

**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^{Gly}*-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^{Gly}*-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

Einleitung	9
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
Material und Methoden	23
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
Ergebnisse und Diskussion	59
3 Analyse des Plasmides pKLC102	59
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
4 Analyse der Geninsel in der SpB-Region	99
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
5 Epidemiologie konservierter Geninseln in <i>P. aeruginosa</i>	139
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
6 PAGI-2(C)-artige Geninseln in anderen Stämmen und Spezies _____	168
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
7 Transkriptionsanalyse für PAGI-2(C)-ORFs _____	183
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
8 Sequenzvariation zwischen <i>P. aeruginosa</i> C und PAO1 _____	198
9 Geninseln als Quelle der Genomdiversität in <i>P. aeruginosa</i> _____	201
10 Abkürzungsverzeichnis _____	207
11 Literaturverzeichnis _____	208
12 Anhang _____	216
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 γ -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 γ -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 Umweltilolaten 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).

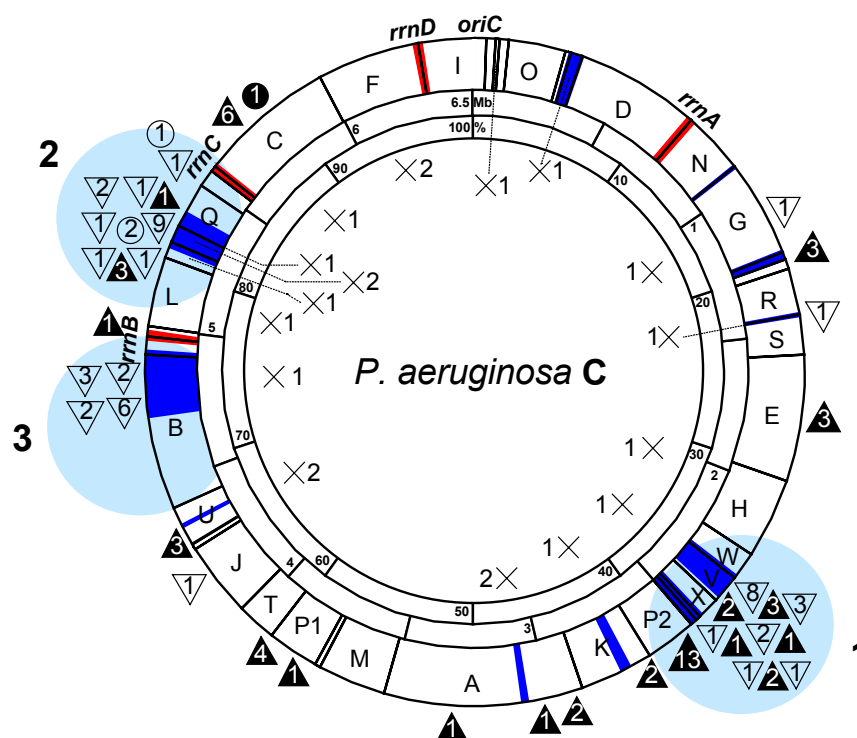


Abbildung 1.1: Restriktionskarte von *P. aeruginosa* C mit einer Übersicht der in den anderen Klon C Stämmen beobachteten DNA-Rearrangements (übernommen aus K. D. Larbig, Dissertation, 2001). Die Symbole kennzeichnen die verschiedenen aufgetretenen genomischen Veränderungen. ○ bzw. ●: Verlust/Entstehung 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^{Gly}-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

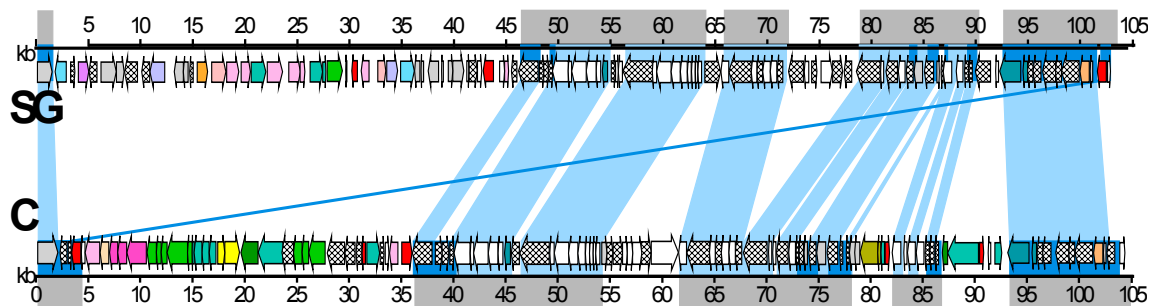


Abbildung 1.2: Vergleich der Geninseln PAGI-2(C) (unten) und PAGI-3(SG) (oben). Die annotierten ORFs werden durch Pfeile repräsentiert. Homologe ORFs in den beiden Geninseln sind durch blaue Felder miteinander verbunden. Graue Felder auf den Maßstableisten kennzeichnen DNA-Abschnitte mit ORFs, die an 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 Bakterienzellichte

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 · H₂O, 5,86 g/l NaNH₄HPO₄ · 4H₂O, 8,44 g/l K₂HPO₄ · 3H₂O, 0,8 g/l MgSO₄ · 4H₂O, 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.

2.1.5 *Escherichia coli* Stämme; Genombibliothek von *P. aeruginosa* Stamm C

Die verwendeten *Escherichia coli* (*E. coli*) Stämme stammten aus einer Genombibliothek für *P. aeruginosa* Stamm C (angelegt von Dr. K. D. Larbig, beschrieben in ihrer Dissertation, 2001). Die Stämme DH5 α (Hanahan, 1983), XL1-Blue MR (Stratagene) und Sure (Greener, 1990) dienen in dieser Bank als Wirtsstämme für Cosmide bestehend aus dem Vektor SuperCos 1 (Evans et al., 1989) als Rahmen und 30 – 45 kb großen Fragmenten der genomischen DNA von *P. aeruginosa* C als Inserts („pKSCC-Cosmide“). Für die Präparation dieser Cosmide wurden Kulturen dieser *E. coli* Stämme aus der Bank in entsprechenden Volumina LB-Medium mit 100 μ g/ml Ampicillin (Resistenzgen auf SuperCos 1-Rahmen) angelegt und bei 37°C inkubiert.

2.1.6 Vektor SuperCos 1

Der für die Cosmidbank von *P. aeruginosa* C verwendete Vektor SuperCos 1 ist 7939 bp groß und enthält u. a. zur Selektion auf Ampicillin-Resistenz ein *amp^r*-Gen und eine *Bam*HI-Schnittstelle für Klonierungen. Die Klonierungsschnittstelle ist von *Eco*RI- und *Not*I-Schnittstellen und von T3- und T7-Promotorsequenzen (siehe Abbildung. 2) umgeben. Der Originalvektor trägt außerdem zwei *cos*-sites.

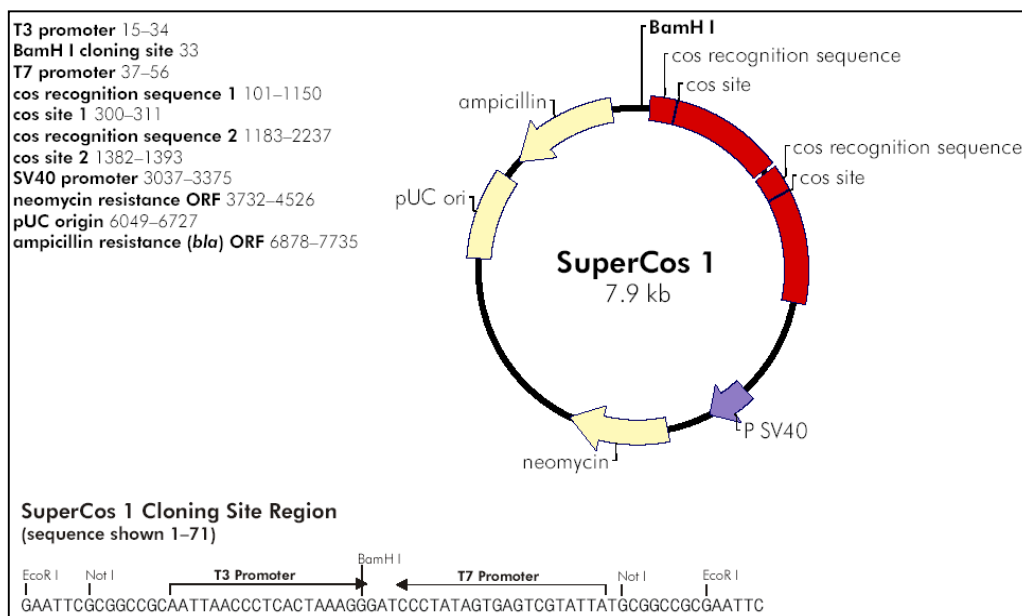


Abbildung 2: Karte des Vektors SuperCos 1 (Stratagene). Die Darstellung wurde der Informationsseite des Anbieters übernommen (www.stratagene.com/lit/vector.aspx).

Die durch die Ligation mit den genomischen DNA-Fragment erhaltenen Konstrukte wurden in λ -Phagen-Partikel verpackt („ λ -DNA *in vitro* packaging module“, Amersham Life Sciences), um mit diesen dann die *E. coli* Wirte zu infizieren. Im verpackten und

transfiziertem 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 H₂O 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 H₂O 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 H₂O 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 H₂O 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 H₂O, 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:

NaCl, isotonisch	0,9 % NaCl
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
PEG-Lösung	1,6 M NaCl, 30 % (w/v) Polyethylenglycol 6000
EB-Puffer	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 H₂O 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:

EB-Puffer	10 mM Tris/HCl, pH 8,5
Na-acetat	3 M Natriumacetat, pH 5,2
Ethanol	
TE-Puffer	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 H₂O 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:

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

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:

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

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: $T_m = \Sigma(GC) \cdot 4^\circ\text{C} + \Sigma(AT) \cdot 2^\circ\text{C}$)
- 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_{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 ₂ (1 mM Endkonzentration)
40 – 200 ng	DNA-Matrize (abhängig vom Experiment)
ad 45,0 µl	H ₂ O

Ansatz mit Paraffin überschichten, Denaturierung (95°C, 300 s) und Abkühlen auf T_{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_{Elong} = gewählte Elongationszeit):

$$35 \times (T_{\text{Ann}} / 60 \text{ s} - 72^\circ\text{C} / t_{\text{Elong}} - 92^\circ\text{C} / 120\text{s})$$

$$1 \times (T_{\text{Ann}} / 60 \text{ s} - 72^\circ\text{C} / 2 \cdot t_{\text{Elong}})$$

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_{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_{Ann} (beeinflusst Bindung der *Primer* an die DNA-Matrize) und die MgCl_2 -Konzentration im Ansatz (beeinflusst Prozessivität und Fehlerrate der Polymerase) variiert, eventuell auch die Menge der DNA-Matrize oder t_{Elong} .

Sollten PCR-Produkte sequenziert werden, wurde statt mit der oben beschriebenen *Taq*-Polymerase die PCR mit ‚GoldstarTM-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 ‚FailSafeTM 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_{Elong} oder T_{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:

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

λ -DNA <i>Bst</i> II-verdaut (NEB)	ϕ X174-DNA <i>Hae</i> II-verdaut (NEB)	pBluescript II KS- (Stratagene) <i>Msp</i> AI-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:

Transferpuffer	0,4 M NaOH
Blot-Waschpuffer	50 mM Natriumphosphat, pH 6,5

Durch „Southern“-Transfer (Southern, 1975) wurden gelelektrophoretisch aufgetrennte DNA-Fragmente auf Nylonmembranen (Hybond N⁺-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

3 M NaOH	
TE-Puffer	10 mM Tris/HCl, 1 mM EDTA, pH 8,0
1 M Ammoniumacetat	
3 M Ammoniumacetat + Farbstoff	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⁺ (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⁺-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 NH₄-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 H₂O 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:

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

Reaktionsansatz (50 μl):

- 4,5 μl 10x Reaktionspuffer
- 3,0 μl MgCl₂
- 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 H₂O

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

PCR-Programm: 60 x (T_{Ann} / 120 s - 72°C / 120 s - 92°C/120s)
1 x (T_{Ann} / 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:

TE-Puffer	10 mM Tris/HCl, pH 8,0
Sephadex G-50	in TE-Puffer äquilibriert
Farbstoffgemisch	0,8 % Dextranblau (Serva, 2 · 10 ⁶ 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:

Prähybridisierungspuffer	0,5 Na-phosphat, 7 % SDS, 1 mM EDTA, 0,5 % <i>Blocking-Reagenz</i> (Roche), pH 7,2
Waschlösung	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 cm² 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:

Puffer I	100 mM Tris/HCl, 150 mM NaCl, pH 7,5
Puffer II	Puffer I + 0,5 % <i>Blocking-Reagenz</i> (Roche)
Puffer III	100 mM Tris/HCl, 100 mM NaCl, 50 mM MgCl ₂ , pH 9,5
Anti-Digoxigenin-AP-Konjugat	Anti-Digoxigenin-Antikörper (Fab-Fragmente), an Alkalische Phosphatase gekoppelt (Roche), Stammlösung 1 : 5000 in Puffer II verdünnt
CDP-StarTM	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-StarTM), 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 cm² 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-StarTM-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-OMATTM 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 H₂O 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:

LB-Medium	siehe Kapitel 2.1.2
SE-Puffer	75 mM NaCl, 25 mM EDTA, pH 7,4
2 % LG-Agarose Lösung	2 % <i>low gelling</i> (LG) Agarose in SE-Puffer, 45°C
ES-Puffer	0,5 M EDTA, 1 % N-Lauryl-Sarkosin (Serva), pH 9,5 sterilfiltriert, vor Gebrauch Zusatz von 1 mg/ml Proteinase K
ET-Puffer	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 μ l kurz auf 45°C erwärmt wurden. Die Aliquots wurden mit je 200 μ l auf 45°C temperierter 2% LG-Agarose-Lösung versetzt und sofort auf die Vertiefungen (60 μ l 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:

ET-Puffer	10 mM EDTA, 10 mM Tris/HCl, pH 8,0
<i>SpeI</i>-Puffer	50 mM NaCl, 10 mM Tris/HCl, 10 mM MgCl ₂ , pH 7,5 (wie 1x Puffer NEB 2 (New England Biolabs), nur ohne DTT)
Puffer NEB 4	1: 10 Verdünnung des 10x Puffers NEB 4 (New England Biolabs)
0,5 M DTT	0,5 M Dithiothreitol in H ₂ O, sterilfiltriert
100x BSA	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 (Ausgangszellichte $1 \cdot 10^{10}$ 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 Ausgangszellichte 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/ μ l in *SpeI*-Puffer)
- b) *NotI* (Verdünnung auf 2,5 U/ μ l in *SpeI*-Puffer)
- c) *XbaI* (Verdünnung auf 2,0 U/ μ 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. [μ l]	Menge	Vol. [μ l]	Menge	Vol. [μ 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 μ l ET-Puffer wurden die Blöckchen sofort auf das Wechselfeldgel aufgetragen.

2.5.3 Durchführung der Wechselfeldgelelektrophorese

Benötigte Reagenzien:

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

Im Rahmen dieser Arbeit wurde eine CHEF DR^{III}-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 H₂O entfärbt und unter UV-Bestrahlung photographiert. Zum spezifischen Nachweis einzelner Fragmente in Hybridisierungsexperimenten erfolgte anschließend ein *Southern*-Transfer der DNA auf Hybond N⁺-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 λ -Phagen-DNA (Vielfache von 48,5 kb) sowie *BstEII*-verdaute λ -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) 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 H₂O 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 H₂O angesetzt. Agarosegelkammern wurden 15 min mit 3 % H₂O₂ behandelt und mit 70 % EtOH nachgespült.

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

Benötigte Lösungen:

VB-Medium	siehe Kapitel 2.1.2
Lysis-Puffer	2 % SDS, 30 mM Na-acetat, 3 mM EDTA, pH 5,5
Phenol	H ₂ O-äquilibriert, pH 4,5 – 5,5
Chloroform	Chloroform + Isoamylalkohol (Verhältnis 24 : 1)
Phenol/Chloroform	Phenol + Chloroform + Isoamylalkohol (Verhältnis 25 : 24 : 1)
3M Na-Acetat	pH 5,5
EtOH	
10x DNase-Puffer	500 mM Na-Acetat, 100 mM MgCl ₂ , 20 mM CaCl ₂ , pH 6,5
DNase	DNase, RNase-frei (Roche), 10 U/μl
RNase-Inhibitor	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 H₂O 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 H₂O 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 H₂O 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 H₂O, 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:

5x RNA-Auftragspuffer	50 % (w/v) Glycerin, 1 mM EDTA, 0,25 % Bromphenolblau, pH 6,0
Agarose ultrapure	Agarose <i>electrophoresis grade</i> (Gibco BRL)
10x MOPS-Puffer	200 mM MOPS, 100 mM Na-acetat, 10 mM EDTA, pH 7,0
37 % Formaldehyd	(w/v)
Formamid	
EtBr-Lösung	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 μl der RNA-Präparation wurden 10 min bei 65°C denaturiert, mit 1 μl MOPS-Puffer, 2 μl 37 % Formaldehyd, 5 μl Formamid und 2 μl 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 H₂O entfärbt und unter UV-Bestrahlung photographiert. Als Größenstandard war parallel im Gel *BstEII*-verdaute λ -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 λ -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:

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

Ca. 10 μ g RNA wurden mit 4 μ l des Primergemischs und 2 μ l dNTPs versetzt und mit H₂O auf ein Volumen von 12 μ l gebracht. Dieser Ansatz wurde 5 min bei 65°C inkubiert, 4 μ l Reaktionspuffer, 2 μ l 0,1 M DTT und 1 μ l RNase-Inhibitor zugegeben und weitere 2 min bei 42°C inkubiert. Nach Zugabe von 1 μ 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 μ 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:

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

Zu 10 μg RNA wurden 10 μl *random Primer* gegeben, der Ansatz wurde mit H₂O 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 IST 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 H₂O 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 μl 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:

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

DNase I wurde auf eine Konzentration von 0,5 U/ μl in 1x OPA-Puffer verdünnt. 12,5 μg cDNA wurden mit Paraffin überschichtet und mit 3,8 μl 10x OPA-Puffer und 12,5 μl DNaseI-Verdünnung versetzt (entspricht 0,5 U DNaseI pro 1 μg 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 μl 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 ₂ -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 CoCl₂-Lösung, 3 µl DIG-ddUTP-Lösung und 3 µl Terminaler Transferase versetzt. Der Ansatz wurde, wenn nötig, mit H₂O 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 „GeneMarkTM“ und „GeneMarkTM.hmm“ (Lukashin u. Borodovsky, 1998;

Besemer u. Borodovsky, 1999) (<http://opal.biology.gatech.edu/GeneMark/>). Bei „GeneMarkTM“ werden für den der Suche zugrundeliegenden Algorithmus pseudomonas-typische Parameter vorgegeben. Bei „GeneMarkTM.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 GenemarkTM.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- und 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) 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).

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:

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

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).

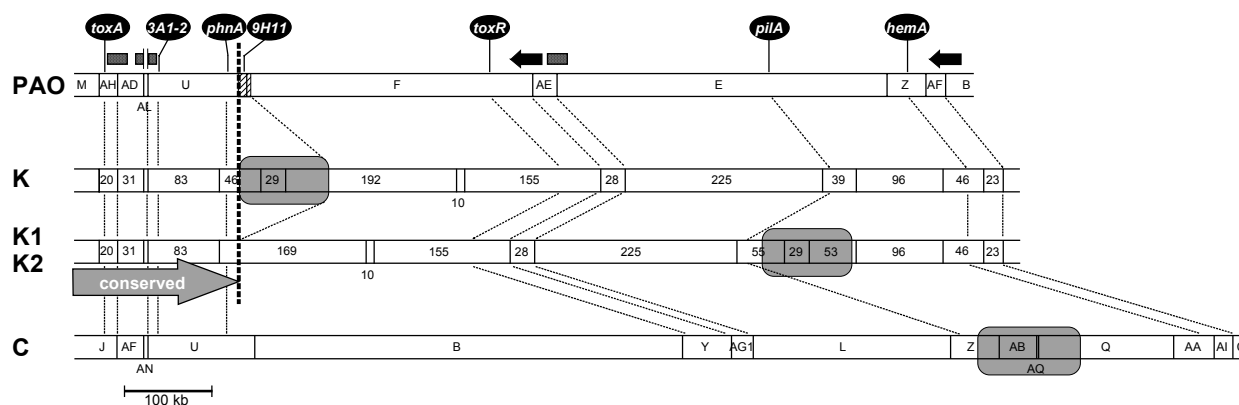


Abbildung 3.1: *SpeI*-Restriktionskarte der Regionen in Klon K und Klon C Stämmen mit integriertem Plasmid pKLC106 bzw. pKLC102 (nach Kiewitz et al., 2000). Die inserierten Plasmide sind durch graue Blöcke dargestellt. Schwarze Indikatoren kennzeichnen die Positionen von Markergenen im PAO-Genom, die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

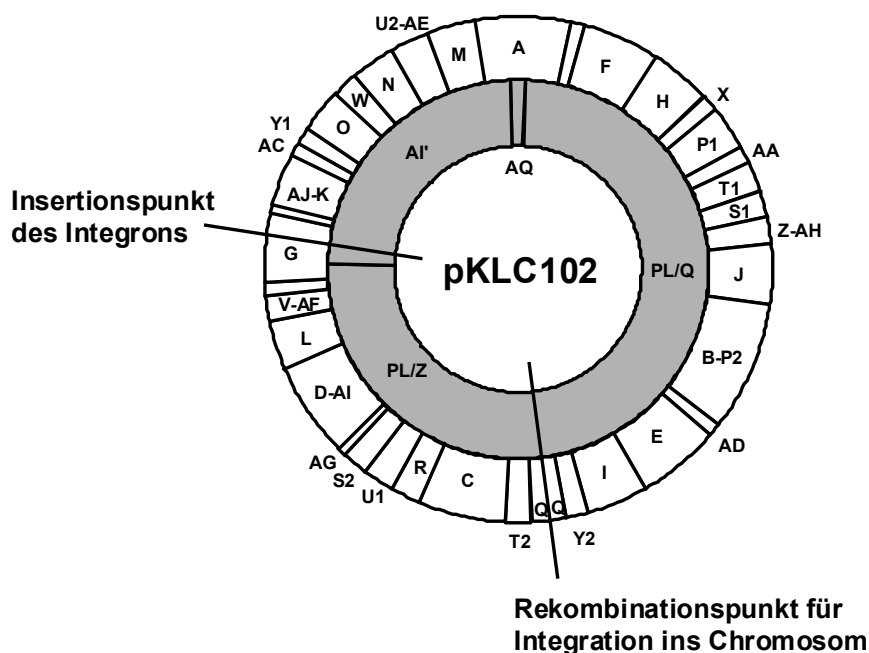


Abbildung 3.2: Physikalische Karte des Plasmides pKLC102, erstellt mit *SpeI* (innen, grau) und *Bam*HI (außen) nach K. D. Larbig (Dissertation 2001). Der Insertionspunkt des Integrons in Stamm C und der Rekombinationspunkt für die chromosomale Integration sind angegeben. Bei chromosomaler Integration 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^{Lys}-Gens. Kopien dieses tRNA^{Lys}-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^{Lys}-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 λ -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^{Lys}-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^{Lys}-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^{Lys}-Gens in Fragment SpE

„SpF2f“ und „phn7“ ⇒ im PAO1-Genom oberhalb/unterhalb des tRNA^{Lys}-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_{Lys} 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_{Lys}-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_{Lys} 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_{Lys}

```

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

```

```

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

```

B: 1) K1/K2 attL 2) C/SG17M attL 3) K attL 4) tRNA_{Lys}

```

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_{Lys}

```

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

```

```

1)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCAATTTTCAAGACGAAAAAGCCACCTGCGAAG.....pila
2)  CGTAGGTTCGAATCCTACACGACCCACCAATTTTCAAGACGAAAAAGCCACCTGCGAAG.....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_{Lys}-Gens, die Sterne markieren das Anticodon TTT. Übereinstimmende Nukleotide sind grau unerlegt, Übereinstimmungen mit dem tRNA_{Lys}-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_{Lys} (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_{Lys} 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_{Lys} 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_{Lys} 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_{Lys} 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_{Lys}-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_{Pro} von *Streptomyces ambofaciens* inseriert (Raynal et al., 1998), für die Integration von pSE101 in eine tRNA_{Ser} von *Saccharopolyspora erythraea* (Brown et al., 1994) und das in eine tRNA_{Gly} 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 λ (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^{Lys}-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.

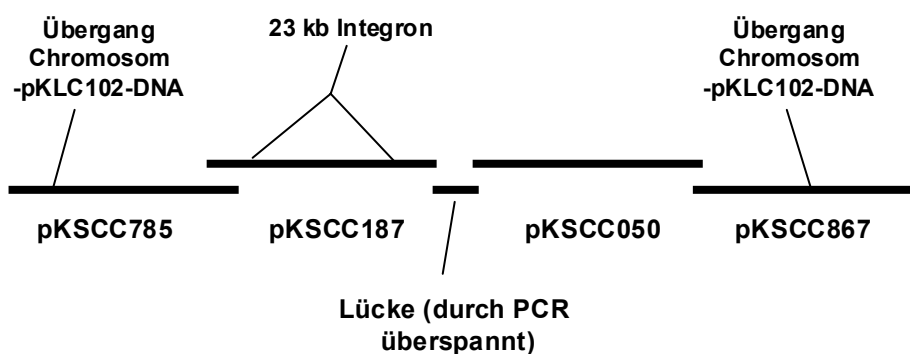


Abbildung 3.4: Übersicht über den erstellten pKLC102-abdeckenden Contig in Stamm C

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_{Lys}-Gen ein tRNA_{Pro}- und ein tRNA_{Asn}-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_{Lys}-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:

Genomregion	Größe [bp]	GC-Gehalt	Anteil kodierender Sequenz	Anzahl der ORFs	Anzahl der ORFs pro 10 kb
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 TraG; ähnlich zu hypothetischem Protein Psyr4044 (<i>P. syringae</i> pv. <i>syringae</i>); TraG/TraD - -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>), UvrD-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 outer membrane 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

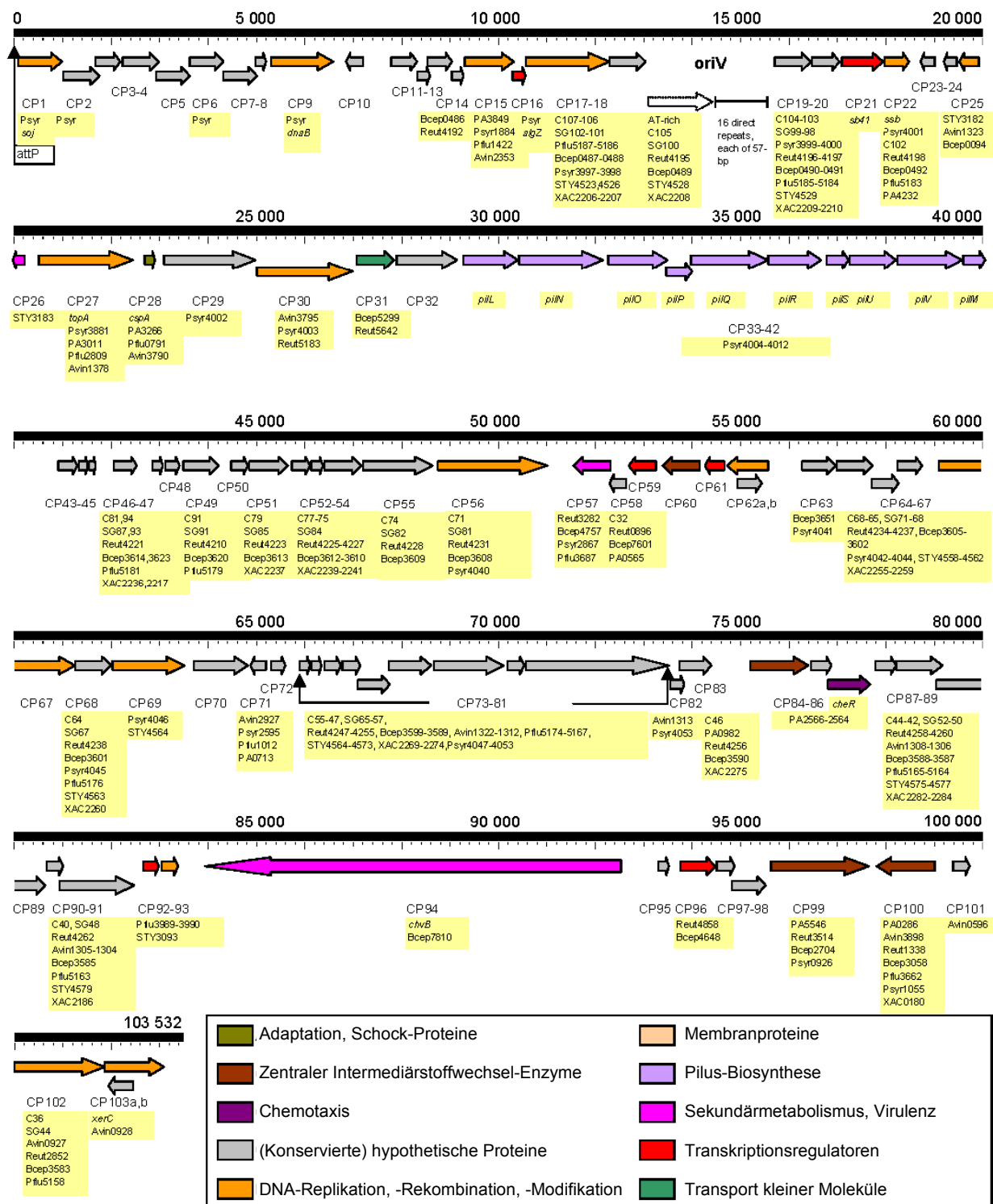


Abbildung 3.5 (vorige Seite): Übersichtskarte der annotierten ORFs in pKLC102. Als Startpunkt der Sequenz wurde die *attP* gewählt (durch Fähnchen markiert). Die 5'-3'-Richtung wurde in Kolinearität mit der PAO1-Genomsequenz festgelegt. Annotierte ORFs sind durch Pfeile dargestellt, deren Richtung die 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).

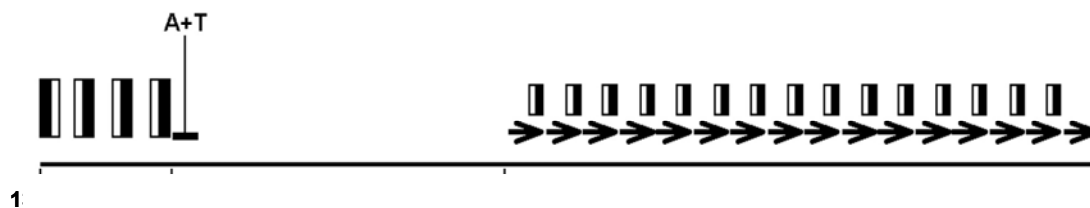


Abbildung 3.6: Struktur des Replikationsursprungs in pKLC102. Schwarz-weiße Kästen stellen Palindrome dar, die Pfeile repräsentieren 16 *direct repeats*. Die AT-reiche Region ist durch einen schwarzen Balken angezeigt. Die Positionen innerhalb der pKLC102-Sequenz sind angegeben.

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- β -(1,2)-Glucan-Synthetase-Protein kodiert.

Die höchste Homologie von CP94 besteht zum *chvB*-Gen von *Agrobacterium tumefaciens*. Cyclo- β -(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 Wirtsgewebe 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_{Lys}-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 λ charakterisiert (Better et al., 1982; Echols et al., 1983; Kim et al., 1992; Sarkar et al., 2001).

Im Phagen λ 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 λ 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 (Ravatn 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 voraussetzt, 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.

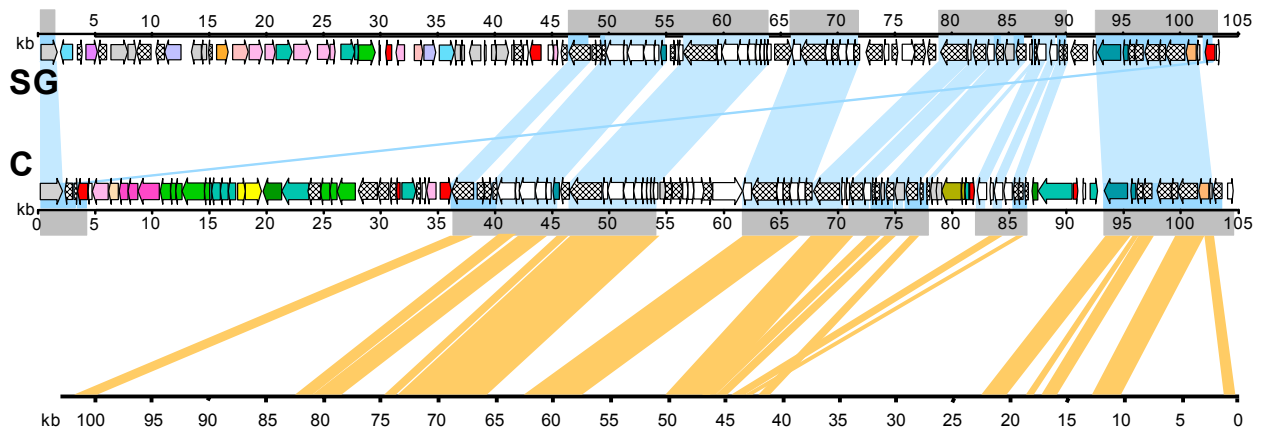
Zusammensetzung der Plasmid-DNA

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^{Lys} statt tRNA^{Gly}) 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.

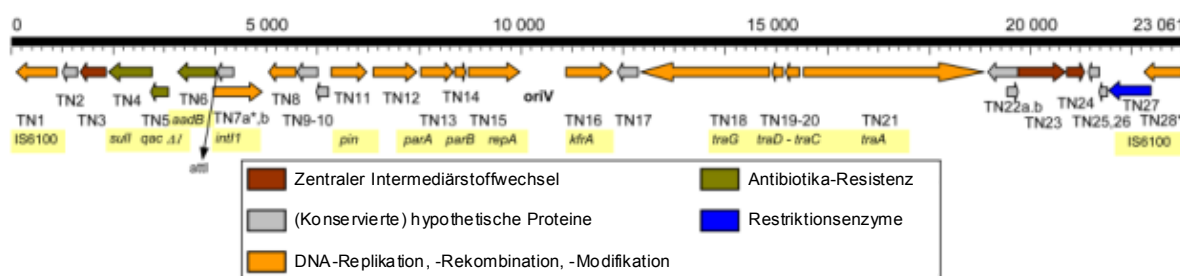


Abbildung 3.8: Übersichtskarte für das Integron TNCP23. Die Sequenzrichtung wurde an die umliegende pKLC102-DNA angepasst. Pfeile zeigen die potentiellen Gene und ihre Transkriptionsrichtung, die Farben geben die jeweils zugeordnete funktionelle Kategorie an (siehe Legende). Die Gene sind mit den in 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 P_{AGI-4}(C)

3.5.1 Hintergrund

Das Plasmid p_{KLK106} kann in *P. aeruginosa* Klon K Stämmen in zwei chromosomale Kopien eines tRNA^{Lys}-Gens reversibel integrieren (bzw. in die *attB*-Sequenzen innerhalb der tRNA^{Lys}). Die chromosomale Integration des verwandten Plasmid p_{KLC102} in Klon C Stämmen tritt dagegen nur in dem tRNA^{Lys}-Gen in der *hemA-pilA*-Region auf („tRNA^{Lys}-2“). Die Kopie in der *oprL-phnA*-Region („tRNA^{Lys}-1“) wird nicht genutzt.

Bekannt war aus den Analysen der Integrationspunkte (siehe Kapitel 3.2), dass in Klon K-Stämmen die tRNA^{Lys}-2 zwischen den konservierten ORFs PA0976 und PA0988 liegt (Stämme K1, K2), wenn dort nicht reversibel das Plasmid p_{KLK106} integriert ist. In PAO1 liegt die tRNA^{Lys}-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^{Lys}-1 und andererseits von 22 duplizierten Basen der tRNA^{Lys} 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 p_{KLC102} 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^{Lys}-1 liegt.

Für eines der Cosmide, p_{KSCC673}, 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^{Lys}-Gen getrennt waren.

Somit war anzunehmen, dass in Stamm C an der tRNA^{Lys}-1 ein DNA-Element ins Chromosom inseriert ist. Dieses Element schien die *attB*-Sequenz für eine p_{KLC102}-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^{Lys}-1 herum abdecken sollten. Deren Insertenden wurden mit Hilfe der T3- und T7-Promotorprimer sequenziert.

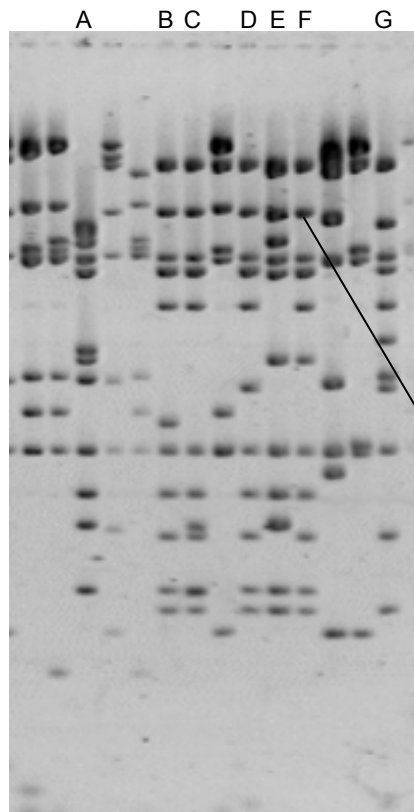


Abbildung 3.9: *EcoRI*/*HindIII*-Verdau der 7 mit BmQ kreuzhybridisierenden SpB-Cosmide. Dargestellt ist ein Ausschnitt (Gelphoto invertiert) aus einem Gel, auf dem zeitgleich auch andere geschnittene Cosmide aufgetrennt wurden. Die Buchstaben bezeichnen die 7 analysierten pKSCC-Cosmide. Das 5,4 kb große 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^{Lys}-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^{Lys}-1 (PA0976) bzw. zu Bereichen dahinter (PA1003). Eine an der tRNA^{Lys}-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^{Lys}-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.

Genomregion	Größe [bp]	GC- Gehalt	Anteil kodierender Sequenz	Anzahl der ORFs	Anzahl der ORFs pro 10 kb
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^{Lys}-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^{Lys}-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^{Lys}-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.

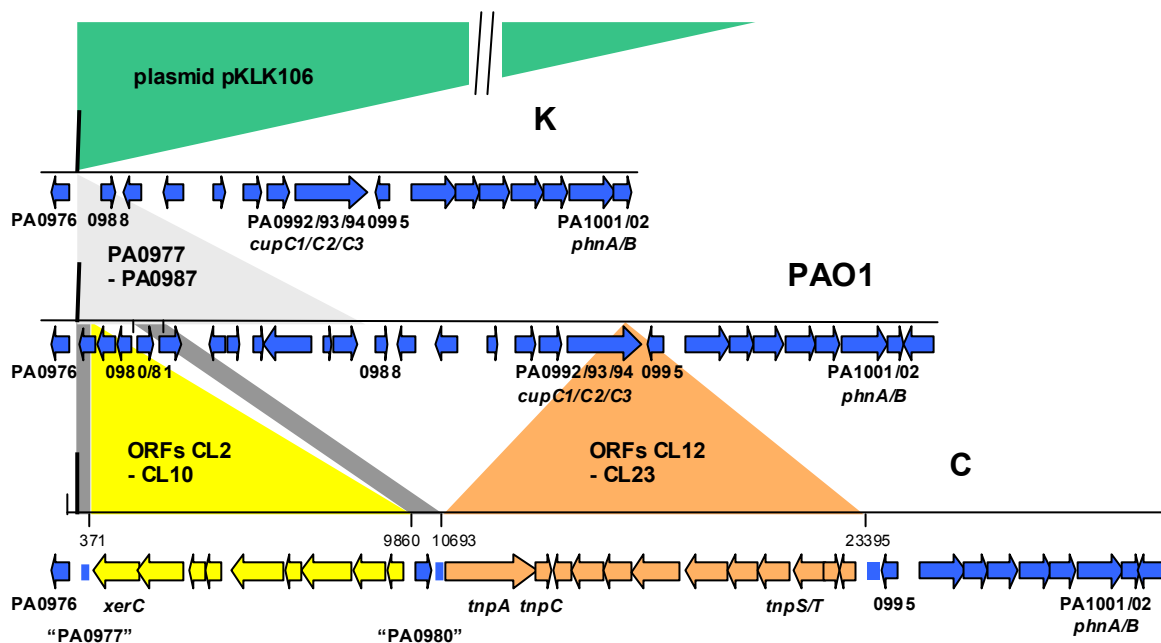


Abbildung 3.10: Karte der $tRNA^{Lys}$ - $phnA$ -Region in den Chromosomen der Stämme K, PAO1 und C. Die $tRNA^{Lys}$ -Gene sind durch schwarze Balken dargestellt. In Stamm K integriert hier reversibel das Plasmid pKLK106 (grünes Dreieck), Stamm PAO1 trägt eine spezifische Insertion (graues Dreieck) 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^{Lys}-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^{Gly}-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_{Lys}-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⁺-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⁺-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

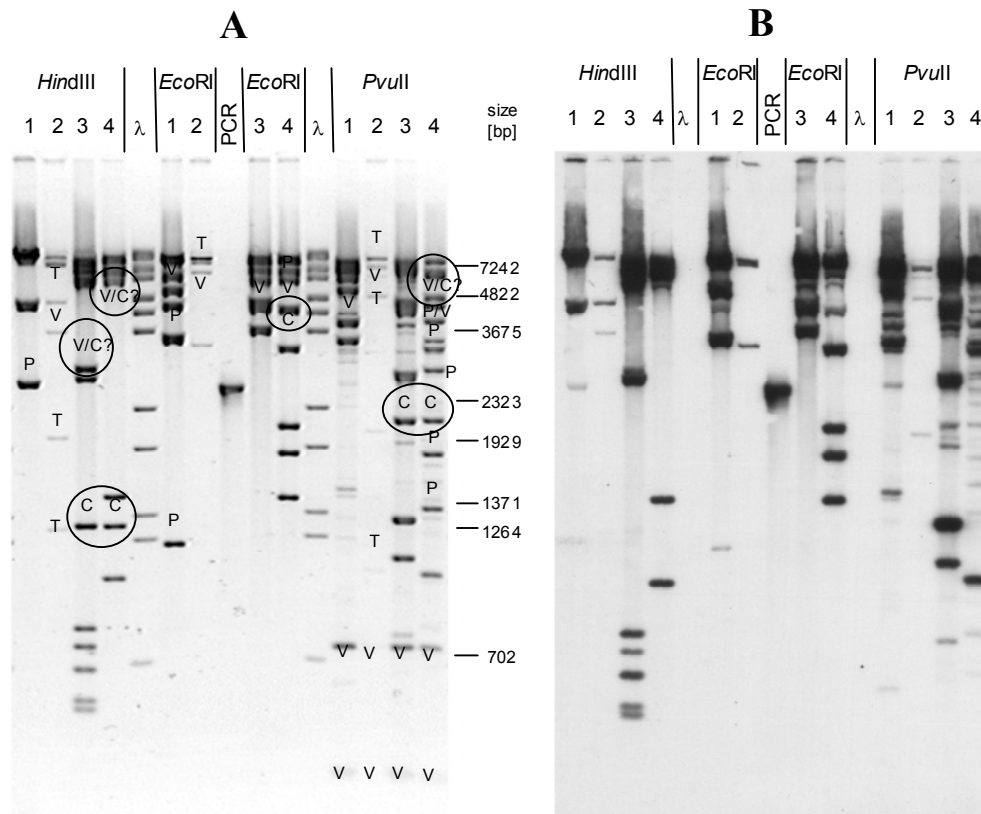


Abbildung 3.11: Vergleichende Restriktionsanalyse. A) Restriktionsverdau mit *HindIII*, *EcoRI* und *PvuII* von pKSCC785 (jeweils Spur 1), pKSCC187 (jeweils Spur 2), pKSCC050 (jeweils Spur 3) und pKSCC867 (jeweils Spur 4). Mit aufgetragen ist das unverdaute *gap*-PCR-Produkt (Spur PCR). Als Größenstandard wurde λ -*BstEII*-Verdau mit aufgetragen (Spuren λ). 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 *PvuII*- und *HindIII*-Fragmenten sollte also in pCLK106 nicht konserviert sein.

Das identifizierte *PvuII*-Fragment PvP entspricht in der pKLC102-Sequenz ungefähr dem Sequenzbereich der Basen 75800 – 78000 und ragt damit über die Ränder des ebenfalls identifizierten *HindIII*-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.

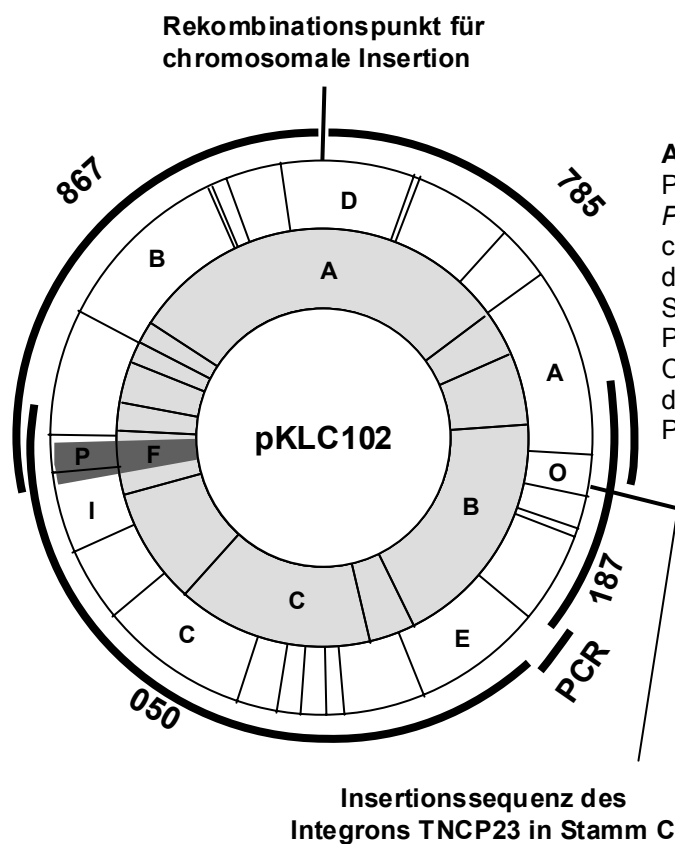


Abbildung 3.12: Physikalische Karte des Plasmides erstellt mit *EcoRI* (innen) und *PvuII* (außen). Der Rekombinationspunkt für chromosomale Integration und die Position der Insertion von TNCP23 sind angegeben. Schwarze Bögen repräsentieren den Plasmid-abdeckenden Contig aus pKSCC-Cosmiden und dem *gap*-PCR-Produkt. 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^{Lys}-Genen ins Chromosom von Klon K und Klon C Stämmen integriert werden können. pKLC106 integriert reversibel in eins von zwei möglichen tRNA^{Lys}-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^{Lys}-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 trunkierten 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.

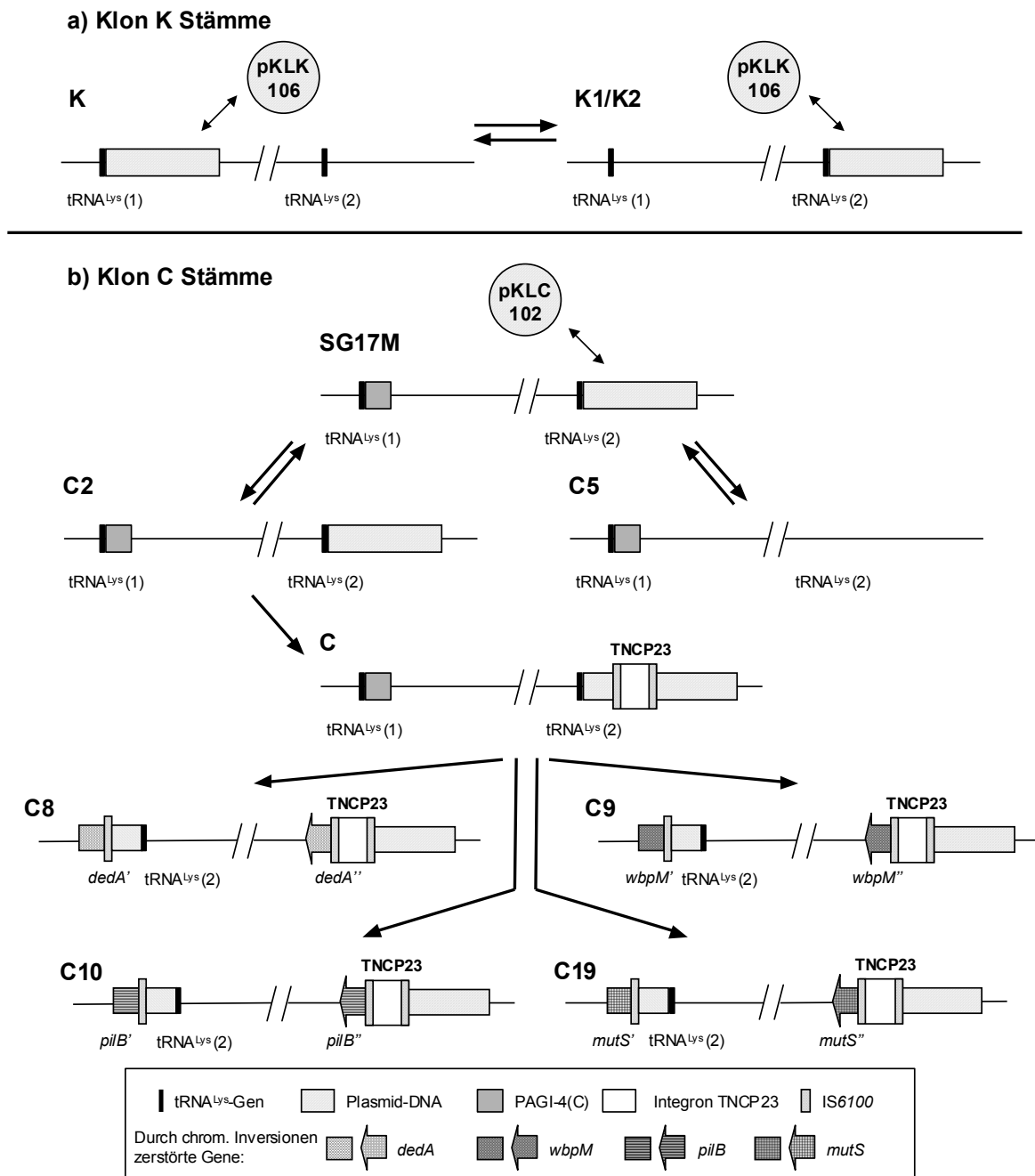


Abbildung 3.13: *P. aeruginosa* Evolution in Verbindung mit Plasmid-DNA. a) Reversible Integration von Plasmid-DNA in zwei mögliche tRNA^{Lys}-Gene von Klon K Stämmen. b) Verschiedene auftretende Formen von Plasmid-DNA in Klon C. In Subgruppe SG17M liegt pKLC102 episomal und chromosomal integriert vor (nur an einem der tRNA^{Lys}-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^{Lys}-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.

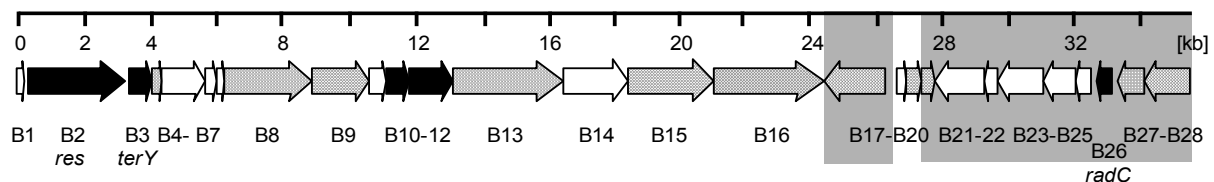


Abbildung 4.1: Annotationsübersicht des Cosmids pKSCC1013 und Vergleich mit PAGI-2(C). Die ORFs sind durch Pfeile dargestellt. Die verwendeten Bezeichnungen stammen aus der früheren Annotation von K. D. Larbig (Dissertation, 2001) und sind in der aktuellen Annotation (siehe Tabelle 4.8) durch andere 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.

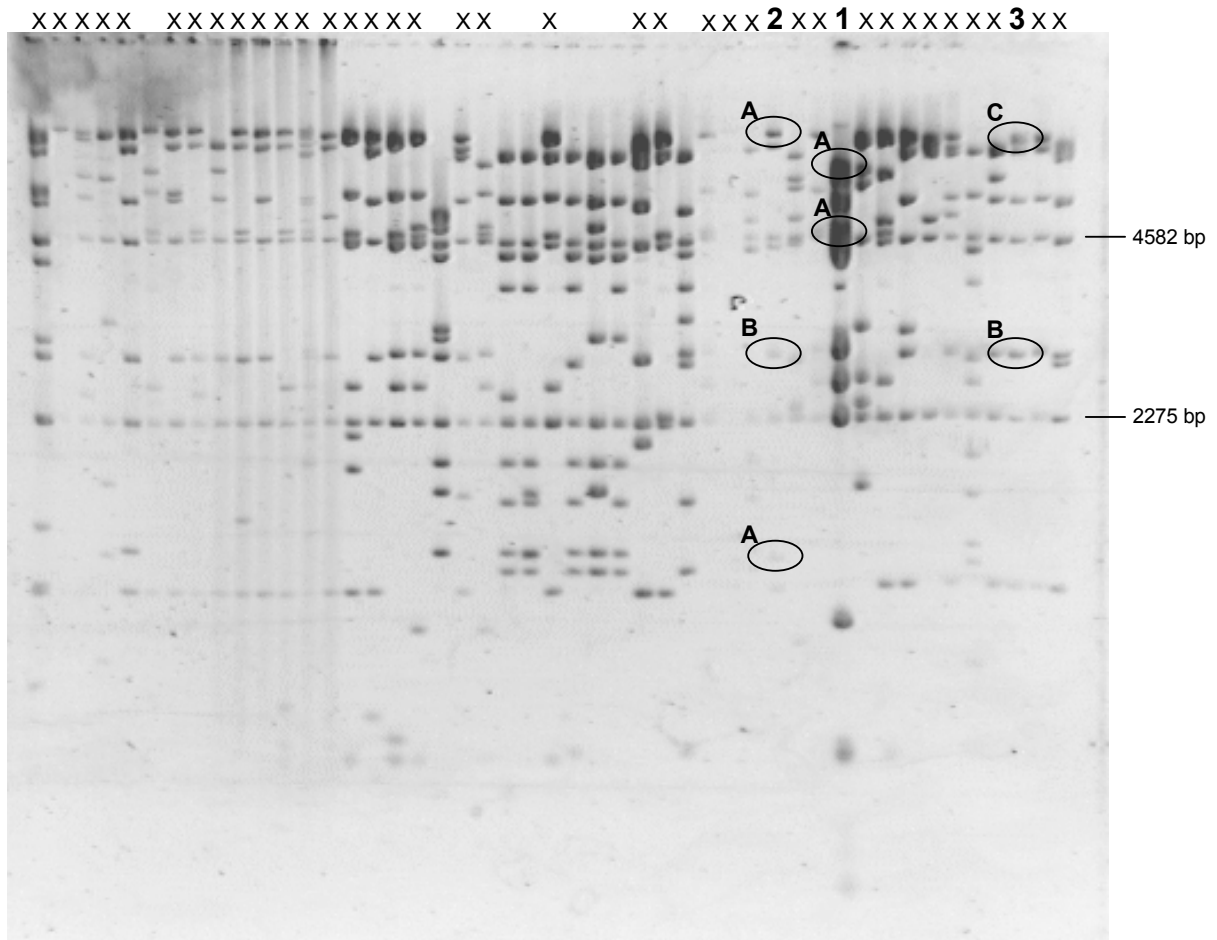


Abbildung 4.2: *EcoRI-HindIII*-Restriktionsmuster von Cosmiden mit Insert-DNA aus der SpB-Insertion. Die Bahnen mit analysierten Cosmiden sind mit einem X gekennzeichnet. Größenangaben an der Seite bezeichnen die nach dem Verdau auftretenden Vektor-Banden. Spur 1 markiert pKSCC1013, Spur 2 pKSCC1005 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	1400 (1013-T7)	2900
1106	3000 (1005-EH3)	3000 (1005-EH3)
2810	4500	5800
4596	10000	10000
6078	15000 (1013-T7)	14000 (SpV-E29)
671	4582 (Vektor)	4582 (Vektor)
2495	2275 (Vektor)	2275 (Vektor)
171		
4821 (1013-T7??)		
7715 (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^{Gly}-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^{Gly}-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^{Gly}-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^{Gly}-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, das 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*]
383	650
4861	700
1106	1100
2810	2000
4596	2500
6078	2900
671	3100
2495	3400
171	4600
4821	4800
7715	4800
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^{Gly}-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^{Gly}-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^{Gly}-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^{Gly}-Gen.

Eine genauere Betrachtung der PAO1-Sequenz in dieser Region (siehe Abbildung 4.3) lieferte weitere Hinweise. Vor dem tRNA^{Gly}-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>).

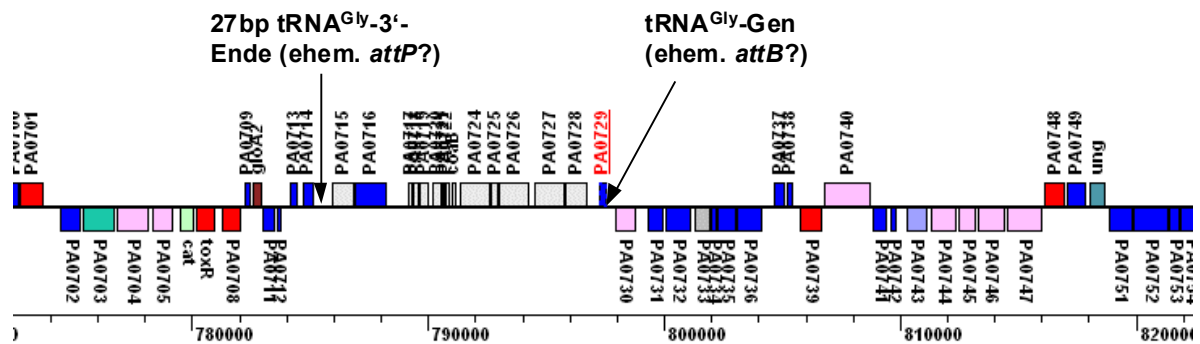


Abbildung 4.3: Übersicht des Sequenzabschnittes 782000 – 822000 aus dem PAO1-Genom (aus Genomkarte unter www.pseudomonas.com). Gezeigt sind die annotierten ORFs von PA0701 bis PA0753. Der Bereich der vermeintlichen integrierten Phagen-DNA (ORFs PA0715 – PA0729) ist von einem kompletten tRNA^{Gly}-Gen 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^{Gly}-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^{Gly}-Gen inseriert ist. Die 27 bp vom tRNA^{Gly}-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:

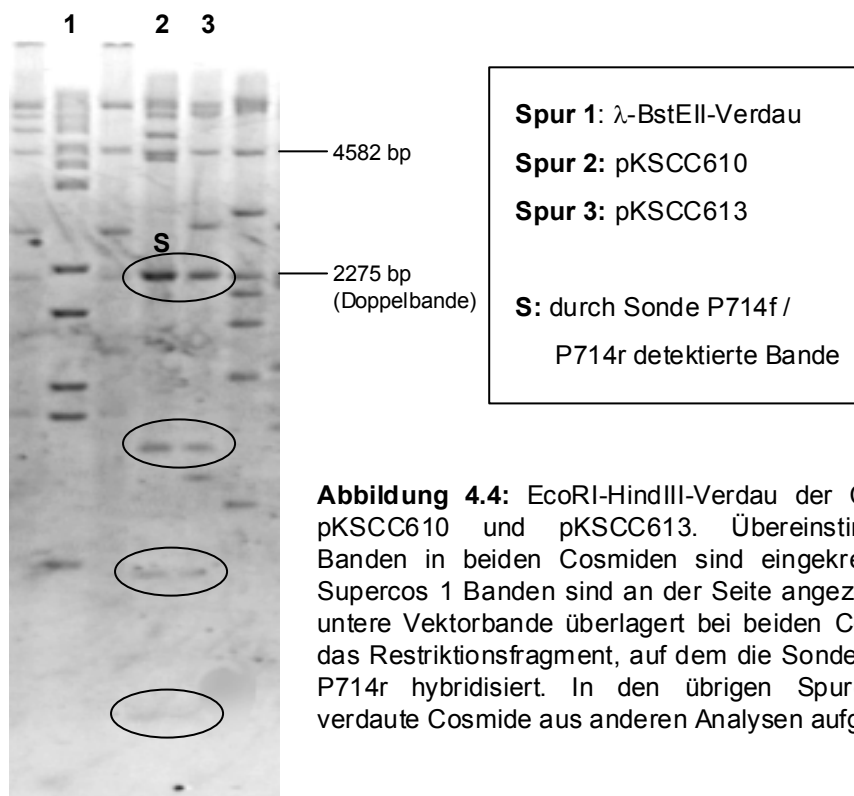
<i>Primer-Kombination</i>	in PAO1 amplifizierter Sequenzabschnitt	Größe des PCR-Produkts [bp]	PCR-Produkt auf Stamm C
P710f / P710r	782555 – 782928	664	ja
P711f / P712r	783338 – 783816	479	ja
P714f / P714r	784772 – 785240	469	ja
P716f / P716r	787997 – 788511	515	nein
P723f / P724r	791119 – 791630	512	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*-doppelverdaut 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^{Gly}-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^{Gly}-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^{Gly}-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^{Gly}-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^{Gly}-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.

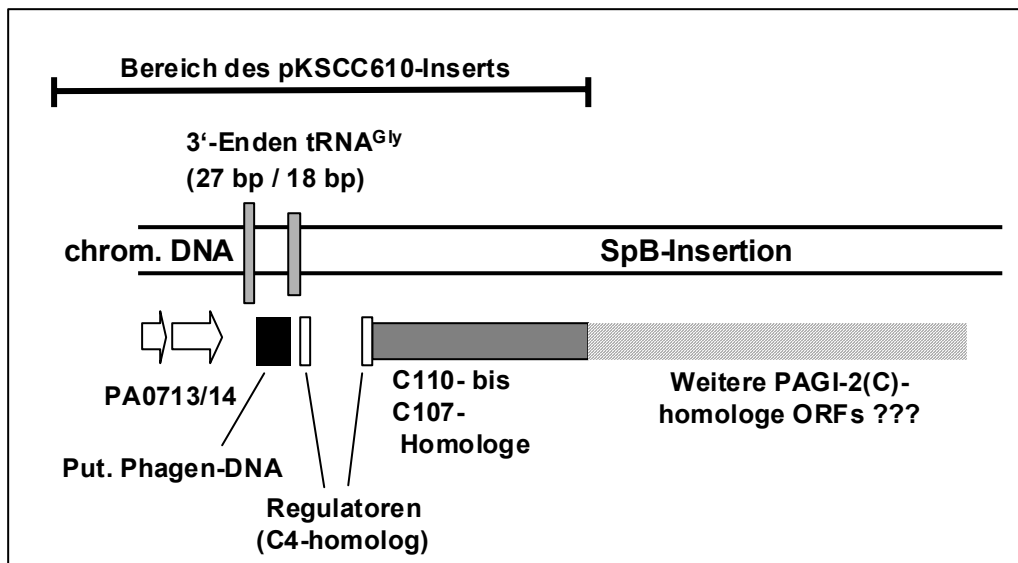


Abbildung 4.5: Schematische Darstellung der konservierten Bereiche im Insert von pKSCC610. Gezeigt sind die verschiedenen Abschnitte innerhalb des Inserts. Die Größe und Position der einzelnen Blöcke ist nicht maßstabsgerecht dargestellt. Konservierte PAO1-ORFs sind durch Pfeile angedeutet, die neben 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)

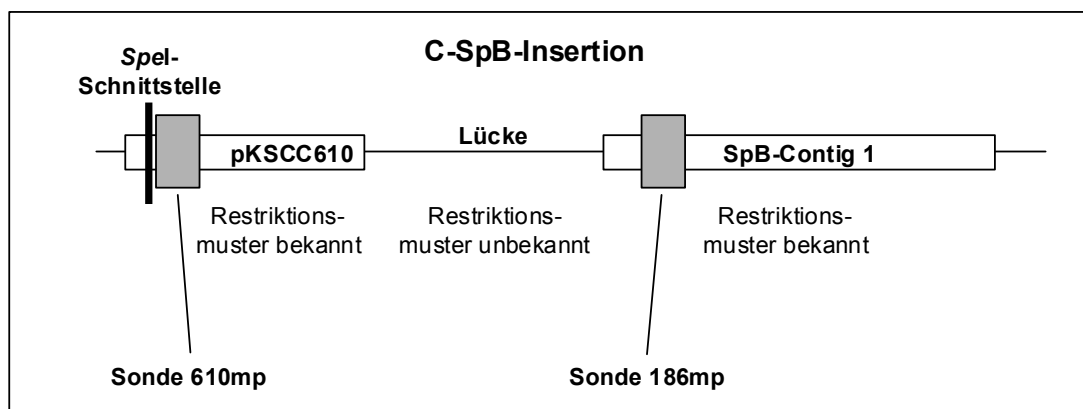


Abbildung 4.6: Schema zum Kartierung der physikalische Lücke in der SpB-Insertion.

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).

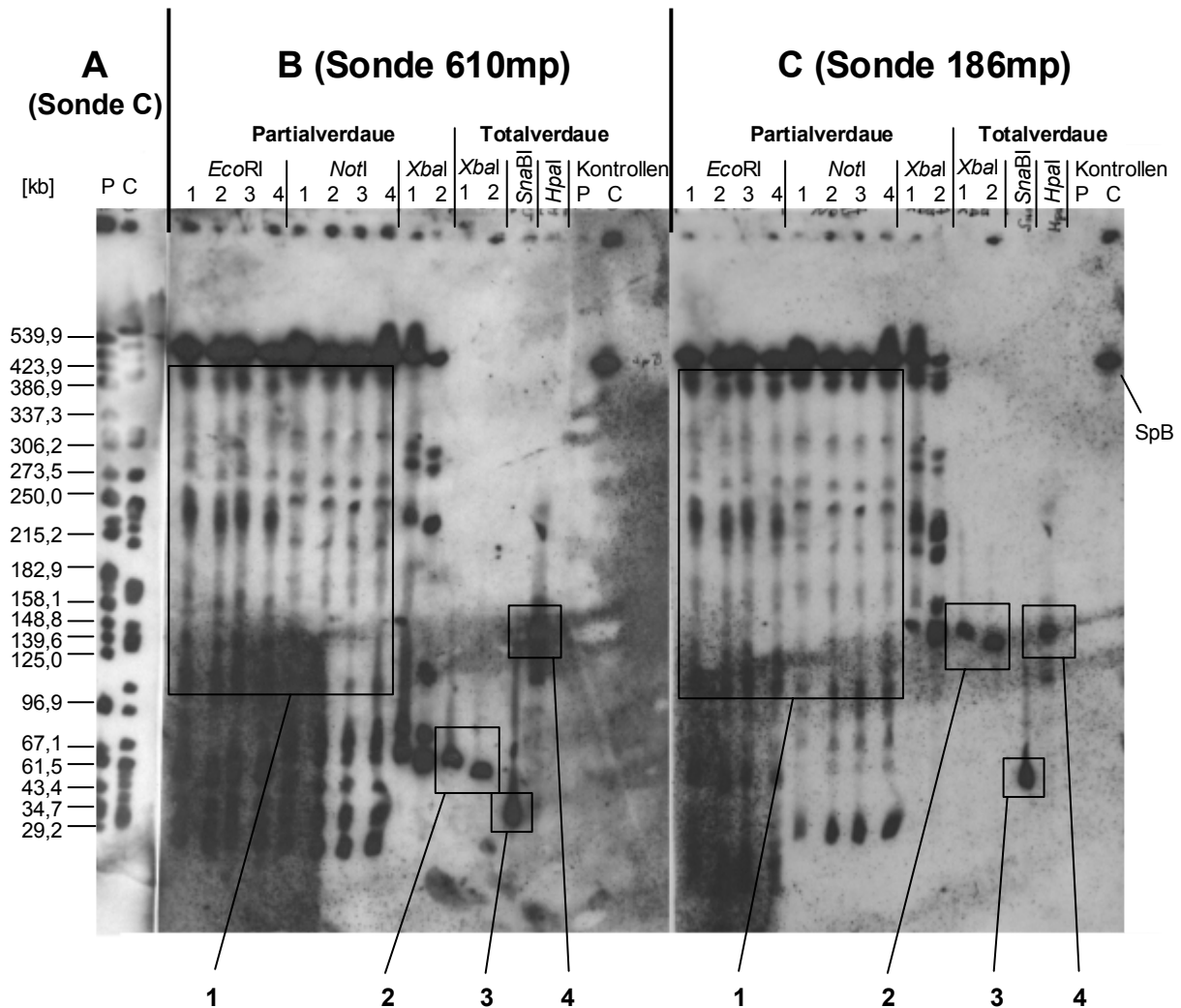


Abbildung 4.7: Hybridisierungsergebnisse der WFGE-Membran

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.

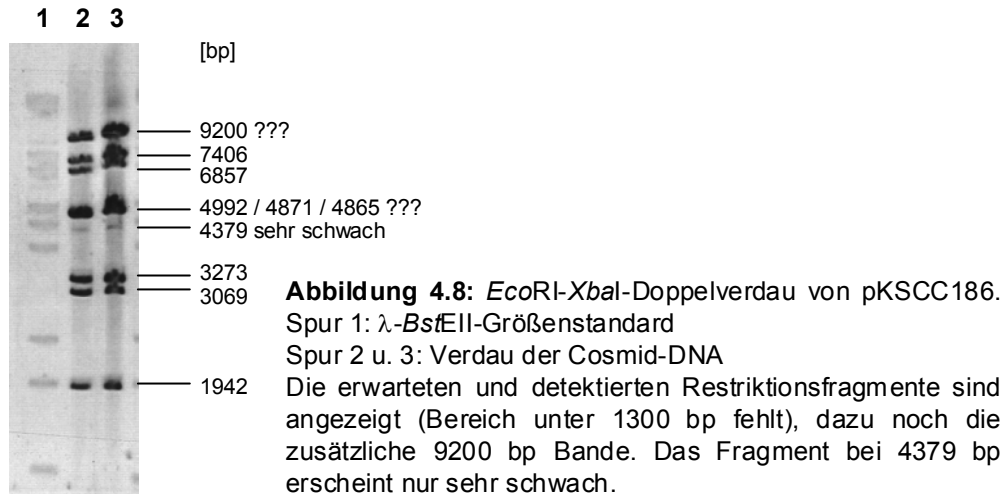
Dieses Ergebnis wurde durch die Betrachtung der *EcoRI*- und *NotI*-Partialverdau bestätigt. Die kleinstmöglichen Partialverdau-Fragmente, die beide Sondenbereiche umfassen, mussten von der *SpeI*-Schnittstelle über die Lücke bis zur ersten *NotI*- bzw. zur zweiten *EcoRI*-Schnittstelle im SpB-Contig 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:

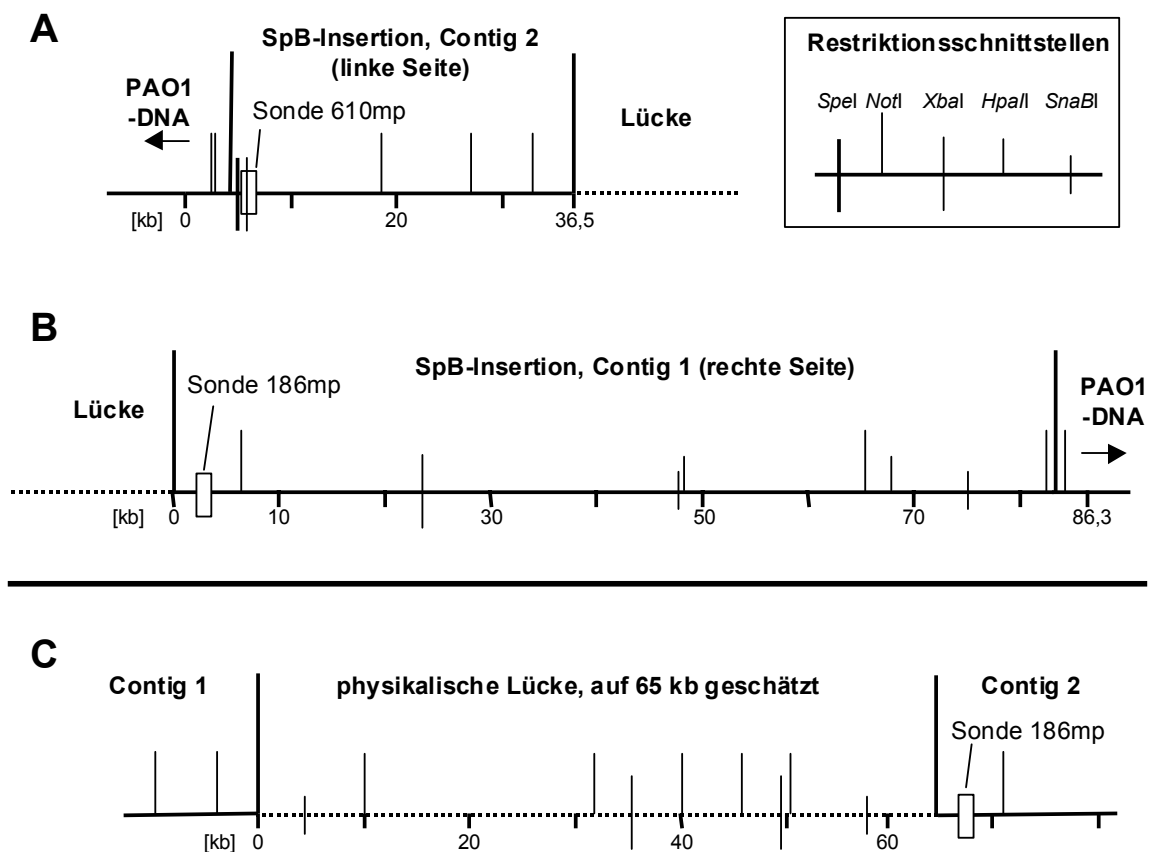


Abbildung 4.9: Abschnitte der SpB-Insertion mit ausgewählten Restriktionsschnittstellen (Legende siehe folgende Seite).

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^{Gly}-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.

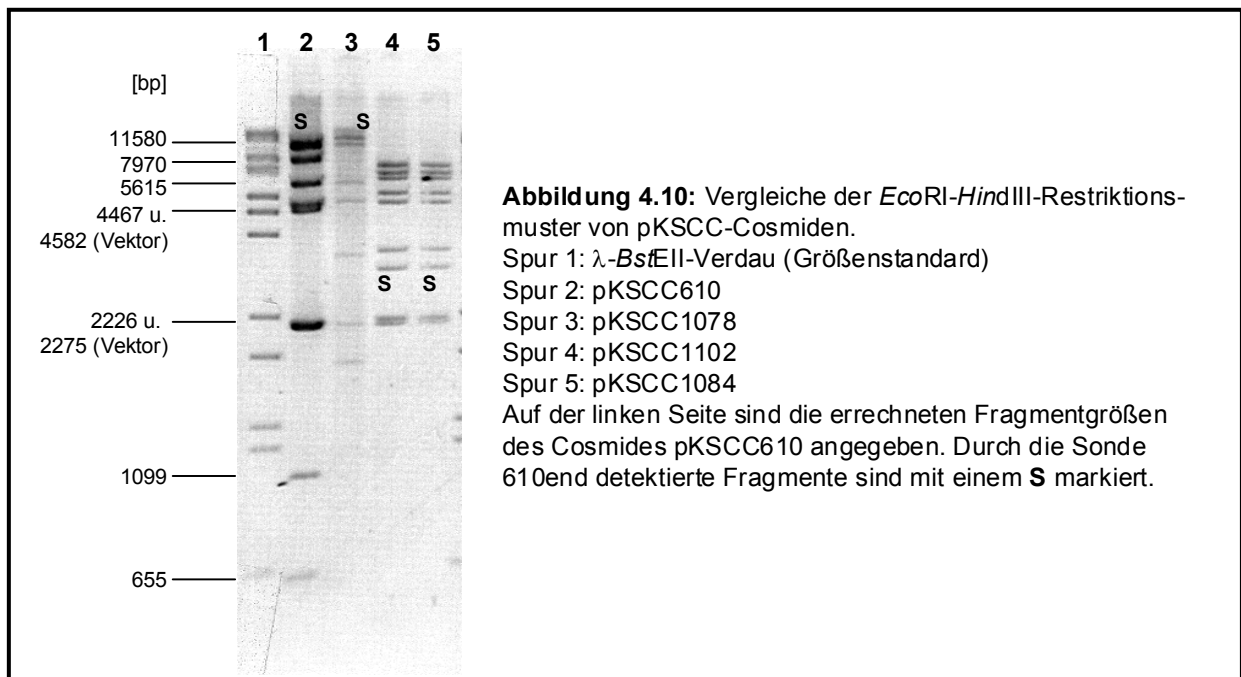
4.2.4 Erweiterung des SpB-Contigs 2

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:

Genomregion	Größe [bp]	GC-Gehalt	Anteil kodierender Sequenz	Anzahl der ORFs	Anzahl der ORFs pro 10 kb
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^{Gly}-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^{Gly}-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).

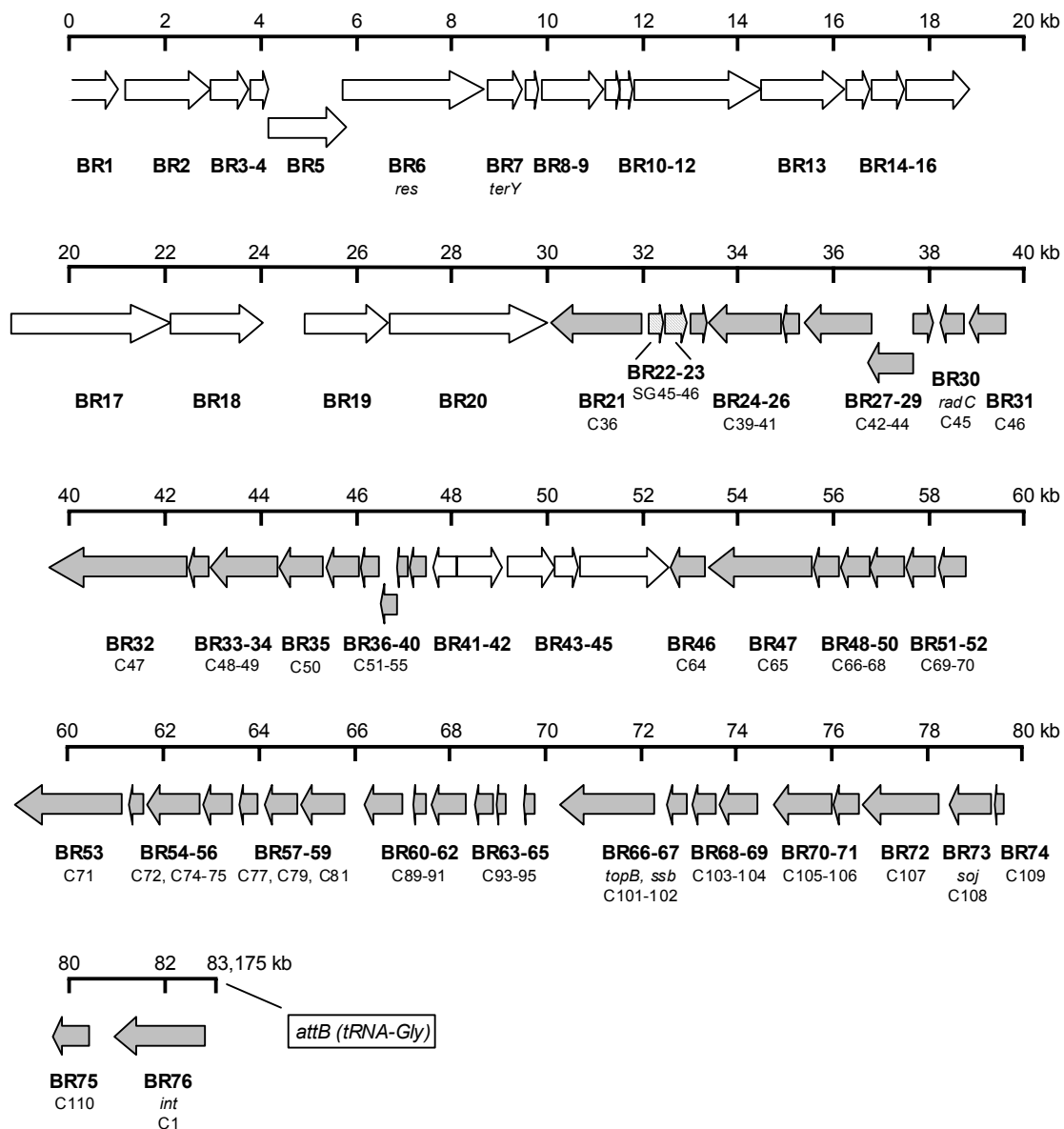


Abbildung 4.11: Annotation der SpB-Insertion, SpB-Contig 1.

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^{Gly}*-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^{Gly}-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 ⁺ -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^{Gly}-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.

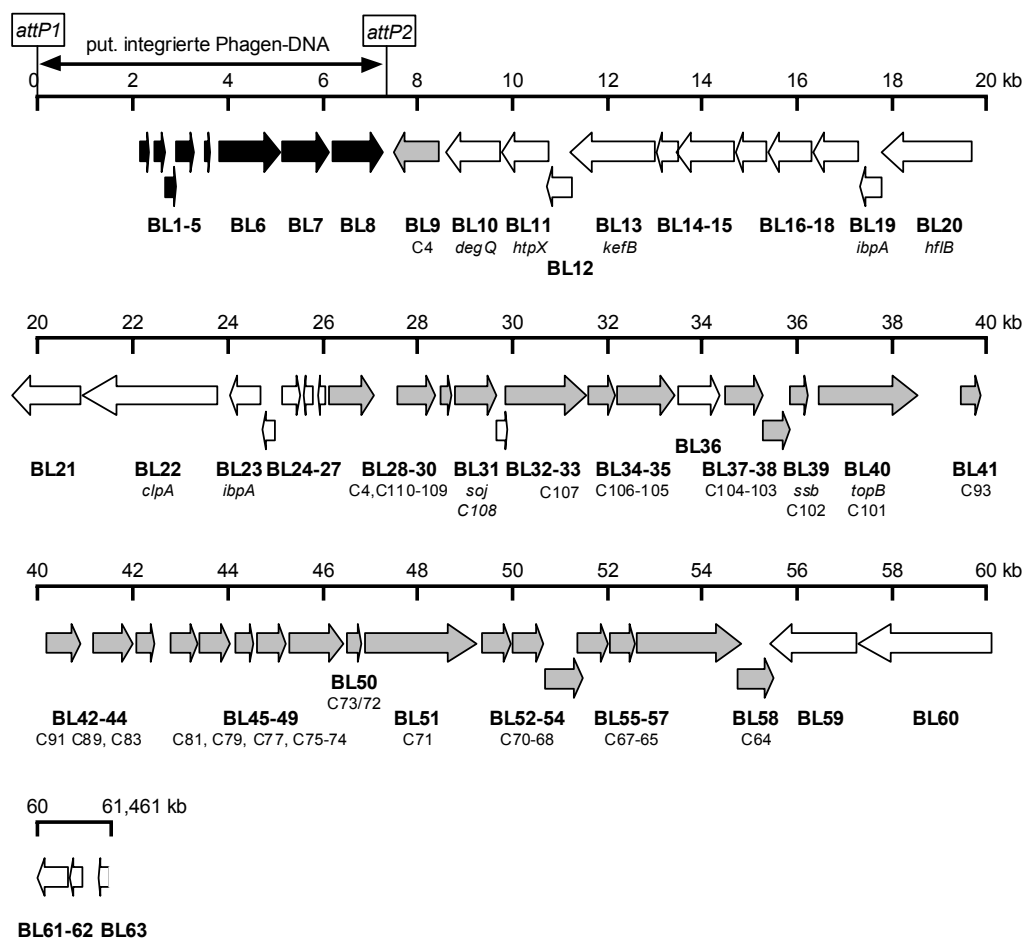


Abbildung 4.12: Annotation der SpB-Insertion, SpB-Contig 2.

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

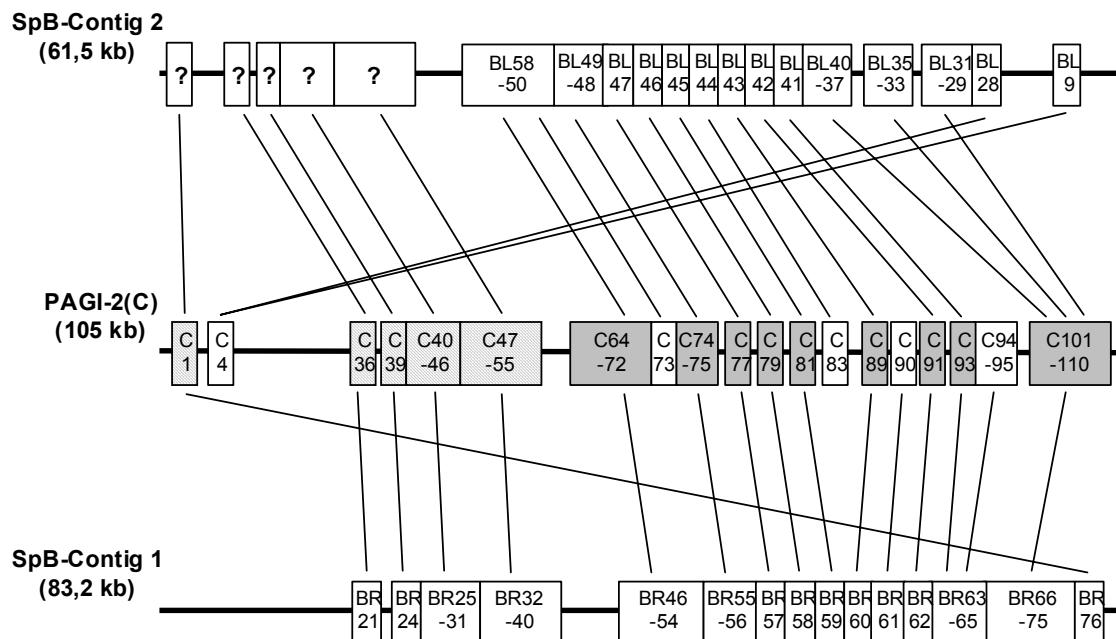
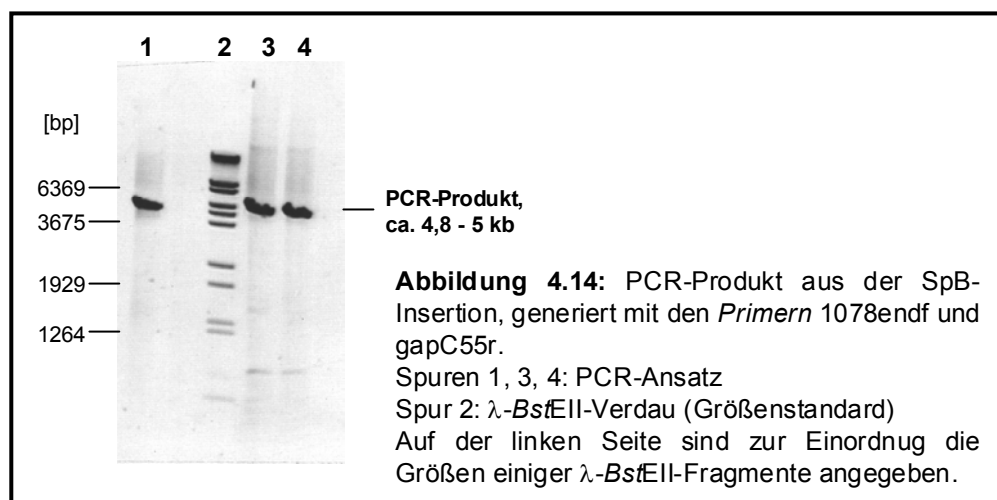


Abbildung 4.13: Vergleich der konservierten ORFs in PAGI-2(C) und der SpB-Insertion. Dargestellt sind für PAGI-2(C) die einzelnen ORFs und die Blöcke, die in einem (weiße Kästen) oder in beiden Teilen (graue Kästen) der SpB-Insel konserviert sind. Für die SpB-Contigs sind die jeweiligen homologen ORFs 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^{Gly}-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^{Gly}-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^{Gly}-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^{Gly}-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 unbekannte 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.

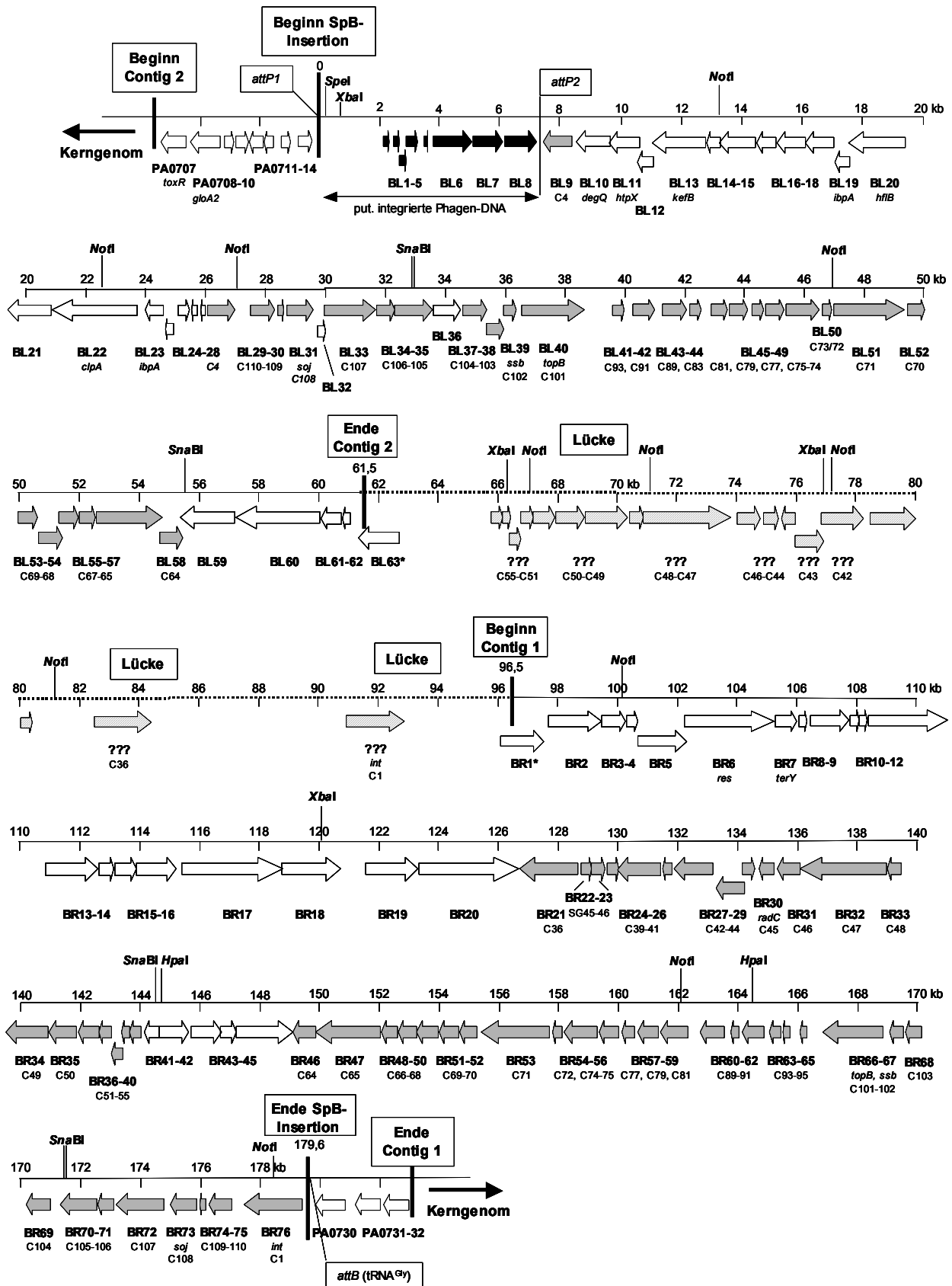


Abbildung 4.15: Übersicht über die SpB-Insertion in *P. aeruginosa* C (hypervariable Region 3).

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	Lufröhrenisolat; 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.

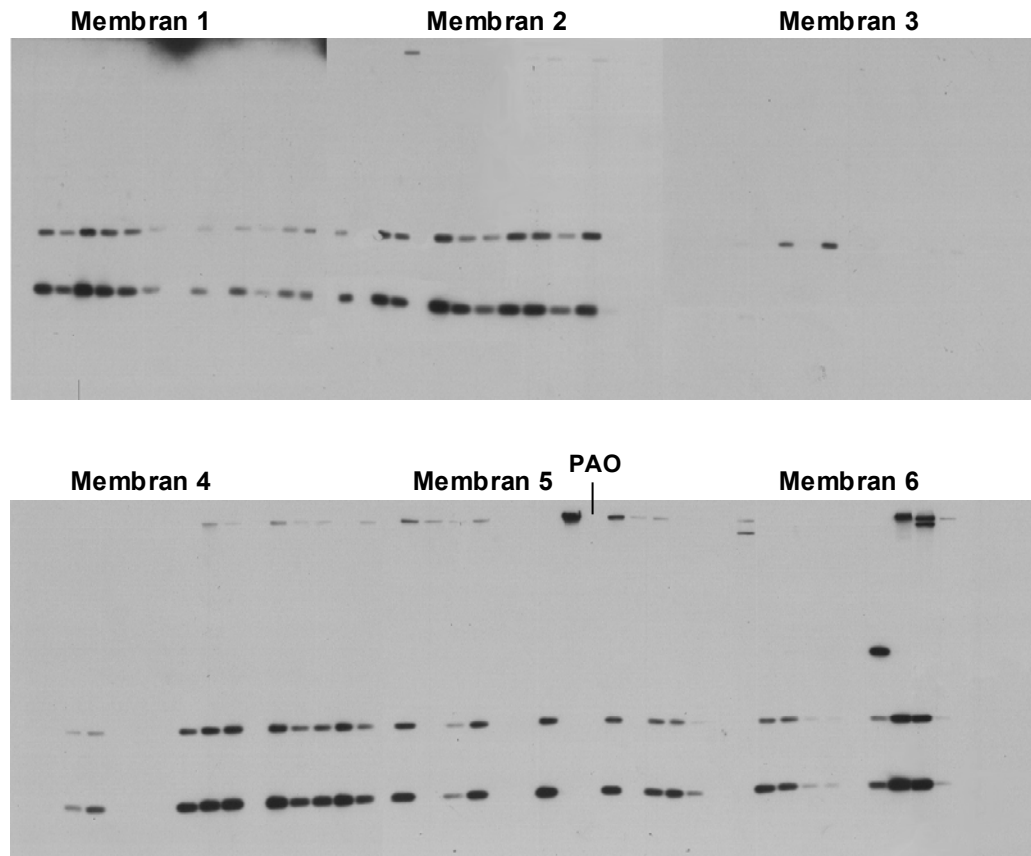


Abbildung 5.1: *XhoI*-Verdaue genomischer DNA von *P. aeruginosa* Stämmen, hybridisiert mit Sonde C47c. Dargestellt sind 6 Membranen mit Restriktionsverdauen der 71 Stämme aus der *P. aeruginosa* Auswahl. Markiert ist die Spur mit der DNA aus Stamm PAO, in der wie erwartet kein Hybridisierungssignal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

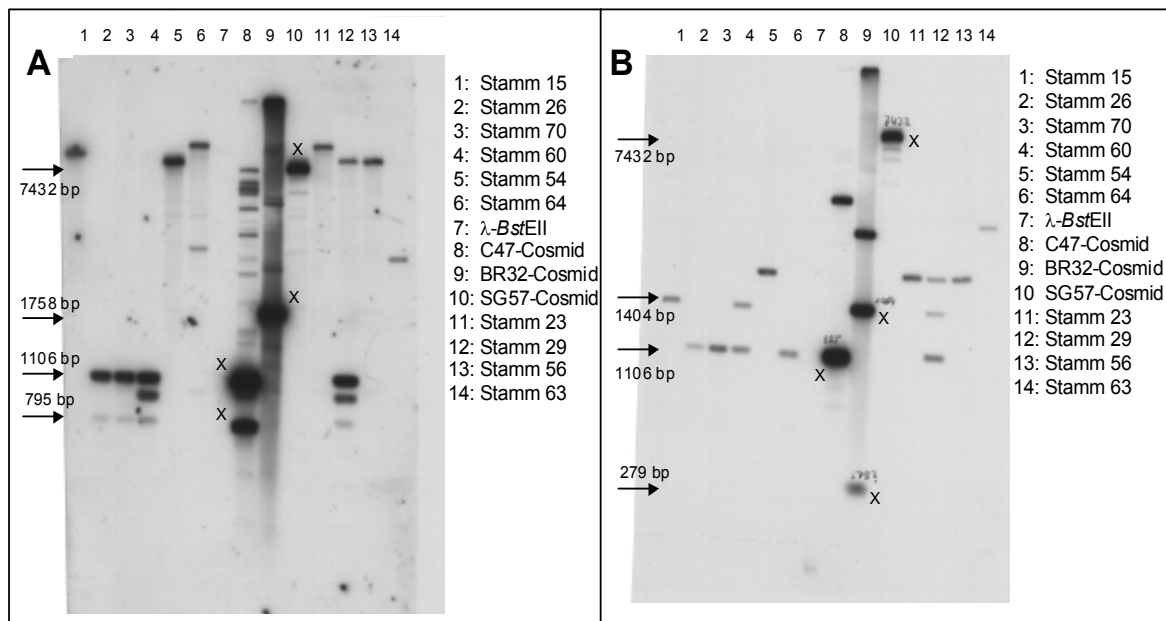


Abbildung 5.2: Membranen mit *Nco*I-verdauter genomischer DNA, hybridisiert mit C47-Sonden. Auf beiden Membranen war genomische DNA verschiedener *P. aeruginosa* Stämme und Cosmid-DNA mit ORF C47 bzw. C47-Homologen nach Verdau mit *Nco*I-fixiert. *Bst*EII-verdaute λ -DNA diente als Größenstandard. Membran 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)

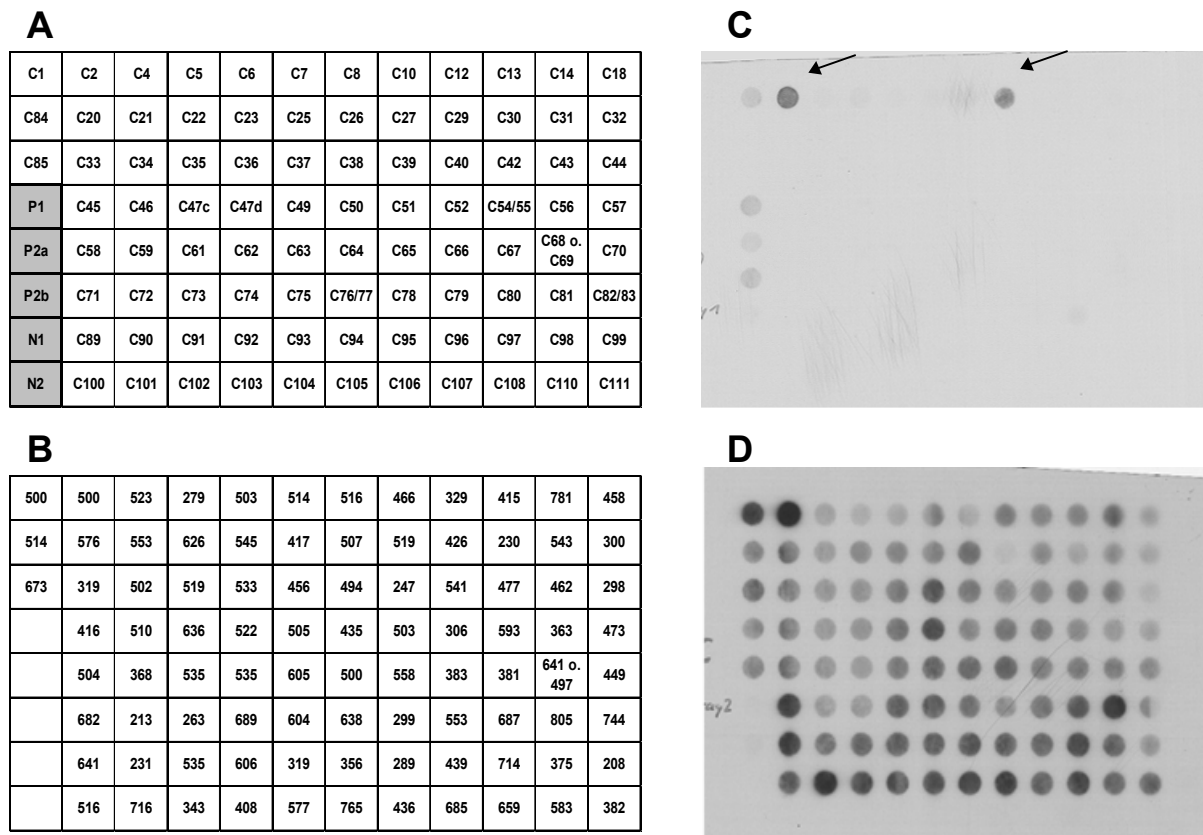


Abbildung 5.3: Schema des PAGI-2(C)-Makroarrays und erste Kontrollhybridisierungen.

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.

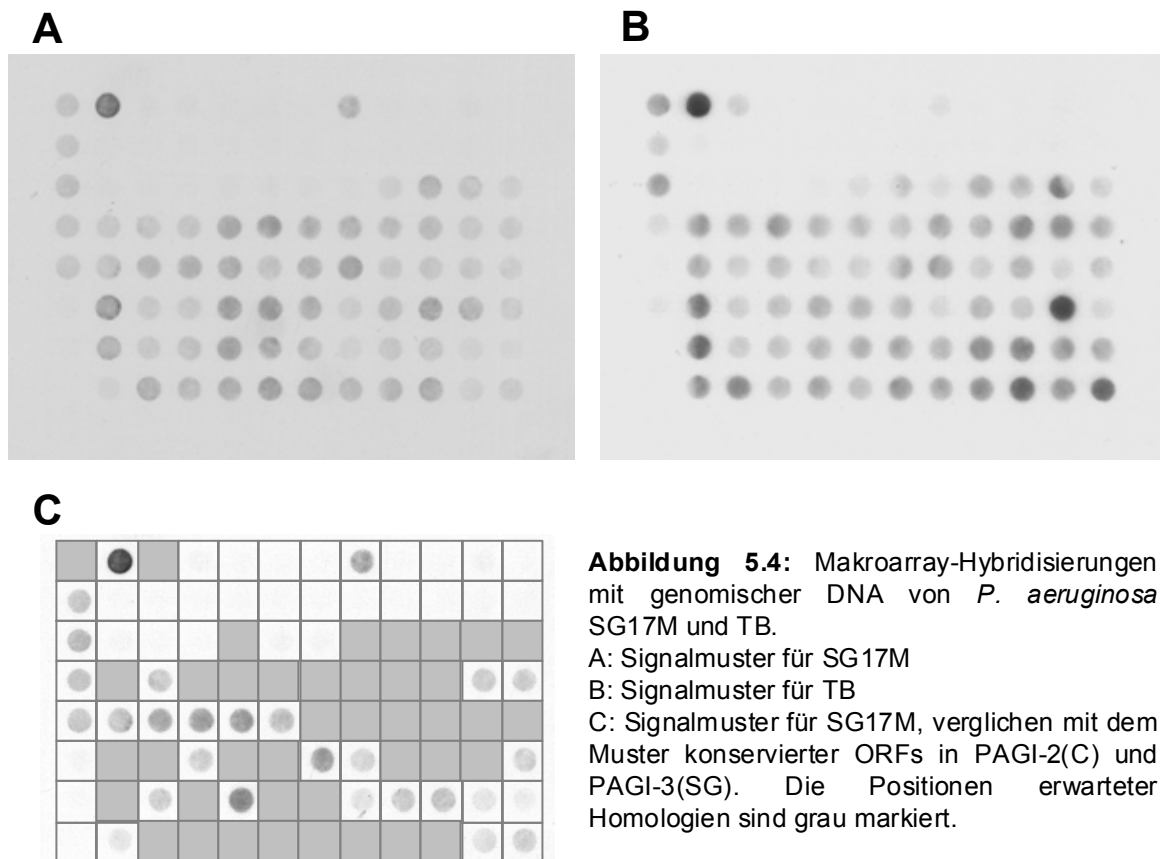
An den Positionen der Punkte C2 und C10 traten bei allen Experimenten mit älteren Arrays intensive Signale auf (siehe Abbildung 5.3), nicht jedoch mit neueren Arrays. Daher wurde davon angenommen, dass in Position C2 und C10 auf den älteren Membranen falsch positive Signale detektiert wurden, vielleicht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

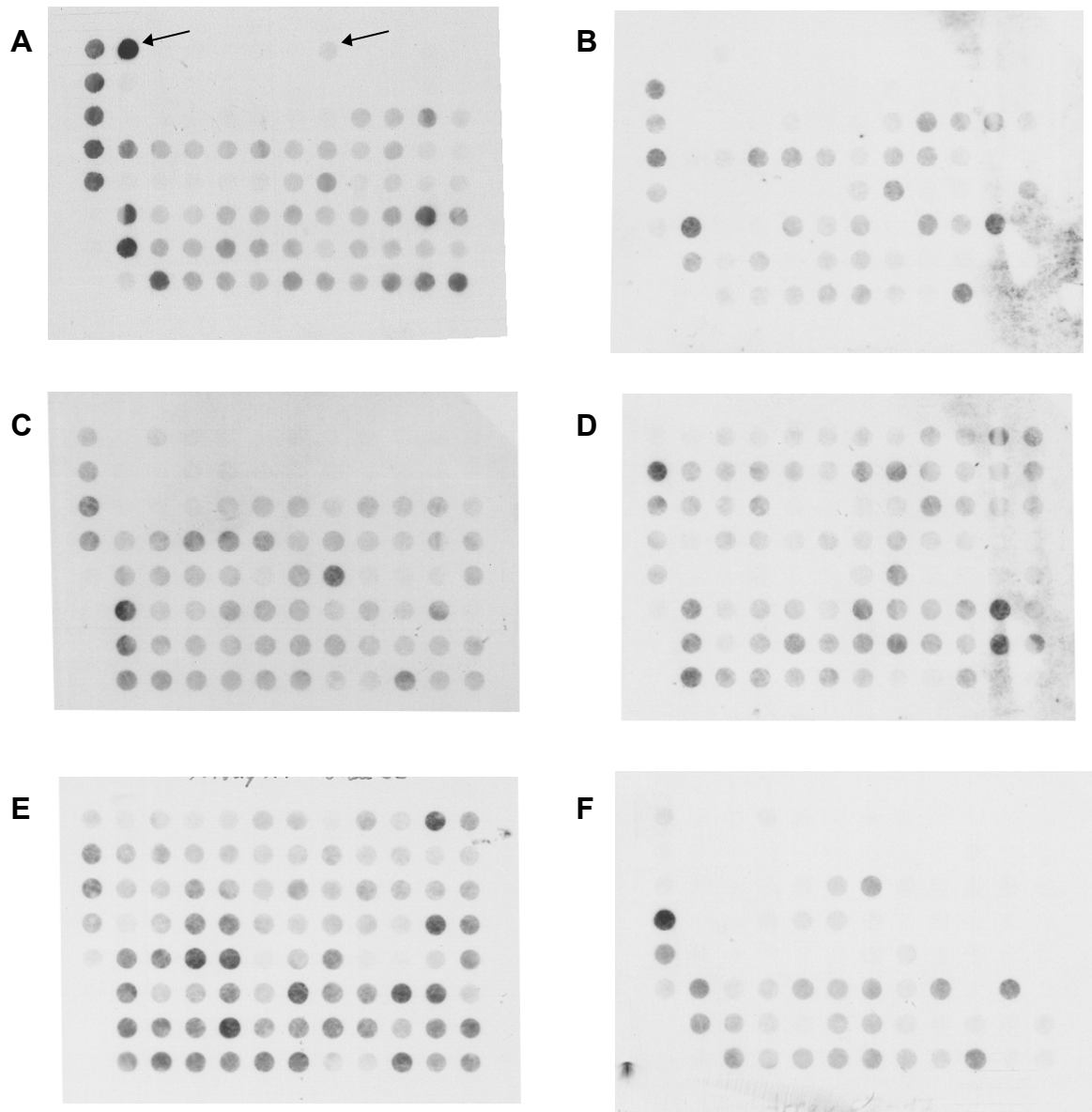


Abbildung 5.5: Makroarrays hybridisiert mit genomischer DNA von *P. aeruginosa* - Stämmen (Beispiele).

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.

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.

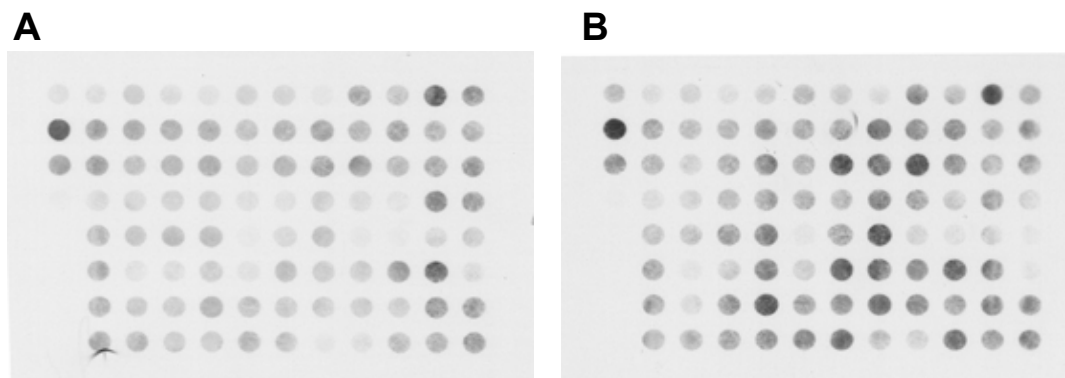


Abbildung 5.6: Makroarrays hybridisiert mit genomischer DNA von *R. metallidurans* CH34. A: Hybridisierung mit Wildtyp B: Hybridisierung mit Derivat AE3

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 pCLK106 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 pCLK106 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 pCLK106											
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 pCLK106.

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 pCLK106 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:

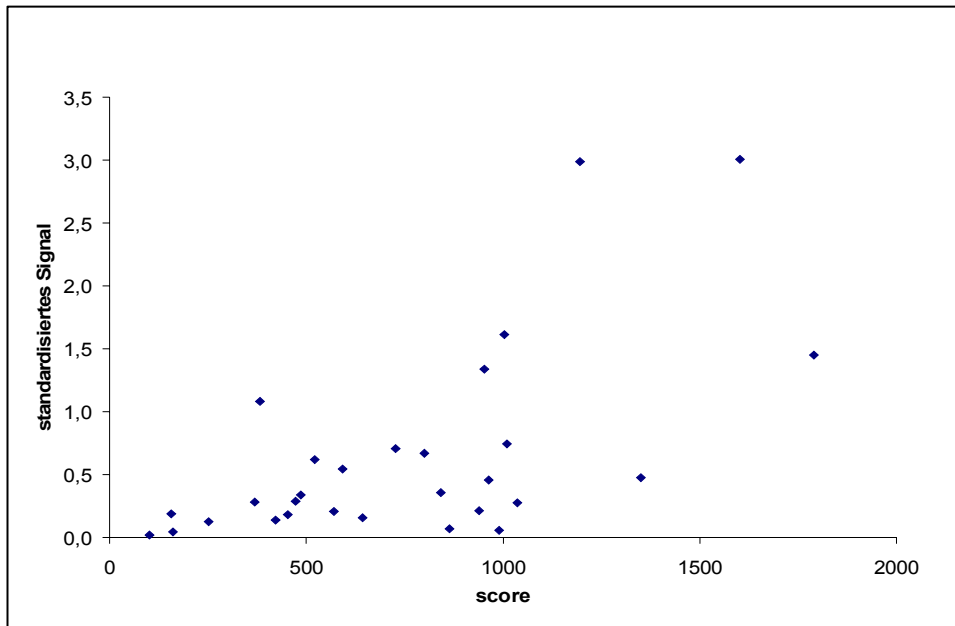


Abbildung 5.8: Vergleich der Signalintensitäten für pKLC102 mit der Sequenzidentität der homologen DNA.

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:

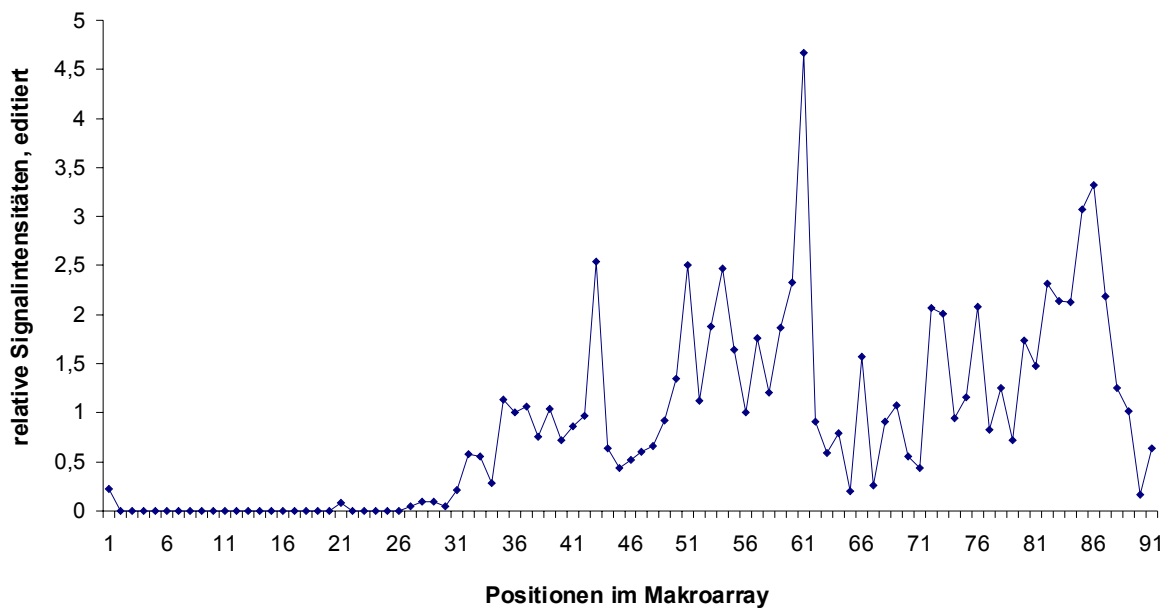


Abbildung 5.9: Auftragung der editierten relativen Signalintensitäten gegen die Positionen im Makroarray.
Als Beispiel ist die Auftragung der Ergebnisse für *P. aeruginosa* Stamm 62 dargestellt.

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.

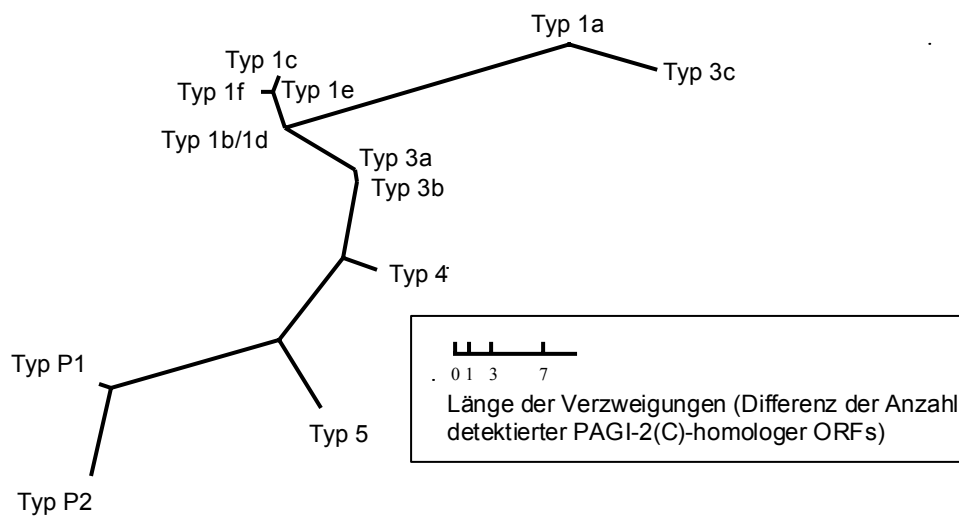


Abbildung 5.11: Vergleich der Konservierungsmuster der definierten Inseltypen, dargestellt als Dendrogramm (*unrooted tree*).

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^{Gly}-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 β -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.

