGATGGGCTGCTGCTGCCAATACCTCGGATGACGACGAGTGGTCTTTCACCGATCT  
CACAGAATTCGGCGAAGCCCGGGCTACGATCCGAATCTGTACAACGACACGTCGCCACGAGCTATACACCCGACGATGAC  
CGGCTTGCCTACTTACGCTTACCTCCGGCAAGCGCCCTGCAACCTTACCCTTACCCTTGGCCAGCGCTTGTGCTGCCG  
TCTGAAAGCCCTGGATGGCGTGGCCGGCTCGAATTCCAACCCAGGTAAGACTCGCGAGCCAGAATCCCGGCGAGTACAAG  
GAACATCGTCCCCGTGACGAAGTTCAACAGCAGATCCCCAAAGGCGTGTGTTACGCCCCACCAGTGGATCGAAGTTGGCGT  
GTGGCCGGTTCCAAACCGAAGCCCCAGCCATAGAGCGCATCGAGGATGGTGTGCTGTCGATCCAGCGTGCAGGCTGGAACCCAG  
AAATCGACGAAGAACAGCGCGAACTGCACGACGCTCACAGTAACGACGGTCTTCAGGTCGTAGGTGCCACAACCAGCAC  
CAGCGGGATGCAGATGACCAGCGCCATCTTGAGCAAGGCGAGCACCATGGGTAACGCTGGCGCACCACGTCATGGCCG  
GAAACGCGGAATCGCCCCGACGGCCATGCCGACGTCGCCAGTGGCCCGCGTTACGATGTTCCGGCAGGGTCTTGTGATC  
TGGCCGCCGTAGTCGGTATAGACGCTGCCCTGGTTACGTTTCTGCTGCCTCGGCGAGGCGATGGTGC GGATCACCGAGTC  
GTCCACCTCGGCTCGGCTCAGAAAGCCGGCCAGCCCGCAAGCGATTACAGCAGGCTTGGGTCTACCTGCCCCAGCAGGC  
GTGCGCGCAGGCCATTGCTGCCATCGGCCACCCTGCCTGCAGGACGGATAACCGCCACCCTGGCCACCTGCGCAAGC  
CCCGCGTGC GGGTGTGCTGCTAGGGCCAGTCATCGCGTGGTGTGCTGGAGCGGTAGCTATCGTAGTAGCCGCCGGTGTG  
CGTGA AAAACCTCGACCCGATCCAGGTCACGTCGTGCATCTGCGCCTCATCGAGGTTTTGGGCGCTGCATGAACAGCTTGG  
CGCGCGCCGGCCCGTAGCAGTCTCGCGAGAAATCCGCCACTTCTGAGCCAGCACCCGGTTCGTGATGCGCGTGC GCTCG  
ATCTCCATCCTCATTGCGCGAGGTCTGTGCCGATGGGATCGCTGCCACCGAGGCCCTGTGACGGCGCGCGAGAGCGC  
GTGCATGAAGGCCACCAGACCCGGCACCTTCGCCGATTGGTTGTTGAGCGTGTGAAAGACTGCGACCCAGCCGGTCCGCC  
AGGGTTGTGGCACGCTGACCTGGCACTGCGCCGAGCGCGCGCTGTGCTAGCGGATGGTGTGAGATCCACGTCGATAAAG  
GGGATCCCGCGCAACATCACCCACGATGGCGAGCAACACCCGGTCTCGATGCGCGCAGTGGAGTCCAGGCGCAAGCAGC  
GCCTTCTGTCGGCACCCCTCCGACCGGGCTTACGCCATTCCTGACAGTATGGCAATGAAAGTCCAGCGCAAGCAGCCG  
TTGCCACCAGTACCGCCAGATGCCGTTATGGACAATCCACGACACCAGCGTCAAGTACTCCAGGTAGTACTCGGTTAGTCCGTA  
AAAAGCGTCATGACCCGATCTCCCTCAAGCGGCCTGCATCAACAGGCTGGCTTCCAGCGCCACAATGGCGGGCGGGCC  
AGCGATCTCGCTGCGCAGCAGTCCGCCCGCGCCAGCCTATCCGCCCGCGTGGGCTCGCGCGCCAGCAGGCGGGCGAC  
GCATCCAGACCCAGCCGATAGGCGGTTGCGCCGTACAGGCACAGTCCGCACACCAGGAAGTAGCCCGCCGTGGCCGTCAGC  
CACCGCTCCCAACCGGCCACACTGCCAACGAGATAAATGCCGACGATGTTGGTGCCACCAGCGCAGGCAACGAGCACCAC  
CGTCCACAGCAGCGCTTTCGCCGCGCGTCCGTTGAGCAGCCAGCGTGGGCGCAGCCAACCTGGCGCGGGCAGGTTTCATGG  
GTTGCCCTCCCGGATTGCCCTTCTGGAGCCGGTTCGAGGCGGTCCGGAATGGGATCGCCTTCGTAGATGCCACGCGAGCCAG  
CCGCGCGCGTGGCGTGGCGCTGGATGATGGCCATGGGCGAGTTGTTGCCAGCTCACGGCGCAGCTCCAGCTCGGTCTTG  
AGGTTGCGGATCTCTTGGTGCAGCGTGTGCTTTCGTGGTTACAGGCCCTCGACCCCAACCTGGTTCCGCCGCGAGCTTGGG  
CTCCTTCTTGCCGGTACGAGGGTACGCTGGAGCAGCAGTGCCTTCTCCAGCACCGACCCAGCGCGACCTCCGAGGCCA  
GGCGCCGCGCCAGCAAGTCTTGGTCAGGCTCGTGC GCGCAGCGCCTCGATGACGCCGCGGGTGGTGGCAGCGAGGTGCTG  
CCGGCCGCGCGCAGGTTCTCGAAGGTGGTATTGCGCGTTCCCGAGACCAGTTCTTGC AAGGCTCCAGCTTGGCCCTCGTA  
CTCCTCCTGGATCAGCGGGCTCAGCCCGACGCCGGGCACCGTTTTCGGTCTTGGTGCAGGCATCGCAGGTGCGCTGCACCT  
GTTCCCAAAGAACC CGCTGGCCCATTCGGTGCCTGCTGCGGCAAGTCCAGGTCCTGGCAGGACAGGCTCGCGCAACTG  
GCGGAAGCGATGGACGACGTGTGCGTTACGCTGCGACCGTTGACCAGGTTGTAGCCCGCACGGGTGACGTCGCCGACCAC  
CGGATGCGCCGACTGACCTGACCCCGCGGTTGTTGCCGCTACCCAGGGCACGCCGTCGTTGCCACGGCGGCTCTCTG  
CCTGCTCGATCGCCGACACGGCATCGGTGCTGCACCCGATCGCGCAGTGCATGCCTTCGGCCATCTGGCCATCGCCCA  
AGCTGTCCGCCCGCGTGTGCGCCATCTTCTCGGCCATGGCACCGCAGGTCAGCTTGAACGGTCAAGTCCATCCGCTGC  
CTGCAGCACGCCGTTGGTTCAGCAGGTTGTACAGGCCCGGATCGGCGCGCTGGATGATCAGCGCAGGCGAGGATGCCACCG



CACGATAGAGCTTGTGCGCGCTGCCGATCAGGGAGCGGGCTTCATGCACGTCTTGAGCGTCTGCTCGGATGCCAGGGTT  
TCGCCCACGGCCTTCTTCGCCAGATGATTGAGATCCGCTTCGAGAACATCCTGCGGCGTGCGGACCAGCGTCAGGCAAAG  
GATGGTGTCTCGGGCATCTGGTGAACAACGTGTTGATGGCGTCGCCCTTTCGCGTCTCGCCGGTCAGGTGTCCCGTGC  
CTGGCGGCATGCGCAGGCGGTTCGGTGATCAGCACGCGGTGCGGCATGCCGTGCAAAATGCCAGGTGCCGTGCGCCACGTGC  
GAACGCGGCTGGCCGAAGAACAGCCGTTGGCTGAAATCCCGTCCGCTCGCCAGCTCGATCTCGCCGTCTCGCCTTCTC  
CGCACTGTTCGGGATAGCGCGCAATGTATAGAAGCGCTCCCGGTCTTCGGCCCCAGGCCGAGCAACGTGGGGCGCGGGT  
TGAACCAGCGCAGCAACCAGTCATGAACATCTGCCGCGACCATGCGCCGGGCTGAATGCCGGCGTTCGCCAGTCCGCGG  
CACAGGCGGTTCGAGACGATATTGAGCATCTGCTCGGGCGTCTGCCCCGACGGCTGTTTTGCCCTTGCCGGTACGCG  
GCGGTAGACCACCATGCGCACGCGCCGGTCTGGCCGCGAGCGCAGCCGTGTACCACAGTGTCTCGAACAGGGCCGC  
CCGGCTTGGCCACCGCGCGCAGGTGGTGGCCGAAGAAGCGCAGGTAGAATCGCTGAACGCTGTATCACGGGCGCGCGG  
TGCACATAGTCGCGCAGGGTCTGCATGTACTGGTCAAAACTGGGCTCGTCTGGGCGTAGAGCTGCAACACCCAGGGAGT  
TTCGTCCAGTTCATCGAAACTGTCTGACGCGCTTCTCCAAGGCATCGCGGGCCTGCGCGAGCCAGCCGGGTTCCCGGC  
CTTCGGTGCCAGCGGCACCAGCTCGTAAAAGGCCGCCACCGATTGCCCGTCTCCAGCAACATGGCCTTCGACTGCGGC  
AGGAACTCCACCCAGGGCAGTAGTTCCACGAACGACGGCGGACCTCATAACAGCGTCTGCTCGTCTGCCATGGTCGCGG  
CCTGTGACCTTGACCCGCGTGCCTGGGTTTCGGGGATGCCGGCCTGGTGCAGTGCCTCGACGTGGCGCTGCCAGCCGTCCG  
GCTGCTCGTCATCGCCAGCGCCGGACGCGGCCAGCTTCGGTGCGGCCAGCTTCGGCCAGGGGAGTTTCCAACGCATCAGT  
AGTCTCCACGCGCTCGCCTGGCATGGCGTACTGCACGCGCTGGTACAGCGGGAACACAGTCTATAGCCGGAATCGGC  
ACCGGGTCCGTGCCCCGCAAAATGGGGATACACGTACATAACGAGGTCCGGGTTGGGCAGGCGCTGGAATGGCGATAGAC  
CTCATTGCGCGCGGTGCGCGTGTAGCGCATCTGCTCGGCAGGTACGGCTTGCACGTGCGCCTCGGTACGCGACGGCGAA  
GGCTCTGGCGCGCATCAAGCAACTGTCTGCGCGCCACCTGGCCGGCGCCACCCTGCCATCACCGGCGTTCGTGGCCAG  
ATGTCCATCATCGTGTGTCGCCGTGGGTGAGCAGCTTTTCTTGTGGTGGCGCAGCCGCCGAGCAGCGCGACGGTCAA  
GGCCAGCGCCAGGCCTTGAGCCAGCTATTCAAGTTCGAGAGCATGGCTTTCTCCTGCGCGGTGATCGACCTTCCGGCCT  
TCTGGGTGCAAGTCGATGGCGAGCGGCTTTTCGAGGTGGACGGCGACCTTGGCACCGGGTGCACATAAACGGCAGCGAA  
GGCCTGGCCGTAGAGCTTGTGACCCAGCTCGACATGTCTGAACGCCACTGGCGAGAATCCGGCCACGGCTTCTTGGC  
CGCTGATGCCCCACGCTGCCGATGGAGCCGTCCGACCCGACATAGGACGCCCCGCACTGTCGATTCGATCAGTGAGGCC  
ACGCGTAGCCACGCGCCGTGATCAGCGCCCTGGGTGAGGACTGCTGCGCATTTGCTGCGCCGCTCGCCGCTGCACACA  
GGGAATGCCGTGCGGGTCTGATCCAGCCAGGCCGTCGCGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGG  
GAATGGTGCAGGATGGTCCCGTTCATGGAACACGAAGGTGATGCTGCGCACCTGGCCGCGCACGACGAGAGCGTCCAGTCC  
CCTGATGCGGTGCCGGAACACGGCTCCGGCCACATCGGGAATGTGATAACCGTTCGCGGTCAAATTTGTCGGGCCGAC  
CAAGACCTTGAAGGGGTACGGATCGTTACCGTGCCGTGATCGGCACGCGGCCAATCAGCGCTGTCAATTGCCACCGACC  
CCATCAGCGTTGAGTTGGTTCGGCACGGTGTAGACGGGCGTTCGCGGTCTTGACGCCAGCGGCGCGTTCGCCCCGCTTCGCC  
ACGGTTTTCGCTGTGGTTCAGCGTGTCTGTGCGGAACCGAAACTGGTGGGAAAATTTATGCCGCCATTCGACCTGCC  
TCGTCCATCGCTTTGTTTCGCGTCATCAGGCTCCACCCAGCGCATAACCGCTTCCATGCCGGCTCGTTCGCCGTACGCA  
GGCCAGCCCCACCGGCAAAATCGGCATGGCTGCCGCCACGCCCCGCGATGCTGTCCAGGCGTGTGCAGGTTCGGCGAGC  
AGCCCCCTCGGTCTGCTGGCGCGCGTGTCCGCTGTGTTGGTACGGCGCAGGTTCGAGCGTTCGGATTTCGAGGGCCGA  
ACTGATACGCTGGTTCGATGGCGCTCTCGCGCTGGCGCAGTTCGCTGATTCTCCTCGCGCTGCGACCTGTTGTTCGACAGCG  
CGGTCTGAAGCTCGGTGCGCAACTGCTTACCTGGGCAACCAGCGTTCGCCACGGTGTGCGCGGGGTATCGCCCTCGATG  
CCCAGCGCCTTCAATTTCTCCGGCGTGAGCCTGCCGCCGCCATCTGCGCTGGGGCGGCGCCGACGACCCGCTCCAGAGAA  
CAGCCGGATGGCGACAAACAGCACCAGCAGGGCCACGGGGATCAGTAGCCACTTCAGGAGTCCGTTACTGCGCATGGCGG  
GCCTCCCTGTCTGCTGGCGGCTGCTTTGGGCTGCGGAAGATGCACTGCGGGGTGCAAGCGATGGATCGCCGGCAGCAG  
CGACTGCGCGAGGCGGTGCCCGCGCGTACCAGGTACAGGACGGTTCGTGTCTCAGATGTTCCGCGTGGGCCGAGCGCCT  
CATGTGGAAGGTGGCGGTGAGGAAATCGCCGTGACAGCATGCGCGGATCGAGGTGATCCAGTTCGTTGCTGCTGTTGGT  
AAGCGCACGGCAGTACCACCTGGTCTTCCAGTCCGACGACGCGGACCGCGGACCGCGGCTGCCGGCAAGGTTCGGCATCAG  
CGTCCGAGGTTCGAGGTCGCGGCGCAGGTTGACCCGAATAACGCCTGGCAAGGGTTCACAGGTGCGCAGCGCGCTAGAG  
GGTTCGTGTCGCGCAAAGCGTGTCAACACGACAGGGATTGGCGTTCGCGCCGCGTTCGCGGGTTCGCGCTGATTCTGG  
ACGCGCGTCTGGGGTGTATCGGGTCCGTACAGGCTGACCGCCATAGCGCGCCGGGTTGCTGTGCGCTTCAACGATGCGCAC  
CGGCTCCAGCTCAGTTTCGCTGTCTTGGGCGATTCCGCGCAATGTGAGCAGGATCAGCGCGCCCGTGTGCGGCTCCT  
GCAATTGCAGCCGTGTTGGCTCAATTGGCTCGCTGGCACGAGGTACACCGCGCCGCGCTCTGCACGCGCAGCCGC  
TCACCGACGCGCAGGCACGCCCACGCGGACGTTTCGGTTCGATGAACACGATGCGCTCCTGGCCGACCTTCAACGGCAC  
CGCCAGCGCATGCGCTCCCAACGTAGGATTTCCACCGCTGGACGCGGGGGGCGGACCACTGTGGCGGCCACGGCCA  
GCAGCCCCAGCAGCGCAGTACAGGATGCTTCATGGGAATTACCTCCTTGAAGCGCTTGCGGCGTCAATCCACCAGGCA  
CTGGGCGCGTTCGGTTCGCTGATGCGCTGGGGCGTGCCTTCGTAGCAGTCGAGCACCAGGCCGAAGGGGTTGCGG  
GCGGGATCGACGTCCACCCGCGCGACCTTTACGGGGTAGCGCACCAAGGCGCGTTCGACCTGCTGCGCGCCGTAGTACTC  
GTCGGCGCTGATGTCCAATGTACCACCCAGTCGCGGTTCGAAATCACACGCACGCGCGCCGTGGGGTGTGTCGCCATAGC  
TGCGACCGGGGATTTTCATAGATGCCGCGCACGCGCTGGCGCAGTTCGCCGGTGTGCGGGGTAGTCGTAGTCCGCGCGC  
AGGAAGGCCTGGCAGAACGGGGTGGGTACGGCGAGAGCGTGTGGAGATTGCGCGGGTAGTCTTCTTCGCCATTCGTCCG  
CCAGCGGTTGAGGGTCTGGAACACGTAGAACGTGAACGCATAGACCGATTTCAGGCGGTACTTCCACCCTTGCGGGTAC  
TGCCGGAGCGCAGGTACGGCGGGACGTGGATGGTCAGGTTCGCGCGGTGCGCTCCACCATCCTCCGCCCATGACCAGGGCG  
ACGACGACCAGCGCACCCGCGCCGAGGCGGAGCGTCTGATGTGCGCTGCAGGTGGGTGATCTCGTTCTTGAACGGCT  
CATCGTGCGCCCATGCTGCCCCCTGCGGGTAGTCCAGAAGCCGAGCGGAGATCAGCACATCGTCCGCCACCCAACC  
GGCCATCAGCGGATGGCGCGTGGCAATCCGCCATTGCCACTGCCGATCAGCCAAAGTGTGCGGACGCCACGCTTGGGCG  
GGCGCAGAATGCCGCCCGCATGAACACGCGCCAGGCCACCGCCAGGACAACGAAGTTCGGCGGATGGCAATCGTGGCGG  
AACACCCAGGACAACGGAGCGCCGACCACCAGGCCGGCGGCCAGACAGGCCGCGCAAAATCCACAACCTCGTTCGGCGGT

GAGGCCGCGCACGACCACCGGGTGCCTGTTGAGCCGGTGTGGAAGGAACGTGACTGTCCCATCGGCACGGACATGCTGTT  
GCTCGGACATGGCCCGTCTCGCTTACAGGATGCCGGTGGCTTCGGTGAGCAGCCAGATGCCGATCACGAGCAGGACAGC  
GCCGATGGCGACCGTGAGGCCGAACCTGGCCCCACGTCTTGCGGCCAGTGTGGATTTCCGCGTAGGTGCCGTAGGCGTGAT  
AGCACACGCCGATAAACATCGACGCCACCACCAGCAGGGCCACGAGCATGATGATGTCGTAGCCGTAGTTCCTGATCGTG  
TCCATGATGCCGCTGCCAGCGCCGCGGGTTCGGGTTTTCCAACCTGCGGCAGGCCTTGCGCGAACGTCAGCGCGGGCAATGC  
GGCGGCACCCAGGACGACGGCGGCGGCTTGGACAAAACGAGTAGTGAGGATGCGGTTTTGCATGGTCAATCCCTTCAGGT  
CAGGAGAGGAGGAAGAACGTACGACACGAGGTACATCGCGACGAAGCGGATGCAGACGCCGAGGAACCTGGCGCTGGTTGAG  
GCGGTTCTCGGCCACCCACGTAGGCCGTTCCGGATGGCCAGACGCCCCAGACGAGCAGAACC CGGAACACGACGCCGA  
CCAGGACGGTCGCCATCGCGGATGGTGGCAGTCCCGCTGTTGGCTTGAATGCCGAGACCTGGGCGCCGTTTCATGGTCTGC  
CCTGCGCAGTCGTGCGCAGCGATGGCGGGGACGCCCGCTCAGTGCGGTACTCGCCAGTCAGTTCGGAGAGTTCGCGCTGC  
TGGGCGCGCAGCGGTGTGAGATGGGCCAGGATGCCAGCGCGCACACGCTCAAGGTCAGCCAGTAGTCGCGGGTAATCGAA  
GTGGTAGCGCTCGCCCGGTGTGATGGGGGTATGCGTTCGCGCTATCTGCGACGGTGCCTCCAGCGCGTCGAGCTGACGCA  
GCGCGGCAACCAGCTCCTGACGCTGCATCGGGGATTCGGCCAACGCCATCGAAGACTGCCCCATCAGTAGGGCCGTCACG  
AGAAAAGTGGGCACGCCGCGATGCGCGGCGCGCAGCCAGATCGGAGCCAACATCGCGCCATTCCTGTGTGATCAGCAATG  
GCTTGATCGTGGCGATCAGAGGCGTTTTAGGCCGCAACAATAGGAACCCAACTACCCGATGATCGGAGAGGTACT  
TCCCAGAAATGAACAAGGTCAATTGATGTACGATTGACGTACATCGTCAAGAACCCTTATCGTGGTGGGAATAGCCTGGC  
CATTCCGAGGCGCAATATGACCGCAGCAGTCCATCATCCGGGAGGAGTTCGCGCCAGCGTCTTGAAGCTGTTGGTGTGT  
CGCCGACTGAGTTGGCGCGTCAGCTTGCCGTCCCTGCTAATAGGGTCACTCAGATAATCAACGGCAAACGTGGGATCACT  
GGTGACTCTGCGCTGCGGTTTTGCTCATTGGTTCGGTGACGCCCCAGAGTTCCTGGATGAACTTGAAGCACGGTACGACTT  
GGAACCTGCAGAGGTTGAATCGGGACGATCTATCAGGTCGCTCCCTACCGGCCAGTCGTTTCGCGGCCATAAGACTAACA  
AGCATGTGAAAGCTACGTAGGGAAGGTCTTTTTATGACAAAAGGGAGCAAAGACTTTTTCTTACGTTGGTGAGGGCGTTTGG  
AGGAGGAGCGGCGCATGACTGATGCACCGACAGACATCACATTCACCTATCCACCAGAGCTGTTCAATCTACTGGTGGAT  
GTCGTGCCGCTGCTCAATCGCTCGAAGCAGGATGTGCTGGTGTCTTCCGGGGCGCAGGAGTGCCTGACAACATGACTTC  
TGACATTGCCGCTCACTTGAGGGCTGCACCGAAGGACGTCAACAAGTACCAGATGGTTCGCACGGTGCCTGACCGCCTCA  
ACGCAAAGGGGGAACACGCTCTCCGTGAACGGCGGGAAGTACTGCGGCGCGTGGTGGACTTTGCGAACTTCGATTTCGTGC  
TGGCCCGCCGACCCAGCTCAAGGCCAAGGCCCTTGTGCTAGTATCCGCGAAGTTCGTTAACAGAAAAGACGCTTTTCACGCG  
CATGAACAATCCCCGCGAAGAAGAACAAGTACGCAAGTCCGCTCGCCGAGTCGAAGCGGATCGCAGCAGAAAACTCGCAGCGCA  
GTTCCAGGATCGAGAATGCCAAGCAGGGTTTTGATGCATTGTTTTGGCACCGCCGCGACGGCGCAGGAACCGGGAAATTG  
CTGGAACGGCCCTCAATAATCTATTCCAAGCCTACGGCGTTCCTCATCCATAAAGCCTTCCACTTGGTTGGTGAGGCTGG  
CGCAGGGATTGTGAGCAGATTGATGGGGTCAATTGAACTCGGCGGTGTTCTGTACTTTCGTGGAAATGAAGTGGTATCGCA  
ATCCGGTGGGAAAACCAGAGATTGCAGAGCATCTTGTACGTCTCATGTGAGGGCCGAAGTTCGAGGTATCTTCATCTCT  
GCCAGTGATTACACGGAACCTGCGATTACACCGGTACGAGAGTTCCTGCAACACAAAAGTTCGGTTCTCTCGACGCTTCA  
GGAGGTCGTACGCTGCTTGAGCGACAGGACGACCTCACGATTTTTTCAAAAAAAAGTCCAGGCAGCACAGATAACACA  
AAAACCCGTACTTCTGCCCTCATGGTAACCAGGGACAAGGTGCGTCATGACAGCAAGTTGGAAGGATATCAATAAGCCGC  
CGATCCCCGCGACCGTTGTTACGGCCGCACAGGTGGCGAACGGCCCTGTGATGCCGCCGACGAAAGGCTACTGACCTAC  
TCGCCAGGAGAGTGGGAGGGGTTTCGTGAGGAGTGGGCTTATTACTGCCTCACGACGAAGTACGAACACGTTTCAGCGCTT  
CTCAGGTGCTGGTGATATGGGTATCGACGTGCTGGGTTGCTGACGGAGAACGCTTCAGGGTATATGGGAAAACCTTCC  
AGTGTAAAGCACTACGACCATGCCATCAGGCCAGCGATGTATGGACTGAGTTCGGTAAGGTCATCTGGTACTCGTACAAA  
GGTGAATACGCGGCCCCCGTGCCTACTATTTTGTTCGCGCTCGGTGCTGGCACGTGCTTAGCCGCTATTCCTCGAA  
TGCAACGAAGTTACGCGAGGAACGTTTTCGAACTGGGATAAGCATGTGAAAGGTGCGATCACTAGCACGCAAGAAGTGC  
TGCTCGATGCGGAACTCCGGGCCTATGTGGACACCTTCGACTTCTCCATCTTCGACGCCAAGACTGCGCTTCAGCTTGT  
GATGATCATCGTGCCACACCGGTCCACACAGCGGTTTTCGGTGGTGGACTGCCAACCGGGCTGCATCCGAAAAACCTCC  
CCAGGAAGTCGTGTACCCGAGAGTTCGCTATGTGACGAGTGTGTTGGCGCATAACGAGCAGCACAAAAACAATTTGTGA  
CTGACCCCTGCACCTTGTCCGTACCGAAGTCAAGGATCATTTCCGCGCTCAGCGCGAAGCGTTTCATGAGGCGGATCG  
CTGCGCGTCTTCGCACGCGACAGTGTACCGCCCGCACATTCGAGTCTTGTAGACGACATCCAGCATGGCGTTTATCGA  
CACACATGACGGGAACCACGCCGATGGCTACGAAAAAGTCTGCGCCGTACCAAGGCGGCCCGCAGATGCAGATTACGG  
CAAACGCTCTCATCACTTGTACGAACCCCAAAGACCGGGATGGGATCTGCCATCAACTCGTGAATGAAGAGCGCCTTCGG  
TGGACACGATCATGAGCCAAGAACATAAGCCGATCACCTTCAATGGCCACTTGGAGCCGGTATTCGTGCGGCTCTCGATT  
CTGGGTGCCGCTATCCGCAAACCTACGACCTCCAGCGGCTTGTGCGCCTTGACTACCTTCTTGTTCATAACGGCGATAT  
CGACGGCCCCGACAATTTGCACCCACCGACACCAATGCACTCGGCTGAATTGCTCGTGCGCCGAAATGATCGAGCAAT  
CGCTGCTTCTAATGATGACCCGCGACCTTGTGGAGCGTGAAGTTACACCCGAGGGAATCAAGTATGGTGCAGGCGAGAAT  
GCTGCGACGTTCTGTGCTCAGTATCTTCCAACCTATCTGCTGTCTCTAAAGGATCGCGCTGTATGGCTTGTGAAACCAT  
TGGTGACCTAACGGACGAACAGTTCAAAGGTATGATGCGCCGCTTCTTCGATAAATGGGTGAGGAATTCAGCGCGTGC  
AGCAAAGCCTGGGAGGCGAAGCATGACGTGAGTAACTCCCGGCTTTCGCTTGCCTTCCGCTTTTTTTCGGCCCACAGA  
AGCCGCCGCAACAGTGACCTTCGGCGCCGGTCTCAACGTTATTTACGGCGCGTCAATACTGGAAAGTCTTTTCATTTGTC  
GAAGCCATCGACTTCATGCTCGGTGGCAAACACCCTGCGAGATATCCCTGAGCGCGTCCGGTACGACCTCGTTCTCTT  
GGGAATTGAGACCCTTGATGGGAAGTCATTTACGCTCTGGCGCAGCGTGGATGGTGGTGGTTTCGGCTCTACGAAGACT  
TGCACCAGACACCGCCGACGCCGACATCCCGTACACGCAACTTGACGAGAAGCACAGCGATAGGAACAGTGCGAATCTT  
TCCTCATTCTTGTGAATCTATGTGGCCTTGAAGCAAGCGTGTCCGAAAAAACTCCCGGAACGAAACCATCAGCCTGAG  
CTTTCGCAACATTCGCGCTTGTGATGATCGTGCATGAGACGGAGATCACACAACAAAGCTCTCCGCTCGTTGATGGCAATC  
CCACCGCCAAATACGCCAACTTGGCGACGTTCAAGTTACTTCAACCGGAGCGGACGACTCCGCATTAGTCGCCAGTAAT  
AAGAGTGAGCCGGAGGAGTTGTGCGGTGAGGCGCAATTGCATCTTCTCGATCAGCTTCTTGACGACTATCGCGATCGGCT  
CAAAGAGTTGACCAAGAGTCCGAAGGAGTTGGAGGAGCAGCTAGAGAAGATCGACACCTCGCTTCACCAACAGGCGGCTC



AGGTAAACACCACGGAAGCTGAATTTTCAGGAGGCTGCCGGGAAGCGGCGAGAAGCTGCGCAAGAACTGGAGGAAAGCCGA  
GAGCGGCGTGCAGAGGTTCGGCGCGATGCTTGAACGATTTCAGACTGCTCGACAGACATTACGTGTCCGATATTGAAAGGTT  
GCGTGCCATTGAGGAAGGCGGGACGCTGTTTAGCGTACTTTGGCGCCGGGCATTGCCCTCTCTGCGGCGGAAACCCCGATC  
ATCATCGCGCCGATGCTGGGTGCAATGGAGACACTGATGCCGTGCTTCAGGCTGCACGAATGGAGATCGCCAAGATCGAA  
GTTTTGCGCGCTGAACTTGTAAACGACTGTCCAAAGCCTTGAGCGCGAAGGTGCCAACTTTGATCGCAGGATGCCACTGT  
GGTTCGAGAGTTGGAGTCAATCTCAGAGTTCGGTTGAAGAATTGATCGCACCTAAGCTTTTCGACCCTTCGCAAGTCCATTT  
CAGATTTTGGCGACAAGCGGGCCAGGTGCGCGAAGCACTGGCACTCTACGCCACTGTGCAAGACATGGAGCGCCGTCGC  
GCCGACCTTGAAAAAGGCACCGAAGAGGAGAAGGCTGGCGCGGTTGCAAACGCAGACCTCTCAACCACGGTGACCCACAG  
TTTTGCCAAGACTGTCGAGGGCATACTGACTGCTGGTTGGCACTTCCCAGAGGCTGGGGATGTTTACTTCGATTCCAAGACTC  
GGGATCTTGTCAATTGCTGAAAGTTCGCGTAGTGTCTTTTGGTAAGGGCCTTCGCGCCATCAGCATGCAGCCTTTACCCTC  
GGACTGCTTGGCTTTCTGTCTGTGCTCGCCAGACGCCGCACATGGGATTTCGTCTGTGCTCGATTCTCCTTTGCTTGCATACCG  
AGAGCCAGACGGAGCGGAAGATGATTTGACTGGTACTGACCTTCAAGAACAGTTCTATGCATATCTTGAAGCGTTGCCTA  
GCGACACACAAGTCATCGTTGTTGAGAACACGGATCCGCTGCTGCAATTATGCAGCGCGAGCAGTCCCTTATGTTCCGGC  
AAGAACCCGTATCATGGACGGTACGGATTGTTCCCTTATGCAACGGACTCCGCTCAATAAATGAGCATAGAAACGGGAAA  
GATACAATAGCATGAGGTGATCGCGAGAATACCCGACCGTTGAAGCTGGGCGTTTTCTGATGGGGATTCGATTACAGGTA  
CTTCTTGAAGCTCCCTGCAGTACGGCTCACGGCCAGTCCCAGCAAGGCCGCGCTCGGCAGCAGGATCAGCAGCGGATGTA  
CCGAGATCGGCAAGGCCAGGTACGTGACCCAGGGCAGCACGGCCAGCGGCATCAGACTGGCTTTTGTCTCGGTGGTAGATA  
AAGCCGGATTTCGCGGCCCGCCCCGAACCGGGCTACATCGCGGCGCACCAAACCGTCGATCAAACCGATAAATGCCGCCGT  
GAAAATCAGCGGCAGCGTGGAGCGCCAGGACCAACAAGCGCACCAAAAAAGTGAGTGTGGTGAAGGCAGCGGCGATCAGGT  
AGCTCTCGGTCCAGACATAGACCTGGCTGATGAAGTAACGGAAGTTCCGCGCCTGTCTTGGCTGAGCGCACGGGCGCGC  
TCTGCGGTCTGGCTCATGCGCTCCAGCAGCCCTGATCGCACGAATACCCATTTCATAACCGGTATCCACCAGCGCATGCGC  
CGTGCGCCCCGGCTCCTGCACGACCAAGCTGCGCGTGAAGTGCTCGGACAGGTGCCCAACTCGTACTGCAACATCTGCT  
GGGAGTGCTGCCAGCCCTGGTCTTTCCAGAACAGGTGCATGCCGACGCACTCCACGACGATCGAGAACAGCAGCGAGCCG  
ATCAGCACCCCGAGCAGCCGGAACGGCAAGGTGATGGTGGCGACGATCAGGCCCTGGCGGCGGTTCTGCTCGCGCTGCGC  
AGTGGCTGCGGCATCGCTCATGGCGCGGTCTCTTCTGTTGGCCGTGCCGCCGCTGTGCGGTGATGGGTGTGGCGTTGGCCG  
CTCATCTAGCAGGTCTCCGGCAAGGCCGCTCTGCAAGACCCGGGATCGGTGAACTCCCACCACTGCGTCTGCTTCCG  
TGTAGCTTGACGCATATACCCCTGCCAGTTGCTGCAAGTCCGCGGCATCACCTCGTCCGGGTCGCGGCGCGAGTGGC  
ATGCGCACTTTCCAAAGCTGACCGCCCTGCAGCAGCGCAAGCACTGGCCCTTGGGCAGGGCGACGACGTCGCGATGGCTC  
GATCATCGGCACGCTGGACATGCTGATGCGGTCTTGGGTGTTTCGACGTAAGTCTGTGCGCCGCGAATGTCGAGCTGT  
CGGTGCGCGCGCTGACGATGGTGGCCGTATAGACCTCGACCTTCGGCAATTGCCGGGTGAGCAATTCAGCGGTAGCCGTC  
TCGCGCACGCGCAGCATGAACAGGTTGTTGAAGTTGCCGATCACCTGACCGGCCCTTCGCCCGGTTGCCGATGCGGGCTTC  
GATGTCCGAGAGGGTCTGCGTGTACGCGGTGACTTGCAGTCCAGCGCCGCGCCCTTGTGATCAGCGGCACGAACCTCGT  
CGCCCATCAATTCGTTGAACTCGTTCGGCGTGGACGTTGATCGGCACGCGGAGCCAGCCGATGCGCCCGCAGGCCGTCG  
TCGATCCCCTGCTTGTAGATGTGGCCTGCGACCGAAACAGGTTCGAGAAACATGGAATTACCAGCCGCTGCGGCGACCTC  
GGCGTCGGACAGCGCATCCAGGCCGACATAGACCAGGCGCGCTTTCGGATCACCTGCATCCAATCGAAGATCGGGCGTG  
GGTTCGGCCAGGTTCGAGTAGTTCGGGGCCAGAAGCTGGGCGATCTTCCGCTGGTGAGCTTCTCCAGCAGCGGCAGCAGC  
GATGCGACGATCTTGTGCAAGTAGGTCTTGTGCTAGCGTACTGCCGAGCGCAGGCCATCGAGCACCGGATCATAGTTGCG  
CGCCTGCGAGAGGTAAGTCTCCAGCGCCACCACGCGCTTTTTCGCGCCCGATCATGTTGCGCGGGATGTTCTTCTCGTTGA  
GCTTGGCCTCGATCTGGACGATCACCTCCCAGGCCTTGGGCTCGGTCTTGGCGAAGTAGTGTGGGCGTACTCGATGAAC  
AGCGCGTGCATGTTGATGACGTGGCGCTGGATCAGCATGTAGTCCGGGCGCTGGCCAGTTCCACCAGGGCGCGGGCGAT  
GATGTTGACGAAGCGCCACGCAAACTCGCGAAATGCCGCGCTGTTGCCCTTCCCCGAGAGCTGCCCTGCAACACGGGTGG  
CCACCTCGCTGATGCGCCAAAGCGGGCCACAGCGTTGTAGCGCGCGGAAATGTCGGGCCAGCCAAATGGAAGACATAG  
AACTCGCCCTCACGGCCCGGCTTTGGCCTCGACGTACACCCGCTTCAAAGATCGGCATCGCCCTTGGGGTCTATGAC  
GATGACGACCTCGTGTTCGCGCTCGGCGTCTTTCGCGCAAGTCTGCTGGGTACGAACAACCTCGGCCAACCCGCTTGTG  
CCACGCGCTGGTGCCAGCACCAGCGAATGCCCGACGCTCACCCAGCGGCAGGCTGACGTCACCTCATCGGGTTTCG  
ATGCCGTGACGGCGCGCAGGCCGCCACAGGCGGCAGCGGGCGCACCGGGTTGAAAGACACATCCAGCCCGTGAGCGC  
GGGCAGCCGAGACAGCGGGAACGGCGCAACTCCAGCCGTTCCCTCCAGCCTGCGCGCCAGCCGTTAGGCCGGGCTCAACT  
CGACGTAGAGGCGAAACTCCGGTTCGGTACGTCTGCATGAGCCGATGAGTGTGTTTCTGCTCCACAGAAAACCCGCGCCCC  
ACGAATAGACGCTGCTGGCTGACCGGTACGTCTTGTGCTGGTTCATCAGTAGTGGCGCAAGCGGCGAATGTTGCGCCGGTA  
GCGCAGGATGACGCGGGCATCGCGGTAGCGGATGGCACCGTAGGCGCAGAACGCCAGCGCACTGCCGACGCCATGGCCG  
GACTCAGCGCGAGCGACCACGGGGCCACCAGGGACAGAAACGCGGCGCCTGCACACGCCGCGACGGTATAGAACTCCACC  
GCTGGGCGCAGCAAAACCTCGACCGGCTGTTTTCCCGACATGGCTTTCATTGCTCGATGCGCGTGGCTGTGATCAGCACCG  
GGTAATGTGCGAGAGCCAGGCGCTCGGCCAGCTCGTACCAGGCCACAGGCGCGAGGGGTACGCCCGGCACCAGGGCGCGC  
AGCCGTGCCAGGCCCTGCACGGTCTCGAGGTTGACCACCAGGCCGACCGCGCCGCTCGCGCAGCGAGGTAGCATGGCG  
GCGCAGCCAGGCTTGCAGAGCCTCATCGTCCCGATGACCACGAAAGGCCGAGGCCCGGTGCTTCGATCACCCGCGCGC  
CGACGGTGCCGGGCGTGAGCTTGGCACTGCGCACCGGCAACATCGCGGCCCTCGTCCATGGGCGTGGCGGGCACCGGGAGC  
ATTGGGATGGGCGGTTCGGGCCGACCATCGGCGCGCGGCTGAAGGTTTCAGAGCCTCGTAGTACGGCAGCGCCGACGCGCC  
GCCACGGTCTTCGACCACGATCAGCGGCTCGCCGGCACGCGAGGCCAGCGGCAGAGCCGCCAGCAGCATGAGCAGACCTT  
TCAGCGTGAAGTTGCTCAGAGGGAGGTTTCGTTCATGGGGATGTCTCCAGGCGCGCAGCGAGGGCCGCGGTGGTTGGGTGCG  
TGCCCTGCACACGGCAAGGTGGCGCGACACGCTCCGCTGTAACGGGCGGAGGTTCTCCGCCCGCAGGACGGTGGTAG  
CGACCGATTGCCAGCAACAGTCTTCGCGAGTGGTGTCTTTCAGGATTTTCAGCGCGATGGAAGATTTGCGGTA  
CGGGTCCAGCAGGTGCGACGCGCTGGCGTAGCGCTGTTGGTGGTAGCCGAGGTTGATCTGGCAAAGGCCCGCTCGATGC  
GCGTGTGCGGCGTGGCGCGCATCGCCTGCTGCAAACCGGCGCAGGCGTCCGCGCGTGTTCGCTAACGACGCGCACTGGCCA

GCGACGTTGAGCGACCACGGCCACGGGACGATGCGTCCATTGCGTCCGATGCCGCTCTCTTGCAAGGCTACGGCGTAGAG  
CACCGTCGAGGGGATGCCTGCGCGCTGTGCGGCAAGCTGGTAAGCCGGTGGCGGAAGCTCCTGGGCATGGGCGGCGCAGG  
CGCACAGGCCCGCCACGAGCGCCAGTGCAGCGCAAGCACTGCGAAACGGAGGTGGCCGTACGGCTGGCGCTGCCATTGGC  
CGTTACCTCGCGCACGACCGCCGGCAGGTGCGCCGGCAAGCTCAGCGACAGCCACCGCCGCCATCATGGTTGAGCGTG  
ATGCCACCGCTGCGCACGCGCGCCGGATCGACGTTTCGCACGCTTGGCCAGTCGCGGATGCGCCTGTCGTCCTGGCGGCT  
GCCGACCATGTACAGGTGCAACTCGGTGCCGGAGGATTGCAGGCGCTGCACAAGCTGCCCGCAGGCCGCGCAGCCGTCCT  
TGACGAACACGGCCGTGCGGCCTGAACCGCGCAAGGGGTTGGCGCTTGTGCCGGCGCCGGGCTTGTGTCAGGCAGGTTT  
ACGCGCTGCATGCCGGGATTTCAGGCGCTGCCAGGCTCGTCTGAGGCGCGCTGGTAGGCAAGCAGCTTCTCGACACGGCG  
CGCCATGATGACACCTGCAGTTTGGCGTAGCGGCGCCGTTTCATCGTCCGTTGCGCGCTCGATGCCAGGGCGGACAGCG  
GGTCCAGGTTGGGCGAGTAGATGCCAGCGGCCCATCCATCAGTTTCGCGATAGCGCGTCCACTCTGCGGCTGCAGGCC  
CAGTCGCTTGCCACCCTGTCGGTCAAGGTGCGAGTGACCAGCGGACGCTCCTGGCTCTGGGCATTGCCGGCGGTGGCCGT  
GGCCGGCTGCTGCGCCAGGTGGGCAACTGGGCGAGCGAGCAGAAGCGCGGAAAAAGATGATGGCTGGCTTCATGTCGT  
GTCCTAAGCTCAAGGGATCGCCACGCGACGGGTCTGGTTCGCCGGCTGAAAACACGGCGGTATTGCCCTCGACCGCTGTA  
AGCGCCATGGGCGAGCGAATCGCCGGGCGAGCAGCACCTCAAGCTGGTTCGGGCGTGAAGTCCCCGTTGCTCGGCGGACG  
GACAGGCTGCGCTGGCCGGCGCGAAGTTTCGGCGCCGACTATGCGGAACGGCAGTGGCAGCGGTTCCGGCTTGGCGTTGGG  
CCTGCGCGGTGTGCGCGGCTGAGCGGGTGTGCGGTGCGCGCAACGGTCTGGCGGCTTGTGATTTGCTCGACCTCCGTGC  
GCAGCGCTGAAGGTGCTCAGCAGCGGCATAGCCGCTCAGCGTTGTCTCGACCTGGGCGAGCGGTGCTTCCAGGAGTTTCG  
CGGGTGTCTTTAAGGTCTGCCGCCGTTGCGACGGTTGGACGCTGCTGGATGGCCTCAATGGCCTCGGCCAGACCTACCGC  
CTGCGCTTCGAGACGTTGCAGGCGGGAATTAAGCAGCTCCTGGTTCGACCTGCTCGTTCACCGCTGGTAGCCGAGAGCGA  
CGAAAACGCTGAGGCCGATCAGCCAGAGCCACATCAGGCTCTGCAACATCATGGCGGTGATCGGGCGACGGGGAGACTGC  
GCGGCATTCATGGCTGGCCTCCCGAAACCGAAGGCATCAGCGGAAACGCTTCGACCCGCTCGGCAGCAGGCGGTTTCGTGT  
GCGTGTTCGGCGGTGCGACTGCCTCCAGCCTGCTCAAAGCAAATCTGCCGTGCCCGGTCAATTCGCGTGCAGTTCCAGGC  
CGGGCCAGCCAGGGTAAGCAGCGCATCGCGCAAGGTTCATGGGGCAAGATGCAGGTGCGCCGCGGCGAGCGGCAGCGCAT  
ACAACCTCGGTACGGCGTGGGCCATCTCGCAAAGCTGGTAACCACTGCGTTTGTAGCACATGCCGAGGCCATCGCCACC  
GTGGCACGGGCATCCTCCGGCATGGACACATCGATGGTCTGCAACAGCAAGTACGCTGCGCTGCCGAGGGTGCAGCTC  
AACCAGCTGTAGCGCCATAGCGCACAGGGAATGAACCTCGGTTGCCCTCGGGTTGGGGAACGAGGCGATTTCCTCTA  
TGGCGTCTGGTCCAGTGGCGCGGTCGTGGTGGCGCAGCCGCTGGCCAGGCGAGCCAGGACCGCCAGCCAGCAGCAG  
CGCCGGGATACATGGATGGCGGGCATGGCATCGGCTCTTCTGTTGCGATGCCGATACATTGGCGGCGCGATGCCGTGCGG  
TCAGCCAGGAATGCGAACTGGGTGGTGGCCGTTTGTGCTTGGGCAAGCGCTCGGCCTTCACGGGAACACTTTGGAAT  
GAGAGAAAAACGAGCCCCGCCACGAAGAACCGGACGGGGCTGCAAGGTGGGAAGAAGCAAGCCGGCGGCGCTAGG  
CCGGCTTGTGGCGTGGAAATCAGGCGGCGACAGTGTGTCGGGCCAGTGCAGCTCGACGGAATCACCGTCTGGTTGAGC  
ACATCCAGTCCGGATTCCGGCACGTCGCCCCAGGTGGACTGCGAGACCATGATTTTCTTGGCCATCAGTTCCAGGCAGGT  
CATCTGCGAGGAACCGGAGTAGCCAGGTAGATCACGCGCACAGGCTGCTTCTGCCGATGCGCCAGGAGCGGCGTGTG  
CCTGCTGGAGCGAGTACACGTTGTAGCCGACTGCATGAACACGATCGTCGGAAAGTCCAACAGGTCCAACCCCGTCTTG  
ACCAATTCGGGATTGGTGTATGAGCACGTCGATACCAGGTCCTCAACTGCTCCGCAATCCAGTCTTCGCGACGGCTGGC  
CACGCTTGCAGCGCAGCACCGCCACCCGAAAACCTTCTGCTCCAGCAGCACCTTCAACCGGCTGGTGTGTCGCGTGTG  
CGGTATAGACCGTGTAGGCCAGGACCTTGCAGCCCTGGGCCTTCTCTTCTTGCAGATCTCGATCAGTCCAGCTCCTTG  
GGGCTGATCTCGAACTCGTTGAACTGAGCCGGGACGAACGCCAAGGTGTTGCGTGTGCGCGGATGCACCACGGTTTCCGA  
CCGGAAGCAGCAATCCGGCCAGGCCAGCAGCACGTTGAGCACCACCCCCAGCAAGGTGCTATCGCGTGCAGCCAGAGCCT  
GTTTCAACTCCGCGGTGAGCCGACCCGCCAGATCGCGGTAGGCCGCGGCTTGCAGCGTGTCCATTGCGACCTCACGGAAC  
TCTTCGTCATACGGCGGAAGCACGTTGCCGCCGATGTCTCTGAGCTTTCAGGAAGATCGTGAACGGCAGGATGCAGCGCAA  
CACGCCCTTGGGGCCGAAGCCTGGGGCCTTGACCGTTTGCAGCTGACTTTCGTGCCTTTCGCGGTCTTGTGCGCCGTG  
CGGTGCTTTCGGAATAAATGTCTTCAGGACACCGTGCATGCGCGATGAACGCCATCGCGGCCAGGTGATGTCGCCGCT  
GTGGTGGGTGATGAGCCTTTCGATCATCCGCCGGGAAGGCTCGGAACAGCAGGTAGAACAAGATCGTCGCCGATAGCC  
GCCATCAGCGTGCAGGTCAGCAGCAAGGTCTTGCAGCCTTCGCTGCCAGCAGCCCATGGCCTTGGCCTTGGGCGACTGC  
CACCGTTCTTGTACTCGTGGGCCTCGTCGGCGATGAGCAGGTGCAACGTGCCTTGCAGGAGGTAGCGTTTGTGAACTCG  
GACGGCTGGTAGCCGCCCTCGCCAAAGCCAAACTCCATATTGGCCATCGCGCGTTCATGCGCGTAGCCTGGCGGTGCGGA  
AAACACCAGCTCGCCGTTGCCGTCCATGAGGTTGATGAACTCATGGATGTTGTGCGCCAGCATCGACGCCAGGAACCCGT  
CACCGAACTTCTGCATCAGCTTCTGCGCGGTGACTGCCCGATGGTTCGGGATGCGCTTCAAGGCTTTCAGCACGGCCGAG  
GACTGGTGCCTGCCGGACAGGCTGCGCGGGCGGATCAGCGTCCACAGGGGCGCGGCGCAATGGCTGCATTCCTGCGGTA  
CTCCTCGGCTTCGAGCGCGACCGGGTTGACCGGCTCGCCGTCGAGGTGGTGTGATGACCGTGCAGGTCAGGACAGCTG  
CCAGCTCGCCATGGCGGGTGCAGCGCGGTGGTGAAGACGGGCTTCCAGTGGAAATCCCATCCGATCCGACGCGCCCGAGG  
ACAAAGAACTCCTGGCCCGTGGGCTGCACACCCAACTGCTCGCGCAGCTTGTATGAGCTTGACCAGCGTGTCCGGGCGGTT  
GAGCACCCAGACCTTGGCGCCCGCCACCGTCTCCTGGATCTCACGCCGCACTTGTAAACCAGGTGCGGGCGGCGAAAGAA  
CCAGGGTGCAGGCGGTAGCCTTCCGGCGTTGAGCACGGCGGCCGTAGCGATGCCGACGGTTCGTTGCCGACGCCCATCTCG  
CCGTTGACGATCGCGGCGCGTTCGCCACGATCGATCAGCAGCTCGGCGGCGGCATGGACGACTTCGGCCTGGGCTGGAA  
CAGCTTGCCTTGGAGGCTGGCGACGACGAATTGGCGATGCGCCTGCGGTTGGCCGGCATAGACCGGCGGGTTGGCGCGGT  
TGAGGGAGTCGAGCAGTTTCGTCGCCGAACTCGCCGACGAATCCTGAAGGCTCAGGGTCAGAGGGGAAGATTCCGCATCG  
ACCAGTTGCCCTGTACGGGCGTTGCATCGTTGGCGGTGGTATCGAGATCGAGGGACATGGTGTGCTCAAGGAAAAATG  
GGCATGCGCACCCAAACGGGGCGGATGACATGCCCGTACTTGGGGAAGAGAGACGGCGAACCCTCGGTGGTTGGACAGT  
ACAGGCGCTCCTTGGCCCTGCGGTGACAACCTCGCGGTGACTGCTTGGGCGAGCAACAGCGTGGTGACGCTGCGATCCCA  
TTCGGTGTATGATCCAAATCTTACGGCCGGGTGTGACCTGGTAAGAAGAAAAACAGACGATCCTCGCCGACTTCAGCGCGG  
CATCGTTCTGCCGCTGTGCTGTCGTCGAGGTGCCCCAATCGCCCGGAGGTGGCGACGCAGGTAGGGAGTCCGGTTG

AGCCGGCCCTGTTCGGACCAGGTCATCGACGCCGACAGGTCATGACCACCTGGCCTGGCGAGAAGCGCAGGCTCGGTGTCTG  
GCTGATGGAAAGTGCTTGGGCTGCCATGGAAGGCTCCTGGATATGGAGGGGCCACGGCACCCTCGGGGCGACTGGACC  
CCGGTGGGTGGAAAAATCGACGGCGAACCCTCGGCGGTGAAAAACAATCAGCGAATGGTCAACACCTCGCCCCGTGTTCGG  
GGAATCAGGCGTCATGTCCCACGCGCGGATGACGGGAACAAACTTGTTCGGTGAGGATGCGCGTCTCGGCGATCGAGCCGT  
CTTCGCGCTCGGTGAATTCGCGCTGGAGCGTCTTGTCTTGTGGGTATCACCTTTGACGACGAGCACGCGCCCCGTCTTG  
GATTGCACGACTCCCGAGATCGCGCCTGCGGCCAGAGCCAGGGCGAGATGCCAGTGGGACAAGGCCCGCGCCGGTGGACG  
TAGCGTCTGTGCGCGGCCCCCAACTGCGTATCCCGCGACGGCCAGAGGCTTGCAGTCTGCCAACCTCATCGGCGAACT  
GCTCCGGCTCCATCGTCACGCGGAAGAAATGCCCCGGCTCCGCCGGGCTGGCGGGGACGATGTACGGCAGGAACGGCCAT  
TCGTCGAGCAGTCCCTCGGCTTCGATTTTCGCAAGCCCAATCTGCAGCAACAGACTGCGCACGGCCTTGACGGCATCGGG  
TGTCTGCTCACGCTGACGCACCCGTCGCCCCGAAGATCAACCCTGCTTGAACCTGCGTTCCACCGCTCGATAGATCCGCA  
GGTTCGGTGTAGTGGCGTGTGAGCCAGCCGACCAGCTCGGCATCGAGCACGTAGCCGGGGACGATGAAGACCAGCACGCCG  
CCGTAATGCAACAGGGGACGCGTGCCTGGTAGAACAGCTTTTCGAGGGCGGGCTCGGCCCTGACCTTGATAGCCAAATGTT  
GCCGTTGACGTCCTTGGACAGGTGCGCATAACGGCGGATTGAGCCAGAGCAGACCAGGACTGCTTGGAGATCATCGTGT  
CCATCAGGTCCGCGTGCAGACAGTGTGACAGACCAGCCAGGGCATGGCGCGCCCGCTCTGCGTCAACTCGACGGCGAAC  
GCCTTGGCATGCTCGCGCCCCAGGGCATGAGCCGCTTACGCGATTGCCACGCCTTTCGCGGGCGCAGGGATCGAGGATGCA  
CATCGGCCATTGGATTACAGAGTTACTGGGCATCAATGCGTTGAGCGCTCTTTCGAGCGTGGGTTTCGTCGGTTCGGGAAGT  
ACCCGTTTTTTCAGAAATTGCGGGCGAGCCGCGGGAACATGAGAGCCATGGAAGTCTCCTGGTTGGCGGGGATGATTGGC  
GCAGGCACGCCTTGGCGTGCCTGCGCAGGTGGGTCAAGCCGCTACCGTTTTCCGGCGTCCAAATCTTGCCGGATAGGGAT  
AGGCGGTGAGCACGTCCTGCGGATCAGCGAGCCGAGCGCCTGGGTGAGCGCCGGCACGTCGATGGCGAGCCGATGGCCC  
ACCAAGGCCCGAGGGCGAACGGCAGGCGGGTTCAGCATCTCGCGGCTTTGACAGCAGTTCAGCAGCGGTTTCGCGCCAGTG  
GTCGAGCAATGGCAGTGGGCAGGTGTCTGACCAACGTCACAGGGCGGTCAAGCCGGTGGTTCGCTATCGCGGGGACGCA  
ATGCCAGTGCCTGGCGTTGGCCTTGTTCGGGCTTGCAGCAGCGCCGATCGAACAGCCACACGTTGGACAGCGAACCGAAC  
AGCGTTCGCGCGTAGGGCGGGTTCATGCGCTTTTCCAGGGCATGACGTTGCCGACGAACACCGGGACGCTGCCGCCCTG  
GTCGGTGTGACGTGGAACGCTCCAGGCCTTGTTCGTGACGCCCCAGGGTTCAGGGCAGCAAGGAACTGCTGGACGGCGG  
TGTCCCGCGCCAGATCGACAGGAAGATCAGATTGCCCTGGTTCATCGCCGACGCAAGCGTTCGGCCATCACGTCCGGGCAT  
TCGTCGATCAGATACAGCTGGTGGGAAGAGGTTTTCGGGCTGCTGGTTCGCTTCGATGAGCGGGGAAACAGCAGCGCCG  
CTGGGGCAATTGCTGCCCTTGGGGTGGTAGGGCAACCCGCTGCTTTCAGGCCGTCAGCGTTCGATGAGCGGGGCTGCTTTG  
GGTATGCGCCTCTGCGCGTGGTAGGCGCAACGCCTGCACGCCAGTTCGGCGGATTGCTCCGGTTCGAGATCCAGATAGGA  
CAGCGGGCACGAGTAGTAGTACGGGTGCATGGATTGCTCCAGCGGCTTGTAGCCCCACTGGCCGCCGCTGCGTTGCAGCA  
GATCGCAGCGGATATAGCGCAGGGACTGACCTGGCGCGAGATCACGATGTACGCCGTCGGCTTTGGCCGTCACTTGCCTA  
ACAGACCAGAGGACGTTGCCACGCAGTGCCTGGGCGATGACCTTACGCTGGTGCCTCGGCTCTTTCGCGTGTGATCAG  
TTCCCGCATCAGTTACAGCCGCGATTGGGGGAGAAATACCAGCCCATGAGAGGCTTCGGGAGAAATGAAGCCGGAGGC  
TTCCCCGAGGGGAAGGCCCCCGGGCGGGTGGGTGAGGAACACCGCAGATGACGCGTTCGTAACGCGGGTTCAGTTTC  
GGCCTGGCGGCTCCACTCTTGCCTTGAAGTCCAGCGCATAACCCAGTTCGCTCAAGCGAGCGATCTGCGCGCGCAGGG  
TGCGGGGTCGATGGTTCGAATCCAGTTTTCAGGACTCATCCAGTGGCCACAGCAGGCCGAACAGCGCGGCATCGCCCTCT  
TCGGTACTGCCGGAGGCAGTTCGCGTAGCGGGCGTTCGCGCATCCACACCAAGGGGGTGGTATCGACCAGCGGGTCTGC  
GGATGCCTGCACAGGTGCGGGCTTGGCGGGCCTGGACGATTTGGCTGGTTCGGCCGGTATTGCCGGGTTACCGCAGGCT  
GTGCGCCCAGCTCTTCGTCAAGTGGATCGAGGTCTGAGTGGCGAAGCTGCGTGCCTCGTTCAGGCTCAGTTTGTTCGATG  
TCGTAGAGCGTCATTCCGTCCAGACTGGCGCGGATTTGAAACGCATGCCACCACCGACCGGGTAGGACTTCGGGAAGAT  
GTACCTGATGATGAATTCGCGTCTACTTGCCTTCGGGGTATTGCTCCAGCTCCGGGTCTTTCGACTCGAACGTACCGA  
GGTGCCTGGCGAGGCGACCGACGGTGAAGGGGCGGTTCTTTCGCGCAATGGTGCAGCGTTCGATTTGGCCGGGGACGACA  
ATGGGCGAAACCGATTTATCGGATGCCGATGTGGTGCATGATGGTTCCTTTCGATGATTTGGGAAAACGACAAGGCCCG  
CGAGGCGCTTGGCCATCAGAACGAAGCAGCCAAATGCCGCTCTTTCGACTTCACCTTCGGGCTCGCGCTCGGCGG  
GCTCGGCAAGGTCGATCGGACGCGGGGCGGCGCTCCTCGGCTTCGGACGCGGATGCGTTCGGGCTGGCGGCTCTCGGCT  
TGCGCGGGGCTCGTCGATAGACCTTGGTGCCGTCGATCTTTCGATCAGGCCGATGTGGATCAGCGTCGATTCAGGCTTGC  
GGCCGGTTCCCCAGCGCTTACCCCTTGGTGCAGGATGTACGGATCGATCTTCATGTGCTTTCGAGACGGAAAGCCGATCAGCA  
CCTTGCAGTCCCCTTCGATGGCCTGCACGCACCGGCGAACAGATGCTCGGCTTCAGGGGTGGTAAACGATGGTGTGCAAG  
TACCGATACTCCGGTTCATCGACAGGCCCGGCCAGCGCGGCGACGGTCAAGAGAGGAACGGGTTCGCCATCTTTGGGCGT  
GACGTCCTTCGGACGGCTGAGGTAGCCGATGCCGCGGGTGCATCAGCTCGTGCATGCTGATCGAACCGAGTTCGGCTCGGT  
CAAGTGGCTCGGCTTTCGAGCAGTTCGCGCCTTTCAGGGACGCGGCGGCTTGGCTTTCGCTCGCCCTTTCGCGGATGTAC  
GCATCGCCCCACAGGTGCGCGAGGCGAAAGCGCACACAGCGGGCGCTGCTTGGGATCGTCAACGCCGATGCAGCGCTCGAC  
CAGCTTCTTGGCCTCGGCACCCGAGACCTTTCAGCTCGAAATAGCGATAGCTGGGGTCTTTCGCGGAACCGACAGCGCGG  
CGATGGTGCATGCCAGAAAAGGCTGCGCACGGCGGCCGCCCGAACAGGCACTTCACGGACACGCTGGATGTAACCGATG  
CCCGAGGTGTGGAGGTGAAATACGATTTCTCGTTGGACGTTGGTGCATGGTGAATCTCCATAGGGATGAAGCGGAGAC  
ACACCAGTCCCACGCTGCGGGGAAAGGTGCGTAACCCCCGCGATGGGTTGATAAGGGCGAAAGCATCCACCACAGAGACTG  
GTGGCCGCTCGCGGATGGATGCGGTGCGAGCTGGCTCGGTCACGCAGTGGGAGCTGCGCCGCAACCTCGAAGACCGATGG  
TTGCCTGGCATGTGCTGACAACGTCAGCAGGCATGGGCTCAGCATGGCTTCGCTCGCGCGGAGGCAGCCATCAATCG  
GCGTCCGGGCGATTCCCTTTGATGAATCTCCAGGCAGAAAAAGGCCCTCTTCCGAATGGAGGGAGAGCCTGTGGGGG  
CATGTGCGCTGGTTTTTTTTTCGTGGTGTACGCGAGGTACAGCGCGGCGCCGTCGGGACGCTTCGCGCCGATCACGCTCAC  
ATCGATCAGACGCCAGCGTCCGTCGATGAGCCGCTCCAGCACTTCGCGGAGCATGTGAAAGTACACCTCGTCTGTCG  
GATCGACAACTCGCCGTCGCGGCGCAGCTCCACCAGTATCGCTGCCGCGTGGTAGAGGATCGTCACTTGGCCG  
GCGAACTTCGCGGTGAAACCGTGAACATGATCGCCGGGGCGTTTTTCGATGATCCTGGACGCTTCGGATCGAACCCAGGT  
GAAGTCGTGGGCGCCCGCATCGACCAGCATGTGGGTGATGCGCCGGAACCCGTCGGGCGCCGGCATTCTCCAACTGCT

CGATGAGCTGACCCAGTTCCAAGCACTGCGGCTCGGGAATGGGCAGCTTGGCCGGCGCGGAGCCGAGGATGTGTGTCTTG  
ACGGTGTAGGGAGTGCCGTCGGACATCATCTCGGTGCGCTCTTCTGGCGTGTCCGCACGCAGGCCGTCGAAACGGCGACG  
GGCATAGGGTTGGACATGCACCTTGGTGCCTCGCTGGGAACGGTGGTACCAGGCTGGGATCGAGTACCGCCAACTCGC  
TGGGCTTGAGCTTGACGACGATGGCGTCTTCGCTGGCTGCTACCACCTTGCCGTCGAAAAGGCTGGGGATCAATGACGAAG  
CCCAGTGTGAGGACTGTGGTTGATCATCGAACACGCGATACTTGAACGACCCGCACGTTGCGCGGCACATGGCCTGCGAC  
CAGCGAAGGCATCAGGGTCTTGATGAGAGAGCGATCCATGTGAATCTCCTTGAGGAAGAACAAGGGATTTCCCGCCCGCAA  
GGGAGAGATCCCTTGTGGGTGAATGGGCGCGATGCGTCCGTAGGAAGAAACAACCAGCACGGTTTCCCGCGCTTGCAGCC  
TTGAAGGTCTTGGCTGCCTGGGCATGTGTGCGCAACGCCGACGGACATGGGGTAAGGATGGCCCTTGAGTGAGCGGCCCTG  
CGCTCAGCAAACCGCACCCGCGCCGACCCGCTTTCCTGCGCCGGGACAAGAAAAGGCCCTCGAAAAGGGGCTGGGTGGTTC  
AGGCTTGGTACACGAAGTAGTGTTCGCGCTGACGTGGAAGAACAACGCTGCTTCCACGCTTTCGCGCCGCTGTGCCACCG  
TCGAAAACGACCATTTTCGTAGTCGTCAATGTGCGGTGTGCGCCAGATCGGCGCTGGCGATATGGCGCATGTGCAGCGTGCC  
ACTCAAGCGCTCGAATACCAAGATCTGGCCGATGGCGTGTCTTGGCCCATGGCGTTGACGCAGGCTCCAAGCTGATGCT  
CGAAGTCGCGTGCAGGCGAGATGAGGTGGGGAACATAAAGTGTCTTATGAAAATTGGACCAACCCGGCTCCTAGAAAAGG  
AGACGGGCTGGCATGGAGGGCAAAGAGGAAGGTGGGCTCGTGGTGTGTTTGTAGGACTCGGCCAGCGGCAAGCCCGGCA  
ACACGGGCGCGTGCAGGATGAGGATGCGCACATCGGCCTGGCCAGCCAGTTCCAGGATGTTTCGCGAGGTCGTCT  
GGCATGCCCTTGCTGCGGTGCTCCTGCCGAAGCTGCTCGGCGGTGATGCCATCGGCGTGTCCAGGTTCTGGTCCGTCCA  
GGGCGTTGAGATCAGCTTGACGCCGATCGCCGGGCTGTACGGAACCCGAAAGGCGATGAACAAAAAGGCTCCGGCGTGG  
CGAGGTCGCCAGATTGGCGAGGTAAGTGGCCGCTTTCCTGGCTGATGTGCGCGCTGCTGATTTCCAGCAGCGGCTGTAG  
TAGCCGGTCTCGAACTCAGGCGCTGCACGATTTCCCGCGCGGCTCGACCGAATAGCTGTACCGACGTGGATCAGGCG  
ACCGTCGAAGTCTCGCCATGAATGGCATAGACCACGGCACCGATCACGCCTTCGCCGTTAACGCCCTCATCGGCATCGC  
ATTCGGCCAGCACCTCGGCGCTTATAGGTTTCAAGGTTTCAAGTCCAGTAGCCGGAACAAAGGGATTTGGGATTTCTGAGACATGGGAACGCCTC  
GATGGACAGCGTGCAGGACGATTTTCAAGTTCAGTAGCCGGAACAAAGGGATTTGGGATTTCTGAGACATGGGAACGCCTC  
AGATTGAATAATGGAGCCAATTTCCCGCCACCGGGAATTGGACCCGGTGGGTTGAAAAGGGAAAAATTCGTGAGTGCAGCGCT  
GATCGTTGGCTTTGATTACAGCCGCTTTACGCTGGCTACGGAAGGAAATCGAGGGACATGGCCGTGTGGGCGCATGTCC  
CTCGTGGGAAACCGAAAAGACGGGGGTGTGCCCCGAAACGGGCTCACCAAGCTGTAGTTTACCATCAAGTCGGCGATGAC  
CTTGGCGGCTTGAGATCGAGGCGTCCGAAAGTCCGACAGCCCGTCAAGTGGCAGCGCTTGAGCATGGCAGCCCTCGC  
GCGCGTTGTAGAAGCTGACCATGGCGGACAGGAACATGCGTTTCGCCGCTGCTCAGGACGCCGAGGGCATCAATGAGCAGC  
AGCATGTTGGGACGCAGATCCCCTTGTCTTGGCCTGGTTTTCAGACCTTTCACGGGTGCCGTCGCCGAACCACTCGGGACC  
AGCAATCTCGGCACCACGCTTCCAGGCCTCGAAGAAGGCTTGGGGCGCGGCAGCGAAAATGCTGCTCTTCCCGCATGATCT  
GATCGACGACGCTCCTGCGGCAGCAGTTGATTTCATGGCGTATTCTTCCAGTTGGATCAGGGAATGGCGAGCTGGGACCAG  
CCGCCTCTTTCGAGGGCACGTTGAGCCGCGCATGGCTGCGGAAGTATTCTGTCGATTTCCCGGAAACGGGACCTTCGGT  
ATCGCGCTGCCGATGTAGTGGCCGGCGGCGCTTTGAGGACTTCGAGCGGCAGGAACTTGGCGCAATAGGTCAAGGCCA  
ACTGGCCGAAAGAGGCTTTGTGGGACATGGGTAGGCTCCTTGAAAAGCGAGGCTTGTCCCTCACGGATGGCAGCTCC  
CGCACGCGGTGGATAAAAAGCATCGGCGTACGGGGACGCACGTCGCGAGACTTGATGCGATACGACTGGCGGGTTACG  
CGGGGAGAACCCGCGGCAGCCTGAAACCCATGGCTGCGGGCATGTGCTGACGAATCAGCGAACATGCGGGCAGCTTCGTC  
CGGGGGGCGTGTGCGTCAAGTTGAAAACGGCATTTCGGCCAGCCCGGATTGATGGGCGCGGAGACAGAAAACCCGCAT  
CGAGTGGGGCTGTGAGGGGTGCGTGGGTGCGTTGGCTCACTCGGGCGTTTCGCCAGGACATACTGCTTCCACAGGGCG  
AATGCCTCGTCTGTCCCAGTTTCGGCCAGGACCACAATGGGTTGCGCCTGCCGCGCACGCAGCGAAGCGAAAATACGCCCT  
ACGGTGGCGATGGACTTGAGATTGATGCCATCGATAAACAGCAGCTTGCACCCCTTGATGAACAGCACCTTGTGTTGCCAA  
GGTTCGCGCTCGAACGCGGCTCGTACTTTCTCCGGTTGTTGCATGCGTTCGGTTTCTGTTGCTGTGGCCGGCCATTGGGTC  
GGAACGTTGATCGGCGAGATAAAGGTGCCGAAGGCTCGCTGACCTTCGGCTCGGGAGGGAATAACCACCCGTGGGCTGTT  
GCAGGCCCGGTGCTGCTCGTCAACCGTCTGCTCATCAGCAATCACACCCGCCCATGTGCTGTTGGGGCCGGCATCGTCT  
GGCGCACATCCGCGCAAAAAGGGAGCCCGTTTTGCGCCGTTGGGACCCGCACTGAATACCGTACCACAAAAGGCTCT  
CCGGGTGGCTCGCGCTGCCAGGCAAGCCATCGGGGGACCTTTCGAGTAGGCGAGAGAAACACAGACAGCAAGAACCGC  
GGGAGACGGTTTCGCGGAAAAGCTACCTTTCAGGTTCCCGCAGCCGGGGACGGCTGGACGGGACGCGCACACGAAGAAGG  
CGTTGCGCGCTGGGCGACCCGACGGGGCGTGGGGACACGGGGCCACGCCTTTGAAAACAGGGTGGCGCCACGGGAAACGG  
AGTTCGGTACGGCGCCTTTGCGGCTGCTGCTACGCGAGCGCAAGCGCCACGCTTGGGCGGACCGGATTCGACCGGCAGCG  
TGCCATTGCAGTACGGGTAGCGACTGCACGACCAGAATGGACCGCTTTCGCCGTTGCGTGGCGGTCGGTGCGCCGAC  
TGCGGGCATGCTGGCCATGGGGAAGCTTGATGGACAGGGACATGCTGCCGTAAGTGCAGATCAACTGCGAAAATCCAGGT  
GGTCTGCTTGTGAGGAATACGTTCCAGGGTGTGCTGCTCCGGCCTCGATCATGTGAGCGCCTGCTCCACACCGCTGTGG  
TGCCGGGGTCTGCAATCGCTGCGGGCACGGCGTGCATCAGCGTGAACGCCGCATCCGATGCGCGAATGGAGCGGCCCTTC  
TTCACGATGTAGCCACGGGCGATCAGCACGCTGATGATGTTGGCCCCGCTCGCCTCGGTGCCGATGCCGTTGTGTCTTT  
GAGCTTCTGTTTTCAGACGCGGGTTCGGTTACGAAACGCGCAACGCCCTTCATCGATTTGACCAGTTTCGCCCTGGGTATAGG  
GCTTGGGCGGCATCGTCTTTCAGCGCCTTTCATCTCGACCTCGGCCACCTGGCACGCCAGGCCCTCACGCAGCGGGGGCAGC  
ACCTGGCTGCGCGCTGCGGCGTTCGCCGCTCCTCATCCGCTTTCGGGCTCGGCCAGCACCAACGCCAACCCCTTGATGACCAC  
CTGTTTACCGGTGGCCGCCAGCATCTGCTGCCCGCAGGAAAACCTCAGCCACGGTACGGTTCGAACTCGTGGTGCGGTAGGA  
ACTGCGCCAGGTAATGCGCCCGGATCAGCCGGTACACCGCCAGTTTCTTCTGCTCAGAGCAGAGAGGTTTCGCGGGTTTCG  
AGCGTCGGAATGATGCCATGGTGCGCCGTGACCTTTCGGTTCGTTCCAGGCGCGGAACGCTGGGAGCGGTCGAGCTGACC  
CATGATCGGGCGCAGCGACGCGTTCGTTGAGCAGGCTGTCCAGGACGGCGGGCACCTTCGGCAACATGCTTTTCGGGCA  
GGTAGCCGGAGTCCGAGCGTGGGTAGGTCGTTGGCTTGTAGTTTTCGATACAGCGCTGGGCGATTCACAGCTTTTCCTGT  
ACGTCAGCCGAGCTGCCTGGAACAGACCTCCTGAAGCGCCCTCAGATCGAAGCAGCAGCGCGGGCTTCGCGCACGCG  
CTCGGTCTCGATCGATAACCACCTGGACGCTGCCCGCAGCGCAATCTGCTGCGCCGCTGCTGGGCGACCGGCTGTGCA

GGCAACGACCGGCGTTCGTCGGTGCAGCCATCGGGCGCAACCCACAGCGCGGCGAAAGCCTGACCCTCTACGGACAGAGAC  
 ACGTCGATGCCCCAGAACGGCACCCGACTTGAAAGCCGCGATTTTCGCGGTTCGCGGTCCACGACCAGCTTCAGGGTTCGGGGT  
 CTGGACACGTCCGACCCGACAGCACGCCGTTCGTAGCCTGCTTGCCTGCCCCGAGCAGTGAAGAGTTCGGCTGAGGTTTCATGC  
 CGACGAGCCAGTCTGCCCCGGAACGCGCCAGCGCCGAGTAATACATCGGCAGCGTATCGGACGACGGTTCGCAGCTTGCCTG  
 AGCGCGGTTCGGGATCGACGCATCGTTGAGTGGCGATAGCCACAAACGCTCGATGGGACCACGGTAGCCGCACAGGTCGAT  
 GATCTCGCGGGCAATCAGCTCGCCCTCGCGGTTCGGCATCGGTGGCGATGACGAGATGGGTTCGCTTCGCCAGAAGCGCCT  
 TGACGACCTTGAATTGCGTGGCGGTCTTCGGTTTTCGCTTCGACCCGCCACTGCTGGGGAATGATGGGCAACTGCTCCAGC  
 GACCAGCGCTTGAGCGCCGCGTCATAGACCTCGGGGGCTGCCGCTTCTACGAGATGGCCGATGCACCAGGTGACGGTGAC  
 GCCGAGCCGTTGAGGCGAGCTTCACCACGCTGCGTTCGCGGAGAAATCGGCAATATCCTTGCCTGGGAGGGCTTCT  
 CGCACAAGAACAGCCGCATATCCGTCCATCCGATTTCCGTGGTTTCATTGAGTTGCTGGAATCGAGGATGCCGGCAGCCGC  
 CAGGGGCGAGCAGCAAACAAGTCGCAAGCGGTGGCGACCACTTTCACGGGATGGAATGGCTCGGGCGGAGATAACGTGCAG  
 CCGGGGTGTGCGGGGCGGGAGCCGCGATTTTTCGGGAGCGCGTGGAAAGCCGGTGGACGTTGATGGAGCTATCCCCGGGGA  
 TAGCTCGCAGGTGCATGGACAGCAGCGAAGCACCCGCAACCCGCTCCATGCCGGATCACTTCTCGCCTTGACCTCCTTCG  
 GCGCAGTTCGGTTCCTGGGCTGCTTGGGGCTTCGGCTGCGCGTCTTCGCGGTTTTGGGGCTGAGGGTTCACGGACTCGACG  
 CGGAACGGCAGGATGCCGACGCTGCGTTCGTTGATCTGCCAGGTTCGCGCGGCTGATCTTCGTTGTCGTTCCAGGGCTC  
 GCGCTCCATGCGGCCGACGACCAGCACGCGCATGCCTTTTCGGTACAGATCCTTCCAGTGCAGGACGTCACGGTGCAGG  
 TTTCCACCGGTGCCAGAAGCCGCCGCGATCCTCGAAGTGCAGCGCTTTCGGTGGAAACGGGGTGTGCGAAATACAGCTTC  
 AGCCGCGAGTAAGCGCCGCGGCTCGTTCGTTGCCGTTGGGGAACCTCCCGTACTCGGGCGGGAGCCAATGTTGCCTTCGCC  
 CCAAAGTGCCTGCTCATGTTGCAATCTCCATGGTGGTTGAAATACTCGTGCAGCGTTCGGCTTCGGGCGCGTACTGGGGA  
 GTCCGGTGCATCACCGGTTCACGATTCCAGATGGGATGGACTTGAGCCTGCGCAGGTAGGCGTCTTCCGCCTCGGCCGC  
 CTTGCTGGCGCATTCCTGTGCCTGCCTGCCAGGGTGTGCAGCAGACTGATCTGCATGTTCAACGTGATGCGCTGAAGCT  
 CGATCGCGTGCAGCTCGGCCAGCAGATTGACCGGGCTGCCGGTTCGCCATCAATTCCTCCACAGGGCCACACCCATG  
 GCTGAGCGGTTCGTTTTCGCGCCAGCGCAAAAACGCCGTGCCTGCGCCAGTGGTTTTGCTGGACCAACTCCACGGGCAGCAG  
 GTGGAAGGGATGCCCGACTGCCTGTTGCAGCACCTGCCGCTGCGTCAAGCCAATCAACTCGTTCGCGCATGGCGAAGCACT  
 GGCTGGCCAGGCTCAAGATCCCCCTTACCCTTAAAAGGCTTCAAAGGCTTTTAGAGAGGCGAGCGTGTTCAGCTTC  
 ATGAAGCTGCCTGTTGAGGCGAGCTTCAGGAGTTCAGGAGTTCGCGGTTTCGCGGTTTCGATCGCTCATGCCTGCTCGCCCTCGATCTCG  
 CCGGCGTGCATTCGGGTGCTGTGTTCAGTGGCCAGCTCGTTCGTTGCCGCGCTCGTTCGTTGGGGCGGGCGCTGCAGCAGG  
 ACTCTCGGCACGCTGTTGAGGCCACGGCGCACGATGGGCGGCGCAACTTCGAGCGGCGGCTGCCTTCCAGCAGCTCCT  
 GCGGCAGTTTCGCCGAATTTCTCCAGCGCCGCCCCGAGCTGCGGCGTTCCTTTGATACGAAATCGTTCGCGCGTACAGCCCCGAA  
 TAGCGGTATTGCTGGGCCAGCGAGAACAGGCTGCGCAGTGCATGGGCGCCCTCGTTGAGCCAACGCTCCAAGGTGCTGCG  
 GTCGATGAGTGCCTGTGGTGGGCGAGGATCAGTTTTGCGGGCGATGTCGTCGATTCGCGCCAGCAGATAGACGGCGGCAA  
 AGCCGAGCTGCGCATTGACGAACAGCGGCAACTTTCAGCGGCTGAACGTTGAGGTTTTTCGCCAGGCTGAGTGCAGGCGGCG  
 ACGCTCGCCAGTGCCTGATCCACCTGCTCGCGCAGCGATTGACGCGTGGTCTTGGTCTGGTTCGAGCTTGACCTCGATGCG  
 CAGCATCCACCAATCCGAGTACGGGTTCGTCCTGTTCCGAACCGCGCCGATCTTGTTCATTTGGGCGATGATAGCCGTTCA  
 GGCCAACGATGCCCGGTTCGCCCTTCGGCGGCGGCCCCGCCATGCCAGATGCGCGAAGCGTGGTTCGCTGTGAAGCGTTCAGC  
 GACATCGCGCTGCGCAGGGAGCCGAGATTTCAGTTGCAGTGGTTTCATTGGTTGCCATGGTTCGCTTCGCTGCTGTGTAAGG  
 GAGCGGTTCAGCTTCGGCAGGAAGCGGAAGGCCGTCAGTCAACAAACCGAAACCTGCCAGACCCCGGTTTCAGCGCGTGGTG  
 GCCGCTGCGGCGCGAGCTATCCCCCTGGGGATAGCTCCATGGAGCGCAACGAACGCTGCACGTCGGGATCAGGGCGGGAC  
 AACGCAGATGCTGCTGCAGATGTTTCGAGGCCAGGCTTTCGACTGCACGGCATCCGCCCAACGGTGAACATATCCCCAGG  
 GGATAGCTCTATTGGCATCCATGGGCGTCCACTTCACGGCCTTGTTCAGCCGGCTCACTTGTGCTGGCGAGCAGGTTTCGCGAG  
 CCGCTCGATGTGCTGCCTGGCGACTTCTGGTGGTACCGGCTTACCCTGCGTTCGACCGGATGTTGGGTGGTGGCCGTT  
 CGTTTGGCGGAGCGGGTGCAGGTTGGCGGGTCTTTCTTGGCCAGGCATTGAACTCGCCGTGGATGGCTCGCTGGATGATG  
 CCGAATAGATACCCAGCGGGATTGCGGATGCGGTGGTTCGTAACGCGCGGCCCCATTCGTCAGCACATCTTCGCTCAG  
 CGAGGCATCAACCTGCTGCAATGCCACTTGGCACCCGCTGCTGTTCCGCTTCAGTTGCGCAAAGCGCTTGGGCCATT  
 GCAGATCGTCCAGCGCGCGCCTGCGCAGTAGTACGTATTTCATTAATAACAATACTACTACTGACTGACGGGCTGCTTC  
 GGATTCCGAAGAGAGACGTTGCGCGGGTTTTCGGCTTCGTTTCGGAATCCGTAGAGGGGCGTTTCGCCATTCCGAAGAAA  
 GCTCGGAACCCCTTCTTCGGAATCGTGCAGTGGCGTCTTCTGTGGATAACTATCGCTGGCCGTAAAGTCTTGGTTGGCGA  
 GACGTTTCGGCCATCACCTGCAACCGTGCAGGGAGGGTTCGTTCCGGCCAGCAATGGGTCTTTCACCGATTTCCTTTCGAGCGTG  
 TGCAGGCCCCAGATCTGCACGGCCTTGGCAGAATGGCCGAGCGCCTGGCTGACGAGTTGCAGGTAGTCGGGGTTCGAGCTG  
 CATGGCCTCGAACGGTGTTCAGGGACTCGTTCGTCAGCACGTCAGATTGCCGAGGATGCGGCCGGTCTTGGGGTTCAGCC  
 GTCGCTGAACCAGGCTCAGCCAGCGGGTTCAGGCGCATCAGTGTTCAGCGCCGCTGCTACGGTTTCATGCGAGGCTTGGCCC  
 GCGCAGGGCATGGACGCCAGCCAGGGCCGCAACTGCTCGTAGGTGGGAAATGCAGTTCAGCCATCGTTCGTTGAGCATCAG  
 CCGGAACACTTTCAGGCGTTTTCGTTCCAGCGGTGTCAAGCGCGGTCAGGAACAACCTGCGTGGCACCGTCTCGTTCG  
 GGTTCGCACTGAACAGAAAAGCATCGCCGGAGGTGGGCGTGGGCGACTGTGCAGGTGTAGACGCGAGGTGCGCTGGGGGCG  
 GGCTTGGGGGCAAGGCTTTTCAGCGCAGCATCGAACAGTTTCGCCAGTTCGATGGGACCTTGGCGTTCGGACTCGTGATGC  
 GGGTTTCGTTCCATGGCCATGACTCAAGCCAATCCCTGATCGACCCAGCCTTTGATCGAGGCCAGACCACCGACAGAGGCA  
 GCGACATGCCTTCGGCCAAGTCCATGGCGGCATCGAGGATGGAGGTTTTCGTCTTCGAGATCGACGGTTCGCTGTTGGTTC  
 ACGGCCTTCCATCGCCGCCACAGCTCCGTGTCTGCTCCTCGTCCAGCACGGGGTTCGCCCCCTTTCGCTTGGGCGAGACC  
 GAGGATTTTCAGCGCAAGCGCTACTTCTGATGCGTCAAGCCATAGAACTTTCGTTGACCATCTCGGTGCTTCGCGCCAGTC  
 TGAGCATCGCATCGACTGTGGCGATTTCTTCTCCACGCTTGTGCTGCTGCGGAGCAGCCGCCGAGCACTTCGCGGTTG  
 ACCGTCACTGAGCACACGAGACGTTGGCGTGGCCAGCAGCTGATTAGCGCGGATGCTTGGGGCGTTCAGCTCTGCTGC  
 CTCGCCAAACCCATTAGTTTTGAGCGCGGCTTGCCTTCCCATTCGCGAGTTCATAGAGGGCCTGGGCAATGACAGGCTTGGT  
 TGAGTGGGTGTGCTGTGGACATGCTGGCCTCCCTCGCTCAGGTTCCAGAGTCCGCAGCGCCGCTTCGAGATCGAGCAGG

CGGCGGGCCAGTCGCAGCAGGCGGAACAGCTTGACCAGCGCGGCGTTCGCTCAATCGTCGGGTTACGTCACCTGGCCGTG  
CAGCAGCGCTGGCAGGTTCGATGACGAGTTGCCCGTTGTCCAGACCGACGTCGGCGGGCTGCTGACCGGCCAGGCAAGCCA  
ACAACGCATGGACGGCACGGCCAGCGGGCGCTGGGTTGGTGGTGCGAACACGGCAGGCGAAGCCGATGCCGTCTGGGCGG  
TCATCGATGCACTCGCCCAGGTCTACCTCGACCGCAATCTCGCGGGCAAACCTGCGCGACGTGGATGCGCAGGTGTTCCGGG  
TGTGTCCAGGCCGGGGGCGATGTACCAGACATCCGAGATCGGATAGAGCCCGCCAGCCTGCACCGGGATGGACTGCAAGA  
CATTGCGCCGAGAAGTCGTGCGGCAGTGCATCGCCAACTGGTTGGCGACCATGCGCTGGATGAACTCAAGCCGTTCCGGTT  
GTCGGCGCCGGGGAGACAATGTGCTTCTGAAGCAGGTGCATCTGCCGCGGACTGACCGCGCCGAATGACTGTCATC  
CGCGTCGCTCTCGCCCCTCGAGGGCGTTGCCGTCGGCCTCGTGGCAGGTGGCGCGGTATTGGCAGGTGGGCGCGCATGG  
CCTCTGGCTCTGGCAAGGCAGGCGGTGTCGAGGGCGGCGTCCGCTCGCTGACCAAGGCACGCTGGCGGCTCTCGGATTCG  
GTCATGTCCAGAGCGAGCACGTGTAATCGACGTTTCAGCAATTCGGTCATCTGGCCGATCAGTCTGCTGTACGCGCTG  
CGCAGAGAACTCGTCAGCCTGGACATCGAATTGCGACAGCACTTCTGAAAGAACTCGTCGAAGTCTGAAACCAGTGAGC  
GGCCTTTGGCGTAGTGCTCCCAGGTGCGCTCGCAGGCCTTGCGCATGACCGACAACCGCTCGACCTGGTGACGCCCCAGG  
CCGGCGTAGAGCACGGTCGGGATTGCGGGCAGCAGGTAGCGTACCGCGTCGGCCATCCGGCTGATGTGCGACTGCTGCAC  
GGGGTATCCGTCGGCGGCCAGGCGGGCCAGCTCGGACTGGCTCAGGGTGGAGCCGCTTTCCAGTTCGTAGAACTCGC  
GCGCTTTCTCGACGCCCAAAGCGCGCTCGATGAAGGTGAGGCCACCGCGCAGTTCGTTTTCCGAAGATGCCCGGTGAGC  
GCGACGATCTCGCCACGCTCGGGCCATGGGCGGAACAGGCATGAGACCCGAAAAAACGTTTCGTCCCTGGTCTCCGACCA  
AAGTTCGCGCAGGATTGCCAGTCGCGTGTGGCCGATTGCGGATGATGTAGTGATCGTCGCGGGCCCGGGGTGATGG  
CCGGAGCCGCGTCCAGGCCACGTTTCGCGGATGGATGCCTTGATTTCTCGTACACCGGATTGCGCTTCTTGCGCGGGTGC  
TGGTTCGTAGGGGCGCAATTGGTTCGAGCGTCCAGCACCATGGGCGTGTCCGGCATCGGGTTCGCTCAAGGTCGTTGCTGACGG  
GCCGCTGCGCTCGAACCCGGACGCAAGCAGTTTGGCCGCCATCTGCTGGGAGGTGATCTCAGTCATGGCCGCCCCCTGC  
GCTTGGGATCGGGTCTCGCGCTCGGCACGACGGATCTGCGCACGGGCGTTGAGGGCTGCCCGGTGATCGCTGGCCGTTCGA  
ACTGGTGTAGATCGCGGCGCAGCCTGCCTTGGTGAACCTGAGGTGACCGCCCGCCGTGCGCTTGACGTGCCAGCCTTCGC  
CGACGGCGAACTCGATCAGGGCGCGCAGCCGGCTGTGACCTCGGGCCAGTTCATGTGCGTTGGCCATGGGGCCCTCCGGT  
ATCAAGAGGCTGTGGCGGACGGCCGGACACTGCGGTAATTCGATCCTGCCACTGTGGGAGCAATTCGCCGGCAAGATCGC  
GCATGGTGGCGAGCGCGGCGGGAGCGACTCTGCCACTGGCTGACGGTACTCGAGCCGATGCACCGGCAGGCCGCGCGTC  
CGCGCAGCTGGAAGCTCAATGGCCGGCAGTTCGCTAGCCAAACACAGGATGTCCGCAATGGTTCTGGAACAGATCGCG  
CAGCGCCTGTGATCAGGCGGGCGTTGGCGGACACCGGATGGACCGGTTGATGACAGGTCAGTTCGCTGCGGTGGTTCGA  
TGCCAGCTGCCGGTACGGTGAATGTCTCCAGCAACTGCATGGTGGCGCGCCGACGCTCGCGGGCGGAGAAATTTCT  
GGGGTACGGGTGACAGTGCAGGTTCGAGGCCAGCACCGCCATCTCCAGCAGCACCGAGCGCGGCCCTGGGTGTTCGAT  
CAGCACAGGTTCGTAGAGGGGATTGAGCGCCGGAAGCAGATGCCCGAGCCGAAAGCGCCCGTCCGGCGCGTGCAGCAGCA  
AAGTGTTCAGTTCGCTCGGTGGTTCGTTGGAGAGCACCAAGTCCAGGCCCGCGATGATCGTGCGGGACACAAGCTGGTTCG  
AGGTTCGCGCTCGTTGAAGGCCAGCAATTCATAGATGCCCGCCGGCGCGGTTGAGCCAGTTCATAGTATGAGGACAAGGT  
GGGCTGCACATCGAGGTTCAGCAACAACACGCGCAGTCCGGCGTCCGACGAGACCGCCGAGGTTTCGACGCGGTGGTGG  
TCTTGGCGACCCACCTTTGGTTGAAATGATGGATACGACCTGCATGGCGTTCCTCGTGTCAAGATGAAAAGTCCGCGGG  
AGAACGGGTTCAGGCCCGGCTGTTGACGCGCTCGTCGATCCACTGATCGATTTTCGATAGAGTCCCAGCCACAGCGCGCAC  
GCCAGACGCAGCGCCTGCGGGAACCTGGCGCTTCTTCATCAGGTTGTAGATGTGGGCGGTTTGAACCGGATTTTCGCTT  
CGACTTCTTCAGGCGCAGGATGCGGGCGCTCGTTTGGCTGCAGTACAGATGTTTGCAGATGGCAGTCACTCCTGAAACGC  
TCAGTGGCGTTTTGTTGGCGTGACCTCTATTCAATAGACACGGCTGCGAAAAGACATTGCAAAATGCAATCTCCGCGACTGC  
ACATACAAGCTGGCAAATCTCAGCGGGAGGCGCTACGCAGCCGGCGCCTGGCGGTGGCGAACTTACCCTTCAATGTCCGC  
TCCGCGATGCCATGGCGCCGCTGTGATGGGCGACACGCGCTGACCACGGCCTCCTGCGTCTTGAAGCTGGAGTACGG  
CGTGCCCGATGGCGACTGGCCGAGCATCAGTCCAAACAGGCCGCCAAGATGTTAGGTAGGTGGCCTCGGCTCGATCAC  
TGATCGGAGACTGCGCGCATGCCGGAATCACCGTGGGCTGCTTGAGCAGCGCGTCATGCTTGTCTTCAACTCGCGAAGC  
TGACGTTTGGTCTGTTCCAGGACGGATTTCAAAGCTGGCCTGCGCAGCAGTGGCTTGGCCTGTTTCCAGAGAGATGAA  
GGGATGGGTGATGCGCTCGTGGGGAGAAGAGAAAGCCGGCCGCTCGGCGGTAGTGTGGCGCATCCGACACTTCA  
GATCGACATGGCGTACCGTACAGTACAGGCGATTCAATCAACGCGGTGTTCGCGCGTTCGTGATGCTGCTGCCGAGGGC  
AGTTCCCGGTTGAGGATGCCGTATAGATGCGGTTCGGTGTACAGCCGAGTTCGCCCCAAACGTTGGACAGTCCAGCGACTG  
CGGCAGATTCATCGGCGACGAGACCGAAGCCAGGATCGCCTGCTCGTATCGCAGCAGTCCGGCCAGCGGATGGACGCTT  
CGAGCGGGCGGTAGAACACCTTTGATGTTGGTGCATCATTTTTGTTCTCGTGCATGCTCCGTCTCCTTCCAGGAGAAGAA  
CTACAGGGCCGACTGCTTTTGCAGCCGTCCTCATGGTTCGGCCTGTTGTCCGCGCAAGACGCGAGTGTGACGCCCGCTT  
TGATTACTTCTGATCAGTTTCGCGCAACGAGTAGGCGTTGTGTGCTCGATGTACAAAAATCCATTTGAGCACAAGAAAAGCG  
AGCGTCAGTTCGCGGCTCGACAGTGCAGCTTGCCTATCAGGATCGTGAGAAGTGGCGGCTCACGCAAAACCGTATCGGTA  
TGGTCTGATACGGCAGCGGTTTTGAAAAGCTGCGAGCGGTCGGAATCTATTGATCCGGGCTTGGGATTGGCTGCGGAAAT  
CCGCTGGCGTCATATCCGATGGGGATACTGATATAGCGAGATAGCATCACAGAGAAGTCACTATGGTACTGCCAAGCG  
CAGATTCGACGCTAAACACGGCCTACCAACACTTGGAAAGTGCAGGTTGGCGGGTGGTCATGCAACGATCGACCTATTGG  
TTCCCTGCTTGGACCTTGACCGGACGGGCTGCCGTCCGGCCTCAGCTCAACGGGCGACCAGATCTTCGGGCGTATCAACC  
AACATTGCCGTTTTTACCAGGCGCTCTGCAGTCTGCCTGGCCAGCACCGGAGATACTTCCGATTGCTCTGCAAGCTCATC  
GGTTTTCTATGGCATGTGCGGGCAGCAGTGCAGTGCAGATGCAGGTTGGTTCGGATCGACTGCCTCGATGACTGGACACT  
TGCCAGGGCATCGTATGGCCGACGAGTGCCTGATAGATGTGCCAGGTGTGATGCCGCGCGGCACCAGCTTCCAGGACA  
GCCTGAATCAGCTTGCCTTTGATGGGGTTGAGTTGCCAGTCCGGGACGCGCTGTCCACGGTGACCCAGATGGATCGACAG  
GAGATTTGCCACCTGAATCTCGTAAGTGCAGCGCGGGACTTGCCAAACAGCTTGGCGTAGTCGGCCACCAGCAGGT  
TGTGGGATGCCTCGAATCTCCAGCAATTGCAAGCGCTCGCCTGACACCTTGACAGCGTGGGTTCGCGCGTACTCGGGC  
AGATGCACCGCCGAAAGTCGATAGACGGAAGCTGGAACCGCTGGCGCATCCGGTGCAGCGCAACGATCAACTGAGGGGC  
GTTTTGATTTCATGGCGGGCGGCTGCGCTGCCGCTGTCCGGCAATCGTGGGCAGACCTGCAGCGTGTGTTAGGTTGCC

TGCTGGCAACTTCGACCTGATTCTGCTCGAACAAGTCCAGGCGGTTCGGCCAGTCTTGATCATGACGCGGCGTGTCTCG  
 ACGTACTCGGCGTGGTTGTAGGTTCGCGCTGATCCGATCCGGATTCGGCATGCGAAAAGTTGGGCGTCTACCCACTTGGGCGG  
 ATAGCCCAATTCATTGAGCGCGGTTCGAGATGGTGGCGCGAACGCCGTGCCAGTGGCTTTCATAGCCCATGCGCT  
 TGAGCGCGCCATTGAGCGTGTCTCGCTGAGAGGTTTTTTTCAGGCACCAATCACCGGGAATGAGATAGACCTGCGCTGGC  
 TTCAGATTTCCCAGCAGATGACGAACGACTTCTTGTGCCTGCAATGACAGTGGCAGCATGTACGGCGGGATGTCGGCGAA  
 ACGCTGGGCGTCTTCTTGGTGGAGCTGCTTGCCTTGGCTTGGAGCTGACAACCGGGATGATCCACAGACCGCGCTCCAGAT  
 CGAATGATCGGGCGTGGCGTAGCGCAATTCACCGGTGCGCACGCCCGTGGAGCAGCAGACGTAGACCCAGTTGCGTA  
 TTCAGGCGGCGTGTACTTGCGCAACGTCTGCAGCATTGCCGGCAGTTCGGGCATGCGCAAAAAGGGGTTGTTCTCCAC  
 CGGCGGCGAGCGGCATCGCCACCACATCCAAATCCTTGGCCGGTTGTCGCCCATGTTGGACACCACCAGGCGGTAGG  
 TGAATAGCTGGCTGAACCAGGTGCGCAGCTTCTCGGCGACCGACAGCAGCCACGCTTTTCCACTTGCCTGATGATGTC  
 AGCAGGTGGGCGCGGGTACGTCGTAGACGGTCAGGTGGCGCAATACGGGAAACACATCCTTGGCGAAGACGCGTCCGAT  
 CTGTTTTGGGCGTGTCTTGGCGACCCTCATTTTTCCAGAGAGAGGCTGCGGTGGGCCAGCCATTTGTCGTAGATGGCCTGGA  
 AGGTGTGCTCGCCCGCCAGGACGATGGCGTGGCGCTTGGCTTGGCTCCGAATGCGGGTTGATGCCCTTGGCCAGCATG  
 GCCCGGGCCTCGTCGCGCAGATTGCGAGCGTCTTTCAGGGAAAGCGCGGGATAGCCACCAGGACATGCGCTCGCGCTT  
 GCCGCCCAAGTGAAGCGGAAGTGCCAGGCCTTGAAGCCGGTGGCGGAGATGTAAAAGTAGAGACCGTTCGAAATCGACAA  
 GCGAATACGCCTTGGCGGTACCTTGGCCTGTGCAACCTGGAGGTCTGAAAGCATGAGTCCAACCTTGCGAAGCGAGTT  
 GGATGCCATGTTCCCGACGGAACCCCGGCTCCTCCAGCAACAATACGGTTTTGGGGACCTCCGTATTGCCAGTGTACCGC  
 TCAACGTACCAGTTAGAACCAGGCTGGGAGTGGATTTGCTGGATGTCGGTGGATTGAGATCAGGTAATAATCTCAATCCT  
 GACAATGACTTACGACGTTCCCTGGCGTTCGGTGGAAAGTCCCTGGAAAGTTCGAAG

## Sequenzen der ORFs aus dem Contig 1

>BR1, 1065 Basen, unvollständig

GTGTTACCGCCTTCTCGGACACGGCGCACTATCTCTACGCCAACTTGGCCCTGGGCCAGGGATAAGCAGGGCATGCA  
 CGCAGCGGTGCTACCGGCAGCGCCGGCATCCAGTCCACCTTGGCAGGTCTGCGCAAGAACATGGGAGACGTGCTCTCAG  
 CCTTCGCGCCGCGGCCAAGGAGCGCCCGCAAGACCTGGCGGATGAAGGCGAAATCGACTTGTGATCGCCACCGATTGC  
 ATCTCTGAAGGGCAGAACCTGCAAGACTGCGACTGGCTGATTAACACGACATTCACTGGAACCCGGTGGCAGTATCCA  
 GCGCTTCGGGCGTATCGACCGCATAGGCTCGCCCAACCAACGCATCCAGCTCGTGAACCTTGGCCCAACATGGAAGTGG  
 AGGAATACATCAACCTGGAACAGCGCGTTCAGCGGGCGCATGGTGTGCTCGATATCTCGGCCACCGGCGAAGAAAACCTG  
 ATCGAACAGCAGTCCGGCAACGCCATGAACGATCTGGAGTACCGGCGCAAGCAACTGCTCAAGCTGCAGGACACGGTGT  
 CGACATGGAAGATCTGTCCACCGGCGTGGCGATCACCGACCTCACCTGACCGACTTCCGCATCGACCTCGCGCAGTTCC  
 TAAAAGCCACCCCGGCAAGCTGGACACCCAGCCGCTTGGGGCTTTTGGCGTACCACCACGCTGGATGCCGACATTTCC  
 CCTGGAGTGTCTTTTGCCTACAAGCCTGCGGCCCGACGGCAATCCGCCGCGTCTCGACTACCCGCTCGCGCCGCAC  
 TACCTGGTGCATGTGCGCGATGACGGCCACGTATTGCTGCCCTACCCGAGGCCAAGCGCATCTGGATCGCCTCAAGCG  
 CCTGGCGTGGGGCGAGAACGGCCGGATGACAGTGCCTGCGCGCGCTTCGACAAGGCGACAAAAGCGGTGAGGACATGC  
 GCCACGCCAGAAGCTGTCTCGCGGCGCCGTGGCATCCGTGCGGCCAAGCATGAGGAACGGGCCGTTGCCAGCCTCTTC  
 ACACCTGGCGGCACGCACGCCATGA

>BR2, 1788 Basen

ATGAGCTTTCGCACCGCCGAACCCGCATTGAAAGATGTCTCGATGGAATCGCATCGGGGCAAATCCAGCTTCCTGACTT  
 CCAACGCGGCTGGGTGTGGGATGACAACCATATTCGGTTCGTTGATCGCGAGCCTCTCGCTGTCTACCCGATCGGCGCGG  
 TCATGTTTTCTGGAAGCAGGTGGGGTACCGTTCAAGCCCCGCTGTTTTGCCGGCGTCAACCTGCAGCTGCGCTACTCCA  
 AAGACCCTCGTACTTGGTTCAGCAACGCCTGACCTCGATGTACCTGGCGCTGCGCAGCGGCCAGCCGTTGCCGACGCG  
 CACGGAGAAAGGCGGAACATTCGCCGCCTGTATTTCTTGGATGGCCCAATGCCTGGACGAATCGGCAGACCGCGAAG  
 AAGCCGTTCTCTCGGTGCCGGAGACGCTGCAAGTCACGTCCGATTTCCGGTTCGCAAGGTTGAGCTGGACGTGACGACGCCA  
 GACTTGAATACAGCCAACGCCTCTTCCCTGTGACATTGCTTTTCGATATTCAGGGTTTCATGGCTTGGGAAAGCGGCTT  
 CAGCGCCCATCACAGTTCGCGAGCGGAAGCGATGCAAGTTCATGCAACGATTCGCAACGACATCTGGCTACGCTTCCAGC  
 AGTTCAAGGTTCCCGCCATCGAGCTGACTCAGGACACGCCACGCGAAGCCGTTGTCGAGGTTGTCGAGAAGGTCAATACC  
 GCGCCGCTGACGCTCACCGTTTTCGAGCTGATGACGGCCACCTTCGCGAGCCGATGAATTCATCTCGGTGACGACTGGGA  
 GGCCCGGCGGAGCGGTTGACCCCAAGCATGACGCTGCTCAAGCGGTTGGATGGCACAGCTTTCTCACCGCAGTGCATC  
 TGCTAGCCAGTTATCAAAGGCACAAGGCACAGGGCAGCCCGTTCAGTTGCAAGCGCGCCGACGTTGCTGCGGCTGCCGTTG  
 GCGGATTTCAAGGCGTTTCAACCCGCGCTGGAGCAAGGGTTCAAGCGCGCAGCAGAGTTGCTTGCAGAAGAAAAATCTT  
 CGACGACCGAAGCCTTCCCTATGCCACACAGCTCATAACCGTTGTGCGCCATCTGCGCTCACCTGGCAGACCGCACGACGC  
 AACACGGCGTCAAACAGAAGCTGCTGCGCTGGTACTGGAGTGGTGTGCTTGGCGAACTGTACGGTGGCGCCAACGAAACC  
 CGTTTTAGCATGGACATCCAGGATGTGGTGCCTGGGTGCAAGGCGGCAGCGAACCGCGCACGGTCCGCGATGCCAACTT  
 CGCACCGACAAGGCTGCTCTCCCTGCAAAGCCGCTCGCTGCGGCTACAAAAGGCTGGCCGCTTGTCTATGAAGCACG  
 GTGGCCGTGATTTGCCAGCGGCACGCCATTGATCTCAATACCTACTTCAACAACGCCATCGACATCCACCACGCTTTT  
 CCCCAGCCTGGTGCGAAAAGCAGAAGCTGCCCAAGGAAAAGTGAACAGCGTGGTCAACAAGGCTCCGCTGGCGGCAGG  
 CACCAACCGCTTCATCAGTGGCGATGCCCCAGCGTCTACCTCGCCCGTATCCAGAAGGCCAAGCAGGTTGCCCCGACA  
 GTCTCGATGAGTTCTGACTTCGCATGTGATTCCGGTACAGGCACTTCGCTCGGACGACTTTGATACTTTCATCCGCCAA

CGCGCTGCTGCGCTGTTGAAGCTCATCGAACAGGCCATGGGCCAAAGCCATTGCCGGACGCGACAGCGAAGAAACCATCAA  
GGCCTTTGGCGCGGAACCTGTCGTCATGA

>BR3, 795 Basen

ATGAACCGGACGGATGTCGTTGCGAGCACTGTGTCTTCCCGACAGCGCACGGGTGGATCAGCGCGTCCCCAAGAAGCTGTT  
GCTGGAGAACGGTGCGCCACGGCATCCGACAAGCGCCTGATCACGGACGCCATTGAAGAAAATCCAGTGGCTTGCCGCAC  
TCAAGCCCAACACCATTGGCGTACCCAGCTACCGGGACGCGCAGCGTGAATACCTGGAAGTCACCGTGCCTGGCTTGACC  
CTGCGTGGCACCGTCAAGCCCGCCAGTCTCGCTCGCCTTGCCGAATTGATGCATCGGGCCGTGCCGTATCCCGTGTGCT  
GCTTGTGCAAGGCCAGGCACTGACCCTCTCGCTGGCGCACAAACGCTGGGCGCAGAACGAGGCAGGTAAGGTCGTGCTCG  
ACGGCGACCCCGTGTGGCCTCGCTGCCCCACGCAACCGAAGATACCGCCGAGTGAAGACGCAATAGCCCCCGAAATC  
GAGCGCGCCTTCGTGCAGTCCCTGTGATTGCACGCCAACCCAGACCAGCTGCATGCCCTTATCAGGGTTGGATGGA  
GCGCGTGTGGCCTTGACGGCGGCACGGCTGACGGGAACCTACCAGGCTGACACAACCCCGAACAAGCGGCTGCCCGCT  
GGCAGGCGCTGGCTGATTGTGAGCGGCTGGAGAACGAGATCGGCCGCTGCGAGCGCAAGCCACCAAGGAAAAACAACCTG  
GCGCGCCAGGTAGAACTGAACCTGACGCTCAAGCGCATCCAGGCCGAACCTGGCCGCTGCGCGCCGACAACCTTTGA

>BR4, 384 Basen

ATGACGGAGAAGACCATGGAAAACTCACGGCAGCCAGCCCCGAAGCCAGTCCGCCACTTGGTGGCGGCAAATATCGA  
ACAGCTCAAGGCCCTGTTCCCGGAATTGATTACCGAAGCGCGGACGGCGTGGCGGTGAATGTGGACGTGCTCAAGGCGT  
TGGTGGGTGATGCCAGCGTGACCGACGCCGATGAGAAGTACGGCCTCAACTGGCAGCGCAAACCCCGCGCGGCAACTG  
GCGCTGACGCCACCGGCACCTTGCGCCCCTGCCCGAAGACAGCGTGGACTGGAGACCACCCAGAACCTGATGAT  
CGAGGGCGACAACCTGAAGTGTCAAGCTGCTGCAAAAGAGCTATGCCGGCAAGGTTAAGCTGA

>BR5, 1662 Basen

GTGCTCAAGCTGCTGCAAAAGAGCTATGCCGGCAAGGTTAAGCTGATTTATATCGACCCGCCGTACAACACCGGCAAGGA  
TTTTGTGTACCCGGACAATTTTCAGGACAACATCAAGAATATCTGGAAGTACCAGGACAGGTAGAAGGTGGGCAGAGAA  
TTAGCAGCAATACCGAGGCCAGCGGGCGGTTTTATACCGACTGGCTGAATATGATGTATCCACGACTTAAGCTGGCAAAA  
AATCTTCTTCTCGATAGTGGATTAATAATTATCTCCATTGACTCTTCTGAAGCCACTAACTTGCCGCTAATTATGGACGA  
AGTTTTTGGTCAAGAGAACCTTCATCGGCTTACTGCCGACTATCATGAATCTGAAAGGCAATAACGATGCCCTTCGCTTTCG  
CGGATACTCATGAATTTACAGTTGTTTATGCTCGGAATAAAGAAAAATGTGTGGTTTTTCAACTTCCAGTGTGACAGGAA  
TCGCTAGATGATTGGCTGGAAGATGAGCGTGGCCTCTACAAGCGCGCTGACACTTAAAGGCGGACAGGGCAGGATGCATC  
GAGGAGCGCCGCTCCTAACGGGTGGTTTTCCAGTCTTTATTGACGAAAAGGTTGAAGTCTACGCGACGCTTGATGATGAGC  
CTCGCTCAGGTTTCAGATTTAACTCTATGGCCAGTTTCAGAGGACGGCAAGGCTCTCTTGGACCTGGAGCAAAAAGAAA  
ATAAACGATGAAAACCTTAACTTGATTGTTGTTGAAGGTAGGTCAGGAAAGAATATCTACAAAAACAACGACCCACTCT  
CGGCGACCTCCCAACCAGCAAGCCCAAATCGATTCTCTACAAGCCTGAGTACAGTAGTAGTAATGGAACGGCCGAAATTT  
CATCGTTGCTGGGAAGCAATGTGTTTCGATAGCCCTCCAAAACCTCGCTCATTAATTCGTGACTTTGTAACAATTGGTACG  
TCTCCTCAGGACATCATTCTTGATTTCTTTGCTGGAAGTGGAAACAACCTGGTCATGCAGTAATGGCACAGAATTTCTTAGA  
TGAAGGAAACCGTAGATTTATTCTTGTTCAACTCCCCAGTATCTCGATCCGGAGGATAAGGGGCGAAAAATGCAGCCG  
AATTCTGCGACCAGATCACCAAGCCTCGTTCTATCGCAGAACTACTAAAGAGCGCTTACGCCGCGCAGGCACCAAGATT  
AAGGCTGAAAGCTCTGGCTGGCAGGGCGACACCGGCTTCCGCGTCTTCAAGCTCGACACCTCCAATATCCGCGTCTGGAA  
TCCCAAACCAGACGATCTGGAAGCCACACTATTGACCATCAGGATCATCTGCTCGAAGGTCGACGAGGCTGATGTGC  
TTTACGAACTGCTGCTCAAGTTGGGGCTGGATCTGTGTGTGCCCATCGAACAGCGCAATATCGAAGGCTTACGCTCCAT  
GCCATTGGCGGCGGCGTGTGCTGGCGTGCCTGGCTGAGACCATCACCCGCGAACAGGTAGAGCCGCTCGCCCAGGGCAT  
CATCGGCTGGCACAAGGCGTTGGCCCTGCCGGTGCACACCTGCGTGTTCGCGACAGCGCTTTGCCGATGACGTGG  
CCAAAACCAATCTCGCAGCCATTCTGGAGCAACACGGCATCCAGAACGTGCGCAGCTTGTAA

>BR6, 3006 Basen

ATGAAACTGCACTTCGAGCCCAACCTCGACTACCAGATGCAGGCCATCGAGGCTGTATGCGATCTTTTTCCGTGGTCAGGA  
GGTCTGCCGCACCGAATTCACGGTGACCATGAAATTTGCCCGATGACGTGCAGATGTCACTGGGCGTGGCGCAGTCCGACC  
TTGGCGTTGGCAACCGCTTGACCCTGCTCGATGACGAGCTGCTCAAGAATCTGGCTGACATCCAGTTGCGCGGTGGCTTG  
CCGCCTTCCAGTTGCTGACTTCGGGCGACTTCACTGTGGAATGGAGACCGGCACCGGCAAGACCTATGTGTATCTGCG  
CTCGATTTTCGAGCTGAACAAACGCTACGGCTTACCAAGTTCGTGATCGTGGTGCCTTCACTGGCGATCAAGGAGGGTG  
TTTATAAAACCTGCAGATCACCGAGGAACACTTCAAGGGGCTCTACGCGGGCGTACCCTTCGATTACTTCTATACGAC  
TCCGGTAAGCCGGGGCCGGTGCGCAATTTGCCACGAGCTCCAACATCCAGATCATGGTGGTGCAGGTGGGCGCCATCAA  
CAAGAAGGATGTGAACAACCTCTACAAAGAGAGCGAGAAAACCGGCGGCGAGAAGCCCATCGACCTGATCAAGGCAACCC  
GGCCGATAATCATCGTGGATGAGCCGCAAGCGTGGACGGCGGCATGGAAGGCCGTGGCAAGGAAGCACTGGACGCCATG  
AACCCGCTCTGCACGCTGCGCTACTCCGCTACCCATGTGGACAAGCACCACATGGTATTTCCGCTCGATGCCGTGATGC  
CTACGAGCGCAAACCTGGTCAAGCAGATCGAGGTGGCGTCCGGCCACGGTAGAGGACGCGCACAAACAGGCCCTTTGTGCGCC  
TGGTGAAGGTGGAAAACAAGCGCGGCCGATCAGCGCAAGGTCGAGCTAGATAAACAGACCCGCACTGGTGTGACGCGG  
GCTGAAGTGACGGTCAGCGACGGCGACGACCTCCAGCAGAGCGCCGATGGCCGCGGATCTATGCCGATTTTCCGCTCGG



CGAGATCAACACGGCCAAGGGCGAAGCGTTCATGGAGCTGCGCTACCCCGGTGGCGAGGTGTTTTTGCACCTGGCCAAG  
 CCCACGGTGTATGTGGATGCGCTTGCCGTGCAACGCGAGATGATCCGCCGCACGATCAAGGAACACCTGGACAAGGAGAAG  
 CACCTGCGCCCGCTGGGCATCAAGGTGTTGAGCCTGTTCTTCATCGACGCGGTGGACAAATATCGTCACTACGATGCGGA  
 CGGCCAGCCGGTCAAGGGTGTGTATGCGCAGATGTTGAGGAGGAATATCGCCGTGCCGCCAAGTTGCCGGCTTACCAGA  
 GTTTTGTTTGGCGAGATCGACCTGGAGTCCGCCGCCGAAGAAGTGCACAACGGTTATTTCTCCATCGACAAGAAAAGGCGGC  
 TGGACTGACACCGCCGAGAACAATGCGGGTAACCGGGGAGAATGCCGAACGCGCCTACAACCTGATCATGAAGGAGAAGGA  
 GAAGCTGCTGTCTTCCGTACGCCGCTGAAGTTCATCTTCTCCACTCCGCCCTCAAGGAAGGCTGGGACAACCCCAACG  
 TGTTCCAGATTTGCACCTTGCGCGACATCCAGACCGAGCGGAGCGCCGCCAGACCATTTGGCCGTGGCCTGCGTCTGTGC  
 GTCAACCAGGATGGCGAGCGGGTACGCGGCTTTGAGGTCAACACCCTGACCGTGGTGGCCACGAAAACACGAACAGTT  
 TGCCGAAAACCTGCAGAAGGAAATCGAGAAAGACACAGGCATCCGCTTTGGCATCGTGGAGCAGCAAAATTTGCCGCCA  
 TTGCCGTGACTGGCGCTGATGGGCACGCCGACCGCTGGGCATCGAGCAATCAAAGGCACTGTGGGAGCACCTGAAAGCC  
 GCCGGCCATATAGATGCCAAAGGCAAGGTGCAGGATTCAGTGA AAAACGGCGCTGAAGAACGGCACCTTGGAACTGCCGGA  
 CGAGTTTGATGCGCAAAAGGCCAGATTGCTGAAGTGTGCGCAAGGTGTGCGGGCCGGCTCGATATCAAAAAATGCCGATG  
 AACGCAGGCAAGTGCCTGCGCAAGGGCAAGGATGGCAAGGCCGTTTATCTGAGTGACGAGTTCAAGGCACTGTGGGAC  
 CGCATCAAGCACCAACAACGTACCGCGTGCAGTTCGATAACGCCAAGTTGGTGACGGATTCATCGCAGCGTTGCAGAA  
 GGCCCGGTGATTGCCAAAGCACGACTGCAATGGCGCAAGGCCGACATCTCTATCGGCAAGGCGGGTGTGCCCGGACGG  
 AGAAAGCGGGCGGGCGACCGTGGTGTGACGAGGCGGATATTGAGCTGCCGGATTTGCTGACCGACCTTCAGGATCGC  
 ACCCAGCTCACCCGGCGCACCATCGTTCAGCATCTGACGGGAAGCGGTGCGCTGAACGACTTCAAACGCAATCCGCAGCA  
 GTTCATCGAATTGACTGCCGAAACCATCAACCGCTGCAAGCGCTTGGCCCTGGTTCGATGGCATCAAGTACCAGAAGCTGG  
 GTGACCAGCATGTCTATGCGCAGGAGCTGTTGAGAAAGGAAGAGCTCACCGGCTATCTCAAGAACATGCTGCTGGATACC  
 CAGAAGTGCATCTACGAGCACGTGGTGTACGACTCGACCACTGAGCGGGATTTGCCCGATGGGCTGGAGAAGAACGACGC  
 CATCAAGCTCTACGCCAAGTTGCCAGGCTGGTTCAAAGTGCCACGCCGCTGGGCACCTACAACCCCGACTGGGCGGTGT  
 TGGTGGAAAGACGGCACTCAGCACCTGTATTTTGTGGTGGAAACCAAGAGCAGCCTGTTACCGACGATATGCGCGAC  
 AAGGAAAGCGCAAGATCGAATGCGGCAAGGCGCATTTCACTGCGCTGGAGGGCGGGGAGAACCCAGCCCGGTATGTGGT  
 TGCGCGCTCGGTTGGTGTATCTTTTGACCGAGGCGGCAAAAGGGGTAG

>BR7, 735 Basen

ATGAGCAATATCCCATTGACCCGTGAAATTCACGGCACCGAAAAGCGAAGCCTCTACCAGTCTGTCTTCTTCGATGT  
 CAGCGGCAGCATGAGCGGAGAGAAAATCCGCAATGTGAATGATGCCGTTGCGGATATGTTGGATACGTTTCAGCGACACCG  
 AGAACGGTGAACCTGAAATCCATGTTGCGATCATCACTTTCGGTTCTCAGGTAGCGCTGCATCAGCCGCTTGCCAGCGCC  
 AGCGATATTCATTGGCAGGACCTTTCAGCTGGCGGCATGACTCCGCTTGGCACGGCATTGCAAAATGGCCAAAGCGATGAT  
 CGAAGACAAAGATGTCAATTCCTTCGCGTGCATCGTCCAACGGTTCGATTTGGTCTCTGATGGTGGCCCTAATGATGCGT  
 GGGAAAACCTCTGAACCGGTTTATTAGCGACGGACGCTCTGCAAAATGTGACCGTTTGGCAATGGCGATAGGCGCTGAT  
 GCTGACGAGGCGGTAATTTGGGAAATTTATCGAAGGCACCTCGAATCGCCTCTTCTACGAGAGAACGCCAAGCAGCTACG  
 TGACTTCTTCAAGTTTGTCCACCATGTGCGGTGACCATTCGCACGAAGTCACAGACGCCAAAATAATGTACCTGAAGCGAGCA  
 CCATTGACATCCAGCCGGCCACAATCGAAGCACGCCAGGATAAAACAGAACTCTGTGACACAAAAGTTCTTCGACAGAAGAT  
 GGAGGGTATTGGTAA

>BR8, 270 Basen

ATGGCACAAGCAATCGGCGATCCAGAAGAAGTGGAGCGCTTCGCATATTCGTTACAACAATTTATTGATTCGCTCAACGA  
 TGCTGTGCGCAATCTTAACGGTGCCTTTGCTTCACTCGGAGACACCTGGCAAGACGAAAAGCGGGCGCGATTTGAGGAGG  
 ATTACAACGCGCTCGTTTCAGCAGTTGCAACACTTCAACGACAACCGCTCTGAGCAGGTTCCATATCTGGCAGCGCTCGCG  
 GCGCGGCTGCGGGATTATTTGCAAAGCTAA

>BR9, 1311 Basen

ATGGCACAAGTTTCAATTGGGCAAGTGGAGAATTTGGAAGACCTCGTGCGGATCTGCAGTCAGTGCAGGAGGCGCTAGA  
 GGCCGCATGCCGCGAACAATTTGCTGTTGCGGAGCAGAAAATGCGCAGAGGCTCGTGAAGAAGCGCAGAACAGCGCAAGCA  
 TGTTGGAAAGTGCCATCCAGCAGGAGCAAGCCGACCGCAAAAATGTTGACGGCGCTGAGCAAGCGCTCGATAGCAGTCAG  
 AGCTCGCTTTCTTCCGCTGAGTCTGCGCTATCTGCTTGCCTTGCCTCAGCCGACGATGACGATGGAGCTTGGCCCGACTG  
 CTCCGGCGAGGACTCTGCCGTTGGCTGAAGCAGAAGCCGCTGTTGAGCAGGCTCAGAGCATGCTGGAGCAAGCAAGAGCAG  
 AGCTTGAGGTGGCGAAAGGAGATCGCATATCCATGGAGCAGCGCGTGGATCTTGGCAATCAGGCCGAGGCGATGGCGGAA  
 CATAACCTGGAGCAGACCTTACAAGCATGCAATGCGCACTTGGCAACTGTGATCAGGCGATTGAAGCTGGCACTGCACG  
 CTTGATATCCGCGCAACAAGCACTGGATGCTTATCTCGCGACAAAACCCGCTCCGCTGCGCAATTCATGCTTGGTTGAAAT  
 GGGACCCTGCCAAAGATGGCCGCCCTGTGACTCCGGATATGTTGCGAGACCGCATGAACCTATCGTTCAGAGCAGAGACGA  
 TTGCTTCAGGAATATCTTTACGACCGTGTATCCAGCGTATCGCAAGCAGGTCGATAAAATTTGGAACCAATGGGTAGCCGC  
 CAAGGGTGTATGCAGAGCGAAACATCGTTCGACGTAAGGCACGGATACACCTGAGCGGTGAATTCGGGGAGCAGATAGTTC  
 GGCACGCACTTGCGCCACTTGGCGGCCGGATCGAGACGCAAGGGCGAACCTTTGTGGGCGATAACGGACGCTACACAAAA  
 ACAGATTTGATAGTCACTGACTTGCGGGTTCCGGTCATTCTGGGACGTGGTGAGGGCATGGGGGCTCCTGTGGGAGGCTC  
 GATGGCATTGCAAGTGAATGCGGCAAGGCGGAATACCTCTATTTCGAGAAAGATCACATGATTTTTCAGGCCGAAGGGC  
 ACAAGCAAGCAGACGCGCAATGCACTCTTTGCTCACGAGACATCCACGATTTGCCAGAAGAAAAACAGAAAGAACTGCGC

GATGCCCTGCGCGAAGCTGGCTCACCGATGGTGGGAATGCTGCCAAGGAAAAATGAAATAGATCAGTCCTGTCTTGATTT  
CATCCGCCAAAACGAGGAGGAGCAACCATGA

>BR10, 345 Basen

ATGAAAATACGTTTTCGCAATTATTAGCCATGACCTTCTCGCGCAAGTTCGAGCTGAGGTTGATGTTCTCCTGCGTGCAGT  
CAATGTCGGAATATGGACGGTGTGGATGCGTCCACCGCACGCCTCTTGAGCTGACAGTTAATTGCAGATCGATTGAGT  
TGTCCGAGCAAGAGTGGCGCGCATTTCTAAGCGAACTCAGGGCCAAGAGCCCCGAGTTCGAATCGAGCTACCCTTTGCCCT  
GGGACTATTTGCGCACCCCTGTTTTCCCAAAGTCTCGGTAGCTGACCACTATGTTCTCGAACTTCCAATCGATGGTGATAT  
GGAAGAGGAGGAAGCTGATGTTTTGA

>BR11, 231 Basen

ATGTTTTGATGAGGCTTTTTGGAATGGCTGCGATGTGTGCTGGAAAAATTCGCGAGGGAGTGCCTGATACGTTTCGGCGCGTC  
CATTGTTGCCGATGTACTTGATCCGATTCTCAAGGAAGTGCATTCACTCTGCATTTTTCAATGCTGCTTTTTACGCAACAAT  
CGCTCGCCATTGATCGAACTTTGAATGACGTTTCGCGAGCTTCAATTCAAAAGACAGCGGGTGGAAATCAATGA

>BR12, 2685 Basen

GTGGAATCAATGAGTGGGAAGCGCAAAGGATTTTCAGAGCATCATTTCCAAGCTACACAAGGCAGTTGCGGACTATCAAGA  
AGGTTGTGCGCGCATCGACCGCGAATTCGATACCACCAAAAAAGCATTAAGCGAAGACCAGGAACGCAATCGAAACATAA  
GGAGGTGCAATTGGCAGGCAGGTTTTTCCAAAAGAGTGGGAAAAGAAATGCAACTGCTATAGCGAACGCAAGCTCGCAGCTC  
AGACAACAACAACCTGCCTTCGTGGATTTTTGTGTAGATAAGCCATTGATGGCATCAGAAAATCCAGCAGGTCTTGTGCT  
TGGCACGGAGCAAGTCTCTTTTTGAGAAGCTATCTTGTGTCAGGCCCTAAATTCATCTCATTTCCCTTATCCAGTGCTCTTG  
TTTTTTTACAAGGCGATGCAGAGCAGAAACGCCTCGTGCATTGTCTCTTGTACGGTTGCTGCAGGCTTTGCCAGTAGGT  
CAAGTAGAGTTGACACTGATTGACCCCTGCAGCAGGGCAATCGGTGAGCCGTTCCGGCCATTGCTGAAGGTAGAGCA  
ATTGGTGCCGCAAGGTCATGTTCTTACTCGTTCGGATGAAATCGAAGCTGCGCTCGGAAAGCTGACGGACGAAATGAGG  
AGTTGATCCAGCAGCGGTTCAATGACAAGGCATCCAACCTGGTTCGGAATACAACGCGATCAACCCCGGCAATTCATTACCT  
TACAAGGTGGTGGTGTCTTTTTGATGTGCCAGAGCAGATGTTCGAAAAATCTCTCTGGTTTTCTTGCCCGCATTTTTGAAAA  
CGGTCCACGCTGCGGCGTGTGCCCATCGTTGCAATTGATGAGCAGCGCATGGAAGACCAGGCGATATGAAAAGCTCAACG  
CCACGCTGAAAAACTCAACCATGCAACTGAATGATCTGTTGCAACGCGCTGGGGCTGGCGAGCTGTCAATTCACATACCAG  
CCGGAGCAATGGCCGCGACAGGATGTGCTGGATGGCTTTCTCGCAAAGCTCGTTGAAGATTGTGCTGCTAAGACGCGCTT  
CAAGAAAACGATGCCTGATCTCTGGACGAGCTTCGGCAAGGGTGAGACGACTCTTGCTGGCTTTGATATTTCCCATCGGCT  
GGACGACCACAGGCGACTTCGCTCCCTGAGACTGGGCGCGACGGACTCCGAGCATCATGTACTGCTTGCAGGGAAGACA  
GGCTCGGAAAATCCAATCTGCTCCATGTTTTGATTACACGTTATGCGAGAAAATACCCGACCGAGGAGCTTGATCTTTA  
TCTACTGGATTACAAGGAATCGACTGAGTTCAATATTTACGCAACTCCCCAGTCCCAAGCCCGCTTGTGCTACGG  
AAAGTGACCCTGAATATGGCGTCACTGTATTAAGGCATCTTGTGGATGAACTGGAAACGCGTGCACCGCATATTCAGTCA  
AAAAATGTCAACGATTTTCAGCGAATACCGAAAAATCAAGCGGGATACGGTTGCCACGCGTCTGCTAGTCATAGATGAGTT  
CCAAATTCTGTTCTCAGAAAGTCGCCAGGTGGCAGAAGCTGCTGAGCAGTTGCTGTGCAAGCTCTTGAAAACAGGGGCGCT  
CGTTCGGTATTACATCCTCCTGGCTACTCAGACTTTGAAAGGCATCAACGCACAGTCAATCGGAAGCATCATCACCCAG  
TTGGGATGCCGATTGCACTGGCTTGTGGGCAGGAAGACTCCGCAATGATCCTCGGGGCGGGAATTGGGCAGCCGAGCA  
GCTGCGCAGCCCACCTGAAGGCATCATCAACAATGCTAATGGTGCCAAATCCGGCAATGTGAAGTTCATGATTCATTTCG  
CCGGAGAAAGTGAGCATCGACGTGATTTGTTGACGAAGTTGATAGCGCGTACATCTCTTTCTGGGGTGGCTGAAAAAACC  
AAAATCTTCAGCGGTGCATTCCTTCCGCAGATACCGTCTCCCTTTGAATATCAGACAGCTTGTGCGCATGAAGAAGCTCT  
TCTTTTGGGCGAAAACCTCGCATTCGATTCAAACCGTTGACGGTATCACTTACTCGTGCATCCGCGTCAATGTTCTAT  
TCAGCGGCTACAATGACCACATTCACGATGGACTCCTGTCCGCTACGCTTTTTAGTCTGACTTTTCGTCGATGGCTTTGAT  
GAAATCGTGTACTTCAACGCGCGCGGGATCCCCCAGGAGGAGGATTTCTAGCCGAGCGCAGATGCTCGGTGCACGCCT  
CAAGATATTCGACGATATATCCGAGCTACCACTTCAAGCGATATCAGACGATATTGGGAATCGCCGCGTAGCATTTGATTA  
TCGATGGCCTGGATTCCGAGAAAAGTACTACAGCCAGCCCCAGCGTTTAGATCGCCCAAGCCTGGCGAACCACCTACCCCG  
GCTGACTTGTAAAGCGTCTCGCCGAGGACGGCCCAAGAAAGGGACGTTTGTATTTATTTTTGTTGACCGTTGGCAGCG  
CTGTGCCAGTGCCTGCAAAGACCTTTTCTCCTTTTTCGAATTGCGCGTGGCGTACTGCATGAATGAAGACGATGCCGGAT  
CGCTTGTGAGTGGCGGTGTTGGTAAGTTCAAAGGTATTGAAAAACCGAGCCGAGCTGTATTCGTAACAAAATGACGAAT  
GACATCACATGGTTCGGGCCATATGTTTCAGGAAAGCACTCAATGA

>BR13, 1764 Basen

ATGAAGAGATTTCTGCTCACGTGGTATGGAATCACCGATTTTCGCGCGTCTCTGGGGTTTGAGAATACCGACGGCCCTAT  
TGCGAGCGCCCTTGCGGGCGCGTCTACTCGGACATCATTATCCTGGGTTACACCCGACGGATAATGATGCCAGCGAAT  
TGATCGAGGCACAGAAGACGTTACGCTTGAATTGGCGTCAATACGAAGCATGGGGCAAGAGAAAGACTGGAAGCTTACT  
AATCAGTTTGTCTCCAGGTTCCGCAATACCTCTGTGCGACATGAACATTTTGAAGCCTGGCTGAAAAAGAAAGCCGCCG  
CCTGGGCTGCAACGCAAGGATCCGTTTTAAATAGCGAGAACTTTACCAGCTCAACGACACCGAAGGTATTTACGCTAGCG  
CAATGCGGGCGCTGGATGGGGTTGAACAGGAGCCAGGTGAAAAGCTCGTCACGCTCTATCTCAGCCCAGGAACTCCGGTG  
ATGGCCTTTGTCTGGGCGCTCGCGGCGCTGAGCTACCCTGAGCTCAAAAAAGACTCATAGCATCGTCCATCATTTGGCAA

AGCACCTGAAGTCATAGCGTTGCCTGCTGAGTGGCTTGAGCGACACAGCTCAAAACAGGCTGCGATCCGAGGCATCTCCA  
 ACGGGTTTCGATGTGACATTCCATCTTTTTGGTGAGCAACGGATGCCTGCCTTGTGAGCATCCGGCAATTTGAGTCGGCG  
 CATCACATTTTTGTCAACTCAAAGACTTCCCTGCTGCATGTATGCAAACCTTTATTGGCTCTCGGGACCTGCATGAACT  
 TACCGTTGACCCCTGGGATGATCGCGCTGTTACGAACAAATAACCGAGCTGGCAAAGCAATTTCCAGAAAAACACGAA  
 TTGGAATCAATTTAACTGGCGGCACAAAATTGATGTTTTGCTGGCGCGCTCTCTGCTGCACGTGAACTGGGCGCTGTTCCG  
 TTTTATTTTGACAGCAAGAATCGTCGCGTCATATTCATTGACAGTGTTCGGCGCGAAAAAATCAGGCAGATTGATTCAT  
 CGAGACATTTTGCACCTGAATAGCGATGGTTTGGAGATTGCAGGCAGTTCCTTCATGAAGGATATATCGCCAAGTCGCC  
 AACTTCTGACCGAGACCCTTTGGCTGCATCGTGACAAGGTGCGTAGATTTTATAGAGAACTGACCGACTATAACAATGCA  
 TTCAGGCCATTCGAGATTTGTCTGACGGCTTCAATTTCAAGCTGGATGACATGGAGGCAGTATCCGTCCAGGGCTACGG  
 ATTAGATCTGAGATTTGAGAAATGGCCTGATTTCCGCAAATACCTATCTGGCGGCTGTTTCGAGGATTTGTTTTATTTGC  
 AGTGCAAACCCTACGAGGATGCTGGAGTCATTCAAGACTTGCGCATCAATGTCAAGCTGAACTTGAATTTAGAAGAGTCA  
 AAAGGCTATTCGAGCTTCGGTGTGAATAACAACGAGCTGGACATCACATTCACCGACGGTTATTTCGCTTTTATATCGTGGA  
 ATGCAAGGCGGGCAATGTAACGCAAGAGCAGATTATGAAGCTGCAGAACCTTGTGCGCTTCTACGGAGGAATTGAAGGTC  
 GCGGTATCGTTGCCTGCTGTGTTCTCCCAAATACTGAGTCGGTCAAGAAAAAATAAAAAGATGCCAGGCTGATGCTTTGG  
 AGTGGTGCATCATTTTTCTGAGCAGATAACGGCAATGATGAACAGCATCACTGAGCGGGCTGAAGCGAGTGAGGCAACGCC  
 ATGA

>BR14, 489 Basen

ATGATGCTCCATTTGGTTTGGGACATCTCCGGCAGCATGAGTGAAGGAGGTAAGCCCTTCATCCTGCGAACCTTGGCCAC  
 GACCGTGGCGCAATGGGTGCGGCAGGGCTATGGACAGGCGGAAATCCACCTTTGTGCTTGGAGCAGTGAGGCACGCAACA  
 TCCCGAACTGGAGCGTCAAGGAGGATCTCCCGGTGAAATGCTGGTTTGCAGGGGGTACCAATGGCGAGGCGCTGGTT  
 CAACTGTTGGGTAGCGAGCCGGATGGAAGGTTCTGATTCTCACGGATGGATTCTGGACAAGAGACGACGTGAAGACTCT  
 GAGCCGCTGGCAGGAAGGCTTACCGCCGGACACACTGCGCGTCATCCAAATCGGCGCGGATGCTAACCCGCATCTGTCCA  
 AGGGGCTCAAAGGCGCAAAGGTGTTTGTGCGAGAAGAAGTCTCTCCGTGCTCGATAACTGGCTGCAAGCGGATGAGGAA  
 TGGGCATGA

>BR15, 717 Basen

ATGACGCTTTGGAAAAGTTTTGGGGCAAGCGTTTCGCGGCCCGCACCATATCGCCGAAGGTTTGCCAAATCAGGATGCGTG  
 GGCGAAGTTCCACCATGTTTTGGGGGGATGGCATCGTCTGTCCGACGGGGTGGCTCCAAGCCTTCTCCAGCTTTGGCA  
 GCGATGCCGCTTGTCTCGCTGTTGAGCTCGCGGTCTGACTTGTGCCCCTGATGGTGAAATCGAACGCAACTCGCTGTTC  
 AGCAGCATCCAAGCTAACTGGCTAAGGCTTGTGCGCCCCGCTGGAACCTCGCGATTGTGCGGCCACCTGCCTCTTCGCGTT  
 ACGTCTGGATGGCGTGATCCACATAGGAATGCTCGGCGACGGACTTGCAGCCCTTGTCAAGTCCGATGGATCAGTCGTTTT  
 CGCTGTGCGAAAACAAGACGCAAGGCTTCTCCAATATCACCACTGCGCTTTCGCGCAATGTCTCCGCCAAAGACTGGCAA  
 TATTTGTGCTGTGCGCGGAGCAGTGCATCGCAGTATTGCTCTGCACCGATGGCGTGGCTGACGATTTGGATAACGCTGA  
 CGGGTTTGTGAGCAGCTTCGTGCAAGCGCATCGAACCTCGCTTCGGTAAGCGCCAACCGGCGCATCCACGAGATGCTCG  
 AAAACTGGCCTACGCCAAGCACAGCGACGATAAAAACCTCGCCTGCCTGTGCAAGTGGAGGTTGGCAGATGAGTGA

>BR16, 1350 Basen

ATGAGTGAATCCGAATCCGGGCTCCTAAGCCACTTGTGGATGAATACGGCAATGTCCATCACATTTGCCGATGAGCTTGC  
 ACGCGGTGGACAAGGCGTGGTCTATCGCACCAAGGATGCAGATTTGGCTGTCAAGCAACCCTGGATGCATCCGGCCAGC  
 CGGATAAAAACGCCAATCTGCGCGAGCGTTTCCAACGCATCCGCCTGCTGCCCATACCGCAACGTATCCCGTTTTCCCTG  
 CCACTCGCCATTCTGCGTGACAAGCCGGGCTATGTGATGCGTCTGTTGAACGACATGAAGCCGTTACCGTTTTTCGAGTT  
 GGATGGAAGAAGCAAAAAGAAGCTAGAAGATGAAAGGCAAGCCTTGCCGCAATGGCTGACGAAGATTCTTGACAAGGACC  
 TGGCGCTTCGACTGCTGCATTACGCCAGCACGGGGTCTACACGTCGTCGTCGCGAGCGCTGGCAAAGTGCGCCGCCATC  
 CTCGCTCGCCTTACAGCGCGGGACTGGTCTATGGCGACCTCTCCCCCAACAATGCGTTTCTTGGTGAAGGCGACACTCC  
 CGATGTCTGGCTCATAGATGCCGACAACATGCGCCTGGAATTATCCAGCGGCGGCGTGTCCGTCTATACGCCCTGGTTACG  
 GTGCGCCGGAGGTGGTGCAGGGCCCGCATCAGTCCCGCCCGCAACGGATTGTTGGGCTTTCGCGGTAATGACCTTCAAG  
 CTGCTGGCTCTATGCCACCCTTTCATCGGCAACAAAGTGTGCAAGCGGTGGACGAGGACGGGGTTGGGATGCTGAGTC  
 GCAGCTGAGCGCGACAGGTGCGCCCAACATATGGAAGATCGGCATACGCCCGCTATTTACCTTTCGTGGATGACGAAG  
 ATGACGACGCCAACAAGGTGTTGGTGGCTGCTCGCGCTTGGTTGCAACAGAAGGATTCGCGCGCCTATTTTCAGGAA  
 ACTTTCCGTGCGGGACGGAACTGCCGCACCGCCACCTCCAATAGCGTTCTGGACACTGGAGCTTGAAGGGCTGCGGA  
 TCTGTGCTGGACTGCCCCGTATGTGGCATGAGTCATTTTCGTGATGAACACGCGCAATGCCCGTATTGCGGCGCGACGC  
 ATTCGGCCTTCAATTCGCGTCAAACGCCGCTTGGGAAATCTGATTTCCCGCGACGCCACGGCGTTCTGCTGCCGAAA  
 CGGCTGTTCTACCGTTTTTCATTCGAGCATCACGACGACCGGTATACGAAGCCGTGCTCAACTTCGCGGCAAAAACCGC  
 AGTCCCTGTGCGAGGCACGCAGCCTTTCCCGGACAACCTCAGCTTTGAGTTCTGTGGAGGGCGGCAATGA