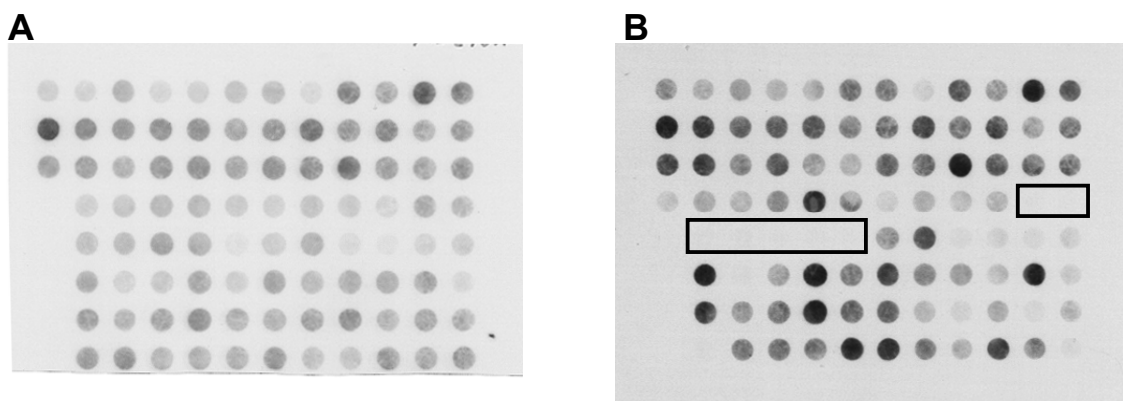


Abbildung 6.1: Beispiele für PAGI-2(C)-Makroarrays, hybridisiert mit markierter genomischer DNA von verschiedenen *Ralstonia* Stämmen. A: *R. campiniensis* (?) AE2701 B: *R. metallidurans* CH79. Stamm AE2701 enthält anscheinend eine nahezu identische Kopie der Geninsel PAGI-2(C). In Stamm CH79 scheint 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^{Gly}-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^{Gly}-Gen identifiziert werden, am anderen Ende der Geninsel befand sich eine Kopie der letzten 18 bp der tRNA^{Gly}. 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^{Gly}-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^{Gly}-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^{Gly}-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^{Gly}-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* GI₂ 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^{Phe}-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^{Lys}-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 γ - (*X. fastidiosa*, *S. typhi*) als auch β -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^{Gly}, tRNA^{Lys}, tRNA^{Phe}). 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^{Gly}-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:

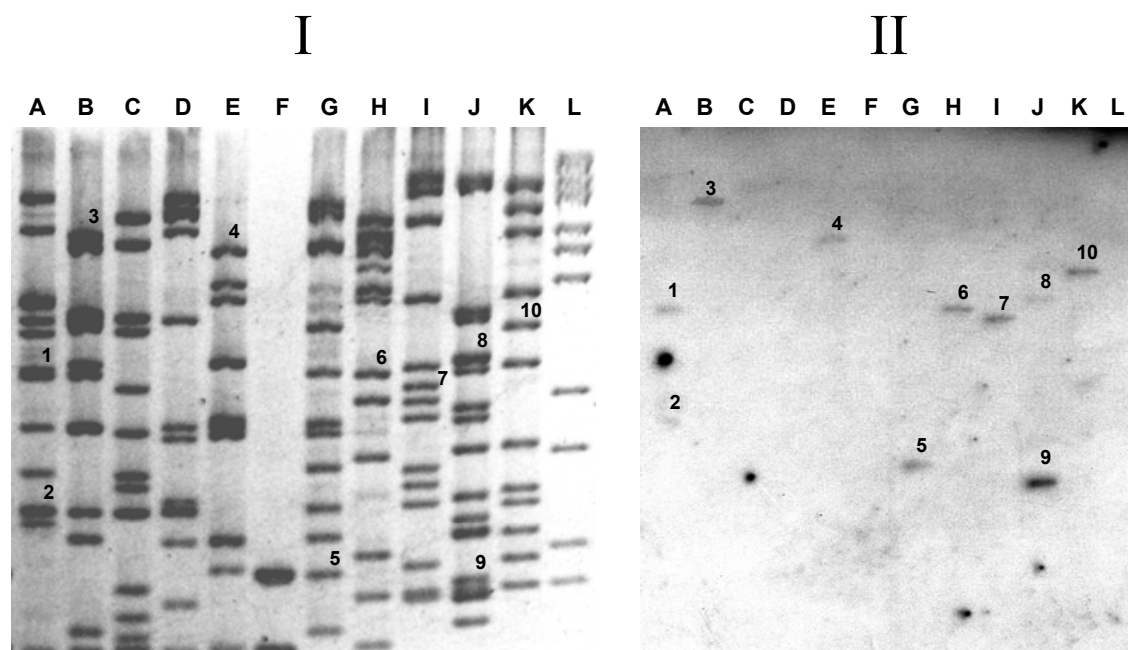
cDNA 022: *Primer* C10rev – C47rev (39 *Primer*)
 cDNA 273: *Primer* C101rev – C111rev (11 *Primer*)

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 Hg²⁺-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 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 ₂) [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 HgCl₂.

R. metallidurans CH34 wuchs wie erwartet bei allen HgCl₂-Konzentrationen, während PAO1 keinerlei Quecksilber-(II)-Resistenz zeigte. *P. aeruginosa* C konnte bis hin zu einer Konzentration von 12,5 µM HgCl₂ 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 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 HgCl₂ miteinander verglichen. Entsprechende Kulturen wurden mit Stamm C auf eine optische Dichte (OD_{600 nm}) von 0,05 inokuliert und bei 37°C inkubiert. Im Verlauf von 24 h wurden dann zu verschiedenen Zeitpunkten wieder die OD_{600 nm}-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 HgCl₂ 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 + 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+HgCl₂-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 Hg²⁺-Ionen zu Beginn der Kultivierung in Stamm C noch nicht aktiv waren und die

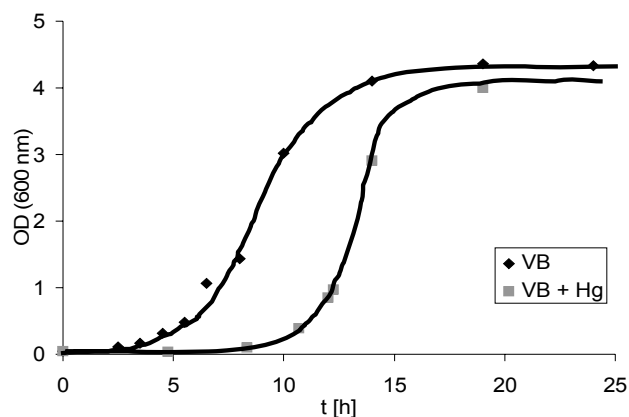


Abbildung 7.3: Wachstumskurven von Stamm C in Vogel-Bonner-Medium (VB) und in Vogel-Bonner-Medium mit Zusatz von 7,5 µM HgCl₂.

Replikation der Bakterien zunächst gehemmt ist. Erst nach einigen Stunden war die Replikation möglich, dann aber mit vergleichbaren Verdopplungsraten wie im Quecksilber-freien 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 Hg²⁺-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 Hg²⁺-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 Hg^{2+} -haltigem und bei Wachstum in Hg^{2+} -freiem VB-Medium, um durch den Vergleich einen möglichen Einfluss der Quecksilberionen auf die Expression der ORFs detektieren zu können. Für das 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 Götz, 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).

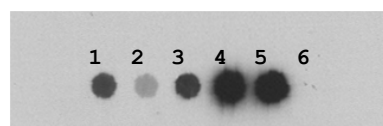


Abbildung 7.4: Hybridisierter Kontrollstreifen für Expressionsanalysen. PCR-Produkte generiert auf: 1) *gltA*, 2) *rpoN*, 3) *rpsL*, 4) und 5) 16S rDNA, 6) *hobI* (Negativkontrolle)

Mit den cDNA Sonden VB1, VB2, Hg1 und Hg2 ergaben sich auf Makroarrays und Kontrollstreifen folgende Hybridisierungsmuster:

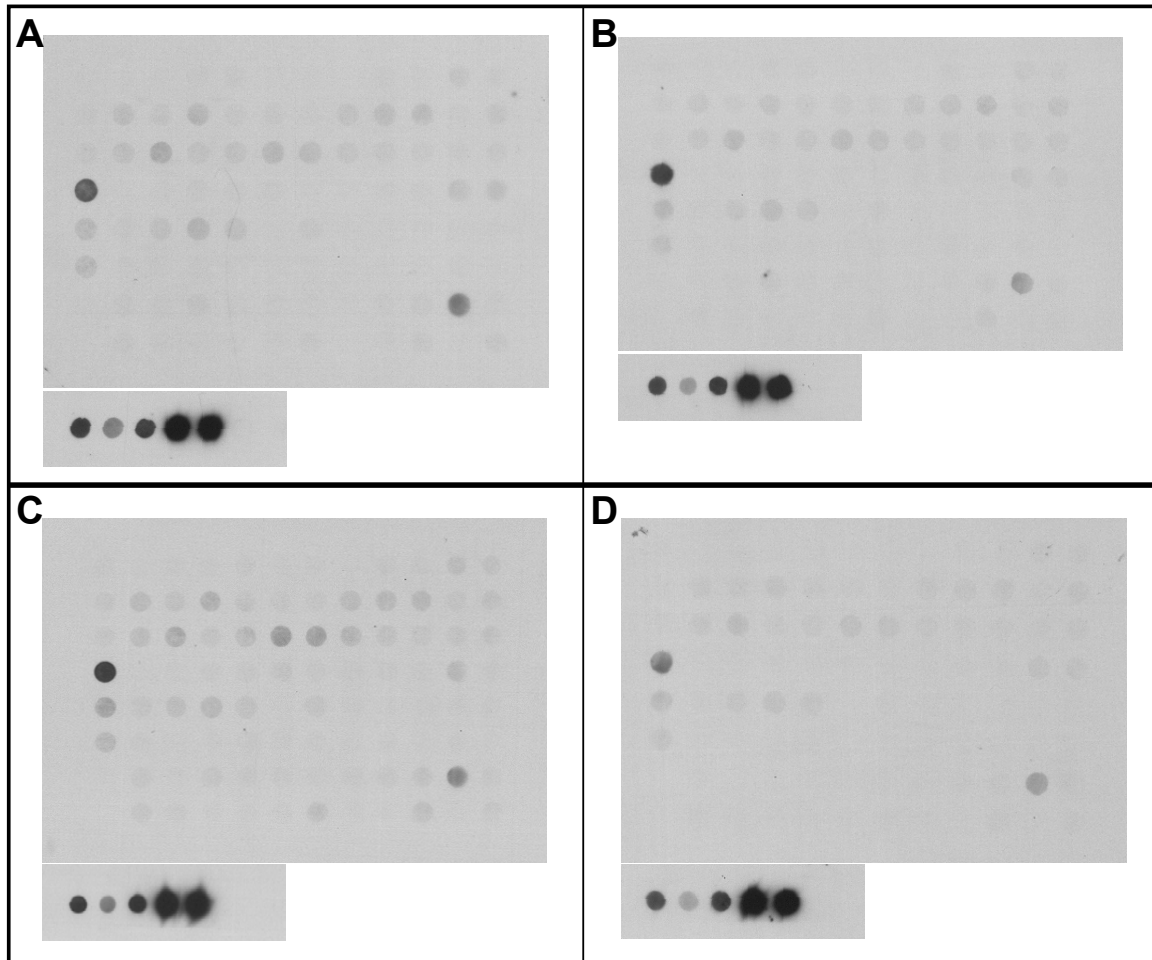


Abbildung 7.5: Hybridisierungen von PAGI-2(C)-Makroarrays und Kontrollstreifen mit markierter cDNA.
 A: cDNA VB1 B: cDNA VB2 (jeweils generiert aus *P. aeruginosa* C, Kultur in VB-Medium)
 C: cDNA Hg1 D: cDNA Hg2 (jeweils generiert aus *P. aeruginosa* C, Kultur in VB-Medium + 7,5 μM HgCl_2)

Auf den ersten Blick war kein signifikanter Unterschied zwischen den vier Hybridisierungsmustern zu erkennen. Dies deutete daraufhin, dass der Zusatz von 7,5 μM 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 μM 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.

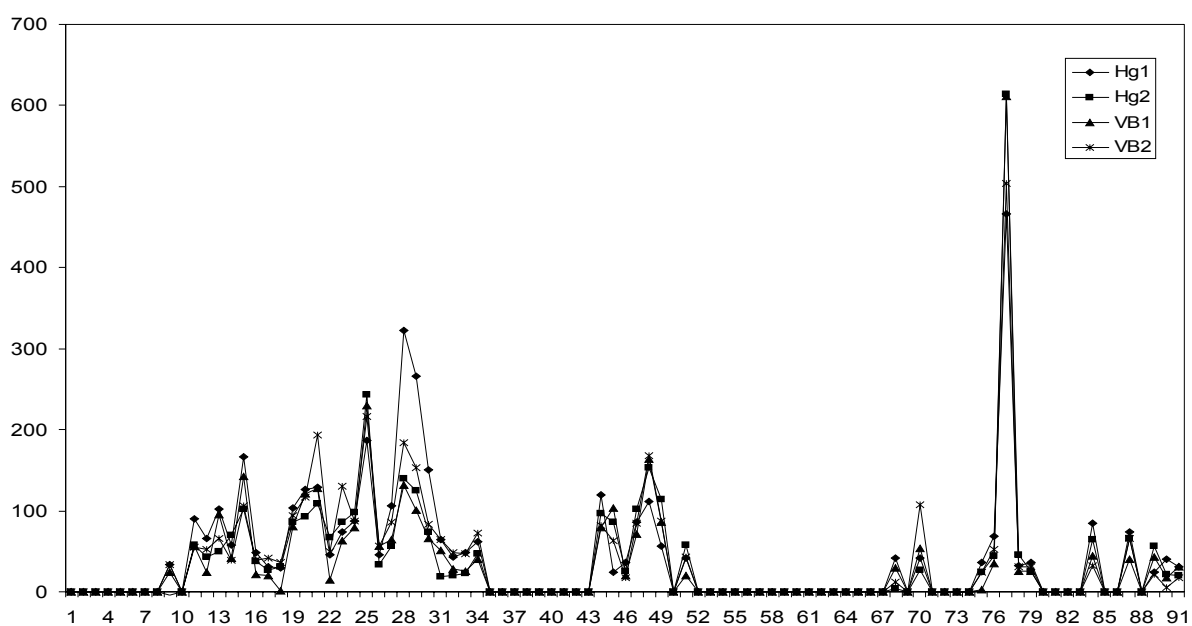


Abbildung 7.6: Vergleich der absoluten Signalintensitäten aus den vier Experimenten (nach Verrechnung mit den Intensitätsverhältnissen der Positivkontrolle *rpoN*). Hg1, Hg2, VB1, VB2: verrechnete Signale nach Makroarray-Hybridisierung mit den entsprechenden markierten cDNAs. Die Werte auf der Ordinate 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 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 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 HgCl₂-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 PABI-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 PABI-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 PABI-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 Hg²⁺-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 Wachstum 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
Größe des flankierenden Bereichs [bp]	19080	27284	5404	3126	8500	10181	298	10705	84578
PAO1-homologer Bereich	3152452 - 3171531	3173600 - 3200883	779907 - 785310	797721 - 800846	5078371 - 5086925	5086926 - 5097106	1060134 - 1060431	1077011 - 1087715	
Sequenz-identität	99,53%	99,65%	98,83%	99,26%	99,60%	99,67%	99,33%	99,77%	99,57%
Basen-substitutionen									
A → G	19	25	9	4	6	8	-	2	73
G → A	17	19	13	4	1	9	-	2	65
C → T	19	17	20	2	7	4	-	3	72
T → C	19	11	9	8	10	4	1	11	73
A → C	4	4	1	-	-	1	-	4	14
A → T	-	1	1	-	-	-	-	2	4
G → C	1	7	1	-	1	2	-	-	12
G → T	2	5	2	-	1	1	1	1	13
C → A	-	2	2	-	4	-	-	-	8
C → G	4	1	1	2	1	3	-	-	12
T → A	1	-	3	-	1	1	-	-	6
T → G	3	3	1	3	2	1	-	-	13
Transitionen	74	72	51	18	24	25	1	18	283
Transversionen	15	23	12	5	10	9	1	7	82
Gesamt	89	95	63	23	34	34	2	25	365

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.

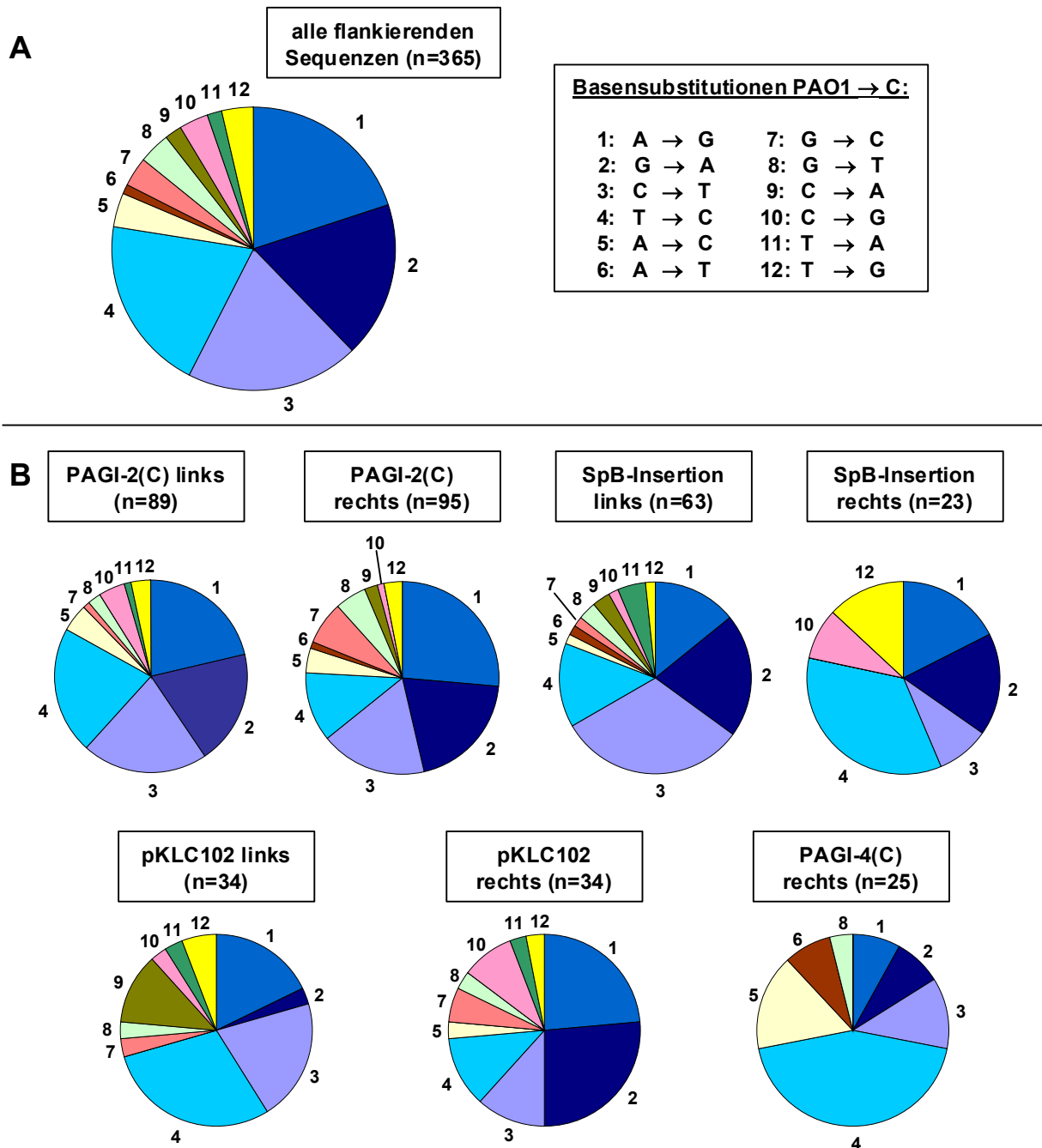


Abbildung 8.1: Basensubstitutionen von Stamm PAO1 zu Stamm C in der Umgebung der analysierten Geninseln in Stamm C. Die Substitutionen wurden in Teil A für alle acht flankierenden Sequenzen aufsummiert, in Teil B für die einzelnen Sequenzen dargestellt. Für den Bereich "PAGI-4(C) links" wurde kein separates 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. Tümmeler, 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 χ^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	χ^2	P
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 detektierter Nukleotidsubstitutionen mit den zu erwartenden Zahlen bei statistischer Verteilung. Die Signifikanz der Abweichungen ist durch die Werte χ^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^{Lys}-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^{Lys}-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^{Lys}-Gen stattfinden, nicht aber in Klon C. In der vergleichbaren Position im Stamm C

wurde neben dem tRNA^{Lys}-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^{Lys}-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- β -(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^{Lys}-Gens anstelle eines tRNA^{Gly}-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^{Gly}-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 modularartig 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 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 ²)	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, ECONOME 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 PAGI-2(C)

Gesamtsequenz von PAGI-2(C), 104954 bp (Pos. 49109 (T) aus altem Contig ausgeblendet)

AGTTTTGATCTACAGACTTCCACTGACGTCTGTAAGTCATTGAAATTAGGGGCTTCGGCCCTTTTTTCATTCCAGCCAA
AGCCACGGAAATCCACCAGCAGCCAGCGTTTTTTGAGGCCAAAATTGAGGCCAGAGAATGCGGGTGGTGCCGGTTCCGGGT
TGTTGCTGGGGTTGGATCGGGATGACCAGCAGCATTGAGCCTAAGTCTCACGACTTAGGAGTTTGATGATGGCACTCTCT
GATCTGACCGTGCGGCAAGCCAAGGCCGCCAAGAAAACCTACAGCATCCCCGATAACCGATGGCCTCGGCCGTGGTTCGC
CCCCACCGGGCGGCAATCGTGGCACCTGCGCTACTACTGGCTCGGCAAGCAAAAAACGCATATCCCTGGGCAACTATCCCG
AGATCGGCCTGCGCGAAGCCCGCACCTTGGCGGACGAAGCCAGGGCGCTCCTGGCCCAAGGCATCAACCCCCACACCGAC
CGCAAGCAGAAACGGCATGCGGTCAAGCTGGCCTCGGACTACACATTCAAGGCAGTCTTCGATGCTTGGGTCGAGCACC
CGCAAGGAACCAAGGAAGGCCGGAACAGCACACTGTTCGAGATCAAGCGGATCTTCGAGAAAAGACGTGCTGCCAGCC
TCAAGCAGATGTCGATCTATGACATTTCGAGGCCGCAACTCCTGGGCGTCTTCGGCGGATCGAGAAGCGGAGGCCCTC
ACCATTGCCGAAAAGGTCGGACCTGGCTGGGGCAGCTATTTCCGCTATGCGCTCGTCATCGTCGAGGGCATGGAGGCCAA
TCCGGCCACGGACCTGGACGTAGTGGCCGAGCCCAAGCCCGGCTGACCCATAACCCCTACCTGCACCTGCCAGGCTTC
CCGAGTTCCTCCAGAAGCTCAGGCTCTACAACCCGCGCGGCTGGCAAACCCAGCTCGGTATCCGCCCTGCTGTTCTTGACC
GGCGTGCACACCGGCGAACTGCGGCTGGCGACCCCGGATCAGTTCGACCTCGACCGTGGGCTTTGGATCATCCCCCGCA
GATCGTCAAGCAGCTTCAGGACGAGATGCGCAAAGCGGGGAAAGCGGCCGAGGACGTACCGCCCTACATCGTGCCGCTGT
CCCTTCAGGCCATCGAGATCGTGCGCTACCTCCTGGGGGTGATGCGGCCCGCCAGCGCCACCTGCTGACGCACCGCAGC
GAACTCAAGAAGCGCATCAGCGAGAACACGCTCAACGCCGCTTTGAAGCGGATGGGCTACGAGGACAAACTGACCGGCCA
CGGTATTCTGTGAACCATCTCGACGGCACTCAACGAGATCGGCTATCCCAAGATTTGGGTGGACGCGCAGCTTTTCGATT
CCGACCCAAACAAGGTGAGTTTCGGCCTACAACCACGCCAAGTACGTGGAACCGCGCCGCGGATGATGCAGGACTGGGCC
GACCGCCTCGACTTGTCTGAACAGGGCCAAGTGAAGCGGCCAGCGCGCACCTCACTATCCACATCGAGGGCGTACCGGC
CATGGCGGAGGAGGACAAGCCCCGACGCCATCGTTGCAGCTTCTCTGCGCCTCCCGTTCGCCCGGTGGTGGCCACCCCA
TCGTCGTGACGCCGAACGAAGGGGGCATCACCTTCCAACGGTTGTGCGAGGTGCCGCCATCCCCGACTCATGCGCCAGAA
CCCCAGGTGTTCGGCCATCCAGCGCGAGCGGAGGAAATGTGGCCATCTACGAATCGCCGAGCAGTCTGCCGGTGGCCCT
GTTTCGGCAAGTTGGCTGGAAAGTCCAAGGACCAGATCAACCGGAGTGAAGGGCGGGCAAGCTGCTCTCCATCAGCCTGG
GCAACCGGGGGCAGCGAGTTCCCGATTGGCAACTGGTGCCGCTCAAACACAAGCTGGCCCAGGTGCTCATGCGCCAGTAC
CCCCAGGCGGATTTCATGGGAGCTTTACCGCATGCTGACCCAGCCACATCCCGACCTGGGTGACCGCGCGGCCATCGACAT
CGTGACGCCAAGCAATCTGGGCATGGTGGTACAGATCATCGCAGGCAGCGAGCCACATGCGAATGCTCCCAGGTCGTAC
CGCCGCGCCCTATCTCCGAGAGGTGCGCCAGAGTGTTCGCGGCTACATCGTGCACGGAGCGCTGTGCGCTTGGACGGCGCAT
GGTTACAGCCCTCGCGGGGGCCTTACGGCCCCGCGCTATCTGCACCTGCACCGCTGCATGAGTTCGTGATGATGATGATG
GGAGCGAAGGACACGGCGCCGGTATGCGCCGTCGAGAAATCGAGCAGACGATCATGCATGTCCAGCAGATCGCCGGACGC
CTGGCGTCTGCACATCAGGGAACGCTCAGCGCGGGCGCGCTATCGGGTATTTCGATTGGACTGCACTATCCTTGGCTACCT
GCATCGCTCTGCGCTCGAACCGCTCAGAAAACCGGTTAGTTTCGTCTTTGAGGCGCTGCAGATGAGTCACGACCTCGTAG
GGCCCTCGGCCAGCGGCCGCGGGGCGGTGATCCCCATGCATCAGCGCGCTCGATGCGCGATTGCGCGGTGATCCCCGACAC
ATAGCCAGCGCCGACCCATAGCGCCAACATGTGCAACGAGGTACATGCTGGACGCTCTGCCGGCTTAAAGACGGGAGGG
ATGACAGCCGCTGATCCAGTAGTGAGCAGCTTTCTGCCGGCCAGCGAAAACACGGGGTAGTCCAAAAGTTCGGCGATCGTA
AGCTTTGTCTGGGCGAGCAAGGGGGACACAATGGCATGGCAACAGCGATGTTCTCGATCCACAAGGGTTGGCTTTTCAG
AGACGGAGCGCTTACGGCCCCGAAGCGACATTTCCTGCGTCGTAACGACCTTCATCAATGCCCGTACCAGGTCGTCACTTG
ATGTCTCAAAGAACCGGATAGTGATTTCCGGCTCTTCCGCGCGTTGCAGGGCGAGAAGCGAGGAGAAGCATGAGGATGGC
ACCCAGGTGCTATCGCAAGCCTGAGATGGGGAAACTGGCTGGTGGCATCATGCATGCGAGCCCCCAAAAAGTGTTCG
CCGAGTAGGTGAACCTGTCATCGTGGTCAAGAGTGAAGTTTAAACGCCGTTATCTTTAAACGTGGTTAATTTTGGCAGATTGT
TTGACGCTTCTGCTAATGCAGAAATCAACCATTACGCCAGGCCGTCCTTCTGGCACAACAACGTATGAATCCGCAGCGGC
GACAGCTTTCGGACAGGCCGTCGCGCTGCGCGCTGCGCAAGGAGTCGCGCAAGACGAGTTTCGCATCTCGGGCAGGCA
TTTTCGCGCTCGCACATGGGCAAGATCGAGCGTGGAGAGCACGTGCCACGCTGCCCTCATACTGAAAAATTCAGTAGCA
CTTGGGATAAGCGCGCTGAATTTGATGGCGGCCACCGAGCGCAATCTTCGTGCCGAAACCGATCTTTGAGGGTGTCTGCC
AGCGGGCCTTCAGCGCTCGCAGAGTCACGTAGGCAGGACGATGAAACCGCTCCAGCGAAGCCGACAAATCACTGCTGTCG
CCCCGAGCAAGTAAGTCTGATGACGGCTGAATCGATGACAGCGGATCACCACGTCGCGGGCTGGGCAAAACCGG
AATCTTGCTCGCCGCGAGAAAGCCGATACCCTAACCAGCACCGCAAGGTGAGCATCATGTCCAGCAGATGACCCCTCCT
CGACGACGTTCAACTTGTGCTCAAGCACCTGCAGCAGTCTGTGAGTTCCCGCAGTAGCCCTCGCACGCATGGGGATCG
CACAAGACCAGTGGATGGATCCCGACTTCTTGGAGCGGGACCTTTTTTGTGGGCGAGCAGTGGTGGCGTGGCGGCACGGC
AATGACCAATGGATCTCGCCAGATGGGCTCAGCCCGTATGTGTCGCGGACGTCGGCCGATGCGCGAATCCGATCATGA
AATCCCCGGACCGCAGGCCGCGCAACTGCTCGGCCAGCGGAACTCGGACAGCCGATCTCGATCTCCGGCTCCTCCGCG
CGGCACCGGGCCAGAAATGCCGACAGGGCAGCATCGATTGCCCGCTCGAAATCGCGATGCGCAGACTGCCTCGCAAACC
TGCTGCCACGGCCTGGGCGTTTTTCGCGTGCCTGTTTCGAGCACGGTGAACAATCTGCGGATATCTTGAAGAAAAGACAAC
CCGCCGACGTCAGCACGGTTCACGGCGGTTCCGGTTCGAACAGCACGACCCCTAGCTCGTCTCCAGTTCCTTTGATGGCA

CGGGACAAGGGGGGCTGTTTCGATGTGCAGGGCGCTCGGGCGGCGCGGTGAAATGCAACTCTTCAGCCAGGGCCATGAAATA
 GCGCAGATGTCGTAATTCATGGTCTCAGCCCCCCATGCCGAACCGGCAGTCGCGTGCTACGCCGTATGTAGATCCAT
 CCCGCTTGCTGCATGCGCGCCATCTCGATAACAGCAGGCCCGTCCAGTACTTCGAGCGGCTCTCTGTTGTCCCTGCCGAT
 CCGCGAAAGTGTGTTCCGGGCATAACCCAGGTGAGCGCGTTCGAGGTTCGGAAGGTGCCGTGTCCAGGGCGGCGGCGACGGCTT
 GCGCGTTTCGCAACGATGCGCACATCGGCATCGGGCGCCGCGCGCTTGAGATTGGTTGCATTGCTTCGCGCACGCTCAAAG
 GCTTCTGCCGTGGTGGTGGAGGATCACTTTCAATGTGGGGCGCTGGGTGTCTTGGGTTCATGGTTCGGTTCGGTGGTGCAG
 TCAGAAGGGTTGTTACGGGGCGCATCTGCTGGGATGCGGATTTCAAGGCGCTTTCAGCATCTCCTCGATGGAGGGGTGG
 TAGTACGGCATGGCCAGCAGATCGTTGACGGTCTGCTTCGCTGGATCGCCCAAGCGATCAGGTGCGCCAGGTGCTCGCC
 TTGCGTCAGGAGCATGCTGGCACCGAGCAAGGCGCTGAGCCGGGTTCGGCATAGATGTGCAGCAGGTTTTCCGGAGCAC
 CAAGAATCTTGGAGCGCCGTTGCGGCTGCCTTCCGCGGTGCGGACGACCGCGCTTCCGACCGCCCTCGTAGGTC
 ATGCCGACTGCGCACGCATCCGGGTGGTGAACAGGATCGTGATCGGCACGCGCCGGGATGCGCCCGGCAACTTTCGCC
 GCGCAAGCTCGCCAGTGCAGGCTTGCCTGCCATCTGACCTCGTCCGCGGCTCGTGCATCAGAGGGCGATCCGGCTGCA
 CATCGCCTGCGAAGAAAATCGGCACCTGGGACGGCCCGCAGGCTGCATGGTTCGCGGGTTCGATGCTCGGTCGGCCAGCC
 TGATCCAAGGAGATGCCGGCCGCGGCGAGATCGAGCGCCTCGGTATTGGGTTGTCTCCGTCACGACGAGAAGCCGATC
 CACGAGCGCTGCGCTCGCCGGCGCGCATGCGCACCTGGTGCCTTCAAGGCTGACTTCGACGGCGGCGCCCAACCACA
 TCGGCAACTCGGTCTCGAACCTGGCGATCGCCGCTCCAGGACATCGGGGTCTGGATGCCGCCGATGGCGTCTTTCTGG
 TCTGCCGCGACCACCTGCACATCCAAGCGAGACAGGGCCAGGCCGAGTTCCAGCCGATGGCGCCAGTCCAGGATTC
 CATCCGTGCGGGCAGGACGCCAGGTGCAACAGGGTATCGGTGGTTCAGGATGCGGGAGGCAACGCCGTGAGCGCTTTGG
 GGACCACCGGGCGAGAGCCCGTTCGCCACGATGAAGGCGCTGGCCTCGATCCGTTGTTACCTGCCTGCAAGATGCCCGGC
 GCGACGAAGCGCGCTTCGGCCATGATCAGGCTCTCGCCAGCCGCTTGCCTGCGCTCGCCTCCGCGGCGGCGCCGGCCAGCGC
 ATCCCTGGTCTGGCGGGCGTGGGACCATAAGGCTTCGCGCCCTTGGGTTCGATGGCGTGGCGCTCGCTGCCAGTGCCCTTGG
 CGACCTTCCAGTGCATGCCGGCATGCAGGGCCGCTTTCAGGGCATGCATCCGACGCGCGCGCAGGTTCGTCCTCCCAATGGC
 CCCCAGTGCATCAGAACCACCTGTTTGCCTGTCTGCTTTCAGCGCATGGAATGCGGTGCTGCCAGCGGTTCCCGCGCCAAT
 GATGGCGACATCTACTTTCCTTGTCTGCATTGAATTTTCCCGTCCACAATCAATTAATCGAACATCGGACCTCTAGCCAA
 CATTGCGCATGAGCATGAGGGCCGCCACGGCCACGAGGTGATCGAAAAACCCCGTGGAGCATCTTTGAGGGAATCCTG
 CGTCCAGAACACCGCCGAGCAGATGCCACGAGCGCGTTCGAGAACATGTCAGGCGGGCGCGGTGAGCGTGCATGCG
 ATGACTCCACGCGATGAACACGGTTACAGCGGACGACGCGCATACCAATGAGCGAGTTCGCGACGATGCTGTGCATGC
 GCAGCTCGCTGAAATGCGCCAGAGCCGGACGATGATGAATCCGCGCCCAACCCCAACATGCCCCGTCGTCGTCGTCGAG
 ACGATGCCGATGCTCCCCAGCGTGGTTCGCTGTTTCGACGTTCCAGACGAAGCGGCGGCTGCTTGGAGATCTTGCAGAC
 CCGGGCTGGCTCGTCAGCCAGATCGTCTGCGTCTGGCTGCCGCGAGATGACATGAACATCCGGTAGGCCACCACGAGCA
 TGATGGCGACGAAGATCAGGTTTCAGCCATCGAGGCGAAAGCCAGTGGGCAAACTGCACGCCAGCGGAGCCGTCACGGCG
 CCGGCGAGCCGCAACATCATCGCTGCCTTGTACCGAACTACCCCTGGCGCAAGCCCTGCAAAGCGCCAGGGTTCGCCG
 TGCTCCACGGCGAGCAGCGCCACGGGCGCGGCTGACGGATGTCCATGCCAGGCCGAACACCAGCGCCGGCACCAGCGA
 AGATGCCCGCCCGGCGCCAGTCAATCCAGCACGGCTCCGATGATGAGGCCAGCACTCCACCCGTCAGCGAGAGCATA
 GTGAATGATCCTTTGTGCAATTTCCGTTGAGCAGCCTGAGATGCGGGCTGAGAGAAGCGGCCATCAGGTTTCGGCGCCTGG
 GCGGCTGGTTTCAGCGCGGCCCCAGCACTTACCCCAATTGCGCCCTTCGCGGCATGCCGTTGTACTTCTTGGAGATCCCAT
 TGGGGCCGCGTACAACGATGCCGGGCGTCCCCGGAAGCCGCTGCTCGCCATGAGTGCAGGTTGTCATCGAGGATCTTG
 CGCACATCGGCAGGCACGCTCTTGGCTGGCGTAATCCCGCCCTGGCCAAACTGCCGCTCGTTCGTCACAAACGCCGCACT
 CCGGTTCAGGCGCGCCAAGAATGGCCGCGGCTTTGGCCGGGCTGTTCATCCTTGATGATGCCTACCAGAATGTGCCGCAACT
 GGACCTTGCCGGAATCCACCCAGGGGCGTGCAGCTTCCAGAAGGCGTTGCAATAGGGGCGAGTTGGCATCGCTGAAGGTG
 TAGATGACGCGCGGCGCATCTGCCTTGCCTTCCAGCACCCAGGTGGACGACTGCAGTGCAGCATTCCCTTGTCTGCTGAC
 CGGCTTGGCGGCGAGCTTTTCCAGGTCCGCTTTCGTCATTGGCTTCGCTTGGCGTTTCAGGCGAGTTCCACGATGGCAT
 TGCCATCGCTCGTATGTACACGGCAATGGGCGGTCACCCGACGCGAAGCGCGCAGACCAGCCCGGCACTTGTG
 AATCTCGCTGAGCGGTGACGCTTACCTTCCAGCGCTTTCAGGACGCGCGGCTTGTACGCGCTTCTGCTTGTGCA
 GCCGGTACCACCATGAAGCTGGCGGCCAGCAGGAACGAAATGTGCGAGCGTTGTGCAAAACATGGTTACTCCTTGTCTGT
 CTTGATCTGTTGGGCTGGCGCGAATCGGCGCGACACCGTGTGTTTGGAGCTGGCCATCGTGAGTTTCGCCCAGATGGGTAT
 CCACCAGGCGTCTTGTCTCATCGAAGAACAAGGTGGTGGGCGAGGCTTCGCGATGCGACGGCTGCATGGTCTGGGAAGCG
 GGGTCGAGCAGCACATCCTTGGATGCAGGCGTTCGCTCTCAAGAAAGGCGCGGCTTGTGGGCGCTCTCTCCCTGGTT
 GACCATGACAAAAGCGATATCGGGATACTGCGCTTGTGCTGCTCGAACACCGGCATCTCGCGACGGCATGGTGGACACC
 ACGACGCCAGAGGTTGAGCACGACGGGCGCCAGCAGATAGGAATTCAGGACGACTGGCTGTTTCATCGAGCGTTGCGAGC
 GTCAACGCTGGCAACGGCGGTGCCGAGCGCTGCAGCAGAGCCAGTACGCCCCGGTAGCAAACAGGCTGCGAGTCCGAC
 CGCAACTCCCGCCAATACAGGCCGGCGCAATGCCCGAACCGCACGGGTGCGCCACCAGATGAGCGCCAGCGCTGCCAGGA
 CACCGACCCACCAGAAAAGCCTTGGTTCGCAATGGAATCATGGACATCGGCGACTGCGGTACTTCTCCACCATTGC
 GCGATGTAGCCGAGGCGAGCCGCCACAAACCCACAAAAGCGGCGTCCAGCAACATTCCGCCGGCCGCTTGTACGGAGA
 GTCGGGCAACCGCTTGGCAACCATGCGCGCCACCGCCAGGCCAGCAGGACGGCCAGGAAGACGGCAACGACTTGGACGG
 AGAACGGACCTACGCTGATCATCAGGAACCTGCCTTGTCCAAGCGCACCCAGGAAGGCGCGGGCATCGATCTCACCGACGA
 CGCGCAGGTCCCGGCGTTCGGTACCGTCCGGGCCAACAGAAATGAGCGTGGGCGGCCCCATGACACCCCAATGCTTGGAGC
 AAGGCTGATCGGTTCGATCATTGCGCGTACATCTGGTTCGACGACCTGCATCCGGGCCAGGCGGGACGCGACGGCGGG
 GTCGCCGAATACGTTGCGTTCGATCACATGGCAACTGACGACACAGTTCGGCGTAGAAGTGCATCAGGGTCCATTGGCCG
 GCGAAGCGGCTGTGCCAAATGCGCATCCACGTCCTCGACGATTTCCGCTGCAGGTAAGCGACGCCGCCCGCCGCGGCT
 GCTGAGCGAAGTCAAGCAACCGCGAGGTGGGCGAGGCTGCAATGCCGATTCGCGCCAGAGGCGCGCCGACCCAGCAT
 CAGGATGGACCACAAGCCGGCGAAGACGGCGCCGAGCGACCATGCCAGCCGATGCTTCGCTGCCACGGCTGGC
 CCCACGCGATCAGGCCAATCGCCACCGACAAGACCCATGCGCCCCACAGAACCAGGCTGACCGTGGCGGGCAGGAAGCGC

GTCAGCATCATCACGGCCATGCCACCATGACGTAGCCGAATGCCACGCGCACGCGGTCCATCCACGCGCCAGGCCGTGG
CAGGACCCGGGCACCGAACACGGCGATGGCCAGCAGGGGCAGTCCCATGCCCAAACCCAGCGCGAACAAAGGCCATGCCAC
CGTAGACCCGCGCTGCCGGTCTGCCCGATGTACAGCAATGCGCCTGCCAATGGAGCGGTCATGCAAGGCCCGACCAGAAGC
GCCGAGAGGAAGCCAGCGCCGCGCCGCGGAGATGCTCCCGCCGAGCGATCTCTACCGGCGGATTCGACCCGATTGAT
CAGCGCCGAGGGCATCTGCAGCTCGAACAGGCCGAACAGTGAACCTGCCAGGACCAGGAACAAGGCTGCAAAACGCTCCGA
GCAGCCAAGGCGATTGCAGTGTGGCTTGCCAGGTTGGCCCCGGCCAAGCCAGCGGCCACGCCACCAGCGGGCTAGGTGCC
GCCATCGCCAGGACATAGGACAGAGAGAGGAAGAAAGCCCCGCGCGCTTGGCTGGCTGCCGACGACCATGGTGGAGAC
GATGGGGATCATCGGGAGCGAGCATGGTGTGAAAGCGAGCAGCAAGCCGAAGCCAAAAACAGCAGTGTTCACACACGG
GGCCCAATGCTAGGCGCTGCGCTGCCGCTTGATCCTCTGCCACCTCGGTAGCTCCGCCAAGCTGACTGTGTTGGTG
GAGGTCAAAGCCGAACCTCCGCTGTACGGAGTCATTGCCGGTCCGGGATGTGCCGCCACCCTGCCGCCAATGCCACATT
CATGGTCTGCGGCGGATAGCAGATACCTGCCTCCGCGCACCCCTTGCCAATGCAGTGTACAGCGGGCCGGGGCGGTGGCGG
GAAAGCGCAGATTGAGGGCATCGCCCGTATAGATTTCCGTATCGCCAAAGAATTCGTCTGTTTGGCTGTTCTGCCGGA
AGCGTCAGGCTGACTTCATGGCCCTGCGCATCGACCAACTTGATGGCATGGCGATAAACGTAGTAGCCATCGGCAACGTG
TCCAGCGGCCGAGAACGAATCGCCCTGCTGCTGCACAGCGTCCAGCTTGAGAACTTCGGCAACGTCCAGAAAATTGCCGCT
CGCTGCGGCCCCAGGAGGGAAAAAGGCCGCTCCGCCACGCACTGCCGACCGCACACCACAGGAGAAAAGATCGCTACG
ATGCGCCGATAAAAAGCCAAATCCGAGTCTCCAAGCAAAGCTGCCTGGATCATGCGATGACCCGATTAAGCGAAACTAA
AGGTCCCCCAATGGCCCGTGGGGGACGGGGATGCCATCAAGGCTTTGCGCTTGGCTCTGGTGTATCGACCATGGGCGAGT
TCCGCTGCTCCGTCCGGGCCCGTTCAATCCCGGCCGCGACGACTTTCGCCGCTCGGAATCGGGGGCATCATCCCGAG
CAGCTTCTCCAGTGCAGCATGGCCGTTTGATAGTCCCGCGCTGCACCGCAGCAGCGCCGCCAGAGTCAGAGGCAGGG
CTGCATTGGGATCGAGCGACAAGGCGCGCTCAAGCAGACGAGTGGGCTCTCCCTCAAAACCGGAGCCACGGATTCTGGAC
AGCGACTCCGCGTACTCCGCCAACGCCTGTGGATCGTTCGGACCAGCTCATTGGCGTGGGTGAAGGCATTGACGGCTTG
CTCATGATCGCCGAAGTAACGGTAGGAACGCGCCAGCATGAGCCAGCCTCCAGGATCATCGGGGTGCTGGGCCAGCCGTG
CCTGAAGAGAGGCCACCATTGCTTGCACATCGGTTTGGCTCGTCATGCTCGCGCTGCGAACCTGTGACGGGTCCGTGGCG
GCCGATTTCCCAGGTACGAATAGGTGAGCGCTGTGCGCATCGGCAGCAGAATGGCGACAGTGTATGCTGCCCGCTTGT
TCCAGCAGGCGGCCCAATTTCAACGGAGGAGCAGCAGTTCATTACGCGCTCGCCGCTGAAGATCAGATCTTGATCGG
CCAATTCATTGGCCGACACTGCCATTGATGTTGTTCTCTCCAACCTCGCCCAATGATCGCGCAGTACCAGCGAGTTC
ACGCTTTCAGGGCAACTTGGTTCGCTCGCACCATGCTCCCTCCGCCAGAGAACGAAAGCCATATCGAGACGCCTCC
CACGAGCACCGACGCCAGAGTCAGGAAAACGATGCTCATGTTTCGTCCAGTACATTGTGTGGCGGAGACGACGCGCGT
CGCGTGTCTGCGCTCCTCTTCATTGAGTGCAGCATGCTTCGGCTTGGCGTTTCGGCTGCGCAGATTTCATGACCAAGACCA
CAATGCCCAAAGCAAGCACACCACGAACGGGCCAAACCAAAGCAACATCGTTGTGCGCTTCAAGGGCGGGCGATAGAGCAG
AAATCGCCGTATCGCTCGACCATATAAGTCCGGATGTGCTCATGCTCTTGGCCGACGGATCTGCTCGCGGATCTGTTG
GCGCAAGTCAGCGGCAAGATCGGCCTGCGAAGCTGCAATCGATTCAATCTGGCAAACAGGCAACGTAACCTCGGATGCAA
TGCCAGCATTCCGTCTCGGCCGCTTGGTTCGCTGGCCAGACCGGAGCCGTGAACAGAAAAGAAAAACAATGCCACCCGC
CAGAGAATCATTCTCAAGCTCCCGCACCCAGCGGCAGCAGCTCGCCGCGCATTTCCCCCGCTCAATCGCCCCGGTGTGC
TTGTAGCGAATGATGCCTGCCTTATCGATCACATAGGTTTCCGGCACGCCGTACACCCGAAAGTCGATGCCGACCGCCCC
ATGCGCATCGGAGACCGTCTGTTCAAAGGCATTGCCATTGCGCCGTAGCCAGGCGATGGCGTTCGGGGCGTGTCTTGT
AGTTTCATGCCGACCACCGAAACAGCATGCCTGCTGGCCAATTCGGTGTGACAGGATGCTCCTCAAGACAGGGCGCGCAC
CAGGAAGCCCACACGTTTTCAGTACCCAAACTTTCCCGATCATGCTCTCGGATGAGAAGGTCAGGTCCGGAGCTTGCAGTTG
CGGAAGGCTGAAGCGCGGGCGGGCTTGTGATCAAGGGCGATGGCACCTCGCTGGGCTTGGAGCGTCAGGCCCACTGCCGA
GGAACGACACCAAGACAAGGAATCCGAGCAGCGGCCATAGGAAACGGTTTCATGATGCGGCCTCGGGCAATGGCGGAGCGA
CGTGTGACGGCGAGGCTTCAGACGGTATCGACGATCGCTGATGGCCAAGCCACCGCCAAGCGCCATCAGGATGCAGCCG
ATCCAGATCCAGTCAACGAATGGCTTGTGGTAGACACGAACGCTCCAAACACCGTCGCCGAGCGGTTCCGCCGAGCGCCG
GTAGACGTGGCGCAGTCCGTTTGCATCGATCGCCACCTCGGTATCGGCAATTCGCGAGGCCGGTAATTCGCTTTTCCG
GATGCAGCCGCGCAAGACCTTCCGCTCGCGCGACAGTTTCGATATCGCCTATCTGCGCCCACTGATGGGCCCCCGGTG
CTTCTGACCCGATCAAAGTGTAGGTCGTAGCCGCGATGCTGACGGACTCGCCCTGGCCCAATCGAACGTCCTCGCTCGGT
CTCATACCCACTGACGATGGTCACGCCAGTCACGAATACCGCGATGCCAGATGCGCCATATGCATCCCAAGCCAACTGC
GTGGCTGGGCACGCAACCCGCGCGGGTGGCGCGCATTCGGCCGAAGATGCCCGTACCACCACCGCAATCCACGTG
GCGAGCATCAAGCCCAACGCCGAGAAAGTACCAGTGGCCAGCACGAACGGGGCGGTGAGGCCACCAGGGGTGCAGC
AATCATCGGCACGCGCAACTGCCTGAAGATGGCACCGAACTGGGCGCCTTCCAATGGCGGCGGGTCTTACCAGCAATCA
GAAGCAACGCGGGGATCATCAATGGCACGAACACCGCATTGAAGTATGGCGGCCACGGAGAGCTTGCCAGGCCAGC
GCATCGACGAGCAGTGGGTACAGCGTACCGAGCGGACAGCGCCGCGAGTGCAGACCAACAGCACATTTGTTGACAGCAG
CAAGGACTCCCTGGAGACCATGTGCAACCGTCTCCCATGCCGACCTTAGGGGCTCGCCATGCGAACAAAGCGAGCGAGC
TGCCACAATGACCGTCAGCAGAATCAGAATGAATAACCCGCGTCCGGATCGGTGGCAAATGCATGCACAGAAGTCAGT
ACGCCCCGAGCGCACCGAAAGGCACCCAAAAGCGAGCAAGAAAATGCGCCGATCGAGAGCAGCACCGTCCAGTTCTTGAA
ACTGGCCCCGCTTTTCCGTACCCGCCAAAGAGTGGATCAAGGCGGTGCCACCAGCCAGGGGATGAACGACGAGTTCCTCGA
CCGGGTCCCAAACACCAGCCCCCAGCCCAACTCGTAGTAGGCCACCAACTCCCCAAGGCGATTCCGACCGTCCAGA
TTTGCCAGGCTGCGGTGGCCAGGGACGAGACCAGCGTGGCCACGTGCGAGTCCAGTTGTCCGGCAAGCAATGCAGCAAT
CGCGAATGCGAAGGCCACCGAAAATCCGACGTACCCCATGTAAAGCAGCGGTGGATGAAAAGATCAAGCCGATATCCTGCA
GGAGCGGATTTCAGATCCCATCCATCTTGGGTACCGGAAAAGTTCGCTCGAAGGGATTGGAGGTCAACAGGACGAACAGC
AGGAACCTGGCCGTACCCAGGCCGAGCAGCCAGAAAGCGCGCCACCATGGCATCCGGAAGCTGTTTCGACAACCGGCT
GACCGATAGGCCCCAGCCGCTGTCATCAGCATCAGCAGCAGGAGCGAACCCCTCATGTCGCCCCAGACCGCGCCATT
TGTAGCCCAGCGGAGCTGAGAATTGGAGTTTTGAGCAGCAGTACCGAGTACCTTCGCGACAAAGGCCAGGTCAGGTG
AGCGCGGCAAAACCGACCATCACCAACAGGAATTGAGCGCGTGCAGCGGGCGGGCGAACCGCATCCAGGTGAGGTTGGC

TCGCGCCGCGCCGGCCAGGGCAAGAACACCTTGAGCGAGTGCCACGAACAAGGCAGCGATGAGGGCGAGGTGGCCGATTT
CTGGAATCATGGGTCAAGGCTTCTTGAAGCCGGCTTCTTCTGGACTTCGTCCAGCGCATGCTGGGCCCTCGGGCGGCATG
TAGTTCTCGTCTGTGCTTGGCCAGCACCTCCTCGGGCGGAAAGAGGCCGGCCACTGTCCAGCCGTCCTTGAACAACCACCCC
TTTTCTTCACTGAACAGGTGAGGCAAGATGCCCCGAATACGTGACCCGGGATTTGCTTTGACCGTATCGGTGATGACGAACT
GCACGGCAAGCTCACACGCTGGCGCTTACAGCTACCTCGTTCCACCATGCCGCCGACTCGAAAAGTGCCTCCAGTGGT
GCCTCCCCGGCACTGACCTGCGAGGGCGTGAAGAAGAACAAGGTTGCTCTGAAAAGGCATTTAGCACCAGCGCGGTGGC
GATGCCGAGGGCGGATAGCCCGGCGACGATGAGTGCATGCGTCTATTTCTGGCTTACGCGCGCCTCCTTGCCAGC
AATTCGACTGGATGCGCCATAGCGCTGCTCGGCGCCGGCGCCGGAGCATTCGGCATTCAGTCCAGAGCAACACCACCGT
CGTCAGGGCCGATCCCCAACGTACACGCCATATCCGCCATCGCCACGAACTCACCCACATGGCCAGTTTCATCGCTT
CACCTCCTCGATGTCTGCGAGCCGCGGCGTGTGTTCCGCTTCCAGGATGATGACGCGACACGCGCCAGCCGCGCC
CAGCCGTGTAAGCCAGGCCGCAAGAACCATGATCAGCATGCCCAACAACATGACCGTCCCATGGAGGGCGAACGAGTC
AGCGATACCGAGGCGCCCTGGTGAAGGTGTTCCACCCTGCACGGAGAAATAGATCACAGGGATGTTACCACGCGCCGAC
CAGTGCCAGCACGGCGCCTGCCCGGTGGCACGGCGACGATCTTCGATCGCCGACTGGAGTGCATGAAAACCGATGTACA
GAAACAGCAGGACTAGTTTCAAGAGTCAAGCGCATCCAGACCCACAGGTTCCCCACATCGGCTTTCCCCACAAGGCG
CCGGTCCACAGAGAAAGGAAGGTGAACAGTGCACCCGTGGGGCCAGCGCCGAGGCCATCATTGCCGACAGGCGGCTGTT
GAACACCAGGCCAATGCCGGCCAGAACGCCATCGCCAGATAGATGACCATGGACATCCATGAAACCGGCACGTGCAGGA
AGATGATGCGATAACCCCTCTCCCTGCTGGGCGTGGTGGGTGCCAAGAAGAACCACATAGACGCCCGCGAGCGACAGC
GCCGCGGCGGTACGCGGAGCAAGGGACGAGCTTCCCCGCGAGTGGGTAGAACGCCTTGGGAGATGAAAACCTGAACCA
GTTGACCATACGCTTCCGCTCCTCAGTACTCCAGTGCATGCGCAGCGATGCACTCGCTGCGAATGGCGTGAAGAACGCCG
CCAAGACGAACACGGCGGCGAGCAAGAGAGGTTGGCCGACGCTCCCTGACCGATGATCGACGCATCGACCGCGCCGGCA
CCGAAGATCAGCACCGGGATGTAGAGCGGCAGCACACCAGCACAGCAACGAGGACACCCCCCTGCGCGTACGCCCAGCGTCAG
CCCCGCGCCGACGGCGCCGATGAGGCTGAGCACCGGCGTACCGATAACGAGCGATGCGGTCAAAAATCCAGAGGGACAAGG
CAGGCAGGTGCAACTGCAATGCCAGCGCGGGCGCAAGCAAGGCCAAGGGCAAACCGGACAACAGCCAATGCGCCGCGATC
TTGCCGACGACCAACATGGCCAACGGCGCTGGCGACAGCATCATCTGCTCCAGCGTGCATCGGCGTATCCTGCTCGAA
CAGGCGATTGAGCGAAAGCATGCTGGCCAGCAACGCCGATACCCACAGGACGCCCCGAGCGATCCGTGCGAGCATTTTCG
GCTCGGGCCGATACCCAATGGAACAGACTGACGCCACAGCAAAAGAAAGCAAGAGGTTACAGCGCTTGCACCTTCGG
AGCAAGGCGAGCTTCAAGTCCCGCGCATCACGACAAATACCGGATTTGCAACGAGGGCCGCTCATGCCCCATCCCG
ACGGTCTGAGAAGTTTTCAAGGCCAGCTCCTGGTGACTCGTCAGAACGACCATGCCGCCGCTGAGCTGGTGGCCGATGGAT
CAGTTACCAAGCCATCGCGCACCGAATTGGTCCAGCGCTGTGGAGGGCTCATCGAGAATCCACAACCTTCTCCTGTAGA
GGAGCAATCGAGCCAGGCTTGCACGACGCTTTTGGCCTTGTGACAACATCCGGAACGGCAAGTGCTGTGCTCGGCCAAG
CCAACCTCGTCCAACGCTGATTCCACGCATTCGTTGGTGAACCGCTCACAGCGATGGCGGCCGCGCAAGCAGGTTGTC
CAAGGCATTAGGTCTTCTTTGAGTCCAATGCCATGGCCGTTGTAACCAGTTTCGCTTGGTATTTACTCCACTGGTTGC
GCAGCGGCTTTCTTTCCACAAGACTCTGCCAGCAGCAGGCGTAGCGAACCTGCAAGCGTTTCGCAATAGCGTGGTCTTC
CCGCTGCCGTTCTCGCCGTGCACCCGACAGGCACTCGCCCGGCACGATCCGAAAGTCAAATGGTCAAACAGGCGGCGCTC
CCCGCAACGCCCCGAGATCGAGAGCTTCAAGCATGGGCCGGGTATAGTTTCATGCACATGGGCATCCCTGGAAGGTGC
GCCCTCAAGGGGCAATCTTCAAATCATGTCTTCTCCCGATTAACCTGAGAATTAGCGGGAACCTTGCCTTACCTTGCTG
TCATTTCTGGCCTAACATGAGCGTGTCAAACAAGCAAATTCAGGTTGGTAGGCGCCATGCGAATACTGTTGGTGGAAAGAC
GACAAACTGATCGGACGGGGGATCGTGGCCGGTCTGCACAAGCACGGCATCGCGGTGCATCACGTCGGCACCCGAGAGA
AGCCGAAGCCACGCATGCGGAAGACACCTTCCATGCCCTGGTGTGATCTCGGGCTGCCTGACCGGGACGGCATGGAGT
TGCTGGCCAGCATGCGGGCCGTGCAACCTCAATTGCCCGTCTGATCCTCACGGCGGGGACGCCATCGAACACAGGCTC
AAAGGGCTGCATGAAGGTGCCGACGACTACATGATCAAACCGTTTCGACCTGCGTGAACCTGCAGCCCGGTTGCATGCGCT
GGTCAGACGCACGAAGGCCGTGCGGCCAGGTCATCTCGGCCGTCGCTTCCCTGCGGCTGGAGCCGGAGAGCGGGCTGGCCT
GGTCCAGGGCGAGCCGCTCTCCTTGTGCGCCGCGAGGTCGATCTGCTGGCCATCTCGCAACGCCGATGGCCGGTGG
GTCCCGCCGACATGCTCAACGAGCGCTTGTACGGCCTCGGGGAAGAGATCGGCAGCAACGCGTGAATGTGCATATCCA
CAACATCCGCCGAAGCTCGGCGCCGAAGCCATCGAGACGGTCCGTTGGGCTCGGCTATCGGCTGGGCTGGAGGCTTGCAT
CATGAGCCTGCGGCTGCGCGCCGTTCTGATCGCCGGCATTTTCGCTGTTGGTTCTGTGGGGCGCTGCCGCCGGCTGGATGA
TGCGCGGCGTTTCAATCCAATCTCGACCGGACCCCTCGACGGTCTGCTTTGCCATGTGCGCACGCATGGTGTGCGGGCTTCTT
GAACGCGCCGCGCTGGCTCCGAATGCAGCGTCCAACGACTTCACCGAGGCGGTGCGCGTCAGCGGCAAGGAGGGCATCGC
ATGCGAAATCCGGTCTTTGAGGGAGAGATCCTGGCACGAACGACACCAGGACCTCACTCGGAGTTCGAGTCACTGCCGG
CCGGCTTACGACGCGGGACGTTTTGGGACATCAGTGGAGGGTCTACGTTCTTCGTGCCAATGGCTACCAGATCACGACG
GCGGATCGCGTGGATCAGCGGGATATGCTGATCAACGAATTGCTAAGCGTGGCTGGCGTGCCCTTCTTGATTGCCCTTCT
GGGCGGCTGGCTGCCCTTTGGATCGGCATCGGACGGGGGCTCGCCCCCTGGAGGCTCTGTGCGACGAATTGCGCGACA
AACACGCGGACGACACGTCCCCGATCGCCGTCAACCATTACCCCTCGGAACCTGCGCCCGGTTCTGGACGCAATGAATGGG
CTTCTCAAGCGCCTGGCACGGACACTCGCCAGCCAACGGGCATTCACCGACGCCGCGGCGCACGAGCTGCGCACGCCGTT
GACCGTGCATGCATACGCACCTGCAGGTGGCCCCGATCAGTGAAGGCGACGAGGTGGCGTCCCTCTCTTTCCAGTGCAGAGG
AAGGCGTGAAGCGGCTGAGGCGCACCTTGGACCAGATGATGATACTGGCCCGCGCCGAGACGCTTGCCGACAAGGCGGAT
GGTTGCACTTCGGTGGTGCCTTCCGTCGGCGGCGTGTGGAACAGTGGAAAGGCCGAGAAAAAGAGCGCTTGTGCTTGA
CGTCAGCGGCGAGGACATCGGAACCCCGGTGCCAAGTCGATGCTGGAAACGGCGGTTTCGCAATCTGGTTGACAACGCGA
TGCGCTATTCGCCGCGAGATACGGCCATCGAGGTGGGCGTGTTCCTGGATCCGAATGCACAGCAGTGTGTGATTAGCGTG
TCGGACCGTGGCCCCGGCTGACTGCCGAGCAGGATGCCAAATTGGCCAACGTTTCTGGCGCGGTGATCAGGGCCGAAA
GAGCAAGGACGGGGCGGCTGGGCAATTCGATCGTTCCGCGCAATTCGAGAGAGATTTGGTGGGGCCCTGAATCTCGAAC
CCCGGAAGGCGGAGGCTGGTTGCGAAATTTCTCGTCCCAACCGACCCCAAAAAAGGTTCAAGCTAGGCTGCA
GGGCGTGGCTTGGATTCAAACCGTAGGTTCCGACCCCTGCCAGGGATAGCGCGGTACAGCCAATGGACGCGAGGCGTGT

GATGTGGTTTCGCCTTCGTTTCGATCCAGCGCCTGACTTCGGAGTAGGCATCCGCCAGGGATCAGGCGCATGGCGGTGCTCG
TGCGGCTGCCGCTCTTTCGACTACCGTGGGGTCGGGCGCCGTACGAGAGCAGCCAATACTATCCCTACCAGCAACAGGAC
CGGCTGGTTCGCCATAGCGAACATACGGCGTCAGGCCGCTCATGCCTTGTACGGTCGCGGACAACACGCCCGGCGGATGTG
GCGGCAGAGCGGCAACGACCCGTCCTTTTCGGATCGATCGAGGCCGTGATGCCTGTATTTCGTGGAGGTCACCATAGGCCGA
GCGGTCTCGATGCTGCGCAACCGCCCGATCTGCAGATGCTGGCGAAGCGCCAGGTCTGGCCGAACCAAGCGAGGTTGCT
CAAGTTCACGAGCACGCTCGCGCCGGTCTGCGCCTGGGGTCGGCAGGAGCGACGGGAGCAGCTCGGAACCGAAAACAT
CCTCGTAGCAAATGTTGAACGCCAAATGCTGATCATTACCGAGAATGGTCTCTGGACCGGGGCTCCACGATCGAAGTCA
CCCAGCGCATTTCAGCATCCGCGTGAACCACTCGAACCCAGCCGGTACATATTCGCCCCAGGGCACGAGGTGGTGTCT
GTCGTAGCGTAGCCGGCACGGAGGCGTCGACAAGCTGCTGCAACGGCGTGCCGGAGTCGAAGCCGATGGCGCTGTTGGTGT
AGCGCGAACTGCCGTGCGCCGCCATGCTGTGCAAAGGGACGCCCATCGCGATCGTGTGCGTGGTTCGCGCTACGTCG
AGCCAGGTTTTTCAAATCATCGGGTCGAGCTGGTCTTGAATACGGGCACGACGGTCTCTGGCAAGACGATCAGGTCCGG
ATGCGGCTCTCCGGGGCCGGTGGCTGTGCGGCCAGCCGCAAGTGAAGTGGCGATGCCGTCTTCAAGCAGGGTCGGGTGCGA
ACTTCTGCGATTGATCGATGTTTCCCTGCACTAGCCTCAGATGCAGCGGCTCGCCTTCGGCCGTCGACCAATCGAGGCCGA
GTAAGTGTCCATCCCGTGGCGATCAGGATCAGCACCGTCGCCAGCAAAGACACGTTTCGAGCGCATGGAAGCCGCGGCCGG
ACGCGACAGGAACGCCACGGTCCCCGAGGCGCACGCCGCGAGCAGCGCGACGCCATGCACGCCAGCAACGGCGCCGAGC
CGACCAAGGGGCTGTCCACATGGGCGTAGCCAATGTTTCAGCCACGAAAGCCCGAGAACAGCACGCCGCGCAGCCATTCC
GAGGCGGCCAGACAGCTGACCAGACCAGCACTTGTGACAGCGCTGCTCCCCGCGAGTGCAGACTGCAGCCACTTGTCT
GATCGCGCAGGCAAGAGCGGGAAACAGCGCGAGAAAGGCAGACAGCGCCACGACGCTCGCACCGGCCAGTGGCGCGGACA
AACCACCGTAGTCATGGATGCTGATGAACAGCCAGTACAAGCCGACCGCAAAATGACGAAGCCGAACGCCCATCCGCGA
AGGAATGCCTGCCGGCCGCGCTCGGCGGCAAAGCTGGCGCGTGCCAGCACCGCCAGCGCGAGGATTTGAACGATGGGCAG
CGACCACTGGGGCAACGGATCCGGGGCGAACGTCAACGCATGTGCGCTACCGGCAAAACGCCAAGGTTCGCGGCATTTTCGCC
ACCGCGCAAGCCTGCTCACAGCCTGAGCATTCCAGTGTCTTTTCAGGACGCAGCCGGCTTGGCCTGCATCGACTTGTCA
CAGACGACGCGGCCCTGCAGCAGCCTGCAGGTGTTTCAGGAGCACCGACGCGCTGCTGGCCAGCATGGCGAGCGCGGGCGC
AAAGGGCGTCACGCCTGCTTCGAACAGCACGACAATCACGGCGAGGTTGTACACGACGGAAAATGCGAGATTTTCGCCGA
CGATGCGATCAAACCTGCGAGCCAACTCACGGTCTCGACGACAGCGCCACGCTGCCGTGCGCGATCACCACCCCGGCT
CGGAAACAGCCAGCACTCGATCCTGGGATGGCGATTCCGAGGTCCTCCGAGGTCGCTGGCCAGGACCACTCGTTGGCGCC
GTCGCCCACGAATGCGACAGGCGCTGGGCTCTTTGCCACGATGTGCGCTTTTTCTTCCGGAGAGCAATCGCGCTCGACCC
GGTCGAAGTCTATGCCAGGTTCAGCCGTTCAGGCGTTTCGGACGCTGCGCTGGAATCCCCGGTCAGCAACCAGAGTTTTCAAT
CCCTGCGCACGTAACCGCTGCAGTGACGAACGGGCGTGTGCGGAGGGGCATCCTGCAGACGCAAGGAGCCGAGCCAATC
CCGGCCATTGGCTACGTGTACCAGCCCTGGCAGGCCATCTTCCGGCGGCATGCCCTCGACTCCCAGCGGCGAGCAGCCAAT
GCCTTTACCCACCCACACGGTCTCGCCGCGGGGACATGCATCGTTCACGCTTTTCGCGCACGCCGTCACCTGGCATCCG
TCGGGCTCGCACGCGCTGCTCATTCCAGACTGCCGGCCGCGAGGACCACCGCTGTGCAATGGGGTGCAGCAGCCGGC
CTCGGCCCTTGGCGAAGGTTCGATGAGGTCTGTTTCGGCCCCCGTGCCGCTGCTGGATGCTGACGATACGCATCTGAC
CGCACGTCAATGTGCCGGTCTTGTGCAACGCCATGATCCTTGCCCTGGCGAGCGCTTCGACGCTCGCGGAGTCTCTCAGG
AGGACGCCGCGCCGCGCGGCCCTCGCGGCAGGTAAGGCGTAGGCCAGCGGCATCGCCAGACCAGCCGCGCAAGGGCAGGC
TGCGACCAGAAGGCTCAGCGCACCGAGCAACGCCTGGTCTGCGCTTTCAGCCGTTCCACAGGTAATGGACGAAGGCGAGCA
GAGATGCCGTACCACGACCGGGAGCAGTATCCGGACGAAGCGCTCGGCCGTCTCGGACAACGACGAACGAGCGCCAAAC
AGCTCAAGCATGCGCAGGCCGAGCACGTCCAATCGTTCGGTCCCCCGCACCGGCGGTTCAGTGGACCGTTCAGAGGTCGCGG
CAGGTTACGGACCCGGCGAAGACCCGTTTCGCCAGGCTGAACGCTGCGAGGCGCGGACTCGCCTTTCAGCAGCGAGAGAT
CGACGGCCGACTGTCCCGCTACGACGATGCCATCGACCGCGATGCGCTCGTTGGCGGTATCAAAAAGGATACACCGGGC
GCGAGCTCTGCCAGCAGGACGGTGTCTTCGGCCTTTTCGCCGCGGCGAGAAGTCAGCTTCGTTCGCGGTTTTCGGCGCAAG
GCTGCGCAATGCTTGTACGGCAAGTCCGCTCTCCTGCCGGCATGGATTTTCGATCAATCTTCCGATCAGCAGAAAAGTGA
TCAACATGTTGGCGGCTCGGTGTAATCGCCACGGACCCCATGGCAGGACCCGACACAAAGAGGGAGCCAAAG
ACAGCAACAGAGGCAAGACGTCATCCTGCGATCCCGCGCGCAGCGAACCGGGCGCGGCTGAGAAATCCCACGC
CGAATATCCGACGACGGGAAGGCTTGTACGACGCTGGCCAGGCGATGACGAGCGCCCGGCTCGTTCGGCGTTTCAGGT
AAAGCACCCATGAGCCAGCATGCTCCACATCCCGAAGACGACCGCGACGGTCAACTGCAAGCGGATCTTCTGGCCTGC
CGCTGCAGGGCCGCTTTCAGCTCGTTCGCTGCTTTTCAACGGGGACAGTGCGTAGCCAGACCCCTCGGCCTTTCGCGAGCAG
CAAGGGGAAGTCGATCGACTCCGGGACCCAGGTACCAGCGCCGAACCGGAGGTGAAATTCACCGTTCGCCGAGACCACGC
CGGGCACACGCTGCAGGACGCGCTGCAAGGCCATCGCACAGCTCACGCACAAAGCCCGTCTACGAAAAACACCATCCGG
CCCGCCACACGGCCTGCTCATAGTCGAAATCCCCACCGAACTACGGTCCGCTCTTGGCATCCGTTCCAACCCCAAGCA
GTTTTCCGCCACGACCTTCCCGTAGTAGCTTTGCTCACCTTCGTGGTATTTCTCCAGCGCTCAGCCACGGTTCCGGTC
TGGCGTGTGCTCTTGGGGCGTTTCGTGGCTGTTGATGAATGCCGCCAGTCCCAGGCTCCTGTTCTGTCAGACTGTATGG
CTTTCCAAGCGGCATGTTTCGCCAGATAAAGCCCGCTGCAGTATCGATGCGGGCCATGCCGGCGCCCCAGTTGTACGACT
CGGGTCCCCAAAGCGGGGAAATCTCATCTTCCGTTTTCTCCCGGTGCCCTGTCCATCAGGACCATGGCACAGTGGC
CAATTTTGTGATAGACCGCCAGACCTCGGCCACGTCGTAGTTCGCTTTTGGTTTTCGGCACCTTGGGATAGAGCGCTCC
GCGCGGCTTGTGTCGGCGGGCAGCCCATCGGCCATCCAGGCCATATAGGTTCATGAGATCGCGGTACACATCGCTGCCAG
CGGGCGGGGTTTTCCCGGAGGACGACGCCTGGGCGTTCATCGAATAGGTGAAACAGCCCATGATCCGGTCTTCGAGCGTG
CTGATGGTCCCGGCTTGTGTCGAAAAGCGGGGTAGGACGCATAGGCCGCCACATCGGTGCGGCATTTCTCTCGCCGTCC
CGAGTCGAGGTGGCAGTTTCGCGCAGGCCAGCGAATTGCCACGTTGGTCTTTGACCATGGCGCCAGTGTCCGTTGAAGATTT
TCATTTCTCCACCGGATGGCATCGCCATAGGGTCTTTTCGGAATGTATCCTCCGAGGCGGGAGGTAGTAGCCGTCCGCA
CCGACGGGCATACCGGGGAGACGCCTTGGCGCTTTTTCGTCGTAGGCTTGCAGCAGCTTCCATATCTGCTCTCGAATA
GGGCGCGGCCAAGGAATCGTGACCGTTTTGCGCTGATCGCGTACAGATAACCCATCAGCCCGCTCTCGTAGACGC
CGTAACCTGCCGAAAACAGCAGGAGACCCAGCGCCGACGATAACCGGCACCGCGGAGTGTCCCCGTGTGCGCAGAGCGG

CGATCACCGTTGTTTCGTCATGATTGCCTCCTTTGCTGCCCGGACGCAAAGATCCGAAATACTGAGCCACATCGCGCATGT
CTTGGTCCGACATGCGCGACGCGATGTCATCCATCAAGGATTGCGGGCAATTGTGGCGATGGCCGCTTTCCATGAGACC
AACTGGTGAAGATGTACTCGGGCTGCTGACCCGCCAGCGCAGGGAAATGGCCGCCGACACCCCTCACCCCTGCTGGCCATG
ACAGGTACGCACGCCGGGATATCCTTTTTCCAGTCGCCCGTTTCGGCTCAGTGCCTCTCCACGCGCCGCTCTCCGCCCA
GATCGACGGGCGGCCGGCAACGTGCGGCAGCGCAGCGTAATAGGCCGAGACTTGGCCGATCTCCTCGGGCCTCATTTGCA
CTGGCCACGTACCGCATGGACTCGTTGGGGCGGCTTCCGGTAGCGAAGTCGTGGAGTTGCTTCGCGATGTAGGCTTCGGA
CAGGCCGGCCAGCGCGGGCGTCAGCCCCGCGCCAGCACCCTGGTCCCGTGACATGACGCGCAGGCCCAGACGATGTCGT
TGCCCTGAAAGACGAGCACCGGCGGTCATCGGGAATGCGGGCGCCTGCTGCTTCGGCGCAACGGTCCCGCCAATCGCC
GCCCGCATTCGGCGCCAGGTTCGGCGATGTAGCTCAAAGCGCCCCAGACATCGCCAGGCCAGGAAGATGGCCAGCAGAAA
CAAGGGAATGGGACGCGATTGCTCCCAGGGGTGCAATGTGCGGTTACGTTGAAACAGCAGCCCCCTTGCCCGCTCAGCT
CGGATTTTCATCTCGCCCCCTCATTGACGCGGGCCCTTCTGAGTTTTTCGGATCGTAGCCACGATCACGCAATGTCGCCTCTT
TGGCGCTGACGGGGTAGGAACGGTCCAGGCTCAACAGGTACGCGACCAGGTTCGAGCGCCTCCTGTGCGGGCCACCACCT
TTCCCGTCCGCGGGACGGTACTCCTGCGGCAACTTGACCACGACCTCGCCGGGCGGGCTTCTCCTTGACCTCGAAGAG
GAAGGGGTACGAAGGCATGATGCTCCAGTCGAAGATGGCCCTGGGCTGGTACAGGTGGGTCAATTGCCAGTCCCAGGCTCG
GCAGGCGCACCCCGACATTCAGCAAATCGGGGCGGTTGCGCATCGTCCGAGCAGTTGGGGAGCGTCGTAGGCGTAGTCCG
CCCGGCGTGGACGGCTTCCCCAGCCCCGGGCTGATCCGCCAGCGTTCGGCCACTCGAACGAGGCTGCTGGCTGTGACA
GTAGACACAGCCATTGGCCACGTACTGCGCACGGCCTCTTAGCTGTTTCGATCGTGTAGTTCTGCAACTGCGCAGGTGCCT
GGACCGTACGGACCTGCAGGCCGGGGAGCACCACGAGCATGACGGTTCGCGAACCAAGATTCGACAGCGCCGACGAA
AATGGAATCAGCCGGTTCATGCGTCACCTCGCCGTTTTTCGACCAGAGTAGGGCCATCGCATGGAAGGCAAAGACGAAGTGT
CCCAGCGTCATCATGCCGCCGCCACCGATCGACCTTCGAGATACGGCACGATGTTGCGGGTGATGTCAGCGAAACTGGT
CTGTGGATCGAGCAGCGACATGCCTTGCAGGAAACCGCCGATGGTCAATGACAGGAAATAGATCAGAAAACCCAGGACCG
TCAGCCAATAGTGGATGGCGATGAGTCGCGGACAGGGCCAGTTCTTGGCCGTCAGGTAGGGCAAAGATAGTAGAAGGCG
CCGAACAGCACGATGGAGACGAATGCGTAAGCTCCCAGGTGCGCATGCCCCACCGTGTAGTGCCTGAAGTGGGTGATCGA
GTTGATGGCCCGTACAGCCTCCAGCGATCCCTGGAAGGATGCGGCCGTTGACATCAATGCGCCCGTGGACACGAAGCGCA
GCGCCATGGACTCCTTGAACGCCCAGAAATTCTGCGGACCCGTCACGTGCTGATTGATCGCCACCGCGATGACAGGAATG
AACATCATACGCTGTGACAGTCGACAGCGTGACACCCAGCCGCGGACAGCCAGCCGATCAGGTGATGAATACCCAC
TTGGCTGTAGAACAAGGCAGGGCCAGAGCCAGCAGCAGCAAACGCTATACGAATAGATCGGCTTGCCGATGATCTTGG
GAATCAGGTAATAGGCAGCACCCAGCCCCAGCGGTGTCAGCCAGAGGCCAAGCAGTTATGCGCGAACCACCCAGCTTGGT
GTGGCTTGCACGCCTGAATGCAGGCCCGGGATATTTCGCGATGAAGAACAGAATGGGGAACCATGCCAGTCCCAGCGAG
GTAGTACCAGCCGCTGACGTAGATGTGGTGAACGTTGCGTTTTTCGGGTGTCGCGATGGCGGACCATGCGATGAAGAAGC
CGCCGAGGGCCAGGACGATGTGATCTGCCATGGGATTTTCAGCCACTCCAGGCCGTCGCTCCATCCATTGGCAATGGCA
ATGGCACCGGCCGCCACGCCGAGGGCCCCACAGCACCAGCCGCCCCACCATCGCCATTGCGGGCCTTCGAGGGCGTATGAAA
CATGCGAGGGATGATCCAGAGCGCGACCGCTATGCCCCCTGTGGACAGCCAGCCGTACGCGACCAGATTTCAGATGGACGG
TGCAGCGCGCCCCGAAGGTGGTGAACGCCTGACTCGCCAGCCAGTTCGGGCCAGTGCACCTTCAGCGAGGCGATCATCCC
AACAGCGAGCCAACGATCAGGAACAGGAAGGAAGCGATGGACAGGACCAGTACGACGTTCCGACCCGGGGCGTCGACGCC
GGCACGCAAGGCGTGAATCGATGCTCGGCCGCCCTTTCATCGAATGAAGATGGATCATCCGGGGAGCCGGCTTCGCCCT
CCAGAAATATGGTGAAGCCTCCTTCTTTCCCGCATGGATCTGGCGCGTACGATGGACCAGATCAACCGCGCCAGAGCC
GCCAGCGAGACGATAAAGCTCAGAGCAAGGAGAAACCTTAGGCTTTTCATTCATGGGCGCTCCAGAAATGGCGCGCAACCA
TCCGAATTGGTTCCGATGCCAACCACTGGTGTGGCGATAGTGTTCATCAGGGCTTGCCCTCAGCATTGTTTTTATGAAT
GTCGCATGTGAATCACGGGAATGATGGTTCAGCCTCGATTAAAGCGAAAGTTAAGAGTGTTTTTTCGAGGTGCCCCGCGCTCT
TTGACCGTGGACTGTCTGGATGGCGAGATCCAAATACAGTCGGCCCCGATATTGCAATCGTCTGACGCGAAGGTCTCGG
CCGCCTCGCGGAGACACCCGGCGCTGCGCCTGGGGTCAGCATCGGCAGGGGGCGGGACGATCGCTTGTTCGCCTAGTGCC
AGGAAATCACAGTGGACGACGATCCGTTATAACCAACCCGATCCCGAAGGACAGTCTCCCTGGCAGGGATAGCCGCT
GTTGAGGCTCGGAGGGCCGAATGCGCTCCTTTCGCCCCGACTATGAGCGTTCGTTTCCATGTTCCCGCGATGACG
CATGCGGGCGCTCACCCGTCGAGAGGACAGGATGCGCGAGCCATTTCGCGGCCCTTGAGCATGCCGTTCCCAATAGACCGG
CGGCAGGATGCGTTCTTCAGCAGCCACGCCAGCGATGACGGCCGCTTGGCGTCGATGAACCATTTTCGAAACGAAGGCG
CCAGCTTGCCGCCGTAGGCAAATTCGCCAGCACGATCTTGGCCGCTCGACAGTGAGCGGGCAGGAGCCATAGCCGTCA
TAGCTGGCCAGGCGCGTGGACCCGCTCCGGGCGGCGAGCAGGTTGTGCGCGACCACCGGCGCTTGTGCGTGGCGCCG
AGCAGTCTTGGCATTGGTGGTGTGGTGCAGTCGCCGAGTGCAGAACGTTGGCGTACTTCTTGTGGCGCAGGCTCGACG
GGTCCACGTCCACCCAGCCCGCAGCGTCCGCCAGCGGGCTCACTCGGATGAAGTCCGGCGCTTCTGTGGCGGCACGGCG
TGCAGCAGGTCAAATGGACGGGTGACGCGCTCCTTGGTGCCGTCGGCGTTCGTGCGGATGAAGGTGGCTTCATGCGCTGC
GCCATCGACGGCCACGAGCTGGTTGCTGAATTGCAGATCGATGCCATAAGCCTTCACGTAATCCATGAGCGCGGGCACGT
AGTCCGGCACGCCGAAGAGCACGCCTCCCGCGTTGCAGAACTCGATGTGGATGTTCTTGTAGCAGCCCTGCCGCTTCCAG
TGATCGGCCGAGAGGTACATCGCCTTCTGCGGCGCACCCGCGCATTTGATGGGCATGGGCGGCTGCGTGAACAGGGCCTG
GCCGCTCTTGAGGTTCTGCACCAAGTTCCCAGGTGTAGGGCGCGAGGTCGTAGCGGTAGTTGGAGGTGACGCCGTTGCGGC
CCAGTGTTCAGGTAGGCCCTCGATGCCGTTCCAGTCGAGTTTCAGGCCCGGGCAGACCACGAGCTGCTGGTACTTGACG
ACGCGGCAGCCATCGAGCACGAGGGCGTCGCGCTCGGGCTCGAACCGGGCGACGGCCATCTTGATCCACTTGACGCCGCG
CGGAAGCACGCTCGCCATCGTGCAGCGCGTGTGCGCAGGCGGAAAGATGCCCGCGCCCACCATCGTCCACCCCGGCTGGT
AGTAGTGCACATCCGCCGGGTGATGACGGCGATGTCCGCGTCCGGCTTGCAGCGGACGAGGCTGGACGCCACCGCGATG
CCCAGCGCGCCCGCCGACGATCACGATGTGATGCGTCCGCGTCCACGACTTCGGTGGGTGTGCGCCCGGCTTGGCGAT
GCGCCGGGCGCCACGCGGAGGTCGTAGCCGCGCAGGTCGCGCGGCTTCGAGGATGGAGGCCAAGGCTGACGCTGCGCCT
GGCTCAGCGCCCACAGCGTGGCCGAGCGGTGCCGGTCCGCGCAGTAGGCGAACACCGGGCCAGGCTTGCCTCATCAGC
GTCCCGAAGGCCTGGGCTGCTGGTCCGTTACTTTGCCGACTCGACGGGCAGGTAGGTTCGCCGCCATACCCAGTGACTG

GGCGCCTGCTCGATTTTCGCTGAAGCCGGGCTGATCGCCCCGCTTCTCCATCGGGCCGATTGCAGATCACCGAGCGGTAGC
CAGCCTCGGCATGGCCTGCAGGTCGGTGGCAGCGATCTGGCCGCTGACGGCCAGTCCCTGGTCCAAGGCTTTGATGTCC
ATGAGGGTCTCCTGCCCGAAATTGTCTTTTCAGCCGGTGGTGGCCGCTCTCAGAGGGCATCGATGGGAATCTTGAGGTA
GTGGACGCCGTTGGATTTCGGCAGGCGGCAACTCGCCGGCCCGCATGTTACCTGCACGGAGGGCAGCAGAAGCACGGGCA
TCGCCAGCGTGGCGTTCGCGCTGCTCGCGCTGGCCGGAAGTCATCCTCGCTGATGCCGTACGCACATGGATGTTGTGC
GCACGCTCCTCGGCCACGGTGGTCTTCCATTGAAGCTCGCGCCCCCGGGGCGGTAGTCGTGGCACATGTAGAGCACGGT
CTCCGGCGGCAGCGACAGCACGCGGCCGATCGAGCGGAACAGTGTGCGCGCTGCCACCCGGAAAGTCGCAACGCGCCG
TGCCATAGTCGGGCATGAACAGCGTGTGCCCCACGAAGGCTGCGGCAGGCGCTTCAGGTGTGGCGTGTGCTTGACCAGA
TAGGTCATGCAAGCGGGCGTATGGCCGGGGTATGCATGGCCCCGACCTGCAGCGTGCAGCATGAAGTCTCGCCGTA
GTCGAACAGACGATCAAACCTGCGGCCGTCACGCGCGAAGGCGGCTCGCGCTTGAAGAGCTGGCCGAACACCTGCTGTA
CGGTACGGATGTTTCGCCCCAATGCGGTTTCGGCCGCCAGGCACGAATGGAGATACGGCGCGGCGCTCAGGTGATCTGCG
TGCACATGCGTCTCCAGAATCCACTGGACGCTCGCCCCAGTTCCCGCACGCGCTCGGCCATGCGGTCCGCGCCGGCGCG
CGAGGTGCGGCCGATTAGGATCGTAGCCGAGCACGCTGTGATGATGGCGCACTGACCCTTTTCGTGTCCAGCACGA
TGTAGCTGAAGGTGCTGGTGTCTCGTCAAAGAAGGGTTCGATCTTCACGGTGTCTTTGCCTCGCTGAATGTATGACCCG
TCTGTTGTGCCCCAAGCTCCCTTGATCGGATGTTTGTGGGTGCTTCTCACATGCCAGATGGTGTCCGGGTGCAATTAAC
CAAATTAACAACTTGCCGTGCGATGTTCTTGCCGACCGCGGCCGAGTGAAGAAATCGCTTCCCCACCCGTAGACTCAG
CCGGCCAGCGCGCGGGGTTCCAGGGCATGCGCATCAGCACGCGCGAGCCACAGAACCCGAGACACCGGCGAAGAC
CAGCCCCGCGCCACGAAGCCCCGAAAGCACATGGAACCATGGCGAAATCGTGGCGCCAGCACGGCACCCAGCACGATCA
AGGACCCCGCAACAATCTGCACCTGCCGTTGCAGCTCCAGGGGTTGAGAGGCGTCCGCCACGACGGGCAGGCCGGCCCTC
TTCCAGGCGTCCAGCCCGCTTCAAGCACGTAGGCCTCGCAGGCCGTGCATGCCCCAGCGTCCGGGCGTTCACCCGCGT
CCGGTTGCCCGAGCGGCAGTGAAGATGATTGCCGAAGCGCCGTCGAGCGGCAGGCCGCCGCTTCGCAAGCGGTCCATCG
GCACATGGCGTGCCTGCGCGATGCGCTCACGGGCATGTTGTCGTCGCCGACGGATGTCCACCAGAACGGCACCCCTGGTTC
ATGAGTTCGCTGGCAGCTTGGGGCGAGATGGATTTACAGGGACATGGCAATGGCTCCGAGGGTGGATCAGGGACAGAAGA
TGGCCTTGAGCGTGGCGATGAGCTTGGCCACGTGGGGTGTGATACGGTAGTGCAGGGTCTGCGACTCTCGCCGATAG
GTCACCAGGCTTCTCCTCGCGCATCTTGGCCAGGTGCTGGGACAAGGCGGACTGGCTCAGCGCCACGTTTTCGTGCAGGGC
ACCGCATGTCATCTCGCATGCTCAGCAGGACAGAGAACCGCAGCGCATGCTCATTGCCAGCCGTCCGCGCATGG
CCGACGCTTGGCCGCGCCGCTCTGTAGAAACGACTGGTCTTTCTTGTCAACCATCATGGCAGCTTGTATTTAACATGTA
TCTAATTTAGCATAAGCTAATAAAATATCAAGGCACTTCTCGAAGGCAGGAAGTGCGGCAGGCTTCTTGCCGGTGTTC
TCATGCTGCGGCGTGGGTTGCGCTGACACCTCATTCTGATTCGTTTCATGACGCCACCTGCTTTCGCTGCCACCGCCCGCT
GCGACAGATGCCCCGCCAATGTGGGCTGCTGATGGCCGCCAATCGCTGGGCGGCGCCGCGCCACCCATCATCATTTTC
GCTGGGCGGCATCGTGGGTGAGATGCTGGCCAGCAACCCTTCGCTGGCCACACTGCCGGTTCAGCCTCTACAACCTGGGGC
TGGCGCTGTGACCATCCCTGCGGCCCTGCTGATGCGTCTGTTGGGCGGCGCGGCTATGCGTTGGGGGCGCTGCTG
GGTTCGGTGTCCGGGCTCATCGCCGATTTGGGCGTCTGTGGGCGAGTTTCGAGACCTTCTGCGTGGGCACGGCGATGGC
TGGCTTCTACGGCGCGTGCCTGACAGACTACCGCTTTCGCGCCAGCGATGCGGTGCCGCCCGCGACGCGCCACCGTCA
TCTCGCGCATCATGATCGGCGGCTGATCGCCGCGGTCATCGCCCCGAGGTCGTATCTGGACGCGGACGCTTGGCC
ATGGCGCCGTTTCGCTGGCAGCTTCTCGGGCAGGCGGGCTGGCGCTGCTGGCCTTGGCGCTGCTGATGCTGCGCAT
GCCGCCGCCAGGCGTCCGCCGCTGTTGGGCGCGCGCGCCCGCTGGCAGTGATCGCGCGAGTCCAGGCTTCGTGCTGG
CCGTACGGCGGGCATCGTGTCTACGGCCTGATGGCTTTTCATCATGACGGCCGCGCCGATGGCCATGGTGGGTTGCGGC
CACACCGTGGGCGAGGCGGGCTGGGCATCCAGTGGCACGTGCTCGCCATGTTTTCGCGGAGCTTCTTACCGGGCCACCT
GATCGCGCGTTTCGGCAAGACCGCCATCACGGCGTGGGACTGGTGTGATCGGCACCTTCGGCCTGCTGGCCCTGGCCG
GCCTCGAATTTCTGCACTTCTGGGGCTCGCTGATCCTGCTGGGCGTGGGCTGGAATTTTCGGCTTCATCGGCGCCACGGCG
CTGGTGACCGACTGCTACACCGCGCCCGAGCGCGCAAGGTGACGGACTCAACGATTTCTTGGTGTTCGGCACCGTGGC
CGTCCGCTCGTTTCGGGTCGGGCGGCTGCTGAACACCTCGGCTGGGAAACCATCAACGGCTGATGCTGCCCTCATCG
CGTCTGCTGGCCCTGCTGGGTTGGCTGGCTTGGCGCAACCGCCGAGGTCGCGCGCGCTGCGCATGAAGCCGCT
CTGGGTCGGTTCGAGCGTGCGGTCAACCCGTTTCATATTGATGTTCCAAAACCATGAGGAGTTCGCGATGACGACAA
GTTACCGGCAACTGACGCAGGACGTGGTGGCTCACCTGGCGCCCTGCACAAGGGAGTGCAGGATCATGAAGAGTTTT
GGTGAGATGGGCAAGGCAGCGATCGCCGACGGCGCACTCGACGCCAAGACGAAAAGAGCTGATCGCGTTGGCGATCGGCGT
GGCCGCGCGGTGCGATGGCTGCATCGGCTTTTCATGCCAAGGCATTTGGTCAAGCTCGGCGCGACGGCTGCGGAGGTCATG
AGGCCCTGGGCGTGGCCATCTATATGGGAGGGGTTCCGTGCGGATGTACGCATCGAACGCGGTGGCCGCTTCAACGAG
TTCGCGGCGCTGTCCAGCATTCCGGGCGCGCCGCGCCAGCGCCCCGTAGCCTGGGCGCGTCCGTGCTGCGGCGCCGCGGA
CCGCTGCATCCGGTGCCAGAGCTTTGCACCTCCAACCTCGCATCCCCACAGTGCCTGTTTATCACAAGGACCTAGCCAT
GCAGACCACCGACTTTCGTTGCGACATTTTTGACGGAAGAAGCAATCCCAACAAGGTGACCGTGACCTTCATCATGGCGC
TCAACGCGCTGCTCAAGGGACATACGGCGACCATCATCCTGATGGTGGAAAGCCGTGGAACCTGGGACAACCCGCGCGGCC
GCTGGATTGGACATCGGCAAGCCTTTTCGAACCCGTTGCCGATCTGCTGGAGAAATCTTGGAAAAGGGAGGTGCGATTGC
CATCTGCGGCTCGTGCATGATCCACAACGGTATGACCGCCGCGCAGATGGACCCGCGTTTTAGCGTTCATCAACGACCCCG
ATGTGGTGGAGTTGCTGATGGGCGCCAGGGGTTCTTGAAGTCAAGCATTGAGTTGGACCTTGTGCGCCTTCTTGTTCACGAAATCGCCAG
GCCGAGGCCGGTAGCGCGCTTGAAGATCAAGCATTGAGTTGGACCTTGTGCGCCTTCTTGTTCACGAAATCGCCAG
GCGCTCCTGCACATCGTACCCTGCTGGATCATGGCCATCACAGCCCCCTCGGTGAACAGCCCGTCCGTGGCCGACATGT
CGGCACTGGGCTGATGGCGTGCAGATGGCGTAGTTTTGAAAGGGGCGCATTTGCCCGCATCTTCTTTGCGAGGGTTCAGG
GCGAAGTCCGGTCCGGGCTGTCGCTTTTCGCGATGTCGATAGTGGGCAACCCAGTTTCGCGGCCCTCCGCGC
ATCGAGGACCCGTCGGGTGAGCATCATCTCCACATGCGAGGGGAGATGATCCGCGCAGTGCACACCGTGGCGCCGCG
CGCCCGTGAAGATGCCTCGGGTGCCTCGGGCAGTGCGAAGAAGGTGCGGCTGTGCGCAACCGCACGCTGGGCTGCGCTG
GCCAGTTCCAGCCCGCCGCCACGACCGCTCCCTGCAGGAGGCGACCACGGGAATGCCCCATGCTGGATCTTGTGCGAA

CGCGCGGTGCCAGCCCTGGCAGACGCGCATGAACTCGACGCCGCTGCGTGCCTTGTCTGTGATGTTCTTGTAGGTCCAGGC
CGGCACAGAAGTGATCGCCCTTGGCCGTGAGGAGGATGGCCCCGATGTGGCTGGGCACCGCTGAGAAATAGGCGTCGATG
GCGGCGATCGCTTCTCATTGAGCGCGTTGCGCTTGTGCGCCATGTTGAGCGTGACGATGCCGATGTTGTCTTGTTCGGA
GGTCAGCAGAATGGGCTCGGACATGAAGTTCTCCTTGCAGTGGGTTCATGAACATGGTGGTCTGCGGCGGGCAGGTCGATA
TGCTCGGTCCGGCAGGCATCGGCCGCCTCGCCGCTGCGGTGACGGCATGGCCCCACTGAAGCGGACCATCCGTTCAAGG
CCGAGGATCTATGCCAATGTTGCCAATTCTTGCACACTGAGCCTGGCCTGGGCGGAAGTGCAGAGAGACCGCCGGAATC
GCGGTGCAACCTCGCAGCCGATACTATTGAGGGGCTTTACCTTTTCCATGCCCGTAGATTACTTACCGGGGATGCTGGG
CTCAATTGCCAATAGCGCCGTGAAATTTGCAAAAACGACAATCTCGTCAGGCCGCCAAGAGGACTTCTTGCAGGCCAA
ATGCCGTGCGGCGGCCACGGTCTCATGCGATCTGGTGGAGGACCTGCTGCGCAGCCTGCGTCTGCTGTGCTCGGACCG
GCCCTGGATCGTGCCTGCAGCAGGCCGGCATCGTGAAGGACTTTCATCAGCCACCCCGCTCGCGTCTGACGCACGATCA
ACTGGTTCGGGCTGTACCGACGAAGCGCCGCTGCCACCGCGATGAAATGATGGGACTGTGGAGCCGGCCATACGGACCG
GCGCTTTGAAGTACATCGTCCGAGCGGTTCATGGACGCGCCAAGCATCGAGGTAGCGCTGTATCGCTTACGCAGGTCTGG
AACCTGCTGCTGGACGACTACAGGCTGAGTCTCACGAAGGCAGACGCTCCTTGGCGTTGGAACCTGTCCCGCGGTCTTC
CAAAGCGGGGGGAACCGATTTCGGGCACGCACTGATGCTGAAGCTGACGCACGGCATCGTGTCTATGGTTCGCGGGCCGAG
AGGTCCCGGTGCGCAGTGTGGCCTTTCGCTTTTCCACGCCCATCATTTGCAGCCGACTATTCGATCCTGTTTCCGGCCCCG
ATCGATTTCTGCGGACCCCTCTCTCAGATCACCTTTACGCCGAACCTCGAAAGGTCCGGCCGAAACGCAGCGCTCCGA
CGCGCGAGCTTCTTGGAGCGGGCGCCGCGGACTGGATTTTACCTCCTACCACCAGCAGCCCTCCGGCTGAAGGTGC
GTGAGCTGCTGCATGTGGATCTCGGACGGACGCTGGACGATGTTTCCAGCCGGCTGCACATGCTCTCGCGGACATTGATG
CGCAAGCTGCAGCAGGAAGGGCTGTGCTTCCAGGGCATCAAGGATGAGTTGCGCAGGGATCTGGCCATCCTCCACCTTGT
GCGCAACGACAGCTCACTGGAGGAGATATCCGATGCTTTGGGCTTCAGTGCCCTGCCGCTTCCACCAGCGCGTTCGGCC
ACTGGACGGGTATGACCCCGGACGATACCGGGCGGGCAGCAGGGCATTTCCCATGGGGTTACGCTCTGACCTGTGCAC
CGAAGAGCGGGCATCCGGACCGCGCCACTGGATATCCTCATTTTCGAGCCAGCGAGACTTCACGCCCCGCTCCTCGTT
GAAGAGGCACAAGTAGGGGTTGTTGGGCGGCACTCGCTCGAACAACGCACCGGGCTGCGTCAACAGGTAGCCGTGCAACT
GCCGCGATTTGCGCGGCCCTGAGACGTGACAAGTCCAGATGTTTACGGCCGCTGGCCTGCTTTCGGTTCGCGGCCAGCTTC
TCGAAGCGCTTTTGTGCCCACTGCCACGGCTCCAGTTTTTCTGGCGGGCAATGGCTGCCAATGCGGATGCTCTTGAGC
GTATCGGACGCAACACTTCCGGCTGACCAAGTATGCGGATCGGATGACGATGCGGATGCGAGTGCCTTCGCGTCAATTGATGA
TGAGCCGACGCGAGGCAATCCCTGTTTTAGCCATGCAATGAAGTCTGCCAGATGGCTGCACGCTTGCAGCTGCTGCTGTT
GTGGCCGCGGGCGCCGGTGTGAGGGTGAAGATGCCACGATCGATGGTGGTGGTCTTCAGGGCGTGTGCGCAGAGTTC
GGTGGGGATGGTTGACTCATCTGCTGTGTGGCGGACGAATCGCCCATTTCTACCATCGTTCAGCAGATCCTCCATGACGT
CGGGCATGGCCTCAGCCAGGGGGGCGATAAATTGGGTGAGCAGCGCTGCCGCTTCCCATGGCGGCGATTCTGACCTCCT
GGGGTTCGGTTTCGCGCGACCTCCGGCGACGATGCCGAGCGGCTGCTTCTCGACAGGTGACGTGTGATCGCTACCGT
CCCGGCGAACGGCGCCGGTTCGCTCGCCAGCCTCCAGATCAGCGCAGGTGCGAGGCGCAGCAGCTGAATGAGTGGGTCC
AGCCGGCGTTCGTTGCTGCTCACGGTTCGCCCCGACAGCCGCTTCCCGTCCAGTGTGGGTGCAACATGCCGTGGTCTGCAGC
ACGTTGAAGACGGCGGTGTTGTTTCGAGGGATGCCATCGATGCCCTGCGATAACAGGTGCGCGCGCAGCTTGTCCGAGAC
CGTCTTGTCCAGCCACAAGGCATCCTCGGTGAGCCAGCCATCGGAGGCCCTCGGGCTGATTCAACTTCAACTCTTCCCT
TGAGCAGGTAGCGCAACCCGTCAAGCAGCTTTCGCTTGCAGCGCGTTCGTTGGGCGCGCCATGGCGCGCGCCGATCGCCG
CCCAGTTCTTGGGCCACGGAGGCGCGGTTCGGCCTGCACCACGAGTTCGCCCCAGCACACCGGCATGCTCGTACTGGCCGGC
CAGGACGTAGAGCAGCGGTCCCCACAGGTTCGCGATAGTCACTGAGCCAGTCCAGGAGTTGGGTGTCCAGCAGTTGGCGGT
AGAGCAAGCCCGTTCGCCGCGCTGTGCAGGCGGTATTTCGCGATCGTTCGCGGTAGCGGAAGCGGTACGGCTGGTGCAGCGGA
CCGTACCACGGGTGCCACAGCGAGCCATCGGCCAGTTTCGACGTGCAGATCGACGGCGATCTTGGCGATGTGCTGCAACAA
CGCGGCATAGGCGACCGCAGCAGTCCAGGCTTCAGCCTGCGCAGCTTGGTCTTCGGGGCTTTCGCGCGATGGGAAGCAGAT
GGGACTGCCCGAGCTTGAAGGCATAGGCAACGATCTCCAGGCCATGGTTCGAGCATCCCGCCCGGGTACGCATGATGATGC
GATTCGGAAGCGGGGAAGCCCTGAACAGTTCGCGGTAGCGCTCCAGCGCGCGCGGTACAGGACGGCGAAGCTGCTTGGC
CGACAGAGACGTGCGTGCAGATGTGCTCCAGCAGCTTCTGCCAGCGGGGTGGCCAGCAGATCGCGCCGACTCGG
GCCGATCAACCCTTTTCGGGAGGTTCGGATGCGGGTGGTGGCGTTGGAGCGGTAGCGACCGGGCGCTTTTCGCTGGAAC
AGGGAAAGCATGTGGGTGTCTGATGACGGCCGATCGGGAGGCCTTTTGGCCTTTTTCGAGGTAGGGCCTTTCCCTTGC
ACCCCGTTCCCTTGGCATTTCGGCCCTTTCGGCCTTTTACCGTTTTCGGTATAGCGGGCACGGGATGCGATTCCAGCGTCA
ATGGGGAACCTCGGTGGAATGGATTGGACGGCGAGCCGGTGTGGTTCGCGCTCTATGCTGAGTGGACGCCGCTTCCGCGGG
GCAGGTTCTCGAAAGGCGACAAAGTTGACAAAAGCGACAATAGAGACTAGAGTGAATCCTGTCTCAAACCTGCCTGGGAG
ATCACCATGCCAATGCCATTGAATTCATTGCCGATCGCCTGCCGCGGTACGGTGGAGGATGTGCGCCGCTTCGCGGA
TACCGTCGAAATCCGGGATGCGCCGGCTTTTCGCGCCGAGTTGCAGGCTTTCATTACGAGCGCGTGGAGGCGGTGAAGC
TGCCCGCAACTTGGACGGAGAGACGGTGGGGCAGGCCCTGGCACGCAAGGCGGCGCGCTGCGCACCGAAACGCGCTGG
GCACCGACTGAAACCGACGTCCAGCGAGGCCGCGCCGTGTTGCTGGAAGCCTTCAACCAGCCGATAACCTGCCGATCCC
CGAGTACGCCAAGCTGGCGGACAAGTTCGCGCCAGCAGATCTACAAGGACATCCTCGCCCGTGGCTGTGGCGCTGAACG
TGGGGCCGCGCGGTTCAGAAGCTGCCCGACTGGCAGCTCGACCCGGTAAAGCAGCAGTTGACCCAAACCGTGTCTCAGGAG
GTCGAGGGCATCGACCCCTGGACGATCTACCGCGCGCTGTCCGAACCGCTCGAAGGCTTGGGCGGGCGCTCGCCGGTGG
TGCGGTGACGCACAGCAGATCGATGACGTGGCCGATGCCGTGTTCAACGTAAGTGGGCGTTTTCAGGTGCATTGAAGCGAGA
TCGCCATGAGCCACGAGCTGCCTTCGTTCTGATCGATGCCGGTGAAGTGTCTCCAGCATGTGAGCCGCGTCTGCTATCGG
GGCAGCCCGCTGTACTATGGCCGACGAGCAACCAATCGCTACGATGACCCGGCGCGGGCTACGGCGTGTCTTACCTGGG
GCGGACCTGCCACGGCGCTGATGGAGTCCGTTTTCATAAGCACCAGTGGCTTTCGGACACGAAGCGCTCGATCGCGC
TGAAAGAAGTCCAGGCCCGGATGGTTCGCGCGCAGTAGCGGATGATGACGATGTGCTTTCGGCCACTCACGGCCGGG
GTCATGGCGGGCTACTTTCGGCTGAACCTGGAGCAGTTGGCCAGCCGACTACACGCACAGCAGCAAGTGTCCCGCCCA
GGTGCATGCAATTCTCGGAGACGACGGCCAAGCGCTGTTTCGACGGGGTGTCTATCCGTTCGCGCAACAACTATCCCGCCA

AGAGCATCGCCCTGTTTCGAGCGTGCGGCAGCAAAGGTAGGCGTTGTCGATGACATCGACCTGGTGGACCATGTGGACTGG
CCGCACTTCGTTGCCACGTATCGCGTTCGACGTGGAGCCTGACCCCGGCCCGGTGGAACCGGATGACGAAGCGTCATGAAG
CACTTTGAAGCCCGCAGCAGAATGAAATGGACCAAATTTGGAATAGGCATCCCTCAGTAGCAGGAGACGACCATGAGCACC
ACGACCCGCATCAGCACTGCGGAACGCCTCGGCCCGCCCTTGGCCCGGGTGGCGCGCTATGCGCGCAGCGAACGTCG
GGCGTGAAGTGGTTGGTGTCCAAGGGTGTGCCGTTGGCTGCCGCCCGCCGCTGCTGTGGGCCGGGCAAACTGGCTGTCC
TGGGGCTGCTGCTCTACGTTGCTTTCTGGCTGGCGTTGCTGCTGGTTCGCGCTGGTGTFTTGTGGCCCCGGGGCAGCAGTACC
GTCGAATGGGAGCCGCCGAACAGAGTGGCGGCACGGGCACGCCGTTTTGGCCTCTATAACCCACGATGAGTATCGGAT
AGATTACATGATCCATCTGATGAGACCTAGCGAAGAAGCAAGGCACTACTTCTCTTGTGGTGTGATGCCACTTC
ATAGCGCCGCCAAAGGCCATGTTCGGCGGCTTTGCCGCCCGCCCTTGGCGCCTTGGCGCCTGCCGTACCAGCAGCAAGCCCTTGCAA
CATGCCCCCAGCGGTAGCCCCGCCATCCCAAGGCGTTACCCAGAACAAGGGCAGCAGCATGAACATCGTCCCATGA
CGAAATTCAACAGCATGTCTCCGAAGGCATTGTTGAGGCCATGACCGGATCGAAATTCGTATGCGGCCGTTCCATCCC
CAGCCCCATCCGTAGAGCGCGTCCAGAATGGTGTGTCGATCCAGCGCGGAGTTGGAACAGAAAATCCACGAAGAACAG
CGAAACTGCACCACGCTGACCGTACAGAGTGTTCAGGTTGTAGGTGCTAACCATGAGCACCACCGGAATGCAGACAA
CCAGCGCCATCTTCAAGAGCGCCAGCACCATCGGAAGAGCCTGGCGCATTCATCCATGGAGGGGAAGTAGCCAGCGAG
CCTACCGCCAGTCTACGTGCGGCCCGCCCGGGTGTGATGATGTTGGGTGCGTCATTTGATCTGGCCACCGTAGTCCGT
ATAGACGCTGCCTTGGTTAGCTTCTGCTGTGCGGTGACGCGATCGCGCGGATCACCGAATCGTCCACCTCGGCACGGC
TCAGGAAGCCAGCCAGCCCGCCAGGCGATTGAGCAGGCTCGGGTCCACCTGACCCAGCAAGCGTGCCTCGAGTCCATTG
CTGCCATCGGCCACCATTGCCTGCAGGTGCGATAGCCGCCCGCCTGGCCACCTGCGCAAGCCCTGCGTTCGCGCGTGT
GTCATAGGGCCAGTCTCGCGCGGGGTGCTGGAACGGTATGTGTCGATAGTACCGTTTCGTGTCCGTGAAGAAGCGTGAGC
CGATCCAGGTTACGTGCTGACGCTGCTGCTCATCGAGTTGAGGCCGCTGCATGAACAATTTGCCCGCGCAGCCCCATAG
CAATCCCGCGAGAAATCCGCTACTTCCCTGAGCCAACTGGGTGCTCAATGCGAGTTCGCGTGCATCTCCATGCGCATCTG
CCGCAGGTCCGTGCCGCACGGGATCGCTGCCACTGAAGCGCCCGTGACGGCGCGGAGAGCGGTGCATGAACGCCACC
ACACCGGCACCTTCGCCGACTGGTTGTTGATGGTGTGAAAGATTGCGACCAGCCGGTATTCGAGGGCTGCGGCACACTG
ACCTGGCATTGCGCCGAGCGCGAGCTGTGCTACTGGATGGTGTGAGGTCCACGTGATGAACGGGATGCCCGCAACAT
CACCACCAGTATGGCAGCAAGACCCCGTTCTCGATGCGGGCGCGCTCAGCACGCCTTATTTGCCCTCGTCCGCGCCTT
CTGATGCCGCTTCAACACTCTTGCACGATCGCCACGAAAGGCAAGCGCGAAGACGCCGCTGGATACCAGCAGCGCC
CAGATGCCGTTGTTGACGATCCAGGACACCAGCGTAAGTAACTCCAGGTAGTCGTTGTAACAGAGTATGCCCCG
AATCTCCTCTCAGCCCTGCATCAACAGGCTGGCTTCCAGCGCCACGATGGCGACGACGCTGCGATCTCGGTGCGCACCA
GGCGGTGCCGCGCCTGGGCGTGTCTCACGTACCAGCAGCCGGCGCGCATCCAGATCCACCCGTACACCGTCCGCCCG
TATAGACACAGCCGCCACACGAATAAGTAACCCCGCAGCGGGCGGCGAGCCACCGCTCCCAGCCGGCAACGCTGCCGACCAG
GTAGATGCCGCGGATGTTGGCCGCGACCGCGGCGCAACGATCAGCACCGTCCACAGCAGCGCTTCGCCCGCGCGCCGGC
TGAACAGCCAGCGCAAGGGGCGCAAGTATGCGCGCCGCGCTCATGGCTGGCTCCTGGATTGCCCTTCTGCAACTGGT
CGAGGCGGTGCGGTACCGGATCACCTCGTAGATGCCGCGGAGCCTGCCGCGCGGTACCGTGCCGCTGGATGATGGCC
ATCGGTGAGTTGTTTGGCAGCTCGCGCCGAAGCTCCAGCTCCGCTTTCAGGTTGCGGATCTCCCGGTGAGCGTGTGCT
CTCGTGGTTACGGCCCTTGACCGCGAGTTGCTTGGCTGCGACGTTGGGCTCCTTCTTGCCGTTGAGCAGCGTGCCTGGA
GCAGCAGCGCTTTTTCCAGCACCGACGACAGCGCCACCTCCGACGCGAGGCGCCCGCCAGAAGGTCCTGGTCCGGCTCG
TCGCGCAGCGCCTCGATCACGCCACGCGTATTGGCAGCGACGTGCTGCCAGCCTCGCGCAGGTTCTCAAAGGTGGTAGT
GCGCGTGGCGGAAACCAGCTCCTGAAGGACCTCCAGCTTCGCCTCGTACTCTTCCCTGGATCAGCGGCGTCCAGCCGACGC
CGGGCACCGTCTCGGTCTTGGTGCAGGAGTCCAGGTTGCGCTGCACCTGCTCTCCGAGGACCCCGGTGGCCCATTCGGTC
GCCTGCTGCCGCGACGTCCAGGTCTGGCAGGACAGGCTCGCAACTGGCGGACCGGATGGAGGATGTGTCCGTCACGCC
ACGACCGTTGACCAGGTTGTAGCCCGCGCGGGTACGTCGCCGACCACCCGGATGGCGGACTGGCTGCGCCACCAGCAT
TGCTGCCACCCACCCAGGGCACGCCGTCGTTGCCGCGCGCGTCTCGGCTGCTCGACGGCCGACACGGCATCGTTGCTG
CCAACCGCTCACGCAAGGCCATGCCTTCGGCCATCTGGCTCCAGCCAAAGTGGCCACCCGCTGTCTCGGCCATCTTCTC
CGCCATGGCGCGCACGCTTGGAGCGGTCGAAGTCCAGCCGCGCTGCAGCACCGCTTGGTTCAGCAGGTTGTGTACA
GGCCCGGATCGGCGCGCTGAATGATCAGCGCCGCGAGGGACGCTACCGCGCTGGTGGCGCTTGGATTACGTTGCTCATG
ATCTGCTGAAAGCCGTTTCGTGATGCCGTTGAGCTGATTGCGCAGCGTGGTCTGGATGCTCATGTGCGCCGAGATCAGGTT
GCTGTTCCACCCACACCGACCCCGATGGAGCGCATGCCGGCCGCGCGGCCCATGGACACCGCGCTGCCGCCCGCGATCG
AGTACATGACGTATCGCCAATGACGGGGCCGCTGTTCTGGTATCCGACCTGTGCCACGCCAGGCCGAGACCAGGGCG
AGCGTGCCGGCCAGTGCCGTCGGGCGCAGCAGGCGGCACGCTTGGTGGACAGGTTCTTCGGTTACGACGCTTCATCGT
GGCACCTCAGAGGAAATCGACGCTGCCGAGGAACACCTGGCCCCGGCGTTCGACGACGCATACGGACGCCACAGCGCC
ACGCGTAGTCGCTTGGCTGGGCTTGGGTACGCTGCCGCTGTGGGGAAACACCACGAGGTTTCGACAGGCGCGGCGTC
AGTTCCTGCCACTTGGCCGTCGAGGCATCACCTTCCATCAGCGCGCCGGCCGGCCAGTAGCCATCAGCGCGTTGGCGAG
CAGCGGCTGGTACACGTGCAACTGCCCGCGCCGCTGACGACGTCACCGGCGCGCTGAGCCACGACCCCGGATTTGT
GGTCTGCTGGTCTGGTGCAGGAAGCCCGCGCGGATAGACATTGCCCCAGAGGTTTCATCGTGGTGGCGCACCCGACCTCG
CGCCGGCCCGGGATCAGCGCCTCCGGGTAGGCCATCTCGGGCACGTTGTAGCGCCAGGCCAGCGTGTCCAAGGTGCTGAG
CAGATACGGCATGAAGGCCGTTCCCGCGCCTTGGCAAAAATAGCCCGAGGACGAGGCGAACTGGTTGAACACCTCGCCGC
CGGGATGGCCGATGACATCGGCGTTCTTGAATTTGGCGAGGTTGTTTTCTGTTGGTCTTCTGTTGGTGGTGGCGTCCGCGCCT
GCCTGGGCCGAGGCGTTCCGGCATGCTCATCGCTCGCACTTCGACCCAGGGGTTCTCTCCGGTGTGCTGTAGCTGGAGAC
GACCGCATCGGGGACGTAGTCCCGGACCTTGGTGGACGTGCGCACCGAGCAGCCGCCATAGGTGCAATACAGCCAGTAGC
AGATCCCCACCCCGTACTCCAGGACGTCGCGGACATGACGAGGACACGATGGTGAACGTTTCAGGGCGTAGCTG
CCCGTGGCGCTGACCAAGCAGCAGGAGCCACGGCAGCGCGGCGCAGGATCGAATGGGCGATAGGTCACGGT
TGCCCTCCTCCGTTGCTGCTGATGACGAGACCGCCCGGCCACGTCAGGCTCGCCATAGACCACATAGCGTTGGTCCAC
CACGACGGCCGGGATGGTCTGACACCCAACTCCATGCGTCCGTTGATGCCCTGGTAGGCGGTGCCAATGCGGCGCTGAA

GGTCGGTGCCGCCTTGGTTTCAGGCGTTGCCGGACGATGGCTGCTGCGCGCTCGGGGTCGGCTGGCAGATCTGCGGAAAGC
TCTGCTTCGAGCCCGGATGCCCGGTCCAGCTCGATCAGCCGCTCGCCGCCCATGGTCTTGACCGGGTGGCGGCTGTGGT
GACGACCACCACGTCGGCGGCGAACCGCGCCGGGCTGAATGCCCGGAACGACGCCGGCAGCAGATGGCCAGGCCAAGGG
TTCGCCAGCCTGGTGCGAACCGGGTAAAAGCTCCTGGCATGTCTTGACCCCCGGAAGTTGATCAGGGCCATAGTCAAACG
CCGAACCCCATGCGGCCCAACAAACAATGCGCATCGCGGCCACCCCGCATACCTGCTTGTGTGCGCCGCGAGAAAAATG
CGGAGGCCGAAGCCTCCGCGCTGATCAACGAAGCAGTACAACCTTACAGCAGGCCGGACTCCGCAAAGGAGAACGGGGC
ACCCTGGCCGACGATGATGTGGTCCAGTACCCGCACATCGATGAGCGCCAGCGCGGCTGCAGTTGCTGGGTGACATGC
GATCCGCGCTCGACGGCTCGGAAATGCCCCAGGGGTGCTGGTGC CGGAAGACCACCGCGGCCGATCAACTGCAGAAC
CGCTGCACAACGACACGCGGATAGACCGAAGTCGGGTTGATCGTGCCCGTGAACAGCGCTCGTAGGCCAGTACCTGGTG
CATGCTGTCCAGGAACACAGCGACGAATATTTGTTGGGCTCGGCCACCAGCTTACCGCAGGTAGTCGCGCAGCAGGCCG
TGGGGTCGAGGAGTTTCGGACCCGCTTTGAAAACCCGCTTCTCCAGCAGCGCAATGGCTTGTGGATGATCCAGTCCCTCG
TGCTGGGCAGCGATGGCGGAAAGCGACTCCAGGCAGGAGTCATTGACGACGAAAAGACATGGCGAACCTCCAAATGGTGAG
ATCGGAGGGCGCGCGCCCGGGGAGGGCAAGCCCTCCTGGGGAACGAACAAGGTGCATCCATCACC CGGGTGGCGGTGATC
GTTCCGCGCCAGGATGCGAGGCGAACGGGTTGCGGTGAGCGCAGCGGACTGCGCCGTAGCCTTGAAGACCGGGGCTACCT
GGGCATGTGCGCGACGACGTGCGCAGGCATTTCCGATGTGGGTATGGCGGCGGGATCGCCGGCCGCGAGCATGTCCATGG
CCGACAGCAAGGCATCGCCCTCGATCGGGCCCTGCAGCAGGATCGCCTTGCCGGTTTCGCGATCGTGCAGCCGACGCGAT
GGCGTGGCGATCACGCCGCTGTTCTGTTGGCTTCCGCCGCTGCGCGCGGATCGGTGCATCGGGCCGCTCGCTCGCCAGACA
CTGCTCGATCGCTGGAGTGAGGTGCGGGTAGCGCAGCCCTCAGGCAAGCCCTGGCCGTGCTCCGCTGTGGGCATAGA
CCCATTGACGGCCTGCCAAAAGGCGGCATGGCTGCCGGCTTCGCCCGCGCATTCGCCAGGCGCGCTTCGGCGGACGCG
GCTGGCTCATGCGCGGCCAACCGCAGGTGGTGCCATTGCAAGGTACAGTCCGCATTGCCGGCCACCCAACGCTTGAGCAC
TGGAAAATAGGACCGGCGAGAACGGGCATTCGAGGTCCGCGTAGAGCGTCAGCGTGAAAACGCCCTTCGGGATTCGCCATCT
GCCACGGAGGCCAGCCACCTGCGTGTGCTGACTGGCGCCGAAGTCTGAGGTGTGGACCCGCTGGCGAACGTGACACG
AGCCAGATCAGCAGCAGCGCAACCAGCACCGCGGCCAATGCCAGGGCCAGCGGAACTGCCAGCGCCGACGACGGAAACGC
CTGGACCTGCATCGGAATGGATGGGCGTTTTCTGTTCCATGGCGTTCTCCGGTGTACGGCAGATTCAGGGCAGGTCCAGGG
CCGGCGACTCGATGCCGCGTGCCTCGGTCGATCTTCTCGGCCACCTTGAAGGCGGCATCCAACCTCGTGACGCCGTGCTGC
TGATGAGCTGGTAGCCTCGGCCCTTCTCTCGGTTGCGTTCGGTGAAGCGCGAGATACAGGTCGCGCGGACGGCGCG
GAAGAGCACCTCCATGCTCTTGAGAGAGGATGACGCCCTCGGTGAACCTGCCCGCTTCTTGGCTGCGGAGAGCATAGCG
CTTTCTGCGCTTGGCTCAGTTTCGCGGAACCGCGCGATCTTCTCCACTTCATCGGGGGGCATCGACGCGAGATCCACCAC
TCGATCATGTTGAGCATCGGCTCCGCGGCGCGCGGTAGGTGCTCAATATTTTTGTGTAGCTAGCCAGTACCAGGCCCCAG
CTTGCGCCACATTTTTGTAATTTTACGGTATACGGCGGAGCAGCGGGTTCTTGGTGATCAGTGGCCTTCGTGGTCA
CGTTGATGATCGGGCGGCCGAGATACTGGTACGCTCCGCGATGTTGTTTACCCTGCTGATGAGGCTGATGTACGCGATC
GAGAGCTGCGCGTTGTAGCCCTCGCGGGCGTAGGTGCGCAGATCGACCAGCGTATGTCGGCCTCGGGCCACGGCGTGCC
GTCGCGGTGCAACATCTCGCCGTCGCTGCTTGGCAGAACATGTCCATCGCGTCCGCCATCTCCAGCAGCCGACGCGCC
GCATCTCGGGCAACGTGCGGTCTTGGCCGCGGGTGCAGCGCATTCGCGACATCGCGCTGAGCACAGTGCCTTCTCT
GCCACGCAATGTTTCGGCCGCGTCGAGGATGCACTGGCGGATCAGCGAGCGGTGCGCCCGCTCATCCGCGCTTCTTCTCT
GTCTTCCGCCCGCCGTGATCATCAGCCGTGCCGTGATCTCCAGCTCGCCAGCAGCTCGCGCTGCTCGTCCGCTCCATGG
CCGAGGCATCCGGTGGCAGGTCTTCGTCCAGTGCATCGGCATCGAGCGTTCGACGTCGCTGGGCGTTTCGATCAGCCGG
CGTGCGTGGCGAACCGGCGCCAGGCTGATGCCCGAGCCGGGTGCCAGCTTGACCCGGTTACGGTCAGCCCCAGGCGCCT
GGCGAAGTCGCTGAACAAGCCGAAGCTGTTGCCGGCTTCCACGATGAAGAGGGCGCGGCCGATAGATCGCGGTGACCTGGT
TCAGCAGGTTGTTGAGCGTGGCGCTCTTGCCCCAGCCCGTGGGACCGAACAGGAACAGATGGGCATTCATCTGCCGATCC
AACCTGTTCAAGGGGTCAAACGTAATCGGGCCGCTCCGCGATTGAACATCGTGATGCCGGGGTGGCCGTGCCCTGGGC
GCGGCCCCACACCGGCGACAGGTTCCGCCGCTGCTGGGCGAACATCAGTTGCGTGTACCACCGGCGCCGGTCTTGGCCG
GGTTGTAGCAGCAGCGGACGCGCAGGTAGCTGTTGAGCGGCCACCTCGTCTCGCGACCGGCTGCAGGCCG
GCGTTGAGCATCACGTTTCGCGAGGTCAGGCCGCGCATCCAGTCCGCTCGTCCGCGCCGCTGAGTAGAAGCAGC
AGTGCCCCGGTAGAGCTTGTGCGCGCTGCCGATCAGGGAGCGGGCTTCATGCACGTCCTTGAGCGCTGCTCGCCGACCA
GCGTCTCGCCACAGCTTTCTTCGCCAGATGGTTGAGGTCCGATTTCAGAGACGTCCTGCGGCGTGGCCACCATGGTGAGA
CACATCAAGGTGTCCTCGGGCATCTGATCGAATAGCGTGTGATCGCGTCTCCCTTGCGGGTCTCGCCGGTCCAGGTGCC
GGTGCCGGGCGGCATGCGCAGCCGGTCCGGTATCAGCACGCGGTGCGGCATGCCGTGAAAGTACCAGGCCCTTGCGCCA
CGTCCGAGCGCGGCTGCCCAAAGAACAGCCGCTGGCTGAAATCCCGCCGCTCGCCAACTCGATCTCGCCGGCTCGCTT
TCCTCGGTACTGTCCGGATAGCGCGCCAACCGGTAGAAGCGCTCCCGGCTCTCCACCCAGGGCCGAGCAGCGTGGGGCG
CGGGTTGAACCATCGCAGCAGCCAGTTCGTAACGTCGCTGCAACCATGCGCCGGGCTGGATGCCGGGCTTCGCCAGGC
CGCCGCATAGGCGGTGCGCAGACGATGCCAGCATCTGCTCGGGTGTCTGGCCGCGGCGGTTTGCCTGTCCCTGTCCGCTC
GCGCGGCGGTACACCACCATGCGCACACGCGCGTCTGCCCGGCCAGCGCAGCCGCTAACCACCGTGTCTCGAACAG
GCCGCCGGGCTTGGCCACAGCGCGCAGGTGGTGGCCGAAGAAGCGCAAGTAGAACTCGGTGAACGCCGAGCCGCGCGCAC
GTGGCTGCACGTAATCGCGCAAGGTCTGCATGTAAGTGGTGAAGCTCGGTTTCGTCTGGGCATAGAGCTGGAGCACCCAC
GGGTTCTCGTCCAGTTCATCGAAACTGTCTGAAGCGGTTTTTCAGGGCGTTCGCGGGCATGCGCGAGCCAGCCGGGTTT
CCGGCCTTCGGTGGCCAGCGGCACAGTTCGTAGAACGCCGCCACCGATTGGCCATCTCCAGGAGCATCGATTTCCGACC
CGGGCAAGAACTCCACCCAGGGCAGCAGTTCACGAAGGACGGCGCAACGTCGTACAGCGCTGCTCGTCCGCCACGGTC
GCTGGCTTGGCGCGTGGACTGCCGAACCGGTTCCGGGATGCCGGCCTGGCGCAAGGCCCTCGACGTGGCGCTGCCAGCT
GTCCTGGTGTCTCGCTAGCCGGGCTACTGGAGCCGGCGCCGCGGCAAGCTTCGGCCATGGGAGTTTCCACCGCATCAGTA
GTCCCTCACCGCTCGCCCGGCATCGCGTACTGGATGCGCTGCGTAGAGCGGGAAGACGGTTCGTGTAGCCGGCACCGGCA
CGGGATCGGTGCCGGCCAGATGCGGGTACAGTACATCAGGAGATCGGGATTGGGCAGGCGTGGAACTGGCGGTGGACC
TCATTGCGCGCGGTGCGCGTGTAGCGCATCTGCTCGACAGGTGCGGCCTGCACGTCGCGCTCGGTTCAGGGGCCGACGCG

GCTCTGGCGCGCATCGAGCAGCTGGCGGGCCGGCGTTCCGTCCGGCTGCGCCACCGCCGTCGCCGGCCTCCTGCTGCCAGA
 TGTCCATCATCGTGCAGGTACCGTGGGTGAGCAGCTTTTCTCCTGCTGGTGGCGCAGCCGCCGAGCACCGCCAGCGGAGG
 GCCAGCACCAGGCCCTTAATCGAGTTCGAGAGCATGGCTTTTCTCCTGCGCGGTGATCGACCTTGCAGCCCTTCGGGATCGA
 AGTCGATGGCGAGCGGTTTTTTCGAGGTGGACGGCGACCTTGGCGCCGGGTGCACATAGACGGCGGGCGAACCCCTGGCCG
 TAGAGCTTGTGACCCAGGCCGACATGTCCCGGACACCGCCCCGCGAGAATCTGGCCGACCGCTTCTGGCCGGTGTATGCC
 CACGGTGGCGATGGAGCCGTCCGAGCCGACATAGGACATGCGGCCGCTGTGCTCTCGATGAGCGAGGCCACGCCGGCAC
 CGGCCGCGGTGATCAGGGCCTGCGAGCCGAGGTAAGTGTGGGGCTTGTGCGCCGCTGCGCGCTGACGCAGGGGATGCCG
 TGCGGTTCGCTGATCCAGCCCAAGCCGTGCGCTTGTGTTGTTCTGCTGGTTGCCCTCGCGGTCTTCGGGGATCGTGCG
 GATCGTGCCGTCGTTGAAGACGAACGTGATGCTGCGCACCTTGGCCGCGCACGACGAAAGCGTCCAGTCGCCCGATGCCG
 TGCCGCTGAACACGGCGCCGGCCACGTGCGGAATGTGATGCCATTGGCGGTGAGTTGTTCGGCCCGACAGGACTTTG
 AACGGATAGGGATCGTTGACCGTGCCGTGATCGGCACGCGGCCGATCAGCGCGGTTCATGGCGACCGAACCCATGAGCGT
 GGAGTTGGTCGGCACGGTATAGACCGCTTGGCACTCTTGACCCAGAGGGCGGGCGCCCGCTTGGCCACGGTTTTCCG
 CGGTGGTTTTGAGCGTGTCTGCGCCGGGCCGAAGCTCGTGGGGAAGCTCATTCCGCCGCTGCGGCCACGACCGCCGTTG
 CGCCCTCGCGGGGCTTTGCGTGTCCGGCTCGACCCACCGCACGCCGCCCTCCATGCCGGCCTCGTCGCCGCCCTGCAG
 CCCCAGGCCACGGGACGGTCCGCATGGCCGCCGCCGCCGCCGCGATGCTGTCCAGGCGCCGCTGCAGGTCGGCGAGCA
 GCCCTTCGGTCTGCTGGCGCGCGCTGGCCGCTGCTCCTGGTTCGCGCGCAGGTTGGACCCTCGGATTCGAGCGCCGAG
 TTGATGCGCTGGTCGATGGAGTTCTCGCGCTGGCGCAGTCGCTGGTTCTCTTACGCTGCGACTTGTGTCCGAGAGCGC
 GGTCTGAAGCTCGGTGCGCAACTGCTTCACTTGGGCAACGAGCGTCGCCACGGTGTGCGCGGGGTGTGCTTTCGATGC
 CCAGCGCCTTCAATTTCTCGGGCGTGAGCTGGGGCGCGTGTGCCGCCGGGTGGCGCCGTGTGCCCTCCACCCGAGAAC
 AGCCGGATACCGACGAACAGCACCAGGATGGCGACAGGGATCATCAGCCACTTGAGCAGGCCGTTACTGCGCATGGCGGG
 CCTCCTTGGCGTTCCTGCTGCGCGTCCGGCTGCGGCAGATGCACGGCAGGGTGAAGCGGTGAATCGCCGGCAGCAGCGAC
 TGCGCGAGGCCGCGGCCCGCCGTGACCAGGTAGAGGACGGTGTGCTCCTCGGGCGTGGCCGCGGGCCAGCGCCTCGTG
 CTGGAAGGTGGCGGTGAGGAAATCGCCTTGCAGCACGCGCGGGTTCGAGCGGACCCAGTGGCGCCGGTGTGGTAAGGC
 GCACGGCAGTACCCATTGGTCTTCCAGGCGCCACGACGCGAGCGGACCGCGCGCACCGGCAGCGTTGGCATCAGTGTG
 TCCAGGTTCAGGTTCGCGGGGCGAGGTTGACCCGCATGACGCCCGGAAGCGGCTCGACGGTGCAGCGGTGCGTAGAGGTT
 CTGCGCGGCGAAGCGCTCAGCACGACAGGGACCGGATTTTCGCGCGCGGTCGCGCGACTTCCCTGGCCCTGGGCGC
 GTGCCGGGGCCTCGGCACTGTGCGCCTGCTCGCCATAGCTCCCGTGCCTGTCACCTTCAGCATGCGCACCGCTCC
 AGCTCGGCTTCCCCGCTCTTGGGCGGTTGCGCTGCGATGTCCAGCAGGATCAGCGCGCCCGTGTGCGGCTCCTGCAGTTG
 CAACCGCGTGGGCTCGATCGGCTGCTGGCGCGCAGGTACACCGCGCCACCCGCACTCTGCACGCGCAGGCGTTGCCCA
 CGCCCGCGGGCACGCCACGCGCACGTTCCGGTTCGATGAACACGATGCGTTTCTGACCGACCTTCAGCGGCACTGCCAGT
 GGCATGCGTTCCCAACGCAGGATCTCCACCGCCTGGGCGACGGGTGCCCGGCCACGGCCAGTAGCCCCAGCAGCGCGAG
 TACAGGATGCTTTCATGGGGTGTTCCTCCTTGAAGCGCTTGGCGAGACAGGCCACTCGACGCCGGGCGCGCCGGCTCCGG
 TGCATGATGCGCTGGGGCGCGCCTTCGTAGCAGTCCAGCGCCAGGCCGAACGGGTTCGCGGGCGGGATCGACGTCCACCC
 GCGTGACCTTGCATCGGATAACGCACCAGGGCGCGCTTACCTGCTCGGCGCCGTAGTACTCGTCCGCCGTGATGTCCAGC
 GTCACCACCCAGTTCGCGATCGGACACGGTGCAGCACGCGCGCCGTGGGGTTCGTCGCCATAGCCGCGCCGGGAATCTCGTA
 GATGCCCGCGCACGCGCTGGCGTAGCTCGCCGGTGGAGCGCGGTTAGTTCGTAGTCCGCGGAAGGAAGCCTGGCAGGACG
 GGGTGGAGTACGGCGAGAGCGTGTGGAGGTTGCGCGAGTAGTCTTCTTCGCCATTGGTTCGCCAGCCGTTTACGCTTGG
 AACACGTAGAACGTGAACGCATAGACCGATTTCGGGCGGCACTTCCCACCACTTTCGGGTACTGCCAGAGCGCAGGTCGGG
 CGGGACGTGGATGGTTCAGGTGCGCGGGCGCGCTCCACCAGCCGCCGCCATGACCAGGGCGACAATGACCAGCGCGCCCG
 CGCCAGGCGCAAGGTCTTGATGTGCGCCTGCAGGTGGGCGATCTCGTTCTTGAAGCGACTCATCGCATGCTCCTGCGGG
 TGGACCAGAAGCCCGAGCGCGAGATCAGCACGTGGCCGCCACCCAGCCGGCCATCAGCGGATGGCCCGTTGCGATGCGC
 CACTGCAACTGCCGATAAAGCCAGGTGTTCGGGGCGCCACGCTTGAAGCGGCGCAGGATGCCGCCGCGATGAACACGCC
 CAAGGCCACGCCAGGACACGAACGTGCGGTGCGATGCTGCGGAAACACCCAGAAAGCGGCGCGCCGACGACGA
 GGCAGCGCGCCGCGGACAGCCGCGAGCAGATCCACAGCTGCTCGGCGGTGAGGCCGCGCACCAACGGATGGCGGTTG
 AGCCGGTGCAGGAAGGAACGTGACCGTCCCGTCCGACAGGACGTGCTGCTGCTCGGACATACCCGCTCGCTTACAGGAT
 GCCCGTGGCTTTCGGTGCAGCAGCAGATGCCGATCACGAGCAACACGGCGCCGATGGCGACCGTGAGGCCGAATGGCCCC
 ACGTCTTGCAGCCGGTGTGGATCTCCGCGTAGGTTCCGTAGGCGTGGTAGCAGACGCCGATGAACATCGACGCCACCACC
 AGCAGGGCCACGAGCATGATGATGTGCTAGCCGTAGTTGCGGATCGTCTCCATGATGCCGTTGCGGGTGGCGCGCGTGGG
 GTTCTCCAACCTGCGGCAGGCCTTGCGCGAACGACAGCGCGGGCAGCGCGGCGCCAGGGCCATGGCGGCGCGTGGG
 CGAGACGGGAAGTGGGATGCGGTTGTGATGGTTCGGCCCTTTCAGGTGAGGACAGAAGGAAGAACTCAGGACGAGGTA
 CATCGCGACGAAGCGGATGCAGACGCCGAGGAACTGGCGCTGGTTGAGGCGGCTCTCGGACCACCCACGTAGGCCGTTT
 GGATGGCCAGACGCCCCACACGAGCAGGACCGCGAACACGACGCCGACCAGGACGGTTCGCCATTGCGGAAGGCGCGATG
 CCGCTGTTGGCTTGAATGCCGAGACCTGGGGCGCGTTCATTGCTTGGCCCCGCGATCGTCCCGGCGAGCGGCTCGGCC
 GCCCGCTCGGTGCGGTAGTGCAGGCCAGTTTCGGAGGGTTCGCGCGGCTGAGCGCGCGATGGCGTCAAGTGGAT
 GCCGGCGCGAACGCGCGCCAGGTGAGCCAGCAGCCGCGGGTAGTCGAAGTGGTAGCGCTCGCCCGGCTGGATGGGGGCAT
 GCGCGGCGCTGTCCGCGACGGTGCCTCCAGCGCGTTCGAGCTGGCGCAGTGGCGGACCGCTCCTGGCGCTGTGCCGGA
 GACTCGGCCAAGGCCATCTGGGACTGACCCAGCAGGAGGGCCGTACAGAGAAAAGTGGGCACGCCGCGATGCGCGGCGCG
 CAGCCAGATCGAAGCCACCATCGCGCCATTCTGTGTGATCAGCAATGGGGTGTGTTGGAGATCAGGGCTGTTTTAGGC
 CGAAACAATAGGAACGGCGGACGACCGGATTTGGGCATACCGCGAGCGAACCTACAAAAGCCCGGGTGGAGTTTCGATT
 ATTCGTTTTTTCGAGTGTTCGAATATGATCGGCTGCAACCGTTTTGCTTAGGAGCTACCATGACCACCGCCACTG
 CCAATCCAAAGTACCTTCCCGCGGGAGAGGTTAAGCGAGCTCCAGGGTCAACGTGCTTGGCGGCTTACCTC
 GCAACCCAGTTTCGAGACGACACATCCAGATCTTTGATGACCACAAACAGGCTCATCAGTGGGAACCTGCCACCTCGGC
 TTTACGCCTGCTGGTGCACATCCTGGCCGAGTTGGCCGATGGCAATGCAGTAAAGGTGGTGGCCCGTCCATGCAGAGCTGA

CGACCCAAGAGGCGGGGACTTGTCTCAACGTGTCCCGTCCCCATTTTCGTCAAGCTGCTAGAAAGATGGGGTGTGGCATTTCATCGCACCGGCAAGCACCGCAGGGTGTAGGTTTCGCCGATCTGATGCAGTACAAGGAAGCGCGAGCGCCAGTGTAGCAGGCGATGGCCGAACCTCGCTCAGCAGTCGCAAGAGTTGGGAATGGGATACGAATGAGGCATTTCCCATTCACCGCCGTCTACGACGCGTGCCTTCTATATCCCAGCCACTGCGGGATTTTCTGATGTGGCTCGGCCTGTCTGGCCGCTTCCGGGCGCGGTGGAGCCAAGCCATTCATGAGGAGTGGAAACGCAATCTGTTGATCAACCGCCCCGATCTCACCCGGGTTCAAGTGCACAGGACGTCGGATCTCATGGACAGGGCCATTCCGGACGGCTTGGTGGAGGGCTACGAAGCGCTCGTGGCAGGCTGACATTACC CGATCCGAACGATCGGCACGTCCTGGCTGCGGCGATTTCGCTGCGGTGCGAGCGTGATTTGTGACGTTCAACGAACGTGATTTCCCAGACGATCTGTGGCTCCGTACGGCATCGAATCGCAGCACCCCGATGAGTTTGTGGACAACCTGCTGGATCTGGATGCGGCGCGTAGTGTTCGGCTGCGCAGCGCCAGCTGCCAACTCAAGCATCCGCCGATCGATGTGGACCCGCTATCTCGA AATCCTGCTGCGCAAGGCCTTGTGCAAACGACCAAGGTGCTGGCGACCTATCGACCAATCTCTGACCCCGCAGAGCCACGGATGACCAAGAATCCTTTCATCAGACGCCACTTTGCCGAAAGGCATCCATCGAAGCTGGAAGCTGCCGGATAAGTCGC TGGGTGACTTGTGGGATTCGATCGTGATGGACGAAGCCATCAAAAAACAGTTGCTGTGCACAAGCGATCGTCAACTTCACG GTGCGCCCCAAGGTGGAGCGCACGGTACTCCCCCTGCACGGCGTGATCTTGTGGTTCGGCCCGCCGGGGACTGGGAAGAC CTCCTTGGCACGGGGCTTGGCGCATCGTGTGGCCGAATCTTTTTCTTCTGCGAAGTTTCGATTGCTGGAAGTGGAGCCTC ACACGCTGACGAGCTCTGCAATGGGAAAGACTCAACGCGCCGTGGCAGACCTGTTCTCGCAATCGATCGCAGAATCCGCA GCGGCGGGCCCGACGATCGTCTTCTGGACGAGGTGCAACGCTTTCGGCTGATCGAGCGAAGCTCAGCCTGGAAGCCAA CCCGTTGATGTGCACCGGGCCACCGACGCGGTGTTGGTGCAGTTGGACATGTTGGCCGAACGCAACCCGCATCTGCTGT TCGTGGCCACCAGCAACTTCCACAGGCCGTGCACAGTGCCTTCTATCTCGTTGCGACATGTTGATGGAGTGCACCTG CCCGGCAAGGATGCCTGCAAGCAGATCCTAGTGGACTGCCTGAATGGCCTGGCAAAGACATTTCCGGGATTTGGCAAGCT TTCCTCGGCTCACAGTTCGACGCGTGCCTGGCGAGTGCCTCGGATTGGATGGTTCGGGCCATTCGCAAGGTCGTAGCCA ACGCCCTCGCGGCCGACCCGCAAGTGGCTATCGATCCGAACAAGCTTTCCGTAGAGCACTTTCGCGAGTGCATACGACAG GCAAAGCAAATGCGCCTTCAAGGAGGGAAAGCAAAAATGACCACCGTTGTCAGCCGGACGTTTCGCGAGTTCGCCGACCCG C GATGCGTTGCAGACATGGGATGCCATTGTGCAACTGCTCACTCAGGGCAAGGACGGCACGGCTCGCTCTGAACTCAGGGC CGTGACGGGCGTGGCCGCCAGCTTGCATCGCCGACCAGGCACCCAAGAGCGCGCCATCGTTGCGACATGCGATGGACCAC GGACCAGGATCTACTGCCTTTCGACGAAGACGCGATCTATGGTGTGATGCCAACGAAGAAGTCTTGGGGTTCGAGCCG TTCTCGCATCATTGACGCGGACTTGAGCCAAAGGAATTGCCACGACGCGCAGGCGGATGCTGGGCAAGCGCTGTCGCTCG ACCTCGGAGGTTTCTCAAGTCATGAGCACCGTGCACCACTACTCGTACACGCACTCGGTTTACTATGTGACCCACAACA TCCTCAAGAGCTTGAAGACATCATCCTGCTCAGTGGGCTGGACCCTGAGCACTTTGCGGATCGCTGGGAGAGCAATACC CGAGCCATCAAGACGTGGCTCGGGACCGGTGATCTGCGCAAGGTGATTTCTGGAGATCTACAACCCGGCAACCGACAAGCT CGTGACCCGATGGGATATCGACATCGTGTATGGGTGGTCCGATGGCGACGGCAGCTTCTGGACAGATACCGAGCAGTTGA AGTACGCGATCAAGAAAGCTGGGCTGCTGCCATCGCAGGCCAAGTACAAGTTAATGCTCGATACAAAGCCAGGGCGACCT GATGTGGAGGGATGGAGCAAAGGAAGTTATCGCTCGACGGATGGAATGGTCAAGCAGAGCCTAGGCTCGACTGTGCAACA CAGCGCCCTGGCGGGTTCAGGCCGGATATTGGAGGCAACGCTGATGCTGTGATCGATGAAGCTTTTCGCAAGTTCAAGTC GCGTCTGGAACCTCAACGAACGCGAACAAGAATGCCTCGCAACGCCAGAACGAAGTTCGGGACTACCTGCAGACCAAGT TCGGCATTGCGCGCAGCTTCTGACCGGTTCTATGCTCGATACACGAAGACGAAGCCGCTCAAGGATATCGACATCTTC TTCGTGCTGAAGGACTCGGAGAAGCATTACCACGGCAAGGCCGCATCGGTAGTGTGGATGATTTCCACTCTGCATTGGT GGAGAAATACGGTTTCGGCGGCCGTGCGCAAACAGGCGCGCTCGATCAACGTGGATTTCCGGTGTTCACATCGACGCGGAGG ACAACACGGACTACCGGGTGGTTCAGCGTGGATGCGGTGCCCGCATTCGATACCGGGCAGCAGTATGAGATCCCCGATACG GCGTCCGAAAGTGGATCAAGACGGACCCGGAGATCCATAAGGACAAGGCGACCGCAGCGCACCAAGCCTATGGCAATGA GTGAAAGGTCTCGTGCATGGTGAAGTACTGGAACAACAATCCCAAGCACGGCGATCTGAAGCCGGTGAAGCCCTCGT TCCTGATCGAGGTAATGGCCCTTGAGTGTCTTTACGGCGGCTGGGGAGGATCGTTTCGATCGCGAGATCCAGTCTGTTCTT GCCACGCTTGGCCGCTCAGTTTCATGACGAGTGGCCGATCCCGGACTTGGCCCGGATCGCAACGATATGGATGC CCGCGCAAGACGCGCAGCAGCTGCTGTTGCCAGGCGCAAGCAGCAAGCATGCCATCGACCCGCGTCTGTCGCAATATCGAAGCGCTTCGCGCCTGGCGCGCACTGTTTGGCCCCAAGTTCCTACTGTTCCATCGCTCGGCTTCCA TACACGTTCCATCGAGGTACAGCATGTCCCAGTGGTTCGCTTTCCAGCTCCTGTGCTCCCTGCATGAGGACATCCAGCAG CGCTTGTCCGTAGTACGCAAGACCTTCGGTTCACCCGGGTACGAAGGGGGATGCGAGCGAGAACGTTGGATCGACATGCT GGATACCTATCTGCCCAAACGGTACCAGGCGGCCAAGGCGCATGTGGTGGACAGCCTGGGGAACTTCAGCCAGCAGATCG ATGTGGTGGTGTGTTGATCGGCAATATTCGCCTTTTATCTTACCTACGAGAACGAGACGATCATTCAGCCGAAAGCGTG TACGCCGTTTTTCAGGGCAAGCAGACGGCTGACGCGGGCTTGTGGCCTATGCCAGGAGAAGGTCGCCAGTGTGCGCAG GCTGCACCGCACGAGCCTGCCGATCCCGCACGCTGGCGGGACCTACCAGCGAAGCCGTTGATTCGATTTCTGGGTGGCT TGCTCACCTTCGAGAGCGAATGGAGTCTGCAATTGGTCCATCCATGGACAAGGCGCTGAACGCAAACCTCACCGAGGGG CGTCTGGACATCGGATGCGTTGCCGCCACGGGCACTTTTTCTATGACCAAGCCAGCGCGCTACAGCTACACCAACGA AAACAAGCCGGCGACCGCGTTTTCTTTTCAAGCTGATCGCGCAGCTTCAGTTTCAGTGGAAAGGTTCCCATGATCGATGTGG AGGCTTACGGTTCAGTGGTTGACCAAGTGGAGGGGGCGCTGTGGCAAGCATAACGTTTCGGAGTACCACCGGTTCTGGCGCAC TTGGCGCAGCGGCACGTCACGACGACGTCGCGCCGGCTGGCGCACCTGGTGTGCTCGATCACCTGCAGCCACTGGCCGAGGT CCGGTGCTGCACGCGGGGGCGCTCCACGCGCTTGGCGCCGCTGGCCATCGCGCATCTGGCGCAGATGCCTGTGCGCTACG ACGGGGACGCGCGCGGGCCCCGAAAACGGGCCGGCGCTCGGGCGACTGCACCAGCTCGAAGTTCGGGCCGTTTCGAGGATTC ATGCGGCAGGAGAGCTTCGACCTCAGCCATGACATCACCTTGGTCTACGGTGCCAACGGCACCGGCAAGAGCAGCTTCTG CGAAGCCTTGAAGTGGCCATGCTCGGTTTCATCAGCAGGCGAAGCGAGGCGGTCGACCGGACGTAAGTACTGCAACA ACCTGCTGCTGCGCCGACGTCGCGCCAGTCTGCTGCTACGCGCGGCGGCGAAGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGAA GCTGAGTATCGCTTCTGCTTTCATCGAGAAGAACCCTCGACGATTTCCGCCGAATCGCCGCGGACCCCGCAGCGATCA GCGCCAGCTCATCGCCACCCTGTTTCGGCGTGGACCAGTTTCAGCGAGTTTCGTGCGCGGCTTCAACCCCTCGCTCGATCAGG

ACCTGATGCTTGCCGGCGTGCAGGGCGGCGCAGCTGGCGCAGCGTCGCTGCGGTTGGCGAACTCCGAACAGACCATCGCC
GCCTACCCGCAGAAGATCGCAGCGGTTCGAGGGCCTGGAACAAGCTTTGGCGCAGCGCATGTCACCTGGCGCGACCTATCA
AGCCTGCGTGGACTGGCTGCTGGGTACGCCGCAGCAGCAAGGACGGCTACCGTATGTCCAGGCTCAGCTGGACGCCAACC
CGCCTGCCATTACAGAGGTGACCCAGGCCCGCCTGCAAGCGTTGCTGGCAGAGGCTACCGCGTCCAGGGACTGTGGCAA
GCGTCTTCCGCGCAACTCGCGGGCCGCGCGGGCGAGGTGTCTGACGCGAAGCTCTACGAGGCGGTGCAAGCGTTGGCGGA
CGGGGCGACCGCGTGTCCGGCATGTGGAACCGGACTGGCCGCTGTGGCACAGGACCCGTTCCGACGGGCGCGAATGGGCC
TGGAGCAGCTCGCGCAACTGGCCGTCCTGCAGCAGCAAGAGGCCGGGCATCGGACGCAGTTGAGCGAGGCGGTCCGAGCG
CTGTGGGACGAAATGCGCCGCGTGGTGGCGGGCTGGGGTCGCTTGTCTGCCAATCGCAGGCCGCGGGCCTGCCACT
GCTGCCCTCCACGTCCGGCGGCAATTGGCTCGGCGGCTGGGTGAATGGGGACCAGCGCGCTGGCAAGCCCTCTTACGGA
TCGCACAGATCATCGAAGGCTTCGACGCGCAGGCGCGCAGCTGCATGCCACGCGCGGATGGCCAGCGCGGATGGCCAGGCGGGAC
CGCCTGCAACAGCATCAGCTGGAGATCGAACGGCTGCGGACCATGCGCACGACTGCGGATCAGGAGCTGGCGGGCCGCGG
CCAAACCGTGGCCCAATTTCGACGACGCGAACCGCGGCTGATCCAGGCGGCCACGGACGAAATGCCGGTGGTGGTGCACC
ATCAGCGGGTCAAGGCCGCTACGACGGCTTCTACCCGAGATTTCAGGCATACCTGACCGCTCTGCCGGGGTCTTGCTA
CAGGGGCTGGGAGACCAAGCCCGCCATCTCTACAACGCATTCAACCGGGCCGATCCGCCCGGCGATCTGCTGCACGCGCT
GTGGTTGCCCGTGGCCGAGAACGGCAAGATCGAGGTGGAGTTCCGCGGCGAGCCGGGCGTGCCTACGACGCGTTGATCG
TCTTCAGCGAAGGGCACATCAAATGCTTGGGTCTGGCGATTCTGCTTGCCAAGAACCCTCGCGCAGGGCTGCCCGTGGTC
ATCTTCGATGACGTCGTCAATGCGATAGACGACGACCATCGCGATGGCATCTGGCGTACCTTCTTCGAGGACGGTTTGT
CCACGGCAAGCAGGTTATCTCACCTCGCACGAGAGGAGTTCTGACCCGCATCCAGCAGGAGTTGGGCGTGCGCCGCG
CCGCGGCCATCAAGCGCTACAAGTTTCTCCCGCATCAGGGAGAGCACGAACTGCGGGTGCACAGCGACCCGCCAGCGAAG
AACTATGTTCTTCTGGCCAGCAGGCGTTGGCGGCTGACGAGAAACGCGAGGCACTGCGCCAGGCCCGGCGGGCGCTGGA
GAGTCTGACGGACCGCCTGTGGACGTGGCTGGGTCCGGCGGGCGGACGGCCGGATCGACATCAAGCTGAGCGGGCCCGCG
CGCCTTGGGAGCTGAACAATAAATGCACCAAGTTGCGGTCCGGCTCGAGCGTATCGCGGCGCAACATGCGGGTGCGCCG
GATGCCGTAGGGGCGTTGGTCAGGCTGCTCAATGTCAGCGGTACGAGTATTGAATGGGGTTACCTCAATAGCGGTGTGCA
CGACGCTCAGCGCGATCATGAGTTGATCGGGCGACGGTAAGAACGGTCGTGAGGCGGTTACGGCGTTGGATGCTGCTC
TTGATACCTTGACAGAACCGATGAACGGCACACGGCTTTGCAGAGCAGTCCCGCCGTTGTCACCTCATAAGTACTTCTTGA
AGTCTCCGCGGTGAGGCTGACCTGCCATCCCCAGCAACGCGCGCTGGGACAGCAGGATGACCAAGGATGCACCGCTATG
GGCAGTGCAGATAGGTGACCAAGCGCAGCAGGCGCAACGGCATCAGGCTGGCCTTCGCGCGTGTAGATGAAGCCGGA
TTCGCGGGCCGCGCCGAACCGGCGCACATCCCGTTCGACACCAGGCCGTCGATCAGGCCGACGAATGCTGCAGTGAAGATCA
GCGGCAGCGTGAAGTACCAGGACCAGCAGGCGCACAGGAAGGTGAGCGTGTGAAGGCCGACGCGATCAGGTAGCTTTTCG
GCCCAGACATAGACTTGGCTGATGTAGTAGCGGAAGTTGCGGCTCTGCCCGTGGCTGGCCGCGCGGGCGCGCTCGGGCGT
CTGGCTCATGCGCTCCAGCAACCCCGAGCGCACGAACACCCACTCGTACCCGGTATCCACCAGCTCGTGCGCCGCGCGCC
CGGGCTCCTGCACCACCACGCTGCGCGTGAAGTGGTTGGACAGGTGCCGAGTTCGTAAGTGCAGCATCTGCTGGGAGTGG
CGCCAGCCCTGGTCTTCCAGAACAGGTGCATGCCGACGACTCCACCACGATCGAGAACAGCAGCGAGCCGATGAGCAC
CCCGAGCAGCCGGAACGGCAAGGTGATGGTGGCGACGATCAGCCCTGGCGCTGGTTCTGCTCCCGCTGCGCGGTCGAGG
CGGCATCCTTCATGGTGGCGCTCGCCGGTGTGCTGCTGCGCGCCGGTGGCCACCGCTCAGGCTCGGCTGGAGCGGCGT
CATCCAGCAGGTGCTCGGGCAAGGCTGCATGCGGCAAGGCTGCGGAACTGGTGAAGTCCCACCCTGCGTGGCTCGCTG
TAGCTCTGGCGCATATACCCGGCCAGTTGCTGCAAGTCCGTCGGCATCACTTCATCGGGGTCTGGCGCCGGAAGCGGCAT
GCGCACCTTCCAAAGCTGGCCGCCCTGCAGCAGCGCGAAGCATTGGCCCTTGGGCGAGCCGACGACGCTGTGACGGCTCGA
TCATCGGCACGCTGGCCATGCTGATGCGGTCTGGGTGTTGACGTTGAAGTCCGTCGCGCCGCGGATGCTGAGCTGTCC
GTCGCGCCCGAGACGATGGTGGTGTATAGACCTCGACCTTCGGCAACTGCCTCGTCAGCAGTTCCGCGGTGGCCGCTC
GCGCACGCGCAACATGAATAAATTGTTGAAATTCCCAGTCACTTGGCCGGCTTCGCGCGGTTGCCGATGCGGGCTCGA
TGTCCGAAAGCGTTTGGCTGTAGGCGGTGACTTGCAGGCCCGCGCCACCGCCCTTGTGATGAGCGGAATGAACTCGTCA
CCCATCAATTCAATGAACTCGTCCGATGCACCTGTATCGGCACGCGCACCCAGCCGATGCGCCCGGCGAGGCCATCGT
GATTCGCTGCTTGTAGATGTGCCAGCCAGCCAGAGCAGATCGTGAACATCGAGTTGCCAGCCGCTCGGCGACCTCCG
CATCGGACAGCGCTCCAAGCCGACATAGACGACGCGCGCTTCTGATCACCTGCATCCAGTCCAGTGAAGATCGGGCGCGG
TCGGCCAGGTGCGAGTAGTTCCGGCGCCAGGAGCTGGGCGATCTTGGCGCTCGTGAGCTTTTCCAGCAGCGGCAGCAGCGA
TGCAACGATCTTGTGCAAGTAGGTCTTGTGCTAGCGCACCCCGAGCGCAGGCCATCGAGCACAGGGTTCGTAGTTGCGCG
CCTGGGAGAGGTATTGCTCCAGCGCCACCACAGCTTCTCGCGCCCGATCATGTTCTTGGGATGTTCTTCTCGTTGAGC
TTGGCCTCGATCTGGACGATCACCTCCCAGGCTTGGGCTCCGCTTGGCAAAGTAGTGTGGGCGTACTCAATGAACAG
CGCGTGCATGTTGATGACGTGGCGCTGGATCAGCATGTAGTCCGGGCGCTGCCCCAGTTCACCAGGGCGCGGGCGATGA
TGTTACGAAGCGCCATGCGAACTCGCGGAACCGCGCTGTTGCCCTTCGCCGAGAGCTGCCCCGCGATGCGTGTGCC
ACTTCCGAGATCCGACCGAAGCGGGCCACGGCGTTGTAGCGGGCGCTGATTTCCGGCCAGCCCAAGTGGAAGATGTAGAA
CTCGCCTTCGCGGCCAGCGCGCTGGGCTTCGACGTACATCCGTTTCAAGAGATCGGCATCCCCCTTGGGGTTCGATGACGA
TGACGACCTCATGCTCGCCGGCAGCATTCTGCGACGGATGTCTGCGTGACGAACAACCTCGGCCAGGCGCGTCTTGCCC
ACCCGCGTGGTGGCCAGCACCAGCGAGTGGCCGACGCGCTCGCCAGCGGCAGGCTGACGTTCACTTCGTCGGGCTCGAT
GCCGTGCAGCCTTGGCAGGCCGCGGACAGGCGGCAACGGGCGCACGGGGTTGAAAGGCGCGTCCAGCCGGTGGAGCTTCG
GCAGGCGCGAGAGCGGCAATGGCGCGAACTCCAGCCGTTCTCCAGGCGCCTGGTCAGCCGGTAGGCCGGCGTCGGCTCG
ACGTAGCGGCGGAACTCGGGCCGGTACGTCTGCATCAGCCGATGCGTGTGCTTCTGCTCCAGAGAAAGCCGCGCCCCAC
GAATAGGCGCTGTGGCTGACCGGCACGTCCTTGTGGTTCATCAGTAACCGGCGAGACGGCGGATGTTGCGCCGGTAGC
GCAGGATGATCGGGCATCGGGTAGCGGATCGCGCCGATAGCGCCGCAAGGCGTGCAGTGCATGCCCCGACGGTGTATAGTCCACCG
CTCAGCGCGAGCACCATTGGGGCCACCAGGCACGAGAACCGCGCCGCTGCACACGCGCGACGGTGTATAGTCCACCGC
TGGGCGTAGCAGAACCCTCGACCGCTGTTTGGCCGACATGGCTTCAATTGCTCGATGCCGCTGATCAGCGCCGCGG
TAGTGCCGCGAGGCCAGGCGATCGGCCAGGTGCTCGCCGGCCACGGGCGGAGCGGCACGCCCGGCGAGGCGCGCAG

CCGCGCCAGGCCCTGCGCGGTCTCGACGTTGACGACCAGGCCGACCGCGCCACGTTTCGCGCAAAGCGGCGGCGCGGCGCT
 GCAACCAGGCCCGGGAAGCCTCGTTCGTCGCGGATGACCACGAACGGCCGAGGCCGGGCGCTTCGATCACCCGTCGCGCG
 ACGGTGCCGGGCGTGAGCTTGGCGCTGCGCACCGGCAGCATCGCGGCTTCGTCCGCCCGTGTGGCAGGAACCTGGGGCGT
 CGGGATGGACGGCCGCGCCGGTTCGCTTGGCGCGCGGCTGGAGATTACAGGGCTTCGTAGTACGGCAATGCCGACGTGCCGC
 CACGGTCTCGACAACGATCAGTGGCTCGCCGGCACGCGAGGCCAGCGGCAGGCCTGACAGCAGCATGAGTAGGCCCGTG
 AACCGAGATGGGCGGGATGGGGTTTCGTCATGGGGAGGTCTCTGGCGCGCCGCGAGGACCAGCGGCGGCTGGTTCGCGTG
 CCCTGCACGCGGGCAAGGTGGCGCGACACGCTGCGCCGATAGCGGGCGGCGGGCTCGCCGCTCGGGGGCGGTGGTAGCG
 GCCGATCGCCAGCAGCCAGTCTCGCCGGGGTGTGCTGCTCCTTCAGGATCTCGGCGGCAACGGCCAGGTTGCGATACG
 GATCCAGCAGGTGCGACGCGCCGGTAAAGCGGTGCTTGTGGTAGCCGAGGTTGATCTGGCCAGGCCCGCATCAATGCGC
 GTGTGCGGCGTGGCGCGCATCGCCTGCTGAGGCCAGCGCAGGCGTGGCGCGCGTGGCGAAGCGCGCATGGCCGGC
 GACGTTGAGGGACCACGGCCACGGCACGAGCGCCGTTGCGCCGATGCCGCTCTCTGCAAGGCCACGGCGTAGAGCA
 CGGTTCGAGGGGATGCCTGCGCGCTGGGCGGCAAGCTGGTAAGCCGGTGGCGGAACCTCCTGGGCCAGGGCGGCAACGGCA
 TACAGGCCGGCAGTGCAGCAGGAGTGCAGCGCAGGGGCATGGCTACGGCTGGCGCTGCCATTGGCCGTTCACTTCGCGCACG
 GCGGCGGGCAGATCGCCGGGCGAGGCCAGTGCAGCCAGCGGCCCGTTCGTGGTTGAGCGTGATGCTGCCGGCGCGCAC
 GCGCGCCGGTTCGATCTGCGCGCGCTTGGCCAGTGCAGGATGCGCGGTTCATCCTGGCGGCTGCCACCATGTACAGGT
 CGAATCCGCGCCCGAGGATTGCAGGCGCTGCAGAGCTGTCCGAGGCTGCGCAGCCGCTCTTGCAGAACACCGCCATG
 CGGCCGCTGCCGCGCAAGGGACTGCTGGATGGGCCGGCGCCCGGCTTGTGCTGGGCGAGGTTACGCGCTGCATCCCCGG
 ATTCAGGCGCTGCCAGGCCTCGTTCGTAGGCGCGCTGGTAGGCGAGCAGCTTCTCGACGCGGCGCGCTTCCACCTGCACCT
 GCAGTTCGCGCATAGCGGCGCCGTTCTTCGTCCGTGCGAGCTTCGATGCCAGGGCGGACAGCGGTTCCAGGTTGGGCGAG
 TAGATACCCAGCGGCCCATCCATCAGCTCGCGGTAGCGTGCCATTCTTGTGGCTGCAAGCCCCATTCCGTTGCCACCCG
 GTCGTCCAGCACGCGGGCGGCCAGCGGGCGCTCCTGGCTCTGTGCGTTGCGCGCCGAGGTCGTTGCGGGCTGCTGCGCCC
 AGGCGGGCCATTGCGACGACGCCACCAGGACCAGGAAAAGGAGGATCGACGGCTTCATGGGGTGCTCCGGTCAGGGAAATC
 GCCACGCGGGCGGTCTGGTTGCCGGCCTGGAACACTGCGGTGTTGCCCTCGATCGCCTGCAGGCGCCACGGGCGGACCGC
 ATCCCCGGGCGAGCAGCACCTGAAGTTGGGCGGGCGTGAAGTCCCCGATGCTCGGCGGACGGACACGCTGCGCTGGCCGG
 CGCGAGTTCGGCGCCGACGACGCGGAATGGCAGCGCGGCGAGCTCGGTCTTGGAGGCGGCGGACGTGCGCGATGCGCGC
 CGCTGGGCGGGTGGCGTGGCAGCGCGCGGCTTGGCGCGCTTGCATCTGCTCGACTCCGCGCGCAGCTTGGAGGT
 GTCGGCCGCTGCGTGCCTGAGAGATTTCTCGACCTGGGCGCGCGTCTTCCAGAATCTGGCGGGTGTCTTTGAGGT
 CAGCGTCCGTCGCGACGGCCGGGCGCTGCTGGATGGCCTCGATCGTCTCGGCCAAGCCAGTTGCCTGCGCTTCCAGGCGT
 TGCAGGCGGGAATCCAGCCGCTCCTGGTTCGGCCTGGTTCGCTGAGGGCCTGGTAGCCAGGGCCGCAAGACGCTGAGGAA
 GATCAACCAGAGCCACATCAGGCTCTGCACCACCAGGCGGCGGTTCGATCGCTGGGCGAGGTTGCGGGGCGTTCATGGCTG
 GCCTCCCGAAACCATGGGTGCCAGCGGGAACGTTGACCCGCTCGGTGGCGGGTGGCTCGGATGGGGACTCGGCGACCG
 CGCGATCGCCGGGCGCTCGAAGCAGATTTGCCGTGCGCGGTTCATCCGCGTGCAGTTCCAGGCCGGGCCAGCCAGCGTG
 AGCAGCGCATCGCGCAAGGTTCATGGGGCCGAGGTGCAGGTGTACCGCCGCAACGGCAGCGGTACAGCTCGATCACGGC
 ATGCGCGGTCTGGCACAGGCCATAGCCGCTGCGTTTGCAGCAGTGCAGGAAAGCCATCCCCGACCGTGGCGGGGCATCCT
 CGGGCATGGACACGTGATGGTCTGCAACAACAGGTGCGGCTGCGCCGCCATGGGTGCCAGTTTCGACCAGTGTGTAGCGG
 GCGTAGCGCACGACCGGGATGTACTCGGAAGCCTCGGGTTCAGGCGCGGCCAAGACTTCCGCGATGGTGTGCGGCGCGAC
 CGGCGCAGTCTGTCGCGCAGCCACCAGCCAGCACCAGCACAGCAGGCCGAGAAATCCCGCCAGAAAGGCGGCGTTCGG
 GATAGTGAAACCACGGTGGAGAGGGGACATAGCTCGGCGTCTGAAACATCCAGCCCTCACCATCGCCGCTCAGGCCGC
 GAGCGGCAGCAACAATGCGAACAGGCGAGCGTCCGATTTACCGGGAGCGGCAAAAAAAAAACGGCCCCGAAAGGGCCGTAAG
 TGGAACGTGTTCATGCGGCGACAAGCTGCCGGGCCAGTGCAGCTCGACGGAATCACCGTCTGGTTTCAGGACATCGAGCC
 CGGATTCGGGCGAGTTCGCCCCGAGGTGGACTGCGAGACCATGATCTTCTTGGCCATCAGCTCCAGGCGAGTTCATCTGCGAG
 GAACCGGCGTAGCCGAGGTAGATCACACGCACGGGTGCTTCTGCCCGATGCGCCAGGAGCGGCGTGGCCCTGCTGGAG
 CGAGTACAGTGTAGCCGACTGCATGAACACGATGCTCGGGAACCTCAACAGGTTCCAGCCCCGTTTACCAACTCGG
 GGTGGTGCATGAGCAGCTGCATGCCACGGTCCAGTTGCTCGGCGATCCAGTCTTCGCGCGGCTGGCATCCACGCTCGCG
 CGCAGCACCGCCACCTTGAAGCCTTCTGCTCCAGCAACACCTTCAGGCGCGACGTTGGTGTGCGCGGTATAGAC
 CGTGTAGGCCAGGACCTTGGCGCCCTGCGCCTTCTCCTCTTTGAGATGTCGATCAGCTCACGCTCCTTGGGGCTGATCT
 CGAACTCGTTGAACTGAGCCGGGACAAACGCCAAGGTGTTGCGCGTGCAGGATGCACCACGGTCTCCGACCGGAAGCAG
 CAATCCGGCCAGGCCAGCAGCAGCTTGGAGACCACACCCAGCAAGGTTCGATCGCGTGCAGCCAGGCTGTTTCAGCTC
 CGCGGTTCAGCCGACCCGCCAGATCGCGGTAGGCCGCGGCTTGGCGCGTTCATCGCGACTTCACGGAACTCCTCGTCAT
 ACGGCGGCGAGGACGTTGCCACCGATGTCCTTGCAGCTTGCAGAAAGATCGTGAACGGCAGGATGCAGCGCAGCACGCCCTT
 GGGCCAAACCCCGGGGCTTGCAGCTGCGCACCGATACTTGGTGCCTTGGCCGCTTGTGCGCGTGGCGGTGCTCTC
 GGAGTAGATGTCCTTCAACACCCCGTGCATGCGCATGAACGCCATCGCAGCCGAGGTCATGCTGCCGCTCGTGGTTCGGG
 GGTAGCCGTTTCGATCATCCGCCCGGAAGGGCTCGGAACAGCAGGTGGAACAGGTCGTTCCCGTAGCCGCCCATCAAC
 GTGCCGGTTCAGCAGCAAGGCTTTCGAGGCTTCGCGCCAGCACGCCCATGGCCTGGCCCTGGGCACTGCCCCCGTTCTT
 GACTCATGTGCCTCATCGGCGATGAGCAGGTGCAACGTGCCTTGGCGGAGGTAGCGTTTTGATGAACTCGGACGGCTGAT
 AGCCGCCCTCGCCAAAGCCGAACTCCATGTTGGCCATCGCACGTTCCATGCGCGTGGCCTGACGGTTCGGAAAACACCAGC
 TCGCCGTTGCCATCCATGAGGTTGATGAACTCATGGATGTTGTCGCGGAGCATGCAGCCAGGAACCCGTCACCGAACTT
 TTGCATCAGCTTCTGCGCGGTGACCTCTCCGATGGTTCGGTATGCGCTTTAAGGCTTTGAGCACGGCCGAGGACTGGTCCG
 TGCCGGACAGACTGCGCGGGCGGATCAGTGTCCACAGGGGCGCGGCGAGTGGCCGCACTTCTGCGGCACTCCTCGGCT
 TGGAGCGCATCGGTTGACCGGCTCGCCGTCAGGTCGGTGCATACCGTGCAGGTCGGGCGAGTCCGGGCGAGGCCACGTCGCC
 GTGGCGGGTGCAGCGGCTGGTGAAGACAGGCTTCCAGTGAAGCCCATCCGATCCTGACGCGCCCCAGGACGAAGAAT
 CCTGGCCCGTGGGCTGCAGCCCAACTGCTCGCGCAGCTTGCAGGCTTGCAGGCGTATCCGCGCCGTTGAGTACCAC
 ACCTTGGCACCGGCCACCGTCTCCTGGATCTCGCGCCGCCACTTGTAAACCAGGTGGGGCGGCGACAGCACCCAGAGTGC

GCGATAGCCTTCGGCGTTGAGCACGGCGGCCGTGGCAATGCCGACGGTCGTCTTGCCGCAGCCCATCTCGCCATTGACGA
TCGCAGCACGTTTCGCCACGGTCGATCAGCAGCTCGGCGGGCGGTGGACGACTTCGGCCTGGGCTGGGAACAGCTTGC
TTGAGGCTGGCGACCACAGTTGCCGGTGCCTGCGGTTGGCCGGTATAGACCGGCGGATTAGCGCTGTTGAGGGCGTC
GAGTAGTTCGTCGCCGAACCTCGCCGACAAAATCCTGAAGGCTCAGGGTCAGAGGGGAAGATTCCGCGTCGAGCAGTTCCG
CCTGTACGGGCGCGGATTAGCGGCGAGTGGTTTCGAGATCGAGGGACATGGTGTGCTCCAAAAGAAAAATGGGGCATGCA
CCACCCAGCGGGGCAATGGCATGCCCCGTGGTGGGAAGAGAATCGACGCGTGGCTGAGGGTGGTTGAAGGTGCTGGCC
TGGGCGGCCCGCAGGTGAACCGTGTCTAGTCTTCGGACGGAAGCAGATGACGGTTGCGCAGCGCTGCGAATCGGTGACG
ATGCGAATGGCGAGCCCCGGATGGATCACGTAGTGCATTCCAGCGACGCGCCCGATTGAAGCGCGCTGCTGTTCTGCTG
CCATTGGCTGGATGTTGACGTGCCCCAGTTCGCCACGGGTGTGGCGCCTGAAGTACGGGATCGGGTCCAGGCGACCCGCG
GGACCAGGCGGTCTACACCTCTGTGAAGATGAGCGCCCCGATGGGGAACGCCAGCCGCTGGCAGTAGGTTTCGATGCGA
TGCGATGCCATGGGCTCCTCCTTGATGAGTCATTGAGCCACGACACCCCTGCCGGAGTGAAGTGGCTCCGTCAGGTGGAT
GAGGATGACGATGTGGGGCTCAGATCAGGTCCCCTCTTCGGGAAGCTGGACCACCGTGGTCTGGTGGTCCCTCGCTGGT
CTTGACGATCAGCGCCAGGTCCGGCGTATCCTGAACTGCGAGATCATTAGGTTGTCTGTTGGATCGCCACGTGCTTGG
CTTGGCGTGTGGCCTCATCGATCTCGCCCCAGTCCCCGCGCACATGGCGCTGGACATAGGCCAAGGGGTGATCAGGCC
CGCCGGCCAGCCAATGCACCTTCTCGCTCAACTTCAACGTACTCGGTGCGAACAACGGTTGCTTGTGCGGCGCAGGCC
CTTGAACGGATTGGGGATCATGGTGTCTCTCCTTCGAGTTGGTACAGCAGGACGGCAGCGCTCCGGTGGATCAGCGAAT
GGTCAACACCTCGCCCCGTGTGCGGGAGCCAGGTGTCTATGTCCCACGCGCGGATGACGGGAACGAACTTGTGCGTGAGGA
TGCGGGTCTCGGCGATGGAGCCGTCTTCGCGTTCGGTGAACCTCCGCTGGAGCGTCTTGTCTTGTGGGTGTACCTTTG
ACGACGAGCACGCGCCCGTCTTGGAGCGCACAAACCCCGAGATCGCACCCGCGCCAGAGCCAGGGCGAGATGCCAGCG
GGACAAGGCCCGCGCCGGTGGACGCGAGGATTGCTGCGCAGCCCCAGGTGCGTGTCTGCGATGGCCACAAGCCTTGCA
GCCTGCCAACCTCATCGGCGAATGCTCGGGCTCCATCGTACGCGGAAGAAATGCTCTGGCTCGGCCGGGTGGCGGGG
ACGATGTACGGCAGGAACGGCCACTCGCTCGGCAGTTCTCGGCTTCGACTTCGCTTGCCTTACCTGCAACAGCAGATT
GCGCACGGCCTTGACGCCATCGGGCACCTGCTCGCGCTGGCGCACCCGGCGTCCGAAGATCACACCTGCTTGAACGCG
TCTCCACCGCTCGGTAGATGCGCAGGTCCGTGTAGTGGCGCTCAGCCAGCCGACCAACTCCGCGTCGAGCACGTAGCCG
GGGACGATGAAAACAGCAGCGCCCGCTATTGACGACGAGAGCGTGCCTGGTAGAACAGCTTTTCAAGGCGGGCAGC
GCCCTGGCCCTGATAGCCGATGTTGCCGTTGACGCTCTGGACAGGTCCCCATACGGCGGGTTGAGCCAGAGCCGCGA
AGGACTGCTTGGAGACATCGTGTCCATCAGTCCGCGTGCAGGAGTGCAGGATCGACCCAGCCGCGGATGGCGCGCCG
TCCGCGTCAAACTCGACGCGCAACGCCTTTGCCTGCTCGCGCCCGAGGGCATGGGCGGCTTCGGGATCGCCACGCCTT
GCCGGCGCAGGGATCGAGGATGCACATCGGCCCGTCTGCTGGGCATCAGTGCCTTGAAGCGCTCTTTTCGAGCGTGGGTT
CGGTTCGGGAATATCCGTTCTTGACGAAATTCGGGGCGAGCCGCGGGAACATGAGGGCCATGGAAGTCTCCTGGTTGGCG
GGGATGAAACACGGAAGTACGCCAAGGCGTGCCTCCGAGGGTGGTCAAGCCGCTACCGCTTCCGGCGTCCAAATCTTGG
CCGATACGGATAGGCGGTGAGCGCGTCTGCGGATCAGGGAGCCGAGCGCCAGGGTCAGCGCCGGCACGTGATGGCG
AGCCGATGGCCTTCCAGCGGCCCGAGGGCGAACGGAAGGCGGGCCAGCATCTCGCGGGTTTGCAGCAGTTCCAGCAGGT
CTCGCGCCAGTATCGAGCAGCGGCAACGGGCGAGGTGTCCCGCACAGCATCCACAGGCGGTCAAGCTGTGGGCGCTGT
CGCGTGGCAGCAGTCCAATGCGCTGGCGTTGGCCTTGTGCGGCTTTCGAGCAGCGCCGGTTCGAACAGCCACAGTTGGAC
AGCGAGCCGAACAGCGTCCGCGGTTACGCGCGCTGATGCGCTTTTCCAGGCGATCGACGTTGCCGATGAATACCGGGAC
GCTGCCGCCCTGGTTCGGTGTGACGTGGAACCTGGTCCAGTCCCTGCTCGTTCGCGCCCGAGGGTCAGGCCAGCGAGGAACT
GCTGGACGGCGGTGTCCCGCGCCAGATGGACAGGAAGATCAGGTTGCCCTGGTTCATCGCCGACGAGGCGTCCGGCCATC
ACGTCCGGGCATTTCGTGATGCGGTACAGCGTGAAGAAGTGTTCGCGGCATGGTGGTGTCTTCGGATGAACGGGGAACA
GCACCGCCCGTGGGGCAAGTACTGCCCCAGGGGGTGAAGAAAACCGCTCAGTCCGGCTCGAACTGCCGGGTGTGCGGG
TTGAAGTGAAGCGGCTCGTCCGCCAAGTATCGGCGTGAAGCCTTCCAGGTAGATGTTGTTGAGGTAAGTGGTTCGCGGTA
GGTCAAGTGCCTGCCGTGCCTGGTTCCTCGGTGAGGCGGTTGTGATGAAGTACGCCAGCATTTCTTCGTTCGGAGGACACTT
CGTGCCTGGACAAACTCCCTTCAACGAGTGCACCAACGAGGCGGGAAGCGTTGCCAGGATCGGGTCCATGTCGTTTCT
CCTGGCTCAGGCACTCGACGCGCGGGATGCGCGGATGCGCGGTTGCGGGTGTGCGCCCGGGCGTGTAGCGCGCAACGC
CTGCACGCCAGTTCGGCGGACTGCTCCGGTGCAGGTTCCAGATAGGACAGCGGGCACGTGTAGTAGTACGGGTGCATGGAC
TCGTCCAAGGACTTGTAGCCCCACTGGCCGCGCTTCGTTCAAGCAGATCGCAGCGGATGTAGCGCAGGGACTGGCCCGG
TGCGAGATCACGATGCACGCCTTTCGACCTTGGCGGTCACTTCGGCGACGGACCACAGCACGTTGCCCGCAGGGTGTGAG
CGATGACCTTTCGCTGGCGCGCTCGGTCTCTTTCGGTTCGATCAGTTCCGCGATCAGTTTCGGACCCGCGATTGGTTTGG
AAATACCAGCCCATGAGAGGCTCCTCGAAAAGTTGAGCTGAAGGCTCCCGTGGGGAAGAACCCCGAGCGGGTGTGAGG
AATGCCGCATCTGCGGCGAAGGAACCTATGCGTGCCTCAATCCAGTGCATCGTCTCGATCACAAACCGCCGGGCA
GTAGCCGAACCTCGATCCCGTGCAGCAATAGCCATGCTCCGATTCAGTCTGGGTTTCTGCGGTTTCGGCAGGTGTTG
CGTAGTCCCATTCTGGGCCGCGATTTTCGAGAGCCTGAGCACGTTGCTCATCCGGCAAACGATTGGCTGTGCGTTCGATC
GCCGAACCTGAAGAGCGTACGATAGTGGTTCGTAGGACAAGCCGCAACCCGCGTGGGCGTGTGCGGCGGCCGCTTTGCAAAG
GTCCCGCCACGCGGGTTCATCCAGCGTTGAACGCGGGGTATCGCAAGCGATGGTGGACATGATGAGGACCTCCAGAAAAT
GGCCAGGGCCTCCCCCGCATGGGAAAGGAACCCCGCGGGTGGATGAAGAACACCGCGCATGCGGCGTCTGCGATCACGC
AGGTTTTGGTTTCGGCCTGGCGGCTCCACTCCTGCGTCTTGAAGTCCAGCGGTAGCCCAGCTCGCCAGGCGGGCGATCT
GCGCGCGCAGGGTGCGGCGGTGATGGTTCGAATCCAGTTTTCACGGACTCGCCAGCGGCCACAGCAGGCCGAAGAGCGCG
GCGTACCGTCTTCGGTGTGTCGGGGGGCAGCGGCCGTAGCAGGCGGTGGCGCATCCACGCCAAGGGCGTGGTATCGAC
CAGCGGGTCCGCGGACGCCTGCACGGGTGCGGGCTTGGCGGGCTGGACGCTTTGGTGGGCTTGGCCGGCGTTGCCGAG
GCTGCGCCCTTGTCTTTCATCAGCGGATCGACGCTCCTGGTGGCGAAGCTGCGGGCTTGTGCGGCTGAGTTTGTGTCG
ATGCCGTTGAGCGTCATGCCGTGCGAGGCTGCGAGGATCTCGAACCAGTGCAGGCGGACCGGATAGGACTTCGGGAA
GATGTACCTGATGATGAATTCCTCGTACTTCCCTTCCGGTACTGCTCCAGTCCCGGCTTTGACCTCGAAAGTAC
CGAGGTGCGTTCGCGAGGCGGCAACCGTGAACGGGCCCTTTCGCGCGGATGGTACGCAGCGTGGCTGGCCGGGACG

ACGATGGGCGCAACAGATTTCTCGGAAGCCGATGGGGTTGCCATGATGGTTCTCCTGATGATGAATGACGGGCCGCCGAC
GGCACCCGGTGGATGAGAGGAAATGGCCTCGCCCCGAGGTGGGCGAGGTCCGCGTGGCATCACGCCTTGAGCTGGCGCATG
CCTTCGGCCAGCAGCCACAACGCCCGGTTTCAGGCGCAGGTTCTGGTTCGATGCCTTGACCCGGACGGGTGCGTGTATGCG
GCCGTTGGCCGTGCGTCCGTTTCAGGCCCCCTTTGACTAGGTTCTCCTGGACGCGGTTGAAGACGGCCCCACAGGTCGTTCT
TGCGGTTCGATCGCCGAGGGGCCAGCAGTTGGCTCTCGGTGACAGGCGTGGACTTGGCCGGATCGTCTACTTGTAGT
GCGAGCGCAGAGTTTCGCAAAGACCTCCGCTTCGCCCTCATCGAGGGTGGTGGCGCATCGCATCGCGCGGTTATGCAC
GCGCTCGAAACCTTCGAGGACTCCGTAGGCACCTTCGATCACCTGGCTGGCCACGTCCGCTTGTGGGGAACCGCGATGT
CTGCGGTGGTGTACCCGCAAACCAGGCCGTTGTGGCAGACGAACCGAAACATGCCGGCGAGCATCTGATAGCTGCTCGTG
CCGTACATGGCTGTTGAGCAGGATGATCTCGTTCCGCTCGTCCGCTGATCTGGCTTGCATGGCGAAGTCGGATGAGGTG
CTTCGTGTACTCGCGCCGGTCTTCGTTGGCAGCGCGCTGACACACCATGAAGGGCTCGAAGCCCTCCTGGCGCAGCT
TGGTCAGCACGGTTCGAGGTCGGTATGTAGGCATACCGATCGGACCGGCTCCCATGTGGAGCGTCGGCGAAGATCGACGGA
ACGACGGCACGAATGCGGTTCGTCGAGAGTGGGCGATCAGAGCGCAGGATCGGGGATTGCGGAGCAAAGCGGGATACCAG
AGACATGGCTGATCTCCTTTGAGAAATTCGACAACCGCGTGGCCGTGAGACCACCGGAACTCGGGGGATGAAATGCGCA
AGCACGCGTCTGGGGACGCGGCGTACGTGGGGAGGAAAAGCGACAAGGCCCGTGAGAGGCCGTGCCGGATCAGAACGA
AGCAGCCAATGCCGGCTCCTGCTCCTGGACTTGCCTCGGGCTCGCGCTCGGCGGGCTCGTGGCCGTGTCGATGGCAT
CGTCCGCTTCGGACGCGGATGCGTCTTCGGCCGGCGGCGCTCGGCTTGCCTGGCTCGTGGATAGACCTGGGTGCCG
TCGATCTTGATGAGACCGATGTGGACCAGCGTCGATTCCAGGCTGGCGGCCGTTCCCGGCGTCTCACCTTGGTGGC
GATGTACGGATCGATCTTCATGTGCTTCAGACGGAAGGCGATCAGCACCTTGCCTCACCTCGACGGCTGAACGCACC
GGCGAACAGGTGCTCGGCTTCGGGGTGGCGACGATGGTGTGGAAGTACCGATACTCCGTTTCATCGACAGGCCCGGCC
AGTGGCCGCGACGGTGAAGAGAGGAACGAGTGCACGCTTTTGGGGTGACGTCCTTCACACGATTGAGATAGCCGATGCC
GCGGGTGTCAACTCGTGTCTCGATCGAAGCCAGTTCGGCCCCGTCGATCAGTTCGGCCTTGAGCAGTCGCGCCTTGA
GGGACGCGGGCGGCTGACCCTTCTGCTCACCTTGTTCGCGGATGTACACATCGCCCCACAGGTCACCGAGGCGAAAGCGC
ACCAGCGGGCGCTGCTTGGGATCGTCAACGCCGATGTAGCGCTGAACGAGCTTCTTGGCTCGGCACCCGAGACCTTGAC
GTCGAAGTAGCGGTAGCTGGGGTCCCGGGCGGGGCCGACCAGCGCGGCGATGGTGCATGCCAGGAAAGGCTGCGCACGGC
GGCCGCCCCGACGGGCACTTCACGGACACGCTGGATGTAGCCGATGCCCGAGGTGTGGAGGTGCAAAATACGATTTCTCG
TTGGAGTGGTGTTCATGTTGAATCTCCATTGGGATGAAGCGGAGACACACCGGCCACGCATCGGGGGAAGGTGCGTGA
CCCCGCGTGGTGTGATAAGGCGAAAGCATCCGCCACCAGAGGCTGGTGGCCGCTCGCGGAAGGATGCGTGCAGTGG
CTCGGTACGCGAGTGGGAAGTGCGCCGAACCTCGAAGACCGATGGTTGCCTGGCATGTGCTGACGCTCAGCAGGCA
TGGGGCCAGCATGGCGGGGCTCGCGCGCGGCGAGCAATCAATCGGCACCCGGGCGCTTCCCTTTGTCCGCGCCACCCG
GCGCCTGTACAGGCACTTGGCGCCGCGCAGGTGCTCGGGGGTATCGGCGCGCGGACGGCCGGGACGGCTCCAGGCGCCG
CCACCGCGCGCGCGATCAGCCGCCAGCCGGCGGCGCGCAGGCTGGCGCCACCTTCGTCGGGCATGGTGTAGGTGAGCAG
GCGTATGTAGCCAGCGCCCTTGGCGCTGCCAGGCCGCGCGTAGAGCTTGTGTCAGGCGCTGGGTGTGCCGTCCGTTGC
ACAGCCGCGTGACTTCCAGCGTCCAGGTGCCGCGGACCGGGCGGCCGACAATGGCCACGCCGTGGATCAGGTGCTGTC
GCTCAGCGTGACGGCCAGGGCGAACTTCGCGCCCTGGACCGGGCGGTGGTGGCGATGGTGCAGACAACGAATGCATTGG
CCGTGCGCAGCGACACCGGTAGGAGGTGCAGCCTCGGCGAGGTGATGGCGTGTTCATGCGGTTGTCTCCGTTGGCATGC
CGGCGTTGTGGCCGGCGGGGCGTGCCTCGGCGGCTGGAGACAAACGCGCACCGCGCGGATGGCGGCGGTGCGAACAAAA
GAAGGCCCCCGATGCGGGGGCTGCGAGGCGGTTGCCGCGTCAGGCGGGAGGCACCACTGCTAAGGACAGGTGCGTGGCGG
TGGCGGAAAGCACGAGATCGTCCGCCGAGTGTGGAGGCGCGTGAACAGGCCGTCCTTCGGGTGCAAAATACTCCGCGAAG
TCATCGCCGCCAGCTCGCGGCCGGCGAGGTGCCACCAGTCATCGAACGGGTGGTGTCCGGGTTGCATCCGACGGCGTA
GGCGAGCAGTGCCCGGCGCCATCCGGGCGACGCTCCCCACGCTCGGCGAGGAAGTACACGCCCTGATCCTTGACCAGGA
CAATGCGGCACTGATTGGGGACGTCTCAGAAAACGGAAAAAATCGTACGCTAAGCCGGTTCAGCGGTCGTAGCGGCTG
AACTTGCCCGCGCCGATCTTGGCGCTGCTGCAGAGGTAATCGCCGGTCAGGTTGATGTGCTCCAGCCCAGCGGCGA
CAGGTACTGCAACAGGCGCTCATCGACAGTCTGGCCGTGACCGCGTAAGCGGTTTGAGGCCGTTCCAGATAGACCGTGT
TCCACAACACTATGGCCGCGCTCACCAGGTTGAGGCGGCTGGCCCGGTAGCGCTGCTCGAAACTGCGTTCGCGGAT
TCGCCCAGCCGGTTGAAGAACACGGCGCGGGCTAGCGGTTGCGGGCTTCGCCCTTGTTCAGTCCGGCATGCACGCGGCG
GCGCAGCTCGACGCTTTCAGCCAGTCCAGGATGAACAGCGTTCGCTCGATGCGGCCAGCTCGCGCAGCGCCACGGCCA
GGCCGTTTTCGGCGGGTAGCTGCCGAGTTTCTGAGCATCAGCGAGGCGCTCACCGTGCCTGCTTGATCGAGGTGGCC
AGCCGCACCTTGGCGTTGATCGCCTTGGCGGACGCTGGAAGTGTGCTGATGCTTGTGCTTGGCAGCGTTGAACAGCTT
GCCCAGGATGCGGTTCGTCAGGTCGATGATTTTCGTCGGTACGGTGGCCATGCCCTCGATGGCGAGCGCACAGGGTCCG
GTAGCGGCGTGTGCTCGAACTTGGCCAGATCGGCGGGCGTTCATCTGGCCGCTTCGCGGGCGATCTTGTAGCAGGCGGT
TCTGGTGCACCGACCGCTCGATGCCGGAAGGACGTCGAGCGCTGCCAGGCTTTGAGGCGCTCGATGTGTTGAGTATG
TGGCGCGAGTTTCGGCTTACGGGCGACTGGCGCAGCCAGGCCAGGTCGCTTTCGCGTTGTGCTGGCGCTTGTAGCAG
ATCGTCAGGCGGTGCCGGTGGGTGGCCGACAGGGGATCGGACAAGGCCGCGTAGATGCGGCGGTTGGCGCGGCTGTAGG
CGTTTCATCGAACACCTCCCTTTTCTCATCCGGCGCAACAGGACAGTTGCTTCACGTCCTTGTGTAAGGTCGCGCCGCG
AGCTTCAGTCCCTCGACCATGGTCAGGTAGGGGAACAACCTGGTTCGGCCAGCTCCTGCACGGTCATCCGGTGGCGGATCGC
CAGCGCGGCCGCTTGGATCAGTTTCGCCCGCTTCCGGCGCGACCGCTGTACGCCGATCAGCCGCCCTGAGCCAGCTTCCG
CCACCAGCTTGTGTAAGCCGCGCGTGTGCAAGTTGGCGAGCGCCCTCGGCACGTTGTGTCAGCGTCAGCAGCCGGCTGTCCG
GTCTCGATGCCGTTCGTTGGTGCCTTCCGCTCGCTGTAGCCACGGTGCACACCTGCGGATCGGTGAACACCACCGCCG
CATCGCCGTTCAGTCCAGCGCCGCTCGCCGCGGTCATGTTGATCGCGGCGCGGTCGCCGGCCGCCGCCACATAGA
CGAACTCGGCTGGTTCGTTGACGTCGCGCCGAGCAAGATGTGCGGTGCGCTCGTGCAGATGGCGCGGTCGATGACGATG
GCTCCCTGCGCACTTGCAGCCTGCGGCTTCAAGGTTACGCTGCGCGTGTTCGGCGCGCAGCGGTGGCGACCCAG
CAGCTTGTTCGGCGCGACTTCCCTTCCCGGTTGGTGGACGCAATTCGCCCGCATAGGCAACGTTGGTCCGCTCGGTTGGG
TGTGGTCCAGCACCTCGATGCCCTCGGCGCGGAAGGCGTCTGTTACGGCTTCCCGATGGCCGGGCTTCTTCGGAAGAAC

AGCGTGCTGCGCGCCAGGATCGTGACCTGGCTGCCAGCCGGGCGAAGGCTTGCGCCAACTCGACCGCCACCACGGAGGA
ACCAATCACGGCCAGCCGCTCGGGGAGCGAGCTGCTTTCCAGCGCCTCGGTGGAGGTCCAGTGGGGTGTGTCCGCAAGGC
CCGGGATTGGCGGAAGCGCCGGGCTCGCGCCGGTGGCAATCAGGCAGCGGTGCAAGTTCACTCGTGCCTGCCGCGTCA
GCGGTGCGCCACGGTCAGCGTGCCTGTCCCTGAACCGGGCTCGCCGCGCAGCACGGTGATGGCCGGAGTGCTTGCCAG
GATGCCTTCGTACTTGGCATGGCGCAGCTCCTCGACCGGGCTTGTGCTGGGCCAGCAGCCGCTCGCGCAGTACAGCGG
GCGCTGCGGCCGGCAGGCCAGCATCGAACGGGCTTTCGCGGCGCAGGTGGACGATGTGCGCGGCGGGATCATGATCTTG
GACGGCACGCAGCCGACATTGACGCAGGTGCCGCCGATGGTGCCGCGCTCGATCAGCGTGACCGGGCGCCTTGCTCCAC
GGCCTTCAAGGCAGCCGCCATCGCCGCGCCGCGCTGCCTATCACAGCCACGTGCAGCGCTTGTTCACCGCCAACATGCT
TCGTTTTCGCCACCAGCCAGCCAGCCGCTTGTCTAGCAGGCCGGCAGGCTTGTTCGGCGTGTTCGTTAAGCCGTGCGCGA
TAGCCGAGCGTGGCCACTGCGGCAACCAGCGGGGCCACGCTCACGCCTGCATTCGGCTCGATTTCGGCTGCCCTGCGG
ATAGGACACCGAGGCCGCGCGCACGCCGGGCACGTTTCGTCAAAGCCTGCTGGACGTGCTCGGCGCACGACGTGCAGGTCA
TGCTTTCGATGTGGAGGGTGATCGCCTCGGCCATGATTACGCCCTCACTGCTTGACGCTGGACGGGTAACCCGCGTTTGC
GGTGGCCTTGGTCAAGGCGTCGGCATTGGTCTTGGCCTCGTCGAAGGTGACGACGGCCTCCCGCTTCTCGAAGCTGACTT
CGGCCTTCTCGACGCGGGCGACCTTGGACAGAGCCGTCTTGACCGTGATCGGGCACGCGGCGCAGGTTCATGCCGGGCACC
GACAGGGTGACGGTCTTGGTGGCAGCCCAGGCGGGCGCGCTTAGAGCGGCGGCCAGGGCGATGAGGGTGGTGAGGGTGGT
GAGTTTCTTTCATGGTGATCTCCTTTCAGTAGAACAGCGGCAGGACGTAGGGAAACGCGAGGGCAACCAGAACCAGGGCGG
CCACGATCCAGAAGATCACCTTGTAGGCAGTCCGCACTTGGGGCACGGCGCAAACGTGCGCGGGCTTGCAGGCATGGCT
GGTCGGAAGATGCTGCGCCAGGCGAAGAACAGCGCGATGAGCGCTGCGCCGATGAAGATCGGCCGATACGGCTCCAGCAC
GGTCAGGTTGCCGATCCACGCGCCAGAGAAGCCGAGCGCGACCAGGACAAGGGGGCCGAGGCAGCAGGCCGAGGCGAGGA
CGGCCGCGACGCCCGCGGTGCGCAGTGCGCCGAGCCGTTCTTGGGTTCCGACATAAGGTTCTCCTTCCGGGACTTCGCT
TGATGCTGTAACGTTACTTCCGTAGTCAACTACGGAGTCAAGCGCCATGGAGAACGCTCAAGAGAATCTGACCATCGGGG
CCTTCGCCAAGGCAGCCCGGGTCAACGTGGAGACGATCCGCTTCTATCAGCTCAAGGGCTTGCTACCCAGCCGGAGCGG
CCCTACGGTTCGATCCGCCGCTACGGGCAGGCGGACGTGGCGCGGGTGAAGTTTCGTGAAGTCAGCCAGCGCCTGGGATT
CAGCCTGGATGAAGTCGGCCAGCTCCTGAAACTGGAGGACGGCACCCATTGCAGCGAGGCGGCCGAACTGGCTGCTCACC
GGCTAGCCGATGTGCGCGCACGCATGGCGGACCTCACGCGGATGGAAGAGGCCCTGTGACGCTAGTGAGAGAGTGCAAC
GCGCACCATGGTAATGTTTTCTGCCCGTTGATCGCAGCTTTGCATTGCTGCTAAAGGGCCACTTCGGCTCTTAGCGTAC
GATTTTTTTCCGTTTTCTGAGACGACCCCTGATTGGCGATGGCTTCCGTCAGCACGGGGCCAGCTCAGCGCCTTTGAAT
CGCAGTGACATGGATGAAATCTCCTGTGTGGAAGAATGAGAAAGCCTCCATCCGATGGGATGAAGGGCTGTAGTGAC
GCGGCCGGAACCGCTGGAACGCCGTGGCGGATGCCTCGGGTCAGCCGACGACCAGCCCGGTTTTTCGCTGCGGGGCGTCA
CGGGACGGCCTGGCGCTTGGCGGCCGCTTTCGCGTCGAGGATGCTCACGTGATCTGGCGCCAGCGCCCGTTCGTCGATG
AGCCTCTCCAGCACTTCGCCGAGCATGTGAAATACACCTCGTTCGTGCGGATCGACCAGTTTCGACCGATTACCGTTCTG
ACGGTGCAGTTCCACCACGTAGGTGTCTCCGCCGCGGTTCGTAGAGGATCGTCACCCGGCCCTCGAACTTCGCGGTCGAGA
CCGTGAAGCTGATCGCCGGCGGGGTCTCGATGATCTTGGAGGGCGTGGGATCGACCCAGGTGAAGTCGCGGGCACCGGCA
TCCACCAGCATGTGGGTGATGCGCCGGAAGCGATCGGGGGCCGGCATCTCCTCAAATGCTCGATGAGCTGGCCAACTC
CATGCACTGCGGCGTGGGAATGGGCAGCTTGGCCGGCGCCGAGCCGAGGATGTGCTCGTGTGATGGTGTACGGCGTGCCGT
CCGAAGTCTCCTCGGTGATGACCTCCGGCGTGTCCGCGCGCAGTCCGTCGAAGCGACGACGGGCATAGGGTTGGACATGC
ACCTTGGCGCCTTCGGCAGGAACCGTGGTCACCAGGCTGGGATCGAGCACCCGCGAACTCGGAAGGCTTGAGCTTGACGAC
GATGGCATCGTCCGTGCGGGCGACCACCTTGGCGTGAAGGGTTGGGGGTCGATGGCGAAGCCCAGCGTTGAGGACAGCG
GCTGATCATCGAACACGCGGTACTTGAACGACCCGACGTTGCGGGGCACATGGCCTGCGACCAGCGAAGGCATCATGGAT
TTGATGAGGGAACGATCCATGGGAAACTCCTTGAAGAAAAACAAGGGATTCCCGCCCGCAAGGGAGAGGTCCCTTGTG
GGTGGCGTGGATGGACGCGGTAGGTCCGTAGGAAGAAACGACCAGCACGGTTTCCGCGCTTGCAGCCTCGAAGGTCTCG
ACTGCCTGGGCATGTGCGGGCAACGCCGACGAACATGGGGCAAGCATGGCCCTGGGGCGGTTCGCTGCCCGCAGGAAAC
GGCACCGCAGTCAACCGTTTTCTGTGCTGCGGGCAAGAAAGCCCTCGAAAGGGGCTGGAGGAATCAGGCTTGGTA
CACGAAGTACTGCTCGCGTACGCGGAAAGAACGCTGTTTTCCACGTGCTCGCCGCTTGTGTTGCCACCTCGAAGACGA
CCATTTTCGTAGTTCGTCACGTCGGTGTCCACCAGTTCGCGCTGGCGATATGGCGCATGTGACGCTGCGCGTCCATCGCGC
TCGAATACCAGGATCTGGCCGATGGCATCTTCCGTGGCTCATGGCGTTGACGCAGGCTCCGAGTTGGTGCTCGAAGTCCGA
TGCGGGTGTGATGAGGTGCGGGAACATGGGATCGCTCCTGTGAAAGTGCGCCGGCCCGGCTCTCTGGCGGGAGACCGGGC
CGGCATGCGGTGAGGACAAGGAAGGCCGGGGATGTGTGTGGCAGCTATTTCGCGGCCAGCGATAGGCCCGGCAACACGGG
TGCGTGGCATCGAGGATGAGGATGCGCACGTCGGCCTGGCCGGCAGTTCAAGGATCTGTGCCAGCTCGTCCGGCATGC
CCTTGTGCGGTGCTCCTGCCGAAGCTGCTCGCGGCGATCCCTCGACGCTCTGCAGGTGCTGGTCCGTCCAGGGCGTG
GAGATCAGCTTGACGCCGATCGCCGGGCTGTAGGGAATCCGGAACGCGATGAACAAAAAGGCTCCGGCGTCCGAGGTC
AGCCAGGTTGGCCAGGTAAGTGGCCGGTTTTTCGCGGCTGATGTGCGCGCTGCTGATTTCCAGCACCGGCTGTAGTAGCCGG
TCTCGAAGCTCAACCGCTGCACGACTTCCCGTGCGGCCTCGGCCGAATAGGTGTCGCCAATGTGGACGGGGCGGCCGTG
AAGTCGTGCGCGTGGATCGCGTACACCACGGCACCCACCATGCCTTTCGCCGCTGCCCCCTTCAGCCGCGTGCATTCGGC
GATCAGTGCGGCGCCGACAGGTTCCGGTGCCAGTCCGTGACCACCGCGAAGTCGCTGGTGATGATGCAAGGAGAAGAAACCA
GCGCCGCGTGCAGAGGTGCTGCTGGCTCGGGTGGATGTTTCGCCAAACATGCGGGCTTCCGTCCCTCGTAGCTGATGGAC
AGCGTGCAGGACGATTTTCAGATTCCAGTAGCCGCGTAGAAAGGGATTGGGATTTCTGGGACATGGGATTTCTCCAACAGAA
TAATGATGGAGCAAATCCCGCCACCGGGAATTGACCCCGGTGGGTGGAAAGAAAGGAAACAGCGTCAGGTGACGCTGAT
CGTTGGCGTTTTGGGCCAATCGCTCGGCGACGCGCCGGCGCAAATTCATGCGGAATGGCTCGTTCGCTGACGCCCGCCAGCA
GATTTAGGTTCTCCAGCGCATCAGGGCCGAAGCCTCTTCGATGCTCGGCGGCCACAATGGTCTTGCGCAATTTGGTCCCGG
AGCTGGAGGGCTTGGAGGAGGAGCTGATGAAGCGGACCTCGGGCTCAGGTAGCAGCCGTTGCCGCCGAACTCGAACAG
CCGCGGCTTGTGCTGAGTACCAGCAGCCCTCGAACTGGATGGCGGTGAGTGGTGGTCCCGTTCATCGAACCCGCTGCGCATCA
GAAACAATGCGTCGAGATCGGCGGTGTCCTCGAACGAATGACGGTTCGATCAAGTTCCCCAGCTCTTCGTTCTCATCGGCA

CGGAAGTGCACGGCGAGCAGTTCGAGCAGCGGGCGGGATCGACAGCCCTTCGTCTCGTCCGGCATCGGAATACCGAGTTGCGT
 GGCCAGGTCTTCAGGCCATCGAGCACGTCCGGCCATTGCGGATTGGTGGTCTCGGGCATCTGGGGCATGTAGGCCTGCC
 CGTTGCCGGGGTGGCTCTCGTCCAGCGCGAAGGCGCCGAACAGCGCCTGGATGACGGGCGTCACACGGTCGAGCACGAGA
 ACGCCGGTGGCTTCGTAGTAGTTGTTGGCCATGAAGGCTCCTTTTCGATGAATGAACGGAGCCAGCCCTTCGGGACGATGG
 CATCCGCAGGGGAAACCGCCTGATGCCGGATGGCGCTGGGCGGGGAGAAAACCGGAGGGACATGGCCTCGAACGAGGCGC
 ATGTCCCTCATGGGGTCCCGTGAACGCAGTGATGAAGGTGTGCCAGGGACCGGCTCACCAACCGCTGTAGTTACAGCAGCA
 GGTGGCGATCACCTGGCGACGTTGCAGATCGAGACCATCGAAGTCCGACAGTCTTGGAAAGTGGCAGCGCTTGAGCATG
 GCACCGCCTCGCGCGGTTGTAGAACTGAACATGGCGGACAGGAACATGCGTTCGCCGCTGCTCAGGACGCCGAGTGC
 GTCGTTGGCACGCAGCATGTCCGGACCGAGATCCCACCTTGCTCTTTGCCTGGTTCAGGCCTTCGCGCGTGCCTCGCCAA
 ACCATTGGGGCCTGCGATCTCGACGCGCGCTCCAGACCTCGAAGAAGGCTTGGGGCGCGCGAAATGCTGCTCT
 TCCCGCATGATCTGATCGACGACTTCCTGGGGCAAAAGCTGGTTCATGACGTGGTTCCTCCAGTTGGATCAGGGTGTGGC
 GAGCTGGGACCAGCCGCTCTTTTCGAGGGCACGTTGAGCCGCGGCATAGCTGCGGAAGTACTGGCAGGATTCGCCGCAAA
 CGGGACCTTCTGTATCGCGCGTGGCGATGTAGTGGCCGGCGGCTATGCAGGATTTTCGAGCGGCAGGAACTTGCCGCAA
 TGGATCAAGGCCAACTGGCCGAAAGAGGCTTGCTGGGACATGGACGGGCTCCTTGGAAAAAGCGGGGCTCGTCCCTCAC
 GGGATGGCAGCTCCCGCACGCGGTTGAGAAAAAGCATCGGCGTACGGGTGACGCGCTCCGACACTCGATGCGATGG
 CGGACTGGCGGGTAGCGCGGAAAGAATCCGCGGCAGCCTGGAACTCTGGCTGCTGGCATGGTGTGACGAATCAGCGAC
 ACATGCGGGCAGCTTCATGCGCGAGGCGAGCCGCGTCAAGCGGAAATCGGCATTTGCAACAGCCCCGATTGGCGAACGCG
 GAAAAAGAAAGCCCCGCAATAAGTGCGGGGCTGTCAGGAGGATGAGGCGAAACTGGGTTCAGCGAGGCTGTGCGCCAGT
 ACATGCTGCTTCCACAGGGCGAATGCCTCGTCCGGTCCCAGCTCTGCGAGGATGACGATGGGCTGGCCCCGACGGGCACG
 CAGCGATGCGAAATACGCTGGCCGGTTCGGCGATGGCGTTGAGCTTGATGCCCTTTAGGAACAGCAACTGGCGGGGGCGAA
 CTTTGGTGGTAACGCAGGCATGATTGCGCTTGTGGGGCAAAAGGGCCAGCGAAGCGGGCGGACACGGCCAGAAAACCG
 CGACGAACTACTTGTACTTGGCAGGCGAGGCGAACGGGTGACATCAGCATATCGCTATGCGGTAAAGAAAGACCGTCTTAA
 AGCTTGCAGGATCCCGGCATAGCTTCATCATCACCTCTCCGTGACGGCTCATTTGGAACGAAAAAGGCCAGCATCGCCGTG
 ATGGACTTTCATAATTGCCAGGTCAACTGGCTTGGTGTGTTTATTACAGCAAGGCATTTGCGACGTCGTTGCAGCAAT
 CGCCGCTCGCAACAGGGCGTTGCAGCAAAAGCGGGCTGGGCGCTAGCATGAGGGCCAAGCCGCGGCCGCTCATGCTG
 GGGCCGTTCTCTTCAGATTGGTGTCTGACCGTGTGATTCGCAATTTCCGGATCGTCCCAATGTCACCTGGGACTCCT
 TTGTGGCGGGGTTCTCCACGCTCATGAACGACTGGGCCACCGCGCATCGCCCCGCCCCAGTATCGCCATGTCAGCTCAGCG
 ATGTTGAAGGCGGGCCAGTGCCAGCCGTGCAGGTGAAAGTCGATGTAGTCGATAACGTGCCCGCGCGTGGCGCGGTGCGAA
 CGCGTTGCCCAATGCGCCGCCAGAATGAGGCTGTACGAAAGGCTTCCGTTTTGCGCAGCGGCCGGGAGAGCAGCCATG
 CGAGCCATGCCGATATTGCGAACGCGATCGCCAGAAAAACCACCGCTGCCAGCCGCCCGCGCCAGCAAGGAAGCTGAAC
 GCCGCGCCGGGATTGAGAGCGTGAAGTAGGTTGAAGAATGACGCCACCTCGTGCAGCAACCCAAGGGAGTTGTGCGGTC
 AATGTAGCTCTTAGCTGCCTGATCGCCGGCGAATAAAGCATCGCGAGTGAGTACCCTGCGTCTTGCAGAGAGATGGTT
 CATCCATTGTTTCATGCGCCTTGAACCTTCAAGGAGCGCAGCCATTGACGACAACCAAAAGACTTGCCCCATGTCAGCG
 AACACAGCCATCCACATGGTGGCATGCCCTGTGAACGTCAACGCAAGGAACACCGCCTTGATGCCAAGGGCCAGAAGCAT
 GTTCTGCGTGAGGATCGCCGAGTGTACGCGACAGCCGGATGAAGGCGGGGATCTTGCAGAGTGTGTCATCAGGG
 CGACGTGCGCTGTTTCGATCGCGGTGTGCGTGCAGCGCCCGCATGGCGAAGCCGATGTCGGCACGGGCGAGCGCGGGC
 GAATCGTTGATGCCGTGCCCCACCATGCCACCTGGCCCTCGCCGCCGACCAGGCTTTTCGATGGTCTTGAGCTTGTCTTC
 GGGCAGTTGGTACCACGGGCTTCAGAGATTCCGACCTGGGCAGCGATGGCCCGGGCCGTGTGCTGGTTGTCCCCCGTCA
 GCATCAGCGTGCACACCCAGCGCCTGCAGGTGGGCCACCGCTCACGGCTGGTTTCTTACGGTGTGCGCCACTGCA
 AAAATGCCGAGCACGGTGCATCGTCCATCAGCAGGATCGCTGTCTTGCTTGGCGCTCCAGGGTCTCCAGCCGAGCCTG
 GAGCGTCGCTTCGCTCAGGCCAGCTCCTGGGCGAGCCTGTGGTTGCCCATGTGCAACATGCGCCCGGCGACGCGGGCCG
 GCACGCCCGGGCAGGCGAGCGCCGCAAGTGTGACCTCGTGCAGCGGATGCCGTACGGTTCGCTTGCGGGCGATG
 GCCTGAGACACAGGATGGTCCGAGCGTCCGCGAGGCTTGGCCCGAGCGGCAACTTCTGCGCTCGCCGATCAGCGG
 CACGAAGTCGCTGTGCTCGGCTTGGCATGTGTGAGTGTGCGGCTTGTCCAGGGCCAACGCTTGTAGCTTGCGCCCGC
 CCTCCAGGTAGACGCCACCCTTGATCAGGATGCCGCGTGGGGCGGACGCGCCAAGCCGCTGACGATGGTGCACCGCGTG
 GAGATGACCAGAGCGCAGGGGCGAGGCGATCACCAGCAGTACCAGGGCCTTGTAGACCCAGTCAAACCATGCGCCGCCGAA
 GGCGAGCGGGCGCACGACGGCAACCAGCACGGACACCGCGAACACCGCCGGCGTGTAGACCGGGCGAACTGGTTCGACGA
 AGCGCTGCGTGGGCGCACGGCTGCCCTGCGCGGACTCCACGGCATGGATGATGCGCGGAGCGTTCGAGTTCGCTGGCGCT
 GCGGTACCTTGTATTGAAAGAGCCGGTCTCATTGATGGTTCCGGCGAAGACCTGGTACCTTCGGCCTTCTCGACGGG
 CAGGCTCTCGCCGGTGTGGGCGCCTGGTTGATGGCCGATCGACCCGAGGTGATCAGGCCGTCCAGTGCATGCGCTCGC
 CAGGACGCACGGACCACCGCGCCCTTTGCGACCTCCTTGGCCGGCAGCTCTGTCCATGAGCCATCGCCTGCCGCAG
 GTCGCGGTCTCGGGCGCAAGTCCATCAGCCCCGAATGGCGTTGCGGGCGCGGTCCAGCGACTTCGCTCGATCACTTC
 CGCCAACGCGAACAGGAACATGACCATGGCGGCCCTCCGGCCAGTGGCCGATCGCCATGCCCGCGGTGACCGCATGGCCA
 TCAGGGCGTTTCATGTTTCAGGTTGAGGTTCTTTCAGCGGATCCAGCCCTTCTTGTAGGTGCTGAGGCCGCCGTTGAAGATC
 GAAACAGTGCAGCACGATCACGGCCCAATGATTGCCGTGCTTGAACAGTACACGCCTTCGGCGGCCACCGCCGCAAC
 GCCCGAAACCGCCATCGGCCACCAATTGGTCTTGTGCGCGGCCACCGGGGCATCGCGCGGCTCATCAGTCTCTGGACCT
 CGGCTTCCATGCCAGCGATTTCGATGGCTTCGACTGCCGGCTTGATCGCGTGGGTGTGTGCCGAACCGTTCGAGCGTGGC
 TGCATCAGGTTGAAATCCATTCCCTGCACGCCCCGCATGCCTTGACGCTTGGCGGGATCAGACTTTCCTCGGTTCGGACA
 GTCCATCTTCGCGATGCGAAGTACCGTGGTGGTGTCTGCATGTCTGCCGCGCAGCCTGCATTCGAATGGAAGCAAGCG
 CCTTCTCGATCGGCGCTGAGGTTCGCCAGCGTGTGCTGCATCCAGCACAGCTGCATCAGATTGAAGTGCAGCGCGGTC
 ACACCCGGCAGCTTGGCCAGCCGGTTCGCGGATCAGCGCTTCTTCCGTCGGGCAATCCATGTTCTCGATCCGGTACGTCAC
 CCGCTCGCCGATCGGCGGCGGAAACGGCAGCGGTTGGTTGCTGCTGCAGGGCCGAGGATGGGATCACAGCCCGGCTTC
 CGATCGGCCCGTGTGGCCGAAGGTCTGCTCCTTGGCGCGCATGCCGATCGAGGCCAGGACCTGCTCCATCTGCGCGCGT

GCCTGAGCGAGGTGTTTACCGACAGGGTGCCTCAGCGAGGTGCAAGTCGAGGTCTGAATTCCTCGACTGCCCGGAG
GTGCGAGCGGATGAGTTTCTCTCGCTCGGGCAGTCCATGTTCTCGATGCGGTAGGTGGTCGACACGGCGGCGTCTCGGA
CAGCCTGAGCCTTCATGCCACCGAATTCAGCGCTTGCTCCAAGGCATCGGCCGAGACTTCGCGGTGCGAAATGGTCAAC
AAACGCTGCGGAAGATCGAACAGGAGCCGCTCGACACCGGGCATGCCCTCCAGCGTTTCGCCGACCAGTGCTTCCTCATT
GCGGCAATCCATGTTGCTCACGTGGAAAACGGTGGTTTTAGTGTGGCCTGCTCACTGGCGCACGCCGTCTGTTGGCCAT
TGCCGCCGGAGCAGGCGCATGGGCTGGAAGGTTCTTTGTTTCATAGATCGCTCTTCATTGACAAGGTTTTCCCGGATGCC
ATCATTAGAAAACCTCTAGTAGATATAGAGTCAAGTTTTTATAGGAAGCAACCATGATGCGGATCGGTGAACTGGGCAA
GAAGGCAGATTGCTTGGTGCAGACCGTGCCTTTTACGAGTCAGAAGGCTTGCTGCCGAGCCTGCACGTAGCGAGGGCA
ACTTCAGGCTCTATGACAAAGTCCATTTGCAGCGCTTGCTGTTTCATCCGCCGCTGCCGGCGAAGGACATGACGCTGGAT
GAGATCCGTCAACTGCTGAACTTACGGGATCGGCCAGAGTTGGGCTGCCGCGAGGTGAACGCGCTGGTCGACGCTCATAT
CGCGCAAGTGCGGACCAAGATGAAGGAATTGCGCGCCTTGGAGCGCGAGTTAATGGATCTGCGACGCTCTGCGATAGCG
CCCGAACCTCGCGCGAGTGCGGCATTCTCAACAGCTTGGCCGAGCCCGCTGAAAGCTCGAGCGTGTATCGGTGCTGGAA
GTGATCGGGTCCAGTTCTGAGAGCCACGTGCCGCGCTCCATCATGCGAAAAGCGCGGATTTCTGACGTTTTGAGACGGCGT
GCGACCGAGGGCGTGGCCACAGGAGCCAGCGGAGCCGACACTGCGCGCCGAATCTCCGCCACCTTACGGGTTCT
CCAGGCCAGACCGAGCATCGCGGCGTGGCTGCGCAGGTGCAGGTGCAGGCCAAGGTAGCAGTGCGCCACGACGCGGCCCG
ACTCATGGGCACGCCACGCAACTCGCGATCGCTTCGCAAGAAGCCGCAAGGCCGACTCGCGCAAGAATGCGACGTGGGC
AAGATCGTATAGCCAGCAGCGCAAGCGTTTTGCCGCTGCTGGCCGGCTCCGGAAGGGATAGACAAGCTGCGGGCCGTAGTC
CATTGGAAGTCCATCTTTCTTGAGTGTCACTCTTTGGCGCCAGCGTGTGCTTTTGCAGCCGAAAGCGCTGAACAAGT
GGCCCCCGGCATCCAGAAATCGCCGTAGTTGACTTGGGCGTCTTCGTGCTCACGCTTGTGATGCCAGCGATGGGCTTCA
GCCACCCCGATCAACAATCCCAACGGCCCGACCCGGTATCCCAGATTGGAGTGCTGGAAGGCCAGATGCACGACCAAGAA
GCCGAGCCATGCGCCGACGGCCAACACAGCTTGGAAACCGCGTACTGGCTCAACGGGGAGTGGAAGGCCGCCGCCCT
CTAGCAAGGCGGCACAAGCGAGCGCGACGATCACTGTGAGTAGCTCCGTCCGAAAAGACGGCCGGCCGGTTCGCGAGCTCG
CCGAAGAGCACAACCGCAGTGGCGCCACGGATCAGTGGATAGCAGCCATACCGGATGACAGTCGCAATGAAGGGGGCGCA
TTGGTGTCTCATCTGTTCTGTCTAAAGCTCTGACTGGATTGGAACCTTCTAGCTACGGTAGAGTCAAGGGCGTCCGGG
AAGACCTGTGGCAAGTTCGTTGCATCTGCGCCTTACTCTCCAGCCGCTACAGGCTTCAGCATCCATCGATTTGGAAGG
AACATGCTATGCTGAAAACACAGAAATACGAAAACGACGAGTTGGGCGCCTAGATGCGAGCGATGCGAAGGACCGA
AAGATTTCTTACTGTGTTGTGATCAACCTGACGACCGCCGCGCATTTGCCCTTGGCATTGGCTGGCTGGCTTAC
GGCGCTGATGGGCGCCGGGTTGGACAACCTCGCCGATGCGTGGTCTATGCGGTTAGCCTGTATGCCGTCCGTCGTTGCGG
CAACGGTCAAGGTGGGCGCGGCCCGCTTGTGCGGTTTTCTTGTAAATCGGCCTGGCCGCGCTGCTGCTGTTGGAAGTCTTA
CGCCGCTTCGCTGGAGGGGAAGAGCCTGTGCGCCAGCCATGATGGCCATGGCCGCGCTGAAACGCGGCTTTGAACTAGT
GTGCCTCAGACTACTGCGCCGCCATCGCGGGGAAGATGTGAACTTCAAGGCGTCAGCGATCTTTACCAGCAACGACTCCA
TCGTCAATGGTGCATTGTGCTGTCCGGGGTGTGGTGTGATGGGTTTCGGTGAACATCCCGGATCTGGTGTGGGCGTC
ATCGTGGCCGAATCGCAGCGAATGGGGGGCGGAAATCTGCGCGAAGCATCGGAAACAGCTCGCCGTAAGCGGGGCAC
ATAAGGCATGTTTTCGCCAGTTTCATCCCGAGTTTTACCTCTGCAAAAAGAGGTAGTCCAGCCTTTGGGCTACGGCCTCGG
CTGCAGCCGAGCGTACCATTGGCGATGGCCGCGCGATAGGCGGGCATGCCGTTCTCGACCTCCGTCTGCCGTACAGCAGC
GGTGCAGCAAGGTTGAGGGTGCATGTGCTCTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT
AGGAGAATGGCGCCGAAGGCCAACCGCCTTCGGCTCGGGAGAAAAGAGGAACCACCCGTGGGCTGATTGGCAGGCCCGG
TCGTGCTAGAACCGTCTGCTCATCAAGCAATCACACCCGGCCCATGTGTTGGCTGGGGCCGGCATCGTCTGGCGCACAT
CCGCGCACAAAGGGAGCCCGTTTTTGCACCGGGCGGGCACCGGCACCGATTACCGCTGACCACGAAGGGTCTCCCGGTGGC
TCGTGCAGCCTGGCAAGCCACCGGGAGACCCTTCGCAGAGGGCGGAAGAAACGCAGATCAACAGAACGCGCGTGGTGGCG
CTCGCAGAGAAGCTACCTTCAGGTCCCGCGGCCGGGACGGCTGGGCGGGACGCGCACACGGATCAAGAAGGCGTTGCGC
GCTGGGCGTCCCGCAGGGCATGCGGCGGAGTGCGGGACAGGGGCCACGCCGCCGAAGGCGGGCACGGCTCACGGGGAACG
GGGCGGTTCAGGAGCCTTTGCGGGCTACGGCGGGCGGAGCGCGCTTGGAGCTGCGGATTCGACTGGCAG
GTGCCTTTGAGTCCGGTTAGCGGCTGCACGACAGAACGGCCGCTTGGCCGTTGCGCGTGGCGCTGGCTGGCGTGGCGCA
CTGCGGGCATGCCGGCCCTTGGGGAACCTTGTATGGACAGGGAGGCGCTGCCGTAAGCGCAATCAACTGCGAAATCCACG
CGGCCTGCTTGGCGATGAACACGTCCAGGGTGTGAGTGTCCGGCCTCGATCATGTGCGAGCGCCTGTTCCAGACGGCGGTG
GTGCCAGGGTTCGCAATCGCCGAGGCACGGCATCGATCAAAAGTGAAGCCGCATCCGAGGCGCGGATGGCGCGCCCTT
CTTCAGGAGGTAGCCGCGAGCGATCAGGCCCGGATGATGTTGGCCCGGTGCTTCGGTTCGCGATGCCAACCGTATCCT
TGAGCTTCTGCTTTCAGGCGGGGATCGGACACCAGCTTGGCGACGCTTTCATGGACTTGACCAACTCGCCTTGGCGTGTAC
GGTTTGGGCGGACGCTTTCAGTGCCTTGTAGATCGACGTGCGCCACCTGGCATGCCAGGCCCTCATACAGTTTTCGGCAG
CGCGGGCAGCACCTGGGCGCGGACCGCAGTATCGCCCTCGCCATCACCGTCTTCGGCTGCGGCTCGGCGAGCACCTGGC
GCCAACCCGGGATGACAACCTGCTTGGCCGTGGCCGCCAGGTTCTGCCCCCGCACGAAAACCTTGGCCACAGTGGGTCG
AACTCGTGGTGTAGGGAGGAACCTGCGCCAGGTAATGCGACCGGATGAGCCTGTACACGGCCAGTTCTTCTCGCTCATGGC
GGAGAGCTTTCGCCGGTTTCGAGCGTGGGATGATGCCGTGGTGCGCCGTGACCTTGCATCGTTCCAGGCGCGGAGCGCT
GCGAGCGGTTCGAGCTGGCCCATGATCGAGCGCAGCGAGGGATCGGTCTTGTAGCAGGCTGTGAGAACGGTGGGCACTTTCG
GCAAACATGCTCTCGGGCAGGTAGCCGGAGTCCGAGCGGGGTACGTGCTGGCCTTGTGCGTCTCGTACAGGGCTTGGGC
AATCTCCAAGGTTTCTTGCACGTCCAGCCCAAGCTGCTTGGAAACACACTTCTTGAAGGTGCCAGGTTCGAACGGCAGCG
GCGGGCCTTCGCGGACACGCTCAGTCTCCACCGACACGACGTGGGCACTGCCCGCAGCGCGGATCTGCTGCATGGTCTGC
TGTGCGACCGGCTGCCGAGGACGCGGCTGCGTGTGCGTGCACGCATCGGGTGGAAACCATTCGCGGGCGAAAGTCGA
ACCGCTTCGAACAGGACCGGATGCGGATGGCCAGTATGTTACGGACAGCAAGCGCGGATCTCGCGGTTCGCGTCCACAA
CGAGCTTGAGCGTGGGCTGTACGCGGGCCAGCAGCAGCCGCTGTAACCCGCTGTGCCCCAGCACCTGTGAAC
AGCCGGCTCAGGTTTCATGCCACGAGCCAATCCGCACGGAGCGGCCAGCGGAGTTCATCGAAAGCGTCTCGGC
CGAAGGCCGACGCTTGGCCAGTGGCCCGCAATGGACGCATCGTTGAGCGCCGACAGCCACAGGCGTTTCGATGGGGCCG