>BR17, 3369 Basen

ATGAAGTTTCAGGACATTTCCACCAACATCCTGAGTGTCCGCATCAAGCGGTCTGACAACGGCGAAGCCCTGCCAGAGCA  
 GCCTATCTTCTCGGTGGATGCCAGACCAGCCCACGGGATGAATTTGAAATTCGCTTGGAGAATGCGGTGGCCATCGTCC

GCCCTGTCGTTGCAGCAGATATTCGTCGCTCAACGCCGAAGTGGCCAGCGGTTCGTGCCCTGCTCGCCAACTTGCAAAC  
 CCCGCCCGGATGGCAGCGTCGAATTGCAAGTCGCTTTTTTCTACTGGTGAATGCCTGGAAATGGGGCAGCTCGAAATCGG  
 CGTGGATGAATATGTGGAAAAGGGACTGAAGAAGATGGGGCATGGCTTCAAGGGCCAGAGCCCTACGAAAACTCGGCC  
 AACTCTGCAGCTTTCAGCAAGGCGAAAAAATTTTTTCTTTCTGACCTCTGGCTCTGCCATTCATGGAGAGCTGGAAC  
 GACGGCGAGAATGCACCAAACGAAACAAGGACAGAGGCAAGCCAAAAAGAAATTCCTTCGGCATTACCGGCGACACTATCCG  
 CTTTCGTTGCTACTGAAAAGTCAATACCGGGCGGAAATTCATCTTCATCGCCACCCGCTGACCAAGCCAAAGAACGAGC  
 CTGACCGCGCCTTACGCCTCGCCAAAGGCGAGGCTGCGTTTTGTGGACTGGACACAGGCGGGACAAGTGCAAAATCTTGCC  
 AAAGCGCAAATGACAGCACTCACTCAGGACGATGGAAGCTATCTGAAAAAGTGGGACGAGTTTGGTGAAGTTGAAGGTGA  
 ACTGCTGCTCAATCAGGCACGTGCAGTCGGCACGTTGCAGTTCACGGATATGGAGCAGAGGCGGGACGGGACTGTTACGG  
 TTCGATTGTGCAAGCCTCTGATTTAGCCATAACCACCTTGGCTGAAAAATAAAGTACCAGAGCTCGAACTCGTAGATGAG  
 CTGCCAGACTATTTGCTGAATGAGAACTTGAGTTTCAAAGATTTTGAAAAAGGCATAAAAAAGTCTGCGGATCTCGATAA  
 GAAGATTGGAGAAAAATTCATACAGAGCAAAGAGTGGGTTTTCTTTTGCAGTAAAAAACTTTGACAAGGAAACCCGCTCAC  
 TTGCGCTCAAACCGAAATTCGCCATCGGTATCCGGCACGCTCATTCTCTCACTCAAAGGTGATGTTGCCCAAATCGAG  
 CGCCGAATGGCCGCCCGTCAAGCAATCTTGAGGGACGTAGCGCTAACCCCTCAGTTGGGTTTTATTGATTGAAGAGCATGG  
 GAAAATTGCACAAATCCGTGTGCCGCAAATATTCCACCGCTTACAGCATTGTTCGTAAGAAAAATTTCCGCAATGACC  
 CAACCGTGATGCAGGAAAAAGCCGTTGAGGTGCGATTGAACACACCCGACATCGCGCTTATTCAAGGTCCGCTGGTACT  
 GGCAAGACAACCGTTATCGCTGCGATTTTAGAACGCTGAACGAGATGGCAGACAAGCGCGGTGTGCGTGTCAAAGGTCA  
 AATTCATTGACGGGGTTTTCAGCACGACGCGGTGGAGAACATGATCGAGCGGCTTTCGCTCAACAGCTACCCGTGCCGA  
 AATTCGAAAAACGATCTGGCGCAGCAGAAGATGATTACAGTGCTTTCGAAACGCAATCTTGAAAACTGGTGTGCAATTTA  
 GCCGCTGATTTGCGCGACCGTAATCCGCAGCTTGCTGGGGTGGAGCAGGAAAGGGAGATAAAAAAACCCTATCTTGCAATA  
 TGTCAGGACCCGACTCGCCATTGGCCGCCAGCCTTGTGAGAAAAATCATCGCGCTTGGCATTTCGGTGCTTGGCGAAG  
 ACGACGCGCGGGCGGGGCGACAATCTGGCGAAGAACCTGATGCGTGAAGAGCGACTTAACGTGATTCAGGCCAATGGCTT  
 GTTGCCGTACGCCGTCTGCGTGTGCGCTTCGAAAGTTTTGCTGATGATGGTGCAGGCAAGGGCGGGGACGCTTTGGACGA  
 CCTGAGCGATGTTCTTGAAAAAGCGAACGCAAGCTGCTAGACGAAGCCAGCCTTTGGCGCAGCGAAGATGGCACGCCGT  
 CTTTTCTGACGGAATTGGAAGCCCTGAAAAGGAGACTTCTTGTTCGGTTGACCACCCCGGTCTTTTCGCGTGAAAAA  
 CAAAACGACGAAGTGAATGGGCTGGCGGAACCTGCCATCCAGCGCATCAAGACCGTAGGGTACTCGGTTAAAGATAAAAA  
 ATCCGCTGCGCTGGTGGAGTTTTTGGCCGAACCTCGAAAGTAATCCCTATGGAATGATGGATGCTTTCTGATTACAGCT  
 TTGCTTTTGTGCCACTTGCCAGCAAAGCGTAAATCGGGGGATGCAATGCAAAAAAGGCATCATCGGGCGTGATGTCAAT  
 GAGAACCTGAAAGGGATGGAGTACGAGTATGTGATCGTGGACGAGGCCGCTCGGGTATCGCCTCGTGACTTGATGGTGGC  
 TATGGCGCAAGGCAAGCGCATTATTCTGGTGGGCGACCACCGGCAGTTGCCGCACATCATTGACGAAGAAGTAGCTCGCC  
 AGATGGAGGAAGGCGAAACGGGTGAGGGAGAAAATGACTGGCTAAAAAAATCCATGTTCCAGTATCTGTTTCAGTACCCGC  
 CTGAAGACCCTGGAGGACGGCGACGGCATCACCCGCCGTGTCACGCTGGACAAGCAATACCGCATGCATCCGCTGCTGGG  
 TGGCTTTATCAGCCGTAATTTCTACGAACGCTTTGATCACACGGAGAGGTTTGGCTCTGGGCGGCCAGAAAGCGATTTTG  
 CCCACGCTCTGCCCGGCACGAACGGCAAGCCTGCCGTTTGGTTGGATGTGCCAGCACAGAGAGGAAAACATCAAAGGAC  
 GGGACCAGTTGGACGCGCCCCGAGAAGTCACTGTCATTGCCCGCCAGTTACAGGCATGGATGAGTTTCGGATGCAGGGAA  
 AGATCTCTCCTTCGGTGTATTTTCGTTTTATAAGGCGCAGGCCGACAGCATCAGGGAAGAACTCAAAGGCAGCTTGGCG  
 GGATCGTGAGCGATGACAAGCAACTGCGTGTGGAACGGTAGACTCCTTCCAAGGCATGGAGTTGATGTCGCTTTCCTC  
 TCAATGGTGCGAACCTTGCCGCAAAACTGGCAGCCAAAGGATGATGACTGCGAGAAAACAAGCCAGAGGGCTGTTTGGCCA  
 TCTCTGTCTTTACAACCGTCTGAATGTGCCATGAGCCGGCAAAGAAATTTGCTGGTAGTCGTGGGTGATACTGGTGCCT  
 TGCAAAACAAGCTCGCGGCGGACTTTGTTCCGGGGTTGGTGGATTTTCTTACCTTTGCCAGCGTGAAGGTGTGGTGCCTG  
 CCATGCTGA

>BR18, 1956 Basen

ATGCTGAGGCTCCTGGACTACGGCAAGCCCAATCCCTTCAGCGGCATCATCGGCAAGTTCGCGCAATCTCGCATGGCCGGT  
 AAACGCGTATCGCGTGACCCTGCCAAGAGCTCCAACGATCGTGATGGCTTGAACGCATTTGAGCGTGTGATCCTGAAAA  
 TACTTGATGCTGTGCGCGCGCTGGATGCAGATGATCTGGCGGCCGAAACTTGCATTCGCTTGATTTAATCAATGGCATT  
 CTTCTGCGCTTGCAGGACAAGGGATTTATTGACGAATAACAACCCATCCTTATGCAGGAGCACGATGATGGATTAGGCGG  
 CGAAGATAACGCTCCGGTCTTTCGTTACCGCGCTTTTGTTCGTTGAACTTGCACCCGTTAAATCCTACCTTTCCTGCACT  
 GGTGTAACGACGCAATCCATTGCAAAAAAAGGAAGGCGAGGAGAATGATTTTGAACAATCCGTTGGGATGCTATTAC  
 AAAGGAAACACGCCACACAACGCGATGTTATCAACGCATTGCGGGGCATGAAGAAACGCGCGGAGTTTTTGGCATGGA  
 AGAAAAGATGCCTCCTGTTTCAGCAATCACGATAACTGCCGAACCAGAGCTGTATCACCTTGACTGCCCCATCGCCATTC  
 AGAGAGTGCATAGCGAGTTCCGCGTTGCTGACCCGTTTGGTAACGGATTTTCGTTGATTCTTGAAAAAGCCTTTGAGCAG  
 CTTCTTGAGCGAGAAGATAACCTGGCTGGATGGCTGCTCACTTGGAAAAAACTACTAAGTAGTTCTCGACCCGAGAAACC  
 GGACATCAGACCAAAGAGCCGTTTCGAGACAGATGCCAACTGGCAACGCTACCCGAAGCTCATTGCCAGTTTAAAGACCTG  
 CAAGCAATGCAGATTTTCGAACCTTAGCCAAAATCCATGCATCCATAGAATGGGCGCTGTTCTACGCTGTTCTGTCCGT  
 CCATTCAAAAATGTGATCACAACACTCAGACACACCGAACAGGCAACATGCTGCGCTCTTGGTGAAGGCAGCGCAAAC  
 GATAGGTTTTGAACCTGCCATTGCAAGGTTTCAGACCGATTCGTGAGGGCAAGCTACGGGAGTTTCGAGGTCGGGGGAGCC  
 ATCAAGAGACGGTTCTTGCATCGCTATGCTTCAGCGCGCATGAGGCAAGCTACGGCATCCCTTGCAGCGGCTTGTCTCCGTG  
 CATCCAGGTTTTATAAACCGTCTTCTTCCGCTCAGCGTCAAGCGCAACGAAAAAGCACATGGCAAGGGGCGCGCGGATGC  
 TCCACAGCAGGAACTGGCTGATGACCCGTTTTATGCGCGAAAACAGTCTATGCGCTTGTGCCGGACATTGTTTTTGGCGACA  
 CACCTGCTATTGCGCTAGACAAGGACGTGCAAGGTGATGCACTGCTGGATGCCCGCGCCAGCATTCAGGTGGAGTTGGGC  
 TTCAAGTTGTTCAATCGCCTGGGCACGAACCTGCAGGACCGACTGGTTCACGCGGAGCGTTTTTTCTTCTGCTTGGCATGA

TGGGGATGATGCTTTGGCCTATGTTCTAGACCTCTGTGCCGCCGTACAAGCCTCATTTCGAGGGAGTTTTGGTAGGCAAGT  
 TGCCGCCTGACACCAATGACGCGCAGCTCAATAGCACGGCTGAAAGCAAGGCTATTGAGGCTGGTTTCTGTGCGGTCCTG  
 CCAGAGAGTTTTGCTAACCGTCAAGACATTGGCTGTGCGCCAAACCTTGCAGGGTGGCAGTCAATCACTAGGCGCTTGCCT  
 CATCGCGTTTTCTTCTGGTGTCTGACGAGGATGTACTTACCTCAATTTATGACGTACAGCCGCTCCTTTGTAGATGATATGG  
 CCAGCCTCATTATTCGACGTGGGCACGGCAACGAGCCATTGCCCTGCCCAAGGGCGACATCGGGCATCTTCGCAAATCA  
 GCTCTTACAACACTATCAGAACACTCATGGAATTTTGA

>BR19, 1746 Basen

ATGCGTGAGCGGTATCAAGCCCTTGAATCGGAAGCCAAGAATCAGAAGGCACGGGCAGACCAGTTAGAACGGCAACTTGC  
 CACTAATGAGGCTGCGGTGCTGAAATTGGCGAGCTGCGCCGTCAAGGCTCGGAGCTCAACGCCGAGAAACAAATCTCTGG  
 CGCAAAGGGCATCTATCTTCGAGGGAGCAGCCAACGAAGCACAAGCCGAACTCAACCGTTTTCGCTGCAGCTTATGAGCGC  
 CCCGCTGAAGTTGCCGCTCGCTACAAAGAAATTGAGATGCCGCACATCAGTGTGGATAAGGTCAAGCAGCCGGTGCAGCA  
 CGAGATCGATGAGCTAACTTGGCTCACTGGGATTGGCAATGCTTGCACACATATGGGCTACATTTCAATCCGCGTATTT  
 TGAAAGCTTTTCATACAGCGCTCAAAACAGCTGAATGGTCGCCGCTCACTGTCTGGCGGGGTTTTCTGGAACCGGAAAA  
 TCAGAACTCCCGCGCCTCTACTCGCACTTTGGCGGCATTTATTTTCGAGCCGCTGTCTGTCCAACCGAATTGGGATTCGCA  
 GGAATCCATGCTGGGTTTTTTCAATTCATAGACAACAAGTTCGATGCGCAGCCGGTGTCTGCGCTTTCTCGCGCAAAGTC  
 AGATATCAGGCCACGAACGATATGAACAGCGTATTAACGTTGGCAGAGTATGTCGCCGGATCAGCAAATGGCACTTGAC  
 CCTGAGAAGGACAAAAATCTAATTGAAGCGTTGAAACAAGCAGATTATCCAGGATTGCAGGACGCAGTGTGTCTGGTTCT  
 GCTTGATGAGATGAATCTAGCACACCCCGAGCTTTATTTTTCGGGATTTCTTGAGCAAGCTAGAACTGCGGCGTGGCAGAA  
 AGGGTAATGACGTCCCGTTCATCCCGGTGAAAATCGGCGCAGGCATGGAGCCCTATAAACTTCCCTCGGTGCGCAATGTG  
 CTTTGGACAGGGACGATGAACCAAGATGAAACCACCAAGTCACTTTCAGACAAGGTGCTTGATCGATCCATCATCATCAA  
 CTTTCCGCGCCCGACGGAGCTCAAACGCCCGCTGAAGCTTGTCCACTTGATGACAAAAATCGAGGCCAGCGCTACACA  
 AAACGTCGTGGCAGAGTTGGCTAGCGCAAGGCAGCAACTTCTCCGACGATCAGGTGAGCCCGTTCAAGAAATTCATTGAA  
 GGAATCAATGCCTCTCTCGCGGTACAGGCCGTGCTCTCGGTACCCGCTTTGGCAATCCATTGAATACTACATGGCCAA  
 TTACCCGGATGTTTCGTGCTGCACCCGATAAAGATGCGCTTGGCAGGGCTATGCATGTCGCTTCGAGGATCAACTCGTGC  
 AGAAGGTGATGCCCAAGTTGCGGGGTATAGATACACGCGCAAGAGCAAGACGGAGTGCTGGACAGGATTCGTGGACAG  
 CTCGTTACAGGAATCGGGAGTAACTCATTCAATCTGGCCGAGGATTTTCGATCTCGCCTGCGATCTTGATATGGTCAGTT  
 TATCTGGCAATCAGCAAACCTAAACGCCGCGGATACTATCTCTGATAAAAAACCTACGGCTGCTCTGGCGCCGGACG  
 GGAGCGAAGAGCCACATCCACTTTTTATGAAAGAATCAGATGCAGCCAAACGCCGTAAACTCTGGAGCGCAAAGACACCT  
 GAGCAACGAAAAGAGCTTAGTGAAAAGCTAGAAGCGAATGCCGGAAGGGTTCCACATAACTCATGA

>BR20, 3345 Basen

ATGACAGTCAATCTAAAAAATCTATGTGGGTTATCGCGCTAAGGAGAAAAATTTCTAGCGCCTTACTTGAACAATTAGA  
 TTGGTTTTATCGGGCTGCAGATTTTCGATCCGAAAACAGGTTTGGCGTTGCCGAGGCATTTGTCTCTTTTTTGAAGAAAA  
 TTGCGCAGCCTGTAAATAACAGCATAATCCATGATCGGCTTTGGCGTATCACAGAGCACAGCCGTGCTGCACTCGAACAT  
 CTAATGAGATCACTCAACGAGAGCCCGCTGAGCAAGCCATTGATGCCCATTCATGCTGTGCGCGAGCTCGAGCCTAA  
 CAGTTTTATAAACTCAGCAATCGCCAGGGCGTACCATTGAGAAAAAATGCTGGTAAAGCCATATGCAGCTGTGTC  
 GTCGTTTTCAATCTGTGATCTGCCCAGAAAATCGTCTATTGAAGGCATTTGTTTCGCCATCTGTGTAAGTCTTGAATTT  
 CGCCTAGATTACCTCGGCCATGAAGACGAGATTCTGCCAAAAATACAATCTTGGCTGCACTCCGAAAGCCCAAGCGAT  
 TGGCAACTGGGACAATCTGCCACCCAATAATACGCTACTCTCGCACCGTGATTATCGACGCATTTGGGATTCATGGCGGT  
 GGCTACAGACCTTGGATGATGATGTGCTGGCGACTTTGTCCAGGTTGAGGCACGTGACAAAAACGATGCGCTTATGGAGA  
 CAATGCGCGCAAATGTGGTCTTCCGAAAACATCTATTTTCTGAGATGCCGCTTATTTTTGACTACGAGAAGTTGAGAT  
 ACTTCCCTGGTCTTCAAACCGCCCTTGTTCATAACATCAAGGAAGAATATTTTCGCGGCATAGCCTGCAATGTGAAATCA  
 CCGATCCAGTTTGTGTTGATTTACAGTCTTTCGCGCCGAGTTACGACTGCGGCGACGGTGCATTCGCACAGTCTTTGCC  
 GATACGTTTCTGTGGCAGCAATGGAGGCGCGATGATGAGAGCATCGACATCGAACTCTTCCACTCCGATGCAGTTTGGCT  
 TCATCCGCAATCGATAACCATATCCGGGCCAGACCTCTTATTTGCCAAAGGCAACACATCAGAGAACTGCGACCGTGCCG  
 CTCGCGCATTCATATTCGGCTGCACGAGATTTTCAGGAATGACACACTCTACTGGCTGGTTCCGGATTTTCTCAACGAC  
 TTTGAACTTGAGCTTATCCGTGCGCAATCTCAATGCTCGTTTCTCCAACGCTGAACCGTTACCAGCGCAGCGTGGCAGCAGT  
 TTTTCGCGCTGGCTGATCCAGAAAAATAAAGGGTGGAGGTTATGCCGTCGTTGTTGTAGATACCATTTGGCAACAAGACCT  
 GTGCAGTCAAGTACTTGGCAAATTCGACGAGAACCTGAAAAACGCTTTCATAACTCGCGGATTTTATTTGGGAGCGC  
 TGTCCACCAGTTATCATTGCTAACGCGGATGATAATAGAACCGAATTTCAAGGCTACGATATTAGCGTGGTTGATGCCCA  
 AGAACGGTGGCAGCATGCAATTCCTGCTAGCAGGAGCGGATACATCGATCCGAGCACCTCAAGCGGATCGGCGTATCG  
 GAGGCTTCGCGTCTGCAATCAATCAACGGGAAGCCCGTTGCAGGTGGCGTCCGCTACATAACCTCCAGCAACAAGCA  
 GGTGACATTCGCTATGGCGTGTCAAAATCCAGAACTTTCAATCAAGGTGATGAAAGATGGCCACTACCAACGCTTTTCA  
 CTTGGTTTTACGTGGGACAACATCAAGCCTGTTTCGCGGAAAACCCGTTTCATTCCCATTTGCTGAAGAATTCACACTTC  
 TAGCAGGAAAACAGCATTACTCGTTCCCACTCTACATCGGCAGCAATGCTGACGACCTTGGCTTTTTCCGCTCGTCTCGAT  
 TCACCCGATTTTCCGCTAAAAGGTGATGTCTGTGATTTAAACTTGACCTTTGAATACGGCGCAGACACCCCTTATAA  
 GCTTGTGTTCACTCCACGCGCAGAATCAATTCGACCCATGCGGGCAACGTGGCAGCGCATGGACGAAAATCGTCAATCAGCG  
 ATGCCCCCGCGCCAGAATATCCAACGCCGATAACGTGGTCCAGATTTGCCGATTTTCCGAAAATCCGGCAGTAATGAACT  
 ACCGACTTGTCTGACTGGATGCAGAGGGGAATTCACAGCTTGACCGCCATCTTTATATCCGTCCCAAGCCAGGATAAC  
 AGGTGAAATAAGCAGCGCATGGAAGATTGATAAAAAAGGAGGGAAATTTACCTTTGCGGCTTGCATGCAGTGGAGGACT

CCGTTTTTCATCCATCAGAATAGCTTTATTCATGAATTGAATTTTCGTTGACTTTTCAGAGGGGCAGGAAATCTCATTTCGAG  
 CTTTCGAGAGCGCGAAGGGAAATACTCTGGCTGGAAAAGTGGCTGGCCCGACATATAAGGATGCGGTGCATTTAAAGTTTTT  
 TGATAAGGAATCAGAAAAAGACTTAGTCGCCAATATTCGCAAGAGCCTTTATTTTCCAGTCATTCAGGTTTGGCGTGATG  
 GTCGCTCGATCAGTGATCCGGAATGCCCGCAAGATTTTAGCGCCGCAATGAAAAATTAATTGTGAGTATCTCGTTGCCCTA  
 TTGTCAGAAGATGAGCTTCTGAATCAGTGAGGGCAGAAATTATATTTCTGCTTTTCTGTATGCATAAAGATGTGCCCTGA  
 CGACTGCATTCAGTTGATCTTCGATAAGATCAGAGATGGTAATATTTCTTGAAAAGAGCCTGGTTCGGTTTCGCGCTTGGTG  
 ATGTTTTCAAAGCAATGGCAATATGATTTGCTATCAAACTTGTGAGAATCTGACAGGCGATGTGCTTCGCATTTTTTCT  
 TACGCCATCTGGCGAGAGCAGAATTTTCGTTGATAAAATATGCCTCGCGGACATGCGTAGCATTTCTGAATACTCTGAGCAT  
 CATGCTTGTTAACATAAAGCAGTGTCCGCCACGGAATACGAGAAAGACGAATGGACTGCGCGTAATTGGATTCTGTTCTA  
 CAACGGAGCCACTGAACTTTTGTAGGCCCTGCGCACCCGGGCATCGTCCAACCTGAAATCAAAATGCTCCTTCAA  
 CCGCATCAAAAAATAACTAAAGAATTTGCGAAGCAAATGAGCATGTAAGTAAATCATCTTGACGTCGGATATTCCTCT  
 TTTTTCCCGTGTGCAACTCAATCTCCAGAAGCCGAAGAGCGATCGCGCGCCCGATTTACTTTATGCACTGCGACTTTACC  
 TCGCGGGGATGACGGAGCGGACGCGATTACATCTCCAGTGTTCCTGATGGAAATTCCTGATTGA

>BR21, 1935 Basen (revers komplementär)

CTAATTGATGGTTTTTGAATTAATCAAAAATAGATATGGATTATTTGAGGCCGGAAGATCGAAAACCATTTGTGGTTTGA  
 TAAGTAAATAGCCATGTAGCTTCTCGATTTTTCTGGGGCTGTGACTTCGCACGTCCAGATGTTCAAACCACTCGGGTGC  
 TTGCGATGTAATTGCAGTCGCTCGAAGCGCTTCTGCACCCACTGCCAATCCTGCAGGTTCTCCTGTTTGGCCAGTTTGGC  
 TACCTGCGGGTGTCTTGGGCATAGCGCTGAAATACGCCGGGGCTGACTAGGTAGGCGGTGTGCTCACGGTATGCACCA  
 GCGCTTTCGCATCATTGATGATGAGTCGCCCGCTGGCGATGCCCTGTTTTCAGCCACGCCATGAAGTGTTCGCCGGATGGC  
 TGTGCCGTTCGAGGATGTGGAGGTTCGGCGCGAAGGCGCAGCGCGGCCAGGGTTCGGCAGTGGCGCATCCGAGAGAACGAT  
 GGGTGTCTTCGTCGGGGTGGTTTCCACATCCTGATCGTTGGTTGGCGAGTTTCTATTCCTACCATCGCCAGCATGTCT  
 CCATGGCGTCAGGGATGGCCAGGGCCTTGGGCGGAAGGGCCGATGCGATTCCACGACCTTCCACTGGCGGAGCGTTTTGG  
 TTTTCCAAGGCTGACGCCCGCGCTCCGCAGAAAGGGGGGCTGCTGCCTCGGCAGCTTCGCTGCCAGTGGCGCGTCGAT  
 CGTCACCATCCCTGCAAAGGGTGTGGTTCGCTCACAGATTCCCAGATCAGCGCGGGCGCGAGGGCGCAACAGGGTGAACG  
 AGTGAGTCCAGCCGGTGGAACTGGTTCACGGTAGCGCGCCAGATCGCTTTGCCGTCCGGCGTGGACTGCAACATGCCGTGG  
 TCCTGCAGCACGTTGAACACGGCGGTGTTGTTTCGAGGGATGCCGTGATAACCTGGGATAGCAAGTGCGCCCGCAGCTT  
 GTCGAGACCGTTTTGCTGACCAGCCACAAGCCATCTTCGGTTCGAGCCAGCCATCGGAGGCTTCCGGCTGGTTCAGCTTCA  
 ACTGTTCTTTCGAGCAGGTAGCGCAAGCCATCGAGCAGCTTGCCTTCGAGCGCGTGTTCGGTTCGCGCCATGGCACGTGTG  
 GGGTTCGCCACCCAGTTCTTGGGCCACGGAAGCCCGGTTCGGCTGCACCACAGTTTCGCCAGCACCCCTGCATGCTCGTA  
 CTGCCCGGCCAGGACATAAAGCAGCGGGCCACAGTATGGGTAGCTGCTGAGCCAGTCCAGGACTTCTCGGTCAAGCA  
 GTTGGTGGTAGAGCAAACCGCTTTCGGCGCTGTGCAGGCGGTAATCGCGATCGTTCAGGTCAGCGGAAGCGGTATGGCTGG  
 TGTAGCGGGCCGTGCCACGGATGCCAGGTATTGCCGTTCGGCCAACTCGACGTGCAGATCGACGGCGATCTTGGCGATGTC  
 GTGCAGCAGGGCGGGCTAGGCGATGGCAGCAGTCCACGCTTTCGGCTTTCGCGAGCTTGGTCTTCCGGGCTGGCGCCGATGG  
 GCAGCAGATGAGACTGGCGCAGCTTTCAGGCTGTAGGCAACGATTTCCAGACCGTGGTTCGAGCATGCCGCTGGGTAGGCA  
 TGGTGTGCGCTTTCGGAGGCAGGGAAGCCCTGGACCAGCTCGGCATAACGTTCCAGCGGCGCACGGTACAGCGCGGGCAA  
 CTGCTTTCGCGAGAGCGAGGTGCGCTGCCAGATGTGTTCCAGCAGCTTCTGCCGGCGCGGTGTTCGCCAGCAGCGATGCCG  
 CCGATTCCGGCCAGATCAGCCCTTTCGGGAGGTTCGGTGGTGGGTGCTGGCGATGGAGCGGCAGCGACCCGAGCCGTTTC  
 CGCTGGAACAGAGAGACATATGGATTTCTTGGTGGCTGGCCAAGCGGGAGGCTTTTCGCTTTTCGGGTAGGGCCTTT  
 CCCCTTGCACCCAT

>BR22, 318 Basen

ATGCCTGCCATTACGAAGTTGCCACGCTGACCTCCAAAGGTTCAGATCACGCTGCCCAAATCCATCCGGCAGGCGCTGGG  
 TGCCGATACCGGCAGCAAGCTCGCGTTTCGAGCTTCGTGGCAGTGAAGTCATCGTGACCCGCGCCGATGCCGAGCACGAGG  
 ACCCTGCCATTGCCCGTTTCTGACCCTGCTGGCCCACGACATTGAAGCGGGCCGGAATGTGCGCGCCTGCCCGAGGAT  
 TTGGCTCGCACCATGCTGGAGCACGCGGGCCACAAGGTGGAGCTGGCGCATGATTTCAATGAGGACGTGGAATCTGA

>BR23, 459 Basen

ATGCGACAGCATGGCTGGACACTGCTGTTCCACGACAACCTGATCGAGCAGATGATGAAGCTGCGTTCGGCTGTGCTGCC  
 CGCCAGGAGAACGACCCGGAAGGGTTTTGGATCGAACGCCAACGTCAGTTCTTCCGGGCCCTTGGTTTCAGTTGATACAGG  
 ATGTGGTGCCGAGTATCCAGCACGCGACGAGTACCGTCAAGGCAATACCATGGGGCCGGTCTATCGCCACTGGCGGCGA  
 GCCAAGCTCGGAAGGCGATACAGGCTGTTCTTCCGCTACGACTCGAAGGCCAAGATCATCGTGTACGCTGGGTCAACGA  
 TGAGCAGACCCTGCGGTCTTTCGGGAGCAAATCAGACCCCTATGCCGTGTTTCGAGAAGATGCTCGGGCGCGGGAACCCCG  
 CGGACGACTGGAGCGCATTGGTAGAGTCAAGCAAGCAGGATTGGAGCAAACCTGGAATAG

>BR24, 366 Basen

GTGAACACCATTCTCGCACCAGCACCAGCAAGCCCTCGGACGTACCCTTGGCCGTGGATGGCGCGCTTATGCGCGGGG  
 CGAGCGGCGCACATCGAGCTGGTTGGTATCCAAGGGAGTCCGGTGGCCGGCACCCGCTGCTGCTGTGGCGGTCAGC  
 TGGCTGTGCTGGGGCTGCTGCTATACGTTGCGTTCTGGTTCGCCCTCGTGTGCTGGGCGTTGTGGCGCAGGATGGGCT

GCTGCTGCCAATACCTCGGATGACGACGAGTGGTCTTTACCGATCTCACAGAATTGCGCAAGACGCCGGGCTACGATCC  
GAATCTGTACAACGACACGTCCCACGAGCTATACACCGACGACTGA

>BR25, 1521 Basen (revers komplementär)

CTACTTCAGCTTACCTCCGGCAAGCGCCCCTGCACCCTTACCGCCCGCTTGGCCAGCGCTCTTGCTGCCGTCTGAAAGCC  
CCTGGATGGCGTGCCCGGCTCGAATTCCAACCCAGGTAAGACTCGCGAGCCAGAATCCCGGCAGTACAAGGAACATCGTC  
CCCGTGACGAAGTTCAACAGCAGATCCCCAAAGGCGTTGTTTCAGCCCCACCAGTGGATCGAAGTTGGCGTGTGGCCGGTT  
CCAACCGAAGCCCCAGCCATAGAGCGCATCGAGGATGGTGCTGTGATCCAGCGTGCGAGCTGGAACCAGAAATCGACGA  
AGAACAGCGCGAACTGCACGACGCTCACAGTAACGACGGTCTTCAGGTCGTAGGTGCCACAACCAGCACCAGCGGGATG  
CAGATGACCAGCGCCATCTTGAGCAAGGCGAGCACCATGGGTAACGCTGGCGCACCACGTCCATGGCCGGAAAACGCGGC  
AATCGCCCCGACGGCCATGCCGACGTGCGCAGTGGCCCGCTTACGATGTTTCGGCAGGGTCTTGTGATCTGGCCGCCGT  
AGTCGGTATAGACGCTGCCCTGGTTTCAGTTTCTGCTGCCTCGGCGAGGCGATGGTTCGGATCACCGAGTCGTCCACCTCG  
GCTCGGCTCAGAAAGCCGGCCCAGCCCGCAAGCGATTTCAGCAGGCTTGGGTCTACCTGCCCCAGCAGGCGTGCAGCGAG  
GCCATTGCTGCCATCGGCCACCACCTGCCTGCAGGACGGATAACCGCCACCCTGGCCACCTGCGCAAGCCCCGCGTGC  
GGGTGCTGTGCTAGGGCCAGTCATCGCGTGGTGTGCTGGAGCGGTAGCTATCGTAGTAGCCGCCGTGTCCGTGAAAAAC  
CTCGACCCGATCCAGGTCACGTCGTGCATCTGCGCCTCATCGAGGTTTGGGCGCTGCATGAACAGCTTGGCGCGCGCCGG  
CCCGTAGCAGTCTCGCGAGAAATCCGCCACTTCTGAGCCAGCACCCGGTTCGTGATGCGCGTGCAGTCTCCATCC  
TCATTTGCCGAGGTCTGTGCCGCATGGGATCGCTGCCACCGAGGCCCTGTGACGGCGCGCGAGAGCGCGTGCATGAAG  
GCCCACCAGACCGGCACCTTCGCCGATTGGTTGTTGAGCGTGCTGAAAAGACTGCGACCAGCCGGTGCAGGAGGGTTGTGG  
CAGCTGACCTGGCACTGCGCCGAGCGCGCGCTGTGCTAGCGGATGGTGTGAGATCCACGTCGATAAAGGGGATGCCGG  
CGAACATCACCACCACGATGGCGACGAACACCCGGTTCTCGATGCGCGCAGCTGAGAGCACGCCCTTGTTCCTTCGTCG  
GCACCCTCCGCACGGGCCCTTCAGCCATTCTGCACGATGATGGCAATGAAAGGCAGCGCGAAGACACCCGCTTGCCACCAG  
TACCGCCCAGATGCCGTTATGGACAATCCACGACACCAGCGTCAGGTAGTACTCCAGGTAGTCGGTTCGTA AAAAGCGTCA  
T

>BR26, 372 Basen (revers komplementär)

TCAAGCGGCCTGCATCAACAGGCTGGCTTCCAGCGCCACAATGGCGGGCGGCCAGCGATCTCGCTGCGCAGCAGTCGCC  
GCCGCGCCAGCCTATCCGCCCCGCGTTGGGCTCGCGCGCCAGCAGGCGGCGACGCATCCAGACCCAGCCGTAGGCGGTT  
GCGCCGTACAGGCACAGTCGCCACACCAGGAAGTAGCCCGCCGTGGCCGTGACCCACCGCTCCCAACCGGCCACACTGCC  
AACGAGATAAATGCCGACGATGTTGGTGCCACCAGCGACGGCAACGAGCACCAGTCCACAGCAGCGCTTTCGCGCGCG  
GTCGGTTGAGCAGCCAGCGTGGGCGCAGCCAATGGCGCGCGGCAGGTTTCAT

>BR27, 1419 Basen (revers komplementär)

TCATGGGTTGCCCTCCCGATTGCCCTTCTGGAGCCGGTTCGAGGCGGTTCGGGAATGGGATCGCCTTCGTAGATGCCACGCG  
AGCCAGCCGCGCGCGTGCCTGGCGCTGGATGATGGCCATGGGCGAGTTGTTTCGCCAGCTCACGGCGCAGCTCCAGCTCG  
GTCTTGAGGTTGCGGATCTCTTGGTTCGAGCGTGTGCTTTTCGTGGTTTCACGGCCTCGACCCGCAACTGGTTTCGCCCGGAC  
GTTGGGCTCCTTCTTGCCGGTTCAGCAGGGTACGCTGGAGCAGCAGTGCCTTCTCCAGCACCAGCCAGCGCGACCTCCG  
AGGCCAGGCGCCGCGCCAGCAAGTCTTGGTTCAGGCTCGTCGCGCAGCGCCTCGATGACGCCGCGGGTGATGGGCGAGGAG  
GTGCTGCCGGCCGCGCGCAGGTTCTCGAAGGTGGTATTGCGCGTTCCCGAGACCAGTTCCTGCAAGGCCTCCAGCTTGGC  
CTCGTACTCCTCCTGGATCAGCGGCGTTCAGCCCGACCCGGGACCGTTTCGGTCTTGGTGCAGGCATCGCAGGTGCGCT  
GCACCTGTTCCCAAGAACCCGCGTGGCCCATTCGGTGCCTGCTGCGGCGAAGTCCAGGTCTGGCAGGACAGGCTCGCG  
CAACTGGCGGAAGCGATGGACGACGTGTCGGTTACGCTGCGACCGGTTGACCAGGTTGTAGCCCGCACGGGTGACGTGCC  
GACCACGCGGATGGCCGACTGACCTGCACCCGCCGCTTGTTCGCCCTACCCAGGGCACGCCGTGTTGCCACGGCGCG  
TCTCTGCCTGCTCGATCGCCGACACGGCATCGGTGCTGACACCCGCATCGCGCAGTGCCATGCCCTTCGGCCATCTGGCTC  
CAGCCAAGCTGTCCGCCCGCGTGTGCGCCATCTTCTCGGCCATGGCACGGCAGGTCAGCTTGGAAACGGTTCGAAATCCAT  
CCGTGCCTGCAGCACGCCGTTGGTTCAGCAGGTTGTACAGGCCCGGATCGGCGCGCTGGATGATCAGCGCAGGCAGCGATG  
CCACCGCGCTGGTGGCGCTCTGGATCACGTTGCTCATGATCTGCTGAAAAGCCGTTGGTTCAGCGCCGTTGAGCTGGTTGCGC  
AGCGTGGTTTGGATGCTCATGTGCGCCGAGATCAGGTTGCTGTTCCAGCCACGCCGACGCCGATCAGAGCGATGCCGGC  
CGCACGCCCCATGGACACTGCGCTACCGCCGCAATCGAATACATCACCTCGTCGCCGATCAGGAGCCGCCGTTTGA  
AGCCGGTCTGCGCCACGCCAGGCGCTGCCAAGAACGAGCGCGCCAGACAGCACCCCGTCAATACCCAGTCAATACC  
GTGGGACGCAGCAGGCGGCACGCCTTGGTGGAGAGGTTTGTTCAGTTCAGGACGCTTCAT

>BR28, 948 Basen (revers komplementär)

TCATTGGAAATCGACGCTGCCGAGGAATACCTGGCCGCGACGCTCGCAGCACGCATAGGGCCGCCACAGTCCCCAGGCGT  
AGTCGCCTTGCTGCGCCTGAGTCAGAAAGCCGCTGCGGGGGAAGACCGTGCAGGACGAGGACAGGACGGGCGTGAGTTCC  
TGCCACTTGCCCGTTCGAGGCATCGCTTTCCATCAGCGCGCCGGCAGGCCAATATCCGGGCCGCGAGTTGGCGAGCAGCGG  
CTGATAGACGTTGGATTTGCCACGGCGCGTGCAGATATCGCCGGCGCGCTGGGCCACCACGGCGCCGGCCTTGTGGTTCGT  
CGGCCTGGTGCAGGAAGCCGCCACGGGATACACATTGCCCCAGAGGTTTCATCGTGGTACGCGCGCCGACCTCGCGCCTA  
CCCGAATCAGCGCCTCCGGGTAGGCCATCTCGGGCACGTTGTAGCGCCAAGCCAGCGTGTCCAGGGTGTGAGCAGGTA

CGGCATGAACGCCGTGCCCGCACCCCTCGCAGAAGTAGCCCCGAAGACGAGACGAACTGGTTGAACACCTCGGCGCCGGGAT  
 GGCCGATGACGTCCGCGTTCTTGAACCTTGGCGAGATTGTTTTCTGTTGGTCTTCGTTGGTGGTGCCGTCTCCGCCGGCCCTGT  
 GCGGACGGGTTGGGCACGCTCATCGCCCGGACTTCGACCCAGGGGTTCTCGCCGGTGTGCTGTAGCTGGAGACGACCCG  
 ATCGGGGATGTAGTGGCGGACTTTGATGGACGTGCGCACCCGTGCAGCCCGTCCAGGTGCAGTAGAGCCAGTAGCAGATGC  
 CGACGACGCGGTATTTCGAGGCAATCTGGTGATGCCACTGAGCCAACGATGGAGGCGGTGTTGAGTGCGTAGCTGCCCGTG  
 GCGCTGAGCAGCAGCACTGAGGCCACGCCCGCGCGCAGGCGGCGCATCCGCTCGAAGGCTCGGGTTCAT

>BR29, 447 Basen (revers komplementär)

TCATGGCTGCGACCTCCGATGTTGTTTCGATGTGCGGACGGCCACATCCGGCTCGCCATAGACCACGTAACGCT  
 GATCCACCACGACCCGCCGAATACTGATGACGCCAACTCCAAGCGTCCGGTGCAGCCCTGGTAGGCGGAAGCGATGCGG  
 CGCTGAAGGTTCGGCGCCACCTTGATTTCAGTTGGCGCTTGACGATGGCCGTGGCTGCTCGGGATCGATGGGCAGTTGTGC  
 GGAAAGCTCGGCTTCGATGCGCGGGCCTTCATCCATCTCAATCAGCCGCTCGCCACCCATGGTCTTGACCGGGTGGCGGC  
 TATCGGTAATGACCACCACATCGGCGGCCAAGGTGGCTGGGCTGAAAACAGCCAAGGACGCCGTTAGTGAACGCGCCAGG  
 CCAAGGGTTCCGCAGCCTGCTGTGAAGCGGAGTAAAGATGCTGGCAT

>BR30, 495 Basen (revers komplementär)

CTACAAAAGACCCGACTCGGCGAACGAGTACGGCGTGCCTGACCAATCAGAAATGGTTCGAGTACGCGCACGTCGATAA  
 GCGCCAAGGCGGTTCAACTGCTCGGTCAGCAGCGCATCCGATTTGGATGGCTCGGTGGAACCCGAGGGGTGCTGATGAG  
 GCGAAGATGACCGCAGCGGCTTCAGTTGCAAGCGCGCTGCAGCAGACCGTGGATAAACCGAGGTCGCATTGATCGT  
 TCCATGGAACATCGGCTCCACGGCCAGCACGTCGTGCATGCTGTTTCATGAATACAACGACGAAGATCTCGTTGGGCTCGG  
 CGACCAGCTTCAAGCGAAGGTAGTCCCTGACCGCAGCGGGCCGTTCAAGACGTGGCCCGGCTTTGAAAACCCGTCGCTCC  
 AGCAGCAGCATGGCTTGCTGAACGATCCAGTCTTCGTGCTGAGCGGCAATATCGGAAAAGTGAAGTCCAGGCAGGAGTCATT  
 GATGACGACAGACAT

>BR31, 765 Basen (revers komplementär)

CTACCTGGGCATGTCGCGGACAACGTGCGCAGGCATTTTCGGTGGTTCGGTGGAGCGGCGGCATCCTCAGCCACCAGCATGT  
 CCATGGCCGACAGCAGTGCATCGCCTTCGATCGGCCCGGCGAGCACGATTGCCTGACCGGTTTGGCGATCCTGCAGACGA  
 ATCGAAGGCGTTCGCGGTCACGCCGCCCTTGGTGGCTTCTCGGCCTGAGCGCGAATCACCCATATCCGGTTCGCTCGCTGGC  
 CAAACACTGCTCGACGGCTGGGTTGAGGCCGGGATAGCGCAGACCCCTCGGGCAAGCCCAAGCCGTCGCTACGTGTGTGCG  
 CATAGATCCATTCAATGGCCTGCCAAAAGGCCGCATGCCACCTGTCTCGGCGGCGCACTCGGCCAGGCGTGCCTCGGCG  
 GAGGCGGCGGTTTCGTGCGCGGCCAGCGGCTGGTGGTGCCATTGCAGGGCTACGTCCGCGTTGGCATCCACCAGCGCTT  
 GAGTTCGCGGAAGTACGCTCGACAGAACGGCATTCTGAGTCCGGCATAGAGCGTCAGCGTGAATCGGCCCTCGGGGTTGC  
 CCATCTGCCAGGAGGAGCCCGCTACCTGCGCAGCAGTACCGGCGCGGAGGCGAGCGACGCGGTTTCGCTGGGAATGCGG  
 GACACGATCCATATCAACAGCAGCGCATCAATCCAGCGGCCAAGAACCAGGGCCAGCGCTTGTGCGAGCGCCGACGGCG  
 GAACGCCTGCACCGGCATAGGAATGGAAGGACGTTTTTCGGTTTTAC

>BR32, 2910 Basen (revers komplementär)

CTATTGCGGCAGGCCACGGCTGGCGACTTGATGCCGCGCGCCTGGTTCGATTCTCTCGGCCACTTTGAAGGCCGCATCGA  
 GTTTCGCTGATGCCGTGTTGCTGCATGAGCTGGTAACGCTCGGCCCTTCTCCTCGGGTTCCGTCTGCGCGAGCGCGAGATAG  
 AGGCTCGGTGGCACGGCCCGAAACAGCACTTCCAGGCTCTTGGAGAGGATGACGCCCTCGGTGAACTTCCCGGCTTCTCTT  
 GCGCGCGGAAAGCATCAGCGCCTTCTGCGCAGGCGAGAGTTTCGCGGAACCGCGCGATCTTCTCCACCTCATCGGGCGGCA  
 TCGACAGGCAGATCCACCACTCGATCATGTTGAGCATGGGCTCTGCAGCGCGCGCAAGTCGTGCATGTTTTGTGTGGCG  
 AGCCAGAACCAGGCCCCAGCTTGCGCCACATCTTGGTGCATCTTACCACGTAGGGTGCAGCAGCGGGTTCTTGGTGCAT  
 GATGTGTCCTTCGTTCGGTGCATGATGATCGGGCGGCCAGGTAAGTGCAGCGCTCGGCAATGTTGTTTACCCTGCTGA  
 TCAGGCTGATGTAGGCAATAGAGAGCTGCGCGTTGTAGCCTTTCGCGGGCATAGGTCGCCAGATCCACCAGGGTGCATGTCG  
 GCTTCGGGCCACGGCAACCGTTCGCGGTCGAACATTTCCCGTCCGTCCTTGGCAGAACATGTTCCATGGCGTCGGCCAT  
 CTCCAGCAGTCGCACACGCCGATTTCCGGCAGCGTCCGGTCTGCGCGTGCAGCGCGGTTGCGCACATCGCGCG  
 TGAGAACGGTTTCGCTTCTCGCCATCCTTGTGTGGCAGTGCCTCGGCGGCATCGAGGATGCACTGACGGATCAGTGAGCGG  
 TCGGCTCGCGTCATCCGGGCTTCTTCTTTATCTTCGCCCGCGGTGATCATCAGCCTCGCGGTGATCTCCAGTTCACCCAG  
 TACGTGCGCTGCTCATCTGCCTCCATGGCCACAGCATCGGGAGGAGGTTTTCATCCAGCGCATCGGCGTCGAGCGTCT  
 GCACGTGCTGGGCTCTCGATCAGCCGGCGCGCATCCGCGAACGGCGCCAGGGTAACGCCCGAGCCCGGAGCGAGCTTG  
 ACCCGATTACGGTCAGGCCCCAGGCGCCGGGCAAAGTGCCTGAACAAGCCGAAGCTGTTGCCGGCTCGACAATGAACAG  
 GCGGGGACGGTAGATCGCCGTGACCTGATTCAAGAGGTTGTTGAGGGTTCGCCGACTTGCTGAACTGTGCGGCCGAACA  
 GAAACAGGTGGGCATTCATCTGCCGATCCAGGCGGTTGAGCGGGTGAAGGTGATCGGCCCGCCCGCGGTTGAACATC  
 GTGATGCCGGGTTGCCCGTACCTTGGGCGCGGCCACACGGGCGAGAGGTTTCGCCGCTGCTGGGCGAACATCAGTTG  
 GGTGTACCACTTGCGCCGATCCTGGCCGGGTTGTAGCAGCACGGCAGCCAGCGCAAGTAGCTGTTACGCGGTGCCACCT  
 CGTGCCTTTCGCGAACCGGCTGCAAACCGGCGTTGAGCATGACGTTTCGCCAGGTCGAGGCCGCGCCGATCCAGTTCGGC  
 TCGTTCGCGCCCGCGCAGGTAGAACCAGCGTGCACAGATAGAGCTTGTGCGCGCTGCCGATCAGGGAGCGGGCTTTCATG  
 CACGTCCTTGCAGCTGCTCGGATGCCAGGGTTTTCGCCACGGCCTTCTTCGCCAGATGATTGAGATCCGCTTCGAGAA



CATCCTGCGGCGTGGCGACCAGCGTCAGGCCAAAGGATGGTGTCTCGGGCATCTGGTTCGAACAACGTGTTGATGGCGTCG  
 CCCTTGC GCGTCTCGCCGGTCAGGTGTCCCGTGCCTGGCGGCATGCGCAGGCGGTTCGGTGATCAGCACGCGGTGCGGCAT  
 GCCGTGCAAAATGCCAGGTGCCGTGCGCCACGTGCGAACGCGGGCTGGCCGAAGAACAGCCGTTGGCTGAAATCCCCTCCGC  
 TCGCCAGCTCGATCTCGCCGTCTCGCCTTCTCCGCACTGTGCGGGATAGCGCGCAATGTATAGAAGCGCTCCCCTGCT  
 TCGGCCCCAGGCCGAGCAACGTGGGGCGCGGGTTGAACCAGCGCAGCAACCAGTCATGAACATCTGCCGCGACCATGCG  
 CCGGGCCTGAATGCCGGCGTTTCGCCAGTCCGCCGACAGGCGGTGCGAGACGATATTGAGCATCTGCTCGGGCGTCTGCC  
 CGCGACGGCTGTTTTGCCCTTGCCCGGTACGCGGCGGTAGACCACCATGCGCACGCGCCGGTCTGGCCGCGCCAGCGC  
 AGCCGTGTGACCACAGTGTCTCGAACAGGCCGCCCGGCTTGCCACCGCGCGCAGGTGGTGGCCGAAGAAGCGCAGGTA  
 GAACTCGTGAACGCTGTATCACGGGCGCGGGCTGCACATAGTCGCGCAGGGTCTGCATGTACTGGTCAAAACTGGGCT  
 CGTCTGGGCGTAGAGCTGCAACACCCAGGGAGTTTCGTCCAGTTTCATCGAAACTGTCCTGCAGCGCTTCTCCAAGGCA  
 TCGCGGGCCTGCGCGAGCCAGCCGGGTTCCCGCCTTCGGTGCCAGCGGCACCAGCTCGTAAAAGGCCGCCACCGATTG  
 CCCGTCTCCAGCAACATGGCCTTCGACTGCGGCAGGAACTCCACCCAGGGCAGTAGTTCCACGAACGACGGCGCGACCT  
 CATAACGCGTCTGCTCGTCTGCCATGGTTCGCCGGCTGTGACCTTGACCCGCGTGCCTGGGTTTCGGGGATGCCGGCTGG  
 TGCAGTGCCTCGACGTGGCGCTGCCAGCCGTCCGGCTGCTCGTCATCGCCAGCGCCGGACGCGGCCAGCTTCGGTGCGGC  
 CAGCTTCGGCCAGGGGAGTTTCCAACGCAT

>BR33, 450 Basen (revers komplementär)

TCAGTAGTCTCCACGCGCTCGCCTGGCATGGCGTACTGCACGCGCTGGTACAGCGGGAACACAGTCGTATAGCCCGGAA  
 TCGGCACCGGGTCGGTGCCTGCCAAATGGGGATACACGTACATAACGAGGTTCGGGGTTGGGCAGGCGCTGGAATGGCGA  
 TAGACCTCATTGCGCGCGGTGCGCGTGTAGCGCATCTGCTCGGCAGGTACGGCTTGACAGTTCGGCTCAGCGGACG  
 GCGAAGGCTCTGGCGCGCATCAAGCAACTGTCTGCGCGCCACCTGGCCGGCGCCACCGCTGCCATCACCGCGTTCTGTT  
 GCCAGATGTCCATCATCGTGTCTGTCGCCGTGGGTTCAGCAGCTTTTCTTCTGCTGGTGGCGCAGCCGCCAGCAGCGCAGC  
 GTC AAGGCCAGCGCCAGGCCCTTGAGCCCAGCTATTCAAGTTTCGAGAGCAT

>BR34, 1410 Basen (revers komplementär)

CTATTCAAGTTTCGAGAGCATGGCTTTCTCTCGCGGGTATCGACCTTCCGGCCTTCTGGGTGGAAGTCGATGGCGAGCG  
 GCTTTTCGAGGTGGACGGCGACCTTGGCACCGGGCTGCACATAAACGGCAGCGAAGGCCTGGCCGTAGAGCTTGTGACC  
 CAGCTCGACATGTCTGAACGCCACTGGCGAGAATCCGGCCCCACGGCTTCTGGCCGCTGATGCCACGCTGCCGATGGA  
 GCCGTGCGCACCCGACATAGGACGCCCTGCCACTGTGCGATTTCGATCAGTGAGGCCACGCCAGCGCCAGCCGCCGTGATCA  
 GCGCCTGGGTGCCGAGGTACTGCTGCGCATTGCTGCGCCGCTCGCCGCTGACACAGGGAATGCCGTGCCGGTTCGCTGATC  
 CAGCCCAGGCCGTGCGGTTGTTGGTTGTTTTGCTGGTTGCCCTCGCGATCCTCGGGAATGGTTCGGGATGGTCCCCTCATG  
 GAACACGAAGGTGATGCTGCGCACCTGGCCGCGCACGCACGAGAGCGTCCAGTTCGCTGATGCGGTGCCGGAGAACACGG  
 CTCGGGCCACATCGGGAATGTGATACCGTTTCGCGGTCAAATTTGTCGGCCCCGACCAAGACCTTGAAGGGGTACGGATCG  
 TTCACCGTGCCTGATCGGCACGCGGCCAATCAGCGCTGTCAATTGCCACCGACCCATCAGCGTTGAGTTGGTTCGGCAC  
 GGTGTAGACGGGCGTTCGCGCTTTGACGCCAGCGCGGTGCGCCCCGCTTGCACCGTTTGCCTGTGGTTTCCAGCG  
 TGCTGTGTCGGAACCGAAACTGGTGGGAAAATTTATGCCCATTCGACCTCGCTCCATCGCTTTGTTTCCGCTCA  
 TCAGGCTCCACCCAGCGCATAACCGCCTTCCATGCCGGCCTCGTCGCCGTCACGCAGGCCACCCAGCCCAAATCGGC  
 ATGGCTGCCGCCACGCCCGCGATGCTGTCCAGGCGCTGCTGCAGGTTCGGCGAGCAGCCCTCGGTCTGCTGGCGCGCGC  
 TGTCCGCTGCTGTTGGTTCACGGCGCAGGTTCGGATTTCGAGGGCCGAACTGATACGCTGGTTCGATGGCGCTC  
 TCGCGCTGGCGCAGTTCGCTGATTCTCCTCGCGCTGCGACCTGTTGTTCGGACAGCGCGGTTCGAACTCGGTGCGCAACTG  
 CTTACCTGGGCAACCAGCGTGCACCGGTGTGCGCGGGGTATCGCCCTCGATGCCAGCGCCTTCAATTTCTCCGGCG  
 TGAGCCTGCCGCCGATCTGCGCTGGGCGGCGCCGACGCACCGCCTCCAGAGAACAGCCGGATGGCGACAAACAGCACC  
 AGCAGGGCCACGGGGATCAGTAGCCACTTCAGGAGTCCGTTACTGCGCAT

>BR35, 930 Basen (revers komplementär)

TACTGCGCATGGCGGGCCTCCCTGTGCTGCTGGCGGCTGCTTTGGGCTGCGGAAGATGCACTGCGGGGTTCGAAGCGAT  
 GGATCGCCGGCAGCAGCGACTGCGCGAGGCCGTGCCCGCGCTACCCAGGTACAGGACGGTTCGTGCTCAGATGTTCCG  
 CGTGGGCGGAGCGCCTCATGTGGAAGGTGGCGGTGAGGAAATCGCCGTGAGCATGCGCGGATCGAGGTTGATCCAGTC  
 GTTGTCTGCTGTTGGTCAAGCGCACGGCAGTACCACCTGCTTCCAGTCCGACGAGGCGACCCGCGACCCGCGCTGCCG  
 GCAAGGTTCGGCATCAGCGTCCGAGGTTCGAGGTTCGCGCGCAGGTTCACCCGAATAACGCTGGCAAGGTTCCACGGTG  
 CGCAGCGGCGCTAGAGGTTCTGTGCCGCAAAGCGTGTCAACACGACAGGGATTGGCGTTTCGCGCCGCGTTCGTCGGGT  
 GTCCGCCTGATTCTGGACGCGCTTGGGGTGTATCGGGTCCGTGAGGCTGACCGCCATAGCGCGCCGGGTTGCTGTGCG  
 CTTCAACGATGCGCACCGGCTCCAGCTCAGTTTTCGCTGTCTTGGGCGAGTTCCGCGCAATGTGCGAGCAGGATCAGCGCG  
 CCCGTGTGCGGCTCCTGCAATTGCAGCCGTGTTGGCTCAATTGGCTCGCTGGCACGCGAGGTACACCGCGCCGCCGCGCT  
 CTGCACGCGCAGCCGCTACCGACGCCCGCAGGCACGCCACGCGGACGTTTCGGTTCGATGAACACGATGCGCTCCTGGC  
 CGACCTTCAACGGCACCGCCAGCGGCATGCGCTCCCAACGTAGGATTTCCACCGCCTGGACGGCGGGGGCGCGACCACT  
 GTGGCGGCCACGGCCAGCAGCCCCAGCAGCGGAGTACAGGATGCTTCAT

>BR36, 693 Basen (revers komplementär)

TCATGGGGAATTACCTCCTTGAGGGCGCTTGCGGGCGTCATTCCACCAGGCACTGGGCGCGTCGGCTCCGGTGCCTGATGC  
 GCTGGGGCGTGCCTTCGTAGCAGTCGAGCACCAGGCCGAAGGGGTTGCGGGCGGGATCGACGTCCACCCGCGCGACCTTT  
 ACGGGGTAGCGCACCAAGGCGCGTTTTGACCTGCTCGGGCGCCGTAGTACTCGTTCGGCGCTGATGTCCAATGTCACCACCCA  
 GTCGCGGTTCGGAAATCACACGCACGCGCGCCGTGGGGTTGTGCGCATAGCTGCGACCGGGGATTTTCATAGATGCCGCGCA  
 CGCGCTGGGCGAGTTTCGCCGGTGTGCGGGGTAGTTCGTAGTCCGCGCGCAGGAAGGCTGGCAGAACGGGGTGAGGTAC  
 GCGGAGAGCGTGTGGAGATTGCGCGGGTAGTCTTCTTCGCCATTCGTTCGGCCAGCGGTTGAGGGTCTGGAACACGTAGAA  
 CGTGAACGCATAGACCGATTTCAGGCGGTACTTCCCACCACTTTCGGGGTACTGCGGGAGCGCAGGTCAGGCGGGACGTGGA  
 TGGTCAGGTCGCGCGGTGCGCTCCACCATCCTCCGCCATGACCAGGGCGACGACGACCAGCGCACCCCGCGCCGAGGCGC  
 AGCGTCTGATGTGCGCCTGCAGGTGGGTGATCTCGTTCTTGAAACGGCTCAT

>BR37, 411 Basen (revers komplementär)

TCATCGTGCGCCCCATGCCTGCCCTGCGGGTAGTCCAGAAGCCAGAGCGCGAGATCAGCACATCGTCGCCACCCAAC  
 CGGCCATCAGCGGATGGCGCGTGGCAATCCGCCATTGCAACTGCCGGTACAGCCAAGTGTGGGACGCCACGCTTGAGG  
 CGGCGCAGAATGCCGCCGCCGATGAACACGCCCAGCGCCACGCCAGGACAACGAAGGTTCGGCGGATGGCAATCGTGC  
 GAACACCCAGGACAACGGAGCGCCGACCACCAGGCCGCGCGGCCAGACAGGCCGAGCAAATCCACAACCTCGTCGGCGG  
 TGAGGCCGCGCACGACCACCGGGTGCCTGTTGAGCCGGTGTGGAAGGAACGTGACTGTCCCATCGGCACGGACATGCTGT  
 TGCTCGGACAT

>BR38, 360 Basen (revers komplementär)

TTACAGGATGCCGGTGGCTTCGGTGCAGCAGCCAGATGCCGATCACGAGCAGGACAGCGCCGATGGCGACCGTGAGGCCGA  
 ACTGGCCCCACGTCTTTCGGGCCAGTGTGGATTTCCGCGTAGGTGCCGTAGGCGTGATAGCACACGCCGATAAACATCGAC  
 GCCACCACCAGCAGGGCCACGAGCATGATGATGTCGTAGCCGTAGTTTCCTGATCGTGTCCATGATGCCGCTGCCAGCGCC  
 GCGGGTTCGGGTTTTTCCAACCTGCGGCAGGCCTTTCGCGAACGTCAGCGCGGGCAATGCGGGCGCACCCAGGACGACGGCGG  
 CGCGTTGGACAAAACGAGTAGTGAGGATGCGGTTTTTGCAT

>BR39, 234 Basen (revers komplementär)

TCAGGAGAGGAGGAAGAACGTCAGCACGAGGTACATCGCGACGAAGCGGATGCAGACGCCGAGGAACTGGCGCTGGTTGA  
 GCGGTTTCGCGCCACCCACGTCAGGCGGTTTCGGATGGCCCAGACGCCCCAGACGAGCAGAACCAGCGAACACGACGCCG  
 ACCAGGACGGTGCCTATCGCGGATGGTGCATGCGCGCTGTTGGCTTGAAATGCCGAGACCTGGGCGCCGTTTCAT

>BR40, 384 Basen (revers komplementär)

TCATGGTCTGCCCTGCGCAGTCGTTCGGCAGCGATGGCGGGCAGCCCGCTCAGTTCGGTACTCGCCAGTCAGTTTCGGAGA  
 GGTTCGCGCGGCTGGGCGCGCAGCGGTGTGAGATGGGCCAGGATGCCAGCGCGCACACGCTCAAGGTTCAGCCAGTAGTCGC  
 GGGTAATCGAAGTGGTAGCGCTCGCCCGGTGTGATGGGGGTATGCGTTCGCGCTATCTGCGACGGTTCGCTCCAGCGCGTC  
 GAGCTGACGCAGCGCGGAACACAGCTCCTGACGCTGCATCGGGGATTCGGCCAACGCCATCGAAGACTGCCCCATCAGTA  
 GGGCCGTCACGAGAAAAGTGGGCACGCCCGGATGCGCGGCGCGCAGCCAGATCGGAGCCAACAT

>BR41, 489 Basen (revers komplementär)

TCAATTGATGTACGATTGACGTACATCGTCAAGAACCTTATCGTTCGGTGGGAATAGCCTGGCCATTCAGAGGCGCAATAT  
 GACCGCAGCAGTCCATCATCCGGGAGGAGTTTCGCCCAGCGTCTTGAAGCTGTTGGTGTGTCGCCGACTGAGTTGGCGC  
 GTCAGCTTGGCGTCCCTGCTAATAGGGTCACTCAGATAATCAACGGCAAACGTGGGATCACTGGTGACTCTGCGCTGCGG  
 TTTGCTCATTGGTTTCGGTGCAGCCCCAGAGTTCTGGATGAACTTGAAGCAGCGTACGACTTGGAACTTCAGAGGTTGA  
 ATCGGGACGATCTATCAGGTTCGCTCCCTACCGGCCAGTCGTTTCGCGGCCATAAGACTAACAAGCATGTGAAAGCTACGT  
 AGGGAAGGTCTTTTATGACAAAAGGGAGCAAAGACTTTTCTTACGTTGGTGGAGGGCGTTTGGAGGAGGAGCGGCGCATGA  
 CTGATGCAC

>BR42, 996 Basen

ATGACTGATGCACCGACAGACATCACATTCCACTATCCACCAGAGCTGTTCAATCTACTGGTGGATGTCGTGCCGCTGCT  
 CAATCGCTCGAAGCAGGATGTGCTGGTGTCTTCCGGGGCGCAGGAGTGCCTGACAACATGACTTCTGACATTGCCGCTC  
 ACTTGAGGGCTGCACCGAAGGACGTCAACAAGTACCAGATGGTTTCGCACGGTGTGACCGCCTCAACGCAAAGGGGGAA  
 CACGCTCTCCGTGAACGGCGGGAAGTACTGCGGGCGGTGGTGGACTTTGCGAACTTCGATTCGTGCTGGCCCCGCCACCA  
 GCTCAAGGCCAAGGGCCTTGTGCTAGTATCCGCGAAGTTCGTTAACCAGAAAAGACGCTTTCACGCGCATGAACAATGCCC  
 GCGAAGAAGAACGACAAGCTCGCCTCGCCGAGTCGAAGCGGATCGCAGCAGAAAATCGCGAGCGCAGTTCCAGGATCGAG  
 AATGCCAAGCAGGGTTTTGTATGCATTGTTTTGGCACCCCGCGACGGCGCAGGAACCGGGAAATGCTGGAAACGGCCCT  
 CAATAATCTATTCCAAGCTACGGCGTTCTCATCCATAAAGCCTTCCACTTGGTTGGTGGAGGCTGGCGCAGGATTTGTCG  
 AGCAGATTGATGGGTCATTGAACTCGGCGGTCTTCTGTAATTCGTTGAAATGAAGTGGTATCGCAATCCGGTGGGAAAA  
 CCAGAGATTGCAGAGCATCTTGTACGTCATGTCGAGGGCCGAAGTTCGAGGTATCTTCATCTCTGCCAGTGATTACAC  
 GGAACCTGCGATTACACGGTACGAGAGTTCTGCAACACAAAAGTTCTGGTTCTCTCGACGCTTCAGGAGGTCGTACGCC

TGCTTGAGCGACAGGACGACCTCACGGATTTTTTACAAAAAAGTCCAGGCAGCACAGATACAAAAACCCGTACTTC  
TGCCCTCATGGTAACCAGGGACAAGGTGCGTCATGA

>BR43, 1008 Basen

GTGATGCCGCCGAGCAAAAGGCTACTGACCTACTCGCCAGGAGAGTGGGAGGGGTTGCTCGAGGAGTGGGCTTATTACTG  
CCTCACGACGAAGTACGAACACGTTTACGCGCTTCTCAGGTGCTGGTGATATGGGTATCGACGTCGCTGGGTTTCGCTGACG  
GAGAACGCCTTACGGGTATATGGGAAAACCTCCAGTGTAAAGCACTACGACCATGCCATCAGGCCAGCGATGTATGGACT  
GAGTTCGGTAAGGTCATCTGGTACTCGTACAAAGGTGAATACGCGGCCCGCTCGCTACTATTTTTGTTTCGCCGCTCGG  
TGCTGGCACGTCGCTTAGCCGCCTATTCTCGAATGCAACGAAGTTACGCGAGGAACTGTTTTCGAACTGGGATAAGCATG  
TGAAAGGTGCGATCACTAGCACGCAAGAAGTGTCTGCTCGATGCGGAACTCCGGGCTATGTGGACACCTTCGACTTCTCC  
ATCTTCGACGCCAAGACTGCGCTTTCAGCTTGTGATGATCATCGTGCCACACCGGTCCACACAGCGCTTTCGGTGGTGG  
ACTGCCAACGCGGCCTGCATCCGAAAAACCTCCCCAGGAAGTGTCTGTACCGAGAGTGTCTATGTGACGCAGTTGTTTG  
GCGCATAACAGCGAGCACAAAAACAATTGTGACTGACCCCTCGACCTTGTCCGTACCGAAGCTCAAGGATCATTTCCGC  
CGTCAGCGCAAGCGTTTCTATGAGGCGGAGTGTCTGCGCTTTCGCACGCGACAGTGTACCGCCCGGCACATTCGAGTC  
CTTGCTAGACGACATCCACGATGGCGTTATCGACACACATGACGGGAACCACCGCATGGCTACGAAAAAGTCTGCGCCG  
TCACCAAGGCGGCCCGGACATGCAGATTACGGCAAACGCTCTCATCACTTGTACGAACCCCAAGACCGGGATGGGATC  
TGCCATCAACTCGTGAATGAAGAGCGCTTTCGGTGGACACGATCATGA

>BR44, 507 Basen

GTGGACACGATCATGAGCCAAGAACATAAGCCGATCACCTTCAATGGCCCACTTGAGGCCGTTATTCGTGCGGTCTCGAT  
TCTGGGTGCCGCCTATCCGCAAACCTACGACCTCCAGCGGCTTGTGCGCCCTTGACTACCTTCTTGTTCATACCGGCGATA  
TCGACGGCCCCGACAATTTGCACCCACCGACACCAATGCACTCGGCTGAATTGCTCGTGCCGGAAATTTGATCGAGCAA  
TCGCTGCTTCTAATGATGACCCGCGACCTTGTGGAGCGTGAAGTTACACCCGAGGGAATCAAGTATGGTGCAGGCGAGAA  
TGCTGCGACGTTCTGTGCTCAGTATCTTCCAATATCTGCTGTCTCTAAAGGATCGCGCTGTATGGCTTGTGAAACCA  
TTGGTGACCTAACGGACGAACAGTTCAAAGGTATGATGCGCCGCTTCTTCGATAAATGGGTGAGGAAATTCAGCGCGTC  
GAGCAAAGCCTGGGAGGCGAAGCATGA

>BR45, 1878 Basen

ATGACGTCAGTAACTCCCGGCTTTCGCTTGGCTTCCCTCGGTTTTTTTCGGCCACAGAAGCCCGCCGCAACAGTGACCTT  
CGGCGCCGGTCTCAACGTTATTTACGGCGCGTGAATACTGGAAAGTCTTTCATTGTGCAAGCCATCGACTTCATGCTCG  
GTGGCAAACCACCCCTGCGAGATATCCCTGAGCGCGTCCGCTACGACCTCGTCTCTTGGGAATTTGAGACCTTGTATGG  
AAGTCATTTACGCTCTGGCGCAGCGTGGATGGTGGTTTTCCGGCTCTACGAAGACTTGCACCAGACACCGCCGACGCC  
CGACATCCCCTACCGCAACTTGCAGAGAAGCACAGCGATAGGAACAGTGCGAATCTTCTCATTTCTGTGATCAATCTAT  
GTGGCCTTGAAGCAAGCGTGTCCGAAAAAACCTCCGGAACGAAACCATCAGCCTGAGCTTTCGCAACATTCGCGCGCTTG  
ATGATCGTTCGATGAGACGGAGATCACACAACAAAGCTCTCCGCTCGTTGATGGCAATCCCACCGCCAATACGCCGAACCT  
GGCGACGTTCAAGTTACTTCTAACCAGGAGCGGACGACTCCGCATTAGTCGCCAGTAATAAGAGTGAGCCGGAGGAGTTGT  
CGCGTGAGGCGCAATTTGCATCTTCTCGATCAGCTTCTTGCAGACTATCGCGATCGGCTCAAAGAGTTGACCAAGAGTCCG  
AAGGAGTTGGAGGAGCAGCTAGAGAAGATCGACACCTCGCTTACCAACAGGCGGCTCAGGTAACACCACGGAAGCTGA  
ATTTACAGGAGGCTGCCGGGAAGCGGCGAGAAGTGCAGCAAGAACTGGAGGAAAGCCGAGAGCGGCGTGCAGAGGTCGGCG  
CGATGCTTGAACGATTCAGACTGCTCGACAGACATTACGTGTCCGATATTGAAAGGTTGCGTGCATTTGAGGAAGCGGG  
ACGCTGTTTTAGCGTACTTGGCGCCGGGCATTGCCCTCTCTGCGGCGCAACCCCGATCATCATCGCGCCGATGCTGGGTG  
CAATGGAGACACTGATGCCGTCGTTTTCAGGCTGCACGAATGGAGATCGCCAAGATCGAAGTTTTCGCGCTGAACTTGTAA  
CGACTGTCCAAAGCCTTGAGCGCGAAGGTGCCAACTTTGATCGCAGGATGCCTACTGTGGTTCGAGAGTTGGAGTCAATC  
TCAGAGTCCGTTGAAGAATTTGATCGCACCTAAGCTTTTCGACCCCTTCGCAAGTCCATTCAGATTTTTCGCGACAAGCGGGC  
CCAGGTGCGCGAAGCACTGGCACTCTACGCCACTGTGCAAGACATGGAGCGCCGTCGCGCCGACCTTGAAAAAGGCACCG  
AAGAGGAGAAGGCTGGCGCGGTTGCAACCGCAGACCTTCAACCACGGTGACCCACAGTTTTCGCAAGACTGTCGAGGGC  
ATACTGACTGGTTGGCACTTCCCAGAGGCTGGGGATGTTTACTTTCGATTCCAAGACTCGGGATCTTGTCAATTGCTGGAAA  
GTCGCGTAGTGCTTTTGGTAAGGGCCTTCGCGCCATCACGCATGCAGCCTTACCCCTCGGACTGCTTGTCTTCTGTCTGTG  
CTCGCCAGACCGCCGACATGGGATTCGTCTGCTGATTCTCCTTTGCTTGCATACCGAGAGCCAGACGGAGCGGAAGAT  
GATTTGACTGGTACTGACCTTCAAGAACAGTTCTATGCATATCTTGAAGCGTTGCCTAGCGACACACAAGTCAATCGTTGT  
TGAGAACACGGATCCGCTGCTGCAATTATGCAGCGGAGCAGTCCCTTATGTTTCGGCAAGAACCCGATCATGACGCGT  
ACGGATTGTTCCCTTATGCAACGGACTCCGCTCAATAA

>BR46, 750 Basen (revers komplementär)

TTACAGGTAATCTTGAAGCTCCCTGCAGTCAGGCTCACGGCCAGTCCCAGCAAGGCCGCGCTCGGCAGCAGGATCAGCA  
GCGGATGTACCGAGATCGGCAAGGCCAGGTACGTGACCCAGGGCAGCACGGCCAGCGGCATCAGACTGGCTTTTGTCTCGG  
TGGTAGATAAAGCCGGATTTCGCGGCCCGCCCCGAACCGGCGTACATCGCGGCGCACCAAACCGTGCATCAAACCGATAAA  
TGCCGCCGTGAAATCAGCGGCAGCGTGAGCGCCAGGACCAACAAGCGCACCAAAAAAGTGTGAGTGTGGTGAAGGCAGCGG  
CGATCAGGTAGCTCTCGGTCCAGACATAGACCTGGCTGATGAAGTAACGGAAAGTTCCGCGCCTGTCTTGGCTGAGCGCA

CGGGCGCGCTCTGCGGTCTGGCTCATGCGCTCCAGCAGCCCTGATCGCACGAATACCCATTCATAACCGGTATCCACCAG  
 CGCATGCGCCGTGCGCCCCGGCTCCTGCACGACCAAGCTGCGCGTGAAGTGTCTGGACAGGTGCCCCAACTCGTACTGCA  
 ACATCTGCTGGGAGTGCTGCCAGCCCTGGTCTTTCCAGAACAGGTGCATGCCGACGCACTCCACGACGATCGAGAACAGC  
 AGCGAGCCGATCAGCACCCCCGAGCAGCCGGAACGGTGAAGTGGTGCAGGATCAGGCCCTGGCGGCGGTTCTGCTC  
 GCGCTGCGCAGTGGCTGCGGCATCGCTCAT

>BR47, 2184 Basen (revers komplementär)

TCATGGCGCGGTCTCTTCGTTGGCCGTGCGCCCCGTGTCGGTGATGGGTGTGGCGTTGGCCGCCCTCATCGAGCAGGTCTG  
 CCGGCAAGGCCGCGTCTTGAAGACCGGGGAGCTGGTGAACCTCCACCCTGCGTCTGCTTCGCTGTAGCTCTGACGCATA  
 TACCCTGCCAGTTGCTGCAAGTCCGCCGGCATCACCTCGTCCGGGTCCGGCGCCGGCAGTGGCATGCGCACTTTCCAAAG  
 CTGACCGCCCTGCAGCAGCGGAAGCACTGGCCCTTGGGCAGGCCGACGACGTGCGATGGCTCGATCATCGGCACGCTGG  
 ACATGCTGATGCGGTCTTGGGTGTTTCGACGTAAGTCTGTGCGCGCCGGAATGTCCGAGCTGTCCGTGCGCCGCTGACG  
 ATGGTGGCCGTATAGACCTCGACCTTCGGCAATTGCCGGGTGAGCAATTGAGCGGTAGCCGTCTCGCGCACGCGCAGCAT  
 GAACAGGTTGTTGAAGTTGCCGATCACCTGACCGCCCTTCGCCCCGTTGCCGATGCGGGCTTCGATGTCCGAGAGGGTCT  
 GCGTGTACGCGGTGACTTGCAGTCCAGCGCCGCCGCCCTTGTGATCAGCGGCACGAACCTCGTCCGCCATCAATTCGTTG  
 AACTCGTCCGGCTGGACGTTGATCGGCACGCGGAGCCAGCCGATGCGCCCCGAGGCCGTCGTCGATCCCGTGCCTGTGTA  
 GATGTGGCCTGCGACCGAAACCAGGTGCGGAGAACATGGAATTACCGACCGCTGCGGGCAGCTCGGGCTCGGCACGCGCAT  
 CCAGGCCGACATAGACCACGGCGCGCTTTCCGGATCACCTGCATCCAATCGAAGATCGGGCGTGGGTGCGCCAGGTCGGAG  
 TAGTTCCGGGGCCAGAAGCTGGGCGATCTTCCCGCTGGTGGAGCTTCTCCAGCAGCGGCAGCAGCGATGCGACGATCTTGT  
 GAAGTAGGTCTTGTCTGATGCTACTGCCGAGCGCAGGCCATCGAGCACCGGATCATAGTTGCGCGCCTGCGAGAGGTACT  
 GCTCCAGCGCCACCACGCGCTTTTCGCGCCCGATCATGTTGCGCGGGATGTTCTTCTCGTTGAGCTTGGCCTCGATCTGG  
 ACGATCACCTCCAGGCCCTTGGGCTCGGTCTTGGCGAAGTAGTGTGGGCGTACTCGATGAACAGCGCGTTCGATGTTGAT  
 GAGTGGCGCTGGATCAGCATGTAGTCCGGGCGCTGGCCAGTTCCACCAGGGCGCGGGCGATGATGTTGACGAAGCGCC  
 ACGCAAACCTCGCAAATGCCGCGCTGTTGCCTTCCCCGAGAGAGTGCCTGCAACACGGGTGGCCACCTCGCTGATGCGC  
 CCAAAGCGGCCACAGCGTTGTAGCGCGCGAAATGTGCGGCCAGCCCAAATGGAAGACATAGAACTCGCCCTCACGGCC  
 CGCGCGTTTGGCCTCGACGTACACCCGCTTCAAAAAGATCGGCATCGCCCTTGGGGTCTATGACGATGACGACCTCGTGTT  
 CGCCGTGCGCGTTCTTTCGCGCAATGTCCTGGGTACGAACAACCTGGCCAAACCGCGTCTTGCCACGCGCGTGGTGCC  
 AGCACCAGCGAATGCCCGACGCGCTCACCCAGCGGCAGGCTGACGTCCACCTCATCGGGTTTCGATGCCGTGCAGGCGCGG  
 CAGGCCGCCACAGGGCGCAGCGGGCGCACCGGGTTGAAAGACACATCCAGCCCGTGAGCGCGGGCAGCCGAGACAGCG  
 GGAACGGCGCGAACTCCAGCCGTTCTCCAGCCTGCGCGCCAGCCGGTAGGCCGGCGTCAACTCGACGTAGAGGCGAAAC  
 TCCGGTTCGGTACGTCTGCATGAGCCGATGAGTGTGTTTCTGCTCCCACAGAAACCCGCGCCCCACGAATAGACGCTGCTG  
 GCTGACCGGTACGTCTTGTGTTGATCATCACGTAGTGCAGCAAGCGGCGAATGTTGCGCCGTTAGCGCAGGATGACGCGGG  
 CATCGCGGTAGCGGATGGCACCGTAGGCGCAGAACGCCAGCGCACTGCCGACGCCCATGGCCGGACTCAGCGCGAGCGAC  
 CACGGGGCCACCAGGGACAGAAACGCGGGCGCCTGCACACGCCGCGACGGTATAGAACTCCACCCTGGGGCGAGCAAAC  
 CTCGACCGGCTGTTTCCCCGACAT

>BR48, 549 Basen (revers komplementär)

TCATTGCTCGATGCCGGTGGCTGTGATCAGCACCGGGTAATGTGCGCAGAGCCAGGCGCTCGGCCAGCTCGTCACCGGCCA  
 CAGGCGCGAGGGGTACGCCCGGCACCAGGGCGCGCAGCCGTGCCAGGCCCTGCACGGTCTCGAGGTTGACCACCAGGCCG  
 ACCGCGCCGCGCTCGCGCAGCGAGGTAGCATGGCGGCGCAGCCAGGCTTGCGAAGCCTCATCGTCCCGATGACCACGAA  
 AGGCCGAGGCCCCGGTGTTCGATCACCCGCGCGCAGCGGTGCCGGGCGTGGAGCTTGGCACTGCGCACCGGCAACATCG  
 CGGCCTCGTCCATGGGCGTGGCGGGCACCGGGAGCATTGGGATGGGCGGTGCGGCCGACCATCGGCGCGCGGCTGAAGG  
 TTCAGAGCCTCGTAGTACGGCAGCGCCGACGCGCCGACCGTCTTCGACCAGATCAGCGGCTCGCCGGCACGCGAGGC  
 CAGCGGCAGAGCCGCCAGCAGCATGAGCAGACCCTTCAGCGTGAAGTTGCTCAGAGGGAGGTTTCGTCAT

>BR49, 606 Basen (revers komplementär)

TCATGGGGATGTCTCCAGGCGCGCAGCGAGGGCCGCGGTGGTTGGGTGCGTGCCCTGCACACGGGCAAGGTGGCGCGACA  
 CGTCCCGCTGTAACGGGCGGACAGGTTCTCCGCCCGCAGGACGGTGGTAGCGACCGATTGCCAGCAACCAGTCTCGCCA  
 GTGGTGTGCTGCTCTTTCCAGGATTTCCAGCGCGATGGAAGATTGCGGTACGGGTCGAGCAGGTCGCACGCGCTGGCGTA  
 GCGCTGTTGGTGGTAGCCGAGGTTGATCTGGCCAAGGCCCGCGTTCGATGCGCGTGTGCGGCGTGGCGCGCATCGCTGTG  
 GCAAACCGGCGCAGGCGTCCGCGCGTGTGCGTAACGACGCGACTGGCCAGCGACGTTGAGCGACCACGGCCACGGGACG  
 ATGCGTCCATTGCGTCCGATGCCGCTCTCTTGAAGGCTACGGCGTAGAGCACCCTCGAGGGGATGCCGTGCGCGCTGTGC  
 GGCAAGCTGGTAAGCCGGTGGCGGAAGCTCCTGGGCATGGGCGGCGCAGGCGCACAGGCCCGCCACGAGCGCCAGTGC  
 GCAAGCACTGCGAAACGGAGGTGGCCGTTACGGCTGGCGCTGCCAT

>BR50, 738 Basen (revers komplementär)

TTACGGCTGGCGCTGCCATTGGCCGTTACCTCGCGCACGACCGCCGGCAGGTCGCCGGGCAAGCTCAGCGACAGCCACC  
 GCCCGCCATCATGGTTGAGCGTGTATGCCACCGCTGCGCACGCGCGCCGGATCGACGTTTCGACGCTTGGCCCAGTCCGCG  
 ATGCGCCTGTCTGCTTGGCGGCTGCCGACCATGTACAGGTCGAACTCGGTGCCGGAGGATTGACAGGCGCTGCACAAGCTG

CCCGCAGGCCGCGCAGCCGTCTTTGACGAACACGGCCGTGCGGCCTGAACCGCGCAAGGGGTTGGCGCTTGTGCCGGCGC  
 CGGGCTTGTTCGTAGGCAGGTTACGCGCTGCATGCCGGGATTTCAGGCGCTGCCAGGCCTCGTCGTAGGCAGCGCTGGTAG  
 GCAAGCAGCTTCTCGACACGGCGCGCCTCGATCTGCACCTGCAGTTTGGCGTAGCGGCCTTCATCGTCGGTGCAGCGC  
 CTCGATGCCCAGGGCGGACAGCGGGTCCAGGTTGGGCGAGTAGATGCCAGCGGCCATCCATCAGTTCGCGATAGCGCG  
 TCCACTCCTGCGGCTGCAGGCCCCAGTGCCTTGCACCCCTGTCCGGTCAAGGTGCGAGTGACCAGCGGACGCTCCTGGCTC  
 TGGGCATTGCCGGCGGTGGCCGTGGCCGGCTGCTGCGCCAGGTGGGCAACTGGGCAGACGCGAGCAGAAGCGCGGAAAA  
 GATGATGGCTGGCTTCAT

>BR51, 642 Basen (revers komplementär)

TCAAGGGATCGCCACGCGACGGGTCTGGTGCCTGGCCTGAAACACGGCGGTATTGCCCTCGACCGCCTGTAAGCGCCATG  
 GGCCGAGCGAATCGCCGGGACGAGCACCTCAAGCTGGTGCAGGCGTGAAGTCCCGTTGCTCGGCGCGACGGACAGGCTG  
 CGCTGGCCGGCGGAAGTTCCGGCGCCACTATGCGGAACGGCAGTGGCAGCGGTTCCGGCTTGGCGTTGGCCCTGCGCGG  
 TGTGCGCGGCTGAGCGGGTGTGCTGCGGTGCGCGCAACGGTCTGGCGCGTCTTGATTTGCTCGACCTCCGTGCGCAGCGCT  
 GAAGGTCGTGAGCAGCGGCATAGCCGCTCAGCGTTGTCTCGACCTGGGCAGCGCGTGTCTCCAGGAGTTCGCGGGTGTCT  
 TTAAGGTCGTGCCCGGTTGCGACGGTTGGACGCTGCTGGATGGCCTCAATGGCCTCGGCCAGACCTACCGCTGCGCTTC  
 GAGACGTTGCAGGCGGGAATTAAGCAGCTCCTGGTGCACCTGCTCGTTACCGCCTGGTAGCCGAGAGCGACGAAAACGC  
 TGAGGCCGATCAGCCAGAGCCACATCAGGCTCTGCAACATCATGGCGGTGATCGGGCGACGGGGAGACTGCGCGGCATTC  
 AT

>BR52, 579 Basen (revers komplementär)

TCATGGCTGGCCTCCCGAAACCGAAGGCATCAGCGGAAACGTCTGCACCGCCTCGGCAGCAGGCGGTTTCGTGTGCGTGTCT  
 CGGCGGTGCGACTGCCTCCAGCCTGCTCAAAGCAAATCTGCCGTGCCCGGTCATTTCGCGTGCAGTTCCAGGCCGGGCCA  
 GCCAGGGTAAGCAGCGCATCGCGCAAGGTCATGGGGCCAAGATGCAGGTGCGCCCGGCAGCGGCAGCGCATAACAATC  
 GGTACGGCGTGGGCCATCTCGCAAAGCTGGTAACCACTGCGTTTGGAGACATGCCGAGGCCATCGCCACCGTGGCAC  
 GGGCATCCTCCGGCATGGACACATCGATGGTCTGCAACAGCAAGTACGCTGCGCTGCCGAGGGTGCCAGCTCAACCAGC  
 GTGTAGCGCCATAGCGCACGACGGGAATGAACTCGGGTGCCTCGGGTTGGGGAACGGAGGCGATTTCTCTATGGCGTC  
 TGGTGCCAGTGGCGGGTTCGTGGTGGCGCAGCCGCTGGCCAGGGCAGCGGCCAGGAGACCAGCGCCAGCAGCGCCGGG  
 ATACATGGATGGCGGGCAT

>BR53, 2280 Basen (revers komplementär)

TCAGGCGGCGACAGTTGTGCGGCCAGTGCACCTCGACGGAATCACCGTCTGGTTGAGCACATCCAGTCCGGATTTCGG  
 GCACGTGCCCCGAGGTGGACTGCGAGACCATGATTTTCTTGGCCATCAGTTCAGGCAGGTCATCTGCGAGGAACCGGAG  
 TAGCCCAGGTAGATCAGCGCACAGGCTGCTTCTGCCCGATGCGCCAGGAGCGGCGTGTCTGCTGGAGCGAGTACAC  
 GTTGTAGCCCCGACTGCATGAACACGATCGTCGGAAGTCCAACAGGTCCAACCCCGTCTTGACCAATTTCGGGATTGGTGA  
 TGAGCACGTGATACCACGGTCCAACCTGCTCCGCAATCCAGTCTTTCGCGACGGCTGGCATCCACGCTTTCGCGCAGCACC  
 GCCACCCGAAAACCTTCTGCTCCAGCAGCACCTTCAACCGGCTGGTTCGTGTGCGGTGTGCCGGTATAGACCGTGTAGGC  
 CAGGACCTTTCGCGCCCTGGGCCTTCTTCTTCTTTCAGATCTCGATCAGCTCACGCTCCTTGGGGCTGATCTCGAACTCGT  
 TGAACCTGAGCCGGGACGAACGCCAAGGTGTTGCGTGTGCGCGGATGCACCACGGTTTCCGACCGGAAGCAGCAATCCGGC  
 CAGGCCAGCAGCACGTTGAGCACACCCCCAGCAAGGTCGTATCGCGTTCGCGCCAGAGCCTGTTTCAACTCCGCGGTCAG  
 CCGACCCGCCAGATCGCGGTAGGCCCGGGCTTTCGCGCGTTCATTGCGACCTCACGGAATCTTCGTCATACGGCGGAA  
 GCACGTTGCCCGGATGTCTCTGAGCTTCAGGAAGATCGTGAACGGCAGGATGCAGCGCAACACGCCCTTGGGGCCGAAG  
 CCTGGGGCCTTTCACGTTCTGACACTGACTTTTCGTGCCTTTTCGCGGTCTTGTGCGCCGTGCCGGTGTTCGGAATAAAT  
 GTCCTTTCAGGACACCGTGCATCGCGCATGAACGCCATCGCGGCCGAGGTCATGCTGCCGCTCGTGGTTCGGGTGGTAGCCGT  
 CTTTCGATCATCCGCCCGGGAAGGGCTCGGAACAGCAGGTAGAACAGATCGTCGCCGTAGCCGCCCATCAGCGTGCCGGTC  
 AGCAGCAAGGTCTTTCGAGCCTTTCGCTGCCAGCACGCCATGGCCTGGCCTTGGGCACTGCCACCGTTCTTGTACTCGTG  
 GGCCTCGTTCGCGCATGAGCAGGTGCAACGTGCCTTTCGCGCAGGTAGCGTTTTCGTAACCTCGGACGGCTGGTAGCCGCCCT  
 CGCCAAAGCCAACTCCATATTGGCCATCGCGCGTTCATGCGCGTAGCCTGGCGGTTCGAAAACACCAGCTCGCCGTTG  
 CCGTCCATGAGGTTGATGAACTCATGGATGTTGTTCGCCAGCATCGACGCCAGGAACCCGTCACCGAATCTTCGATCAG  
 CTTCTGCGCGGTGACTGCCCCGATGGTTCGGGATGCGCTTCAAGGCTTTCAGCACGGCCGAGGACTGGTTCGCTGCCGGACA  
 GGCTGCGCGGGCGGATCAGCGTCCACAGGGGCGCGCCCAATGGCTGCATCTCCTGCGGTACTCCTCGGCTTCGAGCGCG  
 ACCGGGTTGACCGGCTCGCCGTGAGGTCGGTGTGACCGTGCAGTGCAGGACAGGACAGTCCACGCTCGCCATGGCGGGT  
 GCGCCGCGTGGTGAAGACGGGCTTCCAGTGAATCCCATCCGCATCCGCACGCGCCCCAGGACAAAAGAACTCCTGGCCCCG  
 TGGGCTGCACACCCAACTGCTCGCGCAGCTTTCGATGAGCTTTCAGCAGCGTTCGCGGGCGGTTGAGCACCCAGACCTTGGCG  
 CCCGCCACCGTCTCCTGGATCTCACGCCGCCACTTGTAAACCAGGTGCGGGCGGCAAAAAGAACAGGTTGCGCGGTTAGCC  
 TTCGGCGTTGAGCACGGCGGCGGATGCGATGCCGACGGTTCGTTTCGCGCAGCCATCTCGCCGTTGACGATCGCGGCGC  
 GTTCGCCACGATCGATCAGCAGCTCGGCGGCGGCATGGACGACTTCGGCCTGGGCTGGAACAGCTTTCGCTTTCGAGGCTG  
 GCGACGACGAATTGGCGATGCGCCTGCGGTTGGCCGGCATAGACCGCGGGTTCGCGCGGTTGAGGGAGTCGAGCAGTTC  
 GTCGCCGAACCTCGCCGACGAAATCCTGAAGGCTCAGGGTCAGAGGGGAAGATTCCGCATCGACAGTTCGCCCTGTACGG  
 GCGTTGCATCGTTGGCGGTGGTATCGAGATCGAGGGACAT

>BR54, 312 Basen (revers komplementär)

TCAGTACTCGTTGGGCAGCAACAGCGTGGTGACGCTGCGATCCCATTCCGGTGATGATCCAAATCTTCAGGCCGGGTGTGA  
CCTGGTAAGAAGAAAACAGACGATCCTCGCCGGACTTCAGCGCGGCATCGTTCTGCCGCTGTCGCTGTCGTCGAGGTGCG  
CCCCAATCGCCGCCGAGGTGGCGACGCGAGGTAGGGAGTCGGGTGAGCCGGCCCTGTCGGACCAGGTTCATCGACGCCGCA  
GGTCATGACCACCTGGCCTGGCGAGAAGCGCAGGCTCGGTGTCTGGCTGATGGAAAAGTGTCTGGGCTGCCAT

>BR55, 1122 Basen (revers komplementär)

TCAGCGAATGGTCAACACCTCGCCCCGTGTCGGGGAATCAGGCGTCATGTCCCACGCGCGGATGACGGGAACAAACTTGT  
CGGTGAGGATGCGCGTCTCGGCGATCGAGCCGTCTTCGCGCTCGGTGAATTTCCCGCTGGAGCGTCTTGTCTTGTGGGTA  
TCACCTTTGACGACGAGCAGCGCCCCGTCTTGGATTGCACGACTCCCAGATCGCGCCTGCGGCCAGAGCCAGGGCGAG  
ATGCCAGTGGGACAAGGCCCGCGCCGGTGGACGTAGCGTCTGCTGCGCGGCCCAACTGCGTATCCCAGCAGGCCAGA  
GGCCTTGCAGTCTGCCAACCTCATCGGCGAAGTCTCCGGCTCCATCGTCACGCGGAAGAAAATGCCCGGCTCCGCCGGG  
CTGGCGGGGACGATGTACGGCAGGAACGGCCATTGCTCGGCAGCTCCTCGGCTTCGATTTCGCCAAGCCCAATCTGCAG  
CAACAGACTGCGCACGGCCTTGACGGCATCGGGTGTCTGCTCACGCTGACGCACCCGTCGCCGAAGATCACCACCTGCT  
TGAAGTGCCTTCCACCGCTCGATAGATCCGCAGGTCCGGTGTAGTGGCGTGTGACCCAGCCGACCAGCTCGGCATCGAGC  
ACGTAGCCGGGGACGATGAAGACCAGCACGCCGCCGTAAGTCAACAGGGGCAGCGTGCCTGGTAGAACAGCTTTTCGAG  
GCGGGCTCGGCCCTGACCTTGATAGCCAATGTTGCCGTTGACGTCCTTGGACAGGTGCGCCATACGGCGGATGAGCCAGA  
GCAGACCGAAGGACTGCTTGGAGATCATCGTGTCCATCAGGTCCGCGTGCAGACAGTATCGACCAGACCACGGGCATGG  
CGCGCCCGCTCTGCGTCAACTCGACGGCGAACGCCCTTGGCATGCTCGCGCCCCAGGGCATGAGCCGCTTCAGCGATTGC  
CACGCCCTTCGCCGGCGCAGGGATCGAGGATGCACATCGGCCATTGGATTAGAGTTACTGGGCATCAATGCGTTGAGCG  
CTCTTCGAGCGTGGGTTTCGTCGGTCCGGGAAGTACCCGTTTTTTCACGAAATTCGGGGCGAGCCGCGGGAACATGAGAGCC  
AT

>BR56, 651 Basen (revers komplementär)

TCAAGCCGCTACCGTTTTCCGGCGTCCAAATCTTGGCCGGATAGGGATAGGCGGTGAGCACGTCCTGCGGATCAGCGAGC  
CGAGCGCCTGGGTGACGCGCCGGCACGTCGATGGCGAGCCGATGGCCACCAAAGGCCCGAGGGCGAACGGCAGGCGGGTC  
AGCATCTCGCGGCTTTGCAGCAGTTCCAGCACGGTTTTCCGCCAGTGGTTCGAGCAATGGCAGTGGGCAGGTGTCCTGCAC  
CAACGTCCACAGGCGGTCAAGCCGGTGGTTCGCTATCGCGGGGCGCAATGCCAGTGCCTGGCGTTGGCCTTGTGCGGGCT  
TGACGCAGCGCCGATCGAACAGCCACACGTTGGACAGCGAACCGAACAGCGTTTCGCCGGTAGGCGCGGGTTCATGCGCTTT  
TCCAGGCGATCGACGTTGCCGACGAACACCGGGACGCTGCCGCCCTGGTCCGGTGATGACGTTGAACTGCTCCAGGCCCTG  
CTCGTACGCCCGAGGGTCAGGCGAGCAAGGAACTGCTGGACGGCGGTGTCCCGCGCCAGATCGACAGGAAGATCAGAT  
TGCCCTGGTTCATCGCCGACGCAAGCGTCCGGCCATCAGTCCGGGCATTCGTCGATGCGATACAGCGTGGTGGAGAAGGG  
TTTGGCGGCAT

>BR57, 402 Basen (revers komplementär)

TCAGGCCGTCAGCGTCGTAGCCGGGGCTGCTTTGGGTATGCGCCTCTGCGCGTGGTAGGCGCGAACGCCTGCACGCCAGT  
CGGCGGATTGCTCCGGTGCAGATCCAGATAGGACAGCGGGCACGAGTAGTAGTACGGGTGCATGGATTTCGTCCAGCGGC  
TTGTAGCCCCACTGGCCGCCGCTGCGTTGCAGCAGATCGCAGCGGATATAGCGCAGGGACTGACCTGGCGCGAGATCACG  
ATGTACGCCGTCGGCTTTGGCCGTCACCTGCGTAACAGACCAGAGGACGTTGCCACGCAGTGCCTGGGCGATGACCTTCA  
CGCTGGTGCCTCGGTCTCTTGGCGGTGTGATCAGTTCGCGCATCAGTTCAGACCGCGATTGGGGGGAGAAAATACCAGCCC  
AT

>BR58, 699 Basen (revers komplementär)

CTACGCGGGTTGCAGTTCCGGCCTGGCGGCTCCACTCTTGGCTCTTGAAGTCCAGCGCATAACCCAGTTTCGCTCAAGCGAG  
CGATCTGCGCGCGCAGGGTCCGGCGGTCGATGGTCAAGTTCAGTTTACCGGACTCATCCAGTGGCCACAGCAGGCCGAAC  
AGCGCGGCATCGCCCTCTTCGGTACTGCCGGAGGCATGCCCGTAGCGGGCGTCGGCGCATCCACACCAAAGGGGGTGGT  
ATCGACCAGCGGGTCTGCGGATGCCTGCACAGGTGCGGGCTTGGCGGGCCTGGACGATTTGGCTGGTTTGGCCGTTATTG  
CCGGCGTTACCGCAGGCTGTGCGCCAGCTCTTCGTCAAGTGGATCGAGGTCCTGAGTGGCGAAGCTGCGTGCCCTCGTCA  
CGGCTCAGTTTGTGATGTGCTAGAGCGTCATTCCGTCCAGACTGGCGCGGATTTTCGAAAACGCATGCCACCACCGACCGG  
GTAGGACTTCCGGGAAGATGTACCTGATGATGAATTTCCCGTCTGACTTGCCTTCCGGGGTATTGCTCCAGCTCCGGGTCT  
TGACCTCGAACGTACCGAGGTGCGTGGCGAGGCGACCGACGGTGAAGGGGCGGTTCTTTCGCCGGAATGGTGCAGCGGTG  
AGTTGGCCGGGGACGACAATGGGCGAAACCGATTTATCGGATGCCGATGTGGCTGCCAT

>BR59, 915 Basen (revers komplementär)

TCAGAACGAAGCAGCCAATGCCGGCTCCTGCTTCTCCACTTACCTTCCGGGCTCGCGCTCGGCGGGCTCGGCAGGCTGAT  
CGGCAGCGGGGCCGGCGTCTCGGCTTCGGACCGGATGCGTCTGGGCTGGCGGCGTCTCGGCTTGCAGCGGGGCTCGTC  
GGATAGACCTTGGTGCCTGATCTTGCATCAGGCCGATGTGGATCAGCGTCGATTCAGGCTTTCGGCCGGTTCCCCAGC  
CGGTTACCCCTTGGTGCAGGATGTACGGATCGATCTTCATGTGCTTGGACGGAAGGCGATCAGCACCTTGCAGTCCCTT

CGATGGCCTGCACGCACCGGGCGAACCCAGATGCTCGGCTTCAGGGGTGGTAACGATGGTGTGCGAAGTACCGATACTCCGGT  
 TCATCGACAGGCCCGGCCAGCGCGGCGACGGTGAAGAGAGGAACGGGTGCGCCATCTTTGGGCGTGACGTCCTTCGGACG  
 GCTGAGGTAGCCGATGCCGCGGGTGTATCAGCTCGTGATGCCTGATCGAAGCCAGTTCGGCTCGGTCAAGTGGCTCGGCCT  
 TGAGCAGTCGCGCCTTGAGGGACGCGGGCGGCTTGGCCTTTCTGCTCGCCCTTGTGCGGGATGTACGCATCGCCCCACAGG  
 TCGCCGAGGCGAAAGCGCACCCAGCGGGCGGCTGCTTGGGATCGTCAACGCCGATGCAGCGCTCGACCAGCTTCTTGGCCTC  
 GGCACCCGAGACCTTGACGTGAAAATAGCGATAGCTGGGGTCTTTGCGGAACCGACCAGCGCGGGCGATGGTGCATGCCA  
 GAAAAGGCTGCGCACGGCGGCCGCCCGAACAGGCACTTACGGACACGCTGGATGTAACCGATGCCCCAGGTGTGGAGG  
 TCGAAATACGATTTCTCGTTGGACGTGGTGTCTCAT

>BR60, 813 Basen (revers komplementär)

TCACGCAGGTACAGCGCGGCGCCGTCGGGACGTCTCCGCGCCGATCACGCTCACATCGATCAGACGCCAGCGTCCGTCGT  
 CGATGAGCCGCTCCAGCACTTCGCCGAGCATGTGGAAGTACACCTCGTGTGCGGATCGACCAACTCGCCGTCGCGGGCGC  
 AGCTCCACCGCATAGGTATCGCTGCCGCGCTGGTAGAGGATCGTCACTGGCCGGCGAACTTCGCGGTGAAAACCGTGAA  
 ACTGATCGCCGGGGCGTTTTCGATGATCCTGGACGGCTTCGGATCGACCCAGGTGAAGTGTGGGGCGCCGCATCGACCA  
 GCATGTGGGTGATGCGCCGGAACCCGTCGGGGCGCCGGCATTTCCTCCAACCTGCTCGATGAGCTGACCCAGTTCGAAGCAC  
 TGGCGCTCGGGAATGGGCAGCTTGGCCGGCGCGGAGCCGAGGATGTGTGTCTTGACGGTGTAGGGAGTGCCTCGGACAT  
 CATCTCGGTGCGCTCTTCTGGCGTGTCCGCACGCAGGCCGTCGAAAACGGCGACGGGCATAGGGTTGGACATGCACCTTGG  
 TGCCCTCGCTGGGAACGGTGGTACCAGGCTGGGATCGAGTACCGCGAACTCGCTGGGCTTGAGCTTGACGACGATGGCG  
 TCTTCGCTGGCTGCTACCACCTTGCCGTGAAAAGGCTGGGGATCAATGACGAAGCCAGTGTGAGGACTGTGGTTGATC  
 ATCGAACACGCGATACTTGAACGACCGCACGTTGCGCGGCACATGGCCTGCGACCAGCGAAGGCATCAGGGTCTTGATGA  
 GAGAGCGATCCAT

>BR61, 279 Basen (revers komplementär)

TCAGGCTTGGTACACGAAGTAGTGTTCGCGCTGACGTGGAAAAGAACACGTGCTTCCACGTGTGCGCCCGGTGTTGCCAC  
 CGTCGAAAACGACCATTTTCGTAGTCGTCAATGTGCGGTGTGCGCCAGATCGGCGCTGGCGATATGGCGCATGTGCAGCGTG  
 CCACTCAAGCGCTCGAATAACCAAGATCTGGCCGATGGCGTGTCTGGCCATGGCGTTGACGCAGGCTCCAAGCTGATG  
 CTCGAAGTCGCGTGCGGGCGAGATGAGGTTCGGGAAACAT

>BR62, 738 Basen (revers komplementär)

CTAGGACTCGGCCAGCGGCAAGCCCGGCAACACGGGCGCGTTCGGCGTTCGAGGATGAGGATGCGCACATCGGCCTGGCCAG  
 CCAGTTCAGGATGTTTCGCGAGGTCTGTTCGGCATGCCCTTGCTGCGGTGCTCCTGCCGAAGCTGCTCGGCGGTGATGCCA  
 TCGGCGTGTCTCCAGTTCTGGTCCGTCAGGGCGTTGAGATCAGCTTGACGCGGATCGCCGGGCTGTACGGAACCCGAAA  
 GCGGATGAACAAAAGGCCTCCGGCGTGGCGAGGTCCGCCAGATTGGCGAGGTAAGTGGCCGCTTCCCTGGCTGATGTGGC  
 CGCTGCTGATTTCCAGCAGCGGCTGTAGTAGCCGCTTCGAAAACCTCAGGCGCTGCACGATTTCCCGCGCGGCCCTCGACC  
 GAATAGCTGTACCCGACGTGGATCAGGCGACCGTTCGAAAGTCTTCGCCATGAATGGCATAGACCACGGCACCGATCACGCC  
 TTCGCCGTTAACGCCCTCATCGGCATCGCATTCGGCCAGCACCTCGGCGCTTATAGGTTTCAGAGCCGTTTCGTGACCACCG  
 CGAAATCGCTGGTGACGATGCAGGAAGATGAAATCAGTTCTGGTTCGGAAGATGTTGCTGGCTCGGGTGGATATTTTCGC  
 CAGACATGCGGGCTTCCGTCTCGTAGCTGATGGACAGCGTGCAGGACGATTTTCAAGTTCAGTAGCCGCGAACAAAGGG  
 ATTGGGATTCTGAGACAT

>BR63, 393 Basen (revers komplementär)

TCACCAGCCGCTGTAGTTACCATCAAGTTCGGCGATGACCTTTCGGCGTTCGAGATCGAGGCCGTCGAAAGTCCGACAGCC  
 CGTCGAAAGTGGCAGCGCTTGAGCATGGCACCGCCCTCGCGCGGTTGTAGAAGCTGACCATGGCGGACAGGAACATGCGT  
 TCGCCGCTGCTCAGGACGCGGAGGGCATCATTGAGCAGCAGCATGTTGGGACGAGATCCCACTTGCTCTTGGCCTGGTT  
 CAGACCTTACGGGTGCCGTGCGCGAACCACTCGGGACCAGCAATCTCGGCACCACGCTTCCAGGCTTCGAAAGAGGCTT  
 GGGGCGCGGACGCAATGCTGCTCTTCCCGCATGATCTGATCGACGACGCTCCTGCGGCAGCAGTTGATTCAT

>BR64, 213 Basen (revers komplementär)

TCAGGGAATGGCGAGCTGGGACCAGCCGCTCTTTTCGAGGGCACGTTGAGCCCGCATGGCTGCGGAAGTATTCGTGCG  
 ATTCCCAGCAACCGGGACCTTCGGTATCGCGCGTCCGATGTAGTGGCCGGCGGCGCTTTCGAGGACTTCGAGCGGCAGG  
 AACTTGCAGCAATAGGTCAAGGCCAACTGGCCGAAAGAGGCTTTGTGGACAT

>BR65, 246 Basen (revers komplementär)

TCACTCGGGCGTTTTCGCCAGGACATACTGCTTCCACAGGGCGAATGCCTCGTCTGTCCAGTTTCGGCCAGGACCACAA  
 TGGGTTGCGCCTGCCGCGCACGCAGCGAAGCGAAATACGCCTTACGGTTCGGCGATGGACTTGAGATTGATGCCATCGATA  
 AACAGCAGCTTGCCACCCTTGATGAACAGCACCTTGTGGCAAGGTCGCGCTCGAACGCGGCTCGTACTTTCTCCGGTTG  
 TTGCAT

>BR66, 2013 Basen (revers komplementär)

TCAGGCGCCTTTGCGGCTGCTGCTACGCGAGCGGAAGCGCCACGCTTGGGCGGACCGGATTCGACCGGCAGCGTGCCAT  
 TGCAGTCAGGGTAGCGACTGCACGACCAGAATGGACCGCTCTTGCCGGTGCCTTGGCGCGTCCGTCGCCGCACTGCGGG  
 CATGCTGGCCCATGGGGAAGCTTGATGGACAGGGACATGCTGCCGTACTGCGCGATCAACTGCGAAATCCAGGTGGTCTG  
 CTTGCTGAGGAATACGTCCAGGGTGAGCTGTCCGGCCTCGATCATGTGCGAGCGCCTGCTCCACACCGCTGTGGTGCCGG  
 GGTCTGCAATCGCTGCGGGCACGGCGTCGATCAGCGTGAACGCCGCATCCGATGCGCGAATGGAGCGGCCCTTCTTACG  
 ATGTAGCCACGGGCGATCAGCACGCTGATGATGTTGGCCCCGCTCGCCTCGGTGCCGATGCCCGTTGTGTCTTTGAGCTT  
 CTGTTTTAGACGCGGGTTCGGTTACGAAACGCGCAACGCCCTTCATCGATTTGACCAGTTTCGCCCTGGGTATAGGGCTTGG  
 GCGGCATCGTCTTGAGCGCCTTGATCTCGACCTCGGCCACCTGGCACGCCAGGCCCTCACGCAGCGGGGGCAGCACCTGG  
 CTGCGCGCTGCGGCGTCGCCGCTCCTCATCCGCTTGCGGCTCGGCCAGCACAAACGCCAACCCCTTGATGACCACCTGTTT  
 ACCGGTGGCCGCCAGCATCTGCTGCCCGCAGGAAAACCTCAGCCACGGTACGGTGAACCTCGTGGTGCGGTAGGAACTGCC  
 CCAGGTAATGCGCCCGGATCAGCCGGTACACCGCCAGTTCCCTTCTCGCTCAGAGCAGAGAGGTTTCGCGGGTTCGAGCGTC  
 GGAATGATGCCATGGTGCGCCGTGACCTTGCCGCTGTTCCAGGCGCGCAACGCTGGGAGCGGTGAGCTGACCATGAT  
 CGGGCGCAGCGACGGGTTCGGTCTTGAGCAGGCTGTCCAGGACGGCGGGCACCTCGGCAACATGCTTTTCGGGCAGGTAGC  
 CGGAGTCCGAGCGTGGGTAGGTCGTGGCCTTGTAGGTTTCGTACAGCGCCTGGGCGATCTCCAGCGTTTCTGTACGTCC  
 AGCCCGAGCTGCCTGGAACAGACCTCCTGAAGCGCCCCAGATCGAACAGCAGCGGGCGGGCCTTCGCGCACGCGCTCGGT  
 CTCGATCGATAACCACCTGGACGCTGCCCGCAGCGCAATCTGCTGCGCCGCTGCTGGGCGACCGGCTGTTGCAGGCAAC  
 GACCGGCGTTCGTTGAGCCATCGGGCGCAACCCACAGCGCGGCGAAAGCCTGACCCTTACGGACAGAGACACGTTCG  
 ATGCCCCAGAACGGCACCGACTTGAAAGCCGCGATTTTCGCGGTTCGCGGTCCACGACCAGCTTCAGGGTTCGGGGTCTGGAC  
 ACGTCCGACCGACAGCACGCCGTCGTAGCCTGCTTGCCGCCGAGCACAGTGAAGAGTTCGGTTCAGGTTTCATGCCGACGA  
 GCCAGTCTGCCCCGGAACCGCCAGCGCCGAGTAATACATCGGCAGCGTATCGGACGACCGTTCGCAGCTTGCAGCGCGG  
 GTGGGATCGACGCATCGTTGAGTGCCGATAGCCACAAACGCTCGATGGGACCACGGTAGCCGACAGTTCGATGATCTC  
 GCGGGCAATCAGCTCGCCCTCGCGGTTCGGCATCGGTGGCGATGACGAGATGGGTTCGCCCTTCGCCAGAAGCGCCCTTACGA  
 CCTTGAATTGCGTGGCGGTCTTCGGTTTTCGACTCGACCCGCCACTGCTGGGGAATGATGGGCAACTGCTCCAGCGACCAG  
 CGCTTGAGCGCCGCTCATAGACCTCGGGGGCTGCCGCTTCTACGAGATGGCCGATGCACCAGGTGACGGTGACGCCGGA  
 GCCGTTGAGGCAGCCTTACCACGCTGCGTTCGCGCCGAGAATCCGGCCAATATCCTTGCCTGGGAGGGCTTCTCGCACA  
 AGAACAGCCGCAT

>BR67, 444 Basen (revers komplementär)

TCACTTCTGCGCTTGACCTCCTTCGGCGCAGTCGGTTCCTGGGCTGCTTGGGGCTTCGGCTGCGCGTCCGCGGGTTT  
 TGGGGCTGAGGGTACGGACTCGACGCGGAACGGCAGGATGCCGACGCTGCGTGCCTTGCATGTCAGGTTTCGCGCGGC  
 TGATCTTTCGTTGTCCGTCCAGGGTTCGCGCTCCATGCGGCCGACGACCAGCACGCGCATGCCTTTCTGGTACAGATCCTT  
 CCAGTGCAGCGACGTACGGTTCAGATTTCCACCGGTGCCCAGAAGCCCGCGATCCTCGAAGTTCGCCGCTTTGGTGG  
 GAACGGGGTTGTGAAATACACGTTTCAGCCGAGTAAGCGCCGCGCTCGTTCGCTTGGGGAATCCCGGTACTCG  
 GCGGGGAGCCAATGTTGCCTTCGCCCCAAAAGTGCCTGCTCAT

>BR68, 528 Basen (revers komplementär)

TCACCGGTACGCATTCCAGATGGGATGGACTTGAGCCTGCGCAGGTAGGCGTCTTCCGCTCGGCCGCTTGTGGCGC  
 ATTCCTGTGCCTGCCTGCCAGGGTGTGCAGCAGACTGATCTGCATGTTCAACGTGATGCGCTGAAGTTCGATCGCGTGC  
 AGCTCGGCCAGCAGATTGACCGGCGTGCCTGCTCGCCATCAATTCCTCCCACAGGGCCACACCCATGGCTGAGCGGTC  
 GTGTTTGCGCCAGCGCAAAAACGCCGTGCCTGCGCCAGTGGTTTGTGACCAACTCCACGGGCAGCAGGTGGAAGGGAT  
 GCCGACTGCCTGTTGCAGCACCTGCCGCTGCGTCAAGCCAATCAACTCGTTCGCGCATGGCGAAGCACTGGCTGGCCAG  
 GCCTCAAGATCCCCCTTACCCTTAAAAGGCTTCAAAGGCCTTTTAGAGAGGCGAGCGTGTTCAGCTTCATGAAGGCTGC  
 CTGTTGAGGCCCAGGAAGTAGCGGGTTCGCGGTTTCGGATCGCTCAT

>BR69, 801 Basen (revers komplementär)

TCATGCCTGCTCGCCCTCGATCTCGCCGGCCTGACTTCGGGTGCTGTGTGTCAGTGGCCAGCTCGTCCGTTGGCGGCCCTCGT  
 CGTTGGGGGCGGGCGCTGCAGCAGGACTCTCGGCACGCTGTTGCAGGCCACGGCGCACGATGGGCGGGCGAACTTCGAG  
 CGGCGCGTGCCTTCCAGCACGTCTGCGGCAGTTCGCCGAATTTCTCCAGCGCCCGCCGAGCTGCGGCGTTCCTTTGATAC  
 GAAATCGTTCGCGCTACAGCCCGAATAGCGGTATTGCTGGGCCAGCGAGAACAGGCTGCGCAGTGCATGGGCGCCCTCGT  
 TGAGCCAACGCTCCAAGGTGCTGCGGTGATGAGTGCCGTGTGGTGGGCGAGGATCAGTTTTCGGGGCGATGTCGTCGTAT  
 TCGGCCAGCAGATAGACGGCGGCAAAGCCGAGCTGCGCATTGACGAACAGCGGCAACTTGACGGGCTGAACGTTGAGGTT  
 TTCGCCAGGCTGAGTGCCGGCGGCACGCTCGCCAGTGCCTGATCCACCTGCTCGCGCAGCGATTGCAGCGTGGTCTTGG  
 TCTGGTTCGAGCTTACCTCGATGCGCAGCATCCACCAATCCGAGTACGGGTTCGCTTTCGGAACCGCGCCGATCTTG  
 TTCATTTGGGCGATGTAGCCGTTTCAGGCCAACGATGCCCGGTTCGCCCTCGGCGGGCGGCCCGCCATGCCAGATGCGCGA  
 AGCGTGGTGCCTGTGAAGCGTTCAGCGACATCGCGCTGCGCAGGGAGCCGAGATTCAGTTGCAGTGGTTTCATTTGGTTGCCA  
 T



>BR70, 1245 Basen (revers komplementär)

TCACTTGCTGGCGAGCAGGTCTCGCAGCCGCTCGATGTGCTGCCTGGCGACTTCTGGTGGTACCGGCTTACCCTGCGTTT  
 GGACCGACGATGTGGGTGGTGGCCGTTTCGTTTGGCGGAGCGGGTGCCTGGTGGCGGGTCTTTCTTGGCCAGGCATTGAAC  
 TCGCCGTGGATGGCTCGCTGGATGATGCCGAATAGATACCCAGCGGGATTGCGGATGCCGTGGTTGCTACAACGCGCGGC  
 CCATTTCGTCCAGCACATCCTGCCTCAGCGAGGCATCAACCTGCTGCAATGCCACCTTGGCACCCGCTGCTGTTCCGCCT  
 TCAGTTGCGCAAAGCGCTTGGGCCATTGCAGATCGTCCAGCGCGCGCCTGCGCAGTAGTACGTATTTTCATTAATACAA  
 CTACTACGTACTGTACGGGCCTGCTTCGGATTCCGAAGAGAGACGTCTGGCGCGGGTTTCGGCTCTGCTTCGGAATCCGT  
 AGAGGGCGTTCCGCATTCCGAAGAAAGCTCGGAACCCCTTCTTCGGAATCGTGACTGGCGTCTTCTGTGGATAACTAT  
 CGTGGCCGTAAGTCTGGTTGGCGAGACGTTCCGCCATCACCTGCAACCGTGACGGGAGGGTGCCTCCGCGCAGCAAT  
 GGGTCTTACCATTTCCTTGAGCGTGTGCAGGCCACGATCTGCACGGCCTTGGCAGAATGGCCGAGCGCCTGGCTGAC  
 GAGTTGCAGGTAGTCGGGGTCGAGCTGCATGGCCTCGAACGGTGTGAGGGACTCGTCTGTCAGCACGTACAGATTGCCGA  
 GGATGCGGGCCGTTTGGGGTCACGCCGTCGCTGAACCAGGCTCAGCCAGCGGGTCAGGCGCATCAGTGTACGCGCCCGT  
 GCTACGGTTTCATGCGAGGCTTGGCCCGCGAGGGCATGGACGCCAGCCAGGGCCGCAACTGCTCGTAGGTGGGAAATGC  
 AGTCACGCCATCGTCTGAGCATCAGCCGGAACACTTGCAGGCGTTTCGTTCCAGCGGTGTCAAGCGGCGGTCAAGGA  
 ACAACTTGCCTGGCACCGTCTCGTGCCTGGTGGCCACTGAACAGAAAAGCATCGCCGGAGGTGGGCGTGGGCGACTGTGCA  
 GGTGTAGACGCAGGTGCGCTGGGGCGGGCTTGGGGCAAGGTCTTTCAGCGCAGCATCGAACAGTTCTGCCAGTGGCAT  
 GGGACCTTGGCGTCGGACTCGTGATGCGGGTTCGTCCATGGCCAT

>BR71, 561 Basen (revers komplementär)

TCAAGCCAATCCCTGATCGACCCAGCCTTTGATCGAGGCCAGACCACCGACAGAGGCAGCGACATGCCTTCGGCCAAGT  
 CCATGGCGGCATCGAGGATGGAGGTTTCGTCTTCGAGATCGACGGTTCGTGTGGTTCACGGCCTTCCATCGCCGCCAC  
 AGCTCCGTGTCTCTCCTCGTCCAGCACGGGTCGCCCCCTTGCCTTGGCGAGACCGAGGATTTACGGCGAAGCGC  
 TACTTCTGATCGTCAAGCCATAGAACTTGTGACCATCTCGGTCTCGCCAGTCTGAGCATGCGATGCGATGCGTGG  
 CGATTTCTTCTCCACGTCTTGTGCTGCTGGAGCAGCCGCCGAGCACTTCGCGGTTGACCGTCACTGAGCACCACGAG  
 ACGTTGGCGTTGGCCAGCACGCTGATTAGCGCGGGATGCTTGGAGGGCTCCAGCTCTGCCTCGCCAAACCCCATTAGTTT  
 GCAGCGGCGAGTTGCCATTGCGCAGGTCATAGAGGGCTGGGCAATGACAGCCTGGTTGAGTGGGTGTGCTGTGGACA  
 T

>BR72, 1629 Basen (revers komplementär)

TCAGGTTCCAGAGTCCGCAGCGCCGGCTTTCGAGATCGAGCAGGCGGGCCAGTCCGAGCAGGCGGAACAGCTTGACCA  
 GCGCGGCGTTCGCTCAATCGTTCGGGTTACGTACCCCTGGCCGTGCAGCAGCGCTGGCAGGTCGATGACGAGTTGCCCGTTG  
 TCCAGACCGACGTCGGCGGGCTGCTGACCGGCCAGGCAAGCCAACAACGCATGGACGGCACGGCCCAGCGGCGTGGGTT  
 GGTGGTGCGAACACGGCAGGCGAAGCCGATGCCGTTCGGGCGGTTCATCGATGCACTCGCCAGGTTACCTCGACCCGAA  
 TCTCGCGGGCAAACCTGCGCGACGTGGATGCGCAGGTGTTTCGGGTGTGTCCAGGCCGGGGCGATGTACCAGACATCCGAG  
 ATCGGATAGAGCCCGCCAGCCTGCACCCGGATGGACTGCAAGACATTCGCCGAGAAGTCTGTCGGCAGTGCATCGCCAA  
 CTGGTTGGCGACCATGCGCTGGATGAACTCAAGCCGTTTCGGTTGTCGGCGCCGGGAGACAATGTGCTTTCGAAGCAGT  
 CGCATCTGCCCGCCGACTGACCGCGCCGAATGACTGTATCCGCGTTCGCTCTCGCCCGTTCGAGGGCGTTGCCGTTCGGC  
 CTCGTGGCAGGTGGCGCGGTATTGGCAGGTGGGCGCGCATGGCCTCTGGCTCTGGCAAGGCAGGCGGTGTCGAGGGCGG  
 CGTCCGCTCGCTGACCAAGGCACGCTGGCGGCTCTCGGATTTCGGTTCATGTCCAGAGCGAGCACGTCGTAATCGACGTTCA  
 GCAATTCGGTTCATCTGGCCGATCAGCTCGTCTGTACGCGCTGCGCAGAGAACTCGTCAGCCTGGACATCGAATTCGCGAC  
 AGCACTTCTGAAAGAACTCGTCAAGTCTGAACCAGTGAGCGGCCTTTGGCGTAGTGCTCCAGGTGCGCTCGCAGGC  
 CTTGCGCATGACCGACAACCGCTCGACCTGGTGAACCGCCAGGCCGGCTAGAGCACGGTTCGGGATTGCGGGCAGCAGGT  
 AGCGTACCAGCGTTCGGCCATCCGGCTGATGTGCGACTGCTGCACGGGGTATCCGTTCGGCGGCCAGGCGGCGGGCCAGCTCG  
 GACTGGCTCAGGGTGGAGCCGCTTTCCAGTTTCGTAGAACTCGCGCGCTTCTCGACGCCAAAGCGCGCTCGATGAAGGT  
 GAGGCCACCGCGAGTTTCGTTTTCCGCAAGATGCCCGGTGAGCGCGACGATCTCGCCACGCTCGGGCCATGGGCGGAACA  
 GGCATGAGACCCGAAAAAACGTTTCGTCCCTGGTCTCCGACCAAAGTTCGCGCAGGATTGCCAGTTCGCGTGTGCCGCCA  
 TTGCGGATGATGTAGTGATCGTTCGCCGGGCCCGGGGTGATGGCCGGAGCCGCTCCAGGCCACGTTTCGCGGATGGATGC  
 CTTGATTTCTCGTACACCGGATTGCGCTTCTTGGCGGGTTCGTGGTTCGTAGGGGCGCAATTGGTTCGAGCGTACAGACCA  
 TGGGCGTGTGGCGATCGGGTTCGCTCAAGGTGCTTGTGACGGGCGGCTGCGCTCGAACCCGGACGCAAGCAGTTTGGCC  
 GCCATCTGCTGGGAGGTGATCTCAGTCAT

>BR73, 876 Basen (revers komplementär)

TCATGTGCGTTGGCCATGGGGCCTCCTGGTATCAAGAGGCTGTGGCGGACGGCCGGACACTGCGGTAATCGATCCTGCC  
 ACTGTGGGAGCAATTCGCCGGCAAGATCGCGCATGGTGGCGAGCGCGGGGAGCGACTCTGCCACTGGCTGACGGTAC  
 TCGAGCCGATGCACCGGCAGGCCGCGCGTTCGCGGCACGCGGATAAGCCTCAATGGCCGGCACGTCGGTAGCCAACACAG  
 GATGTGCGCATGGTTCTGGAACAGATCGCGCAGCGCCTGCTGGATCAGGCGGGCGTTGGCGGACACCGGATGGACGCGGT  
 TGATGAGCAGGTGCAGCTGCGGTGGCTCGATGCCAGCTGCCGGTACGGTGCATGTCTCCAGCAACTGCATGGTGGCC  
 CGCCGAGCTCGCGGGCGGCGAGAATTTCTGGGGTACGGGTGACAGTGCAGGTCGGAGGCCAGCACCGCCATCTCCAG  
 CAGCACCGAGCGCGCCCTGGGTGTGATCAGCACCAGGTGCTAGAGGGGATTGAGCGCCGGAAGCAGATGCCCGAGCC  
 GCAAGCGCCCGTCCGGCGCGTGCAGCAGCAAAGTGTTCAGTTCCGCTCGGTGGTTCGTTGGAGAGACCAAGTCCAGGCC

GCGATGATCGTGCGGGACACAAGCTGGTTCGAGGTCGCGCTCGTTGAAGGCCAGCAATTCATAGATGCCGCCCAGCGCGCG  
 GTGAGCCAGCTCATAGTATGAGGACAAGGTGGGCTGCACATCGAGGTCGAGCAACAACACGCGCAGTCCGGCGTCCGCGAG  
 CGAGACCGCCGAGGTTTCGAGCGGTTGGTGGTCTTGGCCACCCACCTTTGGTTGAAATGATGGATACGACCTGCAT

>BR74, 213 Basen (revers komplementär)

TCAGGCCCCGCTGTTGACGCGCTCGTCGATCCACTGATCGATTTTCGATAGAGTCCCAGCCCACAGCGCGACGCCCAGAC  
 GCAGCGCTGCGGGAACCTGGCGCTTCTTCATCAGGTTGTAGATGTGGGCGCGTTTGAAACCGGATTTTCGTTTCGACTTCT  
 TCCAGGCGCAGGATGCGGCGCTCGTTTGGCTGCAGTACAGATGTTTGGCGACAT

>BR75, 756 Basen (revers komplementär)

TCAGCGGGAGGCGCTACGCAGCCGGCGCCTGGCGGTGGCGAACTTACC GTTCAATGTCCGCTCCGCGATGCCCATGGCGC  
 CGCTGTGATGGGCGACCAGCGCGCTGACCACGGCCTCCTGCGTCTTGAAGCTGGAGTACGGCGTGCCCCGATGGCGACTGG  
 CCGAGCATCAGCTCCAACAGGCCGCAACGATGTTTACGGTAGGTGGCCTCGGCTCGATCACTGATCGGAGACTGCGCGCA  
 TGCCGGAATCACCGTGGGCTGCTTGGAGCAGCGCTCATGCTTGTCTGCAACTCGCGAAGCTGACGTTTGGTCTGTTCCA  
 GGACGGATTTCAAAGCCTGGCGTTCGACCAGCATGGCTTGCCTGTTTCCAGAGAGATGAAGGGATGGGTGATGCGCTCG  
 CTGCGGGAGAAGAGAAAGCCGGGCGCTGCTCGGGGTAGTGTGGCGCATCCAGCACTTCAGATCGACATGGCGTACCCT  
 CAGATCAGGCGATTCAATCAACGCGGTGTGCGCGCTCGTGATGCCGTGCTGCCGGAAGGGCAGTTCCTCGTTGAGGATGC  
 CGTCATAGATGCGGTCGGTGTACAGCCGCGAGTTCGCCCAAACGTGGACAGTCCAGCGACTGCGGCAGATTCATCGGCGAC  
 GAGACCGAAGCCAGGATCGCCTGCTCGTATCGCAGCATCCGGCCCAGCGGATGGACGCTTCGAGCGGGCGGTAGAACAC  
 CTTTGATGTTGGTGCATCATTTTTTGTCTCGTGCAT

>BR76, 1929 Basen (revers komplementär)

TCAACGGGCGACCAGATCTTCGGGCGTATCAACCAACATTGCCGTTTTTACCAGGCGCTCTGCAGTCTGCCTGGCCAGCA  
 CCGGAGATACTTCCGATTGCTCTGCAAGCTCATCGGTTTTCTATGGCATGTGCGGCGACCAGTCGAGCTGCAAGATGCAGG  
 TTGGTCCGATCGACTGCCTCGATGACTGGACACTTGCACAGGGCATCGTATGGCCGCGACAGTCGCTGATAGATGTGCCA  
 GGTGTGATGCCGCGCGGACCAGCTTACAGGACAGCCTGAATCAGCTTGCCTTTGATGGGGTTGAGTTGCCAGTCCGGGA  
 CGCGCTGTCCACGGTGACCCAGATGGATCGACAGGAGATTGCCAGCCTGAATCTCGTAAGTGATCCAGCGGCGGGACTTG  
 CCAACCAGCTTGGCGTAGTCGGCCACCGACAGGTTGTGGGATGCCTCGAACATCTCCAGCAATTCGAAGCGCTCGCGCTG  
 CACCTCTGACAGCGTGGGTGCGCGCTACTCGGGCAGATGCACCGCCGAAAGTCGATAGACGGAAGCTGGAACCGCTGGCG  
 CATCCGGTGCAGGCGCAACGATCAACTGAGGGGCGTTTTGGATTTCATGGCGGGCGGCTGCGCTGCCGCTGTCCGGCAATC  
 GTGGGCAGACCTTCAGCGTATGGTTCAGGTCGCTGGCAACTTCGACCTGATTCGCTCGAACAAAGTCCAGGCGGTC  
 GGCCAGTCTTGCATCATGACGCGGCGCTGCTCGACGTAATCGGCGTGGTTGTAGGTCGCGCTGATCCGATCCGGATCCG  
 CATGCGAAAGTTGGGCGTCTACCCACTTGGGCGGATAGCCCAATTCATTGAGCGGGTCGAGATGGTGGCGCGAACGCCG  
 TGCCAGTGAGCTGGTCTTCATAGCCCATGCGCTTGGAGCGCGCCATTGAGCGTGTCTCGCTGAGAGGTTTTTTTTCAGGCA  
 CCAATCACCGGGAATGAGATAGACCTGCGCTGGCTTCAGATTTCCAGCAGATGACGAACGACTTCTTGTGCCTGCAATG  
 ACAGTGGCACGATGTACGGCGGGATGTGCGCGAAACGCTGGCGCTTCTTCTTGGTGAGCTGCTTGCCTTGTGAGCCTG  
 ACAACCGGGATGATCCACAGACCGCGCTCCAGATCGAACTGATCGGGCGTGGCGTAGCGCAATTCACCGGTGCGCACGCC  
 CGTGAGCAGCAGCAGACGTAGACCCAGTTGCGTATTTCAGGCGGCGCTGTACTTGCACACGCTTCGACGATTTGCCGGCA  
 GTTCCGGCATGCGCAAAAAGGGTTGTTCTCCACCGGCGGCGAGCGGCATCGCCACCACATCCAAATCTTGGCCGGTTG  
 TCGCCCATGTTGGACACCACCACCGAGGCGTAGGTGAATAGCTGGCTGAACCAGGTGCGCAGCTTCTCGGCGACCGACAG  
 CGAGCCACGCTTTTTTCACTCTGCCGATGATGTCCAGCAGGTGGGCGCGGGTGACGTCGTAGACGGTTCAGGTGGCGCAATA  
 CGGGAAACACATCTTGGCGAAGACGCGTCCGATCTGTTTGGGCGTGTCTGCGGACCCCTCATTTTTCCAGAGAGAGGCTG  
 CGGTGGGCGAGCCATTTGTGCTAGATGGCCTGGAAGGTGTGCTCGCCCCGAGGACGATGGCGTGGCGCTTGGCGTTGCG  
 CTCCGAATGCGGGTTGATGCCCTTGGCCAGCATGGCCCCGGCCTCGTTCGCGCAGATTGCGAGCGTCTTTCAGGGAAAGCG  
 CGGGATAGCCACCGAAGGACATGCGCTCGCGCTTGGCCGCCAAAGTGAAGCGGAAGTGCCAGGCCTTGAAGCCGGTGGCG  
 GAGATGTAAAGTAGAGACCGTCGAAATCGACAAGCGAATACGCCTTGCCGGTACCTTGGCCTGTGCAACCTGGAGGTC  
 TGAAAGCAT

## Sequenz der SpB-Insertion Contig 2, 61461 bp

TGGAGCGGGCGAAGGGAATCGAACCCCTTGGAGCAGAGCGTCACAATGTGTTGCTATGCGGCTAAAATCTGCGGACTGCTAGT  
 TCGGATTCGTGCCTTTGTGTTGCATTGATTTTCGACACTTTTTTCGACACCTATTTTAAGAGCAGATTAGCTTAGTATTTTT  
 CTCAGTCTGAAATGCAAATATCAGTTGTGCCGTTGGTGACTAGTTTTTCGCCTTCAAAGATGTGCTTGTAGCATCGGA  
 ATTTAGCCGTAGGCGTGTGAAATCTCATCAAGAAGAGGCGCGGCTGCTTTTTTCTAGTTGAGAGAATGCAGTATGTT  
 TGCCAACCATCCATTGCTGATAACGCTTTCCAGAAAGCCATTGAGATGCGGGGATCCAGCTTTGTGCTTTACGATCTTG  
 AGGACACTTCTTTCTATTCTGGAACGCTCTAGGAATCCAATGCTCATAAGCTCACCTTGATCTCTTCAAGAACCCTTTA  
 GCCCACCTTATTACAATTTTCGCATATTGCAATGCATTGTTCTCGGGTGATGCTTGGTGGGTATACTCCCCGTGTGGATGC

ATGTCTTGACTCGCACAGCATAGCATATTTCTGATTTTTTTCAGCGGCAAGCCTTTATCTTGTCCATTAAGAATAAGGCTGT  
AGGGAGCATGCCTTGAGAAATCTAATCCGTTGCTTGACTTCCATGAAGCGGAAATTTCCAATATTTCTACTTGGCTACATAT  
AATAGCCCTGCCTCGTATACCGGCGAGCAAGAGTCATCCATTAGTGATAAGTGAGAGTCTGTACAATTTTTTATGAGGTT  
CTCTATATCTATTTTTTGGCTTTGGTGTATTCTCCAGGAACTCCTAGGTTCTCTAGAAAAGTTTAGGTGGCCAGTAATTTGGTT  
TCGACTGTAGGTATATATGCCATGCAACAAGTGGCCCTCTTTGTACATTTCTGAAAATTTCTGTGCGGCCATAAACGGAA  
AGATCAATCTCCCGGTCTGTTACTAGAGCGCTGTGAGTAATTTAGAAAATTCGTTGAGGTGCGCTGCAGCCTTGTCTGT  
GACGATGCACAATATGTCAGCGTCGCTCGCGTAATCAAAGTCTTCTCTGATAATCGATCCAAAGTACCGCAAATCTAATA  
TTCCGGATTCTTTTCGTCTTCATCGTCTTGAGAAAACCTCTAAAGAATACTGAAACCAAAGACCAATAATCACATATCTTA  
GTGATATCGCAGCTACAGAGAATAAGAAAGGTATCTTTAAGGTGTAATCTGTTGCCTCGTAAGGTATACCGAGAAAATTCG  
CTAGTTGAAAGCTTTAATGCTTGAAGTAATACGGGGTGGCATTGCCGGATGTGAGAAGCTCGGTAGAGTTTCCGTTGTA  
AAGAAATATAAAGGCGGACATTGCAATAATTAAGCAAGCAGAATGCTGCAATCTACCAGGGCGCTCACCGTTCCCC  
ATACGAGGCCGGATATTTTTGATATGCACCACTGTAAGAAGAAGCCAGTCTCTCAATGTGGCCGTATTTCTCTCGATAG  
AATCTATCTTTTCCCAAGAATGCAGATAAGTGAATTTTTCGCTTGCTGCAATTTCTTTTCTTATATAGAAGCTCTCGTC  
TTCTGCATTGCCAAGCTCGCGGGCGTCAACTCGTAGATTTCTCAACAGGTCTCGTTGGATGTTTGGCTCTCTGGGAGGT  
TTGGTATTATCTCCTTGGCGTCAATTATTGTTCTGTAACATTGAGTAATTGAACACGCAGCCGATAAAATTTGATTCT  
TTAAAGTTGCAGTCTATAAATTTTGTGCGGTGAAGTTACAGCCTACGAACGTTACGTTTCTAAAGTAGCAGCGAACAAA  
TACTGTTGATCTAAAAGAGCAGGTCTCGACCCTTGGGTTTTTCCAGTCGAGCCAGGTTCTCTATGTAGTCATTATCAA  
AAACTTCATTGCTTAAGGAGGTGAAGCTTTTTGAAAAGTGCTCGCGAGAAGTTTTTCAATTAGGTTTCATGAACAAGCCT  
CATGGCACTGCGCTCCTTGACGAAAATCTTCTTTTCTGTTGATCCGCAATTTTATCGGTAAGTGTAACTCGCTTCGTCGT  
ATTCCGGGCTGGTCTGCCGATCTCTGGGGCGATCTCGCCGCTGATCAGCCATAAGCGATAGCGGGGACAGCGCTTGA  
AGCACTTCTAGTTTCTCAGTGTCTATCCGAACGCTCTTGAAGCGAACGCTATGCCACCCTGGAAGCCGATCTCGCTTTC  
CTTACCAGCCGATCCATTCCGGCTTTAGATATAAGCGTTCTAGCTCTGCTCTGTATTGATTCCATAAAGGTCTAACAG  
GCTCTTGTGGAATAGTTTCACTGGAAAATATAGTGGACAAATTCAGTGAAATATTTCACTGGGTTTTTCGACCATTGGA  
ACGAATAGTGACGGAACAAGCATGGAAGTGAAGAGCTGAACCCAGCGCCCTGATAGGGCCGAGCAGGACATAGAACC  
GATTGAGCATTTGGGCGGAGCGCAACCGCATGAGTTTCCGGCATCGCCCGCGCTGGGTGTACCGCGGCATCTTGCCTCGG  
TGAAGTTCCGGCAAGTTGCGGATGGTCAACAGCGCGCTGCTGCGTAGCTGGCTGCTCAACAGGAGTGGGTGGCATGAGCA  
ACGGCAAGGAGAATGGAACCTCGACCTGTGCGGCTGCCACCTTCGCGCAGATGTGCGCGGTGACGTATGACGAAGCG  
GCTCAGTGGGCAGAAGACGGCACCGTCCCGAGCATAACAGATGGGCTGCTTCCGCATGATCAACCTGATCCCGTCCCGCGC  
CGATCTGGAGCGCGCAAAGCCACCTTGCAGCGAGGGGACTACAGCCATGAGTAACTCACCGATCTCCCTGGATGCTCAG  
AGCGCGCTGCCTTATCTGGGCAAGACCGTCTCGTGAAGTGGGCTGGGAGGACGACCCCGAAAACGGTCTGGCGCGTGT  
GCGCATCATCGGCGTCTACTGCCGCGGAGGGCGTGGTGAACCGCACTTTCATGACGGTGCCGGTGGGCGTAACCG  
ACGAATTCGCAATGAGACCTTCTGGGACACCATTTCGCAGATCAGGGTATGCGGTACCGCGACCGGCAGGGTTCCGGC  
AACGTAAGTGGGCGCATCGCCCGCCCTGAAACATCCCGGTGAGGGGCGCGCTCCCGCTCGTGGAAACAGCTCCACCCT  
TCCGGCGAACGGAAGCACGGGCGGAGCGAACCCCTGACCGCGCGCCGCAAAACAGCCTCGGCTTGGGAGGGCGGTGCA  
GCTCTTCCGCACCGCGCTCCCGAGCCCTCGGCGCGAGAGCGGGATGACAAGGGCGGAGCCCTTGGTGTGGAATGGCGT  
CAGCCATTGACGGAATTCATCGATCAGAGCGTCCGTTATTGGCGTGCAGTGTGCTTCCGTCATATTCGTTCCATTGCGT  
ATACATCAAGTTTTTCAGCCATCAAATCAAACAATTAGCCGCGCCCTCGGCTGTTGATTCAATACCGATATCCCACTGCA  
AATCCTTGATTGCGCAGATGAACTGGCGAGCGCGCTGTTTATCCGTGCCGGGTCAACTCATGCCTGCGAAAAGGCAACG  
GAGGCAGCGCAATGCAACTACCCGACTGGACCCTGGAGTTCTGTGCTGATGGTGTGCTGGCCTATCTGCTGGGCGCGCTCTCG  
GCCCTGGGTTCTTCCACGCTGCCGTGGCGTTTCTTACTGATGTGCTGAACCGGGACGTACGCCGCGCCCCCGGCCGA  
GAGCGCAAGGCACCAGCGGTAGGCCGGGGCGCGGACGTCCTGTAACACGTGCGAAAGCCCAACTACCAACGTTTCA  
ATTGCTAGCTATTTGGAGTGTTTAACATGGCAAGCCCTATCACATGCTGCGCATTACCCTGAAGCCCAATGGCGAGTTC  
GTGGAGTCGGAGAGCGCTCGCTGTTCTTTCGATGACCCAGCGCAAGCATTGATTGACCTGTCCAACGTCCGGTTGCTCGC  
CTGGCGCTCGACACCGTTCCGAGTTGTACAACGGCATGATTCGCCCTGAAGTCAATGGCGTGTTCGAGCAGCGGAAAG  
AGTTCTGTCAAATTTGCTGGCCACCAGTGGGCCAAGGGCAGGGTAGGGCGCGACTCGGGCTATCAGTACCGTCTGCGA  
GCCGACATGGGCGTGTATCCTGCTGATCAAGAACCACAACGTGAAGCTCGAGAACATCGGGGCTCACCTCAAGTTCGAGAT  
TTCCCTCACGCCCTGGATGGGGCGGATCCGCAATCACTCCAACGCTGATGGATGACCTGGCGCGGGCTCTGCTGACGC  
ACTGCGAAACCAATCAGTGTGCCGTGCACCTCGCCCTGGATGTGAGGGGTGGGAGCCTCCGCGCGACATCGTGGAGCAC  
ATGCATTGCCGGTGCATCGGGTGCGCCAGATTACCGGGATTGAGCGCATTGAGTTCGACAGCAGCGCCTCTGTTTACGG  
TCGCGGTGAGACGTACATGTTCCGGCTCTGCCAGTGGCCTGCAACTGTGCATCTACAACAAAACCTCCAGGCACGCGCA  
CCGACAAACTCGATTACTGGAGCAAGGTATGGGCGTGCCTGAATGGTGTATCCGTTCCGTTGATGGTGACCCGGCGTACAAG  
CCTGAAGAGGATGTTTGGCGTCTTGGAGTCCGCTTCCACCATTCCGTCATTGAGCAGTTCCTCGAAGGCTCCACGCTGTC  
CTCTGGTGAGGTGATCGGTTGCCGCACCTATGCCGCGCTATGTCCGACCTGCAAGCCCTCTGGCGCTACGCTTGCAGCA  
ACTTCCGCTCTTCAAATCGAAGTCCCGCTCGATCCGTTCTGGACCCTGATCTTCCAGGATGCAAAGGTTCCAGGTGGAA  
GCCGATCCGCTGATTGATCGCACCGAGTACCGCCGCTACTACAAGACCGCACAGGGCTTCTCCGGCAAGAACTGCGGAGAT  
GTTCTTGGGCCAGTTCTGTGAGCCTCATCGCACGGGAGCGGTGAACATAAAAAAGGCTATTGAGGTGCGCAAGACGCTGC  
CGTTCTGGCACGTGATCGAGGATCACTACAAGGCCAAGGGCTTACGACTGTGACCTCGAAAAGCACATGCGCAAGCTG  
CTGAATGACCGGTATTTGCGACGGGGTACTCCATCTAGTGACCATACCAAGCTCCCGGATGGTTCGTTGTTGTCGAT  
GTAGAGCCGATCAAGGGCAAGCGTTTTCCGCAAGCGGTTCAAGACCAAGATGGAAGCGCAGCAGATCGAGGCCAATGCTCG  
CCAGAAGTGCTCTGAGAATCCGAACCTGGACGATCAAGCCCAAGGACCGCCGAGGCTCTCCGAATTTGTTGAGCTCTGGT  
ACGACTGCATGGCCAGACTCTGGCAAACGGTAAGCGCTGCGTGGCGCATCTGCGGCTGATAGCGAAGGATTTGGGTGAC  
CCGGTGGCGGTGTCCTTGGAGCCGGCGAAAGTGGCCTGTGTGCGCTCCTTGCAGGTCGTAAGGCATGTCGGGCAAGTA  
CGCTAACAAATCGCCTGGGCTACCTCAAGTCGATGTACAACGAACCTCCGGCAGCTGGGCACCATCGACTACGAGAATCCTG