GGTAGCCGCAAAGCTCCACGATCTCGCGGGCGATCAATTGCCCCTCGCGGTTCGGCATCGGTGGCGATAACCAGGTGAGTC
GCCTTCGCCAAGAGCGCCTTGACGACCTTGAATTGCGTGGCGGTCTTCGGTTTGACCTCGACCCGCCAGTGTGGGGAAT
GATGGGCAACTGCTCAACGGACCATCGTTTTGAGCTGCTCGTTCGTAGGCCTCGGGCGGCGCCCTCCACGAGATGGCCGA
TGCACCAGGTGACCGTGACGCCGGAACCGTTGAGGCAGCCTTACCCGCGCTGCGTGGCGCCGAGAAATCCGGCCAATGTCT
TTGCCCTGGGAGGGCTTCTCGCACAAAGAAGCCGCATATCCGTCCATCCCGATTCTGTGTTTCATGGAGTTGCTGGGA
TCGAGGATGCCGAGCGCAGCCCCCTGGCAGCAGCAACAAGCCGCATGCGGCAGCGACCGCTTTCACGCCGATGAAATGGC
GAGTGCGGGAAGGTGCGTGGCCGGAAGTGTGCGGGCCGAGAGCCGCGATTTCGGGAGCGCGCGTGGAACTCGGTGGAC
GTTGGTGGAGCTATCCCCTGGGGATAATTTCGACGCGCATGGAGGGCGGCGAAGCACTGCGGCAGCCGCCCTCCATGCCCG
ATCACTTCAGCGCTTGGTCTCTTTTCGGCGCCGTCGATTCCCTGGGTGGCCTGGGGCTTCGGCTCTGCCTCCTGTGGCTTC
GGGCTGAGGGCCACAGACTCGATGCGGTACGGCAGGATGCCGACACTGCGCGCTTGACCTGCCAAGTCTCACGCGGCTG
ATCTTCGTTGTCCGTCCAGGGGTGCGCTCCATGCGGCCGACGACCAGCACCCGCATGCCCTTCTGGTAGAGCTGCTGCC
AGCGGTTCGGCGTTCGTGGTGCAGAGTTCCACCCGGCGCCAGAAAGCCGCCGCGGTCTCGAACTCGCCGCCCTTGGTGGGG
ACGGGGTTGTGAAAGTACAGTTTCAGCCGGAGCAACCCGGCAGGATCGTTCGTTGCCATTGGGGAAATTCGCGGTACTCGGG
AGGCGATCCGATGTTGCCCTCGCCGATGAATTGTGTGCTCATGTTGGAATCTCCGTGGTGGTTGAAATACCCGTGCCCTCG
TTGGGCTCGGGCGCGTGTCTCGGATGGCAGGCGCAATCACCGATCGCGCACTGCGGCAGGAACGGACGCGAGCCGGCGCAG
GTAGGTGTTGTCCGCTGCGCGCCTTGTGGCGATTCTGTGCTTGCCTGCCAGGGTGTGCAGCAGGCTGATCTGCA
TGTTTCAGCATGACGCGCTGCAGTTCGATCTCGTGCAGGTCGTGCAGCAGGTTGACCGCGTGTGGGGCTCGCCATCAGC
TCCTGCCACAACGCCACGCCCATGGCCGATCGATCGTGTTCGCGCCAGCGAAGAAAGGTGCTGCCTGCGCCAGTGGTCTG
CTGGGCCAGCTCGACGGGAAGCAGGTGGAAGGGATGCCCGCACGCTGTGGCAGCACCTGTGCTGCGCCAGGGCAATCA
ACTCGTTCGCGCATGGCGAAGCACTGGCTGGCCAGGCCTCGAAGTCCCCTTTACCTTTAAAAGGCTTTAAAAGGCCCTTTT
AGAGAGGCCGCGTGTTCAGCCGCATGAAGGCTGGCTGTTCCAGACGACGGAAGTAGCGCGGTTTCGGGTTCGGGTGCGT
CATGCCGGTTCGTCCTCGCCGGCGGCTGTGGACTTGGCCTCGGCCGAATCGGCGGCAGCGCCTTCGTCGGTGGGAGATGC
GGCTGCGGCAGCGCTATCACACGCTGTTGCAGACCACGGCGCACGACGGGCGGCGCAAATTCGAGCGGCGCATGCCCTT
CGAGCACGTCCTGCGGCAGTTTCGCCGAATTTCTCCAATGCTGCCCGAGCTGCGGCGTTCCTTGGCCGGAAGTTCGTCGCGG
GTGCAGCCCGAGTAGCGGTATTGCTGGGCCAGGCTGAACAGGCTGCGCAGCGCGTGGGCACCTTCGTTGAGCCAGCGCTC
CAACGTCGAGCATCGATCAGCGCGGTGTGGTGGCGAGGATCAGTTCGCGGGCGATGTCGTCGTAGTCGCGCCAGCAGAT
AGACGGCGGCAAAGCCGAGCTGCGCGTTCACGAACAAGGGAGGACTTACCAGGCTGCACGTTGAGGTTCTCACCCAGGCTC
AACGCCGACGGCACGCCGGCCAGTGCCTGGTCAACCTGCTCGCGCAGCGATTGCAACGTGGTCTGGTCTGGTTCGAGCTT
TTCTTCGATGCGCAACATCCACCAGTTCGCTGTACGGGTGCTCCTGCTCCGAGCCGCGCTTCATCTTGTTCATCACGGCGA
TGTAGCCGTTTCAGGCCGACGATGCCGGGTGCGCCCTCGGCGGCGGCGCGGCCATGCCAGATGCGCGAGGCGTGGTGGGTG
TGCAGCGTCAGCGACATCGCGCTGCGCAGGGAGCCGAGGTTGAGTTGCAATGGTTTCGTTGCTGGTTGCCATGGTATCGC
TCGCTGGTGGACAGGGAGCCGCCAGCATCCGCATGCAGCGGAAGGCAGTCAACAAACCAGAAATGAGCCGACCCCG
GTTCTGTGCGCGCTGGCGGCGCAGCGCGCAACGGTCCCCTGGGGACCGCTCCGCAGATGGGCACTCACATCGGCGTTC
GTCCTCGGTTGTTGACGGTATGCGTGTGTCACCGCACGTCGCGCTGCCGTTGACACGATCCTTCGCCGCGCAGCCGTC
CCAGGGGACCGTTCCGTTGAGCGCCATGGAGGTCGTTTCATGGTCTTGCATGCGCTCTACTCAGGTTTTGCGCAGCATG
TCGCGCCGTGCGCCGGCGCTTACCAGCACAGCCGTCCCCAGGGGACCGTTTCTGCCGACCCCATGGAGATCTACTTCAC
GGCTTTGACAAGCCCTGTGCTCAGGATTTGCGCAGCAGATCGCGCAGGCGCTCGATGTGCTGCCGGGCCACTCGGGCGG
CACGACGTTGCGCGGCGGCTCGGTTGGTGGCGCTCGCGCCGCCGATGGTGTGGCGGTGCCGGGCGGCTCGCTTGGCCC
AGGCATTGAACTCGCCGCGCATGGCGCGCTGGATGATGCCGAACAGATAACCAGGCGGGGTTGCGGATGCCATGCTTGGCC
CACCGTGGCGCCATTCGTTCCAGCACGGCCTGCCGACGGGCGAGCGTCCACCTGCTGCAACGCCATCTTGGCTCCGGCCG
CTGTTCCGCTTCAGTTCCGCGAAGCGCTTGGGCCATTGCAGGTCGCCAGCGCACGCGCTGCGCGGTAGTACGTACTT
CATCAATACGACTACTACGTAAGTGTACGGTCCGCTGCTTTCGAATTCGAAGAGCGCCGCTTCGGCGGGGTTTCGGCCCTGCT
TCGGATACTCCGAAGATGGGCGATCGCCATTCGGAAGAAGGCTCGCGGGCCCTTCTTCGGAATCGTGGACCGCATCCTCCCTG
TGGATAACCTTCGGAGGCGGTGATGCCCTGGTCGGCCAGGCGCTCGCGGAGCACTGCAACCCGACGGCAAGTTCGCGTC
CGGACAGCATCGGGTTCGTCGCGATCTCCTGGAGGTTGAGTCCCACCACCTGGACGGCCTTGGCCGAATGCCCCAGC
GACTGGCTGACAGGGCCAGGTAGTGGCGTTCGAGTTGCATCGCCTCGAACGGCGTTCAGCGGTTTCGTCGTGACAGGACGTA
GAGGTTGCCGAGGATGCGACCGGCTTGGGGTTCGCGCCGTCGTCGACGAGGCTCAGCCAGCGCGTTCAGGCGCAGCAGCG
TCAGCGCCCGCGCCACGGTTCATGGGAGGCTGGCCTGCGCAGGGCATCGACGCCAGCCAGGGGCGCAACTGCTCATAG
GTGGGAAATGCCGTGACGCCATCGTTCGTTGAGCATCAATCGGAACACCTGCCAGGCGTTGCGCTCCAGCGGTGTCAGGCG
GCGGTGAGGAACAGCCGCCGCGGCGCACGCTCTCGTGCCGATTGCCACTGAACAGGAAGGCGTTCGCCGACGTTAGGAGGCG
TGGGCGTTGGAGCAGGCAGGGACGCGGGAGCGCCAGAGCTGGACTTGGGCGGAGGTCCTTCAGCGCAGCGTTCGAACAGG
TCGGCGAGTGCATGGGGCCAGGGCGCTGGGCTCGTGGGGCGGTGTCGTCACGGCCATGGCCTAGCCCAATCCCTGATC
GACCCAGTTCTGATCGCGGCCAGACCACCGAGAGCGGCAGCGACATGCCCTCGGCCAGGTTCCATGGCCGCATCGAGAA
TCGAGGTCTCGTCTCCAGATCGACGTTCTGCTGCTGGTTCACGGCTTTCCATTGCCGCCACAGTTCGGTGTCTGGGTTC
TCGTCAGGACGGGGTGGCGCCCTTGGCCTTGGGCAGGCCGAGGATCTCCCGCCGAGGGCGACTTCCCTGATGGGTTCAG
GCCATAGAAGCGGCTGACCATCTCCGTGCTGGCCCCAGCCGACGATGCGATCGACCGTGGCGATTTCCTTCTCCACGT
CCTGTGCTGGTTGAGCAGGCGCTGCAGCACTTCGCGGTTGACCGTTCAGCGAGCACCACGAGACGCTGGCGTTGGCCAGC
ACGCTGATCAGCGCGGGGTGCTTGGAGCGCATCCAGCTCGGCCTCGCCGAAGCCCATGGCTTTCAGCGGCGCAGTTGGCC
GTTGCGAAGGTTCATACAGCGCTGGGCAATCACGGCCTGGTTGAGCGGATGCGATGTGGACATGCGGCTCCCTCGCTCA
CGTCCCAGGCGCTGGTGGCGGCTTCCAGTCCAGCAGCAGCAGCGCGGCGAGGCGCAGCAGCCGAAAGAGCTTGAACACG
CCGTGTGCTCAAGCCCTTGGCGCCGCTGCCATGGCTTGGCTTGGCCGTGCAACAGGGTTCGCGAGGTCGCGCGGCGAGC
TGCGGCCGCTCCAGGCCGCTTTCGGCGACGGGCTGACCCGTGAGGGAAGTGCAGCGCTCAGCAGCGCGCGGCGGCGGCGG
CGACGGGGCTTGGCCGCGGGCGGCGCACGCAACCCGATGCCATCGGCGCGATCCTCGATGCACTCGTCCAGGCCGCTGCT

CCCCGGCGATCTCGCGCGGAACCTGCGCGATGTGGATGCGCAGCCGATCGGGCGTGTCCAGGCCGGCGTCGATGTACCAG
ACGTCGGAGATCGGATAGAGTCCGCCGGCTTGCACCCGGGATGGACTGCAGCACGCTCGCCGAGAAGTCGGGCGGCAGCGC
ATCGCCCAACTGGTCGGCGACCATGCGCTGGATCGATTGGAGCCGTTCTGTCTGTCGGTGTGGCGAGACGATGTGCTCGC
GAAGCAGATCGCCCCGGTGCGGCCGGCTGGCTTCCCGTGGCCGCTTCGCCAACC GCCGTGTCTGTCGTGGCGCAAGGTGGGC
TCGGACGCCGGAGGGCTGGCGGGTGGAGGACCCGGCCCGCTGCAGGCGTGGCGATGGACGATGCTGCGCCCCGGCGGAGT
CGGCGTGC CGGCGGTGGGCGAAGGCAACGCCGGCTGCGCCGACGGTGGCGTGGGTCACTGACCAGCGCCCGGTGGCGGC
TTTCCGATTCCGTCAGGTCCAGCGCCAGCACGTCTGAGCCGATGCCAGCAGCTCGGACATCTGGCCGATCAGCTCGTCT
TGCACGCGCTGCGGCGGAACCTCGTCGCCCTGCGTGTGGAACCTGCGCCAGCACCTCCTGAAAGAAACTGTGGAAGTCCAG
CGGCAGCGAACCGTCTTGGCGTAGTGTCTCCAGGTGCGTTTGCAGGCCGTCGCGATGACCGACAGCCGCTCGAGGTGATGTGC
GGCGCCCCAGGCCGCCATAGAGCACAGTGGGAATGGCGGGCAGCAGGTAGCGCACCCGCTCGGCCATGCGGGTGTGTGC
GACCGCTGGACGGGGAAGCCATCGGCCGCCAGGCGGGCCAGTTCCGACTGGCTCAGGGCGGCGCCGCTCCTCGCTC
GTAGAACTCCCGTGCTTTCTCGACGCCGAGCGCGCTCGATGAACGTGAGGCCGCCGCGCAGTTCTGTTCTCGGCAAGAT
GCCCGGTGACGCGACGATTTACCGCGCTCCGGCCATGGTCGGAACAGGCACGATATGCGGAAGAAGCGTTCTTCTTCTG
GTCTCCGACCAGAGTTCGCGCAGGATCGCCAGTGCCTGTTGCCCGCTTGGCGATGATGTAGTGGTCTCGCCGGGCCCT
GCGCGTGTGGCCGGCGCCGCTCCAGGCCGCGCTGCGGATGGATGCCTTGATTTCTCGTAAGCCGGGTTGCGCTTCA
TGCGCGGGTTCATGGTGTAGGGCCGCAACTGGTCCAGCGTCACGACCATGGGCGTGTCCGCGATCGGGTGTCTCAAGGCC
GTAGCCGCTGGGCCGCTGCGCTCGAAGCCGGCCGCGAGCAGCTTGCCTGCCATGTCTGCGAGGTTCATGTACGCCATGGC
CGCACCCCTCGCAGTCCCCACGACCCGCCGGCCGCGCCATGCGGGCCTCTCGCTCGGCGCGCGGATCTGCGCACGGGCG
TTCAATTCCGCCCGGTGGTCACTCGCTGTGGAACCTGCTGTAGATCGCCGCGCAGCCGCCCTTGGTGAACCTGAGGTGCC
GCCCGCGTGCCTTGACGTGCCAGCCCTCACCGACCGGAACCTCGATCAGGGCGCGCAGCCGCTTGTGGCCGCGGGCCA
GCTCATGTGCGTTCCGCATGGGGCCTCCAGGATCAAGAGGTGCTGCGGGCGGCCGGATACTTGAGCCAGTCCGGTCTTG
CCATTGCGGGAACAACCTCGCTGGCGAGCGCGCGCATCGTGTGAGCGCGGCAGGGGCGACTCTGCCGGCGGCTGGCGGT
GCTCGACCCGATGCACCGGCAGGCCGCGCGTTCGCGCACGTGGATACGCTTCTATGGCCGGCACGTCCGGTGGCGAGCACG
CGGATGCCGGCGCTGTCTTGAACAGGTGCGCAAGGCCTGCTGGATCAGCCGTGCGTTGGCGGACACCGGGTGGACGCG
GTTGATGAGCAAGTGCAGCGCGCGGGTTCGATGCCAGGTGCCGGTACGGCGCAATGTCTTCGAGCAACTGCATGGTGC
CGGCGCGAGCTCGCTCGCCGAGGATCTCCGGCTGACGGGCGAGATCGGAGGCGAGCACCGCCATCTCC
AGCAGCACGGAACGCGCGCCCTGGGTGTGATCAGCACCAGGTGCTAGAGGGGAGCAAGTTCGCGCAGATGCCGCA
CCGCGAGGCGCCATCCGGCGCATGCGCAACAACGTGTTTCCAGCTCGCCCCGGTGGTGTGCGGACAGCACCAGGTCCAGGC
CCGCGATGATCGTGCGGGACACGAGCTGGCCAAGGTGCGCGCTCGTTGAAGGCCAACAGCTCATAGATGCCGCCCGGCGCG
CGCTGGGTGAGTTGCTAGTAGGAGGACAAGGTGGGCTGCACGTGAGATCGAGCAGCAGCACGCGCAGGCCCGCGTCCGC
GGCGAGCCCGCCAGGTTGGCGGCCGTCGTGGTCTTGGCGACCCGCCCTTCTGTTGAAATGATGGACACGACCTGCATGG
CGCTCTCCGGTGGGAATGGGAAGTCCGCGGGAGAGCGGGTCCAGGTCCGGTGGTTGAGGCGCTCGGCGATCCACTGGTCCG
ATTTGATCGAATCCCAGCCGACAGCGCGCACGCCAGGCGCAGCGCTGAGGGAACCTGGCGCTTCTTTCATCAGGTTGTA
GATGTGGGCGGTTTTGAAGCCGGACTTTCGCTTCGACTTCATCGAGCCGAGGATGCGGCGCTCGTTGCGCGGGAGTACAG
GGGTCTGCGACATGGCGGTCACTCCTGAACGCTCGGTGGCGTTTTGTTGGCGTGACCTCTATTCAATAGACCTGGCTGCGG
AAAGACATTGCAATGCAATCTCCGCGATTGCACATAACAAGCTGGATAACCTCATGCGCTTGGCTTACGAACGTACCTCT
TAGCGTTGGCGAACTTTCCGTTTTAAGGTGCGCTCAGTGATGCCCATGGTGCCGCCGTAGTGGGCGACCAATGCAGAGACA
AGGGCCTCCTGCGTTTTTGAAGCTGGAATAGGGCACGCTGAAGGCGACTGGCTCAGCATCAGCGTCAACATCCCTCCAAT
GATGTTGAGATAGGTGCTTTCCGCCGTTTCGCTGATCTCGCATGCTTGGATGCCAACAGCACCCGAGGATGCTTGAGTA
GCGTGTCTGCTGCTCCTGCAGTTCTCGCATCTACGTGCGGCTTGTTCAGCGCGGCTGAAGGGCCAGCCGCTCCACG
AGGATCGCCTGTCTGTTTCCATGGTGTGAAAGGATGCGCCATGCGTTGCCACGGCTGAACAGAAAATCCTGGCCGGTG
CTCGGATAGTGGGTGCGCATCCAGCGTTTTAGATCGACATGGCGAACAGTCAGATCCAGAGAAATGAGCAGGTTCCGAT
CATTGAGCTGATCCCGTTCTTGGCGTAGGCGAGCTCCGTTGAGGATGCCGTATAGATACGTTCCGAGTGCAGGAGG
CACTCAATCCATCGAGGGCAGTTACGCGACCGGACGAGCAGCGGTGACGCGATCGTGGCCAGGATCATCGGCGGATA
CCGCGCAACCCAGCCCATCGGATGGCCGCTCGATGGGACGATAGAACACCTTTGATGTTGAAATGCTCTTGTGATGT
CTTCTGCTCCTTTCCGGTGCCTACATCACCAGGCTCCTTTCTTGGCCAAAGGGCTGTTGTGTGCTTATGGCCTGCGACGGA
CGTTGAGGCGATGCCCTAAGCGAAGGCGGAGGAGGCCATGGCGTCCGCCGAGGTGGCCTTGTCTTGTGATATGCA
AGAATCGATCAGTTGCCGGCCCATCGAGCGATGAGGACGCAAGCTCGATATTGGCGCTCACGGTACCAGCGTCAATAGGTG
GCGCAAAGCCCATCAAGACCGATTTGGTATGGTCTGATATCCAGACGGTTCAGACCGAGGTTGAAAGCGTTCCGACGCC
CCTACGTCCAGTTGGGGACTGGAAATCAGCGGTTAGTGATGCATCGCTCCACATGCTGATATATCGACAAAGTATCTGCC
GCAGTACCAGTGACCCTGCCAGGTTGCCCCAGCACATAGGAGACGGAGATGGCTGAACATTTCCATGAACATCAACATCA
CACATCCGGTCAGATGGGTAAGCACGGCCGACCATAAGGCAAGTTCTGGGTGAACATGGTGTGGGCTCGTCTGATGT
ACTTCGTAATGTTTCCAGTATGATCGACGGCGCCAGGGACTTCAGAAACAATCTCAACATGCTCTACATGGCGGTCACTATG
TGGGCGCAATGGGCATCTTTCATGCTAGCGACAATGCCCGCATGTTTCCAAACC GGCGGCTCAATCTCGTGTGTACGG
CTTGTGTTGCCGTTCTCACACTCGGTTCTTTTTGCCGCTACCCGTGCTCAAACCGGAATCGGCGATCGACAGTTTCATCGCGT
CTATGGTCCCGCACCATTCGGGAGCGATCCTCATGTGCCGCGAGGCGCAGCTCTCAGATCCGGAACCTGTC AACCTATGC
CAAGCGATTTCCGATGGCCAGCGCGCGGAGATCGAGCAGATGAACCGGATGCTGCACGCCTTCGTTGAGGCTGGCTGCC
ACTACACTGGCGCCGCGTTGCGCTCCGGCGAAGTTAGCCGCGAGCGATGTAAAGATGAGTACTTGCGGTGTTCGATGCCG
GCGGTTGTGTCTACAGCCGTCCAGGTGCCAGGTAGTCCACGCGACACCACCCCGCGCTGCTGCGGAGCGAGCGCAAGT
CATGATCGTCGAAGTTGGAGTTCGATAGCGAACC CGCTCAGCAGCTGGACGATCAGGCGTAACGACGGGTGGATGGAT
CATCCTTGGACGCTGGTGGAAAGTGGTTGGATGAACTTTGTTGCCGAGGGCGAAAAACAAGGCTATAATTGAGTTCTTCG
TGATCACCACAGTGGAGAAAGTGATTGGGAAACAGAGACTTAGCGCTCTAGTGCATGACTCGTTTCCCGCTCCA

Sequenzen der einzelnen ORFs

>C1, 1932 Basen

ATGGCACTCTCTGATCTGACCGTGC GGCAAGCCAAGGCCGCCAAGAAAACCTACAGCATCCCCGATACCGATGGC
 CTCGGCCTGGTGGTCGCCCCACCGGCGGCAAATCGTGGCACCTGCGCTACTACTGGCTCGGCAAGCAAAAACGC
 ATATCCCTGGGCAACTATCCCGAGATCGGCCTGCGCGAAGCCCGCACCTTGC GCGACGAAGCCAGGGCGCTCCTG
 GCCAAGGCATCAACCCCCACACCGACCGCAAGCAGAAACGGCATGCGGTCAAGCTGGCCTCGGACTACACATTC
 AAGGCAGTCTTCGATGCTTGGGTCGAGCACCGCGCCAAGGAACTCAAGGAAGGCCGGAACAGCACACTGTGCGAG
 ATCAAGCGGATCTTCGAGAAAGACGTGCTGCCAGCCTCAAGCAGATGTGATCTATGACATTCGCAGGCCGCAA
 CTCCTGGGCGTCCTGGCGCGGATCGAGAAGCGCGAGGCCTTCACCACTGCCGAAAAGGTCCGGACCTGGCTGGGG
 CAGCTATTCCGCTATGCGCTCGTCATCGTCGAGGGCATGGAGGCCAATCCGGCCACGGACCTGGACGTAGTGGCC
 GAGCCCAAGCCCGCGGTGACCCATAACCCCTACCTGCACCTGCCGAGCTTCCCAGATTCTCCAGAAGCTCAGG
 CTCTACAACCCGCGCGGTGGCAAACCCAGCTCGGTATCCGCCTGCTGTTCTTGACCGGCTGCGCACCGGGCAA
 CTGCGGCTGGCGACCCCGGATCAGTTCGACCTCGACCGTGGGCTTTGGATCATCCCCCGCAGATCGTCAAGCAG
 CTTCAGGACGAGATGCGCAAAGCGGGGAAGCGGCCGAGGACGTACCGCCCTACATCGTGCCGTGTCCCTTCAG
 GCCATCGAGATCGTGCCTACCTCCTGGGGGTGATGCGGCCCGCCAGCGCCACCTGCTGACGCACCGCAGCGAA
 CTAAGAAGCGCATCAGCGAGAACACGCTCAACGCCGCCTTGAAGCGGATGGGCTACGAGGACAAAAGTACCGGC
 CACGGTATTCTGTTGAACCATCTCGACGGCACTCAACGAGATCGGCTATCCCAAGATTTGGGTGGACGCGCAGCTT
 TCGCATTCCGACCCAAACAAGGTGAGTTCGGCCTACAACCACGCCAAGTACGTGGAACCGCGCCCGCGGATGATG
 CAGGACTGGGCGCACCGCCTCGACTTGCTCGAACAGGGCCAAGTCGAAGCGGCCAGCGCGCACCTCACTATCCAC
 ATCGAGGGCGTACCGGCCATGGCGGAGGAGGACAAGCCCGACGCCATCGTTGCAGCTTCTCTGCGCTCCCGTT
 CCGCCGGTGGTGGCCACCCCATCGTCTGACGCCGAACGAAGGGGGCATCACCTTCCAACGGTTGTGCGAGGTG
 CCGCATCCCCGACTCATGCGCCAGAACCAGGTGTGCGGCATCCAGCGGAGCGCGAGGAAATGCTGGCCATC
 TACGAATCGCCGAGCAGTCTGCCGTGCCCTGTTTCGGCAAGTTGGCTGGAAGTCCAAGGACCAGATCAACCGC
 GAGTTGAAGGCGGGCAAGCTGCTCTCCATCAGCCTGGGCAACCGGGGCGAGGAGTTCGGATTGGCAACTGGTG
 CCGCTCAAACACAAGCTGGCCAGGTGCTCATGCGCCAGTACCCCGAGCGGATTCATGGGAGCTTTACCGCATG
 CTGACCCAGCCACATCCCGACCTGGGTGACCGCGCGCCATCGACATCGTGACGCCAAGCAATCTGGGCATGGTG
 GTACAGATCATGCGAGGCGAGCCACATGCGAATGCTCCCGAGGTGCTACCGCCCGCGGCTATCTCCGAAGAG
 GTGCGCCAGAGTGTTCGCCGGCTGATGGAGAGCGCTGTGCGCTTGGACGGCGCATAG

>C2, 657 Basen

ATGCATGATGCCACCAGCCAGTTTTCCCATCTCAGGCTTGGGATAGCACCTGGGGTGCCATCCTCATGCTTCTCC
 TCGCTTCTCGCCCTGCAACGCGCGGAAGAGCCGAAATCACTATCGCGTCTTTTGAGACATCAAGTGACGACCTG
 GTGACGGGCATTGATGAAGGTGCTTACGACGCAGGAATGTGCTTCCGGCCGTAAGCGCTCCGTCTCTGAAAAGC
 CAACCCTTGTGGATCGAGAACATCGCTGTTGCCATGCCATTGTGGTCCCCCTTGCTCGCCAGACAAAAGCTTACG
 ATCGCCCACTTTTGGACTACCCCGTGTTCGCTGGCCGCGAGAAAGCTGCTCACTACTGGATCAGCGGCTGTCA
 TCCCTCCCCTCTTTAAGCCCGCAGAGCGTCCAGCATGTGACCTCGTTCGACATGTTGGCGCTATGGGTGCGCGCT
 GGCTATGGTGTGCGGATCACCGCGCAATCGCGCATCGAGCGCGTGTGATGCATGGGGGATCACCGCCCGCCGCTG
 GCCGAGGGGCCCTACGAGGTGCTGACTCATCTGCAGCGCCTCAAAGGACGAACCTAACCGGTTTCTGAGCGGTTT
 GAGCGCAGAGCGATGCAGGTAGCCAAGGATAGTGCAGTCCAATCGAATACCCGATAG

>C3, 294 Basen

ATGCAGAAATCAACCATTTCAGCCAGGCCGCTCCTTCTGGCACAACAACGTATGAATCCGCAGCGGCGACAGCTTTC
 GGACAGGCCGTGCGCGCTGCGCGCGTGCACAAGGAGTGC GCAAGACGAGTTCGCATCTCGGGCAGGCATTTCCG
 CGCTCGCACATGGGCAAGATCGAGCGTGGAGAGCACGTGCCACGCTGCCCTCATACTGAAAATTTAGTAGCA
 CTTGGGATAAGCGCGGCTGAATTGATGGCGGCCACCGAGCGCAATCTTCGTGCCGAAACCGATCTTTGA

>C4, 891 Basen

ATGGAATTACGACATCTGCGCTATTTTCATGGCCCTGGCTGAAGAGTTGCATTTACGCGCGCCGCCGAGCGCCTG
 CACATCGAACAGCCCCCTTGTCCCGTGCCATCAAAGAAGTGGAGGACGAGCTAGGGGTGCTGCTGTTGACCCGG
 AACCGCCGTGGAACCGTGTGACGTGCGCGGGTGTGCTTTCTTCAAGATATCCGCAGATTGTTTACCCTGCTC
 GAACAGGCACGCGAAAACGCCAGGCCGTGGCAGCAGGTTTGCAGGACAGTCTGCGCATCGCGATTTCGACGGG
 GCAATCGATGCTCGCTGTGCGCATTTCTGGCCCGGTGCCGCGGAGGAGCCGGAGATCGAGATACGGCTGTCC
 GAGGTTCCGCTGGCCAGCAGTTGCGCGGCTGCGGTCGGGATTTTCATGATCGGATTCGCGCATACGGCCGAC
 GTCGGGACGACATACGGGCTGAGCCCATCTGGCGAGATCCATTTGGTCAATTGCCGTGCCGCGGACGCACTG
 CTCGCCCACAAAAGGTCCCCTCCAAGAAGTGGGATCCATCCACTGGTCTTGTGCGATCCCCATGCGTGGGAG
 GGCTACTGCCGGAACTGACACGACTGCTGCAGGTGCTTGGAGCACAAGTTGAACGTCGTCGAGGAGGTGTCTCG
 CTGGACATGATGCTCACCTTGGTGGTGGTTACGGTATCGGCTTTCTCGCGGCGAGCAAGATTCCGGTTTGC
 CAACGCCCGGACGTGGTGTGATCCGTCCCCTGGCCATCGATTTCAGCCGTTCATCACGACTTACTTGTGCGGGCCGAC
 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
 ATCTTCCGCGGTGCCGGCGCTGGTGTTCGGCCTGGGCATGGACATCCGTGAGGCCGCGCCCGTGGCGCTGCTCGCC
 GTGGGAGCAGCGGCGACCCTGGGCGCTTTGAGGGCTTGCGCCAGGGGGTAGTTGCGGTACAAGGCAGCGATGATG
 TTGGCGGCTGCCGGCGCCGTGACGGCTCCGCTGGGCGTGCAGTTTGCCACTGGCTTTCGCTCGATGGCTGAAC
 CTGATCTTCGTCGCCATCATGCTCGTGGTGGCCTACCGGATGTTTCATGTCATCTCGCGGCAGCCAGACGCAGGAC
 GATCTGGCTGACGAGCCAGCCCCGGTCTGCAAGATCTCCAAGGACACCGGCCGCTTCGCTGGAACGTGCGAACA
 GCGACCACGCTGGGGAGCATCGGCATCGTCTCCGTTTGGCCACGGGCATGTTGGGGGTGGGCGGCGGATTCATC
 ATCGTCCCAGGCTCTGGCGCATTTTCAGCGAGCTGCGCATGCACAGCATCGTCCGACCTCGCTCATGGTGTGATCGCG
 CTGCTGTCCGCTGTAACCGTGTTCATCGCGTGGAGTCATGGCATGACGCTCACCGCGCCCGCTGGACATTCGTT
 CTCACGGCGCTCGTGGGCATGTGCTCGGCCGTGTTCTGGCACGCGAGGATTCCTCAAAGATGCTCCAGCGGGTG
 TTTTCGATCACCTGCGTGGCCGTGGCGGCCCTCATGCTCATGCGCAATGTTGGCTAG

>C8, 774 Basen

ATGTTTTGCACAACGCTCGCACATTTTCGTTTCTGCTGGCCGCCAGCTTCATGGTGGTCACCGGCTGCAGCAAGGCA
 GAGACGGCTGACAAGCCGGCCGTCCTCAAGGCGCTGGAAGGTCAGGGCCTGACCGTCACGCAAGGAATCAAGGTC
 GCGCGCGGTCTCGCGCCTTCGCTGCCGTCGCGGGTGACCGGCCATTGCCGTGTACATCAGGAGCATGGCAAT
 GCCATCGTGGAACTCGCCTGAACGCCAAGGGCGAGCCAATGGACGAAGCGGACCTGGAAAAGCTGGCCGCCAAG
 CCGGTGAGCGACAAGGAATGGTGCAGCTGCAGTCGTCCACCTGGGTGCTGGACGGCAAGGCAGATGCGCCGCGC
 GTCATCTACACCTTCAGCGATGCCAACTGCCCTATTGCAACGCCTTCTGGGAAGCTGCACGCCCTGGGTGGAT
 TCCGGCAAGGTCCAGTTGCGGCACATTCTGGTAGGCATCATCAAGGATGACAGCCCGGCCAAAAGCCGCGGCCATT
 CTTGGCGCGCCTGACCGGAGTGCGGCGTTGTTGACGAACGAGCGGCAGTTTGGCCAGGGCGGGATTACGCCAGCC
 AAGAGCGTGCCTGCCGATGTGCGCAAGATCCTCGATGACAACCTGGCACTCATGGCGAGCACCGGCTTCCGGGGG
 ACGCCCGCATCGTTGTACGCGGCCCAATGGGATCCTCAAGAAGTACAACGGCATGCCGCGAGGGGCGCAATTG
 GGTGAAGTGTGGGGCCGCGCTGA

>C9, 837 Basen

ATGATCAGCGTAGGTCCGTTCTCCGTCCAAGTCGTTGCCGCTTCTTCCGCGCTGCTGGCCTGGGCGGTGGCG
 CGCATGGTTGCCAAGCGGTTGCCCGACTCTCCGTACAAGGCGGCCGGCGGAATGTTGCTGGACGCCGCTTTTGTG
 GGGTTTGTGGCGGCTCGCCTCGGCTACATCGCGCAATGGTGGGAAGAGTACGCGCAGTCGCCGATGTCCATGATT
 TCCATTGGCGACCAAGGCTTTTCGTTGGTGGGTGGTGTCTTGGCAGCGCTGGCGCTCATCTGGTGGCGCACCCGT
 GCGGTTCCGGCATTGCGCCGGCCTGTATTGGCGGGAGTTGCGGTGCGACTCGCAGCCTGGTTTGTACCGGGGGC
 GTACTGGACTCTGTGACGCGCTCGGCACCGCGTTGCCAGCGTTGACGCTCGCAACGCTCGATGAACAGCCAGTC
 GTCCTGGAATTCATGTGTTGGGCGGCCCGCTGCTCAACCTCTGGGCGTGTGGTGTCCACCATGCCGTCGCGAG
 ATGCCGGTGTTCGAGCAGGCACAAGCGCAGTATCCCGATATCGCTTTTGTGTCATGGTCAACCAGGGAGAGAGCGCC
 CAGCAAGCCCGCGCCTTTCTTGAGAGCGAACGCCTGCATCTCAAGGATGTGCTGCTCGACCCCGCTTCCCAGACC

ATGCAGGCCGTGCGATCGCGAGGCCTGCCCCACCACCTTGTTCTTCGATGAGCAAGGACGCCTGGTGGATAACCCAT
 CTGGGCGAACTCACGATGGCCAGCCTCAAACACACGGTGTGCGGCCGATTTCGCGCCAGCCCAACAGATCAAGACA
 GACAAGGAGTAA

>C10, 1854 Basen

TTGGAGGACTCGGATTTGGCTTTTTATCGGGCGCATCGTAGCGATCTTTCTCTGTGTGGTTGTGCGGTTCGGCAGT
 GCGTGGGCGGACGGCCTTTTTCCCTCCTGGGGCCGACGAGCGGCAATTTCTGGACGTTGCCGAAGTTCTCAAG
 CTGGACGCTGTGCAGCAGCAGGGCGATTTCGTTCTCGGCCGCTGGACACGTTGCCGATGGCTACTACGTTTATCGC
 CATGCCATCAAGTTGGTCGATGCGCAGGGCCATGAAGTCAGCCTGACGCTTCCGGCAGGAACAGCCAAACACGAC
 GAATTTCTTTGGCGATACGGAAATCTATACGGGCGATGCCCTCAATCTGCGCTTCCCGCCACCGCCCCGGCCCG
 CTGACACTGCATTGGCAAGGGTGCAGCGAGGCAGGTATCTGCTATCCGCCGACAGCCATGAATGTGGCATTGCCG
 GCAGTGGTGGCCGGCACATCCCCGACCGGCAATGACTCCGTACAGCGGAGTTTCGGCTTTGACCTCCACCAACACA
 GTCAGCTTGGGCGGAGCTACCGAGGTGGCAGAGGATCAAGCGGCAGCGCAGCGCCTAGCAGCATTGGGCCCCGTG
 TGGGGAACACTGCTGTTTTTTGGCTTCGGCTTGCTGCTCGCTTTACACCATGCTCGCTCCCGATGATCCCCATC
 GTCTCCACCATGGTCGTCGGCAGCCAGGCCAAGCCGCGGGGCTTTCTTCTCTCTCTGTCTATGTCTGGCG
 ATGGCGGGCACCTACGCCGCGGTGGGCGTGGCCGCTGGCTTGGCCGGGGCCAACCTGCAAGCCACACTGCAATCG
 CCTTGGCTGCTCGGAGCGTTTGCAGCCTTGTTCCTGGTCTGGCGAGTTCACTGTTTCGGCTGTTCGAGCTGCAG
 ATGCCCTCGGCGCTGATCAATCGGGTCAATCCGCCGGTAGAGATCGCTCGGGCGGGAGCATCTCCGGCGCGGGC
 GCGCTGGGCTTCTCTCGGCGCTTCTGGTCGGGCCTTGATGACCGCTCCATTGGCAGGCGCATTGTGTACATC
 GGGCAGACCGGCAGCGCGGTCTACGGTGGCATGGCCTTGTTCGCGCTGGGTTTGGGCATGGGACTGCCCTGCTG
 GCCATCGCCGTGTTTCGGTGCCTGGGCTCTGCCACGGCCTGGCGCGTGGATGGACCGGTGCGCGTGGCATTTCGGC
 TACGTCATGGTGGGCATGGCCGTGATGATGCTGACGCGCTTCTTCCCGGCACGGTCAGCCTGGTTCTGTGGGGC
 GCATGGGTCTTGTGGTGGCGATTGGCCTGATCGCGTGGGGCCAGGCCGTGGCAGCGAAGCATCGGCTGGCATGG
 TCGCTGCGGTCCGGCGCCGTCTTCGCCGGCTTGTGGTCCATCCTGATGCTGGTTCGGCGCGGCTCTGGCGGCGAA
 TCGGCATTGCAGCCGCTGGCCCACCTGCGCGGTGGTTTCGACTTCGCCAGCACCGGCGGGCGGGCGGCTCGCTTAC
 CTCAGGCGAAATCGGTGAGGACGTGGATGCGCATTTGCGCACAGCCCGCTTCGCGCGGCAATGGACCCTGATC
 GACTTCTACGCCGACTGGTGCCTGAGTTGCCATGTGATCGAACGCAACGTATTTCGGCGACCCCGCCGCTCGCCTCC
 CGCCTGGCCCGGATGCAGGTGCTGCGACAGATGTGACGCGCAATGATGCGACCGATCAGGCCTTGTCAAGCAT
 TGGGGTGTATGGGGCCGCCACGCTCATTCTGGTTGGCCCGGACGGTACGGAACGCCGGGACCTGCGCGTCTGTC
 GGTGAGATCGATGCCCGCGCCTTCTGGTGCCTTGGACAAGGCAGGTTCTCTGA

>C11, 882 Basen

ATGAGCATCGTTTTCTGACTCTGGCGTGGTGTCTGTTGGAGGCGTCTCGATATGGCTTTCTTTTCGTTCTCTGG
 CGAGGGGGACATGGTGCAGCGACCAAGTTGCCCTGAAAGCGTGAACGTCGCGTACTGCGCGATCAATGGGCG
 GAGTTGGAGAGAGACCACATCAATGGCACGTTGTGCGCCAATGAATTGGCCGATGCAAGATCTGATCTTCAGCGG
 CGAGCGCTGAATGAAACTGCTGCTCCTCCGTTGAAATTGGGGCCGCCTGCTGGAAGCAAGCGGGCAGCGATCACT
 GTCGCCATTCTGCTGCCGATCGCGACAGCGCTCACCTATTCTGACCTGGGAAATCCGGCCGCCACGGACCCGTCA
 CAGGTTTCGAGCGCGAGCATGACGACGCAAACCGATGTGCAAGCAATGGTGGCCTCTCTTCAGGCACGGCTGGCC
 CAGCACCCCGATGATCCTGGAGGCTGGCTCATGCTGGCGCGTTCTTACCGTTACTTCGGCGATCATGAGCAAGCC
 GTCATGCCTTACCCACGCCAATGAGCTGGTCCAGAACGATCCACAGGCGTTGGCGGAGTACGCGGAGTTCGCTG
 TCCAGAATCCGTGGCTCCGGTTTTGAGGGAGAGCCCACTCGTCTGCTTGGAGCGCCTTGTGCTCGATCCCAAT
 GCAGCCCTGCCTCTGACTCTGGCCGGCGCTGCTGCGGTGCAGCGCCGGACTATCAAACGGCCATCGCGCACTGG
 GAGAAGCTGCTCGGGATGATGCCCCCGATTCCGAGGCGGCGAAAGTCGTGCGGCGGGGATTGAACGGGCCCCG
 ACGGAGCAGGCGGAACTCGCCCATGGTTCGATCACCAGAGCCAAGCGCAAAGCCTTGA

>C12, 456 Basen

ATGATTCTCTGGCGGGTGGCATTGTTTTTTCTTTCTGTTACGGCTCCGGTCTGGGCCAGCGACCAAGCGGCCGAG
 GACCGAATGCTGGGCATTGCATCCGAGTTACGTTGCCTGGTTTGGCAGAATGAATCGATTGCAGCTTCGCGAGGCC
 GATCTTGGCGCTGACTTGCGCCAACAGATCCGCGAGCAGATCCGTGCCGGCAAGAGCGATGACGACATCCGGACT
 TATATGGTCGAGCGATAACGGCGATTTTCGTGCTCTATCGCCCGCCCTTGAAGCCGACAACGATGTTGCTTTGGTTT
 GGCCCGTTCTGTTGCTTGCCTTGGGCATTGTGGTCTTGGTCATGAATCTGCGCAGCCGAAACCGCAAGCCGAAG
 CATGCTGCACTCAATGAAGAGGAGCGCAGACACGCGGACGCGCTGCTGGCTCCGCCACACAATGTAAGTGGACGAA
 ACATGA

>C13, 525 Basen

ATGAACCGTTTCTATGGCCGCTGCTCGGATTCCTTGTCTTGGTGTGCTTCTTCGCGAGTGGGCTGACGCTCAAG
 CCCAGCGAGGTGCCATCGCCCTTGATCAACAAGCCCGCGCCGCGCTTACGCTTCCGCAACTGCAAGCTCCGGAC
 CTGACCTTCTCATCCGAGAGCATGATCGGGAAAGTTTGGGTACTGAACGTGTGGGCTTCTTGGTGCAGCCCTGT
 CTTGAGGAGCATCCTGTATCACCGAATTGGCCAGCAGGCATGCTGTTTCGGTGGTTCGGCATGAACTACAAGGAC
 ACGCCCCAGAACGCCATCGCCTGGCTACGGCGCAATGGCAATGCCTTTGAAACGACGGTCTCCGATGCGCATGGG
 GCGGTTCGGCATGACTTTCGGGTGTACGGCGTCCCGGAAACCTATGTGATCGATAAGGCAGGCATCATTTCGCTAC
 AAGCACACCGGGGCGATTGACGCGGGGGAAATGCGCGGCGAGCTGCTGCCGCTGGTTCGGGAGCTTGGAAATGA

>C14, 1962 Basen

ATGATTCCAGAAATCGGCCACCTCGCCCTCATCGCTGCCTTGTTCGTGGCACTCGCTCAAGGTGTTCTTGCCCTG
 GCCGGCGCGGGCGAGCAACCTCACCTGGATCGCGTTTCGCCCCCCCCGCTGCACGCGCTCAATTCCTGTTGGTG
 ATGGTCGGTTTTTGCCGCGCTCACCTGGGCCTTTGTGCGAAGGACTACTCGGTGCGCTACGTCGCTCAAACTCC
 AATTCTCAGCTCCCCTGGGCTACAGAATGGCCGCGGTCTGGGGCGGACATGAGGGTTCGCTCCTGCTCTGGCTG
 CTGATGCAGACCGGCTGGGCCTATGCGGTGACCGCGTTCGAAACAGCTTCCGGATGCCATGGTGGCGCGCGTT
 CTGGGCGTGCTCGGCCTGGTGACGGCCGGCTTCTGCTGTTTCGTCTGTTGACCTCCAATCCCTTCGAGCGACTT
 TTCCCGGTACCGCAAGATGGATGGGATCTGAATCCGCTCCTGCAGGATATCGGCTTGATCTTTCATCCACCGCTG
 CTTTACATGGGGTACGTCGGATTTTCGGTGGCCTTCGCATTTCGCGATTGCTGCATTGCTTGCCGGACAACCTGGAG
 TCGACGTGGGCACGCTGGTCTCGTCCCTGGGCCACCGCAGCTGGGCAAATCTGACGGTCGGAATCGCCTTGGGG
 AGTTGGTGGGCCTACTACGAGTTGGGCTGGGGGGGCTGGTGGTTTTGGGACCCGGTCGAGAACTCGTCGTTTCATC
 CCCTGGCTGGTGGGCACCGCCTTGATCCACTCTTTGGCGGTGACGGAAAAGCGGGCCAGTTTCAAGAACTGGACG
 GTGCTGCTCTCGATCGGCGCATTTTTCTTGCTCGCTTTTGGGTGCCTTTCTGGTGCCTCGGGCGTACTGACTTCT
 GTGCATGCATTTGCCACCGATCCGCGACGCGGGTTATTCAATTCTGATTCTGCTGACGGTCATTGTGGGCACGTCG
 CTCGCTTTGTTTCGCATGGCGAGCCCTAAGGTCCGCATGGGAGGACGGTTCGACATGGTCTCCAGGGAGTCCCTG
 CTGCTGGTCAACAATGTGCTGTTGGTTCGTCACTGCCGGCGCTGTGCGCTCGGTACGCTGTACCCACTGCTCGTC
 GATGCGCTGGGCCTGGGCAAGCTCTCCGTGGGGCCGCATACTTCAATGCGGTGTTTCGTGCCATTGATGATCCCC
 GCGTTGCTTCTGATTGCGGTAGGACCCCGCCCAATTGGAAGGCCGCCAGTTCGGTGCCATCTCAGGCAGTTG
 CGCGTGCCGATGATTGCTGCACCCCTGGTGGGCCTGACCGCCCCGTTTCGTGCTGGGGCACTGGTCACTTCTGCG
 GCGTTGGGCTTGATGCTCGCCACGTGGATTGCGGTGTCGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
 CGCGGGGGGTTGCGTGCCAGCCACGCAGTTGGCTTGGGATGCATATGGCGCATCTGGGCATCGCGGTATTCGTG
 ACTGGCGTGACCATCGTCAGTGGGTATGAGACCGAGCGAGACGTTTCGATTGGCCAGGGCGAGTCCGTCAGCATC
 GCGGGCTACGACCTCACTTTGATCGGCGTCAGAAGCACGCGGGGGCCAACTACGTGGCGCAGATAGGCGATATC
 GAACTGTGCGCGACGGCAAGGTCTTGCCTGCGCTGCATCCGAAAAGCGCAATTACCCGGCCTCGCAGATGCCG
 ATGACCGAGGTGGCGATCGATGCAAACGGACTGCGCCACGTCTACGCGGCGCTCGGCGAACCGCTCGGCGACGGT
 GTTTGGAGCGTTCGTGTCTACCACAAGCCATTTCGTTGACTGGATCTGGATCGGCTGCATCCTGATGGCGCTTGGC
 GGTGGCTTGGCCATCAGCGATCGTCGATAACCGTCTGAAGCCTCGCCGTCAACACGTGCTCCGCCATTGCCCGAG
 GCCGCATCATGA

>C15, 447 Basen

GTGAAGCCACGAAATAGACGCATCGCACTCATCGTCGCCGGGCTATCCGCCCTCGGCATCGCCACCGCGCTGGTG
 CTCAATGCCTTTTCAGAGCAACCTTGTGTTCTTCTTACGCCCTCGCAGGTGAGTCCGGGGAGGCACCACTGGAG
 CGCACCTTTTCGAGTCGGCGGCATGGTGGAAACGAGGTAGTCTGAAGCGCCAGCGTGGTGGAGCTTGCCGTGAGTTC
 GTCATCACCGATAACGGTCAAAGCAATCCCGGTACAGTATTCGGGCATCTTGCCTGACCTGTTCAAGTGAAGAAAA
 GGGGTGGTTGTTCAAGGACGGCTGGACAGTGCCGGCCTCTTTTCGCGCCGAGGAGGTGCTGGCCAAGCACGACGAG
 AACTACATGCCGCCGAGGCCAGCATGCGCTGGACGAAGTCCAGAAGAAGCCGGCTTCAAGGAAGCCTTGA

>C15b, 192 Basen

ATGAAGTGGGCCAGTGTGGGTGAGTTCCTGGCGATGGGCGGATATGGCGTGTACGTTTGGGGATCCGTCCTGACG
 ACGGTGGTGTGCTCTGGACTGAATGCCGAATGCTCCGGCGCCGGCGCCGAGCAGCGCTATGGCGCATCCAGTCC
 GAATTGCTGGGCAAGGAGGCGCGGGCTGAAGCCACGAAATAG

>C16, 738 Basen

ATGGTCAACTGGTTCAAGTTTTTCATCTCCCAAGGCGTTCTACCCACTCGCGGGGAAGCTCGTCCCTTGGCTCGGC
 GTGACCGCCGCGCGCTGTGCTCGCGGGCGTCTATGTGGGGTTCTTCTTGGCACCCACCGACGCCAGCAGGGA
 GAGGGGTATCGCATCATCTTCTGACAGTCCCGTTTCATGGATGTCCATGGTCATCTATCTGGCGATGGCGTTC
 TGGGCCGGCATTGGCCTGGTGTTCACAGCCGCTGTGCGCAATGATGGCCTCGGCGCTGGCCCCACGGGTGCA
 CTGTTACCTTCTTCTGTTGGACCGGCGCCTTGTGGGAAAAGCCGATGTGGGGAACCTGGTGGGTCTGGGAT
 GCGCGGCTGACCTCTGAACTAGTCTGCTGTTTCTGTACATCGGTTTCATCGCACTCCAGTCCGCGATCGAAGAT
 CGTCGCCGTGCCGACCGGGCAGGCGCCGTGCTGGCACTGGTGGCGTGGTGAACATCCCTGTGATCTATTTCTCC
 GTGCACTGGTGGAAACCTTGCACCGAGGCGCCTCGGTATCGCTGACTCGTTCGCCCTCCATGGCGACGGTCATG
 TTGTTGGGCATGCTGATCATGGTTCTTGGCGCCTGGGCTTACACGGCTGCGGCGGCGCTGGCGCGTGTGCGCTGC
 ATCATCCTGGAACCGCAACATCACGCCGGCTGGCTGCAGGACATCGAGGAGGTGAAGCGATGA

>C17, 687 Basen

ATGAGCCGGCCCCCTCGTTGCCAATCCGGTATTTGTGCTGATGCGCCGGGACTTGAAGCTCGCCTTGCTCCGAAGG
 TCAGACGCGCTGATACCTCTTTGCTTCTTTGTGCTGGTTCGTCAGTCTGTTTCCATTGGGTATCGGCCCCGAGCGC
 GAAATGCTCCGACGGATCGCTCCGGGCGTCTGTGGGTATCGGCGTTGCTGGCCAGCATGCTTTCGCTCAATCGC
 CTGTTTCGAGCAGGATCACGCCGATGGCACGCTGGAGCAGATGATGCTGTGCCAGCGCCGTTGGCCATGTTGGTC
 GTCGGCAAGATCGCGGCGCATTTGGCTGTTGTCCGGTTTGCCTTGGCCTTGTTCGCCCCGCGCTGGCATTGCAG
 TTCGACCTGCCTGCCTTGTCCCTCTGGATTTTACACCGCATCGCTCGTTATCGGTACGCCGGTGTCTCAGCCTCATC
 GCGCCGCTCGGCGCGGGCTGACGCTGGGCGTACGCGCAGGGGGTGTCTCCTGTTGCTGCTGGTGTGCTGCCGCTC
 TACATCCCGGTGCTGATCTTCGGTGCAGGCGCGGTCGATGCGTTCGATCATCGGTTCAGGGAGCGTCCGGCAACCTC

TCTTTGCTCGCCGCGTGTTCGTCTTGGCGGGCTTCTTACGCCATTTCGACGAGTGCATCGCTGCGCATCGCA
CTGGAGTACTGA

>C18, 612 Basen

ATGCTTGAAGCTCTCGATCTCGCGGGCGTTCGCGGGGAGCGCCGCTGTTTGACCATTTGACTTTCCGGATCGTG
CCGGGCGAGTGCCTGTTCGGTGCACGGCGAGAACGGCAGCGGGAAGACCACGCTATTGCGAACGCTTGCAGGGTTC
GCTACGCCTGCTGCTGGCAGAGTCTTGTGGAAAGGAAAGCCGCTGCGCAACCAGTGGAGTGAATACCAACGCGAA
CTGGTTTACAACGGCCATGGCATTGGACTCAAAGAAGACCTGAATGCCTTGGACAACCTGCTTGCCGCGGCCGCC
ATCGCTGGTGAGCCGGTCACCACGGAATGCGTGGAAATCAGCGTTGGACGAAGTTGGCTTGGCCGAGCACAGGCAC
TTGCCGTTCCGGATGTTGTACAAAGGCCAAAAGCGTTCGTGCAAGCCTGGCTCGATTGCTCTACAGGAGGAAG
TTGTGGATTCTCGATGAGCCCTCCACAGCGCTGGACCAATTTCGGTGC GCGATGGCTTGGTGAACGATCCATCGG
CACCAGTACGCGGGCGGCATGGTCGTTCTGACGAGTACCAGGAGCTGGCCTTGAAAACCTTCTCAGACCGTCCGG
ATGGGGCATGA

>C19, 669 Basen

ATGCGAATACTGTTGGTGAAGACGACAAACTGATCGGACGGGGGATCGTGGCCGGTCTGCACAAGCACGGCATC
GCGGTGCATCACGTCCGCACCGCAGAAGAAGCCGAAGCCACGCATGCGGAAGACACCTTCCATGCCCTGGTGCTC
GATCTCGGGCTGCCTGACCGGGACGGCATGGAGTTGCTGGCCAGCATGCGGGCCGTCGAACCTCAATTGCCCGTC
CTGATCCTCACGGCGCGGGACGCCATCGAACACAGGCTCAAAGGGCTGCATGAAGGTGCCGACGACTACATGATC
AAACCGTTTCGACCTGCGTGAACCTCGCAGCCCGGTTGCATGCGCTGGTTCAGACGCACGCAAGGCCGTCGCGCCAG
GTCATCTCGGCCGGTCCCCTGCGGGCTGGAGCCGGAGAGCGGGCTGGCCTGGTTCCAGGGCGAGCCCGTCTCCTTG
TCGCGCCGCGAGGTTCGATCTGCTGGCCCATCTCGCAACGCGGATGGCCGGTGGGTCCCGCCGACATGCTCAAC
GAGCGCTTGTACGGCCTCGGGGAAGAGATCGGCAGCAACGCGCTGAATGTGCATATCCACAACATCCGCCGCAAG
CTCGGCGCCGAAGCCATCGAGACGGTCCGTGGGCTCGGCTATCGGCTGGGCTGGAGGCTTGCATCATGA

>C20, 1386 Basen

ATGAGCCTGCGGCTGCGCGCCGTTCTGATCGCCGGCATTTCGCTGTTGGTTCTGTGGGGCGCTGCCGCCGGCTGG
ATGATGCGCGGCGTTTCAATCCAATCTCGACCGGACCCTCGACGGTTCGCTTGGCCATGTCGGCACGCATGGTGTCTG
GGGCTTCTTGAACGCGCCGCGCTGGCTCCGAATGCAGCGTCCAACGACTTCACCGAGGCGGTGCGCGTCAGCGGC
AAGGAGGGCATCGCATGCGAAATCCGGTCTTTGCAGGGAGAGATCCTGGCACGAACGACCACCGGACCTCACTCG
GAGTTCGAGTCACTGCCGGCCGGCTTCAGCACGCGGGACGTTTTGGGACATCAGTGGAGGGTCTACGTTCTTCGT
GCCAATGGCTACCAGATCACGACGGCGGATCGCGTGGATCAGCGGGATATGCTGATCAACGAATTGCTAAGCGTG
GCTGGCGTGCCCTTCTTGATTGCCCTTCTGGGCGGCTGGCTGCCCTTGGATCGGCATCGGACGGGGGCTCGCC
CCCCTGGAGGCTCTGTGCGCAATTCGCGGACAAACACGCGGACGACACGTCCTCCGATCGCCGTCAACCATTCA
CCCTCGAACTGCGCCCGGTTCTGGACGCAATGAATGGGCTTCTCAAGCGCTGGCACGGACACTCGCCAGCCAA
CGGGCATTACCCGACGCCGCGGGCGCACGAGCTGCGCACGCCGTTGACCGTGATCGATACGCACCTGCAGGTGGCC
CGGATCAGTGAAGGCGACGAGGTGGCGTCTCTCTTCCAGTGCAGAGGAAGGCGTGAAGCGGCTGAGGCGCACCC
TTGGACCAGATGATGATACTGGCCCGCGCCGAGACGCTTGCAGCAAGGCGGATGGTTGCACTTCGGTGGTTCGCT
TCCGTGCGGCGGCTGCTGGAACAGTGAAGGCCGAGAAAAGAGCGCTTGTGCTTGAACGTCAGCGGCGAGGAC
ATCGGAACCCCGGTGCCAAGTCGATGCTGGAACGGCGGTTTCGCAATCTGGTTGACAACGCGATGCGCTATTCG
CCGCGAGATACGGCCATCGAGGTGGGCGTGTCTTGGATCCGAATGCACAGCAGTGTGTGATTAGCGTGTCCGGAC
CGTGGCCCCGGGCTGACTGCCGAGCAGGCATGCCAAATTGGCCAACGTTTTCTGGCGGGTGCATAGGGCCGAAAG
AGCAAGGACGGGGCGGGCCTGGGCATTTTCGATCGTTCGGGCCATTGCAGAGAGATTTGGTGGGGCCCTGAATCTC
GAACCCCGGAAGGCGGAGGCCTGGTTGCGAAATTTCTCGTGCACCCGACCCCGCACCCAAAAAAGGTCAAGCT
AGGCCTGCAGGGCGTGGCTTGGATTCAAACCGTAG

>C21, 1599 Basen

GTGAGCAGGCTTGC GCGGTGGCGAAATGCCGACCTTGGCGTTTGGCCGTAGCGCACATGCGTTGACGTTCCGCC
CCGGATCCGTTGCCCCAGTGGTTCGCTGCCCATCGTTCAAATCCTCGCGCTGGCGGTGCTGGCACGCGCCAGCTTT
GCCGCCGAGCGCGGCCGGCAGGCATTCCTTCGCGGATGGGCGTTCGGCTTCGTCAATTTTGGCGTGGCTTGTAC
TGGCTGTTTCATCAGCATCCATGACTACGGTGGTTTTGTCCGCGCCACTGGCCGGTGCAGCGTCTGTCGCTGTCT
GCCTTTCTCGCGCTGTTTCCCGCTCTTGCCTGCGGATCAGCAAGTGGCTGCAGTCTCGACTCGGCGGGGAGCA
GCGCTGTACAAAGTGTGGTCTGGTTCAGCTGTCTGGGCCGCTCGGAATGGCTGCGCGGCGTGTGTTCTCGGGC
TTTCCGTGGCTGAACATTGGCTACGCCCATGTGGACAGCCCTTGGTGGGCTGGGCGCCGTTGCTGGGCGTGCAT
GGCGTGC GCGTGTCTCGCGGCGTGC GCCTCGGGGACCGTGGCGTTCTGTGCGGTCCGGCCCGGCTTCCATGCGC
TCGAACGTTGCTTTGCTGGCGACGGTGTGATCCTGATCGCCACGGGATGGACACTTACTCGCCTCGATTGGTTCG
ACGGCCGAAGGCGAGCCGCTGCATCTGAGGCTAGTGCAGGGAAACATCGATCAATCGCAGAAGTTTCGACCCGACC
CTGCTTGAAGACGGCATCGCCAGTCACTTGC GGCTGGCCGACAGCCACCGGGCCCCGGAGAGCCGCATCCGGAC
CTGATCGTCTTGCCAGAGACCGTTCGTGCCCGTATTCCAAGACCAGCTCGACCCGATGATTTGGAAAACCTGGCTC
GACGTAGCGGCGAACACGCGCAGCAGCATCGCATGGGCGTCCCTTTGCACAGCATGGCGGCCGACGGCAGTTTCG
CGTACACCAACAGCGCCATCGGCTTCGACTCCGGCACGCGGTTGCAGCAGCTTGTGACGCTTCCGTGCCGCTA
CGTACGACAAGCACACCTCGTGCCTGGGGCGAATATGTACCGGCTGGGTTTCGAGTGGTTTCACGCGGATGCTG
AAAATGCCGCTGGGTGACTTCGATCGTGGAGCCCCGGTCCAGAGACCATTCTCGGTGAATGATCAGCATTTGGCC

TTCAACATTTGCTACGAGGATGTTTTTCGGTTCCGAGCTGCTCCCGTCGCTCCTGCCGACCCCAGGCGCAGGACCC
 GGCGCGAGCGTGCTCGTGAACCTTGAGCAACCTCGCTTGGTTTCGGCCAGACCTGGGCGCTTCGCCAGCATCTGCAG
 ATCGGGCGGTTGCGCAGCATCGAGACCGCTCGGCCTATGGTGACCTCCACGAATACAGGCATCACGGCCTCGATC
 GATCCGAAAGGACGGGTGCTTGCCTCTGCCGCCACATCGGCCGGGCGTGTGTCCGCGACCGTACAAGGCATG
 AGCGGCCTGACGCCGTATGTTTCGCTATGGCGACCAGCCGGTCTGTGCTGGTAGGGATAGTATTGGCTGCTCTC
 GTACGGCGCCCGACCCACGGTAG

>C22, 2316 Basen

GTGAGCAAAGCTACTACGGGAAGGTTCGTGGGCGGAAAACCTGCTTGGGGTTGGAACGGATGCCAAGAGCGGACCGT
 AGTTCGGGTGGGGATTTTCGACTATGAGCAGGCCCGTGTGGCGGGCCGGATGGTGTTTTTTCGTAGACGGGCTTTGG
 TGCGTGAGCTGTGCGATGGCCTTGACGCGCTCTGCAGCGTGTGCCCGGCGTGGTCTCGGCGACGGTGAATTTTC
 ACCTCCGGTTCGGCGCTGGTGACCTGGGTCCCGGAGTCGATCGACTTCCCCTTGCTGCTGCGAAAGGCCGAGGGT
 CTGGGCTACGCACTGTCCCCGTTGAAAGGCAGCGACGAGCTGGAAGCGGCCCTGCAGCGGCAGGCCAGGAAGATC
 CGCTTGACGTTGACCGTTCGCGGTTCGTCTTCGGGATGTGGAGCATGCTGGGCTCATGGGTGCTTTACCTGAACGCC
 GACGAGGCGGCGGCGCTCGTCATCGCCTGGGCCAGCGTCGTAGCAAGCCTTCCCGTCGTCGGATATTCGGCGTGG
 GATTTCTACCGCGCCGCCCGCTTCGCTGCGCGCCGGATCGCAGGGATGGACGCTTTTGCCTCTGTTGCTGTC
 CTTGGCTCCCTCTTTGTGTCGGTTCGGTCCCTGGCCATGGGGTCCGTGGCGATTTACACCGACGCCGCCACCATG
 TTGATCACTTTTCTGCTGATCGGAAGATTGATCGAAATCCATGCCCGGCAGGAGAGCGGACTTGCCGTACAAGCA
 TTGCGCAGCCTTGCGCCGGAACCGCGACGAAGCTGACTTCTGCCGGCGGCGAAAAGGCCGAGAGCACCGTCCCTG
 CTGGCAGAGCTCGCGCCCGGTGATAACGTTTTGATACGCGCCAACGAGCGCATCGCGGTGATGGCATCGTCCGTA
 GCGGGACAGTCGGCCGTCGATCTCTCGCTGCTGCAAGGCGAGTCCGCGCCTCGCAGCGTTCAGCCTGGCGAACGG
 GTCTTCGCCGGGTCCGTGAACCTGCGCGGACCTCTGACGGTCCACGTGACCGCCGGTGCGGGGGACCGACGATTG
 GACGTGCTCGGCCTGCGCATGCTTGAGCTGTTTGGCGCTCGTTCGTGCTTGTCCGAGACGGCCGAGCGCTTCGTC
 CGGATACTGCTCCCGGTGCTGGTGACGGCATCTCTGCTCGCCTTCGTCCATTACCTGTGGAACGGCTCAAGCGCA
 GACCAGCGTGTGCTCGGTGCGCTGAGCCTTCTGGTTCGAGCCTGCCCTTGCAGCGTGGTCTGGCGATGCCGCTG
 GCTACGCTTTTACCTGCCCGAGGCGCGCGCGGCGGCTCCTCCTGAGAGACTCCGCGAGCGTCAAGCGCTC
 GCCAGGGCAAGGATCATGGCGTTCGACAAGACCGGCACATTGACGTGCGGTGAGATCGTATCGTACGATCCAG
 ACGCGGCACGGGGGGGCCGAACAGGACCTCATCGACCTTGCGGCAAGGGCCGAGGCCGCGTCCGCGACCCCAT
 GCACACGCGGTGGTCTCGCGGCCCGGCAGTCTGGAATGAGCAGCGCTGCGAGCCCGACGGATGCCAGGTGACG
 GCGTGCGCGAAAGGCGTGACGATGCATGTCCCGGCGGCGAGACCGTGTGGGTGGGTGAAAGGCATTGGCTGCTC
 GCCGCGGGAGTCGAGGGCATGCCGCGGAAGATGGCCTGCCAGGGCTGGTACACGTAGCCAATGGCCGGGATTGG
 CTCGGCTCCTTGCCTGTCAGGATGCCCTCGCGACGACGCCGTTTCGTCACTGCAGCGGTTACGTGCGCAGGGA
 TTGAAACTCTGGTTGCTGACCGGGGATTCCAGCGCAGCGTCCGAACGCCTGACGGCTGACCTGGGCATAGACTTC
 GACCGGGTCGAGGCCGATTGCTCTCCGGAAGAAAAGCCGACATCGTGGCAAAGAGCCAGCGCTGTGCAATTC
 GTGGGCGACGGCGCCAACGATGGCCTGGTCTGGCCAGGCAGCCTGCGGAATCGCCATCCAGGATCGAGTTCC
 GTGGCTGTTTTCCGACCGCGGGTGGTGTATCGCGCACGGCAGCGTGGGCGCTGTGCTCGAGACCCGTGAGTTGGCT
 CGCAAGTTTGATCGCATCGTCCGGCAGAATCTCGCATTTTCCGTCGTGTACAACCTCGCCGTGATTGCTGCTG
 TTCGAAGCAGGCGTGACGCCCTTTGCCGCCGCGCTCGCCATGCTGGCCAGCAGCGCGTGGTCTCTGAACACC
 TGCAGGCTGCTGCAGGGCCGCGTCTGTGACAAGTCGATGCAGGCCAAGCCGGCTGCGTCTCTGA

>C23, 1098 Basen

ATGACGAACAACGGTATCGCCGCTCTGCGCACACGGGGACACTCCGGCGTGCCGGTTATGCTGCGGCGCTGGGT
 CTCCTGCTGTTTTCCGGCAGGTTACGGCGTCTACGAGAGCGGCGTGATGGGGTATCTGTACAGCGGATCAGCGGC
 AAAACGGTACAGTATCCTTTCGGCCGCGCCCTATTTCGAGAGCAGATATGGAAGCTGCTCGCAAGGCTACGCAAAA
 GACGCCAAGGCGTCTCCGCCCGGTATGCCCGTTCGGTTCGGGACGGCTACTACCTCCCCTGCGGAGGATGACATT
 CCGAAAGGACCCTATGGCGATGCCATCCGGCGAGGAATGAAAATCTTACCAGACTGGCGCCATGGTCAAAGAC
 CACGTGGGCAATTGCTGCGCCTGCGCAACTGCCACCTCGACTCGGGACGGCGAGAGAATGCCGCACCGATGTGG
 GCGGCCTATGCGTCTACCCCGCTTTTTCGAGCAAGACCGGGACCATCAGCACGCTCGAAGACCGGATCATGGGC
 TGTTTACCTATTGATGAACGCCAGGCGTCTCTCCGGGAAACCGCCCGCTGGCAGCGATGTGTACCGC
 GATCTCATGACCTATATGGCCTGGATGGCCGATGGGCTGCCCGCCGGAACAAGCCGCGGAGCGCTCTATCCC
 AAGGTGCCGAAACCAAAGGACGACTACGACGTGGGCCGAGGTCTGGCGGTCTATCAACAAAATTCGCACTGTGC
 CATGGTCTGATGGACAGGGCACGCGGGAGGAAAACGGCAAGATGAGATTTCCCCCGCTTTGGGGACCCGAGTCG
 TACAACGGGGCGCCGGCATGGCCCGCATCGATACTGCAGCGGGCTTTATCTGGGCGAACAATGCCGCTTGAAAAG
 CCATACAGTCTGACAGAACAGGAGGCTGGGACGTGGCGGCATTTCATCAACAGCCACGAACGCCCAAGGACACA
 CGCCAGACCGGAACCGTGGCTGAGGCGCTGGAGAAAATACCACGAAGGTGAGCAAAGCTACTACGGGAAGGTTCGTG
 GCGGAAAACCTGCTTGGGGTTGGAACGGATGCCAAGAGCGGACCGTAG

>C24, 819 Basen

ATGAGGGGCGAGATGAAATCCGAGCTGAGCGGCAAGGGGCGTTCGTGTTCAAGACGTAGACCCGACATTCGACCCC
 TGGGAGCAATCGCGTCCCATTCCCTTGTGTTGCTGGCCATCTTCTGGCGCTGGCGATCTGGGGCGCTTTGAGC
 TACATCGCCGACCTGGCGCCGAATCGCGGGGCGGCGATTGGCGGGACCGTTGCGCCGAAGCAGCAGGCGCCCGCA
 GTTCCCAGATGACGCGCCGGTCTGCTCTTTTCAGGGCAACGACATCGTCTGGGCTGCGCGTCAATGTACGCGGCAC
 CACGGTCTGGCGCGGGGCTGACGCCCCGCGCTGGCCGGCCTGTCCGAAGCCTACATCGCGAAGCAACTCCACGCAC

TTTCGCTACCGGAAGCCGCCCAACGAGTCCATGCGGTACGTGGCCAGTGCAATGAGCGCCGAGGAGATCGGGCAA
 GTCTCGGCCTATTACGCTGCGCTGCCGCACGTTGCCGGGCCGCCCGTCGATCTGGGCGGAGACGCGGCGCGTGGGA
 GAGGCACTGAGCCGAACGGGCGACTGGAAAAAGGATATCCCGGCGTGCCTGACCTGTCATGGCCAGCAGGGTGGAG
 GGTGTGGGCGGCCATTTCCCTGCGCTGGCGGGTACAGCAGCCCGAGTACATCTTCCACCAGTTGGTCTCATGGAAA
 GCGCGCCATCGCCACAATTGCGCGCAATCCTTGATGGATGACATCGCGTTCGCGCATGTTCGGACCAAGACATGCGC
 GATGTGGCTCAGTATTTCCGGATCTTTGCGTCCGGGCAGCAAAGGAGGCAATCATGACGAACAACGGTGA

>C25, 642 Basen

ATGAACCGGCTGATTCCATTGTTTCGTCGGCGCTGTCCGAATCTTGGTGTTCGCGACCGTCATGCTCGTGGTGTCTC
 CCCGGCCTGCAGGTCCGTACGGTCCAGGCACCTGCGCAGTTGCAGAACTACACGATCGAACAGCTAAGAGGCCGT
 GCGCAGTACGTGGCCAATGGCTGTGTCTACTGTACAGCCAGCAGCCTCGTTTCGAGTGGCCAGACGCTGGCGGAT
 CAGGCCCGGGGCTGGGGAAGGCCGTCCACGCCGGGCGACTACGCCTACGACGCTCCCCAACTGCTCGGGACGATG
 CGCACCGGCCCGGATTTGCTGAATGTCCGGGTGCGCCTGCCGAGCCGGGACTGGCAATTGACCCACCTGTACCAG
 CCCAGGGCCATCTTCGACTGGAGCATCATGCCTTCGTACCCCTTCTCTTCGAGGTCAAGGAGAAGGCCGCGCCC
 GCGGAGGTCTGGTCAAGTTGCCGAGGAGTACCGTCCCGCGACGGGAAAGTGGTGGTGGCCCCGACAGGAGGCG
 CTCGACCTGGTTCGCTACCTGTTGAGCCTGGACCGTTCTACCCCGTCAGCGCCAAAGAGGCGACATTGCGTGAT
 CGTGGCTACGATCCGAAAACCTCAGAAGGGCCCCGCGTCAATGA

>C26, 1557 Basen

ATGAATGAAAGCCTAGGGTTTCTCCTTGCTCTGAGCTTTATCGTCTCGCTGGCGGCTCTGGGCGCGTTGATCTGG
 TCCATCGTGACGCGCCAGATCCATGCGGGAAAGAAGGAGGCTTCGACCATATTTCTGGAGGGCGAGGCCGGCTCC
 CCGGATGATCCATCTTCATTCGATGAAGGGGCGGCCGAGCATCGATTTCGACGCTTGCCTGCGCGCTCGACGCC
 CCGGGTCGGAACGTCGTAAGTGGTCCCTGTCCATCGCTTCCCTTCTGTTCCCTGATCGTTGGCTCGCTGTTCCGGGATG
 ATCGCCTCGCTGAAGTTGCACTGGCCCCGACTGGCTGGCGAGTCAGGCGTTCACCACCTTCGGGCGCGCGCACC
 GTCCATCTGAATCTGGTTCGCTACGGCTGGCTGTCCACAGGGGGCATAGCGGTTCGCGCTCTGGATCATCCCTCGC
 ATGTTTTATACGCCCCCTGCGAAGGCCCGCAATGGCGATGGTGGGCGCGGTGCTGTGGGCCCTCGGCGTGGCGGCC
 GTGCCATTGCCATTGCCAATGGATGGAGCGAGCGCCTGGAGTGGCTCGAAATCCCATGGCAGATCGACATCGTCTC
 CTGGCCCTCGGCGGCTTCTTCATCGCATGGTCCGCCATCGCGACGACCCGAAAACGCAACGTTACCCACATCTAC
 GTCAGCGGCTGGTACTACCTCGCGGGACTGGCATGGTTCCCCATTCTGTTCTTCATCGCGAATATCCCGGGCCTG
 CATTACAGGCGTGCAGCAAGCCACCACCAACTGGTGGTTCGCGCATAACGTGCTTGGCCTCTGGCTGACACCGCTG
 GGGCTGGGTGCTGCCTATTACCTGATTCCCAAGATCATCGGCAAGCCGATCTATTTCGTATAGCGTTTCGCTGCTG
 GGCTTCTGGGGCCTTGCCCTTGTCTACAGCCAGGTGGGTATTTCATCACCTGATCGGTGGGCCCCGTGCCGACGTGG
 GTGGTACGCTGTGATCGTGCACAGCGTCATGATGTTTCTGTCATCGCGGTGGCGATCAATCAGCACGTG
 ACGGTTCGCGCAGAATTTCTGGGCGTTCAAGGAGTCCATGGCGCTGCGCTTCGTGTCCACGGGCGCATTGATGTAC
 ACGGCCGCATCCTTCCAGGGATCGCTGGAGGCTGTACGGGCCATCAACTCGATCACCACCTTCACGCACTACACG
 GTGGGGCATGCGCACCTGGGAGCTTACGCATTCGTCTCCATCGTGTCTCGGCGCCTTCTACTATCTCTTGCCC
 TACCTGACGGGCAAGAAGTGGCCCTGTCCGCGACTCATCGCCATCCACTATTGGCTGACGGTCTGGGTTTTCTG
 ATCTATTTCTGTCATTGACCATCGGCGGTTTTCTGCAAGGCATGTGCTGCTCGATCCACAGACCAGTTTCGCT
 GACATCACCAGCAACATCGTGCCGTATCTCGAAGGTCGATCGGTGGGCGGCGGCATGATGACGCTGGGACACTTC
 GTCTTTGCCTTCCATGCGATGGCCCTACTCTGGTTCGAAACGGCGAGGTGACGCATGA

>C27, 1671 Basen

ATGGACATCAAAGCCTTGGACCAGGGACTGGCCGTACGCGGCCAGATCGCTGCCACCGACCTGCAGGCCATCGCC
 GAGGCTGGCTACCGCTCGGTGATCTGCAATCGGCCCGATGGAGAAGCGGGCGATCAGCCCGGCTTCAGCGAAATC
 GAGCAGGCCGCCAGTCACTGGGTATGGCGGCGACCTACCTGCCCGTCGAGTCCGGCAAAGTGACCGACCAGCAG
 GCCCAGGCCTTCGGGACGCTGATGACGCAACTGCCCGGCCGGTGTTCGCTACTGCCGACCGGCACGCGCTCG
 GCCACGCTGTGGGCGCTGAGCCAGGCGCAGCGTCAGCCGTTGGCCTCCATCCTCGAAGCCGCGCGCGGTGCCGGC
 TACGACCTGTCCGGCGTGGCCCCGGCGCATCGCCAACGGCGGGCGCACACCACCGAAGTCGTGGACGCCACGCAT
 GACATCGTGATCGTTCGGCGCGGGCGCGGGCGGCATCGCGGTGGCGTCCAGCCTGCTCGCGCGCAAGCCGGACGCG
 GACATCGCCGTTCATCGACCCGGCGGATGTGCACTACTACCAGCCGGGTGGACGATGGTGGGCGCGGGCATCTTT
 CCGCCTGCGCACACGGCGCGCACGATGGCGAGCGTCTTCCGCGCGGCGTCAAGTGGATCAAGATGGCCGTGCGC
 GCGTTTCGAGCCCAGCGCGACGCCCTCGTGCTCGATGGCTGCCGCGTCTGCAAGTACCAGCAGCTCGTGGTCTGC
 CCGGGCCTGAAACTCGACTGGAACGGCATCGAGGGCCTACCTGAAACACTGGGCCGCAACGGCGTCACTCCAAC
 TACCGCTACGACCTCGCGCCCTACACCTGGGAAGTGGTGCAGAACCTCAAGAGCGGCCAGGCCCTGTTACGCGAG
 CCGCCCATGCCCATCAAATGCGCGGGTGCGCCGAGAAGGCGATGTACCTCTCGGCCGATCACTGGAAGCGGCAG
 GCGGTGCTCAAGAACATCCACATCGAGTTCTGCAACCGGGGAGGCGTCTTTCGGCGTGCCGGACTACGTGCC
 GCGCTCATGGAGTACGTGAAGGCTTATGGCATCGATCTGCAATTCAGCAACCAGCTCGTGGCCGTGATGGCGCA
 GCGCATGAAGCCACCTTCATCCGCACGAACGCCGACGGCACCAAGGAGCGCGTCAACCGTCCATTTGACCTGCTG
 CACGCCGTGCCGCCACAGAAGGCGCCGACTTCATCCGAGTGAGCCCGCTGGCGGACGCTGCGGGCTGGGTGGAC
 GTGGACCCGTGAGCCTGCGCCACAAGAAGTACGCCAACGTTCTTCGCACTCGGCGACTGCACCAACACCACCAAT
 GCCAAGACTGTGCGGCCGACGCAAGCAGGCGCGGTGGTTCGCGCACAACTGCTCGCCGCCCGGAGCGGGTCC
 ACGCGCCTGGCCAGCTATGACCGCTATGGCTCCTGCCCGCTCACTGTCGAGCGCGCAAGATCGTGTGGCGGAA
 TTTGCCTACGGCGGCAAGCTGGCGCCTTCGTTTTCCGAAATGGTTCATCGACGGCAAGCGGCCGCTCATCGTGGCC

TGGCTGCTGAAGGAACGCATCCTGCCGCCGGTCTATTGGGACGGCATGCTCAAGGGCCGCAATGGCTCGCGCAT
CCTGTCCTCTCGGACGGGTGA

>C28, 960 Basen

GTGAGAACGACCCACAAACATCCGATCAAGGGAGCTTGGGCGACAACAGACGGGTTCATACATTCAGCGAGGCAAA
GACACCGTGAAGATCGAACCCCTTCTTTGACGAGGACACCAGCACCTTCAGCTACATCGTGCTGGACACGAAAAGC
GGTCAGTGCGCCATCATCGACAGCGTGCTCGGCTACGATCCTAAATCCGGCCGCACCTCGCGCGCCGGCGGGAC
CGCATGGCCGAGCGCGTGCGGAACTGGGGCGAGCGTCCAGTGGATTCTGGAGACGCATGTGCACGCAGATCAC
CTGAGCGCCGCGCCGTATCTCCATTCGTGCCTGGGCGGCCGAACCCGGCATTGGGGCGAACATCCGTACCGTACAG
CAGGTGTTTCGGCCAGCTCTTCAACGCCGAGCCGGCCTTCGCGCGTGACGGCCGGCAGTTTGATCGTCTGTTCGAC
GACGGCGAGACCTTCATGCTCGGCACGCTGCAGGTGCGGGCCATGCATACCCCGGCCATACGCCCGCTTGCAATG
ACCTATCTGGTCCAGGACAACGCCACACCTGAAGCGCCTGCCGCAGCCTTCGTGGGCGACACGCTGTTTCATGCCC
GACTATGGCACGGCGCGTTTTCGACTTTTCGGGTGGCGACGCGCGCACACTGTTCCGCTCGATCGGCCGCGTGCTG
TCGCTGCCGCCGAGACCGTGCTCTACATGTGCCACGACTACCGCCCCGGGGGCGCGAGCTTCAATGGAAAGACC
ACCGTGGCCGAGGAGCGTGCGCACAACATCCATGTGCGTGACGGCATCAGCGAGGATGACTTCGCGGCCACGCGC
GAGCAGCGCGACGCCACGCTGGCGATGCCCGTGTCTGCTGCCCTCCGTGCAGGTGAACATGCGGGCCGGCGAG
TTGCCGCTGCCGAATCCAACGGCGTCCACTACCTCAAGATTCCCATCGATGCCCTCTGA

>C29, 528 Basen

ATGTCCTGAAATCCATCTCGCCCCAAGCTGCCAGCGAACTCATGAACCAGGGTGCCGTTCTGGTGGACATCCGT
GCGGCGGACGAACATGCCCGTGAGCGCATCGCGCAGGCACGCCATGTGCCGATGGACCGCTTGCGAAGCGGCGGC
CTGCCGCTCGACGGCGCTTCGGCAATCATCTTCCACTGCCGCTCGGGCAACCCGGACCGGGGTGAACGCCCCGACG
CTGGGGCATGCACGGCCTGCGAGGCCTACGTGCTTGAAGGCGGGCTGGACGCTTGAAGAAGGCCGGCCTGCC
GTCGTGGCGGACGCCTCTCAACCCCTGGAGCTGCAACGGCAGGTGCAGATTGTTGCGGGGTCCTTGATCGTGCTG
GGTCCCGTGTGGGCGCCACGATTTCCGCATGGTTCCATGTGCTTTTCGGGCTTCGTGGGCGCGGGGCTGGTCTTC
GCCGGTGTCTCGGGTTCGTGGGCTCGCGCGCGTGCTGATGCGCATGCCCTGGAACCGCCGCGCGCTGGCCGGC
TGA

>C30, 312 Basen

ATGATGGTTGACAAGAAAGACCAGTCGTTTTCTACAGGACGGCGCGGCCAAGGCTGCGGCCATGCTGCGGACGGTC
GGCAATGAGCATCGCCTGCTCGTTCTCTGCCTGCTGATCGAGCATGGCGAGATGACCGTCGGTGCCCTGCACGAA
AACGTGGCGCTGAGCCAGTCCGCCTTGTCCCAGCACCTGGCCAAGATGCGCGAGGAAGGCCTGGTGACCTATCGG
CGAGAGTCGACAGCCCTGCACTACCGTATCGACAACCCCGACGTGGCCAAGCTCATCGCCACGCTCAAGGCCATC
TTCTGTCCCTGA

>C31, 1227 Basen

ATGACGCCACCTGCTTCGCTGCCACCGCCCGCTGCGACAGATGCCCGCCGCAATGTGGGCCTGCTGATGGCCGCC
CAATCGCTGGGCGGGCGCCGCGCCACCCATCATCATTTTCGCTGGGCGGCATCGTGGGTTCAGATGCTGGCCAGCAAC
CCTTCGCTGGCCACACTGCCGGTACGCTCTACAACCTGGGGCTGGCGCTGTTCGACCATCCCTGCGGCCCTGCTG
ATGCGTCTGTTGGGCGGGCGCGCGGCCTATGCGTTGGGGGCGCTGCTGGGTTCGGTGTCCGGGCTCATCGCCGCA
TTGGGCGTCTGTGGGGCAGTTTCGAGACCTTCTGCGTGGGCACGGCGATGGCTGGCTTCTACGGCGCGTGCGTG
CAGAGCTACCGCTTCGCGGCCAGCGATGCGGTGCCGCCGCCGCGAGCGCGCCACCGTCATCTCGCGCATCATGATC
GGCGGCTGATCGCGGGTTCATCGGCCCCGAGGTCGTTCATCTGGACGCGCGACGCCTGGCCATGGCGCCGTTTC
GCTGGCAGCTTCTTCGGGCGGGCGGCTGGCCTGCTGGCCTTCCCGCTGCTGATGCTGCGCATGCCGCCG
CCCCAGGCGTCCGCCGTGCTGGGCGCGGCCCGCCGCTGGCAGTGATCGCGCGCAGTCCAGGCTTCGTGCTGGGCC
GTCACGGCGGGCATCGTGTCTACGGCCTGATGGCTTTTCATCATGACGGCCGCGCCGATGGCCATGGTGGGTTC
GGCCACACCGTGGGCGAGGCGGGCGCTGGGCATCCAGTGGCACGTGCTCGCCATGTTTTCGCGCCGAGCTTCTTCACC
GGCCACCTGATCGCGCGTTTCGGCAAGACCGCCATCACGGCGTGGGACTGGTGTTCGATCGGCACCTCTGGCCTG
CTGGCCCTGGCCGGCCTCGAACTTCTGCACTTCTGGGGCTCGCTGATCCTGCTGGGCGTGGGCTGGAAATTCGGC
TTCATCGGCGCCACGGCGCTGGTGACCGACTGCTACACCGCGCCGAGCGCGCAAGGTGCAGGCACTCAACGAT
TTCCTGGTGTTCGGCACCGTGGCCGTCGCTCGTTTCGGGTTCGGGCGGGCTGCTGAACACCTCGGGCTGGGAAACC
ATCAACGGCCTGATGCTGCCCTCATCGCGCTCGTGCTGGCCCTGCTGGGTTCGGTTCGGGCGGGCCGCGCCGAGC
CAGTCGGCGGGCGGCCGCTGCGCCATGA

>C32, 378 Basen

ATGACGACAAGTTACCGGCAACTGACGCAGGACGTGGTGGCTCACCTGGCGCCCCTGCACAAGGGAGTGCCGCGAG
GTCATGAAGAGTTTTGGTGGAGATGGGCAAGGCAGCGATCGCCGACGGCGCACTCGACGCCAAGACGAAAGAGCTG
ATCGCGTTGGCGATCGGCGTGGCCGCGCGGTGCGATGGCTGCATCGGCTTTCATGCCAAGGCATTGGTCAAGCTC
GGCGCGACGGCTGCGGAGGTCCATGAGGCCCTGGGCGTGGCCATCTATATGGGAGGGGGTCCGTTCGGCGATGTAC
GCATCGAACGCGGTGGCCGCCTTCAACGAGTTTCGCGCGCTGTCCAGCATTCGGGGCGCGCCGGCCAGCGCCCC
TAG

>C33, 372 Basen

ATGCAGACCACCGACTTCGTTGCGACCATTTTTGACGGGAAGAAGCAATCCCAACAAGGTGACCGTGACCTTCATC
 ATGGCGCTCAACGCGCTGCTCAAGGGACATACGGCGACCATCATCTGATGGTGGAAGCCGTGGAACCTGGGACAA
 CCCGGCGCGGGCCGCTGGATTGGACATCGGCAAGCCTTTTCGAACCCGTTGCCGATCTGCTGGAGAAATTCCTGGAA
 AAGGGAGGTGCGATTGCCATCTGCGGCTCGTGATGATCCACAACGGTATGACCGCCGCGCAGATGGACCCGCGT
 TTTAGCGTCATCAACGCACCCGATGTGGTGGAGTTGCTGATGGGCGCCAGGGGGTCTTTGCAAGTGACCTGA

>C34, 795 Basen

ATGTCCGAGCCCATTCTGCTGACCTCCGAACAAGACAACATCGGCATCGTCAAGCTCAACATGGCGCACAAAGCGC
 AACGCGCTCAATGAGGAAGCGATCGCCGCCATCGACGCCTATTTCTCAGCGGTGCCAGCCACATCCGGGCCATC
 CTCCTGACGGCCAAGGGCGATCACTTCTGTGCCGGCCTGGACCTCAAGGAACATCAGGACAAGGCACGCAGCGGC
 GTCGAGTTTCATGCGCGTCTGCCAGGGCTGGCACCGCGCGTTTCGACAAGATCCAGCATGGCGGCATTCCCGTGGTC
 GCCTGCCTGCAGGGAGCGGTCTGTTGGGCGGGGCTGGAACCTGGCCAGCGCAGCCACGTGCGCGTTGCCGACAGC
 CGCACCTTCTTCGACTGCCCGAGGGCACCCGAGGCATCTTCACGGGCGGGCGGCCACGGTGCACACTGCGCGG
 ATCATCTCCGCCCCTCGCATGGTGGAGATGATGCTCACCAGGACGGGTCTTCGATGCGCGGGAGGGCCGCGAACTG
 GGTGGGCCACTACGTATGCGACATCGCGAAAGGGCAGACGCCCCGACCCGAGTTCGCCCTGACCTCGCAAAG
 AAGATCGCGGGCAATGCGCCCTTTCAAACACTACGCCATCGTCAGCGCCATCAGCCGCATCGCCGACATGTCGGCC
 ACGGACGGGCTGTTACCCGAGGGGCTGGTGTGATGGCCATGATCCAGCAGGGTGACGATGTGCAGGAGCGCTGGG
 GATTTCTGTAACAAGAAGGCGCACAAAGGTCCAACCTGAATGCTTGA

>C35, 996 Basen

GTGGAGGACCTGCTGCGCAGCCTGCGCTCGCTGTGCTCGGACCAGGCCCTGGATCGCTGCCTGCAGCAGGCCGGC
 ATCGTGAAGGCATTCATCAGCCACCCCGGCTCGCGTCTGACGCACGATCAACTGGTTCGGGCTGTACCGACGAAGC
 GCCGCTGCCACCGGCGATGAAATGATGGGACTGTGGAGCCGGCCATACGGACCGGGCGCTTTGAAGTACATCGTC
 CGAGCGGTTCATGGACGCGCAAGCATCGAGGTAGCGCTGTATCGCTTACGCAGGTCTGGAACCTGCTGCTGGAC
 GACTACAGGTGAGTCTCACGAAGGCAGACGCCTCCTTGCCTTGGAACTTGTCCCGCGGTCTTCCAAAGCGGGG
 GGAACCGATTTCGGGACGCATGATGCTGAAGCTGACGCACGGCATCGTGTGATGGCTCGCCGGCCGAGAGGT
 CCGGTGCGCAGTGTGGCCTTCGCTTTTCCAGCCCATATTTGACCCGACTATTTCGATCTGTTCCGGCCCGG
 ATCGATTTCTGCGGACCCCTCTCTCAGATCACCTTTACGCGCAACTCGCAAAGGTCCGGCCGAAACGCGCCGCG
 TCCGACGCGCGCAGCTTCCCTGGAGCGGGCGCCGCGGACTGGATTTTACCTCCTACCACCAGCACGCCCTCCGG
 CTGAAGGTGCGTGAGCTGCTGCATGTGGATCTCGGACGGACGCTGGACGATGTTTCCAGCCGGCTGCACATGTCC
 TCGCGGACATTGATGCGCAAGCTGCAGCAGGAAGGGCTGTGCTTCCAGGGCATCAAGGATGAGTTGCGCAGGGAT
 CTGGCCATCTCCACCTTGTGCGCAACGACAGCTCACTGGAGGAGATATCCGATGCTTTGGGCTTCAGTGCCCT
 GCCGTCTTCCACCGCGCTTCCGCCACTGGACGGGTATGACCCCGGACGATAACCGGGCGGCGCAGCAGGGCATT
 TCCCATGGGGTTACGCTCTGA

>C36, 1893 Basen

ATGCTTTCCCTGTTCCAGCGAAAACGGCCCCGCGGTGCTACCGCTCCAACGCCACCACCCGCATCCGACCTCCCG
 AAAGGGTTGATGCGGCCCGAGTCGGCCGCATCGCTGCTGGCCACCCCGCTCGGCAGAAAGCTGCTGGAGCACATC
 TGGCAGCGCACGTCTCTGTGCGCAAGCAGTTTCGCCGCTCTGTACCGCGCGCCGCTGGAGCGCTACGCCGAACTG
 GTTACAGCCTTCCCGGCTTCCGAATCGCATCATCATGCGTACCCGGGCGGGATGCTCGACCATGGCCTGGAGATC
 GTTGCCTATGCCCTCAAGCTGCGGCAGTCCCATCTGCTTCCATCGGGCAAGCCCCGAGGACCAAGCTGCGCAG
 GCTGAAGCCTGGACTGCTGCGGTGCGCTATGCCGCGTGTGTTGACGACATCGGCAAGATCGCCGTCGATCTGCAC
 GTCGAACCTGGCGATGGCTCGCTGTGGCAGCCCGTGGTACGGTCCGCTGCACCAGCCGTACCGCTTCCGCTACCG
 GACGATCGCAATACCGCTGCACAGCGCGGACCGGGCTTGTCTACCCGCAACTGCTGGACACCCAACTCCTG
 GACTGGCTCAGTACTATCGCGACCTGTGGGGACCGCTGCTACGTTCTGCTTGGCCCGGAGTACGAGCATGCCGCT
 GTGCTGGGCGAACTCGTGGTGCAGGCCGACCGCGCTCCGTGGCCAGGAACTGGGCGGCGATCCGGCGCGCGCC
 ATGGCCGCGCCCAAGCACGCGCTGCAACGCAAGCTGCTTGACGGTTGCGCTACCTGCTCAAGGAAGAGTTGAAG
 TTGAATCAGCCCCGAGGCTCCGATGGCTGGCTACCCGAGGATGCCTTGTGGCTGGTGGAGCAAGACGGTCTCGGAC
 AAGCTGCGCGCGCACCTGTTATCGCAGGGCATCGATGGCATCCCTGCGAAACAACCCGCGCTTCAACGTGCTG
 CAGGACCACGGCATGTTGACGCCACACTGGACGGGAAGGCGGTCTGGCGGGCGACCGTGACCAGCAACGCCGGC
 TGGACCCACTCATTACGCTGCTGCGCCTCGCACCTGCGCTGATCTGGGAGGCTGGCGAGCGACCGGCGCCGTT
 GCCGGGACGGTAGCGATCGACACGTCACCTGTGAGAAGCACGCCGCTGCGGCATCGTCCCGGAGGTCGCGGCG
 AAACCGACCCAGGAGGTGAGGAATCGCCGCCATGGGAAGGCGGCGAGCGCTGCTGACCCAATTATCGCCCCCTG
 GCTGAGGCCATGCCGACGTCATGGAGGATCTGCTGACGATGGTAGGAATGGGCGATTCTGTCGCCACACAGCAG
 GATGAGTCAACCATCCCCACCGAACTCTCTGCCACACGCCCTGAAGCACCACCACCATCGATCGTGGCATCTTCA
 CCCTCATACCCGGCGCCCGCGGGCCACACCAGCAGCGACAACGGTGCAGCCATCTGGCGAGCACTTCATGGCATGG
 CTGAAACAGGGGATTGCCTCGCGTCCGGTTCATCATCAATGACCGGAAGGCACTCGTGCATACCGTCAGCGATACC
 GCATACTTGGTACGCCAGGAGTGTTCAGCGATAACGCTCAAGAGCATCCGCAGTTGGCAGCCATTGCCCGCCAG
 GAAAACTGGAGCCGTGGCAGTGGGCACAAAAGCGCTTCGAGAAGCTGGCCGCGCACCGCAAGCAGGCCAGCGGC
 CTGAACATCTGGACTTGTACGCTCTCAGGGCCGCGCAAATCGCGGCAAGTGCACGGCTACCTGTTGACGCAGCCC
 GGTGCGTTGTTGAGCGAGTGCCGCCCCAACACCCCTACTTGTGCTCTTCAACGAGGAGGCGGGGCGTGAAGTC
 TCGCTGGCTGCGAAATGA

>C37, 627 Basen

ATGCCCAATGCCATTGAATTCATTGCCGATCGCCTGCCGCGCGTACGGTGGAGGATGTGCGCCGCTTCGCGGAT
 ACCGTGCGAAATCCGGGATGCGCCGGCTTTTCGCGGCCGAGTTGCAGGCTTTTCATTACAGAGCGCTGGAGGCGGTG
 AAGCTGCCCCGCAACTTGGACGGAGAGACGGTGGGGCAGGCCCTGGCACGCAAGGCGGCCGCGCTGCGCACCGAA
 ACGCGCTGGGCACCGACTGAAACCGACGTCCAGCGAGGCCGCGCCGTGTTGCTGGAAGCCTTCAACCAGCCGCAT
 AACCTGCCGATCCCCGAGTACGCCAAGCTGGCGGACAAGTTCGCGCCAGCAGATCTACAAGGACATCCTCGCCCGT
 CGGCTGTTGGCGCTGAACGTGGGGCCGCGCGGTGAGAAGCTGCCCGACTGGCAGCTCGACCCGGTAAAGCAGCAG
 TTGACCCAAACCGTGTTCAGGAGGTCGAGGGCATCGACCCCTGGACGATCTACCGCGCGCTGTCCGAACCGCTC
 GAAGGCTTGGGCGGCCGCTCGCCGGTGGATGCGGTGACGCACAGCACGATCGATGACGTGGCCGATGCCGTGTT
 AACGTACTGGGCGTTACAGGTGCATTGA

>C38, 633 Basen

ATGAGCCACGAGCTGCCTTCGTTCCCTGATCGATGCCGGTGAAGTGTCCAGCATGTGAGCCGCGTCTGCTATCGG
 GGCAGCCCGCTGTACTATGGCCGACGAGCACC AATCGCTACGATGACCCGGCGCGGGCTACGGCGTGTCTAC
 CTGGGGCGCGACCTGCCACGGCGCTGATGGAGTCGGTGTTCATAAGCACCAGTGGCTTGGCGACACGAAGCGC
 TCGATCGCGCTGAAAGAAGTCCAGGCCCGGATGGTGC GCGCAGTAGGCGTGTGACGATGTGCTCTTGGCCGAC
 CTCACGGCGCCGGGCGTTCATGGCGGGCTACTTCGGCCTGAACCTGGAGCAGTTGGCCAGCCGCGACTACACGCAC
 ACGCAGCAAGTGTCCGCCAGGTGCATGCAATTCTCGGAGACGACGGCCAAGCGCTGTTGACGGGGTGTCTAT
 CCGTCGCGCAACAACCTATCCCGCAAGAGCATCGCCCTGTTTCGAGCGTGC GCGCAGCAAAGGTAGGCGTTGTGAT
 GACATCGACCTGGTGGACCATGTGGACTGGCCGCACTTCGTTGCCACGTATCGCGTCGACGTGGAGCCTGACCC
 GGCCCGGTGGAACCGGATGACGAAGCGTCATGA

>C39, 360 Basen

ATGAGCACCACGACCCGCATCAGCACTGCGGAACGCCTCGGCCGCGCCCTTGGCCGCGGGTGGCGCGCCTATGCG
 CGCAGCGAAACGTCCGGCGTCAACTGGTTGGTGTCCAAGGGTGTGCCGTTGGCTGCCGCCCGCGCTGTGTGG
 GCCGGCAAACCTGTCTGCTGGGGCTGCTGCTACGTTGCTTTCTGGCTGGCGTTGTGCTGGTTCGCGCTGGT
 TTTGTGGCCCGGGGACGATACCGTCAATGGGAGCCGCCCGAACCAGAGTGGCGCACGGGACGCCGTTTTT
 GGCCTCTATACCCACGATGAGTATCGGATAGATTACATGATCCATCTGATGAGACCTAG

>C40, 1548 Basen

ATGACTCTGTTACAGACCGACTACCTGGAGTATTACCTTACGCTGGTGTCTTGGATCGTCAACAACGGCATCTGG
 GCCGTGCTGGTATCCAGCGCGCTCTTCGCGCTGCCTTTTCGTGGCGATCATCGTGCAGGAGTGGTTGAAGGCCCGT
 GCAGAAGGCGCCGACGAGGGCAATAAAGGCGTGTGAGCGCCCGCCGATCGAGAACC GGCTCTTCGTCGCCATC
 GTGGTGGTGTATGTTTCGCGGGCATCCCCGTTTCATCGACGTGGACCTCAACACCATCCAGTACGACAGCTCGCGCTCG
 GCGCAATGCCAGGTCAAGTGTGCCGAGCCCTCGAATACCGGCTGGTTCGCAATCTTTTCAGCACCATCAACAACCAG
 TCGGCGAAGGTGCCGGTGTGGTGGGCGTTCATGCACGCGCTCTCGCGCGCCGTCACGGGCGCTTCAGTGGCAGCG
 ATCCCGTGC GCGCACGGACCTGCGGCAGATGCGCATGGAGATCGACGCGACTCGCATTGACGACCCAGTGTGGCT
 CAGGAAGTAGCGGATTTCTCGCGGGATTGCTATGGGGCTGCGCGGGCGAAATTGTTTCATGCAGCGGCCCTCAACTC
 GATGAGCAGCAGCTGCACGACGTAACCTGGATCGGCTCACGCTTCTTCACGGACACGAACGGCTACTACGACACA
 TACCGTTCCAGCACCCCGCGGAGGACTGGCCCTATGACAGCACGCGGACGCGAGGGCTTGGCAGGTGGCCAGC
 GGCGGCGGCTATCCGACCTGCAGGCAATGGTGGGCGGATGGCAGCAATGGACTGCGGGCACGCTTGTGGGTGAG
 GTGGACCCGAGCCTGTCAATCGCCTGGCGGGCTGGGCTGGCTTCTGAGCCGTGCCGAGGTGGACGATTCGGGTG
 ATCCGCGCAGCTCGCTACCCGACGAGCAAGCTGAACCAAGGCAGCGTCTATACGGACTACGGTGGCCAGATC
 GAAATGACCGACCCAAACATCATCACCCGGCGGCGGCGACTAGGACTGGCGGTAGGCTCGCTGGGCTACTTC
 CCCTCCATGGATGCAATGCGCCAGGCTCTTCCGATGGTGTGCGCTCTTGAAGATGGCGCTGGTTGTCTGCATT
 CCGGTGGTGTCTATGGTTAGCACCTACAACCTGAAAACACTCGTGACGGTCAGCGTGGTGCAGTTTGCCTGTTT
 TTCGTGGATTTCTGGTTCCAACCTCGCGCGCTGGATCGACAGCACCATTTCTGGACGCGCTCTACGGATGGGGCTGG
 GGATGGAACCGGCCGCATACGAATTTTCGATCCGGTTCATGGGCTCAACAATGCCTTCGGAGACATGCTGTTGAAT
 TTCGTATGGCGACGATGTTTCATCGTGTGCTGCCCTTGTTCGGTAACCGCCTTGGGATGGGCGGGCTACGCCGTG
 GGGGGCATGTTGCAAGGGCTTGTGCTGGTACGGCAGGCGCCAAAGCGGCCGGCGGCAAAGCCGCCGACATGGCC
 TTTGGCGCGCTATGAAGTGGGCATCGACACCCAGCAAGAGGAAGTAG

>C41, 357 Basen

ATGAGCGCGGCGCGCATGACTTGGCGCCCTTTCGCGTGGCTGTTTCAGCCGGCGCGCGGCGAAGGCGCTGCTGTGG
 ACGGTGCTGATCGTTGCCGCCGCGGTTCGCGGCCAACATCGCCGGCATCTACCTGGTTCGGCAGCGTTGCCGGCTGG
 GAGCGGTGGCTCGCCGCCGCTGCGGGTTACTTATTCGTGTGGCGGCTGTGTCTATACGGGGCGACGGTGTACGGG
 TGGATCTGGATGCGCCGCCGCTGCTGGTACGTGAGGACGACGCCCAGGCGCGGACCCGCTGGTTCGCACCCGAG
 ATCGCAGGCGTGTTCGCCATCGTGGCGCTGGAAGCCAGCCTGTTGATGCAGGGCTGA

>C42, 1395 Basen

ATGAAGCGTCTGAACCGAAGAACCTGTCCACCAAGGCGTGGCCCTGCTGCGCCCGACGGCACTGGCCGGCACG
 CTCGCCCTGGTCTGCGGCCTGGCGTGGGCACAGGTTCGATACAGAACAGCGGCCCGTCATTGGCGATGACGTC
 ATGTACTCGATCGGCGGCGGACGCGGGTGTCCATGGGCGCGCGGCCGGCATGCGCTCCATCGGGGTGGTGTG

GGGTGGAACAGCAACCTGATCTGCGGGGACATGAGCATCCAGACCACGCTGCGCAATCAGCTCAACGGCATCAG
AACGGCTTTCAGCAGATCATGAGCAACGTAATCCAGAGCGCCACCAGCGCGGTAGCGTCCCTGCCGGCGCTGATC
ATTCAGCGCGCCGATCCGGGCTGTACAACCTGCTGACCAACGGCGTGTGACGCGCGGCTGGACTTCGACCCG
TCCAAGCTGACGTGCCGCGCCATGGCGGAGAAGATGGCCGAGACAGCGGGTGGCCAGCTTGGCTGGAGCCAGATG
GCCGAAGGCATGGCCTTGCGTGACGCGGTTGGCAGCAACGATGCCGTGTGCGCCGTGACGAGCGCCGAGACGCGC
CGCGGCAACGACGGCGTGCCTGGGTGGGTGGCAGCAATGCTGGTGGCGCAGGCCAGTCCGCCATCCGGGTGGTC
GGCGACGTACCCGCGCGGGCTACAACCTGGTCAACGGTGTGGCGTGACGGACACATCCTCCATCGCGTCCGCC
AGTTGTGCGAGCCTGTCTGCCAGACCTGGACGTGCGCCGACGAGCGACCGAATGGGCCACGCGGGTCTCGGA
GAGCAGGTGCAGCGCACCTGCGACTCCTGCACCAAGACCGAGACGGTGCCTGGCGTGGCTGACGCCGCTGATC
CAGGAAGAGTACGAGGCGAAGCTGGAGTCCCTCAGGAGTGGTTCGGCAGCGGCATACCACCTTTGAGAAC
CTGCGCGAGGCTGGCAGCACGTGCTGCCAATCACGCGTGGCGTGATCGAGGCGCTGCGCGACGAGCCGGACCAG
GACCTTCTGGCGCGGCGCCTCGCGTGGAGGTGGCGCTGTGCTGCGGTGCTGGAAAAAGCGCTGCTGCTCCAGCGC
ACGCTGCTCACGGGCAAGAAGGAGCCCAACGTGCGAGCCAACGAACTCGCGGTCAAGGCCGTGAACCACGAGAGC
GACACGCTCGACCGGGAGATCCGCAACCTGAAGACGGAGCTGGAGCTTCGGCGCGAGCTGGCAAAACAACCTACCCG
ATGGCCATCATCCAGCGGCACGGTACGCGCGCGGAGGCTCGCGCGGCATCTACGAGGGTGTATCCGGTACCCGAC
CGCTCGACCAGTTGCAGAAGGGCAATCCAGGAGCCAGGCCATGA

>C43, 951 Basen

GTGACCTATCGCCATTTCGACCTGCTGCGCCGCTGCGCGTGCCTGCGCTGCTGCTGGTTCAGCGCCACG
GGCAGCTACGCCCTGAACACCGTACCCATCGTGTCTCCGTGATGTGCGCCGGACTGCCTGGAGTACCGGGTGGTG
GGCATCTGCTACTGGCTGTATTGCACCTATGGCGGCTGCTCGGTGCGCACGTCCACCAAGGTCCGGCACTACGTC
CCCGATGCGGTGCTCTCCAGCTACAGCAACACCGGAGAGAACCCTGGGTGGAAGTGCAGAGCATGAGCATGCCG
AACGCCTCGGCCCAGGCAGGCGGCGACGGCACCAACGAAGACCACGAAAAACAACCTCGCCAAAATTCAGAAGC
GCCGATGTATCGGCCATCCCGGCGGCGAGGTGTTCAACCAGTTCGCTCGTCTCGGGCTATTTTTGCCAAGGC
GCGGGAACGGCCTTCATGCCGTATCTGCTCAGCACCTTGGACACGCTGGCCTGGCGCTACAACGTGCCCGAGATG
GCCTACCCGGAGGCGCTGATCCCGGGCGGCGAGGTTCGGTGCAGCGCACCGATGAACCTCTGGGGCAATGTC
TATCCGCGCGGGCGGCTTCTGCACCCAGACCGACGACCAAAATCCGGGGCGGTGCTGGCTCAGCGCGCCGTTGAC
GTCGTACGCGGCGCGGGCAGTTGCACGTGTACCAGCCGTGCTCGCCAACGCGCGTATGGCTACTGGCCGGCC
GGCGCGCTGATGGAAGGTGATGCCTCGACCGGCAAGTGGCAGGAACTGACCCGCGCCTGTGCAACACCTGCGTG
GTGTTCCCCCACAGCGGCACGCTGACCCAAGCCAGCAAGGCGACTACGCGTGGGCGCTGTGGCGTCCGTATGCC
TGCTGCGAACGCCGGGGCCAGGTGTTCTCGGCAGCGTGCATTTCTCTGA

>C44, 447 Basen

ATGCCAGGAGCTTTTACCCGGTTTCGCACCAGGCTGGCGAACCCCTTGGCCTGGCCATCGTGCTGCCGGCGTCGTT
GCGGCATTTCAGCCCGGCGCGTTCGCCGCGGACGTGGTGGTGCACCGACAGCCGCCACCCGTTCAAGACCATG
GGCGGCGAGCGGCTGATCGAGCTGGACCGGGCATCCGGGCTCGAAGCAGAGCTTTCGCGAGATCTGCCAGCCGAC
CCCGAGCGCGCAGCAGCCATCGTCCGGCAACGCTGAACCAAGGCGGCACCGACCTTCAGCGCCGATTTGGCACC
GCCTACCAGGGCATCACCGACGCATGGAGTTTTGGGTGTACGACCATCCCGGCCGTCGTGGTGGACCAACGCTAT
GTGGTCTATGGCGAGCCTGACGTGGCCCGGGCCGTGCTCTGCATCGAGCAGCACCGGAGGAGGCAACCCGTTGA

>C45, 573 Basen

ATGTCTTTTCGTCGTCATGACTCCTGCCTGGAGTTCGCTTTCCGCCATCGCTGCCAGCACGAGGACTGGATCATC
CAGCAAGCCATTGCGCTGCTGGAGAAGCGGGTTTTCAAAGCGGGTCCGAAACTCCTCGACCCACGGCCGTGCGC
GACTAATCTGCGCTGAAGCTGGTGGCCGAGCCCAACGAAATATTCGTCGCTGTGTCTCCGACAGCATGCACCAG
GTACTGGCCTACGAGCCGCTGTTTCAGGGGCACGATCAACGCGACTTCGGTCTATCCGCGTGTGTTGTGCAGCGT
GTTCTGCAGTTGAATGCGGCCGCGGTGGTCTTCGCGCACAGCACCCCTCGGGCATTTCGAGCCGTCGAGCGCG
GATCGCATGCTGACCCAGCAACTGCAGGCCGCGCTGGCGCTCATCGATGTGCGGGTACTGGACCACATCATCGTC
GGCCAGGGTGCCCGTTCTCCTTTGCGGAGTCCGGCCTGCTGTAA

>C46, 765 Basen

ATGGAACAGAAACGCCCATCCATTCCGATGCAGGTCCAGGCGTTCGGTGTGCGCGCTGGCAGTTCGGCTGGCCC
TGGGCATTGGCCGCGGTGCTGGTTGCGCTGCTGCTGATCTGGCTCGTGTACGTTCCGACGCGGGTCCACACCT
CAGACTTCGGCGCCAGTCAGCGACACGCAGGTGGCTGGGCCTCCGTGGCAGATGGGCAATCCGGAAGGGCGTTTC
ACGCTGACGCTCTACGCGGACCTCGAATGCCCGTTCTGCCGGTCTATTTCCAGTGTCAAGCGTTGGGTGGCC
GGCAATGCGGACGTGACCTTGAATGGCACCACCTGCCGTTGGCCGCGCATGAGCCAGCCGCGTCCGCCGAAGCG
CGCCTGGCGGAATGCGCGGGCGAAGCCGGCAGCCATGCCGCTTTTGGCAGGCGTCAATGGGTCTATGCCAC
ACGCGGAGCGACGGCCAGGGCTTGCTGAAGGGTGCCTACCCGACCTCACTCCAGCGATCGAGCAGTGTCTG
GCGAGCGAGCGGCCCGATGCACCGATCCGCGCCAGACGGCGGAAGCCACGAACAGCGGCGTGTATGCCACGCCA
TCGCTGCGGCTGCACGATCGCGAAACCGGCAAGGCGATCCTGCTGCAGGGCCGATCGAGGGCGATGCCTTGCTG
TCGGCCATGGACATGCTCGCGGCCGGCGATCCCGCCGCATACCCACATCGGAAATGCCTGCCGACGTGCTGCGC
GACATGCCCAGGTAG

>C47, reverse, 2892 bp

TCAGGGCAGGTCCAGGGCCGGCGACTCGATGCCGCGTGCCCGGTCGATCTTCTCGGCCACCTTGAAGGCGGCATC
 CAACTCGCTGACGCCGTGCTGCTGCATGAGCTGGTAGCGCTCGGCCCTTCTCTTCGGGTTCGGTCTGCGCGAGCGC
 GAGATACAGGCTCGGGCGCACGGCGCGGAAGAGCACCTCCATGCTCTTGGAGAGGATGACGCCCTCGGTGAACTT
 GCCCGCTTCTTGCCTGCCGAGAGCATCAGCGCTTTCTGCGCTTGGCTCAGTTTCGCGGAACCGCGCGATCTTCTC
 CACTTCATCGGGGGGCATCGACAGGCAGATCCACCACTCGATCATGTTGAGCATCGGCTCCGCGGCGCGCGGTAG
 GTCGTCAATATTTTGTGTAGCTAGCCAGTACCAGGCCCCAGCTTGCGCCACATTTTTGTAATTTTCACGGTATA
 CGGCGCGAGCAGCGGGTCTTGGTGATCACGTGGCCTTCGTGCGTACGTTGATGATCGGGCGGCCGAGATACTG
 GTCACGCTCCGCGATGTTGTTTACCCTGCTGATGAGGCTGATGTACGCGATCGAGAGCTGCGCGTTGTAGCCCTC
 GCGGGCTAGGTTCGCGAGATCGACCAGCGTGATGTCGGCCTCGGGCCACGGCGTGCCGTGCGGTCGAACATCTC
 GCCGTCCGTCCCTTGGCAGAACATGTCCATCGCGTCCGCCATCTCCAGCAGCCGCGCATCTCGGGCAA
 CGTCCGGTCTTGGCCGCGGGTGCGCAGCGCATTGCGCACATCGCGCGTGAGCACAGTGCCTTCTTGCCACGCA
 ATGTTCCGGCCGCGTTCGAGGATGCACTGGCGGATCAGCGAGCGGTTCGGCCCGCTCATCCGCGCTTCTTCTTGT
 TTCGCCCGCCGTGATCATCAGCCGTGCCGTGATCTCCAGCTCGCCAGCACGTCGCGCTGCTCGTCCGCCCTCCAT
 GGCCGAGGCATCCGGTGGCAGGTCTTCGTCCAGTGCATCGGCATCGAGCGTCTGCACGTCGTTGGCGTTTCGAT
 CAGCCGGCGTGCCTCGGCGAACGGCGCCAGGCTGATGCCCGAGCCGGGTGCCAGCTTGACCCGGTTACGGTTCAG
 CCCCAGGCGCCTGGCGAAGTTCGCTGAACAAGCCGAAGCTGTTGCCGGCTTCCACGATGAAGAGGCGCGGCCGATA
 GATCGCGGTGACCTGGTTCAGCAGGTTGTTGAGCGTGGCGCTTTCGCCGAGCCGTGGGACCGAACAGGAACAG
 ATGGGCATTTCATCTGCCGATCCAACCTGTTCAAGGGGTCAAACGTAATCGGGCCGCTCCGCGATTGAACATCGT
 GATGCCGGGGTGCCCGTGCCTGGGGCGGGCCACACCGGCGACAGGTTCCGCCGCTGCTGGGCGAACATCAG
 TTGCGTGTACCACGGCGCCGGTCTTGCCTGGGGTGTAGCAGCACGGCAGCCAGCGCAGGTAGCTGTGAGCGG
 CGCCACCTCGTTCCTCGCGCACCGGCTGCAGGCCGGCGTTGAGCATCACGTTTCGCGAGGTCCAGGCCGCGCCG
 ATCCAGTTCGCGCTCGTTCGCGCCCGCGTAGGTAGAACGCCAGAGTGCCCGGTAGAGCTTGTGCGCGCTGCCGAT
 CAGGGAGCGGGCTTCATGCACGTCCTTGAGCGTCTGCTCCGACGCCAGCGTCTCGCCACAGCTTTCTTCGCCAG
 ATGGTTGAGGTCCGATTTCGAGGACGTCCTGCGGCGTGGCCACCATGGTGAGACACATCAAGGTGTCTTCGGGCAT
 CTGATCGAATAGCGTGTGATCGCGTCTCCCTTGCGGGTCTCGCCGGTCAGGTGCCCGGTGCCGGGCGGCATGCG
 CAGCCGGTTCGATCAGCAGCGGTGCGGCTCGGCTCGAAGTACCAGGCCCTTGCGCCAGTCCGAGCGCGG
 CTGCCCAAAGAAGCAGCGCTGGCTGAAATCCCGCCCGCTCGCCAACCTCGATCTCGCCGGCTTCTTCTCGGT
 ACTGTCCGGATAGCGCGCAACCGCTAGAAGCGCTCCCGTCTCCACCCAGGGCCGAGCAGCGTGGGGCGCGG
 GTTGAACCATCGCAGCAGCCAGTTCGTAACGTCGCTGCAACCATGCGCCGGGCTGGATGCCGGCGTTCGCCAG
 GCCGCCGATAGGCGGTTCGAGACGATGCCAGCATCTGCTCGGGTGTCTGGCCGCGGCGGTTTGCCTGTCCCTG
 TCCGCTCGCGCGGCGGTACACCACCATGCGCACACGCGCGTCTGCCCGGCCAGCGCAGCCGCTAACCCCGT
 GTCCTCGAACAGGCCGCGGGCTTGGCCACAGCGCGCAGGTGGTGGCCGAAGAAGCGCAAGTAGAACTCGGTGAA
 CGCCGAGCCGCGCGCACGTTGGCTGCACGTAATCGCGCAAGGTCTGCATGTAAGTGGTTCGAGTTCGGTTCGTCCTG
 GGCATAGAGCTGGAGCACCCACGGGTTCTCGTCCAGTTCATCGAACTGTCTGAAGCGGTTTTCAGGGCGTC
 GCGGGCATGCGCGAGCCAGCCGGGTTCCCGGCTTCCGTGCCAGCGGCACCAGTTCGTAGAACCGCCACCAG
 TTGGCCATCTCCAGGAGCATCGATTTGACCCGGGCAAGAACTCCACCCAGGGCAGCAGTTCACGAAGGACGG
 CGCAACGTCGTACAGCGCCTGCTCGTCCGCCACGGTTCGCTGGCTTGCGGCCGTGGACTGCCGAACCGGGTTCGGG
 GATGCCGGCCTGGCGCAAGGCCTCGACGTGGCGCTGCCAGCTGTCCGGCTGCTCATCGCTAGCCGGGCTACTGGA
 GCCGGCGCCGGCCAGCTTCGGCCATGGGAGTTTCCACCCGAT

>C48, 441 Basen

ATGCTCTCGAACTCGATTAAGGGCCTGGTGCTGGCCCTCGCCGTTCGCGGTGCTCGGCGGCTGCGCCACCAGCAAG
 GAAAAGCTGCTGACCCACGGTGACCGCACGATGATGGACATCTGGCAGCAGGAGGCCGCGACGGCGGTGGCGCA
 GCCGGACGGAACGCCGGCCGCGCAGCTGCTCGATGCGCGCCAGAGCTGCGTTCGGCCCTGACCGACCCGACGTC
 CAGGCCGCACCTGTTCGAGCAGATGCGCTACACGCGCACCGCGCGCAATGAGGTCCACCCGAGTTCAGCGCCTG
 CCAATCCCGATCTCGTATGTACGTGTACCCGATCTGGCCGGCACCGATCCCGTTCGGCTGCCCCGCTACACG
 ACCGTCTTCCCGCTTACCAGCGCATCCAGTACGCGATGCCGGGCGAGCGGTGGAGGACTACTGA