TTGGGCGAATGCGCCCGTTGAAGCTTCAGGAGAAGCCGCTGTGCTACCTGACCAAGCATCAGGTATCCGAGCTGCTGGCT  
GCGCTCGATGCTCGTACTACGTCGCCGCATCCGAAGATGGTTCGCTCGCATTTCGCTCGCGACAGGTGCTCGATGGGGCGA  
AGCGCAGGCACTGACCCTGGATCGGTTGAAGGGCAACACGGTGTATCTTCGCCAACACCAAGTCGAAGCGCGTTTCGCTCGG  
TTCCGATTTCCGAAGGGTTGGCCAAAGAGATTCGCCAGCACTGGCAAACCCACGGGCGGTTACCAACTGCCTCGGCGTA  
TTCCGCATCGTGCTGCTGTCTACATCGATCAAGCTTCCGAGAGGCCAAGCCAGCCATGTGCTACGCCATACGTTCCGAAG  
TCACTTCATCATGAACGGCGGGCACATCGTGACGTTGCAGCACATCCTGGGGCACGCTCGCTATCGATGACGATGCGGT  
ATGCTCATTATCTCACGATCATCTGTCCGAAGCGCTCAGATTGAATCCTCTCAGTTTTTGTAGAGTCTTCGTCGAAGA  
TTTTGATGGTGTGAGCTTTCTTGGCTTTCTGGTGGGTTAAGACTTGTGGATATCTGCAAAAGGCACTGGACAAAATAG  
TCTGTGAGTATGCGCAAGAAGCCGATGGAGATGAGCGCTAGAAGCGCTAGAGGAAGCTCTGAAAAATAGTACATCGAG  
ATTCTTGCATCCACTCCGATAAAAAGTTCTTGATTCAATAAAGAAGCGGCTGCGGACGCTGGGCTTGAAGAGAGAAGAAA  
TCTGCACAAGGGATTTGTTGAGCGAAATTATACTCGATGGAAAGAGGGATTTGACTCGTTAGAAGTTTTAATAGAAATCT  
GCTCGGAAGCCGGGGAATCTAACGCTCAACGGCTTGGGTCAAACGAGCTAATTCATGACAATCGCTATGGCGCCTTGATG  
AGGCTGCATGCTAAGGGTTGCTTGGTGGCCCGGAGATATTCTGTCTGCTTTTTAAACGGTTTCGCAGATGGAGCTCATGC  
ACGATGGCGCGCTTTGCATGAACTGTGCGTTACTGCAATGTTCTGGGACGGTGTGATGAAGGTACTGTGCGAGAAGTACT  
TCTTGCATGAGTGTGTTGAGTCTATAAAGGTGCGCTGATGCACCGAAAGTATGAAGACCGGCTTCAAGCCAAGGGTGT  
AATGACGAAGAGCTGGCTGAATTAAGGCACCTTCATGATTGAGTGGTCGAGAAATATGGGCAGGATTTTTAAAAATTCATA  
TGGATGGGCTGAGGCTTTTTTAAACAAGAAGCGTGTGAATTTCTTGATATTGAAGAGTATGTAGGGCTTGATCATTTGGC  
GCCATACTATAAATGGGCTAGCCAAAATATACATGCAACGGCAAAGACGCTGACTTGCCTTGAATGGTTGAAGCG  
AAAGAGGAGGGGTTGCTGGCGGGGCGGAGCAACTCGGGTCTGACAGACCCAGCTCATTCATGGCAATTTCCCTGGTTCA  
GCTGACTACGGTTCTGTTGAGCGTTGACCCCAACCTAGATGATTTGGTGGAGCATGAATATGATCAAGACACTGATCGATG  
AGATTGGCGACGCTTTTCTCCGGGGTGTGGCCTTGATGAGTAGTAGGCCCCCTTCATCGTCACTTTTTTCGACACCTTT  
GCGGCCCGGAAAAGCAAAGCCCGAAACGCTAGGCATTTTCAGGGGCTTGGCAAGGGATTTCTGGAGCGGGCGAAGGGAA  
CATCATCGTGTTCCTCAACTCGTTGATTGATAACGAGTTTTTCCGCACTCGGCGAACCGAGATGGACATAATATGGACTGA  
AAACCACGCTTGGTCAACGCGCGCTCCGAGCAAGTCCAGTGCAGCCATGGACAGCCAGCAGTAGCCAATGTACCCGAGC  
GCTCAACGTCACGAGGCGGTTTCATCTCCCTTTGGCAGGAACTCCTCGCGGGCGGCTGCAGAAACCGCTTCATGGGCTC  
AGAGGGTTTCGGGCTGCGGCGCAGCAGGTAGGTAGCAGCATGAGCGGCTGCGGCGCAAGGGCGAAGCGTTATGTCCG  
GCGGGTTTCAGGGTCTGCACCTGCGAGGCAATGGCGAAACCTAGGCCATAACCGGCACCCAGAGTACGATCAGCCCT  
AGGCTCGTCACTGATCTACCAGCTTGGAGCGGCTTGGACGCACCTTGAAGCACCGCTGGATCTGGTGGTGGCGGCCCGA  
TCCCGCGTCCGGATGGCACAGTACCAACGGAACCTTCAAGGCTTCATCCAATGGCACTTCCGCGTGCGCCAACAAAGGGT  
GGCGCACGGGCACGATCACCGACAGAGGATCGGTCCACACGGGCTCGGCGACAAGGCCCTTCGCTCACCGCGTCCGACAGC  
GCAAAGCCGATGTCCAGCAGATCGTTGTGCAGGCCCTTGGAGTGTGCGCGAAAAGGCAGCTCGAAGACCGCAATCTCCAG  
TTCGGGCTCTTCTCGCGGCTGCGCGCCAGCAAGGTGGCAATGTGGGGCTGCGCAAGCTGTGCGAGATGGCGATGCGCA  
GATAACCCTGATAGCCCTGCGCCGCCGCTTTGCGGCACTCACCGCTGCTCCACGGTGGCCAGCACACGCCGGCACTCA  
CCGAGGAACACTTGACCGGCCAGGTTCAGTCCGCTGCTGGTGCAGGCTGCGGTGCAACAACTGCACGCCGAGCGTGGCTTC  
GAGATTGCGCATTGCGCGGACACAGGCGATTGTTCTACGCCAAGCGGCTCGGCCGCTCGCGGAAATGCAGTTCTTCCG  
CGACCGCAACGAAATAGCGCAGTAGTCTGAGTTCCAATGCGGCTCCTGTTTGCCTCGTTCCTGGCTGCGTCCACCTCA  
TGCGGATTGCGCCTCGCTTTCTCCTTCGATGATTGGCAAGAGGTTCCGGCGTTCGATGCTTGCTTATTCGGATAGGCAGA  
TCGCATCCGAAAATTACGGAGGTTGAGGCGGAACGCTACCTGGCCGAAGACCTGAGAACCTCAATCACCGGACGCTGCA  
CTACCGCTGATCCACAGGTTTCAGTTCAATCAATTTCCCGGTTGCGAGCTCCACACGCACCTCGCGCGATTTGCCGGCCCG  
TTCCACTGACAAGACCACCATCGCCGACCTTCCCGTCTGATGCGCGGAGCAGCTTGGCCACATCGTCCGTCGCT  
TGCCATCAACATCGATGATGCGGTGCGCCGGCACGATGCCTTGGCGGTGACTTCGACACCCGCGAGGCGGCTTGTGC  
GCTGCCGAACAGGGGTAACACGCAACACGAACACGCCCTTGGTTCGGTTCAGTGAAGCAGACGCTGATTGAGCTGTTT  
GTCACCTCAATGCCACGCGCCGAGGATGTACTTACCGCTCTTATGAGTTGCGGGACTACGCGCATGACGGTGTGTT  
CCGGCAGCGGAAACCAATCCCGGCCAGGCGCGGAGGGCTATAGATCGCCGTGTGATGCCGATGAGCCTTCTTCCG  
GAATCGAGCAGCGGCCACCGGAGTTGCCAGGTTGATGGCGGCTGCGGTCTGGATCAGGTGATCGATGCGCGGCCCGC  
CGCTTCTCCGGGTAACGAGCGGTGAGCGCGGAGACGATGCGGTTGGTGGAGCTCCAGTCCAGGCCAAGGGGTTGCCGA  
TAGCGAACACCTTCTGACCCACCTTGGAGTCCGCACTGGTGGCGACCGGCACGGCCGGCGGCTTGAACCGACGCCA  
ATCTTGAGCACGGCGATGTGCTGCGCTGGGCTCGTCCCCACCAGCGCGGCTGGTAGTTCGCGGCCATCGTCCAGATAAAGCCGAACCGG  
TGCCGCGCGGATGGAAAAGACATTGCGAGTCCAGACGTCGCGCACCGCTGCGCGGTGGTGTGATGTAGACCACCGAAGCG  
CGGATTTCTCGAACAGTTTCGATGGTGGCTTTCTCGTCCGCCCGAGATGCGCACGCGCGTACGGTGCATCTGCCG  
CTCGCGGACTGAACCAGGCTCGATGGCGGGCAGGAACTGCCACAGCAGCATGAGCGTGGCAATACAGGCGGTGATGA  
AGAGCCAGCGCCGATGAAGGGGTTCCGGTGCGGGGCGTGGGTACGGGTCGGGGTAGCCATGAGAAGTCTCCTGTTGATA  
GGCAATCAGCGCCACAGCCCGCTCGGGTGCAGCGCGGCGGGCGCGGCTCACAGCGGATTCGGCAAGAAATGGGGCGC  
GTGGAATGGCAACGCTGATGCTGGCCAGGCGCAACGTCAGCAGGCGTGCGATACGCTCTTGGCTTGGCGGATGCGTGC  
GCAAGCAGGAGGGCTCGGGATTGCCCCATCCCGGCCACAGCCAGGCACGCCAGGAGCGGCTGACCCGCTCGATTTTCGCC  
AGCGCGGACGCCAGCCCTGCGGGTGCAGGCTCAGTTCCGCGCGAGGCGGTCAGCGTCGAACTCACGCACGCGAGACAA  
GCCGAGCTGTGCGAGCAGGGCCAGCTGGGGCGATGCGGCCAATAACAATAGACCAGGCCAATAGACCTCCGCCGCGCCAA  
CCAGCAGCGCGGGCAGGTTGAGCAGGATCGCGATTTGTCCATGAGGGCCAGCAGGCTCGTGAGGCGACTGACGGAATCC  
GCCACCTCATGACGCGCAGATCCTCATTGGTGTGTCGCGCATCTCGTGCAGCAGCACACCCGCCAGCTCGCGTGGGCT  
CAGGCTGCGCAGCAGGCCATCGGTGAGGGCGATCGATGCCTCCTGCTCGATCCGGTGGCGAAGGCTTACGACGGCAC  
TGGGCACATAGTGCAGCACCGGCGTGGCGGGCAAACCGGCACGGGCGGCGAGCTCGCGCAACAGGGCCACATCTCGTGG  
GCTTCTTGGGGTGAAGGCCCGTACGCGGTACAGGCGCAAGCTCAGCGCCGACCGGCTACCGGTTCCAGCAGCAACGC

ACCTGCAACGGCAAACAGCGGAGCCACAGGCCGCTTCCCCAAACGGCAGTCTCCCTGCTGCGGCTGCGATCCCGACCA  
GGGTGAGGACCAACAGCCCGGTCTGCAGGCGGTTGAGCCAGCGGTGTTGCAACAGCGCCGTGCGCGGATCAGTGGGATGA  
TGACGGGTATGCTCAGAGGTCTCGGCGGCGCGGTGCGCCGCTTGCAGCAGCAGCCAGTAGGTCGCACCCAGAGCCAGCG  
TGGCGCCTGCCGGCGCGGCTATCTTTGCGGGGCTCGCCTCGGGGTCAAGGATCACGAACTTGCAGCGCCAGCGGATCAGA  
CCGATGAGGATCACGGTCTTGACCTGGATGATGCTGTCCCAGCAGCGCCACGCGCACAAATGGAATGCTTGAACCTCCAT  
CGCGATCAAGAGCGTCATGATCATGCCGAACACACTCTGGAATACCTTGTGATCCAGGGGATGGAAGGCATCGAGGACCA  
GCAGCGTGAAGACGATGGCGATGAGCTGGAACAGCGACACCACGATGATGACGGCAATTACCAGCGACAGAACGAGGGCG  
ACGACCTGCTCGAAGCGCTCGTATAAACTCATGATGGCCATTGGTCACGGAAGACCTGAAATGGATTGCGGCTGTTGA  
CTTCATGCAGATGGACTCCCTGCGACATTGCGGCTGTGCGAGACGGCGGCATCGACTGATGTCTTCAATCAGCTC  
GGTCGACATGCCAAGCGTCGACATCACCTGTTCCGCCAGCCCAATAGCTGCGGCAAAAGGATGCTGATACACGCGCAGCT  
TGGGCATGGCGCAAATGCATCGGCCGCGGTGCTACTTCTGCATGACACCCACAAGGTCAGCGCCGACGGCGCTCGGCA  
ATCGCCTGGGCGATGCGCAACGCTTGGTGGGCATGGGCGAACGTCAGCACCACCATGTGCGCATGCGTCAAGCCGGCAGC  
CAGCAAGGTATCGGGCCGACTGGCATCGCCATGGAACACCGGCGCGCCGGCGGCACGCGCGGCTCGACCTTCTGCGCGT  
CCGCCTCCAGTAGCAGATGCGCCACGCGCGGTGGCGAAGAATCTCGCTGACTGTCAGGCCAAGCTCGCCCGCGCCGCAA  
ACGATGACATGGTCTCGATATCGCGCCGTCTGCGCGGCGATCTCGACTTCTTACGCTGGGGTGGCTGAATGACGCGCC  
GGTGGCGCTCAAGAACCGGGCAAGTACATCGTGATGGCGGATCAGTAGCGGTGCCAGGGCCATGCTGAGCACCAGCGCAA  
CTAGCATGGGTTGTACGACGGTCGCGGGGATCAGATGCTGCTGCAAGACCATGCCAACACAGCAGGGCGAACTCGCCG  
CCATGCCCCAACGCTATGCCCCTGCGCCAGGCATCGAGGGCGGACAGGCGCGTCCCGCAAGGCCAGGGTGTGAGCC  
GATCTTGACCGGTACCAGCACTGCCAGCCACGCGAACACCGCCAGTGGTGCCGAAAGAATCTGCGTCCGCTCCAACCTGCA  
GGCCGATGGTCACGAAGAACACCCCGACAAACACATCGCGAAACGGTTTGGAGGTGGCTTTCCATGTGGTGACGGAAGTCC  
CTCTCGCCAGCACCATGCCGGCCAAAACGCACCCAGGGCGGCGGATACGCCGACCAGCGTGTGACGAGCGGGCGGCGAGC  
CACCACCACGCACAAGGAAACCAGCACGAAGGATTCTTCGTGGCCCTGCCGCGCCACCCAGCCCAGCAGGCCATGCAACA  
GACGACGGGAGGCGAGGGCCGCTGCCGCGAACAACATCAGCACGCCAACACTTCGAGCAGCACGCTCTCGATCTTCGGC  
GACTCGCCGCGCGCCAGATCGCCAGCAGGGCCAGCAGGGGCACGCTGGCCAGGTCTTGAAGACCAGCACGGCGATGGC  
GCTGCGGCCGTGGCGGGTGGTGAGCTCGCCTTGGTCGGCCAGCTGTGCGGTGACCAGCGCCGTGGACGACATGGCCGCG  
CAGTGTGAGCAACGCGCAGCTCTGAACCTGCTCCAGCACATCAACATCAAGTCAAGTGGCGTGGCGACAGCGCAT  
ATCTGCAAGCTGCCGGCCGCAATACGGTTTTACGGGAAAGCCAGAAGTCCCGAGGGAGAACTCCAGCCCAACCATGAA  
CAGCAGCAGGGCCACGCCAGCTCGGACAGAAAATCAAGCGCTTCTCCCGCGCGACTACACCGCTGACCCAGCGGGCCCA  
GCAAGGCGCCGACGCGGAGGTAACCCAGCAAGGCGGGTACTCTGAACGCGCCGCTGCGCACCCGCGGAGGCTGCATGCC  
GCCAGCAGGATCAGGGTGGCGCCGAGCAAGTCTGCATCGGTGAGCGCCACCTGTGAGATGCCAGCGCACGATGTC  
CTGCGCGCCCAAGGCGCGGCTGACGCCGATCTCCCGCCACCTGGAACAGGGCGAGCGTCGGAATGCTGCGGATGC  
CGAACTGCGCGGCCAGGTGGGGTCTGCCTCGGTATTGACCTTGGCCAGCCTGACCCTGGGTTCGAGCTGGCGCGCCGCT  
TGCTGGAACCTGCGGGGCCATCATCTTGCACGGCCCGACCAAGGTGCCAGAAATCGACCAACAGTGGCAGGTGCTGCG  
CTCCACGTGGCGGAGAACGTCGCCGTGGTCAACTCGATGGGTTCCCGCTGAACAAGGGTGTGGCAGCGGCCGAGT  
TGGGATGTTCCGATAGCTTCGACGTCGGTACGCGGTTGATGGACTGGCAATGCGGACAGACGAGGTGAAGATTATCTTC  
ATGGTTCCGCTCCTTGGACCACAGTGAGGCTGCCGCGCTTCGGGTACAGACAATGCCGACCAATCAACGCCCTTGGAGCC  
AATCGTTCCCGCTCTTTGCTTACTCCGGCCTCTTCCAAATGAGCAGCGATGAACGCTTCGGCCTGCATGAGCCACCTTTGG  
ACAGTATCTTCTTACTAGGAATCAGCAGGATTTTCAGAGACGCTGCTGGCATCCAGCCGTCACACGGATAAGCAGAAA  
AATGCGCCGCCACAAACGCGGCATGTCCTTTCAGCAGGTGCAATGCAAAAAGCGAACTCGCTCGACCGATCAACTAGCTCCT  
CCTGTTCCGCGATCGTTGCGGCATCGGGATGCTGACTGTCAGCGATGATATCGGCCAGCCTGAGTGTGTCATCGGGCTGA  
TAAAATTGCAAGACTTCTCTTCCACCATGGCCTCGGCGACGCTTGGGCATCCGGTTCGACCGGCGCGTCCAGAGAAAC  
GAATTGCCAAATTGCGGGTGTCTGGCACTTCGTTATCCAGGACGGCGAACAGATGCTTCAAAAAGACCGGTGTAAGCCT  
CTTTTCCCGGACCGGATGGCAATCCACCTCAGCTCGGACAATCGCTTCCATCCACCAAGTTCGCGCAGCGTCCGATAA  
TCGGCGGTAAATCGCCGACGGCCGAGATAAGCCAGCTCAGCCTTGCAGCAGCCTCAAGTTCGACAGCTAGAGGCAT  
TCGGGTCGCTCGCCCTCATGGGCGGCTGATGCGGGTTTTGCGGCAATCCGCACCTTGAGCTCGCGCAAGCGCTCGCGT  
GTGCTTTGCGCTTGATTTGATCCTGAGCATGCAGTCGGTCAAAATGCTTCTTGGCCTGACGGAACAACGACTGTGCGAGC  
ATCTGCGCAGGGGCGTCACTCGTCATGTGATGCAGTAACGCTGACAGTCTTTTTGCGGGGAGGTGCATATAGCCACT  
GGCCAGAAATTGCCGCTTGTGTCGCGATCAAGGACGATTTGAAGTTGCGCTGAATCTTTAGTGTGTTTGTGCGAGCA  
ATGGCTTGAAGGCGTGTGTCGATCACATTTCCCAAAGCTCTCTGCCAAGGTTTCATGAAACTCTTTGTGATAGCTCGATAG  
CTATATTGCATCTGCATGTATGACTCCTTCGATGTCATTTCTATGGAGGTATGAATCGAGGATGCTCATATCCATAGAAT  
TTAGTTTGACCCGCTCTTATCCCTGGCGGTTTTTGCAGAACGCAACTCAAGAACAAGGCGTGCACCATAGACTGCC  
GCATAGAAGCCCAACAGCCAGCCTGCGGCCAGGAATGACTCGACCGGACGGGAAAAAATATCCACAAGACGATAGCGCC  
AAGGACAATCGAGAGCAGTCCACTGAAGGCAAGCCAAATTTACCCCTTGATTTCTTGACGCGAGCCGAACGGCGGCGGATA  
TCTCCAGCACACCGGTGAAAATCGCCAGAACCCACGCTAGCCCATAAAAAAGAAGCCAAGACTATCGTGGCGACCCAA  
GGAGCAACCAGGACGACGACGCCCGTAAGTATGCCGACAATGCCGCTGAACAGCAGCCAGCCCCAGCGCTCTTTTTTCTG  
GATATGGCGCACCGCTGCAAAACAAGTTGAACGCGCCATTGACCAAGGAAAAATGCGCCGAACATGATGGTCATGGCCAA  
GAGCCGATTGTGGCATCCAGAACGCGAGGGGCTGCGAAAATCAATGCCAAGACACCGCGCAACGCAAAAAGCCACCAATTT  
TGGCTCAGCGAACACAGTGTCTTGGTGGGGTTCATCCGCACTGGAATCGGGCATGGTGTCTGTGTTTCATGCTATATCTCCT  
AAAGATCTAATGGGGTGAAGAAGCAAACTCCTGAGCCAAGAGAGGGGGCGGACGCGCCCTTACGCCCTATCCAGC  
GGTTTTCAGAACAACATGGACAGCTTTGCCTTGATTTTCATCGAGCCAGCCTTTTCCGCGCCTCCCCAGCCGCTTTTTGC  
TTGACTTTCTTGGTTCAGCATAACAGGGGCTCAAAGTCTTCTTCCATAAACCAGCAGTTCCTGCCATTTCCAACCTG  
CTGCCGCTTTCGTTCAATAATGTCTCCAGGCGCTCATTGGACGCTTCCGCTCCGCTGACCATCTTACCAAGGTCTCGG  
CGCGCTTACAGGACGACCTGGCGCGCAGGGCGGGCAGCGGATGCACGCTGCGCGTCTGACACCAGCGTGTGAGCGCTGCC

TGCAGCGCGGCTTTGGCTTCTTCAATCTTGCCCTGATCGATCAGCGGCACGACTGACTTCACGGCTGCGGGATAGGACGC  
CAGAGGGATGTTGGTGACCGCGATCACGATTTCACTGGCCAGCAAAGCCAGCACGTGACGTGCTTGCACCTCGCCAT  
GTTTGAGGGCATCCAGCGCCTCGTCGGTCATCGCCTCAATGGTTTCCGTGTTGGCGAACAAGTCGTGCACGATGGTGCGC  
ACATCAACGGGGGCCAGGGCGAGCGTGGGTTTCGCGCGCAACGATCAGCTCCAGCTTTCCCCTCACTTCGGCCAGCGTTGC  
CAATGCGCGTGCAGCGTCTTTGCCGTCAAGTGGCGCCAGCGCTGATTTGGTCAAGCGCAAGGCCGAGACGGCCTCATCGA  
GGACTTGTTTACGTTTGTCTGCCGCTGCGAGTCCGTTTCTTTCTGAACCTCAGGCTGTACCTCCGTGACGACTTCAGGC  
TTGGACTCTGGACTGACAGGAAGGCTGCTTACCGCGCCTGTTTCGTTTATTCCTTCGTTCGTTCGATTTGGGATTCGGTGT  
TTGCTCATTTCATGGTGATATGCCTCGTATGAGATAGTGAATAAGGCGAATCTATTGGGGCTGACTGCGAACATCGCGAG  
ACTGACCCGACAGAGCGAGTCAGCCCCCTTCATCACCTCAAAACAGCTTTTGGATGCGCGTCTTCAACTCGTCAACCATCCC  
TTGCCGCTTTTGGCACCAGCGACTTTTGTCTCAATGGACTTCACCTGATCGAAGATGGGTTTGAAGTCCGCTTCTTGGC  
ATAACCCAGGATCTGCGCCATCTCGATCTCCGTGCGCACGGACGACAGCAAGGTGCTGAGCTCCTCGTTCTGCTTGGCAT  
CGCGCCTGTGGTCTCGGCCAGCTTTTTCAGCTTTTGGCATCGCGGCTTCGGCCCGTAGCACGGGCAGAGGAAAGGCGACC  
GAGGTACCACCAGCGTGTTCAGTGTTCGGGCGAGTTCCGCTTTGGCGTTGTTCGATCTTGGCCTGTTCGATGAGCCGTGC  
GGCCGACTTGATCGCTGCCGGGTACGTTGCCATCGGAAGGTTGTTCGGTTTGGATTACGATTTTCGCTGGCCAGATTGGCAA  
CGATGGGCCGGGCTTTTGCACCTCGCCATCACCAACAACCTCCGAGACAACCTGACCGCTTCTTTTACCATTCCACG  
TTGGCGTGGATATCGTGGGTGATGACGCGTACATCGACCGGCGCCAAAGCAAGTTTGGCGTTCGCGTCCAATACCAGTTC  
CAGCTTTCCGCTGGCCAGTTCAGCGCAGCAAGCGCCTCCTTGGTCTTCTTTGCATCAAGGAGGTTCAAAGCCTCCTGGG  
TCTTGGTGAGCGCCGTGATGGCGTCTTGAGTGAGCTCGGCACGCTTTTTATCGGCTTCCCGGGCGGCTTGTCTATCTACC  
TGTGGCTGTGCCGCTTGGATGCGGCAGAGGGTGTGCGAGCTCCTGGGCTAGAACCTGCCCGGATTTGGCCAGAGCCGG  
TCCGCTCAGTCCGACGACGACCGCCAGGGCAAGTGGCGAGAAGGTGATTGTGGCTGTTTGGATATTCATGATCTTGGGCT  
CTTGATTGAAGTTAGTTGACTGAGATTTCAATCTGTTTTCGGTTTGGCTTGGCTCGGCCTTGACAAGCCGCACTTCCAGCAC  
GCCGCTTTTCATGGAAGCCGTCACCTTGGTTCGGATCAACGTTGTTCAGGCAAGACAAAGCTGCGCACAAAGCGGCCATACG  
CACGTTTCGATGCGGTGGAACCTTCTTGCCTGCTCCTCTTTTCCAGTTTTCGCTCGCCGCTGATGGTGAGCACACCGTTT  
TCCGCGCTGACGCGCACGGCATCCTTGGGGACCTCCGGCAGATCCAGCTTGGAGGAAATGCGTTCATCTCCTCGTGTGAT  
GTCCGCTTGGTGGCCAGTCCGCCGTGGTTCATGGCTTCGTTGCCGGTACGGGCGCCCTGTTCGTTGGGTTATTCGTTCCGA  
ACATCGCTCGCCAGGCTTTTGAATTCATCCAGTTCGCGAAGGGGTCACCGAGTCAATGCAGACATATCGGTTCTC  
CTTGAACAATGCCGCAATTTGGATGACGCACTGAACAGAGCCGTCGTTTACTCTGAATGGCATACTACTGTTTTC  
GTTCCGAACAAGTCTTGGTCAATTGACGGATATCGCTTTTCGTCGAGCGTTCGCGCCAGCAGCTCGCGCGCACAGC  
GCTCCAGCACCGCGCGGTTGATGTGAGAATCCGGTAGGCGCGCTCGAACACGCCCATCACGATGTTCGCGGATAGCCTGA  
TCGATGCGCGCCTGGGTGATTCGGCCACCCGGCAACCGCCGTGGGCCAGTTCAGGTGTATCGAGAAAAGCGGGGCGGCTG  
CGCCTCGAAGGGCATGTAGCCCAGGCCCTCGTCCATGCCAAAGCGGGTGTATGTTCACGGGCGATGTTCGGTGGCTCGCG  
CCAGATCGTCCGCGCCCGGTTAGACAACCTCGCCGAACACCAGCTTTTTCGGCGGCACGCCCGCCAGCAGTACGGCGATC  
TTGTGCTCGAGATCGGTACGCGTTCATCAGGAAGCGGTCTTTCGGTGGGGCGCTGCAAGGTGTAGCCAGCGCGCCGATGCC  
GCGCGGGATGATCGAGATCTTGTGTACGGGGTTCGGTTTTCGGGCGAGCGCCAGCGCCACCAGCGCATGGCCATCTCGTGT  
GGGCCACGGTTTCCCGCTCCTTGGGATTGAGCACTCGGTTCTTCTTCTCCAGGCCCGCCAGCATGCGTTCGATGGCGGGC  
GTGAAATCCTGCAACTCCACGGCGGACGCTTTGCGCCGGGTGCGCGCCAGCGCGGCTCGTTGACCAGTTTCGCGAGGTC  
TGCACCCGAAAAGCCCGTGGTTCAGCGCAGCCACCTGTTTCGAGATCGATATCCTGAGCCAGCGTACCTTCTTTCAGCTGGA  
CTTTTCAGGATGTCCAGCCGTCCTTCTTGTTCGGGCGGTTCCACCAGCACCTGGCGGTGCAAGCGGCCGGCACGCAGCAGC  
GCCTGGTTCAGGATTTTCGGGGCGGTTGGTGGCGGGCAGGATGATCAGCCCCACCGAGCTGTGCAAGCCGTCATCTCGGT  
GAGCAGCTGGTTGAGCGTCTGCTCACGCTCGTTCGTTGGCCGCGGATGGGCCCGCCGACGCCGCGCGCGGCCAGCGCAT  
CGAGCTCGTTCGATGAAGATGATGGCCGGCGCCTGCCCGCGGGCTGCTCGAACAGGTTCGCGCACGCGCGCTGCACCCACG  
CCGACGAACATCTCGACGAACCTCCGAGCCTGAGATGGAAGAAGACGGTACCCTGGCCTCGCCCGCCAGGCCCTTGGCCAG  
CAGGTTCTTGGCCGTCGCGGGCGGGCCAAACGACGAACACACCTTTTCGGGATGCGCGCGCCGAGGCGGCCGTAATCTGCG  
GGTTCTTTCAGGAAATCGAGCATCTCAACCAACTCCGCTTGGCTTTCATCGACGCCAGCAGCATCGGCAAGGTTCAGGCCA  
GTGTTCTTCTCCATGAATACCTTGGCAGCGCTCTTGGCGATGTTCAGGAAGCCACCCATGCCCTTCTCGCTCGCAAGCG  
GCGGAACAGGAAGAACCAGACGCCGAAGAAGGCCACCGCCGGCAGAATCCAGGAGAGCACATCACGTAGCCAGGTGCTTT  
CCACCACCCGCGCATAGGGCACGTCGTACTTGGACAGCCGCTCGGCCAGGTTCGGGTTTCGACACGGGTGGCCACGATGGTG  
GTCTTGGCCCGGCTGTCCGGCGATTTTCAGGCGCCCGGTGACCGTTCGGTTCGACACCAGCACTTCGGCGACGCGCCCTC  
GGCCAGCGCCTTCTCGAATTCGCTGTAGGGCACGGGCTCGACGGTCTTGGCCGCTTCCAGTAGTTCTGCAGCGTCAGCA  
GCAACAGGCCGGCGACGATCCAGTAGCCAATGTTCCATTGATCTTTCTTTTCCATGGGCAATGTTCTTCGCAAGTCGTGT  
CGTAGAGAATGGGGTGAACAGACGGGCCACCCGTCGCGCAAGCGGATGGCCAGCGGGCGGGCGCGCAACGCCTTCGC  
CGATATCTCGCCGACGCATCACGAGCGGCATCAAAAAGGGATTCCAGCCGCGTAGACAGCGCGGTGTCGTACACCTCCA  
CATTGAACCTGAAGTTGAGGCGCAGGCTGCGCGCATCCCAATTGGCAGAACCAGGCAGCACCCTGGCCGTCTATCAGC  
ATCAGCTTGTGTGGTTCGAACGGGCCAGGCCGTTTCGAAGATGCGTACACCGTGTCCAGCACCTGCCAGTAGTGGGCGCG  
CGCGGCCCATTCGACCCGTGGGATGGTTCGCCGTTTTCGGGGCGTTCAGCACCTCGACCGCGCACGCCGCGCAACCGCGCCGTGC  
TCAGCGCCGCGATCATCGGCTGATCGGGCACGAAGTAAGGTGTCCAGATGCGCACCGAATGCTTCGCCCGCTCAAAGCG  
CCCATGAAGGTCCAGCGCATCCTGTCCAGGGCCTCATCGGGACCGGCTCGATGCGCGCGCCCAAGAGGTTCCCTTGCCTC  
ATCAGCCGTTGGCGGGGCTTCGCCCCAGAAACCTTGTGAGCCGCTCGCCCGTGGTATTCGCACCAATCATCGGTGAAGC  
ACCGCATCAGATGCGCAACCACCGGCCCGCGAGACGAAAGTGAATTCGTGACAGGCTGCTCCGGCGCATCGGGCCG  
CAATACGGGCTGAAGATGTTTCATGCGCGCGGTGAAACCCGCTCTCGCCATCGATCACCAGCAGCTTTCGGTGTATTGCGCAG  
ATGCGCGCATGAGGCGCGGGAATCAACGTCGGTTGAACGTCGCCGCGGGAACCGCGCGCTTGAAGGCGCGGT  
AGGCGCTGCGGGGCTCCAGCGGGCATAGACGTCGTTCGATCAGCACCCGCACTTGCACGCCGCGCTCATGAGCCCGCGCGC  
AGCGCATCGACGAACCTGCGCCCGATGCCTTGGCTGTTCGAAGATGTACGAAGCCAGCGCGACGCTGTGCCGCGCCGACTC

GATGGCAGCGAGCATGGCCGGGTAGGCCTGCTCGCCATCGACGAGCGGCTCGATGCGGTTGCCGCTGGTCAGCGACTGGC  
CGGTGGCACGTCCCACCAGGTGCGCCAGGCCGGCAAACGGCGCCGATACGGCCTGGGGCATCGTAGGCACGAGGTCCTGC  
CGAACAGCAGGATCTGCCCCGGAAACAGCCGCCGCGCCCGCTGGTAACGGTTGATGCCGAACAGCCATACAGCAG  
CGAACCGCCCAACCGGAACAGCGCGATCAGCAGCACCCACAGCGTGGCCGATCGAGGGTCACGTTTGTAGATGACCGCGT  
GCCCCGCTGTGGGGATAGCGACCGCCAGCGACACGAGGGTGGCTGCCCATGTGACCCCGTTGGGGTCGGACACGACAGCC  
TCCCATCGCTCAAGATCCGCCGCCCGCTGACTTCTTCTTTCGCGCAGGCTTGCTCTCGCCGTTCCGGCGGTGCCTCGGCCA  
CGTTCGCTGCATCGGGCTTTTCAGGCTCGGCCGGCTGCGCGGCTGGCTCCTGGCGCTCGAAGACCACCCGTTCCGGCCTTG  
TCATCCCAGCGGGCGCTGGCGTGATCGGCCTTGCCGATGCCACCACCGAGCATCTCGCGTGCCAGCGCGGTTCCAGCTC  
GCTGCGGATCAGCCGTTGAGCTCGCGCGCGCCGAACCTCGGTTTGTAGCCTTCCCTCCGGAAGTGGTCGATCAAGGTCT  
GGTCGAAGGTCAACGTACGCCCTGGCTGGCGGGCTGCGGGCCACACGATCGAGCTGCAGGCCGAGATAGGCGGATC  
TCCTCCTTGCCCAGCGCATGGAAGACGATGATCTCGTCGATGCGGTTGAGGAACTCGGGGCGGAAGTGTCCGCGCAGCAC  
GTCCATCACCTCGGACTTGGTCTTCTCGTATTCTCGCCGGCGGGCCACGGGCTTCAGCCGACGCTGGATGATGTCCG  
AGCCCAAGTTCGAGGTGGCGATGATGATGGTATTGGTGAAATCCACCACCCGGCCCTTGCCGTCGGTGAGCCGCCCGTCCG  
TCGAATACCTGCAGCAGGATGTTGTAGACGTCGGGGTGCCTTTTTTCGATCTCATCGAGCAACAACACGCTGTAGGGTTT  
GCGACGCACCTTCTCGGTGAGCTGGCCGCCCTCGTCATAGCCACATAACCCGGAGGCGGCCACCAGGCGTGCCACGG  
TATGGCGTTACCCGTAACCGTACTCGGACATGTGATGCGCAGCAGCGGCCCTCATCGCCATAGATGGACTCGGCCAGTGCCCTG  
GCGAGTTCCGTTCTTGCCACACCCGTCGGCCCGAGGAACAGGAAGGTGGCCACTGGCTTGCCGCTTCGCGCAGGCCCGC  
GCGCGACAGCCGACGGCATCGGCCACGGCACGTAAGTCTCGTCTGCCCCACCAGGCGCTCGTGCAGCCGCTGCTCCA  
GATGCAGCAGCTTCTCGCGTTCTTCCACCGTCAGCTCGTTGACCGGAATGCCGGTCAGGCGGAGACGATCTGCGCGACA  
TGCTCGGCCTTGACTTCGGCGCTGCCCGAGGCGCGCTCGCGTTCCCATTCCTCGACGAGCTTCTTGAGTTCAGTCTCCTT  
GGCCTCGATGCGCTTGCCAGCTCGGCGGCCTTGTCGTAAGTCTGCTTTCGCGGAAGCCACATAGTCTTGCTCACGCCGCGAGCT  
GGTGCAGTTCGGACTCCAGCTCTTGCACCGCCACCCGGGCGGGCCGTTGGCCGACAGCTTCACGCGTGCGGCCGCTGGTCCG  
AGCAGGTGATGGCCTTGTGAGGCAAAAAGCGCGCGGTGATGTAGCGGTCCGACAACCTCGGCGGCGGGCATGATCGCATC  
CTCGGTGATGCTGACCTTGTGGTGCGCCTCGAAGGTGTGCGCAGGCCGCGCAGGATCATCATGGTCTGCGCTACCGTCCG  
GCTCGGGACCCATACCCGGCTGGAAGCGACGCTCCAGCGCGGCGTCTTCTCGATGTAAGTCTGATACTCGTTGAGCGTG  
GTGGCCCGGATCAGGTTGAGTTCGCGCGGCCATCATCGGTTTGAACACGTTGGCCAGCTGACGCCCTTCGCGCAGGCCCGC  
ACCCTGGCCTGCACCGACGATGGTGTGCACTTCGTCGATGAAGAGAATCAGCTCGCCCTGGTGTGCTCGTACTTCTTGA  
GCACCTTCTGCACGCGCTCCTCGAAGTCCGCGGGTACTTGGCGCCGGCCACCATGGCATTGATGTTGAGTTCACCAGG  
CGCTTGTGCGCAGCGTCTCGGGCACTTCGCCGGCGACCATGCGCTGCGCCAGCCCTTCGACGATGGCGGTCTTGCCGAC  
GCCGGGCTCGCCGATCAGCACCGGGTTGTTCTTCTTTCGCGCGGGCCAGCACTTCGATGGTCTGCTCGATCTCCTGCGCGC  
GGCCGATGACCGGATCGAGCTTGCCCTCGCGCGCCATCTTGGTGAGGTGCGCGAATACTTGTGAGTTCGGCGGTGTTG  
GTCGGCGTCTCGGCGCGGCCATCCTCGGCCCTTTGCCGACCACCTTGCTTACCTGCTGGCGCAGCGCTTCGCGCGTGA  
GCCGTAACGGCGCAGCAGGTTGGCCGCCAAACCTTCGCCTTCTCGGCGAGCCCGATCAGGAAATGCTCCGGCCCGACAT  
AAGAGTGGCCGAGTTCGTTGGAGGCCACGAAAGCACGGCTGAGCGCGTCTTGAACCGGGCGACACGCCGATCTCGCC  
TCGAACGGCTTATCGCCGCGCTTGGCTTCGGATTCGATCTGGCGCTTAAAGGTATCGACCTTGATCTTGAAGTCCCGCAG  
GATGGTCTTGACCACGTCGCTGTGCGATAGCGCCAGCAGGTTGTCGGTATCGACTTCGGCGCGCCCGAACTCTGCAG  
CGTGTGCGGGCGGCTCCTGCAATAGGGCCTCGGACTGTTGCTGATAACGGCTGGCGAGCCACTGCCGCGACGGCGCGCG  
GTGCCCGTACCGGCCGGGGCGGGTTTCGCCGAACGAGGCATCGACGACCTCGTCCGGTATCGGCCGCCATGGACGGTGGCTC  
GTCACCGATGCGGAAGAAGTCTGCTGCCAAGGAAGTCTTCGAACAGCCCGCTGCGCGAGCCGAACAAGGCTTCACGCGGTG  
AGACGGTGGCCTTTTGCTGGCGCACAGTTCGGCGATAGTATCGTCACACAACAGCATGGTGTGTTGGCGACCATTGAGA  
TTGGCTTCCACCCGCACCGTGGCGGGCTGGCCGCAGACTTGGCATTGTTTTCTGGCCATGCTGATGCTCCTGTAAAGATT  
GATCTGACGAGGACCCGCCGATCACGGTGCCTCATCTCTTGTGGTTTTTGTAGAAAAACGCGCTGCCCCGCGTCAGCCGT  
TGATCGGGATCGAGCGCCCTGCTGGGGCGTACTGGCCTCGCCTTTCCATCGTATCGTGAGCACGCGCTTCTTGA  
GCGGCCCTGATCGTGTCTGTTGGCATCGGCCGCGAGTTTCAGAGCGCGCTGAAAGCTGCGCTGAGGCGCTCCACCCG  
ATGGAACCGCCGCTCTTTCGTTTCTGCTCCTGACGCTTTTACCAGCGCACAGCAGCATCGTGTGTCGAGCGTATCT  
GGATGTCTTTTTCTCGATGCCGGTACTTCCAGGGCGATCTTGTACTGCTTGTGCGTCTCCTGGATGTCCAGCGCCGGC  
TTCAGCATGCCCGGCCAGTCCGACGGCCAGCGTGGCATGGCCAGCGTGGGAAAACCGAAGCCTCGAAAACGCGTCTCGAA  
CAGGCGGTGATCTCGCGATGCAATTGCAGGATGGGACTGACGGGCCACCCGCCACCGGCAGGTGATTCGCTGCACCCG  
GGAGCGAGGCAAGTGTCTGTTGTTCTTCTGCTCCTTCTTGAACAGTTCAGGGAGCCAATTTCTTGAATCAATGTCC  
ATGTCACACCTCCAGAAGAAAAATTGAAGACTCTCGCTCACTCCGTTTGCCTGCGGCGACGGACAGCGCGCCAGACGAC  
ACGGAGTGTTCGCTGACTTTGGCTGCTCATCTGTGCGTATCACCTCCTTCTTCTGCTGCTTGGATCTGATCATTGAT  
CCATCGATCGATTTCACTTTGACGAAACCGCCACGTCGCCCGGACCTTGAAGGCCGAATCTCCCCGTGCGAGGCGAGCC  
GGTAAAGCGTCCGCTTGGCGACTTTCAAGTAGGCAGCCAACTCGTCGAGTGTGAAGATCGCTGCTGGCGCGCTGTCATA  
CCACCCCAACAAGTTCGTCGTCACGCGGCCTCGCCTGAGGAAGTCTTGAAGACTTTGCAAGATATTGCGCCTAACAT  
GCCGAAAGTCAAGAGTCAACATCCAGCGATCTGCTGGCCGATTGATGTGACTCAATCGTAAGCAGCCAGGAAACAAATGT  
TGGCTGCCACCGCGATGGTGTCTCCCAAGTCATCAATCTGCAGCCATGTGAAAGGGGAAGTCCATGAACGAGATTGCCCG  
AGTCCGGGTGGATCTGGCCAAGCGGGTTATCTAGGTGCATGCGGTGGATGCGCGCGTGGTGGTTGCCAAGGCGCTGGCCG  
CTGACAAGTTTTCGGCCTGGTGCGCGGAGCTGCCTCCCGGCTGCCTGGTGGCCCTGGAGGCTGCGGCGGTGCGCATCAC  
TGGGACCGCAAGCTGCGCGGCTATGGGCTGGATGCGCGGCTGATTGCAGGCCACTTCGTCACGCCCTACCGCATGGCCGG  
CAAGGACGCAAGAAGCGGTGCGGCCGATGCCGAGCATCTGCGAGGCGGCAACCCGCCGCACATGCGCTTCTGTGCCG  
TGAAGCCCGCGCGCAGCGCTGCTGGCCAGCCATCAGTACGCAAACTCCCGATTCCTGCTGCTGCTTCTGCTGCT  
TGCCTAGGGACGACCATGTAAGCGGCAGATGGTGGAGTCTTTCGAGCAGCAGCTACGCGAGCAGCCCGGAGGTGGGG  
ATGCCCTTGGCGATGATCTCCGCCGGGACCGGCGCCTGGGTGAGCGTTCCGGCACCTATGCGCAGGTCCACTTGCCGCGGA

TGTGGCACTCGACCGTGAACACGCCCGGGCTGTAGTCCAGCTTCTCGCTGATGCGCTTGAGCGCACAGCCGCACGCGCAG  
CGGGTGTCTCGGGCTCGTGGTGGCAGTCCACGCGCGGCAGGTCCGCCGGCAAGGCGGTGCGCTTAGGCATCGCGCCAGG  
CGTAGCCGGCGGGCTTCTTCTTCCAGCAGTTCCTAGAGCTGCGCCTCAGCCGCGGCAAGGTCGGCGTCCAGAGCCTCGT  
CGAACAGCGCGCGTGTTCGGCATCGAGCTGCTCGCTTCTTGGCCGAACCTCAGGCGTCGCAGCTGGGCGATCTCGAAC  
GAGAGCTTCGCCGTAGGCGCTGACATGGGCGAAAAGCATCCGAGCATCACCCCCAGGATGGCTCTCATCTCGATACAGA  
GGTGAATCCTCCGCACTATTCGGCTCCCTACGATGATATGGACTGATCACATCGGTAGGGAGAAAAGCATGAACTTACGCC  
ATCTTCGCTGCTTCATCGCCGTAGCCGAGGAACTGCACTTCGGCCGGGCTGCTCGACGGCTGCACATCGAACAGTCTCCA  
CTGTGCGGCACGATCCGCCAGATGGAGGCGGATTTAGGGGTGCCGCTGCTCAACCGCTTGCCACGCAGTGTTCGTCTCAC  
ACCGGCGGGACAGGTCTTCTCGAAGAAGCCCGCGCGTACTGCTGGCCTTCGAGCAAGCGCAGACCAAGGCACGCGCGG  
CAGCGAACCAGCGGAACACGCTGCGCATCGCACTATCTGGTGACATGGGCGAGGCCCGCTGTCGGCGTGTGCTTGGCCTT  
TGCCCGGAGGAGGCACCACAGGTGCGCATTCGGATATTTGAAACGCCACTGGCGCAGTTGGTGACTGGACTGCGCAACGA  
CTTGATGACGCAGGTTTTGCAATTGGCTGGTGAATGGACGCCGGCATCGTCGCCATGCCGGTGTGGCGAGACCCGCTGG  
TGGTGGCTTTGCCCGCCAGGCATCCGCTGCTGGCTTTCAAGGAAAGTGGCGCTGGAGGAAAGTGGCGAGCTATCCGCTGGT  
CTGTGCGATCCCCAGGTCTGCGAAGGTTGACGCCGCGCAGCGCAACGGCTGCTCCGCACGGTGGATGCGCAGCCGACGGT  
AGCCGAGTACGTCAAGACCCATTCCCTGATGCTGGCTCTCGTGGCCGCGGCTACGGCGTGGGCTTTTCGAGCGCGGCGC  
ATCTGGCGGGTGGCCATCAGGCCGATGTCGTGCTGCGGCCGCTGGCCGACGAGACCGCTTCGCTGACGACCTATCTACTG  
CGACCCGAAGGCGAAATCATGGAGCCGCTGCGGCAGTTCATCGACCCGCTGGAGCGTGTGCGACGCCCGCAAGGCACCGA  
TCAACGCCCGATGTGACGCGGGGATTTTGGACGGTACGATTCCTTTCCGCTGCGACCTTGACCCGCATTGCATCGGCGG  
CCGACCTTTTGGCTCACGGGCATGGATGGCGAATCGGGCCTATCCACCCGGCATCAAGCAAGGCACCTTCAAGCTGTGCA  
GGTCACAGCAGTGACGCAGAACGCATGAGCCCTTGTGGATGCAAACCGGCTCAGCCGGAAGTCGCATTTGGCGCTTTACC  
CCGCCCGTATTCTACGAAAACCTTTGCCCTGGTTTTCCGGTAAAGCGCGGCATCCCTTCTGATCGAACTTGGATGCGCG  
GCTTTTCAGACCGTTGCGCCGGTAAACAAGATTTTTTCGAGGTGCATTATGGTTGAGGTGTAGCGGGCACCGCAAGGAGGT  
TTGCCCCCTGCGTAAACGCTCGGCGACATCGCCGACCCAAACGTCACCACGATGCCGACCGGCTCGCGCTTCATCGGGTT  
CTTTGGGCAATCGCTGCGCCCATGTGGGCGCGCGCGCTTGGCATGTGTGATCCGACGATGGGAAGAGCGCGATATGCC  
GAAATCGAGCAGCCACGCCTTTGGCGCAAAGACGTAACCGACCGATCGAGGCGGCGCTCCGCTGGTGGTCTCCTGCG  
GCTTCGAGCAGCTATTTCGGAAGCGCTGGAGCAGCTGCCATGCCCAGGACCCCGGCAACTCCCGCTGCGCCGCTGCTG  
CGCTGTATGCCGAGCGCATCTTCGACGCGCTGACGCATGGCGAATTTGCCCGGTGCAAGCCCGCATCGTGTGGACTC  
GCAGCGCCGCGCTCGACGACCCCGAGTTGACCGTGCACCAGTGGACTTGAAAGCGTGGATGTCGCAAGTTCTACCCCG  
GCGATCGGCGGGGTTTTTGTGTTGACGGCATCGAACGCGCGGTGCATCCGGCGGTGAGCGTGGACACGCTCAACATTTCTG  
CTGGCCGATCGCGAAGCAGCGAAGTCGCAACTTGCCGAACCTTGCCCTGGTGCATGAAAACGCTGCGCACCGCGCACGAAGC  
ACTGGCGAAGGAACATGCCACGCGCGCGGCCAACGACGAACAGGCGCGGAGCCTGGCCTGCGCAGCGAGACGACTTACC  
TCAACATCATCGGCGGACTGCTGACGCTGCTGCTGGGCAATTCGCCGTGAGGCGCGCCTATTCGTCGTTCCGCAGCATG  
GATGCCGTGGTTCAGCGCGCTGATCGCACACCATGAGGGGCGGCGGGTCTCAGCGAGCGGACGCTGTGGAGCAAGCTCGC  
GCAGGCGCGGCGCCACCTGGAGGCGTCCGCTGACGACGCGGCCAGCATGATGCCGATGCGGCGCACTGCAATTGCAGTC  
GCTGCTTCTGCAATTGCAGTGATTTCCGGCGACCGCGGTGTATTGAATACGAGGCACTTTCCGAACAGCGCCAGTGAGCGT  
CAAGGAGTGTCTCTCATGTCTTCGAGACACCACCGCGCCGCGAGTGCAGGCGGAGCACCGCATCTGCGTCCGCGCCGAAGT  
CGAGGCCAAAACCGGCTTCAAGCGCGCGCACATCTACAGCCTGATGAAAGAAGGCAAGTTCCCCAAGGCGTGCCTTGG  
GCGTGCAGCGCGTGGGCTGGGACTCGGCGGAGGTGAGCAATGGATCGCCGATCGCCTCGATGAGCGCGCCTGACGCTTT  
TCCTCGGTACATGCCATTC AACCGGGAGAGGCCCATGCAGGTGGTGTCCATCATTTTCGACCAAGGGCGGCGTCCGGCAAGA  
CCACGACGGCGGCAACCTGGGCGGCTTCGAGCCGACACCGGGCTGCGCGTGTGCTGCTGGACCTGGACGTGCAGCCC  
ACGCTGTGAGCTACTTCACGCTGGCCGAGCGCGCGCCGGCCGGCATCTACGAGATGCTGGCCTACAACGAGCAGCGCGC  
CGAGCAACTGGTGTGCGCACCCGCGATCGAGCGGCTTGACCTGGTGTCTTCGAACGACGACCGCGGCGAGCTGAACACGC  
TGCTGCTGACGCGCCCGATGGCAGATTGCGGCTGCGCCACCTGCTGCCACGCTGGCGCCGACTACGACCTGCTGCTG  
ATCGACACCCAGGCGCGCGAGCTGCGGCGCGCACGCTGCAACTCATCGAGGACATCGCGCGTTCGACCTGCGCGCTGACGCC  
GGAATCCTCGCGGCGCGAGCTGCGGCGCGCACGCTGCAACTCATCGAGGACATCGCGCGTTCGCGCCACTTCGCGCTCGGCA  
TCGAGCCGCGCGCTGCACCTGCTCATCAACCGGTGCATCCGGTGTGCTCGAATGCGCGGCTGATCCAGCAGGCGCTG  
CGTCAGGTATTCCAGGAGCAGCCTGGCGTGCAGTGTGGACACCGACGTGCCGGCGATTGAAGCCTATCCGCGCGCCGC  
GACGCGGACTGCCGGTGCATCGGGTGAATAACCGCCAGCCGGCGGGCCGACGGCACCTGCCGATTTGGAGACCATGC  
GCGCGTGGCCGGCGAGCTGTTCCCGGCGTGGCAGGAGCGCTTTGCGCTCGTACCAGGCGGAGGCGACGCGGGAGGGCC  
GGCCATGGCCAGCGCACATAACCTGGCCCGCGCCACAAGCGGCTGCGAGGGCTGATCGAGTTTCGCCCTGGGAGAAGGTT  
GGAAGGTGGTGCACCCGCGGCGGGCACCTGCTGTTACGAAGCAAGGCTGCGCGCGATCTACACCAGCTCGACGGCG  
AGCGACCACCGCGCGGAGCGCAACGCCCGTGCAGCTTCGCCGCGCCGACCGACAGGCGCAGGAGAATGGCCGTGGCTG  
AGCTGACGCCGAGGACATGGCTGCCAAGCTGCTGGCCACCGGCTTCGAGCGCAGCGGCCCTTCGCGCCGACCTTGAGC  
GACCCCATCGCCGACACGCGGATGGTGGTGCAGCTGGACCAGTTGCGGCCCTACGACCACGACCACCGCTGACGCGCAA  
CCCGGCCTATGCGGAGATCAAGGCGTCCATCCGCGAACGTGGGCTGGACGCGCCCCCGCGATCACGCGCAGGCCGGGCG  
AGGCGCACTACATTATTCGCAACGGCGGCAACACGCGGCTGGCGATCCTGCGCGAGTTGTGGAGCGAGACCAAGGAGGAA  
CGCTTCTTCCGCAATTGCGTGCCTGTTCCGCCCGTGGCCGGCGCGCGGCAAAATCGTGGCGCTGACCGGGCATCTGGCCGA  
GAACGAGCTGCGCGGCGGCTGACCTTCATCGAGCGGGCTTGGGCATCGAGAAGGCGCGGAGTTCTACGAGCAGGAAA  
GCGGCCAGGCGCTGTGCGAAAGCGAACTCGCGCGGCGACTGACGGCCGACGGCTATCCGGTGCAGCAGTACACATCAGC  
CGCATGAACGATGCGGTGCGCTATCTGCTGCCGCGCATCCCGACGCTGTTGTACGGCGGATTTGGCCGGCATCAGGTGGA  
CCGGCTCGCAGTGTGCGCAAGGCGTGCAGCGCACCTGGGAGCGGCGCTGGGCGGCGGCTGACCGTGGACTTCCG  
CTTCGCTGTTTTAGGATGTGCTGTGCGAGTTGACACGCGAGCCGGAGGGCTTCTCGCCCCAGCGGCTGCAAGGACGAACTG  
GTGGGTGAGATGGCCGAGCTGCTGGAAGCGGACTACGACACGCTGGCATTGGAGGTGATGACAGCGAAAGCCGTCAGCG



AGTATTGACCAGCGAGCCGGCCGCGCCGAACCCGGCAACGCCTGTGCGACCTGCGGCGCCAGCCATCACGCCGCAACTGT  
CGCCCGCGGCGCCAACGCCACGGGACACCTCGCCCGTTCGCGCCACCCGGCAGAGACACCCCTCGGCACCACCTGCCGCTGCA  
CCAAACGCCCGGGACGGGCAGCGCGACGAGCGCCTGCAGGGGCACATCGTGACGCCGGCCCAACCACCGAGCGCCTGCA  
GTCCATCCAGCGGATGGTTCGCGGATCAGCTCGGCGACAAGCTACCCGACTTCGAGGCAGATGCGCTGCGTGCGATCCCGG  
TGCAGGTTGGCGGGCTCTTTCCCATCTCGGATGTCTGGTACATCGAGCCGGGCTGGACGTGCCGGATCGCCTGCGCGTG  
CATATCTCGCAGTTCGCTCGCGAGATCGCGGGGAAGCGGCGGTGGGCGACCACATCGAAGCCAGCGATGGCGGCATCGG  
CTTCGTCTGCGTGACGCCGGCCGTGGGCCAGGCGAAGGCGCTCCCGCGTTCGCGCGTGCGATGCTGACCCTGCTGCACG  
CGCTGAGCACCCGCCCGCACCCGCGACCCGGCTGGACAGCGCGCGCTGGCCGATGACCTTGGGCCGCTGCTGCATGGT  
CACGGCGGCTTGGTCACGCGCCTGAGCGATGCCGGCTGGTAAAGCTGTTCGCTGCTGCGCCTGGCGCGTCCGGCTCGGCT  
GGATCTGGAAGCCGGCGTAGCGAGCCAGGATTCTGAGCGCAGGAGGCTCCCGTATGTCGGCACCCGCCACCCGCTCAACCA  
GGCCGTGATCGCCAGGCCCTGCATGACCTGCGCAACGGCCAGTTGCGCCGCTGCAAGGCCATGGGCTTCGGTGAGGAGG  
AGCTGGATGCGCTGAAGCACCCAGAACTCGTGAGCATGCTGGTGAATGCCACGGTGTGCTGGTGTTCGGTGTCGGTGAAC  
CGGGAAGTGTGAAGCGGCTGCTGAGCCAGGTGCACGACGTGGAGCGGGAGATCGCCACGGTGGACCGCATGCTGCGCCT  
GGGGCGAGCACGGAGATGGTCAGCAAGTTCTACGGCCTCACGCATCAGGAAGTGGCGCTGCGCCGCGACATCCTCGGGC  
TGCCCAAGCGTAAGGGTCGGCATCCGGTGTGCGACGAGGCGCAGGACGTGGCCCTGTGGGAACGCTGGAAGGCCGGC  
ACGGAGCGGCACATCGCACTGAACGACGACATGGCGATGCTGGCGTGACCATGGACCTGGCCGAGGCCATGACCCTGCC  
CATGTGCGTGATCTGGTCGGCGATACGGAAGTGGTTCGACCGAGGGGCTGGTGTAGGTTCATGACGACGGGCGACGCTCCAC  
GGCGTGATGGCCCGTTGCGCTGTGCGCGTTGTTGACGAGGCGCTGCGGCACCTTGAGCCGAAGGAACCGGCGCAGGGC  
ACGGCGCCGAGCCAGGACGGCTTTCTCTACAGCGCAACCCGGCAGGAGCGTGCCCGCGCGCTTGTCTTCGACCGGCG  
CCTGACGCCGCTGGAGCGCAATGCCTGGCAGGTGTTCCGCCTGCAGCTCAACGACGACGGCGTGACCCTTTCCACCT  
ACGACCAGCTCCGCCCATATCTGGCGTCCATGCCCTGTGCGGCGCAAGCCTCGCACGAGACCGTGGCGCGCGCCTTGACG  
CTGCTGCGGCTGACGCGCTGGCTCAGCCTGGTTCGCGGCGGGCGCGATCCCAAGACCGGCCGTATCCAAGGCAACCTCTA  
CGTGCTGCACGACGAACCGCTGTACCCCTTCGAGGCGATGCAGCTGCACCCGGACTACCTGGGCTGGTGAGCCAGGCGC  
TCACGCACGCGGCGAAGGCGGTGCAGGTTCGTTGGGATGAACACGCTGCGGGAGATCGCCGAAGACCCGCTGCTCAGCGG  
CGCAGCTGCCGACCCGCTCTGCAAGTGTGGCGCAGCGCATGGCGCGGCATGGCTGGACGACGCCAGGTTATCCACAGGA  
GGTGGCGGACCAAGTCCGAAGAAGGCCAGGAAGCCCTTCTTCGGAATGCTGCGCGCCGCTTCGGAATCCGAAGCAG  
GACCGAAACCCCGCCGCGGCTCTCTTTGGATTCCGAAGGAGGACCGTACAGTACGTAATGATGATGATGATGATGATGATG  
CGTACAGTACCGCGCGGAGGGCCTTGCAGAACCTGCGGCTGCCCGAGCGTTTCTGCGCTTGAAGGACGACGACGAGG  
CGGCGCGCTGGTGGCGCTGCAGCAGGTGGACGAGGCGCAGAGGACGCGCTTCTCGACGAGTGGGCGGCACGCTGCCACA  
ACAGCGCGGTACGCAACCCGGCCGGCTACCTGTTTGGCATCATCCAGAAGGCGATCCGCGGGGAGTTCAAGGCCCTGGGCC  
GGAGAAAGTGCATCGACGCGCCAGCGCCCCCGTACCTGCGCCCTCGTACCGCCAGCATCCCGTGGCGCTGATCCCGA  
GGTGGCACGTGCCTACCTGGCTCAGCTCCGAGAAGCCTTGGCTGATCGCTGATGTTGACTATCCCAGGGGATAGCTGGA  
ACAAACACCCTTCCGCCGTGCTCGATTGCTGCCCGCCGAACGACAGGCGAAACTGTGCGCTGTGAATCAAACGAGGACAG  
CCACGCACGAGCCCGGCCAACGATGGATATGACGACTTTCCCGTCAAAACGCACTGCAACCCTACAGCCAGACGTTT  
AGCGCTTGCTGGGCGAGATGCCTGTTGCGCCTTCAACAATACGAGCGCCTCATGAAAGCCATCGTGGCCACCACGAGATT  
TCAGGCCCGGCGCATTCGCTGGAGGCCATTCGCGCAGCGCGGATTGAAGATGCCGCGACCAAGACCCTGGGCACGTTGAT  
CGGACAACCTGTTTGGTTTCGATGTCGTCACCGATGGAAATGGCGGCGAGGAACGCGACGACGATCTTCCCGGCGACGTA  
TCTCCTTTTCGACGCGCGTGCAACTGAGCCTGTCTGCGCAGGACTACGCCAAGACCCAGGCCGACCTCAAAGACCTGGTA  
TCGCTGCGCAACACACTGGTGCACCACTTCATCGACCAGCACGATCTATGGACCGTGGACGGGTGCCGCGCTGCACAGGA  
CGAACTCGGTTCCGCCTACACGCGCATCGATCAGCACTTCGAGCAGTTGCGCGGCTGGGCCGAGCACATGGATCAGGCGC  
GGCGCCTGGCAGCGGAATTCGTCCACTCGGATGTGTTCCACGACCTGGTGGTCAATGGCATCGCGCCGGACGGCACGGTG  
GACTGGCCGGCCCGCCGGCATCGTTTCGTGCGCTACGCGAGGCGCCGCGCAGTTGGCCGTGAGGGCTGGACACCGATCGC  
CGCCGCTGGCCGCTGGATCGCGGACCGGCATCCCGGAGCAGCTTCAGCAATACGGCTGCAGCAGTTGGCGGCAGGTGG  
TGACAGAGTGGCCGATGTTTCGAGCTTCGCTACCGTTCGCTGAGGTTGGAGGGCAACGGCCGCTGTTACAGACCTCGCGAGGCA  
TAGCCCCGCGACGCGGTCTCACCTCCGCGCGAGTTCGCGAACGACTCCGCCGAGCTATCCCCAGGGGATAGCCGGCACACA  
CAGCCTTCCGCGCAGAACAACCCGGGCGCGCATGGGCTGCGGTTTGTGACTGACAGCCTTCCGGCCGATGCCGATACTG  
GCGACTCGCCCTTACCGCGAGTCGCTCTCATGGCCAACGAACGCACAGAACCCTGCAACTGAATCTCGGATCGCTGC  
GCAGCGGATGTCGCTGACGCTGCACACGACACCGCTTCGCGCATCTGGCACGGCCGTGCGCCGACCGAGGGGCGCCCC  
GGCATCATCGGTCTCAACGGCTTCATCGGCGCCATGAACAAGATGAAGCGCGGCGCGGAGCAGGACGACCCGTACTCGGA  
CTCGTGATGTTGCGGATCGAGGACAAGCTCGCCGACACCAAGACCCGTTCGAGACCCTGCGCGAACAGGTGGATCAGG  
CCTTGGCCGACGTGCCAGCGGCGCTGTCCCTGGGCGAGAACATGAACGTGCAGCCGGTGAAGCTGCCGCTGTTTCGTGAAC  
GCCCAGCTCGGTTTCATGGCGGTGTATCTGCTGGCCGACTACGACGACCTGGCACGCAAGCTCATCTGGCGCACCACAC  
GGCGCTGATCGACCGCAGCACCTTGGAGCGCTGGCTCAATGATGGTGCACGCGCTGCGCAGCCTGTTCTCGCTGGCC  
AGCAGTACCGCTACTCGGGCAGCAGCGCGACGACTTCGCGGCGAAGAACCGGGCGGCGGAGCGGCGCTGGAGAAGTTC  
GGCGAGTTGCCGAGGACGTGCTGGAAGGCACGCGCCGCTCGCGCTTCGCGCCACCCATCGCGCGGCGGTCGAACAAGCC  
CGGCACGCCGCTGCTGCGCCTGCCATCGTGCCCGATGCGCAGGCTCCACGGGTGGCGCAGCCGATGGTGGCGGGGCG  
ATGAGGGTGTGGCGCATGACAGCATCGCCCCCTATCAGCCACTCCACGCGCTTCGTGGCGCTGGAACAGGCGGACTTCC  
AGCGGTGGAACACGCAGGCTACCTAAAAGGCCTTTTACAGCCTTTTAAAGGGTAAAGGGGAGTCTGGAGACCTGGGCCAGC  
CAGTGCAGCGCTGCGCGACGACGTGATTGGCCTGGCGCAGCGGCGCGTGTGCCCCAGGCGCGCCTATCCATTCAG  
TCTGCTCGACGTGCAACTGGCCAGCAGGCTTCGCGCAGGACGACCTTCTGCGTGGCGCAACCTCGACCGTTCTCT  
CCATGGGCGTGGCGTTGTGGGAGGCCCTGTGGCCACCCCGCAGCGCCGCTCGTGTGATGACGATCTGTACGCGATC  
GAACTGCAGCGCATCGTGCTGAACATGCAGATCAGCCTGACCACAGCATCGCCCGCAAGCCCTGGAATGCGGCAACAA  
GGCCGCGCAGGCCGAAGCGGCTTACCTGCGGCGGCTCCACGGGCATACCGCATCCGTTCCACCACCACCAAGGAGTCTC

CATGAGCACGCACTTCGTGCGCGAGGGCAACATCGGTTCTGCGCCGGACTACCGGAATTTCCGAACGGCAACGACGAGC  
CACGCCGGCTGCTTCGCCTGAACGTCTACTTCGACAACCCGATCCCCGAAGAAGGACGGCGAGTACGAAGATCGCGGCGGC  
TTCTGGGCGCCCCGTGGAGCTGTGGCACCCGCGACGCCGAGCACTGGAAGACGCTATAACCAGAAAAGGCATGCGGGTGTGGT  
CGAGGGCCGCACCGTGCAGCGACGAATGGGAGGACGCCGACGAGAACGAGCGCGTGACGTTCAAGGTCGAGGCGCGGGCGG  
TGGGCATCCTGCCGTACCGCATCGATTCCGGTGGCGCTCAGCACCAAGCCGGCCGGCGGACAGTAATTCGCCCCATCGCCGT  
TCCCCGAGGGGCGACTGTAGCAACCGTCATACGCCCGCGATGCACCAGCGAGCTATCCCAAGGGGATAGCTCCAAGGTCG  
TCCACGGAGTTCAGCCGCCCTCCCGAAACGACGCTCTTGCTGTGCCAGCTCCTACGATCTATGCACACCCTGCGGCAA  
CGAACCCCTGCCGATCACAAAGCGGTGTCTGCATCAATCGACTTCCTTGCTGCCGGCATCTCTGGCCCCGCCAAGCTG  
ACGCCCATCCGATGAACCCGCACATTTCCAAGGAGGCTTCATGCGCCTTTTCTGTGCGAGAAGCCGTCCCAGGGCAAGGA  
CATCGCCCGTGTGCTGGGTGCCGGTCAACGCGGCAACGGCTGTACAGCGCGGGTGTCTGCTGACCTGGTGCATCG  
GTCATCTGGTAGAGGCGGTTCCGCCCCAAGGCTACGGCGAGCAATACAAGCGCTGGGCCATCGAGCAACTGCCCATCTTT  
CCTGAGCGTTGGCGTGTGAGCCCAAGGCGGCGACCGCAGCGCAATTCAGGTCGTGCAGCAGCTCGTCGCCAAGGCGGG  
CGAGCTGGTGATAGCGACCGACGCCGACCGCGAGGGCGAGATGATCGCCCCGAGATCATCGACCTGTGCGGCTACCGCG  
GGCCGATTAGCGCCTGTGGCTGTGCGGCTCAACGATGCGTCGATCCGCAAAGCGCTGGGTGCGCTCAAGCCGTCCGCC  
GAGACGCTGCCGCTGTATTTCTCCGCACTCGCCCCGATCGCGCGCCGACTGGCTGATCGGCATGAACCTGAGCCGGCTGTT  
TACGCTTCTAGGTGCGCAGGCGGGCTACACCGCGTGTGTGCTGGGGCGCGTGCAGACGCCGACGCTGAAGTTGGTGC  
TGGATCGTGATCGCGAGATCGCGCGATTCTGCTCCATGCCGATTGGGCGCGTGGATGTGCTGCTATCCATGCCGCGCG  
TCCTTACC CGGAGCTGGATAACCGCCCCAAGGCAGCACGGATGCAGCGGGTCTGCTGCCCTCAGCAGCCGTGGCGCAGCA  
GGCTGCGGATCGCATTCGCGCGGCACGCGATGCGCAGGTGCTGTGCGGTGGACACCGAGCGCGTGCAGGACCGCCGC  
TGCCATTGATCTGGGCACCTTGCAGGAAGTGTGTTGCGCTCAGCTCGGCCCTCGATGTGCAGGAGACGCTGGACATCGCG  
CAGGCGCTGTACGAGACGCACAAGGCGACGACCTATCCGCGCAGCGACTCGGGATATCTGCCCGAAAGCATGCTCGCGGA  
AGTGCCGGCGGTGCTCGATGCACTGCTCGCCACCGATCCCAGCCTGCGGCCCTTGATCGGCCAGCTCGACCGCAACCAGC  
GTTGCGCGCCTGGAACGACGGCAAGGTGTGCGCTCACCACGGCATCATCCCGACGCTGGAGCCCGCAACCTGTGCGCC  
ATGAACGAGAAGGAAGTGGCCGTCTACCGGCTGATCCGCGCTCATTACCTCGCGCAGTTCTTCCCGCACCATGAGTTTGA  
CCGGACGGTAGCGCAGTTCTCGTGCAGCAGTGCAGTGCAGTGGCGGCCGTGGGCAAGCAGATCGCCGTACCGGCTGGCGCG  
AGGTGCTGGCAGCGCCGGGGCCGACGATCCGACCGGAGGATGCGCAGCGCAGCCAGGTGTGCGCGCTGCGGCGGCTGATGCG  
GGCTGTCTGCCCCGTGCGCAAGGTGGATCTCAAGGCGCTGAAGACGCTGCCCGCCAGCCCTACACCGCAGTGGCGAGCT  
GATCAAGGCCATGAAGACTGTGCGCAAGTTCTGTGACCGACCCGCGGCTGAAACAGAAGCTGCGAGATAACACCGGCATCG  
GCACCGAGGCGACACGCGCAACATCATCAACGGTCTGATCGGTGCGGCTACCTGGTCAAGAAAGGCCGCGCCGTCCGC  
GCTTCCGACGCGGCATTACGCTCATCGACGCGGTGCCCTTGGCCATCGCCGACCCCGGCACCACGGCGGTGTGGGAGCA  
GGCGCTGGACATGATCGAGGCGGCGCAGATGGCGCTGGACACCTTCATCGAGAAGCAGTCCGTGTGGGTGCGCCAGCTCG  
TGCAGCAGTACCGCGGCGCAACGCTCTCGCTCAAGCTGCCCGCGCGCCGGCTGCCCGCAGTGCAGGCGCACCGATGCAG  
CAGCGCACGGGCAAGAGCGGCGCGTCTGGTCTGTTGCGCTACCCGACTGCAAGGGCACGTTGCCGATCGAGTCCCC  
GACGGGCGGCGCAGCGCACCGCGCAAGCGGCGCGCTGCCCTCAAAGCGCTCTGATCTCGCTTCCCCCTGCCGCGCCGG  
CCACTTCACTGGCGGCGAGGCAACGTCGCCGACCGCGCGGGACTCCAAAGCGCGCGTCTCTTCTGCAACGGTGTGCGC  
GCCCCGTCTGCCCGCCGTGCGGCGACGGGGCGAGAAGGTCATTGCTCCACGAATCGCGCCCGCCGCATTCCTTTGATCG  
GTGTGCTTGCCTCGGTACGAGGGGCTTCTGACGCTTGGCGCCGCGCGAGCCGTGAGGAGGCCCTTGGGCGGAGGG  
TATTCGGTGCCTGCGGTCACGAGGGGCTTCTGACGCTTGGCGCCGCGCGAGCCGTGAGGAGGCCCTTGGGCGGAGGG  
ACGAAACGGGCGGGTGCATTGCTGACGCAGCGAACGGCTTTGACGACGGCCTGCGCTGACGCAGCCACAGGTGGTTTT  
TCCATTCTCTTACGCCAAGGCCCGTGTGGCCTTCGGCGCCCTGGTCTTTGCCTTGTCCCGTGCAGCGGGCCATTGCCCT  
AAAGCGGGCCGTCCGCGATTTCGGTTTTTCCCTGCGACGGCAGCCATGCTTCGCGCCCATCTCACGCCATGCGTTGCTGAC  
AGTCGTGACGGCATGCCCTGGCAGTCTCGGTCTTCAAGACTGCAACGCGGTTCGCCGCTGCAGCCATCCAGTCCGCTT  
CGCATCGCCACCGCGACGCTCGCCGGCTGGCGAGCATGCTATTTCTCAACCACCGAGGGGAACCCATCCCCCTGCG  
GGGATCGCTGCTCCCCGACCCACCAAGGAGCAGCGCATGTCTGAACCTTCGCGATCTCTCTGCAACCGCAGTGCAGCAG  
TGGTGCCTGGCGCTGACCTGGACCGGCAAGCGTTTTGCCGCTACAGGTGTGCGCAGCGCGGCCACTACATCGGCA  
CACAAGACGACGAAGGACCGGTATCGCGGGAGTCCGTGAGTATTTCCCGACCCACCTCGCAGCACAGCGCGCCCTGGAT  
ACCCATGCCTGGACACAGCGCGCTCACCCCTGATTCCCACCTTCAAGGAGTTCTCTCATGAATCTGTCTTTACCCGAAG  
ACGTGCTCGATCAGATGGCGCTGGAACAGGGCGCACTTCGACGCTGCACCGCAGGCCTTCTTCGAGGCTGGAAGCGCGGC  
GCGCAGATCGCCGGCCACGAGTGGTTGCGGCGACGGCACACGCGAAGGTCTGCAGCGTGCCACCACCAAGTGGGACCTGCG  
GCCAACATGCTGATGCTCAACGACGCCCTGGGCGTGTGAGCAGCGGTCAACGCATGTTCTGTCCGCGATGGTGAAGT  
TCTACAACCTCCCGCGAGGGCGGCGGATGCTCAAGCGTTGCGGCTTCGAGGGGCTGTCCGACTTCGGCGGCTCGATCTG  
GAACGGCGCCAGGTTCATCGCTGACCTCACGCTGCACTACAACGGCTGGTGAGCCGCGCCTGGCAACCCACCGTCTTTTCA  
TCCCACCCACGAGGGACATGCGTCTCGTTCCGGGGCCATGTCCCTCCTTCTTTTCGAGGAGCGGCCATGTCCCGAATC  
ACCATCTTCCACTGACCTGCACCGCCCGCCACCAGGGCGGCCCCGACGCCGCGGCCGGCTGACCGGTTGCCACTTCATCCA  
CTCGCTGGGGTTCAATCCCCGGCAGGGGATTGCCCTCGGCCATCTCTGCTGGAGGAATCCCATGTCCCATTCCAACAATC  
CCTTCGCCCCGCGGCTACGATGGCCTGTCCGTGCGAGCGGCTGTGGCGATTTCCTACGACGACGACTGCCCGCTGAGCTAC  
CTGCCGCTGCAGTCTCGCAGTGCACCTGCCGGACAGCCAGGTGAGCGCCATGCCTGCGTCTTCTGCGACGACTTCGC  
GCTGATCACCGAGGGCCAGAAGCTGCCGCCCCGAGCTGGACGCGCAGTGCCCCAGCCACGGTATCGCCCCGAAACCTCGTCT  
ACGCCGTTCATGGCCGAAGAAGCCGGCCAGCCGCTGCAGCTCGGCGATACTACTCCGAGGAAGCCGCGCGGAGGTGGTA  
CGCCCTCTCGCTTCGAGACCGGGTTCTACAGCCGCTGCCTGGGAAATCAGTTCCGGCGACATCACCGAGGAGCCGGTTCG  
CTTCCCTCGCCGAACCTGGCGGACATCGCCACCGGAGCGGTTTTCTGTTGCTGGCCTTCCGATTCCTTACAGCCCGCGG  
TCGGCGTGAAGCTGATCGCCACGCCCTGGACGGATGCGAACCTGCAGCATGTGAGGCGATCACCGCCGAAGAGCTGCGG  
CAGGAGCACCGGGCCAAGGGCGTGCAGGAGTCCCTCGTGGAAAGTGTGACCTGGCTGCGCTCGCCGACGTTTCGCATGTT

GGTGTTCGATGCCGACGCGCCAGTGTCTGGACGGGCTGACGCTCTACGACGACGAGTAACCCGCAACCCATTCGAGCCCC  
ACGTCGGGGCTCTTCTTTTTTCGCGGAACGCGGTGCCGGCGCATTGCCGATTCCCAACGGACGGTCGCCGCCATGTGCCG  
ACGCTGGCCGCATGTTTCGCTGGCGTTGCCGGCAGCATGCCAGGCAGTCGAGACCTTCAAGACTGCCGGCGCGGTTTCGCCG  
TGCTGGTTGCTTCGTTCTCCGGGCGCACCCCGCTCCATCCACCTCACCTCAAGGGACAGACCTCCCTTGCGGGCGGGAG  
TCCCTTGGTTGCCACAAGGAGTCTCCCATGGATACCCAAGCCATCCGCGCACAGATGCCGACGCTCGTTGTCCGGTTCATG  
TGCCTTCCAACGTCCGTTTCGTTCAAATTC AACATCTTCGACGGCCAGCCCAAGGTTTCGACGCTGGGCTTTCACATCGAC  
CCGAAGCCTTTCGAGGGCAAGGTCATCGCCACCACCGACGAGGCCATCGTCGTCAAGACGGGACGAGCCGAGTTTCGCGGT  
GCTCGATCGCACGCTCGTGACCGAAGTCCCCGACGAGGGCGCCAAGGTGCAGGTCAACCCATATGTAGACGCCGCTTCG  
ACGGTCAGCGGGCGGACACGCTCCCGAGGAGCAGACCTGACCTACCAGGACGGCCAGCCATACACGGTGAAGCGGTTTCG  
CTCGGTTCCGACCCGGCGAAGTGTCCGATCCCCGAGCCGCGCTGCCCTTGTTCAGGAACTGGTTCGACCAACTGGAGCA  
GTTGCCCGCTCCCGACGGTTTCCGGCGCGTCAACCACATGCTGGTGGATGCCGGCGCGGGGACATCACCTGGGTCGATC  
CGCTGCCCGCCGACATCATCCGACGCGCCGCGCCATCGGCTTACCCTGCGCCACGACGAAGTTCAGGGTCGCGTACC  
GTGCTGTATGAGCGTGGCCTCGACCTCTACGCGGTGGAGCTGACCCGCGACGGCGAGCTGGTTCGAACGGGTCGATGAGGT  
GTTCTTCGACACCCTCGGCGAGACGCTGGAACGGCTGATCGACGACGGGAGTTGGCGGCGCATCCGCGTGCAGTGCCTGT  
CGTGTCTGAAGGCTATCCGGCACTGATCTCACAGCAGCTTCCCGCCCTCGCGGGGAAAGCCTCTTTTCTGCCCCCTGG  
AGATCACACCCATGACTGTTTCGATTCAAAGGCACGGAGCTGCGGCCCGTGTCTGCCGAAGCGGTGGCGAATCAATGCCG  
GTCATCCTGGTCAAGGATCAGGGCGTGTACTTCTGCGGAGTGCGGCGAGCGCCGACCCGATGGTTCGCCAGAAGACCAT  
CGCCTATGCCGCTGGCTGCAACCCGGATGTGATGCCTTCGATGACTGGTGGGAGCTGGCGCGCGCCGAGTTTCGGTGGCG  
ACGACTTCCGGCGAGTTCTTCGATCCGCGAGGAGGGCGTGTTCGCGCGCATCCTGCGCAGCGAGGACGACCTCGACGTGTCC  
GCCTCCGCGACACACCTATCGCTGCAGGCGGTTCTCCACGCCCAGCGGTAAGTACCAGCCCATCCCTGGCCCCCGCTC  
CGGGGGCCTCTTTCTTCCCGCAATGCGGACAGCCGCGAGTGCCGATTGCCGCTCGCTGCGCGCCGTCCCGGGCGGACG  
CTTCCGGCCATGTTCCGCTGACGTCCGTCAGCGACATGCCAGGCAGCCACGATCTTCAAGGCTGCGACGCGGTTCCGAC  
CGTGTAGATCACCCAGTTTCGCACCGGCATCCATGCGCGAACGGCCATCGGTTCTCGATGGCGATGCCACCAAGCTGTTC  
CTTCAACCCACGCGGGGGTTCACACCTTCCCCGCTGGGTGGGTGTGTCTCCGCTCATTTGTTCTCAGGAGATTACCC  
ATGACCACTTCCACCGCAAGTCCACTTTCGATTCGACATCACCGGCTCGGGTATCTCAATCGCATCCGCGAAGTGAA  
AGCCAAGAAGGGCGATGCGTTCTTCCGCTGCGACATCGACGCTGCGGGCCGTAACCGGTTCCAGCGATGACGCTCTCGTACGTGCGTT  
TCGACACGCGCGTATCGGGATCGGAAGCGCAGCACCTGCTGCGCCGCTGCATTCAGCGGTCGACGCTCCGTAAGAAGGTG  
ATGATCGGCTTCCGCTGGGCGACCTGTGGACCGACACCTTCACTACTCCAAGGGCAAGCGTGCCGGCGGAGCGGGGT  
GAGCCTCAAGGCCCGCCTGCTGTTTCGTCAGTTGGATCAAGGTGACGGCAAGCTCGTCTACAAGGCCGAACCCAAGCCGA  
CCGAGACCGACGAGCGGGACCCGGAAGTCCCTGTGACGTCCGACGCGCCCGCGCGCAGCAAGCCTCGGCACCGGAGCCT  
TCCAAGCCCTCGCCGATGCTGCCGACGACGCTGCCGATGCCCCGCAATGGCCGTTGCCGAGTCGTTCTGATCCGCAAG  
GCCCCATCCCCGGGGCCTTGTCTTCTTCTTCGTCAGCAGGAGACCTTCATGATCACCATCCCCGGCCAACTGGCCATCAAG  
ACCATCCACGGCAGGAACGGCGACTTCAACGTGCGCCGCTGGCGACCTCGATCGGCGAGTTTCGTCGTGAAGAACGCCGA  
GCTCGATCAGTACCGCGAGGGCAAGTACGACGGTGTATTCGTCATCGTCGAGATTTCGCCCTCCACGTACAACGCCAAGC  
GCCGATGGTTCATCGAGATCCGCGCCCATCTGGGCGGGATGACGCTGTCCAACATCGACGCCCTAAGCCGCGACGAAGCC  
CGCCGGCTGAGTCCGCGAGGAAGTTCGATCCGATCGACGAGGAAGCGCAGGCGCCCGTGGCGCAACGCCCCCGCCAAAGCC  
GAAGGCGAAGCCGCGCAGTCCGCGCGATCCCTGGTTCGATACCACGCGGTTCCGCGAGCGAACCAGGCTCCCGTGTCCGCTG  
CGGCTCGGCGGAGGACGACGCGGCGCTGTTCCGGTGCCTTGTGGCCCTGGGCGAGACCGTGAAGCTCGATGCGACC  
GTGGATCGTGTGCTGCGTCAGCAGCGAGACCGTCTCGACAAGCTGGGCTACGAGTTTCGCTCCGTTGTCCAGGACTG  
GCACCTCAAAGCTGCCTGATCCATCCGCGCCTTGCAGCGCATACCGCCGCGCCGGGGTCTCCCCGACGGGGAGGG  
CTCCGGCCTTTTCTTCAAGGAGACCCTCATGGGCTGGACCTTCGTTTCGTCAGACGCGCGATCAGATGATCCGCGAGCTGC  
TCGCTCCGCGAGGCGTCCGAACGCGCTTGTGCGAAGTTCATCGACCACACGCTGGACGGCGACGTTCTGTGGACCGTGGTT  
CGGCTCACCGCCAGGCGAGGCGGGCTCATGGCCCTCGGCGCGGCTGAGTCCATCTGCTACATCGGCTGCCATCTGCTGGA  
AAGCGCGGGCCTCGAGTGGGGCTACAAGTCCCTCGATGAGTCCGTCGATCCGTAAGTACTACTCTGCTGCCGCTGCGTATC  
TCGACATGGCGCCGGTGCAAAGCCCCGAGTGGCGCGAGCGGGTTACCAGCTTCCACGCGGGCCGCTGTCTAGCGGCAC  
GCATCTTCTTCAACCAACCGGGGCGAGCATGGCCCCGCGGGCTGTGGTTGCTCCTTCATTTCCAAGAGGACATCACCAT  
GCCTGCACCTTCTTCCACGAACCGCTGTACCGCATCGACGAATGCCCCGACCTCATGGCCGACGGTTGCGTCCGGTGACG  
AGCAGGACAATCTCGTCTTTCTGTCGATCTGGGCGCGGACACCGCCGTTCCAGGAGTTCCTCGCCCGCCTGACCCCTCAGC  
CGGGATGAACAGGGACTGGATCAGTTCCACGTTCATACCGAGCAGGGCGCATCCATCCCGGTTCTCGTCGGCAACGTCGA  
GAACCTAGAAAAGCGCATCACCCGCGCCTATCGGCGAACGCTGTTCCGGTTCGCTGACGAATGTGTGGCTGTTTCGATCGTC  
GCTGCGTGAAGCCAGACAAGGCCAACGCCAGCGCGCTGGCGCTTCTGCCAGGGATTCCGCTCACCGGCTCGACCGGCTG  
TGGACGCTGGTGCAGGACACCTGCCCGCTGCCACTGCTCGACCACTGGCGCGACACCGTGTGGAGCTGTTGCAGACAG  
GCGGATGCTGACCGGTTCTCCCTTGGCCCTCGGGCCGCTGGAAGGGCATCGGCTGGCCCTCGATGTCCCGCGCTGACGA  
AGGCGTTGGGCGAGCTGATCCGCAACGGCACCCCTCGGCGCCACGAGTACGAAGTGGCCGCGAAGCGACCCGCTTCGGCGT  
GTGGCGTGAGCCATCCAACGGGCATGCGCGCCGCGCGTGCCTCCCTCATCCATCATCAGGAGTAATCCATGGCA  
CTCATGTTTCCGCGCCTGGCGCGCAATTTTCATCCGTAACGGCTACTTCCCCACCGACGAGCCGACGCTGGAGCGGGCCTT  
GTCCGCACTGGCGCCGTTCTCCGGCTCCATGTCCATCCTCGATCCCTGCGCCGGCGAAGGCGTGGCGATTGCCGAAGCGG  
CCCACGCCCTCGGGCGGAGCAGGTCCAGGCCTTCGCGCTCGAGTACGACGCGGAGCGGGCCCGCCACGCACGGCAACTG  
GTCGATCGTGCATCCACGGCGACTTGTATGGACATGCTGATCTCGCGCCAGTCTTCGGGCTGTTGTGGCTGAACCCGCC  
GTATGGCGACTGAGCAAGGACGTGAACGGCAACATCGGCTATCAGGGCCAAGGCGGTGCGCGGCTGGAAGAGCTGTTCT  
ATCAGCGCGCTGCCGCTGCTGAGTACGGCGCGCTGCTGATCTTCGTCGCTGCGCTCCTACGTCGTCGACGCGGAGCTG  
GTCGGATGGCTGACGCGCACTTTCGCGACCTGCGCATCTACCGTGCGGTCAAGACGAGTTCAAGCAGGTTGGTGTATCTT  
CGGTCGAGGATTTCGTCAACGCGACACAGGCATCGGATTCGGTCAAGGCCACCCGCGGTTGCTGCTGCAGATCGGACAGG

GCGACGCCGAAGCCGAGGAAGTGCCTGCGCTCGAATGGCCGTTCTGCGGTACACCGTCCCTGCCAGCCCGGCCGAGCCTGAG  
CACTTCTATCGCGTGACGATGGAGCCCGAGCAGTTCCGCGATGAAGTCGGCCGGCTGCAAGGACTCTGGCCGGCGCTCGA  
TACCCACCTGGGCGCCGCGCAGCAATCGCTGCGTCCGCCCCGCGCGGGCCTTGTCGACTGGCATCTCGCCCTGGCCTTG  
CCGCAGGCGCGATCTCCGGCGTGGTGACGTCCAAGAGCGGGCGCGTGTCTGTCGTCAAAAGGTGATACCCACAAGGAGAAG  
ATGCTCCAGACGGAGTACACCGAGCGCGACGACGGCTCCGTGGCCGAGACCGGCATCTCACCAGCAAGTTTCGTGCCGGT  
CATTTCGTGCATGGGACTTGACGCTGGGCTCGCCACGTGGGGCGAAGTGTGACTATCCGCTGATCGCTGTTCCCTGACG  
GTTACCGTTCGCTTTCATCCACCCACCGGGTACGTTGCCCGATGGGGTGCCGTGGCCCCATCTTCAGAAGGAGATA  
CCACCATGGCACTCGCAGTCTCAACCTCGCGTCCCAAGCAGCCTTTTCGCCCCGGCAGGTGGTTCATGACCGCCGGCGT  
GACGAGTGGTCCGACAAGGCCGGCTCAACCCACGCGTACCTGCGCCGCAATCTTCATGGCGAATGGGGCGACCTGAG  
CGACAGCGATCGGCGGAGAACGACGCGCGCTGAAGTCCGCGGAGGATCGTCTGTTCGCTCCTACCAGTACGCGCG  
ACCTGAAGCTCTGGATCATCACCGAATGGGATCGCAGCGTACGACGCTGCTGCTGCCAGCGAATACTGATCCGCATCC  
AGCGGTCTCGCGCCGCTTTCATTCTTCCCACCCGGGGCATGTACCCGCCCCGTGGGGGAGGTGCATGCCCCATTTCTTTG  
GAGCATCACCATGTCCATCGTTCTCGAAACCGTTCCCTTACCGCTGATGACGCGCTGTGCAGGGCGACCTGCTCGAAG  
CGGCCGCTTACCCCTCAGCTCAGCCTGCAGGACTTCGTATCGGAGTTTCGGCGACGAACTGCTCGATTCGCTCAACCGC  
GCCAATCTCCGGTCTACACCGGCCAGGTGCGGGTGCATCGGCAACTGATCTCGCCGCGCTCAAGCGCAAGCTGTTCC  
GGCGAAGCCGATGTGGTCCATGCCGTACCGAGCTGTTGGTTCGATCGTGGCGAACGCGCCGCGATCGTCAATGGCGAGA  
TGGGCTGCGGCAAGACGACGGTGGGTATTGCCACCGCCCGCTACTCAATGCCGAAGGCTACCGCCGTACCTTGGTTCG  
TCTCCGCCGCACCTGGTCTACAAGTGGCGGCGGAAATCCAGGAGACGGTGGCCGGCGCAAGTCTGGGTGCTCAATGG  
CCCGGACACGCTGGTCAAGCTGCTGAAACTGCGCGAGCAGTTGGGCGTGCCGGCGCAGGGCCAGGAGTCTTTCGCTCCTGG  
GCCGCGTGCGGATGCGGATGGGGTTCACCTGGAACCTGTCTTCGTTTCGCGGGCGCACGCTCACCAGCCGACCTGGGGCC  
TGCCAGATTGCGGGCATGTTCATCACCGACCTCGACGGCGAGCCGATCAACCCGGTTCGAACTCGAAGCCGAGGAGTCCCG  
CCGCAAGTGCAGCCACTGCCGTGCACCGCTGTGGTTCGTTGATCCGTCCGAGAGGCTGTCCGCCAGCGACCAGTCTCGA  
CCGTGCTCAAGGCACTGAAGCGTATTCCAACCATCGGGGAAGTACCCGCGCAGAAGCTGATGCAAAAAGTTCGGTGACGCC  
TTCCTCGCGTCGATGCTCGGGGACAACATCCACGAGTTCATCAACCTGATGGATGGCAACGGCGAGCTGGTCTTCTCGGA  
CCGGCAAGCCCATCGCATGGAACGTGCGATGGCAACATGGAGTTTCGGCTTCGGCGAGGGCGGCTACCAGCCGTCCGAGT  
TCATCAAGAGGCAGCTTCCCCAAGGCACGTTCCGACTGCTCATCGCCGACGAGGCGCATGAGTACAAGAACGGCGGTTCC  
GCACAGGGCCAGCCATGGGGGTGTTGTTCGGCCAAGGCGCGCAAGACGCTGCTGCTCACCAGCAGCTGATGGGGCGGCTA  
CGGGCAGCAGCTGTTCCACCTGCTGTTCCGAGCCCTGCCGGGGCGGATGATCGAAGACGGCTACCGCCGAGCAAGAGCG  
GCAGCATGACGTGCGCCGCGATGGCGTTCATGCGCGATCACGGTGTCTTGAAGGACATCTATTCCGAGAGCACTGGCAGC  
GCGCACAAGACGGCCAAGGGCACCAAGGTATCGGTGCGCACGGTCAAGGGCGCCGGGCTTCGGTCCGAAGGGCGTGCTGCG  
TTGCGTCTCGCGTTCACGGTCTTCTCAAGTTGAAGGACATCGGTGGCAACGTGCTGCCGCCCTACGACGAGGAGTTC  
GCGAAGTTCGCGATGGACACGGCGCAGGCCGCGGCTACCGGATCTGGCGGGTTCGGTGCACCGAGGCTGAAGCAGGCC  
CTGGCGAAGCGCGACACGACGCTGCTTGGTGTAGTCTCAACGTGCTGCTGGCTGGCCGGACTGCTGCTTCCGGTTCGGA  
AACCGTGGTGCATCCGCGCACGCGCAACACCTTGGCGTTCGTTCCGGCTCAGTTC AACGAGCTGGAGGTGATGCCAAGG  
AACCGGAGCTGATCGAGATCTGCAAGCAGGAGAAGGCAGAAGGGCGCAAGACCCCTGGTCTATTTCGTTCTACACCGGCAG  
CGCGACACCACGTGCGGTTTGAAGGTGCTGCTGGAGCAGGAAGGCTTCAAGGTGGCGGTA CTGCGCGGAGCGTGGATGC  
CTCCCGCCGCAAGACTGGATCGCCGAGCAGTTGGACC GCGGCATCGACGTGCTCATCACAATCCCGAGCTGGTGA AAA  
CCGGCCTGGACTTGCTGGAGTTC CCGACCATCGTGTTCCTCCAGTCCGGCTACAACGTGTATTTCGTTG CAGCAGGCCGCC  
CGGGCTCATGGCGCATCGGCCAGAAGCAGCCGGTGC GCGTGATCTACCTCGGCTACGCCAACTCCTCGCAGATGACCTG  
CCTGGGGTTGATGGCCCGAAGATCATGGTGTG CAGAGCACGTGCGGGCAGCTGTCACGGTCTGATCCATGTGCTCATGCCGGCGGCC  
ACCAGGACGGCGACTCGGTGGAGGTGGCACTGGCACGGCAGCTTGTACGGTCTGATCCATGTGCTCATGCCGGCGGCC  
CTCGGGTTCGCGGCTTTCCTTCCACGGCCCTTCGGGGCGT TTTTCTTGGGCGTATGACAGTCCATGGCGCCGCCCTCCA  
TGTATTTCGGCGGGCGTCACTGCGT TTTGTTGCTGCCCCAGGCAAGCGGGCGCATGGTGGAGCTCCGTGTTCCAG  
GGAAGCCCTCCATGCAACCATCCATCCGCGCTGTTACCCGCTGGCCCTCGCCGCTGGCTGCTGCGCGGACGCTGT  
TCGCCGTGCGGCTGCGCCACGACCGCCGCGCGCTGCTGCGCAGCGGTGCCGGCCGCATCGCCAACTCGCCGCTGCGCGGAG  
CCGGGTTTTGTTCCGGTGGCCCGCTACGGCCGCTACACCTGGTTCGAGCTGGTGCCGGAACCTGCGCAGCGTGTCTCTT  
GCAACAGGCGGTGGAGGTCTCGATTCCGCCCATGCTCGATGCCAGCGTGGGCGATGCCATGCGCCATGTGCTCCTGCGCT  
CGGGCTACCGGCTTTCGATGCGCCCGAGGCCGCGCTCTACGCGCTGCTGCTGCCCGCCGCACACTGCGCTGGGC  
CCGCTGATGCTGCGCGATGCCTTGCTGACCCCTTCCGGCCCGCCTGGGAGCTGTGCGTTCGATGACGTGACCCGCCAAGT  
CTGCTTACCGCGCACGGTGTCTCCCGCTTCTTTCCGCCAACCCGCGCCGACCGCCACGTCCGTGCCGGACGCAGATC  
GGCCCGAGGAGATGCAGCCATGACCTTTCCCCAAGCGCCATCCGAGCGCAATTC CGCACGCGCTGGCTCAAGATCGCCG  
CGGCCTTCTGGCTGCTGCTCATCAGTGTGTAGCACTCATCAACAGCGTCCGCTGTGCGGCTCGCCGAACAGACCCAG  
AGCAGCGCACAGGATGCGCAGGTCAAGGCGCTGGGCTGCGCGTGGCCGATCTCGAACGACAGGCCGATGCGGACAAGCG  
CCGGCCGGCGCCGATCAGCCAGGCCGAATTCGCCAACGGGCGGCAGGCGCTGGACGAACGGATGACGCGCTCGAAGAGG  
CCGACGAGGCGAGGGCCCTGGCCGTGACCTGCAGACGCTGCAGGCGCGCTGAACGGAATCCAAAACCCGCTGGAGAAG  
ACCAGGCGAGGTGGCATCCGCCGCTCGCCCGCACGCTCCGCTTGGCAGCAAGCCCAAGGTGCCGGAGCCGCCGTTCCGGGT  
GCTCGGCGTGGAGCTGCGCGGAGGGCGAGCGCTTTCTGTGATCACCTCCACCGCCGCGGACTCGCTCGCGGGCGCCGGC  
TGCTGCGCGAGGGCGATGCCGAGGGCGGCTGGCAACTGCGGTCTATCGAGGCGCAGGCGGGCGTGTTCAGGTGAACGGC  
CAGACGCAAGCGCTGCGGTTGCCGTAGGAGGTGTATGACCCACGCTCACTTCGTTTCGCTGCCCCGGGGGGCTTC  
AGCTCCTTTCGAGGCGCTCGCGGAGGCTGACCATGAACCTGCGGCCCTGCTGCTGCGCTGCGCTGCTCCTGTTTCGCGCTTT  
CGGCGCATCCGCCACCGCCCGGCTGACCACTGCGCATGTTGCTGCCCCAGGTGCAGCCGGGCGCTGATGCCCGCGC  
TCGACGAGAGGCACTGCGGGAGTGGGGCTTACCCCGAGGAGTGGACCCGTTACCGGCTTTGATGTCAGGGGGCGCTC  
GGGGTCTATTTCGCCCGAGCTCGATCCGCTCACGGCGCTCGGCATCGAGGCCCGCAGCGAGGAGCGCAGGGCGCTACGC

GGAGTTGCAGGTGCAGGCCGAGGCCCGGGCGCTCGGCAAGACGCTGGCCTACCAGCGGGCCTACGACGCGCGTGGCGGC  
GCCTGTTTTCCCGGCCAGCCGCGCTGAGCCTTCCCGGCGCCAAGGCGCAGGGTGCCGGCAACACCGGCTCCGGGCGCCTG  
GCCGTCTTCGTCAAGGCCGACTGCGCACCGTGCAGCGCAGCGCTGCAGCAGTTGCAGGCGGCCGGCACGGCCTTCGACCT  
CTACATGGTTCGGCAGCCGTCAGGACGACGCGCGCATCCGGCAGTGGGCCACCCAGGCGGGCATCGACCCGGCCAGGGTGC  
GCGCCCCGACCATCACGCTCAACCACGATGCGGGGCGCTGGCTGTGCTCGGCCCTGCCCGGCGATTCGCCGGCCGTGGTG  
CGCGAGGTGAACGGCCAATGGCAGCGGCAATAGGTACTCCGGGCCGGGAGCGTCGGCCATCCCGGCTCACCATCCGCTGC  
GCCAGCGCCGCGCTGCTGCTCGCCACCGGCGGCTGGACGTTGGCCGCCCTCGCGCGGGAAGTGCCGCCGCCGGCCTATCA  
ACTGGCGGCGCATCGTGCAGACGTGCCGGCGGCGGTGCTGTACGCGGTGGCCTTGCAGGAGAGCGGCGCCATGCTGCGCG  
GGCGCCTGATCCCCCTGGCCGTGGACGCTCAACGTCCGCGCTCGCCACAGCGCTATGCCACCCGCGGGAGGCTGCGCG  
GGGCTACGCCGGCACTCGCCAGCACGCGGCAATCGCATCGACGCCGGCCTCGGCCAGTCAATTCGGCTACCACAC  
GCATCGCTACACGCAGCCTTGCAGCTGCTGGACCCGTACCGCAACCTCGCCATCGCTGCGGAAATCTGCGCGAACAGC  
ACACGCCGGGCGAGGACTGGCTGCTTGCATCGGCCGCTACCACCGGCCCGCGGGCGGGCACCCGCGGCGCGCTACC GG  
CGCAGTGTGCATCGGCACCTGACCCGTGTGCTCGACCCCGACGTTCCCGTTCGAACCTCCAGGCCACCACGCCATGAAC  
CACATCGTCTCATCGCCGCCATCGGGCTGCTGTCCACGACCACCGTCTTCGCCCAGACCCGCTCCGCGCCGCTGATCGT  
CGTGAAGACCACGGCGGCGCCTCCGCGCTGCCGTAACCGGTCGCTGAATCCTCAGCCGGATCAGGCCACACCGCCGA  
CCCCGATGCCGGCCCTCGCGTGGGCAACGCGGCCGACGCCGAAGCCGCCATGCTGCCGGTGCCTCGACGCAACTGTGCG  
CCGGGCGAGGTGCAGCGCCGCGTTCATCCGGGCGCCGGCCTGACGGCGCTGTTCTGATCGGCGACGACGAGCGTTGCGG  
CGCCTGGCTGCGGCAGCGGCAGGTGGCGCTGCGCGAGCTGCAGGCCGTGGGCTGGTGGTCAACGTGGAGTCGATGGCCG  
CGCTGACGGCGCTGCGCAGGCTGGCTCCCGGCTGACCCCTTCGCCGGCCTCCGGCGACGACCTGGCCCAGCGCTGGGC  
CTGCGCCACTACCCGGTGTCTCATCACGTCCACCGGCATCGAGCAGTAGGTGCGCAAATGGCCCAACCGCATGCGGTGCGAG  
GTTCTGCTGCGGCCAGCGGTGGAGCTTTACACCGTGGCGGTTTGACCCGGCGCCGCGATTCTGTGCCTGGTGGCACCGTG  
GTCGCTCGCGCTGAACCCGCTGCTCGGCCTGGGCTCGGCGCTGGCTTTCTGACCTTCGGCGCGATTGCGCTGCGCGATG  
CCTGGGCGATCCTGCGCTATCGCCGCAACATCCGCCGCTGCCGCGCTACGTGATGACCAGCCGCGACGTGCCGGTGGT  
CAGCAACGGCTGTTTCGTGGCCAGGGCTTTTCGCTGGGAACAGCGGCACACGCACCCGGCTGATGCAGACCTATCGGCCGGA  
GTTCCGCGCTACGTGCAGCCGACGGCGATCTACCGGGCCGCGCGGCGGCTGGAGGAGCGGCTTGGATTGCGCCGTTTC  
CCGTCTCGACGCTGGCGCGCGTGGCCTGGGACGAGCTCAACCCGGCGGACCACTGCCGTCGGTTCGGCGGACTG  
CCACGCCTGCATGGCATCGAGCCGACGAGGTGCAGCTCACCTCGCCGCTGGGCGAGCGGCTGGCCACACCCCTGTGCT  
GGGACACCACGCGCTGGGCAAGACGCGGCTGGCCGAGCTGTTTCATCACCCAGGACATCCGCCGCAAGGTTCCGCGGCGAGC  
ACGAGGTGGTGCATGCTTTCGACCCCAAGGGCGATGCGGACCTGTTGAAGCGCATGTACGTCGAGGCCAAGCGCGCCGGG  
CGCGAAGGCGAGTTCTACGTCTTCCATCTGGGCTGGCCGGACATCTCGGCGCGCTACAACGCCGTGGGCCGGTTCGGGCG  
GATCTCCGAGGTGGCCACGCGGATCGCCGGCAGCTCTCCGGCGAAGGCAACAGCGCCGCGTTCGGCGAATTCGCCCTGGC  
GTTTCGTCAACATCATCGCGCGCGCCCTGGTGCAGCTGGGGCAGCGCCGGACTACCTGCTGATCCAGCGCCACGTCATC  
AACATCGACGCGCTGTTTCATCGAGTACGCCCAGCACTACTTCGCCAAGAACGAGCCGAAGGCTGGGAGGTTCATCGTCCA  
GCTCGAAGCGAAGCTGAACGAGAAGAATCCCGCGCAACATGATCGGGCGGAGAAAGCGGCTGGTGGCCCTCGAACAGT  
ACCTGTCCCAAGTGCATCTATGACCCGGTGTGCTCGACGGCCTGCGCAGCGCCGCTGCGCTACGACCCGACCTACTTCGAC  
AAGATCGTTCGCTTTCGCTGCTGCCGCTGCTGGAGAAGCTCACCCAGGCAAGATCGCGCAACTGCTCGCACCGAACTATTC  
CGACCTGTCCGACCCGCGCCGATCTTCGACTGGATGCAGGTTCATCCGCAACCGCGGCTGGTCTACGTGGGGCTGGATG  
CGCTGTCCGACGCCGAAGTGCAGCGGCGGCGGTGGGCAACTCGATGTTTCAGCGATCTGGTCTCGGTCGCCGGCCACATCTAC  
AAGTTCGGCGTGCAGACGGGCTGCCCGGCGCCGCGGGCGCCAAAGATTCCGATCAACGTCCACGCCGACGAATTCAA  
CGAACTCATGGGCGACGAGTTTTCATTCGATGGTCAACAAGGGCGGCGGTGCCGGCTGCAGGTGACGGCTACACGCAGA  
CCTTGAGCGACATCGAGGCCCGCATCGGCAATCGTGCCAAGGCCGGCCAGGTGGTGGCAACTTCAACAACCTGTTTCATG  
CTGCGCGTGCAGGACCCGCCACCCGCGAGCTGCTGACGCGCAACTGCCAAGGTGCAGGTGTACGCCACGGCGCTGAT  
GAGCGGCGCCACCGACAGTCCGATCCGACGCGCAATACCCGCTTACGTTCAACACCCAGGACCGCATCAGCAGCAACA  
GCGTCCGCTTGCATCGAGCCGCGCATGTGGTGGGCTGCCAAGGGGCGAGTGTTCGCGCTGACCGAGGCGGCAACCTC  
TGAAAGTCCGCATGCCGCTGCTGCGCCGACCCCGACGAAGCCATGCCGAAGGATCTGCAGGACTGCGGCTGCGCTACAT  
GCGACAGCACTACGTCGAGGCGAGGACTGGTGGGAGAACCAAGGCATCCCCGGCCTGCAGGACAAGGCGCTGCCCGACG  
ACCTGCTGGACGACTTCAAGCAGATGGCCGCGGCTGAAGAGGCCGAAGCATGAGCGATCCGGCCGTCGCGGCCCAACGCC  
AGCAGCAACGACAGCAAGGCTGATCGCCGGCCTGGTACGCTGCCGTTCCGCTTCTTCGGCGTGTGTGCGGCGCGCTG  
CTGCTGTGCATCCTGATCGAATGCGTCCGATGCACTTCTTTCGGCCGAGCAGGGCTGGCGCCACGCGCAGGGCATGCT  
GCACTACGAGCTGGATCAGCTTTCCACGCAATTCACCCGACGCGCTGGTGCAGGAGCCGGGGCGCACCCGCGCACCCGGC  
TGGTTCGAGCAGGGCTACGACTGGCTGTTTCGTGAAAAGCGGTCTGCTGGACTGGATACGCGACGCTCGGCGCAGGCCAGC  
GCCGGCAGCCATCGCCGACCAAGGACTTCCGCTACTACCTGGGCTGGTCTCCGTGAACGTGAAGAGCTACCTGATCGC  
GGCGGCTACACGACACTGGTCTTCTCGTGCAGGCTGCTGGTGTGCTGCTGACCTTGCCGCTGTTCTGATGGCCGCT  
TCGTCGGGCTGGTGGATGGCCTGGTGCAGCCGGGACATCCGCCGCTTCGGCGCGGGACGCGAGTCGGGGTTTCATCTATCAC  
CGCGCCAGGGCCAGCCTGATCCCGCTGGCCGCTGCTGCCGTTGGGTGACTTACCTGGCACTGCCGGTTCAGCGTGAACCCGCT  
GCTGATCCTGCTGCCAGCGCCGCACTGCTCGGCGTGGCGGTGTGCATTGCTGCCGGCAGGTTTAAAGAAGTACCTGTGAC  
CTGGGTGCCGCTGCGATGGAGTATGCGCCGTCAAGTTTCGTAGCGACATGTGGATCAGTTTGAACATGTCTCCGCTGTACG  
TAGCAGCCACTCAATCTGCCGCCGCGCGGTGGAGATGACCTGACCAAAAAATCCGAGCCTCGACATGCGGTTTCACGATTGT  
CCGTAGGAAAGTCCGAAGACCGACTGCCGCCGACGAGCAGAACCTGAATCGGAGAACCAGATACTTTGCCAGTTTCGTGCG  
CTGTAACCAATCGTTGCAGTAATCATCGTGATTCAGCGCGTGGCTCGGCCGCTTGAACCTGCATCAACAGGTAATGTCC  
GCCAGGTTCTCGTTGAGGACAGGTCGGGGCGCTGTTGGCCTGTGACCTGTGATAGGTTCTTCAGGAGACATCTTCCA  
CTTGCCGCTCCGAATGTACTGTTTCGAGCTGAATAGCGAGTATTCGGGACCAATACCCAGGTTTCGCTCCAGGGCTTTG  
TGCACGACGGCTTCCGTGCTAGCGGCGTACGAGCGAGCGCTCCAGTTGATCAAGGAAGACCTGGCGAGCCGCTCGCTTG

CTGTACAAGGAAGGCCATCTCTGCCAAGCCAAATTCATCAAGGCGCTCGGCTACCCAGCGACATCGCCCGTGTGCTT  
CTGCGATGTGCTCCAGGAGGATGCGGTAGTCGGAACGCTCCATCGCTTCCAACAGCACATTTACCACCGGCTCGACTTTG  
CTCTCCGGCTCGCCGTAATACTTGTGCGAATCTTCTTGATCGCGCGGTTCGGCAAATACACGCTTGTGCTCTGGCAGAGC  
CGACAAGCGCGCAGGATCGCTCTCTGCAAGCGGGCCTGCGCCAACCTGAATTTTCGCGCCGGTACTGCTGCTCATAGGCTT  
CTCGCAAGATGGGCTGGACGTAGCCCTCAACCTCTCTCAGAAGCTCGCTGTTCTCGACCGCCGCATCCAGCCCGCCGTG  
ATGTGGTCGCGCAGTCCATCTGCTTCGATCTCGCCGTAGAGCTTTTCGACGAGCTTGGATGGAAAGTCATCTCGTTGATC  
AAGGCCGAAGAACCAGGCCGCCAACGGCCTTGCCGTCCACACGCAGAGTATGCCTGGCTGACGCAACCCGGACTTGC  
CGTCGCTGATGGAGAAACGCAGCTTTACCTTACCGGCACTTGGAAAGCTCCTCTTCTGCTCCGAGTAGCTACCGGATA  
TCATCGAAGTCGAGCCGCTTGGCGTCGATCGTGATTGCAAAGTCATCCTGTCGCCCGTAGTCTGCAAAAGGATCTGGCC  
CAGCCGATTGGCATCCGGATAAGCCAGGCCCTGATGCAGATCGCTCAGCGTATTGTCGTGCCATGCAGTTCGGCCAC  
AAGGATCGCTTTGCAGGCCGATATTCAACTGTTCAATGTCTTCGACTTGGGACAGATCGTCCAGCCGCAAGGTGATACAG  
CACAATCGACCGCGCGCACGGGTTTCAAGCGTCATCACCGCTGCGGCCATGAGCCCGCGAACTTGCCGATACCCTTGGC  
CCCCTTGACCAAGCGATTTTTCCCGGCCGTGCGCTCACCGCGCCGCAACGCCGATCAGATGCGATCGACAAATAGTGCC  
GGCGCAGTTCTTCTCGGTTCATGCCAGTGGCGTCATCCTGGATGACGAGAGGGTACCACCTCAGAGGTTTCGGGAGGAGG  
ATCGTTATCTGCTCCGCGTCCGCGTCCCATGCGTTGTCCACGAGTTCCTTCAGCGCTCGCTCGGACGAGGAGTATTCCTG  
ACTCAACAATGTGGCGAGGCCGGAATCCACCTGGAAGCGCAGATGAGCACGGCTCATATCGGAATCTCCGTGGCGAACA  
GCGGTAACCTCAATTACGCCTTGACCTCAAAGCGCAGGTAATCCGCGAGCCGTTTCGACTCGCTGACTTCGTCATGGGGCA  
CCAGCAGGTAACCTCAGGGCTTGGTGCCTACGTTCCGCGCGTATCGGAAGCGTGTTCGACCACCGCATGGCGGCAGCG  
GCCTTGGCCTGAACCTCCTGGGTGTTGATGTGCGGCACGTGCCTTGGTCTCCACCATGAAGATGGTCGCGTCCGTCTCGGC  
CACGAAGTCGGGGATGATTCCGGCTGCTCGGTGCCGAGCTTGTAGTAGATCTGGAAGTCCCTTCGCGGGCTTGAGCC  
ACTTCGTCGCGTCCGCGCTCCAGGATGATGGCGAAGCGCCGCTCGGTATCCGAGTCGAACTTCTGACGCGGATACAGACAA  
CGCGCGAAGCCACCGAAGAGCATCTGCTTGATGCGACTGGTCTCGGTACGGTCTCCCGGAAAGTGGTGGGCCGTCTGGCC  
TGCCGTGGCGGTGTAGTTGCACGGCTTGAGTTCGGTGAAGCCGCGACTGACCTGCACCTCGTACTCGGTTCGCTCCTCCC  
AGAAGTGGGCCATCATCTGCGCGTGGATTTCCCGTGCATCAAGCGCGGTACGATCCAGCACGCTGATGGCTTCGTCC  
TCGGACAGATAGCCGCGCAGGTGCTGCACCATCTGGCCCGGAGGTCGTAGAGCAGATCGGCGTGGGTGAAGTAGTCGAT  
GTCATCGAAGTCCACGGGCGTGGACGATGTAGTCTCCGGCCGCTGCTCCTTGAGCCGACCTCGGCGGCCAGAGTGA  
ACTGCTCGTTGGTCCGCGAGCATCTGCCGACGATCTCGCCGCTGGCCCGGCTGGAGATGGAGTGGCTCACATCCAGCTTG  
AAGGCGTGAAGCCGGTCTGACTCGCCGGTCCGACACCACCGCATGCGCGGGATGTGATGGTCTGCTGCACCACGAT  
CTCGGTGGTCTTCGCCACCACGGCGGACAAGTCAAGTGCGGGGACTGATTCATCCACGCCCGCCAGCAATTCGCCCTTGCA  
GCGGCTTCAACCGCTCTGCCACCTCCGCGAGGATTTCTTCTGCACTTCGGGTTTCAGCAGCGCGCTGCTGGTTGGCACC  
AGATCGCGCTTGACCTCGTACTTGCCGATAACCTCCATAACCATTCTGTCGGCTTGCTCTCCGCTCCGTGGTGAACAC  
CGTTTTGGGCACAGGGACTTCCGCGCCACTGTGAGTGGTGAAGCCCTGTGACCACGACCGGTGCTTCCGTCAAACCGA  
GACGCGCCGATGCACCTGATTGACCTGCACGCTGACCTTCTTGTGCTCGGCGCTCGGCGCATCGAGGATGACGTGCTTC  
AGGCGAATCGGCGAGTCCGCGCGGTTGGCCTCGTCGATGATCTCCTGGAATTTGTGCTGCGCGACGATGTTCAAGCGATC  
CACCGACGCGACGCCGCTGCGCTTGGCGTAAGGCAGGCGCAGGCCGCGCCGATGGACTGCTCGATCAGCGTGGGGCAT  
TAGCCGCGCGCAGCGGCACGATGGTGTAGAGGTTGGTACGTCACGTCACGCTTCCCTTCAGCATGTTGACGTGAATCACGATC  
TCGGTCCGCTCGTCCACGCTCTCCACGGCCAGTAGGCGCGTATCATCTCCTCTTCTTCCGCGCCGGTACGGCTGGAATC  
GACCTGAATCACCTTGCCCTGGTAGCGCCCTCGTAGAAGGCTTCCGATTCAGAAAGCGCCAAGAGTTGCCCGCGGTGGC  
TGGTATCGCGAGCGATGACGAGCATGAAGGGCTTGACCGGCTTGACCGCTTCTCGCGCGCATAAGTGAGCAGTTTCGACC  
TTGGTCTGCTCGTGCAGGCGCACGCGCTTCCAGTTTGGTCTTCTCGATCTCCTCGGGCGTGTGCGCTTGGCGTCCGAA  
GTTGCGCTGGGTGACCACGGCCGGCTCCTTGACGAAGCCATCCTCCATCGCCCGCGCCAGCGGGTAGTCCATCACACGCT  
TCTTGAACGGCACCGGCCCGCGGCTGGACTCGACGAACGGCGTCCGCTCACTTCCAGACCGAATAGCGGCTGGAGTTCC  
TTGATAGAGCGCACCTCCGGCGCTGGCCCGGTAGCGGTGCGACTCGTCCATCAGCAGCACCGGTCAGACAGGTTGGCCAG  
ATGGTTGAAGTAGCTTCGCCAGCACTTCTTGCATCCGCTTGATGCGCGGCTCTTGGCCCGCGACCTCGGATTTGA  
TCTTGGAGATGTTGAAGATGTTGATGCGCACGTCGTGAGCGAAGCCATCGACTGCTCATCCACCGCGCGCGGCTTGG  
TCGTAGTTGTGCGCGGTGATGATCAGCGCGGTTGCTGCGCGAATTCGGCGATCCCCTTGAACACGTACTTCGGCGTGT  
GCGCGTGAAGTCCGTGATGAGCTTGTGTAGATCGTCAGGTTGGGCGCGAGCACGAAGAAGTTGTTGATGCCGTGCGCCA  
GGTGCAGGTAGGCGATGAAGGCTCCCATCAGCCGCGTCTTGCCACGCCCCTGGCCAGCGCGAAGCACAACGACGGAAAC  
TCCCCTCGAAGTCTCCAATGTTGGAACTCTGCCTTTCAGCGTGGAGAGAATGGCCGAGACATCACGCTCGTGACCCAA  
TAGCTCGGGCGCAGCATCGAGCGCGCAGCGAGCTTGTAGAGGACTCGGCTGGGGCGGGCGGAGAGACAGACGGCCGG  
TAACGGCGTGCAGGACGCGGGTGTCTATTTCGTTCTCCCCAAACAGGCCGCCCTGTCCCGCTTGGCGAGGGCCGCTT  
TTCTGCTCTTAGTGTCTTTCGACGCTATTGCCAGGGGCCGAGGCTCGGCCCTTCTCAATCTCCGCCATTGGCAGGTTGGTC  
ACATTCAGGCTGTAGTCGTCACGGCCCAATGGCAGCGGGCCAGCACCATCTTCGGGATCTTCTTCAACGTCAGGTTCCGG  
CCAGCGCTCCGCCGCTTTGGTCCCGTGACGCCGTGGAAGCGGCACAGCACACCAGCAGGCTCCGCTCCGGGCCGACTT  
CATCGGCCAGGGCTTGCAGTTGCTCAGCGGACAGGTTCTGCGTGGTGCATAGATGAAATCGCGCTCGCTGGAGTGGCCG  
TGCTGCCACCAGTGCCTTCTGACGGCGCGTAGTTGAAGCCTTCCAGCTTGGCCAGCGCTCGGCCAGTTGCGCAGCGTT  
GTATTCGGGGTTGATCACCGGGTTGCCCCAGCGGTGCTTGACGATCAGGCTGGGGGCAAGACGGTAATAGCGGAAGCCGC  
CGCCGCCGTGCCAACTTAGAGCCTCTGTGACGCGCCCTTATCTTCGCGTCAATTACCTTCTTTCGACGCGGAATGATG  
TGTGTATGGCAAGTTTCTCAAGCTCCACCATTATCCAGCGCCGTCCATTTTATGAGCGGCTGCTCCAGTGGTACCAGA  
TCCCAGCAATGAGTCAAGAACCAGTCTCCTGGATTCTGTTGAAATACTAAGAATACGGGAAACCAAGTCTTCTGGCTTCG  
GGGTTTTCAAGTCTTGAACGCCCTCCAAAACAGATCTTGTGAGCTTAGTGTGTCGAGTGTGCAAGTCTGACCAG  
ATTGTTGGCAAGGGCGCTAGGAGCGTGGGAGCATATTCTTGTGTGAAGAACCCAGCAGTACTCCGCCGCTCTC  
CCTTTGCTTCCAACAAGCTCTCCCTTCGCTATCAGCTCATCAACACCCTTTTTCCCATTCGGGCTTCTTGGC

CGTCATCGTGAATGGGGTAAACATCCACGCCGTCTGGCCCCCTTGATCGGGAAATACATCGACGGGCGGTTCGATCCGAAGA  
 CTATTCTTCCCGTTTTTCTTTAGGAGACGGTCACGGTACGGCCTGTCCGATTCCGCGTCCGGCTGCCGGTATGCATTTAA  
 GATTGACTCATCCTGCTTCGGTTCGAAAATTAATCGAGTCAGGATTCTTTACATAGCAAAGAATGTATTCATGATCTGGGG  
 AAAGGGCGCCCTTGTGTGATTTGGGCTGTTCGACCTTCTTCCAGATAAATGACGTAACGAAACACTTGCACCAAAAATC  
 TCGTCGCACAAGACCTTAAGATAGTGAGCCTCGTTGTTCATCAATAGAAAATCCATAGCGAGCCATCGTCCGAAAGCAGACG  
 CCTGATGATTTCTAGCCGATC

## Sequenzen der ORFs aus dem Contig 2

>BL1, 195 Basen (revers komplementär)

CTAACTCGCTTCGTCGATTCCGGGCTGGTCTGCCCCGATCTCTGGGGCGATCTCGCCGCTGATCAGCCATAAGCGATAGC  
 GGGGGAACAGCGCTTGAAGCACTTCTAGTTCCTCAGTGCTCATCCGAACGCTCTTGAAGCGAACGCTATGCCACCGCTGG  
 AAGCCGATCTCGCTTTCCTTACCAGCCGATCCAT

>BL2, 216 Basen

ATGGAAGTGAAGAGCTGAACCCAGCGCCCTGATAGGGCCGAGCAGGACATAGAACCATTGAGCATTGGGCGGAGCG  
 CAACGGCATGAGTTTCGGCATCGCCCGCGCCTGGGTGTACCGCGGCATCTTGCCCTCGGTGAAGTTCGGCAAGTTGCGGA  
 TGGTCAACAGCGCGCTGCTGCGTAGCTGGCTGCTGCAACAGGAGTGGGTGGCATGA

>BL3, 222 Basen

ATGAGCAACGGCAAGGAGAACTGGAACCTCGACCTGTGCGGCATCGCCACCTTCGCGCAGATGTGCGGCGTGACGTATGA  
 CGAAGCGGCTCAGTGGGCAGAAGACGGCACCGTCCCAGCATAACAGATGGGCTGCTTCCGCATGATCAACCTGATCCGCT  
 TCCGCGCCGATCTGGAGCGCGGCAAAGCCACCTTCGACGCAGGGGACTACAGCCATGAGTAA

>BL4, 390 Basen

ATGAGTAACTCACCGATCTCCCTGGATGCTCAGAGCGCGCTGCCTTATCTGGGCAAGACCGTCCCTCGTCGAACTGGGCTG  
 GGAGGACGACCCCGAAACGGTCTGGCGCGTGTGCGCATCATCGCGCTGTAATGCGGCGTACTGCGGCGGAGGGCGTGCATGACGAAC  
 CGCACTTCATGACGGTGCCTGGTGGGCGTAACCGACGAATTCGCGAATGAGACCTTCTGGGACACCATTCGCACGATCAGG  
 GTGATGCGGTACCGCGACCGGCAGGGTTCGGGCAACGTAATGCGGCGCATCGCCCGCCCTGAAACATCCCGTTCAGGGGC  
 CGCGCTCCCGGCTCGTCGGAACAGCTCCACCGTTCGGGCGAACGGAAGCACGGGCGGAGCGAACCCCTTGA

>BL5, 111 Basen

ATGCAACTACCCGACTGGACCCTGGAGTTCGTGCTGATGGTGCTGGCCTATCTGCTGGGCGCGCTCTCGGCCCTGGGTTC  
 TTCCACGCCTGCCGTGGCGTTTTCTTACTGA

>BL6, 1293 Basen

ATGGCAAAGCCCTATCACATGCTGCGCATTACCCTGAAGCCCAATGGCGAGTTCGTGGAGTCGGAGAGCGGTTCGCCTGTT  
 CTTTCGATGACCAGCGCAAGCGATTTCATTGACCTGTCCAACGTCCGGTTGCTGCGCTGCGGCGTCGACACCGTTCGCCAGT  
 TGTACAACGGCATGATTTCGCCCTGAAGTCATGGCGCTGTTTCGAGCAGCCGGAAGAGTTCGTCAAATTTGCTGGCCACCAG  
 TGGGCCAAGGGCAGGGTAGGGCGCGACTCGGGCTATCAGTACCGTCTGCAGAACGCCGACATGGGCGTGATCCTGCTGAT  
 CAAGAACCACAACGTGAAGCTCGAGAACATCGGGGCTCACCTCAAGTTCGAGATTTCCCTCACGCCCTGGATGGGGCGG  
 ATCCGCAATCACTCCAACGCCTGATGGATGACCTGGCGCGGGCTCTGCTGACGCACTGCGAAACCAATCAGTGTGCCGTG  
 CACCTCGCCCTGGATGTGCAGGGGTGGGAGCCTCCGCGCGACATCGTGGAGCACATGCATTGCCGGTTCGCATCGGGTGGC  
 CCAGATTACCGGGATTGAGCGCATTGAGTTCGACAGCAGCGCCTCTGTTTACGGTTCGCGGTGAGACGTACATGTTCCGGCT  
 CTGCCAGTGGCCTGCAACTGTGCATCTACAACAAAACCTCCAGGCACGCGCCACCACAAACTCGATTACTGGAGCAAG  
 GTATGGGCGTTCGCTGAATGGTGTATCCGTTCCGGTGTATGGTGACCCGGCGTACAAGCCTGAAGAGGATGTTTGGCGTCTTGA  
 GTTCCGCTTCCACCATTCGGTTCATTTCAGAGTTCCTCCGAAGGCTCCACGCTGTCCCTCTGGTGAGGTGATCGGTTGCCGCA  
 CCTATGCCGGCCTATGTCGCGACCTGCAAGGCCTCTGGCGCTACGCTGCGCAACTTCGCTCTCTCAAATCGAAGTCA  
 CGCCTCGATCCGTTCTGGACCTGATCTTCCAGGATGCAAAGGTCCAGGTGGAAGCCGATCCGCTGATGATCGCACCCGA  
 GTACCGCCGCTACTACAAGACCGCACAGGGCTTCTCCGGCAAGAAGTTCGAGATGTTCCCTGGGCCAGTTCGTGAGCCTCA  
 TCGCACGGGAGCGCGTGAACATAAAAAAGGCTATTGAGGTTCGGCAAGACGCTGCCGTTCTGGCACGTGATCGAGGATCAC  
 TACAAGGCCAAGGGCTTACGACTGTTCGACCTCGAAAAGCACATGCGCAAGCTGCTGAATGACCGGTATTTGCGACGGGG  
 GTACTCCATCTAG

>BL7, 987 Basen

GTGACCATCACCAAGCTCCCGGATGGTTCGCTGGTTTTGTTCGATGTAGAGCCGATCAAGGGCAAGCGTTTCCGCAAGCGGTT  
 CAAGACCAAGATGGAAGCGCAGCAGATCGAGGCCAATGCTCGCCAGAAGTGTCTGAGAATCCGAACTGGACGATCAAGC  
 CCAAGGACCGCCGAGGCTCTCCGAATTGGTTCGAGCTCTGGTACGAGCTGCATGGCCAGACTCTGGCAAACGGTAAAGCGC  
 TGGTGGCGATTCTGCGGCTGATAGCGAAGGATTTGGGTGACCCGGTGGCGGTGTCCCTGGAGCCGGCGAAAAGTGGCCTG  
 TGTGCGCTCCTTGCAGGTTCGCTAAAGGCATGTCCGGCAAGTACGCTAACAATCGCCTGGGCTACCTCAAGTCGATGTACA  
 ACGAACTCCGGCAGCTGGGCACCATCGACTACGAGAATCCTGTTGGGCGAATGCGCCCGTTGAAGCTTCAGGAGAAGCCG  
 CTGTCTGACTGACCAAGCATCAGGTATCCGAGCTGCTGGCTGCGCTCGATGCTCGTACTACGTCGCCGCATCCGAAGAT  
 GGTGCTCGCATTTCCTCGCGACAGGTGCTCGATGGGGCGAAGCGCAGGCACTGACCCTGGATCGGTTGAAGGGCAACA  
 CGGTGATCTTCGCAACCAAGTCAAGTCGAAGCGCTCGCTCGGTTCCGATTTCCGGAAGGGTTGGCCAAAGAGATTCGCCAG  
 CACTGGCAAACCCAGGCGCTTCACCAACTGCCTCGGCGTATCCGCATCGTGTCTACATCGATCAAGCTTCC  
 GAGAGGCCAAGCCAGCCATGTGCTACGCCATACGTTTCGCAAGTCACTTCATCATGAACGGCGGGCACATCGTGACGTTGC  
 AGCACATCCTGGGGCACGCTCGCTATCGATGACGATGCGGTATGCTCATTATCTCACGATCATCTGTCCGAAGCGCTC  
 AGATTGAATCCTCTCAGTTTTTTGTTAG

>BL8, 1071 Basen

GTGAGCTTTCTTGGCTTTCTGGTGAGGTTAAGACTTGTGGATATTCTGCAAAAAGGCACTGGACAAAATAGTCTGTGAGTA  
 TGCGCAAGAAGCCGATGGAGATGAGGCGCTAGAAGCGCTAGAGGAAGCTCTGAAAAATAGCTACATCGAGATTCTTGCAT  
 CCACTCCGATAAAAGTTCTTGATTCAATAAAGAAGGCGGCTGCGGACGGTGGGCTTGAAGAGAGAAGAAAATCTGCACAAG  
 GGATTTGTTGAGCGAAATTATACTCGATGGAAAGAGGGATTTGACTCGTTAGAAGTTTTAATAGAAAATCTGCTCGGAAGC  
 CGGGGAATCTAACGCTCAACGGCTTGGGTCAAACGAGCTAATTCATGACAATCGCTATGGCGCCTTGATGAGGCTGCATG  
 CTAAGGGTTGCTTGGTGGCCCGGAGATATTCTGTCTGCTTTTAAACGGTTTCGAGATGGAGCTCATGCACGATGGCGC  
 GCTTTGCATGAACGTGTCGGTTACTGCAATGTTCTCGGACGGTGTGATGAAGGTAAGTACTGTGAGAAGTACTTCTTGCATGA  
 GCTGTTGAGTCTATAAAGGTGCGCTGATGCACCGAAAGTATGAAGACCGGCTCAAGCCAAGGGTGTAAATGACGAAG  
 AGCTGGCTGAATTAAGGCACTTCATGATTCAGTGGTCGAGAAAATATGGGCAGGATTTTAAAAATTCATATGGATGGGCT  
 GAGGCTTTTTTAAACAAGAAGCGTGTGAATTTTCTTGATATTGAAGAGTATGTAGGGCTTGATCATTGGCGCCATACTA  
 TAAATGGGCTAGCCAAAATATACATGCAACGGCAAAGACGCTGACTTGCTCGCTTGGAAATGGTTGAAGCGAAAGAGGAGG  
 GGTGCTGGCGGGGCGGAGCAACTCGGGTCTGACAGACCCAGCTCATTCAATGGCAATTTCCCTGGTTCAGTGTACTACG  
 GTTCTGTTGAGCGTTGACCCCAACCTAGATGATTTGGTGAGCATGAATATGATCAAGACACTGATCGATGAGATTGGCGA  
 CGTTTTTCTCCGGGGTGTGGCCTTGCATGA

>BL9, 948 Basen (revers komplementär)

TCACGAGGCCGGTTCATCTCCCTTTGGCAGGAACTCCTCGCGGGCGGCTGCAGAAAACCGCTTCATGGGCTCAGAGGGTT  
 CGGCGCTGCGGCGCAGCAGGTAGGTAGACAGCATGGGCGGCGTGCAGGCAAGGGGCGAACGGTTATGTGCGGGCGGTTT  
 AGGGTCTGCACCTGCGAGGCAATGGCGAAACCTAGGCCATAACCGGCACCGACCAGAGTCAGCATCACGCCTAGGCTCGT  
 CACCTGATCTACCAGCTTGAGCGGCTTGGACGCACCTTGAAGCACCAGCTGGATCTGGTGGTGGCAGCCCGATCCCGCCT  
 CCGGATGGCAGATACCAACGGAACTTCAAGGCTTCATCCAATGGCACTTCCGCGTGGCGCAACAAGGGGTGGCGCAG  
 GGCACGATCACCGACAGAGGATCGGTCCACACGGGCTCGGCGACAAGGCTTCGCTCACCGCTCCGACAGCGCAAAGCC  
 GATGTCCAGCAGATCGTTGTGACGCGCTTGGAGCTGCTGCGCGAAAAGGCGAGCTCGAAGACCGGAATCTCCAGTTCCGGCT  
 CTTCTCGCGGCTGCGCGCCAGCAAGGTGGCAATGTGGGGCTGCGCCAAGCTGTGCGAGATGGCGATGCGCAGATAACCC  
 TGATAGCCCTGCGCCGCGCCTTTGCGGCACTCACCGCTGCTCCACGGTGGCCAGCACACGCCGGCACTCACCGAGGAA  
 CACTTGACCGGCCAGGTGAGTTCGCTGCTGGTGGCGCTGCGGTGCAACAACCTGCACGCCGAGCGTGGCTTCGAGATTGC  
 GCATTGCGCGGACACAGGCGATTGTTCTACGCCAAGGCGCTCGGCCGCTCGCGGAAATGCAGTTCTTCCGCGACCGCA  
 ACGAAATAGCGCAGTAGTCTGAGTTCCAATGCGGCTCCTGTTTGCCTCGTTCCTGGCCTGCGTCCAC

>BL10, 1152 Basen (revers komplementär)

TCAATTCGCGGGTTCAGCTCCACACGCACCTCGCGGATTTGCCGGCCCGTTCCTACTGACAAGACCACCACATCGCCGA  
 CCTTCCCGTCTGCTAGCCGCGCAGCAGCTTGGCCACATCGTCCGTCGCTTGCATCAACATCGATGATGCGGTGCGCC  
 GGCACGATGCCTTGGCGGCTGACTTCGACACCCGCGAGGCGGCTTGTGCGCTGCCGAACCAGGGGTAACACGCAACAC  
 GAACACGCCCTTGCTTCCGCTCAGTGAAGCAGCAGCTGATTGAGCTGTTTCGTCACCTCAATGCCACGCGCGGACGGA  
 TGTACTTACCGTCTTGTAGTGTGCGGGACTACGCGCATGACGGTGTCCACCGGCAAGGCAACCAATCCCGCCGAG  
 GCGCCGAGGGGCTATAGATCGCCGTTGATGCCGATGAGCCTTCTGCGGAATCGAGCAGCGGCCACCGGAGTTGCC  
 AGGGTTGATGGCGGCGTGGTCTGGATCAGGTGATCGATGGCCGGGCGCCCGCTTCTCCGGGTAACGAGCGGTGAGCG  
 CGGAGACGATGCCGGTGGTGGAGCTCCAGTCCAGGCCGAAGGGGTTGCCGATAGCGAACACCTTCTGACCCACCTTGAGG  
 TCGGCACTGGTGGCGACCGGCACGGCCGGCGGCTTGAACCGACGCCAATCTTGGACACGGCGATGTGCTGCGCTGG  
 GCTCGTCCCCACCAGCGCGGCTGGTAGTTCGCGGCCATCGGCGAGTTTACCCTGGCTTCCAGAACCCCTGGATGACGT  
 GGAAGTTGGTGGACGAGTGGCCGGCATCGTCCAGATAAAGCCCGAACCGGTGCCGCGGGCATGGAAAAGACATTGCGA  
 GTCCAGACGTGCGCACAGCTGCGCGGTGGTGTAGTGTAGACCACCGAAGCGCGGATTTCTTGAACAGTTTCGATGGTGGC  
 TTTCTCGTCCGCCGAGATCGCCACGCGCGTACGGTGCATCTGCCGCTCGCGGACTGAACCAGGCTTCGATGG  
 CGGGCAGGAACTGCCACAGCAGCATGAGCGTGGCAATACAGGCGGTGATGAAGAGCCAGCGCCGGATGAAGGGTCCGGT  
 GCGGGGCGTGGGTACGGGTGCGGGTAGGCCAT



>BL11, 966 Basen (revers komplementär)

TCAGCGCCACAGCCCGCTCGGGTGCCAGCGCGGGCGGGCGTACAGCGGATTCCGGCAAGAAATGGGGCGCGTGGA  
 ATGGCAACGCTGATGCTGGCCCAGGCGCCAACGTCAGCAGGCGTGCATACGCTCTTGCCTTGCCTGATGCGTGC  
 CAGGAGGGCTCGGGATTGCCCCATCCCGGGCACAGCCAGGACCGCCAGGAGCGGCTGACCCGCTCGATTTTCGCCAGCG  
 GGACGCCAGCCCCTGCGGGTCCCGCTCAGTTCCGCGGAGGCGGTCAGCGTCGAACACAGCACGCGAGACAAGCCGA  
 GCTGTGCGAGCAGGGCCAGCTGGGGCGATGCGGCCAATAACAATAGACCAGGCCAATAGACCTCCGCGCGCCAACCAGC  
 AGCGCGGGCAGGTTGAGCAGGATCGCGATTTGTCCCATGAGGGCCAGCAGGCTCGTGAGGGCGACTGACGGAAATCCGCCAG  
 CCTCATGACGCGCAGATCCTCATTGGTGATGTGCGCGATCTCGTGCGGAGCACACCCGCCAGCTCGCGTGGGCTCAGGC  
 TGCGCAGCAGGCCATCGGTGAGGGCGATCGATGCCTCCTGCTTCGATCCGGTGGCGAAGGCGTTGACGACGGCACTGGGC  
 ACATAGTGCGGCACCGGCGTGGCGGGCAAACCGGCACGGGCGGGCAGCTCGCGCAACAGGGCCCACATCTCGTGGGCTTC  
 TTGCGGGTGAAGGCCCGTACGCGGTACAGGCGCAAGCTCAGCGCCGACGCGGCTACCGGTTCCAGCAGCAACGCACCTG  
 CAACGGCAAACAGCGCGAGCCACAGGCCCGCCTTCCCCAAACGGCAGTCTCCCTGCTGCGGCTGCGATCCCGACCAGGGTC  
 AGGACCAACAGCCCCTGTCAGGGCGGTTGAGCCAGCGGTGTTGCAACAGCGCCGTCGCGGATCACTGGGATGATGACG  
 GGTCAT

>BL12, 498 Basen (revers komplementär)

TCACTGGGATGATGACGGGTGATGCTCAGAGGTCTCGCGGGCGGGTCCCGCGCTTGCGCAGCAGCCAGTAGGTCGCAC  
 CCAGAGCCAGCGTGGCGCCTGCGGGCGGGCTATCTTTGCGGGGCTCGCCTCGGGGTCAAGGATCACGAACCTTGC  
 AGCGCGATCAGACCGATGAGGATCACGGTCTTGACCTGGATGATGCTGTCCCAGCAGCGCCACGCGCACAATGGAATG  
 CTTGAACTCCATCGCGATCAAGAGCGTCATGATCATGCCGAACACACTCTGGAATACCTTGTGATCCAGGGGATTGAAGG  
 CATCGAGGACCAGCAGCGTGAAGACGATGGCGATGAGCTGGAACAGCGACACCACGATGATGACGGCAATTACCGCCGAC  
 AGAACGAGGGCGACGACCTGCTCGAAGCGCTCGTATAAACTCATGATGGCCATTGGTTCAGGAAGACCTGAAATGGATT  
 GCGGCCTGTTGACTTCAT

>BL13, 1716 Basen (revers komplementär)

TCATGCAGATGGACTCCCTGCGACATTGCCGCTGTGCGAGACGGCGGGCGCATCGCACTGATGTGTCTTCAATCAGCTCGG  
 TCGACATGCCAAGCGTCGACATCACCTGTTCCGCCAGCCCAATAGCTGCGGCAAAGGATTGCTGATACACGCGCACGTTG  
 GGCATGGCGCGAAATGCATCGGCCGCGGTGCTACTTCTGCATGACACCCACAAGGTCAGCGCCGGACGGCGCTCGGCAAT  
 CGCCTGGGCGATGCGCAACGCTTGCTGGGCATGGGCGAACGTCAGCACCACCATGTGCGCATGCGTCAAGCCGGCAGCCA  
 GCAAGGTATCGGGCCGATGGCATCGCCATGGAACACCGGCGCGCCGGCGGCACGCGCGGCTCGACCTTCTGCGCGTCC  
 GCCTCCAGTAGCAGATGCGCCACGCGGGCGTGGCGAAGAATCTCGCTGACTGTCAGGCCAAGCTCGCCCGCGCCGAAAC  
 GATGACATGGTCTCGATATCGCGCCGCTGCGCGGCGATCTCGACTTCTTCAGCCTGGGGTGGCTGAATGACGCGCCGG  
 TGCGGCTCAAGAACCAGGCAAGTACATCGTGATGGCGGATCAGTAGCGGTGCCAGGGCCATGCTGAGCACCAGCGCAACT  
 AGCATGGGTTGTACGACGGTTCGCGGGGATCAGATGCTGCTGCAAGACCATGCCCAACAACAGCAGGGCGAACTCGCCGCC  
 ATGCCCAACGCTATGCCCGTGCGCCAGGCATCGAGGGCGGACAGGCGCGTCCGCCGCAAGGCCAGGGTGTGAGCCCGA  
 TCTTGACCGGTACCAGCACTGCCAGCCACGCGAACACCGCCAGTGGTGCCGAAAGAATCTGCGCTCCGTCCAACCTGCAGG  
 CCGATGGTACGAAGAACACCCCGACAACACATCGCGAAACGGTTTGAGGTGGCTTTCATGTGGTGACGGAAGTTCGCT  
 CTCGCCCAGCACCATGCCGGCCAAAACGCACCCAGGGCGGGGATAACGCGACCGGCTGTGCAGCAGCGGCGGACGCCA  
 CCACCACGCACAAGGAAACCAGCACGAAGGATTCTTCGTGGCCCTGCCGCGCCACCCAGCCAGCAGGCCATGCAACAGA  
 CGACGGGAGGCGAGGGCCGCTGCCGCGAACAACATCAGCAGCCCAACACTTCGAGCAGCAGCTCTCGATCTTCGGCGA  
 CTCGCCGCGCGCCAGATCGCCAGCAGGGCCAGCAGGGGCACGCTGGCCAGGTCCTGAAAGACCAGCAGGCGATGGCGC  
 TGCGGCCGTGGCGGGTGGTGAGCTCGCCTTGGTGGCCAGCTGTGCGGCTGACCAGCGCCGTGGACGACATGGCCGCGCA  
 GTGCTGAGCAACGCAGCGCTCTGAACTGGCTGTCCCAGCCACATCAACATCAAGGTCAGTGGCGTGGCGACAGCGATCAT  
 CTGCAAGCTGCCGGCCGCAATACGGTTTTACGGGAAAGCCAGAAGTGCCGAGGGAGAACTCCAGCCCAACCATGAACA  
 GCAGCAGGGCCACGCCAGCTCGGACAGAAAATCAAGCGCTTCTCCCGCGGACTACACCGCTGACCGACGGGCCCAGC  
 AAGGCGCCGACGGCGAGGTAACCCAGCAAGGCGGGTACTCTGAACGCGCCGTCGCCACCGCCGCGAGGCTGCATGCCGC  
 CAGCAGGATCAGGGTGGCGCCGAGCAAGTCTTCAT

>BL14, 441 Basen (revers komplementär)

TCAGCGCCCCACCTGTGCAGATGCCAGCGCACGATGTCTGCGCGCCAAGGCGCGGCTGACGCCCGATCTCCCGCC  
 CACCCTGGAACAGGGCGAGCGTCCGAATGCTGCGGATGCCGAACGCGCGCCAGGTGGGGTTCTGCTCGGTATTGACC  
 TTGGCCAGCCTGACCCTGGGTTTCGAGCTGGCGCGCCGCTTGTGGAACGCGGGCCATCATCTTGCACGGCCCGCACCA  
 AGGTGCCCAGAAATCGACCAACAGTGGCAGGTCGCTGCGCTCCACGTGGCGCGAGAAGCTCGCCGTGGTCAACTCGATGG  
 GTTCGCCCCTGAAACAAGGGCTGCTGGCAGCGGCCGAGTTGGGATGTTCCGATAGCTTCGAGTCCGTTACGCGGTTGATG  
 GACTGGCAATGCGGACAGACGAGGTGAAGATTATTCTTCAT

>BL15, 1167 Basen (revers komplementär)

TTATTCTTCATGGTTTCGCCTCCTTGGACCACAGTGAGGCTGCCGCGCTTCGGGTACAGACAATGCCGACCAATCAACGC  
 CTTGGAGCCAATCGTTCCCGTCTTTGCTTACTCCGGCCTCTTCCAAATGAGCAGCGATGAACGCTTCGGCCTGCATGAGC  
 CACCTTTGGACAGTATCTTCTTACTAGGAATCAGCAGGATTTTCCAGAGACGCTGCTGGCATCCAGCCCCGTCCACACGGAT  
 AAGCAGAAAAATGCGCCGCCACAAACGCGGCATGTCTTCCAGCAGGTGCAATGCAAAAAGCGAACTCGCTCGACCCGATCAA  
 CTAGCTCCTCCTGTTCCGCGATCGTTGCGGCATCGGGATGCTGACTGTGACGCGATGATATCGGCCAGCCTGAGTGTGTCA  
 TCGGGCTGATAAAATTCGAAGACTTCCCTCTTCCACCATGGCCTCGGCGACGTCTTGGGCATCCGGTTCGACCCGGCGGTC  
 CAGAGAAACGAATTCGCCAAATTGCCGGCTGCTTGCACCTCGTTATCCAGGACGGCGAACAGATGCTTCAAAGACCCG  
 TGTAAGCCTCTTTTTCCCCGGCACGGATTGCCATTCCACCTCAGCTCGGACAATCGCTTCATCCACCACGTGCGGCAGC  
 GTCGGATAATCGCGCGGTAAATCGCCGACGGCCCGCAGATAAGCCAGCTCAGCCTTGCAGACAGCCTCAAGTTTCGACAG  
 TAGAGGCATTCGGGTGCGCTCGGCCTCATGGGCGGCTGATGCGGGTTTTGCGGCAATCCGCACCTTGAGCTCGCGCAAGC  
 GCTCGCGTCTGTGCTTTGCGCTTGATTTGATCCTGAGCATGCAGTCGGTCAAAATGCTTCTTGGCCTGACGGAACAACGAC  
 TGTGCGAGCATCTGCGCGAGGGCGTCAGCTCGTCATGTGATGCAGTAACGCTGACAGTCTTTTTGCCGGCAGGTGCAT  
 ATAGCCACTGGCCAGAAATTGCCGCTTGATCTTGTGCGGATCAAGGACGATTTGAAAGTTGCGCTGAATCTTTAGTGTGTT  
 TGTGCGCAATGGCTTGAGGGCGTGTCTGATCACATTTCCAAAGCTCTCTGCCAAGGTTTATGAAACTCTTTGTGCGATA  
 GCTCGATAGCTATATTGCATCTGCATGTATGACTCCTTCGATGTAT

>BL16, 612 Basen (revers komplementär)

TTATCCCTGGCGCGTTTTGCGAAGACGCCAACTCAAGAACAAAAGCGTGACACCATAGACTGCCGCATAGAAGCCCAACA  
 GCCAGCCTGGCGCCAGGAATGACTCGACCGGACGGGAAAAAATATCCACAAGACGATAGCGCCAAGGACAAATCGAGAGC  
 AGTCCACTGAAGGCAAGCCAAATTTACCCTTGATTTCTTGACGCGCCGAAACGGCGGGGATATCTCCAGCACACCCGGT  
 GAAAATCGCCAGAAGCCACGCTAGCCCATAAAAAGAAGCCAAGACTATCGTGGCGACCCAAGGAGCAACCAGGACGA  
 CGACGCCGTAAGTATGCCGACAATGCCGCTGAACAGCAGCCAGCCAGCCAGCGCTCTTTTTCTGGATATGGCGCACCCGCT  
 CCAAACAAGTTGAACGCGCCATTGACCAAGGAAAATGCGCCGAACATGATGGTCATGGCCAACAGAGCCGATTTGTGGCAT  
 CCAGAACGCGAGGGCTGCGAAAATCAATGCCAAGACCCGCGCAACGCAAAAAGCCACCAATTTTGGCTCAGCGAACACA  
 GTGCTTTGGTGGGGTCATCCGCACTGGAATCGGGCATGGTGTCTGTGTTTAT

>BL17, 888 Basen

TCAGAACAACCTTGGACAGCTTTGCCTTGATTTTCATCGAGCCAGCCTTTTCCGCGCCTCCCCAGCCGCTTTTTGCTTGA  
 CTTTTCTTGAGTTCAGCATAACAGGGCTCAAAGTCTTCTTCTTTCCATAAACCAGCAGTTCCTGCCATTTCCAACCTGCTGC  
 CGCGCTTTCGTTCAATAATGTCTCCAGGCGCTCATTGGACGCTTCGCTCCGCTGACCATCTTCTACCAAGGTCCTCGGCGCG  
 CTTCAGGAGCAGCCTGGCGCGCAGGGCGGGCAGCGGATGCACGCTGCGCGTCTCGACCAGCGTGCTGAGCGCTGCCGTGCA  
 GCGCGGCTTTGGCTTCTTCAATCTTGCCTGATCGATCAGCGGCACGACTGACTTCACGGCTGCGGGATAGGACGCCAGA  
 GGGATGTTGGTGACCGGATCACGATTTCACTGGCCAGCAAAGCCAGCACGTCGTCACGTCCTGTTGCACCTCGCCATGTTT  
 GAGGGCATCCAGCGCCTCGTCGGTCATCGCCTCAATGGTTTCCGTGTTGGCGAACAAAGTCGTCACGATGGTGGCGACAT  
 CAACGGGGCCAGGGCGAGCGTGGGTTGCGCGCAACGATCAGCTCCAGCTTTCCGTCACCTCGGCCAGCGTTGCCAAT  
 GCGCGTGCAGCTCCTTGGCGTCAAGTGCGGCGCCAGCGCTGATTTGGTCAGCGCAAGGCCGAGACGGCCTCATCGAGGAC  
 TTGTTTACGTTTGTCTGCCGCTGCGAGTCCGTTTCTTTCTGAACCTCAGGCTGTACCTCCGTGACGACTTCAGGCTTGG  
 ACTCTGGACTGACAGGAAGGCTGCTTACCGCGCCTGTTTCGTTTATTCTTTCGTTTCGTCGATTTGGGATTCGGTGTGTTG  
 TCATTCAT

>BL18, 915 Basen (revers komplementär)

TCAAACAGCTTTTGGATGCGCGTCTTCAACTCGTCGAACCATCCCTTGGCGCTTTTGCCACCAGCCGACTTTTGCTCAA  
 TGGACTTCACCTGATCGAAGATGGGTTTGAAGTCCGCTTCTTGGCATAAACCAGGATCTGCGCCATCTCGATCTCCGTTG  
 CGCACGGACGACAGCAAGGTGCTGAGCTCCTCGTTCTGCTTGGCATCGCGCCTGTCGGTCTCGGCCAGCTTTTCCAGCTTT  
 TGCCATCGCGGCTTCGGCCCCGTAGCACGGGCAGAGGAAAGGGCAGCCGAGGTACCACCAGCGTGTTCAGTGTCTGGGCGA  
 GTTCCGCTTTGGCGTTGTGATCTTGCCTGTCGATGAGCCGTGCGGCCGACTTGATCGCTGCCGGGTACGTTGCCATC  
 GGAAGGTTGTGCGTTTGGATTACGATTTGCTGGCCAGATTGGCAACGATGGGCCGGGCTTTTGCACCTCGCCATCACC  
 CAACAACCTCCGAGACAACCTGACCGCTTTCTTTACCGATTCCACGTTGGCGTGATATCGTGGGTGATGACGCGTACAT  
 CGACCGCGCCAAAGCAAGTTTGGCGTCGCGTCCCAATACCAGTTCCAGCTTTCCGCTGGCCAGTTCCAGCGCAGCAAGC  
 GCCTCCTTGGTCTTCTTGCATCAAGGAGGGTCAAAGCTCCTGGGCTTGGTGAGCGCCGTGATGGCGTCTTGGAGTGAG  
 CTCGGCACGCTTTTTATCGGCTTCCCGGGCGGCTTGTCTATCTACCTGTGGCTGTGCCGCTTGGATGCGGCGAGGGGTG  
 CTGCAGCTCCTGGGCTAGAACCTGCCGCCGATTGGGCCAGAGCCGGTCCGCTCAGTCCGACGACGACCCGCCAGGGCAAGT  
 GCGGAGAAGGTGATTTGTGGCTGTTTGTATTCAT

>BL19, 459 Basen (revers komplementär)

TTAGTTGACTGAGATTTCAATCTGTTTCGGTTTGGCTTGTCTCGGCCTTGACAAGCCGCACTTCCAGCACGCCGCTTTTCA  
 TGGAAAGCCGTCACCTTGGTGGATCAACGTTGTGAGGCAAGACAAAGCTGCGCACAAAGCGGCCATACGCACGTTTCGATG  
 CGGTGGAACCTTCTTGCCTGCTCCTTTTTTCCAGTTTGGCTGCGCGCTGATGGTGAGCACACCCGTTTTCCGCGCTGAC  
 GCGCACGGCATCCTTGGGGACCTCCGGCAGATCCAGCTTGAGGAGGAATGCGTTCTCATCCTCGCTGATGTCGCCCATTTG

GTGCCAGTCCGCCGTGGTCATGGCTTCGTTGCCGGTACGGGCGCCCTGTGCTGGGGTATTGTCGGAACATCGTCGCC  
 AGGCGGTTTTGCAATTCATCCAGTTCGGGAAGGGGTCCCACGGAGTCAATGCAGACAT

>BL20, 1818 Basen (revers komplementär)

TCAGTTCCGAACAAGTCCCTTGAGTCAATTGACGGATATCGCTTTTCGTCGAGCGTTTCCCGCGCCAGCAGCTCGCGCGCAC  
 AGCGCTCCAGCACCGCGCGGTTGATGTCGAGAATCCGGTAGGCGCGCTCGAACACGCCCATCACGATGTCGCGGATAGCC  
 TGATCGATGCGCGCCTGGGTCGATTTCGGCCACCCGGCAACCGCCGTGGGCCAGTTCAGGTGTATCGAGAAAGCGGGGCCG  
 CTGCGCCTCGAAGGCGATGTAGCCAGGCCCTCGTCCATGCCAAAGCGGGTGATCATGTCACGGGCGATGTCGGTGGCTC  
 GCGCCAGATCGTCCGCCGCCCGGTAGACAACCTCGCCGAACACCAGCTTTTCGGCGGCACGCCCGCCAGCAGTACGGCG  
 ATCTTGTGCTCGAGATCGGTACGCGTCATCAGGAAGCGGTCTTCGGTGGGGCGCTGCAAGGTGTAGCCAGCGCGCCGAT  
 GCCGCGCGGGATGATCGAGATCTTGTGTACGGGTTCGGTTTCGGGCAGCGCCAGCGCCACCAGCGCATGGCCCATCTCGT  
 GATGGGCCACGGTTTCCCGCTCCTTGGGATTGAGCACTCGGTTCTTCTTCTCAGGCCCGCCACGATGCGCTCGATGGCG  
 GCGGTGAAATCTGCAACTCCACGGCGGACGCTTTGCGCCGGGTTCGCGCCAGCGCGGCCCTCGTTGACCAGGTTTCGCGAG  
 GTCTGCACCCGAAAAGCCCGTGGTTCAGCGCAGCCACCTGTTTCGAGATCGATATCCTGAGCCAGCGTACCTTCTTGACGT  
 GGACTTTCAGGATGTCCAGCCGTCCCTTCTTGTGCGGGCCGGTCCACCAGCACCTGGCGGTGGAAGCGGCCGCGCACGCAGC  
 AGCGCCTGGTTCGAGGATTTTCGGGGCGGTTGGTGGCGGCGAGGATGATCAGCCCCACCGAGCTGTGGAAGCCGTCCATCTC  
 GGTGAGCAGCTGGTTGAGCGTCTGCTCACGCTCGTTCGTGGCCCGGATGGGCCCGCCGACGCCCGCGCGCGGGCCAGCG  
 CATCGAGCTCGTTCGATGAAGATGATGGCCGGCGCCTGCCCGCGGGCCTGCTCGAACAGGTCGCGCACCGCGCTGCACCC  
 ACGCCGACGAACATCTCGACGAACCTCCGAGCCTGAGATGGAAAAGAACGGTACCCTGGCCTCGCCCGCCACGGCCTTGGC  
 CAGCAGGTTCTTGCCTGTCGGGGCGGGCAACCAGCAACACACCTTTTCGGGATGCGCGCGCCGAGGCGGCCGTAATCCT  
 GCGGGTTCTTCAGGAAATCGACGATCTCAACCAACTCCGCCTTGGCTTCATCGACGCCAGCGACATCGGCAAAGGTCACG  
 CCAGTGTCTTCTCCATGAATACCTTGGCAGGCTCTTGGCATGCTCAGGAAGCCACCCATGCCCTGCTTCTCGGCGAA  
 GCGCGGAAACAGGAAGAACCAGACGCCGAAGAAGGCCACCCCGGAGAATCCAGGAGACACATCAGTATGGCCAGGTGC  
 TTTCCACCACCGCGCATAGGGCACGTCGTAACCTTGGACAGCCGCTCGGCCAGGTCGGGTCGACACGGGTGGCCACGATG  
 GTGGTCTTGCCTCGGCTGTCCGGCGATTTTCAGGCGCCCGGTGACCGTTCGCGGTCCGACACCAGCACTTCGGCGACGCGCC  
 CTCGGCCAGCGCCTTCTCGAATTCGCTGTAGGGCACGGGCTCGACGGTCTTGGCCCGCTGCCAGTAGTCTTGCAGCGTCA  
 GCAGCAACAGGCCGCGACGATCCAGTAGCCAATGTTCCATTGATCTTTCTTTTCCAT

>BL21, 1431 Basen (revers komplementär)

CTAGAGAATGGGGGTGAACAGACGGGGCCACCCCGTTCGCGCAAGCGGATGGCCAGCGGGCGGGCGCGCAACGCCTTCGCCG  
 ATATCTCGCCCGACGCATCACGAGCGGCATCAAAAAGGGATTCCAGCCCGGTAGACAGCGCGGTGTCGTACACCTCCACA  
 TTGAACTCGAAGTTGAGGCGCAGGCTGCGCGCATCCCAATTGGCAGAACCCAGGCAGCACCCTGGCCGTCTATCAGCAT  
 CAGCTTGCTGTGGTTCGAACGGGCCAGGCCGTTTCGAAGATGCGTACACCGTTCAGCACCTGCCAGTAGTGGGGCGCGCG  
 CGGCCATTGCACCGTGGGATGGTTCGCGGTTTTCGGGGCGTTCAGCACCTCGACCGCGCACGCCGCGCAACCGCGCCGTGCTC  
 AGCGCCGATCATCGGCTGATCGGGCAGCAAGTAAGGTGTCCAGATGCGCACCGAATGCTTCGCCCGCTCAAAGCTGCC  
 CATGAAGGTCAGCGCATCTGTTCAGGGCCTCATCGGGACCCGCTCGATGCCGCGCGCCCAAGAGGTTCTTGTGCTCAT  
 CAGCCGTTGCGGGCGGTTTCGCCCCAGAAACCTTGTGAGCCGCTCGCCCGTGGTATCGCACCAATCATCGTGAAGCAC  
 CGCATCAGATGCGCAACCACCGCCCGCGCAGACGAAAGTCAAATCGTGACAGGCCTGCTCCGGCGCATCGGGCCGCCA  
 ATACGGGCTGAAGATGTTTCATGCCCGGTTGAAACCCGTTCTCGCCATCGATCACCAGCAGCTTTCGGGTGATTGCGCAGAT  
 GCGCGGCATGCAGGCGCGCGGGAATCAACGTCGGGTTGAAAGTTCGCGCCCGGAAACGCCGGCGGTTGCAAGGCGCGGTAG  
 GCGCTGCGGGGCTCCAGCGGGCATAGACGTCGTCGATCAGCACCCGCACTTGCACGCCGCGCTCATGAGCCCGGCGCAG  
 CGCATCGACGAACTGCGCCCCGATGCCTTGGCTGTGCAAGATGTACGAAGCCAGCGCGACGCTGTGCCGCGCCGACTCGA  
 TGGCAGCGAGCATGGCCGGGTAGGCTGCTCGCCATCGACGAGCGGCTCGATGCGGTTGCCGCTGGTTCAGCGACTGGCCG  
 GTGGCACGTCCCACCAGGTGCGCCAGGCCGGCAAACGGCGCCGATACGGCCTGGGGCATCGTAGGCACGAGTCTTGC  
 AACAGCAGGATCTGCCCCGAAACAGCCGCGCCCGCCGCTGGTAACGGTTGATGCCGAACAGCCATACAGCAGCG  
 AACCGCCCAACGGCAACAGCGCGATCAGCAGCACCCACAGCGTGGCCGATCGAGGGTACGTTTGTAGATGACCGCGTGC  
 CCCGCTGTGGGGATAGCGACCGCCAGCGACACGAGGGTGGCTGCCCATGTTCAGCCCGTTGGGGTTCGGACAC

>BL22, 2769 Basen (revers komplementär)

TCAAGATCCGCCCGCCGCTGACTTCTTCTTTCGCGCAGGCTTGTCTCGCCGTTTCGGCGGTGCCTCGGCCAGTTCGCTG  
 CATCGGGCTTTTCAGGCTCGGCCGGCTGCGCGGCTGGCTCCTGGCGCTCGAAGACCACCCGTTTCGGCCTTGTATCCAG  
 CGGGCGCTGGCGTGATCGGCCTTGCAGATGCCACCACCGAGCATCTCGCGTGCCAGCGCGGTTTCCAGCTCGCTGCGGAT  
 CAGCCGCTTTCAGCTCGCGCGCGCCGAACCTCGGGTTTGTAGCCTTCTCCGCGAAGTGGTTCGATCAAGGTCTGGTTCGAAG  
 TCAACGTCACGCCCTGGCTGGCGGCGTTCGCGGCCACACGATCGAGCTGCAGGCCGACGATATGGCGGATCTCCTCCTTG  
 CCCAGCGCATGGAAGACGATGATCTCGTTCGATGCGGTTGAGGAACTCGGGGCGGAAGTGTCCGCGCAGCACGTCATCAC  
 CTCGGACTTGGTCTTCTCGTATTCTCGCCGGCGGCGCCACGGGCCCTTCAGCCGACGCTGGATGATGTCCGAGCCCAAGT  
 TCGAGGTGGCGATGATGATGGTATTGGTGAATCCACCACCCGGCCCTTCCCGTTCGGTTCGAGCCGCCGTCGTCGAATACC  
 TGCAGCAGGATGTTGTAGACGTCGGGGTTCGCTTTTTTCGATCTCATCGAGCAACAACACGCTGTAGGGTTTTCGACGCAC  
 CTTCTCGGTGAGCTGGCCGCCCTCGTCATAGCCACATAACCCGGAGGCGCGCCACCAGGCGTGCACGGTATGGCGTT  
 CACCGTACTCGGACATGTTCGATGCGCAGCAGCGCGCCCTCATCGCCATAGATGGACTCGGCCAGTGCCTTGGCGAGTTCG

GTCTTGCCACACCCGTCGGCCCGAGGAACAGGAAGGTGGCCACTGGCTTGCCGCTTCGCGCAGGCCCGCGCGACAG  
 CCGCACGGCATCGGCCACGGCACGTACTGCTTCGTCTGGCCACCAGGCGCTCGTGCAGCCGCTGCTCCAGATGCAGCA  
 GCTTCTCGCGTTCTTCCACCGTCAGCTCGTTGACCGGAATGCCGGTCAGGCGGAGACGATCTGCGCGACATGCTCGGCC  
 TTGACTTCGGCGCTGCCCGAGGCGCGCTCGCGTTCCCATTCCTCGACGAGCTTCTTGAGTTTTCAGTCTCCTTGGCCTCGAT  
 GCGCTTGCCAGCTCGGCGGCTTGTCTGACTGCTTGCGCGAAGCCACATAGTCTTGTCTACGCCGCGAGCTGGTGCAGTT  
 CGGACTCCAGCTCTTGACCCGCCACCGGGCGGGCCGTGGCCGACAGCTTACGCGTTCGGGCCGCTGGTGCAGCAGGTGC  
 ATGGCCTTGTTCAGGCAAAAAGCGCGCGGTGATGTAGCGGTCCGACAACCTCGGCGGCGGCGATGATCGCATCCTCGGTGAT  
 GCTGACCTTGTGGTGCCTCGAAGGTGTGCGCAGGCCGCGCAGGATCATCATGGTCTGCGCTACCGTTCGGCTCGGGCA  
 CCATCACCGGCTGGAAGCGACGCTCCAGCGCGGCTCCTTCTCGATGTACTTCTGATACTCGTTGAGCGTGGTGGCGCCG  
 ATCAGGTTTTCAGTTTCGGCGCGGCCATCATCGGCTTGAACACGTTGGCCACGTTCCAGCCCGCTTCGCGCCACCTTGCC  
 TGCACCGACGATGGTGTGCACTTCGTTCGATGAAGAGAATCAGCTCGCCCTGGTGTCTGGTCACTTCTTGAGCACCTTCT  
 GCACGCGCTCCTCGAACTCGCCGCGGTACTTGGCGCCGGCCACCATTGGCATTGATGTTGAGTTCCACCAGGCGCTTGTGCG  
 CGCAGCGTCTCGGGCACTTTCGGCGGACCATGCGCTGCGCCAGCCCTTCGACGATGGCGGTCTTGCCGACGCCGGGCTC  
 GCCGATCAGCACCGGGTGTCTTCTTTCGCGCCGGCCAGCACTTCGATGGTGTCTCGATCTCCTGCGCGCGGCCGATGA  
 CCGGATCAGACTTGCCCTCGCGCGCCATCTTGGTGGTTCGCGCAATACTTGTTCGAGTTCCGGCGTGTGGTTCGGCGTC  
 TCGGCGCGCCATCCTCGGCCCTTTGCGGACCACCTTGTACCTGCTGGCGCAGCGCTTTCGGCGTGAGGCCGTAACG  
 GCGCAGCAGGTTGGCCGCCAAACCTTCGCTTCTTCGGCGAGCCGATCAGGAAATGCTCCGGCCCGACATAAGAGTGGC  
 CGAGTTTCGTTGGAGGCCACGAAAGCACGGCTGAGCGGCTCCTTGACCCGGGGCGACACGCCGATCTCGCCCTCGAACGGC  
 TTATCGCCGCGCTTGGCTTCGGATTTCGATCTGGCGCTTAAGGTCATCGACCTTGATCTTGAACCTGCCCCAGGATGGTCTT  
 GACCACGTTCGCTGTTCGGATAGCGCCAGCAGCAGGTGTTTCGGTATCGACTTCGGCGCGCCCGAACTTCGACGCGTGTGGG  
 CGGCCTCCTGCAATAGGGCTTCGGACTGTTTCGCTGATACGGCTGGCGAGCCCACTGCCGCGACGGCGCGCGGTGCCCGTA  
 CCGGCCGGGGCGGGTTCGCCGAACGAGGCATCGACGACCTCGTTCGGTATCGGCCGCCATGGACGGTTCGCTCGTCACCGAT  
 GCGGAAGAAGTTCGCTGCCAAGGAAGTCTTGAACAGCCCGCTGCGCGAGCCGAACAAGGCTTCCAGCGGTGAGACGGTGC  
 GCTTTTGTGGCGCACCAAGTTGGCGATAGTGTACACAAACAGCAT

>BL23, 609 Basen (revers komplementär)

TCAGCCGTTGATCGGGATCGAGCGCCCTGCTGGGGCGTACTGGCCTCGCGCTTTTCCATCGTGATCGTGAGCACGCCGT  
 TCTTGAAAGCGGCCTTGATCGTGTCTGGTTGGCATCGGCCGGCAGGTTTCAGAGCGCGCTGAAAGCTGCCGTAGGAGCGC  
 TCCACCCGATGGAACCGCCGTCTTTCGTTTCTGCTCCTGACGCTTTTACCAGCGCACACCAGCAGCACGTCGTTGTGCGAG  
 CGTGATCTGGATGTCTTTTCTTCGATGCCGGTACTTCCAGGGCGATCTTGTACTGCTTGTTCGGTCTCCTGGATGTCCA  
 GCGCCGGCTTCAGCATGCCCGGCCAGTCCGACGGCCAGCGTGGCATGGCCAGCGTCGGGAAACCGAAGCTCGAAACCGC  
 TCGTTCGAACAGGCGGTTCGATCTCGCGATGCAATTGCAGGATGGGACTGACGGGCCACCCGCCACCGGCAGGTCATTGCG  
 CTGCACCGGGAGCGAGGCAGTGTCTGTTGTTCTTCTGCTCCTTCTTGAACCAGTTCCAGGGAGCCAATTTCTTGAAAT  
 CAATGTCCATGTACACCTCCAGAAGAAAATTGAAGACTCTCGCTCAC

>BL24, 282 Basen (revers komplementär)

TCACTCCGTTTTCCTGCGGCGACGGACAGCGCGCCAGCACACGGAGTGTTCGCTGACTTTGGCTGCTCATCTGTGC  
 GTATCACCTCCTTCTTCTGCTGCTTGGATCTGATCATTGATCCATCGATCGATTTCACTTTGACGAAACCGCCACGTC  
 CCGCCGACCTTGAAGGCCGGAATCTCCCCGTGCGAGGCGAGCCGGTAAAGCGTCCGCTTGCCGACTTTCAAGTAGGCAGC  
 CAACTCGTCGAGTGTGAAGATCGCCTGCTGGCGCGCTGTCA

>BL25, 378 Basen

GTGGATGCGCGCGTGGTGGTTGCCAAGGCGCTGGCCGCTGACAAGTTTTGCGGCCTGGTTCGCGGAGCTGCCCTCCCGGCTG  
 CCTGGTGGCCCTGGAGGCTTGCGGCGGTGCGCATCACTGGGCACGCAAGCTGCGCGGCTATGGGCTGGATGCGCGGCTGA  
 TTGCAGGCCACTTTCGTACGCCCTACCGCATGGCCGGCAAGGGACGCAAGAACGGTTCGGCCGATGCCGACGCGATCTGC  
 GAGGCGGCAACCCGCCCGCACATGCGCTTCGTGCCGGTGAAGCCCGGCGCAGACGCTGCTGGCCAGCCATCAGCTACG  
 CAAACCTCCCGATTCACTCACGCAGCTTATTCTGCTTGCCCTAGGGACGACCATGTAA

>BL26, 177 Basen (revers komplementär)

CTATGCGCAGGTCCACTTGGCGGGATGTGGCACTCGACCGTGAACACGCCCGGCGTGTAGTCCAGCTTCTCGCTGATGC  
 GCTTTCAGCGCACAGCCGCACGCGCAGCGGTTCTCGGGCTCGTGGTGGCAGTCCACGCGGGCAGGTCCGCCCGGCAAG  
 GCGGTGCGCTTAGGCAT

>BL27, 153 Basen (revers komplementär)

CTAGAGCTGCGCCTCAGCCGCGGCAAGGTTCGGCGTCCAGAGCCTCGTTCGAACAGCGCGGCTTGTTCGGCATCGAGCTGCT  
 CGCTCTTCTTGCCGAACCTCAGGCGTTCGAGCTGGGCGATCTCGAACGAGAGCTTCGCCGTAGGCGCTGACAT

>BL28, 909 Basen

ATGAACTTACGCCATCTTCGCTGCTTCATCGCCGTAGCCGAGGAACTGCACTTCGGCCGGGCTGCTCGACGGCTGCACAT  
 CGAACAGTCTCCACTGTGCGGCACGATCCGCCAGATGGAGGCGGATTTAGGGGTGCCGCTGCTCAACCGCTTGCCACGCA  
 GTGTTTCGTCTCACACCGGCGGGACAGGTCTTCTCGAAGAAGCCCGGCGCTACTGCTGGCCTTCGAGCAAGCGCAGACC  
 AAGGCACGCGCCGACGGAACCAGCGGAACACGCTGCGCATCGCACTATCTGGTGACATGGGGCAGGCCCCGCTTGTCGGC  
 GTTGCTTGCGCTTTGCCGCGAGGAGGCACCACAGGTTCGGATATTTGAAACGCCACTGGCGCAGTTGGTGACTG  
 GACTGCGCAACGACTTGTATGACGCAGGTTTTGCATTGGCTGGTGAAATGGACGCCGGCATCGTCGCCATGCCGGTGTGG  
 CGAGACCCGCTGGTGGTGGCTTTGCCCCGCCAGGCATCCGCTGCTGGCTTTCAAGGAAGTGCCGCTGGAGGAAGTGGCGAG  
 CTATCCGCTGGTGTGTGCGATCCCCAGGTCTGCGAAGGTTGCAGCCGGCAGCGGAACGGCTGCTCCGCACGGTGGATG  
 CGCAGCCGACGGTAGCCGAGTACGTCAAGACCCATTCCCTGATGCTGGCTCTCGTGGCCGCGGCTACGGCGTGGGCTTT  
 TCGAGCGCGGCGCATCTGGCGGGTTGCCATCAGGCCGATGTCGTCGTCGCGCCGCTGGCCGACGAGACCGCTTCGCTGAC  
 GACCTATCTACTGCGACCCGAAGGCGAAATCATGGAGCCGCTGCGGCAGTTCATCGACCCGCTGGAGCGTGTTCGGACGCC  
 CGCAAGGCACCGATCAACGCCCGATGTGA

>BL29, 759 Basen

ATGCCGAAATCGAGCAGCCACGCCTTTGGCGCAAAGACGTACTACCGACCGATCGAGGCGGCCGTCGCTGGTGGGCTCT  
 CCTGCGCTTCGAGCAGCGTATTCTGGAAGCGCTGGAGCAGCGTGCCATGCCGGAGCCCCGGCGAACTCCCGCGCTGGCCGC  
 TGCTGCGCCTGTATGCCGAGCGCATCTTCGACGCGCTGACGCATGGCGAATTGCCCGGTGGCAAGGCCGGCATCGTGTG  
 GACTCGCAGCGGCCGGCGCTCGACGACCCCCGAGTTGACCGTGCGCCACGTGGACTTGAAAGCGTGGATGTCGCGAGTTCTA  
 CCCCCGGGATCGGCCGGGGTTTTTGTGTTGACGGCATCGAACGCGCGGTGCATCCGGCGGTGAGCGTGGACACGCTCAACA  
 TTCTGCTGGCCGATCGCGAAGCAGCGAAGTCGCAACTTGCCGAACTTGCCCTGGTGCATGAAACGCTGCGCACCGCGCAC  
 GAAGCACTGGCGAAGGAACATGCCACGCGCGCGGCCAACGACGAACAGGCGCGGAGCCTGGCTGCGCAGCGAGACGAC  
 TTACCTCAACATCATCGGCGGACTGCTGACGCTGCTGCTGGGCAATTCGCCGTCAGGCGCGGCTATTCGTCGTTCCGCA  
 GCATGGATGCCGTGGTCAGCGCGCTGATCGCACACCATGAGGGGCGGCCGGGTCTCAGCGAGCGGACGCTGTGGAGCAAG  
 CTCGCGCAGGCGCGGCCACCTGGAGGCGTTCGCGCTGA

>BL30, 219 Basen

ATGTCTTCGAGACCACCGCGCCGGCAGTGCCGGCCGAGCACCGCATCCTGCGTCGCGCCGAAGTCGAGGCCAAAACCG  
 CTTCAAGCGCGCGCACATCTACAGCCTGATGAAAGAAGGCAAGTTCCCCAAGGCGCTGCGCTTGGGCGTGCAGCGCCGTTG  
 GCTGGGACTCGGCGGAGGTCGAGCAATGGATCGCCGATCGCCTCGATGAGCGCGCCTGA

>BL31, 867 Basen

ATGCAGGTGGTGTCCATCATTTTCGACCAAGGGCGGCGTCCGGCAAGACCACGACGGCGGCCAACCTGGGCGGCTTCGCAGC  
 CGACACCGGGCTGCGCGTGTGCTGCTGGACCTGGACGTGCAGCCCCACGCTGTGCGAGCTACTTCACGCTGGCCGAGCGCG  
 CGCCGGCCGGCATCTACGAGATGCTGGCCTACAACGAGCAGCGCGCCGAGCAACTGGTGTGCGCGACCCGCGATCGAGCGG  
 CTTGACCTGGTGTCTCTGAACGACGACCCGCGGCGAGCTGAACACGCTGCTGCTGCACGCGCCGATGGCAGATTGCGGGT  
 GCGCCACCTGCTGCCACGCTGGCGCCGCACTACGACCTGCTGCTGATCGACACCCAGGGCGCGCGCAGCGTGTGCTGG  
 AGATGGCGGTGCTGGCCTCGAACTTGGCGCTTTTCGCCGGTGCAGCCGAAATCCTCGCGGCGCGGAGCTGCGGCGCGGC  
 ACGCTGCAACTCATCGAGGACATCGCGCCGTACCGCCACCTCGGCATCGAGCCGCGCCGCTGCACCTGCTCATCAACCG  
 CGTGCATCCGGTGTGTCGAATGCGCGGCTGATCCAGCAGGCGCTGCGTCAGGTATTCAGGAGCAGCCTGGCGTGCAGC  
 TGCTGGACACCGACGTGCCGGCGATTGAAGCCTATCCGCGCGCCGCGACGCGCGGACTGCCGCTGCATCGGGTGAATA  
 CGCCAGCCGGCGGGCCGACGGCACCTGCCGATTGGAGACCATGCGCGCGCTGGCCGGCGAGCTGTTCCCGCGTGGCA  
 GGAGCGCTTTGCGCTCGTACCGGCCGAGGCGACGCGGGAGGGGCCGGCCATGGCCAGCGCACATAA

>BL32, 237 Basen

ATGGCCAGCGCACATAACCTGGCCCCGCGGCCACAAGCGGCTGCGAGGGCTGATCGAGTTCGCCCTGGGAGAAGGTTGGAA  
 GGTGGTGCACCCCGCGGGCACCTGCTGTTTACGAAGCAAGGCTGCGCGCCGATCTACACCAGCTCGACGGCGAGCG  
 ACCACCGCGCCGAGCGCAACGCCCGTGCAGCTTCGCCGCGCCGACCGACAGGCGCAGGAGAATGGCCGTGGCTGA

>BL33, 1650 Basen

ATGGCCGTGGCTGAGCTGACGCCGAGGACATGGCTGCCAAGCTGCTGGCCACCGGCTTCGAGCGCAGCGGCCCTTCGGC  
 CGCGACCTTGAGCGACCCCATCGCCGACACGCCGATGGTGGTGCAGCTGGACCAGTTGCGGCCCTACGACCAGACCCAC  
 GCGTGACGCGCAACCCGGCCTATGCGGAGATCAAGGCGTCCATCCGCGAACGTGGGCTGGACGCGCCCCCGCGATCACG  
 CGCAGGCCGGGCGAGGCGCACTACATTATTCGCAACGGCGGCAACACGCGGCTGGCGATCCTGCGCGAGTTGTGGAGCGA  
 GACCAAGGAGGAACGCTTCTTCCGATTGCGTGCCTGTTCCGCCCGTGGCCGGCGCGGGCGAAATCGTGGCGCTGACCG  
 GGCATCTGGCCGAGAACGAGCTGCGCGGGCGCCTGACCTTCATCGAGCGGGCCTTGGGCATCGAGAAGGCGCGGAGTTC  
 TACGAGCAGGAAAGCGGCCAGGCGCTGTGCGAAAGCGAACTCGCGCGGCGACTGACGGCCGACGGCTATCCGGTGCAGCA  
 GTCACACATCAGCCGCATGAACGATGCGGTGCGCTATCTGCTGCCGGCGATCCCGACGCTGTTGTACGGCGGATTGGGCC  
 GGCATCAGGTGGACCGGCTCGCAGTGTGCGCAAGGCGTGCAGCGCACCTGGGAGCGGCGTGCCTGGGCCGGCCGCTG

ACCGTGGACTTCGCTTCGCTGTTTTAGGATGTGCTGTGCGAGTTCGACACGCAGCCGGAGGGCTTCTCGCCCCAGCGCGT  
 GCAGGACGAACTGGTGGGTGAGATGGCCGAGCTGCTGGAAGCGGACTACGACACGCTGGCATTGGAGGTCGATGACAGCG  
 AAAGCCGTGAGCGAGTATTGACCAGCGAGCCGGCCGCGCCGAACCCGGCAACGCCTGTGCGACCTGCGGGCGCCAGCCATC  
 ACGCCGCAACTGTGCGCCGCGGGCGCAACGCCACGGGACACCTCGCCCCGTGCGGCCACCGGCAGAGACACCCCTCGGCACC  
 ACCTGCCGCTGCACAAACGCCCGGGACGGGACGGGACGCGACGAGCGCCTGCAGGGGCACATCGTGACCCGGCCCCAACCA  
 CCGAGCGCCTGCAGTCCATCCAGCGGATGGTTCGCGGATCAGCTCGGCGACAAGCTACCCGACTTCGAGGCAGATGCGCTG  
 CGTGCGATCCCGGTGCAGGTTGGCGGGCTCTTTCCCATCTCGGATGTCTGGTACATCGAGCCGGGCTGGACGTGCCGGA  
 TCGCCTGCGCGTGCATATCTCGCAGTTCGCTCGCGAGATCGCGGGGAAGCGGCGGTGGGCGACCACATCGAAGCCAGCG  
 ATGGCGGCATCGGCTTCGCTGCGTGACCGCGGCTGGGCGAGGCGAAGGCGCTCCCGGCGTTCGCGCGTGCATGCTG  
 ACCCTGCTGCACGCGTGAGCACCGCGCCGCCACCCGCGACCCGGCTGGACAGCGCGCGGCTGGCCGATGACCTTGGGCC  
 GCTGCTGCATGGTACGGCGGCTTGGTACGCGCCTGAGCGATGCCGGGCTGGTAAAGCTGTTCCGTCTGCTGCGCCTGG  
 CGCGTCGGCTGCTGGATCTGGAAGCCGGCGTAGCGAGCCAGGATTCTCTGA

>BL34, 561 Basen

ATGTCGGCACCGCACCCGCTCAACCAGGCCGTGATCGCCCAGGCCCTGCATGACCTGCGCAACGGCCAGTTGCGCCGCTG  
 CAAGGCCATGGGCTTCGGTGAGGAGGAGCTGGATGCGCTGAAGCACCCAGAACTCGTGAGCATGCTGGTGAATGCCACGG  
 TGTGCTGGTGTTCGGTGTGCGGTGAACCGGGAAGTGTGAAGCGGCTGCTGAGCCAGGTGCACGACGTGGAGCGGGAGATC  
 GCCACGGTGGACCGCATGCTGCGCCTGGGGGCGAGCACGGAGATGGTCAAGTTCACGGCTCACGCATCAGGAAGT  
 GCGCTGCGCCGCGACATCCTCGGGCTGCCAAGCGTAAGGGTCGGCATCCGGTGTGCGACGAGGCGCAGGACGTGGCCC  
 TGTGGAAACGCTGGAAGGCCGGCATCACGGAGCGGCACATCGCACTGAACGACGACATGGCGATGCTGGCGCTGACCATG  
 GACCTGGCCGAGGCCATGACCCTGCCCATGTGCGGTGATCTGGTTCGGCGATACGGAACCTGGGTGACACAGGGGCTGGTGA  
 G

>BL35, 1194 Basen

ATGACGACGGGCGACGCTCCACGGCGTGATGGCCCGTTGCGCTGTGCGGCTTGTTCGACGAGGCGCTGCGGCACCTTGA  
 GCCGAAGGAACCGGCGCAGGGCACGGCGCCGAGCCAGGACGGCTTTCTCTACAGCGGCAACCGGCACGAGAGCGTGCCGC  
 GCGGCTTGTTCCTTCGACCGGCGCCTGACGCGGCTGGAGCGCAATGCCTGGCAGGTGTTCCGCTGCAGCTCAACGACGAC  
 GCGGTGACCGCCTTTCCACCTACGACCAGCTCCGCCATATCTGGCGTCCATGCCCTGTGCGGCGCAAGCCTCGCACGA  
 GACCGTGGCGCGCCTTTCGACGCTGCTGCGGCTGACGCGCTGGCTCAGCCTGGTTCGGCGGCGGCGCGATCCCAAGACCG  
 GCCGTATCCAAGGCAACCTCTACGTGCTGCACGACGAACCGCTGTACCCCTTCGAGGCGATGCAGCTCGACCCGGACTAC  
 CTGGGCTTGGTGAGCCAGGCGCTCACGCACGCGGCGAAGGCGGTGCAGGTGCTGGGCATGAACACGCTGCGGGAGATCGC  
 CGAAGACCCGCTGCTCAGCGGGCGCACGCTGCCGACCCGCTGTCAAGTGTGGCGCAGCGCATGGCGCGGCATGGCTGGA  
 CGACGCCAGGTTATCCACAGGAGGGTTCGGGACACGAATCCGAAGAAGGCCAGGAAGCCCTTCTTCGGAATGCTGCGCGC  
 CCGTCTTCGGAATCCGAAGCAGGACCGAAACCCGCGCCGACGGCTCTCTTTGGATTCCGAAGGAGGACCGTACAGTACG  
 TAATGATCGTATAAATGAAGTACGTACAGTACCGCGCGGAGGGCCTTGCAGAACCTGCGGCTGCCGAGCGTTTCCTGC  
 GCTTGAAGGACGAGCAGCAGCGGCGCGCTGGTGGCGCTGCAGCAGGTGGACGAGGCGCAGAGGCGAGGCCGTTCTCGAC  
 GAGTGGGCGGCGACGCTGCCACAACAGCGCGGTACGCAACCCGCGCCGCTACCTGTTTGGCATCATCCAGAAGGCGATCCG  
 CGGGGAGTTCAAGGCTGGGCCGAGAAAGTGCATCGACGCCAGCGCCCCCGTACCTGCGCCCTCGTACCCGCGCAG  
 CATCCCGTTCGGCTGATCCCGAGGTGGCACGTGCCTACCTGGCTCAGCTCCGAGAAGCCTTTCGCTGATCGCTGA

>BL36, 861 Basen

ATGGATATGACGACTTTCCCGTCCAAACGCCTGCAACCACTACAGCCAGACGTTTCAGCGCTTGTGGGCAGATGCCT  
 GTTGGCGCTTCAACAATACGAGCGCCTCATGAAAGCCATCGTGGCCACCACGAGATTTTCAGGCCCGGCGCATTCGCTGG  
 AGGCCATTCGCGCAGCGCGGATTGAAGATGCCGCGACCAAGACCCCTGGGCACGTTGATCGGACAACTGTTGGTTCGTAT  
 GTCGTACCCGATGGAAATGGCGGCGAGGAACGCGACGACGATCTTCCCGGCGACGTGATCTCCTTTTCGACGCGCGTGCA  
 ACTGAGCCTGTCTGCGCAGGACTACGCCAAGACCCAGGCCGACCTCAAAGACCTGGTATCGCTGCGCAACACACTGGTGC  
 ACCACTTCATCGACCAGCAGCATCTATGGACCGTGGACGGGTGCCGCGCTGCACAGGACGAACTCGGTTCCGCCTACACG  
 CGCATCGATCAGCACTTCGAGCAGTTGCGCGGCTGGGCCGAGCACATGGATCAGGCGCGGCGCTGGCAGCGGAATTCGT  
 CCACTCGGATGTGTTCCACGACCTGGTGGTCAATGGCATCGCGCCGACGCGCAGGTTGGACTGGCCGCGCCGCGCATCG  
 TTCGTGCGCTACCGGAGGCCCGCGCAGTTGGCCGCTCGAGGCTGGACACCGATCGCCGCGCTGGATCGCG  
 GACCGGCATCCCGAGCAGCTTCCAGCCAATTACGGCTGCAGCAGTTGGCGGCGAGGTGGTGCACGAGTGCCGCATGTTTCGA  
 GCTTCGCTACCGTGAGGTGGAGGGCAACGGGCCGCTGGTACAGACCTCGCGAGGCATAG

>BL37, 789 Basen

ATGGCAACGAACGCACAGAACCCCTGCAACTGAATCTCGGATCGCTGCGCAGCGCGATGTGCTGACGCTGCACACGCA  
 CCACGCTTCGCGCATCTGGCACGGCCGTGCGCCGACCGAGGGGCGCCCCGGCATCATCGGTCTCAACGGCTTCATCGGCG  
 CCATGAACAAGATGAAGCGCGGCGCCGAGCAGGACGACCCGTAATCGGACTCGTGGATGTTGCGGATCGAGGACAAGCTC  
 GCCGACACCAAGACCCGCTGTGACGACCCCTGCGCGAACAGGTGGATCAGGCCTTGGCCGACGTGCCAGCGGCGCTGTCCCT  
 GGGCGAGAACATGAACGTGCAGCCGGTGAAGCTGCCGCTGTTTCGTGAACGCCAGCTCGGTTTCATGGCGGTGTATCTGC

TGGCCGACTACGACGACCTGGCAGCAAGCTCATCCTGGCGCACACACGGCGCTGATCGACCGCAGCACCTTGGAGCGC  
 TGGCTCAATGATGGTGCACGCGCTGCGCAGCCTGTTCTCGCTGGCCCAGCAGTACCCTACTCGGGCAGCAGCGCGCA  
 CGACTTCGCGGGCAAGAACGCGGGCGGCGAGCGGGCTGGAGAAGTTCGGCGAGTTGCCGACGACGCTGCTGGAAGGCA  
 CGCGCCGCTCGCGCTTCGCGCCACCCATCGCGCGGGTGAACAAGCCCCGGCACGCCGCTGCTGCGCCTGCCATCGTG  
 CCCGATGCGCAGGCTCCCACGGGTGGCGCAGCCGATGGTGCCGCGGGCGATGAGGGTGCTGGCGCATGA

>BL38, 549 Basen

ATGACAGCATCGCCCCCTATCAGCCACTCCACGCGCTTCGTGGCGCTGGAACAGGCGGACTTCCAGCGGCTGGAACACGC  
 AGGCTACCTAAAAGGCCTTTTACAGCCTTTTAAGGGTAAGGGGAGTCTGGAGACCTGGGCCAGCCAGTGCAGCGCTGC  
 GCGACGACGTGATTGGCCTGGCGCAGCGGCGCTGCTGCCCCAGGCGCGCCTATCCATTAGTCTGCTCGACGTGCAA  
 CTGGCCCAGCAGGCCACTGGCGCAGGGACGACCTTCCTGCGCTGGCGCAACCTCGACCGTTCTCCATGGGCGTGGCGTT  
 GTGGGAGGCCCTGCTGGCCAACCCCGCAGCCGGCCTCGCTGATCGACGATCTGTACGCGATCGAACTGCAGCGCATCG  
 TGCTGAACATGCAGATCAGCCTGACCCACAGCATCGCCCGCAAGCCCTGGAATGCGCCAACAAGGCCGCGCAGGCCGAA  
 GCGGCTTACCTGCGGCGCTCCACGGGCATACCGCATCCGTTCCACCCACCACCAAGGAGTCTCCATGA

>BL39, 384 Basen

ATGAGCACGCACTTCGTGGCGAGGGCAACATCGGTTCTGCGCCGGACTACCGGAATTTCCGAACGGCAACGACGAGCC  
 ACGCCGGCTGCTTCGCTGAACGTCTACTTCGACAACCCGATCCCGAAGAAGGACGGCGAGTACGAAGATCGCGGCGGCT  
 TCTGGGCGCCCGTGGAGCTGTGGCACCAGCGACCGGAGCACTGGAAGACGCTATACCAGAAAGCATGCGGGTGCTGGTC  
 GAGGGCCGACCGTGCAGCAGCAATGGGAGGACCGCGACGAGAACGAGCGCGTGACGTTCAAGGTCGAGGCGCGGCGCT  
 GGGCATCCTGCCGTACCGCATCGATTCCGGTGGCGCTCAGCACCAAGCCGGCCGGCGGACAGTAA

>BL40, 2016 Basen

ATGCGCCTTTTCTGTGCGAGAAGCCGTCCCAGGGCAAGGACATCGCCCGTGTGCTGGGTGCCGGTCAACGCGGCAACGG  
 CTGCTACAGCGGCGCGGGTGTGCTGCTGACCTGGTGCATCGGTCATCTGGTAGAGGCGGTTCCGCCGAAGGCTACGGCG  
 AGCAATACAAGCGCTGGGCCATCGAGCAACTGCCATTCTTCTGAGCGTTGGCGTGTGAGCCCAAGGCGGCGACCGCA  
 GCGCAATTCAGGTCGTGCGAGCAGCTCGTCGCAAGGCGGGCGAGCTGGTGATAGCGACCGGACCGCCAGCGGAGGGCGA  
 GATGATCGCCCGGAGATCATCGACCTGTGCGGCTACCGCGGGCCGATTAGCGCCTGTGGCTGTGCGGCTCAACGATG  
 CGTCGATCCGAAAGCGCTGGGTGCGCTCAAGCCGTCCGCGAGACGCTGCCGCTGTATTTCTCCGCACTCGCCGATCG  
 CGCGCCGACTGGCTGATCGGCATGAACCTGAGCCGGCTGTTTACGCTTCTAGGTCCGACGGCCGGCTACACCGCGTGTCT  
 GTCGGTGGGCGCGTGCAGACGCCGACGCTGAAGTTGGTTCGTGGATCGTGATCGCGAGATCGCGGATTCGTCTCCATGC  
 CGTATTGGGCCGTGGATGTGCTATCCCATGCCGCGGCTCCTTACCAGGAGCTGGATACCGCCCGAAGGCGAGCAGC  
 GATCGAGCGGGTTCGCTGCCTTACGAGCCGGTGGCGCAGCAGCTGCCGATCGCATTCGCGCGGCGAGTGCAGCAGGT  
 CGTGTCCGTGGACACCGAGCGCGTGCAGGAGGACCGCCGCTGCCATTTCGATCTGGGCACCTTGCAGGAAGTGTGTTCCG  
 GTCAGCTCGGCTCGATGTGCGAGGAGCAGCTGGACATCGCGCAGGCGCTGTACGAGACGCACAAGGCGACGACCTATCCG  
 CGCAGGACTCGGGATATCTGCCGAAAGCATGCTCGCGGAAGTGGCGGCGGTGCTCGATGCACTGCTCGCCACCGATCC  
 CAGCCTGCGGCCCTTGATCGGCCAGCTCGACCGCAACCAGCGTTTCGCGCGCTGGAACGACGGCAAGGTGTGCGGCTCACC  
 ACGGCATCATCCCGACGCTGGAGCCCGCCAACCTGTGCGCCATGAACGAGAAGGAACTGGCCGTCTACCGGTGATCCGC  
 GCTCATTACCTCGCGCAGTTCTCCCGCACCATGAGTTCGACCGGACGGTAGCGCAGTTCTCGTGCGGACGTCAGTCGCT  
 GCGGCGCTGGGCAAGCAGATCGCCGTCACCGGCTGGCGCGAGGTGCTGGCGACGCCGGGCGGACGATGCCGACGGCG  
 AGGATGCGCAGCGCAGCCAGGTGCTGCCGGCGCTGCATGCGGGCCTGTCTGCCCCGTCGGCAAGGTGGATCTCAAGGCG  
 CTGAAGACGCTGCCGCCAAGCCCTACACGCAGGGCGAGCTGATCAAGCCATGAAGACTGTGCGCAAGTTCTGTGACCGA  
 CCCGCGGCTGAAACAGAAGCTGCGAGATAACCACCGGCATCGGCACCGAGGCGACACGCGCCAACATCATCAACGGTCTGA  
 TCGGTGCGGGCTACCTGGTCAAGAAAGGCCGCGCCGTCCGCGCTTCCGACGCGGCATTCACGCTCATCGACGCGGTGCC  
 TTGGCCATCGCCGACCCCGGCACCACGGCGGTGTGGGAGCAGGCGCTGGACATGATCGAGGCCGGCCAGATGGCGCTGGA  
 CACCTTCATCGAGAAGCAGTCCGTGTGGGTGCGCCAGCTCGTGCAGCAGTACCGCGGCGCAACGCTCTCGCTCAAGCTGC  
 CGCCGGCGCGGCTGCCCGCAGTGCAGGCGCACCGATGCAGCAGCGCACGGGCAAGAGCGGCGGCTTCTGGTCTGTTCG  
 CGCTACCCGGACTGCAAGGGCACGTTGCCGATCGAGTCCCCGACGGGCCGGCGCAGCGCACCGCGCAAGCGGCGCGCTGC  
 CTCGAAGGCGTCTGA

>BL41, 393 Basen

ATGAATCTGTCTTTACCCGAAGACGTGCTCGATCAGATGGCGCTGGAACAGGCGCACTTCGACGCTGCACCGCAGGCCTT  
 CTTGAGGCGCTGGAAGCGCGGCGCGCAGATCGCCGGCCACGAGTGGTTCGGCGACGGCACACGGAAGGTCTGCAGCGTG  
 CCACCACCAAGTGGGACCTGCGGCCCAACATGCTGATGCTCAACGACGCCCTGGGCGTGTGAGCAGCGGTCAACGCATG  
 TTCCTGTCCGCGATGGTGAGCTTCTACAACCTCCCGCAGGGCGGCGCGATGCTCAAGCGTTGCGGCTTCGAGGGGCTGTC  
 CGACTTCGGCGGCTCGATCTGGAACGGCGCCAGGTTCATCGCTGACCTCACGCTGCACTACAACGGCTGGTGA

>BL42, 717 Basen

ATGTCCCATTTCCAACAATCCCTTCGCCCGCGGCTACGATGGCCTGTCCGTGCAGCGGCTGCTGGCGATTTCTTACGACGA  
 CGACTGCCCCGCTGAGCTACCTGCCGCTGCACGTCTCGCAGTCGCACCTGCCGGACAGCCAGGTCGAGCGCCATGCCTGCC  
 TCTTCTGCGACGACTTCGCGCTGATCACCGAGGGCCAGAACGTGCCGCCGAGCTGGACGCGCAGTCCCCAGCCACGGT  
 ATCGCCCGAAACCTCGTCTACGCCGTCATGGCCGAAGAAGCCGGCCAGCCGCTGCACGTGGCGGATACCTACTCCGAGGA  
 AGCCGCGCGCGAGGTGGTACGCCGCTGCGCTTCGAGACCGGGTTCACAGCCGTGCCTGGGAAATCAGTTCGGCGCACA  
 TCACCGAGGAGGCCGGTTCGCTTCCTCGCCGAACCTGGCGGACATCGCCACGCCGAGCGGTTTTCTGTTCGTGGCCTTCCGC  
 ATTCCTACAGCCCGCGGTCGGCGTGAAGCTGATCGCCACGCCCTGGACGGATGCGAACCTGCAGCATGTCGAGGGCAT  
 CACCGCCGAAGAGCTGCGGCAGGAGCACCGGGCCAAGGGCGTGCCGGAGTCCCTCGTGAAGTGTTCACCTGGCTGCGC  
 TCGCCGACGTTTCGCATGTTGGTGTTCGATGCCGACGCGCCAGTGTGGACGGGCTGACGCTCTACGACGACGAGTAA

>BL43, 798 Basen

ATGGATACCCAAGCCATCCGCGCACAGATGCCGACGCTCGTTGTCCGGTCATGTGCCTTCCAACGTCGGTTCGTTCAAATT  
 CAACATCTTCGACGGCCAGCCCAAGGTTTCGACGCTGGGCTTTCACATCGACCCGAAGCCTTCGAGGGCAAGGTCATCG  
 CCACCACCGACGAGGCCATCGTTCGTCGAAGACGGGACGAGCCGAGTTCGCGGTGCTCGATCGCACGCTCGTGACCGAAGTG  
 CCCGACGAGGGCGCCAAGGTGCAGGTGCAACCCTATGTTCAGACGCCGCTTCGACGGTCAGCGGGCGGACACGCCCGAGGA  
 GCAGACCGAGTTCACCGCCGACGGCCAGCCCTACACGGTGAAGCGGTTTCGTGCTCGGGTCCGCACCGGGCGAAGCTGCCGA  
 TCCCCGAGCCGCGCTGCCCTTGTGTCAGGAACCTGGTTCGACCAACTGGAGCAGTTGCCCGCTCCCGACGGTTCGGGCGC  
 GTCACCCACATGCTGGTGGATGCCGGCGCGGGACATCACCTGGGTGATCCGCTGCCCGCCGACATCATCCGCACGCC  
 GCCGGCCATCGGCTTACCGTGCACACGAAGTTCAGGGTTCGCGTACCGTGTGTATGAGCGTGGCCTCGACCTCT  
 ACGCGGTGGAGCTGCACCGCGACGGCGAGCTGGTTCGAACGGGTGATGAGGTGTCTTCGACACCTCGGCGAGACGCTG  
 GAACGGCTGATCGACGACGGGAGTTGGCGGCGCATCCGCGTGCAGTGCCTGTCTGTCTGTAAGGCTATCCGGCACTGA

>BL44, 366 Basen

ATGACTGTTTCGATTCAAAGGCACGGAGCTGCGGCCCGTGTTCGCCGAAGCGGTGGCGAATCAATGCCGCGTCATCCTGGT  
 CAAGGATCAGGGCGTGTACTTCTGGCCGAGTGCGGCGAGCGCCGACCCGATGGTTCGCCAGAAGACCATCGCCTATGCCG  
 CTGGCTGCAACCCGGATGTCGATGCCTTCGATGACTGGTGGGAGCTGGCGCGCGCCGAGTTCGGTGGCGACGACTTCGGC  
 GAGTTCCTTCGATCCGCAGGAGGGCGTGTTCGCGCATCCTGCGCAGCGAGGACGACCTCGACGTGTCGCCCTCCGCGAC  
 ACACCTATCGCTGCAGGCGGTTCTCCACGCCAGCGGTAAGTGA

>BL45, 552 Basen

ATGACCACTTCCACCGACAAGTCTACTTTCGATCTGCACATCACCGCCCTCGGGTATCTCAATCGCATCCGCGAAGTGAA  
 CCCCAGAAGAGCGATGCGTTTCTGGCCGAGTGCGGCGAGCGCCGACCCGATGGTTCGCCAGAAGACCATCGCCTATGCCG  
 TCGACACGCGCGTATCGGGATCGGAAGCGCAGCACCTGGTGCGCCGCTGCATTCAGGCGGTCGACGCCGAGAAGAAGGTG  
 ATGATCGGCTTCCGCTGGGCGACCTGTGGACCGACACCTTCACCTACTCCAAGGGCAAGCGTGCCGGCGAGCAGGGGGT  
 GAGCCTCAAGGCCCGCCTGCTGTTTCGTCAGTTGGATCAAGGTTCGACGGCAAGCTCGTCTACAAGGCCGAACCCAAAGCCGA  
 CCGAGACCGACGAGCGGGACCCGGAAGTCCCTGTGACGTCCGACCGCGCCCGCGCAGCAAGCCTCGGCACCGGAGCCT  
 TCCAAGCCCCTCGCCGATGCTGCCGACGACGCTGCCGATGCCCCCGCATTTGGCCGTTGCCGAGTCGTTCTGA

>BL46, 612 Basen

ATGATCACCATCCCCGGCCAACCTGGCCATCAAGACCATCCACGGCAGGAACGGCGACTTCAACGTCGGCCGCTGGCGAC  
 CTCGATCGGCGAGTTTCGTCGTGAAGAACGCCGAGCTCGATCAGTACCGCGAGGGCAAGTACGACGGTGATTTTCGTCATCG  
 TCGAGATTCGCCCCCTCCACGTACAACGCCAACGGCCGATGGTCATCGAGATCCGCGCCCATCTGGGCGGGATGACGCTG  
 TCCAACATCGACGCCCTAAGCCGCGACGAAGCCCGCCGCTGAGTCCGCGAGGAAGTTCGATCCGATCGACGAGGAAGCGCA  
 GCGCCCCGTGCCGGCAACGCCCCCGGCCAAGCCGAAGGCGAAGCCGCGCAGTCCGCGGATCCCTGGTTCGATACCACGC  
 CGTTTCGGCAGCAACCGGCTCCCGTGTCCGCTGCGGCCCTCGGCCGAGGCAGACGACGCGGCGCTGTTTCGGTGCCTTGTGG  
 CCCCTGGGCGAGACCGTGAAGCTCGATGCGACCGTGGATCGTTCGTGCTGCGTCAGCAGCGAGACCGTCTCGACAAGCT  
 GGGCTACGAGTTCGCTCCGTTGTCCAGGACTGGCACCTCAAAGCTGCCTGA

>BL47, 366 Basen

ATGGGCTGGACCTTCGTTTCGTCAGACGCGCGATCAGATGATCCGCGAGCTGCTCGCTCCGCAGGCGTCCGAACGCGCTTG  
 CTGCGAAGTCATCGACCACACGCTGGACGGCGACGTTCTGTGGACCGTGGTTCGCGTCACCGCCAGGCAGGCGGGCGTCA  
 TGGGCTCGCGGCCGGTGGTTCATCTGCTACATCGGCTGCCATCTGCTGGAAAGCGCGGGCCTCGAGTGGGGTACAAG  
 TCCCTCGATGAGTCCGTGCATCCGTAATACTACTCGTGCCCGCTGCGCTATCTCGACATGGCGCCGGTGCAAAGCCCCGA  
 GTGGCGGAGCGGGTTACCGCTTCCACGCGGGCCGCGCTGTCTAG

>BL48, 594 Basen

ATGGCCGACGTTGCGTCGGTGACGAGCAGGACAATCTCGTCTTTCGTGTCGATCTGGGCGCGGACACCGCCGTTTCAGGA  
 GTTCCTCGCCCGCTGACCCTCAGCCGGGATGAACAGGGACTGGATCAGTTCCACGTCATCACCGAGCAGGGCGCATCCA



TCCCGGTCTTCGTCGGCAACGTCGAGAACCTAGAAAAGCGCATCACCCGCGCCTATCGGGCAACGCTGTTTCGGTTCGCTG  
 ACGAATGTGTGGCTGTTTCGATCGTCGCTGCGTGAAGCCAGACAAGGCCAACGCCAGCGCGCTGGCGCTTCTGCCAGGGA  
 TTCCGCTCACCGGCTCGACCGGCTGTGGACGCTGGTGCAGGACACCTGCCCGCTGCCACTGCTCGACCACTGGCGCGACA  
 CCGTGCTGGAGCTGTTGCAGACACGGCGGATGCTGACCGGTCTCCCCTTGGCCCTCGGGCCGCTGGAAGGGCATCGGCTG  
 GCCCTCGATGTCCCGGCGCTGACGAAGGCGTTGGGCGAGCTGATCCGCAACGGCACCCCTCGGGGCCACGCAGTACGAACT  
 GGCCGCAACGCACCGCTTCGGCGTGTGGCGTGA

>BL49, 1110 Basen

ATGGCACTCATGTTTCCGCGCCTGGCGCGCAATTTTCATCCGTAACGGCTACTTCCCCACCAGCAGCCGACGCTGGAGCG  
 GGCCTTGTCCGCACTGGCGCCGTCTCCCGGCTCCATGTCCATCCTCGATCCCTGCGCCGGCGAAGGCGTGGCGATTGCCG  
 AAGCGGCCACGCCCTCGGGCGGAGCAGGTCCAGGCCTTCGCCGTGAGTACGACGCCGAGCGGGCCGCCACGCACGG  
 CAACTGGTCGATCGCTGCATCCACGGCGACTTGATGGACATGCTGATCTCGCGCCAGTCTTCGGGCTGTTGTGGCTGAA  
 CCCGCCGTATGGCGACCTGAGCAAGGACGTGAACGGCAACATCGGCTATCAGGGCCAAGGCGTGCAGCGCTGAAAAAGC  
 TGTTCTATCAGCGCGCGCTGCCGCTGCTGCAGTACGGCGCGTGTGCTGATCTTCGTGCTGCCGTCTACGTGCTCGACGCC  
 GAGCTGGTCGGATGGCTGACGCGCCACTTTGCCGACCTGCGCATCTACCGTGCGGTTCGAAACGCAGTTCAGCAGGTGGT  
 GATCTTCGGTTCGAGATTTCGTC AACCGCGACCCAGGCATCGGATTCGGTCAAGGCCACCCGCGGTCTGCTGCTGCAGATCG  
 GACAGGGCGACGCCGAAGCCGAGGAACCTGCCGCTCGAATGGCCGTTCTTCGCCGTACACCGTCCCTGCCAGCCGGCCGAG  
 CCTGAGCACTTCTATCGCGTGACGATGGAGCCCGAGCAGTTCGCCGATGAAGTCGGCCGGCTGCAAGGACTCTGGCCGGC  
 GCTCGATACCCACCTGGGGCGCGCGCAGCAATCGCTGCGTCCGCCCGCGCGGGCCTTGTGCGACTGGCATCTCGCCCTGG  
 CCTTGGCCGCGAGGCGCGATCTCCGGCGTGGTGACGTCCAAGAGCGGGCGCGTGTCTGCTCAAAGGTGATACCCACAAG  
 GAGAAGATGCTCCAGACGGAGTACACCGAGCGCGACGCGCTCCGTGGCCGAGACGCGCATCTCACCGACAAGTTCGT  
 GCCGGTCATTTCGTGCATGGGACTTGACGCTGGGCTCGCCACGTGGGGCGAAGTGTGACTATCCGCTGA

>BL50, 306 Basen

ATGGCACTCGCAGTCTCAACCTCGCGTCCCAAGCAGCTTTTCGCCCGGGCAGGTGGTCATGACCGCCGGCGTCGACGA  
 GCTGGTCCGACAAGGCCGGCTCAACCCACGCCGTACCTGCGCCGCATCTTCATGGCGAATGGGGCGACCTGAGCGACA  
 GCGATCGGCGGCAAGCAGCGCCGCGCTGAAGTCCGGCGAGGATCGTCTGTTCTGCTCCTACCAGGTCACGCGCGACCTG  
 AAGCTCTGGATCATCACCGAATGGGATCGCAGCGTCACGACGCTGCTGCTGCCAGCGAATACTGA

>BL51, 2286 Basen

ATGTCCATCGTTCTCGAAACCGTTCCCTCTACCGCTGATGACCGCCTGTGCAGGGCGACCTGCTCGAAGCGGCCGCTTC  
 ACCCTCACGCTCAGCCTGCAGGACTTCGTATCGGAGTTTCGGCGACGAACTGCTCGATTTCGCTCAACCGCGCAATCCTC  
 CCGTCTACACCGGCCAGGTGCGGGTGCATCGGCAACTGATCCTCGCCGCGCTCAAGCGCAAGTGTTCGCCGCGCAAGCC  
 GATGTGGTCCATGCCGTACCGAGCTGTTGGTTCGATCGTGGCGAACCGCCGCGATCGTCAATGGCGAGATGGGCTGCGG  
 CAAGACGACGGTGGGTATTGCCACCGCCCGCTACTCAATGCCGAAGGCTACCGCCGTACCTTGGTTCGTCTCCGCCGCG  
 ACCTGGTCTACAAGTGGCGGCGCGAAATCCAGGAGACGGTGGCCGGCGCAAGGTCTGGGTGCTCAATGGCCGGACACG  
 CTGGTCAAGCTGCTGAAACTGCGCGAGCAGTTGGGCGTCCGGCGCAGGGCCAGGAGTTCCTTCGTCTTGGCCGCGTGGC  
 GATGCGGATGGGGTTCCTACTGAAACCTGTCTTCGTTTCGCCGGCGCACGCCTCACGGCGACGTGGGGGCTGCCAGATT  
 GCGGGCATGTATCACCGACCTCGACGGCGAGCCGATCAACCCGGTTCGAACTCGAAGCCGAGGAGTCCCGCCGAAGTGC  
 AGCCACTGCCGTGCACCGCTGTGGTTCGTTGATCCGTCCGAGAGGCTGTCCGCCAGCGACCACTCTCGACCGTGTCAA  
 GGCCTGAAGCGTATTCACCAACATCGGGGAAGTACCGCGCAGAAGCTGATGCAAAAAGTTCGGTGACGCTTCCTCGCGT  
 CGATGCTCGGGGACAACATCCACGAGTTCATCAACCTGATGGATGGCAACGGCGAGCTGGTCTTCTCGGACCGCAAGCC  
 CATCGCATGGAACGTGCGATGGCCAACATGGAGTTCGGCTTCGGCGAGGGCGGCTACCAGCCGTCCGAGTTCATCAAGAG  
 GCAGCTTCCCCAAGGCACGTTTCGACCTGCTCATCGCCGACGAGGCGCATGAGTACAAGAACGGCGGTTCCGCACAGGGCC  
 AGGCCATGGGGTGTGTGTCGGCCAAGGCGCGCAAGACGCTGCTGCTCACCGGCACGCTGATGGGCGGCTACGGCGACGAC  
 CTGTTCCACCTGCTGTTCCGAGCCCTGCCGGGGCGGATGATCGAAGACGGCTACCGGCCGACGAAGAGCGGCAGCATGAC  
 GTCGGCCGCGATGGCGTTCATGCGCGATCACGGTGTCTTGAAGGACATCTATTCGAGAGCACTGGCACGGCGCACAAGA  
 CGGCCAAGGGCACCAAGGTATCGGTGCGCAGCTCAAGGCGCCGGGCTTCGGTCCGAAGGGCGTGTGCGTTGCGTCTCTG  
 CCGTTCACGGTCTTCCTCAAGTTGAAGGACATCGGTGGCAACGTGCTGCCGCCCTACGACGAGGAGTTCGCCGAAGTTCG  
 GATGGACACGGCGCAGGGCCGCGGCTACCGCGATCTGGCGGGTTCGGTACGCCAGGAGTGAAGCAGGCTTGGCGAAGC  
 GCGACACGACGCTGCTTGGTGTAGTCTCAACGTGCTGCTGGCCTGGCCGGACTGCTGCTTCGGTTCGGAAACCGTGGTG  
 CATCCGCGCACGCGCAACACCTTGGCGTTCGTTCCGGCTCAGTTC AACGAGCTGGAGGTGATGCCCCAAGGAACGCGAGCT  
 GATCGAGATCTGCAAGCAGGAGAAGGCAGAAGGGCGCAAGACCTGGTCTATTCGGTCTACACCGGCACGCGCGACACCA  
 CGTCCGCTTTGAAGGTGCTGCTGGAGCAGGAAGGCTTCAAGGTGGCGGTACTGCGCGGAGCGTGGATGCCCTCCCGCCG  
 GAAGACTGGATCGCCGAGCAGTTGGACCGCGGCATCGACGTGCTCATACCAATCCCGAGCTGGTGA AAAACCGGCTGGA  
 CTTGCTGGAGTTCCTGACCATCGTGTTCCTCCAGTCCGGCTACAACGTGATTCGTTGACGACGGCCGCCGGCGCTCAT  
 GCGCATCGGCCAGAAGCAGCCGGTGCAGTGTGATCTACCTCGGCTACGCCAACTCCTCGCAGATGACCTGCCCTGGGGTTG  
 ATGGCCCGAAGATCATGGTGTGCGAGAGCACGTGGGCGACGTGCCCGAGTCCGGACTCGATGTCTGAACCAGGACGG  
 CACTCGGTGGAGGTGGCACTGGCACGGCAGCTTGTACGGTCTGA

>BL52, 570 Basen

ATGCAACCATCCATCCGCGCTGTTACCCGCTGGCCCTCGCCGCTGGCTTGCTGGCCGGCAGCCTGTTTCGCCGTCGGCTG  
CGCCACGACCCGCCGCGCCGTCTGCGCCAGCGGTGCCGGCCGCATCGCCAACCCGCGTCGCGCCGGAGCCGGGTTTCGTTC  
CGGTGGCCCGCTACGGCCGCTACACCCTGGTTCGAGCTGGTGGCCGAACCTGCGCAGCGTGATCTCTTGCAACAGGCGGTG  
GAGGTCTCGATTCCGCCCATGCTCGATGCCAGCGTGGGCGATGCCATGCGCCATGTGCTCCTGCGCTCGGGCTACCGGCT  
CTGCGATGCGCCGAGGCCGCGCGCTCTACGCGCTGCTGCTGCCCGCCGACACCTGCGCCTGGGCCCCGCTGATGCTGC  
GCGATGCCTTGCTGACCCTTGCCGGCCCCGCTGGGAGCTGTGCGGTGATGACGTGACCCGCCAAGTCTGCTTCAGCCGG  
CACGGTGTCCCGCCTTCCTTTCCGCCAACCCGCCCGCCACCGCCACGTCCGTGCCGGACGCAGATCGGCCCGAGGAGAT  
GCAGCCATGA

>BL53, 648 Basen

ATGACCTTTCCCAAGCGCCATCCGAGCGCAATTCCCGCACGCGCTGGCTCAAGATCGCCGCGCCTTCTGGCTGCTGCT  
CATCAGTGCTGTAGCACTCATCAACAGCGTCGGCCTGTGCGGGCTCGCCGAACAGACCCAGAGCAGCGCACAGGATGCGC  
AGGTCAAGGCGCTGGGCTGCGCGTGGCCGATCTCGAACGACAGGCCGATGCGGACAAGCGCCGGCCGGCGCCGATCAGC  
CAGGCCGAATTCCCAACGGGCGGCAGGCGCTGGACGAACGGATGACGCGCCTCGAAGAGCCGACGAGGCGAGGGCCCT  
GGCCGTCGACCTGCAGACGCTGCAGGCGCGCTGAACGGAATCCAAACCCGCTGGAGAAGACCAGGCAGGTGGCATCCG  
CCGCTCGCCCGCACGCTCCGCTTGCGACGAAGCCCAAGGTGCCGGAGCCGCCGTTCCGGGTGCTCGGGCTGGAGCTGCGC  
GGAGGCGAGCGCTTTCTGTGATCACCTCCACCGCCGCGGACTCGCTCGCGGGCGCCCGGCTGCTGCGCGAGGGCGATGC  
CGAGGGCGGCTGGCAACTGCGGTCTATCGAGGCGCAGGCGGGCGTGTTCAGGTGAACGGCCAGACGCAGCGGTCGCGG  
TGCCGTAG

>BL54, 798 Basen

ATGACCCCCACGCTCACTTCGTTTCGCTGCCCCCGGGGGGCTTCAGCCTCCTTGAGGGCGGCTCGGGCGGAGGCTGACCAT  
GAACCTGCGGCGGTTGCTCGCTGCCGTCGCTCTGTTTCGCCGCTTTTCGGCGCATCCGCCAGCCGGCCCCGGTGACGAACT  
CGCGCATGGTGGCCGCCAGGTGCAGCCGGGCGCTGATGCCGCGCTCGACGAGAGGCAGTCGCGGGAGTGGGGGCTTCAC  
CCCGAGGAGTGGACCCGTTACCGGCGTTTGATGCAGGGGCGGCTCGGGGTCTATTGCCCCAGCTCGATCCGCTCACGGC  
GCTCGGCATCGAGGCCCCGAGCGAGGAGGAGCGCAGGCGCTACGCGGAGTTGCAGGTGCAGGCCGAGGCCGGCGCGTCCG  
GCAAGACGCTGGCCTACCAGCGGGCCTACGACGCGGCGTGGCGGCGCCTGTTTCCCGGCCAGCCGCGCTGAGCCTTCCC  
GGCGCAAGGCGCAGGGTGCCGGCAACACCGGCTCCGGGCGCCTGGCCGCTTTCGTCGAAGCCGACTGCGCACCGTGC  
GCAGCGCTGCAGCAGTTGCAGGCGGCGCCGACCGCCTTCGACCTCTACATGGTTCGGCAGCCGTCAGGACGACGCGCGCA  
TCCGGCAGTGGGCCACCCAGGCGGGCATCGACCCGGCCAGGGTGCAGCGCCCGCACCATCACGCTCAACCACGATGCGGGG  
CGCTGGCTGTGCTCGGCTGCCCGGCGATCTGCCGGCCGTTGGTGCAGGAGTGAACGGCCAATGGCAGCGGCAATAG

>BL55, 621 Basen

ATGGCAGCGGCAATAGGTAATCCGGGCGGGAGCGTCGGCCATCCCGCGTACCATCCGCTGCGCCAGCGCCGCGCTGCT  
GCTCGCCACCGGCGGCTGGACGTTGGCCGCCCTCGCGCGGGAAGTGCCCGCCGGCCATCAACTGGCGGCGCATCGTG  
CAGACGTGCCGGCGGGTGTGTACGCGGTGGCCTTGAGGAGAGCGGCGCCATGCTGCGCGGGCGCCTGATCCCCCTGG  
CCGTGGACGCTCAACGTCGCCGGCTCGCCACAGCGCTATGCCACCCGCGCGGAGGCTGCGCGGGGCTACGCCGGGCACT  
CGCCAGCACGCGGCAATCGCATCGACGCGGCTCGGCCAGGTCAATCTCGGCTACCACACGCATCGCTACACGCAGC  
CTTGCGAGCTGCTGGACCCGTACCAGCAACCTCGCCATCGCTGCGGAAATCCTGCGGAAACAGCACACCGCGGGCGAGGAC  
TGGCTGCTTGCCATCGGCCGCTACCACCGGCCCCGCGGCGGGGACCCCGCGGCGCTACCGGCGCAGTGTGCATCGGCA  
CCTGACCCGTTGCTCGACCCCGACGTTCCCGTTCCAACCCCTCCAGGCCACCACGCCATGA

>BL56, 534 Basen

ATGAACCACATCGTTCCTCATCGCCGCCATCGGGCTGCTGTCCACGACCACCGTCTTCGCCAGACCGCTCCGCGCCGCT  
GATCGTTCGTCGAAGACCACGGCGGCGCCTCCGCGCTGCCGTAATCCAGCCGATCAGGCCACAC  
CGCCGACCCCGATGCCGGCCCTCGCGTGGGCAACGCGGCCGACCCGAAGCCGCCATGCTGCCGGTGCCTCGACGCAA  
CTGTGCGCCGGGCGAGGTGCAGCGCCGCTCATCCGGGCGCCGGGCTGACGGCGCTGTTCTGATCGGCGACGACGAGCG  
TTCGCGCGCCTGGCTGCGGCAGCGGAGGTGGCGCTGCGCGAGCTGCAGGCCGTTGGGCTGGTGGTCAACGTGGAGTCGA  
TGGCCGCGCTGACGGCGCTGCGCAGGCTGGCTCCCGGCTGACCCTCTCGCCGGCTCCGGCGACGACCTGGGCCAGCGC  
CTGGGCTGCGCCACTACCCGGTGTCTCATCAGTCCACCGCATCGAGCAGTAG

>BL57, 2157 Basen

ATGGCCCAACCGCATGCGGTTCGAGGTTCTGCTGCGGCCAGCGGTGGAGCTTTACACCGTGGCGGTTTGCACCGGCGCCGC  
GATTCTGTGCCTGGTGGCACCGTGGTTCGCTCGCGCTGAACCCGCTGCTCGGCCTGGGCTCGGCGCTGGCTTTCTGACCT  
TCGGCGGATTCGCCTGCGCGATGCCTGGGCGATCCTGCGCTATCGCCGAACATCCGCCGCTGCCGCGCTACGTGATG  
ACCAGCCGCGACGTGCCGGTGTGATCAGCAACGGCTGTTTCGTCGGCCAGGGCTTTTCGCTGGGAACAGCGGCACACGCACCG  
GCTGATGCAGACCTATCGGCCGAGTTCCGCCGCTACGTGAGCCGACGGCGATCTACCGGGCCCGCCGGCGCTGGAGG

AGCGGCTTGAGTTCGCGCCGTTTCCCGTCTCGACGCTGGCGCGCGCTTGGCCTGGGACAGCCGCTCAACCCGGCGCGA  
 CCACTGCCGTCGGTCGGCGGACTGCCACGCCTGCATGGCATCGAGCCGCACGAGGTCGACGTCACCTGCCGCTGGGCGA  
 GCGCGTCGGCCACACCCTGGTGTGGGACACCACGCGCTGGGCAAGACGCGGCTGGCCGAGCTGTTTCATCACCCAGGACA  
 TCCGCCGCAAGGTCCGCGGCGAGCACGAGGTGGTGTATCGTCTTCGACCCCAAGGGCGATGCGGACCTGTTGAAGCGCATG  
 TACGTCGAGGCCAAGCGCGCCGGGCGGAAGGCGAGTTCACGTCTTCCATCTGGGCTGGCCGGACATCTCGGCGCGCTA  
 CAACGCCGTGGGCGGTTTCGGGCGGATCTCCGAGGTGGCCACGCGGATCGCCGGGACGCTCTCCGGCGAAGGCAACAGCG  
 CCGCGTTCGCGAATTCGCCTGGCGCTTCGTCAACATCATCGCGCGGCCCTGGTCGAGCTGGGGCAGCGCCGGACTAC  
 CTGCTGATCCAGCGCCACGTCAACATCGACGCGCTGTTTCATCGAGTACGCCAGCACTACTTCGCCAAGAACGAGCC  
 GAAGGCCTGGGAGGTTCATCGTCCAGCTCGAAGCGAAGCTGAACGAGAAGAACATCCCGCGCAACATGATCGGGCGCGAGA  
 AGCGCGTGGTGGCCCTCGAACAGTACCTGTCCCAAGTGCATCTATGACCCGGTGTGACGCGCTGCGCAGCGCCGCTG  
 CGCTACGACCGGACCTACTTCGACAAGATCGTCGCTTCGCTGCTGCCGCTGCTGGAGAAGCTCACCACCGGCAAGATCGC  
 GCAACTGCTCGCACCGAACTATTCCGACCTGTCCGACCCGCGCCGATCTTCGACTGGATGCAGGTTCATCCGCAAACGCG  
 CGGTGGTCTACGTGGGCTGGATGCGCTGTCCGACGCCAAGTTCGCGGCGCGGCTGGGCAACTCGATGTTACGCGATCTG  
 GTCTCGGTTCGCGGCCACATCTACAAGTTCGGCGTTCGACGACGGGCTGCCCGGCGCGGCGGGCGCCAAGATTCGGAT  
 CAACGTCCACGCCGACGAATTCAACGAACCTCATGGGCGACGAGTTCATTCCGATGGTCAACAAGGGCGCGGTGCCGGCG  
 TGCAGGTGACGGCCTACACGACAGCCTTTCGAGCAGATCGAGGCCCGCATCGGCAATCGTGCCAAGGCCGGCCAGGTGGTC  
 GGCAACTTCAACAACCTGTTTCATGCTGCGCGTTCGCGGAGACCGCCACCGCGAGCTGCTGACGCGACAACGCCCAAGGT  
 CGAGGTGTACGCCACGGCGCTGATGAGCGGCGCCACCGACAGCTCCGATCCGCACGCAATACCGCGTTCACGTCCAACA  
 CCCAGGACCGCATCAGCAGCAACAGCGTGCCTGTGATCGAGCCGGCGCATGTGGTGGCGCTGCCAAGGGGCGAGTGTTC  
 GCGCTGACCGAGGGCGCAACCTCTGGAAAGTCCGCATGCCGCTGCCTGCGCCCGACCCCGACGAAGCCATGCCGAAGGA  
 TCTGCAGGAGCTGGCCGGCTACATGCGACAGCACTACGTGAGGCGAGGAGACTGGTGGGAGAACCAAGGCATCCCCGGCC  
 TGCAGGACAAGGCGCTGCCCGACGACCTGCTGGACGACTTCAAGCAGATGGCCGCGGCTGAAGAGGGCCGAAGCATGA

>BL58, 750 Basen

ATGAGCGATCCGGCCGTCGCGGCCCAACGCCAGCAGCAACGACAGCAAGGCCCTGATCGCCGGCTGGTTCACGCTGCCGTT  
 CCGCTTCTTCGGCGTGTGTGCGGCGCGCTGCTGCTGTGCATCCTGATCGAATGCGTCGGCATGCACCTTCTTCTGGCCCCG  
 AGCAGGGCTGGCGCCACGCGCAGGGCATGCTGCACTACGAGCTGGATCAGCTTTCACGCATTTACCCCGCAGCGCGCTG  
 GTGCAGGAGCCGGGGCGCACCGCGCACCGGCTGGTCGAGCAGGGCTACGACTGGCTGTTTCGTGAAAAGCGGTCTGCTGGA  
 CTGGATACGCGACGCTTCGGCGCAGGCCAGCGCCGCGCAGCCATCGCCCGACCAAGGACTTCCGCTACTACCTGGGTCTGG  
 TCTCCGTGAACGTGAAGAGCTACCTGATCGCGGCGCCCTACACGACACTGGTCTTCTCGTGCAGGCTGCTGGTGTGTGC  
 CTGACCTTGGCGCTGTTTCTGATGGCCGCTTCGTCGGGCTGGTGGATGGCTGGTGCAGCGGACATCCGCCGCTTCGG  
 CGCGGGACGCGAGTCGGGGTTCATCTATCACCGCGCCAGGGCCAGCCTGATCCCGCTGGCCGTGCTGCCGTGGGTGACTT  
 ACCTGGCACTGCCGGTCAGCGTGAACCCGCTGCTGATCCTGCTGCCAGCGCCGCACTGCTCGGCGTGGCGGTGTGCATT  
 GCTGCGGCGACGTTTTAAGAAGTACCTGTGA

>BL59, 1764 Basen

TCAGTTTGAACATGTCTCCGCTGTACGTAGCAGCCACTCAATCTGCCGCCGCGCGGTGGAGATGACCTGACCAAAAATCC  
 GAGCCTCGACATGCGGTTACGATTGTCCGTAGGAAAAGTCGGAAGACCGACTGCCGCCGACGAGCAGAACCTGAATCGGA  
 GAACCGAGATACTTTGCCAGTTCGTGCCTGTAACCAATCGCTTGCACGTAATCATCGTGATTCAGCGCGTGGCTCGGCCG  
 CTTGAACTCGATCAACAGGTAAGTTCGCGCCGAGGTTCTCGTTGAGGAGCAGGTTCGGGGCGCCTGTTGGCCTTGTACCTG  
 TGTAGGTCTCTCCGAGGACATCTTCCACTTGGCGCCGAATGTACTGTTTCGAGCTGAATAGCGAGTATTCGGGACCGAAT  
 ACCCACAGGTTTCGCTCCAGGGCTTTGTGCACGACGGCTTCCGTCGTAGCGGCGTCACGAGCGAGCGCTCCAGTTGATC  
 AAGGAAGACCTGGCGAGCCGTCGCTTGTGTACAAGGAAGGCCATCTCTGCCAAGCCAAATTCATCAAGCGCTCGGCTA  
 CCCCAGCGACATCGCCCGGTGTTGCTTCTGCGATGTGCTCCAGGAGGATGCGGTAGTCGGAACGCTCCATCGCTTCCAAC  
 AGCACATTTACCACCGGCTCGACTTTGCTCTCCGGCTCGCCGTAATACTTGTGAGAATCTTCTTGATCGCGCGGTTCGGC  
 AAATACACGCTTGTGCTCTGGCAGAGCCGACAAGCGCGGAGGATCGCTCTCTGCAAGCGGGCTGCGCCAACCTGAATTT  
 CGCGCCGGTACTGCTGCTCATAGGCTTCTCGCAAGATGGGCTGGACGTAGCCCTCAACCTCTCTCAGAAGCTCGCTGTTT  
 TCGACCCGCCGATCCCAGCCCGCGTGTATGTGGTTCGCGCAGTCCATCTGCTTCGATCTCGCCGTAGAGCTTTCGCGAGCAG  
 CTTGGATGGAAAGTCATCTCGTTGATCAAGGCCGAAGAACCAGGCCGCCAAGGCTTGGCGTCCACACGCGAGAGTGA  
 TGCCTGGCTGACGCAACCCGGACTTGGCGTCGCTGATGGAGAAACGCGACTTTACCTTACCGGCACTTGGAAAGTCCCTCT  
 TCCTGCTCCGAGTAGCTACCGGATACATCATCGACGTCGAGCCGCTTGGCGTCGATCGTGATTCGAAAGTCATCCTGTG  
 CCCGTAAGTGCAAAAGGATCTGGCGCAGCCGATTTGGCATCCGGAAGCCAGGCCCTGATGCAGATCGCTCAGCGTGA  
 TTGTCTGTCCTGCAAGTTCGGGCCACAAGGATCGCTTTGACAGCCGATATTCAACTGTTCAACTGTTCAACTGTTCAACTGTTG  
 AGATCGTCCAGCCGAAGGTGATACAGCACAATCGACCCGCGCGACGGGTTTCAAGCGTCATCACCGCTGCGGCCATGAG  
 CCCGGCGAAGTTCGCGATACCTTGGCGCCCTTGACCAAGCGATTTTTCCCGCCGTCGCGCTCACCAGCCCGCGAACGCC  
 GATCAGATGCGATCGACAAATAGTCCGGCGCAGTTCCTTCTCGGTTCATGCCAGTGCCGTCATCCTGGATGACGAGAGGG  
 TCACCACTCAGAGGTTTCGGGAGGAGGATCGTTATCTGCTCCCGCTCGGCGTCCCATGCGTTGTCCACGAGTTCCTTCAG  
 CGCTCGCTCGGACGAGGAGTATTCCTGACTCAACAATGTGGCGAGGCGGGAATCCACCTGGAAGCGCAGATGAGCACGGC  
 TCAT

>BL60, 2736 Basen

TTACGCCTTGACCTCAAAGCGCAGGTAATCCGCGAGCCGTTTCGACTCGCTGACTTCGTCATGGGGCACCAGCAGGTA  
 TCCAGGGCTTGGTGCCTACGTTTCGCCGCGTGATCGGAAGCGTGCTTGCACCACCGCATGGCGGCAGCGGCCCTTGGCCTGA  
 ACCTCCTGGGTGTTGATGTGGGCACGTGCCTTGGTCTCCACCATGAAGATGGTTCGCGTCCGCTTCGGCCACGAAGTCGGG  
 GATGTATTCCGGCTGCTCGGTGCCGAGCTTGTAGTAGATCTGGAAGTGCCTTCGCGGGCTTGAGCCACTTCGTCGCGT  
 CGCGCTCCAGGATGATGGCGAAGCGCCGCTCGGTATCCGAGTCGAACTTCTGCAGCGGATACAGACAACCGCGGAAGCCA  
 CCGAAGAGCATCTGCTTGATGCGACTGGTCTCGGTACGGTCTCCCGAAGTGGTGGGCGCTTCGGCTGCCGTGGCGGT  
 GTAGTTGCACGGCTTGAGTTCCGGTGAAGCCGCGACTGACCTGCACCTCGTACTCGGTGCCTCCTCCAGAAGTGGGCCA  
 TCATCTGCGCGTGGATTTCCCGTGGCATCAAGCGGCGGTACGATCCAGCAGCTGATGGCTTCGTCTCGGACAGATAG  
 CCGCGCAGGTGCTGCACCATCTGGCCCGCGAGGTCTGAGAGCAGATCGGCGTGGGTGAAGTAGTCGATGTCATCGAAGTC  
 CACGAGGGCGTGGACGATGTAGTCCCTCCGGGCGCTGCTCCTTGAGCCCGACCTCGGCGGCCAGAGTGAAGTGCCTGG  
 TCCGCGAGCATCTGCCCGACGATCTCGCGCTGGCCCGGTGGAGATGGAGCTGGCTCACATCCAGCTTGAAGGCGTGGAA  
 CCGGTGCTGACCTCGCCGGTCCGACCACCGCGATGCGCGGGATGTCGATGGTCTGCTGCACCACGATCTCGGTGGTCTT  
 CGCCACCACGGCGGACAAGTCAAGTGCGGGGACTGATTCATCCACGCCCGCCAGCAATTCGCCTTCGACGCGGCTTCAACC  
 GCTCTGCCACCTCCGCGAGGATTTCCCTTCTGCACTTCGGGTTTTCAGCAGCGCGCTGCTGGTTGGCACCAGATCGCGCTT  
 ACCTCGTACTTGCCGATAACCTCCATAACCATTTCGTGCGGCTTGCTCCTCCGCTCCGTGGTGAACACCGGTTTGGGCAC  
 AGGGACTTCCGCGCCACTGTGAGTGGCTGAAGCCCTGTGACCACGACCGGTGCTTCCGTCAAACCGAGACGCGCCGATG  
 CACCTGATTGACCTGCACGCTGACCTTCTTGTGCTCGGCGCTCGGCGCATCGAGGATGACGTGCTTCAGGCGAATCGGC  
 GAGTCGCCCGCGGTTGGCCTCGTCGATGATCTCCTGGAATTTGTCGTGCGCGACGATGTTCAAGCGATCCACCAGCGGAC  
 GCCCGTGCCTTGCCGTAAGGCAGGCGCAGGCCGCGCCGATGGACTGCTCGATCAGCGTGGCGGCATTAGCCGCGCGCA  
 GCGGCACGATGGTGTAGAGGTTGGTACGTCACGTCCAGCCTTCCCTCAGCATGTTGACGTGAATCACGATCTCGGTCCGCTCG  
 TCCACGCTCTCCACGGCCAGTAGGCGCGTGATCATCTCCTTCTTCCGCGCCGGTACGGCTGGAATCGACCTGAATCAC  
 CTTGCCCTGGTAGCGCCCTCGTAGAAGGCTTCCGATTCCAGAAGCGCCAAGAGTTGCCCCGCGTGCCTGGTATCGCGGAG  
 CGATGACGAGCATGAAGGGCTTGACCGGCTTGACGCCGTTCTCGCGGCATAAGTGAGCAGTTTCGACCTTGGTTCGTCG  
 TGCAGGCGCACGCCGCTTCCAGTTTGGTCTTCTCGATCTCCTCGGGCGTGTGCGCCTTGGCGTCGAAGTTGCGCTGGGT  
 GACCACCCGGCTCCTTGACGAAGCCATCCTCCATCGCCCGCAGCGGGTAGTCCATCACACGTTCTTGAACGGCA  
 CCGGCCCGCGGCTGGACTCGACGAACGGGCTCGCGTCACTTCCAGACCGAATAGCGGCTGGAGTTGTTGATAGAGGCA  
 ACCCCGGCGCTGGCCCGGTAGCGGTGCGACTCGTCCATCAGCAGCACCAGGTGAGACAGGTTGGCCAGATGGTTGAAGTA  
 GCTGTGCGCCAGCACTTCCCTCATCCGCTTGATGCGCGGCTCTTTGCCCGCGCACCTCGGAGTTGATCTTGGAGATGT  
 TGAAGATGTTGATGCGCACGTGCTGAGCGAAGCCATCGACTGCTCATCCACCGCCGCGCCGGTCTGGTTCGATGTTGTCG  
 CCGGTGATGATCAGCGCGGTTGCTGCGCGAATTCGGCGATCCCCTTGAACACGTACTTCGGCGTGTGCGCGTGAAGTC  
 CGTGATGAGCTTGTGTAGATCGTCAGGTTGGGCGCGAGCACGAAGAAGTTGTTGATGCCGTGCGCCAGGTGCAGGTAGG  
 CGATGAAGGCTCCCATCAGCCGCGTCTTGCCACGCCCGTGGCCAGCGGAAGCACAACGACGGAACTCCCGCTCGAAG  
 TCCTCCAATGTTGGAACTCTGCCTTCAGCGTGGAGAGAATGGCCGAGACATCACGCTCGTGACCCAATAGCTCGGGCGC  
 AGCATCGAGCGCGGAGCGAGCTTGTAGAGGACTCGGCTGGGGCGGGCGGAGAGACAGACGGCCGTTAACGGCGTGCA  
 GGACCGGGTGTCTAT

>BL61, 645 Basen

TTATTCGTTCTCCCCAACAGGCCGCCCTGTCCCGGTTGGCGAGGGCCGCTTTTCTGCTCTTAGTGTTCTTGACGCTAT  
 TGCCAGGGGCCGAGGCTCGGCCTTCTCAATCTCCGCCATTGGCAGGTTGGTACATTCAGGCTGTAGTCGTCACGGCCC  
 CAATGGCAGCGGGCCAGCACCATCTTCGGGATCTTCTTCAACGTCAGGTTCCGCCAGCGCTCCGCCGCTTGGTTCGCCGT  
 GACGCCGTGGAAAGCGGCACAGCACACCAGCAGGCTCCGCTCCGGGCCGACTTCATCGGCCAGGCTTGCAGTTGCTCAG  
 CGGACAGGTTCTGCGTGGTGACATAGATGAAATCGCGCTCGCTGGAGTGGCCGCTGCTGCCACCAGTGCCTTCTGACGGC  
 GCGTAGTTGAAGCCTTCCAGCTTGGCCAGCGCCTCGGCCAGTTGCGCAGCGTTGATTCGGGGTTGATCACCGGGTTGCC  
 CCAGCGGTGCTTGCAGATCAGGCTGGGGGCAAGACGGTAATAGCGGAAGCCGCCCGCCGCTGCCAACTTAGAGCCTCTG  
 TGACGCCGCCCTTATCTTCGCCGTCATTAACCTTCTGAGACCGGAATGATGTGTGATGGCAAGTTTCTCAAGCTCC  
 ACCAT

>BL62, 246 Basen

TTATCCAGCGCGTCCCATTTTATGAGCGGCTGCTCCAGTGGTACCAGATCCCGCAAATGAGTCAAGAACCCAGTCTCCT  
 GGATTGCTTGAATACTAAGAATACGGGAAACCAAGTCTTCTGGCTTCGGGGTTCAAATGCTTGAACGCCCTCCAAAAC  
 AGATCTTTGATGAGCCTTAGTTTGTGAGTCTGTGCAAGTCTGACCAGATTGTTGGCCAAGGGCGGTAGGAGCGTCCG  
 GAGCAT

>BL63, 177 Basen (unvollständig)

TTACATAGCAAAGAATGTATTCATGATCTGGGGAAAGGGCGCCCTTGTGTCATTTGGGCTGTCGACCTTCTTCCAGATA  
 AATGACGTAACGAAACACTTGCACCAAAAATCTCGTCGCACAAGACCTTAAGATAGTGAGCCTCGTTGTCATCAATAGA  
 AATCCATAGCGAGCCAT

### 12.3.6 Geninsel PAGI-3(SG)

#### **Gesamtsequenz von PAGI-3(SG), 103304 bp**

AATTATGATCTACAGATGTCCACTGAAGTCTGTAAGTCATTGAGAAAAGGGCCGAAAGGCCCTTTTTTCGTTCCCT  
 GCGAAATCTATTGGAATCTCCCCTCAGCCAGGGCGTTAAGTCCATTATTGAGTCCATCTTTACGGGGGCTGTGG  
 TTTCCGGATTGTTGCTGGAGGAGTGC GGCCAGTGAGACAAGCATCGGGTCTGACTCTTGTTCAGGAGTTCGCTC  
 ATGGCACTCACAGACGTCCCGTCCGGCAGGCTCGCCCGACTGGCAAAGACTACACCTCCCTGACTTTGATGGC  
 CTTTCATTGGCGGTATCCGCCAAGGGTGGCAAGTCGTGGCACTTCAGGTAATACTGGGCGCTAAACAGAAAGCGG  
 ATGTCCCTGGGCACCTATCCGGCGGTTAGCCTGCGGGAGGCGGGGCGTTGCGCGATGAGGCCCGTGCCTTGGCC  
 GCCAAAGGCATCAATCCCAAGGTCGACCGTAAGCACAAGCTCCGCGCTGTCCGCTTGGCGACGGAGAACAGCTTC  
 AAGGCAGTGTATCTGCAGTGGCTCGCACACCCGAGGCTGGAGCTCAAGGAGGGGCGGCAGAGCACGCTGTCACAG  
 ATCCAGCGTATCTTCGACAAGGATGTGTTGCCTCCCCTTGGCACCGTAACCATCTTCGATATCCGCCGGTCCAAT  
 CTGCTAGACGTCTTCGCCACGATCGAGCAGCGGGGCTTCACAACCGCGGAGAAAGTGCGTACCTGGTTCCGG  
 CAGTTGTTCCGCTTTGCCATGGTGAAAGCCGAAGGGTTGGTGGGTAAACCTGCGTCCGATCTGGATGTAGTTGCA  
 GCGCCCAAGCCCCCGTTGCTCATAACCCGTTCTGCGCTTGACAGAGTTGCCCGAACTGCTGCGCAAGCTGCGC  
 TGTTATAGAGGCAACATCACCACGCAGCTGGGTATTGCTGCTGTTGCTGACCGGCGTGCGCACCGGCGAGCTG  
 CGCTTGGCGACCCCGGATCAATTGACCTTGAACGTGGCTTGTGGATCATTCTCTCTGAAGTGGTCAAGCAACTG  
 CAGGACGGCATGCGCAAGCGCGGAAAGCGGGCCGAGGACATTCGGCCCTACATCGTGCCGTTATCGGTCCAGGCC  
 ATAGAGATCGTTGCTACCTGCTGGAGCAGGTCAAACCTGCGCAGCGCCACCTGCTGGCCACCGTGGCGACTTG  
 AAGAAGCGCATTAGCGAGAACACGCTGAATGCAGCGCTCAGGCGCATGGGCTACGAGGGGCTGCTCACCGGCCAT  
 GGCATTCGCGGCACGCTCTCCACGGGACTCAACGAGATCGGCTACCCCAAGATTTGGGTGGATGCCAGCTCTCG  
 CACGCGGATCCCAACAAGTTCAGCGCGACCTACAACCACGCCCTGTATGTGGAGCCGCGTGGAAAGATGATGCAG  
 GACTGGGCAGATCGGCTCGATCTGCTGGAGCAGGGGATGCTGCAAGGCTGCCAGCTTGCATCTGGCCATCCACATC  
 AACGGTACGCAGGTTTCAAGTGAAGTGAAGGCTTCTGCGCATAGAAGGAAGTGCAGGGACAAGCGTTGGCAAC  
 TCAGCTCAGCGGAATCTTGGTGGTGAAGCCACCTGGAAGACGGGCCAGCGCATGGCCTAGGGACAATCTGAAGAA  
 GACTTCTGATTTTTGGTAAAATACCGGTGCGTATTTTCGGCCCATCGTGACCGGCTGTTTCGGTATCGTGATGAAA  
 GCGAGTCCCTGCGGCGGAAAAACACGGAGGAAGAAGTGCATCGTAACCGATGCGACTACAATCCAACCCCCGC  
 GCAACCGGGCTGGAAACACCGGTACAGAGTTAGCGAAATGAGCGGTACGTTTATCGAAGTCCGCGAGGCTGTGTC  
 GGGGTGGGGCAGGTAACCTGCCATCCCTACCGCATCAGTGATACGGCTTACTCAGCTCATGTACAGCATCGACGAA  
 TACCTTTACGACCTCCGGGTCGACATATTGGTGAATGCCGTGGCCAGATTGAACACATGCCCGCTACCCTGCC  
 GAAGCGGGCCAGAATATCGGCCACCTCAGCCCGGATCCGCTTCGTCGGAGCATAAAGTGCCTGGATCCAGGTT  
 ACCTTGCAAGTCCACCCGATCACCGATGCGACGGCGTGCATCATCAATGTTGGTGGTCCAGTCCAGCCCTAGCGC  
 ATCAGCCCCGGCTTCCGCCATCGCTTCCAACCATTGGCCACCGTTCTTGGTAAATAAGATAACCGGGACCCGTCG  
 TCCCTCACTTTCACGAATCAGACCATCGACGATCTGCTTCATGTACCTCAGCGAAAACCTCCAGATACAGGGGACC  
 ACTGAGCAGCGCCGCCCAAGTATCGAAGATTTGCACTGCCTGAACTCCGCTGCGGATTTGCTCATTCAGATAGCC  
 GGTACGGTCTGCGCAAGCTTATCGAGGAGCGCATGCAATACCTCCGGCGTGGCGTACATCATTTGCTTGATATG  
 TCGGAAATCTTTACTGGAACCCCTCAACCATATAGGTGCGCAGGGTCCACGGACTGCCGGAGAAACCGATTAG  
 TGGCACTCGACCTGCTAGAGCGCTGCGGATCTCCTTTACCGCCGCCAAAACATAGCCAGATCAGAGGCCGCATC  
 GTAGAGCCCAAGCCCCATTGCAATCCGGGATCGTCAAGATATCGGAAAAGAGGATAGCCGCATCGAGATCGTAGCG  
 TCCAGCGGCTCGAGTGTACTTACCTTACACAGCCAGCTCTCGGTTTTTGCACAGGCTTAGAAAAGTACCAGCTCTTGC  
 CCGGGTGTGACGGTACTCCGGCAAATAGCGACCCGCTGGCGCATCATCCACACCGGAGTCACATCTACCGGCTC  
 ACGCAGCAGCGCCCGAAGCAAACGGTTCGTTTTTTCAGCTCAGCCATCGTTTTTAAACGCCCTTTTTCTCTGTTCAATC  
 AATCGCGACATTGCAACCCCTACCTACCATCAGATTTTCCAGGATTCGGATCAGAGTGGCCAGCCTATGGGCTGAT  
 CATTCTTTATTATAGAAACATGTTGCTTATTTGGAAACAGCCATGCTACAGTTTTATTTAGCTAGGTTGGCTCCT  
 GCCACATCGCTTCTTTGGACGGGGATGAGCATAGGAATGCGCCTGGCAGCTGGTGAATTAGTCAAAGGACGAAC  
 GCCCTTCGATGTCGCTACGGAATACGGCGCAGCGTGGTTCAGACGCTTGGGATTCAAAATCTTGGCACAAACCA  
 TTGGCGGACAAACAACGATCAGTGTCCGCTGAATGTAAAATTTGCTCAGGCGAGGCGGATGAACCAGAGACAGG  
 AGTGCAGCGACAACCAAGTTCATCGCCTTCGCCTTCGCTGGTTCTGGCTTGCCTTACTTGGGCCAGTATCGCTT  
 TAGCCGTGTTGGGCGCCCTATTGCCGGGGTTGCCAACACCGTGTTTATGCTGATCGCGGCATGGAGTGTTCCTCC  
 GCTGTTCCGCCAACTACGCCGCTGGCTGGAGCAGCACCCGCTGTTCCGGTACCCTGCGCAACTGGGAACAGG  
 GTGGAGTGATAGACCGCGGCTCAAAATGGATGGCCAGCGCTGGCATGCTGGTGTCAATGGCGATTGTGCTGCTCA  
 GTATCAACCAACCGCTCTTGTGGTGCCAATCATTGCCACCATATCACCGGCGCGGTTATAGTCTGGTACGGC  
 CCGAGCAATCTCCGATGAATAGCAGCCAATTAATGAAGCAGTTTACGACAAAACAACTATTAACAAAAAACA  
 AAACGCCCTATCAATTCTACGCCCTTGACGAGCTAGTACAGCCAAAGACTCAATAAAATCATCAGCAAACTTTC  
 GGATGAATCACAACCTATCTTTGAACCCACCAAAAACAAAATAGAGGAAGCTAAAGATGAACAAGATCATCGGGGG

CTTTGAAGTAGGGGTTGTGATTGATGGTAGGCTCACCTCCAAAAACACCCAACCCAAATCACCAGAACATCTAT  
TTTTGAGCATTAAATCGGAATATTTTTGTAATTTAAGTAACAACACTACTAATCCAGTCAAGGCAACTACTAAAACCTG  
ATTCTAGTGAGGGATGAGAATGCTTTTTGGAAGAAAAGTCAAAAAGTCTTTCTGATGAAATAACCAATTTATTTATC  
TGCACCTTATGAGTGGGCAACCCATCCAATTCAGGGTAGACAGCTTGATTAATCAACACCCAGACCTTGTTGAGTG  
TTTGGAGGATATTCAGGGAAAATGGATTGATCAGCAGTCAGGCCTCGCACCGAGTGAGCCAGAATCTACTAGCGA  
CGAGTTGGCTGCCAATTTAAGGAGCTGTCTGCTTAACGCTCAAGCAGAAAATATCTTATCTTCGCCACGAGCTAGA  
ATCATCCAGGTCACCTTCTTGATGAGGCCAGCCATGAACTTGAGAGCTACAGAGCAGAAGAAAATAATCTGGGACCT  
AACAAAGCAAACACTTACCGAGGGATGTTGGGAGCTAATTGTAATTGATGGAGATATAGACAATCCAGCGAATAA  
ATTGCGTTTTCTCAAGCAATTCAGAGAGCTCATTGGTTATTCGACAGAAGAGTTCCTTGACGGCTGGGATAGCTA  
CGTTTCGATCGTTACCCCTGATGATCTCAAAAGAGTCAAAAAGCTCTAGATGACTACGTCGAATCGGAACTT  
TGACTCATTCTACGTGGTTGAGTATCGGATGCGTCACAAGATAAAAAGGCGATACCTGGTATCGCGAGAAGGGCCG  
AGGAGTTTACGGATCCAAGTGGTCAGCTTTGGCGCATCATAGGGGCACCTTCGTGACATCTCAGATGAGAAGCTCGC  
TGAAGCTATGCACGCACGAGAATTAGAAAATATTCAAGCGACCTATGGGCAGATATCCAAAAGTTGTGGCGCAAT  
CAAAGGTATCGCAGACCAAACCAATATGTTGGCGCTAAATGCAGCAATTGAGGCAGCTCGTGCTGGTGATGTTGG  
GCGAGGTTTTTTCAGTCGTAGCGGATGAAGTGAAGAAGCTGGCCGGGCGAACTCGCGAAGCCACCCAGAAGATCCA  
GGAAATGCTTTTCAGATTCCAAGGCTTTTTAGCAATATGCCCTAAATAAACCGCTCGCCCTTTTATACCATGCGAG  
TTTCATAGCACCTCCTAAGCAGGGATCAGTGAAGCTAAGCCTCCAATCCTGAAAATCACTTCCCGGAATAGGCT  
TGCTGATGAAAAATCCTTGGACTTCTCACATCCCCACTCTGCAAGCATCCCCATCGCAATTTTCGACTCAACCC  
CCTCAGCCACAACCTCAAGTCCAAGGTTATGGGCAAGATCAATCGTAGATCTAACAATTGCGGCAGAATCATCAT  
CACTACCCAGGTTTCATGACGAATGACTGATCTATCTTTATATAGTTAACCGGCAATTTCTTAAGATACGAAAGAG  
AGGAATATCCAGTGCCAAAATCATCAATAAAAAAGTTTAAATCCGAGATCACGAAGCATTFTTTAGAACCATTTGAG  
AGTTTGCTATATCTTCCATAAGACAGCTTTTCGGTCAATTCGAACTGTATCCAATCGGGATGAGCCCCCAAGTTT  
CCAAAGACTCTGATATGTGCGCCATTAGGTTAGGGTCGCGGAGGTCATGCGATGAAAGATTAAGTCAATCGGAA  
CAGCTTCTCCAGAGCTATGCCACACATAACTCTCACGAAAAGCCGCGCCTATAGCCCAATAGGTAAGGCGCGTAA  
TCAAACCTGATCTCTCGGCGAAATAAATAAACTGATCTGGACTCATTAAACCGTGACTTGGATGCCGCCATCGAG  
CCAGCGCTTCAGACCAACAATCCTCCGCGTCCCCACTCCATCTTTGGCTGAAAAGACCAAGAACAACATCATCTA  
AATTGATCGCGCGCGTCACTCTGTCTCATCAATTTAGGCGCTTGGCGGTTATCACTATCAAGTACCCAGCTATA  
TAGCTATTTTGTAACTTCTTGGCGTGCCCCATAATGCGCAACATTGGCTCGTCTAAGCAGTGACTCGGGGTAC  
TTCCATGGCCAGGAAACAATGCGATACCGATGCTGCAGTCAATTTCCAAGAGTAGATTGGAGAGTTCTATGGGTT  
CACCGAGTATTTGGAGGACATTTTCGTGCGACGCTCGTAGCGCGGCCGGCATCCGCTTAGTCTGTTAAACAGCGT  
GCAAAGTTTTCCAGATTCCCGGGGTAAACAGCGTCCAATAGTTTCCACCCGGTGTGTGCAACCATCCGGTCTTT  
TGGCTGGAGAATCTGGGGTGATATCAATGGACATCATTGCCGAAATTCCGCGCCGACATCTGGTCAAGTGGCGAGA  
CCATCAGTGTATAGCTCGTAGCCTTAATCTTTCCCGACCTACTGTTCCGAAACCTGCGCAGTACTACCGCTC  
AGGTCTACCAGCGCCAACAGCAACCTGCGCCCAAGCTTGGTCAAGTTCGAATCAACCTTGAGGCTGGCTCAATA  
CAGAACGTCACTTGGCCAGATCACAGCGACGAACAGCTCGACGTCTGTATGAAGACCTACAGGTAGAAGGCTATC  
GCGGCGCCTATGACAGCGTGCAGCGGCTGGTGAAGCAGTGGAAAGCTCTGAAAACCGCTCCAGGGGCCGACAAG  
CGTTTTATCCCCTTGCTGTTTGCACCTGGGGAGGCTTGTGAGTTCGACTGGAGCCACGAACAGCCGAGATCGCCG  
GCGTCATGCAAACGATCAAGGTGGCGCAATTTTCGCTCTGCCATAGTGCAAAAATGTTTGTGGTGGCCACCCGC  
GAGAGACCCAGGAGATGGTGCTCGATGCGCATAACCGCGCCTTTGCGTCTTTTGGCGGCTACCCGACGGGTTA  
TCTACGACAACCTTAAACCGCAGTGGATGCGATCTTGGTTCGGCAAGGATCGAATCTTCAACCGGCGCTTCTGG  
CGTTGGCTAATCATTACCTGTTTGAACCTGTAGCCTGTACGCCTGCTGCTGGCTGGGAGAAGGGCCAAGTTGAGA  
ATCAAGTCGGCAACATACGCGAATGGCTGTTCACTCCCCTGGCAGGATTTGCCAGCTTTGCGGACTTGAATCATT  
GGTTGGCCACAGCGTACGAGGCTGGCTCAGCGTAAACACCCGACTGAACGCAGCCGACGATCGCCGAGTGT  
TTGTTTCAGGACAGCAAGCGCATCTACGGGTTATTGATGCCCCCTTCGATGGTTATGTTGAGCAAAATGCGCATGTTT  
CCAGTACCTGCTTGGTACGCGTTGACCGTAACCAGTACAGCTTACCCGCTCAATGGGCAGGAAAAGTACTTCCG  
TACGGTGTACGGCCGATGAAATACGCATCGTGGCTGACGATCAGCTGATTGCCCCCATGCTCGCCGCTTTGGGC  
GCGACAGCTGGTGTATGACCCCTGGCATTATCTGGCGGTAAGTGGCAAGAAAACCCGGAGCTTTGCGAAAACGGCG  
CCCCTTTTGTGACGTGGGACTTGGCAGAGCCGATCAAGCAGGTGCGTGAGTACTTGGCTCAAGCAGAGTCGCGGCG  
ACCGAGCCTTTGTGATCTCTTGTACTGGCTCGCGACGTTGGCCTGGAGGCCCTGCAAGTGGCCTGCGAGCTGG  
CATTAGAGTCTGGAGTGTCAATGGTTTCGCACGTGATGAACGAGCTGCGTCCGCTTACCTCAGTAGCACGTCCTG  
TAGAGTTGACCTTGCCGAGGCCCTGCAATTCGCAATTGAGCCCTTGGCTGATTGCCAGCGCTATGAGCAACTGC  
GAGGTAATCAGCATGCCTACTGATCGTATTTCTGAACTCAAAAACCTGCACCTGCATGGTATGGCGAGTGCTTTA  
CAAGAGCTGCTTGTGAAGCCTCACGTGCGCCTGCGCGGCCAGAGCTTTGGCTCGATCGATTGATCGAAGCCGAA  
CAGGCGGACCGCAAGTGCGCCGTTTTGAGCTATCAGCTCAAAGCGGCTCGCTTCCCAATCCACCGTGACTGGGC  
GGCTTCGACTGGCAAGAAACACCATTGATCCGTGAATCCATCGAGCAACTGGCCGAGGGAAACGTTTCATGGACGGT  
GCGCACAACCTGATTTTGGTGGGAGGCACCGGCACTGGCAAAAACCCACCTGGCCACCGCTTGGGAGTTGGGGCC  
ATCCATCAAGGCAAGCGGGTGCCTTTTTACAACGCTGTAGACCTAGTCAATCACCTGGAGCGGGAAAAGCAACAA  
GGCAAGGCCGGCAACCTTGGCAAAACACTGCAGCATATCGACGCCGTGATCTGGATGAGCTGGGCTATCTGCCG  
TTCCCTGACTCGGGTGGGGCGCTGTTGTTTCACTTGTGATCAGCCAGCTCTACGAGAAGACTTCGTTGATCGTGAC  
ACCAATTTGTCTTCGGAGAGTGGGTGAGTGTGTTTGGTGACGCCAAGATGACAACGGCGCTATTGGACCGTCTG  
ACTACCACTGCGAAATCCTTGAGACGGGTAATGACTCTTTCCGCTTCAAACAACGGAAAAGGCCGTGAAAAAA  
GCTTGAGCAACTGGAACCTTTTGGACGCTTACCTGGAAAACCTTTTCAACGCTGTTTGGACAGCCTTAGTTCAGTAA  
AGCGGAGAACGATGACTCCGCAATATGGGCAACCAACTGCCTTTCCCAAGCGCCCTGTGAGTCTGGCAGCCAC

ATCCTGTAGTAATAGATCCCCCTCTCGATACCCCTAACGTTTCAGTAATCTCTCGAAAGTTGTGACCTCAATGTG  
CAGTAATGCAACTGGATCATTCCCCTTGTTGGCGATATCGATCGCAGTGCCAAGTGCTTCCCTGAGAGACAGACG  
GTTGGGGAGATTAGTTAGACCATCAAAGTACGCCATTCTGCGAATGCGTTCCCTCTGCTTGCTTATGCTCTGTGAT  
GTCAGTTATAAACCCCTCCAGGGCGAGCACCTTCCCTTCTTCCGAATACACTCCACACCCCTGTTCCCAAACCCA  
TTTGATGCCACCTCCAGCCAAGTTGAGCCGATAAATGAATTGATAAGGGGCTTTTCTACGCAACGCTCCTGGCAC  
CTGACGTTTTTGAACAGGAACGTGCTCGGGGTGGATGATGTCCACCATTGCAACTTTACCTTCCATGAATTCGGA  
GGCTGTATACCCTGTGAGCTCTAAGCAGCCCTCGCTGATTAGCTCAACGCTCCAGCCTGCGTCGTTTCGACATCG  
ATACACCACGCCCCGTAATTTCCGATCAATGTCTCCAGTGCGCGCCGGCTCTCGCGCAATTCCTTATTCGCTAA  
ATATTCGCGGGAGATTGCCTCCTCCAACCTGCTCAGGCTCAAGCGAAGGCTCAACAGACTCTCAACTTGATGGGC  
CAACAATCGCAGAGCGTCAACCTGCGAAGCGCTCAAGTGCCGCGCCTCAGTATCAGCCACCGACAGCACCCAAT  
CACGCGGCTCCCACCTGCGGTAATCGGAAGGCCGCATAAAAAATCAATGTAAGGAGGGTTGGACACGAGCGCACA  
CTGGCTAAGGACTGCATCAGCTCGGGCACTCTGTATCACTACGAGCTCATTCCCTTGACGCAACGACGTTGCCGAA  
TGATTGGCATCGGAGCATTTCGCTGGCTTGAATCCTAGCTTTGATTTGAACCACTCTCGCTCATAATCAAGAAA  
GCTAAGCATGGCTATTGGCATCTGACAGGTGAGCGCAGCAAGCCTAGTCAACTCGTCAAACTCAGGCTCGGGGGG  
GGCATCAAGAACCCCGCAGCGGGCGAAGCGCCTGGACGAGATCTAAAGCTCCGTCTGCGGCAGCAGTGACCCAGT  
CGTCATAAGATATGCATCTCTATCAAAAGACCCTTGAGGCGAGGGCCGAAAGCTTGCTCAGATTGCCCTGGCGG  
CTATCCCTGCTTCCATAGAGGGGCATCGAAGGGTTGTCGACACTGGTTAAGTATAGCCACCCAGACCAGGAACCC  
CACCCCGGTGTGAGGATAGTTGTGCGGTGAGCCATGAAGGCAGAGCATCTGGAGGATGCCATGCTGTATCT  
GTGATGAGGGCGGGCCCTCGGATTGCGCGATCAGGCGGTGATTCCAAACCACCCATGGAGCTGGTCAAACAGG  
TGATAAGGCAATGCCCTGGAAGTGGGGCGATTTCATTGAACCGTAGTGGGTAGAAACCGAACTACTCTGCATCCT  
GTCGAGTTCGGATTTCCACCCCCACAGCTCCTCTCTACAACCTGTCCAGTTAGAAAAGCTAGACACGTCCGCTCAAT  
CGCCTTCGCCAGCATATCCGACATTTTGTGATCGCAGCCGATTTCTGGATGAGATCATTTCTCACCTCGATATA  
GGCGTTAGGGACTCCGACCAAGATGCCATGGCGATCTAAAGTGAACCAGTCGTTTTCTTGAAGCTATAAGGTTT  
ATTGTCAGCCACTCGAAACACATCCTGTTGCCCGATGGCCTGAATGAGCTGGAGCGGCAGCCTGTCATCATGCTT  
CCACATTACACCGACTTGGCAACTGCGGAACGTATTGTCCAGAGCGGGCGAGAAGGAGTGAATTTGAGATGATGGC  
CTTGGCCCTAGAGACCTTCCCTCAACCCAGCTCAGCGAGCCCTTTTCCACCGGATGCCGAGCAGTGTCTCAGC  
TACATCCCCTGTCAGCTTCAATTCAGTTCAAGTTCAAGTATCCCGGAATCGGAATTCGCCAATATCGAATCGAATCGACCC  
GGGATCATGCTTTTTTCTGTTGTAATCAAGAAAAAGCCGGGAATAGTTTCGAGACAATCGCCGTTGCGCCAAGCTT  
TTTTGCAACCGACAGCGTTAGGTCCCTGGATCCGAGGTCTGGCAAAAATGGGTTTTCGAGGAAGGCCTCCGGCAG  
ACCCAGATTATCCCAGGCCGCGGAATGCGCCGCCACCGTGTTCGCACAGCAGAACGATATCCACGTTCTCGCC  
GCCCGGTGTGACCGAGACCGGCTCACTCGCATAGCGCGGATTTTCATCCGCTTCTATCGTACGTAAGTTTCAT  
TACAGCGTTCTCAGGTGGAACGACTTGGCGTCCATGACCCCGAGAAGCCCTCTTTCCGTTGCGCGGCCTAAG  
CCAGAGAGCTTCTGCCACCCAGGGCAGGTAAAGATCAGCATGATCACAACGATTGACGAAAACCGTGCCAGCA  
TCGAGCTGGTTCGCTAAGCCAAGGCCACAGTGCAGATCGCTCGTCCAGACACTAGCGGTGACACCGTATTTGCTG  
TCGTTTCATCAAGCGAATAGCTTCTGCATCGCCGCACACCGTCTGAACGCAGGCGACAGGACCAAAAAGTCTCCTCC  
TGCATGATGTTTCAATTCGGCTGTGAGGCCAGTCAAAAGAGTGGGGCCAAGTAGCAGGAAGCGTCTCGACCGAA  
AACTCCAGCCAGGCTCTACATACGCCTGAGCCCCATCGCGATGGCTCCACGAATTTGGCTACGAATGAAATCT  
GCCGCCGAAGCCTTAACGACGGGGCCAATCGTGGTTGCTGGATCCATGGGGTGCCCCAGCTTGTACTTCCGCATC  
TCGTTGCGGAAACACTCGAGGAACGGATCTCGAATCGCTTCGTGCGAGATAGATACGCTCTACCGAACAGCAGGAT  
TGACCGGCGTTAGAGAAACAACCGTCCGCAATCTCGGCTGCTGCCGTTGCAATATCTGCATCCGGTCTGACATAG  
GCGGGATCCTTGCCCCAAGCTCCAAATGGACATGGGTCAAAGTGCCTGCCGCTGCTGCGTGGACGGCAAGGCCG  
CCGCCGACTGACCCGATGAAGTTACCCCTTTGACAACACCCGACTTGATAGCAGTTGTAACCTGGTTCATGACCA  
AGCTCAAGCACTGGAGCACCCCTGCAGGCCACCGATTGCTCATAAGCCTCTTTGACAATCCTCCCAATGAGG  
GTTGTCTGAGCGGCTGCTTCAAGATCACTGTATTGCCACCAAGGATTGGTGTGACGATCAGCCAGGGCAGCAGA  
CCGACAGGGTAGTTCCAAGGAGCTATCGAAAGATGTACTCCTTGGCCGTTCCGGCGCACAAAACCGTACCTGT  
GCATCCGAAGGATATCTTTGCTGCTCAAGCTCTTCGAGCGCCTCAATCTGCGCCAGTGTACAGCCTTGAACCGA  
TGAGCCTCATTTGCTGCTGCGTGCAGGCCGTTCAATCGACAGTGCAGACTGCCAGGGACAAAATCATCAGCAGCCTTG  
AGCAGTTTCATCCGCAAGAGCTTCAACCAACTGCGCGGCTTCTAGTTTGGACGACAGCTTCCAGGTCTTGAATGCT  
GTTTCGGCAGCATTGAGCGCAGCGGCCACTTCTGCATCGCTGGAAGTGTTCACCACAGCAGTTTTCGACCATCG  
ATTGGGGAAAAGACATTAAGGGCGGTACGTTTGTCTCCTTGGGATTGTTTTTATAACGAGAATTAACCTTTCGT  
GAATTTTGTACTGCAACCCAGGAAGTCACTGAGCTGGGGTAAAGCCTTCCCTGACAGTTTTGGCCGAACCGCTCG  
TCGACAATACGTACGCGCCGAATCACTCACCATACGCGCCATCTCGTAGCGATTTTTGAAGCGCCGCCAGGGACA  
GTACTTAGCAGCAGGGCTGCATGTCCAAGATCCCGCTCCCTGGGCCAGCCCTGGCCACATCTCATCTGACTTAC  
GGAAAAGACTAACAGACGTAATTCAGATAAGGCAACATGTTTCTCATTTCGGATACGAATGCGCCAATAAATTCAT  
CCTATGCCAGATATGGCGACATATGAATCGCTTCTAGGCGTCTAAAGGCGTAGCCCTTCTAGGGCTCGGTGCCAC  
GGTTGCCGAGCTTTCAGGCATAAGTGGGCAACCTTGAGTCGAGCAACGTCCCCAACTCGCAGCCCCGGGCCGTA  
TAGCAGCGCAAACACGGTTTCATAAATCAAACCGCGGTGTGCGCCTTTGGGACGATCAGGTAACGCGGTGCTGT  
TTCCAGCAGCCGACGTGCCTGGGCGAGATTGAAGATATACGGGATGCGTTGCCCGCTGCTCCACTGCGGATCAGT  
GCTTACCGGCGTCTGCTCATCAGCTCCTGCATCACCAGTCAGCCGAAGAAGTGCAGTATGCCAAGCGGATG  
ATTGTAGCTATGGAACCTTGATCGCTGCCTGCATCGGACCGCTGCCGTAAGCGCTGCCGTTGCCATGAACAGGG  
CTTTAGGGATGCGACCCAGGACATGCCTGATCGGCGCAGATGGCGGCTCCGTGCGGCGTAATACCCCGAAC  
GGCTGACCCCGAGTACCCGGCAGAGCCTTGTGGTTCATGGCCTTCTGTTGCTCCTGAGCGATCACTCGATGGATCA  
CTTTCCCGGGCAAAGAAGGCCGATGCTTCTAAGAAACACCTTCGACAACCTGTAGCGTGAATCCAAACTTGGCT