>C49, 1419 Basen

ATGCGCAGTAACGGCCTGCTCAAGTGGCTGATGATCCCTGTGCCATCCTGGTGCTGTTTCGTCGGTATCCGGCTG
 TTCTCGGGTGGAGGCAGCACGGCGCCACCCGCGGCGGACAACGGCGCCAGCTCACGCCGAGGAAATGAAGGCG
 CTGGGCATCGAAGGCGACACCCCGCGGACACCGTGGCGACGCTCGTTGCCCAAGTGAAGCAGTTGCGCACCGAG
 CTTTCAGACCGGCTCTCGGACAACAAGTTCGAGCGTGAAGAGAACCAGCGACTGCGCCAGCGGAGAACTCCATC
 GACCAGCGCATCAACTCGGCGCTCGAATCCGAGCGGTCCAACCTGCGCCGCGACCAGGAGCAGCGCGCCAGCGCG
 CGCCAGCAGACCGAAGGGCTGCTCGCCGACCTGCAGCGGCGCCTGGACAGCATCGGCGGGCGCGGCGGGCCAT
 GCGGACCTGCCCGTGGGCCTGGGGCTGCAGGGCGGCGACGAGGCCGGCATGGAGGGCGGCGTTCGGTGGGTTCGAG
 CCGGACGACGCAAAGCCCGCCGAGGGGCGCAACGGCGGTTCGTGGCGGAGCGGCGGAATGAGCTTCCCCACGAGC
 TTCGGCCCGGCGCAGAGCACGCTCGAAACCACCGGAAACCGTGGCCAACCGGGCGCCCGCGCTTGGGGTTC
 AAGAGTGCCAAGCCGGTCTATACCGTGGCCGACCAACTCCACGCTCATGGGTTCGGTTCGCCATGACCGCGCTGATC
 GGCACGCTGCCGATCGACGCGCACGGTCAACGATCCCTATCCGTTCAAAGTCTTGGTTCGGGCGGACAACCTGACC
 CCCAATGGCATGCACATTTCCGACGTTGCCCGGCGGCTGTTTCAGCGGCACCGCATCGGGCGACTGGACGCTTTTCG
 TGCGTGCGCGGCGAGGTGCGCAGCATCACGTTTCGTTCAAACGAGCGGACGATCCCGCACGATCCCGGAAGACCGC
 GAGGGCAACCAGCAGAACAACCAGCAACGCGACGGCTTGGGCTGGATCAGCGACCCGACGGCATCCCCGCGCT

AGCGGCGAGCGGGCGCAGCAACGCCAGCAGTACCTCGGCTCGCAGGCCCTGATCACCGCGGCCGGTGGCGGCGTG
 GCCTCGCTCATCGAGAGCGACAGCGGCCGCATGTCTATGTTCGGCTCGGACGGCTCCATCGGCACCGTGGGCATC
 ACCGGCCAGGAAGCGGTGGGCCAGATTCTCGCGGGCGGTGTCCGGGACATGTTCGGCCTGGGTCAACAAGCTCTAC
 GGCCAGGCGTTTCGCCGCCGTCTATGTGCAGCCCGGCCAAGGTTCGCCGTCCACCTCGAAAAACCGCTCGCCATC
 GACTTCGATCCCGAAGGCCGCAAGGTTCGATCACCGCGCAGGAGAAAGCCATGCTCTCGAACTCGATTAA

>C50, 912 Basen

ATGAAGCATCCTGTACTCGCGCTGCTGGGGCTACTGGCCGTGGCCGCGGCACCCGTGCCCAGGCGGTGGAGATC
 CTGCGTTGGGAACGCATGCCACTGGCAGTGCCGCTGAAGGTTCGGTCAGGAACGCATCGTGTTCATCGACCAGAAC
 GTGCGCGTGGGCGTGGCCGCGGGCGTGGGCGAACGCCTGCGCGTGCAGAGTGGCGGTGGCGCGTGTACCTGCGC
 GCCAGCGAGCCGATCGAGCCACGCGGTTGCAACTGCAGGACGCCGACACGGGCGCGCTGATCCTGCTGGACATC
 GCAGCCGAACCGCCCAAGGACGGGGAAGCCGAGCTGGAGCCGGTGCATCGTTCGAGGGTGCACGGCACCCGGGA
 CGCTATGGCGAGCAGGCCGACAGTGGCAGGCCCGGCACGCGCCAGGGCCAGGCAGGTGCGCGGACCGCGCGG
 CGCGAAACTCCGGTCCCTGTCTGTGCTGACGCGCTTCGCCGCGCAGAACCTCTACGCACCGCTGCGCACCGTTCGAG
 CCGCTTCGGGGCGTTCATGCGGGTCAACCTGCCCCGCGACCTCGACCTGGACACACTGATGCCAACGCTGCCGGTG
 CGCGCGGTGCGGCTCGCGTCTGGCGCCTGGAAGACCAATGGGTGACTGCCGTGCGCTTACCAACACCGGCGCC
 GACTGGGTGCGGCTCGACCCGCGCGTCTGCAAGGCGATTTCCCTCACCGCCACCTTCCAGCACGAGGCGCTGGGC
 CCGCGCGGCACGCCCCGAGGACACGACCGTCTCTACCTGGTACGGGCGGCCGCGGCTCGCGCAGTCTGCTGCTG
 CCGGCGATTACCGCTTCGACCCCTGCCGTGCATCTGCCGACGCCGACGGCGACGAGAACGCCAAGGAGGCCCGC
 CATGCGCAGTAA

>C51, 693 Basen

ATGAGTCGCTTCAAGAACGAGATCGCCACCTGCAGGCGCACATCAAGACCTTGGCCTGGGCGGGGCGCGCTG
 GTCATTGTTCGCCCTGGTTCATGGGCGGGCGGTGGTGGAGCGCGCCGCGGACCTGACCATCCACGTCCCGCCGAC
 CTGCGCTCTGGCAGTACCCGCAAGTGGTGGGAAGTGGCGCCGAATCGGTCTATGCGTTCACGTTCTACGTGTTT
 CAGACGCTGAACCGTGGCCGACCAATGGCGAAGAAGACTACTCGCGCAACCTCCACACGCTCTCGCCGTACCTC
 ACCCGTCTTCCAGGCTTCCCTTCGCGCGGACTACGACTACCGCGCTCCACCGGCGCGTCCACCGGCGCGTG
 CGCGGCATCTACGAGATTCCCGGCCGCGGCTATGGCGACGACCCACGGCGCGGCTGCGCACCGTTCGGATCGC
 GACTGGGTGGTGACGCTGGACATCACGGCGGACGAGTACTACGGCGCCGAGCAGGTCAAGCGCGCCCTGGTGGCT
 TATCCGATCAAGGTACGCGGGTGGACGTCGATCCCGCCCGCAACCCGTTTCGGCCTGGCGCTGGACTGCTACGAA
 GGCGCGCCCCAGCGCATCAGTGCACCGGAGCCGGCGCGCCCGGCGTTCGAGTGGCCTGTCTCCGCAAGCGCCTCAA
 GGAGGAAACACCCCATGA

>C52, 399 Basen

ATGTCGAGCAGCAGCACGTCCGTGCGGACGGGACGGTTCACGTTCCCTTCCGCACCGGCTCAACCGCCATCCCGTT
 GTCGTGCGCGGCTCACCGCCGACGAGCTGTGGATCTGCTGCGGCTGTCCGGCGCCGCGGCTGCTGGTTCGGC
 GCGCCGCTTTTCGTGGGTGTTCCGCACGATCGCCATCGCACCGACGTTTCGTTGTCCTGGGCGTGGCCTTGGGCGTG
 TTCATCGGCGGGCGCATCCTGCGCCGCTCAAGCGTGGGCGCCCCGACACCTGGCTTTTATCGGCAGTTGCAGTGG
 CGCATCGCAACGGGCCATCCGCTGATGGCCGGTGGGTGGGCGGCCACGTGCTGATCTCGCGCTCGGGCTTCTGG
 TCCACCCGACGAGCATGCGATGA

>C53, 360 Basen

ATGCACAACCGCATCCTCACTTCCCGTCTCGCCAGCGCGCCGCATGGCCCTGGGCGCCGCGCGCTGCCCGCG
 CTGTGTTTCGCGCAAGGCCTGCCGAGTTGGAGAACCCGACGCGCGGACCCGCAACGGCATCATGGAGACGATC
 CGCAACTACGGCTACGACATCATCATGCTCGTGGCCCTGCTGGTGGTGGCGTCGATGTTTCATCGGCGTCTGCTAC
 CACGCTACGGAACCTACGCGGAGATCCACACCGGCCGCAAGACGTGGGGCCAATTTCGGCCTCACGGTTCGCCATC
 GCGCGCGTGTGCTCGTGATCGGCATCTGGCTGCTCACCGAAGCCACGGGCATCCTGTAA

>C54, 234 Basen

ATGAACGGCGCCAGGTCTCGGCATTTCAAGCCAACAGCGGCATCGCGCCTTCCGCAATGGCGACCGTCTGGTTC
 GCGTCTGTTTCGCGGCTCTGCTCGTGTGGGCGTCTGGGCCATCCGAACGGCTACGTGGGGTGGTCCGAGAGC
 CGCCTCAACCAGCGCCAGTTCCCTCGGCGTCTGCATCCGCTTCGTCGCGATGTACCTCGTCTGAGTTTCTTCCCT
 CTGTCCTGA

>C55, 384 Basen

ATGGTGGCTTCGATCTGGCTGCGCGCCGCGCATCGCGGCGTGCCCACTTTTCTCGTGACGGCCCTCCTGCTGGGT
 CAGTCCCAGATGGCCTTGGCCGAGTCTCCGGCACAGCGCCAGGAGCTGGTTCGCCCACTGCGCCAGCTCGACGCG
 CTGGAGCGCACCGTTCGCGGACAGCGCCGCGCATGCCCCATCCAGCCGGGCGAGCGCTACCACTTCGACTACCCG
 CGGCTGCTGGCTGACCTGGCGCGCGTTCGCGCCGGCATCCAGTTTACCTGACGCCATCGCGCGCTCAGCCGCGC
 GACCCCTCCGAACCTGGCCGGCGACTACCGCACCGAGCGGGCGGCCGAGCCGCTGCCGGCGACGACTGCGGGGGG
 AAGCAATGA

>C56, 471 Basen

ATGACCACCGCCACTGCCAATCCAAGATGACCCTTCCCGCCGCGGGAGAGGTTAAGGCAGCCGTCAGGGTCAA
 CGTGCCTTGGCGGCTTACCTCGCAACCCAGTTCGAGACGCAGCACATCCAGATCTTTGATGACCACAAACAGGCT
 CATCAGGTGGAACCTGCCTACCTCGGCTTTACGCCTGCTGGTGCACATCCTGGCCGAGTTGGCCGATGGCAATGCA
 GTAAAGGTGGTGCCTGTCATGCAGAGCTGACGACCCAAGAGGCGGGCGGACTTGCTCAACGTGTCCCGTCCCCAT
 TTCGTCAAGCTGCTAGAAGATGGGGTGTGGCATTTCATCGCACCGGCAAGCACCGCAGGGTGGAGTTCGCCGAT
 CTGATGCAGTACAAGGAAGCGCGCGAGCGCGCCAGTGGAGCAGGCGATGGCCGAACCTCGCTCAGCAGTCGCAAGAG
 TTGGGAATGGGATACGAATGA

>C57, 576 Basen

ATGAGGCATTCCCCATTACCGCCGCTCTACGACGCGTTCGCTTCTATATCCCGCGCCACTGCGGGATTTCTGATG
 TGGCTCGGCCTGTCTGGCCGCTTCCGGGCGCGGTGGAGCCAAGCCATTCATGAGGAGTGGAAACGCAATCTGTTG
 ATCAACCGCCCCGATCTCACCCGGGTTTCAGGTCGACAGGACGTCGGATCTCATGGACAGGGCCATTCCGGACGGC
 TTGGTGGAGGGCTACGAAGCGCTCGTGGCAGGCTGACATTACCCGATCCGAACGATCGGCACGTCCTGGCTGCG
 GCGATTGCTGCGGTGCGAGCGTATTGTGACGTTCAACGAACGTCGATTTCCCGAACGATCTGCTGGCTCCGTAC
 GGCATCGAATCGCAGCACCCCGATGAGTTTGTGGACAACCTGCTGGATCTGGATGCGGCCGCGTAGTGTCCGGCT
 GCGCAGCGCCAGCGTGCCCAACTCAAGCATCCGCGATCGATGTGGACCGCTATCTCGAAATCTGCTGCGCCAA
 GGCCTTGTGCAAACGACCAAGGTGCTGGCGACCTATCGCACCATTTCTCTGA

>C58, 915 Basen

ATGACCAAGAATCCTTCATCAGACGCCACTTTGCCGAAAGGCATCCATCGAAGCTGGAAGCTGCCGGATAAGTCG
 CTGGGTGACTTGTGGGATTTCGATCGTATGGACGAAGCCATCAAAAAACAGTTGCTGTCAAAAGCGATCGTCAAC
 TTCACGGTGCGCCCAAGGTGGAGCGCACGGTACTCCCCCTGCACGGCGTGATCTTGTGGTTCGGCCCCCGGGG
 ACTGGGAAGACCTCCTTGGCACGGGGCTTGGCGCATCGTGTGGCCGAATCTTTTTCTTCTGCGAAGTTTCGATTG
 CTGGAAGTGGAGCCTCACACGCTGACGAGCTCTGCAATGGGAAAGACTCAACGCGCCGTGGCAGACCTGTTCTCG
 CAATCGATCGCAGAATCCGCGAGCGGGCCCCGACGATCGTCCTTCTGGACGAGGTCGAAACGCTTTCGGCTGAT
 CGAGCGAAGCTCAGCCTGGAAGCCAACCCGGTTGATGTGCACCGGGCCACCGACGCGGTGTTGGTGCAGTTGGAC
 ATGTTGGCCGAACGCAACCCGCATCTGCTGTTGCTGGCCACCAGCAACTTCCCACAGGCCGTCGACAGTGCCTTC
 CTATCTCGTTGCGACATGGTATGGAGGTGCCACTGCCCGCAAGGATGCCTGCAAGCAGATCCTAGTGGACTGC
 CTGAATGGCCTGGCAAAGACATTTCCGGGGATTGGCAAAGCTTTTCTCGGCTCACCAGTTCGACGCGTGCCTGGC
 GAGTGCCTCGGATTGGATGGTTCGGCCATTTCGCAAGGTTCGAGCAACGCCCTCGCGGCCGACCCGCAAGTGGCT
 ATCGATCCGAACAAGCTTTCCGTAGAGCACTTGCAGTGCAGTACGACAGGCAAAGCAAATGCGCCTTCAAGGA
 GGGAAAGCAAAAATGA

>C59, 471 Basen

ATGACCACCGTTGTGACCCGGACGTTTCGCAGCTCGCCGCACCGCGATGCGTTGCAGACATGGGATGCCATTGTC
 GAACTGCTCACTCAGGGCAAGGACGGCACGGCTCGCTCTGAACTCAGGGCCGTGACGGGCGTGGCCGCCAGCTTG
 ATCGCCGACCAGGCACCCAAGAGCGCGCCATCGTTGCGACATGCGATGGACCACGGACCAGGATCTACTGCCCTC
 TTCGACGAAGACGCGATCTATGGTATGATGCCAACGAAGAAGTCTTGGGGTTTCGAGCCGTTGAAGGGAGACTGG
 GGAGTCTCGCTGCCGTGTCCGAAGGAGCAGCTCGGCTGGGTGCAAAGCGCGCTCAAAAAGCACAGTTCTCGCATC
 ATTGCACGGGACTTGAGCCAAGGAATTGCCACGCAGGCGCAGGCCGATGCTGGGCAAGCGCTGTGCTCGACCTC
 GGAGGTTTCTCAAGTCATGA

>C60, 501 Basen

ATGAGCACCGTCGCCACCTACTCGTACACGCACTCGGTTACCTATGTGACCGACAACATCCTCAAGAGCTTGAAA
 GACATCATCTGCTCAGTGGGCTGGACCCTGAGCACTTTGCGGATCGCTGGGAGAGCAATACCCGAGCCATCAAG
 ACGTGGCTCGGGACCGGTGATCTGCGCAAGGTGATTCTGGAGATCTACAACCCGGCAACCGACAAGCTCGTGACC
 CGATGGGATATCGACATCGTGTATGGGTGGTCCGATGGCGACGGCAGCTTCTGGACAGATAACCGAGCAGTTGAAG
 TACGCGATCAAGAAAGCTGGGCTGCTGCCATCGCAGGCCAAGTACAAGTTAATGCTCGATACAAAGCCAGGGCGA
 CCTGATGTGGAGGGATGGAGCAAAGGAAGTTATCGCTCGACGGATGGAATGGTCAAGCAGAGCCTAGGCTCGACT
 GTCGAACACAGCGGCCTGGCGGGTCAGGCCGGATATTGGAGGCAACGCTGA

>C61, 903 Basen

ATGCTGTGATCGATGAAGCTTTTCGCAAGTTCAGTTCGCGTCTGGAACCTCAACGAACCGGAACAGAAGAATGCC
 TCGCAACGCCAGAACGAAGTGCAGGACTACCTGCAGACCAAGTTCGGCATTGCGCGCAGCTTCTGACCGGTTCC
 TATGCTCGATACACGAAGACGAAGCCGCTCAAGGATATCGACATCTTCTTCTGCTGAAGGACTCGGAGAAGCAT
 TACCACGGCAAGGCCGATCGGTAGTGTGGATGATTTCCACTCTGCATTTGGTGGAGAAAACGGTTCCGGCGGCC
 GTGCGCAAACAGGCGCGCTCGATCAACGTGGATTTCCGGTGTTCACATCGACGCGGAGGACAACACGGACTACCGG
 GTGGTCAGCGTGGATGCGGTGCCCGCATTCGATACCGGGCAGCAGTATGAGATCCCCGATACGGCGTCCGGAAAAG
 TGGATCAAGACGGACCCGGAGATCCATAAGGACAAGGCGACCGCAGCGCACCAAGCCTATGGCAATGAGTGGAAA
 GGTCTCGTGCATGTTGAAGTACTGGAACAACAATCCCAAGCAGGCGATCTGAAGCCGGTGAAGCCCTCGTTT
 CTGATCGAGGTAATGGCCCTTGAGTGTCTTTACGGCGGCTGGGAGGATCGTTTCGATCGCGAGATCCAGTCTGTT
 TTTGCCACGCTTCCGATCGAGTTCATGACGAGTGGCCGGATCCCCCGGACTTGGCCCCGGGATCAGCAACGAT
 ATGGATGCCGCGCAAGCAGCGCGCAGCAGCTGCTGTTCCAGGCGAGCCAAGACGCAAGCATCGCCATCGAC

CACGCGCGTTCGTGGTCGCAATATCGAAGCGCTTCGCGCCTGGCGCGCACTGTTTGGCCCCAAGTTCCTCACTGTCC
TGA

>C62, 960 Basen

GTGGCCGGATCCCGCCGGACTTGGCCCGGGATCAGCAACGATATGGATGCCGCGCGCAAGCAGCGCGCGCAGCA
GCTGCTGTTCCAGGCGAGCCAAGACGCAAGCATCGCCATCGACCACGCGCGTTCGTGGTCGCAATATCGAAGCGCT
TCGCGCCTGGCGCGCACTGTTTGGCCCCAAGTTCCTCACTGTCTGATTCCATCGGCTTCCATACACGTCCCATCG
AGGTACAGCATGTCCAGTGGTCGCTTTCCAGCTCCTGTCTGTCCTGCATGAGGACATCCAGCAGCGCTTGTCC
GTAGTACGCAAGACCTTCGGTCACCCGGGTACGAAGGGGGATGCGAGCGAGAACGTCTGGATCGACATGCTGGAT
ACCTATCTGCCAAACGGTACCAGGCGGCCAAGGCGCATGTGGTGGACAGCCTGGGGAACCTTCAGCCAGCAGATC
GATGTGGTGGTGTGGATCGGCAATATTCGCTTTTATCTTACCTACGAGAACGAGACGATCATTCAGCCGAA
AGCGTGTACGCCGTTTTTCGAGGCCAAGCAGACGGCTGACGCGGGGCTTGTGGCCTATGCCAGGAGAAGGTCGCC
AGTGTGCGCAGGCTGCACCGCAGAGCCTGCCGATCCCGCAGCTGGCGGGACCTACCCAGCGAAGCCGTTGATT
CCGATTCTGGGTGGCTTGTCTACCTTCGAGAGCGAATGGAGTCTGCAATTGGGTCCATCCATGGACAAGGCGCTG
AACGCAAACCTCACCGAGGGGCGTCTGGACATCGGATGCGTTGCCGCCACGGGCACTTTTTCTATGACCAAGCC
AGCGGCGCGTACAGCTACACCAACGAAAACAAGCCGGCGACCGCGTTTTCTTTCAAGCTGATCGCGCAGCTTCAG
TTCAGTGAACGGTCCCCATGATCGATGTGGAGGCTTACGGTCAGTGGTTGACCAAGTGA

>C63, 2625 Basen

GTGGCAAGCATACGTTTCGGAGTACCACCGGTTCTGGCGCACTTGGCGCAGCGGCACGTGCACGACGACGTGCGC
CGGCTGGCGCACCTGGTGTCTCGATCACCTGCAGCCACTGGCCGAGGTTCGGTGTCTGCACGCCGGGGGCGCTCCACG
CGCTTGGCGCCGCTGGCCATCGCGCATCTGGCGCAGATGCCTGTTCGCTACGACGGGGACGCGCGCGGCCCGAA
AACGGGCCGGCGCTCGGGCGACTGCACCAGCTCGAAGTTCGGGCCGTTTTCGAGGATTCATGCGGCAGGAGACGTTT
GACCTCAGCCATGACATCACCTTGGTCTACGGTGCCAACGGCACCGGCAAGAGCAGCTTCTGCGAAGCCTTGAA
GTGGCGATGCTCGGTTTCGATCAGCGAAGCGCAGGCCAAGCGGGTCGACCAGCGGACGTAATGCAACAACGCTCGC
CTGCGCCGCGCAGCTCGCGCCAGTCTGTCTACGCGCGGGCGGAGCGCAAGCGCAGGCGCTCCAGCCCCGACGAAGCT
GAGTATCGCTTCTGCTTCATCGAGAAGAACCCTCGACGATTTTCGCCCCGAATCGCCGCGGACCCCCGAGCGAT
CAGCGCCAGCTCATCGCCACCCTGTTTCGGCGTGGACCAGTTTCAGCGAGTTTCGTGCGCGGCTTCAACCCCTCGCTC
GATCAGGACCTGATGCTTGC CGCGTGCAGGCGGCGCAGCTGGCGCAGCGTTCGCTGCGGTTGGCGAACTCCGAA
CAGACCATCGCCGCTACCCGCGAAGATCGCAGCGGTTCGAGGGCTTGGAAACAAGCTTTGGCGCAGCGCATGTCA
CCTGGCGCGACCTATCAAGCCTGCGTGGACTGGCTGCTGGGTACGCCGAGCAGCAAGGACGGCTACCGTATGTC
CAGGCTCAGCTGGACGCCAACCCGCTGCCATTACGAGGTGACCCAGGCCCGCTGCAAGCGTTGCTGGCAGAG
GCCTACCGCGTCCAGGGACTGTGGCAAGCGTCTTCCGCGCAACTCGCGGCCCGCGCGGGCGAGGTGTCGTACGCG
AAGCTCTACGAGGCCGTGCAAGCGTTGGCGGACGGGGCGACCGCGTGTCCGGCATGTGGAACCGGACTGGCCGCT
GTGGCACAGGACCCGTTTCGCCAGGGCGCGAATGGGCCTGGAGCAGCTCGCGCAACTGGCCGTTCTGCAGCAGCAA
GAGGCCGGGCATCGGACCGAGTTGAGCGAGGCGGTCCGAGCGCTGTGGGACGAAATGCGCCGCGTGGTGGCGGCG
GCTGGGGTTCGCTTGTCTGCCGAATCGCAGGCCGCGGGCCTGCCACTGCTGCCTCCACGTCGCGGGGCAATTTGG
CTCGGGCGGCTGGGTGAATGGGGACCAGCGCGCCTGGCAAGCCCTCTTACGGATCGCACAGATCATCGAAGGCTTC
GACGCGCAGGCGCGGACGTGCATGCCAGCGCGGCGCGATGGCCCAGGAGCGGGACCGCCTGCAACAGCATCAG
CTGGAGATCGAACGGCTGCGGACCATGCGCACGACTGCGGATCAGGAGCTGGCGGCCGCCCGCCAAACCGTGGCC
CAATTGACGACGCGAACC CGGCCTGATCCAGGCGGCCACGGACGAAATGCCGGTGGTGGTGCACCATCAGCGG
GTCAAGGCCGCTACGACGGCTTCTTACCCGAGATTCAGGCATACCTGACCGCTCTGCCGGGGTCTGCTACAG
GGCTGGGAGACCAAGCCGCTCTCTACAACGATTCAACCGGGCCGATCCGCCCGGCGATCTGCTGCACGCG
CTGTGGTTGCCCGTGGCCGAGAACGGCAAGATCGAGTTGAGTTGCGCCGGCGAGCCCGGCGTGCCTACGACGCG
TTGATCGTCTTACGCAAGGGCACATCAAATGCTTGGGTTCGCGATTCTGCTTGGCAAGAACCTCGCGCAGGGC
TGCCCCGTGGTTCATCTTCGATGACGTCGTAATGCGATAGACGACGACCATCGCGATGGCATCTGGCGTACCTTC
TTCGAGGACGGTTTTGCTCCACGGAAGCAGGTTATCCTCACCTCGCACGAGGAGTTTCTGCACCGCATCCAG
CAGGAGTTGGGCGTGCGCCGCGCGCGGCCATCAAGCGCTACAAGTTTTCTCCCGCATCAGGGAGAGCACGAACTG
CGGGTCGACAGCGACCCGCCAGCGAAGAATATGTTCTTCTGGCCAGCAGGCGTTGGCGGCTGACGAGAAAACGC
GAGGCACTGCGCCAGGCCCGGCCGCGCTGGAGAGTCTGACGGACCGCCTGTGGACGTGGCTGGGTTCGGCGGGCG
GACGGCCGGATCGACATCAAGCTGAGCGGGCCCCGCGCCTTGGGAGCTGAACAATAAATGCACCAAGTTGCGG
TCGGCCGTTCGAGCGTATCGCGGCGCAACATGCGGGTTCGCCCGGATGCCGTAGGGGCGTTGGTTCAGGCTGCTCAAT
GTCAGCGGTACGAGTATTGAATGGGGTTACCTCAATAGCGGTGTGCACGACGCTCAGCGCGATCATGAGTTCGAT
CGGGCGACGGTAAGAACGGTTCGTCGAGGCGGTTACGGCGTTGGATGCTGCTCTTGATACCTGCAGAACCAGTGA

>C64, 750 Basen

ATGAAGGATGCCGCCTCGACCGCGCAGCGGGAGCAGAACCAGCGCCAGGGGCTGATCGTCCGGCACCATCACCTTG
CCGTTCCGGCTGCTCGGGGTGCTCATCGGCTCGCTGCTGTTCTCGATCGTGGTGGAGTTCGCTCGGCATGCACCTG
TTCTGGAAGGACCAGGGCTGGCGCCACTCCCAGCAGATGCTGCAGTACGAACTCGGGCACCTGTCCAACCACTTC
ACGCGCAGCGTGGTGGTGCAGGAGCCCCGGGCGCGCGGCGCAGGCTGGTGGATAACGGGTACGAGTGGGTGTTT
GTGCGCTCGGGGTTGCTGGAGCGCATGAGCCAGACGCCGAGCGCGCCCGCGCGGCCAGCCACGGGCGAGCCGC
AACTTCCGCTACTACATCAGCCAAGTCTATGTCTGGGCCGAAAGCTACCTGATCGCTGCGGCCCTTCACGACGCTC
ACCTTCCGTTGGTGCCTGCTGGTCTGGTACTCACGCTGCCGCTGATCCTCACTGCAGCATTCGTTCGGCTGATC

GACGGCCTGGTGCACGGGATGTGCGCCGGTTCGGCGCGGGCCGCGAATCCGGCTTCATCTACCACCGCGCGAAG
 GCCAGCCTGATGCCGTTGGCCGTGCTGCCTTGGGTACCTATCTCGCACTGCCCATAGCGGTGCATCCTCTGGTC
 ATCCTGCTGCCAGCGCGGCTTGCTGGGGATGGCAGTCAGCCTGACCCGAGGCAGCTTCAAGAAGTACTTATGA

>C65, 2190 Basen

ATGTCGGGCAAACAGCCGGTTCGAGGTTCTGCTACGCCAGCGGTGGAGCTATACACCGTCGCGGCGTGTGCAGGC
 GCCGCGTTTCTGTGCCTGGTGGCCCCATGGTCGCTCGCGCTGAGCCCGCCATGGGCATCGGCAGCGCCTTGGCC
 TTCGGCGCTACGGCGCGATCCGCTACCGCGATGCCCGCATCATCTGCGCTACCGGCGCAACATCCGCCGCTGTG
 CCGGTTACGTGATGACCAGCAAGGACGTGCCGTCGAGCAGCAGTTCGCGCCGCTATTCGTGGGGCGCGCTTTCTCTGG
 GAGCAGAAGCACACGCATCGGCTGATGCAGACGTACCGGCCGAGTTCGCGCCGCTACGTCGAGCCGACGCCGGCC
 TACCGGCTGACCAGGCGCCTGGAGGAACGGCTGGAGTTCGCGCCATTGCCGCTCTCGCGCCTGCCGAAGCTCACC
 GGCTGGGACGCGCCTTTCAACCCCGTGCGCCCGTTGCCGCTGTGCGCGGCTGCCAAGGCTGCACGGCATCGAG
 CCCGACGAAGTGGACGTCAGCCTGCCGCTGGGCGAGCGCTCGGGCACTCGCTGGTGTGGGCACCACGCGGGTG
 GGCAAGACGCGCCTGGCCGAGTTGTTGCTCACGCAGGACATCCGTGCGAGGAATGCTGCCGGCGAGCATGAGGTC
 GTCATCGTCATCGACCCCAAGGGGGATGCCGATCTCTTGAAACGGATGTACGTGGAAGCCAGCGCGCTGGCCGC
 GAAGGCGAGTTCTACATCTTCCACTTGGGCTGGCCGAAATCAGCGCCGCTACAACGCCGTGGGCCGCTTCGGT
 CGGATCTCGGAAGTGGCGACACGCATCGCGGGGAGCTCTCCGGCGAAGGCAACAGCGCGGCTTCGCGAGTTC
 GCATGGCGCTTCGTGAACATCATCGCCCGCGCCCTGGTGGAACTGGGGCAGCGCCCGACTACATGCTGATCCAG
 CGCCACGTCAACATCGACGCGCTGTTTATTGAGTACGCCAGCACTACTTTGCCAAGACGGAGCCCAAGGCC
 TGGGAGGTGATCGTCCAGATCGAGGCCAAGCTCAACGAGAAGAACATCCCAAGGAACATGATCGGGCGCGAGAAG
 CGTGTGGTGGCGCTGGAGCAATACCTCTCCAGGCGCGCAACTACGACCTGTGCTCGATGGCCTGCGCTCGGGCG
 GTGCGCTACGACAAGACCTACTTCGACAAGATCGTTGCATCGCTGCTGCCGCTGCTGGAAAAGCTCACGAGCGGC
 AAGATCGCCCAGCTCCTGGCGCCGAACACTACTCCGACCTGGCCGACCCGCGCCGATCTTCGACTGGATGCAGGTG
 ATCAGGAAGCGCGCCGCTGCTCTATGTCGGCTTGGACGCGCTGTCCGATGCGGAGGTGCGCCGAGCGGTGCGCAAC
 TCGATGTTTCAGCGATCTCGTCTCGGTGGCTGGGCACATCTACAAGCACGGAATCGACGATGGCCTGCCGGGCGCA
 TCGGCTGGTGCAGCGCTGGCCGATCAACGTCGATGCCGAGTTCATGAATGATGGGTGACGAGTTCATTCGCG
 CTCATCAACAAGGGCGGTGGCGCGGGCCTGCAAGTACCAGCTACACGCAACCGCTTCGAGACATCGAGCCCGC
 ATCGGCAACCGCGCAAGGCCGGCCAAAGTATCGGGAATTTCAACAATTTATTCATGTTGCGCGTGGCGGAGACG
 GCCACCGCGGAACCTGCTGACGAGGCGAGTTGCCGAAGGTGAGGTCTATACGACCACCATCGTCTCGGGCGCGACG
 GACAGCTCAGACATCCGCGGCGCGACGGACTTCACGTGGAACACCCAGGACCGCATCAGCATGGCCAGCGTGCCG
 ATGATCGAGCCGTCACACGTCGTCGGTCTGCCAAGGGCAATGCTTCGCGCTGCTGCAGGGCGGCCAGCTTTGG
 AAGGTGCGCATGCCGCTTCCGGCGCCAGACCCCGATGAAGTATGCGGACGGACTTGCAGCAACTGGCCGGGTAT
 ATGCGCCAGAGCTACAGCGAGGCCACGCAGTGGTGGGAGTTACCAGTTCGCGAGCCTTCCGCGATGCAGCCTTG
 CCCGACGACCTGCTGGATGACGCGGCTCCAGCCGAGCCTGACGCGGTGGCCACCGGCGCCGACGACAGCACCGGC
 GAGGCCGACCATGA

>C66, 549 Basen

ATGACGAAACCCCATCCCGCCATCTCGCGTTCACGGGCTACTCATGCTGCTGTCAGGCCTGCCGCTGGCCTCG
 CGTGCCGGCGAGCCACTGATCGTTGTGCGAGGACCGTGGCGGCACGTCCGCATTGCCGTAACGAAAGCCCTGAAT
 CTCCAGCCGCGCGCAACGCACCGGCGCGGCGCTCCATCCCGACGCCCCAGGTTCTGCCACACGGGCGGACGAA
 GCCGCGATGCTGCCGGTGCAGCGCCAAAGCTCACGCCCGGCACCGTTCGCGGACGGGTGATCGAAGCGCCCGGC
 CTGCGGCCGTTTCGTGGTTCATCGGCGACGACGAGGCTTCCCGGGCCTGGTTGCAGCGCCGCGCCGCTTTGCGC
 GAACGTGGCGCGGTCCGCTGGTTCGTCACGTCGAGACCGCGCAGGGCCTGGCGCGGCTGCGCGCCTGGTGCCG
 GCGGTGCCGCTCGCGCCCGTGGCCGGCGACGACCTGGCCGATCGCCTGGGCTGCGGCACTACCCGGCGCTGATC
 ACGGCCACCGGCATCGAGCAATGA

>C67, 591 Basen

ATGGCAGCGCCAGCCGTAGCCATGCCCTGCGCGCACTGGTGTCACTGCCGGCCTGTATGCCGTTGCCGCCCTG
 GCCAGGAGGTTCCGCCACCGGCTTACCAGCTTCCCGCCAGCGCGAGGCATCCCTCGACCGTGTCTACGCC
 GTGGCCTTGCAGGAGAGCGGCATCCGGCGCAACGGGCGCCTGGTGCCGTTGGCCTGGTCCCTCAACGTCGCCGGC
 CAGTCGCGCCGCTTCGCCACGCGCGCCGACGCTGCGCTGGCCTGCAGCAGGCGATGCGCGCCACGCCGACACG
 CGCATTGATGCGGGCCTGGGCCAGATCAACCTCGGCTACCACAAGCACCGCTTTACCGGCGGCTGCGACCTGCTG
 GATCCGTATCGCAACCTGGCCGTTGCCGCCGAGATCCTGAAGGAGCAGCACACCCCGGCGAGGACTGGCTGCTG
 GCGATCGGCCGCTACCACCGCCCCGAGGCGGCGAGCCCGCCCGCTATCGGCGCAGCGTGTGCGGCCACCTT
 GCCCGCGTGCAGGGCACGCGACAGCCGCGCGGTCTCGCGGCGCGCCAGGAGACCTCCCCATGA

>C68, 738 Basen

ATGAAGCCGTGATCCTCCTTTTCGCGGTCTGGTGGCGTGTGCAATGGCCCGCTGGGCGCAGCAGCCCGCA
 ACGACCTCGGCGCGCAACGCACAGAGCCAGGAGCGCCCGCTGGCCGCCCGGTGCTGGACGACCGGGTGGCAACC
 GAATGGGGCTTGCAGCCACAAGAATGGGCACGCTACCGGAGCTGATGGATGGGCGGCTGGGTATCTACTCGCCC
 AACCTGGACCCGCTGTCCGCTGGGCATCGAAGCTCGCACGGACGAAGAACGGCGCCGCTATGCGGAAGTGCAG
 GTGCAGGTGGAAGCGCGCCGCTCGAGAAGCTGCTGCCTACCAGCGCGCTACGACGAGGCTGGCAGCGCCTG
 AATCCGGGGATGCAGCGCGTGAACCTGCCCGACGACAAGCCGGGCGCCGGCCATCCAGCAGTCCCTTGGCGGGC

AGCGGCCGCATGGCGGTGTTTCGTCAAGGACGGCTGCGCAGCCTGCGGACAGCTCGTGCAGCGCCTGCAATCCTCG
GGCGCGGAGTTTGACCTGTACATGGTGGGCAGCCGCCAGGATGACGCGCGCATCCGCGACTGGGCCAAGCGCGCG
CAGATCGACCCGGCGCGCGTGCAGCGCCGGCAGCATCACGCTCAACCACGACGGCGGCCGCTGGCTGTCACTGGGC
CTGCCCGGCGATCTGCCCGCCGCGTGCAGCAAGTGAACGGCCAATGGCAGCGCCAGCCGTAG

>C69, 645 Basen

ATGAACGCCCCGCAACCTGCCCAGCGATCGACCGCCGCGTGGTGGTGCAGAGCCTGATGTGGCTCTGGTTGATC
TTCCTCAGCGTCTTGGCGGCCCTGGGCTACCAGGCCCTCAGCGACCAGGCCAGGAGCGGCTGGATTCCCGC
CTGCAACGCCCTGGAAGCGCAGGCAACTGGCTTGGCCGAGACGATCGAGGCCATCCAGCAGCGCCCGGCCGTGCG
ACGGACGCTGACCTCAAAGACACCCGCCAGATTCTGGAAGCACGCGCGGCCAGGTCGAGAAATCTCTCAGTGGC
TACGACGCGGCCGACGACCTCCAGGCGCTGCGCGCGGAGGTCGAGCAGATCAAGGCGGCCAAGCCGCGCGCGT
GCCACCGCACCCGCCAGCGCGCGCATCGCGCACGTCCGCCGCTCCAAGACCGAGCTGCCGCCGCTGCCATT
CGCGTGTGCGCGCCGAACTGCGCGCCGGCCAGCGCAGCGTGTCCGTGCGCGCGAGCATCGGGGACTTCACGCCC
GCCAACTTACAGGTGCTGCTGCCCGGGGATGCGGTGCGGCCGCTGGCGCCTGCAGGCGATCGAGGGCAACACCGCA
GTGTTCCAGGCCGGCAACCAGACCCGCCGCGTGGCGATTCCCTGA

>C70, 600 Basen

ATGTGCCCTCTCCACCGTGGTTTCACTATCCCGAACGCCGCTTCTGGCGGGATTCTCGGCCTGCTGTGGTGC
GTGCTGGCCGGTGGCTGCGCGACGACGACTGCGCCGGTTCGCGCCCGACACCATCGCGGAAGTCTTGGCCGCGCCT
GAACCCGAGGCTTCCGAGTACATCCCGGTGCTGCGCTACGCCCGCTACACACTGGTCGAACTGGCACCCATGGCG
GCGCAGCGCGACCTGTTGTTGCAGACCATCGACGTGTCCATGCCCGAGGATGCCCGCGCCACGGTCGGGGATGGG
CTTCGGCACGTGCTCAAACGCAGCGGCTATGGCCTGTGCCAGACCGCGCATGCCGTGATCGAGCTGTACGCGCTG
CCGTTGCCGGCGGTACACCTGCACCTCGGCCCATGACCTTTCGCGCATGCGCTGCTCACGCTGGCTGGCCCGGCC
TGGAACTGCACGCGGATGACCGCGCACGGCAAATCTGCTTCGAGCGGCCCGGCGATCGCGCGGTGCGCGAGTCC
CCATCCGAGCCACCCGCCACCGAGGCGGTGCAGACGTTCCCGCTGGCACCCATGGTTTCGGGAGGCCAGCCATGA

>C71, 2280 Basen

ATGTCCCTCGATCTCGAAACCACTGCCGCTGAATCCCGCGCCGCTACAGGGCGAACTGCTCGACGCGGAATCTTCC
CCTCTGACCCTGAGCCTTTCAGGATTTTGTGCGGCGAGTTCGGCGACGAACTACTCGACGCCCTCAACAGCGCTAAT
CCGCCGGTCTATAACCGCCAACCGCAGGCGCACCGGCAACTGGTGGTTCGCCAGCCTCAAGCGCAAGCTGTTCCCA
GCCAGGCCGAAGTCGTCCACGCCGCGCGGAGCTGCTGATCGACCGTGGCGAACGTGCTGCGATCGTCAATGGC
GAGATGGGCTGCGGCAAGACGACCGTCCGCATTGCCACGGCCGCGTGTCAACGCCGAAGGCTATCGCCGCACT
CTGGTGTGTCGCGCCCCACCTGGTTTACAAGTGGCGGCGGAGATCCAGGAGACGGTGGCCGGTGCCAAGGTG
TGGTACTCAACGGGCCGGATACGCTCGTCAAGCTCATCAAGCTGCGCGAGCAGTTGGGCGTGCAGCCACGGGC
CAGGAGTTCTTCGTCCTGGGGCGCGTCAGGATGCGGATGGGCTTTCCTGGAAGCCTGTCTTACCACGCGGCGC
ACCCGCCACGGCGACGTGGCGGCCCTGCCCGGACTGCGGCACGGTTCATCACCGACCTCGACGGCGAGCCGTTCAAC
CCGATCGCGCTCCAAGCCGAGGAGTCCCGCAGGAAGTGCAGGCCACTGCGCCGCGCCCTGTGGACACTGATCCGC
CCGCGCAGTCTGTCCGGCAGCGACCGTCCCGCGTGTCAAAGCCTTAAAGCGCATACCGACCATCGGAGAG
GTCACCGCGCAGAAGCTGATGCAAAAGTTCCGGTACGGGTTTCTGGCGTTCGATGCTCGGGCACAACATCCATGAG
TTCATCAACCTCATGGATGGCAACGGCGAGCTGGTGTTTTCCGACCGTCAGGCCACGCGCATGGAACGTGCGATG
GCCAACATGGAGTTCGGCTTTGGCGAGGGCGGCTATCAGCCGTCCGAGTTCATCAAACGCTACCTGCCCAAGGC
ACGTTGACCTGTCTATCGCCGATGAGGCACATGAGTACAAGAACGGGGGCGAGTCCCAGGGCCAGGCCATGGGC
GTGCTGGCGGCGAAGGCTCGAAGACCTTGTGCTGACGGCACGTTGATGGGCGGCTACGGGGACGACCTGTT
CACCTGCTGTTCCGAGCCCTTCCGGGGCGGATGATCGAAGACGGCTACCGCCCGACGAGCGCGCATGACC
TCGGTGCATGGCGTTTATGCGCGATCACGGGGTGTGGAAGGACATCTACTCCGAGAGCACCGGCACGGCGCAC
AAGACGGCCAAGGGCACCAAGGTATCGGTGCGCACGGTCAAGGCCCCGGGTTTGGCCCCAAGGGCGTGTGCGC
TGATCCTGCCGTTACGATCTTCTCAAGCTCAAGGACATCGGTGGCAACGTCTTCCCGCCGATGACGAGGAG
TTCCGTGAAGTGCAGATGGACACGGCGCAAGCCGCGGCTACCGCGATCTGGCGGGTGGCTGACCGCGGAGCTG
AAACAGGCTCTGGCGCGACGCGATAACGACCTTGTGGGTGTGGTCTCAACGTGCTGCTGGCCTGGCCGGATTGC
TGCTTCCGGTTCGGAGACCGTGGTGCATCCGCGCACGCGCAACACCTTGGCGTGTGCTCCCGGCTCAGTTCAACGAG
TTCGAGATCAGCCCCAAGGAGCGTGTGATCGACATCTGCAAAGAGGAGAAGGCGCAGGGCCGCAAGGTCCTG
GCCTACACGGTCTATAACGGCACGCGGACACCACGTGCGCCTGAAGGTGTTGCTGGAGCAGGAAGGCTTCAAG
GTGGCGGTGCTGCGCGGAGCGTGGATGCCAGCCGCCGGAAGACTGGATCGCCGAGCAACTGGACCGTGGCATC
GACGTGCTCATACCAACCCGAGTTGGTCAAGACGGGGCTGGACCTGTTGGAGTTCCTGACGATCGTGTTCATG
CAGTCGGGCTACAACGTGTACTCGCTCCAGCAGGCGGCACGCCGCTCCTGGCGCATCGGGCAGAAGCAGCCCGTG
CGTGTGATCTACCTCGGCTACGCCGGTTCCTCGCAGATGACCTGCCTGGAGCTGATGGCCAAGAAGATCATGGTC
TCGAGTCCACCTCGGGCGACGTGCCCGAATCCGGGCTCGATGTCTGAACCAGGACGGTGTATCCGTCGAGGTC
GCACTGGCCCCGGCAGCTTGTGCGCCGATGA

>C72, 306 Basen

ATGGCATCGCATCGCATCGAAACCTACTGCCAGCGGCTGGCGTTCCCCATCGGGGCGCTCATCTTCAGCAGAGGT
GTAGACCGCCTGGTCCGCGCGGGTCCGCTGGACCCGATCCCGTACTTCAGGCGCCACACCCGTGGCGACTGGGGC
GACGTCAACATCCAGCAATGGCAGACGAACAGCAGCGCGCTTCAATCGGGCGCGTCTGGAATCGCACTACGTC

ATCCATCCGGGGCTCGCCATTCGCATCGTCACCGATTTCGCAGCGCTGCGCAACCGTCATCGTGCTTCCGTCCGAA
GACTGA

>C73, 321 Basen

ATGATCCCCAATCCGTTCAAGCGGCCTGCGCCGCACAAGCAACCGTTGTTTCGCACCGAGTACGTTGAAAGTTGAGC
GAGAAGGTGCATTGGCTGGCCCCGGCGAGGCCTGATCGACCCCTTGGCCTATGTCCAGCGCCATGTGCGCGGGGAC
TGGGGCGAGATCGATGAGGCCACACGCCAAGCCAACGACGTGGCGATCCAACAGGACAACCTAATGATCTCGCAG
TTCAGGATCACGCCGGACCTGGCGCTGATCGTCAAGACCAGCGAGGACCACCAGACCACGGTGGTCCAGCTTCCC
GAAGAGCGGGACCTGATCTGA

>C74, 1110 Basen

ATGGCCCTCATGTTCCCGCGGCTCGCCCCGAATTTTCGTCAAGAACGGATATTTCCCGACCGACGAACCCACGCTC
GAAAGAGCGCTCAACGCACTGATGCCAGCGACGGGCCGATGTGCATCCTCGATCCCTGCGCCGGCGAAGGCGTG
GCGATCGCCGAAGCCGCCCATGCCCTCGGGCGGAGCAGGCAAAGGCGTTCGCCGTCGAGTTCGACGCGGAGCGG
GCGCGCCATGCCCGCGGCCTGGTCGATCACTGCCTGCACGCGGACCTGATGGACACGATGGTCTCCAAGCAGTCC
TTCGGGCTGCTCTGGCTCAACCCGCCGTATGGGGACCTGTCCAAGGACGTCAACGGCAACATCGGCTATCAGGGC
CAGGGCCGTGCCCGCTTGAAGCTGTTCTACCAGCGCACGCTCTCGCTGCTGCAATACGGCGGCGTGTGGTT
TTCATCGTCCCCGGCTACGTGCTCGACGCGGAGTTGGTTCGGCTGGCTGACGCGCCACTACACGGACCTGCGCATC
TACCGAGCGGTGGAGACGCAGTTCAAGCAGGTGGTGTATCTTCGGACGCCGGGTGCGCCAGCGGAGCAGGTGCC
GATGGCGTCAAGGCCGTGCGCAATCTGCTGTTGCAGGTAGGGCAAGGCGAAGTGAAGCCGAGGAACTGCCGAGC
GAGTGGCCGTTTCCCTGCCGTACATCGTCCCCGCCAGCCCCGGCCGAGCCAGAGCATTCTTCCCGCTGACGATGGAG
CCCCGAGCAGTTCCCGGATGAGGTTGGCAGGCTGCAAGGCTTGTGGCCATCGCAGGACACGCACCTGGGGGCTGCG
CAGCAATCGCTGCGTCCACCGGCGCGGGCCTTGTCCCGCTGGCATCTCGCCCTGGCTCTGGCCGCGGGTGCGATC
TCGGGGGTTGTGCGCTCCAAGACCGGGCGCGTGTCTCGTCAAAGGTGACACCCACAAGGACAAGACGCTCCAG
CGGGAGTTCACCGAACGCGAAGACGGCTCCATCGCCGAGACCCGCATCCTCACCGACAAGTTCGTTCCCGTCA
CGCGCTGGGACATGACACCTGGCTCCGCGACACGGGGCGAGGTGTTGACCATTTCGCTGA

>C75, 648 Basen

ATGCCCGCAAACACTTCTTCCACGCTGTACCGCATCGACGAATGCCCGGACGTGATGGCCGACGCCCTGCGTCGGC
GATGACCAGGGCAACCTGATCTTCCCTGTCCATCTGGGCGCGGGACACCGCCGTCCAGCAGTTCCCTCGCTCGCCTG
ACCCTCGGGCGCGACGAGCAGGGACTGGACCAGTTCCACGTCAACCGACCAGGGCGGCAGCGTCCCGGTATTC
ATCGGCAACGTGATCGCCTGGAAAAGCGCATCACGCGCGGTACCGGCGGACGCTGTTTCGGCTCGCTGTCCAAC
GTGTGGCTGTTTCGACCGGCGCTGCGTCAAGCCCGACAAGGCCAACGCCAGCGCATTTGGCACTGCTGCCACGCGAC
AGCGCCACAGGCTTGACCGCTGTGGATGCTGGTTCGGGACACCTGCCCGTTGCCGCTGCTCGATCACTGGCGC
GAGACCGTGTGAACTGCTGCAAACCCGCGAGATGCTGGCCCGCTTCCGTTCCCGCTCGGGCCGCTGGAAGGC
CATCGGCTCGCCATCGACGTGCCGGCGCTGACCCTGGCGCTCGGCTCCCTGATCCGACGCGACGCGCTCACCGCC
TATCCGTATCCGGCCAAGATTTGGACGCCGGAAGCGGTAGCGGCTTGA

>C76, 261 Basen

ATGGACCCGATCCTGGCAACGCTTCCGCCCTCGTTGCTGGCACTCGTTGAAGGGAGTTTGTCCAACGACGAAGTG
TCCTCCGACGAGGAAATGCTGGCGTACTTCATCGACAACGGCCTCACCGAGGACCAGGCACGGCAGGCACTGACC
TACCGCGACCAGTACCTCAACAACATCTACCTGGAAGGCTTACGCCGATCACTTCGGCGGACGAGCCGCTTAC
TTCAACCCGCACACCCGGCAGTTTCGAGCCGGACTGA

>C77, 408 Basen

ATGGGCTGGTATTTCTCAAACCAATCGCGGTCCGAACTGATCGCGGAACTGATCGCACCGCAAGAGACCGAGCGC
GCCAGCGTCAAGGTCACTCGCTCACACCCTGCGCGGCAACGTGCTGTGGTCCGTCGCCGAAAGTGAACGCCAAGGTC
GAAGGCGTGCATCGTATCTCGCACCGGGCCAGTCCCTGCGCTACATCCGCTGCGATCTGCTTGAACGAAGCGGC
GGCCAGTGGGGCTACAAGTCTTGGACGAGTCCATGCACCCGTAATACTACACGTGCCCGCTGTCTATCTGGAC
CTCGCACCGGAGCAGTCCGCCGACTGGCGTGCAGGCGTTTCGCGCCTACCACGCCCGGGCGGCACACCCACGGCA
TCCGCGGCATCCGCCGCGGCGTTCGATGGCCTGA

>C78, 342 Basen

ATGTCCACCATCGCTTGCATACCCCGCGTTCAACGCTGGATGAACCCGCGTGGCGGGACCTTTGCAAAGCGGCC
GCCGCACACGCCAGCGCGGTTGCGGCTTGTCTACGACCACTACGTGACGCTCTTTCAGTTTCGGCGATCGACGCA
CAGGCCAATCGTTTTGCCGGATGAGCAACGTGCTCAGGCTCTCGAAATCGCGGCCAGGAAATGGGACTACGCAACA
CCTGCCGAACGGCAGGAAACCCAGGACTGGAATGCGGAGCATGGCTATTGCTCGCACGGGATCGAGTTCGGCTAC
TGCCCGGCCGTTGTGATCGAGACGATGACGACTGGGATTGA

>C79, 690 Basen

ATGGCAACCCCATCGGCTTCCGAGAAATCTGTTGCGCCCATCGTTCGTCGCCCGGCCAGCTCACGCTGCGTACCATC
CGCGGCAAGAACGGCCCGTTACAGGTTGGCCGCTCGCGACGCACCTCGGTACTTTCGAGGTTCAAAGACCCGGAG
CTGGAGCAGTACCCGAAGGCAAGTACGACGGGAATTCATCATCAGGTACATCTTCCCGAAGTCTTATCCGGTC

GGCGGCGGCATGCGGTTTCGAGATCCGTGCCAGCCTCGACGGCATGACGCTCAACGGCATCGACAAACTCAGCCG
 GACGAAGCCCGCAGCTTCGCCACCCAGGACGTCGATCCGCTCGATGAAGAGCAAGGGGCGCAGCCTGCGGCAACG
 CCGGCCAAGCCACCAAGCGTCCAGGCCCGCAAGCCCGCACCCGTGCAGGCGTCCGCGGACCCGCTGGTCGAT
 ACCACGCCCTTCGGCGTGGATGCGCCACCGCTGCTACGGCCGCTGCCCCGGCAGCACCGAAGACGGTGACGCC
 GCGCTCTTCGGCCTGCTGTGGCCGCTGGGCGAGTCCGTGAAACTGGATTTCGACCATCGACCGCCGACCCCTGCGC
 GCGCAGATCGCCCGCTGGGCGAGCTGGGCTACGCGCTGGACTTCAAGACGCAGGAGTGGAGCCGCCAGGCCGAA
 CAAAAACCTGCGTGA

>C80, 828 Basen

ATGTCTCTGGTATCCCGCTTTGCTCCGCAATCCCGATCCTGCGCTCTGATCGCCACTCTCGGACGACCGCAT
 CGTGCCGTCGTTCCGTCGATCTTCGCCGACGCTCCACATGGGAGCCGGTCCGATCGGTATGCCTACATACCGACC
 TCGACCGTGTGACCAAGCTGCGCCAGGAGGGCTTCGAGCCCTTCATGGTGTGTGACAGCGCGTGCACAACGAA
 GACCGGCGCGAGTACACGAAGCACCTCATCCGACTTCGCCATGCAAGCCAGATCAACGGCGACGAGGCCAAGCAG
 ATCATCCTGCTCAACAGCCATGACGGCAGGACGACTATCAGATGCTCGCCGGCATGTTCCGGTTCGTTGCCAC
 AACGGCCTGGTTTTCGGGTGACACCACCGCAGACATCCGCGTTCCCAACAAGGGCGACGTGGCCAGCCAGGTGATC
 GAAGGTGCCTACGGAGTCTCGAAGGTTTCGAGCGCGTGCATAACGCGCGGATGCGATGCGCACCATCACCCCTC
 GATGAGGGCGAAGCGGAGGTCTTTGCGAACTCTGCGCTCGCACTCAAGTACGACGATCCGGCCAAGTCCACGCCT
 GTCACCGAGAGCCAAGTCTGGCCCTCGGCGATGGGACGACCGCAAGAACGACCTGTGGGCCGTCTTCAACCGC
 GTCCAGGAGAACCTAGTCAAAGGGGGCCTGAACGGACGCACGGCCAACGGCCGAATCAGCGCACCCGTCCGGTG
 CAAGGCATCGACCAGAACCTGCGCCTGAACCGGGCGTTGTGGCTGCTGGCCGAAGGCATGCGCCAGCTCAAGGCC
 TGA

>C81, 999 Basen

ATGCTTTCGCCTTATCAACCCACCGCGGGGTACGCACCTTCCCGCATGCGTGGGCGGGTGTGTCTCCGCTTCA
 TCCCAATGGAGATTACCATGAACACCACGTCCAACGAGAAATCGTATTTGACCTCCACACCTCGGGCATCGGC
 TACATCCAGCGTGTCCGTGAAGTGCCCGTCCGGGCGCCCGCGTGCAGCCTTTCCTGGCATGCACCATCGCC
 GCGCTGGTTCGGCCCCCGGGACCCAGTACCGCTACTTCGACGTCGAGTCAAGGTCTCGGGTCCGAGGCCAAGAAG
 CTCGTTTCAGCGCTACATCGGCGTTGACGATCCCAAGCAGCGCCCGCTGGTGCCTTTCGCTCGGTGACCTGTGG
 GCGATGTGTACATCCGCGACAAGGGTGAGCAGAAGGGTCAGGCCGCGCGTCCCTCAAGGCGCGACTGCTCAAG
 GCCGAAGTGCATCGACCGGGCCGAAGTGGCTTCGATCGAGCAGCAGAGTTGATCACCCGCGGCATCGGCTATCTC
 AATCGTGTGAAGGACGTCACCCAAAAGCTGGCGACTCGTTTCTTCTTGCACCGTTCGCGGCACTGGCCGGGCC
 GTCGATGAACCGGAGTATCGGTAATTCGACACCATCGTCGCCACCCGGAAGCCGAGCACCTGGTTCGCCGGTGC
 GTTCAGGCCGTCGAGGGTGACCGCAAGGTGCTGATCGCCTTCCGTCTGAACGACATGAAGATCGATCCGTACATC
 CGCACCAAGGGTGAGCACGCCGGGGAACCGGCCGAGCCTGGAATCGACGCTGGTCCACATCGGTCTCATCAAG
 ATCGACGGCACCCAGGTCTATCCGACGAGCCAGGCGCAAGCCGAGGCGCCGCGCCGCGGAAGACGCATCCGCGTCC
 GAAGCCGACGATGCCATCGACACGGCCACCGAGCCCGGAGCGCGAGCCCGAGGCCAAGTCCAGGAGCAGGAG
 CCGGCATTGGCTGCTTCGTTCTGA

>C82, 285 Basen

TTGTTCGGCCCGCCGGTTCGCGCGCACCTGGACGCTGGAAGTCACGCGGCTGTGCACCGACGGCACACCCAGCGCC
 TGCAGCAAGCTCTACGGCGCGGCCTGGCAGGCGGCAAGGGCGCTGGGCTACATACGCTGCTCACCTACACCATG
 CCCGACGAAGGTGGCGCCAGCCTGCGCGCCCGCGGCTGGCGGCTGATCGGCGCGCGGTTGGCGGCGCCTGGAGC
 CGTCCCGGCCGTCCGCGCGCCGATAACCCCGAGCACCTGCGCGGCGCCAAGTGCCTGTGA

>C83, 261 Basen

GTGTACTTCTTCGCGAGCGTGGGGAGCGTCGCCCGGATGGGCGCCGGGCACTGCTCGCCTACGCCGTCGGATGC
 AACCCGGACACCGACCCGTTTCGATGACTGGTGGCACCTCGCCGGCCGAGCTGGGCGGCGATGACTTCGCGGGAG
 TATTTTCGACCCGAAGGACGGCCTGTTACGCGCCTCCAGCACTCGGCGGACGATCTCGTGCTTTCGCCACCGCC
 ACGCACCTGTCTTAGCAGTGGTGCCTCCCGCCTGA

>C84, 642 Basen

ATGGCCACCGTCACCGACGAAATCATCGACCTGCACGACCGCATCCTGGGCAAGCTGTTCAACGCTGCCAAGCAC
 AAGCATCAGCAGCAGTTCCAGGCGTCCGGCAAGGCGATCAACGCCAAGGTGCGGCTGGCCACCTCGATCAAGCAG
 GGCACGGTGACGGCCTCGCTGATGCTCAGGAAACTCGGCAGCTACCCGCGCCAGAACGGCCTGGCCGTCGGCGTG
 CGCGAGCTGGGCGCATCGAGCGAACGCTGTTTATCCTGGACTGGCTGCAAAGCGTCGAGCTGCGCCGCGCGGTG
 CATGCCGGACTGAACAAGGGCGAAGCCCGCAACGCGCTAGCCCGCGCGTGTCTTCAACCGGCTGGGCGAAATC
 CGCGACCGCAGTTTCGAGCAGCAGCGCTACCGGGCCAGCGCCTCAACCTGGTGACGGCGGCCATAGTGTGTGG
 AACACGGTCTATCTGGAACGGGCTCAAACGCCTTACGCGGTACGGCCAGACTGTCGATGACGCCCTGTTGCAG
 TACCTGTGCGCGCTGGGCTGGGAGCACATCAACCTGACCGGCGATTACCTCTGGCGCAGCAGCGCCAAGATCGGC
 GCGGGCAAGTTACAGCCGCTACGACCGCTGCAACCGGCTTAG

>C84b, 516 Basen

ATGAACGCCTACAGCCGCGCCAACCGCCGCATCTACGCGGCCCTTGTCCGATCCCCCTGTTCGGCCACCCACCGGCAC
 CGCCTCGACGATCTGCTCAAGCGCCACGACAACGGCAAGACGACCTGGCTGGCTGGCTGCGCCAGTCGCCCCGTC
 AAGCCGAACCTCGCGCCACATACTCGAACACATCGAGCGCCTCAAAGCCTGGCAGGCGCTCGACCTGCCTTCCGGC
 ATCGAGCGGTTCGGTGCACCAGAACCGCCTGCTCAAGATCGCCCCGGAAGGCGGCCAGATGACCCCCCGGATCTG
 GCCAAGTTCGAGGCACAGCGCCGCTACGCGACCCTGGTGGCTCGCCATCGAGGGCATGGCCACCGTCACCGACG
 AAATCATCGACCTGCACGACCGCATCCTGGGCAAGCTGTTCAACGCTGCCAAGCACAAGCATCAGCAGCAGTTCC
 AGGCGTCCGGCAAGGCGATCAACGCCAAGGTGCGGCTGGCCACCTCGATCAAGCAGGGCACGGTGA

>C85, 1689 Basen

GTCGTGCGCCGAGCACGTCCAGCAGGCTTTGACGAACGTGCCCGGCGTGCAGCGCGCCCTCGGTGTCTATCCGCA
 GCGGCAGGCCGAAATCGAGGCGGATGCAGGCGTGAGCGTGCCCGGCTGGTTGCCCGCAGTGCCACGCTCGGCTA
 TCGCGCACGGCTTACCACACGCCGAACAAGCCTGCCGGCCTGCTAGACAAGGCGCTGGGCTGGCTCGGTGGCGA
 AACGAAGCATGTTGGCGGTGAACAAGCGCTGCACGTGGCTGTGATAGGCAGCGGCGGCGCGGCGATGGCGGTGC
 CTTGAAGGCCGTGGAGCAAGGCGCCGCGTACGCTGATCGAGCGCGGCACCATCGGCGGCACCTGCGTCAATGT
 CGGCTGCGTGCCGTCCAAGATCATGATCCGCGCCGCGCACATCGTCCACCTGCGCCGCAAAGCCGTTTCGATGC
 TGGCCTGCCGGCCGAGCGCCCGCTGTACTGCGGAGCGGCTGCTGGCCAGCAACAAGGCCGCGTTCGAGGAGCT
 GCGCCATGCCAAGTACGAAGGCATCCTGGCAAGCACTCCGGCCATCACCGTGTGCGCGGCGAGGCCCGGTTTCAG
 GGACACGCGCACGCTGACCGTGGCGACCGCTGACGGCGGCACGCACGAGGTGAACTTCGACCGCTGCCTGATTGC
 CACCGGCGCGAGCCCGGCGCTTCCGCCAATCCCGGGCCTTGCGGACACACCCCACTGGACCTCCACCGAGGCGCT
 GGAAAGCAGCTCGCTCCCCGAGCGGCTGGCCGTGATTGGTTCCCTCCGTTGGTGGCGGTCGAGTTGGCGCAAGCCTT
 CGCCCGGCTGGGCGAGCCAGGTACGATCCTGGCGCGCAGCACGCTGTTCTTCCGAGAAGACCCGGCCATCGGGGA
 AGCCGTAACAGACGCCTTCCGCGCCGAGGGGCATCGAGGTGCTGGACCACACCCAGGCGAGCCACGTTGCCATATGC
 GGGCGGGGAATTCGTGCTCACCAACCGGGCAGGGGGAAGTGCAGCGCCGACAAGCTGCTGGTTCGCCACCGGTCGCGC
 GCCGAACACGCGCAGCCTGAACCTTGAAGCGGCAGGCGTGAAGTCAATGCGCAGGGAGCCATCGTCAATCGACCG
 CGCCATGCGCACGAGCGCACCCGCACATCTTTGCTGCCGGCGACTGCACCGACCGCGAGTTTCGTCTATGTGGC
 GCGGCGGCGCGCACGCGCGCCGCGATCAACATGACCGCGCGGACCGCGGCGCTGGACCTGACGGCGATGCCGCG
 GGTGGTGTTCACCGATCCGCGAGGTGGCGACCGTGGGCTACAGCGAGGCGGAAGCGCACCGACCGCATCGAGAC
 CGACAGCCGGCTGCTGACGCTCGACAACGTGCCGAGGGCGCTCGCCAACCTTCGACACGCGCGGCTTCATCAAGCT
 GGTGGCGGAAGCTGGCTCAGGGCGGCTGATCGGCGTACAGGCGGTCGCGCCGGAAGCGGGCGAACTGATCCAGAC
 GGCCGCGCTGGCGATCCGCCACCGGATGACCGTGCAGGAGCTGGCCGACCGATTGTTCCCTACCTGACCATGGT
 CGAGGGACTGAAGCTCGCGGCGCAGACCTTCAACAAGGACGTGAAGCAACTGTCTGTTGCGCCGGATGA

>C86, 288 Basen

ATGAAGAACTCACCACCCTCACCACCCTCATCGCCCTGGCCGCGCTCTAAGCGCGCCCGCCTGGGCTGCCACC
 AAGACCGTACCCTGTTCGGTGGCCGGCATGACCTGCGCCGCTGCCCGATCACGGTCAAGACGGCTCTGTCCAAG
 GTCGCGGCGCTCGAGAAGGCCGAAGTCAGCTTCGAGAAGCGGGAGGCCGCTCGTACCTTCGACGAGGCCAAGACC
 AATGCCGACGCCTTGACCAAGGCCACCGCAAACGCGGGTTACCCGTCACGCTCAAGCAGTGA

>C87, 351 Basen

ATGTCGGAACCCAAGAACGGCTGCGGCGCACTGGCGACCGGCGGCGTTCGCGCCGCTCCTCGCCTCGGCCTGCTGC
 CTCGGCCCCCTTGTCTGGTTCGCGCTCGGCTTCTCTGGCGCGTGGATCGGCAACCTGACCGTGTGGAGCCGTAT
 CGGCCGATCTTCATCGGCGCAGCGCTCATCGCGCTGTTCTTCGCTGGCGCAGCATCTTCGACCGCCATGCC
 TGCAAGCCCGGCGACGTTTGCGCCGTGCCCCAAGTGCAGGACTGCCTACAAGGTGATCTTCTGGATCGTGGCCGCC
 CTGGTTCTGGTTGCCCTCGCGTTTCCCTACGTCCTGCCGCTGTTCTACTGA

>C88, 408 Basen

ATGGAGAACGCTCAAGAGAATCTGACCATCGGGGCTTCGCCAAGGCAGCCCGGGTCAACGTGGAGACGATCCGC
 TTCTATCAGCTCAAGGGCTTGTACCCCCAGCCGAGCGGCCCTACGGTTCGATCCGCCGCTACGGGCAGGCGGAC
 GTGGCGCGGTTGAAGTTTCGTGAAGTCAGCCAGCGCCTGGGATTAGCCTGGATGAAGTCGGCCAGCTCCTGAAA
 CTGGAGGACGGCACCCATTGCAGCGAGGCGGCCGAACTGGCTGCTCACCGGCTGGCCGATGTGCGCGCACGCATG
 GCGGACCTCACGCGGATGGAAGAGGCCCTGTGACGCTAGTGAGAGAGTGCAACGCGCACCATGGCAATGTTTCC
 TGCCCGTTGATCGCAGCTTTGCATTGCTGCTAA

>C89, 825 Basen

ATGGATCGTTCCTCATCAAATCCATGATGCCTTCGCTGGTTCGAGGCCATGTGCCCGCAACGTGCGGTCGTTTC
 AAGTACCGCGTGTTCGATGATCAGCCGCTGTCTCAACGCTGGGCTTCGCCATCGACCCCCAACCTTCGACGGC
 AAGGTGGTTCGCGCGACCGACGATGCCATCGTTCGTAAGCTCAAGCCTTCGAGTTCGCGGTGCTCGATCCCAGC
 CTGGTGACCACGGTTTCTGCCGAAGGCGCAAGGTGCATGTCCAACCTATGCCCGTTCGCTTCGACGGACTG
 CGCGCGGACACGCGGAGGTATCACCGAGGAGACTTCGGACGGCACGCGGTACACCATCACGAGGCACATCCTC
 GGCTCGGCGCCGCAAGCTGCCATTCCCACGCCGAGTGCATGGAGTTGGCCAGCTCATCGAGCAGTTGGAG
 GAGATGCCGCGCCCGATCGCTTCCGGCGCATCACCCACATGCTGGTGGATGCCGGTTCGCGGACTTCACCTGG
 GTCGATCCCACGCCCTCAAGATCATCGAGACCCCGCGCGATCAGCTTCACGGTTCGACCGCAAGTTTCGAG
 GGCCGGGTGACGATCCTCTACGACCGCGGCGGAGACACCTACGTGGTGAAGTGCACCGTTCAGAACGGTGAATCG

GTCGAACTGGTCGATCGGCACGACGAGGTGTATTTTCGACATGCTCGGGCAAGTGCTGGAGAGGCTCATCGACGAC
GGGCGCTGGCGCCAGATCGACGTGAGCATCCTCGACGCGAAAGCGGCCCGCAAGCGCCAGGCCGTCCCGGCATGA

>C90, 279 Basen

ATGTTCCCCGACCTCATCACACCCGCATCCGACTTCGAGCACCAACTCGGAGCCTGCGTCAACGCCATGAGCCAG
GAAGATGCCATCGGCCAGATCCTGGTATTCGAGCGCATGAGCGGCACGCTGCACATGCGCCATATCGCCAGCGCC
GACCTGGTGGACACCGACGTGGACGACTACGAAATGGTCGTCTTCGACGGTGGCAACACAAGCGGGCAGACGTGG
AAACACGTGTTCTTTCCGCGTCAGCGCGAGCACTACTTCGTGTACCAAGCCTGA

>C91, 738 Basen

ATGTCCCAGAATCCCAATCCCTTTCTACGCGGCTACTGGAATCTGAAAATCGTCCGCACGCTGTCCATCAGCTAC
GAGGACGGAAGCCCGCATGTTTTGGCGAAACATCCACCCGAGCCAGCAGCACCTCTGCGACGCGGCGCTGGTTTTCT
TCTCCTTGATCATCACCAGCGACTTCGCGGTGGTCAGGACTGGCACCGAACCTGTGCGGCCCGCACTGATCGCC
GAATGCGACGCGGCTGAAGGGGGCAGCGGCGAAGGCATGGTGGGTGCCGTGGTGTACGCGATCCACGGCGACGAC
TTCGACGGCCGCCCCGTCCACATTGGCGACACCTATTTCGGCCGAGGCCGCACGGAAAGTCGTGCAGCGGTTGAGC
TTCGAGACCGGCTACTACAGCCGGTGTGGGAAATCAGCAGCGCGCACATCAGCCGCGAAACCGGCCAGTACCTG
GCCAACCTGGCTGACCTCGCGACGCCGGAGGCCTTTTTGTTTCATCGCGTTCGGATTCCCTACAGCCCGCGCATC
GGCGTCAAGCTGATCTCCACGCCCTGGACGGACCAGCACCTGCAGGACGTCGAGGGGATCGCCGCCGAGCAGCTT
CGGCAGGAGCACCGCAGCAAGGGCATGCCGGACGAGCTGGCACAGATCCTTGAAGTGGCCGGCCAGGCCGACGTG
CGCATCCTCATCCTCGATGCCGACGCACCCGTGTTGCCGGCCCTATCGCTGGCCGGCGAATAG

>C92, 738 Basen

ATGCCATCGTCCGCAAGGGCTGGCTCCGTTTCATTCATCGAAAGGAGCCTTCATGGCCAACAACACTACTACGAAGCC
ACCGGCGTTCTCGTGCTCGACCGTGTGACGCCCCGTCATCCAGGCGCTGTTCCGGCGCCTTCGCGCTGGACGAGAGC
CACCCCGGCAACGGGCGAGGCCTACATCGCCAGATCGCCGAGACCACCAATCCGCAATGGCCGGACGTGCTCGAT
GGCCTGGAAGACCTGGCCACGCAACTCGGTATTCGATGCCCCGACGACGAAGGGCTGTCGATCCCGCCGCTGCTC
GAACTGCTCGCCGTGCACTTCCGTGCCGATGAGGACGAAGAGCTGGGGAACCTGATCGACCGTTCATTCGTTGAG
GACACCGCCGATCTCGACGCATTGTTTTCTGATCGCCACCCGGTTCGATGACGGGCACCACCTGACCGCCATCCAG
TTCGAGGGCTGCTGGTACTGCAGCAAGCCGCGGCTGTTTCGAGTTCGGCGGCAACGGCTGCTACCTGAGCCGCGAG
GTCCGCTTCATCAGCTCCTCCTCCAGGCCCTCCAGCTCGGGCAGCAATTCGCGCAAGACCATTGTGGCCGCCGAC
ATCGAAGAGGCTTCGGCCCTGATCGCGCTGGAGACCATCAATCTGCTGGCGGGCGTCAGCGACGAGCCATTCGCG
ATGAATTTGCGCCGGCGCGTTCGCCGAGCGATTGGCCCAAACGCCAACGATCAGCGTCACTGA

>C93, 393 Basen

ATGAACCAGCTTTTGGCCCCAGGAAGTCGTCGATCAGATCATGCGGGAAGAGCAGCATTTTCGCCGCCGCGCCCCAA
GCCTTCTTCGAGGTCTGGAAGCGCGGGCGTCGAGATCGCAGGCCCGCAATGGTTCGCGACGGCACGCGCAAGGC
CTGAACCAGGCAAAGAGCAAGTGGGATCTGCGTCCCAGCATGCTGCGTGCCAACGACGCACTCGGGCTCCTGAGC
AGCGGGGAACGCATGTTTCTGTCGCCATGTTTCAGCTTCTACAACGCGCGCGAGGGCGGTGCCATGCTCAAGCGC
TGCCACTTCCAAGGACTGTGCGACTTCGATGGTCTCGATCTGCAACGTCGCCAGGTGATCGCCGACCTGCTGCTG
AACTACAGCGGTTGGTGA

>C94, 414 Basen

GTGTCGCTGATTTCGTCAGCACCATGCCAGCAGCCAGAGTTTCCAGGCTGCCGCGGATTCCTTTCCGCGCTACCCGC
CAGTCCGCCATCGCATCGAGTCTGCGGACGCGCGTCACCCGTGACGCCGATGCTTTTTTCTCAACCGCTGCGGG
AGCTGCCATCCCGTGGAGGACGAGGCCCGCTTTTTTCCAAGGAGCCCGTCCATGTCCCAGCAAGCCTCTTTCGGC
CAGTTGGCCTTGATCCATTGCGGCAAGTTTCTGCGGCTCGAAATCCTGCATAGCGCCGCCGCGCCACTACATCGGC
ACGCGGATACAGAAGGTCCCGTTTTTCGGGGAATCCTGCCAGTACTTCCGCGACTATGCCGCGGCTCAACGTGCC
CTCGAAAGAGGGCGGCTGGTCCCAGCTCGCCACACCCTGA

>C95, 312 Basen

ATGCTGATGTACCCGTTTCGCTCGCCTGGCAAGTACAAGTAGTTCGTGCGGTTTTTCTGGCCGTGTCGGCCCGC
TTCGCTGGCCCTTTTGGCCCCAAACAAGCGCAATCATGCCTGCGTTACCACCAAAGTTCGCCCCCGCCAGTTGCTG
TTCCTAAAGGGCATCAAGCTCAACGCCATCGCCGACCGGCCAGCGTATTTTCGCATCGCTGCGTGCCCGTCGGGGC
CAGCCCATCGTCATCCTCGCAGAGCTGGGACCGGACGAGGCATTCGCCCTGTGGAAGCAGCATGTAAGGGCGAC
AGGCCTCGCTGA

>C96, 501 Basen

ATGGATGAACCATCTCTTCGCAAGACGCAGTGGTACTCACTCGCGATCGTTATATTCGCCGGCGATCAGGCAGCT
AAGAGCTACATTGACGCGACAACCTCCCTTGGGTGGTTCGACGAGGTGGCGTCATTCCTCAACCTAGTTACGCT
CTCAATCCCGGCGCGGCGTTTCAGCTTCTTGTGGCGCGGGCGGCTGGCAGCGGTGGTTTTTTCTGGCGATCGCG
TTCGCAATATCGGCATGGCTCGCATGGCTGCTCTCCCGCCGCTGCGCAAAACGGAAGGCCTTTCGTACAGCCTC
ATTCTGGGCGGCGCATTGGGCAACGCGTTCGACCGCGCCACGCGCGGGCACGTTATCGACTACATCGACTTTTCAC

CTGCACGGCTGGCACTGGCCCGCCTTCAACATCGCTGACATGGCCATCGTGGGCGGGGCGATCGCGCTGGTGGCC
CAGTCGTTTCATGAGCGTGGAGAACCCGGCCGCCACAAAGGAGTCCCAGTGA

>C97, 2913 Basen

ATGAACAAAGAACCTTCCAGCCCATGCGCCTGCTCCGGCGGCAATGGCCAACAGACGGCGTGCGCCAGTGAGCAG
GCCAGCACTGAAACCACCGTTTTCCACGTGAGCAACATGGATTGCCGCAATGAGGAAGCACTGGTGCGGCGAACC
CTGGAGGGCATGCCCAGGTGTCGAGCGGCTCCTGTTTCGATCTTCCGACGCGTTTGTGACCATTTTCGACCCGCGAA
GTCTCGGCCGATGCCTTGGAGCAAGCGCTGAATTCGGTGGGCATGAAGGCTCAGGCTGTCCGAGACGCCGCCGTG
TCGACCACCTACCGCATCGAGAACATGGACTGCCCGAGCGAGGAGAACTCATCCGCTCGCACCTCGGGGCGAGTC
GAGGGAATTCAGGACCTCGACTTCGACCTCGCTGAGCGCACCTGTTCGGTGAACACACCTCGCTCAGGCACGCGCG
CAGATGGAGCAGGTCCTGGCCTCGATCGGCATGCGCGCCAAGGAGCAGACCTTCGGCCACACGGGGCGGATCGAA
GCCGCGGCTGTGATCCCATCCTCGGCCCTGCAGCAGCAACCAACCGCTGCCGTTTTCCGCGCCGCCGATCGGCGAG
CGGGTGACGTACCGGATCGAGAACATGGATTGCCCGACGGAAGAAGCGCTGATCCGCGACCGGCTGGGCAAGCTG
CCGGGTGTGACCGCGCTCGACTTCAATCTGATGCAGCGTGTGCTGGGAGTCCAGCACACGCTGGCGACCTCAGCG
CCGATCGAGAAGGCGCTTGCTTCCATTGGAATGCAGGCTGCGCGGCAGGACATGCAGACAGCCACCACGGTACTT
CGCATCGGAAGATGGACTGTCCGACCGAGGAAAGTCTGATCCGCGCAAGCTGCAAGGCATGCCGGGCGTGCAG
GGAATGGATTTCAACCTGATGCAGCGCACGCTCACGGTTCCGCGCACACCCGACGCGATCAAGCCGGCAGTCGAA
GCCATCGAATCGCTGGGCATGGAAGCCGAGGTCAGAGGACTGATGAGCCGCGCGATGCCCGGTGGCCGCGCAC
AAGACCAATTGGTGGCCGATGGCGGTTTTCGGGCGTTGCGGCGGTGGCCGCCGAAGGCGTGTACTGGGTCAACGAC
GGCAATCATTGGGCCGTGATCGTGCTGGCACTGGTTTTTCGATCTTACCAGGCGGCCTCAGCACCTACAAGAAGGGC
TGGATCGCGCTGAAGAACCTCAACCTGAACATGAACGCCCTGATGGCCATCGCGGTACCAGGCGGCATGGCGATC
GGCCACTGGCCGGAGGCGCCATGGTCATGTTCTGTTTCGCGTTGGCGGAAGTATCGAGGCGAAGTTCGCTGGAC
CGCGCCCGCAACGCCATTCGGGGGCTGATGGACTTGGCGCCCGAGACCGCGACCGTGCAGGCGAGCCGATGGCTCA
TGGACAGAGCTGCCGGCAAGGAGGTCGAAAGGGCGCGGTGGTCCGCGTGCCTGGCGAGCGCATCGCACTG
GACGGCCTGATCACCTCGGGTCGATCGGCCATCAACCAGGCGCCATCACCGCGAGAGCCTGCCCGTCGAGAAG
GCCAAGGTGACCAAGTCTTCGCCGGAACCATGATGAGACCCGGCTCTTTCGAATACAAGGTGACCGCAGGCGCC
AGCGACTCGACGCTCGCGCATCATCCATGCCGTGGAGTCCGCGCAGGCGAGCCGTGCGCCACGCGAGCTTTC
GTCGACCAGTTTCGCCCGCGTCTACACGCGCGCGGTGTTTCGCGGTGTCCGTGCTGGTTGCCGTGCGCGCGCTC
GCCTTCCGCGCGCGCATGGTTTTGACTGGGTCTACAAGGCCCTGGTACTGCTGGTGATCGCCTGCCCTGCGCTCTG
GTCATCTCCACGCGGTCACCATCGTCAGCGGCTTGGCCGCTGCCGCCGACGCGGCATCCTGATCAAGGGTGGC
GTCTACCTGGAGGGCGGGCGCAAGCTCAAGGCGTTGGCCCTGGACAAGACCGGCACACTCACACATGGCAAGCCC
GAGCAGACCGACTTCGTGCCGCTGATCGGCGAGGCGCAGGAAGTTGCCGCTGGGCCGCAAGCCTCGCGGCACGC
TCGGACCATCCTGTGTCTCAGGCCATCGCCCGCAAGGCGAACCCTGACGGCATCGCGCTGCACGAGGTCGACGAC
TTCGCGGCGCTGCCTGGCCGCGGCGTGCAGCGCCGCGTCCGCGGGCGCATGTTGCACATGGGCAACCACAGGCTC
GCCAGGAGCTGGCCCTGAGCGAAGCGACGCTCCAGGCTCGGCTGGAGACCTGGAGCGCAAGGCAAGACAGCG
ATCCTGCTGATGGACGATGCACCGTGTCTCGGCATTTTTTCAGTGGCCGACACCGTGAAGGAAACCAGCCGTGAG
GCGGTGGCCGACCTGCAGGCGCTGGGTGTGCGCACGCTGATGCTGACGGGGGACAACCAGCACACGGCCGCGGCC
ATCGCTGCCAGGTCGGAATCTCTGAAGCCCGTGGTGACCAACTGCCCGAAGACAAGCTCAAGACCATCGAAAGC
CTGGTGGCGGCGAGGGCCAGGTGGGCATGGTGGGCGACGGCATCAACGATTCGCCCGCGCTCGCCCGTGCCGAC
ATCGGCTTCGCCATGGGCGCGGCGGACCGACACCGCGATCGAAACAGCCGACGTCGCCCTGATGGACGACGAC
CTGCGCAAGATCCCCGCTTCATCCGGCTGTGCGGTAGCACTGCGGCGATCCTCACGCAGAACATCGTTCTGGCC
CTTGGCATCAAGGCGGTGTTCTTGCCTGACGTTACAGGGCATGCCACCATGTGGATGGCTGTGTTTCGCTGAC
ATGGGGCAAGTCTTTTGGTTGTCTCAATGGGCTGCGCCTCCTGAAGTTCGAAGGCGGCATGA

>C98, 399 Basen

ATGATCGGATCGGTGAACCTGGGCAAGAAGGCAGATTGCTTGGTGCAGACCGTGCCTTTTTACGAGTCAGAAGGC
TTGCTGCCCGAGCCTGCACGTAGCGAGGGCAACTTCAGGCTCTATGACGAAGTCCATTTGACAGCGCTTGCTGTTC
ATCCGCCGCTGCCGGGCGAAGGACATGACGCTGGATGAGATCCGTCAACTGCTGAACTTACGGGATCGGCCAGAG
TTGGGCTGCGGCGAGGTGAACGCGCTGGTGCAGCTCATATCGCGCAAGTGCAGGACCAAGATGAAGGAATTGCGC
GCCTTGGAGCGCGAGTTAATGGATCTGCGACGCTCCTGCGATAGCGCCGAACCTCGCGCGAGTGCGGCATTTCT
AACAGCTTGGCCGAGCCCCGCTGA

>C99, 237 Basen

TTGGCCGTCGGCGCATGGCTCGGCTTCTTGGTTCGTGCATCTGGCCTTCCAGCACTCCAATCTGGGATACCGGGTC
GGGCCGTTGGGATTGTTGATCGGGGTGGCTGAAGCCCATCGCTGGCATCACAAGCGTGAGCACGAAGACGCCCAA
GTCAACTACGGCGATTTCTGGATGCCCGGGGGCCACTTGTTCAGCGCTTTCGGTGCAGAAAGCACACGCTGGGC
GCCAAAGAGTGA

>C100, 636 Basen

ATGGCTGAAAACCACAGAAATCACGAAAACGACGAGTTGGGCCGCTAGATGCGAGCGATGCGAAGGACCGAAAG
ATTCTTCTGACTGTGTTGCTGATCAACCTGACGCAGTCCGCCCGGCATTGCCCTTGGCATCTGGGCTGGCTCT
ACGGCGCTGATGGGCGCCGGGTTGGACAACCTCGCCGATGCGTCCGTCTATGCGGTTAGCCTGTATGCCGTCCGCT
CGTGCAGCAACGGTCAAGGTGGGCGCGGCCCGCTTGTGCGGTTTTCTTGCTAATCGGCCCTGGCCGCGCTGTGCTG

TTGGAAGTCTACGCCGCTTCGCTGGAGGGGAAGAGCCTGTCGGCCAGCCATGATGGCCATGGCCGCGCTGAAC
 GCGGCTTTGAACCTAGTGTGCCTCAGACTACTGCGCCGCCATCGCGGGGAAGATGTGAACTTCAAGGCGTCAGCG
 ATCTTTACCAGCAACGACTCCATCGTCAATGGTGCATTGTGCTGTCCGGGGTGTGGTGATGGGGTTCGGGTCG
 AACATCCCGGATCTGGTGCTGGGCGTCATCGTGGCCGCAATCGCAGCGAATGGGGGGCGGGAAATCCTGCGCGAA
 GCATCGGAAACAGCTCGCCGTAAGGCGGGCACATAA

>C101, 2031 Basen

GCCGGATTCTCGGCGCCACGCAGCGCGGTGAAGGCTGCCTCAACGGTTCCGGCGTCACGGTCACCTGGTGCATCG
 GCCATCTCGTGGAGGCGGCGCCCGCCGAGGCTACGACGAGCAGCTCAAACGATGGTCCGTGAGCAGTTGCCCA
 TCATTTCCCGAGCACTGGCGGGTTCGAGGTCAAACCGAAGACCGCCACGCAATTCAGGTGCTCAAGGCGCTCTTGG
 CGAAGGCGACTCACCTGGTTATCGCCACCGATGCCGACCGCGAGGGCGAATTGATCGCCCGGAGATCGTGGAGC
 TTTGCGGCTACCGCGGCCCCATCGAACGCTGTGGCTGTGCGGCGCTCAACGATGCGTCCATTTCGGGCGGCACTGG
 GCAAGCTGCGGCCTTCGGCCGAGACGCTTTTCGATGTACCACTCGGCGCTGGCGCGCTCCCGTTCGGGATTGGCTCG
 TGGGCATGAACCTGAGCCGGCTGTTACGGTGCTGGGGCGACAGGCGGGTTACGACGGCGTGTGTCGGTTCGGCC
 GCGTACAGACCCCGACGCTCAAGCTCGTTGTGGACCGCGACCGCGAGATCGCGCGCTTCGTGTCCGTACCATACT
 GGGCCATCGCCGTGTCCCTGTTTCGAGGCGGTTTCGACTTTTCGCCGCGCAATGGGTTCACCCGATGCGTGCACCG
 ACGACGAGGCGGCTGCCTGCGGCAGCCGGTTCGCACAGCAGACCATGCAGCAGATCCGCGCTGCGGGCAGTCCC
 ACGTCTGTGCGTGGAGACTGAGCGTGTCCGCGAAGGCCCGCGCTGCCGTTTCGACCTGGGCACCTTGCAGGAAG
 TGTGTTCCAAGCAGCTTGGGCTGGACGTGCAGGAAACCTTGGAGATTGCCCAAGCCCTGTACGAGACGCACAAGG
 CCACGACGTACCCCGCTCGGACTCCGGCTACCTGCCCGAGAGCATGTTTTGCCGAAGTGGCCACCGTTCTCGACA
 GCCTGCTCAAGACCGATCCCTCGCTGCGCTCGATCATGGGCCAGCTCGACCGCTCGCAGCGCTCGCGCGCCTGGA
 ACGATGGCAAGGTACGGCGCACCCACGGCATCATCCCGACGCTCGAACCAGGCGAAGCTCTCCGCCATGAGCGAGA
 AGGAACTGGCCGTGTACAGGCTCATCCGGTTCGATTACCTGGCGCAGTTCCCTCCCTCACCACGAGTTTCGACCGCA
 CTGTGGCCAAGTTTTTCGTGCGGGGGGCGAAGCTGGCGGCCACGGGCAAGCAGGTTGTTCATCCCGGGTTGGCGCC
 AGGTGCTCGCCGAGCCGACGGCCGAAGACCGTGTGATGGCGAGGGCGATACTGCGGTCCGCGCCAGGTGCTGCCCG
 CGCTCCGAAACTGTATGAGGGCCTGGCATGCCAGTGGCCGACGTCGATCTCAAGGCACTCAAGACGCTGCCCG
 CCAAACCGTACACGCAAGGCGAGTTGGTCAAGTCCATGAAAGGCGTCCCAAGCTGGTGTCCGATCCCGCCTGA
 AGCAGAAGCTCAAGGATACGGTTGGCATCGGCACCGAAGCGACGCGGGCCAACATCATCGCGCGCTGATCGCTC
 GCGGCTACCTCGTGAAGAAGGGGCGGCCATCCGCGCCTCGGATGCGGCTTTCACTTTGATCGATGCCGTGCCGTG
 CGGCGATTGCCGACCCTGGCACCACCGCCGTCTGGGAACAGGCGCTCGACATGATCGAGGCGGACAGCTCACCC
 TGGACGTGTTTCATCGGCAAGCAGGCGCGTGGATTTTCGAGTTGATTGCGCAGTACGGCAGCGCCTCCCTGTCCA
 TCAAGGTTCCCAAGGGCCGGCATGCCCGCAGTGCGGCGCACCCACGCGCCAGCGCAGCGGCAAGAGCGGCCCCGT
 TCTGGTCTGTCAGCCGCTACCCGGACTGCAAAGGCACGCTGCCAGTTCGAATCCGGCAGCTCCAAGCGCGGCGCT
 CGCGCCCGCGCCGTAGCGGCCGCAAAGGCTCCTGA

>C102, 441 Basen

CCCGAGTACCGCGAATTCCTCAATGGCAACGACGATCCTCGCCGGTTGCTCCGGCTGAACGTGTACTTCGACAAC
 CCCGTCCCCACCAAGGGCGGCGAGTTTCGAGGACCGCGGGCGGCTTCTGGGGCGCCGGTGGAACTCTGGCACCACGAC
 GCCGACCGCTGGCAGCAGCTCTACCAGAAGGGCATGCGGGTGTGGTTCGTCGGCCGATGGAGCGCGACCCCTGG
 ACGGACAACGAAGATCAGCCGCGTGAGACTTGGCAGGTCAACGCGCGCAGTGTGCGCATCCTGCCGTACCGCATC
 GAGTCTGTGGCCCTCAGCCCGAAGCCACAGGAGGCGAGCCGAAGCCCCAGGCCACCCAGGAATCGACGGCGCCG
 AAAGAGACCAAGCGCAGGAAGTGA

>C103, 528 Basen

ATGAGCAGCCGAACCGCGAACCAGCGCTACTTCCGTCGCTTGGAAACAGCCAGCCTTCATGCGGCTGGAACACGCG
 GCCTCTCTAAAAGGCCTTTTAAAGCCTTTTAAAGGTAAGGGGACTTCGAGGCTGGGCCAGCCAGTGCCTTCGCC
 ATGCGCGACGAGTTGATTGCCCTGGCGCAGCGACAGGTGCTGCCACAGGCGTGGGGCATCCCTTCCACCTGCTT
 CCCGTCGAGCTGGCCCAGCAGACCACTGGCGCAGGACGACCTTTCTTCGCTGGCGCAAGCAGATCGATCGGCC
 ATGGGCGTGGCGTTGTGGCAGGAGCTGATGGCGAGCCCCAGCACGCGGTTCAACCTGCTGCACGACCTGCACGAG
 ATCGAACTGCAGCGCTCATGCTGAACATGCAGATCAGCCTGCTGCACACCCTGGGCAGGCAAGCACAGGAATGC
 GCCAGCAAGGCCGCGCAGGCGGACAACACCTACCTGCGCCGGCTCGCGTCCGTTCTGCCGAGTGCAGGATCGG
 TGA

>C104, 792 Basen

ATGGCAACCAGCAACGAACCAATTGCAACTCAACCTCGGCTCCCTGCGCAGCGGATGTCGCTGACGCTGCACACC
 CACCACGCCTCGCGCATCTGGCATGGCCGCGCCGCGCCGAGGGGCGACCCGGCATCGTTCGGCTGAACGGCTAC
 ATCGCCGTGATGAACAAGATGAAGCGCGGCTCGGAGCAGGACGACCCGTACAGCGACTGGTGGATGTTGCGCATC
 GAGGAAAAGCTCGACCAGACCAGGACCACGTTGCAATCGCTGCGCGAGCAGGTTGACCAGGCACTGGCCGGCGTG
 CCTGCGGCGTTGAGCCTGGGTGAGAACCTCAACGTGCAGCCGGTGAAGCTCCCTTGTTCGTGAACGCGCAGCTC
 GGCTTTGCCCGCTCTATCTGCTGGCCGACTACGACGACATCGCCCGAAGCTGATCCTCGCCACCACACCGCG
 CTGATCGATCGCTCGACGTTGGAGCGCTGGCTCAACGAAGGTGCCACGCGCTGCGCAGCCTGTTTCAGCCTGGCC
 CAGCAATAACCGCTACTCGGGCTGCACCCGCGGACTTCGCGGCAAGAACGCCGAGCTCGGGCAGCATTGGAG
 AAGTTTCGGCGAAGTCCCGCAGGACGTGCTCGAAGGCATGCGCCGCTCGAAGTTTTCGCCCGCCCGTTCGTGCGCCGT

GGTCTGCAACAGCGTGGTGTATAGCGCTGCCGACGCCGCATCTCCCACCGACGAAGGCGCTGCCGCCGATTTCGGCC
GAGGCCAAGTCCACAGCCGCCGGCGAGGACGAACCGGCATGA

>C105, 1239 Basen

ATGGCCGTGGACGACACCGCCCCACGAGCCCAGCGCCCTGGCCCCATCGCACTCGCCGACCTGTTTCGACGCTGCG
CTGAAGGACCTCGCGCCCAAGTCCAGCTCTGGCGCTCCCGCTCCCTGCCTGCTCCAACGCCACGCTCCTACG
TCCGGCGACGCCTTCTGTTCAGTGGCAATCGGCACGAGAGCGTGCCGCGGGCTGTTCTCGACCGCCGCTG
ACACCGCTGGAGCGAACGCCTGGCAGGTGTTCCGATTGATGCTCAACGACGATGGCGTCACGGCATTTCACC
TATGACAGCTTGCGCCCTGGCTGGCGTCGATGCCCTGCGCAGGCCAGGCTCCCATGAGACCGTGGCGCGGGC
CTGACGCTGCTGCGCTGACGCGCTGGCTGAGCCTCGTGCAGACGACGGCGCGACCCCAAGACCGTTCGATCCTC
GGCAACCTCTACGTCCTGCACGACGAACCGCTGACGCCGTTTCGAGGCGATGCAACTCGACCGGACTACCTGGCC
CTGGTCAGCCAGTCGCTGGGGCATTTCGGCCAAGGCCGTCCAGGTGGTGGGACTCAACACCCTCCAGGAGATCGCG
GACGACCCGATGCTGTCCGGACGCACCTTGCCGTGCGGGCTGCAAGTGTGCTCGCCGAGCGCTGGCCGACCAGGGC
ATCACCGCCTCCGAAAGTTATCCACAGGAGGATGCGGTCCACGATTCCGAAGAAGGGCCCGGAGCCTTCTTCGG
AATGGCGATCGCCCATCTTCGGAATCCGAAGCAGGGCCGAAACCCGCGCCAGACGGCGCTCTTCGGAATTCGAAG
CAGGACCGTACAGTACGTAGTAGTGTATTGATGAAGTACGTACTACCGCGCAGGCGCGTGCCTGGGCGACCTG
CAATGGCCCAAGCGCTTCGCGGAACCTGAAGGCGGAACAGCAGGCCGAGCCAAGATGGCGTTGCAGCAGGTGGAC
GCTGCCCTGCGGCAGGCCGTGCTGGACGAATGGGCCGCACGGTGCGGCAAGCATGGCATCCGCAACCCCGCCGCT
TATCTGTTTCGGCATCATCCAGCGCGCCATGCGCGGCGAGTTCAATGCCTGGGCCAAGCAGACCGGCCCGGCACCG
CCAACACCATCGGGCGCGGAGCGCCACCAACCGAGCCGCCGCGCAACGTCGTGCCGCCCGAGGTGGCCCGGCACG
CACATCGAGCGCCTGCGCGATCTGCTGCGCAAATCCTGA

>C106, 561 Basen

ATGTCCACATCGCATCCGCTCAACCAGGCCGTGATTGCCAGGGCGTGTATGACCTTCGCAACGGCCAACTGCGC
CGCTGCAAGGCCATTGGGCTTCGGCGAGGCCGAGCTGGATGCGCTCAAGCACCCCGCGCTGATCAGCGTGTGGCC
AACCGCAGCTCTCGTGGTGTCTCGGTACGGTCAACCGCAAGCTGCAGCGCTGCTCAACCAGGCACAGGAC
TGGGAGAAGGAAATCGCCACGGTTCGATCGCATGCTGCGGCTGGGGCCAGCAGCGAGATGGTTCAGCCGCTTCTAT
GGCCTGACCCATCAGGAAGTCGCCCTGCGGCGGGAGATCCTCGGCCCTGCCAAGCGCAAGGGGCGCCACCCCGTC
CTGGACGAGACCCAGGACACCGAAGTGTGGCGGAATGGAAAGCCGTGACCAGCAGCAGGAACGTCGATCTGGAG
GACGAGACCTCGATTCTCGATGCGGCCATGGACCTGGCCGAGGGCATGTGCTGCCGCTCTCGGTGGTCTGGGCC
GCGATCAGGAAGTGGGTTCGATCAGGGATTGGGCTAG

>C107, 1680 Basen

ATGGCTGACATGACCTCGCAGGACATGGCAGGCAAGCTGCTCGCGGCCGGCTTCGAGCGCAGCGGCCAG
CGGCTACGGCCTTGAGCGACCCGATCGCGGACACGCCCATGGTTCGTGACGCTGGACCAGTTGCGGCCCTA
CGACCATGACCCGCGCATGAAGCGCAACCCGGCTTACGAGGAAATCAAGGCATCCATCCGCGAGCGCGGC
CTGGACGCGGGCGCCGGCCATCACGCGCAGGCCCGCGGAGGACACTACATCATCCGCAACGGCGGCAACA
CGCGACTGGCGATCCTGCGCGAAGTCTGGTTCGGAGACCAAGGAAGAAGCTTCTTCCGCATATCGTGCCT
GTTCCGACCATGGCCGGAGCGCGGTGAAATCGTTCGCGCTGACCGGGCATCTTGCCGAGAACGAACTGCGC
GGCGGCCTCACGTTTCATCGAGCGCGCGCTCGGCGTCGAGAAAGCACGGGAGTTCTACGAGCAGGAGAGCG
GCGCCGCCCTGAGCCAGTCGGAAGTGGCCCGCCGCTGGCGGCCGATGGCTTCCCGTCCAGCGGTTCGCA
CATCACCCGCATGGCCGACGCGGTGCGCTACCTGCTGCCCGCCATTCCACTGTGCTCTATGGCGGCCCTG
GGCGCCATCCAGTTCGAGCGGCTGTTCGGTACGTGCGCACGGCCTGCAACCGCACCTGGGAGCACTACGCCA
AGGACCGTTTCGTTCCGCTGGACTTCGACAGTTTCTTTTCAGGAGGTGCTGGCGCAGTTCGACAGCAGGG
CGACGAGTTTCGCGCCGAGCGCGTGCAGACGAGCTGATCGGCCAGATGTCGAGCTGCTGGGATTCGGC
TACGACGTGCTGGCGCTGGACCTGACCGAATCGGAAAGCCGCCACCGGGCGCTGGTTCAGTACCCGAGCGC
CACCTGCGGCGCAGCCGGCTTGCCTTTCGCCACCGCCGCGCACGCCGACTCCGCCGGGCGCAGCATCGTC
CATCGCCACGCTGCAGCGGCGGCCGCTCCTCCACCCGCCAGCCCTCCGGCGTCCGAGCCACCTTTCGCGC
CACGACGACACGGCGGTTGGCGAAGCGGCCACGGGAAGCCAGCCGGCCGACCGGGCGATCTGCTTCGCG
AGCACATCGTCTCGCCAGCACCGACGACAGAACGGCTCCAATCGATCCAGCGCATGGTTCGCCGACCAGTT
GGGCGATGCGCTGCCGCCGACTTCTCGGCGAGCGTGTGTCAGTCCATCCGGTGAAGCCGGCGGACTC
TATCCGATCTCCGACGTCTGGTACATCGACGCCGGCCTGGACACGCCCGATCGGCTGCGCATCCACATCG
CGCAGTTTCGCGCGCAGATCGCCGGGGAGGCGAGCCCTGGACGAGTGCATCGAGGATCGCGCCGATGGCAT
CGGGTTTTCGCTGCCGCGCCCGCGGCCAAGCCCCGTCGCCGCTCGGCCGCGCGGTGCTGACGCTGCTCACT
TCCCTGACGGGTTCAGCCCGTTCGCCGAAGCGGGCCTGGACGGCGCGCAGCTCGCCGCCGACCTGCCGACCC
TGTTGCACGGCCAGAGCCAAGGCCATGGCAGCGGCGCAAGGCGCTTTCGAGCGACACGGCGTTGGTCAAGCT
CTTTCGGCTGCTGCGCCTCGCCCGGCGTCTGCTGGACCTGGAAGCCGGCACACGGCGCCCGGGACGTTGA

>C108, 876 Basen

ATGCAGGTCGTGTCCATTTCAACGAAGGGCGGCGTCCGCAAGACCACGACGGCCGCCAACCTGGCGGGGCTC
GCCGCGGACGCGGCCCTGCGCGTGTGCTGCTCGATCTCGACGTGCAGCCACCTTGTCTCTACTACGAACTG
ACCCAGCGCGCGCCGGGCGGCATCTATGAGCTGTTGGCCTTCAACGAGCGCGACCTTGCCAGCTCGTGTCCCGC
ACGATCATCGCGGGCCTGGACCTGGTGTGTCGACGACACCGGGGCGAGCTGAACACGTTGTTGCTGCATGCG

CCGGATGGCCGCCTGCGGTTGCGGCATCTGCTGCCAGCACTTGCTCCCCCTCTACGACCTGGTGCTGATCGACACC
 CAGGGCGCGCTTCCGTGCTGCTGGAGATGGCGGTGCTCGCCTCCGATCTCGCGCTGTCGCCCGTCACGCCGGAG
 ATCCTCGCGGCACGCGAGCTGCGGGCGCGGCACCATGCAGTTGCTCGAAGACATTGCGCCGTACCCGGCACCTGGGC
 ATCGAACCGCCGCCGCTGCACTTGCTCATCAACCGCGTCCACCCGGTGTCCGCCAACGCACGGCTGATCCAGCAG
 GCCTTGCGCGACCTGTTCCAGGACAGCGCCGGCATCCGCGTGCTCGCCACCGACGTGCCGGCCATAGAAGCGTAT
 CCACGTGCCGCAACGCGCGGCCTGCCGGTGCATCGGGTTCGAGCACCGCCAGCCGCCCGGCAGAGTCGCCCTGCC
 GCGCTCGACACGATGCGCGCGCTCGCCAGCGAGTTGTTCCCGCAATGGCAGGACCGACTGGCTCAAGTATCCGGC
 CGCCCGCAGCGACCTCTTGATCTGGGAGGCCCATGGCGAACGCACATGA

>C109, 222 Basen

GTGACGCCATGTTCGACAGACCCCTGTACTCCCGCCGAACGAGCGCCGCATCTGCGGCTCGATGAAGTCGAAGCG
 AAGTCCGGCTTCAAACGCGCCACATCTACAACCTGATGAAGAAGCGCCAGTTCCCTCAGGCGCTGCGCCTGGGC
 GTGCGCGCTGTCGGCTGGGATTCGATCGAAATCGACCAGTGGATCGCCGAGCGCCTCAACCACCGGACCTGA

>C110, 747 Basen

ATGCACAAGGACATTTCAACATCAAAGGTGTTCTATCGTCCCATCGAGGGGCCATCCGATGGGCTGGGTTGCTG
 CGGTATCTCCCGATGATCCTGGCCACGATCGCGTACCAGCGTGTCTGCCTCGGTGCTGAACTGCCCTCGATGG
 AATGAGTGCCGGCTGCACTCGGAACGTATCTATGACGGCATCCTCAACGGAGAGCTGCCCTACGGCAAGAACGGG
 ATCACGCTCAATGATCCGAACCTGCTCAATTCTCTGGATCTGACTGTTCCGCATGTCGATCTAAAACGCTGGATG
 CGCACCCACTATCCCGAGCACCGGCCAGGATTTCTGTTTCAGCCGTGGCGAACGCATGGCGCATCCTTTTCATCACC
 ATGGAACAGGACAGGCGATCCTCGTGGAGCGGCTGGCCCTTCAGGCCGCGCTTGAACAAGCCCGACGTGAGATG
 CGAGAACTGCAGGAGCAGCACGACACGCTACTCAAGCAATCCTCGGTGCTGTTGGCATCCAAGCAATGCGAGATC
 AGCGAACGGGCGGAAACGACCTATCTCAACATCATTGGAGGGATGTTGACGCTGATGCTGAGCCAGTCGCCCTCA
 GCGTGCCTATTCCAGCTTCAAACGCGAGGAGGCCCTTGTCTCTGCATTGGTCGCCACTACGGCGGCACCATG
 GGCATCACTGAGCGCACCTTAAACGGAAAGTTCGCCAACGCTAAGAGGTACGTTTCGTAGCGCAAGCGCATGA

>C111, 501 Basen

ATGGCTGAACATTCCCATGAACATCAACATCACACATCCGGTTCAGATGGGTAAGCACGGCCGACCATACGCCAAG
 TTCTGGGTGAACATGGTGTGGGCCTCGTTCGTCATGTAATTCGTAATGTTTCAGCATGATCGACGGCCGCGCAGGGAC
 TTCAGAAACAATCTCAACATGCTCTACATGGCGGTCACTATGTGGGCGCAATGGGCATCTTCATGCTAGCGACA
 ATGCCCGGCATGTTTCCAAACCGGCGGCTCAATCTCGTTCGTCGACGGCTTGTTCGCGTCTCACACTCGGTTCT
 TTTGCCGCTACCCGTGCTCAAACCGGAATCGGCGATCGACAGTTCATCGCGTCTATGGTCCCGCACCATTCCGGGA
 GCGATCCTCATGTGCCGCGAGGCGCAGCTCTCAGATCCGGAACCTCGTCAACCTATGCCAAGCGATTTCCGATGGC
 CAGCGCGCGGAGATCGAGCAGATGAACCGGATTGCTGCACGCCTTCGTTGA

12.3.2 Plasmid pKLC102

Gesamtsequenz von pKLC102(aus Stamm C), 103532 bp

TGGTGGGTGCTGTAGGATTCGAACCTACGACCAATTGGTTAAAAGACAATTGGCCTAGGTCTCTCTAGGAAGGGTTTTAA
 AGCCCCGTACCGATTTAGCTGAGCAGCCTCTAATGACCCCATTAGAGGCTATCTCAATGAAAAGCGACTTCGGTTGTATCC
 ACCAAGGGTGGTGTAGGGAAGTCCACCACCGCCGCAACCTCGGTGCATTTTTCGCCGATGCTGGCCTGAAGACCCCTCCT
 CATCGACCTGGACCCCGTCCAGCCCTCCCTATCTTCGTAACGAGCTTCCCTGAAGTCGCCAGGGCGGCATCTACGACC
 TGCTCGCCGCAACATAAAGTACCCAGCGAGGATCATCTCCAGGACGATTATCCCAACCTGGACGTCGTGATTTCCAAC
 GACCAGAACAACCACTCAACAACCTACTGCTCCAGCGCCCGATGGCCGGCTCCGGCTGGCAAACCTCATGCCGTCCCT
 GAAACAGGGCTACGACCTGGTGTGATCGACACCCAAGGTGCGCGCTCCGCTTTACTAGAAATGGTCTGCTCGCATCGG
 ATCTGGTTGTTTTCCCCCTGCAGCCCAACATGCTCACTGCCCGCGAGTTCAACCGCGGCACCATGCAAATGCTCGATGGA
 CTGCGTCCCTACGAGCGCCTCGGCATGCGGATCCCTCGGTTTCAGATCGTCATCAACTGCCTGGACCAGACCAATGACTC
 CCGGGCGATTACGAGAATGTGCGTGCCATCTTCGATGAGCATCAGGACATTTCTGTGCTCGAAAACGACTGTCCCGGATG
 CCGTCTGTTTTCGCAACGCAGCATCGCGCGGGCTACCAGCGCACCGCTCGAAAACGCGCAACCTCCAATCGCACATCA
 GCGCCCGCGCTGGAAATCATCCGTAACCTGGCCATCGAGGTCTTTCCCGAGTGGACTGACCGCTTCCCTCGCGCTGACGCC
 GGAGGCGGTAGCAGCACTGGTCAAGGGAGGGCGCTGACATGGCGAAGCCTCCTATCACCCAAGCCCGCAGCTCGACGCG
 GAACTTGTGCTGCAACTGAACAAGTTCGGCAGCGCCCGACCTTCGGAGCCAACAGGCCAAGTTGACCGCGCTGCGCG
 AGAAATACGCAAGCTGACTGGTGGCGGTACCGACCTGTTCCGGGAAGCTGGGTTGCTACTTGAGCTTCGAGCAAAAGCAGC
 TCCTACAAGACGCTGCGCGCTTGTCTGACTCGGTGAACCAGCAGGTCGAGCATGCGAAGGAAAAGCGTGATCGCGACGAG
 AAACAGGCCAAGAAGCGGCGTGAGCTGCGCGGGCGCCTGGCCAAGCAACTGGTTCGACTCGAACTACCCGCTTCCGGGAAA
 TACGCTCGAAGAGCGGCTGGAAATCCTGCAGATCGCGTTGATCTACAACCGGGCCAAGGTGTTTCGATCCCTGTACTCCA