GCTCGACGGTACAACCCTTTTACCGCACGTTCCCGATACCTCCGCTCATAGTGATCGGCACCTGGATTCTGATAA  
GCCATGCCGAAGCGCATTGCGTTGTAGAACAGGATGGCGATCTTTCGAGCGGTAGCAGTCACTGCCCTTGGCCTTG  
CCGATGCGCGCAGACAAGCGTCCGGTAGAGCGCGCCCAATGCCGTATTTCGTTTTGCCGATGGTACACGCGGCCAGG  
CGCAAGTGCCTGTAACCCGGTTCTTGGTCTTACCGGTATGCGCTGACAGTACCTTGCCGCCGCTGATCCGACAG  
CCAGGTGCCAGGGTACGCCAGGAGGTGAAGTGATGAGCGGTACGCCAGCGACTCAGGTCACTACCGCACTCAGCC  
ACCAAGCGCAGCGCCAAGTAAGGGCCGATGCCATGGACCTGGGTCAAGTGCAGCGCAATCAGATGGTAGAGCAAG  
GTGCGTACGTGCAAGTTGAGCGCATTTCGGCTGCCGAGTGGCGTACGTGGTTTTGGTAGCGGCTCGCTGGGCGGG  
GACTTCTGTGGGAGAGCCACTGCAAGCTCTGGGCAATCTGCTGATCGCAGATTTCAAGCTGTACCTGATAGGCA  
TCGTACATGGCTAACGCTTTCGCGCAAAGCAAAGACATGCTCCGGCTGGTAGTTGCCAGCCAGGGCACCTGGATG  
GTCTCAACGCTCGACTTGCAGCGGATATCTGGTTGCCAGTGTGCGAGCGTTTCGCTCGTGGCGACAATCGCACG  
GATGATCCCATGCCTGTAGCACCGGTAATGTGCGCGACCACATGGTGCAACTGCAGATTCATGTGCGTGAGTGCC  
TTCTGCATGTGCTGGATATGCGCAGCGGCCAATCGAGGTGGCGTGCTCGCAAGCGTAGATAACTGCGTAACCGG  
GCGATCTCTCGATCAGGATGGAAGCTGGCACGCGCAAGCCACAGGAGTGCAGGCGCTGGATCCATTGCGCATCG  
TTAGCGTCCGTTTTGCGCCCAGGAACGGCGTGGGCATCCCGCGCATTGGCCAGCACGACATGCAGGCCATGGGTT  
TCCAGAATCTCGTAGACCGCAATCCAATACACCCCGGGCGACTCCATCACCCTGTGGTGATCCCGAGATCGACC  
AGCCAATCGACCATGCGTTCCAAGTCCGCGGTAACGCCTTGAAGGTTTGCAGTGGCTCTCAGTGAAGTCCGGCA  
GGCACCGCCGCAACATGGAAGCACGAGCCGATGTGATGCCGGCTGCGCGGTGATGAATAACCGGCAGGCCATGA  
CGCTCGGAAGTGGACTTTTTTCATGAGTTCCTCCAATCACAGGAAATGCTGGGCGGGGACTCGGATCAAATCACA  
TGCCTAACCGGGTACGAAACGCGCCACCCTAGCGGGTTTCGAGCTTCCCCCGGGTCACTTTTTTTGACGGG  
GACTTAGCCTCCAAAAGCAGGCGACCCTGTCCAGCGGTGTGAGTGTAGTGGGCGTGTTCCTAACCCAAATGGGG  
CGCGGAGCGCCGGGGAAGCGGTTTTTTTAAACAGATCGTTATCTGCTTCAGCTGACGATTCTCGGCCCTCGAGTTG  
CGGATCCGCTGCTGCTCGGGTGTGAGCGGCTTACCTATTCCAGGCTGCCCGGATAGCTCCGCTTCGTAATGCTGA  
ACCCAACGGCGAACCAGCGCTCTCGCCAAGATCCATGTCCCGGCAGATCTGGGGAACGGCCAGACCTTGCTCCCTA  
ACCATCTGAACGACTTGCAGCTTGAAGCTGGCGTGAATCCTCTGCGCTTACTGCTCATAATGATTCCTCTGTC  
GGTGGATTTTCCACCTATCGAGGTGTCCAGTGAATATAGACCACCACATGTTGAGCCCTCGATAAGAGGCCCT  
CGTGTATGGCGCCAGTCCGTGTCGGCTGCGGATAATCGCCGGTCTGAAGGAATCCGAAAACGCATCCGTCCG  
GCGATAGCGTGGCCCTAATGTAGGGGGCGTGTGCCGACAGAGTCTCCTAGCTGTTTCTATGACAATGAGGGGC  
TCCACGAGGCACCGATTCCGAAAACGACCAGTATTTTTTCGACTTAACTTGTGATTTTTTAAAGCGCTAGCTGAT  
TCGTTTTACAGTTTTCGTATAAAAGTTCTTGCAGGGAAACATGTTTTCGTTTTTAGGATACAAAAAAGCAACAGTAAAG  
GTGGCTGGATCATGAGCAACACCAAGAATATGACCTGGTAATTTGTTGGGGCAGGCCCCATCGGCCCTGTACGCAG  
CCTACTATGCTGGTTTTTAGGGGGCTCAAAAACGGCGCTGTTTCGATGGCTTGGCCGAGGTCCGGCGGCGAGGTGGCGA  
CAATGTATCCGGAGAAGCTGATCCACGATGTTGCGGGTTTTTCCGCCATCAAGGGGGGCGACTTCGTGAAAAACC  
TCTTGGAGCAGTGCAGCGCCAGGATTACGACCTCTATCTCTGAGCTAATTTGTCGGTCTGGAATACCTCTCGG  
ACGACACCTACAGCATCACGACCGACCGAGGAAATCATTACCCGCAAAGGCTGTGGTCAATCGCCGCTGGTCTGG  
GGAAGTGTACGCCACGTTTCGCTTCTGCTCTGGAAGAGGTCGACTCTCCAGCATCATGCATTTCTGTACCTGATC  
TGTCGGTACTCGATGGAATGATGTGCTAATTTGCCGGTGGTGGCGATAGTCCCGTCCGACTGGGCCATCGCTGCGG  
CACCCCGCGCCAAATCGGTCAGTGTCAATCACCGTCCGAGCCCGCTTTCGAGCCCACGAAGCAAGTGTGAATGAGA  
TGTACGAAAGCGGTGTGCGTGTGTTGCGCCGGGTGAGGTTGCGGGCTACCACGAAGAAAAATGGGCAGGAGTTTC  
TTGAGCTTTGGAGTGGGGATAACAAAGAAATCCTGGGCTTCGACAGGTTTTGTAATGGCGCTGGGTTTTCCACTCCG  
ACTTAGGGCCGATGGAGAGTTGGGGGCTCGGGATCGAAGGCTTTCGAATTCCTGTGAAGCCAAATATGGAAACCA  
ATATGTCTCGCGTTTTTCGCCATCGGCGATGTGAGCGAGTACCCAGGCAAGGTGCGTCTGATTCGGTCCGTTTTG  
GCGAGGCGGCGATCGCGGTGAATCACGCGGCTGCCGTAATTTTCGGCCGAATATCGGTGCTGCCAGCCATAGTA  
CGAATGAGGTGAACCTATGCTTATGTTATTTCTGATCCGTCATACAAAGCAGAGACCAGGCTGTGTAGATGT  
TTGCCCGGTGACTGACTTTATGAAGCAGAGGGCGTCTCTGGATTTCAGCCGATGAATGCACCGAGTGTGGAGC  
ATGCGAGTCTGTCTGTCCGGTAACGGCCATCGCCTATGTGACGACAGAGATGATGATCAGGACCTGCGGAAGC  
CCGCGAGTTCTTCAGCACAGTATTGCCCGGATGCGACGCCCCAATCGGAAGTCCAGGGGTGCTCAAAAAGATCGG  
TCAGATCAAAAGTGACCACCCAAGAGTTCTACAGAAAATTAAGGTTTTGGATTAGATTTAGTTGGTTCTGGTGCA  
GACTAATAAAAACAATAAGCCTTGATAGTAGCAGGTGATAAAGATGAACGAAGAAAAACAATAAGCAAGTCTGAAA  
CTCCAGGAGTTCATTGAGAAACACAATATCGACACGGTTAGGCTGGGTGCTGTTGATATAGATGGAGTCTGGCGC  
GGGAAGCAAGTCCGAGCAGAGTACTTTCTGAACAAAGCGGCTCTTGATGGAATCAGATCTCGAATATCTTGT  
GGATGGGATGTGCGCGATCACCTTGTGATGGATTGGCGTTTTACTGGTTGGGATTCCGGGTATCCGGATATTGCT  
CTAATCCCTGATCTTTTACTCTCTGCTGGTCCCTTGGCAGGCAAAAACCTGCATCCGTCCTTTGCGATATTGAG  
CATCTCAATGGCCAGTCCGCTGAACCTTTTCGCCCAGGAATCTCCTGCGCAAAGCAACCGAAAAAGCAGAGCAGCTT  
GGCTACAAGTGCACGCGGCTTACGAGTTTTGAGTTTCTACCTTCTGAACGACTCTATTGGCAGTATTGCGGCAGAT  
CAGTGGCGCAGCATTAAATCCAGTGGAAAAGAGTGGCCACTGCTACAGCATGCTCCATCACTCTAGTTCTTCCGGAC  
ATCATAGGTGAAGTTTCGCAAGTACATGCGTGATGCCGGGATCGTACTAGAGGCGACGAACAGTGAACATGGCCCCG  
GGCCAGTACGAGATCAACATTAAGTATGACGATGCGCTCAAAGCAGCGGATGACGCAATTTTTGTGAAAAACGGC  
ATCAAGGAGATCGCTGCAAAGCATGGCATGACGGCGACCTTCATGGCGAAGCCCAATGCAGAGTGGTCCGGTTCCG  
TCCGGTCAATGTCCACATTAGTCTGTGCAACTTAATAACAGGTGCCCCAGCATTTTGCCAATCCCGAGAATCCTGCT  
CGTTTGTGCGAGGTCGGTTATAACTTCTTCGACGATGCTTGGCTTGCAGAGAAATTTTCGGCCATCTATCTG  
CCGAATCAACTCCTACAAGCGGACGGCTGGCGCATCTGGGCGGGTGGTAATTCGCTTGGGGATTCGACAAC  
CGCACTGTGTGCGACCGTGCATCACATCAGCCGGCGCGGCCGCTCGGGTCGAGAACCAGATCCCTGGTCCGAT  
ACCAACCCTTATCTGGTTATTGCGGCCAGCCTCTTGTGCGGGTCTCTATGGCATCGAGAACAACTCAAGCCGAAA



GACCCCATCCTCGGTAACGCTTACAAAGTATCGCCGGAGCTCGCACGTCCGCTCGCGGCGTCATTGGAAGAGGCT  
ACCAATATCTTCCGCGAGAGTGAAATGGCACGAGTGTTATTCCCTAAAGAGTTCGTTGAGCATTATTTCCAGATG  
AAAGTTTGGGAGATCAAGCAGGCTAATGGTTTTCTGTAATAATTGGGAATTGGCGGCTTATCTCGACATTATCTGA  
TGGGGCACCCACATACCGGCCCTTCAAAAATAGAAGGCGACTAGTTAAAGATTAAAATAAAAGGATATGCAGATGA  
AAGACGTAAATGAAGTAGCAAGGAATTTTGATTTTCATGGCGAGGCACTTGATGATATTTTCGACACTTACTCCA  
CGCTTCGTATGGATGCCCTGTGGGGCGCAGTGAGAACTACGGTGGTTTTCTGGTTCCTAACCAAGAGTGACGATA  
TTTTCGCTGCGGAACAGGATCCGGAGGCCTTCTCGGTATATCCCTCTATGATGGTTCGGTTCGGTTCGGAGGGGA  
TTCAGCTTCTCCGATTGATATCGACCCGCCGGAGCATAACCGCTTACCGCCGATTTCTCTGCCGTGTTACAGC  
CGCAAGAGTGAAGAACTCGAGCAGCCTATTCCGGATACGGCGCGAAATTGGCCGAGGAATTCGCCAAGGAGG  
GCTCTGGTGCCGATGCGTCTACCATTATTCTCGGCCGCTTCCAACAATCATTTTTGTAGTCGCTTGCAGTTACC  
CTGAGCAGGATTGGCCGAAATTCGATAAAATGGGTTGACGACATCATTATGAGCGAGTCGAAAAGCCGGAAAGTCG  
CAAATCAGGCCAGTAAAGATGTGTTTCAGCTATTTTGAGAACCTGCTCGATAACTGGAAAAGATGACAGTGAGTCGG  
CCAATTTGATCGACTATCTCTGCCGCGCAAGATCAATGGTCGCCCCTCACCAGAGACGAGTTGCTGCGCTATT  
GCTATCTCCTCTTCCCTGGCTGGTCTGGATAACACTGCTTGGTCTATCCGAGCTGGTCTTTGGTATCTCGCAACA  
ATCCAGCAGATCAGCAGAAGCTACGCGATAACCCTGATCTAATCCCGCTCGCTTGCGAAGAGTTTCTGCGGACTC  
TATCTCCAGTTTCCAGTAATGGCGCGTACTTGCCTGAAAGATAACCGTTATTTCGCGATCAGGAGATCAAGGCGGGTG  
AGCGTGAATGCTCGTTTTTCCGGTGTGGTAACCGAGACGAGGAAGTTTTCCGAATCCGATAAGATCGATATTG  
AGCGCCAAGAAAACCGGCACCTGGCATTGGCGGTGGAATTCATCGGTGCCCTGGCTCGAACCTTGGCGTTCGCG  
AACTCGTTGTAGGTATTGAAGAGTTCCTGCGTGTGTTCCCCAGTTCAAACCCGAGATCCGTCGAGAAAATGGC  
ACGGTGTCCGACCCTTGAAGCTCGTTTTTAAACGGGAGAAGAAAAATGAAAGTAACTGTTGATAACGACCCT  
GTCAAGGTCATGCGCGTTGTGTCTATTTTCGCCCTGAAGTCTTTGAAAATCGATGACGAAGGTTATTCTAAAGTGA  
AGGCCGGTTGCGAAGTTGTACCGGCAGAGCTCCAAGAAAGCGTGAAAAAGGCATGTGCCAATTGCCCTGAACTCG  
CGATAAAGATTTCTTGAGCTAAAGTTAAGGGGCGGATCTATGGAAAAGCTTAGAATTTCTATTTGCGATGGCAAC  
ACGGCAGCTGATCGAGCTTCTTTCAAGAAGTTTGTGGATATGCTCCAAGCAAACACTTTGAGCTGATGCTGAAG  
CGTTGCAGTTACAAAATACAGACGGATATTGCTTATCCGGCGGATCCGGATCCCCTTCGCGTGTCCCATTAGGG  
GCTTATGATGGAATTTCTTTACTGGCTCCAATCCCACATATAACAAGCAGGATCCAGGAGTCTTACGGCAAATA  
GAATTTGCCAAGGCGCCTTTGAATCTGGTACTCCGATGTTTCGGTGTGCTGGGGATGCAATTTGCAACTGT  
GCCGAGGAGGAGAAGTACTTCCGAGTCGAGCTGCTGATTGCGTGTGCGAGGCACCATTGCTTCGGGAGTTCAA  
CTGACCGAACACGGATGTTCCACCCCATGCATCAGTCAAGACCAGCTGAATTCGATGTTTTTTTTCTTTTCATTCC  
GATGAAGTCATTAGGCTCCCCTATGGAGCCATTGTGACGGCCGCAATCGCAACTTCATTACAGGCTGTGAGATC  
CGGTATGGAAAATCCACGTTCTGGGGGGTTCAGTACCATCCAGAGTTATCGGGGCTGGATCAGGCAGGATTCCTT  
AGAGAGAGCGCAGGGGCACTCGTGGCGGATGGCCGTTATGAGTCGCTTGAAGCATGTCGAGCAGCTGCACAAGCA  
ATGTCGCGCTTTTCAAGATGGAGTCGAAATTTCCGAGGAGGATATGATTCAATTCGAAACCATCAACATGAATTCG  
TTCGAGTTCAGACCACTCGAGATCTTAAATTTGGCTCACGCATCTCGTCATCCGACTGCCAATGCAAGTTGGCG  
GTAGGGATGGAGCAAGGTGATTGATCTAATGATAAACACCACATCTCATAAGAGTTGTGTGAAGTGTAAACAGCG  
GAGAATAAAAATTTATGTCATCGCCTGTATCAGTACAACCAAGGGAAACCTTGGGCCGATTGGAATAGCCATGAT  
GGTAGTTGCGACTGCAGCGCCATTGACTGTGATGGTAGGAGTGAGTCCGTTGATTATCGGGCTCGGAAATGGCGC  
CGCGGCGCCCATGAACGCTATCATCGTTGGCATTGTGATGCTTCTATTTGCCGTTGGTTTTCTGCTCGATGTCGAA  
GTATATTGAGAACGCAGGAGCGTTCTACGCTTACATACTCAAAGGAATGGGTAGAGTAACTGGTTTTGGGGCGGC  
GTCACTCGCTGTGTTCTTATACGCTTATCTTGATCGCCCTTGGAGCCTATATCGGGGTGGTTTTGAGTGATGC  
GCTTTCCGACTTATTAATGTAGAATTGCCTTGGTGGCTATACACTATTGGTGTGTCGCGTTTTGTGGGGCTACT  
AGGTTATAGAAATATTGAGGTGAGTACCAAGATACTTGGTGTGCGCTTATATTGAAAATTAGTGTGATTCTGCT  
CCTCAACCTGGCGGTGATCGGCTCCATTGGGTGGAATGTTTTGGATTTCGAGATCCTTGAACCTCTACGTTCTCT  
CTCTGAGTCCCCTGGCCTTGGTATTTTGTTCGCGATCTTCCGTTTTCATCGGATTTGAGTCGAGCTAGTCTATCG  
CGAAGAGGCTAAAAATCCCGAGCGTTCGATCCCGTGGGCGACGTATATCGCAGTGATATTCATCTACTCTCTA  
TTTTCGTTTTCCATGTGGTGCCTGGTGGAGCGGTTAGGTGTGAGGATGTGGTTCGTATATCTACAGAAAATGCTGA  
AGGGATGATTTGGATCTGGTACTGGTTACTTGGGGGGGGGATGCATGATTTTGTGCTCAGGTTTTGCTCATCAC  
CAGTCTATTTGCGGTGGTGAATTTGATTACAATATTATCGCACGTTATAAATACGTCCTTGGTAGTTGCGGAGT  
GCTTATGGCGAATCTCGCCAAGGTTTCATGCAACTCATTATCACCTTATGTTGCATCTGCAGTTCAGACCTTTAT  
TTCGGTAAGCCTTCTCCTAGCTGCCGCTCTTGTGGGGCTTGTATCCTGTTACGGAGATTTACGCTTGGGGTGC  
CGCCGTAACCTTTGGGATATATGATCATCGTCTGCTTGGCCTGCCTTTCCGTCATTTGCTTCTTTGCTAAACATCC  
CGAAAGTAAGAATGTCTGGAAAACGAAGATTGCACCAGGACTTGCAGTGGTAGGGCTGATTGGATTTCATGTACAT  
CGCGTTCAGCAACTTGTCTGCAGTACCAGGTTAGTCAAGGATATGATGCGATTAATGTCAGGATTTGTCAGCTCGAT  
TATCGTAGCGTTTGTATCGGGAGCGGAGGCGCCGCTTATGAAGCTGAAAAGCACCACAGCGCTTTGATGCCAT  
TCTGAGCCATATGAACTGAAGCTCTGAAGTGATGCTGGCCTACTGTCCGGCAACCAAGGTAGGTCAGTATTCGAT  
TTGACACTTCTGTGAGCCACAGCCAAAAGTTGAGTTTTAGTGGTGGAGTACAAAATGGAAAAAACTACTACGAGT  
CCTGTAGGCGCTACCTATTGGCGGAGCAGAGCTGAAAATGTTGAGTTTTGAGGGCCGATGTCTGATTGACGGGAAG  
TTAATTGAAGCCATTCCGGGACAACTTTTACTGTGTGTCCCTGTGGATGGGCGCGTGTGACGAAAAGTAGCT  
GAAGGTGGAGAAGCTGATATCAACAAGGCTGTTGCTGCCGCCCCGGGCTGCCTTTCAAGACCGCGTTGGGCGGG  
CAGTCGCGATCTTCCGTAACACGACGCTCCAAGCCTTTGCTGCGCTAATCCGCTTTCATCGAGACGAATTTGGCG  
CTCTTGGAAACGCTGATATGGGGAAACCCATTTGAGTACGCGGAGCGTTGATGTCGAGGACGTTGGCGAACTGT  
TTCGATTGGTACGCTGAAGCCATCGATAAAGCTATATGAGCAGATTGCCCGACGGCTGAAAATGACTTGGCGCTT  
ATAACCCGTGAACCGTTGGGTGTGGTCCGATCGTACCCTGGAACCTTTCCCATGCTCACCCTGCATGGAAG

GTGGCACCAGCGCTGGCGACCGGAAATTCAGTAGTCCCTCAAGCCGGCCGAACAATCGCCACTAACAGCCATTTCGT  
CTGGGCCAGTTGGCGCTAGAGGCAGGCATTCCCTGAGGGAGTGTTC AACGTTGTGCCCGGATTTGGCCGGTCTGCC  
GGTAAGGCGCTTGCCTGTACATGGATGTGCGATGGCATTTCCTTCACTGGATCCACGGCGACGGGACGACTGCTG  
ACTGAGTACGCTGCAAAGACCAATCTGAAGAGGGTTTGTCTGGAACCTCGGGGGCAAGAGTCCAAATATCATTTCTC  
GCCTCCTACGGTGACATTGAGAAAGCAGCGGTGACCGCGGCTGAGAGCATGTTCAACAATCAGGGGGAGGTATGC  
ATTGCGCCCTCCCGCTTGATCGTCGAGCGCTCGATCCACAAGCAGGTTCGTTGAGATTGTTGCCGAAATTTGCTAGG  
CAGCGTCAGCCTGGGGATCCGCTTGATCCGGCTACGCGTATTGGTGCTCTGGTAAATGCCAGCATGCTGACCGG  
GTGATGGGCTTCATCGAACGGGCAAAGACGGACGGAGCCACGCTTGCTGCGGGCGGGACGCGTTCGTTGACCGAA  
ACCGGTTGGTTCTTATGTGGTGCCGACAGTTTTTGGACAATGTCTCCAATGATATGGAGATCGCCCGTGAAGAAAT  
TTCGGTCCAGTGTGCTGGTATTCTGTTTCCAGCGTGGACGAAGCAGTCTCAGTCGCCAACGATAGTCCCTAT  
GGCCTTGGTGACGGGGTGTGGACTGATAGTTTTATCCGACGCACATAAGATATCCCGCAAGCTGCGAGCAGGGGTT  
GTTTTATGTCAATTGCTACAACGACTGTGACATAACTACCCCTTTTTGGGGGGTCAAGCAATCTGGCAATGGGAGG  
GATAAATCTCTTTATGCTCTTGATGAATACACCGAACTGAAAACAACTTGGATTTCGGCTGTAGTCGTGAGTGGCC  
ATGCGGTATGCATGGCCAACCTGCTGCTCAGAGCTTGTCTGATATTACGTTTCGTCAAAATAGAACGTAGGATC  
TACTACGCTCAACATTGTGGGTTTCGGTTAAAGGTTTTCTATGTGCGTGCTTGATGCTCGTAGTGTCTTGAAGGCG  
GAACCAATTTTTCTTCGGATTTAACTTCTATATGGTGGTATTTATTTATTAACGCAGGCGGTGGCTTTTCGACT  
TCTTGGCCACCCTCCTGTGTACGGCCTGCAAGGATTATTTACGGGCTACGCACGCAACTTGTGATGTGTGCG  
AGCGTAGTGCCTAGTCCGTAACCTTCTCGAAACCATAAGTCGTGTGCGAAATACTTCTTTCGAGTGTCTCTAAA  
ATACTGTAGCCACCGTGGCCCTTTGATCATCTACGACTAAACAGCAAGAGAATTACGTCATGGCACTTACCCTT  
GAAAAATCGCTAGGCGCATGACGGATGAGTTCAAGAAAGATTGCTGCGTCAATCTAGGCATAGGTAATCGAATG  
TCGGCCGTCGAACACGTACTTAATGTACCTTCGAGCATGAGCGATGTGCAAGCGCTGGTGCAGGTTGCGGTTTCGC  
AACCGCATCGGCCACCTTACCCTCAATAGACCGAATGGCTTGAATGCTCTGAGTCTGCTCTTGAACAGTTGTAT  
GCCTGGGAACAGGATCCGTACATTCTCGCCGTGGTGCTGCGCGCCACAGGGGAGAATGCCTTCTGTGGCGGCGAC  
ATTACATGCGATACGACCGCCACCAGTTAGGCGGCAAAAGGCATGAGATTTTCTCGCAGAGGAATATTTCCCTC  
TGCGAATAACATCCAAGCCTATCCCAAGCCTGTCTGGCACTGATGGATGGCTTCGTGCTCGGCGGATATATGGGG  
CTGGTTCAAGGCGCTCACTGCGGGTGATCACTGGACAAGTGAAGATAGGCATGCCGGAAGTAGGCATCGGTTTC  
TTTTCAAAGCGTCGGCGGTAGTTACTTCTGCGCGCTTGCCCGGAGTTAGGCATTTATCTGGGCATCACCGGA  
TTGCAGGTGCGCGCCCGCATGCGCTCTATGCACGCCTAGCCGACTGGTGCTGCCAGAGAGAGGTCGCTGAA  
CTGGATCGCTGCCTAGATCAAATGAGCTGGACTGCGCATCCACAGGAGGCCCTGCGTGCCGTGCTTGCCACACTT  
TGACGAACAAGCTTCTAGGCTCGGAGCTCAAGGCTTTACGTCGGTTCATCGACGCGTACTTCGCTCTGCCCGAC  
TTGCCGTGATTCGCACAGCACTGCTGGGGGAAAACCGCCCTGAGTTTCAAGATTGGGCTGAGGAAACTGTCAAG  
GTTCTTGACAGTCGCTCACCGCTGTCCAAGGCCGTTACCTTGAACCTGCTGCGCTGCGGTGCAAGCTGTCCCTG  
GCCGACTGTTTCGCCCAAGAATTGCATCTGGGCTACCAGTGGCGTGACAAAAGGCTACTTCATGGAGGGTGTGCAT  
GCCTCGATCATCGACAGGAACGAGGCCCGGGCTCGAATCCACCTACCCTGGAGGGGCGTGATCCACACAGGCG  
CAAGCTATCTTCGCCGGCGTCAAGTCCGCGGCTGAAAAAATCCGGCGCACGGTCAGAACTCCACAGAATAAGAGA  
GATGCTCAATGCACGAACCTCGAAGTATTCTAGTGAAGGCATGATCCGCGACGTTGCCGTGTCGCGGCACCGTGC  
CTAAGGCCCAACATATTCAAAAAGTGCCTGCATTGTGCGATGCCCTGGTGCACAAAATGCGGGACCAGGGCATGT  
CCGGTTTTGGTGGTTCCCGAACTAAGGGGGCGGCAGCTATATCAATAACGTCGCCTATGCTCTGGTTCGAGGAGGGGA  
CCTCTGTGCGCAGTTCCGTGCGGCGGTTGACGTGATTCATAGTTCTGTGCGCTTGGCGCTTGGCCCTGAGTTTCG  
ACACTCAGGCAGTGAAGGGATTCTGGCTAACTGACTTGAACAACGGCCAGGCCATTGTGACTACTGCTTGGCCG  
AACCGCTGGCCGGCTCCGCAGCACCAATCTGGGCCACTGCGCCGAGTTCCGCGATGGCCAATTTGGTGCTAAATG  
GTGCCGACCTCCTCTGTGATACCCCTTTGCGCATGGCATGCGCTTACCCGGGAAGCCTGCGCCTTTTTTATTTCGA  
TGAAGAGATGCCCGGTGAGAGCCCTGGTAGCCGTCACATCGTGGTGCATGCAACGCCAAGATTCTGTGCTAGAG  
GGACAGTGGCAGCGTCGATTTTTGCCAAGGTCTAGATGTGATGAATTCGTTCTGCGATATCGCCGTGGTGTGCGAT  
CGGCCCCGATTGCTGCGCAAGAGCGGCAGCGTACCCTGCTGCTGTAAACCAGCTGGGTCACTTGGGCAACTC  
CAATGGCGAGCTGAAATCCCTGGCCCCGGGCAAGCTGCTCAAGGCCACGGTCGACAAGGAGTAACCGCAGTTGGT  
GATCTTCGGCAAGCAAGTCGACAGGAGTGCAGCCTGACTGGCCAGATGCTTCCCTGAGCTGGAAAAAGACCCGCGG  
CGAGACTCCACTGATGCCACGCAGCCTCTATTGCCGGTCCACCTAAAAGAAATGCCGTTAACACATGGCAGGACGGG  
ACGGGTTAAAAGAAATTTACTGGAGACTTAAATTCACATTTGGTGTTCCTACTCGAGACCCATGCCGGCGAAA  
CGCGGGTTGCCGCGACGCTGAGACCATCAAGAAGCTGGTGGAGCCAAGGCCACCAGGTCACCGTGCAGAGCGGAG  
CTGGCATTAGCGCCAGCATTCCGGATGCGGCCTACCAGGCGGTGCGTGCCTCATTGGCAGCGCCGCCCGCCCT  
TGGGCGCCGATCTGGTGTGAAAGTGGTAGCGCCGACCGACCGCAACTGGCCACATGAAAGCCGGCGCGGTGC  
TGGTTCGGCATGCTCAACCCGTTTCAGCAACGAGACCATCGCGCGCATGGCCGCCCGCGGCATCACCGCTTCGCCC  
TCGAGGCCGCGCCGCTACCTCGCGCGCGCAGAGCCTGGATGTGCTGAGCTCGCAGGCCAACATCGCCGGCTACA  
AGGCCGTGCTGCTGGCCGCCACCCTACCCGCGCTTCATGCCGATGCTGATGACCGCCGCCGGTACGGTGAAGG  
CCGCCCGCGTGTGATCCTCGGCGCCGGTGTGCGCGCCTGCAGGCCATCGCCACGGCCAAGCGCTGGGTGCGG  
TGATCGAGGCCTCGGACGTGCGTCCGGCGGTGAAGGAGCAGATCGAGTCGCTCGGCGCCAAGTTCTGTCGACGTGC  
CGTGTGAGACCGACGAGGAGCGGAGTGCAGCGCAAGGCGTTCGGCGGCTATGCGCGGCCGATGCCGGCGTCTGGA  
TGGCGCGTCAGGCCAAGGCGGTGCACGAGCGCGCAAGCAGGCCGACATCGTCATCACACCAGCGCTGATCCCGG  
GGCGCAAGGCAACCGCACTGCTGCACGAGGCGCCACCGTGGCCGAGATGAAACCAGGCTCGGTGGTTCATCGACCTG  
CCGCGCGCAAGGCGGCAACTGCCCGCTGACCGTGCAGGAGGTTGGTGGTGCAGCAGCGGCTGACCATCGTTCG  
GCCACAGCAACCTGGCCGCGCTGGTGCCGGCCGATGCTCGCGCGCTGTATGCGCGCAACCTGGACTTCCCTCA  
AGCTGGTTCATCGACAAGGATGGCCAGTTCCACCTCAACCTCGAAGACGACATCGTCGCCCGCTGCTGATGTGCA

CCGGCGGTCAAGTCGTGCGTAGCAACGGCGCTCCCTCCGCGACCGCTGCTGCGCAAACCGAGAAAGAGAACGCAT  
AAGGATAGAAACCATGGACCTGATTTCCGACGGCATCTACAACCTGATCATCTTCGTGCTGGCCATCTATGTTGG  
CTACCACGTGGTGTGGAACGTACCCCCGGCCCTGCACACCCCCGCTGATGGCGGTGACCAACCGCATTTCCGCGAT  
CGTCATCGTGGCGCCATGCTGGCCGCGGGCTGACCGTGACCCGCTGGGCAAGACCATGGGCACCCCTGGCCGT  
GGCCCTGGCCGCGGTCAACGTGTTCCGGCGGCTTCCCTGGTTACCCGGCGCATGCTGGAAATGTTCAAGAAGAAAAGC  
GCCGAAAGCCGCTGCAGTGGAGAAGCATTGATGAGCATGAACCTGATCACTGTTCTCTACCTGGTCGCCTCGATC  
TGCTTTATCCAGGCGCTCAAGGGCCTGTGACACCCGACCGTTCCGGCGCGGCAACCTGTTCCGGCATGCTCGGC  
ATGGCCCTGGCCATCGCCACCACCGTCGGCCTGATCTACAAGCTCGGTGCGCTCTCTTTGAAAGACGGGGGCGCC  
ACCCAGGGCATCGGCTACGTGCTGGTCGGCTGATGCTGGCGGCGGCAACCTGTTCCGGCATGCTCGCCATG  
GAAATGACCAAGATGCCCAGCTGGTCGCCTTTCATGCACAGCATGATCGGCCCTGGCCGCGTATTCATCGCCATC  
GCCGCGGTGGTCGAGCCGAGTCGCTGGGCATAGTCGCGGCGCTGGGTGATGCGATTCCGGCCCGTTAACCGTCTG  
GAACTGTTCCCTCGGCGCGCCATCGGCGCCATCACCTTCTCCGGTTCGGTGATCGCCTTCGGCAAGCTGTCGGGC  
CGTCTTGATTTTGGCAGGAAGTTCCGCTGTTCCAGGGCGCGCCGGTGCAGTTCAAGGGCCAGCACTGGATCAAC  
CTGGCGGTTCGGCCTGGCGATCCTCGGCCTGGGTCTGCACTTACCTTACAGCGGCAGCCTGAGCGCCTTCGCCATC  
CTGCTGGCCCTGGCCTTCGTATCGGCGTGCTGATCATCATCCCATCGGCGGCGGACATGCCGGTAGTGGTG  
TCGATGCTCAACAGCTACTCGGGCTGGGCGGCGGGGATCGGCTTCTCGTGAACAACTCGATGCTGATCATC  
GCCGGCAGCCTGGTCGGTTCCCTCGGGTGCATCCTCTCCTACATCATGTGCAAGGCGATGAACCGCTCGTCTTTC  
AACGTGATCCTCGGCGGTTTTCCGGCGGCGGACTGAAGCGGCGGCCCCCGGGTCCCAGGAAGCGCGCCCGGTT  
AAGTCCGGCTCGAGCGACGACGCCGCTTCCCTGCTGACCAACGCCGACACCGTGATCATCGTTCGGGTTACGGC  
CTGGCGGTTCGCCGTGCCAGCACGCGCTGATGGAAGTGGCGGAGAAAGCTGACCCACCGTGGCGTCACCGTGAAG  
TACGCGATCCACCCGGTGGCCGGGCGCATGCCGGGCGACATGAACGTGCTGCTGGCCGAGGCCGAAGTGCCTTAC  
GAGCAGGTGTTCCGAGATGGACGACATCAACTCCGAGTTCGGCCAGGCCGACGTGGTGTGCTGGTGTGCTGGCGCCAA  
GACGTGGTCAATCCGGCGGCGAAGAACGATCCGAAGTCCGGATCGCCGGCATGCCGATCCTCGAGGCCTACAAG  
GCCAAGACCGTGCATCAACAAGCGCTCGATGGCCAGCGGCTACGCCGGCCTGGACAACGAAGTGTCTACCTG  
GACAAGACCATGATGGTCTTCGGCGACGCCAAGAAGGTGATCGAGGACATGGTCAAGGCCGTCGACTGATGTCGC  
CCCCGAAATGATAAAGCAGGCCCTCGCGCTAATGCTCTCGTTCAAGCGGAGCGGCACTGTTTCGCCGGAT  
GGTGGGCTTTGAGATTTTACCAGCCCTTGGCCCTGATGGCCTTGGACGGTGATCTAGCAACAGCCACGGATGC  
CTAAGTGCATGTGCATGGCTGTCAAGCGCCTTCTACGGCTGAAATCGGTTGTCTGCAGTCATCATGAACGTTG  
CACTGCAATGTATCGGAACGCCGGGTTAAGCGTAAATCCGTTGGAGAGTACCCAAACGCTACCACCTGACTCGCT  
TCGCTATGAATGACGTTAGAGCCCAGCAATAGCTGAGCACTTAGCCACTGAGCACGTTCAAGTGCAGCAAAACAGGG  
TTGTGCCGGGACGCTCGTAGTCACGGGTAACGCTTTCGGCGTAGCCGAAGCCATGGGTAACATCAGCTGCGTGC  
GCTCCAGGGCCTGGCACTGGCTCTTCTCGTGAACAACAAAGTACCAGGGCATTCTCAGGTGGACTCAGGTGCTGAC  
GTCACGACGTGCGAAGTTTTCTCGATGAAGAACGGGTGCTTGGACAGCTTAAACCTGGCCCCAGCCGAAGAGCC  
GAAAGTACCGCTGCACGCTGTTCTTGGAAATGCTAGTTTCCGGGGCTACCGTTTCGCACTCGCCGTTTCGATGAAGC  
GAACGCCATTTGCCACGGAGACCTGGTTCATCCTCACGCGTTCGGCAATCGCCTTGTTCGGTTCGCCGTCGGAA  
CTGCAGTGGATGATGCACGCCCGGCTGCTCTGTGCCGAGAAGAGAGCAGCTGCGTAAGAACGACTGCACCTGCG  
AAAGTGCCTCACTCAATAGCCATTCGGTCTTCGGTCTGCCCGTTCTGATCGCGGTATATGGCCCCATTAATGA  
CCGTATTAACCATCAGGACATTTACAGGGCCATCTACCCTACGTAGGCATGTGGCTGCTCTGAGTCGAATAAAA  
TGCTGTGCGCCGCACCCAGTGTACAGGGTCGTAATAAGCGCTGAGCAGCTGTAGCTTACCTGAAAACGACAAAAGA  
TGAATCTTGTCCAGGATGCTGCCTCCATCCTCCAACCTTCGTCAGGTTGGATGCAGTTACTGTACGTTCCAGT  
ACAAATTTGTGATCTTCTTTGAAGTCCGAACACAGGCTTTCAAGGTGCATGCCTGGTGTATTTGAGCGTCGCCGG  
ATTGCTTCCAGGTAATGGTTCGTGCGCCCCGTCGTTGGGGTTTTGCCTGTGGAAAGGAATTTTGTGCTGGAACCT  
GCAGGATATCTGCGATCTTGAGAGCGACCGAACCTGAGCTTGGCTTTGCCGGTCTCAATTTTGGACAATTTGTG  
AGGCCGAAATGCCAAGCTCACGGGCAAGCGAACCTGAGGCTGATCCCCCTCAAGTTGCGCTGATTTCTGATTTTAC  
TCTCAATAGACACGTTGAGCTGTTTCTTTTGTGTTAAGCGAAAGGCACGAGTACCTTACGATGAGCCATGAGCC  
TAGCACAGTGTGCTATTTTTGAACACGTCGTTGTCTTTTTCGTGACGCTTTTTCCCTTTTTCCGGCGCCACTGGTGAGC  
GTGGCGAAAGACGTTTTGCCTACAGCAAGAGTGAGTGGCTCCTAGGCTGCAAAAATGCCTGATTTGAGTTTACAGCGG  
CCGTTTTCACTCAGGCGGTTTCGAGCTGGTGAGCTAGAGCGTCAATGTGTTGCTTTTTCCGGCGATAAACGATTCGCGC  
GCCGCAACTCTAGGCTGTTGAGTCTTAATTTCTTTGGGAGGAAAACCCCGGCGGGAAGCGCCGGGGTTTTTGTGAT  
GCTCAATATTTGAGCATCAGACCGCCGTCGACGATGAGGTCCGTTACCGGTGATGTAGGAGGCTGCATCGGAGAGC  
AGGAACATGGCGGCATTTGCCATATCGTCAGCAGCACCTACGCGCCCCATCGGAACGTAGTCACCGGCATTTCTTG  
ACCTTATCCGCGGTATCCAGCGCGCCTGCATGGGGTTTTGGGTGATGCCGGGATAAATGGTGTGGAGCGGATG  
CCTTCAGCGGCGAGTTGCATGGCGATCGACTTGGAAATTCGCGGGGATACCGGCTTTCGATGCCGCATAGGCGTCC  
TGCGGAGCGGTATCGCCACGCAGGCATTGACTGTGGAGAAATGCACCATCGAACCGCCACCCGATTTCCGCATG  
TAGGGGACTGCTGCGCGAATGGTGTGGACTAGGGATTTTAGGTGATTTCCATGACCTTGTCCCAAATGTGCGAGG  
TCGATGTGCGAGCAACGATACGTCCTTACCGAACAGAGTACGCCGGCGATGTTGGCCAGGTAGTCGATACGGCCG  
AACTTATTGAAGGCAGCACCTACCGCCTCGCTCACGAAGCGCATGTGAGTCAGGTCACCTTGTGCATAGATGAGC  
TTGTGCTTGTCCAGCTCTGCCGGCTTTCCCTTACGTCGATCGCTAGCACGGACGCACCGGCTTCGAGCATT  
TTCAGGGAAAGCGCCAGGCCCATGCCGCCGCGGACCGGTGATGACGGCTACGCGACCAGTGAAGTCGATTTTGT  
ATCATGTGAACCTCCCGTTTGTGTTGTTTTGAACTCGTTTGCCTGAAGTAGTGCCTAGTGTCTCTTTAGGCTCT  
AATGTATCAAAAAGGAAACATGTGTACTTATATGTAAGTGTGTTGCTCTCTCTCAACGCGCTGGGCTTTTCGTGAG  
ATCGCCGTGAGTAGTTCCAATCAGGAGCGCGGTGCAGCGCCGCAAGCAAATGACAAGCAGGACTAGTAGCAACG  
CAGTCTCTGCGTGCCCTTGCATAGAGGGCGCTTTCAGTCCGTTAGGCGTTTTCTGGTGCGTAAGGCCCGCCCTAAG

GAGGCGGACTCCGAAATGCTCCATTTCTCTGGAGTCCGAAGGGGATGAACAGATCGTTGCTGATCTGGACGAAT  
 TTCCTAGGTGAGACGTTTTATGCCGCTGCACCAGCGTGTGGCCTGGTGATCTGGACGGTTTATAGATCGGGCGCTTA  
 GTACGCCAGCCAAGCTGGCAGTTGATGAAGGGTGAAAGTCCCTACGAGAGATGTCATGACGAGACACCTCGACCC  
 CGAGTCAGGTGCCGGCCATCGCGAAGTGTCCGGTGGAGCCATATGCGTAATGTTCCGCACGTACGGATTTGCGCGG  
 GGCGCAGGGGGGGGGGGGCTCATTCCGACCCGCACTGAAGGCCGATTTCGTGATGCTTCTGCTAGCGGGCGGACT  
 CTGACCATCGTGCCTTCCGGGATGCAGTTACCTTGGCGCAAGGCTGATTTTTTTGAGAAAACGTTGTTGCCATTTT  
 GGAAAGCAAGGTATTAATGGAACGTTTAAATGGGTTTCGACCAACCTGCCTCACAAGCTAGGTCTGACCGGCAG  
 AACGCAGAAACATACAAACGACAAAAGGGAGCCCCCACAAATGCCAAGGCCAGTTGTTGCCATGCCCCGATGTA  
 TTCGTGAGTTGGAATAACAGCCTTGGCACTGCGCACAACTCAATATGTTTCGCGCGGTAACCAAGTTCGCCAAC  
 TCATGACGCTAATCGTTCCCGCACTCGTTCGAGGGCAATGATGTCGATGCCCTGCTCGACCGCTCGACGGACTCA  
 TCGTGAGCGGATCGGCAACAAATGTTTCATCCGTCGCTCTATGGCGAAGCGGCAGAAGAGAACGATGGGGCGTTTG  
 ATCAGGCGCGGATGCAACCAGCATCCATCTTATCCGCGCCGCCATTGAACGCGGGATGCCACTGCTTGCATCT  
 GCCGGGGCATAACAGGAGCTGAACGTCGCACTAGGCGGGACGCTCGGCCGAGACATCCACGAAAAATTGGGGCATTT  
 TCGATCATAGGTTCGCCGAAGGTTCTCGCGACGATCGATTTCGCTATTTCGCCATTTCCATTTCCATCGAGGAAGGCA  
 GCTGCATCGCCCCGGGTGCTAGGTGCCAATAAAGCCATGGTCAATTTCGCTGCATCGGCAGGCAATTGAGCGCCTGG  
 CTCCCGGCTTGTGCTCGAGGCTAGAGCCGAAGATGGCAGCATCGAGGCCGTTTCAGTCAAAGACGCACGTGGCT  
 TTGCCTTGGGCGTCCAGTGGCATCCCGAATATTGGGCAGAAACCGACAGCTCCTCGAGAAGCTGCTCGAAGCAT  
 TCGGAGATGCAGTGCCTAGCTATCAGAAAGCAAAGCCACCTAACGTTTTGCTGTCTGCAGATAGAGCGTCCAA  
 TCGCCAAAGCGACACCCAGCTCAAACCTAACCCACATGCATCAGGAATAAGAACAATGCGCGCAGCCGCTATGAA  
 TCATTCCAGGGCAAAATTACCGTTTCAGACCATGCCGGATCCGGAACCCAGCGAGTTCCGGTCCGTCATCGAGGTC  
 AAGGCGAGTGGCATCTGTGCAAGTGATTGGCACGGTTGGGTTCGGGCACGACACTGATATCGTGCTGCCCATGTA  
 CCCGGTCATGAGTTTCGCTGGCGTTGTGCTGCCGTCGGGCGTGGTGTAAACGAAGTGAAGGTGGGTGATCGCGTC  
 ACCATGCCCTTCATGGGCGTATGTGGTTTCATGCCGAGAATGCTCGTCAGGTAACGAGCAAAATGTGCGATCACCAG  
 TTCCAGCCGGGCTTCAAGCACTGGGGCTCGTTTTCGCAATATGTTGCTATCGATATGGCAGATCGCAATCTGGTT  
 GCGCTGCCGGAGGCGAGTGCCTTCAGTACGGCCGCTGGGCTAGGCTGCCGCTTCGCCACCTCCTTCCGCGCCATG  
 GCCTTCCAAGCAGGATCGAACCCCGCCAGTGGGTGCGCTGACCGGTCGCGCGGCGTTGGCTATCGGCGATA  
 ATGATTGCGAGGCACTTGGTGCCAAATACCATCGTATCGACATTCGCGATGACAAGTTCGCGATGACAAGTTCGCGC  
 CTCGCGCTGCCAGGACAATCAATGCCAGGCGAGTGCACAATGTAGCAAGTGTATAGCCGATTTGACCGCGCGC  
 GGCGCACATGTGTGCGTGCATGCGCTGGGTAGTGTGTGACCTGCAGAACTCTATTGAAAGCCTTAGGAAGAGG  
 GGAAGCATCTTCAGGTTCGGTCTGCTGGCCGGCGATCAGGCTCTGCCGGCTATTCCCATGGGACCGCTCGTGCTC  
 AAAGAACTCCAACCTTGGGCGAGCTATGGCCTGCAGCCGCACAAATACGGCGACATGCTGGCCATGATTGAGGCC  
 GGTAAAGTTAAAGCCTGAAAAGTTGATCGGGCGGACCGTTACTCTGGAAGAGGCTACAACCATTTTGCCGAAGATG  
 GATAGTTTTCCAAGAACGAGGGGTGGCGATCATTGATCGTTTTTAAAGACGCTTAGTGCATAACACGACTGGCTCT  
 TGACGTCGTCGGGACTGCCCATATGCACGAACCTGGAATGAGGAAGGATGTAATGGCTTCAGTTTCCGGGCGTGCT  
 TACTCATCGATTAGCCATTGAGCTGAATCTGGTAGGGTTTTCCATCAGGCAGTTTAGGTAGGAGTCACTCTGGAT  
 CGGAGCGTCGATCAGCTTGTGCCAGCTTTCCATAGTGTGACAGGTCGCTAGGGGTGAACAGCTCCAGCATGTGCT  
 GTGCTGATCTGCGGTCTGGTTATTCAATTTTAAATGCGAGCTCAATAAACTATGACAGCACTGATCTCATCTCCA  
 ATTATCCACTTCCGGTTCGTTACCATGCTCGCGGAGTCTTCATCTATGACGACTCAGGCAAGAGCTATATAGACG  
 GATCGGGCGGGGCAATGACAGTTTTCGATTGGCCATGGTGTGCCGGAAGTTCTGTCTGCCATGAGTCGCCAGGCGC  
 AGCAAGTCTGTTTCACTTATCGGACACATTTTACGAGCACCGCTGCAGAGGAATGGCGAAAAGAAATAGTGGCGC  
 TAGCGCCCGGCGATTTGAACAAGGTCTTCTTTGTTAATAGCGGATCTGAAGCGACCGAGCTCTCCATGCGAACTG  
 CCATTCAATACTGGCAGGCGCGGGGCCAACCGACAAGACGAAAATCCTGGGTGAGCCATCAGCTATCACGGAA  
 TGACAATGGGCTCATTGTGATGTCGGGGCACGCTGCGCCGCGGACTACTCAAACCTGCTCCATCAATTTG  
 CCGTTGCGCCGCCCTTACGCTTACGCTTCAAGTTCGAAGTCCAAATGATGGCACGTTTCGTTGCGTTCGGGAGA  
 AAATCATTACAGGAGCAAGGTGCGGACACCATTGCAGCTGTGATCGTAGAGCCCATAGTAGAGCCGCTGGGGGAG  
 CATTGACGCCACCGATTGGATACCTAAAAGCTCTACGTGAAATCTGTGATCGGCACAGTATCCTGCTTATATCCG  
 ACGAAGTGATCACAGGTATGGGCCGTACAGGGACGTGGTTTCGGGTGCGAGCACGATGGGATCGTTTCTGACATCA  
 TCGCAACAGGGAAGGGTATGAGTTCCGGCTACACTCCAATGGGCGGTGTGATAAATCGCGACGGCATAATGGAAG  
 CACTGGGAGAGAGGGTAAAGCTATTCCGGCCACACCTTCAGTGCCAACCCGCTGAGCGCAGCGACGTGCTTGGCTG  
 TGATCCGCTACATGAAGGAGCACGCGATCCTTGACAACGTTGACGCGGGTCGGTTCAGCTTGAATCTGGGCTGA  
 AGGATCTTTCCGTACGTTATCCTTGGATGGCCGATGTGCGCGGGCGCGCCTTCTTGGGGCTTCGAGTTCGTCA  
 AGGACGCCACTACGAAGGAGCCGATTGACGCGGCTCGGCAACCGAACCTGCGCTTCGCGCAGCACTGCTTCGATG  
 CTGGTCTCATTGCTTACCCGGCCGGCATAGCGCCGCTCAATAACTCGGCACCTCCTCGCCCCGCCCTTGTATCT  
 CGGCCAGCGAAACTGAGGAGCTGCTGTCCCGCTTGGAAATCGGTCTGCAGAGATTTGGTAAACGAAATGGGTCTCC  
 CGGCATAAGGCGATCCATCGCCGGTAGCGCTCAGGGAAACCGCGAGCGAGGACAGATTAACAATAGCTATTTCACT  
 GGGGCTCGGTTGCACAACTGCCTCCGATTAACGCAGAAACCCGGTTTTTTGACCGGGTTTTCTGCGTTTTACAGGCG  
 CACATCTCCTGTGTGCGCCAGCGAGTGTGACGTGTTCATCCATAGGTTTCGACAGGGCGAACAAAGATGACCAGTTG  
 CGCGGTGTTCTTCGCCAGGCCCGGAAGCGGGACCTCACGTAGCCGAACCTGCCGCTTGATCACTCGGAACAGCTG  
 TTCGACCGTGGCCTGTCCCTTTGGCCTTCTCGATCTTGGCCTTGACCTTGTCCAGCGCGCTACGCTTGTTCAACT  
 GCTTGTAAAGTGTCTCGCGGGCGGCGATCAGCCAAATGACCTGACCGCTTTCATGCTCGGGACGTTTCTCCGTCC  
 CGGTGACGCGCATCGGGACAGGCCACATTTCTCCTCGCCGAGCAGCTTGTGATCGGGTGGCATCGGCCA  
 CGTTGGCCGCGTATCCACGACGCTGTGCACCAGGGCGGACGCCGATATGCGCCTTCATGCCGAAGAGTCCCTGG  
 CCGCTTTTCTTGGTTTTGATACATCTCCGGTTACACTTGCCTTCAACCAGCGGGCATAACCTCTAGGTTCGGCGGT

AAACGTCTGCAAGCTCTGAGCTCGCTTCTTGGCGAGATCGACACTTGCATCGCAACCACATGAAACCGTGAGCCG  
ATGTTGACTCAGGTAGCACGTAAATAAATGATCGGCAGCCCTCGTGCTCCACGCTGTTTCATATTCATGGGAATC  
CATCTCGATCAGGAACAACCTTTTTGCGGGTCTGCTTGGCGCTTGCCGGCGTACTCGGCATCGGTGAAGGTCATTTG  
CTTCATCGAAAACTCGGCGGGTGGGAGTCCGGGTATTTTTCCAAAATCAGGAAGTCTCCTTCAGAGTTTCCCTTA  
GAGGGGCTTCTCGGGTGCCTAATTAGAAAAGGCTGTGGCCAGATTCTCGAAGAATGGCCCCGGATGCCCTCGT  
TGGACTGGGGGTTTCAGGATAATAATTCTTCAAGCCACTCGATTGAACATTTTCGGCTTTTTATGTTTATCCGGT  
TGATGAAGTGATCTTTATGGTTTCTAGGATATCTGTCTAATTTGGTTCTGTAGGGCTCGATGATTTTGTCTGGCT  
TATCAAGATCTCTAGGGATGGTCTGAAGTAGCCATGTATTTCCCGGCATACCACCTAGCGCAACTTTTAAACTC  
GCCAAATGATCAAAAAACAATCAATTCGACGAGTATTTCTTACGTTTTTCGCCACCCGACCCCACTCCGGTGGCC  
ATTTCCCGCATTACAGGCGCACCTCTCCTGCATTCGTGAGTAAATGTCGGCGGCCATCCACAGTTTCGACAGAG  
CGAACAGTGTACCAGTTGCGCCGTGTTTTTGGCCAAGCCGCGAAAAGCGCACCTTGGTGTAACCGAACTGGCGCT  
TGATTACCCGGAACGGATGCTCGACCTTGGCGCGCACCTGAGCCTTGGCCTTTTTCAATCTTTCGCTTGGCTTTGT  
ACAGCACGCTGCGCTTATCGAGTTTTTTGTAGGTGCTGCGGGTGGCCACCTGCCAGATAACTTCACGTCCTT  
CATGCTCGGGCCGCTTTTTCGACACCGGTGTAGCCTGCATCGGCGCAGACCACGTTTTTCGTCGCCATGCAGCAATT  
TGTCCACCTGGGTGACATCCGCCACATTGGCCGCCGTGCCACTACGCTGTGCACCAGACCCGATTCGTCATCGG  
CGCCGATGTGGGCTTTCATGCCAAAATAATACTGGTTTTCCCTTCTTGGTCTGGTGCATTTCCGGGTCGCGCTTGC  
CGTCTTGTCTTGGTTCGAACTGGGCGCATTGATCAGCGTTGCATCGACGATGGTGCCCTGGCGCAGCGACAGGC  
CGCGGTGCGCCAGATAGCCATTGATGACAGCGAGGATGCCGGCCGCCAGCTCGTGTTCCTCAGCAAGCGGCGGA  
AGTTGAGAATGGTGGTTTTCGTGGGGATGCGCTCCAGGTTTCAGCCCCGCAAACTGGCGCAGGATCGTGGTTTCGT  
ACAGCGCTTCCCTCCATCGCTGGATCGCTGTAGCCGAACCAGTTCTGCAGCAGATGCACACGCAGCATCGCCATCA  
ACGGGTAGGCCGGACGGCCACCTTACCTTTCCGATAATGTGGTTCGATCAAAGCAATCAAGCCCTTCCACGGCA  
CCACCCGATCCATCTCGATCAGGAACAACCTCCTTGGGGTTTTGCTTGGCGCTTGCCAGCGTACTCGGCGTCGGCGA  
AGGTCATCTGCTTCATCGGGAACCTCGGTGGGTGGGGTTCGCGGTATTTTGCCAAATCAGAAAAGTCTTTTTTCAGAG  
TTTCCCTAGGCGTGGTTCGGGTGATCTTGATTTTTGTCTATGTGGGTTTTGTTGGGTAGGAGTGTGTTTTTCTGT  
ATTTATTTATTTTTGGTTATTTTTCTTTTTGTTGGGTTTTGATTTGTGTAGGGGGTGGTAAATGAGACAGTAGGCT  
AAAAATAAAGGCTGCGTGCGGGAAAGGCTGGATTCTGATTGCATCGGGAAGATTTGTGGTGGTGGCGGTTTTCTA  
TTTTCTAGACGCTGATTATACTTTCCGTAAGAGATTTGAAAGATGCATCTGGCCTTTGGTGCAAAATTTCTAGATG  
CAAAATAAGAATAAAAAGAGGTTGCGCTAATGAGTAGATTGGGATGTCAAGGTATATCGCTAAAACGAGCAGCGC  
TGGCCGCGGGATTTGGCCTGTTTGCAGCGTATTCATCACTAACGCATGCGGATTCAGATTCAGATGGTGGGCTA  
GGGTAGGTCCTGGCTACATAAGTCTTGATGAAGATGTGACGCTAAAAGCAAAATGGTACAAAAGATTCCAGGCGCCC  
ATGCTGAGATGACAAACGACACCACATTGTTAGCAGAAATCGGCTACAAGCTGGATCGTAATTTGGTCCGTTGGGT  
TCACCTTTGGATAACCCCCCAAAAACAAAAGTTACCGGAAAAGGTAAGTCTGTAAGGGTTAGGTACGTTAGGGAAG  
GCAAAGTATGGGCTGCAGGGTTATCGCTTCAGTATCAGTTTAAATTCGAAGGACGATTTCCGCCCTATTTGGGT  
GCGGGTATATCCCGCCGCGTCAGGATAGTTGTCTGTGAGTTGATTTCGATGAGTCTTGGTTCGGTGGGCGGAAGT  
AGAGCCGTGTGGCGGTTATTCGATAGAGCACCGGGAGTGGGTGGTGCGGCAGATGATGCCGCCCTTGAACCGGA  
CGGTGCCGGAGCTGGTGAAGCGCAGAGGCATTACTGATGCCACCCTGTATGCTTGGCGCAAACAGGCCAGAGCAG  
CGGGAGCAGTGGTGCGGGAGATGGACAGCAGGCCGACCAGTGGTTCGAGCCAGGACAAGTTTCGGGTGGTGTGG  
AAAGCGCCAGCCTCAATGCGGCTGAGCTGGCGGAGTACTGCCGGCGCAAAGGCTGTATGTTCGAGCAGATCAACG  
CCTGGCGCGAAGCCTGCGAGCAGGCCAACAGCCTGGCTCAGCCGAGCAAGACCCGGCGCAACCGGAAGAGGAAA  
AGGCCGCGAAGAAGCGCATCAAGCAGCTGGAGCGTGAATGCGGGCGAAGGATGCGGGCTGGCAGAAAACCGCGG  
CTCTGCTGGTGTTCGAAAAAAGCCGAGGCGCTCTGGGGGAAGGACGAGGACGAATGATCAGCGCCCCGGATCG  
CCGTGAAACGCTGCAGTTGATCGAGGACGCCGTGGCGGTGGGAGCGCGGGCGCAGGCCTGCGCCGAACTGGG  
CCTGTACGCTGCGACGCTGCAGCGCTGGCAGCACTGCCGGAGGATCGGCGTCTTTCGGCACTGCGAGCGGCACC  
GGCCAACAAGCTGAGTCCGCAAGAGCGCCCGCTGCTGGAGGTCGCCAACCCAGCCGAGTTTGCAGCCTGCC  
GCCGAGCAGATCGTGGCGCGGCTGGCCGATCAGGGCACCTGGCTGGCCTCGGAGTCGACCTTACCCGGGTGCT  
GAAGGACGCCGAACAGCAGCATCCGCGCGGCCGTAGCCGCCACCAGGTGAAACGAGCGCTGACGACCCATGTGGC  
CGACGGCCGAACAGCTGTGGTGTGGGACATCACCTGGCTACCGACCACGGTCAAGGGCCGTTACTTCTACTG  
GTACATGATCAAGGACGTCTACAGCCGAAGCTGGTGGCCAACGAGGTGCATGAAAAGTAAAAGCGCCGAGCAGGC  
CGCCAGCTGCTACGCCAGGCTGCCTACGTGAACAGCGGGCAGGCCAGCCGCTGGTACTGCACTCGGACAACGG  
CAGCGCGATGAAGGGCTCGACCATGCTGGCGGCCATGCAGAACCTGGGTGTGATGCCCTCGTTCAGCCGCCCGG  
GGTGAGCAATGACAACGCCTATGCCGAGGCCCGGTTCCGCACGGCGAAGTACTGCCCGCTGTGGCCGAGCGGCC  
CTTCGACACGCTGGAGCAGGCCAGAAAATGGGTGAACCGCTTCTGTGGCCTGGTACAACCATGAGCATCGCCACAG  
CGCCCTGAAGTTCTGTGACCCCGGCGCAGCGACATAACCGCCAGGCCGAAGAGTTGCTGCGCAAGCGTATCGAGCT  
GTACGAGGCGGGCGCTGCACGGCACCCGGAGCGCTGGAGCGGCAACATCAGGAACCTGGGTGCTGGCACCATCGT  
GTGCCTGAACCCGGAGCGGGAAGCGGTAAGTGCAGCAACATCAAAGGCAGCGTGACACGCTCACGCGACAACCTAC  
CTTGAANAATCGCCGATATCCTACTTGGCTGATATTGAGCTCCGAAGATTCTGCGGTGCAAGGTTTTGGATGTTGATA  
ATTCGTGGGGAAAATTCATTCAGGTGGGCGCGGAGTTCTGGGCTGATGAAAAATATGGTGTCTTTGTTGATCTGA  
AAAAATTCGACTTGAAGCAGAATCATCCGGAACGCTGAATGGAATTCCTGTAACGGCAGAGAAGACTCTTGATC  
CGTAGTCTTTACACGGGGCTTGTAGTTAAGTTCTAGGCGGCGTGTGAATGTGGTGTGATTTTATAGAGTTAAT  
GCTGGCGAGATCGAAAGTATTGAATTTGTTTATGGCTGTTTTTAGGGTTGGTAGTCTTGGCCCGGGTTATCGA  
AATTTGGCCCATGACCTACTTTTTTGGATTGGTATTTAAAGACGAAAATTCGGTAACAATTAATTTCCGGTGG  
GTAGAAAAATGAAAATTCGCCAAATCAGAAATGCCACCTTAGTTATCGAGTACGGCGCAAGAAGTTTCTTATAG  
ATCCTTGGTTGGCCGAAAAGGGAGCCTACCCCGGTTTTCCGGCGGACGCTGAACAGTCACCTGCGTAACCCGACTG

CTGACTTGGTCGTACCGATGGAAGAGATTGTTAATGTTGACGCCGTCATTCTGACACACGATCACCCCGATCACT  
GGGACGAAGTCGCTGCCAATGCCATTCCGAAGGATAAACCTTTCTTTGTTTCAGCATTTCGCTGATCGTGAATCTA  
TTCGTCGTGCAGGATTTACCGATGTCCGTGTCTTACCCGAAACCCGGAGTTCGAAGGGGTAAAACCTGATCAAGA  
CTCCAGGCCAGCATGGCTCTGATGAAGGCGTACAAGCAGCTTACGACCTGTTGCTTGAAAATATCCGGGGTGGTGT  
TTAAGCATTCCGATGAAAAGACGCTCTACATTGCGGGGGACACTATCTGGAACCAATATGTGCGAGGCCAACCTGA  
AGGAATATAAACCGGACGTAATTATATTGAATGCGGGGCGACGCGCAGGTGCCGCAATACGGCAACATTATCATGA  
ACAAGGAAGATGTGTTGTCCGTTTGTACTGCCGCACCCGAGGCCGTCGTAATTGCGAGCCATATGGAGTCGGTGA  
ACCACGCCATGTTGACCAGAACAGAGTTGAGAGGCTTTCTAAAAGAAAATGGTATGTCCAGTCGCGTACTCATCC  
CTGAGGATGGTGAGACTTTTGTCTCTCTAAAGGCAGCAGCTAATCCACTGCAGCGAACACAAAGTATAGGTAGAAA  
TAACATGTCAATTGAAGCTAACAAAAAGATAGCGCAGCAATTCTACGATGCGATCAATGCCGCGAAATTCGACGC  
GCTCTATGATCTTTGTAGTGAGGACTTCGTATTTTACAATCAGGTCGATACGCCTCATCAAGGTGTCGACGGATT  
CATTAAACGCCGAGAAGCGGAATTTTACGCGTTTTGAGTCGTTTTAGGTTTTCCCATTGAGTGTATGGTGGCTGAAGA  
TGACAAAGTTGCCGTTTTATTTGATCTTTGAACCTTCCGGACAAAAGAAGGAATGCTTGGGGGTTCACCTTCGGG  
AAAGGGGTGCCGAATCTCCGTTTTCTGCCTTTTACTATTGTCAACGGTAAAATTTGTTGAGAAAGAGAGCGCATT  
CGATGTGGCTGATATTCGGCGACAGCTTTCTGAGGTTTTGAATCAGCCTGTGAGAAGTCGCTAAACGAAAAGTGT  
ACTAAACAGGGCGGTTCTGGCATTTCAGGGCCGCTCATTTTTATTTTGCCTTTGATAGTCTGAAAATTTTACGTCA  
GATGTGCGTTAGGCTAGCAAGGCTGGGGCGAGTTAAAGAATAGTCTGAATATTCTTTCGCCATTCCCTTGAGAA  
ATTCCGTATTCCTTCTTAAAATGCTGCCTCAGCGTACAAGCCGATTGAAAGCCGACCATTTCGCAATTCCTCTCG  
ACACCGTGTGAGGTGGTTTTCCAGTAGTTCCTGGCTGCGTTGCAATCGCTGTATCATCAGCCAATCCCTAAAGAT  
AAACCGGTGGACTTGAGGAAGTGTCTGGTGAAGGTGCGACGGCTCATCCCTGATCGTTCCGCGAGTGTATCTAGG  
TCATGCTTTTTCTGACAGGTTTTGCACACAGGTAATCAAGAAGGTTGACAATCGTTGTGTCCCTGTTGGATGCCGCA  
ATTGGCTGTTCAATGAACTGAACTTGCTGCCTTCACGGTATGGTGGGATGACCATGCGTTGGGCAACTCGGTTG  
GCTATGTTACTTCCATAGATCTGGCGTACGATATGTAAGCAGCAGTCGAGGCCTGCGCCCGTTCCAGCCGAGGTA  
ATGAGCCCATCATCGTCGACATAAAGCGCGTTAGGGTCCAATTTACATCGGGAAAACCGGGCCGTGAAGTCGCCCT  
TCAACTTCCCAGTGAGTCGAAGCACTGCGGTTGTTAAGAAGACCCGCATAGGCCAGCACATATCCGCCAAGGCAA  
AGCCCAACGATCGTTGCACCGCTTCGTGAGCCGATACGAGCCGCTAGCAGAGCGACTGTGTGTTTTTCCGCA  
GGGTGCGCGCCAGAAAGGTATTACGATAAATACGGCTATCTCTAGAACGCTTAGGCCATAACCTGTATCAATTTGC  
AGCCCGAAGTTGGAATTAAGGATGCCGGTTTTCCACCGAACAAATACGAAGGTCGAATAGGTCGACATGTCGCAAG  
AAATTTCCAAAACAATGCAGGGCACTGAGAGCTGATAAGGAGCAAATTCATCACAGGCCACGACGGCTACTATT  
GGCAAGGATCCGTCTTTGGAGCCTGCTTGACCACAGTTTTTCGCTTTGGACTTTCATTTCGCCATCGCTCCTTTGCC  
CACCGACGCCCTTGTTGGGCGACAAAACACGACGATTGAGAAAATACCCGCGAGCTCTTTGAAAACCTGACTGGTT  
CTCCACTGCTCGTCAACGTTAACCGAACTATTGTAGTGGGGCAATTAGCCTTGGTTATTACTGGACTGTGAATCC  
ATGCTGGATAGTTTCGTTCTCAGTCATATTGGTCTGTGTGCGCCAGTACAAACTGGCAAGAGGTAGTCGGTGCAG  
TCCGATACGAGAACGAAGTGGCGAATCATCTTGGCCCCGAGTCATGCGTTGGACGTCGTGAGGCGGACAGCGAAG  
CGTTGACAGGGGAAACGACAGGCCAGCCATTGAGCCGCGAAATCATAAGTCCCAGGATGCCGACGCTATACAGAT  
GAGCGGAAGGCGACACGGAGCAGGGTGTCAATCGCAAGCCCTGTGACGATCCCGCGCGTTCGAAGACCCTGAGCA  
TGTCGGGAAGCTTCTTGCACAGGAACTGGGAGGTCTCAACGGTGCCCGGCAGCAGTAAGCCGGGCGGGGCGGGAA  
AGGGTACCGCTTCGGCGGGCGCTGCCTCTGCGACAACCAGCAGGTGCGGACCGGGCGGCTCGACGAACTCGTGTG  
GCAGCAAGTCGTGCGCTGCTGGCCATCCTGACCGACTGAAGACCGAGTACCAACGCCGCTGGACGTTCTCGA  
GCAGACCGAAAGGGAGAGTGCAGTACGGCGGGCGCTGGAGCGACAGAAGTCCATCTGGAGAAAAGGCAAGTCACG  
GCTCATTGACAGCTATGCGGAAGGGGTGATCGATAAAGCGGACTTCGATCCGAAGATCCGGCAACTGAAGATCAA  
GCTCGAACAGATCGAGCATCAGATCGAAGAGTCCCAGGCTACGAGGCGGGACAATTCGAGCTGTTTCTCGTGAT  
CAATCGTCTCGAAGATTGCGCGCCGCTCAATGCGCGATTGAGCATGATCGACTTCGCCACGAAACGGGAGAT  
CATCCGCGCGTGAATAAACCGCATAGAGATCCACAAAGAAATCATCGTCTGCTTTTCGAGGCGAGGCGCGC  
AATGTGACTGGAGGGTTTCGTGGACGGGTGATCAATGCCGGCCAATTGTTGATTGCGGAATGGGCCAGACTTGAT  
GGGCCGAGCGGTGCCGGCGACAAGGCGGAAGTGGATGTGGAATCGAGCAGCAACTCCGTCGCGAGTTGTTGCAA  
CTACTGGATTGCGACGTTTTGGGGTGGAGAGACCGCCATGTCCTCGCAGGGAGCCAGTGGTGTGGGGCATCGAC  
CCTAACGACGGCACCGAGCTTCTCCTCAAACGCTTGAAAGGTTTCGGCTATCTCGGTTGGTTTTGATGGGCAATGCT  
GTCCCGGTGTTGGGCGTGGCATAATTCGCCGTAATACTGCCTCCGGCTCGGACCGCATTCGCTGGGCAGAAGGG  
CTGCCTGGCCTGGGCAACTGATCGATTTGGATTTACGTGAGCGACAGCTCGACGCGATCAGTGTGGGATGGTCA  
ATACGGCTTTTGAAGTTCGGCAGGTTTTAGTGCCCGCCGAGCGGATCCACACACGCACGACATGGCCGGCGTGCA  
GCAGCTTGGCAGCCATGCGGCTGCCCACGGCGCAAGGCCGAGAACCTTGATGTTGGGCATATCGATGGACTTCC  
AGATGATGCTGCGGTGCAAGGTTAAGTGCGGCTCGTGAATTTAGCCGCCACTCGCTTCATGCCCTTGGCTTTGCGC  
GCGGCCTCGACCATGCCGTTGAGCCAAGCCTGGTGACCGTTGATCATCGGGTTGCTCGGGTTCGTTGGCCAGAGCT  
GCGGCTGGCTTACCTTTCTGCGTCTCCTGGGTGAGGATGCGCACTCGTCCAGCCGAGAGGTCTTCCAGCAACCAG  
GCGTGGTGCACGTCCAGGCGCTCGTCGCTACCTTCTTCTCCCGCCCTGCCGTGCCAGGCCAGGCGCGCCGGCTGG  
CCCGGTACCGAGGCGAAGTGTGCTCGACCACTTGGGCTTCGACCGGGAAAACCGAAGGTTCTTGAAGAAAAAGCGCACA  
CCTTGTTCAGCTCCGGGCCTTTATCGTCTGATAAACTGATGTCCGAGGAGTTGGCGTAGTAGGTCGACCACATC  
GCTGGCAAATTCAGCAGTGGCCACAGCTCGGCCACACTCAAGCCGGCGACTATGACCTCGTTGGAGCAGAAGTTC  
TCGGTGAACCCCGTACGTAGCCTCGCGGCCAGATTATATCGTCTCATGTTTCGGTCTCTTATCGGATTGACGAGG  
GATCCAACCGCGAAGGCGATGATCGGCGGTTTCGCGGACCATCATGTCAGGTTCAATAAGTAAGAAAAATCGCG  
ATCCTTGATGTGGTGTATAAGAATGCTGGATATCAGGCTTGATAGTTACTTATTTTCAGGTCACCTCGAGGTAGGG  
GTTGTTGAGAGGTAATCCTCAAACAGGTGTGCGGATCTGACACCAGATAGCCATGCAGTCGCCGCGACTTGGC

TGGTCCCGTCACTTCGCACGTCCAAATGTTTCAGCCCATTATCCTGCTTGCATGTCATTTGCAATTTCTCGAAGCG  
CTTCTGCACCCACTGCCAGTCTGCTACCTGGTCTGCTTGGCGAGTGTGCTGTTTGGCGGTGTTCTTGTGCATA  
GCGCTGAAACACACAGGGGCTGACCAAAAAGCCGTATTGGCCACGGTGTGCACCAGCGCCTTGGTGTCAATTGAT  
GATCAGCTTGGCGCTTTGGATACCGTGCCCGCAGCCAGGCCAGAAAAGTGTTCGCCGGACCGCTTCCGCCGTTCTC  
AGTGGGCGAGGGCATTGGGGGCGGTTGCATTGCATCACTTTCTGGGCAAACGTTGGCGGTTCACTGACACTTGA  
TGTTGAGAGCGGTTGAATCACCGTCTCCGGCGGGGGCGGTTCCCTTATCAGGTGCGCTGAGCAATGCCAGCAGGTC  
GTCAACGCCGTCGGCAGCGGGCTCAGTAGAGGACGTAAGTGTGGTGTCTGCCCGCAGGTGAGCTATCACAACATC  
GCTGGATGGCTCTGCGGGAGCGTCATTGGATTCCATCTCTATCAAGACGGTGCCTGTGAACGGTTCCGGGCGATT  
CTCTCCTTCCCAGATTAGGGCAGGAGCCAAACCGCAGCAGTGTGAACGTTATGCGCCAGCCGGCTGTGCTGGTAAC  
GGTAGCCCGCAGATCGCTTTCCATCGGGCGTGGGTTGCAGCATGCCGTGGTCCCTGCAGCAGTTGAACACCGGC  
GGTGTGTTGGCGGGAATGCCATCGATGCCTTGGGCCAGCAGATGGGCGCGCAGCTTGTCCGAAACCGTCTTGCT  
GACCAGCCACAGAGCATCCTGGGTGAGCCAGCCGTCCGAAGCCCCGGACTGGTTGAGTTTTAGTTTCTCTTTCAA  
TAGGTAACGCAGGCCTTCAAGCAGCTTGCCTTGCAGGGCGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
GCCGAGTGCCTGAGCAACCGAGGCACGGTCCGCTGAATCACCAGCTCGCCAGCGTGCCTGCATGCTCGTACTG  
GCCGGCTAGTACGTACAGCAGCGCGGACCAGAGAGGGGGATAGCGGCTGAGCCAGTCGAGAATCCTGTCATCGAG  
CACCTGCCGATAGAGCAGGCCCGTTGCCCGCTGTGCAGGCGGTAATCGCGATCCTGGCGGTAGCGGAATCGGTA  
GGGCTGGGACAGCGGGCCGTGCCAGGGATGCCACTGGCTGCCGTGCCGTACTCGAGCTGTAGGTCGACGGCGAC  
CTTGCCGATGTCATGCAGCAGCGCGGGCTAGGCGATGGCGGGTCCAGGCTTCCGCTGAATCACCTGATCCTC  
GGGCGTGGTACCGGTGGGCAGCAGATACGACTGCCTTAGCTTGAAGCGCATAACCGCAGGATTTCCAGGCCGTGGT  
CAGCATGCCGCCGAGTAGGCGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
CAGCGGCGCGAGGTATAGCGCGGTGAACGCTGGCGTGACAGCGAGGTGCGCTGCCAGATGTGTTCCAGCAGGCG  
TTGCCGACGGGGCGTGGACAGCAGGGCGGTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
AGTAGCCGGCGCGCCGGCGGTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
GCTGCTCAGGGGCTTTTGGCCTTTTCCGGTAGGGCCTTACCCTTGGCCCATTTCCCTTGGCCCTTTTCAAACCC  
TTTGGCCTTTACGGAAGACTTTGGGTATAGGCCAGTGGCTCATAACGAACCAACCAATGCGGCTTGGTCAAG  
TCGGATTGAGGCAGGAAGGGCAGCTGTGCCGAATCAGTGTGCCGCTTTCCCTTTTCGCGGAAGGAGGTGCCGTG  
CTCAGCCAGATTGACGTGGTAAAGGAAAAGCCTTACCCTTAGGCGTTGCTATCGGGAGAGTACGATGCTGAG  
ATCCATGAAATCGCCACGCTGACCTCCAAGGGTACGATTACGCTGCCCAAGCCCATCCGGCAGGTGCTGGGTGTG  
GACACCGGCGCAAAGGTGGCTTTTGTATCTGCGCGCAGGCGAAGTCATTGTGTCCCGAGCGGACGCTGAGCATGAA  
GACCCGGCGATCGGAGCCTTCTGGGCTGTTGGAAGCGGACATCCGGGCCGGCCGGCATGTCCAGGCGCTGCCG  
GAGGATCTTGCAGGGCTATGCTGGCGAACCGGGCCGGTGGTGAATCTCGATGAGGATATCGAAGGCGACGTG  
GCGTTGTGATGCAACGACATGGCTGGACGATGCTGTTTACGAGGGTGTGATCGAGCAGTTGCGCAAGCTGCAGG  
CTGCCGCGGAGCGAGCCGAACCGGAGCGACCCGCAAGGGTTCGAGGCCAATGCCAACGTAAGTTGTTCCGGGCGC  
TGAGCCAGTTGATTATGGACGTCGTACCGAGCGATCCCTCGCGCGACGAGTTCGCCAGGGCAACACCTTGGGGC  
CGGCTTACCGCCACTGGCGGGCGGGCGAAGATCGGACGGCGATTCCGCTGTCTTTTCGCTACGACTCCAGGACGA  
AGGTGATCGTGTTCGCCTGGGTCAACGACGAGCAGACCCTGCGGTGCGCAGGCAGCAAATCCGATCCCTATGCGG  
TGTTTCGAGAAGATGCTGGGACGAGGCAATCCGCCGATGACTGGAACGCATTGGTGAATGCGAGCCACCAGGATT  
GGAGCAAACCGGGGTAGCCACCCAACACATACAGCAGGTGACGACGATGGACACGAAAACCCCTCATCAGCAACGC  
AGAACGCTTCCGCCGTCGGATCGGCGGGATGTGGCGGGGCTTCGTTTCGTCGCGAACATCAGGTGCGCCGGCTGGTT  
GGTGGCGCGCGGCTGTCCGAGGTGCGGCGACGGGGCTGCTTTGGGGTTTGAAGCTGGTGTGCTGGGCGCGCT  
GCTGTATATCGGCTTCTGGCTGACGCTGTTGCTTGTATTTCGCGCTGGTTGCGGCTTCTATTCGCCGTCGTAACCT  
CTCTGACGAGGAAGAACCAGGATGGCGCATGGGACTGTCTGGGTATGGCCTTTATCGTGGTGATACGCGCATTGA  
CCCAGGCAACCTGACGATGACTAAACGACCTTGTAGCCGCTTTGCTTCCGCTGATTTGCTCCATCTGATG  
GTTGACCATCACTGAGCAGATTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT  
CACGATAAACATCGTCGCCATCACGAAGTTGACGATCATGTCCCCGAAGGTGTTGTTTCAGGCGATCAGTGGATC  
GAAGTTGCGATGCGGGCGATTGATCCCCAGCCCCATCCGTATAGGGCATCCAGGATCGTCGAGTCGATCCAGCG  
CGCGAGCTGGAACAGAAATCGACGAAAAACAGCGCAACTGCACGATGCTGATGGTGACCACGGTCTTGGAGGTC  
GTAGGTGCCGATCAGCAGCACCAGTGGGATGCAGATCACCAGTGCCATCTTGGAGCAGGGCCAACACCATCGGCAG  
GGCCTGGCGCAGGGCATCCATCGCCGGGAAGAAGGCCATGGAGCCGATGCTCAGACCGACGTCACTGACCGCGCG  
GGTGGCGACATTGGGGACGCTCATCTCGATCTGGCCCGCTAGTCGCTGTAGACCGTACCTTGATTGAGCTTCTG  
CTGCCTGGGCGAGGCGATGGCGCAATCACCAGTGTGTCGACCTGCTCCTGCGACAGGAAGCTGGCCAGCCACC  
GATTCGGCTCAGCAGGCTGGGATCTACCTGTTGCAACAGGCGGGCGCGCAGTCCGTGGCTGTCTGACCACCATTTG  
CCGACAGGTGCGATAAACCAGCGCCGCTGGGCACCTGTGCGAGGCCCGCATCGCGGTTGCTGTGCTAAGGCCAAC  
CTCGCGGGGTGTCTTGGCGCGGTAGCTGTGCTAGTAGCCCGCCGTGTGCGAGGAAGTAGCGCGAACCGATCCACGT  
CACGTGCTGCATCTGCTCCTCGTTCAACGCCTGACGATTTCATGAAGAGCTTGGCCCCGCGCCGGTCCGTAGCAGTC  
ATGGGTGAAATCGCTCACCTCCTGGGCCAGGACTGGGTGCGCGATGCGCGTAGCGTGCACCTCCATACGCATCTG  
CCGCAAGTCGCTGCCGAGGGGATCGCTGCCACCGCCGACCCGGTGGAGCGCACGCGAGGCGGTGTGCATGAAGGC  
CCACCACACCGGCACCTTGGCCGACTGGTTGTTGAGGGTGTGAAGGACTGCGACACAGCCGGTGGCCGAGGGCAG  
TGGCACGTTGACCTGGCATTGCACCGAGCGGGTGCATCGAAGTGCAGGGTGTGATACTCAGTGCATAAACCG  
GATGCCCGCAACAGGATGACCACGATGGCGACCAATATCGGTTCTCGATGCGCACGGCTGACAGCGCGCTTT  
GTTGCCCTTCTGCGCACCTTCCGGCGGGGCTTGAAGCACTCTGGAGCAGATGGCCAGGAACGGGATGGCGAA  
GGCGCCGCTGGCGATCAGCAGGCCAGATGCCGTTGTGGACGATCCAGCTCACCAGGTCAGGTAGTACTCCAG  
GTAATCGGTGGTGTAGAGCGTCATCGCAACCTCCGGTTCATCCCGCTGCAGGAACGGGCTGATTTCCAGTGGCGG

CACCGCGACGACGGCGGCCATTTTCGGCCCCGAGCAGGCGCCGCTGAGTGCCGGCGTCCGGCTCGCGTGCCAGCAC  
GCGGCGACGCATCCAGAGCCAGCCCCAGGCGGTGCCGGCATAGAGCAACAGGCGCCAGGCCAGGAAATGCGAGCT  
GTGCGCGGTTCAGCCAGGCTTGCCAACCGTGCATGCTGCCGGCCAGGTGGATGCCGATGACATTTGGTGCGGACGGC  
GGCCAGCAGGACGACGAGGGCCACAGCAGCACCAGGCCTGCGCGCCGCAACCACACCATGTTTCACGGGGTGCCCT  
CCAGCTCGTGGCGGTTCGCTGCAGTTGATCGAGCCGGTCCGGGAATCGGGTGCCTTCGTAGATGGCGCGAGAGCCG  
GCGGAGCGTGCCTGTGTGCTGGATAATGGCGGTGGGCGAATTGCTGGCCAGTTCGCGGCGCAGTTCACAGCTCG  
GTTTTTCAGTTGTGGATCTCGCGGTTCGAGCAGGTTCGCTTTCCTGCGACACCGCTTCTGCGCCAGGTTCATTGGCC  
GCGACGTTCCGGTCTCCTTGCGCCCGGTTCAGCAGCGTGCCTGCAGCAGCAGGGCTTTTCGAGCAGCTGGACAGC  
GCGATTTCCGAGGCCAGGCGCCGCGCCAAAATGTCTTGATCGGGCTCGTCGCGCAGTGCCCTCGATCACGCCGCGG  
GTGATGGGCGAGAGGCACTGCCGGCCGCTGCAGGTTGTCGAGGCTCAGGGGACGGCTGCCGTCGATCAGCGCC  
TGCAGCGCTGCGAGCTTGGTTTTCGTATTCTCCTGGATCAACGGGGTGAGACCCACGCCCGCGTGGTCACGGTC  
TTGTTGACAGGTCTCGCAGGTGCGCTGTTCTGCTCGCCAGCACCCGCACGGCCAGGCCGCGGACGCCCGGT  
GAACTCCAGGTCTGGCAGGTTCAGGTTTCCGCCACACTGGATAGGATTGATCGCGCTGGCGTCATCGACATCGCGC  
CCGTTGACCAGGTGTAGCCGGCGCGGGTACGTCGCTGATGACCGAATCGGGTCTGCCCGACGCCCGCGGCA  
TTGGTGCCTCCGACCCAGGTTACGCCGTCGTTGCCGCGCTGGTTTTCGGTCTGCTCGATGGCGGATACGGCGTCG  
GTACTGGCGACCGCTTGGGTGAGCACCATGCCGTCGGCGAGCTGGCTCCAGCCCACCTGGCCGCCAGCCAGCTCG  
GCCATCTTCTCGGCCATGGCGCGGCGAGGTTCAGTTTGGAGCGGTGCAAGTCCAGGCGTGCCTGCAGCACGCCGTTG  
GTGAGCAGGTTGTAGAGTCCGGGATCGGCCCGCTGGATGATCAGCGCCGCAAGGAGGCGACTGCGGCGGTGGCG  
TTCTGAATGACCGACGACATGATGGTCTGAAAGCCATTGGTTCAGGCCGTTCAACTGGTTCCTGGATGGTGGTAGAA  
ATCGACATGTCGCCGCACATCAGGTTGCTGTTCCAGCCGACGCCAACGCCAATGGAGCGCATCGCGGACGTGGGC  
GTCATCGACACGGCGCGACCGCCGCCAATCGAATAGAGCACGTGCTCACCGATCACCGCGCCCTGGTGTTCACAG  
CCGTAAGTGGTTCGCGCTGGTCTGGGCGGATGCGCCGACGCAGACCAACACCCACGGTGCCGCCAGCAGGGCGAGG  
TAGCGGCGGAGACAGGGCGAGGAAACAAAGCGGTTGGTTCATGGCCGGCCTCAGTTGAAATCGACGCTGCCAAGAA  
ACACCTGGCCTTCGCGTTCGAGCAGCTGTAGGGCCGCCACAGCGCCAGGCGTAATCGCCTTGTGCGCCTGTA  
CGCGGGCGTTCGCTGTGCGGGAAGACCGCGCAGGTCGCGGAAAGCGTTCGGCGTCAGCTCCTGCCACTTGCCCGTCT  
GCGGCTCGATTTTCGAGCACACCGGCTGAGGTCAGTACCGCTTGGCGTTCGCGAGCAGCGGCTGGTAGACGT  
GGAGTTGGCCCGCGGGGTGACGATATCGCCGCGCGCTGGGCCACCGCCCTGCCAGGCTGCCAGTGTGCTCGCTCT  
GGTGCAGAAAACCGCCGCGCGGGTAGACGTTGCCCCAGAGATTGCCGTCGGTTCGGCTGCCGATCTCGCGCATGC  
CAGGTGTCAGCGCCTCCGGGTAGAGCATCTCGGGGAGGTTGTAGCGCCACCGGAGGGTGTGCGAGGGTGTCAACA  
GGTAGGGCATGAAGGCGGTGCCAGCGCCTTCGAGCTGTAGCCGAAACTGGAAGCGAACTGGCTGAACACATAGC  
CGCCGGGATGGCCGATCACGTCGGCGTTCCTGAACTTGGCCAGGTTGTTTTTCGTGATGTTGATTGGTTCGTGCCGT  
CGCCGCCGGCCTGCGCCGTGGCGTTGGGCGGGCTCATCGGGCGCACCTCCAGCCAGGGATTGGCACCAGGTGTTGG  
CGTAGCTGGACACCACCGCTCCGGCACGAAGTGGCGCACCTTACTGAGGTCTCCACTGAGCAACCGGAACTGG  
TGCAGCGCAGCCAGAAGCAGATGCCGACCACCGGTTATTCAGGCGAGTCCGGCGAGAGCGTCGAGGCGGCGATGG  
TCGCCGTGGTGTAGCGCGAACGACGGTGTCTCCATCGTCAGCAAAATGGTGGCGATGCCGGCACGACGCGGGAAG  
CACGCATCATGGCTGCGTCTCCGGTGCCTTCGATGAGCGCGACCGCCTTGGCGACGTCGGCTCGCCATAAAC  
CACATAACGGTGATCCACGATCACCGCAGGAATCGTTGTACGCGGAGGCTCCAGGCATTGACCACCCCTGATA  
GGCCGCGCCGAGGCGTTGTTGACGCTCGACGCCCGCGCTGTTCAAGCGCTGTTGACACCAGGGCGGCGCCATGCGA  
GGGATCGGCAGGTAAATGCGCCCCAGCTCGGCCTCGATACGTGCGGGTGGATCCAGCTCGATCAGCCGGGCATC  
GCTGGTGGCTTGACCCGGGTGCCGGTATCGGTGACGACCAGTATTTTCAGCGGCTGCGCCAAGGGCGCGAGCAA  
CGCGGCGCACAGCGCTGCGGCACAGGGGAACGAGTGAATAGGAGCCGGCAGGGACGTTTGGCTGACATGTGCAA  
GGACCCTGAGGTGGACTGTGCGGATAGTTGACTCGCAGGCTGGGGGCGCGACGACAAACAAACGGGAATCGCGGC  
GCGCCGATTAATCGCAGGCGGCGCACGCCAAAGTGGCGGCGGCTCCATGCAAGTGGGAGAACGTCGCGTTCGCG  
ACGAGGACTACAGCAGGGCATTGGCCCGGAACGAGAACGGCTGGCCTTTGCCGATGATGAAGTGTATCCAGCAAG  
CGCACGTCACGTAAGTCCAGTGCACCTTTTCAGGCGCTGGGTTCAGGCGCTCATCCGAGGATGAGGGCTCTGAGCAG  
CCCGAGGGGTGTTGGTGCGCCGCGATCAGAGCGGACCGGTTATGACGAGTGCCTGTAACCACACCGGGGA  
TGGATCTGAGCAGTATCGATGGTGCCTCTGAACAGCGTTTTCACAGGCGATGACCTGATGCTTGGCGGTTCAGAAAA  
ACGGCGACGAAGACTTCGCTGGGTTCCGGCATCAGTTTTTCAGGCGCAGGTAGTTCGCTGGTGACCTGTGGGTCCGAC  
ATCTGCGGGCCATCGACGAACAGCCTGCGCTCCAGAATGGCAATGGCTTGGGCGATGATGCGGTTCTCATAACGCG  
AGAACCAGTGCAGAGCCCGGTTCTGCTGGGGTGTGAGACGGGCTTGGGATGTGAGCATGGCATAGACCTCCGTG  
GGAGAGTCCGGAGGTACGCCCGTGGAGGGCTTGGCTCCGAGGACGATAGGGATGGTGTGAGATGAGCGGGGCAT  
CGACCACCGCTTGGCGGCGGCTGTTTCGACCGGGGATGCGCAGCGAACGGGGCGGGTTCAGCGCGCAATGCGGCG  
CCGTAGCCTTGCAGACCCTGGCTACCGACTTGCCTGCTCAGTCGAACCGAGTGCGGCGAGGTGTACGACAAAGAA  
TTGGCAATCGGCGTGTCCGCTTTGGTCTGGGCTCGCCTGCTTGTGCTAGCGGGGCGCATAAAGAGCGTTGAGGAT  
GCAAAATGGGCGACATTGACTCTGCGTGTAGGATGCGTCATGACTACCACGCTGCAAGCCGCTTCATTGAACGGTT  
CCGCGAGCCCAATACCCCGTACCTGTGCGCCGAGAAGGTTGGCGATGTATTTGGTTTTTCAGGTGTATGAGCTGGC  
CGAGCGTGCACACGTGCACCGCAGTGCCCCGAGCACCCGACCCAGGCTGCTCAGCTGCAGAAGTACCTGCATGA  
AATGGTGTACAGTTTTGGGCGTGGCCACCGAGATGAGCGGCGACCTTGGGCGTGCGGCCTTCTGGTGCGAATGA  
GCCGTTGCGGGCCTTTGGCTACAAGACCGCTGCTGACCTGATTTCAGGAAGGACGGGGCGATGCGCTGATCGCCTA  
TCTGGACTCCCTTGCCTGCGGCTGCGGCTGGATGATCTCTAGAACCCTCGGCGAAGACGGGGACGGGGCCTTTTAT  
CGGTCATCCTACCGGCTACGATGGTTGTGCGCTGACGACGCTGGCTCCGCGCAAGCTGGTGTGCTGGCTGGGCG  
CGTTCGCCGGGACGGCCTGTCCGCGCTGTGGTACCTGGGCGCGCATCAGGTGACGCCCGGACCTTCCAGCGTAT  
CGCCGAGCGGCTGCCGGGACGCAATTCAGGCGCAGTGCAGGCGAAGGCGATGATGCCGGCCTGGATGGTGGC



GGCGCTGAGCAGCTATGAGCGCGGGCAGGTTGCGCCTGGCTGAGGCGCACCTCAACTCAGATGATTGTGGATGAG  
CTGGTGTTCGCGCTTCGGCAGCGCCGGCATCGAGCAGGCCATGAGCGCCTGGCAGTACCCTGGGGCCACACCAG  
CTGTGCACGTACGCCGTGAGATTGACGCTGCGCCTCGCGGAAATAGCGCACCTGCGGGCTATCGCCTTCCGTCTG  
CAGGGCACGCAGGCTGGTGACGGAGCGATCCGTGACCCACAGCCATTTCCCGCTGGCTGGTGCCGCTGCGACTTG  
GCGTGCCAGGTGTTTCGATTTTCGACGAGATAGCCCTGCGCTGAGGTAAATAGACGCAGGATGTCTGATAGGGCTGCGG  
CATATCGAGGGGACGGGTTCCGGAGAAGTGCCTGATTCTGCCAGAGATGGGCCGCTTGTTCATGCTGTGGATTCC  
TCAATGGGGCGGGCTGCGGGTGGATCCAGTCTTGCAGGATGAGGTGATGCCACGCGCCCGGTCGATGTGTTCCGG  
GATCTTGAGCGCGGGCTCGAGTTTCGCTGATGCCGTGTTGCTGCATGAGCTGGTAACGCTCGGCTTTTTCTTCCGG  
TTCGGTTTTGCGCGAGGGCAGATAGAGGCTGGGCGGCACCGCACGAAACAGCAGTTCATGCTGCGCGACAAAAT  
CACCCCTCCGAGAACTTGCAGGCTCCTTGCAGGGCCGAGAGCATCAGGGCCTTTTGCAGGGGCTGAGCTCGCG  
GAACTTGGCGATTTTCTCCACCTCGTCCGGCGGCATGCCAGACACAACCACCACTCCATCATATTGAGCATCGG  
CTCGGGCGCTTTGGGCAGGTCGTCGAGGTTCTGCGTCGCCAGCCAGAACCAGGCACCCAGTTTTTCGCCACATCTT  
GGTGATCTTGACGATGTAAGGCGCGAGCAACGGGTTCTTGGTGATGATGTGCCCTCGTCGGTGACGTTGATGAT  
GGGGCGGCCGAGGAACTGGTCGCGTTTCGGCGATGTTGTTGACCGTGTGATCAGTGAGATGTAGGCGATGGAAAG  
CTGCGGCTTGTAGCCCTCGCGGGCATAGGTGGCCAGGTCGACGATGGTGATGTGCGCTTCGGCCAGGGCGTGCC  
GGGGCGGTGCAACATCTCGCCATCGCTGCCCTGGGTGAACATGTCCATCGCATCGGCCATTTCCAGCAGCCGGG  
CCGGCGCAGCTCGGGCAGGCTGGTGTGCGGGCTGCGCTCGCGCAGCGCATCGCGCAGTTCGCGGTAAGCACCGT  
GCGCTGCGCGTCCATGCACAGCCGAGCGGGCTCGAGGATGCACTGGCGGATCAGGCTGCGATCCGCGCGGGTCA  
GCGCGCTTCTCCTTGTCTCGCCACCGGTGATCATCAGCCGTGCGGTGATCTCCAGCTCGCCGAGCACGTGCGG  
CTGTTCAACGCCCTCGGTGCGCGCGTGGTCTTCGTCCAGGGCATCGGCATCGAGCGTTCGACCTGGCTGGGGCT  
TTCCATCAAGCGCTGTGCGTCGGCGAACGGCGCCAGACTGACGCCCCGCGCCAGGCGCGAGCTTGACCCGATGTAC  
GCTGAGGCCAGCCGCGCGGCAAAATCGCCGTACAGGCCAAAGGAGTTGCCCGCTCGACGATGAATAGCCGCGG  
CCGGTAAATGGCGGTGACCTGGTTGAGCAGGTTGTTTCAGCGTGGCCGACTTGCCGGAGCCGGTTCGGGCCGGCGAG  
AAACAGGTGGGCGTTTCAATTTGCCGGTCGAGGCGATTGAGCGGGTGAAGGTGATCGGCCCGCCGCGGGTTGAA  
CAGGGTGTGCGGGGTGGCCGGTGCCTGGCTGCGTCCCCACAGCGGGCGCCAGGTTTCGCCGATGTTGGGCGAA  
CATCAGCTGGTGTACCATCTGTCTGTCTTTCGCGGCTGTAGACACAGGGCAAGCCGCGCAGGTAGGTGTT  
GAGCGGGGACCTCATCTCTTCGCGCACCGGCTCGAAGCTCGCGCCGAGCAGCATGTTGCCAGTTGCAGGCC  
GCGGGCGTCCAGTTCCGCTGGTCGCGGGCGCGCAGGTAAGAGGTTCATGGAGCCGCGGTATAGCTGTGGGCGCT  
GCCGATCAGGCTGCGGGCCTGCTGCACATCGGCGCGCGCTGCTCCGAGGCGAGGGTGTGCGCAATGGCCTTGC  
GCCCAGGTGGTTGAGGTGCGCTTCGAGCACGTCTCGGGGTGATGACCAGCGTCAGGCACTGGATCGTGTCTTC  
CGGCAGTTGGTCGAACAGCGCGTTGATCGCCTCACCTTTCGGGTTTCGCGGTGACATGGCCGGTGTCTGGTGG  
GCTGCGCAGGCGGTGACGGCGATGGCGGGTGGCGCATCCATCGAAATACCACTGGCCCTGAGCGACCTCCGA  
GCGGGCTGGCTGAAGAACAGGCGCTGGCTGAAGTCCGTGCCGTGGCCAGCTCGACCTCGCCGGGCTCTTGTTC  
ATCCGGGTAGCGGTGACGGCATAGAAGCGTTCGCGGTCTGCGACACTTTGGCCGAGCTGGGTGCGATGGGGGT  
GAACCAGCGCAACAGCCAGGCGTGGATGTCCGCTGCGCCAAGCCGGCGGGCGCGCACGCCGGCTGGGCCAGGCC  
GCCGATGAGGCGCTCGCAGACCCGGTTGAGCGCCTGCTCGGGCGTCTGTCCGTGGCGCTGTGGGGCTTGCCGGC  
ACGGCGGTAGACGACCAGCCGGGTGCGCCGGGTCTGCCCGGCCAGGGCAGGCGGGTGACGGTGTGGTCTCGAA  
CAGGCCACCCGGCTTGGCGATGGCCTGCAGGTGATGGCCGAAGAAACGCAGGTAGAATCGGTGAAGGCGCTGCC  
CTGGGCGCGGGGCTGGATGTAGGCGCGCAGTTCGTGAGGTTAGCGGTCCCAGCTGGGGTCACTTGGGCGTAGAA  
CTGCACGACCCAGGGGTTGTCTCAAGCTCGTCGAAAGCATCTGCAGCACGTTTTCAGGGTGTGCGCACCTG  
CAGCAGCCAGCCGGGTTTCGCGCCCCCTCGGTGCCGACCGGGAGCAGTTTCGTAGAAGGCGGGCAGCCAGGTGCCGTC  
ATCCAGCAGCATGCATGCGACTGCGGCAGGTAATCGGCCACGGCAGCAGATCGGCGAACGAGGGCGCAACCGC  
GTAGAGCCCTGCTCTGCTGGCTTGGGTGGCCAGCCGCTGCGCACTGTGCGCAGTTCGCGGGCTCGGCAATTCGCTG  
GGGTTTCACTTCTTCGACGTGGCGCGCCAGGCGCTGCAAGTGGCGGGTGCCTGACCTGCGCGCCGCGCGT  
GAACCACGGCCAGGCCATCAGTAGTCTCCAGCCGTTTCGCCAGGCGAGGGCGTACTGCACCTCGTGTACAGGGG  
AACAGGGTGGTGTAGCCGGGCACCGGCACCGGGTTCGCTACCGGCCAGGTGGGGAAACACGTACATCAGCAGATCG  
GGATTGGGCAGGCGGTGGAATGCGGGTAGATCTCGTTGGCCCGCTGCGCGTGTAGCGGGTCTGCACGGTCCGGC  
GCGGCCTGTACATCGGCCTCGCTCAGCGGCCGGCGCAGTGCCTGACCGCATCGAGCAGTTGCCGGGCGCTGCCA  
CCGCCGGTCTCGACGTTCCAGATATCGAGCATGCTGCGCTTGTGCTGTGGCAGCAGCGCTTCTTGTGGTGGCG  
CAGCCACCGAGCAGCAGCGCCATAGCCAGCAGGGCCAGGCCGTGAGTCCAGGTTTCGCGATGGGGCAGCCCTCC  
AAGGCGGTGATCGACGCGGGCAGCCGGCTGGGTGCTAGTCGATGGTCAGGGGTTGTTTCGAGGTGCACGGCCACTG  
GGCGCCGGGTTTTGACGTAGACCGCCGCGAACGCTGGCCGTAGAGCTTGTGACCCAGGCGGACATGTCTGCAC  
GCCACCGGCGAGGATGCGGCCATGGCTTTCGTTGGCGCCGATGCCACGGTGCCGACCGAGCCGTGCTGCTCAT  
GTAAGAACTGGCCGCTGTGAGCGTCGATCAGCGAGGCTACACCGGCACCGGCCGAGTGTAGGGCTTGGCT  
GCCGAGGTAATGCTGGGCGTTGCTGCGCCGCTCGCCGGATACGCAGGGGATGCCATGCGGGTTCGCTGATCCAGCC  
CATGCCGTCTGGGTATTGCTGCCGTTGTGGGTCTGGCGGTGCGCCGCGCTCGTCTGCTTTTCGGCAATGTGCG  
GATGGTGCCGCTCCTCGAAGACGAAGGTGACCGAGCGGATCTGCCACGCACACAGGAGAGGGTCCAGTCAACCGA  
GGCCGTGCCGCTGACACGGCGCCGGCCACATCCGGAATGTGATACCGTTGGCGGTGAGGTTGTCCCGCCCGAT  
CAAGACTTTGAAGGGGTAGGGGTCGTTGACGGTGCCATCGATCGGTACGCGGGCGATCAGCGCCGTATGGCGAT  
CGAGCCATCAGGGTCAGTTGGTTCGGCACCGGTGTAACCCGCTGCTCTCCGCTACACCCGCTGCGCGGGCAGC  
GGCTTCGACGGCGGAGCTGGCGGTGCTTTCCAGTGTCTTTCGCGGTGCCAAACTGGTGGGAAAGCTGAAGCT  
GCCGGCAGTGCCGGTGGTGCAGGACTGACCGTGTGACCGGGTCTTCCGGCTCGATCCAGCGAGGGTATCGCC  
CGGCAGGCCGTCGCTTGGCTCGAGCCCCAGGCCAACCGGCAGATCGGGCTGGTCTCTTTCGGATGCCATCGAG

CCGCTGCTGCAGTTGCTGCAGCAAGCCCTGGGTTTGGCTGGCGTTTCGCTGCTGAGTTGCTGGCGATCCTGATGCAA  
CTGGTTGCGTTTCGCTGTGAGTGCCTCTGGATGCGCTGGTTCGATGGCCCCCTTCACGTTGGCGCAAGCGCTGGTT  
CTCGTTCGCGCTGCACCTTGTGTGCTACTCAGCGCCGTCTGCAACTCGGTGCGCAGCTGGCGGACCTGGGCGACCAG  
CGTCCGCACGGTGTGCGCGGGGTGTGCGCCCTCGATGCCGAGCGCTTTGGCTTCATCAAGCGTGAGCCGGCTGGC  
ATCTTCCGCTGTGCTGGGCGCGTCATTGCCGGCGGAGAACAGCCTGACGGCGACGAACACCAGCAGCAGCGCCAG  
GGGATCATCAGCCACTTGAGCAGGCCATTACTGTGCATCGCGGCCCTCCGTGCTGCTGCGGCACGGGCAGGTTGA  
GGGTGGCGTTCGATGGGCGCAATGCTCGGCAGCAGGGCCTGTGCCAGCCCGTGTCCACGGGTGACGAGGTAGACGA  
CGGTGGTGTCTCCGGCGTGCCTCGTCCGCCCCAGGGTCAATGCTGGAAGGTGCGGGTGAAGAGTGGCCCTGCA  
GCGCGCTGGGTCGGGTGCGAGCCAGTCCGCTATGGTTGCGCAGGCGCACGGCGCTGACCCACAGGGTGTCCA  
GGCGCCAGGCCCGCAGCGCTGGGCTGTACCGGCAGGGTGGGACAGGGTGTGAGCGCCAGGTCTGAGCGCGCA  
GGGTGACGCGCTGACGCCCCGACGGGTTGACGGTGCAGCGGGGCGTAGAGGTTCTGGGCGGCGTAGCGGG  
TCAGGATGACGGGCTGCGGCGTGGCTGCGCACGGGAGGCGTTTGGTGGTACTGTCATCATCGGCCCGGAGGCAGCCG  
CGATTGATGTGGCCGATGCAGCCTCAATGATGCGCACCGGCTCCAGAGGCGGCTGACCGTCTGGGCCGGTTCCG  
CGCGGATGTGAGCAGCATCACGGTGCCTGCTGCGGCTCCTGCAGCTGCAGCCGGGTGCGCTCGATCGGCTCGC  
TGGCCAGCAGGTAGATGGCACCGGCGGCGCTCTGCACACGTAGGCGATTGCCGACCAGGCAGGCACGCCGACGC  
GGACATTGCGCTCGACGAAGACGATGCGTTCCTGATCGACCAGCAGCGGCAGGGCCAGGGCAAGCGTTCCAGC  
GCAGGAGTTCCGTGGCCTGGGCGGCGCTGAACGGGGCCAGCGCAACGCCGCGAGGGCCAGGGCAAGAGGCGGT  
TCATGGCGTGTTCCTCCGAGGCAGGGGCGGGCGTGGCCGCCGGATCGACAGGAGTGGCAATGCGCTGCGGCGCGCC  
TTCGTAGCAGTTCGATGGCCAGCCCCGAACGGGTTGCGCTGCGGGTTCGACATCGCTGCGCAGGACCTTCAGCGGATA  
GCGCACCGGGCGCGTTTTGACCTGCTCCGAGGCGTAGTACTCGTTCGGCCGTGATATCGAGGTTTCAGCACCCATTC  
ACGGGTGGAGACGCTTCGACGCGCAGCGTGGGGTGTGCGCCGTAACCGCGGCGGGGAATCTCGTAGATGCCGCG  
CACGCGCCGGCGCAGCTCGCCGCTGTTGCGGCGGTACTCGTAGTCTGCTGCAGGAACGCTGGCAGGCAGGCGT  
GAGGTAGGGCGACAGCGCGTGCAGGTTACGCGGGTAGTTCGTGCTGCCATTGGTTCGGCCAGCGCTGCAGCTGCTG  
CCAGACGTAGAAAGTGAAGGCGTACACGCTCTCGGGCGGCACGTCCACCAGGGGCGCGTGTGCCGAACGCAG  
GTCTGGCGGCACATGGATGGTCAAATCGCGCGGGGCGCTCCACCAGCCGATGCCCATGACCAGTGCAGCATCAC  
CAGCAAGCTGGCCCCGCTGCGCAGGGTCTGATGGGATCGGACGCGCAGCACTTCGTCTTGAACCGGCTCAC  
GGCGCTGTGCTCCTGCGCTGCTCCAGTAACCGGAGCGAGTACCAGCCGGTGGCCGTGAGTGAAGTTGCAAGC  
GGCGGCAGGTTGAGTGCATCCACCCTGCAACTGCCGGTACAGCCAGGTTTCGGGACGGCCGCTTGAGCCGCG  
CGCAGCGCGCCGCGCCGATGAAAATCCCCGCGCTGACCGCCAGCAGGATGGCCGTGGGAACGATGGCGATCGTC  
GCGAACAGGATGGCCAGCGTAATGCCGCCCGCCAGGCCAATCAGGCCCGACAGGCTGCGCAGACCCACAGCTCA  
TTCGCCGTTCAGCCCGCGCACACCACCGGGTACGGTTGAGACGGTGGGGCAGGAACAGCACCGTCCCGTCCAGG  
CGGATATCTTCAGTCATCTCGGCATGCCTTGGTTGAGAGCAGCCGATGGCTTCGGTTCAGCAGCCAGATGCCGAC  
GACAAGGAGGATCGCGCCGACTGCCACGGTTCAGGCCGAATGGCCCCAGGTCGAGCGACCAATGTGGATCTCCGC  
GTAGCGGGTGTAGGCGTGGTAGCAGACCGCCAGCAACATCGAGGCGACACCAGCAGGGCGATCAGCATCACGAT  
GTCGTAGCCGTAGTTCTGCAGCGTTTGCAGAATGCCGGTGGCGACGCCGCGCAGGGTTCTCCAGGGTGGGCGAG  
GGCGGCTTGGGCGAGTGGCGACAGCACACCAGCAGCGGCAGTGGCCAGGCCAGCGAAGGGACGGAGGAGAAG  
GGGGCGGGCGAGCGGCTTCATGATGACGACCTCTTACGAAAAGCAGGAAAAAGGTGAGCACCAGGTACAGCACGAC  
GAAACGCACCACGACGACCAGGAACCTGACGGTGGGAAAAGCTGTTCTTCGGCCAGCCGACGTAGGCGCTGCGTAT  
CGCCCAAACGCCCCATAGGAGCAGCACGGCGAACACCGCACCCGAGCAGCACGGTTGCCATCTCGGCCGGGGTGTAT  
GCCGCTGTTGGCCTGGAACGCGGCGGTTCGCGCGGCTTCATGGCGCCACCTGCGTTCGATAGCGGCGGCAGGC  
TGGCGGTAATCACCGAGCAGCACGGCGGGGTGCGCGGCTGTGCACGCGAGGGCGTCAGGTAGTCGCGAATGCCG  
CCGCGCACGCGCTCAAGGTTCGGCGGCGAGACGGCCGTAGTCGAAGTGGTAGCGGGTACGTTTCGTCTTCACCGTT  
GCGCCCTGTTGCGCAGCAGTTCGCTCGACGCTGTGATGGTGGCGCAGCGCGGCGGCGAGGGCGTGCCTGTTGCGG  
GTGGCATCGTGGCGCTGGCGTACCAGGAAAAATATAGACCAGTACGAGCGCCAGGGCAGCCAGTGCCTGTA  
TGCCTGTTGGCTGGAGGGAGCAGTCGCTTGGACATGGGGCAATCCACGATTGGCGAGCAATGGCGAGATGCTCCT  
CAGCAATCGCGGGTGTATGCTGCAATCAATGCGGGATTGGTTCGTGATCGGCTTGTGGCTACCCTGGCGTGGTGTAT  
GCCGAAGCACGTGCAAGTGCGAATCAGGTTTCCGACGGCCAGCTTCCCGCATTCTCGACAGGCGCCCATTCAGCG  
CATGCCGTTTCAGGTGATGGACAGTGGAGAAAAAATTGGCATACTGGCCGGAATGAGAATTTTCTTGTGGAATT  
AGGAAAAATCTGGCCACCTGAACCGAAGGAAGGATTATGTGATGAACGCCGCTGGTACTCGCTTCTCATCCAGC  
AGCTGGGACTCACGGCGGTACCACTACGTCTGCCTGCCATTGTACAGCCGGTACGCGCATTGAGTTCATCGGCC  
ACACCTTGGCCGTGCCGCCGGGTATCGCACCTGCGCCGGATGATCTGCTTGGCCACGTGTTGTTGCGCCCTCAAGC  
ACGAGGGACTCAACCTGGCGGTACTCGCCCAGGCGCTGCCGAGAATTCCGGCCGACGCTTCGAGCAGGCCTACC  
AGGCTGCGCCCAACGGGATCTATATCCGGAAGGCCTGTTACCTCAGGGAGGCCTTTACCGGTGAGCCCATCGCGC  
AGCATGCCCGGTCCGGGTGCCGTACAGCCCGCTGTTTGTATCCGGAGCGCTACATCACGCGGCCGGGCGAGCGCA  
ATGCGAAATGGCGCATCGAGTTCAACGGTCTGGGCGATCTCACCTACTGCGCTACGGTTGAGCGAACCCCGCTCA  
TCACCGAGCTGCTGGCCCATGACATCCTCGGCAGGGCCAAAGCCTTCATCGAATCGCTGCCCCCGATCATGATGG  
ACCGGGCGCTCAACTGGGCTACTGACAGAGACCAAGGATTCTTCGCCATCGAGCGGGAGGCGCCGACGGAAAG  
ACAAATCCCGGCGTTTCATCCAGCTGCTGCGCCAGGCCATGAGCGCCAGCCGCTGACAGAGGACTACCTGGTGA  
GCCTGCAGAATGGGACGGTCTCCAACCCCTCGATATGGTTCGAGCGTTCAGGCATGAGCAGAACCACCTCTCCG  
ATGTTACCCAGGGCCGCTCGGGGTGACGTATCTGCCACCCCGGAGCTGTCGGGAGCTGATGGAGAGCC  
TGATGGGTTTTGCAATGAGGCCCCGACCCAGATCCACTGGTGGCCGCGCATCATCTGTTGGCTTCG  
TGCTCATTTCATCCCTTCATGGATGGGAACGGGCGTTTGTCTCGGTTCTGATCCACCAAGCCTATGCGCGCCG  
GCGCGCTGGAAAATGGGTTGCTGTTACCCGTTTCGGTGGCGATGAAACGCCAGGAACGCCAGTATCTGGAGACGC

TCCAGTCTTCTCCCGGCCAGTGCCTGATTTCTGGGACGTGCAGTGGATTGACTTTGGCCAATACGGTTTCGAGT  
 TCCGCGGGGACAGCGTGGTGTATCGCTTCTGGGATGCGACTCCCTGCGTTGCCTTCACCCCTGGAGATGGCCAGGG  
 TGGCGCTTGAAGTCGAGCTGCACAAGGAAACGGCCTTCTGGCGTGTACGACACGGTCTACCGGGCCGTGGACG  
 AACGCTATGACCTGCGTGGGAGTGATCTCGCCAACCTGGTGTATGATGTGCTTGTCCAATGATGGGATCGTCTCCA  
 ACAACCGGGCGCAAGCAGTATCAGTACAGGGTTGCGGAAGAGGTCTTCAACTTCATCGAACAGATGGCCAGCAGG  
 TGTGGCGGGCAGCGGGTTCGAGGCCGAAGCCGAAGACAAATAAGCGTCCGCTGCCGCGCAGCTAGAGGTGCTTC  
 TTGAAGCTTGTGCGGTGATGTTCACTGCCAGGCCGAGCAGCGCCGCGCTCGGTAGCAGCACCAGCAGCGGGTGC  
 ACGCTGACAGGCAGGGTGAAGTAGAGGATCCATGGCAGGACTGCCAGCGGCATCAGGCTCGCTTGGCGCGGTG  
 TAGATGAAGCCCGACTCGCGGCCGGCACCAGACTTGCGAATATCGCGGCGCACCAGGCCATCGACCATGCCGACG  
 AAGGCGGCCAGCAGAAACAGTGGCAGCGTCAGCACCAGGACCAGCAGCCGAACCATGAACGTGAGTGTGGTGAAT  
 GCCGCGGCATCAAGTAACGCTCGCTCCAGACGTAGACCTGGCTGATGTAGTAGCGGGCGTCTCGGGCATCGTCA  
 TGGCTGGGGGAGCGTGAGCGCGCTGATGCCTGGCTCATCCAGTCGAGCAGGCCGGTCTTCACGAAGAGCCATTGG  
 TAGGCGCTCTCGACCAGCTGGTGCAGCGGTGCGCCCCGGCTCCTGCACCAGCGCGCTGCCGGTGAAAATGGTTGGAG  
 AGGTGGTTCAGTTCGTAGTCGAGCATGCCCTGGGCGTGACCCAGCCCTGGTCCGGCCAGAACAGGTGCATGCCG  
 ACGCATTGATGATGATCGACAGCAGCAGCGAGCCGATCAGCAGCCGAGCATGCGCAGTGGCAGGGTGCAGATG  
 CCAGCGAGCAAGCCTTGTGGCGAGTCTGCTCGCGCTGGGTGGTGGCGGCCGGATCCTTCATGGACGTGCCTCGC  
 CGTCGACGGCAGTGTCCGGGGCGGCCAGGTGGCGGAAGCCGTCGAGCAGGTGCTCGGGCAGCGGCTGATCCTGCA  
 GGCCTGGCAGGCTCTGGTTCTCCACCAGTCGCCGGCCTCGGCATAGTGTGGCGCATGTAGCCGGCGAGCTGCT  
 GGAGATCCTCGGGCAGGGCTTCATCCGGATCGGGGGCCGGCAGCGGCATGCGGATCTTCCACAGCTGGCCGCCCT  
 GCAGCAGGGCAAAGGCCTGGCCCTTGGGCAGGCCGACCACGTGGGCGGGCTCGATCATCGGCACGCTGGCCGGTGC  
 TGATGCGGTCTGTGCGTTGGAGGTGAAGTCGGTCCGGGCTCGCACATCCGAGCTGTGCGTGGCGCCGCTGACCA  
 GCGTCGTGGTGTAGACGTCCACTTTGGGCAACTGGCGGGTGGAGCAGCTCGGCGGTAGCGGTCTCGCGCACCCCTCA  
 GCATGAACAGGTGTGAAGTTGCCGATGACCTGGCCGGCTTTGGCGCGGTGGCCGACACGCGCCTCGATGTGCG  
 TGAGCGTCTGGGTGTAGGCCGTGACCTGCAGGCCGGCACCCCGCCTTTGTTGACCAGTGGCACGAACTCATCGC  
 CCATCAGTTCATTGAATTCGTCCGCATGGACGTTGATCGGAACCCGGGCACCCGCCAGGGCGTCAGGCAGCCAT  
 CATCGATGCCAATTTGTAGATATGGCCGGCGACCCAGACACCCAGATCGGCAACATCGAGTTGCCGACAGCGCGG  
 CGACCTCGGCATCCGACAGGGCATCGAGGCCGACATAGACACCCGCGCTTTGCGGACGATGTGATCCAGTCCGA  
 AGATCGGTTCGCGGATCGGCCAGATCCGCATAGTTCGGTTCGAGCAGTTGCGCGGTTTTGGCCGTGGTGAGTTTTT  
 CCAGCAGCGGTAACAGGCTGGCGACGATCTTGTGAAATAGGTCCGGTTCATAACGCACGGCACTGCGCAGGCCGT  
 CGAGCACCGGGTTCGTAGACGCGGACTTGGCAGAGGACTGCTCCAGCGCGACCACCCGCTTTTCCCGGCCGATCA  
 TGTTGCGCGGGATGTTTTTGTGCTTTCAGCCGCTCCTTCGAGCTGCACGATGATGTCCAGGCCCTTCGGTTCGTGCT  
 GGGCGAAGTAATGCTGCGGTACTCGATGAACAGGGCGTCGATATTGACGACGTGCCGCTGGATCAGCAGGTAGT  
 CTGGGCGCTGGCCCAGCTCGACCAGGGCGCGGGCGATGATGTTGACGAACCCGACGCGAACTCTCGGAACGCTG  
 CGTATTGCCCTCGCCGAGAGTTGCCCGCGATGCGTGTGGCGACCTCCGAGATTCCTCCGAAGCGCCCCACGG  
 CGTTGTAGCGCGCTGAAATCCGGCCAGCCCAGGTGGAAGACATAGAACTCGCGTTCGCGCCCGGTGCGCTTGG  
 CTTCCACGTACATGCGCTTGGCAGGTGCGCATCGCCTTTGGGATCGAACACGATCACCACCTCGTGTGCTCGCCG  
 CAGCGTTACGCCCGCGAATGTCCTGGGTTCAGAACAGCTCGGCCAAGCGGGTCTTGCCGACCCGGGTGCGGCCCA  
 GCACCAGCGAATGACCGACCCGTTCCGCAAGCGGCAGGCTGACATCGACTTCGTTTCGGCTCGATGCCATGCAGGC  
 GGGGCAAGCCGCGACCCGCTGGCAACGGGCGCACCCGGTGGAGGGCGATGTCCAGGCCGTGAGCTTGGCCAGCT  
 TCGACAGCGGAAACGGCGGAACTCCAGCCGCTCCTCCAGGCCGCGCGCAACTGGTAGGCCGGGCGTGGGTTGCA  
 CGTAGCGGCGAAACTCGGGTCTGAAGGTCTGCGTCAGGCGGTGCGTGTGCCGTTGTTCCACCTGAATCCGCGGC  
 CGATGAACAGCCGTTGCTGGCTGACAGGCACATCGCGACTGGTTCATACATAACCGGCGAGGCGGCGAATGTTG  
 GCCGCTAGCGCAATGACACAGCGCATCAGCAGGCGGATCGCGCCGAAGGCGAGGAAGGCCAGTGCAGTGCCTG  
 GCGCAATCGTGGCTCAGCGCAGGCGACCCAGGGGGCCACCAGGACAGCAGCGCGGCGGCGGCGAGCTGCCA  
 CGGTGTACAGCTCCACGGCTGGCCGTAGCAGCACCTCGATCGCGTGGGGCTGGGCCATGGCCGCTTCACTGT  
 TCGATGCCGGTTGCCGATCAGCACCGGGTAGTGACGCAAGCCGAGGCGCTCAGCAAGGTGCTGCGCCCGCCACC  
 GGTGACAGCGGCAGCCCCGGCACACGCGCCGAGCGCGGCCAGGGTCTCGGCCGAGGTGATGTTGACGACCAGG  
 CCCACGGCGCCGAGTTCGCGCAGGCGCTGCGCCCGCTGCTGCAGCCAGGCGCGGAGCGTTGGTTCGTCGCCGACG  
 AGAAAAAGCGGCGGAGCCAGGCGATTGATCAGCGCGCCGCGCACAGCGCCGGGCGACAGCCGATGGAGCGC  
 ACCGGGAGCATGCTGGCTTCGTTGACCACCCAGCTGGCGGACGCGGAATCTCAATCAGTGGTGCCTGACTACG  
 GTGCGGGCTGCAGGTTTCAGGGCCTCGTAGTACGGCAAGGCCGAGGCGCCACCAGATCATCGACAATGATCAGC  
 GCGTCGGCCAGGACGAGCACCGGCAGCCAAGGCAGAGAGAGGCGAGGCGACGAGAACGGGCGAGGGCTTTCATGGCA  
 GGTTCCTCCGGGAGCTGATTTCCAGTTGGGGGGCGCCAGCAGCGGGCCAGGTGCTGGCCGACGCTGTGGCGGT  
 AGCGTGCGGCCGGCGCGCCAGCGGGGCGGTGTAACGACCGATGGCGAGCAGCCAGTCTCACCTGCGACGCT  
 GTTGCTCGCGCAGGATCTCGGCGGTGATGGCCAGGTTGCGGTAGGGATCGAGCAGGTGCGAGGGCTGTGCGTAGC  
 GCTGTGGGTGGTAGCCGAGATTGATCTGGCCGAGCCCCGCTCAATGCGCGTGGCCGGAGTGCCTTGGAGTGCCCT  
 GGGCAGCCCGGTGACAGGCTCGGGCGGGTGGCGTAGCGCTGCGACGTGCCGGCGACGTTGAGCGTCCACGGCC  
 AGGGCACAGGCGGCCTCTCACGCGGGTGCCTCTCTTGCAGCGCCACGGCGTACAAGACAGTCGAGGGAATCC  
 CAGCGCGCTGCGCGGCGACCTGATAGGCCGGCGGCGAAATTCACCTGCCCGGACGGTGGCCGGCAGCACACAGG  
 CCAGCAACGCGAGCAGGTGCGGCTCGACATTAGGCTGCGCTGCCATTGGTTCGCAACCTGGCGTATCACCGC  
 CGGTAGGTCGCTGACAAACCCAGCAGCACCAGCCGCCGCTGCTGATTGAGCGTGACCTGGCCGCTGTGCAC  
 CTTGGCTGGGTGATGCCAATGCGCTGCGCCAGGCGCGGATACGCGGTCATCGGCCCGCTGTGACGACGTA  
 GATGTGCAACGCCCTACCGGCGGCCTGCAGCCGAGCGCGGCTTGTATCGCAGGCCGGGCGAGCGCTCTCGACGAA

CAGGGCGAGCCGTCCGCTCGCTGCTGGCACCCTGGCGAGAATGCCGGGCCGGCGTCCGGGCAGGATGACGCGCGG  
CATATCGGCGTGGAGTCGCTGCCAGGCGTTCGTAAGCCCGTTGGTAGGCGAGCAGCTTCTCGACGCGCTGCGC  
TTCGGCCCGCGCCTGCAGCTCCGCGTAGCGCTGCCGTTCTTGGTTCGGAGCGCGCTTCGATGCCCAACCGCAGTCAG  
CGGGTCGAGGTGCGGTGAATAGACCCCGAGCGCCCCAGCATCAGGTTCGCGGTAACCGCTCCATTCTCGACGTT  
CAGGCCCAATCGCGGGCCTGCTGCTCGGCGGCGCGTTCGATGGCCAATGGGCGCTCGCGGTTGGGCTGTTGTC  
GCTGCCGAGGGTTGGCGCGCTCTGGGCCAGGCTGCTGGTCAACAGGAGGAGCAGGGCGGGGGCGATAACGACGCGG  
CCTCATCTAACCCCTCTACCGCGCCGGAATCGGCAGGCGACGACTGTGTCACCGTGCCGGAACACGGCGGTATT  
GGGTTTCGATGGCTTCGAGATTCCAGCCGGCCTCGGTCTCGCCGGGGCGCAGCAGGCGAACCTGCGCGAGCGCGTC  
GGCGGGCTGGCAAAATCGAGACGAACCTGCTCGCCGGGGCGCAGCTCCGTGCCGATCACCCGGAATGGTGGCTC  
CACGGCCTTGGGTTTGGCTGGTGGCGGGCGCGTGGGTGGGACGAAGTCGGTGGTGCAGGCGGAGGCGTGTAG  
GCGCATTTCCAGCTGCTCGATACGTGCTTGCAGCGGCAGCAGGTTGTCCGCTGCCGGCTGGCTACCGAGCGCTTC  
CTCGATCACGCTCAGCCGCTGTTCTAACGCCTGACGCTCAGCCTCGTAGCGCGCTGGGGCAGGGCGACCGGCTG  
ATGCTGGGCGTGTTCGACCTGCTGGATCAGTTCGGCCAGGCGCTTTTCCAACACGGCGACCTGCAGGCTCGGTGC  
GTGGGTTTCGACCTGGGTGCGCAGACCCGACAGCGCGACGTTGATCACGACGGCGGCGCTGATCAGCAGCAG  
CCAAGTGACCACGGCGACGCGCATCAGGGTGCCGTGCTGGCGAGGTTCACTGCCGGGCATCGTCGTCATGGCTGC  
AGCTCCCCGGCGGCACCTTGAGGGGAATGCTCTCGGCTATGGCCGGCGCGCTTCGACAGGCGTTGCGTGAGGC  
TGGCTGAAACAGACGCTGCGCGTGTGTGGTGCAGCTGCAGCGTTTCGCGCTGGCCCCGCCAGGGTCAGCAGGGCA  
TCGCGCAGTTGCAGTGGGCCGAGGTGATAGTGCGCCCGGCAGTGGGAGGCCGCCAACGCATCGATGTCGCGT  
CCGCTGCAGAGCTGATAGCCGGAGCGTTGCAATACATGCCGCAGCGCATCCCCGACGTTGGCGTGCAGCGTGCCG  
GGAATGGACACGTCGACCACCTGCAACAGCAGATCCTGCTGGGCGGCCGTCGGAGTCAGCTCGACCAGGGTATAG  
CGGCCGTAGCGAACGACCGGGACGTGCTTCGGTGCCGGAGCCGCGACCTCAGCGGGAACGGGAATGGGCGCTGGT  
GGCGTTGCGCAGCCGGCCGCGCAGTGGCGCCAGCAGCAGGCAACTGCCGTAGGAACGGAGGGCGTGCATGGCTCGG  
CTCTCGGCAAGGTCTAGCCGAGACCATCGCCACTGCGCGAGGTTCGAGTCAGCTAACAAATGGGAATCGCTGTGTTG  
CCGTTTTTACAGGGAGGCCCAAAGCGAGCAACTGACCCAGCGGCGATCAAAAAACCAGCAGGTGAACCCGAGGCC  
CCATGCGTCGAGGAATTCGGATCTTATCGAAAGGGTTATGCACAGTTTTTGTGGATAACTCGAAGCGGGTTTTGTG  
CGTTTGCCTCGCAAGCAGTATATTCGGCATAGTCGGGGGATCGCGGAGGTCAGAGAGCTGGAGGAGGGCGCT  
AGTGGCAGCTGTTGTTTCGGCCGACAACGAGTACAGCGCCGCGGTCGCGATAGGCAACAACCGCCGAGCCGCTG  
TAAAAACGCAGCAAGCAATGAAATCAACTTCCGGTGGATTTTCTCAGTGTCCAGGAGGCCCGCCGAGCCCAAT  
CAGGCGCAATTGATGATTCTGGTTGCTATGGCACTTTTCGGCTTCGGTGCGCCTGCTGGAGGGCGGCAAGAGTGGT  
AAAACAGGCCTCAGGCCTTCATCGCTGCCATCAGGGCACCGCTGCCCAACACGTTCAACACGCGTTTGAGATTGT  
AGGCGAGCACATGCAGGCTCATCTCGGTACTCACCCGGTCGAGCGTTCTGGTGGAGAAAGTGGGTGGCGCCCATCC  
AGGACTTCAGCGTGCCGAACGGGTGCTCAACCGTTTTGGCGCGGATCCGCATCATCTCGGGCGCTTGATCCAGGC  
GACTCTGCATCGCCTCGAGCACTGCCTCATGCTCCCAGCGGCTCACTCGACGCTGTGGGCTCGGTGTACATTGCT  
CTTTCAACGCACAACCCTGGCAGTGCGAACCTCAGTAGCGGTGCAGCTTCAGTCTTTCTCGACGCGTGAGAACC  
GCCAGATAAGGCTTTGCCAGCTGGGCATCGGTACTCGTTATTGGCTGCGTCATAGATGAAGTCACCTTTGCCGA  
AGCGGCCCGCGCTGTGCTCCCGAGGTTCAGCGCCTTGGGCGACGAAAACGGTGATTCCAGCCTCATGGCACGCCA  
GGATTTCTTCGCTTTGAAATACCCTCTGTGCGCGACCCGCGAGAGTTTCTTGACGCCCATGGCCTCTCGCGCCT  
GCTTGGCCATGGTGCTTAGCTGGTCTCGATCAGCCCCATCGTTTCGTTACTTTCGTGGGTTCAGATCAGGTGGTGT  
TCGCGTCGACCGCCGCTGTACGTTGTAGCCGACCACGCGGTTGCCCGGGTCTTCATTGAGCGGGCATCGGGAT  
CGGTCAGGGAGATCTGTTTATCCGGTGTTCGTTGAGCTGAACCTCGATTTCTTGAGCTCCTGCAGCTTAGT  
TCAAGGTCGCGATCTTGTGCTGGAGGCGTTCGGCTTTGACCTTCGCCACGGCAGGTTCTTGACGATCAGCGGTAT  
CCAGTGCCTGAGGTAGCGATTGATGCTGGACTCGATCTCCTCCATTGCGCGCTGAAGCTTGGCGCTGGTGAAT  
TGGCTGCGGTTGTTGACCGCTTGAACCTGCTGCCATCGATGGCCACAAGCGCTTCAGAGAACAGGCCAAGCT  
GCTGGCACAGCACCACGAACCTGCCTACAGACGCGCGGATGCTTTGCGGTTATCCTTGCAGGTTAGCGATGG  
TCTTGAAGTCCGGCATCAACCGTCCGGTTCAGCCACATCAACTCAACGTTGCGCTGAGCCTTCAGCGCTTCAAGCGCGC  
GACTGGACTGGATGCGATTGAGGTAACCGTAGATGTAGATCTTTCAGCAGGTTCGGCAGGATGGTAGGCCGGCTGC  
CGTTTTCCGCGGGACGACGCCCTCGAAACCCAGCTGGCCAAGGTTCAGGTTTCATCGACGAAAAACATCGACCACCC  
GCACCGGGTTGGTGTCCGCCACATAGTCATCCAGGCTCTCGGGAAGCAGCGCGCTTTGGCCTCGATGCTCTCCCT  
GGATAAAACGCTTCATTGGCGCCCCCGCTGATTGCAATCCATCAAATCATAGCAAGGTTCGATGCCAACGTTTTT  
ACACAGCCTGGGCCAAAAGCAGCCCGCGGGACTGGCGGTTATCGACCCGCGCGCGGGCTTTATTACTTTACC  
TGATCGAGACAATATCGGCAGTGTCTGCTGGATCCCTGACGGAGTTCACCCAAGGACAATTTCTCGGCGACTT  
TTTTGGCAGACAGCTTAGTTTTGTAGCCCTTGGCATCACTTGGGTGATTTGAGGCTGCCATGCGCTTGCCGGTCT  
TGACGACATACAGACGCTTGTACCAGGCTTCAACTCAAACCATAACGATCCAATCGCCACCTGAGGCTTTGAAG  
GATCAGGGACAGGCTCCCAAGACAATGAGCCATCGTTCGTCGATAAACCCTATAGCAAAGGCAAGCGCGCTAC  
CACGCCGTTTTGCTGAGGCCCATGCTTGGGCTGCGGTCTCATAGCGCACCTACTTTCCAAGCATGTGACCCAGA  
CGCTCGGTGACGCATGCACAAGAAAACCTCCCTCTAAGCTACTTTCCACTGCGTAACCAATTTATCTTGCCCATCT  
TAGTCTCGTCTAATAGTCCGATATGCCTTTTTAGATGCTACTGATTCGGCTCCAGCACGTTGCTTGGGTGAGTG  
AGCAAAAAACCTCCAACCCACGCGGTAATTTCCGCATCCCGATGCGGCTGTTTCAGAGGAACCGGAACGTTAGTGT  
CCCATGGTGGCCGATGCAACCCCTTGGATTTCAGTCCGCTTTTCGACCCAGGCTGTGTCAAAGACTGCATGGGATA  
ACCTTGCACCCAGTCAACCATGAAGGTGCGAAGTGAACGATGGGTTTTGAACAACCTAGCTGAGCTACGCGACC  
GCCTGCGGTCGAAAAGTGCAGGTAAGACTGATAGTACGAAGCCGCGTATGCGGAAGCCTTCTCTTACAGACGA  
AGCCTAGCGAGCAAGATCCTGCGATGGAAGCGATCTGGCGATTGCAAGAAGCACTTTCCATTGGCCTTCCCGGTCA  
ATCCGGCCCCAAGGCTCCGCTAAAGGAGGGCATTTTCAAGGATGCCGAGCAACACCTGGAGCTGCTCGGAATAT

CCAGCGAACAGCTCAAGCAGGGCATCGCTGCCTGGTGCAGAGGAAGTCGATACTGGGCAAGCATGACGGAGAATG  
CGCCGCGCTTGGACTTAAGCGGCCAGGCAGTTGGTATGGTGCAGGCGGCTCAGGCGCTGCATGCGAAGCAGCAGG  
CTAAGCGACAGCGCGGACAAGCACGACGTAATCAGACAAAGCCGAAAGAGTGTATACAGGACAAGGCCCTCGTTA  
CCCCTGTGGAACAGATTGTGGATTAACATCACTCGCGCTCGGCACCGAGTCGCCCAATCACTGACAAGGTGCGCG  
AGGCGATGATGAGGCGGTTTGAAGAGCGGCAAGTGGCCCGTACCGCCTGTGAGGTGTGCCCGCTGCCGGCCAAAA  
GCGGGTGGTTCAGGCCGTGAAAATATGAAAAATAAATCAGTCCCCTTTTCCACTGAGAATCGCCACCAAATGGCGG  
CCCTTTGCTATATCCACCCGGTTGGAAAGCGTCGACTCATTGCGCTACAACGTGTAATGAGCGCCGAAGTTCTG  
CCAATGTGAGCGCCTGACAGATTTTGGGTGCGCATATTTAAAAGGCGGGAAGGCTGGGGCTGCTCATGCAATGCA  
CGGTTAGAAAACATAAAAATTTCTAAAACCAAGAAAGATTCGGAAATCTGATAGGGAAATATGAGTAAGTTCGAATT  
TGAAGCACTCACCATTGAGCGAATGATAGCGCATACGATTTTCTCGGACAAAAGATGGAGTGTGGTTAAGCC  
TCAACTGTCCAATGATTTAATTCGCTGGATGTGCGACTCTAGGGATTTGGTGCAAATTCGAGTGACGGATGCCCT  
AGGCAGCACATCTCATGCGATAGAGATTAATGTGAGAAAGTCAGGTGACGGTTCCCTTCATGCAAAAAGCCGCTGC  
AATTATCAGAATGAATGATTTGGGTTTTGTAGCTAAATCCAAAGTTATTGCGAGCGACCTAGCTGACGCCAAAC  
TAATCCCAAATGGCCTGGCGGGATATTGATCGTATTAATGGTAAAGTCGGCAAAAATCAAAGCCCGTATGCTGC  
AGTTATTAAGCCGAAACCGATAAAGGTTTTAATATTGAAGAGGTGAACGGCTCCGTGAGCTTGACACTTATTAA  
GAAGATGCTCTTGTCTCAAACACAACGTCTGTACAAGATTGGGATCGTTGTTGAAATTTCTTATCAGGCCCGGT  
GAATAATCTTTATTCGCCGGAGAATTACAGATATTTTTTGTGTTGATCACCTGCTCACCAGTACCGAAACAAAATC  
CGCAGCAGCGTATTTCTATAATGCTTTCTTGGGCATGAATATCGTAGGTTCTTCTAAGTATCAGACTCGGAAGTT  
TTATGAGACGACCAAGGCGTTCATTAATGCACTTCCAATAAATTCCTCAGAACCGCGCGCTTTATTGGAGGCGCT  
ACGCTCTGATCTGCGCAGCAATAAAGGAACATATGTGCGATTGCTACATTTGCGGAAGAGCATCTCCCTAAGGAGCA  
AAGGGAAGAATACAAAAAACGATGTCCGCAACCGGGCTCCCTGACACGGCGATGATAAAAAGATCTTGCTTACAT  
TAAAGCGAAACTACGTCCGCCTCGTAGAATTGATTTTCAGCACGGGTATCAAATTCAGGTTCAGCGGATGTGGA  
CTTTAGCGAGCATGTTCAAGTGGAACTCAAGCAGGAGGCTATACACAAGTTCGAATAAAGGGCGTAGTCGAAGG  
ACAAGAGTAATGGAGCTCGAGGAGTTTAGATGTGCGCTAACAGATGCCAGCCTAGCTTGCAGGATGGGGGGAC  
TTTGTCCGTGAAACTGTTAAAGCGATCTCTAAATCCGAAAGCATAACTCTTCAAATACTGAGCAGTAGAGTCAAA  
GAAATAGACTCTGCGATTGGCAAGCTGTCCGAGAAAACCTTACAAGAACCCGATGTCCGATATGACAGACCTCGT  
GGTGTTCGAGCTGTTTGCCTGTAGTCCGACGTTGAAAAGCTGTGTGCTTCGTTAGCATACATCCAGAATTGG  
AAAATTCAGAAATCTCGGGATACCTCTAAGGAGTATGAACAAGCCCCAGAAAAATTTGGCTACCATCCACCAT  
TTCGAAGTGCCTGCTAAAATTGACTTTGATACTGATGGGGTTCTCATTCCGGCAGATACGTGTTGTGAACTTCAA  
GTAAGAACTTTGATGCAGCACGCTTATGCGGAGGTAGTACATGATAGTATTTACAAAAGCTCCTGGGGTGCGCCT  
AGTAGAGCGATTAGGTTTTGTTTCAAGTAGTGCAGGCGCTGATTGAGACTGCGGATCATCTTTTTTGTGAACTATG  
AATATTTTAGAGTTGGAGACTAAGGGCCGCGGTGAGCTGCTAGAGCAGCTTACGGGTCTTTACGACTCAAAAATA  
AATATCAAGGGATTCAAAGATCAGAAGTTCAATATGATGGTTTTGGAAGAGCTTAAAAATTTCAATTGATGATGCG  
ACTGTTCCAAAGCTTTTCAGCCTTTCTAGATGAGCGGAATTATATTCCTGACAGGATAAGTGTAGAGTCAAGTCT  
GACGATTTCTGGTCTCAGCCAGTTTCAATGCTGGCGTATTTTTCTAGTGCATGATCATTCATATCTGGTAAAAGAC  
GCTTGGCCATTCTCTGAGTCTGAGGACGCGTTAGCTATGGTTTTACAGCGATCTCGGGAAGAAGTTTGCAAACATA  
GAAGCTTTGCTTTTTGATCTTCAAGTTTGAATAATCTTCTCATATACATTCGGCGCATATTTTCATGGCAATAATGG  
ACAGGCCACGGTTTTTGGCTTGAAGGATGAAGTGAAGTGAATAAATCGTGGCCTGCCCTACCCTATCATTAT  
TCTACTAATCTACTTCGACCCGGCAAAAAGTTTCGATCTCTTCGAGCGATAGATTATTTTCAGAGATTAGAGCCTGCA  
TCTTACTGAATGCCGTTTTCTGAGTACTCTGGCTGAACTTGCTTACCTCAATAACAACCTCCCTCTATCTCAGCAA  
ACTTCTGGCCGCCAAAAAAGCTTGCTTTTTTCTCAGCTTTTCGCCCCGCACTCACAAGTACGATGTCTGTTCTCG  
GTCCAGCTCCGGCTTTGAGGCTGTACAACCTTATCCCCAATCTCGAGGCTGTTATGGAGGAGAACGTGTACGTTCT  
TGTCAACTCCCCACCTGGCCAAAAGTGATAAACCGCTGCATACATGATTTTGGCCTTAATTTGGGTTAGTCCCTT  
CTGCCCGCATCGCCGTGAAAAGGCGACGTTGGACATCTCTGCCACGATTTTGACCGTTCAATCGCAAGCCACATCAT  
GAATGACGGAAGCTTTTTCTGTACGCACCTTCAAAGGCCCGCTATTATTGACCATGCAAAATCCCGGTATCGAAG  
CGCCGTCTACTTTTTGAACCCTTTGGTGATATCCAAACAGTAGAGTCCGGCCCCACATACTTGAAGTCAATTAAGCA  
GTAGCATACCCCTGTGGTCTGGGAGCCATGTAGTATCTGGCCCTCCGGAAAAATCCTGTTTCTCGACAACCTGCGC  
GTACACCACAGCAAAAAGGTGAGCGCCTGGGTGCGCCAGCCGAAAAGAGCAAAATCGAACTGTTCTTCTTGGCCGCA  
TACGCCCGGAGTTGAATCCTGACGAGTATTTGAATTGGGATTTGAAACATCAGGTTTCGTACGGGCTTGGCCGGC  
CGTAATCAGGACGAACTGGAAGGGCGTGTTCGCTTGGTCATGAGACGATTGCAATTACGCCCCCAAAGAAATCCGT  
TCTTATTTCCGCCATCCACGTATCGCCTACGCAGTATGATTTGGTGTATTTGATTGCCGGGTTAATAGCCTGTGCG  
CGAGCGGCTGCTTTGGGGCGAATCGGTGATTTGCCACGGCAATGGAAGCGAGGATTCAGATCGACACTCACCTG  
AAAAAATTGCGGCGCACCCGGACACTCGCGTCGCCCCGTAATATCGAGGTAAAGATGCAGGCAGCCTAAGGGCTGC  
CAGCATGGACACATCGCTCAGTTTCGAACAAGCTGCCGTGCCAAGGCCACCTCCACCAGTGCCTATCTGATTTC  
AGGACATCGAGTCCGGATTTCGGGCACGTCTCCCGATGTGCTCTGCGAGACCATGATCTTCTTGCCCATCAGCGCC  
AGGCAGGTCTGCGAGGTGGCTGCGTAGCCAGGTAGATCACCTGACTGCCAGCTTCTGGCCGATACGCCAG  
GAACGGCGTGCAGGCTTGTGTCAGCGAATACACGTTGTAGCCCGACTGCATGAAGACAATCGTGGGGAATCCAGC  
AAATCCAACCCGGTTTTTACCAGTTCCGGATTGGTGTAGGACGTCGATGCCACGGTCCAGTTGCTCGGCAATC  
CAGTCTCACGGCGAGAGGCATCCACGCTTGCAGGTAGTACCGCCACCTTGAAGCCTTCTGCTCCAGCAACAGC  
TTGAGCCTGGAAGTGTATCGCGTGTGCTGTATAGACACTGTAGACCCAGGGTCTTGCACCTTCCGCCTTCTCC  
TTGTGGCAGATCTGATCAGCTCGCGCTCCTTGGGCATCACCTTAGTTTCGTTGAACTGGGAGGCAACGAATGCC  
AACAGCTCGCGCTGCGCGGATGGGTGACGGTCTCCGCGCGAAAAGCACGTTGTCGGCCAGCCAGCAGTACATTG  
AGCACCACGCCAACAGCGTCTGATCACGTTTTCGCCAGGGACTGTTTCAGCTCCTGGCTCAGCCGTGACGACAGG



GCCAGGCACGACGATGGATGATGCAGATAACTGCAGGGCTGCTGAGGCTGCCATGACGGGTCTCCTTGTGATGAG  
TGTGAGGATGCTGGGCATCCATGAGAAAAGAGCGGACCACGCCACCAGGGGCGAAGTCCGCGCGGCCCTCAGGCC  
TTCAGCTGTTGCATGCCTTCGGCCAGCATCCACAGTGCAGCGGTTGAGCCGCACGTTCTGGTCGATCCCCTGAACC  
GGCCGGGTACTCTGGCGGCGGCCATGGGCGCTGCGTCCGTTCAAACCGCCTTTGACGAGGTTCTCCTGAATGCGA  
TTGAAGGTGGACCACAGGTGCGTGCCTCCGGTCATCGACCGGTGCGGGGCATCAGCACCTGTGCCTCGGTGATCGGC  
ACTACCTGGTTGGGCGTGTGCTACTTGTAGCGCCAGTGCAGCGGGCCAAAGACTTCTTGTCTGCCTTCGTCCAGG  
GTGATCAGGCGCATCGCGTGCAGCGACGCTGCACCTGTTTGAAGCCGTGGAGGACCTCGTAGGCACCTTCGATC  
ACGTGCTCGGCGACATTGCCTTTGTGATGCACACGGACATCGGCGAGGGTGTACCAGCAGACCAAGCCGTTGTGG  
CAGACGAACCTGAACATGCCGGCGAGCATCTGGTAGCTGCTGGTGCCTGCGTGCAGATTGAGGAGGATGATTTCA  
TTCGCTTCGTTGCCATTGATCTGGCTGGCGTGGCGAAGGCGGATCATGTGCTTGGTGAATTCGCGCGGCTCCTCG  
TGGCGCACGCGGGTCTGGCACACCATGAAAGGCTGGAACCTTCTCCGCGCAGCTCGGCAAGTACCAGGCGGTTG  
GGGATGTAGCTGTAGCGCTCGGACCGGCTCTCATGCGGGGTGTCCGCAAAGATCGACGGTGCACCCGCGGAATC  
TGCTCATCGGACAGCGGATGATCAGCGCGCAGTATCGGCGAGCGGGGAGCGAAAACGAGAGGCGAGTTGCATGGCC  
GTTCTCCTTGAGAATTGCGGCAATCGCATGCGCGGCTGGAAGCCGGCACCTGTGATTGCATGGGATGAAGAAAG  
CCCCGAAGGGTGGGGCGATGACGGGAGGTGGTGCATGTCGCGGACACCGAGGTGCCGGGGCATGGAGGCGAGG  
GAGGAATGGCTGGGCTGGGACAGGCCAGCGGGTCAAGACGAAGCCACCCGACGGGCTCCTCGACAGGGGCTT  
GGGTGGGGCGGTGGGTTGTGGATTAACGCTTTCATCCTCGGCGTGAACCGCCTCGTCTGACGCGAGAGCGTCTT  
CGTGAGCGGGCGCTGCGGATTCCAGCGGATAGACCTGTACACCATCGACTTTGATCAGGCCGATGCGCATCAGCT  
TCGACTTCAGGCTGCCGCCACTTCACCGGCGTGTCTCGCCTTTGCTACGGACGTAGGCTTCGGCCTTCATGTGCT  
TGAGCGTGAAGGCCAGCAGCACCTTCTTGTTCGCTTCAACGGCCTGAATACAGCGCTGCACCAGGTGCTGAGCGC  
TGTGCTCGGCGACGGTGGTCTCGATATAGCGATACTCGGGGTGCTCGACCGGGCCGGCCAAAGCAGCGATGGAGC  
ACGACAGGAATGGATCACCGCCGTTCCGGGATCATCCTGGGATTGTTCAAGTAGCCGATAACCGGGGTCAGCAGCT  
CGTGATACTCGATTTGCTCGAGGGTACCGCGTTCCAGCAACTCGGCCTTGAGTAGCCGGGCTTTATGCTGGCCG  
CCGGATCACCCGAGGGCCGGCGGAACGGATCGATCCACAGGTGCGCGAGACGAAAAGCGGACCAGCGGCCGTTGCT  
GGTGCATCATCGATACCGATGTAGGGCAGAACGAGTTGCTTGGCTTCGGCGCCGGACACGCGTACGTCGAAGTAGC  
GCCGGTTCGGGTTTGTGCGAGCCCGGACAAAGCCCGCCACGGTGCATGCGAGAAATGGCATGGCTTTGCGGCCAC  
CTTTTACCAGTACTTCGCAACACGCTGGATGTAGCCGATGCCCCGAGGTATGGATGTCGAAGTACGACTTCGGGC  
TGGAAAGTAGTGCTAGTCATGGTGAATCTCCATTAACCTTGGGAGCAAGAAAAGCGAAGACACACCGCAACTGCGG  
GGAGGTGCGTAACCCCGCGGTGGGTTGAGGAACATCTGCATCCACCACCGAAAAGCCGGTAGTCTGCGCGGAG  
GGATGCGGTGCGAACGGGGTTCGGTTCACGCGGAGGAAAACCGCGGGCAGCCTTGAAGACCGAAGCTGCCTGGCATGT  
CGCTGACGACGTCAGCGGAACATGTGGGGGAGGATGGCGCTATGCGAATCCCTTGGCCATGGGGAATCGGCAACT  
GACGGCGACCTTATTGCTCAGCCGGCGCAATAGAGATAGGCTTGGTGGGAATGTGGATTGTGCTTTTTTTCAGTC  
AGTTGGCCATCTGGACAGGCCGATCTGGTTGTACGGATCTTGGCGCGAGCATTTTTTACAAGTGAATCAGGCGA  
TCGCATACATGGCAGCGTGGCGGGACGGCGACGCTGCCTTCCAGCTAGATCGACGATGGGATCGGCTTGTGTCTT  
TCTTATTCCCGAAATTTGCTGAGCAGCTGATCACCACGCCGTGACCGACTGCTGGCTAGCTAGAGCATGTAAGCA  
CTTGTGCGACCGCAGCTGAAGCTGATGTGAGCAGGTGGTTTCATCTTGAACGAGGTGCGCACGAGGACGCTTCAT  
AGGTGAGACCGTTTTCGGGCCGTAGACGGGGCTGGCGTATCGATGGGGCGCGAAAAGAAGACCCCGCGAACC  
AGGGCTGTGAAGTGGGACGTCAGTTGCCACCTGGTGTGGTAGCGCTGGCGTGAGGGACAGCTGTGTGGAGGTGG  
CGGACAACCTCCAGGTGCTCCTCGCTGTTTCCAGGATGTGCGTGAACACCATGGCTTTTCGGGTGCAAAATGCTT  
AGTCATTGCCACCAGGCTCAGCTCGGCCACCAGCCATGGTTGATCTCCTGCTGCTTAGTGCCGGACAGGTTTCGA  
TTCAGGCAGGCACTGCACCTGGATGCGCCGCCAACTGCCATCGTCGATCAATTGCTCCAGCGTTTCTCCGAGCGA  
GTCGAAGAACACTTGATCGATGCGTTCGACGAGTTCTCCATCTCGTTTCAGCTCGATCACATAGAGGTCATCGGA  
GCGGTCGTACAGCAGGGTACCCTGCCCTTGAAGTTTCGCGCTCGCAACGGTGAAGCTGATCGCCGAGGCGTCTT  
GATGATGTCTCGGTTAGCGGATCGACAACGGAAAATGCCCGTGCAGCCAGCATCCACCAGCAAGTGGTGTATGTG  
GCGGAAACCGTTCGGGAGCCGGCAGCTGTTTCAGAGTGGTTGATGAGTTTCTGCAACTCTGGGACGCTGGCTGCGG  
GAGTGGCAGTTTGGCGGGGGCGGATCCGAGTATGTGCGTTTGCATTGTGAAGGGCGTGCCGCTGCGGCGTACTC  
GGTACGTTCTTCCGGTGTGTCCGCGCGCAGACCATCGAAAACGGCGTTCGGGCATACGGCTGGACCTGCACCTTGGC  
GCCCTCAACAGGCACTTCGGTTCAGCAGTGCAGGATCGAGCACTGCGAATTCGGCCCCGGCCGATCTTGCAGCAGT  
GGCATCGCCGGTGTGCGGATTAACCTTGCCTCGAACGGTTTTCGGGTCGATGTGGAAGCCCCACGTCGAGACCTT  
GGGTTGCCCGTCAAGATATTGAACCTGAAGGTACGGACATTCGCGGGAACATGACCGGCGACCAGAACGGGCAT  
TTGTGCGCGGATGGCTTGGGTATCCATTGGAAGCTCCTTGATTA AAAAGGGACTCCCGCCGCAAGGGAGGGTGT  
CCCTTGAGGGGTGGATGGCGGACTGGCGCCGATAACAGTGAACAGTGCAGTAAACCGCACCGCAGCCTTGA  
GGGTCTTGGCTGCCTGGGATGTTGCCGGCGACGCCAGCGAACATGCGGGCCACGATGGGGCGCAGGTGAGCGTTT  
TGCGCGAGGCAAACCGAAGCCACTGGGCACCGTATTGACCGTTTCTAACAGAAAAGGCCCTTCGGCGAGGGGC  
TCATGGGAAAGACTGCGGAGCACTTCGAGTTCCAGGCGCTACACTTGGTACAGCGCGAGCCCCGTCGAGCGTGGGG  
GCATCGGCATCCAGAATTAGGATGCGCACGTCGGCAGCGGCCGCTGATGCAGGATTTCCAGCAATGACGGCGGG  
ACGCTCTGGCCCAGATGCTCTTGC CGCAACTGCTCAGCGGTGATGCCTTCGACGTGCAACAGGTTGGCGCTCGTC  
CAGGGCGTGGCGATCAGCTTACCCCCGACAGCCGGGGAGCAGGGAATGTGGAAGGGCAGCAACAGCAGGCCGGTG  
GGCGTTTCGGTATCCGCCATGTCTCCAGGTAGCGAATCGCATCCTCGGTGACATGCGCGTTGCTGATCTCCAG  
CATCGACTGTAATGCCAGTCTCGAAACTTAGCGGTTAGCCGTTGAACTTCGCGAGCGGCTTCCAGGGTCTGGGTATCG  
CCGATGTGCGGATGATGCGCCGTTGTCTGCTCAGCGTAATGCTGTAGAGCACAGACAGAATCGTACCAGGTTCCGCTG  
CAGAGCGCGTGCAGCTCCGGCGAACCTCCTGACCTTTAGTGACGAGCAGAAATCGTCGAGTGAAGATGCGAGCGA  
CGGTGGATCAACTGTTCTGTCGGCACATGGCTTTGTGAACGATGCAACGGCAGGTAGGTTCATCGGGCAGCGGTCG

TCGTAGCCGATGACGGCAACTCGCTGAATATGAAAGCCGTGGTAGCCACGGGTAAAAGGATTGATCGGGCTGTT  
ATGGTGTGCTCCTGTGCGAAAAAGACGGAGGGACATGCCCCCAAGGGACGCATGTCCCTCGTGGGCTAGGAAAA  
AAGGGAGGCTGAGAGCCGAGGCTCACCAGCCGTGCTAGTGGAGCACCAGGCCGGCGATGACCTTGCGGCGTTCC  
AGGTCGAGACCGCCGAGATCGGCAAGCCCTCGAACTGACAGCGTTTGGAGCATCGCGCCGCTTCACTGGCGTTA  
TAAAAGCTGACCATCGCGGAAAGGAACAACCGTTGGCCGCGCTCAGTACGCCCAGGGCGTCTTGGAGCCGTGT  
ACATTCGGTTCGAGATCCCACTTGGCTTGGCTTGTGTCAGCCCGGTGTGAGTGCCGTGCGCGAACCCTCGGCA  
CCGGCGATTTGGACACCGCGTTTCCATGCCTGCAAAAATGCCGACGGGGCATTGTGCAAAATGCAGAAATTTCCCGC  
GCGATCTGATCAAGGACGTCTGGAGGTAAGACTGACTCATGATGTTCTCCCGATGGGTAGGGTTCAGGGATGGA  
GACGTTGATGCCAGCGCCCTGTGCTCAGGGCTGCTCTGCAGACTTCGTATGAGCGGAAGTACTCGACGGACTCGC  
GCGAGACCGGGCCGTTGTGCTCAGCAGTGGCGATGAAGTGGCCGGCGCCGCTTGGCCGACCTGCAAGGGCAGGC  
GTTTACCCACGTAGGTGAGGGCCAGATAGCCGATGGATTTCGGCTCGGGCCTGGGTGGCAGTGGGTGACGCGGGAT  
GTGCATGGGACATGGAAGAGCCTCCTGGCTGGAATGGAGCAAGGCACCAACGCCTTGCAGGCGTTCTGCCGCAAG  
CTGGTGGGGGCGGACTGGTTCGGTTCGGCGCGGAGGATTCGGCGGTGCAGCCGAGGATCCGTGCTGCGGGCATGG  
TGTCGACCGAGGTGACGACACATGGGGCAGCTTCGAGCTGCTAGGGGAGCGAGTCATCGGGAAAATGGGAAACC  
GGCAGCTTCCCCTTACTGGCGAGCACAACCGGTGACTCGGGCGTGGTTCAGCGGAAGAAAAGAACGCTCCCAGGGG  
AGCGTTCATGCGTCAGGTGAGGCTGTGACCTCAAGCAGTTTGGCGTTCAGTGCAGAACTCAGTGAACGACCGCG  
CCGGCCAGCTTCGGTTGAGAGCCATGGCTCAGCGCATATGGCAGCAGCGCCCTGACAACCTGGGCGGGATCCTGC  
GAGCAACCTACAGCGATGAACGTGGCGAGCGTCTGCGCATCCTCATCTTCTCGACCCCTGTCATAGCGGTATCA  
AAGATGTAGTCGGACACGAGTTCGGTGCAGTTCGCAGGCGTGGCGTTCAGGTACAGGCAGTCTCCTTACGCAGT  
GCCTCCACCGCATACTCCCCGGTTACCTTCCAGGCTGGCGTTCAGGGTATCGACCAGAACCAGTTCGTGCGCAC  
TCGGCCAAGGGGGGATAACTCTCGCTATGGAGAATTGCACCGTGGCGGACGCTTACCTGATCCGGCGTAACGCCCT  
TTAGCCATGTGCCGTAGCCAGTGGTTCGCATCGAGGCGATGCTCCTCCAGCAGAAAAGGCTTGTGCTGCATGCAGA  
TAGCTTCCACCACGAACCTATTGTGACGCTGCTTTCGATGAACCAGATGCCACGCTCCTCCAGGGCGGCACGG  
GTTGATAGTCCATTGAGCGGAACTGCTCCCAGTAGCGGTGGTATCCCGCGGGTTCCTTCCAGTTGCGAAAC  
CAGGCGAGTGGAGCGCATGGCAGCTATTGAGCAGATCCGCGTTTACGAGGACAGGCAGGTCTCCGCATACAAC  
TCAGTGAATTCAGTGTGCT  
TGAATGCGCAGGTGATCTTCTTCTCATTGAGCAGATGCTGGCGATCTGGCAGGCGGGCATCATCTGCTGCGGT  
AACAGTACGATCTGATGCTTGGAGAAGGTTGGCGCCCTGCCGATGGGCAGGCCCTGCAGAAAAACAGCCCATTCGC  
GTCGGTGGAGCCTCGAGGTGAGCAGCAGCCTGACCTACCGGCGTTTGGCGCCATGACAAAACGCATATCTGTCAGC  
GGCCGCCGATCTCTACACCGTTGAGCGATACCTGTACAGGAAAAGGCTTCGCACAAGACTGTGAGCTGATACTCG  
ACCCATTGCGGCAAGGTGAGATGGGGCTGCGGTGATTGCACACCGTCCAGGCGAATCTCGGTGCCGATCCGTGCG  
GGCGCGGATAGACCTCAATGGCGTCCCGCGAATGATGCTCGCCGTGCGGGCGTTGAAGGCCTGGTTGCCTGAA  
TGCACCGACAAATGCTCAGCGAAGTACAGCGTGCACAAGACGCCGAGACCGAATGCATCTCCCGTGTGCAAC  
GCCTGATCCCAGCCGACTCGGCGATGAAGATCAGCGTTTGCAGGTGCGCGATAACCGTACCCTTGTGCTGACG  
ATGAGGGTGTGCGGTGCGCGATGACTGCGATGTGACTGGCCCGCGCGGGCGTGGTTCGTGAGCAGCTCGCCG  
AGCATGCTGTGCGCCGTGAACCGGTGACGCAGGTTGGCGATCAGGCGATGCTGGTGGTTCGTGAGGCAGATAGTG  
CTCATGGGATGACTCCTGATAGAAGGTGTGCCGTGGGCCCGGCAATGGAAAACGCCGGCGCAAGACGAACGCTGG  
CGGTGGCGGGGGGACTAGTGCAGTGCAGAAATGGCATCGACGCCCGAGGAGGGCGCCCGTCCGCGAGAGACGATG  
CAGAGCGGACTGGTTCGGTGCCTGCAGGGCAGTACAGCCTTGAAGACCGGGGCTGTGGGAAAGCGCTACCAGGGC  
AGCGATACCGACGAGAAGAATCGTGTAGCTGGTTCGGCCCGGTACGGGACTATGGGAAAACCGCTGGCTCCGCGT  
TTATGCCTGTGTGTTCTGCACGGCCGGTCTACGAGGGGGAGCGGCTTAGTGCATGGGGCATTCGCGGGTAGGTGG  
GGTTGAGGGGATTTTCGGTTGATTGAGTGGCGACGATTCCCGTGCAGTGGGCGGGCAGGCAGGAGAACGGTGC  
GAAGGCTTGACCTTCGGTGTGCGAGGAAGACACCACTGTGAGTGCATGAGGGCGTGGCCGTGCTCAAAGCCA  
TCCGCTGTGCGACGCGATTGCACTCGACCCGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT  
AAGGAACCCGTTGTTTTGCGCCGTGGGTGCGGCACTGAATACCATTGACCCGAAGGTTCTCCTGGGGCTCGTCT  
CTGCTATCTAGACAAGGCACCAGGGGACCCCTTCATCGCGACAATCAGCAGATCAACCTGTCCGTGCAACGGACCG  
TGGACGAGTCAGCCTTCCCGTGCACCCAGCGACACGCTGGCGACGAGCACGCGTTGCAGAAGGAGGGGGCGTGT  
GGGTTCCCCGCGGGCGGAGGTGTGCGCATCGACCGTGGTTCGATACGATGGGGAGACGAACCTGCGACCTATTT  
GGGATCTGCCGCGGCTTGGTGAAGTGTGCGCTTGGCGTGGCCTGCCGGCCATTCTGGACGGGCGGGTGCCT  
TTGCAATCGGGATAGCGGCAGCAGGACCAGAATGGACCGGTCTTGGCGGTGCGTGGCGCGTGGCGCTGCCGCAC  
AGCGGGCAGGCGGGACCCCTCGGGGAGTTTGGTGGCCAGGGTGGCCGCGCGGTAAGTGTGCACCAATTTGGTGTATC  
CACGTGGATTGCTTGGCGACGAAGGTCTCCAGCGTCATGTCGCCGGCTTCGATCATGTCCAGGGCTGCTCCCAG  
ACCGCGGTGCTGCCGGGATCGGTGATGGCCGCTGGCACCAGCATCGATCAGCCTGCCCGCCGCTCGGAGGCACGC  
ACGGTGCACCTTTCTTGGAGCAGGTAGCCGCGCTCGAGCAGGCCTTTGATGATGCTGGCGCGCTGGCTCCGGTG  
CCAATGCCCGTGGTCTCTTTTTCAGCTTTTGTCTTCAACCGCGGGTGGTGACCAGCTTGGCGACGCCTTTTCATGGCC  
TTGATCAGATCGCCTTGGGTGTAAGGTTTTTGGTGGCTGCGTCTTGGAGGGCTTTCAGATCGACGTGATTGACCTGG  
CAAGACAGTCTTTCGCGCAAGGCTGGCAACACCTGGCTGCGTGGGACCGCTTCGCCGTGCGGCTTGTCCGCTTCC  
GGCCCGCCAGCACCTGATGCCAGCCGGGGATGATCACCTGTTTGCACCGGCTTGCAGGGTCTGGCCGCCGCAC  
AGCAACTGCGCCGTGCTGCGGTGCAACTCGTAATGTGGCAGAACTGCGCGAGATAGTGCAGCGGATCAGCCTG  
TAGACCCGACCGCTTGTGCTTATGGCCGCGAGTTCGCCGGCTCCAGCGTGGGATGATGCCGTGGTGGGCT  
GATACTTGTGCTGTTCCAGGCCGTGAGCGCTGAGTCCCGTGCAGCTGCTCCAGCAACGGGCGCAGGCTGGGA  
TCGGTGGTGGATGCGCAGGTACGGCCGACCTCGCGAGCATGCTTTCGGGCAAGTAACCCGAATCCGAG  
CGCGGATAGGTGCTCGCCTTGTGCGTCTCGTACAGCGCCTGGGCAATGTCCAACGCTCCTGACGCTCCAGAGCC



AGTTGCCGCGAGCACACGTCCTGCAGCGTGCCAGGTGCAAGGGCAGTGGTGGCGCCTCACGCACGCGCTCCGTT  
GTGACGGCGACCACCTGGGGCGTGCCTGGCTACGCGTAGGCGATCGGGCGGCTTGTGGGCCGTCGCTGCTGCAGG  
CAGCGGGCCGCATCATCGCTGCAGCCATCCGCGGGGATCCAGGTGGCGAGGAAGCTGTGCCCGCCTGTCGATAGC  
CCGACCTCGATGCTCCAGAACGGCACCGAGACGAAGCGCGGATCTCGCGGTTCGCGGGTTACCACCAGGGCCAGC  
GTCGGTGTCTGCACCCGGCCGACCGAGAGTACGCCGTGCTAGCCGGCTGACGCCCCAGCAGGGTAAACAGGGCGG  
CTCAGGTTTCATGCCGACCAGCCAGTCCGCTCGGGAGCGCGGAGCGCCGCTGCGTACAGCGGCAGCGCCTCGCTT  
GAGGGTTTCAGCGCGCCCAGCGCCTTGCGAATGCTCGCGTCGTTGAGCGCCGACAGCCACAGCCGTTGGATGGGC  
CCGCGATAGCCGCACAGGTGATGATCTCGCGAGCGATCATCTCGCCTTCGCGATCCGCATCGGTTGCGATCACC  
AGCTCGCTGGCCTGGCCGACCAGCTGCTTGACGATCTTCAATTGCGCGGGCGGTTGCCGCTTTCGGCTCGACCCGC  
CAGCGCTCGGGAATGATGGGGAGCTGCTCGAGCGACCAGCGCTTGTACTGCTCGCCGAGGCTTCCGTTGGCCGC  
GCTTCGATCAGGTGACCAATGCACCAGGTACCCAGGTACCCGCTCCGTTGTAGCAGCCGCTGCCGCGTTGGCCA  
GCCCCAGCACACGGGCGATGTCTTGCCTGGGATGGCTTCTCGCAGAGGAACAGGCGCATAACGGCCTCCAGGG  
CGTGATGGTTATCGACTGGCTCTCAGCATGGCCATCCGCGGCCACACTGGCAGCAAATAACGTGACAGCGGCAGC  
GCCCCAGTTGTGCGGTGGTAGGGCGATCTTTCAGGGATATGAACAGGGCCGGCTGTGTGCACTCACCCGAGCTT  
CGTTCACGGCGGGCGGGACCTCAGTGGAACTCCCTGGAATATCCCTGGGGATAGTTCCAGGGAGGTCCTTTTG  
CGGTACTACTCGGCCGGCTGGGCGGGCTCGCTGGCCTGTTTCGGGCTCAGGCTTACGGCATCGATCCGGTACGGC  
AGGATGCCGACACGCCGCGCCTCGATCTTGAAGGTACGCGCTCGTTCGTCGCGCTCTCCACTCATCGCGT  
ACGGTGGCGCCTTCCACCAGGACGCGCATGCCTTCTGGTACAGCGTTCCTCAGTGCTCAGCCTCGCGGTGCCAC  
AGTTCACGGGAGCCCAGTAGCCACCCGCGATCGTCATAGCCATCCTTGGTCCGAACCGGATGTGCGAAATACACG  
TTCAAACGCAACAACCCGCTGGGCTCGTCGTTGCCGCTCGGAAACTCCCTGAACTCCGGCGCAGAACCGATGTTG  
CCTTCGCCAACAAAGTGCCTCATAGTGACTCCTTGGAAACAAGTGGTGGGATGGACGCAGCGCTTCCGGGGGA  
CGCGCTGCAGGTAAAGCGATTTCGGCCTGGGCCACCTTGCTGGCGCACTCGTGAGCTTGCCGGCCAGCGTGTGCA  
GAAGGCTGATCTGCATGTTTCAGCACGATGCGCTGGACCTCCATGGCATAGAGGTTCATCGATCAGGGTGTGCGGGC  
TGGTGGCGCTGGCGATCAGCGCTTGGCAGAGAGCCACTCCCATGGCCGAACGATCAGGCTTGCGCCAGCGCAGAA  
ACGTCGTCCTGCGCCCGTGGTCTGCTGGGCCAGCTCCACGGGCAGCAGGCGGAAGGGGTAGGCATTCGCTGCG  
CCAGGACGCGCCTGGCCGACGCTCGATCAGCCCATCGCAAGCCTGTGGCACTGGCTGGCCACTGGCTAAGTG  
CCCCCTTACCTTTAAAAGGCTGAAAAGGCTTTTAGAGAGCGGCGCTTTCAGCTTGAGGAAAGTACGCTGTT  
CCAGGGGGTAAAAGCGCGGGCTGCCGAGAACTCGAAGTCGAGGTTCATGCGGGTGCCCTCGTTATCGCCGGC  
GGCGGCCAGGGTGCATATCCGCGCTTTCAGGCAGGACATCATCGTCACTGGCATCCGCGGCATCCTGCGGTGCCGA  
GGCGGCCAGCGCCGAGCGCCGGATGATCGGCGGGGCATAGCGCGAGCGCAGCGTGCCTTCGAGCACCTCCTGCGG  
CAGTTGCCCGAGCTTCTCCAGGGCGGCACGAGCGGGCGCATTCCTGGCCGCGAAGTCATCCCGGGTGCAGCCCGA  
GTAGCGGTACTGCTGCGCCAGCGAGAACAGGCTGCGCAGGGCGTGCGCCCTCGTTGAGCCAGCGCTCAAGCGT  
GCTGCGGTGATCAGCGCGGTGTGGTGGGCCAGGATCAGCTTGCCTGCCAGGTGCTCGTAGTCGGCCAGCAAGTA  
CACCGCGAGGAAGCCTAGCTGCGCGTTGACGAACAGCGGCAGCTTACCCGGCTGCAGCTTCATGTTCTCGCCAA  
CGACAAGGCTGGCGGCACGTCGGCCAAGGCTGGTGCAGCTGTTACGCAAGGCTGCAGGCTGTCCTTGGTCTG  
CGCCAGCTTTTCTCGAGCCTCAGCATCCACCAGTCTGAGTAGGGATCGTCTGCTCGGCGCCACGCTTGATCTT  
GTTGGCGATGGCGATGAAACCGTTCAAGCCTACGATGCCGGGCTTGCCTCGCTGGCCGCTCGGCCGTGCCAGAT  
GCGCGAGGCGTGATGGGTGTGCAGCGTCCAGCGACATGGCACTGCGCAGCGATCCGAGATTCAGTTGCAAGGAGGT  
GTCGGTGGCCATGGGGACGACTCGCATGAAAGGAACGAGTCGCCAGCTTGGCCAGCGCGCGGAAGGCGGTGAGTC  
AACAAAGCGCAGCCGAGGCTGCCGGCTTTCGCGAGCGGAAGGCTGCCTGTTGCAACTATCCCTGGGGATAGTT  
GCATGGAGAGCCAGGGAGGATTACTCGACCATCATTTGGGGTGAACAGGGCATGCAGCTGGGCGAGATGCGTGT  
GCACCACCTCGGGGTTTGCCTTTCGGGGTGCGGGAGGCGGATCGGCGGTGACGACCTGGTGTCTGCTGTCGG  
CCCAGGCTTGAACCTACCCGGAATGGCGGCTGGATGATGCCGAACAGATAGCCGGCAGGTTTACGCACCCGCG  
TGCTGCGACAGCAGCCAGCCCATTCATCGAGCAGCGCTTGTGCTGCTCGGCTGACTGCTGCAGGGCTACCA  
GCGCGCCGGCCTGCTGTTTCATCGCGCAGCGCCAGAAAGCGTTACAGGAGGCGCAGATGCGGGTGTCTCGCGCAT  
GCGCGTCAGTACGTACAGATTTTTTTTATACGAATACTCAGTACTTCAGTACGGTCTGCTTCCGATTCCGAAGAG  
GGTTGGTTTTGCTGGTGTTCGCGCCTGCTTCGGAATCCGAAGACGGCGGCTCGCCATTCCGAAGAAGGGCGTTTT  
CACCTTCTTCGGATTGCTGGATGGGCCGACCTGTGGATAACTTTCTGAGGGCTGACGCCGCCCTGGGCCATGC  
GCTGCACCAACACCTGCAGCCGCGTCCGCAACACGCGGCCGCTGAGCAACGGGTCTTCGCTGATGTCCTGAATGG  
TGCGGTAGCCACCCGCTGCACCGCCTTGTGGCATGCTCAAGCGCATGGCTCACCAGCCCAGATACTCGGGAT  
CGAGCTGCATGGCTTCAACGGCGTGAGGGGCTCGTCTGTCAGGACGTACAGATTGCCCTGATGCGCCCGTCT  
TGGGATCGCGCCGGCGGCGCACGAGACTGAGCCAGCGTGTGAGGCGCAGCAGCTCAGCGCACGCGCCACGTTT  
CGTACGACGCCTGCTGCGCGCAGGGCGTGCAGGCCAGGTAGGGACGCGAGCTGATCGTAGGTGGGAAATGCCGTCA  
CGCCATCGGCGTTGAGCATGAGCCGGATGATTTGCCAGGCATTGCGCTCCAGCGGCGTCAACCGCTGTCGAGAA  
ACAGCGCCCGGGCACGCTTTCATGGCGATTGCCGCTGTAGAGGAATCCATCGCTGGCGGGTGTGTGCTCCCGGT  
TGGGAGGCAAGGTGCCGAGGGCGTCTGCGAGCAGCGTTGAAAGAGCGGGCGGGACCTGCCTGCGCGACCATGGCCT  
TACACCAGGCCTTGGTTCGATCCAGCTTGGCATGGCCGCCAGATCACGGACATGGGCAAGAGAGGGCTTCGGCC  
AAATCCATCGTCAGTTCAGCATTTGACTGTGCTACCCAGCGCGATGCCGCGCTCGGTGATGCCGGCCTTCCAT  
TGCTCCACAGGGCCATCTCCTGTTCTTCAATTCAGCACCAGGATGCCGCCCCCTGCGCTTGGGTAGGCAAAATGATG  
TCGCGGCGCAGGGCCACTCCTGATGGGTGAGGCTAGAACTTGTGACCATCTCGGTACTGGCCCCAGGCGC  
AGCATCGCATCAATCGTGGCGATCTCCTGCTCGATGCTGTTTATCTGGCTGACCAAGGCGCCAGGACGGCCGTA  
TTGACCGTCACAGAACACAGGGGACCTGGGCATTGGCCAGCAGGCTCACCAGCGCGGTTGCTTCAGTACGTTCC  
AGTTCGCGCTCGCTGAAACCCATCGACTGGCAGCGGGCAAGTTGGCCATTGCGCAGATCGTGCAGCGCCTGTGCA

ACCACAGCTTGATTAAGCGGATGAGGTGTGCACATGGTTCCCTCCGGCCTGTTTCAGGGGTTGGCCTCATCTGGA  
TTGGCCTCCAGATCCAACAGTCCGGCTGCCAGCCGGACCAACCGGAACAACCTTGACCAAGCCGTTATCGCTCAGA  
CGGGGAAGGGCGTCTGCGTGCCTGACGCCGCTCCCAACAACAGTGCACCCAGGTGGTTCGTCACCGCCGATCA  
TCCTGATCGAGCGCCGCGGTGTGGGGGCGACTCAAGGCGCGTAACAATGCCAATACCATCTGGCCGAAGGCCGGT  
GGCGACACGCCTGGTTTGGGGCGCAATGCAGGTGAAGCCGATGCCGGCCTGGACTGCTTCGATGCAGTCGAGCAGC  
TCGGCTTGCTCGGCGATCTCCTGGGCGAATTGGGCGATGTGGATGCGCAGGCGATTGGGGCAATCCAGTCCCAGC  
TCCGATGTACCAGACGTCACTGATCGGGAACAGTCCGCCGGCTTGACCCGGAATCGCCTGCAGCACCGTGTCCGTG  
AAGGCAGGCAGAGCATCACCGGTATGCTCGGCGAGCATGTGTTGGATGCCTTGACGGCGCTCGGTGTTTCCGGCT  
GGTGAGACGATATGGCCCTGCAGGCGCGCTTCGGGGTCATGTTACCCGGAAGAAGCGCTGGTGTGTTTCCGGCT  
ACTGACGGTGGCGTTGAAGCCATGTCTTTGTTGCGGTGCGGCTCTGGAAGCGCCTGCGGTTCATTGCCCTGAGCG  
CCATCCAGCGATGGAGTGGTTGCACACCCGGTGTGGACGATGGTTGTGGATTCAACTGGCAACTGGGGCGGACTG  
TTGACCGCACGCTGGCGGTGCTCGGAGCTGTGCACATCCAGCTCCAACACGTTGTAGTCGATATCGAGCAGCTGC  
GACATCTGGCCGATCAGCTCGTCTGGACGCGGCCGACGAAAAGCTATCGGGTTGAAACATCGAAGGGGGTGAGG  
ACGTCGTGGAAGAGCGTCTCGAAATCGACAGCCAGCGTTTTTCTGCTCGCATGTTTTTCCAGGTGAGCTCGCTG  
GCTTTACGCAATACCGCCAAGCGCTCGACTTGATGCCTGCCAAGGCCGTTGTACAAGACGTTGGGAATGGTGGGC  
AGCAGGTAGCGCACGGTGTCTTGCATACGGCTGATGTGCGATTGCTGGATGGGATAGCCGTCGTACTIONGAGGCGA  
CGGGCCAGCTCCGACTGCGACAGCGACTTACCCTTTCCAGCTGGTAGAGCTCGCGGGCTTTTTCAACGCCGAGC  
GCGCGCTCGATGAACGTCAGGCTGCCGTGCAGTTCGTTCTCCGCCAAGTGCCCGGTGAGGGCGACGATCTCGCCA  
CGCTCCGGCCATGGCCGGAACAGGCAGGGAATGCGGAAGAAGCGTTCCGGCCTTGGTCTCCGACCACAGCTCGCGC  
AGGATCGCCAGGCGGGTGTGCGCCGTTGCGAATGATGAAATGCTCGGCACCCGGGCGTCCGGTGATCGGGCGC  
GGGGCATCGAGGCCCGCTCACGGATGGATGCTTTTTATTTTCGTCGTAGATCGGGTTACCGCTGAGGCGTGATCA  
AGCTCATAGGGGCGCAGGTTCATCGAGCGTGACCACCATCGGGCGTTCGGTACCCGGGTGCTCAACACCTGTGCG  
GCAGGGCCGGCGGAGAAAACCCCTTCGGCCATCAATTTGCCGGCCATTTCTGAGGCGTGACAGTCGCCATAATG  
GCCTCCCTATTTACTCCGGGTTGCCCGGAGGTGCTTGCCTTGAGCGGGTGAAGATTGGCGGCAGGCCTGGCTT  
CACGAGCTTTAGCTGCCAGCAGGCGTACGACGGACGTCACGCTCCAGCCTTACGCAAGGCGAATTCATCAGAACCAG  
GAGCCGCTGGTCCCTCGGCGGCTTTAGAGATGCTCGACATGACGCGCTCCTGCGCAGCGACCCGCTCACG  
TGCCAAACTGCTCTTGCCATTGGGGAAGAAGCTCACTTGCAGGGCGCATGATCTCCAGCGCCCGGTGCCT  
GACGCCCCGCTCGGGCGTGGTATTTCGGCCCTGTGCACGGGTTGGCTCGCGGTTGCCGACCGGGGAAGGCTTCGA  
TCGCGGGCAGTTCGGTGCACAGTATCCGAACCTCGCTGTGCTCACGAAAAGATCAGCCGACGCGTCTGCTGCACCA  
ACTTGGCGTTCGACGAGACGGCTGGCACGCGATTGAGCAGCAAAATGCAGGGGCGGGCGGCTGGATGCCAGATAGC  
GGTACGGGGCGATGGCATCGATAAGCTGCAGCGTGCAGCGCTGGAGTTCGCGCGCCGCAAGATTTCCGGGGTGA  
TTGGGGAGACGGCCAGGTCTGCGGCGAGCATGGCCATCTCCAGCATGACACTGCGGGCGCCCTGCGTATCGATCA  
GCACCAGGTGCTAATGCGGCCGGAACAGCGACAGCAGGTTCGCGAGCCGCAAGCGCCCATCTGCCGCTGCAGCA  
GCAGGGTTCAGCTGCTGGTGTCTGCTGCTTGGACAGCACCACGTCAGGTTATGAACGGATGTCTGTGAGACCA  
ACTGCGCCAGCGACTGCTCATTGAATGCCAGCAGCTCGTAGATACCGCCAGCGGCGCGCTGGGTGAGCGCTAGT  
AGGACGATAGCGTCCGCTGGACGTCGAGGTGATCAGTAGGACCCGCCGACCGGCGTCCGGGATAAAGCCGCCCA  
GATTGGCGCAACGGTCTTTTTACCGACCCACCTTTTCGTCGAAATGATGGCGATCACGTGCATGGCTCGCTCCC  
TGTCCGTAGTGGAGCCGCGTCAAACGCGCTCTTTTTAGGCGCTCGGTGATCCAACCTGTCGATTTTCGACGGAGTCCC  
AACCGACGGCCCGAATCCCCAGGCGCAAGGCCCTGGGGAACCTTGCTTCTTTTCATCAAGTTGTAAAATATGGGGCG  
GCTTGAAGCCGGTCTTTGCTTCAACTTCTGCGCGGCGGAGGATGCGATGCTCGGTAGTCGCGGTTTGTCTAGTGG  
ACATAGTAGTCACTCCTTTATGCTTGGCAGCACTCGTAGGGGTGACTGGCATTAGAAGAGCGTCACTCCGTTGGC  
GCATCAAACAATCGGATCGTGTGACCACCGACTTCAACGAAGCACTGCAGCCTTCGCTGCCAGTTGCCATCGT  
CCAGCCGACCCGAGGGGCCACTATTGAAATGGCTTAGCGAGTAAATCAATATCGAAAAGTACAGCACTCTGTCT  
GTGAAAATGAGGAAGTGGAGAGCCCGTATTTTTGGGTCACTGAGATGACCCAAAAGTTGGCTTAAGATGTTAGT  
GGTTCTCATCTGTTTCTGGGCCGATTCGACCGGACATCCAGTACGCTGGGCTGTGGAGTGGACATTTGTTCTGTGA  
TGGGTGGACCTTAAAGGTCCGACCAGCGACGAATAAAGATCCTGACGGCCAAGCCCTGGGCCAGATCGTGAGCTT  
TGCGACGCCCCCATCACTCAATAGCCAATTCACCAATTTGCCGGGCGCGATCGATGAACCTGCTGAGGGCCCTCCG  
AGCGTGGCTTATCGAGTAGCGTGTGAACGTTGCTGTGCTCGGTACATCGTCCGTGACAGGACGGATGATCACAT  
CAGGGTGACTIONTACAGCATGATTTGCGAGGCCAGGCCAATACCGATGCCGTAGCCAGCGGCGACCAACATCACCA  
TGGGTTCTGTGCCCGAAACATATTCGGCAGACGTGGGGAACGGCAAGGTGGCTTCGTAGAACCAGCGATGAATGA  
CGTCTATCCACCTGAACACAGCACAGGATGGCACAGAATCAAGGTGTCCGAGCAACCTCCTGGAGCGGAATTT  
TCTCCAAGGAAAGCAGAGGGTGGTTTTGCGGGGATGGCAATGATCGGACGATCTGTCCAGACGACTTCTTTGACGA  
GCTCTGCGCTGAGCTCGGTATGTACAGTGAAGCCAGCATCGATCTGGTTCATGCATCAATGCCCTTGACCATCTCGT  
GGACAGTCAATTTCAACGATCTTACCTCAGTGAAGGGTCTTCTCCCGGCAACGCGCCAACAACCTTGGTCCAGGT  
AGGGCTGTGCGAGACTATCTGCCAGGCCGATGCGCAGCCGGCCGCGATAGCCTTTCTCAGCCGCACGGACACGAC  
TCTGCGCGTCTTCCACCAGGCTGAGTATGCGTCTGCTTTCATCCCGGAACACTTACCCGGCCCAAGTCAAACGCA  
AGCCTGCCTTCGTGCGTTGGAATAAACTGGCCCCAACCCGACTCCAGCTCTTTGATGGTCCGCGAGAGGGGGG  
AGGGCTCGATATGGACTCTGGCTGCGGCCCGGAGAAAGCTCAGTTCTTCGGCGACGACCAGGAAGTAGCGTAGGT  
GACGTATCCGATGCAATAGCCTCCATGCTTGTGCTGGGCTCCTCTTGATGGGCCGAGACATCCCCTCTCGTGGG  
CAGGACGGCTGATGCTTCCGCTTTGAAGAGTCTCTTTGAAGCTCCGTTGGTGGTATTCTTGCTCTCTGCTATCC  
CCGATGGTCCGTTGCTGAGACAGACAGGACACTCTTTGAGCTCCGTTGGTGGTATTCTTGCTCTCTGCTATCC  
GAATGGCCTCATCCGACAAAAGTGCAGACCATCAAGAGAAGGACAAGTTCCCCCAGACCCCACTGAGCCGGCGA  
AATGTGCGCAGCAAGGCCAATCATCGACCTCAAACCCACCCGAAAAGAAAAATCACAGGCAGGGGTTGCCCTAGCAC

CTCAAACAAGTCCATAATTGCGTCCGCTGCCAAGGCAGCAGTTGCGGAAAATCCTTTTAAATCAAAGGTTGGAG  
ACTTGGTTCTAGTCTCGTTTTCCCGCTCCA

## Sequenzen der einzelnen ORFs

>SG1, 1410 bp

ATGGCACTCACAGACGTGCGCGTCCGGCAGGCTCGCCCCACTGGCAAAGACTACACCCTCCCTGACTTTGATGGC  
CTTTTCATTGGCGGTATCCGCCAAGGGTGGCAAGTCGTGGCACTTCAGGTAATACTGGGCCGCTAAACAGAAGCGG  
ATGTCCCTGGGCACCTATCCGGCGGTTAGCCTGCGGGAGGCGCGGGCGTTGCGCGATGAGGCCCGTGCCTTGGCC  
GCCAAAGGCATCAATCCCAAGGTGACCCGTAAGCACAAGCTCCGCGCTGTCCGCTTGGCGACGGAGAACAGCTTC  
AAGGCAGTGTATCTGCAGTGGCTCGCACACCCGAGGCTGGAGCTCAAGGAGGGGCGGCAGAGCACGCTGTACAG  
ATCCAGCGTATCTTCGACAAGGATGTGTTGCCCTCCCCTTGGCACCCTAACCATCTTCGATATCCGCCGGTCCAAT  
CTGCTAGACGTCCTCGCCACGATCGAGCAGCGCGGGGCTTACACAACCCGCGGAGAAAAGTGCCTACCTGGTTCCGG  
CAGTTGTTCCGCTTTGCCATGGTGAAAGCCGAAGGGTGGTGGGTAACCCTGCGTCCGATCTGGATGTAGTTGCA  
GCGCCCAAGCCCCCGTTGCTCATAACCCGTTCTGCGCTTGACAGGTTGCCCGAACTGCTGCGCAAGCTGCGC  
TGTTATAGAGGCAACATCACACGCAGCTGGGTATTCGTCTGCTGTTGCTGACCGGCGTGCACACCGGCGAGCTG  
CGCTTGGCGACCCCGGATCAATTCGACCTTGAACGTGGCTTGTGGATCATTCCTCCTGAAGTGGTCAAGCAACTG  
CAGGACGGCATGCGCAAGCGCGGAAAGCGGCGCAGGACATTCGCCCTACATCGTGCCGTTATCGGTCCAGGCC  
ATAGAGATCGTTCGCTACCTGCTGGAGCAGGTCAAACCTGCGCAGCGCCACCTGCTGGCCACCGTGGCGACTG  
AAGAAGCGCATTAGCGAGAACACGCTGAATGCAGCGCTCAGGCGCATGGGCTACGAGGGGCTGCTCACCGGCCAT  
GGCATTGCGCGCACGCTCTCCACGGGACTCAACGAGATCGGCTACCCCAAGATTTGGGTGGATGCCACGCTCTCG  
CACGCGGATCCCAACAAGGTGAGCGGACCTACAACCACGCCCTGTATGTGGAGCCGCGTGGAAAGATGATGCAG  
GACTGGGCAGATCGGCTCGATCTGCTGGAGCAGGGGGATGTCAAGGCTGCCAGCTTGCATCTGGCCATCCACATC  
AACGGTACGCAGGTTGAGAATGAAAGTGAAGGCTTCTGGCGATAGAAGGAAGTGCAGGGACAAGCGTTGGCAAC  
TCAGCTCAGCGGAATCTTGGTGGTGAAGCCACCTGGAAGACGGGCCAGCGCATGGCCTAG

>SG2, 1062 bp

ATGGCTGAGCTGAAAAACGACCGTTTGTCTCGGGCGCTGCTGCGTGAGCCGGTAGATGTGACTCCGGTGTGGATG  
ATGCGCCAGGCGGGTGCCTATTTGCCGGAGTACCGTACACCCGGGCAAGAGCTGGTGACTTTCTAAGCCTGTGC  
AAAAACCGAGAGCTGGCGTGTGAAGTAACACTGCAGCCGCTGGAGCGCTACGATCTCGATGCGGCTATCCTCTTT  
TCCGATATCTTGACGATCCCGGATGCAATGGGGCTTGGGCTCTACTTTGAAGAGGGTGAGGGGCCGAGGTTTAAAG  
AAAATATCCGTACAGAACTGAAGTGGCTGATCTGACGGTGCCAGATGCGGCCCTCTGATCTGGGCTATGTTTTG  
GCGGCGGTAAAGGAGATCCGCAGCGCTCTAGCAGGTCGAGTGCCACTAATCGGTTTCTCCGGCAGTCCGTGGACC  
CTGGCGACCTATATGGTTGAGGGGGGTTCCAGTAAAGATTTCCGACATATCAAGCAAATGATGTACGCCACGCCG  
GAGGTATTGCATGCGCTCCTCGATAAGCTTGGCAGACCGTAACCGGCTATCTGAATGAGCAAATCCGCAGCGGA  
GTTCCAGGCAGTGCAAATCTTCGATACTTGGGGCGCGCTGCTCAGTGGTCCCCTGTATCTGGAGTTTTCGCTGAG  
TACATGAAGCAGATCGTCGATGGTCTGATTCTGTGAAAGTGAAGGACGACGGGTCCCCTGATCTTATTTACCAAG  
AACGGTGGCCAATGGTTGGAAGCGATGGCGGAAGCCGGGGCTGATGCGCTAGGGCTGGACTGGACCAACCAATT  
GATGATGCACGCCGTCGCATCGGTGATCGGGTGGCACTGCAAGGTAACCTGGATCCAGGCGCACTTTATGCTCCG  
ACGAAGCGGATCCGGGCTGAGGTGGCCGATATTCTGGCCCCGCTTCCGGCAGTGGTAGCGGGCATGTGTTCAATCTG  
GGCCACGGCATTACCAATATGTGACCCGGAGGTCGTAAAGGATTCGTGATGCTGTACATGAGCTGAGTAAG  
CCGTATCACTGA

>SG3, 456 bp

ATGAACCAGAGACAGGAGTGCAGCGACAACCAAGTTCATCGCCTTCGCCTTCGCTGGTTCCTGGCTTGCCTTACT  
TGGGCCAGTATCGCTTTAGCCGTGTTGGGCGCCCTATTGCCGGGGTTGCCAACCACCGTGTATTATGCTGATCGCG  
GCATGGAGTGCTTCCCGCTGTTCCGCCAACTACGCCGCTGGCTGGAGCAGCACCCGCTGTTCCGGTGACCGCTTG  
CGCAACTGGGAACAGGGTGGAGTGATAGACCGCGCTCAAAAATGGATGGCCAGCGCTGGCATGCTGGTGTCAATG  
GCGATTGTGCTGCTCAGTATCAACCAACCGCTCTTGTGGTGCCAATCATTGCCACCATATCACCGGCGCGGTT  
ATAGTCTGGTCACGGCCCCGAGCAATCTCCGATGAATAGCAGCCAATTAATGAAGCAGTTTACGACAAAAACAAC  
TATTAA

>SG4, 987 bp

ATGCTTTTTTGGAAAGAAAGTCAAAGTCTTTCTGATGAAATAACCAATTATTTATCTGCCTTATGAGTGGGCAA  
CCCATCCAATTCAGGGTAGACAGCTTGATTAATCAACACCCAGACCTTGTGAGTGTGTTGGAGGATATTCAGGGA  
AAATGGATTGATCAGCAGTCAGGCCTCGCACCGAGTGAGCCAGAATCTACTAGCGACGAGTTGGCTGCCAATTTA  
AGGAGCTGTCTGCTTAAACGCTCAAGCAGAAATATCTTATCTTCGCCACGAGCTAGAATCATCCAGGTCACCTCTT  
GATGAGGCCAGCCATGAACTTGAGAGCTACAGAGCAGAAGAAATAATCTGGGACCTAACAAAAGCAAACTTACC  
GAGGGATGTTGGGAGCTAATTGTAATTGATGGAGATATAGACAATCCAGCGAATAAATGCGTTCCTCCAAGCAA  
TTCAGAGAGCTCATTGGTTATTCGACAGAAGAGTTCCTTGACGGCTGGGATAGCTACGTTTCGATCGTTACCCCT  
GATGATCTCAAAGAGTCATAAAAGCTCTAGATGACTACGCTCGAATCGGAAACTTTGACTCATTTACGTGGTT

GAGTATCGGATGCGTCACAAGATAAAAAGGCGATACCTGGTATCGCGAGAAGGGCCGAGGAGTTCAGGATCCAAGT  
GGTCAGCTTTGGCGCATCATAGGGGCACTTCGTGACATCTCAGATGAGAAGCTCGCTGAAGCTATGCACGCACGA  
GAATTAGAAAATATTCAAGCGACCTATGGGCAGATATCCAAAGTTGTGGGCGCAATCAAAGGTATCGCAGACCAA  
ACCAATATGTTGGCGCTAAATGCAGCAATTGAGGCAGCTCGTGCTGGTGTATGTTGGGCGAGGTTTTTCAGTCGTA  
GCGGATGAAGTGAAGAAGCTGGCCGGGCGAACTCGCGAAGCCACCCAGAAGATCCAGGAAATGCTTTCAGATTC  
AAGGCTTTTTAG

>SG5, 753 bp

ATGACAGAGCTACGGCGCGCATCAATTTAGATGAGTTGTTCTTGGTCTTTCAGCCAAAGATGGAGATGGGGACG  
CGGAGGATTTGTGGTGCTGAAGCGCTGGCTCGATGGCGGCATCCAAGTCACGGGTTAATGAGTCCAGATCAGTTT  
ATTTATTTTCGCCGAGAGATCAGGTTTGATTACGCGCCTTACCTATTGGGCTATAGGCGCGGCTTTGCGTGAGAGT  
TATGTGTGGCATAGCTCTGGAGAAGCTGTTCCGATTGCAGTTAATCTTTCATCGCATGACCTCCGCGACCCTAAC  
CTAATGGCGCACATATCAGAGTCTTTGGAACTTGGGGGGCTCATCCCGATTGGATACAGTTCGAATTGACCGAA  
AGCTGTCTTATGGAAGATATAGCAAACCTCTCAAATGGTTCTAAAAATGCTTCGTGATCTCGGATTTAAACTTTTT  
ATTGATGATTTTGGCACTGGATATTCCTCTCTTTCGTATCTTAGGAAATTGCCGGTTAACTATATAAAGATAGAT  
CAGTCATTTCGTATGAACCTGGGTAGTGATGATTCTGCCGAATTGTTAGATCTACGATTGATCTTGCCCAT  
AACCTTGGACTTGAGGTTGTGGCTGAGGGGGTTGAGTCGAAAATTGCGATGGGGATGCTTGCAGAGTGGGGATGT  
GAGGAAGTCCAAGGATTTTTTCATCAGCAAGCCTATTCCGGGAAGTGATTTTCAGGATTGGAGGCTTAGCTTCCAC  
TGA

>SG6, 1506 bp

GTGATATCAATGGACATCATTGCCGAAATTCGGCGCCGACATCTGGTCAGTGGCGAGACCATCAGTGTATAGCT  
CGTAGCCTTAATCTTTCCCGACCTACTGTTTCGCAAGCACCTGCGCAGTACTACCGCTCAGGTCTACCAGCGCCAA  
CAGCAACCTGCGCCCAAGCTTGGTCAGTTCCAATCAACCCTTGAGGCCTGGCTCAATACAGAACGTCACTTGCCA  
CGATCACAGCGCAGAACAGCTCGACGTCTGTATGAAGACCTACAGGTAGAAGGCTATCGCGGCGCCTATGACAGC  
GTGCAGCGGCTGGTGAAGCAGTGGAAAGCTCTGAAAACGCGTCCAGGGGCGCACAAGCGTTTATCCCTTGCTG  
TTTGACCTGGGGAGGCTTGTTCAGTTCGACTGGAGCCACGAACAGGCCGAGATCGCCGGCGTATGCAAACGATC  
AAGGTGGCGCAATTTTCGCTCTGCCATAGTCGAAAAATGTTTGTGGTGGCCTACCCGCGAGAGACCCAGGAGATG  
GTGCTCGATGCGCATAACCGCGCCTTTGCGTTCCTTTGGCGGCGTACCGCAGCGGGTTATCTACGACAACCTTAAA  
ACCGCAGTGGATGCGATCTTGGTCGGCAAGGATCGAATCTTCAACC GGCGCTTTCCTGGCGTTGGCTAATCATTAC  
CTGTTTGAACCTGTAGCCTGTACGCTGCTGCTGGCTGGGAGAAGGGCCAAAGTTGAGAATCAAGTCGGCAACATA  
CGCGAATGGCTGTTCACTCCCTGGCACGATTTGCCAGCTTTGCGGACTTGAATCATTGGTTGGCCACACGGTGC  
CAGGAGCTGGCTCAGCGTAAACACCCGACTGAACGCAGCCGACGATCGCCGAGTGTTTTGTTCAGGAGCAAGCG  
CATCTACGGGTTATTGATGCCCCCTTTCGATGGTTATGTTGAGCAAATGCGCAGTGTTCAGTACCTGCTTGTA  
CGCGTTGACCGTAACCAGTACAGCGTACCCGCTCAATGGGCAGGAAAAGTGACTTCCGTACGGTGTACGGCCGAT  
GAAATACGCATCGTGGCTGACGATCAGCTGATTGCCCGCCATGCTCGCCGCTTTGGGCGCGACCAGCTGGTGTAT  
GACCCCTGGCATTATCTGGCGGTACTGGACAAGAAACCCGGAGCTTTGCGAAACGGCGCCCTTTTGTGACGTGG  
GACTTGCCAGAGCCGATCAAGCAGGTGCGTGAGTACTTGTCAAGCAGAGTTCGCGGCGACCAGCCTTTGTGCGAT  
CTCTTGTACTGGCTCGCGACGTTGGCCTGGAGGCCCTGCAAGTGGCCTGCGAGCTGGCATTAGAGTCTGGAGTG  
ATCAATGGTTTCGCACGTGATGAACGAGCTGCGTGGCTTACCTCAGTAGCACGTCCCGTAGAGTTGACCTTGCCC  
GAGGCCCTGCAATTGCGCATTGAGCCCCTTGTGATTGCCAGCGCTATGAGCAACTGCGAGGTA CTACGATGCC  
TACTGA

>SG7, 744 bp

ATGCCTACTGATCGTATTTCTGAACTCAAAAACCTGCACCTGCATGGTATGGCGAGTGCTTTACAAGAGCTGCTT  
GCTGAAGCCTCACGTGCGCCTGCGCGCCAGAGCTTTGGCTCGATCGATTGATCGAAGCCGAACAGCCGGACCGC  
CAAGTGCGCCGTTTTGAGCTATCAGCTCAAAGCGGCTCGCTTCCCAATCCACCGTGACCTGGGCGGCTTCGACTGG  
CAAGAAACACCATTGATCCGTGAATCCATCGAGCAACTGGCCGAGGGAACGTTTCATGGACGGTGCGCACAACTG  
ATTTTGGTGGGAGGCACCGGCACTGGCAAAAACCCACCTGGCCACCGCTTGGGAGTTGGGGCCATCCATCAAGGC  
AAGCGGGTGCCTTTTACAACGCTGTAGACCTAGTCAATCACCTGGAGCGGAAAAGCAACAAGGCAAGGCCGGC  
AACCTTGCCAAACAACCTGCAGCATATCGACGCCGTGATCCTGGATGAGCTGGGCTATCTGCCGTTCCCTGACTCG  
GGTGGGGCGCTGTTGTTTCACTTGATCAGCCAGCTCTACGAGAAGACTTCGTTGATCGTGACGACCAATTTGTCC  
TTCGGAGAGTGGGTGAGTGTGTTTGGTGACGCCAAGATGACAACGGCGCTATTGGACCGTCTGACTCACCCTGC  
GAAATCCTTGAGACGGGTAATGACTCTTTCCGCTTCAAACAACGGAAAAAGGCCGTGAAAAAAGCTTGA

>SG8, 1236 bp

ATGACGACTGGGTCACTGCTGCCGAGGACGGAGCTTTAGATCTCGTCCAGGCGCTTCGCCGCTGCGGGGTTCTT  
GATGCCCCCCCCGAGCCTGAGTTTGACGAGTTGACTAGGCTTGTGCGCTCACCTGTCAGATGCCAATAGCCATG  
CTTAGCTTTCTTGATTATGAGCGAGAGTGGTTCAAATCAAAGCTAGGATTCGAAGCCAGCGAAATGCTCCGATGC  
CAATCATTCCGCAACCTCGTTGCGTCAAGGAATGAGCTCGTAGTGATACAGAGTGGCCGAGCTGATGCAGTCCCT  
AGCCAGTGTGCGCTCGTGTCCAACCCCTCCTTACATTGATTTTTATGCCGGCCTTCCGATTACCGCAGGTGGGAGC  
CGCGTATTGGTGTGCTGTGCGTGGCTGATACTGAGGCGCGGCACTTGAGCGCTTCCGAGGTTGACGCTCTGCGA  
TTGTTGGCCCATCAAGTTGAGAGTCTGTTGAGCCTTCGCTTGAGCCTGAGCAAGTTGGAGGAGGCAATCTCCCGC

GAATATTTAGCGAATAAGGAATTGCGCGAGAGCCGGCGCGCACTGGAGACATTGATCGGAAATTTACCGGGCGTG  
 GTGTATCGATGTCGAAACGACGCAGGCTGGAGCGTTGAGCTAATCAGCGAGGGCTGCTTAGAGCTCACAGGGTAT  
 ACAGCCTCCGAATTCATGGAAGGTAAAGTTTCAATGGTGGACATCATCCACCCCGACGACGTTCTGTCAA  
 CGTCAGGTGCCAGGAGCGTTGCGTAGAAAAGCCCCTTATCAATTCATTTATCGGCTCAACTTGGCTGGAGGTGGC  
 ATCAAATGGGTTTGGGAACAGGGGTGTGGAGTGTATTCCGAAGAAGGGAAGGTGCTCGCCCTGGAGGGGTTTATA  
 ACTGACATCACAGAGCATAAGCAAGCAGAGGAACGCATTTCGAGAATGGCGTACTTTGATGGTCTAACTAATCTC  
 CCCAACCGTCTGTCTCTCAGGGAAGCACTTGGCACTGCGATCGATATCGCCAACAAGGGGAATGATCCAGTTGCA  
 TTAATGACATTGAGGTGACAACTTTTCGAGAGATTACTGAAACGTTAGGGTATCGAGAGGGGGATCTATTACTA  
 CAGGATGTGGCTGCCAGACTGACAGGGGCGCTTGGGAAAGGCAGTTGGTTGCCATATTGCGGAGTCATCGTTC  
 TCCGCTTTACTGACTAAGGCTGTCAAACAGCGTTGA

>SG9, 777 bp

ATGAACCAGTACGTGACGATAGAAGCGGATGAAATCGCGCGCTATGCGAGTGACGCGGTCTCGGTCACACCGGGC  
 GGCGAGAACGTGGATATCGTTCTGCTGTGCGAACACGGTGGGCGGCGCATTCCGGCGGCTGGGATAATCTGGGT  
 CTGCCGGAGGCTTCTCGAAACCCATTTTTGCCAGGACCTCGGATCCAGGGACCTAACGCTGTGCGTTGCAAAA  
 AAGCTTGGCGCAACGGCGATTGTCTCGAACTATTCCCGCTTTTTCTTGATTACAACAGGAAAAAGCATGATCCC  
 GGCTGCATTGACTCGATATTGGCGGAATTCGATTCCGGTAATCTGAACTGAATGAAGCTGAACGGGATGTA  
 CGTGAGCAAGTCGCTCGGCATCCGGTGGAAAAGGCCGCTCGCTGACTGGGTTGAGGGAGAGTCTCTAGGGCCAAG  
 GCCATCATCTCAATTCCTTCTCGCCGCTCTGGGACAATACGTTCCCGCAGTTGCCAAGTCGGTGAATGTGG  
 AAGCATGATGACAGGCTGCCGCTCCAGCTCATTAGGCCATCGGGCAACAGGATGTGTTTCGAGTGCTGACAAAT  
 GAACCTTATAGCTTCAAGGAAAACGACTGGTTCACTTTAGATCGCCATGGCATCTTGGTCGGAGTCCCTAACGCC  
 TATATCGAGGTGAGAAATGATCTCATCCAGAATGCGGCTGCGATCGACAAAATGTCCGATATGCTGGCGAAGGCC  
 ATTGAGCGGACGTGTCTAGCTTTCTAA

>SG10, 1455 bp

GTGACTTCCCTGGGTTGCGAGTACAAAATTCACGAAAGTTAATTTCTCGTTATAAAAAACAATCCGCAAGGAGACAAAC  
 GTGACCGCCTTTAATGTCTTTTTCCCAATCGATGGTTCGAAAACGCTGGTGGGAAACACTTCCAGCGATGCAGAA  
 GTGGCCGCTGCGCTCAATGCTGCCGAAACAGCATTCAAGACCTGGAAGCTGTCGTCCAAACTAGAACGCGCGCAG  
 TTGGTTGAAGCTCTTGCAGGATGAACTGCTCAAGCGTGTGATGATTTGTCCCTGGCAGTCTCACTGTGCGATTGGA  
 CGGCCTGCAGCGCAGGCAAATGAGGCTCATCGGTTCAAGGCTGTAACACTGGCGCAGATTGAGGCGCTCGAAGAG  
 CTTGACGACGAAAGATATCCTTCGGATGCACAGGTGACGCGTTTTGTGCGCCGGAACGGCCAAGGAGTACATCTT  
 TCGATAGCTCCTTGGAACTACCCTGTGCGTCTGCTGCCCTGGCTGATCGTCACACCAATCCTTGGTGGCAATACA  
 GTGATCTTGAAGCACGCCGCTCAGACAACCCTCATTGGGAGGATTGTCAAAGAGGCGTATGAGGCAATCGGTGGG  
 CCTGCAGGGGTGCTCCAAGTGTCTTGGCTTGGTCAATGACAGGTTACAACGCTATCAAGTCCGGTGTGTCAA  
 GGGGTGAACCTTCAATCGGGTCACTCGGCGGCGGCTTGGCGTCCACGCAGCAGCGGCAGGCACTTTGACCCATGTC  
 CATTGGAGCTTGGGGCAAGGATCCCGCCTATGTGACACCGGATGCAGATATTGCAACGGCAGCAGCCGAGATT  
 GCCGACGGTTGTTTTCTTAACGCCGCTCAATCCTGCTGTTCCGGTAGAGCGTATCTATCTGCACGAAGCGATTTCGA  
 GATCCGTTCCCTCGAGTGTTCGCAACGAGATGCGGAAGTACAAGCTGGGGCACCCATGGATCCAGCAACCACG  
 ATTGGCCCCGTCGTTAAGGCTTCGGCGGCAGATTTCAATTCGTAGCCAAATTCGTGGAGCCATCGCGATGGGGGCT  
 CAGGCGTATGTAGAGCCTGGGCTGGAGTTTTCCGGTCGAGGACGCTTCTGCTACTTGGCCCCGACTCTTTGACT  
 GGCCTGACAGCCGAAATGAACATCATGCAGGAGGAGACTTTTTGGTCTGTGCGCTGCGTTCAGACGGTGTGCGGC  
 GATGCAGAAGCTATTGCTTGTGATGAACGACAGCAAATACGGTCTGACCGCTAGTGTCTGGACGAGCGATCTCGAC  
 TGTGGCCTTGGCTTAGCCGACAGCTCGATGCTGGCACGGTTTTTCGTCATCGTTGTGATCATGCTGATCTTTAC  
 CTGCCCTGGGGTGGGCAAGCTCTCTGGCTTAGGCCGCGCAACGGGAAAGAGGGGCTTCTCGGGTTCATGGAC  
 GCCAAGTCGTTCCACCTGAGAACGCTGTAA

>SG11, 879 bp

ATGCAGAAGGCACTCACGCACATGAATCTGCAGTTGACCATGTGGTCCCGACATTACCGGTGCTACAGGCATG  
 GGATCATCCGTGCGATTGTGCGCAGCGAGCGAAACGCTGCGACACTGGCAACCAGATATCCGCTGCAAGTCGAGC  
 GTTGGAGACCATCCAGGGTGGCCTGGCTGGCAACTACCAGCCGAGCATGTCTTTGCTTTGGCGCAAGCGTTAGCC  
 ATGTACGATGCCTATCAGGTACAGCTTGAATCTGCGATCAGCAGATTGCCAGAGCTTGCAGTGGCTCTCCCAG  
 CAGAAGTCCCCGCCAGCGAGCCGCTACCAAAACCACGTCACCGCACTCGGCAGCCGAATGCGCTCAACTTCGAC  
 GTACGCACCTTGCTCTACCATCTGATTGGCGTGCACCTGACCCAGGTCCATGGCATCGGCCCTTACTTGGCGCTG  
 CGCTTGGTGGCTGAGTGCAGTACTGACCTGAGTGCCTGGCGTACCGCTCATCACTTCACTCCTGGCTGACCCTG  
 GCACCTGGCTGTGCGATCAGCGGCGGCAAGGTAATGTCAGCGCATACCGGTAAGACCAAGAACCAGGGTTACAGCG  
 CACTTGGCGCTGGCCGCTGTGACCATCGGCAAAACGAATACGGCATTGGGGCGGCTCTACCGACGCTTGTCTGCG  
 CGCATCGGCAAGGCCAAGGCAGTACTGCTACCGCTCGAAAGATCGCCATCCTGTTCTACAACGCAATGCGCTTC  
 GGCATGGCTTATCAGAATCCAGGTGCCGATCACTATGAGCGGAGGTATCGGGAACGTGCGGTAAGAGGGTTGTAC  
 CGTCGAGCAGCCAAGTTTTGGATTACGCTACAGGTTGTGCAAGGTGTTCTTAG

>SG12, 444 bp

ATGAAAAGTCCAGTTCGAGCGTCATGGCCTGCCGTTATTTCATGACCGCGCAGCCGGCATCGACATCGGCTCG  
 TGCTTCCATGTTGCGGCGGTGCCTGCCGACTTCACTGAAGAGCCAGTGCAAACCTTCAAGGCGTTTACCGCCGAC

TTGGAACGCATGGTCGATTGGCTGGTCGATCTCGGGATCACCACAGTGGTGATGGAGTCGCCCGGGTGTATTGG  
 ATTGCGGTCTACGAGATTCTGGAAACCCATGGCCTGCATGTTCGTGCTGGCCAATGCGCGGGATGCCACGCCGTT  
 CCTGGGCGCAAACCGACGCTAACGATGCGCAATGGATCCAGCGCCTGCACCTCTGTGGCTTGTCTGCGTGCCAGC  
 TTCCATCCTGATCGAGAGATCGCCGCGTTACGCAGTTATCTACGCTTTCGAGCACGCCACCTCGATTAG

>SG13, 318 bp

ATGAGCAGTAAGCGCAGAGGATTTCGACGCCAGCTTCAAGCTGCAAGTCGTTTTCAGATGGTTAGGGAGCAAGGTCTG  
 GCCGTTCCCCAGATCTGCCGGGACATGGATCTTGGCGAGACGGCGGTTTCGCCGTTGGGTTTCAGCAGTACGAAGCG  
 GAGCTATCCGGGACGCTTGGAAATAGGTAAGCCGCTGACACCCGAGCAGCAGCGGATCCGCCAACTCGAGGCCGAG  
 AATCGTCAGCTGAAGCAGGATAACGATCTGTTAAAAAACCGCTTCCCCGGCGCTCCGCGCCCCATTGGGTTAGAA  
 ACACGCCCACTACTACTGA

>SG14, 981 bp

ATGAGCAACACCAAAGAATATGACCTGGTAATTGTTGGGGCAGGCCCCATCGGCCTGTACGCAGCCTACTATGCT  
 GGTTTTAGGGGGCTCAAACGGCGCTGTTTCGATGGCTTGGCGAGGTCGGCGGGCAGGTGGCGACAATGTATCCG  
 GAGAAGCTGATCCACGATGTTGCGGGTTTTTTCGCCATCAAGGGGGGCGACTTCGTGAAAAACCTCTTGGAGCAG  
 TCGCAGCGCCAGGATTACGACCTCTATCTCTGAGCTAATTGTCGGTCTGGAATACCTCTCGGACGACACCTAC  
 AGCATCACGACCCGAGGAAATCATTACACCGCAAAGGCTGTGGTCATCGCCGCTGGTCTGGGGAAAGTGTACG  
 CCACGTTTCGCTTCTGCTCTGGAAGAGGTCGACTCTCCAGCATCATGCATTTTCGTACCTGATCTGTTCGGTACTC  
 GATGGAAATGATGTCGTAATTGCCGGTGGTGGCGATAGTGCCTGCGACTGGGCCATCGCTGCGGCACCCCGCGCC  
 AAATCGGTCACTGTCATTCACCGTCGAGCCCGCTTTCGAGCCACGAAGCAAGTGTGAATGAGATGTACGAAAGC  
 GGTGTGCGTGTGTTGTCGCGCGGGTGGAGGTTGCGGGTACCACGAAGAAAAATGGGCAGGAGTTTCTTGGACTTTGG  
 AGTGGGGATAACAAAGAAATCCTGGGCTTCGACAGGTTTGAATGGCGCTGGGTTTCCACTCCGACTTAGGGCCG  
 ATGGAGAGTTGGGGGCTCGGGATCGAAGGCTTTCGAATTCCTGTGAAGCCAAATATGGAAACCAATATGTCTCGC  
 GTTTTTCGCCATCGGCGATGTGAGCGAGTACCCAGGCAAGGTGCGTCTGATTGCGGTTCGGTTTTGGCGAGGCGGGC  
 ATCGCGGTGAATCACGCGGCTGCCGTAATTTTCGGCCGAACCTATCGGTGCTGCCAGCCATAGTACGAATGAGGTG  
 AACTAA

>SG15, 1383 bp

ATGAACGAAGAAAACAATAAGCAAGTCTGAAACTCCAGGAGTTCATTGAGAAAACAATATCGACACGGTTAGG  
 CTGGGTGCTGTTGATATAGATGGAGTCTGGCGCGGAAGCAAGTTCGGAGCAGAGTACTTTCTGAACAAAGCGGCT  
 CTTGATGGAACCTCAGATCTCGAATATCTTGTGTTGGATGGGATGTCGCCGATCACCTTGTGATGGATTGGCGTTT  
 ACTGGTTGGGATTCCGGGTATCCGGATATTGCTCTAATCCCTGATCTTTTACTCTCTCGCTGGTCCCTTGGCAG  
 GCAAAAACCTGCATCCGTCCTTTGCGATATTTCAGCATCTCAATGGCCAGTTCGCTGAACCTTTTCGCCAGGAATCTC  
 CTGCGCAAAGCAACCGAAAAGCAGAGCAGCTTGGCTACAAGTGCCACGCGGCTTACGAGTTTGGATTCTACCTT  
 CTGAACGACTCTATTGGCAGTATTGCGGCAGATCAGTGGCGCAGCATTAAATCCAGTGGAAAAGAGTGGCCACTGC  
 TACAGCATGCTCCATCACTCTAGTTCTTCGGACATCATAGGTGAAGTTCGCAAGTACATGCGTGATGCCGGGATC  
 GTACTAGAGGGCGACGAACAGTGAACATGGCCCCGGGCCAGTACGAGATCAACATTAAGTATGACGATGCCGTCAAA  
 GCAGCGGATGACGCAATTTTTGTGAAAAACGGCATCAAGGAGATCGCTGCAAAGCATGGCATGACGGCGACCTTC  
 ATGGCGAAGCCCAATGCAGAGTGGTCGGGTTTCGTCCGGTCATGTCCACATTAGTCTGTTCGAACTTAATAACAGGT  
 GCCCAGCATTGCCAATCCCGAGAATCCTGCTGCGTGTGTCGGAGGTCGGTTATAACTTCTTCGAGGCATGGTT  
 GAGCTTGCCAGAGAATTTTCGGCCATCTATCTGCCGAATATCAACTCCTACAAGCGGACGGCTGGCGCATCCTGG  
 GCGGGTGGTAATTCGTCTTGGGGATTTCGACAACCCGACTGTGTGCGACCGTGCATCACATCAGCCGGCGCGGCC  
 GCTCGGGTCGAGAACCAGGATCCCTGGTGCCGATACCAACCCCTTATCTGGTTATTGCGGCCAGCCTCTTGTGCGGT  
 CTCTATGGCATCGAGAACAACCTCAAGCCGAAAGACCCCATCCTCGGTAACGCTTACAAGATTCGCCGAGGCTC  
 GCACGTCGCTCGCGGCGTCATTGGAAGAGGCTACCAATATCTTCCGCGAGAGTGAATGGCAGAGTGTATTTC  
 CCTAAAGAGTTTCGTTGAGCATTATTCCAGATGAAAGTTTGGGAGATCAAGCAGGCTAATGGTTTCGTGAATAAT  
 TGGGAATTGGCGCGTTATCTCGACATTATCTGA

>SG16, 1161 bp

ATGAAAGACGTAAATGAAGTAGCAAGGAATTTTGGATTTTCATGGCGAGGCACTTGTGATATTTTCGACACTTAC  
 TCCACGCTTTCGTATGGATGCCCTGTGGGGCGCAGTGAAGACTACGGTGGTTTCTGGTTTCTAACCAGAGTGAC  
 GATATTTTCGCTGCGGAACAGGATCCGGAGGCCTTCTCGGTATATCCCTCTATGATGGTTCCGTCGGTTTCGGAG  
 GGGATTTCAGCTTCTCCGATTGATATCGACCCGCCGGAGCATAACCGCTTACCGCCGATTTCTCTGCCGCTGTTTC  
 ACGCCGCAAGAGCTGAAGAACTCGAGCAGCCTATTTCGGGATACGGCGCGGAAATTTGGCCGAGGAATTCGCCAAG  
 GAGGGCTCTGGTGGCGATGCGTCCCTACCATTATTCTCGGCCGCTTCCAACAATCATTTTTAGTCGCCTTGCAGGT  
 TACCCTGAGCAGGATTGGCCGAAATTCGATAAATGGGTTGACGACATCATTTATGAGCGAGTCGAAAAGCCGGAA  
 GTCGCAAATCAGGCCAGTAAAGATGTGTTTCAGCTATTTTGGAGAACTGCTCGATAACTGGAAAGATGACAGTGA  
 TCGGCCAATTTGATCGACTATCTCTGCCGCGCAAGATCAATGGTCGCCGCTCACCAGAGACGAGTTGCTGCGC  
 TATTGCTATCTCCTCTTCTGGCTGGTCTGGATAACCACTGCTTGGTCTATCCGAGCTGGTCTTTGGTATCTCGCA  
 AACAATCCAGCAGTACGAGCAGTACGAGCTACGCGATAACCCCTGATCTAATCCCGCTCGCTTGCAGAGGTTTCTGCGG  
 ACTCTATCTCCAGTTTCAGGTAATGGCGCGTACTTGCCTGAAAGATACCGTTATTTCGCGATCAGGAGATCAAGGCG  
 GGTGAGCGTGAATGCTCGTTTTTCGGTGTGGTAACCGAGACGAGGAAGTTTTCCCGAATCCGGATAAGATCGAT

ATTGAGCGCCAAGAAAACCGGCACCTGGCATTGGCGGTGGAATTCATCGGTGCCTTGGCTCGAACCTTGGGCGT  
CGGAACTCGTTGTAGGTATTGAAGAGTTCCTGCGTGTGTTCCCCAGTTCAAACCCGCAGATCCGTCCGAGAAA  
TGGCACGGTGTCCGACCCTTGAAGCTCGCTTTTTTAA

>SG17, 885 bp

ATGGAAAAGCTTAGAATTCTTATTTGCGATGGCAACACGGCAGCTGATCGAGCTTCTTTCAAGAAGTTTGTCCGA  
TATGCTCCAAGCAAACACTTTGAGCTGATGCTGAAGCGTTGCAGTTCACAAATACAGACGGATATTGCTTATCCG  
GCGGATCCGGATCCCCTTCGCGTGTCTCCACTTAGGGGCTTATGATGGAATTCCTTTACTGGCTCCAATTTCCAC  
ATATACAAGCAGGATCCAGGAGTCTTACGGCAAATAGAATTTGCCAAGGCGGCCTTTGAATCTGGTACTCCGATG  
TTCGGTGTGGTGGGATTGCAATTGGCAACTGTTGCCGAGGAGAAGTACTCCGAGTCGAGCTGCTGAT  
TGCGTGTGCGAGGCACCAATTTGCTTCGGGAGTTCAACTGACCGAACACGGATGTTCCCACCCCATGCATCAGTCA  
AGACCAGCTGAATTCGATGTTTTTTTCTTTTATTCCGATGAAGTCATTAGGCTCCCCTATGGAGCCATTGTGACG  
GCCCGCAATCGCAACTTCATTACAGGCTGTGAGATCCGGTATGGAAAAATCCACGTTCTGGGGGGTTCAGTACCAT  
CCAGAGTTATCGGGGCTGGATCAGGCAGGATTCTTAGAGAGAGCGCAGGGGCACTCGTGGCGGATGGCCGTAT  
GAGTCGCTTGAGCATGTGAGCAGCTGCACAAGCAATGTGCGCTTTTCAAGTGGAGTCGAAAATTTCCGAGGAG  
GATATGATTCAATTCGAAACCATCAACATGAATTCGTTTCGAGTTCAGACCACTCGAGATCTTAAATTTGGCTCAG  
CATCTCGTCATCCCAGCTGCCCAATGCAAGTTGGCGGTAGGGATGGAGCAAGGTGATTGA

>SG18, 1431 bp

ATGTCATCGCCTGTATCAGTACAACCTCAAGGGAAACCTTGGGCCGATTGGAATAGCCATGATGGTAGTTGCGACT  
GCAGCGCCATTGACTGTCATGGTAGGAGTGAGTCCGTTGATTATCGGGCTCGGAAATGGCGCCGCGGCCCCATG  
AACGCTATCATCGTTGGCATTGTGATGCTTCTATTTGCCGTTGGTTTCGTCTCGATGTCGAAATATATTGAGAAC  
GCAGGAGCGTTTACGCTTACATACTCAAAGGAATGGGTAGAGTAACTGGTTTGGGGGCGGCGTCACTCGCTGTG  
TTCTCTTATACGCTTATCTTGATCGCCCTTGGAGCCTATATCGGGGTGGTTTTGAGTGATGCGCTTTCGGACTT  
ATTAATGTAGAATTGCCTTGGTGGCTATAACACTATTGGTGTGCTGCGCTTGTGGGGCTACTAGGTTATAGAAAT  
ATTGAGGTGAGTACCAAGTACTTGGTGTGCGCTTATATTGAAATAGTGTGATCTGCTCCTCAACCTGGCG  
GTGATCGGCTCCATTGGGTGGAATGGTTGGATTGAGATCCTTCAAGTCTCTACGTTCTCTGATCCCCCT  
GGCCTTGGTATTTTTGTTTCGCGATCTTCGGTTTCATCGGATTTGAGTCGACGGTAGTCTATCGCGAAGAGGCTAAA  
AATCCCCGAGCGTTTCGATCCCCTGGGCGACGTATATCGCAGTGATATTCATCTCACTTCTCTATTTTCGTTTCCATG  
TGGTGCCTGGTGAGCGCGGTAGGTGTGAGGATGTGGTTTCGTATATCTACAGAAAATGCTGAAGGGATGTATTTG  
GATCTGGTACTGGTTACTTGGGGGGGGGATGCATGATTTTGTCTCAGGTTTTGCTCATCACCAGTCTATTTGCG  
GTGGTGATTTTCGATTACAAATATTATCGCACGTTATAAATACGTCCTTGGTAGTTGCGGAGTGCTTATGGCGAAT  
CTCGCAAGGTTTCATGCAACTCATTTCATCACCTTATGTTGCATCTGCAGTTCAGACCTTTATTTTCGGTAAGCCTT  
CTCCTAGCTGCCGCTCTTGTGGGGCTTGTACCTGTTACGGAGATTTACGCTTGGGGTGCCGCCCGGTACTTTG  
GGATATATGATCATCGTCTGCTTGGCCTGCCTTTTCGGTCATTTGCTTCTTTGCTAAACATCCCGAAAGTAAGAAT  
GTCTGAAAACGAAGATTGCACCAGGACTTGCAGTGGTAGGGCTGATTGGATTTCATGTACATCGCGTTCAGCAAC  
TTGTCTGCACTGACCGGTAGTCAAGGATATGATGCGATTAATGTCACGATTGTCAGCTCGATTATCGTAGCGTTT  
GTTATCGGGAGCGGAGGCGCCGTGCTTATGAAGCTGAAAGCACCCAAGCGCTTTGATGCCATTTCTGAGCCATATG  
AACTGA

>SG19, 1509 bp

ATGGAAAAAATACTACGAGTCTGTAGGCGCTACCTATTGGCGGAGCAGAGCTGAAAATGTTGAGTTTGGGGC  
CGATGTCTGATTGACGGGAAGTTAATTGAAGCCCATTTCGGGACAAACTTTTGACTGTGTGCCCTGTGGATGGG  
CGCGTCTGACGAAAGTAGCTGAAGGTGGAGAAGCTGATATCAACAAGGCTGTTGCTGCCGCCGGGCTGCCTTT  
CAAGACCGGCGTTGGGCGGGCAGTCGCCGATCTTCCGTAAACGCACGCTCCAAGCCTTTGCTGCGCTAATCCGC  
CTTCATCGAGACGAATTGGCGCTCTTGGAAACGCTCGATATGGGGAAACCCATTTTCAGCATCGCGGAGCGTTGAT  
GTCGAGGACAGTGGCGAACTGTTTCGATTGGTACGCTGAAGCCATCGATAAGCTATATGAGCAGATTGCCCGGACG  
GCTGAAAATGACTTGGCGCTTATAACCCGTGAACCGTTGGGTGTGGTGGTGCATCGTACCCTGGAACTTTCCC  
ATGCTCACCCTGCATGGAAGGTGGCACCAGCGCTGGCGACCGGAAATTCAGTAGTCTCAAGCCGGCCGAACAA  
TCGCCACTAACAGCCATTTCGTCTGGGCCAGTTGGCGCTAGAGGCAGGCATTCCTGAGGGAGTGTCAACGTTGTG  
CCCGGATTTGGCCGGTCTGCCGGTAAGGCGCTTGCCTGTCACATGGATGTCGATGGCATTCTTCACTGGATCC  
ACGGCGACGGGACGACTGCTGACTGAGTACGCTGCAAAGACCAATCTGAAGAGGGTTTGTCTGGAACCTCGGGGGC  
AAGAGTCCAAATATCATTCTCGCCTCCTACGGTGACATTGAGAAAGCAGCGGTGACCGCGCTGAGAGCATGTTT  
AACAATCAGGGGGAGGTATGCATTGCGCCCTCCCCTTGCATCGTTCGAGCGCTCGATCCACAAGCAGGTCGTTGAG  
ATTGTTGCCGAAATTTGCTAGGCAGCGTACGCTGGGGATCCGCTTGCATCCGGCTACGCGTATTGGTGTCTGGTA  
AATGCCCAGCATGCTGACCGCGTGTGGGCTTCATCGAACGGGCAAAGACGGACGGAGCCACGCTTGTGCGGGC  
GGGACGCGTGCCTTACCGGAAACCGGTGGTTCTTATGTGGTGGCGACAGTTTTTGAACAATGCTTCCAATGATATG  
GAGATCGCCCGTGAAGAAATTTTCGGTCCAGTGTGTCGGTATTCTGTTTCCAGCGTGGACGAAGCAGTCTCA  
GTCGCCAACGATAGTCCCTATGGCCTTGGTGCAGGGGTGTGGACTGATAGTTTATCCGACGCACATAAGATATCC  
CGAAGCTGCGAGCAGGGGTTGTTTATGTCAATTGCTACAACGACTGTGACATAACTACCCCTTTTGGGGGGGTC  
AAGCAATCTGGCAATGGGAGGGATAAATCTCTTTATGCTCTTGTGATGAATACACCGAACTGAAAACAACCTGGATT  
CGGCTGTAG

>SG20, 1116 bp

ATGAGCGATGTCGAAGCGCTGGTGCAGGTTGCGGTTTCGCAACCGCATCGGCCACCTTACCCTCAATAGACCGAAT  
GGCTTGAATGCTCTGAGTCTGCTCTTGAACAGTTGTATGCCTGGGAACAGGATCCGTACATTCTCGCCGTGGTG  
CTGCGCGCCACAGGGGAGAATGCCTTCTGTGGCGGCGACATTCACATGCGATACGACCGCCACCAGTTAGGCGGC  
AAAAGGCATGAGATTTTCTCGCAGAGGAATATTCCCTCTGCGAATACATCCAAGCCTATCCCAAGCCTGTCTTG  
GCACTGATGGATGGCTTCGTGCTCGGCGGATATATGGGGCTGGTTCAAGGCGCGTCACTGCGGGTGATCACTGGA  
CAAGTGAAGATAGGCATGCCGGAAGTAGGCATCGGTTTCTTTCAAAGCGTCGGCGGTAGTTACTTCTGCCGCGC  
TTGCCCGGCGAGTTAGGCATTTATCTGGGCATCACCGGATTGCAGGTGCGCGCCGCCGATGCGCTCTATGCACGC  
CTAGCCGACTGGTGCCCTGCCAGAGAGCAGGTCGCTGAACTGGATCGCTGCCTAGATCAAATGAGCTGGACTGCG  
CATCCACAGGAGGCCCTGCGTGCCGTGCTTGCACACTTTGCAGCAACAAGCTTCTAGGCTCGGAGCTCAAGGCT  
TTACGTCCGGTCATCGACGCGTACTTCGCTCTGCCCGACTTGCCGTGATTTCGCACAGCACTGCTGGGGGAAAAC  
CGCCCTGAGTTTCAAGATTGGGCTGAGGAAACTGTCAAGGTTCTTGACAGTGCCTCACCGCTGTCCAAGGCCGTT  
ACCTTGAACTGCTGCGCTGCGGTGCAAGCTGTCCCTGGCCGACTGTTTCGCCCAAGAAATGCATCTGGGCTAC  
CAGTGGCGTGACAAAGGCTACTTCATGGAGGGTGTGCATGCCTCGATCATCGACAGGAACGAGGCCCGGGCTCG  
AATCCACCTACCCTGGAGGGGCGTGATCCCACACAGGCGCAAGCTATCTTCGCCGGCGTCAAGTCCGCGGCTGAA  
AAAATCCGGCGCACGGTCAGAACTCCACAGAATAAGAGAGATGCTCAATGCACGAACTCGAACTGA

>SG21, 462 bp

ATGCACGAACTCGAACTGATTCTAGTGCAAGGCATGATCCGCGACGTTGCCTGTGCGGACCCGTGCCTAAGGCC  
CAACATATTCAAAAGTGCCTGCATTGTGATGCCTGGTGCACAAAATGCGGGACCAGGGCATGTCGGTTTG  
GTGGTTCCCGAACTAAGGGGCGGCAGCTATATCAATAACGTGCGCTATGCTCTGGTTCGAGGAGGGGACCTCTGTC  
GGCAGTTCCGTGCGGCGGTTGACGTGTATTATAGTTCTGTGCTTGGCGCCTGGCCCTGAGTTTCGACACTCAG  
GCAGTGAAGGGATTCTGGCTAACTGACTTGAACAACGGCCAGGCCATTGTGAGCTACTGCTTGGCCGAAACCGCTG  
GCCGGCTCCGCGACCCCAATCTGGGCCACTGCGCCGAGTTCCGCGATGGCCAATTTGGTGCTAAATGGTGCCCGA  
CCTCCTCTGTGA

>SG22, 1215 bp

ATGGCAGGACGGGACGGGTTAAAAGAAATTTACTGAGACTTAAATTGCACATTGGTGTTCCTACTCGAGACC  
CATGCCGGCGAAACGCGGGTTGCCGCGACGCTGAGACCATCAAGAAGCTGGTGAGCCAAGGCCACCAGGTCACC  
GTGCAGAGCGGAGCTGGCATTAGCGCCAGCATTCCGGATGCGGCCTACCAGGCGGTTCGGTTCGCTCCATTGGCAGC  
GCCGCGCCGCTTGGGCGCCGATCTGGTGCTGAAAGTGGTAGCGCCGACCGACGCCGAACTGGCCACATGAAA  
GCCGCGCGGTGCTGGTTCGGCATGCTCAACCCGTTTCAACAACGAGACCATCGCGCGCATGGCCGCCCGCGGCATC  
ACCGCCTTCGCCCTCGAGGCCGCGCCGCGTACCTCGCGCGCGCAGAGCCTGGATGTGCTGAGCTCGCAGGCCAAC  
ATCGCCGGCTACAAGGCCGCTGCTGCTGGCCGCCACCCTACCCGCGCTTCATGCCGATGCTGATGACCGCCGCC  
GGTACGGTGAAGGCCGCCGCGTGTGATCCTCGCGCCGGTGTGCGCCGGCTGCAGGCCATCGCCACGCCAAAG  
CGCCTGGGTGCGGTGATCGAGGCCCTCGGACGTGCGTCCGGCGGTGAAGGAGCAGATCGAGTTCGTCGCGCCAAG  
TTCGTGACGCTGCCGTGTGAGACCGACGAGGAGCGCGAGTGCAGCGCAAGGCGTTCGGCGGCTATGCGCGGCCGATG  
CCGGCGTTCGTGGATGGCGCGTCAAGGCCAAGGCGGTGCACGAGCGCGCAAGCAGGCCGACATCGTTCATCACCACC  
GCGCTGATCCCGGGGCGCAAGGCACCGACCCTGCTGCACGAGGCCACCGTGGCCGAGATGAAACCGGGCTCGGTG  
GTCATCGACCTGGCCGCGGCGCAAGGCGGCAACTGCCCGCTGACCGTTCGCGGAGCAGGTGGTGGTGCAGCACGGC  
GTGACCATCGTTCGGCCACAGCAACCTGGCCGCGCTGGTTCGCGGCCGATGCCTCGGCGCTGTATGCGCGCAACCTG  
CTGGACTTCTCAAGCTGGTTCATCGACAAGGATGGCCAGTTCCACCTCAACCTCGAAGACGACATCGTTCGCCGCG  
TGCCTGATGTGACCGCGCGGTCAAGTTCGTGCGTAGCAACGGCGCTCCCTCCGCGACCGCTGCTGCGCAACCGAG  
AAAGAGAACGCATAA

>SG23, 318 bp

ATGGACCTGATTTCCGACGGCATCTACAACCTGATCATCTTCGTGCTGGCCATCTATGTTGGCTACCACGTGGTG  
TGGAACGTACCCCGGCCCTGCACACCCCGCTGATGGCGGTGACCAACCGGATTTCCGCGATCGTCATCGTCGGC  
GCCATGCTGGCCGCGGCGCTGACCGTGAACCCGCTGGGCAAGACCATGGGCACCCCTGGCCGTGGCCCTGGCCGCG  
GTCAACGTGTTTCGGCGGCTTCTGGTTACCCGGCGCATGCTGGAAATGTTCAAGAAGAAAAGCGCCGAAAGCCGT  
GCAGTGGAGAAGCATTGA

>SG24, 1464 bp

ATGAGCATGAACCTGATCACTGTTCTCTACCTGGTGCCTCGATCTGCTTTATCCAGGCGCTCAAGGGCCTGTGCG  
CACCCGACCAGTTTCGCGGCGCGGCAACCTGTTTCGGCATGCTCGGCATGGCCCTGGCCATCGCCACCACCGTTCGGC  
CTGATCTACAAGCTCGGTGCGCTCTCTTTGAAAGACGGGGGCGCCACCCAGGGCATCGGCTACGTGCTGGTTCGGT  
CTGCTGGTTCGGCGGACCCGCCGCTCGATCATGGCCAAGCGCGTGGAAATGACCAAGATGCCCGAGCTGGTTCGCC  
TTCATGCACAGCATGATCGGCCTGGCCGCGGTTTTCATCGCCATCGCCGCGGTGGTTCGAGCCGAGTTCGCTGGGC  
ATAGTTCGCGGCGCTGGGTGATGCGATTCCGGCCGTTAACCGTCTGGAATGTTCTCGGCGCGGCCATCGGCGCC  
ATCACCTTCTCCGGTTCGGTTCGCTTTCGGCAAGCTGTTCGGCCGCTCTGTATTTGGCAGGAAGTTCCGCCTG  
TTCCAGGGCGCGCCGGTGCAGTTCAAGGGCCAGCACTGGATCAACCTGGCGGTTCGGCCCTGGCGATCCTCGGCCTG  
GGTCTGCACTTACCTTCAGCGGCGAGCCTGAGCGCTTCGCCATCCTGCTGGCCCTGGCCCTTCGTTCATCGGCGTG  
CTGATCATCATCCCGATCGGCGGCGCCGACATGCCGGTAGTGGTGTGATGCTCAACAGCTACTCGGGCTGGGCG



GCGGCGGGTATCGGCTTCTCGCTGAACAACCTCGATGCTGATCATCGCCGGCAGCCTGGTCGGTTCTCGGGTGC  
 ATCCTCTCCTACATCATGTGCAAGGCGATGAACCGCTCGTTCTTCAACGTGATCCTCGGCGGTTTCGGCGGCGCG  
 ACTGAAGCGGGCCGGCCCCCGGGTGGCCAGGAAGCGCGCCCGGTTAAGTCCGGCTCGAGCGACGACGCCGCCCTTC  
 CTGCTGACCAACGCCGACACCGTGATCATCGTTCCGGGTTACGGCCTGGCGGTGCCCCGTGCCAGCACGCGCTG  
 ATGGAACCTGGCGGAGAAGCTGACCCACCGTGGCGTCACCGTGAAGTACGCGATCCACCCGGTGGCCGGGCGCATG  
 CCGGGGCACATGAACGTGCTGCTGGCCGAGGCCGAAGTGCCTTACGAGCAGGTGTTGAGATGGACGACATCAAC  
 TCCGAGTTCGGCCAGGCCGACGTGGTGTGGTGTGCTCGGCGCCAACGACGTGGTCAATCCGGCGGCGAAGAAGCAT  
 CCGAAGTCGCCGATCGCCGGCATGCCGATCCTCGAGGCCTACAAGGCCAAGACCGTGATCGTCAACAAGCGCTCG  
 ATGGCCAGCGGCTACGCCGGCCTGGACAACGAACCTGTTCTACCTGGACAAGACCATGATGGTCTTCGGCGACGCC  
 AAGAAGGTCATCGAGGACATGGTCAAGGCCGTCGACTGA

>SG25, 99 bp

ATGTTACCCATGGGCTTCGGCTACGCCGAAGGCGTTACCCGTGACTACGAGCGTCCCGGCACAACCCTGTTTGCT  
 GCACTGAACGTGCTCAGTGGCTAA

>SG26, 546 bp

GTGTCTATTGAGAGTGAAATCAGAAATCAGCGCAACTTGAAGGGGATCAGCCTCAGGTCGTTGCCCGTGAGCTT  
 GGCATTTTCGGCCTCACAATTGTCCAAAATTGAGACCGGCAAAGCCAAGCTCACGGTTTCGGTCGCTCTCAAGATC  
 GCAGATATCCTGCAGGTTCCAGCATCAAAATTCCTTTCCACAGGCCAAACCCCAAGCGACGGGGCGACGAACCATT  
 ACCTGGAAGCAATCCGGCGACGCTCAGAATACACCAGGCATGCACCTTGAAAGCCTGTGTTCGGACTTCAAAGAA  
 GATCACAATTTGTACTGGAACGTGACAGTAACTGCATCCAACCTTGACGAAGTTGGAGGATGGAGGCAGCATCCT  
 GGACAAGAATTCATCTTTGTGCTTTTCAGGTAAGCTACAGCTGCTCAGCGCTTATTACGACCCTGTGACACTGGGT  
 GCGGGCGACAGCATTTTATTTCGACTCAGAGCAGCCACATGCCTACGTAGCGGTAGATGGCCCTGTAAATGTCCCTG  
 ATGGTTAATACGGTCATTTAA

>SG27, 753 bp

ATGATCAAATACGACTTCACTGGTCGCGTAGCCGTCATCACCGGTGCCGGCGGCGCATGGCCCTGGCGCTTTC  
 CTGAAAATGCTCGAAGCCGGTGCCTCCGTGCTAGCGATCGACGTGAAGGGAAAGCCGGCAGAGCTGGAAGCAAGC  
 GACAAGCTCATCTATGCACAAGGTGACCTGACTGACATGCGCTTCGTGAGCGAGGCGGTAGGTGCTGCCCTCAAT  
 AAGTTCGGCCGTATCGACTACCTGGCCAACATCGCCGGGCTACTCTGGTTCGGTAAGGACGTATCGTTGCTCGAC  
 ATCGACCTCGACATTTGGGACAAGGTGATGAAATCGACCTAAAATCCCTAGTCCACACCATTTCGCGCAGCAGTC  
 CCCTACATGCGGAAATCGGGTGGCGGTTTCGATGGTGCATTTCTCCACAGTACAATGCCTGCGTGGCGATAACCGCT  
 CCGCAGGACGCCTATGCGGCATCGAAAGCCGGTATCCCCGCAATTTCCAAGTCGATCGCCATGCAACTCGCCGCT  
 GAAGGCATCCGCTCCAACACCATTTATCCCCGCATCACCCAAACCCCATGCAGGCGCGCTGGGATAACCGCGGAT  
 AAGGTCAAGAATGCCGGTACTACGTTCCGATGGGGCGGCTAGGTGCTGCTGACGATATGGCAAATGCCGCCATG  
 TTCCTGCTCTCCGATGCAGCCTCCTACATCACCGGTACCGACCTCATCGTCGACGGCGGTCTGATGCTCAAATAT  
 TGA

>SG28, 753 bp

ATGCCAAGGCCAGTTGTTGCCATGCCCGCATGTATTTCGTGAGTTGGAAAATACGGCTTGGCACTGCGCACAACT  
 CAATATGTTTCGCGCGGTAACCAAGGTCGCCAACCTCATGACGCTAATCGTTCCCGCACTCGTCGAGGGCAATGAT  
 GTCGATGCCCTGCTCGACCGCGTCGACGGACTCATCGTGAGCGGATCGGCAACAAATGTTTCATCCGTCGCTCTAT  
 GCGGAAGCGCGCAGAAGAGAACGATGGGCGGTTTGTAGCAGGCGCGCATGCAACCAGCATCCATCTTATCCGCGCC  
 GCCATTGAACCGGGATGCCACTGCTTGCATGCTGCCGGGCAATACAGGAGCTGAACGTCGACTAGCGGGCAGC  
 CTCGGCCGAGACATCCACGAAAATTTGGGGCATTTCGATCATAGGTCGCCGGAAGTTCTCGCGACGATCGATTTC  
 GCTATTCGCCATTCCATTTCCATCGAGGAAGGCAGCTGCATCGCCCGGGTGTAGGTGCCAATAAAGCCATGGTC  
 AATTCGCTGCATCGGCAGGCAATTGAGCGCCTGGCTCCCGCCTTGTCGTCGAGGCTAGAGCCGAAGATGGCAGC  
 ATCGAGGCGGTTTCAGTCAAAGACGCACGTGGCTTTGCCTTGGGCGTCCAGTGGCATCCCGAATATTGGGCAGAA  
 ACCGACAGCTCCTCGCAGAAGCTGCTCGAAGCATTTCGGAGATGCAGTGCCTAGCTATCAGAAAAGCAAAAGCCACC  
 TAA

>SG29, 1041 bp

ATGCGCGCAGCCGTCTATGAATCATTCAGGGCAAATTAACCGTTCAGACCATGCCGGATCCGGAACCCAGCGAG  
 TTCGGTGGCGTCATCGAGGTCAAGGCGAGTGGCATCTGTGCAAGTGATTGGCACGGTTGGGTGCGGCACGACACT  
 GATATCGTGCTGCCGCATGTACCCGGTCATGAGTTTCGCTGGCGTTGTCGCTGCCGTGCGGGCGTGGTGTAAACGAAG  
 TGGAAGGTGGGTGATCGCGTCACCATGCCCTTCATGGGCGTATGTGGTTTCATGCCGAGAAATGCTCGTCAGGTAAC  
 GAGCAAATGTGCGATCACCGATTCCAGCCGGGCTTCAAGCACTGGGGCTCGTTTGCGCAATATGTTGCTATCGAT  
 ATGGCAGATCGCAATCTGGTTGCGCTGCCGGAGGCAGTCGCCTTTCAGTACGGCCGCTGGGCTAGGCTGCCGCTTC  
 GCCACCTCCTTCCGCGCCATGGCCTTCCAAGCACGGATCGAACCCGGCCAGTGGGTGCGCGTGCACGGCTGCGGC  
 GCGGTTGGCCTATCGCGATAATGATTGCCGAGGCACTTGGTGCATAATACCATCGTATCGACATTGCGGATGAC  
 AAGCTGGAACCTGGCTCGCGCTCGGCGCTGCCAGGACAATCAATGCCAGGCAGGTCGACAATGTAGCAAGTGCT  
 ATAGCCGATTTGACCGGCGGCGGCACATGTGTGCGTTCGATGCGCTGGGTAGTGTGTGACCTGCAGAACTCT  
 ATTGAAAGCCTTAGGAAGAGGGGGAAGCATCTTCAGGTCGGTCTGCTGGCCGGCGATCAGGCTCTGCCGGCTATT

CCCATGGGACGCGTCGTGCTCAAAGAACTCCAACCTCTTGGGCAGCTATGGCCTGCAGCCGCACAAATACGGCGAC  
 ATGCTGGCCATGATTGAGGCCGGTAAGTTAAAGCCTGAAAAGTTGATCGGGCGGACCGTTACTCTGGAAGAGGCT  
 ACAACCATTTTGCCGAAGATGGATAGTTTCCAAGAACGAGGGGTGGCGATCATTGATCGTTTTTAA

>SG30, 1308 bp

ATGACAGCACTGATCTCATCCTCCAATTATCCAACCTCCGGTTCACCATGCTCGCGGAGTCTTCATCTATGAC  
 GACTCAGGCAAGAGCTATATAGACGGATCGGGCGGGCAATGACAGTTTCGATTGGCCATGGTGTGCCGGAAGTT  
 CTGTCTGCCATGAGTCGCCAGGCGCAGCAAGTCTGTTTCACTTATCGGACACATTTTACGAGCACCGCTGCAGAG  
 GAATTGGCGAAAGAAATAGTGGCGCTAGCGCCCGCGATTGAAACAAGGTCTTCTTTGTTAATAGCGGATCTGAA  
 GCGACCGAGCTCTCCATGCGAACTGCCATTCAATACTGGCAGGCGCGGGCCAACCGACGAAGCAAAAACTCTG  
 GGTTCGAGCCATCAGCTATCACGGAATGACAATGGGCTCATTGTTCGATGTTCGGGGCACGCTGCGCGCCGCGCGAC  
 TACTCAAACCTGCTCCATCAATTTGCCGTTGCGCCGCCCGCTACGCCATTCGCTTCGAAAGTGCCAAATGATGGC  
 ACGTTCCGGTTCGCTCGGTCTGGGAGAAAATCATTACAGGAGCAAGGTGCGGACACCATTGCAGCTGTGATCGTAGAG  
 CCCATAGTAGGCGCGGCTGGGGGAGCATTGACGCCACCGATTGGATACCTAAAAAGCTCTACGTGAAATCTGTGAT  
 CGGCACAGTATCCTGCTTATATCCGACGAAGTGTATCACAGGTATGGGCCGTACAGGGACGTGGTTCCGGTTCGCGAG  
 CACGATGGGATCGTTTCTGACATCATCGCAACAGGGAAGGGTATGAGTTCCGGCTACACTCCAATGGGCGGTGTG  
 ATAATTCGCGACGGCATAATGGAAGCACTGGGAGAGAGGGTAAAGCTATTTCGGCCACACCTTCAGTGCCAACCCG  
 CTGAGCGCAGCGACGTGCTTGGCTGTGATCCGCTACATGAAGGAGCACGCGATCCTTGACAACGTTGCAGCGCGG  
 TCGGTTTCAGCTTGAATCTGGGCTGAAGGATCTTTCCGGTACGTTATCCTTGGATGGCCGATGTGCGCGGGCGCGGC  
 CTTCTCTGGGGCTTCGAGTTTCGTCAAGGACGCCACTACGAAGGAGCCGATTGACGCGGCTCGGCAACCGAACCTG  
 CGTTTCGCGCAGCACTGCTTCGATGCTGGTCTCATTGCTTACCCGGCCGGCATAGCGCCGCTCAATAACTCGGCA  
 CTCCTCGCCCCGCCCTTGTCTATCTCGGCCAGCGAAAAGTGGAGGCTGCTGTCCCGCTTGAAAATCGGTCTGCAG  
 AGATTTGGTAACGAAATGGGTCTCCCGGCATAA

>SG31, 486 bp

GTGCACAGCGTCGTGGATACGGCGGCCAACGTGGCCGATGCCAGCCGGATCAACAAGCTGCTGCACGGCGAGGAG  
 AATGTGGCCTGTCCCGATGCGCGCTACACCGGGACGGAGAAAACGTCGCCGAGCATGAAAGCCGTGAGGTCATTTGG  
 CTGATCGCCGCCCGCCGACACTTACAAGCAGTTGAACAAGCGTAGCGCGCTGGACAAGGTCAAGCGCAAGATC  
 GAGAAGGCCAAAGGGACAGGCCACGGTGAACAGCTGTTCCGAGTGATCAAGCGGCAGTTCGGCTACGTGAGGTC  
 CCGCTTCCGGGGCCTGGCGAAGAACACCGCGCAACTGGTCATCTTGTTCGCCCTGTGAACTTATGGATGACACG  
 TCAGCACTCGCTGGCCGACACAGGAGATGTGCGCCTGTAAAACGCGAAAACCCGGTCAAAAAACCGGGTTTCTGCG  
 TTAATCGGAGGCAGTTGTGAAACCGAGCCCCAGTGA

>SG32, 264 bp

ATGAAGCAAATGACCTTACCGATGCCGAGTACGCCGGCAAGCGCAAGCAGACCCGCAAAAAGTTGTTTCTGATC  
 GAGATGGATTCCCATGAATATGAACAGCGTGGAGCACGAGGGGCTGCCGATCATTATTTACGTGTACCTGAGT  
 CAACATCGGCTCACGGTTTTCATGTGGTTGCGATGCAAGTGTTCGATCTCGCCAAGAAGCGAGCTCAGAGCTTGCA  
 ACGTTTTACCGCCGACCTAGAGGGTATGCCCGCTGGTTGA

>SG33, 981 bp

ATGAAGCAGATGACCTTCGCCGACGCCGAGTACGCTGGCAAGCGCAAGCAAACCCGCAAGGAGTTGTTTCTGATC  
 GAGATGGATCGGGTGGTGCCTGGAAGGGCTTGATTGCTTTGATCGAGCCACATATCCGAAAGGTGAAGGTGGC  
 CGTCCGGCTACCCCTTGATGGCGATGCTGCTGCTGTCATCTGCTGCAGAACTGGTTCCGGCTACAGCGATCCAGCG  
 ATGGAGGAAGCGCTGTACGAAACCACGATCCTGCGCCAGTTTGGCCGGCTGAACTGGAGCGCATCCCCGACGAA  
 ACCACCAATTCTCAACTTCCGCCGCTTGTGAGAAACACGAGCTGGCGCCGGCATCCTCGTGTATCAATGGC  
 TATCTGGGCGACCGCGCCTGTGCTGCGCCAGGGCACCATCGTTCGATGCAACGCTGATCAATGCGCCAGTTCCG  
 ACCAAGAACAAGGACGGCAAGCGCGACCCGAAAATGCACCAGACCAAGAAGGGAAAACAGTATTTATTTTGGCATG  
 AAGGCCACATCGGCGCCGATGACGAATCGGGTCTGGTGCACAGCGTAGTGGGCACGGCGGCAATGTGGCGGAT  
 GTCACCCAGGTGGACAAATTTGCTGCATGGCGACGAAAACGTTGCTGCGCCGATGCAGGCTACACCGGTGTGCGAA  
 AAGCGGCCCGAGCATGAAGGACGTGAAGTTATCTGGCAGGTGGCGGCACGCCGAGCACCTACAAAAAACTCGAT  
 AAGCGCAGCGTGTGTACAAAGCCAAGCGCAAGATTGAAAAGGCCAAGGCTCAGGTGCGCGCAAGGTGAGCAT  
 CCGTTCCGGGTAATCAAGCGCCAGTTCCGGTTACACCAAGGTGCGCTTTCGCGGCTTGCCAAAAACACGGCGCAA  
 CTGGTGACACTGTTTCGCTCTGTGCAACCTGTGGATGGCGCGCCGACATTTACTGACGAATGCAGGAGAGGTGCGC  
 CTGTAA

>SG34, 183 bp

ATGAATACGCTGCAAACAGGCCAAAATCCCGCGGCCAGCGCTGCTCGTTTTAGCGATATACCTTGACATCCCAATC  
 TACTCATTAGCGCAACCTCTTTTTATTCTTATTTTGCATCTAGAATATTTTCGACCAAAGGCCAGATGCATCTTTC  
 AATCTCTTTACGGAAAGTATAATCAGCGTCTAG

>SG35, 465 bp

GTGCGGCAGATGATGCCGCCCTTGAACCGGACGGTGCCGGAGCTGGTGGAAAGCGACAGGCATTACTGATGCCACC  
 CTGTATGCTTGGCGCAAACAGGCCAGAGCAGCGGGAGCAGTGGTGGCCGGGAGATGGACAGCAGGCCGACCAGTGG

TCGAGCCAGGACAAGTTTCGGGTGGTGTCTGGAAAGCGCCAGCCTCAATGCGGCTGAGCTGGCGGAGTACTGCCGG  
 CGCAAAGGCCTGTATGTTCGAGCAGATCAACGCCTGGCGCGAAGCCTGCGAGCAGGCCAACAGCCTGGCTCAGCCG  
 AGCAAGACCCGGCGCGAAGCGAAGAGGAAAAGGCCGCGAAGAAGCGCATCAAGCAGCTGGAGCGTGAAC TGCGG  
 CGCAAGGATGCGGCGCTGGCAGAAAACCGCGCTCTGCTGGTGTTCGCAAAAAAAGCCGAGGCGCTCTGGGGGAAG  
 GACGAGGACGAATGA

>SG36, 1050 bp

ATGATCAGCGCCCCGGATCGCCGTGAAACGCTGCAGTTGATCGAGGACGCCGTGGCGGTGGGAGCGCGGCGGGCG  
 CAGGCCTGCGCCGAAC TGGGCTGTCTGCTGCGCAGCCTGCAGCGCTGGCAGCACTGCCCGGAGGATCGGCGTCTCT  
 TCGGCACTGCGAGCGGCACCCGGCCAACAAGCTGAGTCCGCAAGAGCGCCGCCGCGTGTGGAGGTGCCAACCCAG  
 CCCGAGTTTGCCAGCCTGCCGCCGAGCAGATCGTGGCGCGGCTGGCCGATCAGGGCACCTGGCTGGCTCGGAG  
 TCGACCTTCTACCGGGTGTGAAGGACGCCGAACAGCAGCATCCGCGCGGCCGTAGCCGCCACCCTGGTGAACGA  
 GCGCTGACGACCCATGTGGCCGACGGCCGAACCAGCTGTGGTGTCTGGGACATCACCTGGCTACCGACCACGGTC  
 AAGGGCCGTTACTTCTACTGGTACATGATCAAGGACGTCTACAGCCGAAGCTGGTGGCCAACGAGGTGCATGAA  
 AGTGAAAGCGCCGAGCAGGCCGCCAGCTGCTACGCCAGGCCTGCCTACGTGAACAGCGGGCAGGCCAGCCGCTG  
 GTACTGCACTCGGACAACGGCAGCGCGATGAAGGGCTCGACCATGCTGGCGGCCATGCAGAACCTGGGTGTGATG  
 CCCTCGTTCAGCCGCCCGGGTGAGCAATGACAACGCCTATGCCGAGGCCCGGTTCCGCACGGCGAAGTACTGC  
 CCGCTGTGGCCGGAGCGGCCCTTCGACACGCTGGAGCAGGCCAGAACTGGGTGAACCGCTTCGTGGCTGGTAC  
 AACCATGAGCATCGCCACAGCGCCCTGAAGTTCGTGACCCCGCGCAGCGACATAACCGCCAGCGGAAGAGTTG  
 CTGCGCAAGCGTATCGAGCTGTACGAGGCGGCGCGTGCACGGCACCCGGAGCGCTGGAGCGGCAACATCAGGAAC  
 TGGGTGCTGGCACCAATCGTGTGCCTGAACCCGGAGCGGGAAGCGGTACTGCAGCAAACATCAAAGGCAGCGTGA

>SG37, 180 bp

ATGTGGTGTGATTTTATAGAGTTAATGCTGGCGAGATCTGAAAGTATTGAATTGTTTATGGCTGTTTTTAGGGTT  
 GGTAGTTCTTGGCCCGGGTTATCGAAATTTGGCCCATGACCTACTTTTTTGGATGGTATTTAAAGACGAAAAT  
 GCGGTAACAATTAATTTTCCGGTGGAGTAG

>SG38, 771 bp

ATGAAAATTCGCCAAATCAGAAATGCCACCTTAGTTATCGAGTACGGCGGCAAGAAGTTTCTTATAGATCCTTGG  
 TTGGCCGAAAAGGGAGCCTACCCCGGTTTTCGGCGGGACGCTGAACAGTCACTGCGTAACCCGACTGCTGACTTG  
 GTCGTACCGATGGAAGAGATTGTTAATGTTGACGCCGTCATTCTGACACACGATCACCCCGATCACTGGGACGAA  
 GTCGCTGCCAATGCCATTCCGAAGGATAAACCTTTCTTTGTTTTCGATTTTCGCTGATCGTGAATCTATTCGTCGT  
 GCAGGATTTACCGATGTCCGTGTCTTACCAGAAACCCGGAGTTCGAAGGGGTAAAACTGATCAAGACTCCAGGC  
 CAGCATGGCTCTGATGAAGGCGTACAAGCAGCTTACGACCTGTTGCTTGAATATCCGGGGTGGTGTTTAAGCAT  
 TCGGATGAAAAGACGCTCTACATTGCGGGGGACACTATCTGGAACCAATATGTCGAGGCCAACCTGAAGGAATAT  
 AAACCGGACGTAATTATATTGAATGCGGGCGACGCGCAGGTGCCGCAATACGGCAACATTTATCATGAACAAGGAA  
 GATGTGTTGTCCGTTTGTACTGCCGCACCCGAGGCCGTCGTAATTGCGAGCCATATGGAGTCGGTGAACCACGCC  
 ATGTTGACCAGAACAGAGTTGAGAGGCTTTCTAAAAGAAAATGGTATGTCCAGTCGCGTACTCATCCCTGAGGAT  
 GGTGAGACTTTTTGCTCTCTAA

>SG39, 411 bp

ATGTCAATTGAAGCTAACAAAAAGATAGCGCAGCAATTCTACGATGCGATCAATGCCGCGAAATTCGACGCGCTC  
 TATGATCTTTGTAGTGAGGACTTCGTATTTTACAATCAGGTCGATACGCCCTCATCAAGGTGTCGACGGATTCATT  
 AACGCCGAGAAGCGGAATTTTGACGCGTTTGTAGTCGTTTAGGTTTCCATTGAGTGTATGGTGGCTGAAGATGAC  
 AAAGTTGCCGTTTATTTGATCTTTGAACCTTCCGGACAAAAGAAGGAATGCTTGGGGGTTCACCTTCGGGAAAG  
 GGGTGCCGAATCTCCGTTTTCTGCCTTTTGACTATTGTCAACGGTAAAATTTGTTGAGAAGAGAGCGCATTTTCGAT  
 GTGGCTGATATTCGGCGACAGCTTTCTGAGGTTTGA

>SG40, 999 bp

ATGAAAGTCCAAAGCGAAAACCTGTGGTCAAGCAGGCTCCAAAGACGGATCCTTGCCAATAGTAGCCGTCGTGGCC  
 TGTGATGAATTTGCTCCTTATCAGCTCTCAGTGCCCTGCATTGTTTTTGGGAATTTCTTGCCAGATGTCGACCTA  
 TTCGACCTTCGTATTTGTTCCGGTGGAAACCCGCATCCTTAATCCAACCTTCGGGCTGCAAATGATACACGTTAT  
 GGCCTAGACGTTCTAGAGATAGCCGATATTATCGTAATACCTTTCTGGCGCGACCCTGCGGAAAAACCACAAGTC  
 GCTCTGCTAGACGCGCTGGTATCGGCTCACGAACCGGTCGAACGATCGTTGGGCTTTGCCTTGGCGGATATGTG  
 CTGGCCTATGCGGGTCTTCTTAACAACCCGAGTGCTTCGACTCACTGGGAAGTTGAAGGCGACTTCACGGCCCGG  
 TTTCCCGATGTGAAATTTGGACCCTAACCGCCTTTATGTCGACGATGATGGGCTCATTACCTCGGCTGGAACGGGC  
 GCAGGCCTCGACTGCTGCTTACATATCGTACGCCAGATCTATGGAAGTAACATAGCCAACCGAGTTGCCCCAACGC  
 ATGGTCATCCCACCATAACCGTGAAGGCAGGCAAGTTCAGTTCATTGAACAGCCAATTCGGGCATCCAACAGGGAC  
 ACAACGATTGTCAACCTTCTTGATTACCTGTGTGAAACCTGTCAGAAAAGCATGACCTAGATACACTCGCGGAA  
 CGATCAGGGATGAGCCGTCGCACCTTACCAGACACTTCTCAAGTCCACCGGTTTATCTTTAGGGGATTGGCTG  
 ATGATACAGCGATTGCAACGCAGCCAGGAACACTGGAACCACCTCACACGGTGTGAGAGAATTCGGGAAATG  
 GTCGGCTTTCAATCGGCTTGTACGCTGAGGCAGCATTTTAAAGAAGGAATACGGAATTTCTCCAAGGGAATGGCGA  
 AAGAATATTCAGACTATTCTTTAA

>SG41, 489 bp

GTGCGGACCGGGCGGCTCGACGAACTCGTGTGGCAGCAAGTCGTCGCGCTGCTGGCCCATCCTGACCGACTGAAG  
ACCGAGTACCAACGCCGCTGGACGTTCTCGAGCAGACCGAAAGGGAGAGTGCCGATACGGCGGCGCTGGAGCGA  
CAGAAGCTCCATCTGGAGAAAGGCAAGTCACGGCTCATTGACAGCTATGCGGAAGGGGTGATCGATAAAGCGGAC  
TTCGATCCGAAGATCCGGCAACTGAAGATCAAGCTCGAACAGATCGAGCATCAGATCGAAGAGTCCCGGCGTAC  
GAGGCGGACAATTCGAGCTGTTTCTCGTGATCAATCGTCTCGAAGAATTTGCCGCGCCGTCATGGCCGATTG  
AGCATGATCGACTTCGCCACGAAACGGGAGATCATCCGCGCGCTGGTAAAACGCATAGAGATCCACAAAGAAGAA  
ATCATCGTCTGCTTTTCGAGGCAGGCGCCGAATGTGA

>SG42, 393 bp

GTGACTGGAGGGTTCGTGGACGGGGTGATCAATGCCGGCAATTGTTGATTGCGGAATGGGCCAGACTTGATGGG  
CCGAGCGGTGCCGGCGACAAGGCGGAAGTGGATGTGAAAATCGAGCAGCAACTCCGTCGCGAGTTGTTGCAACTA  
CTGGATTGCGACGTTTGGGGTGAGGAGACCGGCCATGTCTCGCAGGGAGCCAGTGGTGTGGGGCATCGACCCCT  
AACGACGGCACCAGCGACTTCCTCAAACGTCTGAAAGGTTTCGGCTATCTCGGTTGGTTGATGGGCAATGCTGTC  
CCGGTGTGGGCGTGGCATATTCGCCGGTAAATACTGCCTCCGGCTCGGACCGCATTGCGTGGGCAGAAGGGCTG  
CCTGGCCTGGGCAACTGA

>SG43, 516 bp

ATGAGCGATATAATCTGGCCGCGAGGCTACGTACCGGGGTTACCGGAGAACTTCTGCTCCAACGAGGTCATAGTC  
GCCGGCTTGAGTGTGGCCGAGCTGTGGCCACTGCTGAATTTGCCAGCGATGTGGTTCGACCTACTACGCCAACTCC  
TCGGACATCAGTTTCTACGACGATAAAGGCCCGGAGCTGGAACAAGGTGTGCGCTTTTTCTTCAAGACCTTCGGT  
TTCCCGGTGCAAGCCCAAGTGGTTCGAGCACTTCGCCTCGGTACCGGGCCAGCCGGCGCGCCTGGCCTGGCACGGC  
AGGGCGGAGAAGAAGGTAGCGACGAGCGCCTGGACGTGCACCACGCCTGGTTGCTGGAAGACCTCTCGGCTGGA  
CGAGTGCGCATCCTCACCCAGGAGACGCAGAAAGGTAAGCCAGCCGAGCTCTGGCCAACGACCCGAGCAACCCG  
ATGATCAACGGTCAACCAGGCTTGGCTCAACGGCATGGTTCGAGGCCGCGCGCAAAGCCAAGGCATGA

>SG44, 1803 bp

ATGCTCTCGCTGCTCCAGCGCAAACGGGTATCACCAACCGCCGGCGCGCCGGCTACTCCAGCCAGCGACTCCCCA  
AAACGGCTGACACAGCCGGAGTCAGCCACCGCCCTGCTGTCCACGCCCCGTCGGCAACGCCTGCTGGAACACATC  
TGGCAGCGCACCTCGCTGTACGCCAGCAGTTACCGCGCTATACCTCGCGCCGCTGGAGCGCTACGCCTCGTTG  
GTCCAACAATTCGCCGCTCCGAGAGTCACCACCAGCCTACTCCGGCGGCATGCTGGACCACGGCCTGGAAATC  
GTCGCGTATGCGCTCAAGCTAAGGCAGTCGTATCTGCTGCCACCGGTACCACGCCGAGGATCAGGTGATTTCAG  
GCGGAAGCCTGGACCGCCGCATCGCCTACGCCGCGCTGCTGCATGACATCGGCAAGGTTCGCCGTCGACCTACAC  
GTCGAGTACGGCGACGGCAGCCAGTGGCATCCCTGGCACGGCCCGCTGTCCAGCCCTACCGATTCCGCTACCGC  
CAGGATCGCGAGTACCGCCTGCACAGCGCGCAACGGGCTGCTCTATCGGCAGGTGCTCGATGACAGGATTCTC  
GACTGGCTCAGCCGCTATCCCCCTCTCTGGTCCGCGCTGCTGTACGTAAGCCGGCCAGTACGAGCATGCAGGC  
ACGCTGGGCGAGCTGGTGATTACAGCCGACCGTGCCTCGGTTGCTCAGGCACTCGGCGGAGATCCGGCACGCGCC  
ATGGCGGCACCCAAGCACGCCCTGCAACGCAAGCTGCTTGAAGGCCTGCGTTACCTATTGAAAGAGGAACTGAAA  
CTCAACCAGTCCGGGGCTTCGGACGGCTGGCTGACCCAGGATGCTCTGTGGCTGGTTCAGCAAGACGGTTTCGGAC  
AAGCTGCGCGCCATCTGCTGGCCCAAGGCATCGATGGCATTCCCGCCAACAACACCGCCGTGTTCAACGTGCTG  
CAGGACCACGGCATGCTGCAACCCACGCCGATGGGAAAGCGATCTGGCGGGCTACCGTTACCAGCACAGCCGGC  
TGGGCGCATAACGTTACACTGCTGCGGTTGGCTCCTGCCCTAATCTGGGAAGGAGAGAATCGCCCGAACCCTTC  
ACGGGACCGCTCTTGATAGAGATGGAATCCAATGACGCTCCCGCAGAGCCATCCAGCGATAGTTGTGATAGCTCA  
CCTGCGGCGAGCACCACTTACGTCTCTACTGAGCCCGCTGCCGACGGCGTTGACGACCTGCTGGCATTGCTC  
AGCGCACCTGATAAAGGACCGCCCCCGCGGAGACGGTGAATTCAACCGCTCTCAACATCAAGTGTCAAGTGAACCG  
CCAACGTTTGGCCAGGAAAGTATGCAATGCAACCGCCCCAATGCCCTCGCCACTGAGAACGGCGGAAACGCG  
TCCGGCGAACACTTTCTGGCCTGGCTGCGGCACGGTATCCAAAGCCGCAAGCTGATCATCAATGACACCAAGGCG  
CTGGTGCACACCGTGGCCAATACGGCTTTTTTGGTACGCCCTGTGTGTTTTCAGCGCTATGCACAAGAACACCCG  
CAAACAGCAGCACTCGCCAAGCAGGACCAGGTAGCAGACTGGCAGTGGGTGCAGAAGCGCTTCGAGAAAATTGCAA  
ATGCATCGCAAGCAGGATAATGGGCTGAACATTTGGACGTGCGAAGTGACGGGACCACGCAAGTCGCGGCGACTG  
CATGGCTATCTGGTGTGATCGATCCGCGACACCTGTTTGGAGAAAGTACCTCTCAACAACCCCTACCTGCAGTTGACC  
TGA

>SG45, 318 bp

ATGCCTGAGATCCATGAAATCGCCACGCTGACCTCCAAGGGTCAGATTACGCTGCCCAAGCCCATCCGGCAGGTG  
CTGGGTGTGGACACCGGCGCAAAGGTGGCTTTTTGATCTGCGCGCAGGCGAAGTCATTGTGTCCCGAGCGGACGCT  
GAGCATGAAGACCCGGCGATCGGAGCCTTCCTGGGCTGTTGGAAGCGGACATCCGGGCGGCGGCGATGTCCAG  
GCGCTGCCGGAGGATCTTGCAGGGCTATGCTGGCGAACGCGGGCCGGGTGGTGAATCTCGATGAGGATATCGAA  
GGCGACGTGGCGTTGTGA

>SG46, 459 bp

ATGCAACGACATGGCTGGACGATGCTGTTTACAGAGGGTGTGATCGAGCAGTTGCGCAAGCTGCAGGCTGCCGCG  
GAGCGAGCCGAACGGAGCGACCCGCAAGGGTTCGAGGCCAATGCCAACGTAAAGTTGTTCCGGGCGCTGAGCCAG

TTGATTATGGACGTCGTACCGAGCGATCCCTCGCGCGACGAGTTCGCCAGGGCAACACCTTGGGGCCGGCTTAC  
CGCCACTGGCGGGCGGGCGAAGATCGGACGGCGATTCCGTCTGTTCTTTCGCTACGACTCCAGGACGAAGGTGATC  
GTGTTTCGCTGGGTCAACGACGAGCAGACCCTGCGGTGCGGCAGGCAGCAAATCCGATCCCTATGCGGTGTTTCGAG  
AAGATGCTGGGACGAGGCAATCCGCCCGATGACTGGAACGCATTTGGTGAATGCGAGCCACCAGGATTGGAGCAAA  
CCGGGGTAG

>SG47, 354 bp

ATGGACACGAAAGCCCTCATCAGCAACGCAGAACGCTTCGGCCGTCGGATCGGGGGGATGTGGCGGGGCTTCGTT  
CGTCGCGAACATCAGGTGCGCCGGCTGGTTGGTGGCGCGCGCCCTGTCCGAGGTGCGGGCAGCGGGGCTGCTTTGG  
GGTTTGAAGCTGGTCGTGCTGGGCGCGCTGCTGTATATCGCGTTCTGGCTGACGCTGTTGCTTGTATTTCGCGCTG  
GTTGCGGCTTCTATTGCCGGTTCGTAAACTCTCTGACGAGGAAGAACCAGGAATGGCGCATGGGACTGTCTGGGTAT  
GGCCTTTATCGTGGTGATACGCGCATTGACCCAGGCAACCCTGACGATGACTAA

>SG48, 1503 bp

ATGACGCTCTACACCACCGATTACCTGGAGTACTACCTGACCCTGGTGAGCTGGATCGTCCACAACGGCATCTGG  
GCCGTGCTGATCGCCAGCGGGCGCCTTCGCCATCCCGTTCCTGGCCATCGTGCTCCAGGAGTGGCTCAAGGCCCGC  
GCCGAAGGTGCCGACGAAGGCAACAAAGGCGCGCTGTACGCCGTGCGCATCGAGAACCGCATATTTCGTCGCCATC  
GTGGTCATCCTGTTTCGCGGGCATCCCGTTTATCGACGTGAGTATCAACACCCTGCAGTTTCGATCGCACCCGCTCG  
GTGCAATGCCAGGTCAACGTGCCACTGCCCTCGGCCACCGGCTGGTTCGCAGTCCCTTCAGCACCCCTCAACAACCAG  
TCGGCCAAGGTGCCGGTGTGGTGGGCCTTCATGCACACCCTCGCGTGCCTCACCAGTTCGGCGGGTGGCAGCG  
ATCCCTTCGCGCAGCGACTTGCGGCAGATGCGTATGGAGGTGACGCTACCGCATCGCCGACCCAGTCCCTGGCC  
CAGGAGGTGAGCGATTTACCCATGACTGCTACGGACCCGGCGGGGCAAGCTCTTCATGAATCGTCAGGCGTTG  
AACGAGGAGCAGATGCACGACGTGACGTGGATCGGTTTCGCGCTACTTCCTCGACACGGCGGGCTACTACGACAGC  
TACCGCGCCAAGACACCCCGCAGGGGTTGGCCTTACGACAGCAACCAGCGATGCGGGCTTCGCACAGGTGCCCAGC  
GGCGCGGGTTATCCGACCTGTTCGCAATGGTGGTCAGACAGCCACGGACTGCGCGCCCGCCTGTTGCAACAGGTA  
GATCCAGCCTGCTGAGCCGAATCGGTGGCTGGCCAGCTTCCTGTTCGAGGAGCAGGTGACGACTCGGTGATT  
CGCGCCATCGCTCGCCAGGCAGCAGAAGCTCAATCAAGGTACGGTCTACAGCGACTACGGCGCCAGATCGAG  
ATGAGCGTCCCAATGTTCGCCACCCGCGGGTTCAGTGCAGTTCGGTTCGAGCATCGGCTCCATGGCCTTCTTCCCG  
GCGATGGATGCCCTGCGCCAGGCCCTGCCGATGGTGTGGCCCTGCTCAAGATGGCACTGGTGATCTGCATCCCA  
CTGGTGCTGCTGATCGGCACCTACGACCTCAAGACCGTGGTACCATCAGCATCGTGCAGTTCGCGCTGTTTTTC  
GTCGATTTCTGGTTCAGCTCGCGCGCTGGATCGACTCGACGATCCTGGATGCCCTATACGGATGGGGCTGGGGA  
TCGAATCGCCCGCATGCGAACTTCGATCCACTGATCGGCCTGAACAACACCTTCGGGGACATGATCGTCAACTTC  
GTGATGGCGACGATGTTTATCGTGTTACCCGGATTCTGGATTGCGGCACTCGGCTGGGCTGGCGTACGAGCAGGC  
AATCTCGCTCAGTTGATGGTCAACGCATCAGATGGAGCAAAATCAGGCGGAAGCAAAGCGGCTAACAGGTCGTT  
TAG

>SG49, 330 bp

GTGAACATGGTGTGGTTGCGGCGCGCAGGCCTGGTGCTGCTGTGGGCCCTCGTCGTCCTGCTGGCCGCCGTCGCC  
ACCAATGTCATCGGCATCCACCTGGCCGGCAGCATCGACGGTTGGCAAGCCTGGCTGACCCGCGCACAGCTCGCAT  
TTCCTGGCCTGGCGCCTGTTGCTCTATGCCGGCACCGCCTGGGGCTGGCTCTGGATGCGTCGCCGCTGCTGGCA  
CGCGAGCCGGACGCCGGCACTCAGCGGCGCCTGCTGCGGGCCGAAATGGCCGCGCTCGTCGCGGTGGCCGCACTG  
GAAATCAGCCCGTTCTGTCAGGCGGGATGA

>SG50, 1404 bp

ATGACCAACCGCTTTTGGTTTTCCTCGCCCTGTCTCCGCCGCTACCTCGCCCTGCTGGCGGCACCGTGGGTGTTGGTC  
TGCGTCGGCGCATCCGCCAGACCAGCGTCAACCAGTACGGCGTGCAACACCAGGGCGCGGTGATCGGTGACGAC  
GTGCTCTATTTCGATTGGCGGGCGGTGCGGCCGTGTCGATGACGCCACCGTCCGCGATGCGCTCCATTGGCGTTGGC  
GTCGGCTGGAACAGCAACCTGATGTGCGGGCAGATGTGATTTCTACCACCATCCAGAACCAGTTGAACGGCCTG  
ACCAATGGCTTTTCAGACCATCATGTGTCGGTCAATCAGAACGCCACCGCCGAGTTCGCTCCTTGCCGGCGCTG  
ATCATCCAGCGGGCCGATCCCGGACTCTACAACCTGCTCACCAACGGCGTGTGTCAGGCACGCTGGACTTCGAC  
CGCTCCAAACTGACCTGCCGCGCCATGGCCGAGAAGATGGCCGACGTGGCTGGCGGCCAGGTGGGCTGGAGCCAG  
CTCGCCGACGGCATGGTGCTCACCCAAGCGGTGCGCAGTACCGACGCCGTATCCGCCATCGAGCAGACCAGAAACC  
AGCCGCGGCAACGACGGCGTAACCTGGGTGCGGAGGCACCAATGCCGGCGGCGTTCGGGCAGAACCCGATTTCGCGTC  
ATCAGCGACGTGACCCGCGCCGGCTACAACCTGGTCAACGGGCGCGATGTCGATGACGCCAGCGGATCAATCCT  
ATCCAGTGTGGCGGAAACCTGACCTGCCAGACCTGGAGTTACCGGGCGGCTGCCGCGGCTGGGCCGTTGCGGGTG  
CTGGGCGAGCAGGAACAGCGCACCTGCGAGACCTGCAACAAGACCGTGACCACGCCGGGCGTGGGTCTCACCCCG  
TTGATCCAGGAGGAATACGAAACCAAGCTCGCAGCGCTGCAGGCGCTGATCAGCGGCAGCCGTCCCTTGAGCCTC  
GACAACCTGCAGGCGGGCGGCGAGTGCCTCTCTGCCATCACCCGCGGCGTGTGAGGCACTGCGCGACGAGCCC  
GATCAAGACATTTTGGCGCGGCGCCTGGCCTCGGAAATCGCGCTGTCCAGCGTGTTCGAAAAAGCCCTGCTGCTG  
CAGCGCACGCTGCTGACCGGGCGCAAGGAGCCGAACGTGCGGCGCAATGACCTGGCGCAGAAAGCGGTGTTCGAG  
GAAAGCGACCTGCTGCAGCCGCGAGATCCACAACCTGAAAACCGAGCTGGAACCTGCGCCGCGAACTGGCCAGCAAT  
TCGCCACCCGCTTATCCAGCGACACAGCGCACGCTCCCGGCTCTCGCGCCATCTACGAGGGCGACCCGATT  
CCCGACCGGCTCGATCAACTGCAGCGACCCACGAGCTGGAGGCACCCCGTGA

>SG51, 936 bp

ATGATGCGTGCTTCCCGCCTGCGTGCCGGCATTGCGCCACCATTTTTGCTGACGATGGGAGCACCGTCGTTTCGCGCTC  
 ACCACGGCGACCATCGCCGCCTCGACGCTCTCGCCGGACTGCCTGGAATACCGCGTGGTCGGCATCTGCTTCTGG  
 CTGCGCTGCACCAGTTCGGTTCAGTGGAGACCTCAGTCAAGGTGCGCCACTTCGTGCCGGACCGGTGGTG  
 TCCAGCTACGCCAACACCGGTGCCAATCCCTGGCTGGAGGTGCGCCGATGAGCCCGCCAAACGCCACGGCGCAG  
 GCCGGCGGCGACGGCACGACCAATCAACATCACGAAAACAACCTGGCCAAGTCAAGAACGCCGACGTGATCGGC  
 CATCCCGCGCGCTATGTGTTTCAGCCAGTTCGCTTCCAGTTTCGGCTACAGCTGCGAAGGCGCTGGCACCCTTC  
 ATGCCCTACCTGTTGAGCACCCCTCGACACCCTCGCGTGGCGCTACAACCTCCCGAGATGCTCTACCCGGAGGCG  
 CTGACACCTGGCATGCGCGAGATCGGCAGCCGACCGACGGCAATCTCTGGGGCAACGTCTACCCGCGCGCGGT  
 TTTCTGCACCAGAGCGACGACTACCTGGCAGGCGCCGTGGTGGCCCAGCGCGCCGGCGATATCGTCACCCGCGCG  
 GGCCAACCTCCAGTCTACCAGCCGCTGCTCGGAACGCCAAGGACGGCTACTGGCCAGCCGGTGCCTTGTCTCGAA  
 ATCGACGCGCAGACGGCAAGTGGCAGGAGCTGACGCCGACGCTTTCGCCACCTGCGCGGTCTTCCCGCACAGC  
 GACGCCCGCTACAGGCGCAGCAAGGCGATTACGCTGGGCGCTGTGGCGCCCTACAGCTGCTGCAAACCGCGAA  
 GGCCAGGTGTTTTCTTGGCAGCGTCGATTTCAACTGA

>SG52, 438 bp

ATGTCAGCCAAACGTCCCTGCCGGCTCCTATTGCACTCGTTCCCCTGTGCCGCAGCGCTGTGCGCCGCTTGCTC  
 GCGCCCTTGGCGCAGGCCGCTGAAATACTGGTCGTCACCGATAGCCGGCACCCGGTGAAGCCACCAGCGATGCC  
 CGGCTGATCGAGCTGGATCAACCCGCACGTATCGAGGCCGAGCTGGGGGCGCATTACCTGCCGATCCCTCGCAT  
 GCGCGCCGCTTGGTGAACAGCGCTTGAACAGCGCGCGGCTCGAGCTGCAACAACGCCCTCGGCGCGCCCTATCAG  
 GGGTGGTCAATGCCTGGAGCCTCGGCGTGACAACGATTCTGCGGTGATCGTGGATCACCGTTATGTGGTTTAT  
 GCGGAGCCGGACGTGCGCAAGGCGGTGCGGCTCATCGAAGCGCACCCGGAGGACGCAGCCATGA