CGCACCAGCTCCACTCAAACCTCAAACGCTGGCTGGAGCGTCCCAAGCAGCTCATCGGGTGGCGCAGTGAAGCCGAGTAT
TTCGCAAGTCAGGTGGGGAGCCTGCGATGTGACTTCATTAGCCACCTGACTCACGAAATCGCCTACGACGATGGCAGTGA
AGTTCGAGGAGCGCCTGCGCGTCATCAAGCAGAAGACCGCACAGATCGCTCTGACCAGCGAGGAGCAGGAAACCCCTCAGC
TCTGGACAGACGCTCTGCAATCGGCTCCGGAGGGCTCATATGAACCTCCAGAACCACAACCTCATCCTGAGCCTGA
TCGCCGAGACCCAGTTCGACGCCTACGTGCAAGGCTACATGGCCAAAGCAGGCGCTGCCGCCGGTGGCTTCCGACAACTG
CTGGTCGAGGCTGAAGGTGCTGCGATACTGCAGGGCCTTGTGCTCCGGTTCGCGCTCAGCAGCGTGCCTGTGGACAGCC
ACTGCAGAACGCCCTGCTCCAAATCGCCACGACCTACTGTTGCAGACGAAGTCGCAACTGGCCATCGCGCCAATGCCA
GCTCGATCCACGTGATCCAGCGGGACATGAACAGGGCTATCTGGAATATCGCGACTGCCATCGATCACCTGGCCGAGTTC
GCCAACCCCTCCAGGACCCGTGAAGTTCATCGAGCGGCTGATGCTCTTCGTCGGCAGCTCGCCTAGCCCGGAAGGCCA
GCAACTGGCCGACAGGCAAGTGCAGTGTCTGGCATGAGCGAGGGGGCCCTGGCATGAAGCCTATGATTCAAGCCACCT
GGTCGAGCGCGACCAGTTCGGCTTCTGGACCCATCCGAACCTATCCGGACCTGGCCGACAACCTGCTCTCCAGCGAGGCGC
AGGAAACGCTGCGCCGGCTTGGACTGGAGTTGCAGAACGTCTTCATGGAGTCGGATGCGCCTCGCCTCTACGACTCTGCC
CGTTCGGACCAACGATACAGCGAGTGGATCCCAACGCGGCCCAAAGGCGCCGGTGGTTTCGTGCTGTGATCCACGATAC
CGATAACGCGCCGGTGTGTGTCAGTACGTGCGACCGCTCGGAGAGCACCTGAGTCCAATCGATCTCGATGCGGCAGCAGAAC
AGCATGAGCGCCTGCTCAGCGAGGCTTGTGCCAAGGCCTTGAATCAGCGTGACGTGCGCCTGGCCAGGGTCGCCCTCGCTT
GAGTCCAAGCTGGCCGAACCTGGAGAAGCAGGAACCCGTTGGTGTGATGCGCGCTCAAGCGAGATGGGGGTAGCGCCTTA
CGCGGATATCTGGCCTTGGCTGGAGCCTGGCCAAAAGCTCTACACCACCCAGTAGCCAGGCTCAGCACTGCGTGGTGC
TGGACGCTGAGAAGCTGATCGCACAAATCAAGGACTGTGCGTGCATGCCGGAGATCCCGAGCGAGCTGCAGCATTCAAC
GATGCAATCAGCGAGGTACACGCCATGCTCGCCGGCGCCCTTCCCAAGCTAAACCCAGCAGCGACGAAGAGCAGGGAGG
CAGGCCATGAGTGAAGCCAAGCTCAAGCCCTGTCCACTCTGCGGCAGCACGAACATTGCAATGCTGGAACCCGAGCTGCT
CGACACCGATGCCTGGAACCTGTGCCATTGAATGCCTGGACTGCCGGGTTTACATCGGGCCGTCTACTGCGAGCCAGACC
CGTTAACAGCAAGGTATTTCAGCACAGGTCGACTGGAACAGGCGCCCAAAGCGCAAAAAGCCCCGCGGACGAGCGTGAAGCAG
TTCTTGATGGCCAACTGCTCGCCGCCCTGGAGGTGCGACTGGGCAACGTAGCAGCCCTGGCTATTTGTCGACCGGGTACG
GCAGGTCGACAGCCGAATTTACCCAACTTCAAACCTCTCCCTGTTCCGACGGCCTGGCTCGATGTACAGGCCGAGCGCC
GGCGCCAGATCGCCGTGCAAGGCTTCGATACCAGAACGACGACGCTAGCGCTGGCCAGATCGCCCTGGCAGCCGGCTGC
TACGCGCTCCATGCCGGCGGCATCGGCACCCGATGCGCGGCGGCTTCCGAAATGGCTGCTGCACTGTTCTGGCCCTGGGA
CGAAGAGTGGTGAAGCCTAAGTTCGGCGCGCGAAAACCTGGTACGCGCCGGCGCTCTGTTGCTAGCCGAGATCGAGCGCC
TGGACCGCTCCGCCACCGAGCAGGGCTCAACCTGCTGCAAGGGGAGCGGTAATGGACAAGCAAAAAGTCTTGGCAAGG
TCGAGAAGCTGATGGCCCTGGCGAATGCCAAGGGGGCCACGCCGAACGAGGCGGAAACCGCATTTGCGCCAGGCGCGATC
CTGAAGCGCCAGTTCGACCTCAGCGAAGCGGAGATCTCGGCCACACGGTGGAAAACCGGTGCGTTCCCACTCGAACCAG
GCGCTCTCCTGCCCCATGGCTGCATGAACTGGCCGGGATCTGCGCCAATTCCTTCGGCTGCGACTACCTGGCGGCATACG
CGATGCCAGCGGGCTGGACGTTCAAGTTCATGGGCCGAGGGATCGGCCCTGAGCTAGCCGCTCACGCCACTCTACGCTC
CACCACCAACTGGTGGCGGCGCGCTCGGCTCATGTGCTCAACAGAAGCGCTGCAAGCTGTGACCAAGCGCCGTGCGAG
CAAGCTCTTCGTGCAAGGCTGGCTTCTCGCAGTGCCTTCGCTGGTACGTGACTTTGCCGGCAGGCGGACGAGTGCAGT
AAGCAGCCATCAAGGCCTACCTCGAACTACACCATCCGGAGCTGAAACTCCTGGAGCCGGCAGCGCCGACGAAGCCCTG
GCCTATGACCAGGCTTCGCTGCACGCAGGCTGGGAGCACGGCAAAAACACTCGCCTGCACCGCGGCGTACGCCGGCGAGT
TCAGGGCGCGCTCGAGCAGGGAGGGTCCCGATGACTCGCTCTGCTCTCTCGAACATCGCCTACGAGGCTCTGGTGCCTGC
CCGCCGCAATTCAGCAACCGAGAGGAGCGCTGCATCCGCGAAAACCTGGACCGCCGAACAGGAACTGGTGCTGCTGCGCC
TGTATCCGGATATGCCGAACGAGGTCTGGCAGCCAGGTTGAACAAAACGCTCCAGCAGATCTGCTCCAAAGCGTATCGG
CTCGGGCTGAAAAAAGCCCCGAGTTCCTCAAGAAGATCCGGCAGGACTGGGACAGCGCAACTCGGTTCAAGAAGGGGAAA
CACCCCATGGAACCTGCGGCATGAAGGGGCTTCCCGCGCGAGGACGCTCATCGGAAACGCAGTTCAAGAAGGGGCAAAAAC
CCCACACATGGCTCCCAGTCGGCAGCACGCGGGTCAGCGCTGATGGCTACCTGCAACGAAAAGATCTCGGATACCGGCTAT
CCCCCCGGGACTGGAAGAGCATCCACATCCTGCTCGGGAAGAACAACGCTCGGCCCATCCCAACCGGCCATTCGCTGTG
CTTCAAGGACAACAAGCAGAACGTCGTATCGACAACCTGGAACCTCATCACCCGGCCGACGATCGCCGGCAACT
CCATCCATCGCTATCCACCTGAGCTGAAGAGCGCAATCCGCGTTCATCAGCAAGCTCAAGCGCACCAATTCAGGAGTTCGAG
CATGAAAAACAAGATTGAGGATCTGCGTAATCACCTCTTTGCCACCATCGAAGGCTGCTGGACGAAGAGAACCCTCTGG
ATATCGAACCGCGGAAAGCGGTGGCTCATGTGGGTTTCGGTGCATCGAGTCCGCCAAGGTGGAGGTGAAAGCGCTGGAG
ATCATCGGCGCCCCGGGCGGAAGCACGTTTCATGCAGATCGGCCGGGAGGACTCGAAGTGAAGTGTCTGGAACCTCACGCCG
CCGCACTCCGTGAGGCGGAGCAAGGGGTACTCGGTGGCCTGATGCTGGACAACCGGCATGGGACATTTGTCGGCGATCA
CCTGCAGAAGGAGGACTTCTTCCGGCATGAACATCGGCTGATTTTACCGCCATCAGCGAGTTGGCCGCGAAGGACGCCC
CGTTTGACGTCGTGACGGTGTGCGAAGCGATCGAAGACCTTCCAGAAGCCGGCGGGCTGGCTACCTCGGCCAGCTCGCT
GACAACACGCCCTCCGTGGCCAATATCGAGGCTTACGCGCAGATCGTTTCGCGATCGGGCGCACCTGCGGCAGTTGATGTC
TCTCGGGCACCCTGCACCAGAACCCTCGAACCACCAGGCGAATCCCTGTGAGGTTTCAGGAGGAGATCGAGCAGAAGC
TGTTTCGCCCTCGGCCAAGATCAGCACAAAGTCCGACTTTGTGATATCAACAAGGGCCTCGCGAAGATCGTTCGACACCATC
GATTACCGCTTCAACAACAACGTGACGGTAACGGGGTCCCGACTGGCCTGAAGGATCTCGACGAGCTCACCGGCGGACT
ACAGAAATCGGATCTCATCATCGTTCGGTGGCCGCCCGCGATGGGCAAAAACGTCGTTTGGCCCTCAACTTGATCGACGCCG
CGCTGCAGAGCGAACAACAGAAGTCTGTCCAAGTTTACAGCATGGAAATGCCAGCAGAGCAGCTGCTGTTTCAGGCTGGCC
GCCCTGCTTGGCCATCTGGACCTTGGCAAGCTGATGAAAGGCCAACTGCAAGAGGAGGATTTGGCCCCGGCTGTCTGTGCG
GATCAAGCGCATAAACGGCTATGGCAGCCGCTGGTTCATCAACGACCAAGGGCAACCTCACGCCGACAGAGCTGCGCGCCA
AGTTTCGCCCGCGGGCCAGGAAGTACGGCACCCCGTACTGATCTTGGTCGACTACCTGCAGCTGATGCGCTGCCAGGC
CTGGAAAACCGAGCTCAACGATATCAGAGATCTCCCGCTCGTGAAGCGCTGGCCAAGGAGATGGACTGCCCCGCTCGT
GGCCCTATCCGACCTCAATCGCACCCCTGGAGAACCAGCGGCAACAAGCGACCGAACAACCGACACTGCGTGCAGCGCGC
CGATCGAGCAGGACCGGACGTGATCATGTTTCGTGTACCGCGACGAGGTTACCACCCCAACACCGAGGCCAAGGGCAT

GCCGAAATCATCATCGGCAAGTACCGCAACGGCCCGATCGGCACCGTCCGCGCCGCTTCATCGCCAACCAGACCCGCTT
CGCCGACCTTGCACCAACTTGGCAGGGAGCTCTTGCATGAGCCCCCTTCATTGAACTTCCGATCTCTCGCCGGCGGGAGCC
GGCAAGGAGTCTAGTCATGCGTGACCAGCAGCCCCGCTAACAAATCTCCTTTTCGATAGCGAGCGCCGAATGGATACAAGCCT
TGCAGAACTTCTGCCACCACGGACGAGTGTATGACGGGTCCACCCGCAATGCCTGGCTATTGGATGCCTGCCTACTTGT
CCCAACGCTGCCCTCATCCACGGTGTATCGAGTACGTTCTTAACAGCCGTGAGGACATAACCATACGGAGGGCTACGCCC
AAGCTGGGTAGCTCAGCGGCTCAAGCAGGAGGGATTGATTAGTACCCGGTGCGGGGCAGTCTTGCCTGGCAGGAGCAGC
GCTATCGCTTTTCCACGGTGGTCAGGATCGACCCCGAACAGATTTGGCCCCGATAAGCGCTCGAGACCCGAAGCATTGCTT
ACCGGACCACTAGATAGCCAGGAGCTTGGGGTAATTGAAATCCTGGCGCATCCGAACGCCAGACGTCGTAGTCCGTCCCC
GGTGCGCCAAGCAGCACTGGTTCGATCTTCGCTAGCCATACCTGCTAGCCCTTTCATCCCATTGCAAGTCCGCCAGCTC
TTCATGCAGTGTAGCCACCTATCCCGAATTGGCATATCCCGAATGGTTTCCAGTGCCAGGAGTAGCGACGCATGAGCG
CATACTCAATGGCGTCCATGCCCATAGCCTCCAGCCTTTGTACGTGCCAGTGAGTTACCAAGGGTACACAACACAAAG
ACTTGGCTTATCCATTGGGCTCTGGCCATCGTCATAGCCAATCCGTCCCCGTTTTTGTGAGTCAGGAACGCATGCCTGGAT
CTGGATAAGCATCTCGTCGTATCCAAAGCGGTATTGCTTTCGTATGCCGGACCTCCTGTGGTCTGGGTGGGTTTTGTTGG
CGACGCCAACCTTACCACCGGATGTGTCCGGCTCCCTTCTAGCAGCGACCGTCACGCCTTACAGCCTACCGGTCCTGCAA
CCTCATTTTTTCATCTCATCTTCCGCTGCCAGTTGCTGGCCCAAGCCGGCAAGGAGCCCATGCATGAACACCTCCCAGCAC
CTGGTACCCACCAGTGCATGAATTGTGGTCAGCACCACCATAACCACCTGGTGCGCCAGATTCTTCCCGCCGAGAACAC
CCCAGAAGGAGAAGCCGAGGTGTTGGTCTGCCCTGCTGCGGGAGCTACGACGTCCATCAGTTGGAGGCTGTCTTTGATG
AACACTGAAGCCCGCTTTCCGAGTATCCACGCCTCGGCCGCTTACCAGACTCGGCGGTGTTTCATGCCAATCACGTTGG
GGTCAACCCCATCGAGCTGGACGCCCTCAGCCAAGTGATCTCGCGCCTTTCGCGGGACGAGAGCACGGTCGCACCCAGTT
CGATGGAGCGAGAGCTTCGTGAGCTGGAGGAACTGGGGTACATCGAAATCTCGACCACCCAGGCCGGAACCTGGTGGTC
ACTACGCGCGCTCCGGGGCAACTGCTTTCCGGCCTACTTCTGGTCCGTATGGATCCCTCGCCACCTGTTTCAGTTGCTCGCT
GAAGGTGAGCTTGATGCCACACCTCTGCTGCGGCACTCAGGGCTCCCAGCACCTCACCGCGGTGTTCCGCATTGCAGGCA
GCAAGGACGCCGCACGTGAGTTCCTGCATCAGTTGGCCAACAATATCCCGGGCATGAGCCCCGAGTTGCCCGAACTGGTG
GCCGTTTCAGGTCCGTGATGCACTCAGCAAGGAGGCCGAATCATGAAGGCATCCAGACCTATCAGTGCATCGTCAAGTTC
AATGGCGCCGGCTTCTGGACCAATACCATTGAGAAGCAGCGTGCACCTGCACCTGGAGCGACAAGGTGGCAGCCTCCCG
CCTTGCCGAACCGGCTGTTTGGCGAGGACAACGCCTACATCCCGGCACAGGCGACCACGATAAGCGCA
TCCGAGCCGCTGGGAGCTGTGCTGTAGAAATCCCAAGGAGGTAGCGCGCATGGCTGACCTGCTTACCAGCCGCT
CGAGCACTTCCAGAAAGCGAGCTGATGCTCGAGCTCAAGTTGCGTGAAGGTCCCTTCGTGGATCTGTGAACTGCGGGT
ATCACCTGGATGGCAGCGGCGCACAGCCCTGCCCTGACTGCGGAAAGTTCGCGCTACTGGACCAGCGGTTGGAGTGTAGGT
CGTGGCCATCGCTTCTCGGCAGCAAGGGAAGAGTGGGAAAGCCGCTCAGGACACGGTTCGCGGGCACCTGTGCGGTCAAC
GGCACAGTAGCAACTGACGACGTATGCACTCAACTGCGCACAGAGGTCCGCATGCTGCGTTCGCGCATGACGACCTGG
CCTGCAGCCGGCAGAGCGATCGTCGCAGCCTTCCAGGCGTGGTGAACGCTCTCCTGCATGCCCGGCCACCGACAGCCTT
CCCCGCTCCTTGGCAGAGATGGAGACCTGGCTGCAGCTCAACAGTAGTGAGGAGACCACGGATGCGTAGTTTTCTTCCGG
GCGCCCCGGAAAGCGTCCGCCGGCTGGTGGCCTTTCGCTCAAGCCGAAGGCTGGAGCGTGCACCGCTCCGCCGGCGCCAC
TTGAAGCTCAGCAAGATCGGCTGCGCCTCGATCTTCATCTCTTCCACGCCAAGCGACGACGCGGCGAGCTCAATGCCCG
CGCCCTGCTCCGTGAGCCGACAGGCAGCGTTCCTGAACCAGGAGTCTTTCGTGATGCCTATCAAACACGCCATTGTCCA
CCTGATCGAGAAGAAGCCCGACGGCACCCCGGCCGCTGCTCCACGCGCGGACGCCGAAGTGGGCGACTCCAGGCCACCG
AAAACCTGCTGGCCGACCTCAACGAAAGCTACAACGCCAAGAACAAGGCTGGGGCTTCTTCTACGGCGAGTCCGGCGCC
TACCCGTTTCAGCGGCTGGCTCGGCGAGTACCTGGACGGCGCCCGGACTTCGTGCGGCTTCAGCCGCGAAGCGGTGGAGCA
CCTGCAGAAGCTGATGGAAGAATCCAACCTCTCCACCAGCGGCCACGTGCTGTTCCGCCACTACCAGCAGGGCATGACCG
ATTACCTGGCGATCGCCCTGCTGCACCACAGCGAAGGCGTGGCGGTGAACGAGTTCGCTGGAGGTCTCCCCGTGCGGGCAC
CTCGACTTCGGCCAACTGTACCTGGCCGCGCGGATCAACATCTCCGAGTGGCGTAACAACAAGCAGTGCATGCAGTACAT
CTCGTTTCATCAAGGGCAAGGGCGGGGAAGAAGGTCACCGACTACTTCCGATTTCATCGGCTGCCAGGAGGGCATCGACT
CACCGGGCGAAACCCCGCCCTGCTCAAGGCTTACAGCAGTCTCGTGAGAGCGAGGGCATGGCCGAGCAGCAGCCCGC
GAGAAAACCGAGACGCTGGTTCGACTACGCCACCTCGCAGGCGCGCATCGGCGAGCCGATGACCTCGACGCGCTCTCGGA
ACTGATGGACGAGCAGCAACCGCGGGGCTTCTACGACTACATCCGCAACAAGGGCTATGGCCTGTGCGCCGAAATCCCGG
CGGACAAGCGCACCTCAACCAGTTCCGCCGCTTACCAGGCCGCGCCGAAGGCTGTGATCAGCTTCGAGGGCGCACTTG
CTGGGATCCAGAATCGAGTACGACGAGGAGCGGACACGCTGCGGATCAGCAGTCTCCCCACTCAACTCCGCGACCCAGCT
CAAGCGGCGCAAGGCCCAAATTTGGAGAATGACCATGGCCCCGAGAAACCGAAGATAAGTTTCGTTGTCGGTATGCCCTTGGG
CTTGGCGGATCAGCTAAAGCAAAAAGCCGCGCATAACCACCGCTCGGCCAACAGCGAGATCGTCTACCAGGCTGGAGCGCA
GCAACGAGCTCGAAGAAGAAGTTCGCTCGAGCGAACCGAATGGTCGACGAGCTCTTCGCCAAGAACCAGGCTCTGCAGGCA
GAGCTAGCTGCGGCTAACACGCCTCAGGTGGCAGAGGCATGACAATGGCCAAGATCAACCCGCAAGATCTGAAAGACCGA
CTGCTTGGCCCTGGTTTTACCGCGCCGCGCCGTTCTTGAACAGTTGTGCGACCCGATCAGCGACACGCCCATGGTGTGAC
ACTCGACCAGGTCTCCCTGGCACGATAACCCCGGACCACTCGAAACCCGAAATACGATGAGTTGAAAGAATCGATCC
GGCATCGAGGCTCGATACGCCGCCACCCAGTGACTCGACGCCCTGGGGAAAGACAAAATACCGCATTCGCAACGGCGGCAAC
ACTCGCCTGGAAATTTCAACGAGCTCTACAAAGAAACCGGGCAGCAACGTTACTTCCGCTTCAACTGCCTGTTTCAGGCC
CTGGGACAAGCAGCGCGGGCGAAATCATCGCGCTGACCGGTCACTTGGCCGAAAACGATTTGAAGGGTGACCTCAAGTTCA
TTGAGCGAGCCGTGGGCATTTCAGAAAGCGAAGGCTTGTATGAGAAGGAGAAAGGCGAACCCTCGGCATCCGCGAGCTG
TCACGGAAGCTCACCGATGACGGCTATCCTGTTTACACTCACACATCAGCAGAATGCTGGATGCCGTTGAGATACTGCT
TCCAGCTACCTGTGATGCTGTATTTCAGGGCTCGGTAACCCGAAATCGAAAACTCCTGTCACTCAGAAAGTTCGGCAT
CCTCCTGCTGGGCACTTATACGCCGTTGAAGGATTGACTTTGAAATGCTTCCAGGACACGCTGGCAATCTTCGCAC
AGTAGCCCTGACGAGTTTCATATTCGACCGCTTCCAGGACGAGCTCATCGATCAGATGAAGCGCCCTGGGCTGCGTTA
TGACCAGATCCTGCTCGAGATCACCACGGCCAGCAGGAACAGCGCCGGGCACTCTGGTTCGACCTGCCCGCACCTGCCT

TACCACCTGAAATCCCACCAGTAGGGCAGGAAAGTCTGCCGCGTTCGACTACTGGACAAGCACAATCACAGAGCCCCGCT
 GCCGGCCTCCAAACGTCCAAGACCAATAGCCTCCCGGGTAATCCCTCTACCCCGCCAACCTCCGCGCTACCTGTACAACA
 GCAGCAACTGACCGATGAGGAGCGTGCAGCGCTCTTGGCAGGCCATATCGTGAGTCCGGTATCGACCAAGATCCAGCAGA
 CTCGCCAACGTCTGGCCGCTCTCGAGGGTGAACATCTACCTGTCTTCGAAGAAAACAGCTCTTCACGCAATCCCGGTGCAA
 GTCGGCGGCCTGCACCCGATTACCGACCTCTGGTACATCGAGCGGTTCGATCGATACCTCCGAAAATCCTGCGACAGCACAT
 CGCTGATCTGGCTGAAGAAAATCGCTCTGCACGTGGCGCCCCAGGCGAGATCGTCAGGATCCAGGGCGGTGTGGGTTACA
 CGTATCGCGAGCCCAATGAAGACCCTGAGATTACTGATTACAGCGCTGCACCTCATGACGCTGCTCAAGCGCTCAGCGGC
 CAGGTCCAAGTCGTCTGAACACACGACCCAGCAGACCTGCCGCGACGCCCTGGGCGAGTTCAATCTCAGCTGGCCT
 CGCTCAGTTGCTGCTGGGCCAACCCACCACAGGCAGATCAGCCATCCAGCCAGGCGAGGCGGTCTCAATGACGAAGCCCTGG
 TGAAACTGTTCCGGATAAATTCGTCTTGGCCGACGCTGGTTGACCTTGAGCTGCCCGCCGCCCTCCGAGCAAGCAGCT
 ACCGACCAGTGATTTTCGCACGATTTGGGGAGGGATCGACATGTGGAAGTCGTTGATCAATGAAGCGGTCTGACGCAGGT
 GATCAACCACCTGCGCAACGCGCCAGCTCAGGCGTTGTGCCGAGATGGGACTGCGGCCGGAGATCCTGGCCAGCTCCAAC
 AGCCCGCGCTCATGAGCATCCTGACCAATACCCCGGTTTCTTGGGTAGACGTGAGAGTGAACATCGACGTCATGGAGAAA
 ATCCTGGCCACAGCCGAGCGCAGCGCGCAGGAAGAGCTGCAGATCGAACGCGCACTGAAGCTGGGAGCCACCACAACGAT
 GATTCAGAGCTTTTTCGGTCTGTGCCGAGGACACCGCCACCAAGCGCTTGATCTTGAGATCCACCCGCGCCGCGGTC
 GCTGGCGGCAACTTGACGAACAGACCCGAACGCCAGATTTGGTTCCGCTGGGAGCACCTGATGCAAGAAAACCAGGTCCGC
 CTTGAGGACAGCATGGAGTTGCTGGACATCGCGATGATCCTCACCGAGGAAGTCAACGCCGAGTCAACAAAGACAGTCC
 AGAGTTCATCAGCCTCGCCATCGTTTTGGTCTCTCATCCAGAGCTGGTTGAAAGACAGCCTTACCAACCAAACAGGAAAG
 AACAGGCCAAGCCCGCCACCCTTTACCTGGCCAACGTCAGCGCTCACCTCCCTCGCTACGGTTCACCCGCCACAGAGC
 CCCCCTTGGAGATTGAGTCTGCGCAGCAGCAACTCCTCAACCTGGTTGAGTCCGAAGGCGATACGACACCATGACAATG
 AGGCTGTGCGCCTTTCCATTTTCGACTCTGCTGGACTCGGCCTCGGGACATCTCGAGGCCCACTTGTTTAAGAAGCGGCT
 TGATGCCGAGAGCGGCGAACCCTGGCTCAACAATATTCCGGCATCATTTTTCAGCGGTAACCCCGCATGAAACCGTTCCCTC
 GCGCCTGCTGCTGGATAAACGCCTCACCCCGCTGGAGCGGAACCTGCTGGCAAGTGTTCGCTTGTCTCATCAACGACGAC
 GGGCTGACCGCGTTCCTACATACGAGCAACTACGCCCTTATCTCGGCATGCAGCCGGGTAAGATCGCCTCGCGGAAAC
 CATCGCCAAGGCACTCAAGGTCTTTCGGTTGACACGCTGGCTCAGTCTCGGCCGTCGCTGCGCAACGACCTCAACGGGC
 AAGTACTGGCAACAGTCTACATCTCCACGCAACCGTATCCCGGCAAGGCCCTGGAGTGGACCCGAGTTCACATG
 CAGTTGCTGAGCAGTCCACCGGCAGCAGCAACCGGACATACCGGAAATCGGCCAGTACATGGCCGGGAGTTCAGGGA
 TGACCCGGACGTTGGTCGCCGCTCCCAACCCATCTGGAGAAGCTCGAGGGACGCTTGAACACCACGCAATGGGCTATTG
 ATAGTCAGCTCGAAGCGGATCCAGCGGCAGAGTTCGGCATCCGAACCTTGCCGATCTACCTCATTC AACCCCGAGTTTCG
 GATGCCGAACCTCAGTGAAATCAGCGGCAAGCAATGCGCTTTACCGCTGAGTTCGGATGCCGAACCCAGACAGAATCCGCC
 GAGTACGCCCTTGGTTCGGATGCCGAACCTCATATAGTACGTATACATACAAAACAAGATTCAGTATGTAAAAAGCCAGTAC
 AACCGCAACACGCGAGAAAGCACATCCGAACCTGGCAGGGCCTCTTGACGCACTGGAGGCCGAGCAACGGATCCAGGCG
 GTAAGCGCGCTCCGACGAGTGTCCGAGGATCTTCGGCTACCCATCATCGAGCAGTGGCAGCACCGATGTGCCGGCGGAAC
 CGTCGGTAATCCGTTCCGGCTACCTCATGACGCTCATCCAGCGTGCAGTCCAGGAAAAGTTCAACGCTTCTTGGGCTCCGG
 AAGAACCGGCTGAGCGAACCATCCAGCAGCGGAACGCCCATTCGTGCTCCAGCACCATCAAACCCACAACGCTTGAA
 CAGCCCCAAGTTCAACTGCGGGGTGATACCCGGACAGGGAGCGAGGTACTIONCAGCCGCTCAAGGACCTCATTCGGCCAG
 GCACGGATCGAGCGTGCATCCGAGCGGGGTGATGAGCCATGAGAAAAGTCTCGGTCGGGCGTCGTGTTTTTTGGTGATGC
 GGCCCGCATCACTCTGCCAGGTCTGACCTCGGCACCGGTGGCGAACTGGGTGTTTTCCAGTGAAAACACTCTGCCAAGGA
 TCGACCTCGGCGCCGCCGGCGAATTGGGTGGCTCCACTGGAACCACTTCACTAGGAACCAACCTCGGCGCCGGCGGCGAG
 CTGGGTGTTGCCACTGGCAACACTCCGCCAGGACCAGGCTCGGCGCCGTCGACGAGCTGGGTGGTGGCACTGGCACCAC
 TTCACCAGGATCCGGCCTCGGCGCCGGCGGCGAGTTGGGTGGTGGCACTGGCACCCTTACCAGGATCCAGCTCGGCG
 CCGTCGACGAGCTGGGTGGTGCCACTGGCACCACTTACCAGGATCCGGCCTCGGCGCCGGCGGCGAGTTGGGTGGTGCC
 ACTGGCACCACTTACCAGGATCCAGCTCGGCGCGCTGCAGCAGTGGGTGGTGCCACTGGCACCACTTACCAGGATC
 CGGCTCGGCGCCGGCGGCGAGTTGGGTGGTGCCACTGGCACCACTTACCAGGATCCAGCTCGGCGCCGTCGACGAGC
 TGGGTGGTGCCACTGGCACCACTTACCAGGATCCGGCCTCGGCGCCGTCGACGAGCTGGGTGGTGCCACTGGCACCACT
 TACCAGGATCCGGCCTCGGCGCCGGCGGCGAGCTGGGTGGTGCCACTGGCACCACTTACCAGGATCCGGCCTCGGCGC
 CGCCGACAAGCTGGGTGATTCCACTGGAATCACCCACCAGGGACCGACCCAGCGCCGGCGGCGAGCTGGGTGATTCCGG
 CCCGAACCACTTACCAGGGATCGACCTCGGCGCCGGCGCAAGCTGGGTGTTGCGGCCCGCAACACTCTGCCAGGTCTT
 GGCCTCGGCGCCGAGGGCTATCAACTTCTCCCTCCCAATAGGAACCGAAAAGATGTGCGACTCAATCGTGTATGCCCTA
 TGAGCAACTCGAATTCGAGCGGCTGCTAGGGCTGGCAACCTATTCAACGACAACGATGAATGGCCTATCGACTTTACG
 GAGCTGCAGGAACCTGAGCGAGCTGCTCGGCAAGCTCAAAAGTTGCGTGCAGCTAGCGATAGACAACGCCCTGAGGGGGC
 CAAGAGCTGAAGGAAGCCAACCTCCATGAGCCGCAAGCGGGATGATGATGAACCCGCACTGCCAGCGGAAATACCCAGC
 TGCGAACTATGTATTTCTACTGCGCGCTCCTACCCCGATCAGCACGATGTGGCCGTACCCTTCCCTATAAAGGAACACT
 GCACCATGGCTGAAACCCATCGGCTTCAGATCGGCTCTCTCCGACGATGTGCGCCTGACGCTTACACCTATCACGCC
 GCCCGCATCTGGACCGGCCGGCAGAAGTCGGATGCCAAGCACAGCATCCTCGGCCTCTCCGGCTTCTGCGCATACGTGAA
 TCGCATGCACCGCGGGGCGAGCACAGGACGATCCGTACTIONTGGTGGCTGGTTTCAGATCGAAGAGAAAAGTCGAGAGCT
 GCCAAGCCGCGCTCAAGGCCATCGACCAGCGCCTGGATGACGTCATGGCCAAGCTGCCAGCGACCTCGATATCTCCGAG
 AACTTGTCCGTCACACCGGTCAAGGTCCCGTTGTTTCATCTCCAACCTCTCGGCTTCAAGGCGGTCTATCTCTTGACCAA
 CTATGACGAGCTCGCTCGCCGAATCTGTGGCCAGCACGTCGGGCTGGTGGTTCGCGCGACATGGAGGTCTGGCTCG
 ACGAAGCGCGTGGGTGCTGCGCAGCCTTTTTGGTCTGGCCAGAGTACCAGTCTCGGCGCCACTCGCGACGACTTC
 GCCGAAACAACGCTCGCGCGGAAGCCGCGGAGAGTGTACGAGAAGTTCGGCGAGATCCCGCAGGACATCTTGGAAAG
 CCCCAGCGCTCGAACTTCGCTCCGCCGATCACCCGGGCGCTGACTGACGGTGATGCCGATGACGCTGACCCGTGTCG
 AGCTCGAGGACTGATCGGAATGCGGCAGCTCGATAAGGACCAGCAAGGCGCTCTGCAACAAAAGTGCCCTTCCGCCACTGC

AACAAACTGCCTTCCAGGCGCTGCAACACAGTGCCTCACTAAAAGGCCCTTTTAAAGCCTTTTAAAGGTAATAGGGAGCTG
GCCAGTTGGCGGAGCAGTGCGAAGCCTTGGAGCAGGGATTGCTTGAACCTTGCCAGGGACTGCTGGCCAGGTTTCGTGCG
CCCGCCCTTCACTCTTCTGCCACCCGACTCATCGAGCAGCGCACATCCGCCCGACAACCTTTCTTCGCTGGCAGCACA
TTGCAACGCGGCGGATGGGCGTGGGGTGTGGGCGGAAATGCTGCGCCAGGACAAGACCCCGGAATACCTGCTGCAAGAC
CTCTACGAGATGGAGCTGCAGCGCATCACCTCAACATGCAGATCAGCCTGATCCACTCCATCGGCAAGCAAGCCGCCGA
GTGTGCGGAAAAGATGGGCCAGGCCGAGGCCGAGCTCATGGGCCGACTGCAGCAGAGTCAGACCCGCCCGGTTCCGTGG
GCATGTAGCTGTACCGCTCTACACCTTTCGAAGCGATCACCAACGGAGAAAACAGCATGAGTAACGTCAGCAACCCAAGCGG
TAAGGCCGTATCCCACCTCGACCACCCAGCCCTCCACCGAGGTCAGCGTCGAGATCACCGGCGGCAAGCCACCACGACCA
GTCTCGACGTCGCAAGCATTTTTCGGAAGCAGCACAAAGGATGTACTCAAGAGCATTGCGAACCTGGAATGCTCACCTGAG
TTTACACAGCGCAATTTTTCGCGCGTGTACCCGCCCTGGCTCCAACAACAAACCGGAGCCGACTTCCGCATGACCCGAGA
CGGCTTACCTTCTCTGCATGGGATTACCCGGCAAGGAAGCCGCCCGGTGGAAGGAGGCCTACATCAACGCCCTTCAACA
AGATGGAACAGGCGCTCATCGAGCAACCCGAGATCCTCAGTCACAACCACCTGCTCCAGTTTCGCCATCAAGACGCTCGAC
CTGATGCGCGACCACACCCTCGGCGAGCCGGCTCGCCCCAGGACAGAAACAGGTGCTATGCAACTACCTGGCCGTCGAGTC
CTTGACGCGGCCACTCCCGAGCAGATCAAGCAGGCCCTGAACTTCTCCAGGGCCAGATCATCGGTGAAGGTGTGGCCG
CCAAGTCTTGGCCAGCGTGGCCGGCTCCTCCATCGCCAAGGACCTGCTCTACGGCTTGTGCGCTCCGCTCATGACGCG
GAGCTGCTGTTCAATTCCCTCTACGACAGTGGCGTCGAAAAGCTGGCCAGCGAAGTGTTCAGGAGCACATGGCCAACAC
CTTGGCTGCAACGTCCTCGGCAAAACCCGTAAGTGTCTCGGGTACGTGGCCAGCCGCGCCACTCGTCCCCCTTCAAACCAC
GCTCCACCCACTAACCCCTACTCAACTGACTGGAGATTATCATGCTACCCCCGTCTTCTGGGAAGGCAACATCGGCT
CGGCGCCGGAGCACCGCAGCTTCCCGAACGGCAACAATCCCCCGCGGCAGTTGCTGCGTCTCAACGTGATGTTTCGACAAC
TCGATTTCCCGATGGCCAGGGTGGCTACAAGGATCGCGGCGGCTTCTGGTGCAGTGTGAGTGGTGGCATCAGGATGCCCA
GCGTTTTCGCCGAAGTGTTCGCGAAAGGTATGCGCGTCAAGGTGGAAGGCAGGGCGATCATGGACCCTGGCCCGACAAAG
AGTCAGGGGAAGAAGTCCAGGCGCTGAAGGTGCAAGCCTCGCGCATTTCCATCCTTCCGCATCGCCTGGCCGAGGTCACC
CTGTTGCCGTCTACCAACGGCCAGTCGACACAACATCAGCAGTCTCGGCAGGTGCCGCCGAACCTGCTCAGCAGGATGC
GCACTCGCAGCAGGACTACGACAGCGCCTTCGACGACGACATCCCCATGTAGCAGGCGGCTTAATTTTTGGCCGCCCAT
CGTGAAGTGCAGGTTGGCAAGCACTACTCTTCGCCGCCCGCAGCCTTAAAAACACTCGAGCAACTGGATCAACCACAA
TGATCGAAATCGACTGAGGGAAGAAAGGCTTCGACTGGAAGCCGTGTGTCAAAGAAAGCGACCGATACCGACAAGTGT
GACAGACGACACTTCAACGATCCCCACCGGACTGTACGGGCTATTGGTGTCTGAGGCCGCGGAAAGGCTACGGGTGTT
CGACTGCCCTACAGTCATCCTGCGATGCGGGCGTCTGGTTGAAAGGGTTTTGCCAGGAGCAACAGCAGCTCGACT
TCTGAAAACAGGTTCCCTTTTTCCCTCGGTTCTTCCCGACGAGATCTGGCAGATGGACCTTTGCCCTACTTATTCGTCT
TCCAGGGGTTCCAACCTCCCCGTAGAGAGGGATCTCGTCCAAGTACATGTCTTCGGGACGGGCCAACCTCATAGGCGCGGAG
AATCTTCTGTGCCAGGGCAACTGCTTGATCCTTCGGAACAACATAACGTACCAAGTCGGGATAGTGGGACTTCTCGGGCC
AGATCGTTTTGCCTTTGCCTACTGTGAATTCGTGATCCTTTGTAGCCATGCTGGTTTCTCGTTACTGAGCAGCCGAAGT
GGGCTGCGGTCCAACCAGATACTCCCCGTACGAAGCCAGGACTGCTCAGCACCGTTGAATGATTTGAATTTCTTACCC
ACCTCGCCTGGTTGAGCAGCACCGGGCGCGGCTCGGAGACACCGTTCTCGAAGTACAAAACAGGCCATCGATCTCGGGC
ATCATTTTCTAAGTGTCTGAAAGTCGAGAACGCATCAACCTCATGGCAACTTCATTTTGTGCTGCAGCTTGGCGTGTGT
CGTTTTCGCTCATTGGCAAACCATCAGGCTGAGCCAGATCCGTCAGGCCACCTAACCGACTGATCTGCGCGTGAATATCTC
CGCACTCGATCTTCTCGCCGGCCTGTTAGACCTGATGAGCCATTCAAGCTGGGCAAGCTCTCGCTCTACAACGGTA
AGAAGCGCTTGTTCCTAATCTTATCCATGGTGTCCGTATCTTCTCGGTTACACGATTGGGACGACCCAGTCCCTAAC
TCTCAAGCCGGGTACGCGGTGCAACTCGCGGCGGTTATTGGTGAACACGATCAGGCCCTGAGAGCGGGCGTGCCCGGCAA
TCATCTGGTCATAGGGGCCGATTTGCTTGGCGAGGCGGGCCAGTTTACGCGGAGCTGGCCGGTGTGGGCGGACAGCTTCC
TGGTCTGACTTGGACACCTCCAGACGAGCAGCGAAGCCTTCCACGTCTGCAAGATTGCGCGAGGGGTTTCGAGGACTTCTC
TGCGCCGTAGATCAGCTCCATCAGCGTACCGGTGTGATGCACATCTGATCGTGGTGGCGCAGGAACGCCCTCGCGCACCT
CTTGGCGGGCGGTTTTGATGGTGAAGATGAAGATGTTGGTGTGAGCATGAACTTGAGCATCAGAAAGTCTCGCGCTCCT
GATCGGCAAGGCTTGTACGCTCTGCCATAAAGCTCGGCAAGTAAACGCCCTCGCCATCGAACAGCATCCCAAGACTCGCC
GCAGGCGTGATGATTCTGGCGCGCCCCACAACGACCACATCCACACGCTTAACGTCATCGGGAAGCCGACAGCTGCTTGGG
CAGTCTTACGGCCTGGCTACGATTGCTCTGAAAAACAGAACCCTTGTTCATGACACACCTCACGGGATATACCAAACGTA
TATCCCATAGTATCCACCTCTCGGGATATGTCAATGGGATATACAACAATGGCTTTATAACGCGACCTCGAAGGTCCGCC
GACAGGAGCAGCAACAGCAGCTCGACTTCTGATGACTTACCCCTCAGTTCTCTCGAAAACTGCAACAGCGCACCCGTCC
ATTTTCGATTGTTGGCCCGCTCTCTGACCGCGACAGTTTCGACCGACTGTTCCGAGAGACTCCGCCGATGCACCTTGTAA
CATTGAAGCCCCGGCAAGCTGAAAAAGCTGCGGTCCCTTCTCCCTCCATTCGTCCCGACGTGACCTGGCAGGTCGAAG
CGACTGCCGGACATATCAGAGACCTACCCGTTACAGGCCAGGATCCGCAGATGCTCACCGTCCGCGTGGGCCAGGATTT
AAACCGCACTACCAGATCCTCTCGGGCAAGGAAAAAACCGTCGCACGGCTGAAGGATCTGCAGCAGAAAGCTCTGGAGAT
CTACGTGCGATCCGACCCGGATCGCGAAGGCGAAAGCATTGGCTGGCACATCCTCCAGGCTGCCGGGATCAAGAACTACA
AGCGCGTTGCCTTCAAAGAGATCACCAAGTCATGCATCAGCGCCGAACTCAGCTCGCCGCGTCGCTGGACCTCCCGAAG
GTCGCTCGCAGGAATGCCGTGCGGTGCATCGATCGCCTGGTGGGGTATCTGGTACGCCAGAGTTGCGGCGCGTGTGGG
CAGGCCAACACCCGCCGGGCGCGTGCAGTCCGTGCTGTGTAACCTGGTGGTCTGCGAGAGCGGGAGATCCGCGCCCTTCA
CAGCAATCAAGCACTTCGGGGTGGAACTGACCTTCGTTTCGCAAGCGACGGCCGTACTTGGACGGCGGAATGGGATCCA
GTGCCCGTGTGTTGCCAGCAAGGAGTTCCCGTATGTCCAGGATCGTCAACTCGCAGAACTGGTGGGGGCTATACGCAATGT
CATCGTCGAGACCTGCATTGATGGCGAAGAAACCGTTACGCTCCGGCACCGTTCATCTCCTCCTCGCTCCAGATGGCCG
CCGGGAATCGCTGAAGTGGTCACCCGACAAGACGATGAAGGTCGCCAGCGGCTGTATGAGCAGGGGCTCATCACCTAC
CACCCGACGGACAACCCCAATATTTTCGAAGGACTCGATGCCCCGATCCGTTGCTGTCGAAGGCTTGGGCTTGAAGAG
CGTTGAGCAACAGCGGATGTTCAAGGCTGATCAGGACGCCCCAAGAAGGCCACCCCGCATCACCCACCGATTGGACGG
CCGCTACCGCCGGTGAACCTGCTGATGAGCAGGCGCTGTACCAGCTCATTTCGAGTCCGCGCGCTTGGCAGCCAGATCGAA

GCTGCCGTGTACGCCGTGAGAACCATCACCCCTCCTGGGCGTCGGCCCCGACAAGAAGCCACTGCGCTTACTGCCAAAGG
 GAAGCTGTTGAGCGTGCCTGGCTGGCGAAAAGTCTGCAGGGGGATGACGCCGAGGAGCAGAAGAACGAAACGCCCTCAA
 ACCCCACCCCGGGCGCTGGAGCCAGGCCAGATCCTGCAGGTCTACAGCGGGCAGGTCTGGAGAAGAAGACCACCCCTCCC
 AAGCGATTACCCGATGCCAGCCTGGTGGGCGAGATGAAGCGCCGCGGGATTGGTTCGGCCATCCTCCTACGCCCTCGATCGT
 GAAGAACATCATCGACAAAGGCCAGGTGCAGATAAAGGGGGCGAAGCCTGATCCCCGGCGAGCTGGGCGAGGCCACCATCG
 CGCTCCTGGAGCACAACTTACGCTTCCCTCAGCCTCGACTTACCCCGCAACCTCGAGGTAGCCCTGGACCGGATTGCCAAC
 AGCGAAGACACCTACATGAACGTGGTCCAGCAGTTCTACCAGCTCCTGCAGTCAGAGCTGCAGACGCTGCGCGCGCACC
 CAGCGCACAGGGCGACCCGCGAGCAAGCTCTACCGCCAGCGCTCCCACGGCGCCGGCTAGTGACTTCTCTGCGGCAAGT
 GCGGTCTGCCCTGGTCCACCCGCAAGAAAGCCGGCAAGGGCGGCTTCGACTTCTGGGGCTGCAGCGGCTACCCGACC
 GGCTGCAAGGTCAACTATCCACCAAGAACGGCCGACCTGACTTCGACAACCCCGCTGGGCTATAGGTAGTACTCGAGGT
 GCCATGGATACTCCGCTAATTGAGCAGGCCACATGTGTGCGCTGTGCCGTCTTTCAGGCAATCACTCTAGCTTCCACCCG
 TGGCCGCCGCCCGTACAGTTACTCACCTCGGCAAAAATGAAAGCTATCTAATCTCACCGAAAACCTGTATGGTGGTCTCTAC
 TGCTTGCCAGTTTAGCGTCCCCTTGATGTTTTCAGTCTGTTTCGATCCTCATCTCCTCGGTTTGTCTTCTCTGCAATC
 AGCTCTAGCCAGGCTTTGTACCTGCGCATTCTCAAATTTTGGAGATATACATCATGGCAACTCGCCAACTGGTACTGTT
 AAGTGGTTTAAACGAAGTTAAAGGTTTTCGGCTTTCATCACCCCGAAAAGCGGGCGCAGATGTTTTCTGTTCACTTCCGACAGAT
 CGAAGCTAGCGGTTACAAGTCCCTTGACGAAGGACAACGTGTAAGCTTCTTCGTACTGCAGGCGCCAAAGGCCCGCAGG
 CCGAGCAAGTGAAGCTCTGTAGGGCTGTTAGCGCGAAAACAATAAGCCCCGCAATGCGGGCTTATTGTTTCTACCTCAG
 AGCTATGCAGTTTACTGCTAGTCCACTTACCCGTCACTATCTCCGTCAGCAACCCGGCCTCATAAGGCAGAGAAAAAC
 ATCCCATCGGGGCTGAGCATTTTTCGGTGCATACACAAGACACCGACCGGCCACAGTGCTACTCGCTTACACAGGAGCAAG
 CGCGTGGCACCACCTCGATAGCACTTCCCCCGCCGGGCGCTACAGGATCAATCCCTGGCCCGCTACAGCGAGCGGCAGCT
 CGCCGTTGCCAACACCTGGGCAACGCATTTCTCCCTCGCAGGGACAGCTCGAACCAAGTTCATCCGTCACTACCTGCGCA
 GCACCTCTACGACCAGGTGCTGGTGCATCACCGTCGCTGCGGATAATGGTGTGCGTTACACCATCATGCGTGCAGGGCCA
 CTGCTCCAGGTATTCGACGGTCAACTAATCGGTGCGTGGGAGTGCAGGCTGCCCATCGTATCCCGGCAAGCACGCCGTC
 CCCAGCAGGGGCGTTGAAGCTGCTACAGCGCCTTCAAAGTTTCGACGACGCAGTTGCTGTACTCAGCTCATAACCAGAC
 GAGCGCACGACCTAGCCACACAGATGGCCAGGGACGATCTCGACTGCAACGTGCGCTCGTGTATCCGAGCCACAGCAAC
 AAGCTACTACGCAACAGGGCGCAGTTCTACTTGAAGCAGTCGGAGCGGTCTTGGCAACCTTCAGGCAAGTCTCGGA
 CCAAGACTGTGTTTCGCTATCCGCTCGGTTTCGGTTCGCTCTCGCCCCAGCTTACAACCTGGTGGTCAAGGCAACCAGG
 CGCGCCGGCTGCAGATGCTGAAGGCTCAGCCGGTCTTTCAGCCGCTACTGGTGGATTGCGAGGAGGAGTCTGGCCTCAC
 ACGACGACCAACGACAACGGCGAGAGCATCTGCCATTTCTTCTTCCCTTGGCCCTTTTTTCCCTGCTTGTGTCAGTGAACGACC
 GGCCGCCGCCGTGCCATGCGACTTGTACCTCGATATGGGCCGTATTTCTTGGGCAGGTGCGGGACGAAGGGATTTCCGGTCA
 TCAACTTTTTTCGCTGGCTATTTTCAGGGCCACGGGCTCGATTTCGATTTCTTAGTCACGTCAGTCCCGGCCGTGCGGGA
 GGAGCTCTCTTCCATCGCAAACGGGAAGGCCGATATTCGGGATGGCATACTCTCCTTATGGCAGCATCGCTAGGTAACCG
 GCGGCCGATCACTCGCGCTCAATGGACAGCATTCTATGCCGCTACAATGCGATCCCTTGGCAAGTTTACAACGCCAAGC
 CCGACTACAACCGTCTCTTCAACGGCTGCCCCGTCTGATTGGCAGGATCCGGCATGGCTTGCAATCACTGCACGGCTGAGA
 GATATCAAGGAGTTCTATAACCGCCCTCAACCAGGGGAACCTCACAGGTTGTTTCGGCAGGCGGTAGCGTCTGCAAGCGTA
 TCTGGGTCAATTGTACCTACCGACAGGCTGGCAACCTGGTGGACGACTACCACCAGGTCCAGAGGGAACCTGCGCGCCACAG
 TACAGAGCAGCCTGCCGATCTGGTGCACACCGACGAGTACACCACCTGGGAGGGAATGCTGCTGTCAGCTTATCGAT
 TGCCCAATGGCCTGGAGATCGTGCAGCTCCGCTGCCCTGCCGATCTCTATGCCGAACATATCGCGCTGGCCCATTTGCAT
 CGATAGCTACGACCAGGCCGCTACCGAGGAGACTGCCGACTGCTCTCAGTACGTGAGGCTGGCCGTCCACTGGCCTCTG
 CCGAATTGGAGCTTAGGCGTGAACATGGCGAGCCTCTAGGTAGGCCCTGGAATCCCAGCACCTTTCCACGGTGC AATTG
 CGCGAATTCGATAATGCCCCCGTGC CGGGCCGACTCCCCTGCTGGCAAGCATAACCGCTGGTTCATGGAACGGATTTCGCTC
 TGGAGCCATAGCGACGAACCTGAACTGGCCCGACATGACCGTCCACATGACGCGCTTCGCCGATGGTTCGTTGGAAGGCGG
 GCCTCGCCGAAGCCAGCGCAAGTGGCTGCTCACTCGGTTGGAAAACCGATGAGCCGTCCACGCCTGGTCAACCGTACCT
 CCGCAGCTCCTTTCAGCCTTCTGCAGCGGGCTACTTCTGCAGGCTACGACTTCGGCTTGAAGATCCCCTACATCGCAGGC
 AGCAACCGCGCGCTGCTGGAACGTCCGGCTTCTTCATCAGCGCCCCGGGAGCATCCGTTGCAACCGCTACTGGCCGGTCCC
 CAAGGGCAAGTTGCTGCCCGAAGTGGACTCGCTGTACAACCGACTCGCCGAGCTCGCTGGAGGCTCCACTCACAGTCTT
 GCGGGGACTTTCAGCGGCATGGTTCGAATCTGCACAGGCTCGCTTGCACGACAGGCTTACACTGTGGTGTGCTGCTGCGC
 ATCGCGCCGCTGGCCGAGGGCGGGCTTTGCTGTGAGGCGAGTTCCATCCCGGTGTGGTGGCGGTGGCTCGGCGGATGCG
 CGGGGTGTTTCTGCGCCCATCGAGCTCCTGGCGCATCGACGCCACACTGAGCTGCTCCGAGCAACCTGATCCTGGAGC
 TTGGCCTCGCCGAGGAACAATTCGAGATACTGGATAACCGTCCAGGAGCTGCTCAGCGACGGTAGCTTCGCGCCGGCGACC
 GAGCTGCCAGCATGAGCATCGCGGTCCACAGCAGGAACCGGCAGCGCCATCCCTGGAGGACGAGTACGCTTGTGACAT
 CTACCTCGCCGCGGTGCCAGAGATCGAGCGCACCGAGTACAGCTCGGCTGATATCGAGGCGGCGCTTTCAGGGCTACTCGC
 TACTGGCCACCAGCCTGCCGGCATCGCTCACTTGTGTCAGAGAACCAGCGCCCTGTTGGCCGACGACATGGGATTGGGC
 AAGACCCGCCAGGCGGTTCATCGCCGCTTCGATCCGAGCGGGCGGGCAGGCCAATTTCTGGTTCATCACCTGGCCACCCTGTT
 GATCAATTTGGCAGCGCGAAATCCAGGAGGTCTATCCCTCGGCCACCGTGGCCATCCAGCAGGACAACCCAGAGGGCGCAGT
 GGATCCTGGTCAACTACGAGCAGTTGAGCCCTTCGTCGCCAACGCTTTCGCGCTTTCGCCGTGATGGTTCATCGACGAGGCG
 CAGCGGATGAAGGAACCGACGGCGCAATGCACGCGGCACGGTTTTCGACATTTGCCGCCAAGTGGCGAACCGCTACCTGCT
 TACCGGCACGCCGGTGTCAACCGTGAACCGAGCTGCACACCCTGCTTTCGCTCTCAGGCCACCCATCGGACAACCTGC
 CGCTGAAAGAGTTCTGCGACCGTTTTTCGCCGCAACCCGGAGTTCCGCCAGAGTCTGCGGGCGGAGCTGGGTGACTGGATG
 CTGCCAGGCGCAAAAGATGTGCTGCCAGCCTCAAGGGCAAGCAGCGGAGTTGCTGAAGGTGGCCCTTCCACCGAGGA
 ACGCCAGCAATAACAGCTGCTGCTCTCGAGGACCGGCTTTCGCGACTCGGCGACTCGGCGGCTGCGGCGTTACCTGGAAA
 CGGTGAAGGTTTCGCGTGGCGATGGACCTGTTGAGCAGCTCGACGCCGAGGACAAGGTGATCTGTCTCGAGTTTCAAAG
 CCGACCGTGGCTGCGCTGAAGGAACTCTGCGAGCAGGCCGGGACCGGCTGCGTACGCTGGTGGCAATGACTCGCTCAC

CAAGCGGCAGAAAGCGATCGATCGCTTCCAGCAGGATCCCCACTGCCGGGTGTTTCATCTGCACCACGGCGGCCGCCGGGA
CGGGCAACAACCTCACTGCGGGCAACTACGTGTTTTTCTCGGCCTGCCCTGGACTCCCGGTGACGAGGAACAAGCCGAG
GATCGCGCGTACCGCAACGGCCAGCTCCGCATGGTTCGTGGTGAAGATCCCCCTTAGTCGAGGCCACGATCGACGAGCAGCT
GTGGCAACTGCTCAACGCGAAACGCCAGGTTGCCAGGACCTCATCGAGCCCCGAGCAGGTCGACGGAAACCGTGAACCTCG
TTGCTAAGACATTGATTTTCATAGAAGTTTTCCCACTGTGAGTCATAGCTAGGGCCCTGTATGCCACATGACTCCATAAG
GTTATGATATCAAACCCATTGGTGGAGAAATTTCTATATGTTGGGGGCGACAGGTAAGGAAAAATGGCAGAAACACAGA
TCGAATGGACCGACTCCACATGGAACCCCTGTAGCAGGATGCTCCATAATCAGTTCGGGCTGCAAGAATTGCTATGCTATG
GAAATGGCAAGAAGATTAGAGTCGATGGGGGTTGAGAAATACTCTGGCCTAACTCGACTCAAAGGTAACGTACAGTTTG
GAACGGTAAAATCACTGAAGACCATGATGCGCTCTCGATTCCTTATCGCTGGAGAAAAACCCAGGAAGATATTTGTTAAT
CAATGAGCGACCTCTTTCATGAGAAAGTTAGCGATGACTTTTCTCAAGGTTTGAATGTCATGAGAGAAACGCCGCAT
CATAACTACCAGATTCTGACCAAAAGACCAGAGCGAATGGCCGACATGCTCACCAAAATACATTAGAGAGGTACTTCCTAA
TGTGTGGCTAGGCACCAGCATAGAGGAGCAAGAACTGCCAGAGGGTCTTTTACCTAAAAGAACCCAGCCCAAATAA
GATTCATCTCTTTCGAGCCATTAATCGGAAGTGTGGCGAGATTGACCTTTCAGGCATCGACTGGGCCATTGTTGGAGGA
GAGAGCGGAAGCTTTCGAGGCCAATAAAAGAAGAGTGGATCGATGAGATCCATGAACAATGCATAGAATATGGAACAGC
TTTCTTCTTTAAGCAATGGGGCACTTGGGGGAAAGATAACATCCGACGTTGCAAGAAAAGCTAACGGTCGAGAGTACCAG
GCAGGACCTGGGATGAGATGCCGGTAAAAGTAGTCAGCATCGCTTAAAGAAAAGTTAGCCTGAGAGATAAGGAAAGTTATA
TGGAAGAAAAAATTTGACTGGGAGAATGGCGCAAAGCTTGAAGACCACTCAAGAAGAAAAGCATAAAATACTGCGAGAA
TACTTCTACCAATACATTATTACTCGCTGCCAACTTCCAAGCAAGAACGTTTTAGGTTAGCCATAATTGATGGCTTCTC
AGGCGCAGGTCGCTACATATGTGGGACGGCAGGCTCGCCTATTATTTTCATGGAGGAGCTCAATAAGGCCACGAAATATA
TCAATATTCAAAGAGCAGAGCAAGGCCTTCTCTAATTGAAATAGAGTGCTTTCTAATCTTAAACGACTCTGAGCCAATT
GCGGTAGAACTCCTAAAAGAAAACATCTACCCACTGCACGCAGAAATAAGAGACACTAACAGACAGCTACATATCAAGAC
TCATTATATGAGCAATTTTTTTGAGCAGGCATATTCTGAGATCCAAAGTCTTCTTCGTGCAGGCCGTTACAAAAGCACAA
TTTTCAACCTCGACCAGTGTGGGCACAGCCAGGTTCCGAACGAAACCCCTGGCCGATATAATACGCTCAAAACAACCCGCC
GAAATATTCTACACTTTTGAATCGAGACACTTCTTGCCTTTCTTCAAAAAACAATCCAAAACAACCTGCAACCCAGCT
ATCACATTTATCAATAAACGAATACGACATTGCTCAGCTTGACACCATCATGGATAAGAAAAGTTGGCTGGGAACTGCTG
AGAGATAGTTTTACTCAACTTTTAAAAAATGCGCACAATTTGAAGCCCTTCTCCATCAACACCCCAATGGTTGGAGG
TATTGGCTCATCCACTTAGCCAGCTTTTATAGAGCCAGACAAGTCTACAACAACATTTCTACATTAACAGTGGTCTCA
AGCTCATTACGGTAGGTCCGGACTGAATATGCTTGCACGACCCCAAGCGAAGAAGGCAAAATATATCTGTTTGACTCAT
CTGCTAGAGATGATGCAAAAATCCAATACTCGAAGACATTCCGAAACTTATTTCTCTGCTGTTGATGCTGTTGCGATT
GAGGACTTTTATAGTGGAATTTACAACCTCCACCCCGCCACAGTGACGACATAAAACATTGCTCTAATTGAAAACCCGTA
CATAGAGATAATAACTGAGAGCGGAGGAACCTCGTCGCAAAGCCTCTCAAATAAAAAATAGATGACACTGTTGACTTAAAA
ACCAAAGAAGTTTCTTCCCAATCTTCTTGAACAATACGAATAAGAAAAGACTAGGAGAACAGGCCCTCCGGGGCCACTCC
TCAAGTTCATGCCACTACGCTGCCACGTGGCAAAAACCTGCTTTCACGTTGATAGGATAAAAAATCCCCTAGCCCTCCGCC
AGTATTTCTGCTGAGGCATAGCGATTGGCCTGCCATTGTGTGCCCCATCATCAAAGGGGGCCTCAATGACCAGGCAGTT
GACCACTCTCAGCTGTGCT
GCCGCAATCCAGACCTGCTCTCACCGGACCTGTACCCGAATGGCGTACAACCCGAGAAGGAGCCCGTCTGCTGCTGCTGCT
CGCTACACCCTGGTCAGCACCCAGCCGGACGCTGGCCAGCGCGACCTGATGGCACAGATTATCGACGTGACCATCCCGTC
GAGCATGAACCCGAGTGTCAAGGACGCCATGCAGTACGTGATGAGCCGCTCGGGTTACTCGCTGTGCCCGGCAGAGGCCG
GTCATGTGAACATCCTCTACACCCGGCCGCTGCCGGCGGCTCAGTACAAGCTCGGCCCATGACCCCTGCGCAACACCCCTC
CAGGTCCTCTCCGGTCCAGCCTGGCAGGTTAAGGTGACGAAGTGGCGCGCAGGTCGCTTCTGCTGCTTCCGCCGGGCTA
TCAACTTCCCCCGGCGCCGAGGCCGAAACCCGGTCCAACAACCTGTTTGCAGAGCCCGCTGCCCAACTCCGGCGGCGGTTAG
CGCAATCCTCATCCACGGAAAAAGTCAGCACGCTGGAGTCGCCCCTGCTGGTTCGCTCGCTCGCTCGCTCGCTCGCTCGCT
ACAACCCAGCCAGCCGCGCAAGAGCCTGAATCCACCATGTGCTCCCTCCAGCAGCAGCCGCAAGGATGGCCACTC
CTTCTCTTCCAGCTTCCGACCCGATCAAGCCCTTGGCTTCCGCTGGAAGTCCACGCGCCCACTCCGCGCCACTCCGCGCCG
TGGCTTCCGCCCTCCGGTCAAGGTGCTCACGCCGCGGAGCCGAGCCGACAGTTGGCACAGTTGGCACAGTCTGCTCAGCCGAGACG
GGATCAACCCCTGCGCGACACCTTGAAGCCTGGGCCAAGCACGCACGCTGGACCGTCCGCTGGGAGCCGAGGATCTCAA
CTATCCGATCGAAGCTCCTCTGACCTTCCACGGCTCCTTTCGAGGACCGGATATCCGAAGTGTTCGCCGCTGTATGACGCTG
CCGAACGGTCTTCTGCTGTAACGCCAGCCGGCCGAGTCCCTGATCATCATCAAGGAGCGCAAGAAGTATGATGCGTGGCC
CCCTGAAGAACCTCTTGCCTTGCCTCCTGATCCCCGCGCTGGCCAGTTGCTCGGTACGCGGGTGAACGAGTCCGGCGGAT
CGTGTGCAAGCTACGGCAGATTCCGCGTCGACGATCGCAGCACAGATGCGCAACACCCGACCGGATCGCCGCGATACGGT
GGTTTTCTCCGACAAACCCCTGGGTGAGCACGAAGCCCTGAGCGTTTTCGCACACCTTGTCCAGTACTGCATCGTGACGT
GGCGCCCTGCAGATGCAGCGTCTGCTGCGAGGAGCCGCCCAGGAAGTCATCAACCAATGCCACCTGGCGGTGAGTATCACG
CCCGACGCGCTGAACCCGGCCGCTTTTGCCTGCAACCTCAGCAGCGCGCGAGCAACGCCCGCCACCCATCCAAGGCGG
CCAGGACATGGCCACCATGCTGTTTCTGCTCCTCGCTCGCCAACGGCATGTCCCTAGGTGCCGGCGGCGAGCATGGGGTCTGA
GCTTCCGGGTCTACGGCCCGCGGTGCTGTACAACATCAAATGGAACGGCAAGGTGACGCGGTTCTCTGATCTCATCGCC
GCCGCGCCGGCGGTGCTCTGGCGCTACAACCAACCGAGAAGCGAGTTCGAGTTCTACTACCTGGACACTCGGACCTTCCG
CATCTACGCCTTCGACGACGTCACACGGTGGACTCCACCGTGGCTTCCGGTATGACGACGGCCGCGGCATCAGCGGGG
ATGGCTCCGGATCCACTGGACAGAATGGCAGCTCCGGCATCAGCGGGGACTCCGGCAGCAAGCAGACCACCAGCTCCGAG
CTGAAGACCTCGATCCTCAGCGACATAGAGAACCAGCATCAACTCGATGCTGACGCCGAGCATGGGACGCATGTCGCTGTC
CGGTGCCACGGGACCCCTGACCGTCAACCGACCCAGAGGTCCTCAACCGCGTCCAGCAGCTGGTCAACCGGGAGAACG
AGAGCATCAACAAGCAGGTGCTGCTGAACGTCACAGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT
TGGAACCTGGTCTACAAGTCTGCTCAACAACAAGTGGGGCATCGGCTGAAGAACACCATTGCCGGGCATCGACCAAGGTG
GATCTCCGGCTCCGTGAGCATCCTGGATACCGCCAACAGCGCCTGGGCAGGATCCAAGGCCATGGTCCAGGCGCTGGCCC

AGCAGGGCCGCGTCTCGACCGTCCGCTCCCCGTCCGTGACCACGCTCAACCTCCAGTCGGCGCCGATCCAGATCGGCCG
TACGACAGCTACCTGGCCTCCAGCCAGATCTCCAACGTCGCCAGGTCGGCAGTACCACCTCGCTGATCCCGGGCGCCGT
GACCAGCGGCTACAACATGAGCCTGCTGCCGTTCTGTGATGGAAAGCGGGGAGATGCTGCTGAAGATCAACATCAACATGA
CCTCCCCGGCCGACGTTTCGAAATGCAGACCAGCGGAGACTCCAAAGCCCAGTTCCCGAGCTACGACATCCAGCTGTTTCGAC
CAGAAGGTACGCCTGCGCAGCGGGCAGACCTTGGTGCTCTCCGGCTTCGACCAGACCACCGAGGATACCAACAAGGTCGG
CACCGGCGACGCCGATTCTTCGGCCTTGGCGGGGGCTGACCCGCAATACCAAACCGCAGGTCATCGTGGTGCTGATCA
CCCCGTCGTGCTGGGCTGAACCATGGAGAAGCCTGACATCGGTAGCCGTCGGACCAGACGTCCTCGATCCTGAGCTACCAC
GGCAACAAGTTCGTGAGCGCCCTGTTCTGGCGGCCGCTATCCAGCCAGCGGCAGTACATGAAGGAAGCGCGCAAGCTGGG
CAAGGAAGAGCATCTGGACATCGTTGCCATCCCGATTCCGCCGACAGTCATCCAGGCCGCTTCGTTTCGAAGTCGCAAG
GCGCAGTCAAGGGCATGTACTCCCTGGCCTCGGCCTTTCAGGCCAGTTCGAAGCGCACTTCTGGCCTGCTGGAAGGTC
GACGAGGACCGCTACGCACTGGTCGCCACGCTCGATGGCGCGATCGTCCCCGGCCAGGACCTGGTCACCACCTTCGACGA
AGCCAGGGACCGGATCAGGAAGCTCTCTACGCGCGGCTGCTTCGAAACGCACAGGTCCTTCGTTCCCGAAGGGTTCGATT
TCCCCGTCAAGGACTTCGACATCGAGGAAGTCTCGCGCCGAAGCGCCTGCGGCGGACTACCGCCTCCGGCAACTCACC
TTCGGCTTGTCCGCCAGGGAGTGGACGGCAGTGGCCCTGCTCGGTTGCTTGGTAGGCGGGTCGTAACCGCTACTACCT
ATGGAATGCCCACCAGCAAGAGCTCGCCAGACAAGCCGCGCTCCTCGAGGAGCAGAGGCGCTCGCCGAGCTGGCCGAGA
AGAACGCCCAGGCCAAGCAGCCGCTGGACCTGGCGTCATTGCAGAAGCCTTGGACGCTCATGCTGACCTCGAGGACATG
CTACGCGCCTGTAGCAAGGCAACGGGGTACTGTGCTGTGATCCAGGGCTGGCTCTTCGAATCCAGCAAGTGCACGG
CAGGGTCTGGTGCACCTACCACCGTACCGGCAACAGCACGGCAGCCGACCTGACAGCGCCAGCCAGCACCTGTTTCG
CTGACCGCCCCGCTTTGTCATCGACAACGGCAACACCGCGGCCCTGAAGGTTGACCTGAAAGTCGCCATCGGTAGCGAT
GAGCCGCTGCAGCCAGCCGACGACGCGCTGCAGGCGCTCACCAGCCATCTGTACCGTCAGGGTGTGAGCCCAAGCTGTC
GATCAGCCAGGAGACAACCTCCGCCCTTCTGGCGCGGAAGCGGGCAGCGGAGCAGCAAGTGGTGTTCGCCCTCCTGGAAGA
AATTCACCTTCAGCGCCCAGACCAGGCTCCCGGCAGACCTGACCTTCCAGGGGCTGCCCGCCCGGGGTCCGCATCACC
AACCTCGAAACCACGCTCAAGGACAGCCAGTTGGACTGGACTGTACAGGAGAAAATCTATGCGAACTGAGCCGATCGGCA
TGGCCGTGGCCGTGCTCTTCTCCTCGCGTCCGGCCAGGCTGCGCCGGCACCGTTCGGCAACTGGCGGAGATCCAGGCC
CAGGCCATCCTCACCAGGGCCAAGGTGCGTCTGGCCACGGCGCAGCGGCAACTGGAGGGCAAAGGCCAAACCAGCCAGGT
CGTCAGCGCCAGGGGACAGCTTCGCCATCCCGGTCCCGCGCGGCGGACGATCAGCGCCGTTCCGCCGTTGG
TGCGGACCATCTACGGCGCCGGCAAGATGACTGCCACATTCTGTTCCCGGGCGGGTACGAGGTTGGACGCGCCAGC
GGCGCGGAGCTGCCGGCAACTACCAGCTGAGTTCGATCTCCCTGGACCAGGTCGTACTCACCAGCAAGGACGGCAACC
CGTACCCGTGGGCTTCTCCAGCGTTGCCCGACCCAAGCCGCTCCTCGGCCAAGGCGCTCCGTTCCGCCGGCGCTGC
CCGGGGCGGTACCGCAGCCGTTTCATCCAGTAGGTACCGCCATGACGAACTTCAAATTCGCCGCGCTTGTACAGCCCTCCA
TGGTGACCCAACTGCTCACCGCCGACGGTGGCGAGTGGGAGGTCTCGAAGTACCTGCAGGAGATCATGGCCCTGGCCGCC
GACGGCACGCTCTATCTATCGGAGAGCCACCAGAACGACATTCACGTTCTGTGTTTCATCGACCGTCTCGATCGCCGTGG
CTTCCGATACCGCTCAACCTCACCAGCTGCAGACATTCACCAGCTCTACCAGCGCCGTCGCCATGGACGGCCTGGTAG
ATAGCGATGGCCAGCGCGCCACCCAGATGCAGGAGCGCGTGGTCAAGATCATTGTAAGGCCACTGAGCTGCGCGCCAGT
GACGTGCATTTTCGTGAGTCCCGCCGGCACCGGCAGCAAGATCCGTTTCCGTGTCGACGGCTGCTGAAGACCGTCA
GCAGTACCGCAGCCAGGAAGTGCACGAACCTTTCGCAACCATCTACCAGTCCATGTGCGACGTTGGCCGAGCCGCTTTTCA
AGCCGCAACTGGACCAGGACGCGCGGATGAGCCAGGCTTCGTCGAGAAGCTGAACCTGTTTCGGCGCCGGATCGCGACC
CGCCCGCGCGCCGTTGGGTTCTGATGATCCTGCGGCTGCTCTACGACGATACCGGCTCGACAGCCTGGAGCAGCTCGG
CTACCTGCCCGAGCAGAACGCGCTGTTTCGATCGCATGATGCGCATGCCTTACGGCATCAACATCCTGTCCGGCCCCACC
GGTCAGGGAAGTCGATGACCTTGAAGGTACCATGGAAGGACTCGATAAGCTGCATGGCGGATCCAAGCATATCCTGACC
ATCGAGGACCCACCGGAATACCACATTCGCGGCGAAGGCATCAACCAGACCCACTGGTCTATGACGCCACTGACCAGA
CGCAGAACGCCAGGCTGGGCCGACGGCATCGCCAACGGCATGCGCCTGGATCCGGACTACATGATGATCGGCGAAGTGC
GCGACCTCTTCGCGCTGTGCGCCGCTTCCGTGGCGCATGACCCGGCACGGCTGTGGTTCGACCTGCACACCAACAGC
CGCATCGGATTTGTCAGCGCCTCAAGGACCTGGGCGCTGACTCCGGCTTGTGATCCCGCCCTGCTGACACCGCCCT
GATCAACCAGAGCCTGCTGCCAAAGCTCTGCCCCACTGCAAAGTGCAGCTTCCAAGACCACCAAGACCTGCGCGCCCG
ATCTGGTCAACGGGTCCAGCGCTTGACCGATGTTTTCCAGGTGTACGTCAAGGGGCTGGCTGCCAGGCTGCCGTGGC
TCCGGGGTCAACGGCCGCTCGATCGTCGCCGAGGTGGTGTGCCACCCTGGCCTTCATGCGTGTGTTTCGCCAAAGGCGG
CCCAGCCGAGGACGCAACTACTGGGTCAAGACCATGCAGGGCATCACCAGCACGCCACCGCCATCCGCCGCATCAACG
AGGGCATGTTTCGACCCGAGATGGTCGAGGATTTTATTGGCCACTCGACTTCGATGAGCATCTGCTCGACGACAGCTTC
TACTCGAGGAGCGTGTGATGGGGGCTTCTGGGAGCAGTTGAGTTTCGCTTCTACAGCAAGCAGTTTCGGCCGCAAG
GAACGCTGCAGTTCTACGAAAGCATGTCCACCCTGCTCGAAAACGGGGTCCCGTTGAAGGACGCTGTGGCAGAGGTGCA
TAAGATCTTCGCTCATGAGGGACAGCATCCGTTTTCATCCGGTGGCCATCGCCAGTCGGAAGCGCTGATGGGGCTGTCCA
ACGGCAAGCGTCTGGCCACCGCCATGGCGCTTACCTGCCCGCCAGGAACGAGCGCTGATCGAAGCCGGCGAGATGAGC
GGCAACCTGGTTTCAGGCCATGGGCGATGCCGCTCTCCCTGGTCGAGGCCCAGGCCAGGATCCGCGCCACCATCTGGCAGGC
GCTGCTCTACCCCTCGGCGCTGTCCGCCATGATGGTGTTCCTGCTGTGCATCGTGGCCTATCGCATGGTCCCCAGCCTGG
CCAGGCTTTCCGACCCAGTCACCTGGACCGGCCACTCGCCACGCTCAACGCCATTGCCAGCTTCGTCACAGGACCTGGT
ATCTACGTTTCTGGTCGCCGTCATCACCTCACGGTGGTGGTCATCGTCACCTTGCCGACCTACCGCTGGAAAGGCCGGT
CTGGCTGGACCGGACGCTGCCGCCCTGGTCCATCTACCGCATGCTCCAGGGCACCACCTTCTGCTGAACATGGCGGTCA
TGCTCAACGCCGGCATAACGCCCTTACGACAGCCTGGCCAGCATGATCAAGATCTCCCCGCCCTGGTGAAGCAGCGCTTG
GAAGTGCCTGCTACGCGCTGGGCTGGGCGAGAATCTGGGAGTGCCTTTCGAGCGCCGCTCACGATTTCCCCGACCG
ACAGGCCATCCAATACCTGTGCATCTCGCCAACCGGGGAGGCTTCTCCGAAGCGCTGGTCAAGTTTCAGCCCGCGCTGGC
AGGAGACCAGCCTCAAGCAGATCGAGCTGGCCCGGGCTGGTGAAGAAGTTCGCCCTGATCTTCATCGCGCGCTGATG
ATCCTGGTCTGCTCGGCGCCTACCAGGCACAGCAGCTCATCCAATCCATGAACCACTGAAACCTCACCAGGAGCGCTC

CATGAGCACTACGCAACGCACCTTCCCCTCCGACGCAGGGCGGTTTCGTTTCCATCGAGATGATCATCGTGCTGATCATCA
TCGCCATCGGGGTCGGCCTGGGCCTGGCCGACGCGGCTGGAATGTTTCAGTTTCGTCCAACGCCAACGAGGAACAGCGCAAC
ATCAGCGTCATTGCGGCCAACGCACGCGCCCTGAAGACCTCTTCGGGCTACGGCTCCAGCGGTACCAACCTGATCCCAG
CCTGATCGCAATCAACGGCGTGCCGAAGAACATGAGTGTCTCCTCCGGCGTGTCTACAACGTCTACGGCGGATCGGTCA
CTGTCTCGTCCACCGGCATGGGCTTCTCGATCACCACCAGCAAGTTGCCCCAGGACGCCTGTATCACGCTGGCCACCAAG
ATCGCGAAGAACACATTGCAACAGACCAAGATCAACAGCGGATCCGCGATCACTGGTGAAGTGACCACCGCAGCGGGC
CCAGGCCTGCAGCAGCGACAGCAACAGCATTACCTGGACCTACAGTTTCGTGAGTGTGAACCCGATCATCCAGGCTCAGTT
CGTCGACCTTTACCTCGGTGAAGGCTTCGCCGACGTGAAGGGCCTGGCCGGCGCCGGCGCGCCGAGTCGAGGTGCCTC
GCGAGTGGGAGTCGCACGCCAGGAACCTCCAGCTCTGCAGGCAACCGTGGAGGAGCTGCAGGATCCTGAGTTTCGCC
ATCGTCGTGCAGCGGCTTCTGTCTCGCGTCACCCTCCTCGAGGACGCGTTTCAGTGGCAGCGTATTCGTGCGCCGGTC
GACCGCCCAATTGCGGGAGTTCCAAGAGATCGGCTATCCGAGCGAAGTGGTTTCCGCGCTGATGGATCCGCGAGCTGCAGG
GCCTGGTCTGTCTGCGGCGAGATGGCGACAGGCAAGACCAGCTCCGCCGCTCTCTGCTCCTGGCCCGCTGCAGGAG
CTGGGCGGGTGGGCTGCGCCGTCGAGGACCCGACGAAACCAACCTCAGCGGTCAACATGGGCTCGGCCGCTGCATCCA
GGTCAGAACCTCACGGCGCTCAGGCGGATACAGCGAGGCTCTGCTGCGCACGCTGCGGGCCGGCGCCGACCTGGTGTGA
TTGGCGAGATCCGCGACGAGGACACCGCCTACCAGGCCTGCAAGGCCTCTCTGACCGGCAGCCTGGTGATCGCCACCATT
CACGCGAAAAGCTGTTCATCAGGCGATCGAGCGCCTGGTGACGCTCGCCAGCCACTGGCGAGAAAACGCCTACGACGTGGT
TGCCGAAGGCATCCAAGCGGTGATCTGCCAAGCGCTGGAGAGCGATGGTTCTTCGCGCCGCTGACCGCCGAGCCACTGC
TGTTACCGGGCAGCAGCGGCCCGTCCATGCGCGACAAGATCCGCCGAAAGGAGGCTCATCTCTGCAGGACGACCAAGCT
CGCCAGTCCCAGCAAGCCTGTGGAGATAACACCATGAGGAATAAGCGCAGCAGTGGATTTCATCTCGATCGAACTGATGA
TCGCCCTGGTTCGTGATCGCCATCGCGACCGCCGGCGGCATATCGGTCTGATGAGCTACCTGGACGGCCTGGACGAGCAG
CACGCGGCCAGCAGCAACAGCAGGTGGCCAAGGCAGCGGAGAAAGTACCTGAAGGACAACCTTCAGCACGGTTCTGGCCAG
CGCCGGCGCCACGGCCCGGGCGGTGATCACCGTCCCAGTGTTCGCGCAACACCCGTTACCTGCCCGCAGGCTTCCGCGACA
CCAACATCTACGGCCAGCAATACCAGGTAAGTGGCCCGCAAGCCGGCGGCAACACAGCTCGAAAACGCTGATCGTGACCACG
GGTGGACAGGTAGCTTCCGAACCTCTCGATCCGCCGGATCGCGCAGCTCATGGGAGCCACCGGGGGCTACATCTCGAAAAC
CAACACCAGTATCGCCAGGGCGCCGCTGGCAGGTGGCCTTTCGCAATTTTCGGTAGCGCTCCCGCGCTGGACACCTGG
CGACGGCGCTGTTCTTCAGGACGGCGCCATTGCCAACAGTACCTCACCAGCAATGCCGTTCCCGGCTCATCCCGAACCTC
AACCGGATGAATACCACCTGGACATGGGAGGCAACAATATCGCCCGCGCCGGCGCATACGCGAGCGGCAACATCAC
CACCAGCGCGACATCAGCGCGCGCAACGTGACAGCCACTGGCACGGTGAAGCCGGCACTGCTGACGTGCGCGCGGAGAG
CGTACACCGGAGGCTGGTTTCAGGACCCGTTGGTGACACGGGCTGGTACAACGAGAAGTGGGGCGGCGGCTGGTACATGAGC
GACAGCACCTGGGTGCGCTCCTGGATGAACAAGAAGCTCTACACCGCGGCGAGATGAAGGGCGGCAAACTCACCGCCGA
GGGCGGACGGAAGTCGGCGAATACCTGCAGCTCAAAGGCGTGGCCACCGAAGGGGGCCGACTGCTCGCCGAAACGGGCTCG
CCGGCATTACCAGCACCGGACTCTGGTTGTCTGCCAGAACGAAAGTGGGGCGAACCGCCGCTCCATGCGCATGAAT
ACCACTGCGGGCGTGATCAAGGACTGGTGTACGTTGCACGGCCAGGACAGCGGCATGATGTACTACGACTATGTCCGCTA
CGCGATCACCTGCGGGCGCCGATTCTGCGCGGTGGGCTTCAACCAGACCTTTGGACCAACTACTCGTTTCGGCTGATCA
CCGAGATCGGCCCCGGGCTTCAACTATCCGGAGCCCTACAAGACCCCCGACTCGACCAACGTCACCGTTACCTGCGTGAAC
TAGCAGGTGCGCCAGACTCAAGGACTGCCGTATGCCGCTGATGTGGATCGTCTGGTGCTCGCGCTGATCACCGGGACCT
GGCTGAGTGTACAAAGCAACCACGCGACCTCGAGCGCCGAGCTGGCCGAGGTCGACACCCTGGCCAGGAGCTTGCTGCTC
TACCCTCCAGGCTGGCGGAGTACGCACACGCCAACCCCGGTTTCAGCGGTTTCGCCGGCGGACTCCGCTCTTGGTCTACC
GGCCTGGTTCCGCAAGCCAGTGCAGGCTTTCAGGGCTACATCGCCGCGGCGACACAGCTACGCCTTCATCGCCTCGCCGCGG
CAGGGCTGGCGGCGGCGGTGGATAACGGTACGGAATCCGACCTGGTTGGCGTCAGGCGCAACGGCCAGTTAGTCACGCGC
CGCCTCGGAGCCACTGCCATTGCGCTCCCTGCGCCCATCCCCGAGGGCGCGGTGGTTCGCGGTCAAATGACCTCCACAGGC
CAGTAGACCCCGGCGAGCTTGATAAACCGGCCTTCTGAACACATAATGCCATCAACTTTGATTTACCCCGCTGGCTAC
TGACGGTCATCAGTAGCGCCCTGGTGTGATGACGTTTCGCTCATTACCAAACCGTAAGCACGCTACAACACCGGGTGGGGC
GTGCGGATCGTGTAGGATTCTCCCTGTGTCTCCCTGTTCTTTGCTTCCATGCCATGCGAGCCGCTCAACTCGTGTGAGCGAG
TTTTAAAGGCACATAGGGTTCTCAAGAGGTTTCGGTGTTCCTCGATTTAAAGGGTTCGACTGGTGTACGGCCCTCCCTTTT
CCCCCTCCATGGGTAGCCTGATGCTCCTGCTCCAGGACCATCAGGCTACCCATCGGGATCCTTCTCCCTGCGGTTGGCC
CGCCGGTGATACGCAGGGCTCCCTTTGTACGCGGATGCGTGCTACTGTTTGGTGGCCAAAGCCAGATAATGGCCGGGTG
ATGGGATCGAGACGATCAATGCCAGGGATCGACGATTCAACCACAGGTGGCTCACTTGACTCCCTTCCAGACACGGCT
GGGAAACCTTTGACAGGGTTTCTACCAGCCGCGCTCTTCGCCCTCGCTCTCCGCCGCTGCATCCTGCATCCGCTCCC
CCCTCCTGCTTGACCTTGACACTTTCCGCCCCGCTTCGATGATGAGCGCGTGTCTGCTGACGTTGTCAGCGACATGCC
CCATGCAGCTCGGATCCGAAGTGTGTCAGCACAGCCACCGTGTGATCCAACCAAGACCGTATAGCTTCTGGTAGCAC
GGTGGTGGCCTCGGTGATAGAAGCTCCCTTCCGCAACCCAGCGGGGAATCCACTTCCCCGCCAGGGCCAGTGTTCCTC
TCCGACCCCTCAACCTGCAGGAGAAACACCATGTCCAAGCAATCCACCAGCTTCGAAATCGGCTTTGCCCCGCGCAGTGT
TGTGCGTGAGTTCCGCGAGAGCGCTCAGTCGCCCTCCGGTCTGATGCAAGCACAAGCACCAGTTCGCTGAGCGTCCAGC
GTATCGAGCCCGCATGCTTGTGGCCCCGACCGCCAAAGAGCTGGAACACATCAGCGACGTCGCCGGGATCGTCCGGTTG
AAGAAAGTCAACCTCAATGACTGGTATCTGGCCAACACGCGGAAGTGCAAAAAGCCAAAGCGCGCGCAAAATCCAAACC
GGCCAAGGCGACACCAAGGCCAAAACACCGGTACAGGAAGGAGCTCAAGCTGAGCTCCCTCGATCAACTGATCGCACCGG
TTGATCCGCTGACCTGCTGATCCACACCTCCCACCAACCTGCGGGAAACCATCCCGCAGGGTGGTTTCCGGTATTCA
TCGAGGAAAACCATGGGGTCCGCAAAACTTTCCGCAATCGAGAAGATCTACGCAAGATTGGAACCACGGCGGTAGCCG
TGTTTGTATCGGCAATTTTCTCGGCGAGCATCGCATGCTGACTGCCCTTGCCTGTGCGGTAGGTGTGGTAATCTGGTCTA
CAGGTATCTACTGACTCAGGAGGAATCTTGAGATGAGCCAAACGCTTTCGGCGTGATCATGCTGACCGCTTGTCTGT
AGTGTCTTGTGATGGCGCCTGGGCCGATTGGCCAAACCTCAAGCTTACGAAGTTGAACCATCGGCACCGCC
CGCACTGACCTCAAGCCCTCCGTGTGAGGGGCTTTTTTCATTTCGCGGGGCTTGACAACCTGCAACAGGCCTTTTCATTCT

TTGCACCGTGAGCTGCTGACGTTGTTCGGCAACCCTCCCCAGTAGTCATGATCTGAAAGACTACGACACGGATTTCCGTG
TAGATCGAACCCTAAGATCGCACCAGCTTCCGGTAGCGCGATCAATCAGCCACAGGTTGATGGAAGCCCTCTCCCTCTGC
TTTACCTCCCAATACCGACCCATGCGGGGAATACTTTTCCCTGACGGGCAAGGTGTTTCTCCGCTTTTCGCTTACGAACT
GGAGAACCATCATGAGCAACAACACCCCAAGCCCAAGAAGCCAAATATTTTCGACCTGCACACCACCGGTATCGGCTACCTC
AATCGCATCCGCGAGGTACCGATCCGCGGAGGTGAACCGTTTCTCGCCGTAACCGTTCGCAGCCCTCCATGGCGCGGCAGA
CAGCGTGAATAACACCTACATCGACTGCAAAGTGGTTCGGCGCCAGGCTGAAAAGCTTGTCCGCGGTTGCAAGGAAGCAG
TCGAGGCCAAGAAGAAGGTTCTGATTTCCCTCCGTATCGGCGATATCTGGGCGGATCCCTTCATCCACCAGAAAGGCGAG
AAACAAGGCAAGCCCGACGCAAGTCTCAAAGGCCGGCTGCTCTTCATCTCCTGGATCAAAGTAGATGGCACCACCGTCTA
CGATGCGAAGGAAGAAGCTGAAAAAGCCAGCAAGGCCAAGCCGAAACCGCAAGGTGAACCCGACGCCCTGTGAACAAG
CCGCTGCTTGAGCACGGCTTGATTTGAATACCGGCCCTCATCCCGAGGGCCCTTCACTACCTACGCTATGCGCCACTCTTC
ATCGCATACCCATCCGGGGGGCACCATCTCCCCAGGGCGTGGTGTCTCCATTATCTGGAGATCATCTTGAGCAATATC
CAAATCGTAGATCTGCCCGCCCTGCCGGAAGTAGAGGAAGTTTGCTCTCTGACATCGAGGACGAGTTGCTGCTCAGCAG
GCATTTCTGCAACTTCGCTGGCTGTTTCTAGCCAGCAACAATGCCAGGTATCTGCCCTGGCTAACCGCCAAACATTT
CCCATTTAGGGGACCTCAGTCCCCTTGGGACTGGTGTTCCTACCGAAAGGAGAATCACCATGCAATACGGAAAGCGGGC
ACTCGCCCATCTTCATCTCGAACTGCCGCTGCAGGTTCTTATGTCCAACGCCGGCTTCTATATCGGCACCCTTGATGAAG
AAGGACCAGCCTCGCGCGAGTTCGGTTGAATATTACCCTCACGCGAACTTGCCCAACAGGCATTAGACAACGGCATTGG
ACGCAACGGGAATATTAAGCTTTACCCTTTTGCCCATGTGCATCTTCTAATTC AACCCAGACGGGGTCACTACCCTGTT
GGGTGGTGACCTCTCCGACTTGATTAAGAATTGGAAATCACCATGGACACATATCCAGAAAGGCTCCAGCTCTACTCAA
CATCGGAGTGCATGCTGCACAAAGCAGGTTTCGAGTACATCCTGTGCAAAGGCTTGGTTGATGAGTTTGGCGATGCAGGAC
TCAGTATCGAGCTCTATGTAATTCAGATGCAATCGAAGCCTTGGCGCAGGCCGACTGCGAGCAGGTTGCGACTCGAGC
ACCTCATTGATACTTCAATACTATGGCTTGGTAGAGCGATACCAGAAGGCTCGGCGTAAAAGAAGAACACCTATCGCGTTA
ACTGCAACAACCTCGACATCACCAGGGCGCTTCCGGCGCCCTTACTTCTCTGGAGGTCCATAGCCTCCAAGGGCATGGGC
TTCCCGGCAACCGGAGATATCCCATGACTCAACTCAATCCGTTTATTTCCCGGCTATGAGAGTTTCCGCATAGAGCGAAAC
TTGCAGATTACGGATGAAGGCGACAATCTGCCGTGCTACCGTACCCTGCATGAAACTCAGCGACACCTCCAGACGAATA
CTTTAAGTTCGAGCCGTGCTACTTCAATGACGATTTTCGCCGTGGTAGCGCAAGAACTAGACAATGAAATAGTCGAAAAGT
GCCCTACCAAGGAATAGTGAGAAACGTACTTTACAGCATCTACGTTAGCAGGACGGCAGAAAAGCTTATCGGAGAT
CAATATTCACTGACCAAGCCGAGAGTGTCTGATACCTTTTCGTTCCGCGCGGTTACAACCCGCTGTGGGAGATCAG
AAAAACACATCTGCCCATCACTACATGGAATAGCCTCTACGAAAAGTTCTCGACCAAGATGCCAGTCCGCTTGCCGTCGG
TGTTGGTCTCGCTCTTCTGGTGTAAACGAGCACGGCGCCGTGGGCTTTTCGCTTGCACAACACCCTTGGACGGATGAGTGC
CTGGAGATCCTGGAGATGACCTCAGCAACTCTTCGAGAGCAGCAGCTTGCCTTTCGGCTCGACGAAACCTGGTTCGATCT
GCTTACCTCGCGGGACAAGCAGACATTCGGTTTCTGGTACTCGATCCATTCGCGCCACGCTCAAGGGCTTCCGCTTT
ATGACGATTGAGCAATCCGGCCGGCGGGACATCCCGCCAGCCCCGAATTCGAATTTGGCTCGCTGTCTGACAGCGCT
CCCAAGGAGCCAGGGTTTAAAGGCTCCGGCGCGCAAGCGCTAACCCACCCAAGACCGCCACAGCACTCGGCAGCGGGTCCG
CATCAGCAAGTGTGAGTGCATCCTACCCACCCACGCGGGGACCTCATCCCGCGGGAGAGGCTTGCATTTCCGAGA
CCTCTCATGACCTCTCTCAACAACCCTCCAGCGCAGGCCACACTGCTGCGTACCTCAAACCTCCGATCGTTCTCACAA
CGCGGCTGGCTGCGCCTGGTCTATCTCGCCAACCCTGCCAGGGTGCAGGAGATGGGCACCCGGCTGGCCAGTGTCTTC
AAACCGCTGGCAGGAGCTTTTCGCTCCAGCCGACCGCAAGCACATCCGATTCCACCTGTACCACAAGGAGGAAGAGGGG
CAGGACCGCGCACTCGCGCTGCTGGCCCTCTCGATAGTCGAGCCGTCCGATGAGCCTTCTACCTGCGCATCGAGCTGCA
GGAAGAAAGCCTCCCGGGCAACCCGGATACCGAGTAGTTTCTCCCTCACCACGATCCCGCTTTCGGCGGGATCATCCTTTT
CGCAGGTACGCCATGATCAACATAACCGGCCAGTTGGCCATTCGAACCATCAACGGTTCGCAATGGCGAGTTCAACGTGG
GAAAGCTCTCGACCTCGATCGGGGAGTTTCGTATCAAGGACGCTCTCCTGGACCAGCACATCGAAGGCAAGTACCGCGGT
GATTTCCGCATCACCAGAGATCCGTCCCTCCTACTACACCACCGCGCGGCTGGTTCGTCGAGATCCGCGCGAAGCTCGA
CAGCATGACCTGGACGACGTGGACAACCTCAGCAGCAGGAGGACGAGCGTCTCTCTGGCAATGAGGTGGATCCGCTCG
ACGAAGTCCCGGACTCCAGCAACCCACTGCCGCACCGCGGACCCGGAAGTCGCCCCAGAAAACCGAAGCTCTGCGC
CCCGCTGCAACCGGGGACGACACGCTTTTCGGTATGGACCCTCCGGCTCCTGCAAAACAGGCCCACTTGGACACAGA
CGCAGATGCAGAAGTTCGGGACGGTCTGGCCGCTAGGCGAAAATCGTCAAGCTGGACACCACGGTTCGACCGCAAGCGAC
TACGCCAACAGTGTGTGCGACTCGGCGAGCTGGGCTATGAGCTCGACTTCAAACAACAAGTGTGGACCCGCAAGCGTGC
CCTCTCCATGTTGGAGCCAACGCCGGGTCAATCAGTTCGCTAGACGATGACTACGAGCGCCGACGGCAGCCGGAGTGC
TACTACAACCTGTTCCACCCACCAGGCTATCAGCGCAATGGCTGTAAGCGCTGCTGCTATTTGGCGTTGCTCTGTCAACCA
GCTGACTCCTCCAGCGCTTTCGAGCGCAACACGCTAAAGCAACACCCTACCCACCCCTGCCGGTTCTCCCGTCAGGGA
GACCTGGCCAACCACAGGAGCACACCTATGGGATGGCTTTTCTCACATCAGACGAAGGAAGACCTGCTGCGTAAGCTGCT
GGCCCCAACCCAGTACCTTTCGAGGCGACCCGAGGTGCTGGCACACGCAGTCTCCGCAATGAACTTTGGACTGTCGTAA
AACGAACCTTCCACCTTTCGGGATTTCTATTTTCGGCAAGCCGGCCGGTCACTCGATCACCATGATCGAGCTGCATTGCTG
GACTGCTCGGCCGGGCAATGGGGCTACAAGACCATTCCGGAGAAAGCAGGCCCGTCTACTACGGCTGTCCGCTGGAGTT
CCTGGACCTGGCTCACGATGAGACCAACCAGGAGTGGCGAGACCGTCTGACGCAAGAACACCAAGCCTGACCGCACCAAC
CACTTCCCTTGGAGGGGCTCCCTCAAGGGCGCTCCTCGTCTACCACCAGGAACACACCATGAACCCACTGTTTACCAACCT
CACCCAGGAAACCCTCGCCTACCTCGAGGACCAACTGTCCAACAACGACGTCGCCGGCGACGACGAGCTCATCGACCTGT
TCATCGAGGAGCTGTGCTGACCTTGGAGCAGGCGGAAGCGGCTGTTCGCGCTACCGGATCAGTACCTCTGCCAGGTCTTC
CTGATCGGCCAAGGGCCGCTGCACCAAGCCGATGGGCTCTGCTTCGACCCTCACACCAAGAGCGTTTCGGTAACCACCAG
CTCCCCTGCACCACTTGGACTACACCCCGAGGGGCTTACCGCCCTCAGGGCGGTGTGGCTCCTCTTCCAGGAGGTT
CCTATGCCAGTCCACCCCGCTTACCAGATCGAAGAGTGGCCAGACCTGTACGTCGACGCTGCGTGTGCGACGAGCA
GCGCAACCTGGTCTTTCTTTTCGGCTGGGGCCGCGACACCGTGCACACAAGAGTTCTTGCCAGGCTGACGCTGGGCGGG
AAGAAAATGGCATCGACATTTCCACATCATCGTGGACGGCCCGCTTACCTGTCTTCCCAAACCCAGGATCTCCTGGAG

AAACGCACCACCCGCCAGTTCCGCGGCACGTTGTTCCGGCAGCCTGCTCAATCTTTGGCTGTTGATCGGCGCGCCTCGGC
GCCCCACCGAGGCAATCACCTCGCCTTCGCACTCCTGCAGCGCGATGAGGATCCACACCAGAGGCTCTGGCCGCTGGTGA
TGGAAACCTGTCCGCTCCCCCTCCTGCAGCACTGGCGCGAGCCGGTGATGGAGGTCTCACCCAGCACCAGATGTTGACG
GCCCTACCCGGGACGATCGGCAACGTCTGCGCCTGGCGACTCGCCCTGCGGGTGCAGCTGCTCGAGCCCACTCTCGGTGA
GCTGATCCGCGAAAGCATTCTTACCACCGATGCTCAGGCGCAAGCCTGAGCCATCCCTCTCAGACTCAAGGAGGCCCAT
GGCCCTCATGTTCCCGCGCTTGGCGCGCAACTTTGCACGCAACGGCTACTTCCCTACCGATGAGGTCAACCTCGAACGCG
CTCTGCAGGCCCTCGCTCCCGCCCCGTCGGGCAGGATGAGGATCTGTGATCCCTGCGCCGGTGAGGGGGTTGCCCTGGCT
GAGGCAGCACACATCTCGGCCGCGACAAGGTCCAAGCCCTCGCTGTGAGTACGACCCGCGAGCGCGCCGACCATGCTCG
AGGCTTGCTTGACCGAGTGTGCACAGTGACCTTTTCGACACCATGATCAGCAGGCAGTCTCGGACTGCTCTGGACTCA
ACCCGCCTTATGGCGACCTGGTGGCGGACCCTCCGGTGCCTCGCAGTACCAGGCAGCGCCGAGGCTCTGGAGAAA
GCGTTCTACCAGCGCTGCCTGCCGTTGCTGCAGTACGGCGGCGTCATGGTCCCTGATTGTTCTCACTACGTCCTGGACGA
TGAGCTGACCGGCTGGTTGAGCAACCACTTACCAGCCCTGCGCATATACGCGAGCCGCGGATCCTACCTTCAAACAGGTGG
TGATCTTCCGCATCCGGGTCCGTCGACAGGACCTGGCCCGGGCGGACGCCAATCAGGTGAGGTCTCGCCTGCAGGCGATC
GGCGCGGGCCAGGAAAAGGCCGAGGAAATTCAGCGGCTTGGCCGTGGGAACCTATGTGGTTCTGCCGGCCACCAGCGA
GCTGGAGCACTTCTATCGAGTAACCTGGAGCCGGAGCAGTTCCGCCGCGAGATCCAGCGGCTGCGAGGTCTCTGGCCTG
ACTTCAACCTGCACTTTCGCGCAAGCGGGGCTGCAGCCCCGCCCTCCAGTCCGCGAGCTGTCTCGCTGGCACCTGGCTCTG
GCCTTGGCCGCCGGCGGATTTCCGGCGTCTGTCGCTCGAAGTCCGGCCGCATCCTGGTCTGAAGGGTGACACCTACAA
GGACAAGGTCCGCAAGACCGAATTCACCGAAGACGAAGACGGCAACATCACCGAGGTGAGGATACTCACAGACCGTTTCA
TCCCAGTATCCGGGCATGGGAAATGACACCCTCCTCGGTCAATCAGGGCCGCGTCTGACCATCAGTCTGTCGGCTGCG
ACCACGGAAGAGGCTGAAGAGCCCCAACCTGAGCCGGCCCCCGAACCGCTGCTGTTACGCCCTGGCCAAAGTCGTAATGAC
CGCTGCCGTGAGCCACCTGGTGGAAACCGGTCAACTCAACCCAGCGCCTTTGCTGAACCGCCATCTGGCGGGAGATTGGG
GGAGCTGGACCAGGAAGACTGGAACACCAACCAGAGAGCCCTGAAGTTCCGGCGATAGGCTGCTGTCTGCTTACGACATC
GACGCCGGCGGCGAATCCAGGCTCTGGATCATCACTGAGGCCAATCGCAGTTCGACCACCCTGTTGCTCCCTAGCGACTA
CTGACCTCGCCCCACGGCGATTTCCTTCCACTCCCCCTGCAGGGTATGCCGATACCCGAAAGGGACGTGCATGCCCTGC
TTTCTTCTTTCATCCGCAGGAGATGCACATGAACGCTCAGACCCAACCCGGCCGCCCTGGCCGCCCTTCCCCCTGAACATCA
ACCTGACCACTTTCATCGACGAGTTCCGGCGAGCTCTGGAGTCCCTGAGTCCGCTCAATCGCTCCAAACCCCCGCTTATACCGG
TCCGACAACACTTACCAGCAGTTGGTGTGATGGACCGACTCAAGCGCAAGCCCTTCCGGCCGAGGCTGCTCCAGGC
CATCACCGCCCTGCTGCTGGACCGTACGAGCAGGCGGGATCATCAACGCCGAGATGGGCGAGGCGGAAAACCATGATGG
CCATCGCTGTGCGAGCGGTTCATGCACGCGGCCGGCTATCGCCGACCCTGGTTGTCTCTCCGCCGACCTGGTCTACAAG
TGGCGCCGCGAGATTCTGGAGACCATCCCAGCCGCCCGCTGCTGGGTAATGGCCAGATACTCTGCTCAAGCTGCT
CAAGCTACGAGATCAGATGGGCGACGCTACGACGGACGCCAGGAGTTCTTTCATCCTCGGCCGCGTGGGATGCGGATGG
GTTTCCATTGGCGGCTCGCCTGCTGGAAGAAGCGCGCCGCCGGCCAACTGCTCGCTGCGTGCCCGGATTGCGGCCAG
GTCCTCGAGGACCTGGAAGGCAACCTGGTACGGTGGAGGAGTTTCGAGCGTGGTGACCGTGCACGTACCTGTTCTCCTG
TCGTGGGGCGCTCTGGACGCTGATCCGGCCAGGCAAGCCTGACGGCGGCAACCCGGCGCGCAACGATCCTCAAGTGCATGT
GTCGGATTCCAACCATCGGCCCGGTGAGGGCGGAGCGCCTGCTGAACGACTTCGGCGAGGACTTCTGGCCACGATGTTG
GTGGACAACGTCTCGGAGTTTCATCAACCTGATGGACGCCAAGGGCAACTTCGCTTTCAGCGATCGGCAGGCCAAACGCAT
GGAGCGATCGATGGCGAACATCGAGTTCCGGCTTCCGGCGAGGGCGGCTACCAACCGACCGAGTTTCATCAAGCGCTACCTAC
CTGATGGCTACTTTCGACCTGCTGGTGGTGGATGAGGGGCATGAGTACAAGAACAGCGGTTCCGGCCAGGGCCAGGCCATG
GGCGTTCTCGCAGCCAAGGCACGGAACCGGTGCTGCTGACCCGGAACGCTCATGGGCGGCTACGCCGACGACCTGTTCTA
CCTCCTGTTCCGCATCCTCACCCAGCGCATGATCGAGGACGGCTATCGGCCAACCGCGCGGCGCAGCATGGCTCCCGCAG
CCATGTCTGTTTCATGCGCGACACGGTGTGCTCAAGGATATCTACACCGAACCGGATGGTGACTCGCACAAGACCCGCGCG
GGCAAGAAGCTCTCAGTACGCACGGTGAAGGCTCCCGGCTTCCGGCCGAAGGGCATCCACCGCTTCGTAATTGCCGTTTAC
CGTGTCTCCTGAAGTCAAGGATATCGGTGGCAACGACTTCCCGGACTACCAAGAGGAGTTCGTCGACGTGCCATGGCGC
CTGAGTACGGCTCGCCCTCAGCGCCTGGCTGCCAGCTGACAGCAGGAGCTCCGCCAGGCTTGGCGCAGCAGATAC
ACGCTCCTAGGCGTGGTCTCAACGTGCTTCTGGCTTGGCCGGACTGCTGTTTCCGACCGGAGATCGTCAAGCATCCGCG
AACCCGGGACACCCTGGCCTTCGTCGACGATCTTCCGGCGACGAGCAGCTGATGCCCAAGGAGCAGGCGCTGGTGGATC
TCTGCCTCGAGGAAAAGCGAAGGGCCGCAAGGTCTGGCCTACACGGTCTATAGCGGGACGCGCGACACTACGTCCCGG
CTGAAGAAAGTGTCTCGAGCAATCCGGGCTGAAGGTGGCAGTGCTACGTGCCTCGGTGATACCTCTCGGCCGCGAGGACTG
GATCCTCGACCAGGTGACCGTGGCATCGATGTGCTGATACCAACCCGAGCTGGTGAAGACCGGGTTGGACCTGCTCG
ACTTCCCGACCATCGCCTTCTGCGAGCGGGGTACAACGTGTATACTTGCAGCAGGCCGCGCGGCGGTCATGGAGGATC
GGGCGAAGCACCCGGTGCGGGTGGTGTCTTCCGGCTACGCCGCGAGCTCGCAGATCACCTGCTTGCAGTTGATGGCGAA
GAAGATCGCTGTGGCTCAAAGCACGTCCGGGAGACGTTCCCGAGTCAGGTCTCGACTCGTTGAACCAGGATGGGGATTCCGG
TGGAGATGGCGTTGGCACGACAACCTATTGCGAGCATGAACTCACAGGCCACCTTCCGGTGGCCTTTGTTTTATTTTTTGC
TGTAAGTTCTGAAGTCAGCTAGTGGTGTATTAGCGCCGATCAAGCCAGGTATCTTCGTCATCAGTGGCCACGAGTATCTCT
AACAACCTCTATTAATCTCGTCTGTAAAACCTGGGACTAGCTGATCAAGCATGTAGCCCGGCATGAGAGCTAAAGTCTCTC
CCACATGCTTCCCATTCCGACCATAATCAATATAGATGCCGGTGAGAATTAATTAATGATCACCCGACAAACCACAAA
TTGTCCGGCCGGCCTTGCCATAAAGCTCTTTAACCTTTAGCCACCACGTTGACAACAAGCTTATGGCAAAAACAGAGGCCAG
GAAACTTAACGCCACAGACAGCAGACTTCCCTTCCATAAACATCGTTGCTCCTTTTGTAAACAGGAGCGTTACAACCAAAC
CGACGACTGCTGTAGTCAGGAGAATGGGGACAACCTCGTGAGTACCGATAGTTATTCATGCTACAGAAAAATAACCGCCAC
CTCTTAAAGTCTGTGATAAAAAATCAAAAAACGAAACACCCGAAGCGGATAACCTGTCAGTGCAGAACGCCAGAAATC
GAACAGCTGGTTGCAGTATTGCCTCTTTCATCACTGAAAGCTCTTCAACTCGCGCGCGGAGCACTTTGGTAAACACTGC
GGGTTCTGAGCGCCGAGATGTAGCGATTACCAATTGATCAGCAACAACCGAATGCCGATGCCGAGGCTGCTTACTGCTG
TTTCATCGCTCAGGATTGCGGCCCTCCGCCGAATCAAAGCCGATGAGGTCCGGTGGCACCTATTTCAATCGCCAGATCTCGC

AGAACTCGTGC GTTGAAGATGTCC TTTGCCCTCAGTAGTTCCCGCCAAATAGAGCCGCTCTACATAGCGGACCTGCAACGC
CGGATCGGCGATGGCCTTGACGTACTGATGAGCCGCGGACGTGTCCCCGAAGCGCATGACGTCAAATCGATAGTCCAAAC
CCTCACGTGAAGCAGCTCCGCGAATGGCCCTCATGAACACATCCGCTCGGCCCTGGCTGCCTGTTTTTTGTACGAGCGCC
TCTTTAAAAGGGATCGGGCTCATGCCTTTGGCCAAGCGGTATGCGCGTGGCACCAGATTTCAACTTCGACCTGGTCCCCGAG
AGCATCAATTGCCTGCTCCAGGCGCTTCTTTGCTATCCAGCACCAGGGACAGACAAAAGTCGGACCAGACCTCGACCCGTAA
TTTTCTTCATGGAACCTTCTCTCATCTGTCTCCGATGCTTATGGATCAGCCGCGGAGGGACCTCAGCTTTGAGGTTTGCT
ATCCATCGCATCCAAGACGTGAGTGTGTAAACCACTGCCGCACCGGCGTTTACGGTTCACGGCCACGCCGAGAGCTTCCG
CCACTTCTCCGTGGTAATGCCGAGCTTCTGGCTTCTGCCGCATGGAACGCAATGCAGCCATCGCAGCGGTGGTAACG
GCAACTGCCAGTGCATCAGCTCAGGGTCTTCGCATCAAGCGCATTTGGTTTTGTACCTGCATTACCGAGCATTTGCCAC
GCCACGCAGGGTGTCCGGGGAATGTGCGCCGAACCTTTTACGGCGGGACTGACGTCCGTGATGGTTTTGTTCCTCCAGTTAG
GCATACTAGACATGATTACCACCCTACTAGTTGATAGGTAAGATCGGCCAAAAATAGGGCCGACCGGGTCCGCTATCGG
CCCTGTTGTAGGCAGAGATCAGTACTCTGCGATCATCCGAATGACAGCAATATTCACAGTCTCACCTTCCCTGGTGGCCC
AGTTGATGAAGCTCGATCCCTCAAGGATACTGAGCAGCAAGTAAGACTTTTTCTCTGGCCCCCTCGCCCCGGGCTAACTCA
CCAGCGCAATGCCTTCGTCCATCACTCTGGTCAACCAAGACAACCTGCACATCAAAGAACCGTCGTGTCAGGCGTTGAAG
CCCGTCCGGCAATGCAGCCATTTTACGCTGCTAGCGCACCAACAATGGCAACAGACCACCTCGGTGCTGGAGTAGAAGA
GCACAAAGAAAGCCTTGAGCCTCTCAACTGCACCTGCCTGATTGATCTCGATTTCGCTCGAACTCGGCTTGACCCGCGAG
ACGTACTCTTCGACGATCGCGATCCCCAAGTCTTCTTTGTAGGGAAGTGGTAGTGAATGCTCGCTTGCGAATACCTAC
CGCGTCTGCAAGATCTGCATAGCTGAACGCTGCATACCCTTTAGTGCGCATCAGCCCTTCAGCGCTTGAATTAACGCGT
CCCGTGTGGCCAGTGCATAACTTCTCTGCGTAATCGCCCCGACCAGAAAAGAGCGATTCCGGCCACTACGCAGTTAT
CTTACTTACCTTGCTTACGGCCAGCCATGACCCACCGTCCACGTCCCAAACAGCACCAGGTCACCCAGGACGCTTGTGTCG
GAGAGCAGGAACACGATGGACTCAGCAACGTACGCGGAGTGCCGTACGGCCCCAGCGGGTGGAAAATGTTGAAGTCATT
CAGCGCACCCAGCCAACCTGATCGCCGGGGATGAAGCGCTCGAAGATCTTCGTTTTCCACAATACCCGGGCTGACCGAGTTGA
CGCGAATACCGTGTGGGCCAGCTCTGCTGCCGCGTGTGTGGTCAAGGTGTCCAGGCCAATTTTGGCCATCGAGTAGGCC
GAGGCCGGAACACCCTCGACCGCCTGCCTGGCTGCTACCGCGGTGACGTTACGATCGAACCGGGTTTTGCCCTGAGCTAC
CAGCTCCGCCGCTACTTGACGGGTTAGGAAGAAGATGGCGCGGTTTACAGTTCAGGAAGTTGTGTAATCTCAAGCGAGT
GCTCGATGAATGCTTTTCGGGTAGTAGATAACCCGGAATTACCATCAGATCAATGTCTTGTGGCTTGCGGCCAGCTTTC
TCGATCAGCGCTTGCGACTGGCGAAATCGGTGAGTCTACAGCATAGGCCACGACCTTGTCTTCGCCGCAACCGCGGC
CAGTTGTTGGCGTGCAGCTTTCGCTTTCTCAGGGCGGTTGCCACGATCACAACCGAACCCGCTTGTCTCGCCGCAACCGCGC
GCGCGGTTTTCGAGACCAATGCCACTCGTGCCACCCACTACCAGAAGCTTGGCAGCTTTGAACTGCATGGTGATGCCCTCT
GTTTTGTCTACCTACTAGTTGGTAGACTAGATTTTGAACGGAGAGATGTCAAGCTACCGCTGATCGAGTAGTCAGAGAATG
TCCGGTACACCCTTGACAGACCAGGCTAAATCAACTCTGGACTGCAGAGTGTGCCAGGAGCTACTTTGCCCTGGTTTT
TGGCGCAAGCTCGATGACCTTGCCCTTGAGCAACACCTTTTACGCTGTGCTAGCTCAAGCATGAGGCGTTGATTACGGAGG
CAAGGCGAGCGATCTCCTCCAGAAGTAGGCTGTTCTCTGCGCGGAGGGCTTTGTTGAGATCCTTCTCCTTCATGAGCGCC
TGGTGTCTCGAATCACGCTGAGCGCGCTCGATTTCCCTATGAGGCTGCGGATACGCTCCGCCACGGCCGGGTAGGTGTT
ATGGATCAGCCCGGGGGTGCAGCCTGCCGCTCTGGCGACCGAGGAGATGGAGAGCTTCTCATTGCCGCGAGCATCCTAT
CGATGACCTTGTGAGCGCATCGGCAGTCTTTGGGCGAGAGCGGCCCTTGGACGGCTCGGTGCACTTGTAGCCATTAC
AGCCTCCTCAAGCTCCTGGTTCATCCGGCGACAACCAAGACTATTGATCACGTGAGGGCGACCTGCAGGTTCGCGCTCTG
CACGCTGTTTTACTGCCGGCCCTGCGTCCCTCAATTTTTTATTAGCTCCCCTTGGTGGGAGTAGATGCCTTGCCAAGTGCCT
GCAAACGTCTCATCGATCACCGAGTGTGTTGACCCAGGGCACCTGGTGGCCTCGTACAACCCAGCGCTCCGCAACCACG
CTCAGTGGCAATGCACCATCCGTGACCGGTTGCGCGAATGTTTCGATGAGGTGCCGTTTTGGGCCAGCAAGGCGGCCCTGT
CCTTGACCGGAATCGCACGCAACTCAACGATTTTTGCTCCCGGCACCACCTGCCAAAGGCTGGTTCATCAAGCCAGGACTCA
ATGAGGTTCATCTTGAACTCCGTTCATCTGCTGCAGGATCTCATCGAACAGCGTCAGATCCTGGAGCGGATTTGGAGCGGTA
GAGCTGGGTTCATGCTACTGCTGTGCTTGCATGCCACTTGGAGAACAGCAGCGAGGTGCGCCCCATCCGCGACTCAA
CGAAGCAACGGGCATAGGTTTCGCGGCACTGGGTGAGTGCAGCGGCGGCTTCCAGCGGCTTTTTCGATCGCTTTCG
AAGGACTCATTTCAGCCAGCCTGTCCAAGCACTTCAATGTGCGCTAACCTTTCAGATTTGTTGCCCTGATCCGTTCAAACA
GAGAAACAACCTCTTGAATCCTTTTCGGCCTTCTCTAACCGGAGCAAATGCTCAGCGGATCTGGACGAGGGTGCCATCT
GCTCTAGCTCATAGACCTCAGCCTCAAGCTCTTGCCCTATTGGAGTCGTGCACCAGGCATTACCAGGCACTGCGCTATGC
GATGAACCGAGCAGAAATTTAGCGCGGAGGCGCGCCCGCTCGACCTGATGACACCGGAACAGATGGAGCATTTGGCGAG
AGCGTATCCGGGCGTATGATCGAGCCTACCGCGCCCGATGGCGCGACCACCTTCGCTCTGACCTGAACGACACAGGGCG
TATCTCGACACGATGAGGGAGTACAGACGCTGGCTAGCAAGAATCAACCGAATAGCTGGTAGCTGCGAACGCATAGGC
TCAATTTGGCCGAGACTCGAAGCGCAACGTACTCAGCTTCGATCTCCCGTAGAGTTCCGGCACCTCCTCGCTCATTTCCG
TATTAGGCAACTGGCCGAGCACCAAAAGCGTACTCAGTGCATGGTAGCGAGCCAGGTATTCGCTCCATGCCTCATCGAAG
TGCGCGCTCTCAATCCCTGCCTCCCTCTTGCGATAAAAAGCAGCCACGGCGGCCAGTTCTTGGCGCGCTATATCGATGAT
GGTTTTGTTTCGAGCTGGGGAAGGTCTGTATTTCATGGCCTAGGGCTTCCCTCGAAGCAGTGTAAACCAGAAATGACGCGAGCCT
AGATGCGTGTGAAGGGCACCCAGAGTCGACTGATCTTCGCATAGCGAATCAGGCCCGGCGATTTCGCCAGAATCCTATCCA
AAAAATCCCACCCCACTCACCGAGTATTTTCTACTGCCTCAATGGGGGCGAGTCTGAGAGGGTGTCTCTGGCTTCGCGC
GAGGACACTCATGAAACGCCCATCCCCTGCATCAATGATTCTTGGCCTCTGCTTGCAGGCAATGGCCGGCCTGCTGGGCT
ACCAGCAATACCAACTCATTACGCTCCGATCAGGCGTGGACAGTGCAGCGGAAAAGACCTCGCTAGAGGCGATCCTGGCT
CGCTTGAATCGAGTCGACGAGCGCCTCGACGCGGTGGATGGGCAGCACCTGGTCAGCAACGAGGACTTCCGCTCAGGCCA
GCAGGCACTGTCCAACCGCATTTGACGCGCGCAGGCTTTCGCCAAGCAGGCTCCGACGCGTTCGAGAACCTGGCTCAAA
CCACCGCTCGGCGGCGATCTCCTGGTGCCTCAAGGCTACAGTGGAGACGCTGGACGCTTCTGTCCGACGCTGCAAGAG
AAGCAAGCCAAGGCTCCGCGCTGATCGTGCTCCACCGAAGCGCGGTTCCTTCCCTGTCAAGCCCAAGCGGAAACCCAA
GCCAATCGAGCCTCCGCCCTTCTCAATCCTCGGCGTGGAGTATCGCGGGGGCGAACGGTTTTCTGTCCGTTGCACCTCCGG

GATCCACCCAGCTCAGCCAGATCTACCTCATTCGCCAGGGCGATGCCGTCGCCGGCAGCACCTGGCGACTGACCGACCTT
GACGATCGTACCCGCGACTTCGACGTCGCCGGCGCCTCGCGCAGCGTTTCGCATCCAACCATAGGACCCCGCACATGAACA
GAACCGTATCGCTCCTGTCCGGCCTGGTGTCTGCTGAGCTATCCCGCAGTCGCCCAGGAGGCTGCCGCAAGCCGAGAG
GCCAGCAGCCAGCTGTCCGGTAGCCAACCTCGACACGCTGAAAACAGCAGACATCTCAGAGCGACCTGGCCCAGGAGTGGGG
ACTGAATCAACAGGAATGGACCCGCTACCAGACGCTCATGCAAGGCCCCCGGGGCGTGTACTCACCTGGCATTGACCCGC
TGACCCGCTGGGCATCGAGGCGCGATCGGCAGAGGAACGGCGGGCGGTATGCCGATCTACAGGTCCAGGCCGAACGGCGC
CGGGTCGAGAAGGAACTCGCCTACCAGCGCGCATAACGACGAAGCCTTCGCCCCGCGCTATCCAGGCGAGGGGGTTCATCCG
CCTCACCGAAAGCAGCACGGCCAACCCGTCGGGCGCGCCGAACATGAGCCAGCGTTGCAGAGCAGCGGGCGCCTGGCCC
TGTTTCGTCAGGACAACCTGCACCGCCTGCATCCAGCGGGTCCGCGACCTGCAACAGCAGAACAAGGAGTTCGATCTCTAC
TTCGTCCGTAGCCAGAACGACGAGAGCGTGTGCGGCACTGGGCAATCCTCGCCGCGTCGACCCGAAGAAGTTCGCAG
CAAGCAGATCACGCTCAATCATGACGAGGGCCGCTGGATGGCCCTGGGATTGGGCGGGGCCCTTCCCGCCCTGGTCCAGG
AGGTGAACGGCCGATGGCAACGTCTGTAATCCGCGCCCTCCAACCTGGCCGCCCTGCTGGTCTGGCCAACATCGCTCAGG
CCGCCGTGGATCCACCGCCGGCGTACAAGCAGATCGCCCTGCCCAAAGGGGTTCGGCCGAGGTGCTCTACTCGGTCCGG
CTGACCGAGAGCAAGGTCTGCTGCGCGGCAATACGTTCCCTGGCCCTGGACATTTGAACGTCGCCGGGAAATCCTACTA
CTACGCGACCCGCACCGCCGCTGCACAGCGCTACTCGCGCAATCAACCTCTACGGGGCCAAGAGCGTCGATTCCGGCC
TCGGCCAGGTCAATATCGGCTGGAACGGACATCGTTTCTCCAGCCCCTGCGACTCCCTGGATCCGTACAAGAACCTGGAC
GCCACCTCCGACATCCTGGTTCGAGCAGCGGGACGCTTGTACGCATCCGCCCTGGTAGGCCGTTGGACTGGATCCAGGT
TGCCGGCCGCTACCACCGCCCCGCGGGCGGAGCCTGCCGCCAAGTACCGCAGGACGGTATCCCGCCACCTTAGCCAAG
TCCTCGGCGTCAACCTGCTGGTGAACCAATCCATGAAGAAGATCCTAGCCACGCTGGCATTCTGCACGGCGTTCGCGACTC
AAGCCTGGGCCCGCGGGCTGATCGTTGTGGAAGACCTCGGCGGAGCCTCAGCGCTCCCCTACTACCAGGGCCTGGATCCG
CAGCCATCCGCTGCCACACCAGGACCTGGCGACCTGGGTGTCCTGGCTCAGGTGCGTTTTCCAGTTCGCTCGGCACGCGCT
TTCGCCAGGCCAGGTTCAGGGGCGCGCCATCAACGCCCCAGGCTGCAACCTCTGTTCCCTCGTCGGCGACGACACGCTGT
CTCGAACCTGGCTGAAAGAGCGAGGCGACGAGCTCCGAGGCTCCACGCTGTGGGCTGGCAGTGAACGTGGCCAGCGAA
GCGCGCCTGACGGAAATCCGTGCCTGGGGGAAAGGACTTCAGATATTGCCGGCGCCGGCGGACGACCTGGTCGACCGGCT
CGGACTGCGGCACTACCCCGCCCTCATCACATCCACCGCCATCCAGCAGTAGGAGTCTCATGACTACTCACCTGATCAC
CCTGGTCAACAGCAGGACGCTCAGGCAAGCAGCCTCATGACTACAGGAGTGTGCTCGGCTGATCTCAGCTACG
GCGGTGAGGTGACGTCACGCGCCCTCGAGGACGAATCGACCCTCTGTGAGCTGCTGGAGCAGATGCTGCCGATCATGAG
GTAGAGCAAGCCAGGAAACAGGTGCTCGAACTTCATGCCAAGCGCCGCCGACCGGGCCGCTGCATCGCCGGCAAGCCT
GAAGGTGTAACCCATGGCTGGCCAGTACCCGCTGGAAGCGCTCTTGGCGCCTGCCGTGGAGCTCTACACCACCACCGTGT
GCTTACCAGCGGCGCGCTCTGCATCGTCGCGCGTGGACGTTTCGCCCTCACTCCGCTGTTTCGGCATCGTGGCCGCGCTG
GGCTTCGTCTGGCTGGGCGTCTGCGGCTGAAGCAGGCGGGCGTGGTGTCTCCGCTACCAGCGGAAACATTCGCCGACTGCC
GAAGTACACGATGACCAGCGCCGAAATGCCGCTGAGCAACGAACACCTGTTTCATCGGTAGAGGCTTTCCTGGACGCGAGA
AGCATAACGAGCGCCTGGCAGATACTACCTGCCCCAGTTCGCTCCTACGTCGAGCCCTCGCCGCTCTACGAGCGCGCG
CGCCGGTTGGAGAAGCAGCTTTCGAGTTCGCCCCCTTCCCTCTGAAGCTGGTTCGCAAAGCCACCGCTGGGACGTGGCCTG
GAACCCCGCACGGCCGCTGCCGCCCCGTTGGGCGGTTTTGCCTCGGCTCCATGGCATCGAGCCGCGGAACAGGATGTAGGCC
TGCAACTGGGCGAGCGCTCGGCCACACACTGGTACTCGGCACTACGAGGGTGGGTAAGACCGGACTCGCGGAGCTGTTTC
ATCACCCAGGATATTGCCCGCACCCACTGCCGGGGCCGACGCCGGCGGGCGAAGATGGGCCGGCGAACCAGACGGTTCA
CCACGGCCACCGGCGCCGGCGCGCAGAGGAGCAGCCGGACTACGAAGTAGTGATCGTCTTCGACCCGAAAGGCGATGCAG
ACCTGCTCAAGCGTATGTACGTGGAGTGGGAGCGTCCGGCCGCTGGATGAGTTCACGTGTTCCACCTCGGCCACCCT
GACCTATCGGCACGCTACAACGCGCTCGGCCGTTTCGGCCGGATCTCCGAGGTGCCACCCGCTCGCCGGCCAGCTCTC
CGGCGAAGGCAACAGCGCGGCGTTCGCGGAGTTTGCCTGGCGGTTTCGTC AACATCATCGCCCGC GCACTGCACGCGCTGG
GTATCCGCCCGGACTACCAGCAGATCCTACGGCAGCTCGTGAACATCGATGCGTGTGTTTCGTCGAGTACGCCCAGAAGTAC
ATCAGCGAGCAGTACCCGAGGCTGGGACAGATCATCCATATCGAGGGCAAGCTCAACGACAAGAAGCTGCCATTCAA
CATGAAAGGGCGGCCCTTCCGTGTCGTGGCCATCGACCAGTACTGACACAGAAACGATCGCCGACCCGCTCATGGAAG
GCCTGAAGAGCGCCGTCGCTACGACAAGACCTACTTCGACAAGATCGTGGCCTCGCTGCTGCTGGAGAACTC
ACCACCGGGCGGATCTCGGAGCTGCTTTTCGCCAACTACGCGGACCTCAACGATCCGCGGCCGATCTTCGACTGGATGCA
GGTCATCCGCAAACGCGCCGCTGGTCTACGTGCGCCTCGACGCACTATCGGATAACGAGGTTCGCCCGCGGTTGGGCAACT
CCATGTTTCAGCGACCTGGTCTCGGTGCGGGTTCACATCTACAAGCATGGAGTTCGATGACGGCCTGCCCGGCTCACTCGCC
GGCGGCAAGGTCCGATCAACCTGCATGCCGACGAGTTC AACGAGCTGATTGGCGACGAGTTCATCCCATGGTCAACAA
AGCGGGCGGCGCCGCTGTGCAGGTGACGGCCTACACCAGACCATGAGCGACATCGAGGCCAAGATCGGCTCCCGTGCAG
AGGCCGGTTCAGATCATCGGCAACTTCAACAACCTGTTTCATGCTGCGGGTTCGCGAGACCGCCACGGCCGAACCTTTGACC
AACCAGCTCCCAAGGTCCAGATCTACACCAGCAGCCGGCGAGCGGCGCAACGACGCAATCAACAACAAGAAGGCAGC
CTTACCTCCAGCTCGCACGACCAGGTGCAGATGACCAGCGTTCGGATGCTCGAGCCGGCCACATCGTTGGTCTGCCCA
AAGGACAGGCGTTTCGCGCTCCTCGAGGGCGGCAATCTTTGGAAGATCCGAATGCCGCTGCCGGCGGTCGATCCCGACGAG
GTGATGCCGAAAAGCCTGCAGGAGCTGGCTGCCGGTATGCGCAAGGGCCAGGCCGCTAACAGCGAGTGGTGGGAGGCGCC
GGGATACTCCGCCCTGCAGGATGGTCTGCCCCAGGACCTGGTTCGACGATTTCCGTCACCTCGGCGCCGGTGGAGATGCCG
CCTGATGGCTGAAGTCACTCAACGTGCAGAGCAGCAACAAGAGAGCCAGAAGACCCTTCTCGGCACCATCATCAGTACGC
CCTTCCAATTTCTCGGCGTGTGTTCCGGTTCGCTGGTTCGGCGCAATCATCGTGGAGTGGGTTTGCTGTATTTCTTCTGG
CCTGACGCGGGCTGGAAGCATGCCAGGCCATGTTTCGAGTACGAACCTCAGTTGGCTGTGCAAGGGCTGCTACACAGCGT
CGTCTGTCAGGAGCAAGTTCGAACCGCCACCTGGCTGGCCAGTTGGCCTATGACTGGTGTTCGTGAAGACCGGGATAG
TCGACTGGATGACCAACATGACCACCATCGCGCAGGACGGCCACGGAGCCCTTCGACGTTTCGATCTCACCGCCAG
GGTGTCTCCACGCTGCAGAACTACGGCCTGGCCGCGCTGTACACGGTTCGATTCGCTGCGCCTGGTGTATTCGGT
CATGACGATCCCGTTGTTCTGATGGCCGCGTTACCGGCCTGGTGGACGGCCTGGTTCGCCGGGACCTGCGCAAGTTCG

GCGCCGGCCGGGAGTCCAGCTACCTCTACCACAAGGCGCGCGGCAGCATCATTCCGCTAGCGGTCTCCCTTGGACGCTC
TACCTGGCAATCCCCATCAGCATCAACCCCTTGCTCATCTGCTGCCCTGCGCCGCGCTGCTCGGGCTAGCGGTATGCAT
CACAGCATCCACCTTCAAAAAGTACCTGTAGGAGACCCGCCGTGCAGTGGACTCACGAACAGTCACCGATCATCCAGTCCG
AAGGCATCGAAGATCCTGGTGCAGCCTTCCGCCGCACTGGCAAGACCACCACCTGGTGGGCTTTGCCAAGGCGAAGCC
TACCCTGAGAATCCTCTATCTCTGCTACAACAGCTCGGTGGAGAAAGCCGCGAAGGGCAAGTTTCCCCGCAACGTAGTGT
GCAAGACCGCCACAGCCTGGCTCATGCGGTGTACGGCATCCAGTACGCCACAAGAAGACGAAGAACCTGCGTCTGACC
GATATCGCCCGCGGACTCGATACCCAAGACTGGGAGTTGGTACGTGACGTGCTGGCCACGCTGAACAACACTACATGGCCAG
CGCCGACGCGGAACCTCGGCCGACCGCACTTCCCGCGCTTCCGCGACAAGGCGTTCCTCACCAGTGCCAGGAACGCTTCC
TCAAGCAGGGCCTGGACATGGCGCGAGTAGTCTGGAGGCGCATGGTCGACCTCCAGGACACCGGCATGCTGATGCCCAT
GACGGCTACCTGAAGCTGTATCAACTGAGCAAGCCCCGATTTGAGCCAGCGCTTCGACTGCATGCTCTGGACGAGGGACA
GGACATCAACCCAGTGATCGCGGACATTGCCATTGGCAGCGCATCAGAATGGCTATCGTCGGCGATCCCCATCAGCAGC
TCTACCGGTTTCAAGGGCGCGGAAGATGCCCTGAACAGCGACTGGATGGTTCGGCGCCGAGGAGCACTACCTGACCCAGAGC
TGGCGGTTTCGGCCCCGCGATTGCGCACGTGGCCAACATCATCCTCTCCTACAAGGGCGAGACACGGAAACTTCAAGGACT
GGGCCCGCAGACGCTGGTGAAAAAGTCCCTCCCGCGGACCTTCTCACCAGTTCATTCACCGCACCGTTATCGGGC
TCATCGAAAATGCCCTGCAGCGTGTGCGCAATAATCCGGCGCCCAAGTTTCTACTGGGTTCGGCGGTATCGACAGTTACTCG
CTGCGCGACCTGGAGGATCTGTACGCATTACGCCGAGGCTGCGCCAAAACGTCAGAACAAAAAGCTGCTCCGGGACTA
CCGCGACTACACCCAGTACGTGGAGATCGCCGAGATCAGCCAAGACAGTGAAATGCTGCGCTCTATCAAGATCATCTCGA
CCTACCCTGATCTACCGGCGCGGATCCTCGAGCTTCCGCTACTGACCTTGACGATGAGCTGGACGCAACAATCACCTTG
ACCACCGCACACAAGGCCAAGGGGCTGGAATGGGATTTTCGCTGCTGCTGACGACTTCAACGCGGACCCGCTGGCCCC
CGACACCGACCCAGGCAAGCGCGACGATGAGTTGAACCTGATCTACGTCGCGAGTGACCCGCGCGATGAAGATCCTCGCCA
TCAACAGCCTGGTGTGCTGATCATGCAGCGGTACGTGGACGACAGAAAAGCTGAAGGAGCAGATAGCTAGCTGTGAAAA
TGACTCAAAAAAATGATATTGGTACAGCGAATGCCTGACATTGACATAAGGCAAAAGAGTTTTGTAGCCAACTCATTCAG
CCTAGGAAGTACTCACACCAAGACTTTAACGTTAGGTACAGCGGAGCATTGAGATGAAGCTTATCCTTGATTTTCGACGG
ACGCCTTCTAAATCCAAGCAACATGCTAGAGGCCCTATCAAAAAGCAGGAAAGAATACAACCATCAGCATAAGCAACGCGC
AAGCATTAAATATAGACACTCTTCTCAAGGCAACAACCACTGCAGAAAACAAAAAATCTCTCAACAACCTTCAACGGC
GCAGAGCTACTGCTAACAACCTTCAGGAAGTCATAAATTCAGCAGGATCATTAAACCAGAGTATCCGCAATAGCCGCACA
AGCATTAAATATAAACACTACTTCTTTCCGCAATATCTACAGCAGGCAACTCAAAGAGTTTTAGCGAGAATCAATGGAG
CCCAACTCAGCAGCGACAATCTACTTAGAGCAGTAAATGCGCGAGGAACAACAACACTAGCATAAGCGTCAACACCGCACAA
GCGGCAATATAACCGCCCTTCTTTCAGACTATTTCATGCAGCAGGTAACACAAAAACATTCAGCGCAGAGTTCAATGGCGC
TCAACTTACTTCAACAACATTCACAACAGCTTTAGACGCCGAGGAACCCGAACATCCATTAGCGTCAACACCGCTCAGG
CGGTTAATATAAGCACCCCTGCTAGCCCTCATCAATTCTGCCAAAGACACGAAAAAGTTTAGCGCCGACTTCAATGGTGCA
CAACTAACAGCAGACAACCTTCAGCAAGCGATCAGCGCTGCGGCCTCGGGTACCAGTATCAGCGTCAACACCGCTCAGGC
GGCGAATATATCCACCCTTTTACAGGCCATCAACATCGCGGGCAACACTAAAAAATTCAGCGCAACTTTAATGGTGCC
AACTCACTTCAACAACATCCAGCAGGCGCTGCGAGCGGCAGGATCAAACACATCAATCAGTATGAACTCCGCACAATCC
GCCAACCAAGCACTCTACTTGAACCTTCTAGACATAGCAAGTTCCAGCAAGCAATTCGAAGCAATTCACAACGGCGGCAT
GTCTAATCCTAGCAACCTACAACAGATAGTTTTCTCGTGCAGGCGCTAGTGCAACCGTGTTTATTTCCGACGCACAAGGCC
TACCAATCGCAAATATCCTTACCCTTATATCATCTGCCGGATGAGACTTATAGCCGTGGATGAAAAACACACCATCCACG
GCTATACCCTAGTCCATACTGCCTTTTATCTGAACTAGCCTTCCATCGACAAAACCTAAGCTTCTGGTACCAACCATTCCT
TGGTCCGTATACCCAGTTTTTCGACAGTAGCAGCCCCCGCACCATATAGCCACTACCATCCACTGCGGGCCCTTCAACTT
TACGGCTATCAGGGTTGCCGCACTTCCCTAAGCACATCATCAATCAAGTCACCCCTCACTAACAATTGCCGACCCGCAATCGT
AATGTAGCGGCAGCCACCCATAACTGTCCAACATAGCAGCCATGGCTAGCAAACTCCAATAGAGATGTTTTCTAAGCAT
CAGCCGTCTCCCTTAGAAATATATATGAAATATACACCCAGACGTCCATACGTGTCTCTAAACCCGCCAACACCAGAAA
TTCAGTGGTGTAGCTAGCTAGTATTTTCGGTTGAGGCCCTCTCCTGCTCTTGAAACCGTGCGGTTCTACTCGAACCCGCT
CAGGAGCAGCTCATGAAGCAGACCTTCGAATACCATGTCGATAAACATCGTCAATCCCTACAAAACCTCAACCAAGGCGT
CGCGATGTTCAAACACAAAGAAGACACCTTGAACCCGACGACCACGCTTGTCTCAACCCCTGCGCTGCGCCGAGGTCG
TGCGTCTGGGCCAGGAAGGCTGGGAGCTGGTGAGCGTTCAGCCACTCATGCGGGCGTAACCGAGATCGGTAATCAAAAC
GCCAAGGCTGGGCTTGGGGCGTGCCTCTGCCCGTACGCTACCTGCTGTTTTTCAAACCGCGCAACCTCATAAAAAAATAC
CCCGGACCCGCGCCGAGTATTTCTTGGGAATGGAATCAGGGCGATCGGCAAGCTGATCGCACCCCTGATCTGCAAGAGAT
TCGCCGTGAACACTCCACATCCATCCCTTCGCCGAAGCTGCCTGGCCGTCTTGGCTGCACTGCGCTGGTTCGCACAGGGA
GCTTTCGACGCGAGCGCTCCGAGCAGGCGAACCTGGAGGTGATGATCCGGCAGCTCAACGCCCTCGAGGACACCGCCCG
CCGCAGTGCCAGGGCGCCGATGAGCCCGGACAGCGCTTCTACTTCGACTACTACGCCTGGCCGTGACCTGCAGCGCA
TCCGCCAAGGCTGCAGGACTACATGACGCCAGCCGCGCCCAACCGCGTGACCCCTTCGACCTATCTGGGAATTACACC
CTGCGCGGAGGGCCGATGCCGTGAGCATGAGCGGAGCCAGACATCAGCGTTCAGGCGCCGCTGGCTTTCCCCCATCG
GCCGGCAGGGGCTGTTTCAATGGAGCAGCGATGACCTTCTTCTGCTGTGGTCCGCCTGGGCGATGTACAGCACCTGGCG
CGGCTGGGCCACCAACAACCTCGACAGCGCCACTGCCGGCGCTTCCGCGATACGGATCTTGGTCCCTCCTCGGCATCACCT
CTTTCTTCCCTCCTCAGCTGACCCATACGGAGACACTCATGCTGAAATTCACCCCTCCAGAAAAGTCCACCCCTCTGCCTGC
GCCTGGCTGCCATCTCTTTGGTACTCCCAGGCGTGCCTTGGCTGCACTCCCCAAGCCGAGGCGCCTAGCCGCGGGGAA
GGGTTCGGGAATCATGCAAAACCATCCAGAATTCGGCTATGACGGAGCAATGCTCCTCGCGCTACTCATCTGCGTGGCTGT
CTTTCTGGGGTTCGTTGGCATACTACGGCACCTATACGCCATCCATGATGGGAAAAAGAAGTGGTTCGGATCTCGGAG
CGGCGTGGCCGTAGGCACTCGCCCTGCTGATCTGATCATTATCTCTGTCACCAAGCCACCACCATCATGTAAGGGCCT
TCCCATGCCCCGAAGGACATCTGTTTTAGGATGGGACCCCTCAGCTTCCGCGACCCGCTTGAACCGGCAACCGGTTGTTCA
TCGGCGCCTGACTGCGGACGAAATGTGGATCACGGTCTTACCAGCGGAGCAGCCGGTTTCGTAATTCGGATTCGCCGCT
GCCTTGGTTCGAGGTAACGCTGCCTGCATTCCACTGGGCGCGCTGCTGGTTCGGCGCCCTCGGCCCTGGGTATCGGCAGCCG

CGTCCTGCGGCGGATGAAGCGGGGGCGGCCGATACTGGTTCTACCGCCAGGTGGAGTTGGCCCTCTCGCTGCGCGTTC
CCGTCTTCGGCAACCGTTCGCCTGGTGACGCGCTCCGGCGCCTGGACCAGTCGACGCACGGAGTCCCATGAGTTTCAGAA
AACACACCGCGCAACAGCAGGCACACATCAACACGTTCCGGTTCATCACCGGCTTCTTGTGCATGGTCATCGTGGTGCTG
GCCTACTGCGTCTGGGAAGCCCGCAAGGACCTCTGGATCCACATTCGCCCCGACCTGCGCTCAGGGAGCACCCGGTTGTG
GTGGGACATTCGCGCGGAGAGTGTCTATGCGTTCCGGCTTACATCTTCCAGCAGGTACAGCGTTGGCCCAAGGACGGCG
AGGCGGACTACAAGAGCAACCTGTTCCGCTACGCCGCTACTTGACGCCTGCCTGCAAAAGTCTTCTGGAGAAGGACTTC
GAGTTTCGTTCGTAACGCCGGTGAGCTCAGGGGGCGGAGCGCACCACCTCGGAAATCCCCGGTCGAGGCATTGGCGAGAG
CAATGGCCCGGTGATCCAGCACTCGATCAATGACTGGACCGTCAACCTGGACATGGACAGCACGGAGTATTACGCCGGCG
AAAAGATCAAGCGCGCTGGCCCCGTACCCGTTGCACGTATCCGCGCCGACGTGACCCCGAGACCAATCCCTTCGGC
CTGCAGTGGGACTGCTACTCCGATACGCCTCAACGTATCGAAGTTCGAGGACCCGGTCCGCCCCATCAAGCGGGAGGGAGG
TCTATGATCCGGAAGTCGACAGCCACGCTCTTGCTGATGCTTGCCCTTCCCGCACTGGCCCAAGCGGTGGAGATTCTGCG
CTGGGAGCGCATTCCGCTGGCCATTCCGTTGACGGTTCGGCCAGGAACGCATTGTATTTCGTCGACAGGAACGTGCGAGTTG
GCGTTCCCTCGGGACCTACAGGGCAAGTTGCGCGTCCAGAGTACCGGCGGTGCACTCTACCTGCTCGCCAACGAGCCGATT
CCTCCGGCGCGCCTGCGCCTGCAGGACGCGACCAATGGCGAGCAGATGCTCATCGATATCGCCGCCACCGAAGCCGCGAGC
CGATCAACAACCGCGCGAGCCGGTTCAGGATCGTCGCCGGCGAGCCCGTGGCTCCGCACTATGGCCAGCCCCGGGAAGCCC
AGCCATCGGCAGCAGCGAAACAGACCCGAGCAGGACAGAACCGAAGGCCGTGCCGCGGAAACGCCCGTCCCCGTGGTT
CTGACGCGCTATGCGGCGCAGATGCTCTATGCCCCGCTTCGCACGGTGGAAACCGGTAGATGGCGTCGGTCAGGTGCGCGT
CAAGCGACAGCTCGACCTGACCACCCTGCTCCCCAGCCTACCCATCACGGCTACCGCCATGGGCGCTGGCGGTGGACG
ACTACTACGTACCGCGGTGAAGCTGCAGAATGCCAGCGCCCAGCACCTGGCCCTGGATCCCAGGGACCTGATGGGCAAT
TTCGTGCGCGCAACCTTCCAGCACCCGTAATTTGGGACCCCGGGGCGACGCTTCCGACACCACCACCGTGTATCTGGTGAC
GCGCGGCCGCGGCTTGGCCGACGCGCTCCTGCCCTCCTCCATCAGCCAGATCGATCCCAGGAGGGCCGTCGTGGCGCTG
ACCGGTAATCCCCTCCTGAAATTGCTGGTCATCCCCGTGCTGATCGGGCCATCCTGATCGGCGTGAGCATGATGGGCAA
GAAGGAAAGCGCGCAGTCAACAAGGCGCCGCAACCCCGACGGTAACGTTCGGAAGAAGCGGCAACCCCTGGGCATCGACGGCG
ACACGCCCGCGCACACTGCGCACCATCGTGGCGGAAAGCCGGCAGCTCAAGGACCAGATCAGCAAGGTTCATCCAGGAG
AATGACTCGTCAAAGCCGCCAATGAGAACCTCAGGGCCGCTGCGCAACATCGATCAGAACATCGAGCAGAAGTCAA
CAACACCGCCCAAGCTGCAGCAACAGCAGGAGAACCCTAGCCAGCAGTCCCTGGACCAAGTACAGAAACCGGCTCGAGA
ACCTAACCCACGTTCCCGAGGCCGCGACACCCGACCTGCCCTAGGATTCGGCGTGCAGCAGGATGGCCAGCAGCATTT
CAGGGAGCGGGCTCGTCTTCATCGACATCGTCTGGATCGAGCCCCAGGACGCCCCGCGCAGTCGATGCCAATGGCCAGCC
GCTGGCCGCGGCTCCACCACCCAACCGAGCGGATTAGCTTCCCGACCTCCTTCGGCAATGCGGTTCGATCGCGGCCAGA
ACGCGCTGGAGCGGATCGATGACGGGCTGCACCCCGTCCGGCAACAGCGATCCGACCTCGAGAACCAGCAAGTTCGTCCGC
AAGACCTACACGCTGCCGCGAAGTTCGACGCTCATGGGCTCGGTGGCCATGTCTGCGCTGATCGGTTCGTGTGCCGGTTCGA
CGGGACGGTCAATGATCCTTACCCGTTCAAATCCTCATCGGCCCGACAACCTCACCGCCAACGGCATCGAGCTGCCGG
ACGTGCGCGGCGCGGTAGCCAGCGGGACCGCTCGGGCGACTGGACACTCTCCTGCGTGCCTGGGCAGATCCGCAGCCTC
ACGTTTCGTGTTCAACGACGGGACCGTGCACCTTCCCGGCGCCGGCCGAAGAGGTGAATGACAACCAGAGCAACAACAA
CCAGACCGCCAGCGCCGACCAGAAAACCATCCAGGGCGGCTCGGCTGGATCAGCGACCCCTACGGCATCCCCTGCATCG
CCGGTTCGATCGCCGATCCAATGCCAAGGAGTACCTGGGCAATCAGAGCCTACTCACGGCTGCCGGGGCCGGCATCGCCAAA
CTCCTGGACGCCGACGAGAACAACACCAGTACCGTCTTCAGCGGCAACGGCACCCAGCTTCGGGACGACCAGCAACAG
CAACTCGGCCCTCAACAGCATCCTCTCCGGCGGCGTTCGGCGACATCCGGCAGTGGATGAACAAGTTGTACGGGGAGGCCCT
TCGCCGCGCTTACGTGCAACCGGGCGCGCGGGTTCGCCGTGCATCTCGATCAGCAACTGGCGATCGACTACGAACTCAAG
GGCCGCAAGGTTCGACTACAGCTCTGGAGCCGCTCATGCAACAGCAGACCTGGACTAACCCCTTCTTCGTCTCTGCGCCG
GCCTGGCCTGCGCGCTGACCCTGGCAGCGTGTCCACCAGCAAGGAGGAGATGCTGCCCCACGGCGAGGCCAACATGCTC
GACGTCTGGGAACAAGGTGCAACACAGCTCGATAGGCAACAGCCGTGGCCGGCTGCTCCTCGATGCCAGGCAACCGTGGC
GCGCCGATCGATCCGAGCAGGCTGCCTCCGCGAAGCAGGACCGGCTACACCCGACCGCCAGCAACGAGATCCACA
GCCAGTTCAAACAGCTGCCAATCCCGACCTGGTTCATGATGTTGTTCCCGACCTGGCCGCGCAGTACCCGCCCCGGTA
CCGGGCTACACCACCGTGTTCCTTACCAGCGAGTCCAGTACGCCATGCCGGGCGAGCTACGGGACTACTAATG
AGCCTCTTTCAAATCTTCTGCGCGGTTCGCACACAGCCTCAGTTCGGTACCGGCGAGAGGCTCCCGAAGATTTCAGGAGCGCT
GGACGTAGCGGCCGCGGAAGAAGCGACTGAGCGCTATCTGGCGCGACTGGCCGCCATGGGTATTCTCTGCCCAACACCG
GGAGCAAGAATGGCGCCACGCAGGCTGAAGCGTCACGCCTTACGATCACGACCCATCGTTTCGTAGACCTGCTGCCCTGG
GCTGAGTACCTGCCCGACGAGCAAGTGTGCTCCTGGAGGATGGGCGTTCGCGCGCCGCTTCTTCGAGCTGGTGGCCCTT
GGGCACCGAGGGCCGCGATCCCAATTGGATGCAGAACGCCCGGACGCATTGAAAGAAGCCCTGCAGAATCCTTCGACG
AGCACGAAACCTCGCCCTGGATCGTCCAGTTCTACGCCAGGACGAGATCAGCTGGGACAATTTCCAGGAGCAGTTGAGG
CAGTACGTCCATCCTCGAGCGCGAGGATCGGCCTTACGCGAGATGTACCTGGCGCTCATGAAGCATCACCTGGAGGGCAT
TTCGAAGCCGGGCGGACTGTTTCGTGACACCCGCGTTCAGCAAGCTGCCCTGGCGAGGACAACAGCGGCGCGTGCAGGATGG
TGGTCTACCGCCGGATCCGCAACGCGGATGCGCAGATTCGCGGACAGGACCCGGCGGCGTATCTGAAATCCATCTGCGAG
CGTATCCAAGGCGGCTGGCGAACGCCGGTATCGTTCGCTTCGCGCATGAGCGGCCAGGAGATCAGGAACCTGGTTGATCCG
CTGGTTCAACCCGCACCCGGATCACCTCGGCAAGACCGATGCGGATCTACGTTCGTTTCTACGAACTGGTCTGCCGGCCGG
ACGAACCGATCCTGCAGGATGAATTACCACTGGCCGACGGCACCGACTTCTCCAAAACCTGTTCTATCGGCAGCCTGTT
TCCGATGCCACCCAGGGCGTATGGCTCTTCGATGCCATGCCGACCGAGTGTGCTGGTTCGACCAGTTGAACAAGGCGCC
GCTGACAGGGCATTTCACCGGTGAGACGCTCAAGGGCGATGGCCTCAACGCCCTGTTCGATCGCATGCCCGAGGACACGC
TGCTGTGCATCACCATGGTTCGTGACGCGCAGGATATGCTGGAAGGGACCTGCAGCAGCTCTCGAAAAAGGCCGTTGGT
GACACCCAGGCATCGATCCACACCCGAGAGGACGTGGCCACCGTAAAGACCCCTGATCGGCCGAGAGCACAAGCTCTATCG
CGGACCGATCGCTCTGTTTCGTGCGTGGCCGCGACCATACCCAGTTGGAGGAACGCTGCATCACCTGAGCAACGCTGCTGC
TCGGCGCCGGCCTGGTGGCCGGTCAACCCGAGAACGAAGTTCGACCCGTTGAACAGCTACCTGCGCTGGCTGCCCTGCAAT

TTCGATCCGAACGAGAAGCGAGCCCTGGAGTGGTACACCCAGATGATGTTTCGCGCAGCACATCGCCAACCTGTCGCCCAT
CTGGGGGCGCACCACCGGTACCGGGCACCCTGGCTTCACGCTGTTCAACCGTGGCGGTGCACCGTTGACCTTCGACCCGT
TCAACAAGCTGGACCGGCAGATGAATGCCACGGCTTCATCTTCGGGCCAACCGGGTCCGGCAAGTCAGCGTCCCTGACC
AACCTCATCAGCCAGATGCTCGCCATGTACCTGCCACGGATGTTTCGTCGCGGAAGCGGGCAACAGTTTCGGCCCTGCTGGC
CGACTTCGCCAAGCGGTTTGGCCTCTCGGTCCACCGGATCCGCTCGCCCCGGGCTCCGGGGTCAGCCTGGCGCCGTTTCG
CGGACGCCATCAAGCTGGTTCGAGAGCCCCGACCTGATGAAGATCTTGGATGCCGAAGACATCGAGGACTCGGTTACCGTC
CAGGGCAACAAGACCGACCTCGAGGACGACCAGCGAGACATCCTGGGCGAGATGGAGATCGTCGCGCGCTGATGATCAC
CGGCGGCGAAGAGAAGGAGGACGCGCGCCTGACCCGTGCCGATCGCAGCGCCATCTGCCAGGCAATCTGGCGGCGGCCA
GGACCTGCGCCCGCGCAACCCGACGGTACTGACCCAGGACGTGCGCGATGCACTCTACCAGGCTCCAGGAGCGGATGGC
ACCGCGCCAGAACGACGCGCGGGTGGCCGAAATGGCGGAAGCCATGCAGATGTTTCGATGGGCGCCGACGCGGAGAT
GTTCAATCGCGAAGGCACGCCCTGGCCTGAAGCCGATCTCACCGTGGTGGATTTCGCGACCTACGCGCGCGAAGGCTACG
CCGCCCAGCTCGGAATCGCCTACATCTCGTTGCTGAACACCGTAAACAACATCGCCGAACCGGACAGTTCAAGGGCCGG
CCCATCGTCAAGATCACCGATGAAGGGCACATCATACCAAGCACCCGCTGCTGCTGCCCTACGCCATGAAGATCACCAA
GATGTGGCGGAAACTGGGTGCCTGGTTCTGGCTCGCCACCCAGAACATCGATGACATCCAGCCTCCGGGGCGCCGATGC
TGAACATGATCGAGTGGTGGTTGTGCCTGAACATGCCCCCGACGAGGTAGAGAAGATCTCCAGGTTCCGCGAGCTGTCCG
CCGGCGCAGAAGTCGATGATGCTCTCGGCCCCGAAGGAAAGCGGCAAGTTCACCGAGGGCGTGTCTCTGGCCAAGGGCAA
GGAGTACCTCTTCCGTGTGGTTCCCCCGAGCCTCTACCTGGCCCTGGCAATGACCGAGAACGAAGAAAAGAACAGCGCT
ACAACATCATGCAAGCCACCGGCTGCGACGAGCTCGAGGCGGCCCTTGACGGTTCGACGCGGATCTCGACAAGGCGCGAGGC
CTGCCGCCCTTCCCCATTATTTTCCCAGACCAACCGGCAGTGGAGTGCAGGACGAATGAGAGCTCTGAATTTCGCTGACC
CAGAACCTGATCGACAACCTGACCCAGATCCTGCAGAACCCCCGAGGAAGATGCCCTGCAGACGCTCAGGATATGCGCTCC
TGTACTGATCGAAGAGTTGCAGCAGATTAACCTGAGGGCGGTTCGATCGCCGGGATATCGTCCCGCAGATAAAGCAGCTCC
TGGATGAATGGCTGCAACAACATCCACAGCCTGATACGGCCCCAACAGGCGCTCATCGAGGCGGTGGACCGCGCGGAAACC
CCACAGCGGAGGCAAGCGTGAGACTGTTGAAGGGCGGCTGGGCAGCGAAACGATTTCAAGGTCCCGCCCTGCCCTGGGCG
GGGCTGTGGTCTTGTGGCTGCATCCGCCGTTGGGGTAGAGCTTCTGGTGAAGGGGCTGCCAGCCAACCACAGCCTCTA
CGGCGATGCGAAAGCGCGCTGGACGATCAATGAATACGCGACCTGGAGTGGCCCTTCTGCAAGGTCTACACCCCGCGGC
TTAAGCTGGTGGTAGACCACTCCGGACGTGACCTGGTTGGCGGATCTTCCCTGCAGATGCATGGCGAGGCGGCC
CGACCACAGGCTCGCTGGTGGAGTGCAGCGGGGATCCAAGGCGCGCCAAAGCCTTCTGGAGCGCTATCGATCGCATCTT
CGCTCAGTCGGCCGGCAACGGGGGCGGGCTGGCTGGCGGCACATTGGACTTTCTGAACCTGGACCAGCTCTCGACTGGAGA
AATGTGCGAAAGACATGGACCTGGTGGACCAGTTGATTAAGACGGACATCGACACTGCACGGTTCGAACGGCATTACAGCG
ACCCCGACCCTGGTCATACGGGACAACCAGACGGGACGAAGCGTGAAGCTGGAGGGAATGGCCGACGAAACCACGTTGCT
GTCGGCGATAGACTGGCTAGCCAAGGATCTCTAGCGTCGCGCCAAGAGACTCTTGGCTAAGAAAATCGGCGAGGATCCCAA
CATCCCTCTTTTGGGCCTCCAAGATGCCCTGCACTTCACTGGCAGAACCTCGACCTCCTCCCCATCCACCATCTTCACA
ATTCTCTTGGCGCCGAGCTGGTGAGGCTAAGCCTCAACTCCATCGCCGGCCGGGCATTGATGTAATGCTCTCGAGCAA
GCGCTCCATGACTTCGACCACTCCTTAACATCAATTAGCCAGCTACATAACAGGAATTATGCTACCCAGGACATGAAGGCG
TCACCCCTACTTATGTACGCAGCAGCGCTCGATCACGGCTCGAAAAAATACACCACCTACGAGTTGATGATTTCTCCTGCAG
CTCCATCGGAAGCGATCCTGTCTCCTGTCTGTACCTTCTCGAATCGGTACAGACCCATGCTTCTCCATCACTCTCCCC
TGGCTGGCGGCCACAAATGCTGGTCGTTGGCTTACTACTGATACTGCTGAGCGGCGCGAGTCAGGCCGAAACCTGGATCA
TCACCGACAAGACTCATCCGGTCACTGCTACCCGATCTTTCGCGCGTTCGGCTTCGGGACGCCCTTGAACACCTCGAGAA
ACAACCTGACTGCGGCCTTGTCCCAGGATCCCCGGCATTTCAGCGGTAACCTTCCAACACAGCGCAGATTTTTCGGCCATA
CCTACTAAGTTTTCACAGTAAATCCTCCTCATCAACTCCTGGCTCTGGGCTATAGGTATTTGCAGTAATCACACAAGAGCA
GGGGATCATGGACCGAGTTATCATCGTCGGCGGCGGAGTAGGTGGCACCATGCTCGCCAACCTTCTCGTGCCAGGCTCT
ACGCTGAGGTCCTCAGCGGCAGAGTGCAGGTGATGCTATCGGATTCGCCGATCACTACTACAAGCCGGCGTTTCATG
TACGTCCGCTTTCAGCAGTTCTTCTTGGAGATCTGAAGCAGCCGGAACGTTTCGCTGTGCGCCAGAAGTGGAGTTCCG
AGTCGACAGGTTGGTCCGCTTCGATTTTCGCTCGCAAGAAGCTGCATAACCCGACGTGGCAAGCGGACCGGTACGACTATC
TGGTCAATTGCCACTGGCTGCGTGCCGGCTCCCGAGCGGATTGAAGGCTGAAGGAAGCCGCGCAGCACTTCTACCAGTAC
CAGCCGGCGCGCCGGCTGGCGGAGCGCCTTGCCAACCTGGAGTGGGCGGATTTTTCATCACGGTGAGTTTCCCGAAAAC
ACCGAACGTGCCCCACCAGTGCGGGATCGCGCCTGTGGAGACCACCCTGATGCTCGATGACTATCTGCGCCGTCGGGGCG
TCCGCGAACGTGTGGAGATCGTCTACACCTATCCACCCTGCCCAGCTGCTACGCAACTGCCTGTTCTTTCGCAACGGCCA
ACCTGCGAGATCCTGCCGAGTCTATTCGAGCAGCGTGGCATTTCGTTTCAGCGTGGTTTACCTTGGCCAGGGTCGACCC
CGAGCGGCGCATCGCCTATTCCGAAGAGGGCGATGAGCAGCCCTTCGACCTGCTCATGGCGACGCCCGGATTCGCGCAG
TGGATGTCGTAGGGAGTGTGGCCTGTGCAATCCGCCCGGACGAAGGCTGGTTGCCGACGAACCATGAAACCTTGCAG
GTGTATGGCGCCGAGCGGGTGTATAACCTGGGCGATAACCGTCGATCTACCGGTGAGCAAGGCCGGAGGCGCTGCCACAA
CCAGGCGCCGGTGCATCGCCAGCAACATCGCCGCTGAGATCCGCTCGGCAGCCCTTGCGCAACCTACGACGACGGGTTTC
AGGCCGTGCGACAGATGGGCCTGAACACCGGCATGCCGCTATGGTACGACTACAGGCACGACGTCCAGCCGACCCCGCCA
ACCAAGCTTGGCGGTCTGTTGCGCCAGGGTTTTCAATCGCGGGCTGTACTGGGCGGTTCGCTCGCGGAATGCTTTGACCCCA
CACGGGGAGGAGCCGACATGGATAGCCATCAGCAGCCTCGCGCCCGGGCGCAGGCCGATATTTCCCTGTTCCCCCAGCAG
ACCCGGGAGGGCCTGCAGGCCCTGCTCGACAAGCTGCAGCCACTGATCGAGGGCCACCCTGGACAACCTGGTTCGACCT
GCTCTCGCTACTTTTCGGATCTCATCGACCTGCTCGACCCGGCCATGGTGGACAGGCTGGCATCGCTCTTCGAGCAGGCCA
CCAATGTCCGCTGGTCCGTCCGCAACGCAGTGCAGCGTGGCCAAGGCCGAGGTGCTGCGTGAGCAAGCGCCGAACCTTAAA
GACCTATTGCGGCTGTTGCGGATGCCGATAACCGCAGCCTGGCGCTAGCCCTGGGGACCTTTCGCGAGCCTGGGGCG
CCAGATTTGCCCGGAGGAGATCACCCATGGTGCCTGACGACGACGACCTGCGAACACCGAGACACACTGGGAT
CCTTCCGCTACATGCAGTTTTCGCCGCTACGCCAGCGGCCGGTGGTTCGAGCTGCTCATATCGAGATGCACGCCCC
CCAGCGGATTTATGACCTCGGCTGCGGCACCGGCATTGCCACCGAATTGCTCGCCCCCGCTGGCCGGATGCCGAGTTGC

ACGGCGTGGACAGTTCCGCGGAGATGCTCGCAGAGGGCGGCGCTTGCCGATCAAGGCATCCTGGGAACGTGCCAACCTG
CAGCACTGGTGTGCCGAGCGTCCGGGCAGCCTGATATTCGCAGCGGGCGGTGCTACATTTTCATTGAGCGCCACGGAAGCCT
GCTTCCGCGCCTGCTCGGGCAGTTGAGCCCCAGCGGCTGCCTGGCGGGCACATGCCGAACCTGGCGCGATGCATCCTGGT
ATCGCCTGATGCTCGACGCGCTGGACAGCGCCGGTCTGCTGGCTCTCCACTCGGCAGCCCAGCGCTGCGCTACCTGATG
CAACAGCGCAATGTGCTGTCCTTAGACAACACTACCGCCTGCTGGCACCGCTCTGCGCAGAGGTAGATATCTGGGAGAC
CGAGCACCTGCAGGTGGTGGATGGTAACGACCCGATCTTCGACTGGGTGAAGGTGTCAGCCCTGCGTCCGGTGCCTCGGC
AGTTGGACGAGGAGGCCCGGGCGGCTTTCCCTCGATCGTTACCTGGAACCTGCTGCACCGTTACTACCCACGGGAGCTAGAT
GGACGAACGCTGTTCCCGTTTTCCGCGCGTGTTCATCGTCGCCAGCCTTGCGCCACTGAAGACTCGGGCAAACCTCCGCCC
TAAGGATGAAGCTTAACCCCTGGCGTACAGAATAAGCAAACAACCGAAAATCCGCTAGAAAAATACTCCGTCGTCGCAC
TGATGATTTCTGCTGCCCATCGGAAGCGATCCTGTCTGCTGTCTGTACTTCCCTCGAACCGGTACAGACCCATGCCTC
TTCATCACTCTCCCCCTGGCTGGCAGCCACACACGCTGGCCGTTGGCTTACTACTGGTACTGCTGAGCGGGCGGAGCCAG
GCCGAAACCTGGGTATCACCGACAAGGCTCATCCGGTACCCGCCACCGGATCATCGCGAGTCTGCTCCTGGATGCCCA
GCAGCACCTTGAGGAGCAGCTGACTGACGCTTACCCAAGGATCCTCAACAAGCTCAGGCAGCATTTACAGCAGTTACTAC
AAAGCCCTGCGGGGCGACGCTGCAGGCAGAACTGGTTAAGGCACAACAAGACGTCGCCGATGCGTGGAGTCTCGGTGTC
GAGAAGATCCCTGCCGTGGTAGTCGACAGGCAGTACGTGGTCTACGGCGAGCCGGATGTACCGCGCGCGCTTGAGCTGAT
CGCCAAGGCCAGGAGGTGCGCTGATGACCAGCCACAACCTCCGCCGCTGGCAGCGGGCGGCCACCTTACGCTCTC
GTTACGGCCTCGGCCGCGATCAACAGCGCCGCCATCGTCTCCTCCACCTTTGCCCCAGTGCCTCGAATAACAAGGTGCG
TCGGGATCTGCTACTGGCTGCTCTGCGGCCACATGGCTGCAAGGTGAAGACGTCGGTCAAGTCCGCCACTACGTGCCT
GACGCAGTCGTCTCCAGCTATGCGAATACCGGGAGCAACCCCTGGACCGAGGTGTCGGCGCTGGGCACACCGAATCCACT
CGCCCAGGCCGGCAATGACGCGACCACCAACTACAAGACCGAGAACAGCATCGGCCGCTTCAAGGAAGCGGATGTGATCG
GCCATCCTGGCGGAGCCACGTTACGCCGGTTGCCAGCGCCTCTGGGTACGTTTGTCTGGCGCTACCTTCCCGCTGGTG
CCCTACTTCTCAGCACACTGGACGCCATTGGCTGGCGGCATGGAATTTCCCGAGCAGGTGTACCCCGAGGCGTTGGTCCC
AGGGCTGCGCGAGGTGGGGGGAATCTTCTCCGGCGACATGTGGGGGAACCTCTATCCGCGCAGCGGATTCCTGCACCAGA
CCGACGACTACAAGACGGCAGCCGTCATCGCCCAGCGCGCCGGCGATATCACACGCGAATCGGCCAACTCCACGTCTAC
CTCCCCATGCGCGCAGCCCCCAAGGACGGCTACTGGCCGGCGGGCGAGCTGAAAGAGGGCGATGCCTTACCGGGAAATG
GCAGGAGTGAACCCCTCCCTGAGCCTCAACTGCGCGGTGTTTCCCACTCAGGACCGAAGACCGCAAGCCCTCGACGGCG
ATTACGCTGGCGCTCTGGCGTCCCTACTCTGCTGCCAGCGCAAGGGCAGATCTTCTCGGCAGTACCGACTTCCAA
TAAGGACACGGAGACGAATCATGCGAATGAACATCACCTCGGTCGCACTGACGTGGCTGCTCGCAGCGCAACTTGCCAG
GCCGACGACCCGATCAACGTGTCCAAGACCGGCACGGTGTCTAGCGACGAGGTCTCTACAGCATTTGGCGGCGGCAGCGC
GGTGAGCATGGGCAGCGCCGGCCAGATGGACTCGATCGGGCTCGGCTTTCGGCTGGAAACAACGACATGATGTGCGGAAACA
TGAACCTGAGCACCACCCTGGAGAACCAGCTCAACGGTGCACACAGGGTTTCCAGAACATCATGGGCTCAGTCATCCAG
AACCGACCGGCGCGGTATGTGCTGCCGGCGTTGATCATCCAGCGCGGAACCTCAGCTCTACAACCTGATCACCAA
TGGCATCCTGCAGGCGCGGATCGACTACGACCGCTCGAAAGGGACTTGCAGAGCGATCGCCGAGAAGATGGCTGACATCG
CTGGCGAGCAGACCGGCTGGGGGAAAATCGCCGAAGGCCAGGCCCTGGGCGCCACGCTGGCTCTGGCGGAAAAGACGCC
GTATCCGCCCTCGAAGCGGTGGAGAAGAAGGGCGGCAACGATGGCGTAACCTGGGTGCGTGGAGACAAGGCCGGCGGCTC
CGGCCAGAAGCCATTGCGATCGTCAACGACGTGACCCGGGCGGGCTACAACCTGTTGACCAGCCGCTCAGTGAATGACT
CGTCGAGCGTGCCTTCCGCCACATGCAACAATGGCCTGGTCTGCAACACCTGGTCTCCCCCAGGAAGCCGCCGCGTTC
GCCACCCGGGTACTGGGCGAACAACAGCAACAGACCTGCGAAGGCTGCCAGAAGACGGTGACGGCTGCAGGCGTGGCCCT
CACCCCGCTGATCCAGGAGACCTACGACAAGAAGCTCCAGTGCCTGCAGGAGCTGCTGTGCAAGAGCAAACCACTGACTG
CAGAGAACCTGGCTGCGGCCGGCACCGATGCTCTGCCAATTACCCGCGGGCTCATCGAGGCGCTGCGCGACGAGCGTGAC
CAGGACGTCTGGCGCGCCGCTGGCGTCCGATGTCTCCCTGATGGACGTGCTCAGCAAGGCACTGCTACTGCAGCGCCT
GATGTTCCGCGGCGCCAAAGAGCCCAACGTGCGCGCAACGGCCTGGCCACCCAAGCCGTCGATCAGCAGACCAGCCTCC
TGCAGCAGGAGATCTCGAACCTCAAGACCGAATGGAATCCGTCGCGAGTTGGCCAGCAATTCGCCCATGCGGGTTCATC
GAGCGCGGCAACAGCGCGCCTCAGGGTCCAGTGGCGTGTTCGAGTCCGCGCCGATGATCGCTCGATCGCTCGATCGCTGCA
GGCCCCCTCTGCCGCGGGCGCAAGTCGGGAGGGAGACCGTGTGTCAGATACGCTCACCACCCGAAAGCTCTCGGCCA
GCTACTGGTGGAGTGCTGATCGTCTGCTGGTCTGGCAGTGGTGGTACGCTGCTCAGCCTCTTCCGCCCTGAACCACTTTCG
GCGGCATCCAGGGCCTGGAGGCTGGCGGCAAAGCAACTACTGGAGTTTGTCTCTCTGGAGGGCGCTGCTGTACTGCGCC
CTGGCCATCGCCTGGTTCCGGCTCAAGCAGCGCAGGGAACCTGAGCGCGCATGAGCGGCAGCGCATTCGGCGGATCGAGAT
CCTGGTGTGTTGCTGATCCTGCTCATCGAATTCAGCAAAGCCTACTTCCGCACGGGAGGCGCAGCATGACCTTCATGAC
CAATGACTACCTGGAGTATTACCTCACCTCCTCGGCTGGATCATCAACAACGGGATCTGGAACATGATCTCGGATACAG
GGCTGTTCCGCGGTGCCCTTCGTGGCCATTGTGATGCGTGTGAGTGGCTGAAAGTTTCGCGGGGAAGGCGCCGACGAGGGCAAC
AAGGGCGTGTGTCTCTGGCCCCGATCGAGACGCATATCTACGTCCGCTATATTGTGGTGCCTTTCGCGGCATCCCGGT
CGTCAACGTGAGCTTCGACACCATCGAGTTCGACCAGGCCCGCGCCAGCAGTGCCAATAACAATCTGCCGGCACCGGCGG
ACACCGGCTGGTTCGAGCTCCTTCAGCAGCCTGGCCGGCAAGAGTGCAGATGCCGCTCTGGTGGGCGATGATGCACGCC
CTGTCCAAGGGCTTACCAGCCGGCGCGGTAGCGGCCATTCTTGGCGCACGGATCTGCGGCAGATGCGTATGGAGGTGGA
TAACACCCGTGTGAACAACCCGCTGCTGGCACAAGAAAATCGCTGACTTTTCCAGGGACTGCTACGGACCTTCTCGTGC
GGCTGTTTCATGCGGCAACCCGATCTGGGCTCCGTCGCCGAGGACAACAAGGCGCTACAGGACCTGAACTGGATCGGCTCC
CGATTCTGTTGAACACCCCGGGGTAACGACACCGACTACTCGAAGAGTCCCGTCACTGCTGAGTGGCCCTACAACGCCAC
CCGCGACCGCGGGCTGCCCAAGGTGGGCGGTGGTGGTGGCTACCTACCTGCAAGCAGTGGTGGGCTGACTCAGGGATCG
GTTTGCCTGATCGGATCAAGTGCCAGGTGGATCGGACCTGATGACAGCTTCTCAAGTGGGCGAAAATGGTGAACCG
GACGAGGTGAGCGAGGCGATCATCCGCCAGGTGATTTCCAGTCCAGCAGGTCAAGGGCAACGCTTACACCGATTACGG
CGGGCAGGTTGGCGGCACCATCTGGAATGGACTGGCTCGTCCGGAGGACCCCTCGGAGTGCAATGGGTAGCCTGGCTT
ACTTCCCGCGATGGATATGGTCCGCCAGGCGCTGCCGATGGTGTGATGTCATTCTGAAGATGGCCATGGTTCATCTGCATT

CCGATGGTTCTGGTCATCGGCACCTATCAACTGAAAGTTGCCATGACGATGACGGTCGTCTTCTTTGCAATGATATTCGT
CGACTTCTGGTTTCAGTTAGCCAGATATATCGATAGCACGATACTTGATGCTTCTATGGTTCGGGATCACCACATCTTT
CGTTTCGACCCAGTCATGGGACTGAATACGGCGACTCAAGATGCAATCTTGAACCTTCGTGATGGGGGCGATGTTCAATTATA
TTGCCCATGCTGTGGGTAACCTGCTGTAGGCTGGGCAGGCGTCCAAGTTGGAGCTCTCCTCAGCGATCTCAGTAATGGAGT
CAAAGGGGTCCAACAGGCTGGGGCACAGGGTGGTGGCGTAGCTAAGCAGGCAATATCGTCGTCTCACCCAAAGGGGACT
AACAGAAAGGGGCTAACAAAGCCCCTTTTTTATTAATCTTCACGAGAGAGTACTCCATCATCTCTTCGCCCCATCCAGTCC
AATTCATTACCGAAAACATCTCGGCCATATGGAGCTGCTTGGGCCTCATCCTCGTCCAACCTGGCGAAAAATAGAAAAGTTC
TCCCTTAACCAACACAACACCAATCAGCCCAAACGACAACAAGGTCATGAATGTGCTGGCCAGCCAGGTAAAAGTTCTGTA
CAAAGATAACGAACAGCACCACGACCAGGCAGGTCGCTTGACCCAGCGCACTGCAGGCCGACGATCATGCAGGCAGAAA
CGCACAAAGCGTACCCAGACCAAACCGATCCGGGAGGCAAAACCTTTGTTGGTGTGCGCGTTTATCATCAATCTCCTTGGC
TCCCAAAGGGAGGCATCCTGCTATCACCTATACGCCAAAAAAGATGATCTGGCAAGCCTTATGGCATATTATGCCACTAG
CTATCTGCCGACTGGAGCCCCTCATGGCAACTCGAAACGTCGTCTTCCCGATCCGCTGGAGCAGGACATCAACGAGCTG
GTGGAGACCGCCGCTATCAAAACCGCAGTGGAGTTCATCCGGGCAGGCCTCCGCCTGTTGCTGCAGCAGGAAAGCCAGAA
TAGCGCCAAGCTCGAAGCCCTCCGCAACGCAACATCCAGTGGGCTGATGCAACTGGAGCGCGGCGAGTACGACGAGATCA
CCAGCGACGACCTGGCCCAATACCTCGACGAGCTCGGCAACCAGGCGAGCCACTGAAGCATGGCCAAGTACCGCATATCC
CATGATGCCCAAGCGGACATCGTCGATATCCTGCGCTTACCCACAACCGATTCGGCGATGCCGCGCGCCGGTGTACCA
GGCCCTCATCGGCACCGCCCTGGAAGCGGTTGCGACAGACCCACTGCGGCTCGGCAGCCTCAGCCGCAAGAAGAGGGGC
CAGGCCTGCGCAGCATCCACCTCGTTTACTGCCGCTCGATGCCCAACGTCGGTAAGGTTGTTTCGGCGCAGGCACCTTCGTC
TTCTACCGGGTGGCGACAGCTCAGGTCCTCGAGGTGGTTTCGCGTGTCTTACGACTCGATGGATCTGGATCAACACCTGCC
TCCTCGATGAGCAGCCGTAGCAGGAGCAAATGGGTCAAAGGGGAAATGGCTTGAAAGGTGAAGGGAATGGTTACAAAGGG
TAAAAGCCCTACCCGAAAAGGTCGCTGGAGGCGGAAAAGGCCCGTACTCGCTCCGAGTCAAACATATGGTTTGGCTAGC
ACCTCCATCTCATCTATGCCTTTCTGACTGGAATATAACCCCTTTCGACTATTTAGCCATTCATGGCAAAAAGTTAGAAA
GCGATTTTAAATATTAGCCTTCCGCTCAACCAGCTTAATACTCATATTTAAACAATTATACCCAGCTACCTTATTTAGAA
TTTCGCTGCCATAAGACCATGTGCGCTATGTGCATTTTCCGGAGCCTAACCCCTTTCGGTTACTGCACTAAAGGCTCAGT
CGCAAGCGGTGTGCTGACAATCGAGAGGCCACCCGCACCTTGCCATCGATACTCCACTTCGACGCGGTCGAGGAAAAGC
CTCGCGCCGCTGGCTTCCGCTTCTCCGACTCCACCTGAATCTCGTAGTGCCCCCTCCACTCCAGGCTTACCT
CGAAGCCCGACCATGTACCAGGAATGCACGGATCAATCAGCAACCAGGCAACCTGCGCGCAATTCGCACTAACCTTCG
AGTCCGGCGCGGTACATCCAGGCGGCAGAGCCGGTATACCAGGTCCAGCCACCAGGCCGACATGCGCGCCCTCGGAGTA
GATATCGGCGGCCACCACATAGGGTTCCACTCGATAGCGTTCCACCTGTTCCGGTGTGAGCGCGTGGTTGATTGGATTGA
GCAAGGAAAGCAATGTCCCCGCCTTGTCCCCTTTGCCCTGGCGGACAAATGCCAGGACCGCCACATGGCCGCGTGGCTG
TATTGCCCGCCATTCTCCCGCAGGCCAGTGGGTAGCCGCGGATATAGCCGGATCCGTGCCCTCTCGTCGAAAGGGGG
CGTAAACAGCAGCGCAATCGATCGACTGGACGTAGCAGGTACCTCTCCAGTGGGTTCATGGCCATTCGCGCCCGCAGTG
GGTGGCGCCCGCCAGGACGGCCAGGACTGTGCGATCGAATCGATGCGGCAGGCTTACCATCCTTCGAACCCAGCCAG
GTTCCGTCATCGAAGGTGCTCGGCGATAACCAGTGGCCGTCCAGGCTCGCGCTCCATGGCCAGACGCAACCGCCCGGC
ATGTTTCGCGCCAGTGACGGGCTCGCTCAGGGTCACGCGAACGGGCATAGCCATCGAAGCGCGGAGAGTCTCCAGCAGCA
ACCAGCCGAGCCAGACGCTCTCCTGTGCCGCGCCGACCCGACGCGATTTCATGCCGTGTTCCAGTCCGCGGAACCAATC
AGCGGCAAGCCCAACTTACCAGTCCAGCGTCAGACACTGGTCCAGGCTCGTGCACAGTGTGCAATAGCGACGCGGACTG
CTCCGACAGCATCGGCTGGAAGAAGGTGTCTGCTCGCCCTCTTGAACGGCGGCCCTTCGATGAACGGCAGGACTTCGT
CGAGAATCCCGATGTGGCCGCTCGCCTCGAGATACAGCGAGGCGAGCATAACGCCAGCCAGACCCGGTTCGTCGGAATCCGC
GTCCTTACCCCTGTCCCGAGTGGCGCAGCCACCAGTGTGCACATCACCTTCGCGAACTGCCGACCGGCGGCGCGCAG
AAGATGCTCGCGGTGAGCGCCGAGCGGCCAGGGACAGAGCCATGCCATCCTGCAGTTGATCGCGGAAACCATAGGCGC
CGCTGGCCTGGTAGAACGCCGAGCGCGCCAGAGCGGACAGGCGAGGGTCTGGTACAGCAGCCAGCCGTTGAGCAGGATA
TCCAGCGAACGCTCGGGACTGCTCACCTGAACGGCTCCAAGCAAGTCCGCGAGTGCCTACCAACACCCGCGCAGCTCTC
TTCCGGATCAGTCCGACGGTATCGCGTGACAGATCAGGGCATGAGCCAGGAGTCCGCTTGGCCGAATAATCGCAGCA
TTTCCACCACCTCCCCGGTGCAGCTCGATCGAACAATGCTGCGCCATGCACGGGTTCGACCGCCGCCCCGCTGATCCG
GAAAGTCCCGCCTCGCCGAGCAGCGCCGAGGCGCCGAGGGGTACCAGGCGGCCCGAGGAATTCGCGACGATCACCGCT
CCAGCTGCTTTGGCGGCCACACAGGTCGGCGAACAGGACACGCCCCGGGAAAGGCGGCGTTCAGGGGTTGCGCGCAAGCA
GCGCACCGCTTTTCGACATCCTGGCAGGTCTCGATGAAGGCCGCGGATGTGCCCCGGGCGCTGCCGAGTACCGGTTCCGCA
TAGCTGGTGAACGACAGCCGTCGTGACTTGCCGAGAGGTTGCGCAGCACCAGTCCGGAAATCTTGATCGGGTCCGCCAG
CGCGACGAATTGCACCAGATCCATGTGATGCCCTGGCAGCGATGGCCGAAACGGCTGTAGCCGAATCCGTGGCGTGGCG
TGTAGAGCCCATCGTCGCAATCGGCCGCGCAGTGCAGCTCCACAGCGCCCGGCTGTCTCGTCGCGGAGGTAGAAGCT
TCTACGAGGGATCGCCGACCGGATCGTTGGACCAGGGCGTCAGTTGATTTTCGCGACTGTTCTCCGCCAAGTATAGCC
ACTGCCCTCCGCCGAGACCTGGAAGCCGAACCGGGGATTGGCGATGACATTGATCCATGGCGCTGGTGTGCTTTACCCCT
TTTCCAGAAGAATCACGTACTCCTGGCCGCGACTGCCGAAGCCACCTAGCCCATTGAAGAACTCGAGAGCCTCACCCAGA
CTCGTCTTATCCGCCCCCCCCCTCGTCGCTGGCCACCAGTCCGCGCCGTACCAGCAGTCCGAGCCGGAGTCCGGTATAGGCC
GGAGGAGCACAGGGCGGCCAGTTGACTGGCGATCGGCCCTCGCCGGGCGAGCAGTACCACGCGTGCAGCCGCCAGCAACA
GCGCCCTGCCCTCCTGGCTCATGAGATCGGCGCGCAAGGTGTGCACCTGACCGCGCCGCGCCGCTTTCGCCCCACGG
GTACGCGACGGGCTGCTGCGCACGGCGGTCTCGATCGCCACCTGGAGATCCTGGATGTAGGACGAAGCGCGCTCATTGAC
GACTGCCAGGTCCACCTCCAGGCCTTTTCGTCCGCCAGTATTGGTGGAGCCCTCAGGATCTGCCGAATTTGTTCAAGGTTCGT
CGTGTTCGTCAGTTCGAGAAGCAGGATCGGACGGTCTCCGGATATCCCCAGGGGCCAGAGCCCGGACTGAGGCCCTGAA
CCGTGCCGGATCGACTCGGGCGGCGACGGTAACGTGCGTCGGCATACAGCAGCGCGCCGCGCCAGGCGCTGGAATCGGC
GGCCTCTCCGGCGGCGATATCGAGATCACGCAATTGTACTCTGCGCTGGGTCCAGGCCAGCTTCCGCGCGGTCGAAGC
CGCTGCGCTCGTGGTGTGTTGTCGATCAGGTCAAGAGCGCCTCGCGGGTCTCAGCGACCACGATCCAGAAGGACACCCCTC

GCCATTTCCCCAGGCGGATACGCAATCGCCGGCGCAGAGAGAAAACCGGGTTCGAGCACCGTGC GGCGCTGCCGGATAA
CGGCTGCCGCAGGTCCGCCAAGACATCGCGCAAGGTCTTCCGCGGCCAAGGAAGCGGGCACGGTTCGGACTCGTATTCGA
CAGGTGCGGTTCAGGGAGCCCTCCACCACCGCGAAATGCGCGGCCCAAACCGGGCTCTCGGTGCCGGAGCGCAAACGCCGG
GTAGCCACTAGGGCGGGCTACTCGGGCAGCTACTCGGTCTGCACGAAAAGCTTGGAGAACGCCGGATGGGCATCGTCAGC
GGCAGCCGGCGCGAGGACCAACTCAGCGTAGGAAGTCAGTTTCGATCTCCTGTGAACGACGACCGTTGTTGACCAGGGTAA
TGCGCCGCACCTCGCCGTCGTCCTCGCCGAGACTAAGACTTCTAGCACGCTGCTCAGACTACCGTTCGTGGCGGCTGAAT
TCCGCCCCGTCTTCGTGCAAGAGGATCTCTCCGCTGACCGGTACCTGCCCGCTCGGCTGGGTGGTGGCCGCCACGTGCC
GCCGTATGAACGTCGCGCAGGAGGACATAGTAGCCCCAGTCTGTCGCGCTCGGATCTTCTCGCCACCGGGTTCACGGCGA
TGTACGCCCAGCGACTGTAGCCAGCGCCCCGAGCGGACAGCATTACTGAATAGCGACCGTTGAAAAGCAGGTGGGTAACT
GGTACTCGCCCGGCTCAATGCTACGCGCCGAAGCGTCGAGGCCCTCGATTCCGGCTTCGTATGACGAGACGCGCACTTC
CTCAGCGCGCGGATGGGCCAGGAAGACATCGGAGGGAATGCGCTCCTGGAGCAGCAGCTCAACCGCACGGATCATCGGCT
CGCGATGGAAGCGAGTGCATCCGCCCTCATCGAGGGCGTTGGCGATCGCCACGATGCTCATGCCCTGGTGATGGGCC
ATATAGCTGTGGACGAGCGCCACCGCCGTCGCGTCGGGCAGCCGCGACGGCGTGAAGTCCAGCGCTTCGTAGAAGCCGTA
GCGCCCGCGCGCACCCAGTTCGGCCAGGCGCGCTAGTTAAACAACGCCGCACGCGGCTTGATCATCGCCGCCAACCCCG
TGGCATAACGGCGCCACCACAGGTTCTCGGCCAGACCGCGCTTAAGCCCCAGCCCCGGCACACCGAAGTTCGAGTACTGG
TAGGTGAACTCCAGGTCCCGCGCGTTGAAGGCCGACTCCGAGATGCCCCAGGGAACACCTTTCTTCCGCCGTAGGCCTG
CTGCACCTCCACCACAGGTGATTGCTCTGTTCCAGCAGGCTGCCGACGGGCGCCGCATGACCAGCGATGGCATGAGAT
ATTCGAACATCGAGCCAGACCAAGATATCAGCGCCGATGCCGTCCCCACCGGTGTGCGGTACGACCCAGGCGGAACCAG
TGGCGGGTAGGGACATCGCCTTTGGCGATGGCTATCAGGCTGGCCAAGCGCGCTCCGAGGCCAACAGGTTCGTAGCAACT
GCTGTCCAGGCTGTTGTCGGCCAGGGAATAACCGATAGAAAACAGGTCACGCTCGGTATTGAAGAGGAACCGCAAATCCA
TCCCCGGCGACGAAGGCCCGGGCCTGCTTCGCCACGCTCCGCACGCGAGCCTCCAGCAACGGCGCAGCGAAAAGCAGGCGG
TCACGCTGGTGTTCGACCACGGAGTTCCTCAGTGCCTCGAGCCAGAACAGAACTCATAGAAAAGTGCCTCCACTCCCCG
GGGGGCCGATGCCACGGCATCTCTACGGCTTTCTCCGCGAGCCGCCGAATCTGCCAAGCCCGTCTCGGGCGACTGCC
GACCATCGATCTGCGCCTGGATCTCTTCCACGGTCGTACGTAGTCGCCGCCAATGTCCGGCGCCACGGGGAAGCCCATCG
AGCCCCGCGCACCGCCAGCGCATCGCCCAACCCGTTGCGCCAAGCCGGCGACAGCGGCTCGTCGAGCCACTCTTC
GCATCTTGGCCAAAGGCATCAGATGACCCGAGGTTGCCGCTGTGACCCGAGGACACATAGGCCCGGCTCAAGCACAT
GCAGGTTCAGCGTGGCGTACCAGTTGAAGAAATGCCCCGATGGCCGATAGGCCGCTGCATGGCCGACGGTTCGCCCTCC
AGGCGCTCAAGGGTTTTCTGCGTGCCTGCCCGCCAGCCGAAGTTCGCGAGCGGCGACCGCGGAAAGCAGATAGAGCCGATGTT
GGTCCGCGAGGTACGGTGTGCCACCACGGGCTTTGGCTGGTCTTGGAAATGTCCGGCGGTAGCCGGTTATCCTCGGGCGC
CGACAAAGGTTTTCGAAGAATCGCAAGTCTGTGCGCGATCAAACGCAGCCCCATTGCCTCCTCCGGCGCCAGGACCTTG
CGCTTCGACGGCCGCGGCACTCGACTGCTGTATAACGCCAAGGCCGGCGCCAGTGCCCAGAGCAGCATGAAGGGTACGCC
CAGAGCCAGGGAGGACGGCTGCAAATACAGCACAGTGCCTCCGCGCCAAGTATCAGGGAGGTACCGCCAACCATCTGTA
GATAGCTGATAGCCAACCCGGGACGCGGTTTTCCCCACCGACTGCGCGGAGGTGGTCCACTCGAGCAGATGGCGACGAGTG
ACGAACATCCGCAGCAACGTCCGCACGATCGCATCGCCATGCGCCAAGCCTGATCGGCCAGAAAAGCCAGGGACAGCAG
CGTCTGTAACAGAGCGCGCCGAAGTTCGGCGGGCCAGGCGCTGAAGTGTGACGCGAGCCGATACCGCAGCGCCGTGGCC
ACAGTCTTAGGCACACCGGCAGACAGGCCGGGAGTGCCAGGCTCCCAACCAGTAGCAGGCTGCCGAACAACGCCTGAGGC
ATCGGCAGCAACCAGGAAAACAGCAGCGCGAGCGCGCGGAAGGCGCAAGCAGCGAACGGCGCAGGTTGTGAGCATCTT
GCTGCGGCCGACCCACGGCACTGCCCATTCACCGCGCCAATGACCGATGATCCATGGCAGCAGTTGCCAGTCCACCGCGCG
TCCAGCGATGCAAGCGTTGAGCGACAACATCGAAGCGCGCCGGCGCTTCTCAACCACCTCCACATCGGAAGCCAGTCTT
GCACGGGCGAATATGCCCTCGAACAATCATGACTGAGAACGCTGTTTTACCGATGCGGCCGGCCATGGCGGCTTCAA
GGCATCTACATCGTAGATAACCTTGGCCGGTGTAAAGACCTTCCGCCAAGAGGTCCTGGTAGACATCCGAGACCGCGGCTG
CATATGGATCCATTCCACCCGGTCCGGAGAACACCCGCTGATAAAGCGAGCCTTCTCGGCCAAGCGGCAGTGCCGGCGTA
ACCCGGGGCTGGAGCTAGCGTAGCCACTAAGTACGCGCTGAGTGCCTCGCCCTCGAACAGCGGCTGGTTCAAAGGGTGGGC
CATCTTGGCCGATCAGACCGCCGCAACGCTCAGCTGCGAGCAGCTGTGTCAGCATCCAGGTTAATGACGAACCCGACCCCGG
AAGGCACCGTTCGGTCTGACTCGCCGAGGCTGGCGAAGCTGGTGTGCGTTCGCGCCCCGCAAGAGGCGGTTTCAGTTCATGT
AGCTTGCCACGCTTGCCTCCAGCCTATCCAGCGCCGTTCTTGGCGATTGAACCGGCGCTGCCGGTACAGCAATAGGAA
ACGCGGCCCGCGGGGGCCGGAGCATGACGCGGTTGAGCCGTTTCGATCGCTGCGGCGCCAGTTTTACGACAGCCGAACGT
CGCGCTCGAGCACGGACTGTGCGCATCAATGCCATCGGCCAGGAGGGCGAAGCTGAGATCGCCCGAGTGCCTGGTTAGA
TAATGCACCTCCAGTTGCTCGATCTGCTCCAGCAGCTCCGCTTCCGCCCCAGCAGGGTGGCACCACGACCAGGGTCCG
AAGCTCCTCCGGTATTCCATCGGCCAGTTCAGTCCCGGTAGGATGGCAGCTCCACTCCACCGGTTACCGCACGGTTGA
CCAACGCCACCGCGCCTCGCTGAACGGAACGAACAGGGCACCTACCAGCGCCAGCCACTGCCACCACCGTCTCCCAGC
CCCGGCACCTGCAGGACGTAGACGGTTCACGCGGAGCAGAAGCCCGCTGAGCAGCAGCGTTGCGCCGACATAGCCGAGGAT
CCCCAGACGTCCGCCGAGACGACCGAGCCACAATGACGCGCGGCGACCGGAAGCCGATATGGGCTTCGAACGCGCGACGTC
CGCCGCCGATCAAGTGGTAGCCCGGCTCGCTCCAGTGTTCGCCAGTATGCCGGGCGCCGCGGTGGAGTGTGCCCTCGCC
AGCGCCTGTTCCGGCGATAGCCAGTTTCGCTGAGCGGAGCGCTGCGGGCCAGTTGCTCGATGGCGCTGCGATAGAGGTTCCG
GGTGGGGAAGTCCATCCTGCCGAAGGAGCCGTCGCATCCAAGCGGGCATCAACCAGGCTCACGCTTTTCGAACAGTTTTCG
CCCAGTCGATGGCAGAGATCAGGGCGATGCTGGTAATGACGTTACGCACGCTGACGTTTCGAGGCGCCCTGCCGCTGCTGC
GCGTGTGCACCGCCTGCTCCACCGAACTGCCTTGTGTTGGAGCCGCTCGTCCAACAGTTGAGCGCTGGATTTGTCTT
CGGTTCTGATCGCGCAGGCGCCTGGCCAACTGGGCGGCGAAGATCTCCGACAAGGCTGCCGGCGAGCGCCGGGCGATGT
CCGTTGCCAGTTCGGAGCGGCGAGCCGGGCTCAGAAGGCGATCTGCCAGGCGATCGGCTTCGGCCCGCTCGGCCCTT
CCCTGGCCGATTTGGTCCACCAGGCGCCGAGGTTCTCGACAAGGCGATGCGCAAGGTGATCGCCACCGCCCATAGTTT
CCCGATGCTCAGCGGTTGGACACGCTGGTAGGCGCGATGAAACGCCCAACACTCAAGATCGAGATGGCTGTCGGTAT
GCGCGACGAAAGCCCATGCCAACCCGAAGACCCTCGGGTAGCCAGCAAAGGGGCCCGACGCGAGCTTGGGCAACTGCCCG

TAATAGCCGGGAGGCAGGTCGTCGCGGATCTCGCGGATCTGCTCTTCCACCACGTGGTAATTATCCAGCAGCCATTTCAGC
GGCGGGACCACCCTGCGTCCTCGCTCCAGTTCGCTGGCGCTGGCCCCGGTATGCCGTACAGCAGCGCCGCCGCTTGTTCAG
CAAGACGCCTGCGCAGGGGGCGGACGATGGGAGGACACGCAGTGACCGGCTGGGCTGCGGCCAGGCTTTCCTCCGTGCTGC
TCGAGGGCGTTCGACGCCGAACAGTTCTCGCGTACCAGGGCCCGGTCGTTCCACGGCGGGGAGGTGCGCCGCCAGCAGAG
TCGGCCAAGCAGATCTGCCACCCTCGACGAGGTCTCGCGAAGCCCACTCCAGGTGCGCCAGGCACCTGTTCTGAATGAC
GGCTCAACGGGAATGTTTTGGCAGGAGCTTCAAGACCCATGCACGGGTCCCGGCATAGCACTGCCGAGAAAAGACACGCGA
CCGCCCCGTCCGCGTTCGCCAGCCACGCCATTTCGCTGGCAAGCCAGACCGGCAGTGCAGCCGGAGGATACGGCGGCCAAC
AGAGTATGGGCATCGTCGGTCCAGGCTCCGTCGATCCTTCGGCAGCATGTGCGTCCCAAATGGGTCCGGACGTGGCTGA
CGAGGGCTCCGTAGGGGTATTCATGATGAACCTCCACTGCCAACCCGGCACCCGACGATTCGCCACCCCTGGCTTTTTCCAG
CCTGCACCGTCTCAGGTGGCCGGTCCGTCGCTGCCACACTTAGCGCCGCTCCCTACTGAGTGAAGCGCCGGTGTTCG
GCCTGGGTGCGGCAACGCACCGACAGCAAGACCGCGGCTCACCACAATGCCTGTCCCAGCGTTCGACACTTTCGCGCAGC
GCGGGACACGATCCGAGGCAACATCATGGACAAGCACACCAAGCAAGCGCCGCGCAATGGTAATGGCGCCAACAGCCCC
CCGAGCACCAGTCCGGCCAGCCCCCTGCCAGCCCCAGCAAGGCGGAACGCTACTCCGAGCGCAAGCCCTCTGAACAGAAG
CCGGAGTCAGACGCCAAGGCAACTCGCGATCCCGTGAAGAATGGCAACAACCGCAGGCCGCCCGGTTGACGACGACCT
GATGAGCCAGGAAGCCGGGCACCGAGGGGCGTCTTCACAACAGAAATGAGCGAGCCTGGCACATGAGACTGACCTTTGAG
CAGGCCCGGCAGCTCATCGAACCTCCTTCTCACCCTTCACGTGCAGTTGCACACGAGACCGGGACGGAGCGATGAGCAT
CCTGCTGGGTAATGCCTTGACGGGCACCATCGAGGCATTAGCACCAGGCATAGGCACCGAACAGTGGCGTACACCCGAAG
CGGTGACCCAGCTCATCCGTGATCTGCGCCTGGACATCGCCCCCTAGCCACATCACTTCTAAGCGAATCCCTCCCAAGGG
GGATTGCGCCCTCCGTTCCGCTCTCATCGCTAGCCACGCTTTTCTGCGCCATTGCGGCTACACTGTGAGAGTTGATCCT
CGAAAATATCTCAGCGCCCTGCGTTTTCCCTGCGCCACTCCACTGGCAATGTCAAGCGCAATCACGCCCTAACCACCACA
GGGAACCCACTGGTGGCCGACATGACCAATGACGTTTTCTCCCCTGCAGAACCATCTGCTCGCCGCGCTTACCAGGAGAT
ACAAGAGCGTCTGATCCCGCACCTGGAGCGAGTTACTGCGCTCGGCAAGGTCTCTATGAATCGGGCGATGCCCTCC
GACATGTCTACTTCCCCACCGACGCCATCGTTTTGCTGCTGTATGTATGAGGAGCGGCGCTCCGCGGAGATATCCGTC
GTCGGCAACGAAGGACTCATCGGCGTGGCGGTGTTTTCATGGGTGGGAAAGCACTCCGAGCCGCGCCATTGTGCAAGCGC
TGGGCATGCCTACCGATTGCCCGGACAGAAGCTGAAGGACGAGTTCAATCGGCATGGCGAGATGCTGCAGTTGATGCTCC
GTACACCCAGCTGTGATCACCCAGATGGCTCAGACCGGCTGTGCACCCGCCATCACTGCATCGACCAGCAACTCTGC
CGTGGCT
GGTCCGCCCGAAGGCGTACCGAAGCGGCCGGAAGCTGCAGAAACTCGGCGTGCATCAAGTACAGCCGAGGGGACATCA
CCGTTCTCGACCGTCCGCAATTGGAAGCGCTCTGTTGCGAATGCTACGCGGTGGTCAAGCGCGAGACCGATCGCCTGCTT
CCCTATCTGCCCGCCCGATGAGGATTTTCGTCGCACGGCAACGAGACGGCGCGCCAGGCCGCTCACCCCTCTTCATCTCCG
GAGGCGACACCATGAACATCGACGACGATATCTACGTACCCCGGCTACTTGGCGAAGGTGCATCTACCCGAAGGACGGACC
CTGCGGACTACTTTCATCGCCCCACGCACCGGCGGAACCCAGGGGTGGTTCAGCCGCGGATGCCGGAAGAACCCTGAA
GAAGTTCCGGCGGACAAACGGCGTTCGAGTACTCCACGTTCCGGGAAGCCAAGGAGCGAGGCTCAAACAGTTTTCAGCAAC
TGAACGTGGAGGAAACCGAAAACCTGGAAAAGGGAGTTTCGACAAAACAGCGCTATGTCCAGTGGCCATTGGCTTGGCCGAC
GCCATTCTCGAAGCGCGGGCGCGCCGACTGCGGGTAAAAGACTCCGACCTGACCTGGCAGCGATGCGCAGGTGGCCG
CCCTGGGTTGCTTTCGCGCACAGACGTGCTGCGCCCCCGCCGTTAGACTGGGAATCCATACTTCCGGGAGATCTGCCATG
GTTGGCTACAGCCACCAGGTATCGGCCGTTTTCAACCTCCGGGCGCAGGCCGAAAAGCGCTCGCAACGTCGTTGCGACCG
AGGCCTCGGCCTCGAACAGTTAAGCATCCTCGGCGCTGAAGACGTTCCACTTCCAACAACCGCCGGCGTTTCGTTTCATCC
AGGTGCTGTCAAGTGGCGCAGCCGGCGCGCTAGCGGGGCTCCTCGTCAGCAGCGTGGTCACATTCGCTCTGACGCGAAC
GAGGCCAGCCTGTTTCGGTGATGCACCGTTGGCCTTGCTGGGTTGGAGCAGCGCCCTGGGAGCGCTGTTTCGGAGGAGCGGT
CGGCGCATCGGTGGATGTCAGCCAAGTACGCGGTCCCTTCAGACAGGCTATCGCCCAGGGCCATGTCGTTCTGCTGGCGA
ATACCCGTTTCGGAATCGAGTCCCTGCTCGTGCATGATGTATCGAGAGTTCGTTGGGGTTCGGCTGCACATGGACATC
AGTCTGATCTGACCTCGCTCCGGGCACCTCGACTCGGTTACTCGCGATGTAAGTTGCATATCAGACAGACCTGGGCCAGG
ACCATAACAGGACACTCCGCTCCGGATGAACCGAGGTGCAGCTGCGCACTTCAAGCTCGAACACAGTAAGCTGCATACCC
GGACCGATATCGCCTTCTACGTTGTCGGGGTACTGGTGTGCTGGCCGTTGGCTCGGCCTTTTCTGCCCGCAGAACCTGCGT
CTGGAATGCCTGCTGCTGGCCGCGTTAGGTCTGGTGGCATGGTGCCTGCTGGAATACCTCCTGCATCGCTTTGTCTCCA
CGGACTATCACCCTTTCGCCAATGGCACCAGTCCCATCACCAACGGCCCCGGCGCGCTGATAGGGCTATCCACCCGTCCA
GTGCGGCCCTGTTTCATCGGCCTGGTCTACCTACCAGCGCTGCTCGCACTCGGCCCTGGAGAGGCTCCTCGCTGGCTTTG
GGCATCATGTGAGGCTACCTAGCGTACATCCTGACCCATCACGCGCTGCATCACTTCGATCACTCTGGCAACGCTGGCT
GGCTCGCCGCCAGCTATGCCACCATCTGCATCACAGCGCACTTCGGCAAGCCGGGCACTTCGGGGTTACCTCGGCGTTCT
GGGATCGCCTATTTCGCCAGCGATCGCCTGCCCCCGAACAGCCTCCGGCAAGTGGCGCAACGTGCGCCGAGATCACACC
CGCCACGCCCGCAGCCTCAGCGCGCGCAAGTGCCTCAAATTCGCTCGGCCAGTTGTTCCGTGGCACAAAGTAGCCGTATGAA
CGCTCGGCTGTGGGACGGCACACTCCTGCAACTGGGGCCCACTGCCGTTACTCAGGCCCACTTACCTTGGTCTACAGGC
ATGCGGACGGCGTACAGAAGATGATCCTAAGCAATAGCGACCCACAGCGCCTGGCCGAAGCCTATTTCCGCGACGACTTC
GACATCGAGGGGACCTCTTCGCTGCCCTGGCGCTCAGGGAGCACATGCAAAACCCAGCGCAAGGTCTGGCACCCGACGCGC
ACGCCTGTTGTTTCGGCGCCATCATGCTGCCGAGCTCGGTCACTACGGAATCCGACAGACAGAAAAGGTTCTTTCGCCAAC
AGATTACGACGGGGATGCACTCGGACGCAGAAAACCCGACGCCACCACCTTCCGCTACGACCTGTCCAATGCGTTCTAC
GGACTCTGGCTGGATCCGGCGATGGTCTACTCCTGCGGCTACTTCGAGCAAAATCGACGATAGCCTCGAACAGGCTCAACG
GGTTCATCCTCCATGCATGCAGGCAATACCCAGGGTACACGCCATGGCATTACCCCTAAGCCGGGAACAGTGGCCCTGGCC
CGCAAGCAATAGACGCGGCGGCTCCAGGCGTGTAGTGCATGGTGGAAATGCTGCGACTACCGCGACCTAAAAGGTACGCA
GGTATACGACAAGATCGCCAGTGTGCGACTGTCCGAGCCTTGGCCCCGACAACCTGCCGCTATTTCTCGACACCGGTAC
ACCGCCTTCTCAAGGATTCTGGGCTGTTTTCTCAACCAGGGCATCACTCAGTGCCCGGACGGGGGGCAACGGACCGCGTCA

GCCCCCTGATCAATCGCTATCTCTTACCCGACGGCCAGCCGGATACCCCTGGGCAGCCTTGTGCGCAGGATGGAACAGGC
GCAGTTGGAAGTCACCGATGTGCAATCACTGCGCCGTCCTACCGCCTGACCCTGCGCCTTTGGGTCTCTCGCCTAGAGC
AGCGGCAGGGGCTTGGCGTGAATATGTGCGGCAACCCACCTACCGGGCCTGGCGCCTGTTAATGGCCGCCAGCGCGCTG
GTGTTTCGAGGCCGGGAACTGGGCGTCTTCCAAATCGTAACGAGCCGACACAACGGAGCCCCAGCTCTCTGCCCTGAC
CCGCCGCCCTTGTATCGCGACGACTGCTCCATTAGAGGCTCAGCGAGGCAGTGGACGCAACGCCATCCGCTCACCCGC
CTCGCGCAAACGCCGACAGGCCCGGTGCGAGTCGACCCTGCTCGGTACCACGAAAATAGTCTCGGTATCCACAGGCTGGC
GTTACGGTAAGTGGCGTACGCAACGTTGCAAATCTAGCAGGCGATCATGAAACATGGATCTCTCTTGAAGTCGATCCC
CAGACCGGTACGTCCCCTCTTCCACGACTTCTCGTGCCCGCTTCAACGGCGAATCTACGGCACGATCTGCCGCGGAGCGT
ACAGGCTGTAGCTGCACAGTAGCCCGGCAAATCCCTCAACGGACGTATCCCGCTGGCTTCCGCTCGGTTACCCAGCGT
TTCAACGCCGATGTACTTCGCCAGGTCAGCCCCGCAACGGACGTATCCCGCTGTAACGCCAGGCGATGCGCGCAGGC
TAGCTGCATCACCTGGCTCCTGCCGACAGCTGAATGGAACAGGCTCTGCTGCAGATCGCTCAGCCTGTCTGGGTCCCGCA
CCAGCAAACGGCTGGCGCGCCGACGAAATGCCGGGTGCGCGCATCACAGCGAGCGCTTTCTTCCGCTGCCAGCGGCCG
ATTACCCGTTTCCCGTATTGGGCCATGACCAGCAGACGATTGCGCAGGATGACTCCGCTGGCTTCCAGATCCAGCGCTCG
CTTGTACAGTCCCCTGGATGGTGGGACGCCACGTTGACCTGAGCCAGTCCGAGTGTCTCAGCAGACATATCCACG
CCCAGCCCAGATCAAATCCCAGGCTGCACGGAAAGCTTGGCCGAGCCCGGTAGGCATGATGGTTGTTATGCAACTCC
TCGCCGCCGACGAGGACTCCCCACGGCAGCAGATTGCTCGAATCGTCCGGCATTCGAAGGTGCGATAGCCGAAAGCATG
GCCAGACCGTTGATCACACCGGCAGCCAGAAGGCGATCCAGATCATCTGCAGCGCCAGACTGTCAGCCCCGCGACGC
CGAATAAAACCAAGTCCACACCGAGCATGAGGCCAGCCCGGCGTTCGGAAACCTACTGTAGAGGCGACGCTCCAGCCAG
TCGTCCGGGCAGCCTCGGCCATAGGTCTGCAAGGTTTCCGGATTGCGAGCCTCGGCTCTATACAGTTCGGCACCTCGCAG
CAACACCGTGAGCAGCCCTTGAACCTCGGGCTGTGCGGATCGTCCGGCGTTCGCGAGCAGGCATGATGCCGGCGATGAA
CGGCCGTCCACGCACGGGTGTTCAATCCCGTGTGTCAGCCACAGCCAGAAACGGAAAGAGTGTCTTAGCGCAGGGTGAAT
TGCACCGAGCGATGAGCTGAATGGCGATGCAGATATAGCGTCACACTGATGATACTGACATGGGTGACGCCAAAGTCGC
GACAATCAGTTGCCACAGCGTGGCTGTAAGATGCCGTGATACCACATGTTGAACACCTCTCTATAGCCATATGCCGGTC
CCTTCTGGGCACCGACGGATCAATAGACCTCCCTCCATATTGGTGAACCTAGAATACGGTGTGCGGTGACCCAGCGTACAT
ATTACCTCGCACAATCCACGAGACAAAACGACCAAAAGAGTTCGACAACGCACAGAGCACGCATTAAGAAAACGACCAA
TATAGTGTAAACAGCAACATCAGAGAAATAATCATGAATAGTAACTGAAACGAAACCCGTCATTTAGCACTAGCCCTC
GACACATGCCCGTTCAACGCTCTAACTTATCCAAGAAGAGCGGAAGGCGAGAGAAACGCTCTGCACGCCCAAGGATTAAG
ATCATCACCTTCTCAAGGCAGCGGAAGATATCATCATGAGCATTTTCAATCTTGACGGCTGGTGAAGCTTTCCGATGAA
GCCAAAGCTATTTCACTAAAGAACATTTCGATTTACCTCAACGATGGCGATGAAAAGCTCCTTGCCCAAGCAGAAGTGCA
TCTGCAAATCACTGGTGAAAAGAGGTTTATATCCCTATTGACCAAGCCAGACTTAAGCTTGTGTTACCACACGAATGCC
GGCCTATACGTGACTGTGACTACGAGTTTATCTCGACTCAAATACTAAACGGGGTTCGCTTTAACTTGACCGGGTATCGA
ATAAGCGACGGCAGCCTGATCTACACCAGCGCGGTAACCTATTGAAAAGTGTATCCAATTCATCCCGTTGAAGCGATGG
AAAATTATCAACATTGACTTACTAAGCTTAAGCAGCATTACAGATACCTTAAACTAAAGGCGACGAATAAAAAACGAAAA
ACAAGCGCCAGAAGTAGCACTTTGCCATAAAAAATACCAACTACTTGAGGTGAGGATTTTCTGTTGTTCTCTTCCCTGG
AATAAGGGAAAAGCCCGCTCCATGAATCACGATGGAGCCTCCCATGTTTCAACTCCTTTCTTGATATCCAGGAAGCCGT
CCCCACCCACCAACCAAGCTGCCCCAGGGGTATTCTCTCTTCTTAAGCAGTACGGAACCTGCTCGACACGCCCTCGC
CGCCGCCAGCTACTGGAGAACATCTGGCAGCGCGCCTCGCTATCCAAGCAGCAATTCGAGGAGATCTACCGGCGGCCACT
GGCCAACTATGCCGAGCTGGTCCAGCAGCTCCCGGCTTCAGAAAACCATCACCATGCCCATCCAGGCGGGATGATTGATC
ACGGCCTGGAGATCGTGGCCTACGCACTGAAGGTACGGCAGACCTACCTGCTCCCGATCGGCGCAGCGCCGGAGTCACAG
TCAGCCCAGACTGAAGCCTGGTCCGCCGCCGACGATGGCGCCCTGGCTCACGACCTAGGCAAGATCGTCGTAGACCT
GCAGGTGGAGCTGCAGGACGGCAGTACCTGGCACCCCTTGAACGGACCGATCAACCAGCCCTACCGCTCAAGTACGTGA
AGTCCCAGCAATACCAGCTCCACGGCGCTGCCTCAGCACTCCTCATCCACCAACTGCTACCGCGCACTGCACTCGACTGG
CTCAGTCTGTTTTCCAGAGCTGTGGGCTCAATTGATCTACTTGTTCGAGGGCAGTACGAGCAGCCGGGATCTTGGGCGA
GATCATCGTGAAGCAGACAGCCCTCCGTCGCGCAGGAGTTGGGAGTAAATCCGGATCGAGCGCTGGCTGCACCGGAAGC
AGTCGCTGCAGGCGAGTTGGCAGACGGGCTACGCTTCTGGTGAAGGACAAATCAAGCTGATCAGCCGGGCGGCCCG
TCCGACGGGTGGCTGACTCAGGACGCACTCTGGCTGGTGAAGCCCGCGGCCGATCAGTTGAGGGCCTACCTGCTGGC
TCAGGGAATCGAAGGGGTCCCTCCTCCAACGCGTCATTTCTTCAACATGCTCCAGGACCAGGCGCTCATCCAGACGAACG
CCGAGGACAAGGCCATCTGGACGGCCACGATAGACAATGGTGCTGGGTGGAGAAAACAGTTTACGCTCCTCAAGATCGCT
CCAGCCTTGATTTGGGCTGACCCTGCCGAGCGGCCTGATTCTACAGCGGATCACTCGTCATTTGAAGAGGGCAACGCCCTC
CTCTGAAAAGCCGAAACGACCTGCGAAATCCCCAACGATTTCGATTGAACAGCGACAGGCGCCAGAAGCCAAGATGACGC
TCCGCCAACCTACGCCGAGCGTTGCGAAACCGTCAAACGAGATGCGGGCGATTGCGAAGCCCTCAGCTGAGGATCAGGAA
GAAACAGATGATTTGTACGCGCTTCTTGGTAATATCAATTCGCCACCAGAAGAGCTAGACACTAGCCACGACTCACCGGC
TGCTTCTTCTACGAACACTCGCGGGGAGGAGAACCTACAGCAGCCACTAGGGACCAAGGAGCCAACAGATTGCGCTCCTG
AAGCAGTTGAAGATGATTTATGCCTAGCAGAAGCACTGATCTGGGACAGGGATTGCTTGGCTGGATGAAATCTGGCATC
GCGGCCCGTGCCTGTTTCATCAACGACACCAAGGCTTTGGTGCATACCGTTCGACGGGACCGCCATGCTGGTCCAGCCAGG
AATCTTCAAGCGCTATGTCCAAGAGCATCCGGAGCTTGAAAAACCTGGCCCAGGCCAAGGAAAACGACCGGCTGGAAGCTGG
TGCAGCGCGCTTCCGAGAAACAGGGTCTTACCGAAAAGACCAGTAAGAACCTGAACATCTGGACCATCAAGGTTTACAGGT
CCTCGAAGACAAAAGAGCTCAAGGCTTACCTGCTTACAGGATCCAAAACCTGCTGTTCCCTGTACAGCCTCTGGACAACCC
AAGCCTCACGGTTCATCACCGATGCCGAAGGGGATGTGCAATGACGCCGACGAGCTCACCGAGGAGTACATCTTCCGCGCA
CGATCTCCGAGAAGCCAGCGCAAGATCTACCCGCGCAACAAAGCGCTACTCAAGCACTTCGCCCCACGGCAACCC
TACAGGACGTGGATCACAGGGCCGTCTGGGATGGCGGCGCAAGTACTGGAACAAGGCCCTGTGCAAGCGGAGCTGGAAC
ACGTAICTGAACCACCTGCGCACGATCTGGGGCTACGCCATCGAGCACGAGCTGGTGACCACTTCCAGGTTCAACCATT
CCGAAAGACCACCGTGATTTCCCCCAGGCGAGCAAGCAAAAACCTGTCGCCGCCGAAAGCCATCCTGCGCGCTCGCAGTTGGC

TCAGCATGCAAGTCGGCGCCGAGCGCTGCACCGGGCGATCGTGCACGCATCACTCCCGCCTGGTTCTGGCTTTGCACGTTT
 GAGGTCTTCTACTACACCGGCATCCGGTTGAATGCGCTGCTGTGCATCCGCAAGCGCGACATCGACTGGGATAATCAACT
 GATCCTCATCCGCGGGCAGACAGAGAAAACCTCATAAAGAGTTTCGTAGTGCCAATAACGGAGGGGCTTGTGCCACCTAT
 CGCGGCTCCTGCAGGAAGCCGAGAAAAGCCGGATTCGCCGATGACGATCAGTTGTTCAACGTCAACCCGGTTCTCACCGCAT
 TACAAGAGCAAGACGATGAACTCCGACCAGGTCGAGGCCATGTACCCGGAAGTTGACCGAGAAGGTTGGGGTGCGGATGAC
 CCCGCACCGTTTTCCGGCACACCCTGGCCACCGACTTGATGAAGGCACCCGAGCGGAACATCCATCTCACGAAGTGCCCTGC
 TCAACCACTCGAATATCCAGACCACGATGAGCTACATCGAGGCCGACTACGACCACATGCGTGCCGTGCTGCATGCTAGA
 AGCCTGGCCCAAGGCGCGCTGGAGAACGTGAGAAAGGTGGATTACAGCGGCTCTCCGCAAGCCTCTGCCAAACCGAAGCC
 ATGCGGGCAACCTCTCGCTCGAGTGGGTGAAGTGCCGCCACCTGAGGCCAGGACAGAACCGTCAGAACCAAGGGAGCACA
 CACAAGAGACAGGCATTTCAGAGAGGTTCCAACTCGTGGGAAGCAGAAGCGGTACCACAGCCACTGACACCTTCGAGCAA
 AGCGTGCTGTTCACTCTGATGGCTCAACACTTATCGAACCGTGCCGCCACTGCATCCGCGGTTCCCGCCGCAACAAGCGG
 ATCTGGTGAAGGGGATCTGCCGCCGAGACAGTCTCGCCTAGCGAGACCTGCCAGAGGGGGCCGGCTGCCGGACGAAAA
 GGTAGCCGCGCGCCAGCAGATCGCTAGGCCTGTAGGAAGAATCTGGAATTACCGAGAGCGCTTGGATTCCAGCGCCGGC
 ATGCTGGCAGAGCGCCGCAATTTACGGCTAAAACCGCAGTACCCTCTGTAATTGCTGATTACGTCGGGGGCGCATTGCT
 ACGCCTGCAGAATGGTTTTAGGATCTTAGAAACAGAAAAGCCACCTAAAAAGGCGGGCTATTCATATTTGACATCACGT
 CAATGCGGGCCTAATGTTTCGGCCGAGACGGCTGCAAGGCTAGAACGGTGAACACCCCTTCTTAGACCTACGCAACTCG
 CCCCCTAGAAAA

Sequenzen der einzelnen ORFs

>CP1, 885 bp

ATGACCCCATAGAGGCTATCTCAATGAAAGCGACTTCGGTTGTATCCACCAAGGGTGGTGTAGGGAAAGTCCACC
 ACCGCCGCAACCTCGGTGCATTTTTGCGCCGATGCTGGCCTGAAGACCCTCCTCATCGACCTGGACCCCGTCCAG
 CCCTCCCTATCTTCGTACTACGAGCTTCCCTGAAGTCGCCAGGGCGGCATCTACGACCTGCTCGCCGCCAACATA
 ACTGACCCAGCGAGGATCATCTCCAGGACGATTATCCCAACCTGGACGTCGTGATTTCCAACGACCAGAAACAAC
 CAGCTCAACAACCTACTGCTCCAGGCGCCCGATGGCCGGCTCCGGCTGGCAAACCTCATGCCGTCCCTGAAACAG
 GGCTACGACCTGGTGTGATCGACACCCAAGGTGCGCGCTCCGCTTTACTAGAAATGGTGTGCTCGCATCGGAT
 CTGGTTGTTTTCCCCCTGCAGCCCAACATGCTCACTGCCCGCGAGTTCAACCGCGGCACCATGCAAATGCTCGAT
 GGACTGCGTCCCTACGAGCGCCTCGGCATGCGGATCCCCTCGGTTTCAGATCGTCATCAACTGCCTGGACCAGACC
 AATGACTCCCGGGCGATTACAGAGAATGTGCGTGCCATCTTCGATGAGCATCAGGACATTTCTGTGCTCGAAACG
 ACTGTCCCGGATGCCGTGCTGTTTTCGCAACGCAGCATCGCGCGGGCTACCAGCGCACCCGCTCGAAACCGGGCAA
 CCCTCCAATCGCACATCAGCGCCCGCGCTGGAAATCATCCGTAACCTGGCCATCGAGGTCTTTCCCGAGTGGACT
 GACCGCTTCTCGCGCTGACGCCGAGGGCGGTAGCAGCACTGGTCAAGGGAGGGCGCTGA

>CP2, 726 bp

ATGGCGAAGCCTCCTATCACCCAAGCCCCGCGACGTCGACGCGGAACCTTGTGCTGCAACTGAACAAGTTTCGGCAGC
 GCCGCCGACCTTCGGAGCCAACAGGCCAAGTTGACCGCGCTGCGCGAGAAAATACGCAAGCTGACTGGTGGCGGT
 ACCGACCTGTTTCGGGAAGCTGGGTTGCTACTTGAGCTTCGAGCAAAAGCAGCTCCTACAAGACGCTGCGCGCTTG
 CTCGACTCGGTGAACCAGCAGGTCGAGCATGCGAAGGAAAAGCGTGATCGCGACGAGAAAACAGCCAAAGAGCGG
 CGTGAGCTGCGCGGGCGCCTGGCCAAGCAACTGGTGCAGTCAACTACCCGCTTCCGGGAAAATACGCTCGAAGAG
 CGGCTGGAAATCCTGCAGATCGCGTTGATCTACAACCGGGCCAAGGTGTTTCGATCCCCTGTACTCCACGCACCAG
 CTCCACTCAAACTCAAACGCTGGCTGGAGCGTCCCAAGCAGCTCATCGGGTGGCGCAGTGAAGCCGAGTATTTTC
 GCAAGTCAGGTGGGGAGCCTGCGATGTGACTTCATTAGCCACCTGACTCACGAAATCGCTACGACGATGGCAGT
 GAAGTCGAGGAGCGCCTGCGCGTCATCAAGCAGAAGACCGCACAGATCGCTCTGACCAGCGAGGAGCAGGAAACC
 CTTAGCTCTGGACAGACGCTCTGCAATCGGCTCCGGAGGGCCTCATATGA

>CP3, 498 bp

ATGAACCTCCAGAACCGLCAACAACCTCATCCTGAGCCTGATCGCCGAGACCCAGTTTCGACGCCTACGTGCAAGGC
 TACATGGCCAAAGCAGGCGCTGCCGCCGGTGTCTCCGACAATCTGCTGGTTCGAGGCTGAAGGTGCTGCGATACTG
 CAGGGCTTGTGCTCCGGTTCCGCGCTCAGCAGCGTGCCTGTGGACAGCCACTGCAGAACGCCCTGCTCCAAATC
 GCCACGACCTACTGTTGAGACGAAGTCGCAACTGGCCATCGCGGCAATGCCAGTTCGATCCACGTGATCCAG
 CGGGACATGAACAGGGCTATCTGGAATATCGCGACTGCCATCGATCACCTGGCCGAGTTCCGCAACCTCCAG
 GACACCGTGAAGGTTCATCGAGCGGCTGATGCTCTTCGTGCGCAGCTCGCCTAGCCCGAAGGCCAGCAACTGGCC
 GCAGAGGCAAGTGCAGTGCTTGGCATGAGCGAGGGGGGCTGGCATGA

>CP4, 747 bp

ATGATTCAGCCACCTGGTCGAGCGGACAGTTTCGGCTTCTGGACCCATCCGAACTATCCGGACCTGGCCGAC
 AACTGCTCTTCCAGCGAGGCGCAGGAAACGCTGCGCCGGCTTGGACTGGAGTTGCAGAACGCTTTCATGGAGTCG
 GATGCGCCTCGCCTCTACGACTCTGCCCGTTCCGACCAACGATACAGCGAGTGGATCCCAACCGCGCCAAAGGC
 GCCGGTTGGTTTCGTGCTGTGATCCACGATAACCGATAACGGCCCGGTGTGTCAGTACGTGCGACCGCTCGGAGAG
 CACCTGAGTCCAATCGATCTCGATGCGGCAGCAGAACAGCATGAGCGCCTGCTCAGCGAGGCTTGTGCCAAGGCC

TTGAATCAGCGTGACGTCGCCCTGGCCAGGGTTCGCCTCGCTTGAGTCCAAGCTGGCCGAACTGGAGAAGCAGGAA
 CCCGTTGGTGTGATGCGCGCGTCAAGCGAGATGGGGGTAGCGCCTTACGCGGATATCTGGCCTTGGCTGGAGCCT
 GGCCAAAAGCTCTACACCACCCAGTAGCCAGGCTCAGCACTGCGTGGTGTGGACGCTGAGAAGCTGATCGCA
 CAATTCAAGGACTGTGCGTCGCATGCCGGAGATCCCAGCGAGCTGCAGCATTCAACGATGCAATCAGCGAGGTA
 CACGCCATGCTCGCCGGCGCCCTTCCCAAGCTAAACCCAGCAGCGACGAAGAGCAGGGAGGCAGGCCATGA

>CP5, 687 bp

ATGAGTGAAGCCAAGCTCAAGCCCTGTCCACTCTGCGGCAGCACGAACATTGCAATGCTGGAACCCGAGCTGCTC
 GACACCGATGCCTGGAAGTGTGCCATTGAATGCCTGGACTGCCGGGTTCACATCGGGCCGTCCTACTGCGAGCCA
 GACCCGTTAACAGCAAGGTATTTCAGCACAGGTCGACTGGAACAGGCGCCCAAGCGCAAAAAGCCCCGCGGACGAG
 CGTGAGCAGTTCTTGATGGCCAACCTGCTCGCCGCCCTGGAGGTCGCACTGGGCAACGTAGCAGCCCTGGCTATT
 GTCGACCGGGTACGGCAGGTCGAGACCGAATTTACCCAACCTCAAACCTCTCCCTGTTCCGCAGGCCTGGCTC
 GATGTACAGGCCGAGCGCCGGCGCCAGATCGCCGTGCAAGGCTTCGATAACCAGCAACGACGACGCTAGCGCTGGC
 CAGATCGCCCTGGCAGCCGGCTGCTACGCGCTCCATGCCGGCGGCATCGGCACCGACTGGCCGGCGGCATTTCGG
 AATGGCTCTGCACTGTTCTGGCCCTGGGACGAAGAGTGGTGAAGCCTAAGTCGGCGCGGAAAACCTGGTACGC
 GCCGGCGCTCTGGTGTAGCCGAGATCGAGCGCCTGGACCGCTCCGCCACCGAGCAGGGCTCAACCTGCTGCAAG
 GGGAGCGCGTAA

>CP6, 702 bp

ATGGACAAGCAAAAAGTCCTTGCCAAGGTCGAGAAGCTGATGGCCCTGGCGAATGCCAAGGGGGCCACGCCGAAC
 GAGGCGGAAACCGCATTGCGCCAGGCCGCGATCCTGAAGCGCCAGTTCGACCTCAGCGAAGCGGAGATCTCGGCC
 CACACGGTGGAAACCGCGTTCGCTTCCCACTCGAACAGGCGCTCTCCTGCCCCATGGCTGCATGAACTGGCCGGG
 ATCTGCGCCAATTCCTTCGGCTGCGACTACCTGGCGGCATACCGGATGCCAGCGGGCTGGACGTTCAAGTTCATG
 GGCCGAGGGATCGGCCCTGAGCTAGCCGCTCACGCTACTCTACGCTCCACCACCAACTGGTGGCGGCGCGCTCG
 GCTCATGTGCTCAACAGAAGCGCTGCAAGCTGTGACCAAGCGCCGTGCGAGCAAGCTCTTCGTCGAAGGCTGG
 CTTCTCGCAGTTCGCTGCTGTTGACTTTGCCGGCAGGCCGGACGAGTCGACTCAAGCAGCCATCAAGGCC
 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
 ACCGCTCGAACCACAGGCGAATCCCTGTGAGGTTACAGGAGGATCGAGCAGAAGCTGTTTCGCCCTCGGCCAA
 GATCAGCACAAGTCCGACTTTGTGATATCAACAAGGGCCTCGCGAAGATCGTCGACACCATCGATTACCGCTTC
 AACAACAACGTGACGGTAACGGGGTCCCGACTGGCCTGAAGGATCTCGACGAGCTCACCGCGGACTACAGAAA
 TCGGATCTCATCATCGTTCGGTGCCTCGCCCGCGATGGGCAAAACGTCGTTTGCCTCAACTTGATCGACGCCGCG
 CTGCAGAGCGAACAACAGAAGTCTGTCCAAGTTTACAGCATGGAAAATGCCAGCAGAGCAGCTGCTGTTACGGCTG
 GCCGCCCTGCTTGGCCATCTGGACCTTGGAAGCTGATGAAAAGGCCAAGTGAAGAGGAGGATTGGCCCCGGCTG
 TCTGTGCGGATCAAGCGCATAAACGGCTATGGCAGCCGCTGGTTCATCAACGACCAGGGCAACCTCACGCCGACA

GAGCTGCGCGCCAAGGTTTCGCCGCGCGGCCAGGAAGTACGGCCACCCCGTACTGATCTTGGTCTGACTACCTGCAG
 CTGATGCGCTGCCCAGGCCTGGAAAACCGAGCCACCGAGATATCAGAGATCTCCCGCTCGCTGAAAGCGCTGGCC
 AAGGAGATGGACTGCCCGCTCGTGGCCCTATCCCAGCTCAATCGCACCCCTGGAGAACCAGGCGCAACAGCGACCG
 AACACGCAGACCTGCGTGAGAGCGGGCGGATCGAGCAGGACCGGGACGTGATCATGTTTCGTGTACCGCGACGAG
 GTCTACCACCCCAACACCGAGGCCAAGGGCATTGCCGAAATCATCATCGGCAAGTACCGCAACGGCCCCGATCGGC
 ACCGTCCGCGCCGCTTCATCGCCAACCAGACCCGCTTCGCCGACCTTGCACCAACTTGGCAGGGAGCTCTTGCA
 TGA

>CP10, 357 bp

TTACCGGACCACTAGATAGCCAGGAGCTTGGGGTAATTGAAATCCTGGCGCATCCGAACGCCAGACGTCTGTAGTC
 CGTCCCCGGTGGCCTGGCAGCACTGGTTCGATCTTCGCTAGCCATACCTGCTGAGCCTCTTCATCCCATTGCCAA
 GTCCGCCAGCTCTTCATGCAGTGTAGCCACCTATCCCGAATTGGCATAATCCGAATGGTTTCCAGTGGCCAGGA
 GTAGCGACGCATGAGCGCATACTCAATGGCGTCCATGCCCCATAGCCTCCAGCCTTTGTACGTGCCAGTGAGTT
 ACCAAGGGTACACAACACAAAGACTTGGCTTATCCATTGGGCTCTGGCCATCGTCAT

>CP11, 528 bp

ATGAACACTGAAGCCCGCTTTCCGAGTATCCACGCTCGGCCGCGTTCACCGACTCGGCGGTGGTTCATGCCAAT
 CACGTTGGGGTCAACCCCATCGAGCTGGACGCCCTCAGCCAAGTGATCTCGCGCCTTTCGCGGGACGAGAGCACG
 GTCGCACCCAGTTTCGATGGAGCGAGAGCTTCGTGAGCTGGAGGAACCTGGGTACATCGAAATCTCGACCACCCAG
 GCCGGAACCCCTGGTGGTCACTACGCGCGCTCCGGGGCAACTGCTTTTCGGCCTACTTCTGGTTCGGTATGGATCCCT
 CGCCACCTGTTTCAGTTGCTCGCTGAAGGTGAGCTTGATGCCACACCTCTGCTGCGGCACTCAGGGCTCCCAGCAC
 CTCACCGCGGTGTTCCGCATTGCAGGCAGCAAGGACGCCGCACGTGAGTTCTTCGATCAGTTGGCCAACAATAT
 CCCGGGCATGAGCCCGAGTTGCCCGAACTGGTGGCCGTTTCAGGTTCGGTTCGATGCACTCAGCAAGGAGGCCGAATCA
 TGA

>CP12, 258 bp

ATGAAGGCATCCCAGACCTATCAGTGCATCGTCAAGTTCAATGGCGCCGGCTTCTGGACCAATACCATTTCAGAAG
 CAGCGTGGCAGCTGCACCTGGAGCGACAAGGTGGCAGCCTCCCGCCTTGC CGAACGGCTGTTTGGCGAGGACAAC
 GCCTACATCACCCGTATGCCGGCACAGGCAGGCAGCCACGATAAGCGCATCGAGAGCCGCTGGGAGCTGTGTGT
 AGAAATCCCAAGGAGGTAGCGCGCGATGGCTGA

>CP13, 498 bp

ATGGCTGACGTCACTGCCTACCGGCCGCTCGAGCACTTCCAGAAAGGCAGCTGATGCTCGAGCTCAAGTTGCGT
 GAAGGTCTTCGTGGATCTGTCTGAACTGCGGCTATCACCTGGATGGCAGCGGCGCACAGCCCTGCCCTGACTGC
 GGAAAGTTCGCGCTACTGGACCAGCGGTTGGAGTGTAGGTTCGTGGCCATCGCTTCTCGGCAGCAAGGGAAAGAGTGG
 GAAAGCCGCTCAGGACACGGTTCGCGGGCACCTGTGCGTCAACGGCACAGTAGCAACTGACGACGTATGCACT
 CAACTGCGCACAGAGGTCCGCATGCTGCGTTCGCGCATGACGACCTGGCCTGCAGCCGGCAGAGCGATCGTTCG
 AGCCTTCAGGCGCTGGTGAACGTCTCCTGCATGCCGCCGCCACCGACAGCCTTCCCCGCTCCTTGGCAGAGATG
 GAGACCTGGCTGCAGCTCAACAGTAGTGAGGAGACCACGGATGCGTAG

>CP14, 234 bp

ATGCGTAGTTCCTTCGCGGCGCCCGGAAAGCGTCCGCCGGCTGGTGGCCTTCGCTCAAGCCGAAGGCTGGAGC
 GTCGACCGCTCCGCCGGCGGCCACTTGAAGCTCAGCAAGATCGGCTGCGCCTCGATCTTCATCTCTTCCACGCCA
 AGCGACGCACGCGGCGAGCTCAATGCCCCGCGCCCTGCTCCGTCGAGCCGACAGGCAGCGTTCCCTGAACCAGGAG
 TCTTTCTGA

>CP15, 1017 bp

ATGCCTATCAAACACGCCATTGTCCACCTGATCGAGAAGAAGCCCGACGGCACCCCGGCCGCTGCTCCACGCGCGC
 GACGCCGAACCTGGGCGACTCCCAGGCCACCGAAAACCTGCTGGCCGACCTCAACGAAAGCTACAACGCCAAGAAC
 AAGGCCTGGGGCTTCTTCTACGGCGAGTCCGGCGCCTACCCGTTTCAGCGGCTGGCTCGGGCAGTACCTGGACGGC
 GCCCGCGACTTCGTTCGGCTTCAGCCGCGAAGCGGTGGAGCACCTGCAGAAGCTGATGGAAGAATCCAACCTCTCC
 ACCAGCGGCCACGTGCTGTTTCGCCACTACCAGCAGGGCATGACCGATTACCTGGCGATCGCCCTGCTGCACCAC
 AGCGAAGGCGTGGCGGTGAACGAGTTCGCTGGAGGTCTCCCCGTCGCGGCACCTCGACTTCGGCCAACCTGTACCTG
 GCCGCGCGGATCAACATCTCCGAGTGGCGTAACAACAAGCAGTTCGATGCAGTACATCTCGTTCATCAAGGGCAAG
 GCGCGGAAGAAGGTCAACGACTACTTCCGCGATTTTCATCGGCTGCCAGGAGGGCATCGACTCACCGGGCGAAAAC
 CGCCGCCCTGCTCAAGGCCTTCAGCGACTTCGTGGAGAGCGAGGGCATGGCCGAGCAGCAGGCCCGCGAGAAAAC
 GAGACGCTGGTTCGACTACCCACCTCGCAGGCGCGCATCGGCGAGCCGATGACCCTCGACCGCTCTCGGAACTG
 ATGGACGAGCAGCAACCAGCGGGGCTTCTACGACTACATCCGCAACAAGGGCTATGGCCTGTCGCCGGAAAATCCCG