>SG53, 501 bp

ATGCTCACATCCCAAGCCCGTCTCGACACCCAGCAGAACCGGGCTCTGCATCGGTTCTCGCGTATGAGAACC  
 ATCATCGCCCAAGCCATTGCCATTCTGGAGCGCAGGCTGTTTCGTCGATGGCCCGCAGATGTCGGACCCACAGGTC  
 ACCAGCGACTACCTGCGCCTGAAACTGATGCCGGAACCCAGCGAAGTCTTCGTCGCCGTTTTCTGACCCGAAG  
 CATCAGGTTCATCGCCTGTGAAACGCTGTTTCAGAGGCACCATCGATACTGCTCAGATCCATCCCCGTGTGGTGGTT  
 CAGCGGGCACTGCTGCATAACGCGTCCGCTCTGATCGCGGCGCACCAACACCCCTCGGGCTGCTCAGAGCCCTCA  
 TCCTCGGATGAGCGCCTGACCCAGCGCCTGAAAAGTGCCTGGAGTACGTGGACGTGCGCTTGCTGGATCACTTC  
 ATCATCGGCAAGGCCAGCCGTTCTCGTTTCGCGGCCAATGCCCTGCTGTAG

>SG54, 372 bp

ATGACTACCACGCTGCAAGCCGCTTCATTGAACGGTTCGCGGAGCCCAATACCCCGTACCTGTGCGCCGAGAAG  
 GTTGGCGATGATTTGGTTTTTCAGGTGTATGAGCTGGCCGAGCGTGACACGTCACCCGAGTGCCCCGAGCACC  
 CGACCCAGGCTGCTCAGCTGCAGAAGTACCTGCATGAAATGGTGACAGTTTTGGGCGTGCCACCCGAGATGAGC  
 GCGACCTTGGGCGTGCGCCTTCCTGGTGCGCAATGAGCCGTTGCGGGCCTTTGGCTACAAGACCCTGCTGAC  
 CTGATTCAGGAAGGACGGGGCGATGCGCTGATCGCCTATCTGGACTCCCTTGCCGGCGGTGCCGCTGGATGA

>SG55, 246 bp

ATGGTTGTGCGCCTGCAGCACGTGGCTCCGCGCAAGCTGGTGTGCTGGCTGGGCGCGCTGCCGGCAGGCGCTGTCC  
 GCGCTGTGGTACCTGGGGCGGCATCAGGTGACGCCCGGACCTTCAGCGTATCGCCGAGCGGCTGCCGGGCAGC  
 GAATTCGAGGCGCAGTGCCAGGCGAAGGCGATGATGCCGGCCTGGATGGTGGCGGCGCTGAGCAGCTATGAGCGC  
 GCGGAGGTTGCGCCTGGCTGA

>SG56, 387 bp

ATGAACAAGCGGCCCATCTCTGGCAGAATCAGGCACTTCTCCGGAACCCGTCCCCTCGATATGCCGCAGCCCTAC  
 GACATCCTGCGTCTATTTACCTCAGCGCAGGGCTATCTCGTCGAAATCGAACACCTGGCACGCCAAGTCGCAGCG  
 GCACCAGCCACGCGGAATGGCTGTGGGTACGGATCGCTCCGTACCAGCCTGCGTGCCCTGCAGACGGAAGGC  
 GATACGCCGACGGTGCCTATTTCCGCGAGGCGCAGCTGCAACTCGACGGCGTACGTGCACAGCTGGTGTGGCCC  
 AACGGTGAATGCCAGGCGCTCATGGCCTGCTCGATGCCGGCGCTGCCGAACGCGCAACACCAGCTCATCCACAAT  
 CATCTGAGTTGA

>SG57, 2868 bp

ATGGCCTGGCCGTGGTTACGCGCCGGCCGCGAGGTCAAGGCACCCGCGCCACCTGCAGACGCCTGGGCGCGCCAC  
 GTCGAAGAACTGAACGCCACGGAATTGCCGAGCCCGGCACTGCGCACAGTGCGCAGCGGTTCGGCCACCCAGCC  
 GACGAGCAGGCGCTCTACGCGGTTGCGCCCTCGTTCCGCGATCTGCTGCCGTGGGCCGAGTACCTGCCGAGTCG  
 CAGTGCATGCTGCTGGATGACGGCACCTCGGTGCGCCGCTTCTACGAACTGCTCCCGGTTCGGCACCCGAGGGGCGC  
 GAACCCGGCTGGCTGCTGCAGGTGCGCGACACCCTGGAAAACGTGCTGCAGGATGCTTTCGACGAGCTTGAGGAC  
 AACCCCTGGTTCGTGAGTTCTACGCCCAGGATGACCCAGCTGGGACCCGCTACCTCGACGAACTGCGCGCCTAC  
 ATCCAGCCCCGCGCCAGGCGCAGCCCTTACCAGGTTCTACCTGCGTTTCTTCGGCCATCACCTGCAGGCCATC  
 GCCAAGCCGGGTGGCCTGTTTCGAGGACCACACCGTACCCGCTGCCCTGGCGCGGGCAGACCCGGCGCACCCGG

CTGGTCTGCTACCGCCGTGCCGGCCAGGCCCCACAGCGCCACGGACAGACGCCCCGAGCAGGCGCTCAACCGGGTCTGCGAGCGCCTCATCGGCGGCCTGGCCACGCGCGGCTGCGCGCCCCGCGGCTTGGCGCAGCGGACATCCACGCC TGGCTGTTGCGCTGGTTACCCCCCATCCGACCCAGCTCGGCCAAAGTGTGCGCAGACCCGCAACGCTTCTATGCC CTGACCCGCTACCCGGATGAACAAGAGCCCCGGCGAGGTCGAGCTGGCCAGCGGCACGGACTTCAGCCAGCGCCTG TTCTTACGCCAGCCGCGCTCGGAGGTCGCTCAGGGCCAGTGGTATTTTCGATGGGATGCCGCACCCGCGCCATCGCC GTCGACCCGCTGCGCAGCCCCACCGAGCACCGGCCATGTACCCGGCGAAACCCGCAAGGGTGAGGCGATCAACCGC CTGTTTCGACCAACTGCCGGAAGACACGATCCAGTGCCTGACGCTGGTCATCACCCCGCAGGACGTGCTCGAAGCG CACCTCAACCACCTGGGCCGCAAGGCCATTGGCGACACCCTCGCCTCGGAGCAGGCGCGCGCCGATGTGCAGCAG GCCCGCAAGCTGATCGGCAGCGCCCCACAAGCTATACCGCGGCTCCATGACCTTTTACCTGCGCGGCCGCGACCAG GCGGAACTGGACGCCCCGCGGCTGCAACTGGGCAACGTGCTGCTCGGCGCAGGCTTGCAGCCGTTGCGCGAAGAG GATGAGGTGGCCCCGCTCAACACCTACCTGCGCGGCTTGCCTGTGTCTACGACCCGGCAAGGACAGACAGCAG TGGTACACCCAGCTGATGTTTCGCCAACATGCGGCGAACCTGGCGCCGCTGTGGGGACGCAGCCAGGGCACCGGC CACCCCGGCATCACCTGTTCAACCGCGGCGGGCGGGCCGATCACCTTCGACCCGCTCAATCGCCTCGACCCGGCAA ATGAACGCCACCTGTTTCTCGCGGCCCGACCGGCTCCGGCAAGTCGGCCACGCTGAACAACCTGCTCAACCAG GTCACCGCCATTTACCGGCCGCGGCTATTTCATCGTCGAGGCGGGCAACTCCTTTGGCTGTACGGCGATTTTGGC GCGCGGCTGGGCTCAGCGTACATCGGGTCAAGCTCGCGCCTGGCGCGGGCGTCAGTCTGGCGCCGTTTCGCCGAC GCACAGCGCTTGATGGAACGCCAGCCAGGTGCAGACGCTCGATGCCGATGCCCTGGACGAAGACCACGCGGCG ACCGAGGGCGTTGAACAGCGCGACGTGCTCGGCGAGCTGGAGATCACCGCACGGCTGATGATCACCGTGGCGAG GACAAGGAGGAAGCGCGCATGACCCGCGCGGATCGCAGCCTGATCCGCCAGTGCATCCTCGACGCCGCTCGGCTG TGCATGGACGCGCAGCGCACGGTGCTTACCCGCGACGTGCGCGATGCGCTGCGCGAGCGCAGCCGCGACACCAGC CTGCCCCGAGCTGCGCCGGGCCCGGCTGCTGGAAATGGCCGATGCGATGGACATGTTTACCCAGGGCAGCGATGGC GAGATGTTTCGACCGCCCCGGCACGCCCTGGCCGGAAGCCGACATCACCATCGTCGACCTGGCCACCTATGCCCGC GAGGGCTACAACGCGCAGCTTTCCATCGCCTACATCTACTGATCAACACGGTCAACAACATCGCCGAACGCGAC CAGTTTCTCGGCCGCCCATCATCAACGTACCCGACGAGGGGCACATCATCACCAAGAACCCTTGGCTCGCGCCT TACATCGTCAAGATCACCAAGATGTGGCGAAAACCTGGGTGCCTGGTTCTGGCTGGCGACGAGAACCCTCGACGAC CTGCCCAAAGCCGCCAGATGCTCAATATGATGGAGTGGTGTGTGTGTTGGTATGCCCGCGGACGAGGTG GAGAAAATCGCCAAGTTCCGCGAGCTCACCCCGCGCAAAGGCCCTGATGCTCTCGGCCCGCAAGGAGGAGGGCGC AAGTTCTCGGAGGGGTGATTTTGTGCGCGCAGCATGGAACCTGCTGTTTTCGTGCGGTGCCCGCCCTATCTC GCCCTCGCGCAAACCGAACCAGAAAGAAAAGCCGAGCGTTACCAGCTCATGCAGCAACACGGCATCAGCGAACTC GACGCCGCGCTCAAGATCGCCGAACACATCGACCCGGCGCGTGGCATCACCTCACTGCCCGCAGGACTGGATCCAC CCGCAGCCGCCCATTTGA

>SG58, 420 bp

ATGCGCAAGACCTGGACTGACGGCCTGGCCCTGCTGGCTATGGCGCTGCTGCTCGGTGGCTGCGCCACCAGCAA GAAGCGCTGCTGCCACACGACAAGCGCAGCATGCTCGATATCTGGAACGTCGAGACCGGCGGTGGCAGCGCCCGG CAACTGCTCGATGCGCGTCAGGCACTGCGCCGGCCGCTGAGCGAGGCCGATGTACAGGCCGCGCGGACCGTGCAG ACCCGCTACACGCGCACGGCGGCCAACGAGATCTACCGGCAGTTCCACCGCCTGCCAATCCCGATCTGCTGATG TACGTGTTTCCCCACCTGGCCGGTAGCGACCCGGTGCCGGTGCCCGGCTACACCACCCTGTTCCCCCTGTACCAG CGAGTGCAGTACGCCCTGCCTGGCGAACGGCTGGAGGACTACTGA

>SG59, 1422 bp

ATGCACAGTAATGGCTGCTCAAGTGGCTGATGATCCCCCTGGCGCTGCTGCTGGTGTTCGTGCGCCGTCAGGCTG TTCTCCGCCGGCAATGACGCGCCAGCACAGCGGAAGATGCCAGCCGGCTCAGCTTGATGAAGCCAAAGCGCTC GGCATCGAGGGCGACACCCCGCGCGACACCGTGGCGACGCTGGTTCGCCAGGTCCGCGAGTTCGCGACCCGAGTTG CAGACGGCGCTGAGTGACAACAAGGTGCAGCGCGACGAGAACCAGCGCTTGCGCCAACGTGAAGGGGCCATCGAC CAGCGCATCCAGAGCGCACTCGACAGCGAACGCAACCAGTTGCATCAGGATCGCCAGCAACTCAGCAGCGAACGC CAGCAAACCCAGGGCTTGGTGCAGCAACTGCAGCAGCGGCTCGATGGCATCGGCAAGGAGGACCACGCCGATCTG CCGGTTGGCCTGGGGCTCGAGCCAAGCGACGGCCTGCCGGCGATAACCCTGCGCTGGATCGAGCCGGAAAGACCGG CGTGACGACGGTCAGTCGCGCACACCACCGCACTGCCGGCAGCTTTCAGCTTTCCACCAGTTTGGGCACGCGCAG AAGACACTGGAAGCACCCGCACTCCGCCGTCGAAGCCGGTTCGCCGCGCAGCGGTGTAGCGGAGACGACGGCG GTTTACACCGTGCCGACCAACTCGACCCTGATGGGCTCGATCGCCATGACGGCGCTGATCGGCCGCTACCGATC GATGGCACCGTCAACGACCCCTACCCCTCAAAGTCTTGATCGGGCGGGACAACCTCACCGCAACGGTATCGAC ATTCCGGATGTGGCCGGCGCCGTGGTTCAGCGGCACGGCCTCGGGTGACTGGACCCCTCTCCTGTGTGCGTGGGCAG ATCCGCTCGGTACCTTCGTCTTCGAGGACGGCACCATCCGCACATTGCCGAAAGACGACGAGCGCGGGCGCAAC CGCCAGACCCACAACGGCAGCAATACCCAGGACGGCATGGGCTGGATCAGCGACCCGCATGGCATCCCCCTGCGTA TCCGGCGAGCGGCGCAGCAACGCCAGCAGTACCTCGGCACGCAAGCCCTGATCACTGCGGCCGGTGGCCGGTGA GCCTCGCTGATCGACGCTGACAGCGGCCAGGTTTCTTACATGAGCAGCGACGGCTCGGTGGCACCCTGGGCATC GCGCCAAACGAAGCCATGGGCCGATCCTCGCCGGTGGCGTGCAGGACATGTCCGCTGGGTCAACAAGCTCTAC GGCCAGGCGTTTCGCGCGGTCTACGTCAAACCCGGCGCCAGGTGGCCGTGCACCTCGAACAACCCCTGACCATC GACTACGACCCAGCCGGTTCGCCGCTCGATCACCGCCTTGGAGGGCTGCCCATGCGCAAGACCTGGACTGA

>SG60, 876 bp

ATGAACCGCCTCTTGCCCCTGGCCCTCGCGCGGTTTCGCGCTGGCCCCGTTTCAGCGCCGCCAGGCCACCGAACTC

CTGCGCTGGGAACGCTTGCCCTGGCCCTGCCGCTGCTGGTTCGATCAGGAACGCATCGTCTTCGTCGAGCGCAAT  
 GTCCGCGTCGGCGTGCCTGCCTCGGTCGGCAATCGCCTACGTGTGCAGAGCGCCGCCGGTGCCATCTACCTGCTG  
 GCCAGCGAGCCGATCGAGCCGACCCGGCTGCAGCTGCAGGACGCCGACACCCGGCACCGTGATGCTGCTCGACATC  
 GCCGCCGAACCGGCCAGGACGGTCAGCCGCTCTGGAGCCGGTGCGCATCATTGAGGCTGCATCGGCCACATCA  
 ATCGCGGCTGCCTCCGCGGCCGATGATGACAGTGCCACAACGCCTCCCGTGCAGCCACGCCGACGCCCGTCAATC  
 CTGACCCGCTACGCCGCCAGAACCTCTACGCCCCGCTGCGCACCGTGAACCCGTGCCGGGCGTCACGCGCGTC  
 ACCCTGCGCCACGACCTGCCGCTCGACACCCTGCTGCCCACCCTGCCGGTACAGGCCACGCGCTGGCGGCCCTGG  
 CGCCTGGACACCCTGTGGGTGAGCGCCGTGCGCCTGCGCAACCATAGCGCGCACTGGCTCGACCCGGACCCACGC  
 GCGCTGCAGGGGCACTTCCTCACCGCGACCTTCCAGCATTGACCCCTGGGGCCGAGCGGCACGCCGGAGGACACC  
 ACCGTGCTACCTCGTACCCGTGGACACGGGCTGGCACAGGCCCTGCTGCCGAGCATTGCGCCCATCGACGCC  
 ACCCTCAACCTGCCCGTGCCGACGACGAGGAGCCGCGATGCACAGTAA

>SG61, 675 bp

GTGAGCCGGTTCAAGAACGAAGTGCTGCGGCTCGATGCCACATCAGGACCCTGCGCATCGGGGCCAGCTTGCTG  
 GTGATGCTGGCACTGGTCATGGGCATCGGCTGGTGGAGCGCCCCGCGGATTTGACCATCCATGTGCCGCCAGAC  
 CTGCGTTCCGGGACGACGCGCCCCCTGGTGGGACGTGCCGCCGAGAGCGTGTACGCCTTACTTTCTACGCTCTGG  
 CAGCAGCTGCAGCGCTGGCCGACCAATGGCGACGACGACTACCCGCGTAACCTGCACGCGCTGTGCCCTACCTC  
 ACGCCTGCCTGCCAGGCGTTCTTGCAGCAGGACTACGAGTACCGCCGAACAGCGGCGAGCTGCGCCGGCGCGTG  
 CGCGGCATCTACGAGATTCGCCGGCCGCGGTTACGGCGACAACCCACGCTGCGCGTGCAGGCGTCTCCACCCGT  
 GAATGGGTGCTGAACCTCGATATCACGGCCGACGAGTACTACGCCTCGGAGCAGGTCAAACGCGCCCTGGTGGC  
 TATCCGCTGAAGGTCTTGCAGCGATGTGACCCGACGCGCAACCCGTTCCGGGCTGGCCATCGACTGCTACGAA  
 GGCGCGCCGACGCGATTGCCACTCTGTGATCCGGCGGCCACGCCCGCCCTGCCTCGGAAAAACACGCCATGA

>SG62, 396 bp

ATGACTGAAGATATCCGCCTGGACGGGACGGTGTCTTCTGCCACCGTCTCAACCGTCACCCGGTGGTGGTG  
 CGCGGGCTGACGGCGAATGAGCTGTGGGTCTGCGCAGGCCCTGTCGGGCCTGATTGGCCTGGCGGGCGGCATTACG  
 CTGGCCATCTTGTTCGCGACGATCGCCATCGTTCCACGGCCATCTGCTGGCGGTGAGCGCGGGGATTTTCATC  
 GGCGGGCGCGCTGCGCCGGCTCAAGCGCGGCCGTCCCGAAACCTGGCTGTACCGGCAGTTGAGTGGTGGATC  
 GCACTCAACCTGCCCGCCTTGCAACCTTACTGACGGCCACCGGCTGGTACTCGCTCCGGTTACTGGAGCACG  
 CGCAGGAGCACAGCGCCGTGA

>SG63, 363 bp

ATGAAGCCGCTCGCCCCGCCCTTCTCCTCCGTCCCTTCGCTGGCCTGGCGGCACTGCCGCTGCTGGGTGTGCTG  
 TCGCCACTCGCCCAAGCCGCCCTGCCACCCTGGAGAACCCGTGCGCGGGCGTGGCACCGGCATTTCTGCAAACG  
 CTGCAGAACTACGGCTACGACATCGTGATGCTGATCGCCCTGCTGGTGGTTCGCTCGATGTTCTGCGCGTCTGC  
 TACCACGCCTACACCCGCTACGCGGAGATCCACATTTGGTTCGCTCGACCTGGGGCCAGTTTCGGCTGACCGTGGCA  
 GTCGGCGCGATCCTCCTTGTGTCGCGCATCTGGCTGCTGACCGAAGCCATCGGCGTGTCTGTA

>SG64, 234 bp

ATGAACGCCGCGCAGACCGCCGCGTTCAGGCCAACAGCGGCATCACCCCGCCGAGATGGCAACCGTGCTGCTC  
 GGTGCGGTGTTCCGCGTGTGCTCCTATGGGGCGTTTGGGCGATACGCAGCGCTACGTGCGGCTGGGCCGAAGAA  
 CAGCTTTCCACCCGTCAGTTCTGGTTCGTCGTGGTTCGCTGCTGTACCTGGTGTGACTTTTTCCTG  
 CTTTCGTAA

>SG65, 372 bp

ATGTCCAAGCGACTGCTCCCTCCAGCCAACAGGCATCACGCACTCGGTCTGCCCTGGCGCTGCTACTCGGTCTA  
 TATTTTTCCGGTACGCCAGCGCCGACGATGCCACGCCGAACAGGCACGCTCGCGGCCGCGCTGCGCCAACTC  
 GACAGCGTCGAGCGACTCGTCGCGCAACAGGCCGAACGGTGCAAGACGAACGTACCCGCTACCACTTCGACTAC  
 GGCCGTCTCGCCGCCGACCTTGAGCGCGTGCAGCGGCGGATTCGCGACTACCTGACGCCCTCGCGTGCACAGCCG  
 CGCGACCCCGCGTGTGCTCGGTGATTACCGCCAGCCTGCCCGGCTATCGAAACGCAGGTGGCGCCATGA

>SG66, 1506 bp

GTGATGAACGCCGCTGGCTACTCGCTTCTCATCCAGCAGCTGGGACTCACGGCGGTACCACTACGTCTGCCTGCC  
 ATTGTACAGCCGGTACGCGCATTGAGCTCATCGCCACACCTTGGCCGTGCCGCCGGGTATCGCACTGCGCCG  
 GATGATCTGCTTGGCCACGTGTTGTTTCGCCCTCAAGCACGAGGGACTCAACCTGGCGGTACTCGCCAGGCGCTG  
 CCGAGAATTCGGCCGCGAGCGTTTCGAGCAGGCCTACCAGGCTGCGCCCAACGGGATCTATATCCGGAAAGCCTGT  
 TACCTCAGGGAGGCCTTTACCGGTGAGCCCATCGCGCAGCATGCCCCGGTCCGGGTGCCGTACAGCCCGCTGTTT  
 GATCCGGAGCGCTACATCACGCGGCCGGGCGAGCGCAATGCGAAATGGCGCATCGAGTTCAACGGTCTGGGCGAT  
 CTCACCTACTGCGCTACGGTTGAGCGAACCCCGCTCATCACCGAGCTGCTGGCCATGACATCTCGGCAGGGCC  
 AAAGCCTTCATCGAATCGCTGCCCCGATCATGATGGACCGGGCGCTCAACTGGGCCTACCTGCACGAGACCAAG  
 GATTCTTCGCCATCGAGCGGGAGGCGCCGACGGAAGACAAATCCCGCGTTTCATCCAGCTGCTGCGCCAGGCC  
 CATGAGCGCCAGCCGCTGACAGAGGACTACCTGGTGGCCTGCAGAAATGCGACGGTCTCAACCCCTCGATATG  
 GCTGCAGCGTTACGGCATGAGCAGAACCACCTCTCCGATGGTACCCAGGGGGCCGTCCGGGTGACGTATCTGCCG



CCACCCCGGAGCTCTGCCGGGAGCTGATGGAGAGCCTGATGGGTTTTGCCAATGAGGCCCGACCCAGATCGAT  
 CCACTGGTGGCCGCCGCATCATCTCGTTTGGCTTCGTGCTCATTTCATCCCTTCATGGATGGGAACGGGCGTTG  
 TCTCGGTTCTGATCCACCAAGCGCTATGCCGCGCCGGCGCTGGAAAATGGGTGCTGTTACCCGTTTCGGTG  
 GCGATGAAACGCCAGGAACGCCAGTATCTGGAGACGCTCCAGTCTTCTCCCGGCCAGTGCCTGATTTCTGGGAC  
 GTGCAGTGGATTGACTTTGGCCAATACGGTTTCGAGTTCGCGGGGACAGCGTGGTGTATCGCTTCTGGGATGCG  
 ACTCCCTGCGTTGCCTTACCCTGGAGATGGCCAGGGTGGCGCTTGAAGTCGAGCTGCACAAGGAAACGGCCTTC  
 CTGGCGTGTACGACACGGTCTACCGGGCCGTGGACGAACGCTATGACCTGCGTGGGAGTGTATCTGCCAACCTG  
 GTGATGATGTGCTTGTCCAATGATGGGATCGTCTCCAACAACCGGCGCAAGCAGTATCAGTACAGGGTTGCGGAA  
 GAGGTCTTCAACTTCATCGAACAGATGGCCCAGCAGGTGTTGGCGGCGCAGCGGGTTCGAGGCCAAGCCGAAGAC  
 AAATAA

>SG67, 750 bp

ATGAAGGATCCGGCCGCCACCACCAGCGCGAGCAGACTCGCCAACAAGGCTTGCTCGCTGGCATCGTACCCTG  
 CCACTGCGCATGCTCGGCGTGTGATCGGCTCGCTGCTGTGTCGATCATCATCGAATGCGTTCGGCATGCACCTG  
 TTCTGGCCCGACAGGGCTGGCGTACGCCCAGGGCATGCTCGACTACGAACTGAACCACCTCTCCAACCATTTT  
 ACCCGCAGCGCGCTGGTGCAGGAGCCGGGGCGCACCGCGCACCAGCTGGTCGAGAGCGCTACCAATGGCTCTTC  
 GTGAAGACCGGCTGCTCGACTGGATGAGCCAGGCATCAGCGCGCTCAGCTCCCCAGCCATGACGATGCCCGA  
 GACGCCCCGCTACTACATCAGCCAGGTCTACGTCTGGAGCGAGCGTTACTTGATCGCCGCGGCATTACCCACTG  
 ACGTTCATGGTTCGGCTGCTGGTCTGGTGTGACGCTGCCACTGTTTCTGCTGGCCGCTTCGTTCGGCATGGTC  
 GATGGCCTGGTGCGCCGCGATATTCGCAAGTTCGGTGCAGGCGCGAGTCGGGCTTCATCTACCACCGCGCCAAG  
 GCGAGCCTGATGCCGCTGGCAGTCTGCCATGGATCCTTACCTCACCTGCCTGTGACGCTGCACCCGCTGCTG  
 GTGCTGCTACCGAGCGCGGCGCTGCTCGGCCTGGCAGTGAACATCACCGCAGCAAGCTTCAAGAAGCACCTCTAG

>SG68, 2175 bp

ATGGCCAGCCCCACGCGATCGAGGTGCTGCTACGGCCAGCCGTGGAGCTGTACACCGTGGCAGTCTGCGCCGCC  
 CCGCGCTGCTGTCCCTGGTGGCCCCCTGGTTCGCTCGCGCTGAGCCAGCGATTGGCCTGGGCAGTGCACCTGGCC  
 TTCTCGCCTTCGGCGCGATCCGCCTGCGTGTGCGCTGGTTCATATTGCGCTACCGGCGCAACATTCGCCGCTG  
 CCGCGTTATGTGATGACCAGTTCGCGATGTGCTGTCAGCCAGCAACGGCTGTTTCATCGGCCCGGATTTCAGGTGG  
 GAACAACGGCACACGCACCGCCTGACGCAGACCTTACGACCCGAGTTTTCGCCGCTACGTCGAACCCACGCCCGCC  
 TACCAGTTGGCGCGCCGCTGGAGGAGCGGCTGGAGTTCGCGCCGTTTCCGCTGTGCAAGCTGGCCAAGCTCACC  
 GCCTGGGACATCGCCCTCAACCCGGTGCGCCGTTGCCAGCGGTTCGGCGGCTTGCCCCGCTGCATGGCATCGAG  
 CCGAACGAAGTCGATGTGAGCCTGCCGCTTGGCGAACGGGTTCGGTTCATTCGCTGGTGTGGGCGCGACCCGGGTC  
 GGCAAGACCCGCTTGGCCGAGCTGTTTCGTGACCCAGGACATTCGGCGGCGTAACGCTGCCGGCGAGCACGAGGTG  
 GTGATCGTGTTCGATCCCAAAGGCGATGCCGACCTGCTCAAGCGCATGTACGTGGAAGCCAAGCGCACCCGGGCGC  
 GAACGCGAGTTCATGTCTTCCACCTGGGCTGGCCGGATTTACGCGCGGCTACAACGCGCTGGGGCGCTTCGGA  
 AGAATCTCGGAGGTTCGCCACACGCATCGCCGGGCAACTCTCCGGCGAGGGCAATAGCGCAGCGTTCGAGAGTTC  
 GCGTGGCGGTTTCGTC AACATCATCGCCCGCGCCCTGGTTCGAGCTGGGCCAGCGCCAGACTACCTGCTGATCCAG  
 CGGCACGTCGTC AATATCGACGCCCTGTTTCATCGAGTACGCGCAGCATTACTTCGCCCAGCACGAACCGAAGGCC  
 TGGGACATCATCGTGCAGCTCGAAGGACGGCTGAACGACAAAAACATCCCGCGCAACATGATCGGCCGGGAAAAG  
 CGGGTGGTTCGCGCTGGAGCAGTACCTGTGCAAGTCCGCGTACGACCCGGTTCGACGGCTGCGCAGTGGC  
 GTGCGTTATGACCGGACCTATTTGACAAGATCGTGCACAGCCTGTTACCCTGCTGGAAAACTCACACGGGC  
 AAAACCGCGCAACTGCTCGCACCGAACTATGCGGATCTGGCCGATCCGCGACCGATCTTCGACTGGATGCAGATC  
 GTCGCAAAACGCGCGTGGTCTATGTGCGCTCGATCCCTGTCCGATGCGCGAGGTGCGCGCCGCTGTGCGCAAC  
 TCGATGTTTTGCCGATCTGGTTCGGTTCGCGCCGATATCAAAATTCGGCATCGATGATGGGTGCTGACGCC  
 CTGGCGGTTGCCCGGTTCCGATCAACGTCCATGCGGACGAATTAATGAAGTGGGCGATGAGTTCGTTGTTGCCA  
 CTGGTCAACAAAGGCGGGGGTGCAGGTCACGGCTACACCCAGACGCTCAGCGACATCGAGGCGCGT  
 GTCGGCAACCGCGCCAAAGCCGGCCAGGTTCATCGGCAACTTCAACAACCTGTTTCATGCTGAGGGTGCAGGAGACC  
 GCTACCGCCGAGCTGCTCACCCGCCAGTTGCCAAAGTGGACGTCTACACCACGACGCTGGTTCAGCGGCGCCACC  
 GACAGCTCGGATGTGCGAGGCCCGACCGACTTCACTCCAACGCACAGGACCGCATCAGCACCGCCAGCGTGCCG  
 ATGATCGAGCCCGCCACGTTGGTTCGGCTGCCAAGGGCCAGGCTTTGCCCTGCTGCAAGGCGGCCAGCTGTGG  
 AAGATCCGATGCCGCTGCCGGCCCCGATCCGGATGAAGCCCTGCCGAGGATCTCCAGCAGCTGCGCGGCTAC  
 ATGCGCCAACACTATGCCGAGGCCGGCGACTGGTGGGAGAACCAGAGCCTGCCAGGCTGCAGGATCAGCCGCTG  
 CCCGACGACCTGCTCGACGGCTTCGCGCACCTGGCCGCCCGGACACTGCCGTCGACGGCGAGGCACGTCATGA

>SG69, 528 bp

ATGAAAGCCCTGCCCGTTCTCGTCGCCTGCCTCTCTGCTTGGCTGCCGGTGCCTCGTCCCTGGCCGACGCGCTG  
 ATCATTGTGATGATCGTGGTGGCGCCTCGGCCTTGCCGTAACGAGGCCCTGAACCTGCAGCCGCGCACCGTA  
 GTCAGCGCACCACTGATTGAGATTCGCGCTCCGCCAGCTGGGGTGGTCAACGAAGCCAGCATGCTCCCGGTGCGC  
 TCCATGCGGCTGTGCCCCGGCGCTGTGGCGCGGCGCTGATCGAATCGCTGGGCTGCCGCCGCTTTTTCTCGTC  
 GGGCAGACCAACGCTCGCGCGCTGGCTGCAGCAGCGGGCGCAGCGCTGCGCGAACTCGGCGCCGTGGGCCTG  
 GTCGTC AACATCACCTCGGCCGAGACCCTGGCCGCGCTGCGGGCGCTGGTTCGCGGGGCTGCCGCTGTACCGGTG  
 GCGGGCGACGACCTTGCTGAGCGCCTCGGCTTGCCTACTACCCGGTGCCTGATCACGGCAACCGGCATCGAACAG  
 TGA

>SG70, 564 bp

ATGTCGAGCCGCACCGTGTCTCGCGTTGCTGGCCTGTGTGCTGGCCGGCACCGTCCGGGCAGGTGAATTTCCGCCG  
 CCGGCCTATCAGGTGCGCCGCGCAGCGCGCTGGGATTCCCTCGACTGTCTTGTACGCCGTGGCGCTGCAAGAGAGC  
 GGCACCCGCGTGAGAGGCCGCTGGTGGCCCTGGCCGTGGACGCTCAACGTCGCCGGCACGTCGCAGCGCTACGCC  
 ACCCGCGCCGAGGCCTGCACCGGGCTGCGCCAGGCACTCAAGCGCACTCCGGCCACGCGCATTTACGCGGGGCTC  
 GGCCAGATCAATCTCGGCTACCACCCACAGCGCTACGCACAGCCCTGCGACCTGCTCGATCCCTACCGCAACCTG  
 GCCATCACCGCCGAGATCCTGCGCGAGCAACACGTCGCAGGTGAGGACTGGCTGCTCGCCATCGGTCTGTTACCAC  
 CGCCCCGCTGGCGGCGCGCCGGCCGCACGCTACCGCCACAGCGTCGGCCAGCACCTGGCCCGGTGCTGGGCGCC  
 CCCCAACTGAAATCAGCTCCCGGAGGAACCTGCCATGA

>SG71, 726 bp

ATGAGGCCGCGTCGTATCGCCCCCGCCCTGCTCCTCTGTTGACCAGCAGCCTGGCCCAGAGCGCGCCAACCCCTC  
 GGCAGCGACAACAGGCCAACCGCGAGCGCCATTGGCCATCGAACCGCCGCCGAGCAGCAGGCCCGCGATTGG  
 GGCCTGAACGTCGAGGAATGGACGCGTTACCGCGACCTGATGCTGGGGCCGCTGGGGGTCTATTCACCGCACCTC  
 GACCCGCTGACTGCGTTGGGCATCGAAGCGCGCTCCGACCAGGAACGGCAGCGCTACGCGGAGCTGCAGGCCGCG  
 GCCGAAGCGCAGCGCGTCGAGAAGCTGCTCGCCTACCAACGGGCTTACGACGACGCTGGCAGCGACTCCACGCC  
 GATATGCCGCGCGTCATCCTGCCCCGACGCGCCGGCCCGCATTCTCGCCAGTGGTGCCAGCAGCGAGCGGACGGCTC  
 GCCCTGTTCTGTCGAGGACGCCTGCCCCGGCCTGCGATCAAGCCGCGCTGCGGCTGCAGGCCCGCGGTAGGGCGTTC  
 GACATCTACGTCGTCGACAGCGGCGCCGATGACGCGCGTATCCGCGCCTGGGCGCAGCGCATTGGCATCGACCCA  
 GCCAAGGTGCACAGCGGCCAGGTACGCTCAATCACGACGCGGGGCGCTGGGTGTCGCTGGGGTTGTCAGGGCAG  
 CTACCGGCGGTGATACGCCAGGTTGGCGACCAATGGCAGCGGCAGCCCTAA

>SG72, 654 bp

ATGACGACGATGCCCCGGCAGTGAACCTCGCCAGCACGGCACCCCTGATGCGCGTCGCCGTGGTCACTTGGCTGCTG  
 CTGATCAGCGCCCGTCTGTCGATCAACCACGTCGCGCTGTGCGGTCTGGCGACCCAGGTGAAACCCACGCACCG  
 AGCCTGCAGGTGCGCGTGTGGAAAAGCGCCTGGCCGAAGTATCCAGCAGGTGGAACACGCCAGCATCAGCCG  
 GTCGCCCTGCCCCAGGCGCGCTACGAGGCTGAGCGTCAGGCGTTAGAACAGCGGCTGAGCGTGATCGAGGAAGCG  
 CTCGGTAGCCAGCCGGCAGCGGACAACCTGCTGCCGCTGCAAGCACGTATCGAGCAGCTGGAAATGCGCCTCAGC  
 ACGCCTCCGCCTGCACCACCGACTTTCGTCCACCCACGCGCCGCCGACCAGCCAAAACCCAAAGGCCGTGGAGCCA  
 CCATTCCGGGTGATCGGCACGGAGCTGCGCGCCGGCAGCAGTTCGTCTCGATTTTGCAGCCGCCCGGACGCG  
 CTCGCGCAGGTTGCGCTGCTGCGCCCCGGCGAGACCGAGGCCGGCTGGAATCTCGAAGCCATCGAACCCAATACC  
 GCCGTGTTCCGGCACGGTGACGACAGTTCGTCGCTGCCGATTCCGGCGCGGTAG

>SG73, 528 bp

ATGCACGCCCTCCGTTCCCTACCGCAGTTGCCTGCTGCTGGCCGCACTGGCGGCCGGCTGCGCAACGCCACCAGCG  
 CCCATTTCCCGTTCCCGCTGAGGTGCGGGCTCCGGCACCGAAGCACGTCCCGGTCGTTTCGCTACGGCCGCTATACC  
 CTGGTCGAGCTGACTCCGACGGCCGCCAGCAGGATCTGCTGTTGCAGGTGGTCGACGTGTCCATTTCCCGGCACG  
 CTGCACGCCAACGTCGGGGATGCGCTGCGGCATGTATTGCAACGCTCCGGCTATCAGCTCTGCAGCGGACGCGAC  
 ATCGATGCGTTGGGCGGCCTCCCACTGCCGGCGGCGCACTATCACCTCGGCCACTGCAACTGCGCGATGCCCTG  
 CTGACCCTGGCGGGGCCAGCGCGAACGCTGCACGTCGACCACAGCACGCGCAGCGTCTGTTTACGCCAGCCTCAC  
 GCAACGCCTGTGCAAGCGGCGCCGGCCATAGCCGAGAGCATTCCCTGCAAGGTGCCGCCGGGGAGCTGCAGCCA  
 TGA

>SG74, 1431 bp

ATGAAGCGTTTTATCCAGGGAGAGCATCGAGGCCAAAGCGCGCTGCTTCCCGAGAGCCTGGATGACTATGTGGCG  
 GACACCAACCCGGTGCGGGTGGTCGATGTTTTTCGTCGATGAACTCGACCTTGGCCAGCTGGGTTTCGAGGGCGTC  
 GTCCCGGCGGAAACCGGCAGGCCGGCCTACCATCCTGCCGACCTGCTGAAAGATCTACATCTACGGTTACCTCAAT  
 CGCATCCAGTCCAGTCGCCGCTTGAACGCGAGGCTCAGCGCAACGTTGAGTTGATGTGGCTGACCGGACGGTTG  
 ATGCCGACTTCAAGACCATCGCTAACTTCCGCAAGGATAACGGCAAAGCAATCCGCGGCGTCTGTAGGCAGTTC  
 GTGGTGCTGTGCCAGCAGCTTGGCCTGTTCTCTGAAGCGCTTGTGGCCATCGATGGCAGCAAGTTCAAGCGGTC  
 AACAAACCGGACCGCAATTTACCAGCGCCAAGCTTCAGCGGCGAATGGAGGAGATCGAGTCCAGCATCAATCGC  
 TACCTGACCGCACTGGATAACCGCTGATCGTCAGGAACCTGCCGTGGCGAAGGTCAAAGCCGAACGCTCCACGAC  
 AAGATCGCGACCTTGAAAACCTAAGCTGCAGGAGCTCAAGGAAATCGAGGTTTCAGCTCAACGAAACACCGGATAAA  
 CAGATCTCCCTGACCGATCCCGATGCCCCGCTCAATGAAGACCCGGGGCACCGGCGTGGTTCGGCTACAACGTACAG  
 GCGGCGGTGACGCGAAGCACCACTGATCGTGACCCACGAAGTAACGAACGATGGGGCTGATCGAGACCAGCTA  
 AGCACCATGGCCAAGCAGGCGCGAGAGGCCATGGGCGTCAAGAACTCTCGGCGGTCGCCGACAGAGGGTATTTTC  
 AAAGGCGAAGAAATCCTGGCGTGCCATGAGGCTGGAATCACCGTTTTTCGTGCCAAAGGCGCTGACCTCGGGAGCG  
 ACAGCGGCGGGCCGCTTCGGCAAAGGTGACTTCATCTATGACGCAGCCAATAACGAGTACCGATGCCAGCTGGG  
 CAAAGCCTTATCTGGCGGTTCTCACGCGTCGAGAAAGGACTGAAGCTGCACCGCTACTGGAGTTCGCACTGCCAG  
 GTTGTGCGTTGAAAAGCAATGTACACCGAGCCACAGCGTCGAGTGAGCCGCTGGGAGCATGAGGCAGTGCTC  
 GAGGCGATGCAGAGTCGCTGGATCAAGCGCCCGAGATGATGCGGATCCGCCCAAACGTTGAGCACCCGTTTC  
 GGCACGCTGAAGTCTGGATGGGCGCCACCCACTTCTCACAGAACGCTCGACCGGTTGAGTACCGAGATGAGC

CTGCATGTGCTCGCCTACAATCTCAAACGCGTGTGAACGTGTTGGGCAGCGGTGCCCTGATGGCAGCGATGAAG  
GCCTGA

>SG75, 453 bp

ATGGGCAAGATAATTGGTTACGCAGTGGAAAGTAGCTTAGAGGGAGGTTTTCTTGTGCATGCGTCACCGAGCGTC  
TGGGTACATGCTTGGAAAGTAGGGTGCCTATGAGACCGCAGCCCAAGCATGGGCCTCAGCGAAACGGCGTGGT  
AGCGCGCTTGCCTTTGCTATAGCGGTTATCGAGCACGACGATGGCTCATTGTCTTGGGAGCCTGTCCCTGATCCT  
TCAAAGGCCTCAGGTGGCGATTGGATCGTATGGTTTGAAGCCTGGTACAAGACGTCTGTATGTCGTCAAG  
ACCGCAAAGCGCATGGCAGCCTCAAATCACCCAAGTGTATGCCAAGGGCTACAAAATAAGCTGTCTGCCGAAAAA  
GTCGCCGAGAAATTGTCTTGGGTGGAACCTCCGTCAGGGATCCAGCAGATCACTGCCGATATTGTCTCGATCAGG  
TAA

>SG76, 510 bp

ATGGGTTTTGAACAACCTAGCTGAGCTACGCGACCGCCTGCGGGTCGAAAAAGTGCAGGTAAAAGACTGATAGTACG  
AAGCCGCGTATGCGGAAGCCTTCTCTTCAGACGAAGCCTAGCGAGCAAGATCCTGCGATGGAAGCGATCTGGCGA  
TTGCAGAAGCACTTTCCATTGGCCTTCCCGGTCATCCGGCCCCAAGGCTCCGCTAAAGGAGGGCATTFTTCAAG  
GATGCCGAGCAACACCTGGAGCTGCTCGGAATATCCAGCGAACAGCTCAAGCAGGGCATCGCTGCCTGGTGCAGA  
GGAAGTCGATACTGGGCAAGCATGACGGAGAATGCGCCGCGCTTGGACTTAAGCGGCCAGGCAGTTGGTATGGTG  
ACGGCGGCTCAGGCGCTGCATGCGAAGCAGCAGGCTAAGCGACAGCGCGGACAAGCAGCAGCTAATCAGACAAAG  
CCGAAAGAGTGTATACAGGACAAGGCCGTCGTTACCCCTGTGGAACAGATTGTGGATTAA

>SG77, 1077 bp

ATGAGTAAGTTTGAATTTGAAGCACTCACCATTTGAGCGAATGATAGCGCATAACGATTTTTCTCGGACAAAAGAT  
GGAGTGTGGTTAAGCCTCAACTGTCCAATGATTTAATTCCGCTGGATGTCGACTCTAGGGATTTGGTGCAAATT  
CGAGTGACGGATGCCTTAGGCAGCACATCTCATGCGATAGAGATTAATGTCGAGAAGTCAGGTGACGGTTCCTTC  
ATGCAAAAAGCCGCTGCAATTATCAGAATGAATGATTTGGTTTTGTAGCTAAATCCAAAGTATTGCGAGCGAC  
CTAGCTGACGCCCCAACTAATCCCAAATGGCCTGGCGGGATATTGATCGTATTAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAA  
CAAAGCCCGTATGCTGCAGTTATTAAAGCCGAAACCGATAAAAGGTTTTAATATTGAAGAGGTGAACGGCTCCGTC  
AGCTTGACACTTATTAAGAAGATGCTCTTGTCTCAAACACAACGTCTGTACAAGATTGGGATCGTTGTTGAAATT  
TCTTATCAGGCCCGGTGAATAATCTTTATTCGCCGGAGAATTACAGATATTTTTTGTGTTGATCACCTGCTCACC  
AGTACCAGAAACAAAATCCGCAGCAGCGTATTTCTATAATGCTTTCTTGGGCATGAATATCGTAGGTTCTTCTAAG  
TATCAGACTCGGAAGTTTTATGAGACGACCAAGGCGTTCATTAATGCACTTCCAATAAATTTCTTCAGAACCGGGC  
GCTTTATTGGAGGCGCTACGCTCTGATCTGCGCAGCAATAAAGGAACTATGTCGATTGCTACATTTGCGGAAGAG  
CATCTCCCTAAGGAGCAAAGGGAAGAATACAAAAAACGATGTCCGCAACCGGGCTCCCTGACACGGCGATGATA  
AAAGATCTTGCTTACATTAAGCGAAACTACGTCCGCTCGTAGAATTGATTTGAGCAGGGTATCAAAATTCAG  
GTTCCAGCGGATGTGGACTTTAGCGAGCATGTTCAAGTGAACCTCAAGCAGGAGGCTATACACAAGTTTCGAATA  
AAGGGCGTAGTCAAGGACAAGAGTAA

>SG78, 966 bp

ATGGAGCTCGAGGAGTTTAGATGTCGGCTAACAGATGCCAGCCTAGCTTGCAGGATGGGGGGACTTTGTCCGT  
GAAACTGTTAAAGCGATCTCTAAATCCGAAAGCATAACTCTTCAAATACTGAGCAGTAGAGTCAAAGAAAATAGAC  
TCTGCGATTGGCAAGCTGTGCGAGAAAACCTTACAAGAACCCGATGTCCGATATGACAGACCTCGTGGGTGTTGCA  
GCTGTTTGCCTGCTTAGTCCGGACGTTGAAAAGCTGTGCTTCTGTTAGCATTACATCCAGAATGAAAAATTCAG  
AAATCTCGGATACCTCTAAGGAGTATGAACAAGCCCCAGAAAAATTTGGCTACCAATCCCACCAATTCGAAGTG  
CGTGCTAAAATTGACTTTGATACTGATGGGGTTCTCATTCCGCGAGATACGTGTTGTAAGTCAAGTAAAGAACT  
TTGATGACAGCAGCTTATGCGGAGGTAGTACATGATAGTATTTACAAAAGCTCCTGGGGTGCCTAGTAGAGCG  
ATTAGGTTTTGTTTCAAGTAGTGCGGCGCTGATTGAGACTGCGGATCATCTTTTTTGTGAAACTATGAATATTTTA  
GAGTTGGAGACTAAGGGCCGCGGTGAGCTGCTAGAGCAGCTTACGGGCTTTTACGACTCAAAAAATAAATATCAAG  
GGATTCAAAGATCAGAAGTTCAATATGATGGTTTTGGAAGAGCTTAAAAATTTTATTGATGATGCGACTGTTCCA  
AAGCTTTGAGCCTTTCTAGATGAGCGGAATTATATTCTGACAGGATAAGTGTAGAGTCAAGTCTGACGTATTC  
TGGTCTCAGCCAGTTTTCAATGCTGGCGTATTTTCTAGTGCATGATCATTATATCTGGTAAAAGACGCTTGGCCA  
TTCTCTGAGTCTGAGGACGCGTTAGCTATGGTTTTACAGCGATCTCGGGAAGAAGTTTGCAAACTAA

>SG79, 747 bp

ATGCCGGCAAGAAGAACAGTTTCGATTTGCTCTTTGCGGTGCGGCGACCCAGGCGCTCACCTTTTTGCTGTGGTGT  
CGCGCAGGTTGTGCGAGAAACAGGATTTTTCCGGAGGGCCAGATACTACATGGCTCCCAGACCACAGGGGTATGCTA  
CTGCTTAATGACTTCAAGTATGTGGGGCCGACTCTACTGTTTGGATATCACCAAAGGGTTCAAAGTAGACGGC  
GCTTCGATAACCGGATTTGCATGGTCAATAATAGGCGGGCCTTTTGAAGGTGCGTACAGAAAAGCTTCCGTCATT  
CATGATGTGGCTTGCATGAACGGTCAAAATCGTGGCAGGATGTCCACCGTGCCTTTTACACGGCGATGCGGGCA  
GAAGGGACTAACCAATTAAGGCCAAAATCATGTATGCAGCGGTTTATCACTTTTGGCCACGGTGGGGAGTTGAC  
AGAACGTACACGTTCTCTCCATAACAGCCTCGAGATTGGGGGATAAGTTGTACAGCCTCAAAGCCGGAGCTGGA  
CCGAGAACAGACATCGTACTTGTGAGTGCGGGGCGAAAGCTGAGAAAAAAGCAAGCTTTTTTGCGGCCAGAAGT

TTGCTGAGAGTAGAGGGAGTTGTTATTGAGGTAAGGCAAGTTCAGCCAGAGTACTCAGAAACGGCATTTCAGTAAG  
ATGCAGGCTCTAATCTCTGAAAATAATCTATCGCTCGAAGAGATCGAACTTTTGCCGGTTCGAAGTAGATTAG

>SG80, 270 bp

ATGTTTTCAAATCCCAATTCAAATACTCGTCAGGATTCAACTCCGGGGCGTATGCCGGCAAGAAGAACAGTTCGAT  
TTGCTCTTTGCGGTTCGGCGACCCAGGCGCTCACCTTTTTGCTGTGGTGTACGCGCAGGTTGTCGAGAAAACAGGAT  
TTTCCGGAGGGCCAGATACTACATGGCTCCCAGACCACAGGGGTATGCTACTGCTTAATGACTTCAAGTATGTGG  
GGCCGGACTCTACTGTTTGGATATCACCAAAGGGTTCAAAAGTAG

>SG81, 2301 bp

ATGTCCCTCAATCTTGAAACCCTTCCCGATAACCGCGGTGCAGGGCGACCTGCTCGAAGCCGCGGAGTCTTCTCTC  
ACGCTCAGCCTGCAGGACTTCGTGTCCGAGTTCGGCGACGAGCTGCTCGACTCTCTCAATCGCGCCAACCCGCCG  
GTCTACGCCGGCCAGGCGCGGCCACATCGGCAGTCTGTGTGTCGCCGGCCTCAAACCGGCAGTTGTTTCGCGGCGCAA  
GCCGATGTGGTTCATGCGGTTGCCGAGCTGTTGATCGACCGCGGCGAACGCGCGGCTATCGTCAACGGCGAGATG  
GGCTGCGGCAAGACGACGGTGGGCATTGCCACCGCCCGCTGCTCAACGCCGAAGGCTACCGCCGACCCCTGGTG  
CTCTCCCCGCCACACCTGGTGTACAAGTGGCGTCGAGAGATTAGGAGACGGTGGCCTGTGCCAAGGTCTGGGTG  
CTCAACGGCCCGACACGCTGGTCAAACCTGCTGAAACTGCGCGAGCAGTTGGGCGTCTCGCCCCAGGGTCAGGAG  
TTCTTCGTCTTAGGCCGAGTGCAGGATGAGGATGGACTTTCCTGGAAGCCGGTCTTCAACCAGCATCGCACCCGG  
CACGGCGACGTAGGCGCCTGCCCTGACTGCGGCCAGGTCATCACCGACCTCGACGGCGAGCCGATCAATCCGATC  
GAACTCGAAGCCGAGGAATACCGCCGCAAGTGCAGCCAGTGCGCCGCCCGTGTGTGGACGCTGATTCGTCCAAGA  
AGGCTGTGCGCCAGCGACCGATCCTCTGCCGTGCTCAAGGCGCTGAAGCGTATTCACCAGATTGGCGAGGTCACC  
GCGCAGAAGCTGATGCAGATGTTCCGGCGATGCCTTCCTCGCCTCGATGCTCGGGGACAACATCCACGAGTTCATC  
AACCTGATGGATGGCAACGGTGGAGCTGGTCTTCTCGGACCGGCAAGCCAGCGCATGGAGCGTGCATGTCGTGCG  
ATGGAGTTTGGTTTTGGCGAGGGCGGCTACCAGCCATCGGAGTTCATCAAGCGGCAGCTTCCCAGGGCAGGTTT  
GACCTGCTCATCGCCGACGAGGCGCACGAGTACAAGAACGGTGGCTCCGCACAGGGCCAGGCCATGGGCGTGTG  
GCGGCCAAGGCACGGAAGACGCTGCTGCTCACCGGCACGCTGATGGGAGGCTACGGCGACGACTTGTCTACCTG  
CTGTTCCGCGCCTTGCTGGGTGGATGATCGAAGACGGTACCAGCCGACCAAGAGCGGCAGCATGACGTCGGCG  
GCAATGGCATTTCATGCGCGACCATGGCGTGTCTCAAGGACATCTATTCCGAGAGCATGGGCACGGCACACAAGACG  
GCCAAGGGCAGCAAGGTCTCGGTGCGCACGGTCAAGGCGCCGGGTTTCGGTCCCAAGGGCGTGTTCGCTGCGT  
CTGCCGTTACGGTCTTCCCTCAAGTTGAAGGACATCGGCGGCAACGTGCTGCCGCCCTACGACGAGGAGTTCGCG  
GAGGTGCGCCATGGATGACGAGCAGGCCAATGCGTACCAGCAACCTGTGCTCACGGCTGAGCCAGGAGCTGAAAACG  
TCCCTGGCGAAACGTGATACGACGCTGTTGGGCGTGGTGTCAATGTACTGCTGGCCTGGCCGGACACGTGCTTT  
CGCGCGGAGACCGTCAACCCATCCGCGCACGCGGAGCTGTTGGCATTTCGTTGCCCTCCAGTTC AACGAACTAGAG  
GTGATGCCCAAGGAGCGCGAGCTGATCGAGATCTGCCACAAGGAGAAGGCGGAAGGTGCAAGACCCTGGTCTAC  
AGCGTCTATACAGGCACACGCGATAACCACTCCAGGCTCAAGCTGTTGCTGGAGCAGGAAGGCTTCAAGGTGGCG  
GTACTACGCGCAAGCGTGGATGCCTCTCGCCGTGAGGACTGGATTGCCGAGCAACTGGACCGTGGCATCGACGTC  
CTCATACCAATCCCGAAGTGGTGAACCCGGGTTGGATTTGCTGGAGTTCACCACGATTCCTTCATGCAGTCCG  
GGCTACAACGTGTATTTCGCTGCAGCAAGCCGCACGCCGTTCCCTGGCGTATCGGCCAGAAGCTGGCAGTCAGGGTG  
ATCTACCTGGGCTACGCAGCCACCTCGCAGATGACCTGCCTGGCGCTGATGGCCAGGAAGATCATGGTCTCGCAG  
AGCACATCGGGAGACGTGCCCGAATCCGGACTCGATGTCTGAATCAGGATGGCGACTCGGTGGAGGTGGCCCTTG  
GCACGGCAGCTTGTTCGGAAGTGA

>SG82, 297 bp

ATGCCCATGGCACACCAACCGCCTCCCTGCTGTTTACGATAGGCACATTGATCTTCAGTCCCGGCATCGACCCG  
CTCATGCGGGAAGGTGCGCTCGATCCCTGCCGTACTTCCAGCGCCACACCCGTGGCGATTGGGGCGACGTACGC  
GACACGAGTGGCAAGCGAACAACGCCGCCCTGCAATCGGCTGCTCGGCTCGAATCGTCTACGTGGTTCCACCGT  
GAACTGAGCATCTGCATCGTCACTGAGGCAGACCCGAGCGCAACCCATATCGCGCTGGCGTCCGAGCACTGA

>SG83, 1110 bp

ATGGCTCTCATGTTCCCCAGGCTCGCACGGAATTTCCGCAAGAACGGCTACTACCCGACCGACGAAGCCACCCTC  
GAAAGAACGCTCAGCGCATTGACACCCAGCGATGGGCCGATGTGCATTCTCGATCCTTGCGCCGGCGAAGGCGTC  
GCCATAGCGGAAGCCGCGCATGCCCTCGGGCGTATCAGACCACCGCCTATGCGGTGGAGTACGACCCGGAACGC  
GCAAACCATGCACGGCGGCTGGTGCATCACTGCATCCAAGGCGATTTGATGGATGCAGTCTCGCCCACAGAGC  
TTCGGCCTGCTGTGGCTCAACCCGCTTATGGCGAGCTGTGCAAGGACGCCAACGGCAATATCGGCTACGACGGC  
AAAGGCCGCGCCAGGCTGGAGAAGCTGTTCTATCAGAAGACGCTGCCGCTGCTGCAGTACGGGGCGTTCCTCGTC  
TTCATCGTGCCGTCCTACGTACTCGACCAGGAACTGGTCCGGTGGCTCACGCGACACTTCGCCGACCTGCGCATC  
CACCGAGCGGTGGACACGCAGTTCAAGCAAGTTGTGCTGTTCCGGCCCGCAATCCGCCAGCGCAACTGGTGGGC  
GACGAGGTGAAATCCATCCGCGCCCGGCTGCTGCAGATCGGGCAAGGCGAAGTGCAGCGCAAGAGCTTCCAGCC  
GAGTGGCCGTTGCTCCCTACGTGCTCCCGCGGCTCGGCCGAGCCCGAGTACTTCTATCGCATCAGCATGGAA  
CCGGCGCAGTTCCCGAGGAAGTGCAGCGCCTGCAAGGCTGTGGCCGTCGTTTCGAGACGCATCTCGGTGCCGCG  
CAGCAGTCTTGCCTGCCCGCGCGTGCCTTGTCCACTGGCACCTAGCGTTGGCCCTCGCGGCCGGCGCGATC  
TCGGGTGTCGTGCAATCCAAGAGTGGCCGCATCCTGGCCGTCAAAGGCGATACCCACAAGCAGAAAACCACCAGC

ACGGAATACCGCGAACGCGACGACGGCTCCATCGCCGAGACGCGCATCCTCACTGACAAGTTCTGTGCCGGTGATT  
CGTGCCTGGGATCTGTCCCCGACTCGGCCACGCTGGGCCGCATCATCACCATCCACTGA

>SG84, 657 bp

ATGTCTGCCCCTTTATCGCCTGCCACGCTGTATCGCATCGACGAGTGGCCGACCTGATGGCTGACGCCTGCATC  
CGTGACGAACAGGGAAACCTGATCTTTATCTCAGTCTGGGCGCGGGATAACCGCTATCCAGCAGTTCAGGCCCGA  
CTGACCCTGAGCCGCGACGAGGATGGGCTGGACACGTTCCACCTCATCACCAGCAAGGGAGCTCTGTCCCCGTC  
TTCATCGGCACGGTCGAGCGTTTGGAAAAACGCTGACCCGTGCCTATCGCCGCACGCTGTTCCGGCTCGATGGTC  
AACCTTTGGCTGTTTCGACC GGCGCTGCGTAAGGCCCGACAAGAGCTCGGCCAGCGACTGGCGCTGCTGCCGCAC  
TCCGTAACCGATCCGACGTCACGCCTGTGGCAACTGGTCAGGGACACCTGCCCATTTGCCGTTGCTGGATCACTGG  
CAAGCACCGGTACTGACGCTGCTGCGCGATCACAAACATGCTCCAGGATCTGTCCGGTGGCTCTTTGGCCAGTGCGC  
GGAATACACCTGCAGCTGGACGTTCCAGCGCTGACTGACGCGCTGGGGCAATTGATCCGCCGCGGCGTACTCACC  
GCCTACCCGCCACGGCAGCCGGCAATCACCACCTGGCGCTGCAAGCTGTGGCTTGA

>SG85, 672 bp

ATGGCAGCCTCAGCAGCCCTGCAGTTATCTGCATCATCCATCGTTCGTGCCTGGCCAACTCACGCTACGCACCATC  
CACGGTCGCAACGGGCCGTTCAACGTCGGCCGCTCGTTCACAGCCATTGGCAAGTTTGCCGTC AAGGACGCGGAG  
TTGGAGCAGTACCCCGAAGGCAAGTACGACGGGGAGTTCGTTCATCCGCTACATCGATGCGAAAGCTATCCACC  
TGTGACGGCATGCGCTTCGAGATCCGCGCCAGCCTGGACGGAATGACGCTCTCGGGCATCGACAAACTGAGCAAG  
GCCGAGGCCCGTGCCTTTGCCTCCAGGAAGTCGATCCACTGGACGAGGAGCTGGCCGCGCATTCGCTGACACCCG  
GCGGCAACGCCAGAACCAGAGTCCGCTCCCGTACGGGCAGCGACGGACCCACTGATCGATAACAGGCCCTTCGGC  
GTGGACGCGCCCGCGCTGCGGTGCTGCCTCCGGCAGTCCCGACAGCGACGATGCCGCTTGTTCGGCTGCTG  
TGGCCGCTGGGCGAGTCGGTGAAACTGGACTCGACCATCGACCGCCGCACACTGCGTGTACAGATCGCGCGCCTG  
GGCATACTGGGCTACGCGCTCGACTTCAAGTCACAGCAATGGAATCGGCAGCCTGACCAACAGGCTGCGTGA

>SG86, 828 bp

ATGCAACTCGCCTCTCGTTTTGCTCCCGCTCGCCGATACTGCGCGCTGATCATCCGCTGTCCGATGAGCAGATT  
CGCGCGGTGGCACCGTCGATCTTTGCGGACACCCCGCATGAGAGCCGGTCCGAGCGCTACAGCTACATCCCCACC  
GCTTCGGTACTTGCCGAGCTGCGCGGAGAAGGTTTCCAGCCTTTTCATGGTGTGCCAGACCCGCGTGCGCCACGAG  
GACCGCCGCAATTCACCAAGCACATGATCCGCTTCGCCACGCCAGCCAGATCAATGGCAACGAAAGCGAATGAA  
ATCATCCTCCTCAACTCGCACGACGGCACCAGCAGCTACCAGATGCTCGCCGGCATGTTTCAGGTTTCGTCTGCCAC  
AACGGCTTGGTCTGCGGTAACACCCTCGCCGATGTCCGTGTGCATCACAAAGGCAATGTGCGCCGAGCACGTGATC  
GAAGGTGCCTACGAGGTCTCCACGGCTTCGAACAGGTGCAGGCGTCGCGGACGCGATGCGCCTGATCACCCCTG  
GACGAAGGCGAGCAAGAAGTCTTTGGCCCGCTCGGC ACTGGCGCTCAAGTACGACACGCCCAACCAGGTAGTGCCG  
ATCACCGAGGCACAGGTGCTGATGCCCCGACGCGTCGATGACCGGGCAGCGACCTGTGGTCCACCTTCAATCGC  
ATTCAGGAGAACCTCGTCAAAGGCGGTTTGAACGGACGCGAGCGCCCATGGCCGCCGAGTACCCGCGCCGTT  
CAGGGGATCGACCAGAACGTGCGGCTCAACCGCGCACTGTGGATGCTGGCCGAAGGCATGCAACAGCTGAAGGCC  
TGA

>SG87, 885 bp

ATGACTAGCACTACTTCCAGCCCGAAGTCGTACTTCGACATCCATACTCGGGCATCGGCTACATCCAGCGTGT  
CGCGAAGTACCGGTAAGGTTGGCCGCAAAGCCATGCCATTTCTCGCATGCACCGTGGCGGCGCTTGTCCGGCCCT  
GCACAAAACCCGACCCGCGCTACTTCGACGTACGCGTGTCCGGCGCCGAAGCCAAGCAACTCGTTCCTGCCCTAC  
ATCGGTATCGATGATCACCAGCAACGGCCGCTGTTCCGCTTTCGTCTCGGCGACCTGTGGATCGATCCGTTCCGC  
CGGCCCTCGGGTATCCGGCGGCCAGCATAAAGGCCCGGCTACTCAAGGCCGAGTTGCTGGAACGCGGTACCCCTC  
GACGAAATCGAGTATCACGAGCTGCTGACCCGCGGTATCGGCTACTTGAACAATCCCAGGATGATCCCGAACGGC  
GGTGATCCATTCTGTGCTGCTCCATCGCTGCCTTGGCCGGCCCGGTCGACGACCCCGAGTATCGCTATATCGAG  
ACCACCGTCGCCGACGACAGCGCTCAGCACCTGGTGCAGCGCTGTATTAGGCGGTTGAAGCGAACAAGAAGGTG  
CTGCTGGCCTTACGCTCAACGACATGAAGGCCGAGGCTACGTCCGTAGCAAAGGCGAGCACGCCGGTGAAGTG  
GGCGGCAGCCTGAAGTCGAAGCTGATGCGCATCGGCCTGATCAAAGTCGATGGTGTACAGGTTCTATCCGCTGGAA  
TCCGCGAGCGCCCGCTCACGAAGACGCTCTCGCGTCAGACGAGGCGGTTACGCGGAGGATGAAAGCGTTAATCCA  
CAACCCACCGCCCCACCCAGGCCCTGTGAGGAGCCCGTGCGGGTGGCTTCGTTCTGA

>SG88, 225 bp

GTGGGGAATGTGGATTGTGCTTTTTTTCAGTCAGTTGGCCATCTGGACAGGCCGATCTGGTTGTACGGATCTTGG  
CGGCGAGCATTTTTTACAAGTGATTCAGGCGATCGCATACATGGCAGCGTGGCGGGACGGCGACGCTGCCTTCCAG  
CTAGATCGACGATGGGATCGGCTTGTGTCTTTCTTATTCCCGGAAATGCTGAGCAGCTGATCACCACGCCGTGA

>SG89, 168 bp

ATGGCTGGTGGCCGAGCTGAGCCTGGTGGCAATGACTCCGGCAAGCATTTTCGACCCGAAAGCCATGGTGTTCACG  
CACATCCTGAACAGCGAGGACGACCTGGAGTTGTCCGCCACCTCCACACAGCTGTCCCTCACGCCAGCGCTACCA  
GCACCAGGTGGCAACTGA

>SG90, 798 bp

ATGGATACCCAAGCCATCCGCGCACAAATGCCCGTTCTGGTTCGCCGGTTCATGTTCCCCGCAATGTCCGTACCTTC  
AAGTTCAATATCTTCGACGGGCAACCCAAGGTCTCGACGTGGGGCTTCCACATCGACCCGAAACCGTTCGAGGGC  
AAGGTAATCGCCGACACCGGGCGATGCCATCGTTCGTAAGATCGGCCGGGCGAATTCGCAGTGTCTCGATCGCGCA  
CTGCTGACCGAAGTGCCTGTTGAGGGCGCAAGGTGCAGGTCCAGCCGTATGCCCGACGCCGTTTCGATGGTCTG  
CGCGCGACACACCGGAAGAACGTACCGAGTACGCCGACAGCGGCACGCCCTTCACAATGCAAAACGCACATACTC  
GGATCCGCCCCCGCCAAACTGCCACTCCCGCAGCCACGCTGCCAGAGTTGCAGGAATCATCAACCAGCTCGAA  
CAGCTGCCGGCTCCCGACGGTTTCCGCCACATCACCCACTTGCTGGTGGATGCTGGCGCACGGGCATTTTCCGTT  
GTCGATCCGCTACCCGACGACATCATCAAGACGCCTCCGGCGATCAGCTTACCCTTGCAGCCGGAAGTTCCAA  
GGGCAGGTGACCTGCTGTACGACCGCTCCGATGACCTCTATGTGATCGAGCTGAAACGAGATGGAGAATCGTC  
GAACGCATCGATCAAGTGTCTTCGACTCGCTCGGAGAAACGCTGGAGCAATTGATCGACGATGGCAGTTGGCGG  
CGCATCCAGGTGCAGTGCCTGCCTGAATCGAAACCTGTCCGGCACTAA

>SG91, 714 bp

ATGAACAGCCCGATCAATCCTTTTACCCGTGGCTACCACGGCTTTCATATTCAGCGAGTTGCCGTCATCGGCTAC  
GACGACCGCTGCCCGATGACCTACCTGCCGTTGCATCGTTACAAAGCCATGTGCCGGACGAACAGTTGATCCAC  
CGTCGCTGCATCTTCAGCGACGATTTTCGTGCTCGTCACTAAAGGTGAGGAGTTGCCCGGAGCTCGACGCGCTC  
TGCAGCGGAACCGGTACGATTCTGTCTGTGCTCTACAGCATTTACGGTGACGACAACGGCGCATCACGGCACATC  
GGCGATACCCAGACCCTGGAAGCCGCTCGCGAAGTGGTTACCCGCCAAGTTTCGAGACTGGGCATTACAGTCA  
TGCTGGGAGATCAGCAACGCGCATGTACCCGAGGATGCGATTTCGCTACCTGGAGGACATGGCCGATACCGAAACG  
CCCACCGGCCTGCTGTTTCGTCGCTTCCACATTTCCCTGCTCCCCGGCTGTCCGGGTGAAGCTGATCGCCACGCCC  
TGGACGAGCGCAACCTGTTGCACGTGCAAGGCATCACCGCTGAGCAGTTGCCGCAAGAGCATCTGGGCCAGAGC  
GTCCCGCGTCAATTGCTGGAAATCCTGCATCAGGCGGCCGCTGCCGACGTGCGCATCTAATTTCTGGATGCCGAT  
GCCCCACGCTCGACGGGCTCGCGCTGTACCAAGTGTAG

>SG92, 393 bp

ATGAGTCAGTCTTTACCTCCAGACGTCCTTGATCAGATCGCGCGGAAATTCGCAATTCGACAATGCCCTGCG  
GCATTTTTGACGGCATGGAACGCGGTGTCCAAATCGCCGGTGCCGAGTGGTTCCGGCGACGGCACTCACACCGGG  
CTGCAGCAAGCCAAGAGCAAGTGGGATCTGCGACCGAATGTACAGCGGCTCAACGACGCCCTGGGCGTACTGAGC  
GGCGGCCAACGGTTGTTTCCCTTTCCGCGATGGTCAGCTTTTATAACGCCAGTGAAGGCGGCGCGATGCTCAAACGC  
TGTCAGTTCGAGGGGCTTGCCGATCTCGCGGTCTCGACCTGGAACGCCGCAAGGTTCATCGCCGGCCTGGTGCTC  
CACTACGACGGCTGGTGA

>SG93, 408 bp

GTGTCGTCGACCTCGGTGACACCATGCCCGCAGCACGGATCCTCGGCTGCACCCGGAATCCTCCGCGCCGACC  
CGACCAGTCCGCCCCGACCAGCTTGCGGACGAACGCCTGCAAGGCGTTGGTGCCTTGCTCCATTCAGCCAGGA  
GGCTCTTCCATGTCCCATGCACATCCCGCGTCACCCACTGCCACCCAGGCCCGAGCCGAATCCATCGGCTATCTG  
GCCCTGACCTACGTGGGTAAACGCCTGCCCTTGCAGGTGCGCCAAAGCGGGCGCCGGCCACTTCATCGGCACTGCT  
GACGACAACGGCCCCGCTCGCGCGAGTCCGTCGAGTACTTCCGCTCATAACGAGCTGCAGAGCAGGCCCTGAGC  
ACAGGGCGCTGGCAGCAGCGTCTCCATCCCTGA

>SG94, 1563 bp

ATGAGCACTATCTGCCTCAAACCAACCAGCATCGCCTGATCGCCAACCTGCGTCAACGCTTACGGCGCACAGC  
ATGCTCGGCGAGTCTGCTACAGAACGCACGCCGCGCGGGCCAGTCACATCGCAGTCAATCGCCGACGGCAACACC  
CTCATCGTCAGCGACAACGGTAGCGGTATCGCCGACCTGCAAACGCTGATCTTCATCGCCGAGTCCGGCTGGGAT  
CAGGCGTTGCAAGCACGGGAGAATGCATTCCGCTCGCGCTTGTGTCGACGCTGTAATTCGCTGAGCATTTGTGCG  
GTGCATTCAGGCAACAGGCCTTCAAACGCCGACGGCGAGCATCATTCGCGGGCAGCCATTGAGGTCTATCCC  
GCGCCCGCACGGATCGGCACCGAGATTGCCTGGACGGTGTGCAATCACCCGAGCCCCATCTCACCTTGCCGCAA  
TGGGTGAGTATCAGCTCACAGTCTTGTGCGAGGCCTTTCCTGTACAGGTATCGCTCAACGGTGTAGAGATCGGG  
CGGCCGCTGACAGATATGCGTTTGTGATGGCGCAAACGCCGGTAGGTGAGGTGCTGCTCGACCTCGAGGCCCTCA  
CCGACGCAATGGCGCTGTTTTCTGCAGGGCCTGCCATCGGCAGGGCGCAAACCTTCTCAAAGCATCAGATCGTA  
CTGTTACGCGACGAGATGATCGCCCGCTGCCAGATCGCCAGCATCTGCTCAATGAGAAAGAAGATCACCTGCGC  
ATTCAGGCCGCGATCAAGGAGGCATACCGGCAAGCGTTGCTCGACGCCAAGGCGCAACTGACCAGCACTGAATTC  
ACTGAGTTGTATGCGGAGACCTGCCTGTCTCGTCAAACGCGGATCTGCTCAATGACGTGCCATGCGCTCCACTC  
GCCTGGTTTTGCAACTGGGAAGGCAACCCCGCGGGATACCACCGCTACTGGGAGCAGTTTTCCGCTGAATGGACTA  
TCAACCCGTGCCGCCCTGGAGGAGCGTGGCATCTGGTTCATCGAAAGCGACGCTGACAATGAGTTTCGTGGTGGAA  
AGCTATCTGCATGCACGACAAGCCTTTCTGCTGGAGGAGCATCGCCTCGATGCGAACCCTGGCTACGGCACATG  
GCTAAAGGCGTTACGCCGGATCAGGTAAGCGTCCGGCACGGTGAATTTCTCCATAGCGAGAGTTATCCCCCTTG  
GCCGAGTGCAGCAACTGGTTCTGGTTCGATAACCCTAAACGCCAGCCTGGAAGGTGAACCGGGGAGTATGCGGTG  
GAGGCACTGCGTAAGGACGACTGCCTGTACCTGACGCCGACGCCTGGCAACGTCACGGAATCGTGTCCGACTAC  
ATCTTTGATGACCGCTATGACGAGGGTCGAGAAGATGAGGATGCGCAGACGCTCGCCACGTTCAATCGTGTAGGT  
TGCTCGCAGGATCCCGCCAGGTTGTGAGGGCGCTGCTGCCATATGCGCTGAGCCATGGCTCTCAAACCGAAGCTG  
GCCGGCGCGGTGCTTCAGCTGAGTTTTCGACTGCAACGGCAAACCTGCTTGGGTCACAGCCTGA

>SG95, 120 bp

ATGAAGGGTCCCCTGGTGCCTTGTCTAGATAGCAGGACGAGCCCCAGGAGACCCTTCGGGTGCAATGGTATTCA  
GTGCCGGCACCCACCGGCGAAACAACGGGTTTCCTTTTTGTGCGTAG

>SG96, 2019 bp

ATGCGCCTGTTTCCTCTGCGAGAAGCCATCCCAGGGCAAGGACATCGCCCGTGTGCTGGGGGCTGGCCAACGCGGC  
AGCGGCTGCTACAACGGAGCGGGTACCGTGGTGCCTGGTGCATTGGTACCTGATCGAAGCGGCGCCACCGGAA  
GCCTACGGCGAGCAGTACAAGCGCTGGTTCGCTCGAGCAGTCCCCATCATTCCCGAGCGCTGGCGGGTCGAGCCG  
AAAGCGCAACCCGCGCGCAATTGAAGATCGTCAAGCAGCTGGTCGGCCAGGCCAGCGAGCTGGTGCATCGCAACC  
GATGCGGATCGCGAAGGCGAGATGATCGCTCGCGAGATCATCGACCTGTGCGGCTATCGCGGGCCCATCCAACGG  
CTGTGGCTGTGCGGCTCAACGACGCGAGCATTTCGCAAGGCGCTGGGCGCGCTGAAACCCCTCAAGCGAGGCGCTG  
CCGCTGTACGCGAGCGGCGCTCGCGCGCTCCCGAGCGGACTGGCTGGTTCGGCATGAACCTGAGCCGCTGTTTACC  
CTGCTGGGGCGTCAGGCCGGCTACGACGGCGTACTCTCGGTTCGGCCGGGTGCAGACACCGACGCTGGCCCTGGTG  
GTAACCCGCGACCGCGAGATCGCGCGCTTCGTCTCGGTGCCGTTCTGGAGCATCGAGGTCGGGCTATCGACAGGC  
GGGCACAGCTTCCTCGCCACCTGGATCGCCGCGGATGGCTGCAGCGATGATGCGGGCCGCTGCCTGCAGCAGGC  
ACGGCCCAACAAGCCGCGGATCGCCTACGCGTAGCCGGCAGCGCCAGGTGGTCGCGTACAACGGAGCGCGTG  
CGTGAGGCGCCACCCTGCCCCTTCGACCTGGGCACGCTGCAGGACGCTGTGCTCGCGCAACTCGCTCTGGACGTG  
CAGGAGACGTTGGACATTGCCAGGCGCTGTACGAGACGCACAAGGCGACGACCTATCCGCGCTCGGATTCCGGGT  
TACTTGCCCGAAAGCATGCTCGCCGAGGTGCCGGCCGTACTIONGCTGCCATGCTCACCACCGATCCCAGCTGCGC  
CCGTTGCTGGAGCAGCTCGACCGGACTCAGCGCTCACGGGCTGGAACGACAGCAAGGTATCAGCCACCACGGC  
ATCATCCCAGCGCTGGAGCCGGCGAACCTGGCGGCCATAAGCGACAAGGCGCTGGCGGTCTACAGGCTGATCCGC  
GCGCACTATCTCGCGCAGTTTCTGCCACATTACGAGTTCGACCGCACGACGGCGCAGTTGCTGTGCGGCGGCCAG  
ACCCTGCAAGCCGTTGGCAAACAGGTGATCATCCCCGGCTGGCATCAGGTGCTGGCCGGCCCGGAAGCGGACAAC  
GCCGACGGCGAAGCGGTCCCACGCAGCCAGGTGTTGCCAGCCTTGCAGGCTGCTGCTTGGCAGGTCAATCAC  
GTCGATCTGAAAGCCCTCAAGACGCAGCCACCAAAACCTTACACCAAGGCGATCTGATCAAGGCCATGAAAGGC  
GTCCGCAAGCTGGTACCACCGCGGTTGAAGCAAAAGCTGAAAGAGAGACCACGGGCATTCGGCAGGACCGCCACG  
CGCGCCAGCATCATCAAAGGCTGCTCGAGCGCGCTACCTGCTCAAGAAAGGTGCGACCGTGCCTGCTCCGAC  
GCGGCGGGCAGGCTGATCGATGCGGTGCCAGCGGCCATCACCGATCCCGGCACGACCGCGGTCTGGGAGCAGGCC  
CTGGACATGATCGAAGCCGGCGACATGACGCTGGAGACCTTCGTTCGCCAAGCAATCCACGTGGATCACCCAAATG  
GTGCAGCAGTACCGCGCGGCCACCCTGGCCATCAAACCTCCCCAGGGTCCCGCTGCCGCTGTGCGGCAGCGCC  
ACGCGCCAACGCACCGGCAAGACCGGTCCATTCTGGTCTGCTGCCGCTATCCCGATTGCAAAGGCACCCTGCC  
GTCCAGAATGGCCGGCAGGCCAGCGCCAAGCGCAGCACTTACGCAAGCCGCGGCAGATCCCGAAATAG

>SG97, 396 bp

ATGAGCACGCACTTTGTTGGCGAAGGCAACATCGGTTCTGCGCCGGAGTTCAGGGAGTTTCCGAGCGGCAACGAC  
GAGCCCAGGCGGTTGTTGCGTTTGAACGTGTATTTGACAATCCGGTTCGGACCAAGGATGGCTATGACGATCGC  
GGTGGCTACTGGGCTCCCGTGGAACTGTGGCACCGCGAGGCTGAGCACTGGAAAACGCTGTACCAGAAAGGCATG  
CGCGTCTGGTGGAAAGGCCGACCGTACGCGATGAGTGGGAGGACCGGGACGAGAACGAGCGCGTGACCTTCAAG  
ATCGAGGCGCGGCGTGTGCGCATCCTGCCGTACCGGATCGATGCCGTAAGCCTGAGCCCGAAAACAGGCCAGCGAG  
CCCGCCAGCCGGCCGAGTGA

>SG98, 552 bp

ATGACCTCGACTTCGAGTTCTGCGGCAGCCCGCGCTTTTACCCCTGGAACAGGCTGACTTCTCAAGCTGGAA  
CAGGCCGCTCTCTAAAAGGCTTTTACAGCCTTTTAAAGGTAAGGGGGCACTTACCCAGTGGGCCAGCCAGTGC  
CACAGGCTTTCGCGATGGGCTGATCGAGCTGGCGCAGCGCCGCTCCTGGCGCAGGCGAATGCCTACCCCTTCCGC  
CTGCTGCCCCGTGGAGCTGGCCCAGCAGACCAGGGCGCAGGCACGACGTTTCTGCGCTGGCGCAAGCCTGATCGT  
TCGGCCATGGGAGTGGCTCTCTGGCAAGCGCTGATCGCCAGCGCCACCACGCCCCGACACCCTGATCGATGACCTC  
TATGCCATGGAGGTCCAGCGCATCGTGTGAACATGCAGATCAGCCTTCTGCACACGCTGGGCCGGCAAGCTCAC  
GAGTGCGCCAGCAAGGTGGCCCAGGCCGAATCGCTTTACCTGCAGCGCTCCCGGAAGCGCTGCGTCCATCCG  
ACCACTTGTTCCAAGGAGTCACTATGA

>SG99, 807 bp

ATGGCCACCGACACCTCCTTGAACCTGAATCTCGGATCGCTGCGCAGTGCCATGTGCTGACGCTGCACACCCAT  
CACGCTCGCGCATCTGGCACGGCCGAGCGGCCAGCGAGGGCAAGCCCGGCATCGTAGGCTTGAACGGTTTCATC  
GCCATCGCCAACAAGATCAAGCGTGGCGCCGAGCAGGACGATCCCTACTCAGACTGGTGGATGCTGAGGCTCGAG  
GAAAAGCTGGCGCAGACCAAGGACAGCCTGCAGGCCTTTCGCTGAACAGGTCGACCAGGCTTGGCCGACGTGCCG  
CCAGCCTTGTCTGTTGGGCGAGAATGAACGTGCAGCCGGTGAAGCTGCCGCTGTTCTGTCACCGCGCAGCTAGGC  
TTCCTCGCGGTGTAATTGCTGGCCGACTACGACGACCTGGCACGCAAGCTGATCCTGGCCACCACACCGCGCTG  
ATCGACCGCAGCAGCTTGGAGCGTGGCTCAACGAGGGGGCGCACGCCCTGCGCAGCCTGTTCTCGCTGGCGCAG  
CAGTACCGCTACTCGGGCTGCACCCGGGATGACTTTCGCGGCCAAGAATGCCCGCCGCTCGTGGCCGCTTGGAGAAG  
CTCGGGCAACTGCCGCAGGAGGTGCTCGAAGGCACGCTGCGCTCGCGCTATGCCCGCCGATCATCCGGCGCTCG

GCGCTGGCCGCTCGGCACCCGAGGATGCCGCGGATGCCAGTGACGATGATGTCTGCCTGAAAGCGCGGATATC  
ACCCTGGCCGCCCGCGGATAACGAGGAGGCACCCGCATGA

>SG100, 1164 bp

ATGGTTCGCGCAGGCAGGTCCCGCCGCTCTTTCAACGCTGCTCGACGACGCCCTGCGGCACCTGCCTCCCAACCGG  
GAGCACACACCCGCCAGCGATGGATTCCCTCTACAGCGGCAATCGCCATGAAAGCGTGCCCCGGGCGCTGTTTCTC  
GACACGCGGTTGACGCCGCTGGAGCGCAATGCCTGGCAAATCATCCGGCTCATGCTCAACGCCGATGGCGTGACG  
GCATTTCCACCTACGATCAGCTGCGTCCCTACCTGGCCTCGACGCCCTGCGCGCAGCAGGCGTCTGTACGAAACC  
GTGGCGCGTGCAGTGCACGCTGCGCCTGACACGCTGGCTCAGTCTCGTGCGCCGCCGGCGCGATCCCAAGACC  
GGGCGCATCAAGGGCAATCTGTACGTCTGACGATGCCAGCAAGGCCCTCACGCCGTTTGAAGCCATGCAGTCCCTC  
GAGTATCTGGGGCTGGTGAGCCATGCGCTTGAGCATGCCAGCAAGGCGGTGCAGCGGGTGGGCTACCGCACCATT  
CAGGACATCAGCGAAGACCCGTTGCTCAGCGGCCGCGTGTGGCCGACGCGGCTGCAGGTGTTGGTGACGCGCATG  
GCCCAGGGCGGCGTACGCCCTCAGGAAAGTTATCCACAGGTGCGGCCCATCCACGAATCCGAAGAAGGTGAAAAC  
GCCCTTCTTCGGAATGGCGAGCCGCCGCTCTTCGGATTCCGAAGCAGGCGCGAACACCAGCAAAAACCAACCCTCTT  
CGGAATCCGAAGCAGGACCGTACTGAAGTACTGAGTATTTCGTATAAAAAAATCTGTACGTACTGACGCGCATGCG  
CGAGAACACCCGCATCTGCGCCTGCCTGAACGCTTTCTGGCGCTGCGCGATGAACAGCAGGCCGGCGCGCTGGTA  
GCCCTGCAGCAAGTGCAGGCCGAACAGCGACAAGCCGTGCTCGATGAATGGGCCGTGCGCTGTGCGCAGCAGCGG  
GTGCGTAAACCTGCCGGCTATCTGTTTCGGCATCATCCAGGCCGCCATTTCGCGGTGAGTTCAACGCCCTGGGCCGGA  
CAGGACAAGCACCAGGTGCTCACCGCCGATCCGCCTCCCGCACCCCGAACGGCAAACCCCGAGGTGTTGCACACG  
CATCTCGCCAGCTGCATGCCCTGTTGCACCCCAATGA

>SG101, 561 bp

ATGTCGACACCTCATCCGCTTAATCAAGCTGTGGTTGCACAGGCGCTGCACGATCTGCGCAATGGCCAACTTCGC  
CGCTGCCAGTCGATGGGTTTTCAGCGAGCGGGAACCTGGACGTAAGCAACCGGCGCTGGTGAGCCTGCTGGCC  
AATGCCAGGTCCCTTGGTGTCTGTGACGGTCAATACGGCCGCTCTTCGGCGCTGGTTCAGCCAGATGAACGAC  
ATCGAGCAGGAGATCGCCACGATTGATCGCATGCTGCGCTGGGGCCAGTACCGAGATGGTTCAGCAAGTTCTAC  
GGGTGACCCATCAGGAGTCCGCCCTGCGCCGCGACATCATTTGCTACCCAAGCGCAGGGGGCGGCATCCGGTG  
CTGAATGAAGAACAGGAGATGGCCCTGTGGAAGCAATGGAAGGCCGCATCACCGAGCGCGGCATCGCGCTGGGT  
GACGACAGTACAATGCTGGAAGTACGATGGATTTGGCCGAAGCCCTCTCTTTGCCCATGTCCGTGATCTGGGCG  
GCCATCGCAAGCTGGATCGACCAAGGCCTGGTGTA

>SG102 1668 bp

ATGGCGACTGTCACGCCTCAGGAAATGGCCGGCAAATTGATGGCCGAAGGGTTTTCTCGCGCCGGCCCTGCCGCA  
CAGGTGTTGAGCGACCCGGTGACCGACACGCCGATGGTGGTACGCTCGATGACCTGCGCCCTATGAGCTTGAT  
CCACGCCTGACCGTAACCCGATCTACGACGAAATAAAGCATCCATCCGTGAGCGGGCCTCGATGCCCGCCG  
CCGATCACCCGACGCCCGGGTGCCGAGCATTTCATCATTGCAACGGCGGCAACACCCGCTGGCGATCCTGCGC  
GAGCTGTGGTTCGAGACCAAGGCCGAACGCTTCTTCCGCATTCCCTGCCTGTTCCGGCCATGGCCGGAGCGTGGC  
GAGATCGTTCGCCCTGACCGGGCACTTGGCGGAGAACGAACTGCACGGCAGCCTGACGTTTCATCGAGCGCGCGTC  
GGCGTTGAAAAGCCCGCGAGCTCTACCAGCTGGAAAGCGGTAAGTTCGCTGTGCGAGTCGGAGCTGGCCCGTCCG  
CTCAGTACGGACGGCTATCCCATCCAGCAATCGCACATCAGCCGATGCAAGACACCGTGCCTACCTGCTGCC  
ACCATTCCCAACGTCTTGTACAACGGCCTTGGCAGGCATCAAGTCGAGCGCTTGGCGGTATTTGCGTAAAGCCAG  
GAGCTCACCTGGGAAAAACATGCGAGCAGGAAAACGCTGGCTGTGATTTGAGACGCTCTTCCACGACGTCCTC  
ACCCCTTCGATGTTCAACCCGATAGCTTTTCCGTGCGCCGCTCCAGGACGAGCTGATCGGCCAGATGTCGCG  
CTGCTCGATATCGACTACAACGTTGAGCTGGATGTCGACAGCTCCGAGCACCGCCGATCGCGTCAACAGT  
CCGCCCCAGTTGCCAGTTGAATCCACAACCATGCTCCACACCGGGTGTGCAACCACTCCATCGTGGATGGCGCT  
CAGGGCAATGACACCGCAGGCGCTTCCAGAGCCGACCGAACAAGACATGGCTTCAACGCCACCGTCAGTACAG  
AAACCAGCACCAGGCGCTTCTTCCGGTGAACATGACCCCGAAGCGCGCCTGCAGGGCCATATCGTCTCACCAGCC  
GGAAACACCGAGCGCCTGCAAGGCATCCAACACATGCTCGCCGAGCATAACGGTGTGCTCTGCCTGCCTTCAG  
GACACGGTGTGCGAGGCGATTCCGGTGAAGCCGGCGGACTGTTCCCGATCAGTGACGCTTGGTACATCGAGCCG  
GGACTGGATTGCCCCAATCGCCTGCGCATCCACATCGCCCAATTCGCCAGGAGATCGCCGAGCAAGCCGAGCTG  
CTCGACTGCATCGAAGCAGTCCAGGCCGCATCGGCTTACCTGCATTGCGCCCAAACAGGCGTGTGCGCCACCG  
GCCTTCGGCCAGATGGTATTGGCATTGTTACGCGCCTTGAAGTCGCCCCACACCGCGGCGCTCGATCAGGATGAT  
CGGCGCGTGGACGACCACCTGGGGGCACTGTTGTTGGGAGGCGGCGTCAGCGACGACGACGCCCTTCCCCGTCTG  
AGCGATAACGGCTTGGTCAAGTTGTTCCGTTTTGGTCCGGCTGGCACGCCGACTGTTGGATCTGGAGGCCAATCCA  
GATGAGGCCAACCCTGA

>SG103, 864 bp

ATGCACGTGATCGCCATCATTTCGACGAAAGGTGGGGTCGGTAAAACGACCGTTGCCGCCAATCTGGGCGGCTTT  
ATCGCCGACGCCGGTTCGGCGGGTCTACTGATCGACCTCGACGTCCAGCCGACGCTATCGTCTACTACGCGCTC  
ACCCAGCGCGCCGCTGGCGGTATCTACGAGTCTGCTGGCATTCAATGAGCAGTCGCTGGCGCAGTTGGTCTCACAG  
ACATCCGTTTATAACCTGGACGTGGTGTCTCCAACGACGAGCAGCAGCAGTGGGAACCCCTGTGCTGCACGCG  
GCAGATGGGCGCTTGGCGCTGCGCAACCTGCTGTCTGTTCCGGCCGATTACGACCTGGTGTGATCGATACG  
CAGGGCGCCCGCAGTGTCTGCTGGAGATGGCCATGCTCGCCGACAGCCTGGCCGCTCTCCCAATCACCCCGGAA



ATTCTGGCGGGCGGGAACTCCAGCGCGGCACGCTGCAGCTTATCGATGCCATCGCCCCGTACCGCTATCTGGGC  
 ATCCAGCCGCCGCCCTGCATTTGCTGCTCAATCGCGTGCCAGCCGTCTCGTCGAACGCCAAGTTGGTGCAGCAG  
 ACGCTGCGGGTGTATCTTTCTGTGAGCACAGCGAGGTTTCGGATACTGGGCACCGAACTGCCCGCGATCGAAGCCTTC  
 CCGCGTGCGGCAACCGCGAGCCAACCCGTGCACAGGGCCGAATACCGACGCCCGAGCGGGCGTCAGGCACCGGGC  
 GCGCTGGAGATCATGCGCGCCCTGGCAAGTGAGCTTCTTCCCAATGGCAAGAGCAGTTTGCACGCGTGACCGGT  
 CGCGTCGGCAGGAGGCCGTACATGTGCGAGCATCTCTAA

>SG104, 219 bp

GTGACTACTATGTCCACTGAGCAAACCGCGACTACCGAGCATCGCATCCTCCGCCGCGCAGAAGTTGAAGCAAAG  
 ACCGGCTTCAAGCGCGCCATATTTACAACCTTGATGAAAGAAGGCAAGTTCCCCAGGGCCTTGCGCCTGGGGATT  
 CGGGCCGTTCGGTTGGGACTCCGTGCAAAATCGACAGTTGGATCACCGAGCGCCTAAAAGAGCGCGTTTGA

>SG105, 900 bp

ATGCGGATACGTACCTACGCTACTTCTGGTTCGTCGCCGAAGAAGTGCAGCTTCTCGCGGGCCGCAGCCAGAGTC  
 CATATCGAGCCCTCCCCCTCTCGCGGACCATCAAAGAGCTGGAGTCGGGGTTGGGGCCAGTTTATTCCAACGC  
 ACGAAGGCAGGCTTGCCTTTGACTTGGGCCGGTGAAGTGTTCGGGATGAAGCACGACGCATACTCAGCCTGGTG  
 GAAGACGCGCAGAGTCGTGTCCGTGCGGGCTGAGAAAGGCTATCGCGGCCGGCTGCGCATCGGCCCTGGCAGATAGT  
 CTCGCACAGCCCTACCTGACCAAGTTGTTGGCGCGTTGCCGGGAGGAAGAACCCTCACTGAGGTGAAGATCGTT  
 GAAATGACTGTCCACGAGATGGTCAAGGCATTGATGCATGACCAGATCGATGCTGGCTTCACTGTACATACCGAG  
 CTCAGCGCAGAGCTCGTCAAGGAAGTCGTCTGGACAGATCGTCCGATCATTGCCATCCCGCGAAACCACCTCTG  
 CTTTCCTTGGAGAAAATTCGCTCCAGGAGGTTGCTCGGCACACCTTGATTCTGTGCCATCCTGTGCTGTGTTC  
 GGTGGATACGACGTCATTCATCGCTGGTTCTACGAAGCCACCTTGCCGTTCCCCACGTCTGCCGAATATGTTTCC  
 GGGCACGAACCCATGGTGTGTTGGTTCGCGCGTGGCTACGGCATCGGTATTGGCCTGGCCTCGCAAATCATGCTG  
 TACAGTCACCCTGATGTGATCATCCGTCTGTACGGACGATGTACCGAGCACAGCAACGTTTATCACGCTACTC  
 GATAAGCCACGCTCGGAGGCCCTCAGCAGGTTTATCGATCGCGCCCCGGCAAATTTGGTGAATTTGGCTATTGAGTGA

>SG106, 219 bp

ATGGTCCGTGTTGCTGGTAGACAGACAGGAACCCCTCTTTTCGCTGCGGGAGGATGGCCGGGCGGCTGATGGCAGAA  
 TGGCCTCATCCGACAAAAGTGCAGACCATCAAGAGAAGGACAAGTTCCCCCAGACCCCACTGAGCCGGCGAAAT  
 GTGCGCAGCAAGGCCAATCATCGACCTCAAACCCACCCGAAAGAAAAATCACAGGCAGGGGTTGCCTAG

### **12.3.7 Sequenzabschnitte aus dem Kerngenom, die die Geninseln in Stamm C**

#### **flankieren (siehe Kapitel 8)**

#### **PAGI-2(C), flankierende Sequenz links, 19080 bp**

TCAGTGCCGCGGGCTGTCTCGGGCAGCGCGAGCAACTGCTTTTTCGCGGTTCCAGTCGAACGTTTCGCCGCGCTCTTCGG  
 CTTTCGTAGCGGGCTCGTTCGAGGCGCTGGAACAGGTCGATCTCTTCGTCCGGCATGAAGTGCAGGCAATCGCCGCCAAG  
 AACCACAGCAGGTCGCGCGGTACCAGGTGGGCGATCTGCGGATAGCGGTGGAAGACCTGGGAAATCAGGTCCTGGCCGAG  
 GTATTGGGCGCCTTCCGGGTGCGCGCGCAGTTTCGTCCATCAGTTTCGTGCAACGCTCGAGGAACAGCCCGTGGTTTTCTT  
 CCGGCACCTGCTCGGCCTCGCCAGGGCGCCGAGGATGTTGCGCAGGTGCTGGAGCAGGGCGAGGTGGTGTCTCGAGGTAG  
 GAGTTGGCCATGACGGGTCTCTGGAAAAAGCTGGGCAGTATAAAGGGTTTTTCGCGGCGCCGGCCAGTTTTCAGCAGGATCG  
 CCGGGGACTGGCTCTGGGCGCCGGGTTTTCCAGTTGCCGGCGTTTCGTGTGAGGCGCCGCTGGTTCCTGCTCCAGGCGC  
 CAGCGCTGCTGGTCCAGTTGCTGCTGGCGGATCAGGTTGTCCTGCATCTGTGCTGCTGCCGTTGCCGCTGCAGGTTCTG  
 CTGCTGGCGTTGCAGTTGATCTGCTGCAGTTGCAGGCGTTGTTTCGTGCAAGCGCTGGCGCTGTTCTTGGAGCTGGCGTT  
 GCGCTGTTTCGCGAGCGCGCTGCACCCGCTGCTGGTTCGCGCTGCACGCCATAGGGCGCAGGCGGTCGCGGCTGCGCCGGG  
 GGCAGGAGGAGAAACGAGGCTGCCAGGCCGGTGGCAAATAGCTTGCAGCATGATGGCTCCCGTACGTCAGGATGTGCC  
 GTCGATTCTAGCCAATCGCCCGGTTTTGGGTGGGTGAAGACGACAAAGGCGCCGGAAGGCGCCTTTGTTCGGTTGCGACCG  
 TCGCTTTGCCGCGGAGTGTGACGCGATCCTGCCGTCGGCCAGTTGCAGTTCTCCTTGGCGAAGTCGTGACGTCGATCA  
 CCTTGCGCCGTGCCGCTTCGGCCTGGTGCAGGGCCTGCGCCTGCTCGGCGCTCAGCACGCCGGCGGGCGCCGGCCATCG  
 ATCGGGTTCTGCCCCGCTTGGCGCTGGACCCTGCCTTCTTTCGATCGCCTTGTGCAGGGTTTTCTCCAGCGCGGCGCTTTC  
 GCGTACCGCGTGAAGGCGTGGGCGAGGGCACCGACCGGTTCTGCGGGTCTTTCGGCAGGAACGCGCCGGCGAGGATCG  
 CCTGCAACGCCGGTTCGTGTCGCGACGGCCGAGGATTTCCGCGATCTCGGCGTCCAGTTTCGTGCCCCGCCCTTTGTGC  
 CGGCGGCCGAACGGCAGTACCAGGACCTTACGCGCGCAGCCGAAGAAGCGGCTGGGGAAGTTGTTTCAGCAGGTCCTCCAG  
 CGCCGCTCGGCCTTCCGAGGTTTTCTTCCATGGCCCAGCGCAGCAGCGGATGCAGGTAGTCCGGGTTGCCAGGTCGT  
 GGTAGCGCTTGAGCGCCGCCGAGCCAGGTAGAGATAGCTGAGGACATCGCCGAGACGCGCGGAGAGGCGTTCTTTCGCG



CGCTACGGCATCCTCGGCGTCTCCGACATTCGCATCGGGCGTGGCCATCGGGCTTCATGCTGCTGGCCACCGCGGTGCTCTA  
TCTCGGCTGCGTAAGGCTGCTGGTGGAGCGGGCGCGGCATGCGCCAATGAAACGCTCGAAGGCATGAAACAGAAGCCCCG  
TCATGGGGGCTTCGCGTTCATCGGGCGGGGCGAGCGAAATCGATGACGAAACGGGTCCAGCCGTCGGCAGACTCGCAGC  
GGATCTCGCCGCCGTGGGCTGGACGATGGAGCGGCAGATCGCCAGGCCGAGCCGGCGTGTTCACCCCTGGCCCTTCGCGG  
CGCGCCGGATCGGCACGATAGAACCGGTGAAACAGGGCGGGCAAGCGCTCGGGAGGAATCGCCGGACCCTGGTTCTCCAC  
GCTCAGGCGTTCGGTTCGCGGAGACGGATACGTATCTCGCCGCCATCGGGCGTGAAGCGCAGGGCGTGTTCAGCAGGTTGG  
CCAGCACCCGCGCAGCATGCCGCGGTTCGCCGGGAGGCTCAGGCTGCCTTGGCGCAGCAGGGCGGATATCGTGGTCTTCC  
GCCAGCGGTGGTAGAACTCCAGCAGCGAGTCGACTTCCGCGCCAGGTCCAGGGCCTGGCGGTGGGCGCCAGCAGGCC  
GTGGTTCGGCTTGGCCAGCAACAGCATGTCGTTGACCATCGCGGTGAGCCGTTCAGCTCCTCGAGGTTGCCGTGCGGG  
CTTCGCGATAATCCTCCAGCGAGCGTGGGCGGGACAATAACACCTGGGTTCAGCAGACTGGTGGAGCGGGTGGCG  
AACTCGTGGGCGATGTCGGCGGAGAACGCCGAGAGGCGCTGGAAGGCTTCTTCCAGGCGGCCAGCATGGCGTTCAGCTC  
GCCGGCCAGTCCGCGCAGCTCCTCTGGCATCCGGCTGGCGTTCGAGGCGGGTGGTGGAGGAGTTGGCGGAAACCCGCGCGG  
CGACTTCGCGCATCCGTTCGAGCGGGCCAGGCTGGCGCCGGTGGCCAGGCGCGAGCAGCCGTGGCCAGCGCCGAC  
AGGCTCATGGTTCAGCCAGATCAACTGGCGCATGCGTTGAGGAAGTGTGGTGGTACTGATGTCGAGGATCACGGTAAG  
TCGCGGCGAAGCGTTCGTTGCCGGGCTCCAGCGGGGCGCCGAGTTCGCGGTTGGCGGGCAGGCCGGGATGCGCAGGCTGCG  
GCAGGCGCTCGAACCAGAGGTTGCCATCCGGGCCGTTTCAGACGCAGGCCGAGGTCGGGATGGCGTCCAGTTCGCGCAGC  
AGTTCGCTTCGCGGGCGGCATCTGTTGTTCCGAGCCGAGGCCGCGCAGCTCATCGGAAACACCGCGAGCTTGGCGGA  
CATCGCCATATGGTTCGAGCTCGACGAAATGCTCGTCGATGGCCCTGCTGAAGATCAATCCGGCGATCAGCGAGACCGCCG  
CCGTGCAGGCGGCGAACAGCAGGCTCAGGCGGACGCCGAGGGACATCCGCGAGCCGAACCCGGCGCTCATTCGTGCGCT  
CTTCGAGAACGTAGCCCATGCCGCGCACGGTATGGATCAGGCGCTGCGGGTAGTCGTCGTCGACCTTGGCGCGCAGGCGG  
CGGATGGCCACCTCGATGACGTTGGTATCGCTGTGCAAGTTCATGTCCAGACCTGCGAGGCGATCAGCGACTTGGGCGAG  
CACCTCGCCGCTGCGCCGAGCAGCAGTTCGAGCAGGGCGAACTCCTTGGCGGTGAGGTTCGATCCGCTTGGCCCTGGCGTT  
GCACCCGGCGGCGCAGCAATCGAGTTCGAGGTCGGCCAGTTCAGGGTGGTCTCCTGCAACTGCTGGCTGCCCCGGCGC  
AGCAGGTTGCGCACCCGGGCGAGCAGTTCGACGAAGGCGAACGGCTTACCAGGTAATCGTCGGCGCCTTGTTCGAGGCC  
GCGCAGCGGTCTCTACGGCATCGCGGGCGGTTCAGGAACAGCACCCGGTACGGTTCATCCCGCGTTCGCGCACGCTGCGCA  
GGATCTGCGCCGTCAGGCCCGGCGAGCATGACCTGAGGATCAGCAGGTCGATGTCGCGCCAGGGCCAGTTCGTCG  
CCCTCGTTGCCATCGTCAGGTCAGGTCGACGGCGAAGCCTGCTCAGGCGGCCCTGGCGAGTTCGCGGCTGCGCGG  
TTCGTTTCGACGATCAGCAGTTCATGTTTCATCCCTCGTTACATTTGCCGGCCATGCCAGGCTTTCGACAGCATCG  
TAATCAGTGGGTAACGGGGGCGACAGTGGCCCCCGCGCAGACTACAGGGGAACCTCATTTCGAGGAGACTTCCCATGCGTAC  
CTTACTGCCTCCACCCTCGCTTTCCTGCTGGTCTTCGCCCCGACCGTTCGGCCATGGCCGACAGCGGCGGCGACATCG  
TCTTCGAGCGCATGCAGGCCAGGCCGCCAAGGCTCGTTCGCGCACACCAGGAGAAACTGGCGAAGCAGGCCGAAAGCGACG  
AAGAAGGACAAGGAAAACCTGCTGATCGCCAGTTCCTTCCACCCCGGCTCCACACGGGATGACGGAGGGCTCCGATCCCGT  
CTTACCCTCCACCGGTTCCCTGGTTTCCGGTTCGCGGGCTTTTTATGCCCCGTCGGTGGCGCTGGGCGATCTTAGCCTTC  
GCGGTCCGCAACGGCGGAAGCTGACAAAGATGTAATGCTCCCGACAGCCAGCCGGCAGGCGCAGCGACACAGGATAGGC  
GACATCAACCCGATGGAGATTCCCCGTATGTTTCCGCGCCGCTGCTTCCCGCTTCCCTGATCGTCTTCGCGTGTCTTT  
CGGTGCCAGCGCCAGGCTTCGCGGGCCACGGCCAGGCTTCGGCAAGCCGGCCAGGCCGCGCAGGCCAGCCGACGCA  
TCGAGGTGGTGTTCGCGGACATGTACTTCAAGCCGCGGGCGATCGAGGTCAAGGCCGGCGAGACGGTCCGCTTCGTGCTG  
AAGAACGAAGGCAAGCTGTTGCACGAGTTCACCTGGGAGACGCGGGCGATGCATGCCGAGCACAGAGGAGATGCTGGA  
GATGCAGCAGTCCGGGATGCTCACCCGACCGGCATGGCGTTCGATGGACCATAGTCAGATGGGCCACGGCATGGCCGGCA  
TGGACCATGGCCGGATGATGAAGCACGACGACCCCAACAGCGTTCGTTGGTTCGAGCCGGGCAAGAGCGCCGAGCTGACCTGG  
ACCTTCGCCAAAGCCACCCGGCTGGAGTTCGCCTGCAACATCCCCGGCCACTACCAGGCCGGGATGGTTCGGTCAACTGAC  
CGTGCAGCCCTGAGCCGGCGGACGGCCGGCGTGAAGATGCCGGCCGATCCGTATACACTTGGCCGCGCCCGCCAGTTCGCG  
CGCGGCGCGGGGAAAGGCCCCCTGCGCGATTCATCCAGCAGGTTTCCCTCATGCAGCATCCCGCGAACATTCGCCGCTG  
GGCAAGACACGCAATCGTCTCCAGCTACACGCGTTCGCTGTTCCTCCCATTTACGCAAGCCGAAATGGGCGGAGCT  
TGGCCTGAGCGCCGAGACTCTGCCTTATCGCGGCGTGGATATCTGGAATGCTACGAGCTGCTTGGCTGACCCCGGCGG  
GCAAGCCGGTGGTGGCGATCGGCGAGTTCGATCCCGCGGACTCGCCGAACATCATCGAGTCGAGTTCGAGTTCGTTCAAGCTC  
TACCTCAATTCCCTCAACCAGTCCGCCTTCGACAGTTCGCGAGGCGCTCCGTACGGTGTTCGAGAAAAGATCTCTCGTCCGC  
TGCCGGGGCGCCGTTGGGCGTTCGCGCTGCGCAGCCTCGACGAGGTGGCCGAGGAGGGCATCGGGCGTTCGCCGGGGCGCT  
GCATCGACGAGCTGGACATCGCCGTCGACGGCTACGAGCAGCCGCGCCGGAACCTGCTGCGCTGCGACGCCGGGCGGATC  
GTCGAGGAGCAGCTCTACAGCCACCTGCTCAAGTCCAACCTGCCCGGTACCAGGCCAGCCGACTGGGGCACCTGGTGGT  
CGACTACCAGGGCCCGGCGCTGGACCCGGCCAGCCTGCTGGCCTACCTGGTTTCCCTTCGCCAGCACAGGACTTCCAGC  
AACAGTGCCTCGAACGCATCTTCCCTGACCTGACGCGCTGTTGAGCCGCGAGGCGCTCAGCGTCTACGCGCGCTACGTA  
CGCCGTGGCGGCCTGGATATCAATCCCTACCGCAGCCTGGCGGAGGTTCGACCCGACAACCGACGCTTGGTTCGCCAGTA  
ACGCCTCGCAACACGCGGATACGAAAAGCCCCGGCCATGCCGGGGCTTTTCATTTCCGCAAGTTCGTTTCAGATACCCATG  
TTGGCCAGGCTCTGCACGATGGAGCGGAGCGTTCGGCGGAGGGTTCGGGTGGCTGACCTCGAAGCGCTCGACGGCGAGGTT  
GACCCCATCGACCAGGCTGCCTTCGTTGAGGGCGTTCCTCGTTGGCCAGTTCAGTTCGATGTCCCTGATCAGGAGTTCAC  
GTTTCGGCGCGCTGCTCTTCGTTTCAGCGGGCGTTCGTTGCTCCAGTTGCTTCGCGCAGGGCGGACAGTTCGCGCAGCAGACTC  
TCTTTCGGCATGGTATTTCCCTCGACGTACAAGTCTTCGGTGGACCTCCGGCGGGCGCCGAAAGGTTCCGTCCATGCCGAA  
CAGATTAACCTGTTCGGGCGCAGATGTGCGCGATCCGGATCAATCCGAGCAGGCGTTCAGCAGCGGGAAGAAGTTCGCTC  
AGTTCGGGGTTCGCGCATGGCCGGGTCCTTGGCCAGGTCGTCGAGGCGGCGCAGGGTTCAGGCCGCTTGGGATAGGGCGC  
CTTGATATAGGCGCGGCGGACGCTCGTCAACGGCCGCTTGGCCGATACGTCAGCACCAGGCTGTGCCGGGAGGCCGCGCAGGC  
TGGCGTGGTAGCTCGGGTCCACCGCGCAGAGGAAGCGCTTGGCCGATACGTCAGGCGCACCCGGTTCGCCAGCCGACTCT  
GGGAACAGCTCGCGCAGCAGGCGTTCGCCGAATTCCTCGTGGCGCAGGTCCTCCTCGTTCGATTCGCGCCGGGTTCTCGTA

GAGGTGGCCGATATCGTGCAGCAGGGCGGGCGACTACAAGGCTGTCCGAGCAGCCGGCGGCTCGGCCAGGTTGCACACT  
GCAGCGCTGCTCGGCCTGGCTGACTGCCTCGCCATAGGGCTCGGCGCCATGGCTGGCGAAGCGTTCGGCCAGTTCGTGC  
AGAAAGCGGTGACGGGCGCGGCTCATGGTTTTTCTCCTTTTCAGGCGGGACGGCGAGGTCGTGCAGGCAGGTTGCAGC  
TCGCCCAGGTGATCGATCACGGAATGCACGCCAGGCGGTACAGTTCAGGGTGGCGTCGGCGCGCAAGCGGTTCGCGCTC  
GGTGTGTCCGAGAGCGTCCCAGTCCGGCCGGCGAGAGGCCGACGACGGCCCGCTGGCGGCCAGGCCGATGGTCCATAGCC  
CGGCATTGAGTCCGGCCTGGAGTTGACGCGGTTGGGCGCTGACCAGCACGCAGCCGTCGAGGGCGCTCGATGCCAGCCGG  
GCGAGGGCCTGCCAGCAGCCATCGGGGGCCGGCCAGGGGCGCGCCGGCGAGGGGGATCAGGGCGTCCGCTCGGCCGAG  
CGGCGCGCAAGGCGCTGGCAGACCGATTCCGGTAGCTCGTCCTGCCAGGCGTAGGGAATCCGTTGTTTCGTCCAGGCTCT  
CCAACAGGGCCACGGCACCGGGCGATAGCTTCGGCCTGTTCCCGGGCGCTTCGTGAGGGCTTGCTCCAGGCGTGGCGC  
TCGCTCTTGTTCGGTTTTGCGCCGAACAGGAAGCTTTGTGCCTCGGCGAAGGGCAGCAGACTGGCGTCGCGGAGGTGTT  
GGCAGGGCTATGCGGATGGCTGCGCAGCAGCGCCAGGGACAGGGTCCGGGCGCCGAAATCCACCAGGCGCGGAGAGT  
CGAAGAGCAGGGCGGTGAAGCGCGGGAGTTGGTCGGAGCTGGGCATGCGAAAGGCGTCTGGCAAATGGTCTAGGCCAGCC  
TAGAGGGGTTTTGTGACGCTGCCGTGACGTTTTTCGTGGCAGTGGCGATAGGCCGACGGGCTGCCGTTATAATCGGCCGGT  
CTGAATCAGCGAGGCCGTCATGCCGGTCGATCAATCTCGTCAGTACCTGCGCATCCGCGACCAGCTCGCCGCGGATATCG  
CCCAGGGCGTGTGCAGGTGAACTTCCCTCCGAGCGGGAGTTGGCCGAGCGCTTCTGTGTACCCGCATCACCTTTCGC  
GAAGCCCTGCAGCAACTGGAAACCGAAGGCTGGTCTATCGCGAGAACC GCCCGGCTGGTTCGTGCGCCGCCCGGAT  
CCGCTACAACCCGACCCGTACCACCGGCTTCATGGAATACGTGAGCGCCAGGGACGCCAGCCGCTACCAGACGTTGC  
ACGCCGAGCGGCGAGCAGCCGGCGCCTGGCTGGCCAAGCGGATGGGGCTGGAGGACAGCGCGCCGTTGATTTCTCGCAA  
CGGCGCCGCTGGGTGGACGAGCGTCCGGTGTGATCGAACTGATCGCCCTGGATGCCGGTGGTGGCCAGGCTGTGGA  
CCACGACCTCGATACTTCGCTGATGAGCCTGCTGCGCGAGCGTTTTCGGCCTGCAGCCGACGCGCTGCCAACTGGCGATGC  
ACCCGACCGCGCTGAACGCGGCCAGGCCGAGCCGCTGCAACTGGCGCCGGGTTTCGCCGGCGCTGTACCTGGAGCGACTG  
AGTTACGCGGAGGGGCGAGGGTGGTTCGAGTTCGACCAGGAGTTCGGCGCCCGGACGCTCTGGAGATCGTGTTCGACGC  
GGCCTATCCGGGCGCCTGAGTCAGGCGATCGCGGCGCGTATGCTGTCCGGCACGGGCGTCGAACGGTTTTCCGCGTGGCG  
CACCCAGACCAGCTTGCAAGTGGCCTTCGCCATAGGTGCCTTTCGGATCTTCCAGGGTGTGCAGGCGATGTTCCAGTACCA  
GGCTGTGGTGGCCAGCCTGCCGGCGTACAGTTCACCACCCAGGCTGGCCGGATGCACCACCGGCTTCAGGTAGGTGTGC  
AGGCTTTGCAGCACGGACCCCGCTCGGCAGCGCTTCCAGGTCGATGCCCGAGGGTTTCGAACCAGGCCACCCGGGCTC  
TTCCAGTACTGAAATAGAGGGTGTGTTGACGTGCCCGTAGCTCCATGTGCCCCAGCCAGCCAGGATATGGGCCG  
TGTGTAGCAATTGTCTGTGAGCCATCTCGTAACCTTCTAGTCTCAAATCGATGCGAGCCTATATACTGCGCGCACGCT  
GAAGCCGCGCTGGCGGCCAAGACTAGTCATGCAAAGGAGATACAGCAATGCGCGCCCGCGGCGTGAACGGATCGAACGT  
AGTGCCGAATCCTGGCTTGCGCCAGCCTCGCATTGGCACCCACGCTGTCCCTGGCGGCCAGTGAAGAAGACCCCTGGGA  
AAGCATCAACCGTCCCATCTTACCTTCAACGACACCCTGGACACCTATGCGCTGAAAACCGCTGGCCCAGGGTTACCAGA  
AGGTCACCCCGAACTTCGTTTCAAGACGGCGTGCACAACCTTCTTCAACAACCTCGGCGACGTGAAGAACCTGGCCAACAAC  
CTGTTGCAGGCCAAGTTCCACAATGCCGGCGTGGACACCAGCCGCTGCTGTTCAACAGCACCTTCGGCTGGCCGGCTT  
GATCGACGTGGCGACCCCGATGGGCTGCAGCGCAACGATGAGGACTTCGGCCAGACCCTGGGTTATTTGGGGCGTCGGCA  
GCGGCCCGTACGTGATGCTGCCGTTTCTCGGCCCGAGCAGCTGCGCGATGCCCCGGCGAAGATCCCGGACATCTATGTC  
AGTCCCTACCCTACATGGACGACGTACGCGCGCGCAACGTGATGTTCCGGCATCAATACCGTGCACACCCGTGCCAACCT  
GCTGAAGTCGGAATAACTGATCAGCGGCGACAAGTACATCTTTCATCCGCAACGCCTACCTGCAGAACCCGCGAGTTCAGG  
TCAAGGACGGCGAGGTGGAGGACGACTTCTAAGTCGACCCGCTTCGTGCGACACCTGGAAAGGCGGCCCTTGGGTGCGCT  
TTCGTGTTTTAGTGGATCGCGACGATGCTCAGCCCCAGGCTATGCCGACCCGGGCCGAGGCGTTCGACGCGCACCCAGC  
GGGCTTCCAGTTCAGGCCGGTGGAGCGTCTCGTGGGTGGACGGGATGCTCACCCGACGGTGGTTCGCCCGGAGCCAGTTCG  
CTTTGCGCTTCCAGCAGCAGCCCGCTGGCGGACAGGTCCCGGCACAGGGCCACCAGCTCGTGGCCTTCGACGCGGATGGT  
GACCGGGGTGTCGAGCTTCATGCGGATGAAGTTCGCGCTTCTCGCTGTAGTTGTGCTCGATGGGCTGCATGGGCTGATCCT  
CATGTTGCGGGCGATGGGAGGGCGACTGGCAATCCTGGCGATTATCGTCAAAGTTTATACCGTGCAGGACGGGATCGGACG  
GACAAGGGCGGATTTTTCCGGCAAAGGTCAACGGCTTGAACGATGCTCAACGGATGGGAGTACCGTTCGCGCTTGTGCAACC  
CCGTAGCCGCGCTGTTGTCACTTACAATAAGCGCCTAGGACCCACTGTTTCCGGCCCGCTTTCGCTGGATGACCCATGCA  
TAAAGTCAGTGCCACGCTGCTGATCATCGATGACGACGAGGTGGTGCGCGAAAGCCTCGCCGCTACTTGGAAAGACAGCA  
ACTTCAAGGTGTTGAGGCCCTCAACGGTCTGCAGGGCCTGCAGATCTTCGAAAAGCGAACAGCCGGACCTGGTCAATTTGC  
GATTTGCGCATGCCGAGATCGACGGCCTCGAACTGATCCGCCGATCCGCCAGACCCTTCGGAAAACCGCGATCATCGT  
ACTTTCCGGAGCCGGCGTGTGAGCGATGCGGTGGAAGCCTTTCGCGCTGGGCGCGCCGACTACCTGATCAAGCCCTGG  
AAGACCTCGCGGTGCTCGAGCATTTCGGTGCGCCGGGCCCTGGATCGCGCTACCTGCGGGTGCAGAACAGCGCTACCCG  
GACAAGCTGGAAGCCGCCAACCCGCAATTGCAGGCCAGCCTGAACCTGCTTCAGGAAGACCAGAACCGCGCCGCCAGGT  
GCAGATGAACATGCTTCCGGTGCAGCCGTGGAGCATCGAGGGGCTGGAGTTTTCCACCAGGATCATTCGCTCGCTGTATC  
TCTCCGGCGACTTTCGTGACTACTTCCGGGTGCAGGAGCGACGCGTGGCGTTCACCTGGCCGACGTTTCCGGCCATGGC  
GCTTCTCGGCCTTCGTACGGTGTGCTGAAGTTTCATGACCACGCGCCTGCTCTATGAGTCGAGGCGCAACGGCACGCT  
CCCGGAGTTCAAGCCGTCCGAGGTGCTGGCGCACATCAACCCGCGCCTGATCAACACCAAGTTGGGCAAGCACGTGACCA  
TGCTCGGCGGGGTCATCGACCTGGAGAAGAACAGCCTGACCTACAGCATCGGCGGCCACCTGCCGCTTCTGTGTTGTTTC  
GTCGAAGGGCAGGCGAGCTACCTGGAGGGCCGTGGCCTGCCGGTGGGCTGTTCGACGATGCGACCTATGACGACCCGGT  
CATGGAGTTGCCGCCTTCCCTCAGCCTGTGCTGTTTTCCGATGGCATCCTCGATGTGCTGCCAGGAGCTACGCTGAAGG  
AGAAAGAGGCTTCGCTACCGGAACAGGTGGCAGCCGCCGGAGGCACCCTCGACGGGCTGCGCCAGGTCTTCGGGCTGGCC  
AACCTGGCGGAGATGCCGGATGATATCGCCTTGTGGTGTGAGCAGGAACCTTGCATGAGTACCGGTAATAATCCAGTTT  
GCCGAAGACAAGCCTCCTTCGTTCTGAAATTCGTGAGTGGTCCGCTCACCTGTGCTCGGCCCTGGATTCCACCAT  
CGAAAAGATCTTCGCTGCGCTGAATTTTTTCGGCGATCATCATGCTTACCGAAAACCCAGAGCATCGATAGCACCCAGC  
TCGGCCTGCTGGCCAAGCTGTCCATCCTGTGCGCGCAGAAAATCGGTCTGTTGCCACGCTGGTACCACCAATCCGGAC

ATTACCCGTCTGTTGCAGTCGATGGGCTTCGATCAGGTGTTCAATATCGTTCGATCGTCCGATTCGGTGCCCGGAATGCCT  
 GTCCGACCTGCCGCCGAGGACCAGTCGGAAGATGTGGTGCAGCGACAAGGTTCTGGAGGCGCACCGCATCCTGATGGGCC  
 TCAACGAATCCAACCGCGAAGCCTTCCACGACCTGGTCAGCGCCCTGGAGCGCCATTAACCGGTCGATCCCTTCCCGAAT  
 TCCTGCTGAATCCTCCGCTGCGCCGGAACGGGACGCCCTGCATGCGCGTCCCGCCGGCAGCGGCATCAGTGGCGGGTCCG  
 CCAACTGGTATTCGAGCTTTTCTGGTTCGCGTGCGAACAGGCGGATGCCTTTCGGCGAGCTTTTTCGGTGGCCATGGCGTCC  
 TCGTTTCATCTGCCAACGGAAGCGCTCTCGTCGAGCACCTGGCGCGGCTCGCCTTCGCCCCGGCAGCAGCAGGCGCGGCAG  
 CTCGCCCTGAGCGTCAGCCAGTTGTTGCAGCAGGTGGGACTGATGGTCAGGCGGTTCGAGCCGGCCAGTTGCTCGATCT  
 GGCCGAGATTGCGGAAGCTGGCGCCCATCACCACCGTCTTGTAGCCGTTGGCCTTGTAGTAGCGATAGATGCGCGAGACC  
 GACTGCACGCGGGATCCTCGGCGCCGACGTAGTCGCGGTTCTCGCTCTTGTACCAGTCGTAGATGCGCCCCGACGAA  
 CGGCGAGATGAGGAACCCCCGGCGTCCGCGCAGGCCACCGCTGGGCGAAGGAGAACAGCAGGTCAGGTTGGTCTGGA  
 TGCCCTCGCGTTCCAGAGTCTCGGCGGCGCGGATTCTTCCCAGGTGGAGGCGATCTTGTATCAGCACCCGCTCGCGGTCCG  
 ATGCCCTGTTTCGTCGTACAGCTCGATCAGGCGGTGGGCGCGGGCAGGGTGGCCTCGCTGTCGAACGACAGGCGCGGCTC  
 GACTTCGGTGGAAATACGTCCGGAATGACTCCGAGGATGTCCTTGCCGACTGCCACGGCGAAGCGGTTCGCAAGCCAGTC  
 CGGCGTCCGCCCGCTACCCGCGGTAGCCTGTGCAAGGTGCTCGGCGTAGCGCGCAGGGCGGGCGGCTTGAGCAGCAGC  
 GACGGGTTGGTGGTGGCGTCCACCGGCTTCAGGCGGGCAATGGCATCGAAGTCGCCGTTGTCGGCGACCACCGTGGTGT  
 TTGCTTGTAGTTGTTCCAGCTTTCGAAGTCATGGCGAGGTTTGTTCAGGTGGGTTCTTGGGAAGAAGAATCCCCGACCTTA  
 CCCGAGCCGCGAGGCGCGGCTCAATGGGAGCTATCGCCCCGCCAGAAGTTCAGCGCCTGGTCGAAAACCCGAGCGGATC  
 GCGCGCCTTGTGCACGTCCACCGAGAGCAACTGGCGGAATCGCCGGGAGCCGGGGAAGCCCTGGGCCAGGCCGAGGATAT  
 GCGGGTCCAGTGCATCGCGCCGCTTCGGCCTGGTGTGCTCGATGTACGGACGACAGCGGAGCAAGCCCTCGCTG  
 CGACTGAGCGGCGCGCTTCGCTGCCGAACAACCTGGCTGTCCACCGCGGCCAGCAGGTAGGGGTTGTGGTAGGCCCTCGCG  
 ACCGAGCATCACGCCGTGCAAGGTCTGCAGGTGCTCGCGCGAGGCTCTAGGGTCTTGATGCCGCCGTTGAGGACGATCT  
 CCAGGTCCGGGAAGTCTTCTTCAATTGCGCCGCGACCTCGTAGCGCAGCGGCGGCACCTCGCGGTTCTCCTTGGGCGAG  
 AGCCCTTCGAGGATGGCGATCCGTGCATGCACGGTGAAGTCCGGCAGCCGGCTTCGCGCACCTGGCCGACGAAATCGCA  
 GAGCTCGGCATAGCTGTGCGCCCCGTTGATAACCGATGCGGTGCTTACCCTCACCGTATCTCCACCGCATCCAGCATCG  
 CCTTACGCGAGTCCGCCACCGCGCCGATGCCCCATCAGGACGCGCCGATCATGTTGTGCTGGACCCGGTTCGCTGGGG  
 CAACCGACGTTGAGGTTGACCTCGTCGTAGCGCCCTTTCGCGCAGCGCGCAGGCCGCCAATTCGCGCGGCACACT  
 GCCCCCCAGTTGCAGCGCAGTGGGTGCTCGCATTCGTAGCGAGGAAGCGCTGCGGTCGAGCAACGCGTGGCGC  
 CGGTGGTGACCATCTCGGTGTAGAGCAAGGTGTGACGGGACAACCTGGCGCAGGAAGAAGCGCGAGTGGCGATCGGTCCAG  
 TCCATCATCGGCGCAACGGAAGCGGCGTGTAGAGGGCGGCGGGGGCGTGGTTCGGTTCTGGGCGCATCGGGACTTCGGT  
 AGGGGAGCGGAGCAGGGCGAGGGATTTTATCAGGGATGG

### PAGI-2(C) flankierende Sequenz rechts, 27284 bp

GATCCGCCGGGCATAGCCGAGCAGCACCTGGCCTTCGGCGGTGAGGCGGGTCTGCCTTCCGTCGCGCTCGAACAGCGAGC  
 GCTGCAGGACGTCTCTTCGAGCCGCTTTCATCTGCATGCTGACCGCCGACTGGGTGCGATTACCCGCCCTCCGCGGGCGCGG  
 GTGAAACCACCGTGCTCGGCGATGGCGACGAAGGTGCGGAGCAATTCCGTATCGATGCCGGGCTGGTAGCTCATTCATCA  
 ATCTCCAAGATGCATTGCATAAGAATGATTCGTTGGATTGATCCTATGCCTGGCGGGACACTGTGCCTATCCCGAACGGA  
 GGGCAAGACGATGAAAGGTCAACAGGATTATTTTCGGCAGTCACTTCCACGCTGCATCCATCCCGCCTCGACCGCTGCGC  
 CGTCTGTTGTGGCGTTCGCTGGCGGCGCTGGTTGCAGTTGGCCCCGAGCGCCGGAACTGCTGAGGATGAGCGACGAAGCG  
 CTGAAGGACCTCGGCCGTGAGTCGGGCGGATATCTTCCAGGAGGGCGAGCGGCATTTCTGGGACGACCCGCTGCGTCGGCA  
 TTGAGCGAACCAGCGCGCGCCAGGCTGGCACGGCGCGGAGGCGCGATAGACTCGCAGTCTCCTTCATCGACTGGGG  
 CGCTCCATGAGTCTTTCGCTTTCCCTCGCCGAAGCCCGCCGCTGGCCCTGGCCCGCAGGGCTTCGACGCTCGGCGGAC  
 GCGCCGCGAGCTGCAGCGGCGGCATCTGCGCGAAATGCTGCGCGCCTTGGCCTGTTGAGATCGATTCCGGTGAATGCGC  
 TGGTGCCTCGCACTACCTGCCGCTGTTTTCCCGTCTCGGTCCCTACTCCATGACGCTGCTCGACGAGGCGGCCCTGGAGT  
 GTCGGCCGTACCCGCCAGTTGTTTGAATACTGGGGGACAGAGGCTCGCTGCTGCCGCTGGAACACTACCCGTTGATGCG  
 CTGGCGGATGCGCCAGGCGCGGACGCGCAGGGCATCTACCAGCAACTGGCACGTTTCGGCCGGGAACAGCAGCCACTGA  
 TCCGCCAGGTGTTGCAGGCGGTGCGCGAGCAAGGTGCGCTAGGTGCCGGCAGCCTGAGCACGCGGCAGGAGCGGGCCGGT  
 CCCTGGTGGGACTGGAGCGCGAAAAGCATGCGCTGGAATGGCTGTTTCGCCGCGGCGAGCTGACGGTGGCCGACGGCG  
 CGGCTTCGAGCGGCTCTATGACCTGCCGGAGCGGGTGTTCGCCGGAATTGCTGGCGCGCCCCGAGCTTTCGAGGAC  
 AGCCCCAGCGGAGCTGTTGCGGATGGCGGCGAGCGCCCTGGGCGTGGCCACCGAAAAGACCTGCGCGACTACTATCGG  
 CTGAGCCCCGCGCAGAGCCGCGCGCCTCGCCGAACCTGGTGGAGGCTGGCGAGCTGCTGCCGTTCCGGTTCGAGGGCTG  
 GAGCCAGCCGGCCTACTGCCCGGCGAACCGCAGGTGCCGCGGCGGCTAGGCGCCAGTGCCTTGTCTCGCCCTTCGACT  
 CGTTGGTCTGGGAGCGGGCGCGGGCCGAGCGCCTGTTTCGATTTCCGCTATCGCCTGGAGATCTACACGCCGAAGGAAAA  
 CGCGTGTACGGCTACTACGTGCTGCCATTCCTGTACAACGGCCGTCTGGTTCGGCCGCGTGCACCTCCGCGCCGAGCGGGC  
 GCGCGAGCGCCTGGTGGTGCATGCGTTGCATGCCAGGCGAACGGCATGGACGATGCCGCCCTGCACGAGCTGGCCGAGC  
 AGCTGCGCAGCATGGCCGCTGGCTGGGCTGGCGACGGTGGCGATCGAGGGGCGCGGGGAGTTGGCGGTACGCTTTCGCG  
 GGGGTGCTGCTCTAGCGAGCGCTCCCCCGGGCGGCGGGAGCGGCCGCGGCGGCTCAGCGGCGCACCTGCTTCAGGGTT  
 TCGGCGATCAGGAAGGCCAGCTCCAGCGACTGGTTCGGCGTTTCAGCCGCGGGTTCGAGTGGTGTGGTAGCGGTCGCTGAG  
 GCCGTCTTCGGTGTGCGGAACCGCCGATGCACTCGGTGACGTTCTGCCCGGTCATCTCGATGTGGATGCCGCCG  
 CGTAGCTGCCTTCGGCCTGGTGCACCTCGAAGAAGTGGCGGACTTCGGCGAGCACGCGGGCGAAGTTCGCGGGTCTTGTAG

CCGCTGGAGGCCTTGATGGTATTGCCGTGCATAGGATCGGAACTCCACAGCACCTGGCGGCCCTCGCGCTGGATGGCCTG  
GATCAGGCGCGGCAGGTGGTTCGCCGACCTTGTTCGGCACCACATCCGCACGATCAGGTTGAGGCGGCCGGATCGTTGTCCG  
GGTTGAGAATATCGATCAGGCGGATCAGCTCCTCGCTGTCCATGCTCGGCCCGACCTTGACCCCGATCGGATGGCCACG  
CCGCGCAGCATCTCGACATGAGCGCCGTCGATCTGGCGGGTGCGGTTCGCCGATCCAGAGCATGTGCGCCGAGCAGTCTGTA  
CCACTCGCCGGTCAAGGCTGTTCGGCGGGGTCAAGGCTTCTCGTAGTTTCAGCAGGAGCGCTTCGTGGGCGGTGAAGAAGC  
TGGTTTTCGCGGAGCTGCGGCGCACTGTCCAGGCCGAGGCGCGCATGAAGGCGAGGGTTCGTTCGATGCGGTTCGGCGAGT  
TGCTGGTAGCGCTCGGCCAGCGCCGAGTTGGCGATGAAATCGAGGTTCCAGCGGTGCACCTGGTGCAGGTTCGGCGAAGCC  
GCCCTGGGCGAAGGCGCGCAACAGGTTGAGGCTGGCGGTGGACTGGTGGTAGGCCTGCAACAGGCGCTCCGGGTCCGGCA  
CGCGGCTCTTCTCGTCGAAGCCGATGCCGTTGACGATGTCCGCCGATAGGCGGGCAGGGTACGCGCTTCTGCGTTTTCG  
TCGCCGGAGGAGCGCGGCTTGGCGAACTGGCCGGCCATGCGCCCGACCTTCACTACCGGGCAGCGCGCGCAAGGTCAT  
TACCACCGCCATCTGCAACAGTACCTTGAAGGTATCGCGGATCTTCGCCGCGGAAAATTCGGCGAAGCTTTCGCGCAAT  
CCCCGCCCTGGAGCAAGAAGGCGCGTCCGGCGGTGACTTCGGCGAACTGCCGGCGCAGCTCGCGAGCCTCGCCGGCGAAG  
ACCAGCGGCGGGTATCCGGCGAGGGTCTGCTCGACCCTGGCCAGGTGCGCGGCATCGGGGTACTCGGGTTGTTGCTGGAT  
CGGCTTGGCCCTCCAGCTCTCGGGGCTCCAGGACTGGCTCATCTACGACTCTTGGCAATGCTCGGGAAAGCGGATTCGCG  
CATGGTAGAGCAGCTCGCCGAGCGCCGAGCGATCGTTGCAATAGCGGAAATCCATCGTCGGGCCGGCTTTGCTATGC  
TGCGGTGCTTTTTCGGGAGCGCCTGGCGATAGCCGGCGAAGCGGCGGGGGAGGTGAGTGGTGAAGCAAGACGCTGCT  
GGTTCGAGGAGCGGACGAATACGGGGTTCATCCGGGTTCATCGAGTTCGGCGACTATCGCTTCTCGAGTTCGGCGACGGT  
TCGAGCAGAGCTGCGTGTTCATGCCCGATCCAGCCTGGCTGGAATACGACTACACCCGCGCCATGCTGCTCGGCGGGCT  
TGCCATTGCAACCGCGCTCGCGCGTGTTCCTCGGTTTTCGGCGCCGGCAGCCTGACCCAGGCTGCTGCGCCACCTGCC  
GCTGGAGGAGGCCGAGGCCATCGAGCTGCGCCCGCGATTCCGCGCCTGGCCCGCAGCATCTGGGGTTCGCGCAGCAGC  
CGCGCCTGCGATTGCGCATCGGCGACGCACTGGAGAGCCTGGGCGAATGCGCGGAGGCCGACCTGATCTTCTCGACCTC  
TATACCGATACCGGCCCGTTCGGCCGCGCACCTGGCCTGGAATTTCTCGGTGCTGCCAGGAGCGCCTCGCCGAGGATGG  
CTGGCTGGTGTCAACAGTGGAGCGGCACCGATGGCAAGCCGCTGGGCGCGCCGCTGCTGCGCGGGCGCTATCACCATC  
ATTACTGGGAGTGTCCGGTGGCCGAGGGCAACGTGGTGTGCTGGTTCGGCGAACCCTGGCCCTCGAACTCGACCAGGAA  
GCCCTGCGGACGCGTTCGCGCGGCGCTGGAGCCGCAACTCGGCTATTTCGTTGCAAGGCTATATCGACAGCCTGCGCCGGC  
CCAGTAGCCAGGCGCGCAAGGCGCAGCTAGCGCTTCGAAAGCGCTCCCGGGCGGCGTTCCTGGAGAGCGCGCAG  
GCCTTCTTGGCGTCTCGTGTTCGAGCAGGCGCTGGCGGCTTCGGCGAAGCGCAGCGCGGCGGCTTCGCTGAGAGCGCGC  
GCAGGGCCTGGCGCGCCGAGCCGAGGGTGGCGCGCACGCCAGCGGCGCCTGGGCGCGCAGCCGTTTCGGCGAGGGCGATG  
GCGTGGTTCGAGGAGTCTCCGGGGCGGTGACTTCTGCAACCAGGCCGAGACGATAGGCTTCGTGGGCGTCAATTCGTC  
GCCGGTTCGAGCAGCCAGCGCATGGCGTTGCCCGAGCCGGCGACCTGGTGCATGCGCAGTGTGCGGCCACCGAACGGGAGGA  
TTCCGCGCTGCACTTCGAGCTGGGCGAAGCGCGGTTGCTGGCGCAGAGGTTGATGTCGGCCGCCAGCATCAGTTTCGATG  
CCGATGGTGTAGCAGTAGCCTTGCACGGCCACCAGCGGCTTGTTCGGACCGCGCCGCGAAGGTGCCCGAGGGATC  
GACGGCGCCTTCGGGGAGTTTCAGCCCTGGCGGAAGGTTCGCGGACATTCGGCAGGTTCAGCCCGCGGTTGAAATGCT  
CGCCGTGGGCGAAGAGCAGGGCACAGCGCAACTGGTTCGTCGGCCTCGTATTCGCGAGCGCGGCGACCAGGTTCGTCGAGC  
ATCGGCAGGTTCGAAGGCGTTGCGCTTGGCCACGCGGTTCGAGGCCGAGCAGCAGCAGGTGGCCGCGCCTTCGCGGCTGAT  
GCGTCTGGGAGGGTTCGTTTCATGCGGCGGTTTTCTGGCGGGGGCGGGCAACGTCGGTATAGACGCTTCGGAATCGGGA  
TGTCATTGTCAGTCTCTCCGATGACGCATGTCGGAACAAACGCACACAAACGTCAAAATTCGGTATGATGCGCGCCGG  
TCAAAACTGACCCCGTTTCAGGACCTGCATTTTTTCGGAGCGCTGTGCTCTGGCTGTGTATCCGCTCTGCGGATTTCTTTA  
CGTAATCTTCTAATTCAAAAGCAATCTCGCAAATCCCCGCCCCAGCTGCCTGGGTGGCCGTTTCGGCCGTACAGGGCATG  
AGCAGCCATGGGTTCATGGGTCTTTGCGGATGTATACGAGGCAAAACCATGACTCAGGAAAACCGTTCGGCTTCGCCGCGCTC  
GGTATTCACCCCAATGTGCTCGCGGCAATCGTTCGCCGTAGGCTACGAAGAGCCTTCGCCTATCCAGGCTCAATCGATTCC  
GCTGATCTTCGAAGGCCACGACATGATCGGCCAGGCGCAGACCGGTACCGGCAAGACCGCCGCTTCGCCCTGCCGCTGC  
TGTTCGCGCATCGAACCCGAGCCGCGAGCCGAGATGCTGGTGTGCTGGTTCGCGACCCGCGAGCTGGCCCTGCAGGTTCGCC  
ACCCTGTCGAACCTATTCCAAGCAATTGCCGGGCTCGGCGGCTTCGCGGCTACGCGCCGCGCCTACGGCGCCGCGCCATGGGCGCA  
GCTGAAGGCCCTGCGCCAGGGCGCACAGATCCTCGTTCGCTACCCCGCGCCGCTTCGCGACCCACCTGCGCCGCGACGAGA  
AGCTGCTGGCCACCGTCCAGCGCCTGGTGTTCGAGCAAGCCGACGAGATGCTCAAGCTTCGGCTTCATGGACGACCTGGAA  
GTGATCTTCGAGGCGCTTCCCGAATCGCGCCAGACCGTGTCTTCTCGGCGACCCCTGCCGGCGTCCATCCGTGGCATCGC  
CGAGCGCCACCTGAAGCAGCCCAAGCACGTCAAGATCGCCGCAAGACCCAGACCGTGGCGCGCATCGAGCAGGTCCACC  
TGATGGTCCATGCCGACCAGAAGGCCGGTTCGATCCAGCGTCTGCTGGAAGTCGAGCAGTTTCGACGCGCTGATCGCCTTC  
GTCCGCACCAAGCAGGCCACCCTCGACTACGCCGAATTCGTCGAGCGCCAGGGCTACCGCGCCGCGCGCTCAACGGCGA  
CATGCCGACGGCCAGCGCGAGCGGGTTCATCGAGTTCGCTGAAGGACGGTTCGCTGGACATCGTCATCGCCACCAGCCTTG  
CCGCCCGGGGCTGGACGTACCGCGCATCACCCACGTGCTGAACATCGACATGCCCTACGACCCCGAGTCTACGTGCAC  
CGCATCGGCCGTACCGGCCGTGCCGGCCGGGAAGGGCGCGGCTGTTGCTGGTACTCCGCGCGAGCGGCGCATGCTGCA  
GGTATCGAGCGGGTACCGGGCAGAAGGTTCGGCGAAGTCCGCTGCGCGGATGCCGAGACCGTGTGGAGGCCCGCCTGG  
CGCGCCTGGCCGCGAGCCTGACGCCCTTGTTCGACAGCGCCGTCGAGCAGCGCGGCGGGTGCAGCAGCAGCTGTGCCGT  
CGCCTCGGCTGCGATGCCGAGACCCTGGCCGCGCATTCGTTGGCACGCCTGACCGCCGGCAAGGCGCTGGACCTGGAGTC  
GGTGGCGCCGCAACAGCCGCTGACCCCATCGGCACCGCGCGAGCGTTCGGACCGTGGCGAAGCGGGCGAGCGTCCGGAGC  
GCAGCGGCGAGCGTTCGATGGCGCCGCGAGCGAAGGCCGCTGCCGCTGCCGCACTGCCCTCGGCGCGCGCAGGGG  
GTTGCGGCGAAGAACCCTGCTGGGCGCGATCCTCAACGAGGGCGGCTGTCCCGGAGGACATCGGTCGATCCAGATTTCG  
CGATACTTTCAGCTGATCGAGTTCGCCGAGGCCAATTCGAGCGCCTGCTGACCAAGCTCAAGGACACCCCGCTCGCCG  
GCAAGGCCCTGCGCCTGCGCCTATCGCGAGGACTGAGGTCCAGCGCGATGAACAAAAGCCCGCTTCGGCGGGGCTTT  
TTCATGGGCTTGATGTTTTGTTGGCCAGACTGTTTTTCGCGCCTGCCCGGCTTCTCGTTTCGTCACCCCGGGCGAGCCCC  
TCTGGCAAGCGTCTAAAGGAAACAAAGGACTCGCCCAGCCGCCAGGGCAGGCACCACGTCGTGCATGTCAGACCTGCACA

TACCGAGGCCCTGATCCGCCCTATCCATGACATCGCGGATAACGCCTATGGCGTTATTTCGCGCTACAGGACTATGTGC  
CTCGGATTTCTGGCTGCCAGCCGAGTCCACCCAGCTTGCGGCGGGAAGCCGATGCTCTCCGCCAGTCCCCGAGAAAC  
CCTGTCAATCGAAGCGATAGATATCCATCCCCAACGAGCCAGGGTAAAGCCGCTGTGCTCGACCGCATCCCGCCGCCG  
CCCGCGCCCGGGCGAAGAACAGTGGCAGCAGGTGCTCGTTCGCTGGGGTGGTTGCGCGCCGCCAGGGCGCCTGCCGGCG  
GTAGTTCGTGAAGCGCGGCCTCGTTCGCTGGCCTGGAGCTTTTCCACCATCCAGTACCGGAACTCCCGCGCCAGGGCGCGA  
TGGCTTCCGGCCCGGCGCGCCAGTCCAGTTCGCCCAGGTTGTGGGTGATGCTGCCGGAACCGATCAGCAGCACGCCTTCC  
CCGCGCAGTTGGCGCAGGGCCTGGCCGACGCGGCTCTGCAGGGCCGGACCGAGGGCGGCTCGGCAGGGACAGCTGGAGCAC  
CGGGATGTCCGCCTGCGGGTACATCAGGCTCAGCGGCACCCAGGTGCCGTGGTGAATGGTTCGCTGTGGGTGCGCCTGGG  
CCGGCAGGCCGGCCCTGGAGCAGTTCGATCGTCCGCTGTGCCAGCTGTGCCAGCGCCGCTCGCCTTTGGCCGGGTAGCGCACGGCG  
TAGAGGGGGCGGCGAAAGCCGTAGAAGTTCGTGCCAGATATCCGGCACCGCGCCGCGGCTACCCCGCAGGTTCGTCGCTTTT  
CCAGTGCAGCGAAACCACCAGGATCGCCTTCGGCCGCGGCAGCTCTGTAGCCAGGCGGCGCAGTTGTACGCCGCTGGCGC  
CCGGTTCGAGGGCGAGCATCGGTGAGCCGTGGGAAATATAGAGAGTTCGGTAGCATGATTACCTCGTGACTCGGATGAGC  
CATGTTCCCTCGATCAATCGAAAACCAGTATATGTTTTTGGAGATACCTATCGACCCAGGCGTTAGGTGCGGGTCTC  
GCGCGCTACGCCGTTGGGCTTTCCGCCAGTAGCGCCGATCGTTCGAGGATCGCCCGGTCACGCTCGAACGCCAGGGGCA  
GGCGTTCCTGAGGAAGTCCACCCAGGTGCGGATCTTGGCGTCCAGGTAGCGCCTCGAGGAGTACAACACGAACACCTCG  
CGGACATGCAGTCGATGGCCCGGCAGTAGCCGCAACAGGCTGCCTTCTGCAGCGCGCGGGCGGCGACGAAGCCGGGCG  
CAGGCAGACGCCGAGCCCGGCCGCGCGGCGGCGCAGGCGGCTCGGGAAGGTTGACCTTGAGCGCCTCGTCGAGATCGA  
GCAGCGTTTCGCCGCGTTCGCCGACGAAGGCCAGCCCTGCGGGCAGGACGGCGCGCCACGTTTCAGGCAGCGATGCCGC  
AGCAGGTCTCCGGCGTGCCTGGCACGCCATGCCGTGCCAGGTATTCCGGCGCGGCACAGACCAGCTGAACACCTGGCC  
GAGATCGCGGGCGACCCAGGGTGCAGTCCGGCAAGGTTCCGGCCGAGGGTGCATCAGCACGTCACAGCCCTTCTCGAGCAGGG  
CCGGGGTGCCTGGGCCAGCGTGCAGGTGCAGCGGAGACGTCGGATGGCCGTCCAGGTAGTCCACCAGTAGCGGCATCAGG  
TGCTCGAGGCCAGTTCGGTTCACCGCGTGGAGGCGCAGGGCAGCCGTCGGCGTGGGACTGGCTGTCTTCGACGTCGCCCGC  
GGCGGCGGCGACCGTGCCTAGGATCTGCTTGAATGCTCGTAGTAGCGCAGACCCGCTTTCCGTCACCCAGCAGCTGCGCG  
TATTGCGTTGCAGCAGGCGCGCCGAGAGCGCCTGTTTCGAGCCCGGCACCTGGCGCGAAACGGTTCGCCGAGAGGTCCCC  
AGCGCCTGGGCGGCCTGGGTGAAGTTCGCGTCTCCACCACGCGGACGAAGGTCGGATACCTTGCAGCAGGTCCATTTT  
CAACTCCTTCGCCGCGTTCGCCGCGCCGCGGCGGCTCAGCCCGACCGCGGTCGGACGTTGGGTCCAGCCGCCCGCCAGCG  
CCTTGTAGAGGTTGACCAAGGTCAGCGACCCGCTTCGTCGCTGGCAGCTGCTGTTCTGTTCCAGCAGTTGCCGC  
TGGCTGTGCAGCACGCTGAGGAAGTCCACCGCGCCGCGCGGTATTGCTCGCGGGCGCTTCGAGGGCGCGCGGTTCTG  
CGCCACGGCTTCGCCGAGGCGCTCCTGGCGGCGCTGGTTGGCGGCGTAGTTCGTCATCGCGTTCGACTTCTGCCAGG  
CACGCAGCACGGTGCCTGGTAGTCGATGGCGGCTTCTGCTGCTGTGCCCTCACGTAGCTCCAGGCGTCCGCGCAGGCGT  
CCGCCTTCGAAGATCGGCAGGCTGAACGCCGGGCCGATGGCGAACTGGCGATGGTCCAGTCGCCCAGGCTGGACAGTTG  
CAGGGATTGAAACCGAAGTTGCCGTTGAGCGTGCATGCGCGGATAGAAGTCCGCCTTGGCCACGCCGATGCTGGCGGTAG  
CCGCGTGCAGGCGCGCTTCGGCACGGCGGATGTCCGGGCGGCGCTGGGCCAGTTCGGACGGCAGGCCGACCGGCACGCTG  
CCCGGCGGACCGGAATCGCCCGCGCCGGGCGGAGTTCCGGCAGCAGGCTGCCGGGCTGGCGCCGACAGGTAGCCGAG  
GGCGTTGACCAGGTGCCTGGTTCTTTTCCACCTCGGGCAGGCGTGCCTCCATGCTGGCCACCTGGGCCAGCGCCTGGG  
CTACCTCGAGGTTCGGTAGCGACGCCGTTGGCCAGGCGCGTGCGGGTGAGTTCAGGCTGCGCGCTGCAGTCTCGAGGTTG  
TCGGGATGATCGCCGACGTTCTGTTCCGCCACGCAACTGGATATAGTCGCGCGCGGCTTCCGCCAGCACCAGACCTG  
CACGTCGCGCAGTTCGTTCTCGCTGGCTTCCACCGTTCGCGTTCGGCGGCTTCCAGCTCGCGTTCGCACCGCGCCCGAAGT  
CCAGCTCCCAGGAGGCGTGAAGCCGGCCAGGGCGTGGTTGTAGTTGCCTTTGCCGGCCTTGGCCGAGGGATCGAACAGG  
CCGGCGCTGGTGGTCCGCTGGCGCTGGTAGGTGCCGCTGGCGTCCACCGAGGGCAGGGCGTCCACCGCCAGGCTGCGACG  
GATCGCGCGGCTCTGCTGCAGGCGCGCCGCGGCGCTGCGCAGGTTCGAGGTTGGCACGCTGGACCCGTTGCAGCAGGGCGT  
TCAATTGCGCGTTCGTCGAACAGCGTCCACCATTTGGGCTGCGAGCGGCGCGGCGGCGAGGTTGGTGGGGTTGCCGGCAGCG  
GCCTGGAGACCAATTCGCGGGGCGCAGGGCGGCTCCGGCGGGTGAAGTTCGGGGCGAGGCTGCAGGCGCCGAGCGCCAG  
GCTGGCAATAAGCAGGAGCGGAGTGCCTTTTCATTGCTGGGCGACCTCGCGGAGCGGTTGCCGTTGTCGATGTCGATCCG  
TGCTTCCACCGACATGCCCACACGCAACTTGCCTGCCATGGCCTGGCGCGGCTCGAGAACGATCTTACCAGGATCCGCT  
GGACCACCTTGGTGAAGTTGCCGGTGGCGTTGTCCGGGGCGATCGGCGCGAAGCTCAGGCCGGTGGCCGTTGCGATGCTG  
TCGACATGGCCGCGCAGAACCTCGCCGGGGAAGGTATCGACGCGGATCTCCACGGCCTGTCCGGGAGAGACGTTGGGTGAG  
TTGGGTTTCTGAAATTGCCGACCACGTAGGCTGCTGCAGTGGCACACCAGCCAGCAGCGGCTGCCCGGCGTGACAT  
AGGCGCCGACGCGCAGTTGGCGGCGGCGCAGCTGGCCGTGAAGGGCGCGGAGTTTCGAGTAGGAGAGGTCCAGTCCG  
GCCTGGTGCCTGCGCCTGCATGCGTTGCAGGTGCCACGGCCTGGCCGACGCGGGCTTCGAGGACGCTCACCTGCTT  
GCGCGTGGCATCCACTGCGGCTGGCCCTCGGCCAGCCGGGCGCTGGCGGTATCGATCCGCGATTGCGCCTGCTGGGCGT  
TCTGCAGGCTGCCGGCGCCCTTGTGTCGAGGCTGTTGTTAGCGGCTTTGCTCGTGACGGGCGAAGACCAGCTCGGCCTGC  
TCGGCGCGGACCTTGGCCCGCGCCTGTTTCGATCAGCGCCTGCTGGCGTTGCAGGTTGGCTCGGCATTGGCCAGGTTGGC  
CTCGGCACCGAGCACGTCGGCTTCGGCGGCGGCCAGGGCGGTGCGGAAGTTCGCGGTCGTCGAGGCGGGCGAGCAACTGGC  
CGGCCTTGACCGGCTGGTTGTCTTCGACCAAGCTCCTGGACGAAGCCGGCGACTTTTCGGCGCGACCCAGGGTGAATCG  
GCGTGCACATAGGCGTTCGTCGGTGTCTGTCACGACCCGTGGGGCGAGCAGGTGGAACAGCAGGTAGACCAGTAGGGTCCAG  
GACCAGCAGGGCGGCGAGCAGCAGGCTGCCCTTTCGCGAAGTGCATGAACGACATACAGCGACCTTTTCAGTGTGTGGGAGC  
GACCGGGCGGGGCGGGTAGGCCCCGTTGCCGAGGATCGGAATCAGGATCAGCAGGGCGCAGGCCAGGCCGGCCATCGCCA  
GCAGCACGTCGGCGTTGCCAGCACCTGGGCTGTTGGCGGGCCTGTTCCGGCCAGGTGCTGCCAGTGCAGCGCCGGAGTCCG  
GCGCCCGGTTGCAGGCGGCGATCTGTTGCAGGCGCAGTTCGACGGCCTGGGACGCATTGCCAGGTGATCCACCAGGCG  
TTGGAGTGGTAGTGTTCGCGGGCGGTGCCAGGGCGGATCACCAGGTTGGCGACTACCCCGGAGAAGCCGCGGACGG  
TGTTGAACCAGGCGGAGCGAAGGGTCCCTCGATGGGCGCGATGACGCTGGTGGAGAGCATCAGCAGCGGAATCACCGCC  
ATCGGCTGGCCGACCACCAGTAACAGCATCGGCAGGTAGAAGTCTCGCGCACCCAGTCCGCCGTGAGTTGGCTGAAGCT

CAGGCAGGCACCCGGCGCACAGGCACAGGCCCGCAGGCCAGCACCCAGCGGCAGTTCGACCCGCGGGATGTTGCAGAGGGCCG  
CCACCAGCGGCAGCGCAGAGCTGCGGAAGGGCCACCAGCAACACCATGGGTACGCTCTGCAGGGGGCGGTAGCCGCGG  
ATCTCGGCGAGGAATTCGGTTCGGCACGCCCATGCTCGCGCCGAGCACCACCAGCACGCCGGCCAGGGTGATCAGGGCGAA  
GGTCAGGTTGCGGCGCTTCAGCAACTGCAGGCGGAAGAACGGCAGCGGGTGGCTCCATTCGTTGACCAGGAACAGCCCCA  
GCAGGAGGCTGCCGCTGCCAGCAGCAGGCAGATCAGCGGCGACTCGAACCAGTCCAGGCGTTCGCCTTGCAGCAGACCG  
ATCACCAGGGCGCAGATCGCCGGGAAGCCGGTGAGCAGGCCGATGCCGTGCAACTGGCGGAAGCGTTCAGGCGCACCGG  
GTCCTGGAGGATGCCATGGGACACCGCGGCCATCGCCACCAGGCACAGTGGAAATGACCTGCCAGAACACCCACTGCCAGC  
CGACGTATTCGAACCAGAACGCCGCCAGTGGCAGGCCAGGTTGGGCCCGAAGGTTCGCGGTGAGGGCATAGGCGCCAGG  
CCATAGAGCTTTATCCCGGGTGGCAGGAAGCGTAGCGCCACGGTTCATCAGCATTTGGCGGCAGGCAGCCGCCATCAGCCC  
TTGCAGGGTGGCAGGACCAGCAGGCTCTCGAGGTTCCGGCGCAACGGACAGAGCAGGCGGCAAGCGTTCAGGCGCACCG  
TGGCGAAGAGCGTGAAGCGGCGCAGGGAAAAGGTCACCGAACACCAGGGCGCGAATGCCATGGCGGCGACCTGGGTGGCT  
TCGTAGAGCACGGTTCAGCCAGGTGCCTTCGTTCATGGCCAATGGCGAGTGCGCCGCGCACATCGGTTCATGGCGATCTCGGT  
GACATGACCATTGAGACCGGCGGTGAGCGAGGCGAGCAGCACGCCGAGCAGGCTACCACGATGCGCGCGCCGAAAGGCT  
GGGCGGCGGGGGCTGCGGTTGGCGTTCGGCTGGCCGAGCGGGGTGGCGAGCGAAGTTCATCGCGACCTCGCTACGGCGAGGG  
TGGGGAAACAAGGCATGGGCGGAAACTCTTCTGATTTCCGCCGAGTCTAGGAGCGTCCCGGTAGTGTGAAAATTGAAAT  
GATCGAAATGAATCAGTGCATTTTGTGCATCTGTTTCAGTTGGAGCCAAGCAGCGGATGGGGATCGCTCTGCACCTCCTC  
GCAAATCCGCTTGATCGTTTGGCCGAACAGCGGTGCGCGGGATCGTTGTGAAAGCGTGGATGCCAGGCTGGACCACCA  
TCACGGTCTTCAACGGCACCCGGGATGTGCAACTGGCGCAGGCCAGGCCAGTTCGGTTGGCCCGCCACAGGGAATGCTCG  
GCGATCGGCAGCAGCAGGTTCGGAGCCGGGCAGGGCGAAGATCGCCGAGTGGAAAGTTCGGGCTGATCAGCTTGACGTGCGG  
CTTCAGGCCGAGTTCTCCAGGGCCTGGTCCAGCGGTCCATGGTTGAGGCCACGACGCGAGACGGCGATATGCGGAAAAG  
CGACGAACCGCTGCGGAGTGATCTCGCCGTGCAAGATCGGGTGGCCCTGGCGGGCCAGGCCGACGAAGCGGGTGGTGAGC  
AACTGCTGGGTCTTGACCTCGGGTTCATCCAGGACGAGGCGCCGATGTAGAGGTTCGATGCGGTTCTGCCGAGTGCCCTC  
GTCGTGATGTCCGACTCCTGCACGAAGCGCAGGGTGCAGCGCGGCGCCTCCTCGGCGAAGATCTCCAGCAGGCGTATCG  
ACAGACCGCCGACCAGGGTGTGTTGGAAACGCAGGGTGAAGCAGCGCTCCAGCTTGTCCAGTTGGATGGTCTCGCGAGTG  
TTGAACAGGTTCGCGGGCCTGGTCCACCAAGTTGCCGGACCTGCTCCTGCAAGTTCAGGGCACGGGGCGTGGGCACCAGCTT  
GCGGCGGCGCGGACCATGATCGGGTCCGCTACCGCTCCGCTCGGAGGTTGAGGGCGGACAGGATTCAGATCGGGA  
GGTGCATGCGGCGCGGGCTCCGACCAGCTGCCCTCTTCGAGAAGAAGCTTGGAGGGCGGACAGGATTCAGATCGGGA  
AGATGCATGGAGTGAAGTATAAAGCACGCTGGCATGCGCAGGGTGCAGTCTTTCGTTCTCCCATGGGATTCGTTTCGCTGCA  
TTGCTGGATTGCGTTTCGCGGTGCCTTTACGCGCACCCGGTGGCTGCCGAAGAATGCCGGTGCACGCTCTATCCGAGGATTT  
GCCGATGTTCCATACGCTCCTGGTTCGCCATCGACGGCGGCCCGCAGACCCGTTCGATTTGCCGAGCTGGCGCGGCAGGCCG  
CCGCGCCGGGCGCGCGGGTCCACCTGCTGTGCGCGGTGGACGCGCGGCTATGCGTTGCCGGGCCGGCCGACGCTGCTCGAC  
TATCCGCCCCGCGCGCACGAGTGCGAAGAGGCCCGGCAGGTGCTCGACGAGGCTTGTGCGCTGCTAGCCGGGTGCGAGCT  
GGAGGTACGGGCGGAGCTGCGTGCCGGCGACCCGGTGCAGGTGATCCTGGGCGAGGCGCGGCGCCTGGGCTGCGAGCTGA  
TCGTCATCGGCCATCGGCACCTGGGACGGCTGGAGCGCCTGCTCGATCCTTCGGTTCGGCGACCGGGTATCCGCGAGGCG  
CCGTGTCCGGTGTGGTGAAGTGCAGGAGGAGATGCGCAGGGGAGTTGACCTGCCGGCCGATTGTGCGCCACCTTGCAGG  
TTTTTCCCACGAATGCGGAGGACAGGATGCAGGCGGATTTTTTGGCACGCCCGCTGGGCGAACAACCAGATCGGCTTCCAC  
CTGGACGAGATCAATCCCTACCTGATGCGCCACCTGTGCGGGTTCGACTGCAAGCGGGCGAACAGATCCTGGTGGCCGTT  
GTGCGGCAAGACCCTGGACCTGGCCTGGCTGGCCGCCAGGGACTGGAGGTGCTGGGGGTGGAGCTTTTCGGAAAAGGCCG  
TGAGCGACTTCTTCGAGGAGCACGACCTGCGCCCCGAGATCGATCAACTGGATGGTTTCCGCGCTACCGGGTCCGCGGC  
ATCACCCCTGCTGCAGGGTGATTTCTTCGCTTGCAGGCAGAGCACCTGGCGCAGTGCAGGGCGTTCACGACCGCGCCGC  
GCTGATCGCCCTGCCGCGGAGATGCGCGAGCGCTATGCCGGCATCTCCAGGCGGTTCCTGCCGACGCGCAGCCTCGGCT  
TGCTGGTACCATCGACTACCCGCGAGGCGGAGATGGCCGGTCCGCGCTTCGCGGTGCCGACGAGGAGGTGCGTGGCTAC  
TAGCTGGCGGTGGCGGATCGAGAACTGGAGCGCGGCGACTGCTCGGCGTCAACTGGAATTCCTCGAGCGCGGGGT  
GTCCTGGCTGGACGAGGCGCTACCTGCTGGAGAGAGGCTGAAACGGGGCGCCGCGCGCCCTCCATTTTTTCAGCG  
GAGTTTCGTCGACCAGACCCGCAAGGGTGTCTCAGGACGCTCCTGGCCGAGCCGCTTGGAGCGGGCGGACGACCCGCTCC  
CGGGCTCCGGGTTGTCGTCGTTGCTCCTTGAACGGCATCTCGATGGTGAACGCCAGGCGAGTTCGTTAGGCTTCGCCAGCAAG  
TTGCAGGCCAGCGCCAGGTTGGCCTGGCCCGGCGCACTGCGTGGGTAGCCATGGCGGATTCGGAATTCGCCGCGCGCCAT  
CAGTTCTTCGCGGAAGCGTTGCTCGAGCCGTTCCAGGCGGGGCGTATAGCCCGGGTTCGCCCTCGCAGCCGGCGGCGAATA  
CGTGGGGGATTTCTCGTCGCGGTGGATGTGAGGAACAGGTTCGACCCATGGCGCTTCATCTCCTGCTGGACGAACCAG  
ACTTCCGGGCTGCGCTCGGCGCTCGGCTCCAGCCAGGCCCGGTTGAGATCCTGGCCGGCGGCGTGGTGGCAGGTTGCC  
GTGGAACGCGCCGTCGGGTTTCATGTTCCGGCACAGGTACAGGTTCGGCCTTTTCCAGCAGGCGCTGCATTTCCGTATCGT  
CCGGCCGCTGCAGGCGCTCGATCAGGCCTTCCATGAACCATTTCGGCCATGTGTTCCGCGGATGCTGCTGGGCGATGACC  
CACAGCTTCAGGTGGCTGTGCGGATGGCGCCTGACCCGCGCAATTCGATGTGCGGCGCTTGCACGCTGGTGGCAGCGC  
GAGCCGTTTCGACGCCCTCGATGCCGAGCGCACGTTTCGACCAGGCGGGCATGCCGTTTCGCGGCTGTAGGGCTCGAAGTAGG  
CGAAGCGGACTTCGCTTTCTCCGGTTCCAGCTGGAAATGCAGGCCGCTCGGCGTTCGTATTGCGACGGCACGCGGAACCAG  
CGTTCGCCATCGTACGAGGCGACTGCCTGGTAGCCGCTCCAGGCATGGCTGTAGGCCGACTGGCCGGCGTTCAGCAGGGT  
GAAGCAGTGTTCGGTGGCGGGGAGCCATGCCCTCGACCTTGAAGTGAACCACTGGAAATGCTGGCTGGCCAGGTTCGGGAC  
GGATCGCCAGGCGGATCCGGCGGGGATCGCTGGCATCGATGACCTGGATGTTGCCGCTGTGCAAAATCGGCGCGGATCTGC  
ATGGGAACCTCATCGGGCGAAATCACGGACCCGCATGTTCCGGGGCTGGCTCGCGGCTGTCAAAGCGACCATGGATAGGT  
GGCTTTCCCGGGCATAAAAAAAGGGCGACCGATGGTTCGCCCTGTCCAAAGTGTGAAAGCGGATCAGCGTGCCTGGCGCG  
CAGCGCTTCGATACGATCTTCCAGCGCGGGTGGCTCATCAGCAGGCGGGCCAGGCGGCTGCTTGGAGCCGCCATTGATGC  
CGAAGGCGTTTCAGGGTGTTCGGGCATCTGCACCGGCACGCCCTGTTCCGAACCGAGCGGTTGCAGCGCGGCGATCATCGCG  
CCGGTGCAGGCGCAGGTGGGCGCCGGCGGCGTTCGGCGCGGAACTTCGCGGCGGCGCGAGAACCACATGACGATGATGCTGGC



GAGGATGCCGAGCACCAGTTTCGGCGAAGATGGTTCGCGACGAAGTAGCCGATGCCCGGGCCGTCCTCGTTCTTCAGGATGG  
CCTTGTTCGACGAAGTTGCCGAAGATCCGCGCGAAGAACATCACGAAGGTGTTTACCACGCCCTGGATCAATGCCAGGGTG  
ACCATGTTCGCCGTTGGCGACGTGACCGATCTCGTGGGCGAGGACGGCTTTTACCTCATCGGGCGAGAAACGTTTCGAGCAG  
GCCCTGGCTGACCGCGACCAGCGCGTTCGTTCTTGTTCAGCCGGTGGCGAAGGGCTTGGCCTCGTAGGCGGGGAAGATGC  
CGACCTCCGGCATCTTGATGCCGGCTTCGCGGGACAGCTCTTCGACGGTTCGAGCAGCCACTGTTTCGTGACGGGTGCGC  
GGCTGGCTGATGACTTCGGTACCGGTGCTCATCTTCGCCATCCACTTGGAGATGAACAGCGAGACCAGCGAACCGGGCGAA  
ACCGAACACGGCGCAGAAGACCAGCAGGCTGCCGTAATTCTGGCCGGTGAAGCGGTCCACCCCGAGCAGTTTCAGGGTGA  
TGCTGGCAATCACCAGGACTGCCAGGTTGGTGGCCAGGAACAACAGGATGCGCATCATGGTGTAAAGCTTCTCCTCACGG  
CTGAAGGCACGGAGCGCGGTTTCGAGGCGCCGGGGCGGGCGAACGGCTCCTGATAATCATGCGGGGTTATATAAGGGG  
CGTCCATGGCGATTCAATCGAGGGACTATTTCAAACGTGTTCGCTTCGCGGCCAGCTTGCCTCGAACAGCAGGCGG  
GTCAGCCCGGCCAGGCGTTTCGCCGTTCGCCCTGCGCCAGCGCCTGGCGCAACTGGTTGGCCAGGCTGGCTGTTTCGCGGGC  
CACGCTGGCCGGCGCCTCGGCCAGCGCCGCCGCGGGGGACGATAACGGGTAAGTCTTAGGAAGGCCCTTTTCGCTGA  
GCACCGCCTGGTTCGAGAGCCTCGTAATGAATGGTGTGGCGAAGCGCAGGTAGCCTTTCCTCGGCCGAGCCAGAGCAACGCG  
CCCAGACAACCTTTGGTTCGCTTTCGCTCGGCAGGCCGAACTCGTCCGGCGCCTCGCGGCCGATCAGGTCTTCGACGTAGAG  
CGCGGTCTTCGCGGAAACGCTTGGTAGAGAAGCAGGAGGCCGCCAGCGGGCTCCTTGTGGAAGTCGTGATCTGCAGGT  
CCATGGATGGGTTCGCCGGCAGGGCGGCCAGCGCGCCGCGGGAGCGGGGGGTTACTGCTGGTAGCCCTTGGAGGAAG  
CTGCCGATGCGCAGGATCGCCTGCTCCAGGTGCTCGACGCGGGGCGAGGGTGACCACCCGAAAGTGGTTCGGGCCACGGCCA  
GTTGAAGGCGGTGCCCTGGACGATCAGCAGTTTTTTCGAGAGCAGCAGGTTCGAGGACGAACTTTTCGTGCTTGTGGATCG  
GGCAGACCTTCGGATCGATCCGCGGGAAGGCGTACAGCGCGCCCATCGGCTTCACGCAGCTGACGCCGGGGATGTCGTTG  
AGCAGTTCCCAGGCGCGGTTGCGCTGCTCCAGCAGGCGCCCCGGCGGCAGGACCAGATCGTTGATGCTCTGGTAGCCGCC  
CAGGGCGGTTCGGATCGCGTTCGCGCCGGGACGTTGGCGCACAGGCGCATGTTGGCGAGGATGTCGAGACCTTCGATAT  
AGCTCTGTGCCCGCTGCTTGGGCCCGGAGATCGCCACCCAGCCGGAGCGGAAGCCGGCCACCCGGTAGGATTTGGACAGG  
CCGTTGAAGGTCAGGCAGAGCACGTCCGGCGCCAGCGAGGCGGTGGAGACGTGGACGGCGCCGTCGTAGAGGATCTTGT  
GTAGATCTCGTCGGAGAACAGCACCAGGTTGTGCTGGCGGGCCAGTTTCGACCATGCCTTCCAGCACTTCCCTGGAATACA  
CCGCGCCGGTGGGGTTGTTTCGGGTTGATGATCACCATCGCCCTGGTGTTCGGCGTATCTTCGCTTTCGCTTCCAGG  
TCCGGCCACTGTTGGCCTGCTCGTCGACAGGTAGTGCACCGGCTTTCGCGCCGCGAGGCTGACCGCGCGGCTCCACAG  
CGGGTAGTCGGGAGCGGGGATCAGCACCCTCGTCGCCGTTGTTTCAGCAGCCCTGCATGACATCAGTCACTGTTCCGACA  
CGCCGTTGCCGAGGTAGATGTCCTCGATGCCGACGCTTCCACCTGCTTCTGCTGGTAATACTGCATCACTGCCTTTCGCG  
GCGCTGAACAGGCCCTTGGAGTCGCTGTAGCCCTGGGCGGTTCGGCAGGTTGCGGATGACGTCCTGGAGAATTTCTTCGGG  
AGCTTCGAAACCGAACGGCGCCGGGTTGCCGATATTCAGCTTGGAGGATGCGGTGACCCCTTCTCCTTAGGCGTTTGGCGT  
GCTTGGACACCGGCCCGCAATGTCATAGCAGACGTTGGCGAGCTTGTTCGATTTGCTGACCTGCATGATGTGTCGAGTC  
CCGAAGTGAGCGAACACCGTGGAAACAGGCTGCGAAAAGCCCGCTGGATCGCGGCTTGGCAGGCTGTAACGCGGATGACAG  
ACTGGCGTCTATAAGGAGCACGCATGATACGTGCGGCCCGTCCCCGGAAGAGGAGCGCCGGGCATTTTTTCAGATCGCG  
AGGTAGAGCCGATGAGCAAGATCGACAAGCCCTGGACTCCTGGCGGAGGAGTTGACCGAAGAGCAGTTCCACATCTGT  
CGCCTGGGCGGTACCGAACCGCCTTCAGTGGCGAATACCACGCCACCAAGACCCCGGGATCTATCATTGCACCTGCTG  
CGGCACGGCGTTGTTTCGACTCCGACGCCAAGTACGACTCCGGCAGCGGTTGGCCGAGCTATTTCCAGCCGGTGGACGCCG  
AGGCGGTCCGCGAACTGGACGACTTCAGCCACGGCATGCATCGCATCGAGGTCCGCTGCGGTTCGCTGCGATGCCACCTG  
GGCACGCTTTCGGGATGGCCCCCGGCCACCCGGGTTGCGTTACTGCATCAACTCGGCCCTCGCTGAAGCTGGTGGCGCG  
GGAGAGCTAGAGAGCGACGACCCGCTTTTGGTTCCGGTTCGTTTTTTCATTCAATCAATTTGTGTGCAATTGAGTTGCGAGC  
TACTTTGTTTCGAGACCCACCCTCAACAAGGAAGACAAGCCATGAGCGATTTCGCTGCTGAGCATTCCCTGCACCACCATC  
AAGGGCGAACAGAAGACCCTGGCCGACTTCGGCGGAAGGCGCTGCTGGTGGTGAACACCGCCAGCAAGTGGCGGCTTTCAC  
CCCGCAGTACCAGGGGCTGGAGGCCTTGTGGGAAAATAACCGTGAGCGCGGACTGGTGGTGTCTCGGCTTCCCTGCAACC  
AGTTTCGGCAAGCAGAACCGGGCGACGAGGGCGAGATTTTCGAGTTCTGCGAACTGAACTACGGGGTGGCTTCCCGCTG  
TTCAGGAAGATCGAGGTTCAACGGCGCCGGCCACCCGTTGTTTCGTCAGCCTGAAGAAGCGCGCGCCGGGCTGCTCGG  
CAGCCAGGGCATCAAGTGAACCTTACCAAGTTTCTGATCGGCCGCGATGGCCAGGTGGTGAAGCTGATGCGCGCTATGCGCGTACCA  
CCAAGCCGGAGGAGCTGAGCTCGGCGATCGAGGCGCTGCTTGAATGAGCACCCGGGGAAAAGTCCGCCAGGCGCGGATGGCG  
TCGAAGAATCGCTGCTGCTCGACAACCAGCTGTGTTTTCAAGCTGTACGCCCTCGCGCGCGGTGATCCGCGGCTATCGG  
CCGCTGCTCGAACAGATCGGCCTGACCTACCCGACGACTGCTGGTTCATGCTGGTGTCTTGGGAGTGGCATGCGAGCCCGCC  
GGAGCAGCCGACGGTGAAGGCCTTGGGCGACCGCCTGCTGCTCGACTCCGGAACCTGACGCCCTTGTCAAGCGTCTCG  
AACAGCTCGGCCTGGTGGATCGCCGTCGCGCCAGTACGATGAGCGGGAAGTGCACCTGACGCTGACGGTGGCGGGGATC  
ACCTTGCGCGAACGGGTCAATTCGCTGCGCCAGCAGCTGATCTGCAGCACCAGGTTTCGACCTCAACGAGATGTTTCGACCT  
GCACCAGCGCCTGGGCGGATTGCTGTGCGGCTTCCGCTGCTGGTGGTAGGAGGCTAGCCGTCGTGCGGAGGCCGGCTAGTGC  
CTCGCGGTGAGCGGGCACCAACGGTTCGAGGATGGCTTTTCAGTTTCGTCGCGGTGGAAAGGCTTGGCCAGGTAGTCTCCAT  
GCCGGCGGCACGACAACGTTTCGCGCTCGTCCGGCAGGGCGTTGGCGGTTCAGCGCGATGATCGGCAGGCCGCCCCAGCGTC  
CGCTGTGCGGGATCTGCCGGGTCGCTTTCGTAGCCGTCATCACTGGCATGTTGCAGTCCATCAGGACCAGGTTCGATGGGA  
TGCTCCTCCAGCATCTTCAGGGCATTTCAGCCCGTGTTCGGCGATCCATACCTGGCAGCCGAGCTTGTGACGAGGCCCTT  
GGCGACCAACTGGTTGACCGGGTGTCTCCTCCACCAGCAGGACCCGGGTGTTGCGCTGTTCTCCCGTGGTGTCCGAGGGCG  
TCGACGGGGCTATGGCAGTGTGTTTCGAGCACGTGTTTCAGGGCCTGGTACAACCTGGTTGCGACTCAGCGGCCCTGGCCAGT  
TGGCGCAGCGGCGACAGGCGGGCGGGCCAGCTCCGGTTCGAGGAACTGCCGTAGGCGGTGACCAGCAGGATCGGCGTACC  
GATGCTCGGACGCACTCCATCAGACAGTCCGGGCAATCCGATATCAGTACGTCGAGCGAGTGGCCGAGCAGGCTGTCTG  
CGTCTCCAGACGCTTGTACTCCAGGCCAGCGCGCCAGCAGGTTTTCAGCAGCTGCGCCAGCCGCTGTTGGCCGAG  
CATTGCGGATCACCCGGCCGCGCAGCGCCAGCCTGCAGCGGAGGGCTGACCGGCCAGCGGCAGGCCGACGCTGAA  
CAGGCTGCCAGGCCGACCGTCCAGCTCCACCGTCCAGCTCGCCCTGCATGGCCTCGCACAGCTTTCGCGGTGAGGGCCAGG

CGAGGCCTGTGCCGCCGTATTGGCGGGTGATACCCGCGTCGGCCTGGGTGAAACGGTTGGAAGATGCGATCCAGCGCCTCC  
TGGGCGATGCCGATGCCGGTGTGCGGCACACTGATGCGCACACCCTCGGCGGTGGCTTCCACGCGAACGTCGACCCGCC  
CAGGCGGGTGAACCTCAGCGCGTTGGACAGCAGGTTGCTGACGACCTGGCGAATCCGCGTCGGGTGCCGGAACTGGG  
CGGGCAGGGCGGGTTCGACCAGGCAGGTCAGCTCCACGCCGGCCGCGGGCTTCTGCGAGAGGAGGCTGGCGGTGTCTTCC  
ACCAGGACGCCAGGTCGAACGGGATCTGTTCCAGGACCAGTTGCCCGGCTCGAACTTGAGAGGTCGAGCACGTCGTT  
GAGCAATCCACCAGCACCTTGCCGGAGTCGTGGGCGATCGACAGCTGCTGGCGCTGTTCGGGGTGAGCGGGCCGTCGA  
GGCTCAGCGAGAGCATGCCGAGCAGGCCGTTAGCGGGCTGCGGATCTCGTGGCTCATGTTGGCCAGGAAGCTGGCGCG  
GCCTGGGCCATATCGAGAGCGGTCTGGCGGGCTTCTTCGAGTTCCTGGTTGGATAGCGTCAGGCGCGCTTGGCAGCCTT  
CAGCTCGGCGGTACCGGGGAGGACGATGCTTCCAGCTCCTCCAGGTAAGTGGTCAAGGTCAGGCGGTCTTCCGCTCCCGGCT  
GTTTCGATCTTACCAGATGCGCCGAGCTGGCGGTTGATGACTCCACCAGCACGCGATCTCGTCGCTTCTGTTGGCC  
TTGGGGCAGGGCAGGCGCATGCGTGGCGGAGCGTGGATCGTGTCCGCTGAGGGCCTGGATCAGGCTGACCAGGGGCTT  
GGTCAGCAGGGTATAGAAGAGCACCAGCAGGATCAGCGACAGCAGCAGGCTGCGCACGAAGCCGGAGAGCAGGGTGATGC  
CGGCGCAGCGAGGAAGTCGTTGCCGAACACGAAGGTGTCGATTTCCAGGTGCAGTACGCCGAGGGCTCGCCCGGCGCA  
TGGTCGACATGCAACGGGTCTCGTAGACCCGCTTGTGGCCGAAGAGGAAGTCGCTGAGCGGCCGAGGCGGCTTTCGGC  
GGATTGCGCGAGGGCTGGCCAGCGGCAGGCCGAGGTGTCGATGATTTCCGCGCGGACCACGGCGGGCGAACGGAGCA  
GGCCGAGGACCAGCTCCTGGCCAGCTCCGCATCGATGTTGTAGGCGATTCGCGCGCGGGGTTGTGGCTGACGTCCAGC  
AGCGCGCACTTCGCGATTGATGGATGCGTCTGGCTGGCATAATCGACGCCAACCTGAATCAGGCTGAGCAGGGTTCC  
CAGGATAAAGGCCACCAGCACGGTGAGGCTGGCCTGTTTGAACGACAGGCGATGGGTGAGCGCTATATCCATGGGGGCGG  
GGATCAGCCTTGGCGAGGTTCTGCCGCTAGCATAGCCCATCCCAGCCGCTGTCGCGGGTTCCTGGGCGCAACCAGATGAT  
CGATCCGTCGACGTCAGTCCGATCCGAGGAGAACAGAGTGGATTCCCAGATTGAGCGATTTTCTTGGCCGCGCCGAAAGCGT  
GCTCGCGCGCCTGGAGCCGCTGCTGCCGGCCGTACGCGAAGCCGTCGACTGGGAGCGCAGCCTGGCGGCGCGCTGGCACC  
GCGACGGCCGTAGCGGCTACCTGCAGCCGCTGGAGGTGAGCCTCGACCTGCGCCTGGCCGACCTGCTGGGCGTAGAGCGG  
CAGCGCGAGCAACTGGAACGCAACACCCGCCAGTTTCGTCGCCGGCCAGCCGGCCAAACCACGCCTTGCTCTGGGGGGCCCG  
CGGACCGGCAAGTCTCCCTGGTTTCGTGCGCTGCTGGCCGAGCTGGCCGGCGCCGGGCTGCGCCTGATCGAGATCGAGC  
GCGCAACCTGGCCGACCTGCCGCGCGTGGTCGAGCAACTGCAAGGCTGCGCAGCGCTTCGTAAGTGTCTGCGACGAC  
CTCTCGTTTCGATACCGCCACCTCCAACCGCCGACTACCGGGTACTCAAGAGGTCCTCGACGCTCGTGGAACAGGCGCCGGA  
TGTGCTGCTTACGCCACCTCCAACCGCCGACTGGTTTCGAGAGAAGCAGAGCAGACGAGCAAGGAAAGTGGTGG  
ACGGCGAGCTGCATCCCAACGAAGCGGTGGAGGACAAGATCGCCTTGTCCGACCGTTTCGGCCTGTGGCTGTCTGTTCTAT  
CCCTTACCCAGGAGCATTTCCTCAGCGTGGTTTACCAGTGGGTGGACGTGCTCGCGGAGAAGGCCGGCTGGCCTGGAG  
CTGGAGCGAGGAAGTGGAGAAGGAAGCGATCCGCTGGGCGCTTGGCCGCGGCAACCAGCAACGGCCGTTGCGCCTATCAGT  
TCTCCCGCTACTGGGTGGGCAAGCAACTGCTGGAGCGCCAGGCATGATCGATCTGCAGCAATCTGGCGCCGGGCTGGCCG  
GCTACGCCCTGCTGGCGGCGCAGGCCGAGGCGCTGTTCCGCGACGAGCGCGATTTTCATCGCAACGCCGCGCAGTTCTCC  
GCCTTTCTCTTCCATGAGCTGGGCGACCTGAACTGGGCCGCTTCTATCTGAACCGCAACGAGGAAGTGGTCTGGGACC  
GTTCCAGGGCAAGGTGCGCTGCGTCCGCATCCCTTCTCCAAGGGCGTCTGCGGCGCCGCGGCGGTACCCGGCTGACCC  
AGCGGGTCGACGACGTCACGCGTTTCCCGCCACATCGCCTGCGACAGCGCTTCCAGCAGCGAACTGGTGGTGGCCCTG  
CTCAAGGACGGCCGCTGGTTCGCTGTGCTCGATCTGGACAGCCCAGCGTGGGACGCTTCAGCGCCGAGGACCAGGCCGG  
GATCGAAGGCTGGTGGAGATATTCCTGCGCCTGACGGACTGCTGAGCGACGCGTTCAGGCTTTCGCTGCGAGCTTGTGCG  
AGGGTCCGTCGTTTCCCCGGCAGCAGCGCTTGCATCGCCGGGCGTTCGAGCATCCGCGCGAAATGCGCGGCGAGGGCCGG  
CCAGCGTTGCTCGTCCAGGTTTTTCGCCGGCGTGACGCAGGTTGACCAACTGGCTGGCGATCGCCAGGTCGGCGAGGGTCA  
GTCGCTCGCCGACGAAGAAGGCCCGCGCGTTCGAGATGGTTTTCCAGGTAATCGAAGTGCCTGGCAGCTTTTCTCCAGC  
GCGCGACGCACGTCGTTCTCCTCGCAGGCTGGCCATCGCCGGCTTGAAGTATCCGGTTGCGGAAGATCGTCAGCGTGGC  
CAGGGGAGCGATCTCGTAGTCGGCGTATTTTTCCAGCCAGCGCACCCGCTGCGCGGCTGGCGGGGGCGTCGCCCTGGAGAT  
TCGGCGGTTTCGGGATAGCGTTCTTCCAGGTAAGTGGCAGATCAGCTGGAGTCGGCGAGGGCCAGGTCGCCGTCGCGCAAC  
GCCGGGATGCGGGCCAGGACTGATCTCGCAGTACCAGGCCGCTGGGCGAAGCGGGGCGATCGCTTCCAACGTTGATGTC  
GAGGCCCTTTTCGGCCAGGAGCAGGCGGACCTTGCAGGCAAGCAGGACAGTGGGGCTCCGTAGAGTGTGTCAGGCTCATAA  
CGATTTCTCGGTCGATATGAGCCTGGGTTATAGCACGGCTGCCGTAGGACGGCCGGAATCAGTCGATCGTACGCTTCTTCTT  
CTTCCACAGGTCGTCGATCGAGGGCCTTCAATCCCTCGTTGAGTTCGCTGGGCTCCTCGCTCGCCGGCTGGCTGTTGT  
TCAGCACCATCGCTTGGCGCGGGCCAGCTGCGTTTTCCATCTGCTGACGCTCCGCTGGTAGCGCGCCAGCTCGGGCTGC  
TTGCGCAGGTAAGTGGGCGCGGCTTCGAAGGCCAGGCGCGCTGGCGCGGTTCTGTTCTGCTGACAGGCTGCTGGCCGAG  
ATTGCCGAAGAACTCGATATGCAGGCGCACAGGAGGTGGCGAATCTCCTTGACCCAGATCTGCGCCTCGCTGCGCGGCA  
GGTGGCCGCTCCTGGGTGAAACGGGTGAGCTGGGCATGCAGGCTTCGAAGAGGAAGCGGACTTCTTGGCCTTGTCTCG  
GTCAGGATCGCCTGGGGCGGATTGCGCACCGGGATCGACTCGCCCTTGGCGACCAGCGCGCAACTTCTTATAACGAGC  
CTTGAGCCCGCATCGGCTTTCTTCTGACGCGCCAGTTGCTGCTCGCTGAGGCTGAGCTCGATCTGGTTCATCAACAGCT  
TCAGCGACGGGCTGACGAAGTGGCCGGGAAGGCTCTCGGAAATCTGCGCGCAGCGCCGGACCCGGTCTGAGTTTCGGCT  
TTCAGGCGCGCTTTCTCCAGCTTGGCTGTTTTCCACCAGTGGTTGATATAGCCAATGGCGATTAGGAGGGCGATCCCGCC  
GATGATGAGGGCGGTAATGAGGAGTGGCGACACCTTGGGACTCCGCTGTAAGAATTTTCTCAGTCTAATGTCTTGGTGTCT  
ACCACTGATAGCAGCAGCTCATTATTTGCACAGAAGTCTTTGATTTAAAAAATTTTCTCAGAAGGGTTGACGCCCTCCCC  
GGACGCTCCATAAAATGCGCGCCACTTCCAGCGTGAAGCCAAACGCGAAACACTGGAAGCCGGAAAGATCTGTTGTAAGT  
TCCGGGCGCGCTCCCTTCTGCTAGTGGCCTAGGACACCGCCCTTTCACGGCGGTAACAGGGGTTTCGAGTCCCTTAGGGG  
ACGCCATTGCGGGAATAGCTCAGTTGGTAGAGCACGACCTTGCCAAGGTTCGGGGTCGCGAGTTCGAGTCTCGTTTCCCGC  
TCCAATTTCTACAACCTGGCTTCGGCGGGGTTGGTGAAGTTAGGCGTCAAAGGTTTCGGTTTCGGCCGAACGGGCAACAA  
GTTGTAACGCGGGAATAGCTCAGTTGGTAGAGCACGACCTTGCCAAGGTTCGGGGTCGCGAGTTCGAGTCTCGTTTCCCGC  
TCCA

**PAGI-4(C) flankierende Sequenz links, 298 bp**

GATCATCCAGGCGGGCGTGGCGCGTGGGGTGGATTACGGCCTGACGGTGTCTGTATCAAGCCGATGAGCAGGGACGTG  
 CGTGCGGCAAATGCGATAGCTGCCGGCTGCGTGCGGATGGCTTCGCTGCGGCTGGTATTTCCGACCCGACGCCATATTTTC  
 TGAAAAAATTCACGAGGGGTGTTGTTTTTACGTTAGAAATCAGTATTATACGCCTCGCGTGGGTGCTTAGCTCAGTCG  
 GTAGAGCAGTTGGCTTTTAACCAATTGGTTCGTAGGTTTCAATCCTACACGACCCACCA

**PAGI-4(C) flankierende Sequenz rechts, 10705 bp**

CCGTGATCGCCAAGCGTTTTCTCCGCGGAGTCCGGTCCGGCGGGTGCAGTTTCGACCTGAGCATGGACTCTGGAGGAAAGATT  
 CCCTTCCGGTGCACAGGCATACGACAAGGAAGAGCGGGTTCGTGGGAATGGTTCGACAACCTGTCCCCTTTGCTGGTGTTCGG  
 TATCGAGGACCAGGGGCGCCTGTCCATTCGCTGGAGCGATGGCTCCTGTTCCGTCGACTATCAGTTGCCGCCAGGAACA  
 AGGACCTGACTTACGAACGAGTTGCGCTCAGTTGCCGTCGGTCTCGATCTGAAATGTCCCCGTCGAGTCGGGTCAAGT  
 CAAAAGGCGAGGATTTTTCCGGTGAACACCGGGCGCGAGGGCAAGCGGCAGCTCACTCGTCTCGATCATGCTCAACAGG  
 TCTGGTGTCTGCCTCGGGTTTTCCAAACGCAGCAACCAGCTTTGGCGGCCAACCCACCGGCGAAACCGGTGAGGCCGCG  
 AGAGGCTCCGATCACCTATGGCAAGGTGCAACAATGGACAGTGGGTTCGCTCCGTTGGCGGCTCCAACCGCCCGTACTG  
 CGTTGGGGCTGCCGATCTGCACGGCTATTTCCGTATAGCTGCGGGTCTCGCCGAATGGAATGGTGAGCAGGGCGGACCA  
 ACCTTTTTCTGAAATTCGGTACCTTGAAGTGCAGCGGGAGTTTCAACCGGGAACGTTTGGCCGAAAAATATTTCCGCAA  
 CTGGCGTTCGGTTTTCCGCCAGGAGGGAGCTGTCTCGGAGAGCCGCATCTCGTCCAGCGGTACTCGGTTGGGACGCTCAT  
 GCTGCCAAAGAATCGCGACCAGAAAGGCATCGTCCCTGGCTACCAGGGTCAAGTGTCCCGACCGGCGATTCCATTTTTCTG  
 TAGCTATGGGGCATGTAGGTGTCTCTTCGGCAGGCTCGCCAGTGTACTACGCAATGGGATTTCAACAGGGAAGCCTGC  
 AAATGGCAGGCGAGGCGGGGCGGAGCGCTATCGGCCGATGGATGGCCGCTGCTTCCAGGCATGCCGTCGCCCCCTTGG  
 AGCCAGGCGGAGCGCCTCGAACTGTGAGATCTGGGAGGCGATTTGCCGAGCAAAGTGGGTGTCAATTGGTTTTGCCATCT  
 CATGGGTTCCGACGAGGCCTCGAGCAAGGGTTGTAACGGTTTTTGTCTGGCCAATGGGCTCTTTCGCTAAAAAGGCTGCCG  
 CCCTTCTGCTTGGTTGCCGTTCTCGGATCCCGCGCAGCCCGGTGGGTGTGCCAAATTTCTCGCGGTTTGGATCGCGCCG  
 ATTGCCGCGGCCTACGAAGCCCTTGGTTCTTCTCCCCGAAACTTTTTCGTTCCGGACTCCGAATATCGCGCTTCGCCCAGC  
 GCCGCTAGTTTTCCCCTTCCGACAAAGCAAGCGCTCTGGCTCAGGCATCTCCTGATCCGGATGCATATCGCTGAAGAGGG  
 AACGTTCTGTATGTCCACATTTGGCCAACCTGACCGAGGTTCTGTTCCGCCTCGATTTTCGATCCCGATAACCGCCGTTTAT  
 CACTATCGGGGCCAGACTCTCAGCCGGCTGCAATGCCGGACCTACATTTCTCTCCAGGCCAGCCAACCTGGCCCGCTGCT  
 CAAGCCCGCGATCGCGTGGTGTGGCGTTGAACGACTCGCCTTCGCTGGCCTGCCTGTTCTTGGCCTGCATCGCGGTGCG  
 GCGCCATTTCCCGCTGATCAATCCCAAGTCCCGCGAGCAGGCCCTGGCCGATATCGCTGCCGACTGCCAGGCCAGCCTG  
 GTGGTGCCTGAAGCCGATGCACCGTGCCTGAGCGGCTCTTTGGCGCGGTTGACCTGCGTGCAGCCGCGGCTCGCCCTTT  
 GCTCGACGATTTCTCGTGGACGCGCTGGTCCGCCCTCGGACCTCGATTGGAGTGCCTTCCATCGCCAGGACCCGCGG  
 CAGCCTGTTTTCTGCAATACACCTCGGGTTCCACCGGGGCGCCAAAGGGGTGATGCACAGCCTGCCAACACGCTCGGT  
 TTCTGCCGGGCGTTTCGCTACGGAGTTGCTGGCATTGCAGGCGGGAGACCGGCTGTATTTCGATTCCCAAGATGTTCTTCGG  
 CTATGGCATGGGCAACAGCCTGTTCTTTCCCTGGTTTCAGCGGAGCCTCGGCGCTGCTCGACGATACCTGGCCGAGCCCGG  
 AGCGGGTTCTGGAGAACCTGGTTCGCTTCCGCCCCGGGCTCTGTTTGGGGTGGCGCCATCTATGCCCTCGCTGCGTCCG  
 CAGGCCAGGGAGCTGTTGAGCAGCGTGCCTGGCGTTTTTCCGCGGCTCGCCGCTGCCGCGCGGCGAGTTTCGAATTTCTG  
 GGCCGCGCACGGGCTGGAGATCTGCGACGGCATCGGGGCTACCGAGGTCCGCCATGTGTTCTTCGCAACCGCCCGGGCC  
 AGGCGCGTGGCAGACAGCAGCGGGCTGCCGTTGCTGCTATGAGTGCCGGCTGGTGGACCGCGAAGGACACACTATCGAG  
 GAAGCGGGCCGCAAGGCGTGTGTTGGTGCCTGGCCCTGGGCTGAGTCCGGGTTACTGGCGGGCCAGCGAAGAGCAGCA  
 GCGCGCTTCGACGGTGGCTGGTACCGCACCGGCGACCTGTTTCGAGCGCGACGAGTCCGGTGCCTACCGTCACTGTGGGC  
 GGGAAAGACGATCTGTTCAAGGTGAATGGCCGCTGGGTGGTGGCGACCCAGGTCGAGCAGGCGATCTGCCGTCATCTGCCG  
 GAAGTGAGCGAGGCGGTTCTGGTTCTTACCTGCCGGCTGCACGACGGCTTTCGCTCCGACCCCTGTTTCGTCACCCCTGGCCAC  
 TCCGCTGGACGACAACCAGATCCTGCTGGCGCAGCGCATCGACCAGCATCTCGCCGAACAGATTCCCTCGCACATGCTGC  
 CCAGCCAATTGCATGTGCTGCCGGCCTTCCCGCGCAACGACAACGGCAAGTTGGCGCGCGCCGAGCTGCGCCACCTGGCC  
 GACACCCTTTATCACGACAACCTTCCGGAGGAACGGGCATGTTGATTACGGCTGTGGGGGTGAACCTGCCCCATCCTAT  
 GTGTGTCTGGAGGGCCGCTGGGAGGCGCAACGCCCTCGCGCCAGGGCGACGAGATGCTGATGCAGCGCTTGTGCGCGC  
 GGTTCCGCAAGCCCTGAACGAGGCGGCGGTCAAGCCGAGGAGATCGACCTGATGTCGCGCTCGCCCTGCTCTCCCGACC  
 ATCTGATCGAGAACCAGCAGATCATGGCGCCGAAGATTGGCCATCCGTTGCAGAAGTCTTCGCGCGCAATCGCGCGCAT  
 GTCTTCGACCTACCGACTCGAGCCTGGCCCGCGCCCTCTACGTGGTGCATACCTCGCCAGCAGGCGTATCGCAA  
 CGTCTGGTTCGTGCGCGGCGAATCCAGCCAGGGATTGGAAGTGGACAGCGAGTCCGGCTTCGCCCCTTCCGACGGCGCCC  
 TGGCGCTGCTCTGCCGGCCGACCGGCAAGGCCGCTTCCGTCGCGGTGCGCTGGGCGGTGATCCGGCGCAGGAATGGCTG  
 CCGCTGAGCATTCCGCTGAATAACGATATTCGCCAGGTAGGCGACGTCAAGGGACACCTCAACCTGCCGGCCCAACCTGG  
 ATTGCCCGAAGCGGTACGCGCCGATTCACCCGCTTGGCCGGGACTTCCCGCAACTGAACTGGGTGCGCGAGGAATGGT  
 TCGGCCAGGGACGGCCGATGGTTCGTTGCTGGGGCCGTTTCGAACTGGCGTGCAACTGCGCGCGGCACAGCGCGACCGT  
 CTGGATGAACTGCTGCTGATCAGCTTCGATCCGTTCCGCATGGTGGTGGAGGGCGTGACCCTGGAACCTGGCGGGAGAAGC  
 TCATGCATAAGGTCAAACCTGGCAGCGATCACCTGTGAACTTCCGGCTCGCAGCTACGAAAACGACGATCCGGTGTTCGCT  
 GCGGTACCGGACCTCAGCGAGTCTGGTGGCAATTCTGGGGCGTCAATCGCGGGGCTATTTTCGACCCGCGGAACGGCGA  
 GAACGAGTTACGCTGGTGGTCCGGGCGCGGAGCGCCTGCTGCGTAGCAGCGATAACCGCGCGGATAGCCTGGACATGC



GCCTTCGGGCCTGAGCGGCGCTGCGCCGTTTCGACGATGCTCGGTTGCCAGGCCGGCGCATCGTCGAAACGCTGGCGGCC  
 GAGTTCGCGCAGGCGCTGGCGGGCGCTTTCGAGAAAGCGCAGGAAGCTGCGCTCGGATTCCAGCGCGGTGTTGTAGTAGC  
 AATACACCTTGGTGTGCATGCCGCCCGGTTTCGTAGAGTTTCGCTGAGGACTGCCAGGGTACCGTTGCCGAGGCGTTCCTCG  
 ACGAAATAATGCGGCGCGATGCCCCATCCGACGCCGGTTCACCAGACGCAGCATGTCTCGAAGTTTTCCACGAAGAG  
 CACCTTGTCTGCTGACCGGCCGAGCAGGTTTCAATGCTGCCCCGAGCGGCTGCCGAGGCTGATCTGCCGGTAATGGCCA  
 GGCTCGCGATGCTGTGCAGGGAGGCATTGCACAACGGGTGCTGCGGATGGGCGACGACGAACGCCTTGGTGTAGCCGAGC  
 ACGCACTGGTTGAAGCGGGAGATCTTCAGTTCTCGTGCATGGTGTGGCGATATCGATTTCCGCGTTGTCTGCTTGTAT  
 CGTCGCCAGGCTATCGGCGGGCGAGGTGCGTATCAGGCTGACCATGTTGAAATCGTCGAGCAGTACGCTGCTCACCGTAT  
 CGCAGAACGACGGCGGGATGGCGGTGTCCAGCAACACCCGGAGATTGCGCGGACCCCTGTTGAGATTGAAGGCGATGTCG  
 CCGATCAGCTGCTGGTAGTTTCCAGCAGGCTGCGCATGTAAGGGATCAGGCGAAGCGCCTGCTCGTGGGTTTCGACCTTGTA  
 GCCGTCCCAGCGGACAGCTCCACGCACAGGTCGATTTCCAGGTTGCTGACCGCCGAGCTGACCGCGGTGTGCGACTTGC  
 GCAGGATCCGCGCAGCGGAGGAAATCGAACCAGGAGGCGATGACCTGGAGGAACATGTTACGCTGATTTCAGGTTATGAATA  
 GGCATCCCTTATTCTTTTATTGGGTGGCGCGTCCGCTTCCCTTGATCGGGTCAGGTTGCCGCTACTGTGGAAGAAGCG  
 TCGAGGACTCGATAGATAGCGCCCGAGTGTTCAACTTGTCTTCTGGATGACGTTTTTCATCGGGGAAAACCTCCCGTCCGT  
 CAGTGAAGCGCAAGGGCTGGCGTGCAGGGTGAATCGGCCGCCGCTCGCTTCTGCGCGGGCGGCACGGCACGGGG  
 AGTCGTCGTTTTGGAGGTGAGGGATGACGGCTCTGTTTTAGGATATTTTTATAATTATGTGAAAGAAGAGCTTATTTCAA  
 CGAAATATGTTTTCATATTGCTCGTAAATTCGACGAAAAGAAAATCCGGATATTTACCGTTATTTAACGTTAATACCAAG  
 GGCCTAATACCAAAGTATTAACGCTGGCATGCCGGCATGTCGTGTTCCGGTTCGTGGAGCGAGCCGAGCCAGGGACGTTCT  
 AAGAAACGAAAAAATTATGTCGCGTAGGTCTAACGACCGAAACCTATGTCTTTTGTAGCGTAGCCACCGGCCAGGCCG  
 TACGGATGCCGGGATGGCCCTGGCGCGACCTATGCGGTTAGAATCCGCGGCCCTTGCAGGCCGATC

### **pKLC102, flankierende Sequenz links, 8500 bp**

GGATCCGCCCCGAAGACCTGCACATCAGCCTGGTTCGAAGCCGGCCCCGCGGGTGTGCCGGCGCTGCCCGAGCGTATCAGC  
 CAGCCGGTACACCAGACCCTGAGCAAGCTCGGCGTACGGGTGATGACAGGCTCCGCGGTGAGCAAGGTAGATGCGGACGG  
 CCTCTGGACCGGCGACGGCGAATTCGTCCCAGGCGACGCTCAAGGTGTGGGCGGCGGGCATCCGGGCTCCGGCCCTCCTCA  
 AGGAACTCGACGGCCTGGAAAGCAACCGTATCAACCAACTGGTGGTCCGCCCCGACCCTGCAGACCACCCGCGACGACGAC  
 ATCTTCGCCTTCGGCGACTGCGCCGCCTGTCCCCAGCCGGCGCAACCCGGGAGAGCAACCCGCGCAACGTGCCGCCACGCGC  
 CCAGGCCGCGCACACCAGCAGGCTCGCTGCTGGTGAATCGCTGCGTGCCTGCTCGAAGGCAAGCCGCTGGGCGAATATC  
 ACTACCGGACTACGGTTCGCTGATCTCGCTGTGCGCTTCAGCGCGGTTCGGCAACCTGATGGGCAATCTGATGGGTAGC  
 GTCATGCTCGAAGGCTGGCTGGCGCGGATGTTCTACGTATCGCTATACCGCATGCACCAGATGGCGTTGTACGGTCCGCT  
 GCGCACCCGATGCTGATGCTTAGCGGCCGCTGCGCAGCAGCCGACGCAACGCTCAAGCTGCACTGAGCCATTACGCCCC  
 GTTTTCCGCTCGGCGCGGGCGTTCTTCAACAGCGAAGCTGCGCAACTGCGCCAGCCGACTGGCGGTACGCTGCATGTC  
 CGCAGGCAGGTCGCTGCCCTCGACCAGGTCCGGCAGCGCCTTTTCGGCACTCAGGAAAAAACCCGGTTCATTTGCGTAAA  
 GGACGTCGACGAGATTGATGAAGCGCTGCTGGGCGGCGACCGAACAGCGCGCCATCGGCGGTACGCCCTCCAGCACCCAG  
 GTAGAGAAGCGTTCCGCGAGGGCAAGGTAGTCCATCACCGCGTTGGCGCCTCGCAAAGGTTCGGCGAAGGCGAACCCACAC  
 CAGGTCGCCGCACACCAGCGCGCCTGCAACGTCCTCGCGCCGCTTTGCAGGGTCACGCGTTGCGAGGGCTCGGGCGCGG  
 ACAAGCCCAGCTCGTCCAGGCAAGCGCATGAGGCTGGCCAGCAATACCCGCCGCTGGCATAACCCGAAAGCGATCTCCTGC  
 CGCGGCGAAATCGTCCGGTAGTCCCGGGCGCCGCTACTTCCAGCACTTCCATGCGCGTCTCGATCAACCGGATCGCCGG  
 CAGGAAGCGTTTCGTGGTAGAGCGGATTGGGCGAGGTTGCCGCGGAGCGTAGTTGGAGGTGCAGACCAGGGTGCATCTTCC  
 TGCGGAACAGCTCCCTGAACAGGCGTGTATCAGCATCGCGTCGCCAATGTCGTGGACATGGAATTCGTGAAAGCAAGC  
 AGCCGGCAGTCTCCTAGCAGTTCGTGAGCGCACCCGCCAGGGCATCGGGCCGCCCTGGCGGCGGAACATACCGTGCATG  
 AAGCCGGCGAAAGAACGCATGGAATGCGTCCGGCGCAGGCCCTGCAAATCGGCGCTGCGAAAGAAGCCATCCATCAGCC  
 AGCTCTTGCCGCGCCCGACCGGCCCCACAGGTAGAGGCTGCGCGGCGCTTGCCGGAATAGCGACGGACCTCGACGCAAG  
 CGCTCCGCCAATCGATCGAGATGAAGAATGGCATTGCCCTGGGCTGCGTCCAGCACATAGCCGCGCCGTTGCGCCTCTTG  
 GTGGAATAGCGGGCTACGGGCGTTGTGGGCTTGGTGCAGGTCATGGGTGAACGCCACGAAAGAAACCGAAAGACACAC  
 TCCGTTGATGCTCAGCCTGAGAGGGCCCTTAAACCGAGAACGGCATTCTAGCGCTGCGTCTTCCCATGCTCCAGCCGCC  
 AGACCGAACCGGCGGCGATAGTCGGACAGGCCCTTTGATCATGACCGCCACGGTTCGCGATACGGAATCGCGCTCAGCCGC  
 TACTTCCGCCCCACTGTTTTCCGCGCTTCCGCTGCGGACCCATTATCACCAGGTTTTCCTACAGCAGTCTCCTCCAGT  
 CCCCTACGAAAACCAAGAAGTTCTACCGGCCAAAGCCAGAAAACCTACGATTGTCGCGGTTTCAGCTTCCGCTCAGGCTAT  
 CGCCACTCGACTCTCCGCTTGAACCGATCGTTCTGCACATGCTGCGGATATCGGCTTCTTTCTCTGCAAGAACC  
 CGCTCCGGGCGGATTGACCATGCATCCAGCTTTTTCCGCGTAACCAGGCTAGCCTTTCTTTCCACCTCCCTCTCCAAAAC  
 CTTCCGGCAGTTCACCTTCGATTGTTCCATCCCTCAGGGCCGGACCGCTGCTCCGTACGGGCTCATGGGAATGGCCATG  
 TTGTCGTCCTGCCTTGCCAATGCCGCCCGGATGCGGGCAGGCGCTGCGTGACGTGGAAGCCGACGCTGAACCTGCC  
 CGCGCCGGTGAACCTGGACGCCGAGCGCCCCAGCCCCGAGGACGGCGTATCACGGGCTGCCGAAAGAGGGCGGCCGACGG  
 TGCTGGTCAAGCGCTTCCAACCTCAGCGGCAACAGGCGTTCGACGATCGATGCTGCTGGCGCTCTGCACGACCTGCCG  
 GGCCAGGAACCTCAATCTGAGCCAATTGCACGCCGCCGCCGCCGATCGGCGATTTCTATCAGGAAAAGGATATGTGCT  
 GCGCGCGCCTTCTCCCGGCACAGGAAATCCAGGATGGAACGGTACGCATCGAAGTGTCTGAGGGACGCTACGGCAGGA  
 TCGAACTGCACAACACGTCGCCGAACGCTGGACCGGTTCTACTCCGCCCTTGAGCGCACTCGAACGAGATACCGCGGTC  
 CAGGGCTCGGAGCTGGAGCGTGCCTTCTGCTCCTGAGCGACATTCCCGGCCCTCCAGGCCAAAGGCACCTGCTGCCGGG

CCAGGCGCAGGGAACCACGGACTTGC GCGTCGAGGCCCGCCCGCCGCTGGTTCGGCGGCAGGCTGGAGGCAGACAAC  
ATGGCGGCCGCTACATGGGGGAATATCGCCTGGGAACCACCCTCGACTTCAACAGCCCCGCTGCGACTGGGCGACCAGGCG  
AGACTGAGCCTGCTGGGCAGCGACCGGCACCAACGCTACTACCGTGCAGCCTATCAACTGCCCTTGGTTCCCGAGGCAC  
GCGCATCGGACTGGCCACGCCGAGACGACCTATCGACTGGTACGCGATTTCTCGCGCCTGGACGCCCATGGCCGGGCCA  
TTACCGACAGTCTGTTTCGTCAGCCAGCCCCTGCTGCGTAGCCGACGCTTAAGCCTGTCCACCCAGTTGCAATATGAAAAC  
AAGCGACTTTCGCGATGACCAGGAGCGTACCGGGAGGCATAGCCGCAAGGAGATCCGCTGTGGACCGCCAGCATCAGCGG  
AAACGCCCAGGACCCTTGTTCGGCGGTGGACAGAGCGGCTTCTCGCTGGCCTATGCCACGGCCAGCTCGCCATCGACT  
CCGGCGAAGAGCGGCTGCTGGACCCTACACCATCGGTACCGCCGGCAGCTTCGACAAGATCATGCTCAACGCCGTACGC  
CTGCACAGCTGGGCGACCCCTGCAGTTGTTTCGCCAACTCAACGCCCAGTGGAGCGGCGCAACCTCGACAGCGCGGA  
ACAGTTTCGACATGGGCGGCCCTACGGCGTTTCGGGCTTCCCCCTGGGCAGCTACAAGGGCTACGGCGACGAAGCTGGC  
AAGCCAGTGCAGGAGCTGCGCTACAGCCTGGCTCCGGGCTGGCAGCTGAGTTTCGTTTCGTCGACCAGGGCGCGGTGAAATTC  
CTCAAGCACCCCAACACCACGGAAGGCAATCGCAACCGCATGGCCGCCGTCGGCAGCGGCGCAACCTGGTACGGAACGGA  
TCACCAGGTACGCTGACCGCCGCTGGCCCTGAGCCAGGAAAAACAACATCGAGCCCAGCGCACTCCCCGGCTGTGGT  
TGCAAGCGACCCGCTACTTTCGAGCAAGCTCCCGCCGCCATGCCGGCGGGCCCCACTGAAAAGGAAAAGCCATGAACAAG  
AGCTATACGCTGGTCTGGAACCAGGCCACAGGCTGTTGGAACGTGCAAGCGAAGGTACCCGTCGGCGCAGCAAGAGCGG  
ACGCGGCAAGGCGCTCGTAGTCGCGGAGCGTCACTGCTCGGCTGTTCTGCCAGGCCCCCGCTTCGCCCTGCCAGCG  
GCGCCACGGTCGTTTCAGGCGATGCCGGATTCCAGACATCCACCGATGGCCGGCATAATGGTCATCGACCAGCAGAGCCAC  
AAGCTGATCACCAATTGGAACGAGTTCAGCGTCCGTGCCGATGAGCGGGTCAGCTTCCACCAGCCGGGCCAGGACGCCGT  
CGCCCTGAACCGGGTATCGGCCGCAACGGCAGCGATATCCAGGGGCGGATAGATGCCAACGGCAAGTCTTCCTGGTCA  
ATCCCAACGGCGTGGTCTTCGGCAAGTCCGCCAGGTCAATGTAGGCGGCCTGGTGGCTTCCACCCTGGACCTGGCCGAC  
AGGGACTTCTCGCCGGCAACTACCAGTTCTCCGGCGACTCCGGCGCAACCGTAAGCAATGCCGGCAGCCTGCAAGCCAG  
CGAAGGCGGCAGCATCGCCCTGCTGGGCGCCCGGGTCAGCAACGACGGCGTATCCAGGCGCAACTCGGCGACGTGGCCC  
TGGGCGCAGGCCAGGGCATCAACCTCAATTTTCGACGGCGACGGCCTGCTCAACCTGCAGGTGGACAAGGGCTCGGTTCGAC  
GCTCTCGCACACAACGGCGGCCTCATCCGCGCCGATGGCGGCCAGGTGCTGATGAGCGCCCGCAGCGCCGACAGCCTGCT  
CAAGACCGTTCGTCACAACAGGGCACTCTCGAGGCCAGGACGCTACGCAGCGCGGAAGGACGCATCGTCTTCGACGGCG  
GCGAACAGGGGACCGTGGCGGTGGCCGGCAAGCAGGACGCGCCCATCGGCGGAGGCAATGGCGGCCTGGTGTGTA  
CAGGGCGCAACCTCGAGATACAGCGAACCGCAGGTGGACACCCATGCCGACCAGGGCGCAACCTGGAGGAT  
TCTCTCGCACGAGGTACGCTAGCCGCTGTCGGCCAGGCAACGCTGCCGGTATGGTTCCGGCAGGTCCATGTAGCGC  
AGGGCCAGCCGGGGCAATGCGTCCGATAGCAACGGCGTACCATCGTTACGACAGCAGCCGGCCGTCGACCTCGCCGCC  
GGCGCAACGGTACCTCCGCAGTGCAGAGCCAGAGCGGCGCAACATCGGCTCGGGCGCAATGGCATCAGCGTCGTGCA  
AAGCCAGAATGGCGCAATATCGGCGCCGGCGGAGTGGCATCAGCGTCGTGCAGAGCCAGAACAGCCCCAATATCGGCT  
CGGGCGTCAATGGCGTACTGTCGTGCAGAGCCAGAACGGTGCAATATCGGTTCTGGCGCAAGTGGCATCACCGTTGTG  
CAAAGCCAGAATGGCGCAATATCGGTTTCAGGCGGAGTGGCATCAGCGTCGTGCAGAGCCAGAGCGGCCCCAGCATCGG  
CTCGGGCGTCAATGGCGTACAATCGTGCAGAGCCAGAGCGGTGCCAACATCGGCCCGGCGTCAGCGGAATCGATGTG  
TCCAGACCCAGACTTCCCCAACCTGAGCCCAGGCGCAATGGCTCCAGCATCGTCCAGGTCCAGACGCTACCCGATATC  
GCCGCCGACCGCGCAATGTGCATGTGTCGTGCAGGTCCAGACCGGCGGTAACAAGTCTTCGGCAACTCCGCCACCAACGT  
CAGGTACGTACCGTTTCAGGCCCGGAGCAACGAGAATGTGCGTTCCGGCCTGGCGAATCCAAGCAGCGCGGGAAAAGGCC  
CGACGTTGCATGCCGATACCCTGGCCCGCAACCTTTCCACAAGCAACGTGCAAGTGGTTCGCCACCCGGGGCAACGCGCAT  
GTCGGCGCGCCGCTGTCTGGGACAGCGGCAACGGCCTGACGCTAACCGCCGAGCGCGGGGACCTCAGGATCAATGGCGC  
GCTGACGGCCAGGGGGAAAACGCCAGCCTTACTCTCAATGCCGGGCGAGCCCTCTCCGTATCGACGACAGCCTCTCTC  
TCACTGGCCAGGGAGCCCGGGTTCGAATTCATTTCCGACAAGGGTTATGCCCTGGCCGAAGGCACCCGGATCACCTGTCC  
GGCAAGAACGCAGGATTCGCGCCCAATGGGCGGACTACAGCGTATCCAGGACCTGCAGCAGTTTCGCGGCATCGATAG  
GGACCTGGGCGGACGCTATGTCTTCGGCAATCGAATCGCAGGCGGCACTCCAGCTTCTGTCGATAGGCAACGCGAGCG  
CCTTCGGCGGTACCTTCAGCGGCTGGGCAACACCATCGATAATCTCGCCGTACGGCACCGCGCCTACTCCGGCCTG  
TTCAGCGTCAACCGGGCACCCCTCCGCAACCTGAACCTGGAACGCAATTTCCGCCGATGGAGCGACAGGCCACCCATACAA  
CGTCCAGGTTCGGTAGCCTGGCCGCCGTCACCTCGGTTCGATCGACAATGTGAACGCCAGCGACATCCGTTATCGCCGCGG  
CCTCGAAGCTGAACAGCCTCGGCGGGCTGGTTCGACTGAACCTGGGCGATATCGACAACGCCAGCGCCAGCGGCACGCTG  
GTCGGCAACCGCCACACCTATGCTCTGGGCGGACTCGCAGCCGAAAAACATCAGCACAGCCAGGGGCGTGGCCAGCATCTC  
CAACAGCCGGGCCGATTTTGCCATCTCCGGCCAGTTGAAGGACCATGCCAGCCACTACGGCGCGGGGGCCCTGGTAGGCA  
GGAACCGCGGCGGCCTCATCCGAGCAGCGGCAGTACGGGAACGCTGTGCTGAGCGGTACGGAATGAACCTGGGAGGA  
CTGGTTCGATAACAGCTCCGCCGGCGGACTGGCGGACGATCCGCCTCCGTGACGCTCTCAGGCAACGGACAGCACGGCCT  
GTACGGAGGGCTCATCGCCCTCAACGTAACAGTGGTATCGCCCACGCCACGGCCAGCGGCAAGTCCGGGGCACAGACG  
CGGAAGCACTGGGCGGGCTGATCGGCCGGAACCTGAACGCGGCCATCAACAACGCCAGCGCCATGGCGATGTCAGCCTG  
CAAGACGGTTCGCTACCTGGGAGGCCTGATCGGCCACAACCAGGCAAGTTCGGCCAACGTGAGTCCAGCGGCAACCT  
GAGTGGTGGGTCGCTGCTCCAGGCCGGCGGCTGATCGGTCTCAACGCCAATGCCTCGCTGGTCAATGCCTCCGCCAAGG  
GCAATGTGCTACCCGCGGAGCAGAAGCGGTTGGCGGTCTGCTCGGAGAAAACCTGTACGGCTCCGTCATCAACGGCTCC  
GCCAGTGGCGAAGTACCCGAGCGGACGGCAAAAACCTGGGTGGCTGATAGGGTCCAACCTCGGCGGCAATCATTTCCAA  
CCTGAAGGCCTCCGGGTGGGTAAACGCAGGGGGCAACAGTACGTTGGGAGGGCTGATCGGCCACAACCGGGGCGGCAACC  
ACAGCACCTGGCGGCATCCGGCAATGTACCGGGGGCAAGGGCAGTTCGCGTCCGGCGGACTCGTTCGGCTATAACGATGCC  
GCCTCGTGACGAACGCTCTCGGCTTCGGGCAACGTACGCGCCAGTGGTTCCAGGGCCATCGGCGGGTTGATCGGCAGTGA  
CCTGCGAGGTTTCGCTGATGCTCGCCAGCAGTGAATCGTGAACGACAAGACCGGCCACAACCTGGGAGGGTTGGTTCG  
GCCGCGGTGAAAACACCTCGATCCGCTCCGCCAAGGCCAGCGGTGCGGTGAGCGGAGCGCCGGGATCAGGGCCGGCGGA  
CTGGTCCGCTCCCTGGAGGGCTGGCAGGCTCTCATCTGGGGCCCTCGGCCGGCGGATGTGACGGCGGGCTACGATAG

CTATATTGGCGGGCTGGTGGGCTTCAGCACCGCCACCATCAGCGGGCGCTTCCGCTTCCGGCAAGGTCGGAGGCTCGGGTC  
 TGCTGGGCGGCCTGGTCGCCTGGAACCAGGGGAATGTCATGGGTTCTTCGGCCAGCGGCAGGCTGGAGCCACAAATCCCC  
 AACCAGATCCATGGCGGACTGATCGGCATCAATTTTGGCTGGCAGTCTTGGAACTCGGTATACGGGGCTGCGGGCAGCCGT  
 TCCAATGATAGGTGCGCCACTACAACCTGTGAATCGATTCTCCCGGTACCCGTACCGGGAGGCTTCTGTTCGATGGAGCG  
 GCCGGGCTCAGGGCCCGCCGCTCCAGACGCTCGATGAATGCCATGCGGGAAAGGCCAGGCGTCGGAGAAAACAGGGCTGG  
 AAGAGCGGCCCTCCTCCTTCCCACAGGCCAGCATTCGGAAAATAAGGGTACAGAAAACGAAAAAGCCCACCTTCGCAGGT  
 GGGCTTTTTTCGTCTTGAATA

### **pKLC102 flankierende Sequenz rechts, 10181 bp**

TGGTGGGTCGTGTAGGATTCGAACCTACGACCAATTGGTTAAAAGCCAACTGCTCTACCGACTGAGCTAACGACCCAAAGT  
 ATGAGGTGGTCGGGGTAGAGAGATTGCAACTCCCAGCATCCTGCTCCCAAAGCAGGCGGCTACCGGACTGCGCTATACC  
 CCGATTGGAAGTTGGCTCCGCGACCTGGACTCGAACCAGGGACCCAATGATTAACAGTCATTTGCTCTACCGACTGAGCT  
 ATCGCGGAACGCTTTTTCTTCAACCCTGGACGCTTCCGGTGTGCTGGATTTCGCGTCTCAGAGGCGCGCCATTTTACGGA  
 TCGCGCGGGCATGTCAACCCTCTGATCCAAAAAGTTTTTCTTTTCCACGAGCGGCAAAAACGGCCCTTCCACTGCA  
 TGCGGCAGCGCTCTCGCTCCTACCGGACGCCCATGAAAAAGCCCCGCCGAAGCGGGCTTCCCTGTCCGTCCACGAAGA  
 GGTGAGGCGAAGACGATCTCGTCGCCTTCCACCTTCGCCGAGATACTGGCACCCGGCGGAATTTGCCGGCCAGGATCAG  
 TTGCGCCAGCGGGTTCTCGATCCAGCGCTGGATGGCCCCGCTTCAGCGGGCGTGCGCCATAGACCGGGTCGAAGCCGACGG  
 CGATCAGCTTGTCCAGCGCCTCCTGGCTCAGTTCCAGGCTCAGCTCGCGCTCGGCCAGGCGCTTGCAGGCGACCGAGC  
 TGGATCTCGGCGATGCCGGCGATCTGCTCGCGAGCCAGCGGCTCGAATACCACCACTTCGTTCGATCCGGTTGATGAATTC  
 CGGACGGAAGTGCGCATTGACCGCGTCCATCACTGCGGCACGTTGCGCCTCGCGGTCGCCGGCCAGCTCCTGGATCTGTG  
 CCGAACCAGAGTTGGAGGTCATCACCACCACGGTGTGCGGAAGTCCACCGTACGCCCGTACTGTTCGGTCAGGCGTCCG  
 TCCTCGAGCACCTGGAGGAGAATGTTGAATACATCCGGATGGGCCTTCTCCACCTCGTCCAGCAGCACCACCAGTAAGG  
 CTTGCGGCGGATCGCCTCGGTTCAGGTAGCCGCTTCCCTCGAAGCCGACGTAGCCCGGAGGCGCGCCGATCAGGCGGGCCA  
 CCGAGTGTTCCTCCATGAACTCGGACATATCGATCCGCACCAGCGCCTCCTCGGTATCGAAGAGGAACTCGGCCAGCGCC  
 TTGCACAACCTCGGTCTTGCCACCCCGGTTCGGGCGGAGGAAGAGGAACGAGCCGCTCGGCCGGTTTCGGATCGGCCAGGCC  
 GCGCGCGAACGGCGCACGGCGTTCGGACACGGCGACTACCGCCTCGTCTTGGCCGATCACTCGCCGATGCAGCTCCTGCT  
 CCATGCGCAGCAGCTTCTCGCGCTCGCCCTCGAGCATCTTCGACACCCGGGATACCGGTCCACTTGGAAAACCACTTCGGCG  
 ATTTCTCGTTCGGTACCTTGTGCGCAGCAACTGGTTCCTCGGTCTTGCCGTGCTGGTCGACCATCTGCAGGCTGCGTTC  
 CAGGTCCGGGATGGTCTGGTACTGGATGCGCGCCATGCTCTCGAGGTGCGCCTTGCGCCGCGCCGCTCCATCTCCTGCT  
 TGGCCTGCTCGATCTTCTGCTGGATCTGCGCCGAGCCCTGCACCTCGGCCTTCTCGGACTTCAGATCTCCTCGAGGTG  
 CGCTATTTCGCGCTCGAGCTTGACGATATCCTCCTCAGCTTGGCCAGGCGCTTCTGTTGGTTCGTCGCTTCTCCTTCT  
 CAGCCTCGCGCTCGATCTTTCAGCTGGATCAGGCGACGGTTCGAGACTCCAGTTCCTCCGGTTCGGATCGATCTCCCA  
 TGCGGATGCGGCTGGCGCCCTCGTCGATCAGGTTCGATGGCCTTGTCCGGCAGTTGCCGATCGGATCGGATCGCGTTCG  
 AGCTTGGCCGCGGCGATGATCGCGCCGTCGGTTCGATGCTCACCCCGTGGTGCACCTTCATAGCGTTCTTGGAGCCACGGAG  
 GATGGCGATGGTGTCTTCTCGCTCGGTTTCGTCACCAGCACCTTCTGGAAGCGGCGCTCCAGCGCGGCATCCTTCTCGA  
 TGTACTGGCGATACTCGTCGAGGGTAGTAGCACCGACGAGTGCAGCTCGCCGCGGCCAGAGCCGGCTTGAGCATGTTG  
 CCGGCGTCCATGGCGCCTTCCGCTTTCGCCGGCGCCGACCATGGTGTGCAGTTTCGTCGATGAACAGGATGACCCGGCCTTC  
 CTGCTTGGCCAGTTTCGTTGAGGACCGCCTTCAGGCGTTCCTCGAACTCGCCGCGGAACTTGGCACCGGCGATCAGCGCC  
 CCATGTCCAGGGCCAGCAGGCGCTTGTCTTTCGAGCCGTCGGCACTTCGCCGTTGATGATGCGCTGGGCCAGGCCCTCG  
 ACGATGGCGGTCTTGGCGACCGCGGTTTCGCCGATCAGCACCGGGTGTCTTGGTCCGCCGCTGCAGGACCTGGATGGT  
 CCGGCGGATCTCGTCGTCGCGACCGATCACCAGGTCGAGCTTGCCTTCTCGGCCGCGCTTGGTTCATGTCGACGGTGTACT  
 TGTCCAGCGCCTGGCGGACTCCTCGACGTTTCGGGTCGTTACCGCTTCGCCGCCACGAGGTTGGCCACGGCATTTCTCC  
 AGCGCCTTGGCGGACACGCCCTGGCCGAGCAGCAGCTTGGCGAGCCTGGTGTTCGTCGATCGCGGCCAGCAATACCAG  
 CTCGCTGGAGATGAACTGGTTCGCCCTTCTGCTGGGCCAGGCGGTTCAGCCTGGTTGAGCAGGCGTTCGAGATCCTGGGACA  
 GGTTCACGTCGCCGGTTCGGGCTCTGGATCTTCGGCAGCGGTCGAGTTCTTTGTTGAGGCCGCTGCGCAGGGCGGGGATA  
 TCGAAGCCGACCTGCATCAGCAGGGGCTTGCATCGAACCGCCTTGTGCTCGAGCAGGGCGGAAAGCAGGTGCACCGGCTC  
 ATCGCCGATGGTTCATGGCCAACGGCCAGGGACTGGGCGTCGGAGAGCGCCAGTTGCAGCTTGTGGTCAAACGGTCTA  
 TTCGATGGGTCGTCCTTCTTATAGAGCGGGCCGAAACGATGGGTGTCCCTGATGAAGAAAAGCCCGCCGAGATGAC  
 TCAGTAGATAAAGGGCGATTTTCCGCGGTTCAAGCGACCGGACCGTGCATCGGTCAGTTGCCGCGGATAACCTGCGCGG  
 GCCTAGTCTTGGAGCCAGACCAGGCTGGCAAAACGGCCGTTACGCGACGAGCGGCGGTAGGAATAGAAGCCGCGGATC  
 GCTGAAGGTGCAGAAGCCACCGCCATGCACGGCGGTGACGCCATGGGCGCCCAGGCGGATCCGCGCGAGTTCGGTAGATGT  
 CGGCCATGAAGCGGCCCCGATTGGCGCTAGGTACGAAAAGCCGAGCGCGCCTCGGCGTGCAGCAGCAGAAATGCATCGCGG  
 ACCTCGCCGCGACCTCGAAGGCCTGCGGGCCGATCGCCGGCCCCAGCCAGACCAGCAGTTTCGTCGCCGGGCACGCCAG  
 GCTGTCCACCGTTCGCTCCAGCACGCCCGCCGAGCCCGCGCCAGCCGGCATGGGCCCGCCACGCGGGTTCGCCGAGC  
 GGTGCGAGAACAACGCCGGCAGGACGTCGGCGGTTCATGATCGTACAGGCGACGCCCGGCATCGCGCTCCAGTGGCGTTCG  
 GCCCTGAGCACCCGGCTCGGGTTCGGCCTCCACCACCGTCACTCCGTGCACCTGGTCCAACCAGCTCGGCCGGCATTCAG  
 ACGCTCGGTTCAGGCGTTCGGCGGTTTTCTTCCACGGCGCGCGGATCGTCGTCGACGTGGGCGCCAAGGTTTCAGACTGTCGA  
 AAGGTGCTGGCTGACCCCGCCACTGCGCGTGGTTCACGAGGCCCCGACACGGGCCGCGCCGCGCCAGTTCGGGGTTCAGC  
 CAGGCGTTTCATCCGACGAACGCCTCGCGATCCTGGCGCAACAGGCTGAGCAGCCAGAGGAAGTCTTCCGGCAGCGGCGAC

TCCCCTTCATGCGCACGCCGGTGGCCGGGTGATCCAGTTCGAGGAAGCGCGCTGCAGCGCTGCCGGGGAACTCGCG  
AAGAGTCTGGACCAGGGTCTGGCTGGCCACCGGGGAATCCTGAAGCGCCACCCTAGACCGGATCGCCGACCAGGGGAT  
AGCCGATATGGCTCATGTGCACGCGGATCTGGTGGGTACGCCGGTCTCCAGCTTGACCCGGGTATGGGTGTGCGCACGG  
AAGCGTTCAGCACGCGGTAATGGCTGACCGCCACCTTGCCGGCGTGCAGCACCGCCATCTTCTGCCGCTGCACGCCATG  
CCGTCCGATCGGCGCATCGATGGTGGCCACCGGAGGTGATCACGCCGATCACGATCGCTCGTAGATGCGGCTGACCGACC  
GTGCCTGCAGTTGCGCCACCAGCTTGGTGTGGGCCTCCAGCGTCTTGGCCACCACCATCAGGCCGGTCTGTGCTTGTCC  
AGGCGGTGGACGATCCCGGCGCGCGGCACATTGGCGATGTCCGGGACATGGTAGAGCAAGGCATTCAGCAGGGTGGCGTC  
CTGATGGCCGGCAGCCGGATGGACCACCAGGCCCGCGGGCTTGTGATCACCAGGATGTGCTCGTCTCTGATAGACGATTT  
CCAGCTCGATGTCTGTGCGAGCCACTCGCCCTGGCTTCTGCTCGGCCCTCCAGGACGATTCGCGCGCCGCTGTGGACG  
ATGTGCGCGGGCGCAGCACGGCGCCGTCGACGGTCAGGCTCCGCTTGTGATCCAGCCGACCGGAGCGGGAGTG  
TTCGGGAAAAGCTGGGCGGCGATCTGGTCGAGACGCTGGCCACCCAGCTCGAACGGCACCTCGGCCGCGCTTGAATCA  
TATCGGACATGAGTAGGAGACGATGCTCAGCGCGCTTTTGGAAATCGGCTACGCGCTGTGGTTAAATACGGGGTCTTTGT  
CCCAGGGGGTGCCTGGGGCGCAATCATAACAGACGGTTGAGGCCAAGCCGACCGTCCCAGGGACGCAAGCCGCCATGCA  
AGTGAACACCTGCTGCTGATCGCCATCCTCGCCCTCACCGCAGCCTGCTCCTCGAACAGGAGACTGTGACGAGAACC  
TGAGCGAGAGCCAGCTGTACCAGCAGGCGCAGGACGACCTCAACAACAAGAGCTACAACAGCGCCGTCACCAAGCTGAAA  
GCCCTCGAATCGCGCTATCCCTTCGGCCGCTACGCCGAGCAGGCCAGCTCGAGCTGATCTACGCCAACTACAAGAACAT  
GGAGCCGAAGCCGCCCGCGCCGCCGAACGCTTCATCCGCTGCATCCGACGACCCCAACGTCGACTACGCCTACT  
ACCTCAAGGGCCTGTCTCTTCGACCAGGACCGCGCCCTGCTGGCGCGCTTCTGCCGCTGGACATGACCAAGCGCGAC  
CCGGGCGCCGCCCGCGACTCCTTCAACGAGTTCGCCCAGCTCACCAGCCGCTTCCCCAACAGCCGCTACGCCCCGACGC  
CAAGGCGCGCATGGTGTACCTGCGCAACCTGCTGGCGGCTACGAAAGTGCACGTCGGCCACTACTACCTGAAGCGCCAGG  
CCTATGTGCGCCGCCCAACCGCGGTGCTACGTGGTAGAGAACTTCCAGGAAAACCCCGCCGTCGGCGATGGCCTGGCG  
ATCATGGTTCGAAGCCTACCGTGCCTGGGTCTCGACGACCTGGCCAGCACCAGCCTGGAAAACCTCAAGCTCAACTATCC  
GGATAACGCCAGCCTCAAGGATGGCGAGTTCGTGCGCCGCGAAAAGCGAGGCCGACACCCGCTCCTGGCTGGCCAAGGCCA  
CCCTGGGCCTGATCGAAGGCGGCGAGCCGCCCGCCGACATGGAAAACCCAGGCCGCAAGGACGTGATCAAGCAGTACGAG  
GATGCCGAGCGGGAGATTCGCCGCCGAAGCCGAAAACCCAGGATCACAGCGCCGACGACGAGAAGCCGGAGAGCGA  
TGAGCAGAAGACTCCGGCCGCTCCTGGTGGAGCTACATGCTCCTCGGCTCTTCGATGATCGCAGCAACCCGAAAGG  
GAGGCGCAGGCCTCCCTTCTTTTGGCCCGCCATGCCTCTCCAGCCGCAACCGCCGACGACCTTCCGACCTCCCGGC  
TGGGATCGAGCCGGCGGCTTGGCTAAACTGCAGCTTCTCCAGCCTCCGAGATCACCATGGGCTTTTCCGCTCCCTGTT  
CTGGATCGCCCTGATCGCCATCGCGTCTTGGCTCTGGCGTGCCTTTACCCGTCCTACTCCGCGCCAGCAGCAACGTCCGC  
AGGACGAGCCGAGCGCATCGCCGATGGTCCGCTGCGCCATTTGGCGCTCCACGTGCCGACAGCAACGCCCTCGCCAC  
GAACAACGCTGGTATTGACAGCCAGGCGCACCTGCGCCAGGACCAGGGCGACCGTGCAGCGTGAACGGCTACGGCTGAGCG  
AGGAGCAGGGGCAACGCATCCTCCGCTGTACCACCTGTACCCTGACCATCGGCCTGGTACTGGTCTGTGATCTCC  
AGCGAACTGGAAGATCAGGTCTCAAGCTCGTCCACCCTGAACTGTTCCATGTGCGCAGTTGGTGTACTCTGGTCTTCAA  
CATCCTGGTGCAGCTGTTCTGCGCCGCTGCGGGCAATTGCTGCCGATCTTCATCCTCGCGCTCACCGACGTGCTGATGC  
TTTGGCGCCTGTTCTACGCAGGTGGCGGCGTGCACAGCGGCATCGGCAGCCTGCTGGTGGTGGCGGTGCGCAATTGCCAAC  
ATCCTGCTGCGCGGGCGCATCGGCCTGGTTCATCGCGCGCGGCCAGCCTCGGCCTGCTCTACCTGACCTTCTTCCCTCAG  
CCTGAGCAGTCCGGACGCCACCAACCACTACGTCCAGGCCGGCGGCTCGGCACCCTGTGCTTCGCCGCGCGCTGGTGA  
TCCAGGCTCTGGTGCGGCGCCAGGAGCAGACCGAAAACGCTGGCCGAAGAACCGCGCCGAGACGGTTCGCCAACCTGGAGGAA  
CTCAACGCATTGATCCTGCAGCGCATGCGCACCGGCATCCTCGTGGTGCATAGCCGTCAGGCCATCCTCCTCGCCAACCA  
GGCCGCCCTCGGCCTGCTCAGGCAGGACGACGTGCAGGGCGCCAGCCTGGGCCGCCACAGCCGATGCTGATGCACTGCA  
TGAAGCAATGGCGCCTGAATCCCAGCCTCCGTCGCCGACGCTCAAGGTGGTGCAGGATGGCCCAGCGGTGCAACCCAGC  
TTTATCAGCCTCAACCGCGAAGACGACACGACGTCGATCTTCTCGAAGACATTTTCGAGATCGCCAGCAGGGCGCA  
GCAGATGAAAGTGGCCGCTCTCGGCCCTGACCCGGCATCGCCATGAGATCGCAACCCGCTGGGCGCGATCAGCC  
ACGCCGCAACTGCTGAGGAGTCAGAGGATGAGGATGATGCCCCGACCGCTGACGACAGATCACCAGGACCTGCG  
AAGCGGATGAACCTGGTTCATCGAGAACGTCCTGCAGCTCTCCCGTCCGCCAGGCGCAACCCGACCGTGCAGCTGCA  
GGAGTGGCTTCAGCGGTTCTGTCGACGAATAACCCGCGAGGCTGCGCAACGACAGCCAACTGCACCTGCAGCTCGGTGCCG  
GCGACATCCAGACCCGCATGGACCCACATCAGTTGAACCAGGTGCTGAGCAACCTGGTGCAGAACGGTCTTTCGCTACAGC  
GCCAGGCGCACGGGCGCGGCCAGGTCTGGCTGAGCCTCGCGCGGACCCGGAGAGCGACCTGCCGGTGTGGAAATCAT  
CGACGACGGTCCCGGCGTACCGGCGGACAACTGAACAACCTGTTTGAACCTTCTTTACTACAGAAAAGCAAAGGCACCG  
GCCTGGGCCTCTATCTCTCCCGGAGCTCTGCGAGAGCAACCAGGCACGGATCGACTACCGCAATCGCGAGGAAAGCGGC  
GGCTGCTTCCGCATCACCTTCGCCACCCCGCGAAACTCAGCTGACGGAAGCCGACGATGAGCCGACAAAAAGCCCTG  
ATCGTGCAGGATGAACCGGATATCCGCGAACTGCTGGAAATCACTCTCGGCCGATGAAGCTGGACACCCGACGCGCCG  
CAACGTCAAGGAAGCCCGGAGTTGCTGGCCCGCGAGCCGTTTCGACCTGTGCTCACCGACATGCGCTGCCGACGGCA  
GCGGCCTCGATCTGGTCCAGTACATCCAGCAGCGCCATCCACAGACCCCGGTGGCCATGATCACCAGCTACGGCAGCCTG  
GACACCGCGATCCAGGCGCTCAAGGCCGGTGCCTTCGACTTCTTACCAAAACCGGTGCACCTCGGTGCTTGGGGAGCT  
GGTGGCAACCGCCCTGCGCTTGGCGCAACCCGGAAGCCGAGGAAGCGCCGGTGGACAACCGCTGCTCGGCCGAGTCCGCCG  
CGATGCGCGCCCTGCGCAACCCAGATCGGCAAGCTGGCGCGCAGCCAGGCGCCGGTCTACATCAGTGGCGAGTCCGGTAGC  
GGCAAGGAGCTGGTGGCGCGCCTGATCCACGAGCAGGGGCCACGTATCGAGCGGCCGTTCTGTCGGGTGAACTGCGGCGC  
GATTCCTTCCGAACCTGATGGAAAGCGAGTTCTTCGGCCACAAGAAAGGCAGCTTCACTGGCGCTATCGAAGACAAGCAGG  
GCCTGTTCCAGGCCGCCAGCGCGGCACTCTGTTCTCGACGAAGTCGCCGACCTGCCGATGGCCATGCAGGTCAAACCTG  
CTCCGGCGATCCAGGAAAAGCCGTCGCGCGGTCGCGGCCAGCAGGAGGTCGCCGTCGACGTCGCGCATCCTCTGCGC  
CACCCACAAGGACCTCGCCGCCGAAGTCGCGCGGCTTCCGCCAGGACCTTACTACCGCCTCAACGTATCGAGC  
TGCGCGTACCGCCGCTGCGCGAACGCCGAGGACATCCCGCTGCTCGCCGAACGCATCCTCAAGCGCCTGGCCGGCGAC



ACCGGCCTGCCGGCCGCCAGGCTGACCGGCGACGCACAGGAAAAGCTGAAGAAGTACCGCTTCCCGGGCAACGTCCGCGA  
 GCTGGAAAACATGCTGGAGCGCGCCTATACCCTGTGCGAAGACGACCAGATCCAGCCTCAGACCTGCGCCTGGCCGATG  
 CGCCGGGTGCCAGCCAGGAAGGCGCCGCGAGCCTGAGCGAAAATCGACAACCTCGAGGACTACCTGGAAGACATCGAGCGC  
 AAGCTGATCATGCAGGCACTCGAGGAGACCCGCTGGAACCCGACCCGCCGCGGCCAGCGCCTGGGCCTGACGTTCCGCTC  
 GATGCGCTACCGCCTGAAAAAGCTGGGCATCGACTGAAAGTGAAGAGGCTGTCCGAAGACAGGCCTTTTGGTTTTTCGCT  
 CCTCAGAGGCGACCAGCCGGGGCGTAGGGGACCGGGTCGATGATCGGTTCCCGCCCGCTCATGAGATCCGCCAGCAGACG  
 GCACGACGCCGGTGCCAGGACCAGCCCGTTGCGGTAGTGCCCGGTTTTCAGCCAGAGCCCGTCGAAGCCAGGCACCCGGAC  
 CGATATAGGGGATGCCTTCGGGAGAGCCCGGGCGCAACCCCTGCCAGTGGGCCACCCGGCTGCATGTCCGCCAGTTCCGGC  
 AACAGTTCTGCCGACAGACCCCTGAGGCTTTCCAGCGCCTCGTCGGTTCGGGCTTGTGCGAAGCCCGAATGTTCCAAGGT  
 CTTGCCGATCAGGATGTGGCCGTCGCGCCGCGAATCGCGTAGCAGCCCTTGCCAGCACCATTGCGCGGCAAGAAATCCG  
 CCGCGCACTTGTAGAGGATCATCTGCCCTTTCACCGGTACCACGGGCAGTTCCAGGCCAAGCGGCTTCAACAACCTCGCCG  
 CTCCAGGCGCCCGCCGAGCAGCACCTTGTGCGCACGGATCTCGCCACGCGAGGTCGCCACGCCGAGCACTCGATCGCC  
 GTCGCGCAACCAGCCGCGCACCTCCGTCTGCTCATGCAGTTTCAGATTGGCGAATTGTTGCGAGGATGCCCGCAATGAGC  
 GCGCCAGGCGAGGATTGCGCACATTGGCCACGCCGACATGTAGACCGCCGCTGGAAGCCGGCGCCAGCCGGGCGACC  
 GCCGCTAGGCCTCCTCGATC

### SpB-Insertion flankierende Sequenz links, 5404 bp

GATCGAGCAGAACTGCCGATGACCAGCTTGTCCACGTCGTCGCGGTCGGGCATCAGGTAGCGGGCGCAGTCGTCGAAGG  
 AATGCCCGTGATAGTAGCCGGAGTAGTAGCTGTAGCGCCCCACCCGATGTTTCGGGTTGCTGACCTGTTCCGAGAGCAGC  
 TTGCCCTGAAGGGGCTCTCGAAATAGTTGCCCATGACCGTCGTCCTGTCCGTCGAAACCGCCAAGGGTAGCGCCTGGT  
 GGGATAGCGGGCCAGCCTGGCGTGACGGCTGGCAGCCGCGTCGGCGTTCAGCAGGCCGGACTGCTGAACGGCCAGGCCTG  
 GAAAGGCTCCGAATAGTGCCTGCCGTGACGGAAGGCGAAGGGGAGTGCCTGGCTTGTGGTGCAGTTCTCATTTGTCGA  
 CGTTGAGGCAAAGCATCTGGATGTCTGTGCCACCAACAGCCGGTTCAGGTAATCGATGCTCTTGCCTGGCGCAGGTTA  
 CGCGTCAGCGGGCCGGGGCAAGCAGGCGCGCTCCAGGCCAGGTAATCGCAGAGGCCGGCGTCGACTTCCGGCGAAGCA  
 CTGGCGAGCGTCCGATGATGCGTTGCGGGTGCAGCGGATGCGCACGCCGCTGTGCGGTAGCCGGGCGAGGGACGCCA  
 GGTACTCCGCCGAGGCGGGTTTCTGCTCGTCGATGGCCAGCAGCAGGCAGAGTTCGACCTGGTGCTGCTGCAATTGCCCTG  
 GCCGAGGCCAGGATCCGCTCGCAGACCCCGGCGTTGCCAGGCTGCTGGCATGCAGGGGAATGAAGTTCTTGCCGAGCAG  
 TTCGAGGTCCGTTGTTGCGCGGTGCACGCACAGGAGGCGTGCAGCAGGTGCTTGACCGCCGCTCGGCAAGCAGCGGGC  
 GTGCGCCGAAAGGAAGGCCGACAGGTGCAGCGCTGGCGCCGTTTCGCGCAGGGAGAGCTTGTGCTGCCGACCAACGCGCCG  
 TTCTCGCATAGATGCCATGGGCGAAGAGCTCGAATCCGTCGTTCCGATCACGGTTGCCGAGGCAGAGCCATTTCAATGG  
 CGGGGGCTTCTGTCTGTGTCGAGTCAAGTGTAGTGGCTCTATGGGCAAAATCTCGCCAAGGCGCTCGGGCATGGAGCCCGC  
 ACGCAGGGTTGAGGGGTACTTAGCGGAGACGACCTACCTCCCAAGAAATCAAGGTTCTTGTGCGAAAACCCAGGGGGCA  
 GGTAGGGGATCGGCTCGGTAATCGGCCGCCGAGGGTACTTCCGGTGTGCGCCAGGCGCTGGTTGGTGGCGGGCTTTTTCT  
 CTGGTCTGTGAGTGGTTCCGCTGTTACCGATTTTTTCCGAGTGCCTTTGTGTTGCGGCATCGATCATTGGCGTCAGTCGG  
 CGCCGATGCTGTGATGAAGCCCTGGATCAGCGGCGAGGCTTGTGTTTGCGCCAGACGAAATGGATATCGCTGGAGTCC  
 AGGCGCGCTACCGGTTCCGATGGAACCCCGTTCGCGCGGAGGGCATGCGTGCAACGAAGCTCTCCGGCACGCGAGGCCAA  
 GCCGAGACCGGCTCGATGCAGGCGAAGAGGCTCGGGTAGGACTCGATTTCCAGGGTTGCACGCGGCTGGATAACCGCTTT  
 CCGCCAGCCAGCGGTGCACCTGGCGGCGGTAGTGGAAGTGTGGCCGAACACATAGAGTTCGAGGCTGGCGAGGTCCTCG  
 GGAGTGGGTGCCGGCAGGTGGCGGGAGTGACCCGCAACAGGCGCTCGCGAAGGCCAGGCGGCTGGCCAGCAACGGGTG  
 TTCGATGGGGCCGTCGGTGCAGATCAGGTCCAGCTCTCCCTCCATCAGCAGGCGCTCGAGCAGCAGCAATGCTCCGGGC  
 GGATGTGAGTTCAACGCCCGGCGACTCGCGGCGGTAGCGGGCCAGGCGCTGGGGCAGATGATTGGCCAGGGCCACGTCC  
 AGTGCGCCGACCCGTAGCGCGCCGTGCGCCTGGTTCGCCGGCGAACAGCGCAGCGGCTCGTCGCGCCAGCGCCAGCAGGCG  
 CGTGGCGTGGCGGTACAGCAGGCGGCCCTCGGGGGTACCAGCAGGCGATTCCCTTTCGCGATTGAACAGGGCTACGCCGA  
 GTTGTCTTCCAGTTCCGCGCAAGCGGGTAGTGATGTTTCGACGGCACGCAATGCAACTGTTCCGGCCGCGGCTGCGATGGTG  
 CCGCGTTCCAGCACCGCGCAGAAGAATCCGAGTTGGGAGAGTTTTACATCATTTCTTTAAGTGAGTACTTTGCTGATTA  
 TTGATTACTTTTAATGAGTGAAGGCCACCCTAGCATGGACCTCGCGATCGCTTCCAACCCCATTTACAGAGGAAAGATT  
 CCATGACCTACCAGTACTGGTTTCAGTTTCAGCTTCCCTCCGACAAGCGCGAAGCGTTTCGCCGCGGCGAGGCTGTTTCGAT  
 GCCAATGGCTCGTTGCAGAAATGAACCGGGCACCTTCGCTTCGAGGTGATCCGCGACGAGAACAACCGCAACCGCTTCTA  
 CCTCGACGAGGTGATCAAGACGAGGCGGCTTCTCCAGCATTGCCGCAACGAAACCATCGCGCGCTTCTATGAACATGA  
 TCGACAGCTATGCCTTCGGTCCGCTTTTCTGTTCAAGGGTACCAGCGTCGAGGGTTGATTCCCGCTCGGGCGGCTCGCC  
 GCCGGATTCCACGGAGAATTTCCATGCGAATCCTGCACAGCATGCTCCCGGTGGCCGATCTCGAGGCGCGCTGGAGTTC  
 TACACCGCGCCCTGGACATGCGCCTGCTGCGGCGCCGGGACTATCCCGAAGGCCGCTTACCCTGGCCTTCGTCGGCTA  
 CCAGGACGAGTGCGCGGCCGCTGCCCTGGAGTTGACCCACAACCTGGGACCGGGACGGCTACACCCAGGGCGACGGCTACG  
 GCCACCTGGCCATCGAAGTCCGGGATGCCGCGTCACTGCGCCGGGCCAGGGCGCTGGGCTATCGGGTACCCCGCGAG  
 GCCGGGCCGATGCAGCACGGACGCAGCGTATCGCCTTCTCGAAGACCCGGACGGCTACAAGGTGGAACGATCCAGAA  
 GGGTACCCAGTTCGATTGAGCCCGGACAGGGGGCGACATAGCGGCTGCTGTGCTTCGGCTCAGTCGCTGGCGTCGAA  
 TGCGGCGTGAAGGCCACTATTCTCGCGCCACGCGCCACTGAAGGTCTGTGCTGGAAGTATTCGGCGGGAACGCCGG  
 GCAACGCCAGGCCGCTTTCCACCCGAAAGCCGAAGCGCGAGTAGTAGGTCGGTTCGCCAGTACCACGCAGCCACCCGCG  
 GGCAGCAGTCGAACTCGGTGAGCAGGCGCCGGACCAACTGCGAACCAGGACCTGGCGCTGTCGCGCGGGCGCCACCGA

TAGCGGCGCGAGGCCGTACCAGCCGCCCGCTTCGCCATCGATGGTCACTGGTGAGGCAGCGATATGGCCGATCACCTGGC  
 CGTTTCGCTTCGGCCACCAGCGAAAACGTACGCGCGCCGGCACGGCGCAGGGCGTCGATGATGTACTGCTCGGTATGGCTG  
 CTGTGCGTTTTCGTTGCGGAACGCGGCTTCGGTCAGGCGAGCGATGGCGTCGATGTCGCCGGGCGTTTTCCGCACGGATGGA  
 AATATTCATGCAAGCACTCCTCGGAACCCCCGCTTGTCCCGGCGGGGGCAATGGAAAAAGGAAGGGGTCAGCGATTGTC  
 CGCCTGCGGGGCGACGGCTTTCAGCCCGGCCATGGATATCCGGTAGGGCTGCCCTGGCGGGAGTGACCAGGCCCTTGT  
 TCTTCAGCCTGGAGAACACCGCCAGGGTGCAGTCGAGCAGCAGGTGGCCGTGCGGGTTGTAGCACTCGACGCGGGTGATC  
 TTGCCCGAAGCGTCGCGAAGGAAGGCGATATGGCCGCCCTGGGCCAAGGCGTGAAGCGTCCGTTGTTCCGGCTTGAAAC  
 GTTCATGTGCGGTAGAACCTGTAATCATCGGTGTGACAACGCGGCCGACGGCGCGAAAAGGCGCGTGCAGCCATGGCGA  
 AGGCAGATAACCGGCGACACCTCGTGCGGGATGACGAAGTGGCGGTTATCGGATGACTACTATCTCCAACATGCAAGCCT  
 CGGATCGGGGAGGGCGCAGCCACGAAAGCGTGTGCGATGCGGCGAGTCTAACGAAGCTGGCGAAGCGCAGCGCAAGGAAC  
 GCCTGCGTCGCCATGCCGCTGTGCGACGCTTGCGGCTTGTGAGGGAGTTCGCCTCGCCCCGCGCGGTCCGCGCTTTCA  
 TTATCGGGGGAAGCGGGAGGTATCCATGTTTTGCGACGGCGCTGACGCTGTTTCATGTCTTCGTTGGCAATTCCTGCCGTCG  
 CCTCGATGAGATGCGGCACGCACCTGGTGGACGAGGGCGACAGCGTCGAGCAAGTCTGGAAAAGGTGCGGGCAACCGCTG  
 AGCAGGATCGTCAACGAGCCTGCCCTGCGCAACAACGGCGTGCCCAAGTTGAATGCCGCGACGCACCGAATTCGGGTGTA  
 TGGCCCCAGTGGAGGCGTCTACCGACACTTGCCTTCATCGATGGCAAGCTGGTCGAGATTCGGCTCGAGCGGAAGTGAT  
 ACGAGGCTGTTGAGGAGTTATTCTACAGATAATTAATAATTTGCTGCGGAACACCGTGAAAAGAGCGCTGAGAGAGAAGA  
 CGAGCCGGGTGCGGGCCCAGGTGGATGCGTCTTCCGTGCTGTAGGAATTGCCGATATCGGGCGCGGGGCGGAAGGTTG  
 CGGGCCACCCTGATCGCATACTGAAAAGTTGGCGGCGTAATCTCCGCGATTTTCAGGCGAGGACGCTCGTGTGAAAGT  
 TATTGGTCTGTTGCTTCCCTTTTCATCTGTGGAGGCATGGCCATGGGAGAGCCAGGGGGGCGGATGGGTTTTCCGCT  
 GTCGCGAGCGGTGATCCGGGAGCGAACCCCGAAGCGCAACTGGACGAGGAGCCTCAGGAGGTCAGCGAAGCGCCGCTCTA  
 TCGCGTGGATGACCTCACCTTCCCTGTACCTCACCCATGAGGTCTATCTGGAACCCCTACGTTTCTCGCCGTCGAAAAGTCC  
 TGGGCGAACGTTTCGTACGTCGCTGCTGGAACGAAACCTATTCCGGCCGCTCCCCGCTGAATTTCTGGGAATACGACGGG  
 GCGACTTCCCTCGCCCTCAACGACCCGGCACGTGTGTTGGCCGAGGGAAAAGTTGCGCAGCGAGCAGCGCATCGGGCAAGC  
 GCCCTGCCGCTGCCCTGGATATCGATCTGGACCAGTTGGAGCGGGCCTACTCGCTGATGATGTAAGGAGAGGAACCT  
 TCCGGCTGCGTCTCCGCCGAAATCCATGGGGGCGCTTCCGATCTTTCCGGGCTTACGCGGTAAAGCCTGAAAACAGAA  
 AGCCCCGGCACTGGTTGGTGTGAGGGGCTTTTGCATTGGGATC

### SpB-Insertion flankierende Sequenz rechts, 3126 bp

TGGAGCGGGCGAAGGGAATCGAACCCCTCGTCAATGAGCTTGGGAAGCTCAGGTAATGCCATTATACGACGCCCGCTCGGAT  
 GGGTTTTGCGGCCAGGGCGCCTTTTTTACCAGATGCGCGGCGGCAAGTGAAGCCCGGGGCGGGTTTTTGTGATTTTCGCT  
 GGGTTTTTCCGCCAGGGGAGCGGGGCTCCCCGTGGCGGTGCGGTTAGCTGGCGAGGGCGGCGAGGGGGACGCTGGCGCC  
 GTTGGGCTGGGGCGGTAGATCGGGTTGAGCGGCTGCGTGCCTGCGGGCGGAGGAAGGCGAGCGGGCGTCCCTGGGTCT  
 GTTGCCAGGCGGCTTGTGCTCGACGTCGATGAAGTGGCCGGCATTGCGGATGGTGTGGAATTCGCGGCTCGCGGATCAGT  
 TGGCCGAACTGGCGGGCTTTCGTGGGGCGTGGTGTAGATGTCCAGCTCGCCGTTTCATGAACAGCACCCGGGATCTCGATGCC  
 GGCGAAGCTCTCGGTATAACTATCGGCGTTCAGGCGCAGCACTTCGCGGATATGGAAGTGCATCTGGTGGTATTCGTGCT  
 CGTCCAGGCTGCTGACGTGGCGGAAGTTGTAGCGCTTGAACAACCTGCGGCAGGTAGCGGCCGATGGTTTTGTTGACCAGG  
 TTGCCGATCTGGGTGCGATCGCAGGCGGCGAGGTAGTTCAGGCGCGATGCAGGTAGTTCGAGCATGGCCGGGTTGAGCTG  
 AGGCGAGAATGAGTTGACCACCGCCCTGCGGATCCGTCCGGGACGCTGCGCCAGGGCCAGCAGGGTGGCGACGCCGCC  
 ACGAGAACGACATCACTACCTCGGCACGGAAGCGTTCGATCAGTTCCAGCAGGATCCTGGCTCGCATTCCTTGTGATC  
 GCGTGTGGTTTTTCTGTTATGGGGTTTTGGACTGGCCGGCATAACGGCTGGTTCGTAGAGACCACGTTGTAATGCGGCTGCAG  
 GTACTTCACGGTCTGGGCGAAGGACGCTGTGGTGCACAGCGAGCCGTTGACCAGGATGATGGTCTGCTGCGCCGCGGGGT  
 TGCCGTAGAACTCGGTGTGAATCCTGTATTGCCCGTGGATCTCGATGATGGCTGTTTTCCGGCCTCATGTGCTTCCCTCCT  
 GGAATCGTTTCGATGGGAACGCGGCGACCTGCTTGTGCGGGCAATACAAAATGCTCATGGGCAGATGAAAAGCGCCTCCCA  
 ATGACAGTTGAATGTCATTCGGATGGATTTGATAAACTTTTGAATTTTCAACGACTTACAGGCAAAATAGAGAGCGTCCGAA  
 ATCCTCTCGGATTTTGGCGAAGCGGCTATTGGCCGGGCGAGGAAAGGCGCCGCGGCGAAGCGCGGGCAGTCACGCGGGCTTT  
 CTTGGAAGTCTTTTGTGACTGGTCACTCACAACGTGAGCGTCACTTAAGCAGCCGGCGTCCGGACTGCAAGCCCTGTTT  
 CGTTTTTGGATGGGGGAAGGGGGCTGGAATCCGACGAAATGCCGCGAGGCAAGTACCGATGCTGCGATTTCCGGATGCC  
 GGAAGGAAGGGGACGGCGCGGCGCCGCCGCTTCAATTTGAGCAGGCTGGCGATGACTTCCGGCTACGCGCCCG  
 ACGTGCACGGCGCAGCTCTGCGGGGCGAGGAAGCGGAGGCTCCAGCCACTTCGGCTGCGGATAGTAGGCGAACAGT  
 AGCTGCCGCGCTTGGGGTGTGATCAGCCGGGCGGCCAGGCGGGCGTACCAGGGCAGCCCTGGCTGCGCCCGCAGG  
 CGACCGAGCCCGGAACACCCTGGGATCGGCGTAGGCAGCGGAATGCATGACGATGGCGCGTTCTTCCGCTCTTGTGCTT  
 GAAGCCCGGCTCCAGGCCAACAGGCGCAGCGACTGGCCGTGCTTGGCCGTATAGAGCTGGCCGGTCTGGAACAGCCCGA  
 TCGACGACTGGTAGCTGTTCCGGCCGGTTGGAGAAGGAGGTGGCAAGGTCATCGCCGCTGTTCTTGGCGTGGGTCACCCAC  
 TCTTCGAAGAGCAGCTTGCGGGCCCTTCAGGTGCAATACCCAGAGACGCTTGTGCGCGACGGCCGCGAGTAGTCGATCAC  
 CGTCAGCAGGCGGTTGTCGCCGCCCTGGCTGGCACTCGCGCAAGCATAGGCGGTAAGGGCCAGTTTCAGAGGTCGGCAGGC  
 TGGCCTGGGGAGCGAGTTTCTGCAGGTCCTTGGCGGAGGGAAGTGGCATGGCGAATACCGGCCCGCTGGCCAGTGCGCAA  
 AGGGTGGCGCCCGCCAGGCTCAGCCTGCGCAGGGCGGCACGGAGGAAGGTTGGCATAACGAGCAGTATTCCCATCGGTTCA  
 GTGTGGTTTTTACCAGGATGAGAGGCATTGTGCTCGATTTTTGAAACAACCTGCCGACTACTTTTTAAGCGATTTTCGTGCGA  
 TTGTTCCGGTGTTCCTGCGGATCACCGTGAATCGGAGTCGCTGTGGGTGTCCCGGTCGAGGCCAGTTCGGTGTATCAC

CAGGGTGTGCGGACGTCCATGGCACCGAGCATTTTCGCGGACGAAGGTCGGGTCCATGCGGATCTTGCCCAGTTGCTCGG  
 AGGGTGTGAGGCCCTGTCCCGGGTTGCTCACCTGGACCACCGACCAGCGCAGGTTTCGGCGAGGTCTCGCTGATTTCTTCC  
 GGGGTTCGGCTTTTCCAGCAGCGAGAACACCGCCATGCCGGTTTTCGGGGCGTGCCGGCAACTGCACCGGTGCGGTGCCGAT  
 GCGCTGGCCGCGCGATAGACATAGGCGCGCTGGTTCGGCGCGGCTGATCAGCACCGACAACGGACCGCGTTCCGCGCCGG  
 GGTTCGTTCCAGGCGATTTCTCCGGGCTCCACCGGCAGCGTACCGGTTCGCCCCGTCCGCTACCGTTCGGTGCAGCAGGCCG  
 GGGTGGTTCGACTTCCCTTCGGCGCGCTGCTGGCGTTGGAAATGATTACCGTGGTGGAGCTGAATCCGGTGCAGGCGTAGAG  
 CTTCTTGGCGAACGCCATGGGCAGGCGGATGCAGCCGTGGGAGGCGGGATAGCCGGGCAGGTTGCCGGCGTGCAGGGCGA  
 TGCCGTCCCAGGTCAGGCGCTGCATGTAGGGCATGGGCGCGCTGTTGTAGAGGTCGGACTTGTGGTTCGACGCTCTTTTGC  
 AGGATC

### **12.3.8 Sequenzen der verwendeten *Primer***

#### **Primer für PABI-2(C)-ORFs:**

>C1for  
 GGTGAGTTCGGCCTACAACC  
 >C2for  
 GTGCCATCCTCATGCTTCTCC  
 >C3for  
 CTGATGCATGGGGGATCACC  
 >C4for  
 CGAACAGGCACGCGAAAACG  
 >C5for  
 AAGTGATCCTCCACGCACCG  
 >C6for  
 AGGTTTCGAGACCGAGTTGCC  
 >C7for  
 AGGCAGCGATGATGTTGGCG  
 >C8for  
 CGCAGGAATTCAAGGTCGGC  
 >C9for  
 ATGGTGGGAAGAGTACGCGC  
 >C10for  
 TTGTTTCGCGCTGGGTTTGGG  
 >C11for  
 CCAAGTTGCCCTGAAAGCG  
 >C12for  
 CTTTCTGTTACGGCTCCGG  
 >C13for  
 TTTCTATGGCCGCTGCTCG  
 >C14for  
 CTCGCTTTGTTTCGCATGGCG  
 >C15for  
 ACGCATCGCACTCATCGTCG  
 >C16for  
 CAAGGCGTTCTACCCACTCG  
 >C17for  
 CTTGAAGCTCGCCTTGCTCC  
 >C18for  
 TGACTTTCCGGATCGTGCCG  
 >C19for  
 TCTGCACAAGCACGGCATCG  
 >C20for  
 CGTCAACCATTACCCCTCGG  
 >C21for

CCTGCTTGAAGACGGCATCG  
>C22for  
ACCTGTGGAACGGCTCAAGC  
>C23for  
ACCCTATGGCGATGCCATCC  
>C24for  
GGGCGCTTTGAGCTACATCG  
>C25for  
AACAGCTAAGAGGCCGTGCG  
>C26for  
TCATCGCGAATATCCCGGGC  
>C27for  
GAAGGCGATGTACCTCTCGG  
>C28for  
TCTGGAGACGCATGTGCACG  
>C29for  
CCCTGAAATCCATCTCGCCC  
>C30for  
GTCGTTTCTACAGGACGGCG  
>C31for  
TCTCGCGCATCATGATCGGC  
>C32for  
TTACCGGCAACTGACGCAGG  
>C33for  
ACCACCGACTTCGTTGCGACC  
>C34for  
CGACGCCTATTTCTCAGCGG  
>C35for  
TGCCTTGGAACTTGTCCTG  
>C36for  
GCTGGACCCACTCATTACAG  
>C37for  
TTCATTGCCGATCGCCTGCC  
>C38for  
GATCGATGCCGGTGAAGTGC  
>C39for  
CGCATCAGCACTGCGGAACG  
>C40for  
GGACACGAACGGCTACTACG  
>C41for  
CATGACTTGGCGCCCCTTGC  
>C42for  
GGCTACAACCTGGTCAACGG  
>C43for  
AGCAACACCGGAGAGAACCC  
>C44for  
AACCCCTTGGCCTGGCCATCG  
>C45for  
ATGACTCCTGCCTGGAGTCG  
>C46for  
CCCATCCATTCCGATGCAGG  
>C48for  
GATTAAGGGCCTGGTGCTGG  
>C49for  
TGGGGTCAAGAGTGCCAAGC  
>C50for  
CTGATCCTGCTGGACATCGC  
>C51for  
TGCAGGCGCACATCAAGACC  
>C52for  
TCAACCGCCATCCCGTTGTGCG  
>C53for  
ATCCTCACTTCCCGTCTCGC

>C55for  
GGTGGCTTCGATCTGGCTGC  
>C56for  
TCCAAGATGACCCTTCCCGC  
>C57for  
ATTCACCGCCGTCTACGACG  
>C58for  
GACTGGGAAGACCTCCTTGG  
>C59for  
GCGATGCGTTGCAGACATGG  
>C60for  
TCGCCACCTACTCGTACACG  
>C61for  
CTGACCGGTTCCCTATGCTCG  
>C62for  
ACGTCCCATCGAGGTACAGC  
>C63for  
TTGTCCTGCCGAATCGCAGG  
>C64for  
GCACCTGTTCTGGAAGGACC  
>C65for  
CGTCATCAACATCGACGCGC  
>C66for  
GTTACGGGCCTACTCATGC  
>C67for  
TCACTGCCGGCCTGTATGCC  
>C68for  
CCGTCGATCCTCCTTTTCGC  
>C69for  
AGAGCCTGATGTGGCTCTGG  
>C70for  
TTCACTATCCCGAACGCCGC  
>C71for  
CTGTTCCACCTGCTGTTCCG  
>C72for  
GCGCTCATCTTCAGCAGAGG  
>C73for  
TCCCAATCCGTTCAAGCGG  
>C74for  
GGACCTGATGGACACGATGG  
>C75for  
CTTCTTCCACGCTGTACCGC  
>C76for  
TGCTGGCACTCGTTGAAGGG  
>C77for  
ATCGCGGTCCGAACTGATCG  
>C78for  
CCACCATCGCTTGCGATACC  
>C79for  
CCGAGAAATCTGTTGCGCCC  
>C80for  
CTGGTATCCCGCTTTGCTCC  
>C81for  
TCGCCTTATCAACCCACCGC  
>C82for  
ACCTGGACGCTGGAAGTCAC  
>C83for  
ACCCGTTTCGATGACTGGTGG  
>C84for  
ATCATCGACCTGCACGACCG  
>C85for  
GCCATGCCAAGTACGAAGGC  
>C89for

CATGATGCCTTCGCTGGTCG  
>C90for  
TTCCCCGACCTCATCACACC  
>C91for  
CCCAATCCCTTTCTACGCGG  
>C92for  
CGAAAGGAGCCTTCATGGCC  
>C93for  
GAACCAGCTTTTGCCCCAGG  
>C94for  
CAGCAGCCAGAGTTTCCAGG  
>C95for  
TGCTGATGTCACCCGTTTCGC  
>C96for  
GTGGTACTCACTCGCGATCG  
>C97for  
ATACAAGGTGACCGCAGGCG  
>C98for  
ATGCGGATCGGTGAACTGGG  
>C99for  
ATGGCTCGGCTTCTTGGTCG  
>C100for  
CGAAAACGACGAGTTGGGCC  
>C101for  
CTGTACGAGACGCACAAGGC  
>C102for  
CACAATTCATCGGCGAGGGC  
>C103for  
GAACAGCCAGCCTTCATGCG  
>C104for  
AACTCAACCTCGGCTCCCTG  
>C105for  
GATGGCGTCACGGCATTTC  
>C106for  
ATCGCATCCGCTCAACCAGG  
>C107for  
TCCCCTGTGCTCTATGGCG  
>C108for  
ACTACGAACTGACCCAGCGC  
>C110for  
TCTATCGTCCCATCGAGGCG  
>C111for  
GGTCAGATGGGTAAGCACGG  
  
>C1rev  
GTTGCCAATCGGGAACCTCGC  
>C2rev  
TGAGTCACGACCTCGTAGGG  
>C3rev  
ACGAAGATTGCGCTCGGTGG  
>C4rev  
AACCGGAATCTTGCTCGCCG  
>C5rev  
AGATCCATCCCGCTTGCTGC  
>C6rev  
CCAAGAATCTTGAGCGCCC  
>C7rev  
ATCCTGCGTGCCAGAACACG  
>C8rev  
GTGCCAGGTTGTCATCGAGG  
>C9rev  
CCAGATGGGTATCCACCAGG  
>C10rev

AAGCGCCTGTGCCAAATGC  
>C11rev  
AGCCACGGATTCTGGACAGC  
>C12rev  
GGCTGCGCAGATTCATGACC  
>C13rev  
CACATAGGTTTCCGGCACGC  
>C14rev  
GTCCGTTTGCATCGATCGCC  
>C15rev  
CCAGCCGTCCTTGAACAACC  
>C15brev  
GCAATTCCGACTGGATGCGC  
>C16rev  
CTGGTGCAAGGTGTTCCACC  
>C17rev  
TCCCTGACCGATGATCGACG  
>C18rev  
CAGTTCACCAAGCCATCGCG  
>C19rev  
CACATTCAGCGCGTTGCTGC  
>C20rev  
ATTTGGCATGCCTGCTCGGC  
>C21rev  
GCTCAAGTTCACGAGCACGC  
>C22rev  
CAATCCCTGCGCACGTAACC  
>C23rev  
CAGTTGTACGACTCGGGTCC  
>C24rev  
GGTGGAAGATGTACTCGGGC  
>C25rev  
TCAACAGGTACGCGACCAGG  
>C26rev  
CGAATGCGTAAGCTCCCAGG  
>C27rev  
CCATAGCCGTCATAGCTGGC  
>C28rev  
CATGGATGTTGTGCGCACGC  
>C29rev  
CGAAGCCCGAAAGCACATGG  
>C30rev  
TACGGTAGTGCAGGGTCTGC  
>C31rev  
AGCCGAAATTCCAGCCCACG  
>C32rev  
GCGTTCGATGCGTACATCGC  
>C33rev  
CATCGGGTGCCTTGATGACG  
>C34rev  
CGCGATCTTCTTTGCGAGGG  
>C35rev  
TGTCGTTGCGCACAAGGTGG  
>C36rev  
GTATGCGGTATCGCTGACGG  
>C37rev  
CTCCTGAAGCACGGTTTGGG  
>C38rev  
CAACGCCTACCTTTGCTGCC  
>C39rev  
GCTCCCATTGACGGTATCG  
>C40rev  
AAACTGCACCACGCTGACCG

>C41rev  
TCAACAGGCTGGCTTCCAGC  
>C42rev  
TTCGTTGGCTGCGACGTTGG  
>C43rev  
CTGGTACACGTGCAACTGCC  
>C44rev  
ACCCAAACTCCATGCGTCGG  
>C45rev  
TACCCGCACATCGATGAGCG  
>C46rev  
AGACACTGCTCGATCGCTGG  
>C47rev  
GATCGACCAGCGTGATGTCG  
>C48rev  
ACTGGATGCGCTGGTAGAGC  
>C49rev  
CGAGCCGACATAGGACATGC  
>C50rev  
GAAATCGCCTTGCAGCACGC  
>C51rev  
GATCGGATAACGCACCAGGG  
>C52rev  
AGCGCGAGATCAGCACGTGG  
>C53rev  
TTCGGTGAGCAGCCAGATGC  
>C54rev  
CTCAGGACGAGGTACATCGC  
>C55rev  
CAGGTGAAACTGGATGCCGG  
>C56rev  
CTGCATCAGATCGGCGAACC  
>C57rev  
TCGGCGGATGCTTGAGTTGG  
>C58rev  
TGAGCCGAGGAAAGCTTGCC  
>C59rev  
CTGCGTGGCAATTCCTTGGC  
>C60rev  
GACCATTCCATCCGTCGAGC  
>C61rev  
ACGACTGGATCTCGCGATCG  
>C62rev  
AGCGCCTTGTCCATGGATGG  
>C63rev  
CGCTGAAGACGATCAACGCG  
>C64rev  
GATAGGTGACCCAAGGCAGC  
>C65rev  
TCCGCATGCACGTTGATCGG  
>C66rev  
TCTCGACGTTGACGACCAGG  
>C67rev  
GCTGCTCCTTCAGGATCTCG  
>C68rev  
TGGTTGAGCGTGATGCTGCC  
>C69rev  
CAGCAGCACCTGAAGTTGGG  
>C70rev  
GTCATCCGCGTGCAGTTCCC  
>C71rev  
CCTTGAAGCCTTCCTGCTCC  
>C72rev



CTGCGAATCGGTGACGATGC  
>C73rev  
GCTGGTCTTGACGATCAGCG  
>C74rev  
GGGTGTCACCTTTGACGACG  
>C75rev  
TTGGCCGGATACGGATAGGC  
>C76rev  
GTGCGGGTTGAAGTGAAGCG  
>C77rev  
AGGTCCAGATAGGACAGCGG  
>C78rev  
GCAGTAGCCGAACTCGATCC  
>C79rev  
TCCAGTTTCACGGACTCGCC  
>C80rev  
GACTAGGTTCTCCTGGACGC  
>C81rev  
TGTGGACCAGCGTCGATTCC  
>C82rev  
CAGGTGCTCGGGGTATCGG  
>C83rev  
TGCTAAGGACAGGTGCGTGG  
>C84rev  
GCGACAGGTACTGCAACAGG  
>C84brev  
GCTTGGCAGCGTTGAACAGC  
>C85rev  
GCCACATAGACGAACTGCGG  
>C86rev  
CGGCATTGGTCTTGGCCTCG  
>C87rev  
TCACCTTGTAGGCAGTCCGC  
>C88rev  
ATTGCCATGGTGC GCGTTGC  
>C89rev  
TCTGACGGTGCAGTTCCACC  
>C90rev  
CACGTGTTTCCACGTGTCGC  
>C91rev  
GCGTGGAGATCAGCTTGACG  
>C92rev  
GATTGATGGTCTCCAGCGCG  
>C93rev  
CGACAGTCCTTGAAGTGGC  
>C94rev  
TTTCGAGGGCACGTTGAGCC  
>C95rev  
ACATGCTGCTTCCACAGGGC  
>C96rev  
CACGCTCATGAACGACTGGG  
>C97rev  
TCGTCCATCAGCAGGATCGC  
>C98rev  
GTTGAGAATGCCGCACTCGC  
>C99rev  
CAGCGTGTGCTTTTGGCACC  
>C100rev  
AGATCCGGGATGTTTCGACCC  
>C101rev  
CCCTTCTTACGAGGTAGCC  
>C102rev  
ACAGACTCGATGCGGTACGG

>C103rev  
GCATTCCTGTGCTTGCCTGC  
>C104rev  
TTCTCCAATGCTGCCCCGAGC  
>C105rev  
GTTGCGGATGCCATGCTTGC  
>C106rev  
ATCGACGTTCCCTGCTGCTGG  
>C107rev  
GTCGATGTACCAGACGTCGG  
>C108rev  
CCATTGCGGGAACAACCTCGC  
>C109rev  
ATCGAATCCCAGCCGACAGC  
>C110rev  
GAATAGGGCACGCCTGAAGG  
>C111rev  
CGAGTTCCGGATCTGAGAGC

**weitere *Primer*:**

>Primer 050gap  
TTGGTCGAGTCGGGGGTCTTGTAGG

>Primer 187gap  
ACATCAGCGTCATTGCGGCCAACGC

>T3-Primer  
AATTAACCCTCACTAAAGGG

>T7-Primer  
CATAATACGACTCACTATAGGG

>BmQ1f  
TTTCAGGGACGGCATGAGGTTTGCC

>BmQ3r  
GTTTCGTAGTGCCAATAACGGAGGGG

>SpE1f  
CCAACCTCCAATCGGGGTATAGCGC

>SpE2r  
AGACGCTCGATGAATGCCATGCGGG

>SpF2f  
GCGGTGGATTACTCTGGTTATCCGG

>phn7  
GAGAAAGAATGCGTCCCCACGTTTCG

>cit2  
CATGTCGACCGCCTCCTGCG

>cit3

GCTTCGTTTCGCGCCCCCATG

>fla3a

GAGCGCAGAGTCGCTGAACG

>fla4a

GTTGATGGTGTGTGTCGAAGCGG

>fla3b

TCCGATACCACCACCTTCGG

>fla4b

TCGCAGCCAGGGCGTTATCG

>PP5a

AGAGATCGCGGACAAGACCG

>PP5b

AAGCAGGGTGGTTATGGGCC

>hob1

ATTTCCCTGTAATTTTCCC

>hob2

AGTGGTCCTGAGGTGACG

>PA16Sf1

CGGACGGGTGAGTAATGCCTAGG

>PA16Sr1

CCTTCGCCACTGGTGTTCCTTCC

>PA16Sf2

ATCATAGTGGCGCAGCTAACGCG

>PA16Sr2

TGTGACGGGCGGTGTGTACAAGG

>rpsLf

TCAACCAGCTGGTTCGTAAGCCG

>rpsLr

ACTTCGAACGACCCTGCTTACGG

>rpoNf

GACGAAGTGAAGTCGTGCTGCG

>rpoNr

CCCTGTGCCTCCAGTAAACCAGC

>186endf

GGTCTGCGCAAGAACATGGG

>186endr

GACATGCACCAGGTAGTGCG

>610endf  
GTTGTGGAGCGAGACCAAGG

>610endr  
AGTTGCGGCGTGATGGCTGG

>1078endf  
CCAAGTCTTCTGGCTTCGGG

>gapC55r  
ATGGCGTCAGGTGAAACTGGATGC

>C47cf  
GTTTCGAGGACACGGTGGTTACG

>C47cr  
GTCTCGCCACAGCTTTCTTCG

>C47df  
GCAGAGAAGCGCACTGTGCTCACG

>C47dr  
CTCCACTTCATCGGGGGCATCG

>186-T7end  
CAGAAGTTCACGAGCTGGATGCG

>610-T3end  
GCTGTTTCAGGATGTGCTGTCCG

>Primer 610mpf  
TTCTCGGGTGATGCTTGGTGGG

>Primer 610mpr  
GCTTCTCACATCCGGCAATGCC

>186mpf  
AACTGTCGTCATGAACCGGACGG

>186mpr  
TCTCCAGCCGCTCACAATCAGCC

>P729f  
TATGCTGAGCGGAAGCAGCG

>P729r  
GCGCATTACAGCGCTACATGC

>P710f  
CCACGGAGAGTTTCCATGCG

>P710r  
TTGTAGCCGTCCGGTCTTCG

>P711f  
TCACCTGGCCATTTCGCTTCG

>P712r  
GGAACAACGGACGCTTCACG

>P714f  
GGATGGGTTTTCCGCTGTCGC

>P714r  
AGCCCGGAAAGATCGGAAGC

>P716f  
ATCGGTATGCTAGACGGCCC

>P716r  
ATGCCCTACGGATGGAAGGC

>P723f  
AATCGGCGATCACCGATGGC

>P724r  
ATACCCGGCAGCAGTCTTGC

>P727f  
GCGTGCTGGATGATTTGGCC

>P727r  
GCAAAGCCCCTCATAGGTGC