GCGGACAAGCGCACCTCAACCAGTTCCGCCGCTTACCGGCCGCGCCGAAGGCCTGTCGATCAGCTTCGAGGCG
 CACTTGCTGGGATCCAGAATCGAGTACGACGAGGAGCGGACACGCTGCGGATCAGCAGTCTCCCACTCAACT
 CGCGACCAGCTCAAGCGGCGCAAGGCCCAAATTGGAGAATGA

>CP16, 255 bp

ATGACCATGGCCCGAGAAACCGAAGATAAGTTCGTTGTCCGTATGCCCTTGGGCTTGC GCGATCAGCTAAAGCAA
 AAAGCCGCGCATAAACCACCGCTCGGCCAACAGCGAGATCGTCTACCGGCTGGAGCGCAGCAACGAGCTCGAAGAA
 GAACTCGCTCGAGCGAACC GAATGGTTCGACGAGCTCTTCGCCAAGAACCAGCGTCTGCAGGCAGAGCTAGCTGCG
 GCTAACACGCCTCAGGTGGCAGAGGCATGA

>CP17, 1734 bp

ATGACAATGGCCAAGATCAACCCGCAAGATCTGAAAGACCGACTGCTTGGCCCTGGTTTACCGCGCCGCCGTT
 CTTGAACAGTTGTGCGGACCCGATCAGCGACACGCCCATGGTGCTGACACTCGACCAGGTCCCTCCCTGGCACGAT
 AACCCCGGACC ACTCGAAACCCGAAATACGATGAGTTGAAAAGAATCGATCCGGCATCGAGGCCCTCGATACGCCG
 CCACCAGTGACTCGACGCCCTGGGGAAGACAAATACCGCATTCGCAACGGCGGCAACACTCGCTGGAAAATCTC
 AACGAGCTCTACAAAGAAACCGGCGACGAACGTTACTTCCGCTTCAACTGCCTGTTT CAGGCCCTGGGACAAGCAG
 CGCGGCGAAATCATCGCGCTGACCGGTCACTTGGCCGAAAACGATTTGAAGGGTGACCTCAAGTTCATTGAGCGA
 GCCGTGGGCATTCAGAAAGCGAAGGCCTTGTATGAGAAGGAGAAAGGCGAACCCTCGGCATCCGCGAGCTGTCA
 CGGAAGCTCACC GATGACGGCTATCCTGTTTACACTCACACATCAGCAGAATGCTGGATGCCGTTGAGATACTG
 CTTCCAGCCATCCCTGTGATGCTGTATT CAGGGCTCGGTAAACCGCAAATCGAAAACTCCTGTCACTCAGAAAG
 TCGGCATCCTCCTGCTGGGCACGTCTATACGCCGGTGAAGGGATTGACTTTGAAATGCTGTTCCAGGACACGCTG
 GCAATCTTCGACAGTAGCCCTGACGAGTTCATATTCGACCGCTTCCAGGACGAGCTCATCGATCAGATGAAGCGG
 CCCCTGGGCTGCGTTATGACCAGATCCTGCTCGAGATCACCAACGGCCAGCAGGAAACAGCGCCGGGGCACTCTG
 GTCGACCTGCCCGCACCTGCCTTACCACCTGAAATCCCACCAGTAGGGCAGGAAAGTCTGCCGCTCGACTACT
 GGACAAGCACAAATCACAGAGCCCCGCTGCCGGCTCCAAACGTCCAAGACCAATAGCTCCCGGTAATCCCTCT
 ACCCCGCCAACTCCGCGCTACCTGTACAACAGCAGCAACTGACCGATGAGGAGCGTGACGCTCTTGGCAGGC
 CATATCGTGAGTCCGGTATCGACCAAGATCCAGCAGACTCGCCAACGTCTGGCCGCTCTCGAGGGTGAACATCTA
 CCTGTCTTCGAAGAAACAGCTCTTCACGCAATCCCGGTGCAAGTCGGCGGCCCTGCACCCGATTACCGACCTCTGG
 TACATCGAGCGGTGATCGATACCTCCGAAATCCTGCGACAGCACATCGCTGATCTGGCTGAAGAAATCGCTCTG
 CACGTCCGGCGCCCCAGGCGAGATCGTCAGGATCCAGGGCGGTGTGGGTTACACGTATCGCGAGCCCAATGAAGAC
 CCTGAGATTACTGATTCAGCGCTGCACCTCATGACGCTGCTTCAAGCGCTCAGCGGCCAGGTCCAAGTCGTCCCTG
 AACTCACACGACCAGCAGACCTGCCGCGACGCCCTGGGCGAGTTTCAATTCTCAGCTGGCCTCGCTCAGTTGCTG
 CTGGGCCAACCACACAGGCGATCAGCCATCCAGCCAGGCGGCTCTCAATGACGAAGCCCTGGTGAAACTG
 TTCCGGATAATTCTGCTTGGCCGACGCCTGGTTGACCTTGAGCTGCCGCCGGCCGCTCCGAGCAAGCAGCTACC
 GACCAGTGA

>CP18, 756 bp

ATGTCGAAGTCGTTGATCAATGAAGCGGTCTGACGCAGGTGATCAACCACCTGCGCAACGGCCAGCTCAGGCGT
 TGTGCCGAGATGGGACTGCGGCCGGAGATCCTGGCCAGCTCCAACAGCCCGCGTCATGAGCATCCTGACCAAT
 ACCCCGTTTTCTTGGGTAGACGTCAGAGTGAACATCGACGTCATGGAGAAAATCCTGGCCACAGCCGAGCGCAGC
 GCGCAGGAAGAGCTGCAGATCGAACGCGCACTGAAGCTGGGAGCCACCACAACGATGATTCAGAGCTTTTTCGGT
 CTGTCCGGGAGGACACCGCCACCAAGCGCTTGATCTTGGAGATCCACCCGCGCCGCGTTCGCTGGCGGCAACTT
 GACGAACAGACCCGAACGCCAGATTTGGTTCCGCTGGGAGCACCTGATGCAAGAAAACCAGGTCCGCCTTGAGGAC
 AGCATGGAGTTGCTGGACATCGCGATGATCCTCACCGAGGAAGTCAACGCCGGAGTCGAACAAGACAGTCCAGAG
 TTCATCAGCCTCGCCATCGTTTTGGTCTCTCATCCAGAGCTGGTTGAAAAGACAGCCTCTACCAACCAACAGGAAA
 GAACAGGCCAAGCCCGCCACCCTTTACCTGGCCAACGTGACGCTCACCTCCCTCGCCTACGGCTCACCCGCCA
 CAGAGCCCCCGCTTGGAGATTGAGTCTGCGCAGCAGCAACTCCTCAACCTGGTTCAGTCCGAAGGCGATACGACA
 CCATGA

>CP19, 729 bp

ATGGCTGAAACCCATCGGCTTCAGATCGGCTCTCTCCGAGCGATGTCGCCCTGACGCTTACACCTATCACGCC
 GCCCGCATCTGGACCGGCCGAGAAAGTCGGATGCCAAGCACAGCATCCTCGGCCTCTCCGGCTTCTGCGCATA
 GTGAATCGCATGCACCGCGGGGCGACACAGGACGATCCGTA CTCCGACTGGTGGCTGGTT CAGATCGAAGAGAAA
 GTCGAGAGCTGCCAAGCCGCGCTCAAGGCCATCGACCAGCGCCTGGATGACGTCATGGCCAAGTGC CAGCGACC
 CTCGATATCTCCGAGAACTTGTCCGTCACACCGGTCAAGGTCCCCTGTTTCACTCTCCAACCTCTCGGCTTCAAG
 GCGGTCTATCTTGGACCAACTATGACGAGCTCGCTCGCCGAATCCTGCTGGCCCAGCAGCTCGGGCTGGTCCGT
 CGCCGCGACATGGAGGTCTGGCTCGACGAAGGCGGCTCGGTGCTGCGCAGCCTTTTTGGTCTGGCCCAGAGCTAC
 CAGTTCTCGGGCGCCACTCGCGACGACTTCCGCCGGAACAACGCTCGCGCCGAAGCCGCGGGAAGATGTACGAG

AAGTTCGGCGAGATCCCGCAGGACATCCTGGAAGGCTCCCGACGCTCGAACTTCGCTCCGCCGATCACCCGGGGC
CGCTCTGACGGTGATGCCGATGATGACGCTGACCGTGTGCGAGCTCGAGGACTGA

>CP20, 549 bp

ATGCGGCAGCTCGATAAAGGACCAGCAAGGCGCTCTGCAACAAAGTGCCCTCCGCCACTGCAACAAACTGCCTTC
CAGGCGCTGCAACACAGTGCCTCACTAAAAGGCCCTTTTAAAGCCTTTTAAAGGTAATAGGGAGCTGGCCAGTTG
GCGGAGCAGTGCGAAGCCTTGGAGCAGGGATTGCTTGAACCTGCCAGGGACTGCTGGCCAGGTTGTCGCCCCG
CCCTTCACTCTTCTGCCACCCGACTCATCGAGCAGCGCACATCCGCCCGCACAACTTTCTTCGCTGGCAGCAC
ATTGCAACGCGGGCGGATGGGCGTGGGGTGTGGGCGGAAATGCTGCGCCAGGACAAGACCCCGGAATACCTGCTG
CAAGACCTCTACGAGATGGAGCTGCAGCGCATCACCTCAACATGCAGATCAGCCTGATCCACTCCATCGGCAAG
CAAGCCGCCGAGTGTGCGGAAAAGATGGGCCAGGCCGAGGCCGAGCTCATGGGCCGACTGCAGCAGAGTCAGACC
CGCCCCGGTTCGCTGGGCATGTAG

>CP21, 840 bp

ATGAGTAACGTCAGCAACCCAAGCGGTAAGGCCGTATCCCACTCGACCACCCAGCCCTCCACCGAGGTCAGCGTC
GAGATCACCGGCGGCAAGCCCACCACGACAGTCTCGACGTCGCCAAGCATTTTCGGAAGCAGCACAAAGGATGTA
CTCAAGAGCATTGCGAACCTGGAATGCTCACCTGAGTTTACACAGCGCAATTTTGCGCCGTGTAACCGCCCTGGC
TCCAACAACAACCCGAGCCGTACTTCCGCATGACCCGAGACGGCTTACCTTCTCTGCATGGGATTCACCGGC
AAGGAAGCCGCCCGGTGGAAGGAGGCCCTACATCAACGCCTTCAACAAGATGGAACAGGCGCTCATCGAGCAACCC
GAGATCCTCAGTCACAACCACCTGCTCCAGTTCGCCATCAAGACGCTCGACCTGATGCGCGACACACCCCTCGGC
GAGCCGGCTCGCCCCAGGACAGAACAGGTGCTATGCAACTACCTGGCCGTCGAGTCCTTGGACGCGGCCACTCCC
GAGCAGATCAAGCAGGCCCTGAACTTCTCCAGGGCCAGATCATCGGTGAAGGTGTGGCCGCCAAGTCTTGCCC
AGCGTGGCCGGCTCCTCCATCGCCAAGGACCTGCTCTACGGCTTGTGCGCTCCGCTCATGACGCGGAGCTGCTG
TTCAATTCCCTCTACGACAGTGGCGTCGAAAAGCTGGCCAGCGAAGTGTTCGAAGGACACATGGCCAACACCTTG
GCTGCAACGTCTCGGCAAACCCGTGAACTGCTCGGGTACGTGGCCAGCCGCGCCACTCGCTCCCCCTTCAAACCA
CGCTCCACCCACTAA

>CP22, 489 bp

ATGGCTACCCCGTCTTCTGGGAAGGCAACATCGGCTCGGCGCCGGAGCACCGCAGCTTCCCGAACGGCAACAAT
CCCCCGCGCAGTTGCTGCGTCTCAACGTGATGTTTCGACAACCTCGATTCCCGATGGCCAGGGTGGCTACAAGGAT
CGCGCGGCTTCTGGTGCAGTGTGAGTGGTGGCATCAGGATGCCAGCGTTTCGCCAACTGTTTCGCGAAAAGGT
ATGCGCGTCAAGGTGCAAGGCGAGGCCGATCATGGACCGCTGGCCCCGACAAAGAGTCAGGGGAAGAAGTCCAGGCG
CTGAAGGTGCAAGCCTCGCGCATTTCCATCCTTCCGCATCGCCTGGCCGAGGTCACCTGTTGCCGTCTACCAAC
GGCCAGTCGACACAACATCAGCAGTCTCGGCAGGTGCCGCCGCAACCTGCTCAGCAGGATGCGCACTCGCAGCAG
GACTACGACAGCGCCTTTCGACGACGACATCCCCATGTAG

>CP23, 282 bp

TTATTTCGCTTCCAGGGGTTCCAACCTCCCCGTAGAGAGGGATCTCGTCCAAGTACATGTCTTCGGGACGGGCCAA
CTCATAGGCGCGGAGAATCTTCTGTGCCAGGGCAACTGCTTGATCCTTCGGAACAACCTAAACGTACCAAGTCGGG
ATAGTGGGACTTCTCGGCCAGATCGTTTTGTCCTTTGCCTACTGTGAATTCGTGATCCTTTGTAGCCATGCTGGT
TTCCTCGTTACTGAGCAGCCGAAGTGGGCTGCGGTCCAACCAGATACTCCCCGTAC

>CP24, 261 bp

CTAAGTGCTCGAAAGTCGAGAACGCATCAACCTCATGGCAACTTCATTTTTGCTGCTGCAGCTTGGCGTGTGTCGT
TTCGCTCATTGGCAAACCATCAGGCTGAGCCAGATCCGTCAGGCCACCTAACCAGACTGATCTGCGCGTGAATATC
TCCGCACTCGATCTTCTCCTCGCCGGCCTGTTAGACCTGATGAGCCATTCAAGCTGGGCAAGCTCTCGCTCTAC
AACGGTAAGAAGCGCTTGTTCCTCAATTCTTATCCAT

>CP25, 411 bp

TTACACGATTGGGACGACCCAGTCCTCAACTCTCAAGCCGGGTACGCGGTGCAACTCGCGGCGGTTATTGGTGAC
CACGATCAGGCCCTGAGAGCGGGCGTGGCCGGCAATCATCTGGTCATAGGGGCCGATTTGCTTGCCGAGGCGGGC
CAGTTCAGCGCGGAGCTGGCCGGTGTGGGCGGCAGCTTCTGGTCTGACTTGAGCACCTCCAGACGAGCAGCGAA
GCCTTCCACGTCTGCAAGATTGCGCGAGGGGTTCGAGGACTTCTCTGCGCCGTAGATCAGCTCCATCAGCGTAC
GGTGTGATGCACATCTGATCGTGGTGGCGCAGGAACCCCTCGCGCACCTCTGCGGGCGGTTTTTGATGGTGAA
GATGCAGATGTTGGTGTGAGCATGAACTTGAGCAT

>CP26, 231 bp

TCAGAAAGTCTCGCGCTCCTGATCGGCAGGCTGTTACGCTCTGCCATAAAGTCGGCAGTAACGCCCTCGCCATC
 GAACCAGCTATCCCAAGACTCGCCGGCAGGCGTGATGATTCTGGCGCGCCCCACAACGACCACATCCACACGCTT
 AACGTATCGGGAAGCGCGACTGCCTTGGGCAGTCTTACGGCCTGGCTACGATTGCTCTGAAAAACAGAACCTTG
 TTCCAT

>CP27, 1920 bp

ATGCACCTTGTAATCATTGAAGCCCCGGGCAAGCTGAAAAAGCTGCGGTCCCTTCTCCCCCTCCATTTCGTCCCGAC
 GTGACCTGGCAGGTGGAAGCGACTGCCGGACATATCAGAGACCTACCCGTTTACGGCCAGGATCCGCAGATGCTC
 ACCGTCGGCGTGGGCCAGGATTTCAAACCGCACTACCAGATCCTCTCGGGCAAGGAAAAAACCGTCGCACGGCTG
 AAGGATCTGCAGCAGAAAGCTCTGGAGATCTACGTGCGATCCGACCCGGATCGCGAAGGCGAAAAGCATTGGCTGG
 CACATCCTCCAGGCTGCCGGGATCAAGAATAACAAGCGCTTGCCTTCAAAGAGATCACCAAGTCATGCATCAGC
 GCCGAACTCAGCTCGCCGCGTGCCTGGACCTCCCGAAGGTGCCTCGCAGGAATGCCGTCGCTCATCGATCGC
 CTGGTGGGGTATCTGGTCACGCCAGAGTTGCGGCGCGTGATGGGCAGGCCAACCCCGCCGGGCGCTGCAGTCC
 GTCGCTGTGTACCTGGTGGTCTCTGCGAGAGCGGGAGATCCGCGCCTTACAGCAATCAAGCACTTCGGGGTGGAA
 CTGACCTTCGTTTCGCCAAGCGACGGCCGTACCTGGACGGCGGAATGGGATCCAGTGGCCGTTTTCGCCAGCAAG
 GAGTTCCCGTATGTCCAGGATCGTCAACTCGCAGAAGTGGTGGGGGCTATACGCAATGTCATCGTCGAGACCTGC
 ATTGATGGCGAAGAAACCGTTACGCCTCCGGCACCGTTTTCATCTCCTCCTCGCTCCAGATGGCCGCCGGGAATGCG
 CTGAAGTGGTCACCCGACAAGACGATGAAGGTGCGCCAGCGGCTGTATGAGCAGGGGCTCATCACCTACCACCGG
 ACGGACAACCCCAATATTTGAAGGACTCGATGCCGGATATCCGTGCTGTGCGCAAGGCCCTTGGGCCTGAAGAGC
 GTTGAGCAACAGCGGATGTTCAAGGCTGATCAGGACGCCAAGAAGGCCACCCCGCCATCACCCACCGATTGG
 ACGGCCGCTACCCGCGTGAAGTGTGATGAGCAGGCGCTGTACCAGTCAATCGAGTCCGCGCGCTTGCAGC
 CAGATCGAAGCTGCCGTGTACGCCGTGAGAACCATCACCTCCTGGGCGTTCGGCCCCGACAAGAAGCCACTGCGC
 TTACTGCCAAAGGGAAGCTGTTGAGCGTGCCTGGCTGGCGAAAAGTGTGTCAGGGGGATGACGCCGAGGAGCAG
 AAGAACGAAACGCCCTCAAACCCACCCCGCGCTGGAGCCAGGCCAGATCCTGCAGGCTTACAGCGCGGAGGTC
 CTGGAGAAGAAGACCACCCCTCCCAAGCGATTACCGATGCCAGCCTGGTGGGCGAGATGAAGCGCCGCGGGATT
 GGTGCGCCATCCTCCTACGCCTCGATCGTGAAGAACATCATCGACAAAAGGCCAGGTGCAGATAAAAGGGCGAAGC
 CTGATCCCCGCGGAGCTGGGCGAGGCCACCATCGCGCTCCTGGAGCACAAGTTCAGCTTCTCAGCCTCGACTTC
 ACCCGCAACCTCGAGGTAGCCCTGGACCGGATTGCCAACAGCGAAGACACCTACATGAACGTGGTCCAGCAGTTC
 TACCAGCTCCTGCAGTCAGAGCTGCAGACGCTGCGCGCGCACCCAGCGCACAGGGCGACCCGCGAGCAAGCTCT
 ACCGCCAGCGCTCCACGGCGCCGGCTAGTGACTTCTCCTGCGGCAAGTGGGCTTGCCTTGGTCCACCGCAAG
 AAAGCCGGCAAGGGCGGCTTCGACTTCTGGGGCTGCAGCGGCTACCGCACCCAGGCTGCAAGTCAACTATCC
 ACCAAGAACGGCCGACCTGACTTCGACAACCCGCGTGGGCTATAG

>CP28, 210 bp

ATGGCAACTCGCCAAACTGGTACTGTTAAGTGGTTTTAACGAAGTTAAAGGTTTCGGCTTCATCACCCCGGAAAGC
 GGCGCAGATGTTTTTCGTTCACTTCCGACAGATCGAAGCTAGCGGTTACAAGTCCCTTGACGAAGGACAACGTGTA
 AGCTTCTTCGTTACTGCAGGCGCCAAAGGCCCGCAGGCCGAGCAAGTGCAAGCTCTGTAG

>CP29, 1890 bp

GTGGCACCCTCGATAGCACTTCCCCCGCCGGGCGCTACAGGATCAATCCCTGGCCCCGTACAGCGAGCGGGCAG
 CTCGCCGTTGCCAACACCTGGGCAACGCATTTCTCCCTCGCAGGGACAGCTCGAACCAAGTTCATCCGTCCTACTAC
 CTGCGCAGCACCTTACGACCAGGTGCTGGTGCATCACCGTCGCTGCGGATAATGGTGTGCGTTACACCATCATG
 CGTGCAGGGCCACTGCTCCAGGTATTCGACGGTCAACTAATCGGTGCGTGGGAGTGCAGGCCCTGCCATCGTATC
 CCGGCAAGCACGCCGTCCCCAGCAGGGGCGTTGAAGCTGCTACAGCGCCTTCAAAGTTCGACGACGCAGTTGCT
 GTACTCAGCTCATAACCAGACGAGCGCACGACCTAGCCACACAGATGGCCAGGGACGATCTCGGACTGCAACGT
 CGCCTCGTGTATCCGAGCCACAGCAACAAGCGCTACTACGCACCAAGGCCAGTTCCTACTTGAAGCAGATCGGA
 GCGGTCTTGCGAACCTTACGGCAGGTCTGGACCAAGACCTGCTGTTGCTATCCGCTCGGTTCCGTTGCCCTCTCG
 CCCCAGCTCTACAAGTGGCTGGCTCAAGGCAACCAGGCGCGCCGGCTGCAGATGCTGAAGGCTCAGCCGGTCTTG
 ACGCCGCTACTGGTGGATTGCGAGGAGGGAGTCTGGCCTCACACGACGACCAACGACAACGGCGAGAGCATCTGC
 CATTTCTTCTTGCCTTTTTTCCCTGCTTGTGAGTGAACGACCCGAGGCCGCCGCTGCCATGCGACTTGTAC
 CTCGATATGGGCCGATTTCTTGGGCAGGTGCGGGACGAAGGGATTTCCGGTTCATCAACTTTTTTCGCTGGCTATTT
 CAGGCGCCACGGCCCTCGATTTCGATTTCTTAGTCACGTCAATCCCGGCCGTCGCGGAGGAGCTCTCTTCCATCGC
 AAACGGGAAGGCGGATATTCGGGATGGCATACTCTCTTATGCGAGCATCGCTAGGTAACCGCGCGCCGATCACT
 CGCGCTCAATGGACAGCATTCTATGCCGCTACAATGCGATCCCTTGGCAAGTTCACAACGCCAAGCCGACATAC
 AACCGTCTCTTCAACGGCTGCCGCTGATTGGCAGGATCCGGCATGGCTTGCAATCAGTGCACGGCTGAGAGAT
 ATCAAGGAGTTCTATAACGCCCTCAACCAGGGGAAGTACAGGTTGTTTCGGCAGGCGCGTAGCGTCTGCAAGCG
 TATCTGGGTCAATTGTACCTACCACAGGCTGGCAACCTGGTGGACGACTACCACCAGGTCCAGAGGGGAAGTGGC
 GCCACAGTACAGAGCAGCCTGCCGATCTGGTGCACACCGACGAGTACACCACCTGGGAGGGAAATGCTGCCTGTC
 AGCCTTATCGATTGCCCAATGGCCTGGAGATCGTCGAGCTCCGCTGCCCTGCCGATCTCTATGCCGAACATATC
 GCGCTGGCCCATTGCATCGATAGCTACGACCAGGCCGCTACCGAGGAGACTGCCGACTGCTCTCAGTACGTGAG
 GCTGGCCGTCCTGCGCTCTGCCGAATTGGAGCTTAGGCGTGAACATGGCGAGCCTCTAGGTAGGCCCTGGAAT

CCCCAGCACCTTTCCACGGTGAATTGCGCGAATTTCGATAATGCCCCCGTGCCGGCCGACTCCCCTGCTGGCCAA
GCATACCGCTGGTTTCATGGAACGGATTTCGCTCTGGAGCCATAGCGACGAACCTGAACTGGCCCGACATGACCGTC
CACATGACGCGCTTCGCCGATGGTCGCTGGAAGGCGGGCCTCGCCGAAGCCACGGCGAAGTGCGTCTCACTCGG
TTGGAAAACCGATGA

>CP30, 1974 bp

ATGAGCCGTCCACGCCTGGTCAACCGTACCTCCGCGACTCCTTCGACGCTTCTGCAGCGGGCTATCTTCGACGGC
TACGACTTCGGCTTGAAGATCCCCTACATCGCAGGCAGCAACCGCGCTGCTGGAACTGTCCGGCTTCTTCATC
AGCGCCCGGAGCATCCGTTGCACCGCTACTGGCGGGTCCCCAAGGGCAAGTTGCTGCCCGAACTGGACTCGCTG
TACAACCGACTCGCCGAGCTCGCTGGAGGCCTCCACTCACAGTCTGGCGGGACTTCAGCGGCATGGTCGAACTC
GCACAGGCCTCGCTTGACCGACAGGCCTTACCTGTGGTTTTGCTGCTGCGCATCGCGCCGCTGGCCGAGGGCGGC
GTCTTGCTGTGAGGCGAGTTCCATCCCGGTGTGGTGGCGGTGGCTCGGCGGATGCGCGGGGTGTTCTGCGCCCA
TCGAGCTCCTGGCGCATCGACGCCACACCTGAGCTGCTCCGCAGCAACCTGATCCTGGAGCTTGGCCTCGCCGAG
GAACAATTCGAGATACTGGATAACCGTCCAGGAGCTGCTCAGCGACGGTAGCTTCGCGCCGGCGACCGAGCTGCC
AGCATGAGCATCGGCGGTCCACAGCAGGAACCGGCAGCGCCATCCCTGGAGGACGAGTCAGCTTGTGACATCTAC
CTCGCCCGGGTGCCAGAGATCGAGCGCACCGAGTACAGCTCGGCTGATATCGAGGCGGGCCTTCAGGGCTACTCG
CTACTGGCCCCACCAGCCTGCCGGCATCGCTCACTTGCTGCAGAGAACCAGCGCCCTGTTGGCCGACGACATGGGA
TTGGGCAAGACCCGCCAGGCGGTTCATCGCCGCTTCGATCCGAGCGGGCGGGCAGGCCAATTCCTGGTTCATCACCTG
GCCACCCTGTTGATCAATTGGCAGCGCGAAATCCAGGAGGTCTATCCCTCGGCCACCGTGGCCATCCAGCAGGAC
AACCCAGAGGCGCAGTGGATCCTGGTCAACTACGAGCAGTTGAGCCCTTCGTCGCCAACGCTTCGCGCTTCGCC
GTGATGGTTCATCGACGAGGCGCAGCGGATGAAGGAACCGCGCAATGCACGCGGCACGGTTTCGACATTGCC
GCCAAGTGGCGAACCCTACCTGCTTACCGGCACGCGGTGCTCAACCGTGAACCGAGCTGCACACCCTGCTT
CGCCTCTCAGGCCACCCCATCGGACAACCTGCCGCTGAAAGAGTTCTGCGACCGTTTCGCCGGCAACCCGGAGTTC
CGCCAGAGTCTGCGGGCGGAGCTGGGTGACTGGATGCTGCGCAGGCGCAAAGATGTGCTGCCAGCCTCAAGGGC
AAGCAGCGGCAGTTGCTGAAGGTGGCCCTCTCCACCAGGAACGCCAGCAATACGACGTGCTGCGTCTCGAGGAC
CGACCGGTCTTCGCGCGACTCGGCGCGCTGCGGCGTTACCTGGAAACGGTGAAGGTTTCGCGTGGCGATGGACCTG
TTGAGCGAGCTCGACGCCGAGGACAAGGTGATCCTGTTCTGCGAGTTCAAGCCGACCGTGGCTGCGCTGAAGGAA
CTCTGCGAGCAGGCCGGGCACGGCTGCGTACGCTGGTGGCAATGACTCGCTCACCAAGCGGCAGAAAGCGATC
GATCGCTTCCAGCAGGATCCCGACTGCCGGGTGTTTCATCTGCACCACGGCGGCCCGGGACGGGCAACAACCTC
ACTGCGGCGAACTACGTGTTTTTCTCGGCCTGCCCTGGACTCCCGGTGAGCAGGAACAAGCCGAGGATCGCGCG
TACCGCAACGGCCAGCTCCGCATGGTTCGTGGTGAAGATCCCCTTAGTCGAGGCCACGATCGACGAGCAGCTGTGG
CAACTGCTCAACGCGAAACGCCAGGTTGCCAGGACCTCATCGAGCCCCGAGCAGGTCGACGGAACCGTGAACCT
GTTGCTAAGACATTGATTTTCATAG

>CP31, 783 bp

ATGGCAGAAACACAGATCGAATGGACCGACTCCACATGGAACCCCTGTAGCAGGATGCTCCATAATCAGTTCGGGC
TGCAAGAATTGCTATGCTATGGAAATGGCAAGAAGATTAGAGTCGATGGGGGTTGAGAAATACTCTGGCCTAACT
CGACTCAAAGGTAACCGTACAGTTTGAACGGTAAAATCACTGAAGACCATGATGCGCTCTCGATTCTTATCGC
TGGAGAAAACCCAGGAAGATATTTGTTAATTCAATGAGCGACCTCTTTCATGAGAAAAGTTAGCGATGACTTTATT
CTCAAGGTTTGAATGTCATGAGAGAAAACGCCGATCATAACTACCAGATTCTGACCAAAAAGACCAGAGCGAATG
GCCGACATGCTCACCAATACATTAGAGAGGTAATCTTAATGTGTGGCTAGGCACCAGCATAAGAGGACAAAGAA
ACTGCCCAGAGGGTCTTTACCTAAAGAAGACCCAGCCCAAATAAGATTTCATCTCTTTCGAGCCATTAATCGGA
AGTGTGGCGAGATTGACCTTTCAGGCATCGACTGGCCATTGTTGGAGGAGAGAGCGGAAGCTTTCGACGGCCA
ATAAAAGAAGAGTGGATCGATGAGATCCATGAACAATGCATAGAATATGGAACAGCTTCTTCTTTAAGCAATGG
GGCACTTGGGGGAAAGATAACATCCGACGTTTGAAGAAAGCTAACGGTTCGAGAGTACCGAGGCAGGACCTGGGAT
GAGATGCCGGTAAAACCTAGTCAGCATCGCTTAA

>CP32, 1254 bp

ATGGTAAGAAAAAATTTGACTGGGAGAATGGCGCAAAGCTTGAAGACCACTCAAGAAGAAAAGCATAAAAATACTG
CGAGAATACTTCTACCAATACATTATTACTCGCTGCCAACTTCCCAAGCAAGAACGTTTTAGGTTAGCCATAATT
GATGGCTTCTCAGGCGCAGGTCGCTACATATGTGGGACGGCAGGCTCGCCTATTATTTTCATGGAGGAGTCAAT
AAGGCCACGAAATATATCAATATTCAAAGAGCAGAGCAAGGCCTTCTCTAATTGAAATAGAGTGCTTTCTAATC
CTAAACGACTCTGAGCCAATTGCGGTAGAACTCCTAAAAGAAAACATCTACCCACTGCACGCAGAAAATAAGAGAC
ACTAACAGACAGCTACATATCAAGACTCATTATATGAGCAATTTTTTTGAGCAGGCATATTTCTGAGATCCAAAGT
CTTCTTCGTGACGGCCGTTACAAAAGCACAATTTTCAACCTCGACCAGTGTGGGCACAGCCAGGTTTCGGAACGAA
ACCCTGGCCGATATAATACGCTCAAACAACCTCCGCCGAAATATTCTACACTTTTGCAATCGAGACACTTCTTGCC
TTTCTTCAAAAACAAATCCAAAACAACCTTGAACCCAGCTATCACATTTATCAATAAACGAATACGACATTGCT
CAGCTTGACACCATCATGGATAAGAAAAGTTGGCTGGGAACTGCTGAGAGAATAGTTTACTCAACTTTTAAAAAA
TGCGCACAATTTGTAAGCCCCTTCTCCATCAACAACCCAAATGGTTGGAGGTATTGGCTCATCCACTTAGCCAGC
TTTTATAGAGCCAGACAAGTCTACAACAACATTTCTTACATTAACAGTGGGTCTCAAGCTCATTACGGTAGGTC

GGACTGAATATGCTTGCACGACCCCAAGCGAAGAAGGCAAATTATATCTGTTTACTCATCTGCTAGAGATGAT
 GCAAAAATCCAATACTACTCGAAGACATTCCGAAACTTATTTCTCGTCTGGTGATGCTGTTTCGCATTGAGGACTTT
 TATAGTGGAAATTTACAACCTCCACCCCGCCACAGTGACGACATAAACATTGCTCTAATTGAAAACCTTGACATA
 GAGATAATAACTGAGAGCGGAGGAACCTCGTCGCAAAGCCTCTCAAATAAAAAATAGATGACACTGTTTCGACTTAAA
 AACCAAAGAAGTTTCTTCCCAATCTTCTTGAACAATACGAATAAGAAAAGACTAG

>CP33, 1125 bp

ATGACCAGGCAGTTGACCACTCTCACGCTGTGCCTGCTGCTCGTCAGCTGCACGACCCACAAGGCTGAGCCGGCC
 AGGCCCGCCTTTCGACAGCAGCCGCAATCCAGACCTGCTCTCACCGGACCTGTACCCGAATGGCGTACAACCGGAG
 AAGGAGCCCGTTCGTGCGCTACGGGCGCTACACCCTGGTTCAGCACCAGCCGGACGCTGGCCAGCGCGACCTGATG
 GCACAGATTATCGACGTGACCATCCCCTCGAGCATGAACCCGAGTGTCAAGGACGCCATGCAGTACGTGATGAGC
 CGCTCGGGTTACTCGCTGTGCCCGGCAGAGGCCGGTTCATGTGAACATCCTCTACACCCGGCCGCTGCCGGCGGCT
 CAGTACAAGCTCGGCCCATGACCCTGCGCAACACCCTCCAGGTCTCTCCGGTCCAGCCTGGCAGGTTAAGGTC
 GACGAAGTGGCGCGGCAGGTCTGCTTTCGTGCTTCCGCCGGGCTATCAACTTCCCCGGCGCCGAGGCCGAAACCG
 GTCCAACAACCTGTTTTCGAAGCCCGCTGCCCAACTCCGGCGGCGGTAGCGCAATCCTCATCCACGAAAAAGTC
 AGCACGCTGGAGTCGCCCCTCGTGGTTCGCTCGGTGCCGACACCCGGCGCCGATCACAACCAGCCCCGCTCCGGCC
 AAGAAGCCTGAATCCACCACTGTGCTCCCCCAGCAGCACCCGGCCAAGGATGGCCACTCCTCTTCTCTTACCACG
 GCTTCGGCACCGATCAAGCCCTTGGCTTCCGCCGTGAAGTCCACGCCGCCACTCCGGCCACCGTGGCTTCCGCC
 CCTCCGGTCAAGGTGCTCACGCCGGCGGAGCCGAGCCGACAGTTGGCACAGTCTGGTTCAGCCGAGACGGGATCA
 ACCCTGCGCGACACCTTGGAAAGCCTGGGCCAAGCACGCACGCTGGACCGTCCGCTGGGAGCCGCAGGATCTCAAC
 TATCCGATCGAAGCTCCTCTGACCTTCCACGGCTCCTTCGAGGACGCGGTATCCGAACTGTTCCCGCTGTATGAC
 GCTGCCGAACGGTCTTCTTGGTGAACGCCAGCCGGCCGAGTCCCTGATCATCATCAAGGAGCGCAAGAAGTGA

>CP34, 1710 bp

ATGCGTGCCCCCTGAAGAACCTCTTGCCTTGCCCTCCTGATCCCCGCGCTGGCCAGTTGCTCGGTCACGCGGGTG
 AACGAGTCGGCGGATCGTGTGCAAGCTACGGCAGATTCCGCGTCGACGATCGCAGCACAGATGCGCAACACCCGA
 CCGGATCGCCGCGATACGGTGGTTTTCTCCGACAAACCCTGGGTTCAGCACGAAGCCCTGAGCGTTTCGCACACC
 TTGTCCAGTGACTGCATCGTGCAGTGGCGCCCTGCAGATGCAGCGTCGCTGCAGGAGGCCGCCAGGAAGTCATC
 AACCAATGCCACCTGGCGGTTCAGTATCACGCCCCGACGCGCTGAACCCGGCCGCTTTTGCCCTGCAACCTCAGCAG
 CGCGCGAGCAACGCCCCGCCACCCATCCAAGGCGGCCAGGACATGGCCACCATGCTGTTTTCTGCTCCGTCGCC
 AACGGCATGTCCCTAGGTGCCGGCGGCAGCATGGGGTTCGAGCTTCCGGTCTACGGCCCGCGGTTCGCTGTACAAC
 ATCAAATGGAACGGCAAGGTTCAGCGGGTTCCTCGATCTCATCGCCGCCCGCGCCGGCGTTCCTGGCGCTACAAC
 CCAACCGAGAAGCGAGTTCGAGTTCTACTACCTGGACACTCGGACCTTCCGCATCTACGCCCTTCGACGACGTC AAC
 ACGGTGGACTCCACCGTGCCTTCCGGTATGACGACGGCCCGCCGCATCAGCGGGGATGGCTCCGGATCCACTGGA
 CAGAATGGCAGCTCCGGCATCAGCGGGCAGTCCGGCAGCAAGCAGACACCAGCTCCGAGCTGAAGACCTCGATC
 CTCAGCGCATAGAGAACAGCATCAACTCGATGCTGACGCCGAGCATGGGACGCATGCGCTGCGCTGCCAGCAG
 GGCACCCTGACCGTACCCGACCGACCAGAGGTCTCAACCCGCTCCAGCAGCTGGTCAACCGGGAGAACGAGAGC
 ATCACCAGCAGGTGCTGCTGAACGTCAACGTGCTCTCGGTTCGCCCTGACCGACAAGGATCAACTGGGGATCGAC
 TGGAACCTGGTCTACAAGTTCGCTCAACAACAAGTGGGGCATCGGCCCTGAAGAACACCATGCCGGGCATCGACCAA
 AGTGCATCTCCGGCTCCGTGAGCATCCTGGATAACGCCAACAGCGCTGGGCAGGATCCAAGGCCATGGTCCAG
 GCGCTGGCCCAGCAGGGCCGCGTCTCGACCGTCCGCTCCCCGTCGTCGACCGCTCAACCTCCAGTCGGCGCCG
 ATCCAGATCGGCCGCTACGACAGCTACCTGGCCTCCAGCCAGATCTCAACGTTCGCCAGGTTCGGCAGTACCACC
 TCGCTGATCCCGGGCGCCGTGACCGAGCGCTACAACATGAGCCTGCTGCCGTTTCGTGATGAAAAGCGGCGAGATG
 CTGCTGAAGATCAACATCAACATGACCTCCCGGCCGACGTTTCAAATGCAGACCAGCGGAGACTCCAAAGCCCAG
 TTCCCGAGCTACGACATCCAGCTGTTTCGACCAGAAGGTACGCCTGCGCAGCGGCGAGACCTTGGTGTCTCCGGC
 TTCGACCAGACCACCGAGGATACCAACAAGGTTCGGCACCCGGCGACGCCGGATTCTTCGGCCCTTGGCGCGGGCTG
 ACCCGCAATACCAAACCGCAGGTCATCGTGGTGTGATCACCCCCGTCGCTGGGCTGA

>CP35, 1212 bp

ATGAAGGAAGCGCGCAAGCTGGGCAAGGAAGAGCATCTGGACATCGTTGCCATCCGCCATTCGCCGACAGTGATC
 CAGGCCGGCTTCGTTTTCGAAGTCGCAAGGCGCAGTCAAGGGCATGTACTCCCTGGCCTCGGCGCTTTCAGGCCAG
 TTCGAAGGCGACTTCTTGGCCTGCTGGAAGGTTCGACGAGGACCGCTACGCACTGGTTCGCCACGCTCGATGGCGCG
 ATCGTCCCCGGCCAGGACCTGGTCAACACCTTCGACGAAGCCAGGGACCGGATCAGGAAGCTCTCTACGCGCGGC
 GTGCTTCGAAACGCACAGGTCTTTCGTTCCCGAAGGGTTCGATTTCCCCGTCAAGGACTTCGACATCGAGGAACTG
 CTCGCGCCGAAGCGCCTGCGGCGGACTACCGCCTCCGGCAACTCACCTTCGGCTTGTCCGCCAGGGAGTGGACG
 GCAGTGGCCCTGCTCGGTTGCTTGGTAGGCGGGTTCGCTAACCGCCTACTACCTATGGAATGCCACCAGCAAGAG
 CTCGCCAGACAAGCCGCGCTCCTCGAGGAGCAGAGGCCCTCGCCGAGCTGGCCGAGAAGAACGCCAGGCCAAG
 CAGCCGCTGGACCTGGCGTCAATTGCAGAAGCCTTGGACGCTCATGCCTGACCTCGAGGACATGCTACGCGCCTGT
 AGCAAGGCAACGGGGTACTGTGCTGTGATCCAGGGCTGGCTCTTCAATCCAGCAAGTTCGACGCGCAGGGTTC
 CTGGTCCACCTACCACCGTACCGGCAACAGCACGGCAGCCGACCTGACAGCGCCAGCCAGCACCTGTTTCGCT

GACCGCCCCGCTTTGTTCATCGACAACGGCAACACCGCGGCCCTGAAGGTTGACCTGAAAGTCGCCATCGGTAGC
 GATGAGCCGCTGCAGCCAGCCGACGACGCGCTGCAGGCGCTCACCAGCCATCTGTACCGTCAGGGTGTGAGGCC
 AAGCTGTGATCAGCCAGGAGACAACCTCCGCCCTTCTGGCGCGGAAGCGGGGACGGAGCAGCAAGTGGTGTG
 CCCTCCTGGAAGAAATTCACCTTCAGCGCCAGACCAGGCTCCCGGCAGACCTGACCTTCCAGGGGGCTGCCCCGC
 GCCGGGGTCCGCATCACCAACCTCGAAACCACGCTCAAGGACAGCCAGTTGGACTGGACTGTACAGGAGAAATC
 TATGCGAACTGA

>CP36, 534 bp

ATGCGAACTGAGCCGATCGGCATGGCCGTGGCCGTGCTCTTCTCCTCGCGTCCGGCCAGGCCTGCGCCGGCACC
 GTTGGCGAACTGGCGGAGATCCAGGCCAGGCCATCCTCACCAGGCCAAGGTGCGTCTGGCCACGGCGCAGCGG
 CAACTGGAGGGCAAAGGCGAAACCGGCCAGGTCGTACGCGCCAGGGGACAGCTTCGCCATGCCGGTGGCGGGC
 GCGGCGCCGACGATCACGCAGCCGGTTCCGCCGGTGGTGGGACCATCTACGGCGCCGGCGGCAAGATGACTGCC
 ACATTCTTGTTCGGGGGGGTACGAGGTGGACGCCGCCAGCGGGCGGAGCTGCCGGGCAACTACCAGCTCGAG
 TCGATCTCCCTGGACCAGGTCGTACTCACCACAAGGACGGCAACCGCGTACCGTGGGCTTCTCCAGCGTTGCC
 CCGACCCAAGCCGCTCCTCGGCCAAGGCGCCTCCGTTCCGCCGGCGCTGCCCGGGGGCGGTACCGCAGCCGTT
 ATCCAGTAG

>CP37, 1581 bp

ATGACGAACCTTCAAATTGCCGCGCTTGTACAGCCCTCCATGGTGACCCAACCTGCTCACCGCCGACGGTGGCGAG
 TGGGAGGTCTCGAAGTACCTGCAGGAGATCATGGCCCTGGCCGCCGACGGCACGCTCTATCTATCGGAGAGCCAC
 CAGAACGACATTCACGTTCTGTGTTTCATCGACCGTCTCGATCGCCGTGGCTTCCGATAACCAGCTCAACCTCACC
 GACCTGCAGACCATTACCAGCTCTACCGCGCCGTCGCCATGGACGGCCTGGTAGATAGCGATGGCCAGCGCGCC
 ACCCAGATGCAGGAGCGCGTGGTCAAGATCATTTCGTAAGGCCACTGAGCTGCGCGCCAGTGACGTGCATTTTCGTC
 GTGAGTCCCGCCGGCACCGGCAGCAAGATCCGTTTCCGTGTGACGGCCTGCTGAAGACCGTCGAGCAGTACCGC
 AGCCAGGAACTGCACGAACTTTGCGCAACCATCTACCAGTCCATGTGCGACGTGGCCGAGCCGCTTTTCAAGCCG
 CAACTGGACCAGGACGCGCGGATGAGCCAGGCCTTCGTGAGAAGCTGAACCTGTTCCGGCCCGGATCGCGACC
 CGCCCGCGCGCGGTGGGTTCTGTATGATCCTGCGGCTGCTCTACGACGATAACGGCCTCGACAGCCTGGAGCAG
 CTCGGCTACCTGCCCGAGCAGAACGCGCTGTTTCGATCGCATGATGCGCATGCCTTACGGCATCAACATCCTGTCC
 GGCCCCACCGGGTCAGGGAAGTCGATGACCTTGAAGGTCACCATGGAAGGACTCGATAAGCTGCATGGCGGATCC
 AAGCATATCCTGACCATCGAGGACCCACCGGAATACCACATTCGCGGGCAAGGCATCAACCAGACCCCCACTGGTC
 TATGACGCCACTGACCCAGACGCGAAGCCAGGCCTGGGCGCAGGCATCGCCAACGGCATGCGCCTGGATCCG
 GACTACATGATGATCGGCGAAGTGCAGGACCTCTTCGCCGCTGTGCGCCCTTCCGTGGCGCGATGACCGGGCAC
 GGCCTGTGGTTCGACCCTGCACACCAACAGCGCGATCGGCATTGTCCAGCGCTCAAGGACCTGGGCGTCGACTCC
 GGCTTGTGTTTCGATCCGGCCCTGCTGACCGGCCTGATCAACCAGAGCCTGCTGCCAAGCTCTGCCCCACTGC
 AAGTGCCTTCCAAGACCACCAAGACCAGCTCGCGCCCGATGCTGGTTCGAACGGGTCCAGCGCTTGACCGATGTT
 TCCCAGGTGTACGTCAAGGGGCTGGCTGCCAGGCCTCCGTTGGCTCCGGGGTCAACGGCCGCTCGATCGTCCGCC
 GAGGTGGTGTGCCACCCTGGCCTTCATGCGTGTGTTTCGCCAAGGCGGCCAGCCGAGGACGCAACTACTGG
 GTCAAGACCATGCAGGGCATCACCAAGCACGCCACGCCATCCGCCGATCAACGAGGGCATGTTTCGACCCGCGAG
 ATGGTTCAGGATTTTATTGGGCCACTCGACTTCGATGAGCATCTGCTCGACGACAGCTTCTACTCGCAGGAGGCG
 TGCTGA

>CP38, 1080 bp

ATGGGGGGCTTCTGGGAGCAGTTGCAGTTTCGCTTCTACAGCAAGCAGTTTCGGCCGCAAGGAACGCCTGCAGTTC
 TACGAAAGCATGTCCACCCTGCTCGAAAACGGGGTCCCGTTGAAGGACGCTGTGGCAGAGGTGCATAAGATCTTC
 GCTCATGAGGGACAGCATCCGTTTTCATCCGGTGGCCATCGCCAGTTCGCGAAGCGCTGATGGGGCTGTCCAACGGC
 AAGCGTCTGGCCACCGCCATGGCGCTTACCTGCCCGCCAGGAACGAGCGCTGATCGAAGCCGGCGAGATGAGC
 GGCAACCTGGTTTCAGGCCATGGGCGATGCCGTCTCCCTGGTTCGAGGGCCAGGCCAGGATCCGCGCCACCATCTGG
 CAGGCGCTGCTTACCCCTCGGCGCTGTCCGCCATGATGGTGTTCCTGCTGTGCATCGTGGCCTATCGCATGGTC
 CCCAGCCTGGCCAGGCTTTCCGACCCAGTCACTGGACCCGCGCCACTCGCCACGCTCAACGCCATTGCCAGCTTC
 GTCACAGGACCTGGTATCTACGTTCTGGTCCCGCTCATACCCCTACCGTGGTGGTCACTCGTACCTTGCCGACC
 TACCCTGGAAAGGCCGGGTCTGGCTGGACCGGACGCTGCCGCCCTGGTCCATCTACCGCATGCTCCAGGGCAC
 ACCTTCCCTGCTGAACATGGCGGTTCATGCTCAACGCCGGCATAACGCCCTTACGACAGCCTGGCCAGCATGATCAAG
 ATCTCCCCGCCCTGGCTGAAGCAGCGCTTGAAGCTGCCCGCTACGGCGTGGGCTGGGCCAGAATCTGGGAGTC
 GCCCTTCGAGCGCCGGTACGATTTCCCGACCGACAGGCCATCCAATACCTGTGCATCCTCGCCAACCGGGGA
 GGCTTCTCCGAAGCGCTGGTCAAGTTCAGCCGCGCTGGCAGGAGACCAGCTCAAGCAGATCGAGCTGGCCGCC
 GGGCTGGTGAAGAACTTCGCCCTGATCTTCATCGGCGCGCTGATGATCCTGGTCTGCTCGGCGCTACCAGGCA
 CAGCAGCTCATCCAATCCATGAACCACTGA

>CP39, 474 bp

ATGATCATCGTGCTGATCATCATCGCCATCGGGGTCGGCCTGGGCCTGGCCGCAGCGGCTGGAATGTTTCAGTTCG
 TCCAACGCCAACGAGGAACAGCGCAACATCAGCGTCATTGCGGCCAACGCACGCGCCCTGAAGACCTCTTCGGGC
 TACGGCTCCAGCGGTACCAACCTGATCCCGAGCCTGATCGCAATCAACGGCGTGCCGAAGAACATGAGTGTCTCC
 TCCGGCGTCTGTACAACGTCTACGGCGGATCGGTCACTGTCTCGTCCACCGGCATGGGCTTCTCGATCACCACC
 AGCAAGTTGCCCCAGGACGCCTGTATCACGCTGGCCACCAAGATCGCGAAGAACACATTCGAACAGACCAAGATC
 AACAGCGGATCCGCGATCACTGGTGAAGTGACCACCGCAGCGGCGACCCAGGCTGCAGCAGCGACAGCAACAGC
 ATTACCTGGACCTACAGTTCGTGA

>CP40, 942 bp

GTGAGTGTGAACCCGATCATCCAGGCTCAGTTCGTGACCTTTACCTCGGTGAAGGCTTCGCCGACGTGAAGGGC
 CTGGCCGGCGCCGGCGCGCCGAGTCGAGGTGCCTCGCGAGTGGGAGTCGCACGCCCAGGAAGTCTCCAGCTC
 TGCAGGCAAACGCTGGAGGAGCTGCAGGATCCTGAGTTCGCCATCGTTCGTGACGGCGTTCTGCTTCGCGTCACC
 CTCCTCGAGGACGCGTTTCAGTGGCAGCGTATTCGTGCTGCGCCGGTTCGACCGCCCAATTGCGGGAGTTCGAAGAG
 ATCGGCTATCCGAGCGAAGTGGTTTCCGCGCTGATGGATCCGCGAGCTGCAGGGCCTGGTCTGTTCGCGCGAG
 ATGGCGACAGGCAAGACCAGCTCCGCCGCTCTCTGCTCCTGGCCCGCTGCAGGAGCTGGGCGGGGTGGGCTGC
 GCCGTGAGGACCCGCAGGAAACCAACCTCAGCGGTCAACATGGGCTCGGCCGCTGCATCCAGGTGAGAACCCTCA
 CGGCGCTCAGGCGGATACAGCGAGGCTCTGCTGCGCACGCTGCGGGCCGGCGCCGACCTGGTGTGATTGGCGAG
 ATCCGCGACGAGGACACCGCCTACCAGGCTGCAAGGCCTCTCTGACCGGCAGCCTGGTGTGATCGCCACCATTAC
 GCGAAAAGCTGTATCAGGCGATCGAGCGCCTGGTGACGCTCGCCCAGCCACTGGCGAGAAAACGCTACGACGTG
 GTTGCCGAAGGCATCCAAGCGGTGATCTGCCAAGCGCTGGAGAGCGATGGTTCTTCGCGCCGCTGACCGCCGAG
 CCACTGCTGTTACCGGCGACGACGGCCCGTCCATGCGCGACAAGATCCGCCGAAAAGGAGGCTCATCTCCTGCGAG
 GACGACCAAGCTCGCCAGTCCCAGGCAAAGCCTGTGGAGATAA

>CP41, 1329 bp

ATGAGGAATAAGCGCAGCAGTGGATTTCATCTCGATCGAACTGATGATCGCCCTGGTTCGTGATCGCCATCGCGACC
 GCCGGCGGCATATCGGTCTGATGAGCTACCTGGACGGCCTGGACGAGCAGCACGCGGCCAGCAGCAACAGCAG
 GTGGCCAAAGCAGCGGAGAAGTACCTGAAGGACAACCTTCAGCACGGTTCGGCCAGCGCCGGCGCCACGGCCCCG
 GCGGTGATCACCGTCCCGATGTTGCGCAACACCGTTACCTGCCCGCAGGCTTCGCGACACCAACATCTACGGC
 CAGCAATACCAGGTACTGGCCCCGAAGCCGGCGGCCAACAGCTCGAAAACGCTGATCGTGACCACGGGTGGACAG
 GTAGCTTCCGAACCTCTCGATCCGCCGGATCGCGCAGCTCATGGGAGCCACCGGGGGCTACATCTCGAAAACCAAC
 ACCAGTATCGCCCAGGGCGCCGCTGGCAGGTGGCCTTGAGCAATTTCCGGTAGCGCTCCCGGCGCTGGACACCTG
 GCGACGGCGCTGTTCTTCCAGGACGGCGCCATTGCCAACGAGTACCTCTACCGCAATGCCGTCCCGGGTCAATCC
 GAACTCAACCGGATGAATACCACGCTGGACATGGGAGGCAACAATATCGCCGCGGCCGGGGCGATCACGGCCAGC
 GGCAACATCACACCAGCGCGGACATCAGCGCGCGCAACGTGACAGCCACTGGCACGGTGAAAGCCGGCACTGCT
 GACGTGCGCCGGCGAGACGTACACCGGAGGCTGGTTTCAGGACCCGTGGTGCACGGGCTGGTACAACGAGAAGTGG
 GGCGGGCGCTGGTACATGAGCGACAGCACCTGGGTGCGCTCCTGGATGAACAAGAACGTCTACACCGGCGGCGAG
 ATGAAGGCGGGCAAACCTACCCGCCGAGGGCCGGACGGAAGTGGCGAATACCTGCAGCTCAAAGGCGTGGCCACC
 GAAGGGGCGACTGCTCGCCGAACGGGCTCGCCGGCATTACCAGCACCGGACTCTGGTTGTCTTCCAGAACGGA
 AAGTGGGGGCGAACCCGCGCCTCCATGCGCATGAATAACCACTGCGGGCGTGCATCAAGGACTGGTGTACGTTGCAC
 GGCCAGGACAGCGGCATGATGTACTACGACTATGTCCGCTACGCGATCACCTGCGGCGGCGGATTTGCGCGGTG
 GGCTTCAACAGACCTTTGGCACCAACTACTCGTTTCGGCCTGATCACCGAGATCGGCCCGGGCTTCAACTATCCG
 GAGCCCTACAAGACCCCGACTCGACCAACGTACCCGTTACCTGCGTGAAGTAG

>CP42, 438 bp

ATGCCGCTGATGTGGATCGTCTCTGGTGTCTCGCGCTGATCACCGGGACCTGGCTGAGTGTACAAAGCAACCACGCG
 ACCTCGAGCGCCGAGCTGGCCGAGGTGACACCCCTGGCCAGGAGCTTGCTGCTTACCCTCCAGGCTGGCGGAG
 TACGCACACGCCAACCCCGGTTTCAGCGGTTGCGCGGCGGACTCCGCTCTTGGTCTACCGGCTGGTTCGCAAG
 CCAGTGCAGGCTTCAGGGCTACATCGCCGCCGGCACCAGCTACGCCTTCATCGCCTCGCCGCCGGCAGGGCTGGCG
 GCGGCCGTGGATACCGGTACGGAATCCGACCTGGTTGGCGTACGGCGCAACGGCCAGTTAGTACAGCGCCGCTC
 GGAGCCACTGCCATTGCGCTCCCTGCGCCCATCCCCAGGGCGCGGTGGTTCGCGGTCAAATGA

>CP43, 390 bp

ATGTCCAAGCAATCCACCAGCTTCGAAATCGGCTTTGCCCTCGGCAGTGTGTGCGTGAGTTCGCCAGAGCGCTC
 AGTCGCCCTCCGGTCGTAGTGCAAGCACAAGCACCGGTTGCGTGCAGCGTCCAGCGTATCGAGCCCGCCATGCTT
 GCTGGCCCCGACCGCCAAAGAGCTGGAACACATCAGCGACGTCCCGGCGATCGTCCGGTTGAAGAAAAGTCAACCTC
 AATGACTGGTATCTGGCCAACACGCGCAAGTGCAAAAAGCCCAAGCGCGCGCAAATCCAAACCGGCCAAGGCG
 ACACCCAAGGCCAAAACACCGGTCAGGAAGGAGCTCAAGCTGAGCTCCCTCGATCAACTGATCGCACCGGTTGAT
 CCGCTGACCTGCTGA

>CP44, 180 bp

ATGGGGTCCGCAAACTTTCCGCAATCGCAGAAGATCTACGCAAGATTGGAACCACGGCGGTAGCCGCTGGTTTG
ATCGGCATTTTTCTCGGCGAGCATCGCATCCTGACTGCCCTTGCGCTGTCGGTAGGTGTGGTAATCTGGTCTACA
GGTATCTACCTGACTCAGGAGGAATCTTGA

>CP45, 135 bp

ATGAGCAAACGACTTTCGGCGTGATCATGCTGACCGCCTTGCTTGTAGTGTGCTTGTGCGATGGCGGCCTGGGCC
GATTGGCCCAACCTCAAGCGCAAGCTTACGAAGTTGAACCATCGGCACCGCCCGCACTGA

>CP46, 480 bp

ATGAGCAACAACACCCCAAGCCCAAGAAGCCAAATATTTTCGACCTGCACACCACCGGTATCGGCTACCTCAATCGC
ATCCGCGAGGTACCGATCCGCCGAGGTGAACCGTTTCTCGCCGTAACCGTTCGCAGCCCTCCATGGCGCGGCAGAC
AGCGTGGAAATACACCTACATCGACTGCAAAGTGGTTCGGCGCCAGGCTGAAAAGCTTGTCCGCCGTTGCAAGGAA
GCAGTCGAGGCCAAGAAGAAGGTTCTGATTTTCTTCCGTATCGGCGATATCTGGGCGGATCCCTTCATCCACCAG
AAAGGCGAGAAACAAGGCAAGCCCGACGCAAGTCTCAAAGGCCGGCTGCTCTTCATCTCTGGATCAAAGTAGAT
GGCACCACCGTCTACGATGCGAAGGAAGAAGCTGAAAAGCCAGCAAGGCCAAGGCCAAGGCGAACCGCAAGGTGAACCC
GCAGCCCCTGCTGAACAAGCCGCTGCTTGA

>CP47, 198 bp

ATGCAATACGGAAAGCGGGCACTCGCCCATCTTCATCTCGAACTGCCGCTGCAGGTTCTTATGTCCAACGCCGGC
TTCTATATCGGCACCCTTGATGAAGAAGGACCAGCCTCGCGCGAGTCGGTTGAATATTACCCCTCACGCGAACTT
GCCCAACAGGCATTAGACAACGGCACTTGGACGCAACGGGAATATTAA

>CP48, 279 bp

ATGGACACATATCCAGAAAGGCTCCCAGCTCTACTCAACATCGGAGTGCATGCTGCACAAAAGCAGGTTTCGAGTAC
ATCCTGTGCAAAGGCTTGGTTGATGAGTTTGGCGATGCAGGACTCAGTATCGAGCTCTATGTAATTCAAGATGCA
ATCGAAGCCTTGGCGCAGGCCGACTGCGAGCACGGTTGCGACTCGAGCACCTCATTGATACTTCAATACTATGGC
TTGGTAGAGCGATAACCAGAAGGCTCGGCGTAAAGAAGAACACCTATCGCGTTAA

>CP49, 708 bp

ATGACTCAACTCAATCCGTTTATTCCCGGCTATGAGAGTTTCCGCATAGAGCGAAACTTGCAGATTACGGATGAA
GGCGACAATCTGCCGTGCTACCGTACCCTGCATGAAACTCAGCGACACCTCCAGACGAATACTTTAAGTGCAG
CCGTGCTACTTCAATGACGATTTTCGCCGTGGTAGCGCAAGAAGTACGCAATGAAATAGTCGAAAAGTGCCCTCAC
CAAGGAATAGTGAGAAACGTACTTTACAGCATCTACGGTGAGCAGGACGGCAGAAAAAAGCTTATCGGAGATCAA
TATTCACTGACCCAAGCCGAGAGTGTCTGATACCTTTTCGTTTCGGCGGCGGTTACAACCGCTGCTGGGAGATC
AGAAAAACACATCTGCCCATCACTACATGGAATAGCCTCTACGAAAAGTTCTCGACCAAGATGCCAGTCCGCTTG
CCGTCCGGTGTGGTCTCGCTCTTCTGGTGTAAACGAGCACGGCGCCGTGGGCTTTTCGCTTGCACAACACCCCTTGG
ACGGATGAGTGCCTGGAGATCCTGGAGATGACCTCAGCAACTCTTCGAGAGCAGCAGCTTGCCTTCGGCCTCGAC
GAACACCTGGTGCATCTGCTTACCTCGCGGGAACAGCAGACATTCCGGTCTCTGGTACTCGATCCATTTCGCGCC
ACGCTCAAGGGCCTGCCGCTTTATGACGATTGA

>CP50, 351 bp

ATGACCTCTCTCAACAACCACTCCAGCGCAGGCCACACTGCTGCGTACCTCAAACCTCCCGATCGTTCTCACCAAC
GCGGCCTGGCTGCGCCTGGTCTATCTCGCCAACCCTGCCAGGGTCGACGAGATGGGCACCCGGCTGGCCAGTGT
GTTCAAACCGCCTGGCAGGAGCTTTTCGCTCCAGCCGACCGGAAGCACATCCGATTCCACCTGTACCACAAGGAG
GAAGAGGGGCAGGACCGCGCACTCGCGCTGCTGGCCCTCTCGATAGTCGAGCCGTCCGATGAGCCTTCTTACCTG
CGCATCGAGCTGCAGGAAGAAAGCCTCCCGGGCAACCCGGATACCGAGTAG

>CP51, 792 bp

ATGATCAACATAACCCGGCCAGTTGGCCATTTCGAACCATCAACGGTTCGCAATGGCGAGTTCAACGTGGGAAAGCTC
TCGACCTCGATCGGGGAGTTTCGTCATCAAGGACGCTCTCCTGGACCAGCACATCGAAGGCAAGTACCAGCGGTGAT
TTCGCCATCACCGAGATCCGTCCCTCCTACTACACCACCGGCGCCGGCTGGTTCGTCGAGATCCGCGCGAAGCTC
GACAGCATGACGCTGGACGACGTGGACAACCTCAGCGACGAGGAGGCAGAGCGTCTCTCTGGCAATGAGGTGGAT
CCGCTCGACGAAGTGGCCGCGATCCAGCAACCCACTGCCGCACCGGCGGCACCGCCGAAGTCGCCCCAGAAACCG
AAGCCTCTGCGCCCCGCTGCAACCGGGGACGACACGCTTTTCGGTATGGACCCTCCGGCTCCTGCAAAACAGGCC
GCCACTCTGGACACAGACGAGATGCAGAACTGTTTCGGGACGGTCTGGCCGCTAGGCGAAAATCGTCAAGCTGGAC
ACCACGGTTCGACCGCAAGCGACTACGCCAACAGTGTGTGCGACTCGGCGAGCTGGGCTATGAGCTCGACTTCAA

CAACAAGTGTGGACCCGCAAAGCGTGCCTCTCCATGTTGGAGCCAACGCCGGGTCAATCAGTCGCTAGACGAT
 GACTACGAGCGCCGCACGGCAGCCCGGAGTGCTACTACAACCTGTTCCACCCACCAGGCTATCAGCGCAATGGCT
 GTAAGCGCTGCTGCTATTGGCGTTGCTCTGTCAACCAGCTGA

>CP52, 363 bp

ATGGGATGGCTTTTCTCACATCAGACGAAGGAAGACCTGCTGCGTAAGCTGCTGGCCCCAACAGTACCTTCGCA
 GGCAGCACCGAGGTGCTGGCACACGCAGTCTCCGGCAATGAACTTTGGACTGTCGTAAAACGAACCTTCCACCTT
 GCCGGATTCTATTTTCGGCAAGCCGGCCGGTCACTCGATCACCATGATCGAGCTGCACTTGGCTGGACTGCTCGGCC
 GGGCAATGGGGCTACAAGACCATTCCGGAGAAAAGCAGGCCCGTTCTACTACGGCTGTCCGCTGGAGTTCCCTGGAC
 CTGGCTCACGATGAGACCAACCAGGAGTGGCGAGACCGTCTGACGCAAGAACACCAAGCCTGA

>CP53, 255 bp

ATGAACCCACTGTTACCAACCTCACCCAGGAAACCTCGCCTACCTCGAGGACCAACTGTCCAACAACGACGTC
 GCCGGCGACGACGAGCTCATCGACCTGTTTCATCGAGGAGCTGTGCTGACCTTGGAGCAGGCGGAAGCGGCTGTC
 GCGCTACGCGATCAGTACCTCTGCCAGGTCTTCTGATCGGCCAAGGGCCGCTGCACCAAGCCGATGGGCTCTGC
 TTCGACCCTCACACCAAGAGCGTTTCGGTAA

>CP54, 606 bp

ATGCCAGTCCCACCCGCTCTACCAGATCGAAGAGTGCCAGACCTGTACGTCGACGCTGCGTGTGCGACGAG
 CAGCGCAACCTGGTCTTTCTTTTCGGCCTGGGGCCGCGACACCGTGACACAAGAGTTCTGGCCAGGCTGACGCTG
 GGCCGGGAAGAAAATGGCATCGACATTTCCACATCATCGTGACGCGCCGCGCTTACCTGTCTTCCCAAACCAG
 GATCTCCTGGAGAAACGCACCACCCGCCAGTTCGCGGCACGTTGTTGCGCAGCCTGCTCAATCTTTGGCTGTTT
 GATCGGCGCGCCTCGGCGCCCGACCGAGGCAATCACCTCGCCTTCGCACTCCTGCAGCGCGATGAGGATCCACAC
 CAGAGGCTCTGGCCGCTGGTGTGAAACCTGTCCGCTCCCCCTCCTGCAGCACTGGCGCGAGCCGGTGTGAGG
 GTCCTCACCCAGCACCAGATGTTGACGGCCCTACCCGGGACGATCGGCAACGCTTGCCTGGCGACTCGCCCTG
 CGGGTCGACGTGCTCGAGCCACTCTCGGTGAGCTGATCCGCGAAAGCATTCTTACCACCGATGCTCAGGCGCAA
 GCCTGA

>CP55, 1446 bp

ATGGCCCTCATGTTCCCGCGCTTGGCGCGCAACTTTGCACGCAACGGCTACTTCCCTACCAGTATGAGGTCACCCTC
 GAACGCGCTCTGCAGGCCCTCGCTCCCGCCCCGTCGGGCGAGGATGAGGATCTGTGATCCCTGCGCCGGTGAGGGG
 GTTGCCCTGGCTGAGGCAGCACACATCCTCGGCCGCGACAAGGTCCAAGCCCTCGCTGTGAGTACGACCCGCGAG
 CGCGCCGACCATGCTCGAGGCTTGGTTGACCGAGTGCTGCACAGTGACCTTTTCGACACCATGATCAGCAGGCAG
 TCGTTCCGACTGCTCTGGCTCAACCCGCCTTATGGCGACCTGGTGGCGGACCACTCCGGTGCCTGCGAGTACCAG
 GGCAGCGGCCGCGAGGCGTCTGGAGAAAGCGTTCTACCAGCGCTGCCTGCCGTTGCTGCAGTACGGCGGCGTCATG
 GTCCTGATTGTTCTACTACGTTGGACGATGAGCTGACCGGCTGGTTGAGCAACCACTTCACCGGCTGCGC
 ATATACGCAGCCGCGGATCCTACCTTCAAACAGGTGGTGTCTTCGGCATCCGGGTCCGTCGACAGGACCTGGCC
 CGGGCGGACGCCAATCAGGTGAGGTCTCGCCTGCAGGCGATCGGCGCGGGCCAGGAAAAGCCGAGGAAATCCA
 GCGGCTTGGCCGTGGGAACCCCTATGTGGTTCTGCCGGCCACCAGCGAGCTGGAGCACTTCTATCGAGTAAACCTG
 GAGCCGGAGCAGTTCCGCCGCGAGATCCAGCGGCTGCGAGGTCTCTGGCCTGACTTCAAACCTGCACTTCGCGCAA
 GCGGGGCTGCAGCCCCGCCCTCCAGTCCGCGAGCTGTCTCGCTGGCACCTGGCTCTGGCCTTGGCCGCCGGCGCG
 ATTTCCGGCGTGCCTGCGCTCGAAGTCCGGCCGATCCTGGTGCCTGAAGGGTGACACCTACAAGGACAAGGTCCGC
 AAGACCGAATTCACCGAAGACGAAGACGGCAACATCACCGAGGTGAGGATACTCACAGACCGTTTCATCCCGATC
 ATCCGGGATGGGAAATGACACCCTCCTCGGTCAATCAGGGCCGCGTGTGACCATCAGCTCGTCCGCTGCGACC
 ACGGAAGAGGCTGAAGAGCCCCAACCTGAGCCGGCCCCGAACCGCTGCTGTTACGCCCTGGCCAAGTCGTAATG
 ACCGCTGCCGTGAGCCACCTGGTGGAAACCGGTCAACTCAACCCAGCGCCTTTGCTGAACCGCCATCTGGCGGGA
 GATTGGGGGACGCTGGACCAGGAAGACTGGAACACCAACCAGAGAGCCCTGAAGTTCCGGCGATAGGCTGCTGTCG
 TCCTACGACATCGACGCCGGCGGCAATCCAGGCTCTGGATCATCACTGAGGCCAATCGCAGTTCGACCACCCCTG
 TTGCTCCCTAGCGACTACTGA

>CP56, 2256 bp

ATGCACATGAACGCTCAGACCCAACCGGCCGCCCTGGCCGCTTCCCCCTGAACATCAACCTGACCGACTTCATC
 GACGAGTTCGGCGACGAGCTCCTGGAGTCGCTCAATCGCTCCAACCCCCGGTCTATACCGGCTCCGACAACATT
 CACCGCCAGTTGGTGTGAGACCGACTCAAGCGCAAGCCCTTCGCGGCCAGGCGGAGGTCGTCAGGCCATCACC
 GCCCTGCTGCTGGACCGTACGAGCAGGCCGGGATCATCAACGCCGAGATGGGCACCGGGAAAACCATGATGGCC
 ATCGCTGTGCGAGCGGTGATGCACGCGGCCGGCTATCGCCGACCTGGTGTGCTCTCCGCCGACCTGGTCTAC
 AAGTGGCGCCGCGAGATTCTGGAGACCATCCCAGCCGCCGCGTCTGGGTACTCAATGGCCCAGATACTCTGCTC
 AAGCTGCTCAAGCTACGAGATCAGATGGGCGACGCTACGACGGACGCCAGGAGTCTTCATCTCCGCCGCGT

CGGATGCGGATGGGTTTCCATTGGCGGCTCGCCTGCTGGAAGAAGCGCGCCGCCGGCGGCCAACTGCTCGCTGCG
 TGCCCGGATTGCGGCCAGGTCTCGAGGACCTGGAAGGCAACCTGGTCACGGTGGAGGAGTTCGAGCGTGGTGAC
 CGTCGACGTACCTGTTCTCCTGTCTGTTGGGGCGCTCTGGACGCTGATCCGGCCAGGCAAGCCTGACGGCGGCAAC
 CGGCGCGCAACGATCCTCAAGTCGATGTGTGCGGATTCCAACCATCGGCCCGGTTCAGGGCGGAGCGCCTGCTGAAC
 GACTTCGGCGAGGACTTCTGGCCACGATGTTGGTGGACAACGTCTCGGAGTTCATCAACCTGATGGACGCCAAG
 GGCAACTTCGTCTTCAGCGATCGGCAGGCCAAACGCATGGAGCGATCGATGGCGAACATCGAGTTCGGCTTCGGC
 GAGGGCGGCTACCAACCGACCGAGTTCATCAAGCGCTACCTACCTGATGGCTACTTCGACCTGCTGGTGGTGGAT
 GAGGGGCATGAGTACAAGAACAGCGGTTTCGGCCCCAGGGCCAGGCCATGGGCGTTCCTCGCAGCCAAGGCACGGAAA
 ACGGTGCTGCTGACCCGGAACGCTCATGGGCGGCTACGCCGACGACCTGTTCTACCTCCTGTTCGGCATCCTCACC
 CAGCGCATGATCGAGGACGGCTATCGGCCCAACGCGCGGCGAGCATGGCTCCCGCAGCCATGTCGTTTCATGCGC
 GACCACGGTGTGCTCAAGGATATCTACACCGAACGCGATGGTACTCGCACAAAGACCGCGGGGCAAGAAGCTC
 TCAGTACGCACGGTGAAGGCTCCCGGCTTCGGCCCCAAGGGCATCCACCGCTTCGTATTGCCGTTCCACCGTGTTC
 CTGAAGCTCAAGGATATCGGTGGCAACGTAAGTCCCGACTACCAAGAGGAGTTCGTGACGTCGCCATGGCGCCT
 GAGCAGGCCTCGGCCTATCAGCGCCTGGCTGCCACGCTGACAGCGGAGCTCCGCCAGGCTCTGGCGCGACGAGAT
 ACCACGCTCCTAGGCGTGGTCTCAACGTGCTTCTGGCTTGGCCGACTGCTGTTTCCGACCGGAGATCGTCAAG
 CATCCGCGAACCCGGGACACCCTGGCCTTCGTGCCAGCGATCTTCGGCGACGAGCAGCTGATGCCCAAGGAGCAG
 GCGCTGGTGGATCTCTGCCTCGAGGAAAAAGCGAAGGGCCGCAAGGTCTGGCCTACACGGTCTATAGCGGGACG
 CGCGACACTACGTCCCGGCTGAAGAAAGTGTCTCGAGCAATCCGGGCTGAAGGTGGCAGTGTACGTGCCTCGGTC
 GATACCTCTCGGCGCGAGGACTGGATCCTCGACCAGGTCGACCGTGGCATCGATGTGCTGATACCAACCCGGAG
 CTGGTGAAGACCGGGTTGGACCTGCTCGACTTCCCGACCATCGCGTTTTCTGCAGACGGGGTACAACGTGTATACC
 TTGCAGCAGGCCGCGCGGGCGGTTCATGGAGGATCGGGCAGAAGCACCCGGTGGCGGGTGGTGTCTTCGGCTACGCC
 GGCAGCTCGCAGATCACCTGCTTGCAGTTGATGGCGAAGAAGATCGCTGTGGCTCAAAGCACGTTCGGGAGACGTT
 CCCGAGTCAGGTCTCGACTCGTTGAACCAGGATGGGGATTTCGGTGGAGATGGCGTTGGCACGACAACCTTATTGCA
 GCATGA

>CP57, 786 bp

TCAGTGCGAACAGCCAGAAATCGAACAGCTGGTTGCACTGATTGCCCTTTCATCACTCGAAAAGCTCTTCAATCGC
 GCGCGGAGCACTTTGGTAAACTGCGGGTTCCTGAGCGCCGAGATGTAGCGATTACCATTGATCACGAACAA
 CGGAATGCCGGTACCGAGGCTGCTTACTGCTGTTTCATCGCTCAGGATTGCGGCCTCCGCCGAATCAAAGCCGAT
 GAGGTGGTGGCACCTATTTCAATCGCCAGATCTCGCAGAACTCGTGCGTTGAAGATGTCTTGGCCTCAGTAGT
 TCCCGCCAAATAGAGCCGCTCTACATAGCGGACCTGCAACGCCGGATCGGCGATGGCCTTGACGTAATGATGAGC
 CGCGGACGTGTCCCGAAGCGCATGACGTCAAATCGATAGTCCAAACCCCTCACGTGAAGCAGCTCCGCGAATGGC
 CCTCATGAACACATCCGCTCGGCCCTGGCTGCCTGTTTTTTGTACGAGCGCCTCTTTAAAAGGGATCGGGTTCAT
 GCCTTTGGCCAAGCGGTATGCGCGTGGCACGATTTCAACTTCGACCTGGTCCCCGAGAGCATCAATTGCCCTGCTC
 CAGGCGCTTCTTTGCTATCCAGCACAGGGACAGACAAAGTCCGACCAGACCTCGACCGTAATTTTCTTCATGGA
 ACTTCTCTCATCTGTCTCCGATGCTTATGGATCAGCCGCGGAGGGACCTCAGCTTTGAGGTTTGTCTATCCATCG
 CATCCAAGACGTGAGTGTGTAAACCAGTCCGCAC

>CP58, 342 bp

TCAGCTTTGAGGTTTGCTATCCATCGCATCCAAGACGTGAGTGTGTAAACCAGTCCCGCACCGGCGTTCAGGTT
 CACGGCCACGCCGAGAGCTTCCGCCACTTCCCTCGGTGGTAATGCCGAGCTTCCCTGGCTTCTGCCGATGGAACGC
 AATGCAGCCATCGCAGCGCGTGGTAACGGCAACTGCCAGTGCATCAGCTCACGGGTCTTCGCATCAAGGCGATT
 GGTTTTGTACCTGCATTACCGAGCATTGCCACGCCACGAGGGTGTGCGGGGAATGTGCGCCGAACCTTTTCAG
 GCGGGCACTGACGTGCGTGTGTTTGTTCAGTTAGGCAT

>CP59, 561 bp

TCAGTACTCTGCGATCATCCGAATGACAGCAATATTCACAGTCTCACCTTCCCTGGTGGCCAGTTGATGAAGCT
 CGATCCCTCAAGGATACTGAGCAGCAAGTAAGACTTTTCTCTGGCCCTCGCCCCGGGTAACCTACCAGCGGC
 AATGCCTTCGTCCATCACTCTGGTCAACCAAGACAACATGCACATCAAAGAACCCTGTCAGGCGTTGAAGCCC
 GTCGGGCAATGCAGCCATTTAGCTGCTAGCGCACCAACACAATGGCAACAGACCACCTCGTGTGGAGTAGAA
 GAGCACAAGAAAGCCTTGGACCTCTCAACTGCACCTGCCTGATTGATCTCGATTTCGCTCGAACTCGGCTTGCAC
 CCGCGAGACGTACTCTTCGACGATCGCGATCCCCAAGTCTTCCCTTTGTAGGGAAGTGGTAGTGAATGCTCGCCTT
 GCGAATACCTACCGCTGCAAGATCTGCATAGCTGAACGCTGCATACCTTTAGTGCGCATCAGCCCTTCAGC
 GGCTTGAATTAACGCGTCCCGTGTGGCAGTGCCAT

>CP60, 786 bp

TTACTTACCTTGCTTACGGCCAGCCATGACCCACCGTCCACGTCCCAAACAGCACCGGTCACCCAGGACGTCTT
 GTCGGAGAGCAGGAACACGATGGACTCAGCAACGTACGCGGAGTGCCGTTACGGCCCAGCGGGTGGAAATTTGTT
 GAAGTCATTACGCGCACAGCCAACCTGATCGCCGGGGATGAAGCGCTCGAAGATCTTCGTTTCCACAATACCCGG

GCTGACCGAGTTGACGCGAATACCGTGCTGGGCCAGCTCTGCTGCCGCGTGTGTGGTCAAGGTGTCCAGGCCAAT
 TTTGGCCATCGAGTAGGCCGAGGCCGGAACACCCTCGACCGCCTGCCTGGCTGCTACCGCGGTGACGTTACGAT
 CGAACCGGGTTTTGCCCTGAGCTACCAGCTCCGCCGCTACTTGACGGGTTAGGAAGAAGATGGCGCGGTTACAGATT
 CAGGAAGTTGTGCTAATCCTCAAGCGAGTGCTCGATGAATGCTTTTCGGGTAGTAGATAACCGCGGAATTGACCAT
 CAGATCAATGTCCTTGTGGCTTGGCGCCAGTTTCTCGATCAGCGCTTGGACGCTGGCGAAAATCGGTCAGATCTAC
 AGCATAGGCCACGACCTTGTCTTCGCCGGCAACGGCGGCCAGTTGTTGGCGTGCAGCTTCGGCTTCTCAGGGCG
 GTTGCCACGATCACAACCGAACCGCCTTGCTCGGCGACCATCTGCGCGGTTTCGAGACCAATGCCACTCGTGCC
 ACCACTACCAGAAGCTTGGCACCCTTGAACCTGCAT

>CP61, 414 bp

CTACTTTGCCCTGGTTTTGGCGCAAGCTCGATGACCTTGCCCTTGAGCAACACCTTTCAGCTGTGCTAGCTCAAG
 CATGAGGCGTTGATTACGGAGGCAAGGCGAGCGATCTCCTCCAGAAGTAGGCTGTTCTCTGCGCGGAGGGCTTT
 GTTGAGATCCTTCTCCTTCATGAGCGCCTGGTGTTCGAATCAGCTGAGCGCGCGTGCATTTCCCTATGAGGCT
 GCGGATACGCTCCGCCACGGCCGGGTAGGTGTTATGGATCAGCCCGGGGTGACGCTTCCGCTCTGGCGACCGA
 GGAGATGGAGAGCTTCTCATTGCCGGCGAGCATCCTATCGATGACCTTGTGAGCGCATCGGCAGTCTTTGGGCG
 AGAGCGGCCCTTGGACGGCTCGGTCGACTTGCTAGCCAT

>CP62a, 852 bp

CTAGCCATTACAGCCTCCTCAAGCTCCTGGTTCATCCGGCGACAACCCAAGACTATTGATCAGCTCGAGGGCGAC
 CTGCAGGTCGCGCTCTGCACGCTGTTTCACTGCCGGCCCTGCGTCTCAATTTTCATTAGCTCCCGTTGCTGGGA
 GTAGATGCCTTGCCAAGTGCCTGCAAACGTCTCATCGATCACCAGTGTGTTGCACCCAGGGCACCTGGTGGCCCTC
 GTACAACCCAGCGCCTCCGCAACCACGCTCAGTGGAATGCACCATCCGTGACCGGTTGCGCGAATGTTTCGCATG
 AGGTGCCGTTTTGGGCCAGCAAGGCGGCCCTGTCTTGACCGGAATCGCACGCAACTCAACGATTTTGTCCCGGC
 ACCACCTGCCAAAGGCTGGTTCATCAAGCCAGGACTCAATGAGGTCGATCTTGAACCTCCGTCATCTGCTGCAGGAT
 CTCATCGAACAGCGTCAGATCCTGGAGCGGATTGGAGGCGTAGAGCTGGGTGATGCTCATACTGCTGTGCTTGAG
 CTGCCACTTGAGGAAGACGAGCGAGGTGCGCCCCATCCGCGACTCAACGAAGCAACGGGCATAGGTTCCCGCGCA
 CTGGTGAGTGCGCAGCGGCCAGTCACTTCCAGCGGCTTTTGCATGCGCTTGAAGGACTCATTCGAGCCAGCCTG
 TCCAAGCACTTCAATGTGCGCTAACCTTTCAGATTTGTTGCCTGATCCGTTCAAACAGAGAAAACAACCTCTCGA
 ATCCTTTTCGGCCTTCTCTAACCGGAGCAAATGCTCAGCGGATCTGGACGAGGGTGCCATCTGCTCTAGCTCATA
 GACCTCAGCCTCAAGCTCTTGCCTCAT

>CP62b, 504 bp

GTGTTTGCACCCAGGGCACCTGGTGGCCTCGTACAACCCAGCGCCTCCGCAACCACGCTCAGTGGCAATGCACCA
 TCCGTGACCGGTTGCGCGAATGTTTCGCATGAGGTGCCGTTTTGGGCCAGCAAGGCGGCCCTGTCTTGACCGGAAT
 CGCACGCAACTCAACGATTTTGTCTCCCGGCACCACCTGCCAAAGGCTGGTTCATCAAGCCAGGACTCAATGAGGTC
 GATCTTGAACCTCCGTCATCTGCTGCAGGATCTCATCGAACAGCGTCAGATCCTGGAGCGGATTGGAGGCGTAGAG
 CTGGGTGATGCTCATACTGCTGTGCTTGAGCTGCCACTTGAGGAAGACGAGCGAGGTGCGCCCCATCCGCGACTC
 AACGAAGCAACGGGCATAGGTTCCCGGCAGTGGTGAAGTGCAGCGGCCAGTCACTTCCAGCGGCTTTTGCAT
 GCGCTTGAAGGACTCATTTCGAGCCAGCCTGTCCAAGCACTTCAATGTGCGCTAA

>CP63, 693 bp

ATGAAACGCCCATCCCCTGCATCAATGATTCTTGGCCTCTGCTTGACGGCAATGGCCGGCCTGCTGGGCTACCAG
 CAATACCAACTCATTAGCTCCGATCAGGCGTGGACAGTGCCGCGGAAAAGACCTCGCTAGAGGCGATCCTGGCT
 CGCTTGAATCGAGTCGACGAGCGCCTCGACGCCGTGGATGGGCGACACCTGGTCAGCAACGAGGACTTCCGCTCA
 GGCCAGCAGGCACTGTCCAACCGCATTGACGCCGCGCAGGCCTTCGCCAAGCAGGCCTCCGACGCCGTCGAGAAC
 CTGGCTCAAACCACCGCCTCGGCCGGCGATCTCCTGGTGTCTCAAGGCTACAGTGGAGACGCTGGACGGTTCTGTC
 CGCACGCTGCAAGAGAAGCAAGCCAAGGCTCCGCCGCTGATCGTGCCTCCACCGAAGCGGTTGCCCTCCCTGTC
 AAGCCCAAGCCGAAACCCAAGCCAATCGAGCCTCCGCCCTTCTCAATCCTCGGCGTGGAGTATCGCGGGGGCGAA
 CGGTTTTCTGTCGGTTGCACCTCCGGGATCCACCCAGCTCAGCCAGATCTACCTCATTTCGCCAGGGCGATGCCGTC
 GCCGGCACGACCTGGCGACTGACCGACCTTGCAGATCGTACCGCGCACTTCGACGTCGCCGGCGCCTCGCGCAGC
 GTTCGCATCCAACCATAG

>CP64, 756 bp

ATGAACAGAACCCTATCGCTCCTGTCCGGCCTGGTGTGCTGCTGAGCTATCCCGCAGTCGCCCAGGAGGCTGCC
 GCAAGCCGAGAGGCCAGCAGCCAGCTGTCCGGTAGCCAACCTCGACACGCTGAAAACAGCAGACATCTCAGAGCGAC
 CTGGCCCAGGAGTGGGGACTGAATCAACAGGAATGGACCCGCTACCAGACGCTCATGCAAGGCCCCCGGGCGGTG
 TACTCACCTGGCATTGACCCGCTGACCGCGCTGGGCATCGAGGCGGATCGGCAGAGGAACGGCGGGCGGTATGCC
 GATCTACAGGTCCAGGCCGAACGGCGCCGGGTGAGAAGGAACCTCGCCTACCAGCGCGCATACGACGAAGCCTTC

GCCCCGCGCCTATCCAGGCGAGGGGGTTCATCCGCCTCACCGAAAGCAGCACGGCCAACCCGTCGGGGCGCGCCGAAC
 ATGAGCCCAGCGTTGCAGAGCAGCGGGCGCCTGGCCCTGTTTCGTCCAGGACAACCTGCACCCGCTGCATCCAGCGG
 GTCCGCGACCTGCAACAGCAGAACAAGGAGTTCGATCTCTACTTCGTTCGGTAGCCAGAACGACGCGAGCGTGTG
 CGGCACTGGGCAATCCTCGCCGGCGTTCGACCCGAAGAAGGTTTCGAGCAAGCAGATCACGCTCAATCATGACGAG
 GGCCGCTGGATGGCCCTGGGATTGGGCGGGGCCCTTCCCGCCCTGGTCCAGGAGGTGAACGGCCGATGGCAACGT
 CTGTAA

>CP65, 582 bp

ATGGCAACGTCTGTAATCCGCGCCCTCCAACCTGGCCGCCCTGCTGGTCTGGCCAACATCGCTCAGGCCGCCGTG
 GATCCACCGCCGGCGTACAAGCAGATCGCCCTGCCCAAAGGGTTCCGGCCGAGGTGCTCTACTCGGTTCGCGCTG
 ACCGAGAGCAAGGTCTGCTGCGCGGCGAATACGTTCCCTGGCCCTGGACATTGAACGTCGCCGGGAAATCCTAC
 TACTACGCGACCCGACCCGCCGCTGCACAGCGCTACTCGCGCAATCAACCTCTACGGGGCCAAGAGCGTCGAT
 TCCGGCCTCGGCCAGGTCAATATCGGCTGGAACGGACATCGTTTCTCCAGCCCTGCGACTCCCTGGATCCGTAC
 AAGAACCTGGACGCCACCTCCGACATCCTGGTTCGAGCAGCGGGACGCCCTTGTACGCATCCGCCCTGGTAGGCCG
 GTGGACTGGATCCAGGTTGCCGGCCGCTACCACCGCCCCGCCGGCGGCGAGCCTGCCGCCAAGTACCGCAGGACG
 GTATCCCGCCACCTTAGCCAAGTCTCGGCGTCAACCTGCTGGTGAACCAATCCATGA

>CP66, 501 bp

ATGAAGAAGATCCTAGCCACGCTGGCATTCTGCACGGCGTTCGCGACTCAAGCCTGGGCCGCCGGCTGATCGTT
 GTCGAAGACCTCGGCGGAGCCTCAGCGCTCCCCTACTACCAGGGCCTGGATCCGCAGCCATCCGCTGCCACACCA
 GGACCTGGCGACCTGGGTGTCCGTGGCTCAGGTGCGTTTCCAGTTCGCTCGGCACGCCCTTTCGCCAGGCCAGGTT
 CAGGGGCGCGCCATCAACGCCCCAGGCCTGCAACCTCTGTTCCCTCGTCGGCGACGACACGCTGTCTCGAACCTGG
 CTGAAAGAGCGAGGCGACGAGCTCCGAGGCCTCCACGCTGTGGGCTGGCAGTGAACGTTGCCAGCGAAGCGCGC
 CTGACGGAAATCCGTGCCTGGGGGAAAGGACTTCAGATATTGCCGGCGCCGGCGGACGACCTGGTTCGACCGGCTC
 GGACTGCGGCACTACCCCGCCCTCATCACATCCACCGCCATCCAGCAGTAG

>CP67, 2232 bp

ATGGCTGGCCAGTACCCGCTGGAAGCGCTCTTGGCGCCTGCCGTGGAGCTCTACACCACCACCGTGTGCTTCACC
 GCGGCCGCGCTCTGCATCGTTCGCGCCGTGGACGTTTCGCCCTCACTCCGCTGTTTCGGCATCGTGGCCGCGCTGGGC
 TTCGTCTGGCTGGGCGTTCGTGCGGCTGAAGCAGGCCGGCGTGGTGTCCGCTACCGGCGGAACATTCGCCGACTG
 CCGAAGTACACGATGACCAGCGCCGAAATGCCGGTGAAGCAACGAACACCTGTTTCATCGGTAGAGGCTTTCCTG
 ACGCAGAAGCATAACGACGCGCTGGCAGATACCTACCTGCCAGTTCGCCCTCTACGTCGAGCCCTCGCCGCTC
 TACGAGCGCGCGCCGGTTGGAGAAGCAGCTTGAGTTCGCCCCCTTCCCTCTGAAGCTGGTTCGCCAAGGCCACC
 GCCTGGGACGTGGCCTGGAACCCCGCACGGCCGCTGCCGCCGTTGGCGGTTTGCCTCGGCTCCATGCAATCGAG
 CCGCGCAACAGGATGTAGGCCTGCAACTGGGCGAGCGCTCGGCCACACACTGGTACTCGGCACTACGAGGGTG
 GGTAAGACGCGACTCGCGGAGCTGTTTCATCACCCAGGATATTCGCCGCACCCACTGCCGGGGCCGACGCCGGCGG
 GCGAAGATGGGCCGGCGAACCAGACGGTTACCACGGCCACCGGCGCGGCGCAGAGGAGCAGCCGGACTAC
 GAAGTAGTGATCGTCTTCGACCCGAAAGGCGATGCAGACCTGCTCAAGCGTATGTACGTGGAGTGCAGCGTGC
 GGCCGCTGGATGAGTTCTACGTGTTCCACCTCGGCCACCTGACCTATCGGCACGCTACAACGCCGTCGGCCGG
 TTCGGCCGGATCTCCGAGGTTCGCCACCCGCGTTCGCCGGCCAGCTCTCCGGCGAAGGCAACAGCGCGGCTTCCGC
 GAGTTTGCCTGGCGGTTTCGTCAACATCATCGCCCGCGCACTGCACGCGCTGGGTATCCGCCCGACTACCAGCAG
 ATCCTACGGCACGTCGTGAACATCGATGCGTGTTCGTCGAGTACGCCAGAAGTACATCAGCGAGCACGACCCG
 AGGGCCTGGGACACGATCATCCATATCGAGGGCAAGCTCAACGACAAGAAGCTGCCATTCACATGAAAGGGCGG
 CCCTTCCGTGTGCTGGCCATCGACCAGTACCTGACACAGAAACGCATCGCCGACCCGGTTCATGGAAGGCCGTGAAG
 AGCGCCGTGCGCTACGACAAGACCTACTTCGACAAGATCGTGGCCTCGCTGCTGCCGCTGCTGGAGAAATCACC
 ACCGGGCGGATCTCGGAGCTGCTTTCGCCAACTACGCGGACCTCAACGATCCGCGGCCGATCTTCGACTGGATG
 CAGGTTCATCCGAAACGCGCCGTGGTCTACGTTCGGCCTCGACGCACTATCGGATACCGAGGTCGCCGCCGCGGTG
 GGCAACTCCATGTTTCAGCGACCTGGTCTCGGTCGCGGGTACATCTACAAGCATGGAGTCGATGACGGCCTGCC
 GGCTCACTCGCCGGCGGCAAGGTCGCGATCAACCTGCATGCCAGGTTCAACGAGCTGATTGGCGACGAGTTT
 ATCCCCATGGTCAACAAAGCGGGCGGCGCGGTTGTCAGGTGACGGCTACACCCAGACCATGAGCGACATCGAG
 GCCAAGATCGGCTCCCGTGCAGGCGGTCAGATCATCGGCAACTTCAACAACCTGTTTCATGTCGGGTGCGC
 GAGACCGCCACGGCCGAACTCTTGACCAACCAGCTCCCCAAGGTCCAGATCTACACCAGCACGCCGGCGAGCGG
 GCCAACGACGCAATCAACAACAAGAAGGCGCCTTACCTCCAGCTCGCACGACCAGGTGCAGATGACCAGCGTG
 CCGATGCTCGAGCCGGCCACATCGTTGGTCTGCCCAAAGGACAGGCGTTCGCGCTCCTCGAGGGCGGCAATCTT
 TGGAAGATCCGAATGCCGCTGCCGGCGGTTCGATCCCGACGAGGTGATGCCGAAAAGCTGCAGGAGCTGGCTGCC
 GGTATGCGCAAGGGCCAGGCCGCTAACAGCGAGTGGTGGGAGGCGCCGGGATACTCCGCCCTGCAGGATGGTCTG
 CCCCAGGACCTGGTTCGACGATTTCCGTACCTCGGCGCCGGTGGAGATGCCGCTGA

>CP68, 747 bp

ATGGCTGAAGTCACTCAACGTGCAGAGCAGCAACAAGAGAGCCAGAAGACCCCTTCTCGGCACCATCATCAGTACG
 CCCTTCCAATTTCTCGGCGTGATGTTTCGGTTCGCTGGTTCGGCGCAATCATCGTGGAGTGGGTTTGCCGTGATTTT
 TTCTGGCCTGACGCGGGCTGGAAGCATGCCCAGGCCATGTTTCGAGTACGAACTCAGTTGGCTGTGCGCAAGGGCTG
 CTACACAGCGTTCGTTCGTGCAGGAGCCAGGTGCAACCGCCACCTGGCTGGCCCAGTTGGCCATGACTGGTTGTTT
 GTGAAGACCGGGATAGTGCAGTGGATGACCAACATGACCACCATCGCGCAGGCAGGGCCACGGAGCCCTCTGGAC
 GTTCGCTATCTCACCGCCAGGGTGTCTCCACGCTGCAGAACTACGGCCTGGCCGCGCTGTACACGGTGTGACA
 TTCGTCGTGCGCCTGGTGATTCTGGTCATGACGATCCCCTTGTTCCTGATGGCCGCGTTCACCGGCCTGGTGGAC
 GGCCTGGTGCGCCGGACCTGCGCAAGTTTCGGCGCCGGCCGGGAGTCCAGTACCTTACCACAAGGCGCGCGGC
 AGCATCATTCCGCTAGCGGTTCGTCCTTGGACGCTTACCTGGCAATCCCCATCAGCATCAACCCCTTGCTCATC
 CTGCTGCCCTGCGCCGCGCTGCTCGGCGTAGCGGTATGCATCACAGCATCCACCTTCAAAAAGTACCTGTAG

>CP69, 1482 bp

GTGCAGTGGACTCACGAACAGTCAACCGATCATCCAGTTCGAAGGCATCGAAGATCCTGGTGCAGCCTTCGCCGGC
 ACTGGCAAGACCACCACCCTGGTGGGCTTTGCCAAGGCGAACCCTACCCTGAGAATCCTCTATCTCTGCTACAAC
 AGCTCGGTGGAGAAAGCCGCGAAGGGCAAGTTTCCCCGCAACGTAGTGTGCAAGACCGCCACAGCCTGGCTCAT
 GCGGTGTACGGCATCCAGTACGCCACAAGAAGACGAAGAACCTGCGTCTGACCGATATCGCCCCGCGACTCGAT
 ACCCAAGACTGGGAGTTGGTACGTGACGTGCTGGCCACGCTGAACAACCTACATGGCCAGCGCCGACGCGGAACTC
 GGCCGACCGCACTTCCCGCGCTTCCGCGACAAGGCGTTCCCTACCAGTGGCCAGGAACGCTTCCCTCAAGCAGGGC
 CTGGACATGGCGCGAGTAGTCTGGAGGCGCATGGTTCGACCTCCAGGACACCGGCATGCTGATGCCCCATGACGGC
 TACCTGAAGCTGTATCAACTGAGCAAGCCCCGATTTGAGCCAGCGCTTCGACTGCATGCTCCTGGACGAGGGACAG
 GACATCAACCCAGTGTATCGCGGACATTTGCCATTGGCAGCGCATCAGAATGGCTATCGTCGGCGATCCCCATCAG
 CAGTCTACCGGTTTCAGGGGCGGGAAGATGCCCTGAACAGCAGTGGATGGTTCGGCGCCGAGGAGCACTACCTG
 ACCCAGAGCTGGCGGTTTCGGCCCCGCGATTGCGCACGTGGCCAACATCATCCTCTCCTACAAGGGCGAGACACGG
 AAACCTCAAGGACTGGGCCCGCAGACGCTGGTGA AAAAGTCCCTCCCGCGGACCTTCCCTACCAGCACTTTCATT
 CACCGCACCGTTATCGGCGTCATCGAAAATGCCCTGCAGCGTGTGCGCAATAATCCGGCGCCCAAGTTCTACTGG
 GTCGGCGGTATCGACAGTTACTCGCTGCGGACCTGGAGGATCTGTACGCATTCAGCCGAGGCTGCGCCAAAAC
 GTCCAGAACAAAAGCTGCTCCGGGACTACCGCGACTACACCCAGTACGTGGAGATCGCCGAGATCAGCCAAGAC
 AGTGAATGCTGCGCTCTATCAAGATCATCTCGACCTACCCTGATCTACCGGCGCGGATCCTCGAGCTTCGCTCA
 CTGACCCTTGACGATGAGCTGGACGCAACAATCACCTTGACCACCGCACACAAGGCCAAGGGCTGGAATGGGAT
 TTCGTCGCTGTACGACGACTTCAACGCGGACCCGCTGGCCCCGACACCGACCCAGGCAAGCGCGACGATGAG
 TTGAACCTGATCTACGTGCGAGTGACCCGCGCGATGAAGATCCTCGCCATCAACAGCCTGGTGTGTCGATCATG
 CAGCGGTACGTGGACGACAGAAAGCTGAAGGAGCAGATAGCTAGCTGTGAAAAATGA

>CP70, 1110 bp

ATGAAGCTTATCCTTTGATTTTCGACGGACGCCTTCTAAATCCAAGCAACATGCTAGAGGCCCTATCAAAAGCAGGA
 AAGAATACAACCATCAGCATAAGCAACGCGCAAGCATTAAATATAGACACTCTTCTCAAGGCAACAACCACTGCA
 GAAAACACAAAAATCTCTCAACAACCTTCAACGGCGCAGAGCTGACTGCTAACAACCTTCAGGAAGTCATAAAT
 TCAGCAGGATCATTAAACCAGAGTATCCGCAATAGCCGCACAAGCCATTAATATAAACATACTTCTTTCCGCAATA
 TCTACAGCAGGCAACTCAAAGAGTTTTAGCGCAGAATTC AATGGAGCCCAACTCAGCAGCGACAATCTACTTAGA
 GCAGTAAATGCGGCAGGAACAAACACTAGCATAAGCGTCAACACCGCACAAAGCGGCAAAATATAACCGCCCTTCTT
 CAGACTATTCATGCAGCAGGTAACACAAAAACATTCAGCGCAGAGTTCAATGGCGCTCAACTTACTTCAAACAAC
 ATTCAACAAGCTTTAGACGCCGAGGAACCCGAACATCCATTAGCGTCAACACCGCTCAGGCGGTTAATATAAGC
 ACCCTGCTAGCCCTCATCAATTCTGCCAAAGACACGAAAAAGTTTAGCGCGACTTCAATGGTGCACAACATAACA
 GCAGACAACCTTCAGCAAGCGATCAGCGCTGCGGCCTCGGGTACCAGTATCAGCGTCAACACCGCTCAGGCGGCG
 AATATATCCACCCTTTTACAGGCCATCAACATCGCGGGCAACACTAAAAAATTCAGCGCAACTTAAATGGTGCC
 CAACTCACTTCAAACAACATCCAGCAGGCGCTGCGAGCGGCAGGATCAAACACATCAATCAGTATGAACTCCGCA
 CAATCCGCCAACC AAGCACTCTACTTGAACCTTCTAGACATAGCAAGTTCCAGCAAGCAATTC AAGCCAATTAC
 AACGGCGGCATGTCTAATCCTAGCAACCTACAACAGATAGTTTCTCGTGCAGGCGCTAGTGCAACCGTGT TTTAT
 TCCGACGCACAAGGCTACCAATCGCAAAATATCCTTACCCTTATATCATCTGCCGGATGA

>CP71, 312 bp

CTAGTCCATACTGCCTTTTATCTGAACTAGCCTTCCATCGACAAACCTAAGCTTCTGGTACCAACCATTCCTTGG
 TCCGTATACCCAGTTTTTCGACAGTAGCAGCCCCCGCACCATATAGCCACTACCATCCACTGCGGGCCCTTCAAC
 TTTACGGCTATCAGGGTTGCGCACTTCCCTAAGCACATCATCAATCAAGTACCCTCACTAACAATTGCCGACCC
 GCATCGTAATGTAGCGGCAGCCACCCATAACTGTCCAACATAGCAGCCATGGCTAGCAAAACTCCAATAGAGAT
 GTTTCTAAGCAT

>CP72, 300 bp

ATGAAGCAGACCTTCGAATACCATGTCGATAACATCGTCATTCCCTACAAAACCCCTACCAAGGGCGTCGCGATG
 TTCAAACACAAAGAAGACACCTTGGAACCCGACGACCACGCCTTGCTCAACCCTCTGCGCTGGGCGAGGTCGTG
 CGTCTGGGCCAGGAAGGCTGGGAGCTGGTGAGCGTTTACGCCACTCATGCGGGCGTAACCGAGATCGGTAATCAA
 AACGCCAAGGCTGGGCTTGGGGCGTCGCTCTGCCCGTCAGCTACCTGCTGTTTTTCAAACGCGCAACCTCATAA

>CP73, 222 bp

ATGATCCGGCAGCTCAACGCCCTCGAGGACACCGCCCGCCGAGTGCCAGGGCGCCGATGAGCCCGGACAGCGC
 TTCTACTTCGACTACTCACGCCTGGCCGCTGACCTGCAGCGCATCCGCCAAGGCCTGCAGGACTACATGACGCC
 AGCCGCGCCCAACCGCGTGACCCTTCCGACCTATCTGGGAATTACACCCTGCGCGGAGGGCCGATGCCGTGA

>CP74, 234 bp

ATGAGCGGAGCCAGACATCAGCGTTCCAGGCCGCCGCTGGCTTTCCCCCATCGGCCGGCGAGGGGCTGTTTCATT
 GGAGCAGCGATGACCTTTCCTTCTGCTGTGGTCCGCTGGGCGATGTACAGCACCTGGCGCGGCTGGGCCACCAAC
 AACCTCGACAGCGCCACTGCCGGCGCTTCCGCGATACGGATCTTGGTCTCTCGGCATCACCTCTTCTTCCCTC
 CTCAGCTGA

>CP75, 357 bp

ATGCTGAAATTCACCCTCCAGAACTGTCCACCCTCTGCCTGCGCCTGGCTGCCATCTCTTTGGTACTCCCAGGC
 GTCGCCTTGGCTGCACTCCCCAAGCCCGAGGCGCCTAGCCGCGGGGAAGGGTCGGAATCATGCAAACCATCCAG
 AACTTCGGCTATGACGGAGCAATGCTCCTCGCGCTACTCATCTGCGTGGCTGTCTTCTGGGGGTCGCTTGGCAT
 ACCTACGGCACCTATCACGCCATCCATGATGGGAAAAAGAAGTGGTCCGATCTCGGAGCGGGCGTGCCGTAGGC
 ATCGGCCTGCTGATCTTGATCATTATCTCGTACCAAAGCCACCACCATCATGTAA

>CP76, 387 bp

ATGCCCGAAGAGCATCTGTTTCAGGATGGGACCCTCAGCTTCTGCGACCCGTTTGAACCGGCAACCGGTGGTC
 ATCGGCGGCCTGACTGCGGACGAAATGTGGATCACGGTCTTACCAGCGGAGCAGCCGGGTTCTGTAATTGGC
 CCGGCTGCCTTGGTTCGAGGTAACGCTGCCTGCATTCCACTGGGCGCGCTGCTGGTCCGCGCCCTCGGCCTGGGT
 ATCGGCAGCCGCGTCTGCGGCGGATGAAGCGGGGGCGGCCGATACTGGTCTACCGCCAGGTGGAGTTGGCC
 CTCTCGCTGCGCGTTCCCGTCTTCCGCAACCGTGCCTGGTGACGCGCTCCGCGCCTGGACCAGTCGACGCACG
 GATCCCCATGA

>CP77, 660 bp

ATGAGTTTTAGAAAACACACCGCGCAACAGCAGGCACACATCAACACGTTCCGGTTCATCACCGGCTTCTTGTGC
 ATGGTCATCGTGGTGTGGCCTACTGCGTCTGGGAAGCCCGCAAGGACCTCTGGATCCACATTCGCCCCGACCTG
 CGCTCAGGGAGCACCCGGTTGTGGTGGGACATTCCGCCGAGAGTGTCTATGCGTTCGGCCTCTACATCTTCCAG
 CAGGTACAGCGTTGGCCCAAGGACGGCGAGGCGGACTACAAGAGCAACCTGTTCCGCTACGCCGCTACTTGACG
 CCTGCCTGCAAAGTCTTCCCTGGAGAAGGACTTCGAGTTTCGTCGTAACGCCGGTGAGCTCAGGGGGCGGAGCGC
 ACCACCTCGGAAATCCCCGGTTCGAGGCATTGGCGAGAGCAATGGCCGCGTGATCCAGCACTCGATCAATGACTGG
 ACCGTCAACCTGGACATGGACAGCACGGAGTATTACGCCGGCGAAAAGATCAAGCGCGGCTGGCCCGCTACCCG
 TTGCACGTATCCGCGCCGACGTCGACCCGGAGACCAATCCCTTCGGCCTGCAGTGGGACTGCTACTCCGATACG
 CCTCAACGTATCGAACTCGAGGAGCCGGTGCACCCCATCAAGCGGGAGGGAGGTCTATGA

>CP78, 885 bp

ATGATCCGGAAGTCGACAGCCACGCTCTTGCTGATGCTTGCCCTTCCCGCACTGGCCCAAGCGGTGGAGATTCTG
 CGCTGGGAGCGCATTCCGCTGGCCATTCCGTTGACGGTCGGCCAGGAACGCATTGTATTCTGTCGACAGGAACGTG
 CGAGTTGGCGTTCCCTCGGGACCTACAGGGCAAGTTGCGCGTCCAGAGTACCGCGGTGCACTCTACCTGCTCGCC
 AACGAGCCGATTCTCCGGCGCGCCTGCGCCTGCAGGACGCGACCAATGGCGAGCAGATGCTCATCGATATCGCC
 GCCACCGAAGCCGACCCGATCAACAACCGCGGAGCCGGTTCAGGATCGTTCGCCGGCGAGCCGTGGTCCGCGAC
 TATGGCCAGCCCCGGGAAGCCAGCCATCGGCAGCAGCGAAAACAGACCGAGCAGGCAGAGCAGGACCGAAGGCCGTG
 CCGCGCGAAACGCCCGTCCCCGTGGTTCTGACGCGCTATGCGGCGCAGATGCTCTATGCCCGCTTCGCACGGTG
 GAACCGGTAGATGGCGTCCGGTTCAGGTGCGCGTCAAGCGACAGCTCGACCTGACCACCCTGCTCCCCAGCCTACCC
 ATCACGGTACCGCCATGGGCGCCTGGCGGCTGGACGACTACTACGTACGGCGGTGAAGCTGCAGAAATGCCAGC
 GCCACGACCTGGCCCTGGATCCCAGGGACCTGATGGGCAATTTCTGTCGCCGCAACCTTCCAGCACCCGTAATTG
 GGACCCCGGGGCGACGCTTCCGACACCACCACCGTGTATCTGGTACGCGCGGCCGCGGCTTGGCGACGCGCTC
 CTGCCCTCCTCCATCAGCCAGATCGATCCCAAAGGAGGCCGTCGTGGCGCTGACCGGTA

>CP79, 1428 bp

ATGATGGGCAAGAAGGAAAGCGCGCAGTCAACAAGGCGCCGCAACCCCGACGGTAACGTTCGGAAGAAGCGGCAACC
 CTGGGCATCGACGGCGACACGCCCCGCGACACACTGCGCACCATCGTGGCGGAAAGCCGGCAGCTCAAGGACCAG
 ATCAGCAAGGTCATCCAGGAGAATGACTCGCTCAAAGCCGCAATGAGAACCTGCAGGGCCGCTGCGCAACATC
 GATCAGAACATCGAGCAGAAGCTCAACAACACCGCCAGGAGCTGCAGCAACAGCAGGAGAACCCTAGCCAGACG
 ATCCTGGACCAAGTACAGAAACGGCTCGAGAACCTAACCCACGTTCCCGAGGGCCGGCGACACCGACCTGCCCCGTA
 GGATTTCGGCGTGCAGCCAGAGGATGGCCAGCACTTTTCAGGGAGCGGGCTCGTCTTCATCGGACATCGTCTGGATC
 GAGCCCCAGGACGCCCCGCGCAGTTCGATGCCAATGGCCAGCCGCTGGCCGCGGGCTCCACCACCAACCGAGCGGA
 TTCAGCTTCCCGACCTCCTTCGGCAATGCGGTTCGATCGCGGCCAGAACGCGCTGGAGCGGATCGATGACGGGCTG
 CACCCCGTCGGGCAACAGCAGTCCGACCTCGAGAACCAGCAAGCTCGTCCGCAAGACCTACACGCTGCCGAGAAC
 TCGACGCTCATGGGTCGGTGGCCATGTCTGCGCTGATCGGTTCGTGTGCCGGTTCGACGGGACGCTCAATGATCCT
 TACCCGTTCAAATCCTCATCGGCCCGGACAACCTCACCGCCAACGGCATCGAGCTGCCGGACGTCGCCGGCGCG
 GTAGCCAGCGGGACCGCTCGGGCGACTGGACACTCTCCTGCGTTCGCTGGGCAGATCCGCAGCCTCACGTTTCGTG
 TTCAACGACGGGACCGTGCACACTTCCCGGCGCCGGCCGAAGAGGTGAATGACAACCAGAGCAACAACAACCAG
 ACCGCCAGCGCCGACCAGAAAACCATCCAGGGCGGCTCGGCTGGATCAGCGACCCCTACGGCATCCCCTGCATC
 GCCGGTTCGCGGATCCAATGCCAAGGAGTACCTGGGCAATCAGAGCCTACTCACGGCTGCCGGGGCCGGCATC
 GCCAACTCCTGGACGCCGACGAGAACAACACCAGTACCGTCTTCAGCGGCAACGGCACCACTTCGGGACGACC
 GGAACCAACAGCAACTCGGCCCTCAACAGCATCCTCTCCGGCGGGCTCGGCGACATCCGGCAGTGGATGAACAAG
 TTGTACGGGGAGGCCTTCGCCGCGCTTACGTGCAACCGGGCGCGGGTTCGCCGTGCATCTCGATCAGCAACTG
 GCGATCGACTACGAACCAAGGGCCGCAAGGTCGACTACAGCTCTGGAGCCGCTCATGCAACAGCAGACCTGGAC
 TAA

>CP80, 348 bp

ATGCTGCCCCACGGCGAGGCCAACATGCTCGACGCTTGGGAACAAGGTGCAACCAGCTCGATAGGCAACAGCCGT
 GGCCGGCTGCTCCTCGATGCCAGGCAAACGCTGCGGCGCCGATCGATCCGCAGCAGGCTGCCCTCCGCGAACGAC
 CAGGCCGACTACACCCGACGCGCCAGCAACGAGATCCACAGCCAGTTCAAACGACTGCCCAATCCCAGCTGGTTC
 ATGTATGTGTTCCCGCACCTGGCCGGCAGCGATCCCGCCCCGGTACCGGGCTACACCACCGTGTTCCCCTTCTAC
 CAGCGAGTCCAGTACGCCATGCCGGGCGAGCGTACGGAGGACTACTAA

>CP81, 2943 bp

ATGAGCCTCTTTCAAATCTTCTGCGCGGTTCGCACACAGCCTCAGTCCGGTACCGGCAGAGGCTCCCGAAGATTCA
 GGAGCGCTGGACGTAGCGGCCGCGGAAGAAGCGACTGAGCGCTATCTGGCGCGACTGGCCGCCATGGGTATTCCCT
 CTGCCAACACCGGGAGCAAGAATGGCGCCACGCAGGCTGAAGCGTCACGCCTCTACGATCACGACCCATCGTTC
 GTAGACCTGCTGCCCTGGGCTGAGTACCTGCCCGACGAGCAAGTGTGCTCCTGGAGGATGGGCGTTCGCGCGCC
 GCGTTCTTCGAGCTGGTGCCTTGGGCAACGAGGGCCGCGATCCCAATTGGATGCAGAACGCCCGGGACGCATTG
 AAAGAAGCCCTGCAGAACTCCTTCGACGAGCAGCAAACTCGCCCTGGATCGTCCAGTTCACGCCAGGACGAG
 ATCAGCTGGGACAATTTCCAGGAGCAGTTGAGGCAGTCCATCCTCGAGCGGAGGATCGGCCCTTCAGCGAG
 ATGTACCTGGCGCTCATGAAGCATCACCTGGAGGGCATTTCGAAGCCGGCGGACTGTTTCGTGACACCGCCGTC
 AGCAAGCTGCCCTGGCGAGGACAACAGCGGCGCGTGCAGGATGGTGGTCTACCGCCGGATCCGCAACCGGATGCG
 CAGATTCGCGGACAGGACCCGGCGGCGTATCTGAAATCCATCTGCGAGCGTATCCAAGGCGGCCCTGGCGAACGCC
 GGTATCGTTCGCTTCGCGCATGAGCGGCCAGGAGATCAGGAACTGGTTGATCCGCTGGTTCAACCCGCACCCGGAT
 CACCTCGGCAAGACCGATGCGGATCTACGTCGTTTCTACGAACTGGTCTGCCGGCCGGACGAACCGATCCTGCAG
 GATGAATTACCACTGGCCGACGGCACCGACTTCTCCAAAACCTGTTCTATCGGCAGCCTGTTTCCGATGCCACC
 CAGGGCGTATGGCTCTTCGATGCCATGCCGACCGAGTGTGCTGGTTCGACCAGTTGAACAAGGCGCCGCTGACA
 GGGCATTTCACCGGTGAGACGCTCAAGGGCGATGGCCTCAACGCCCTGTTTCGATCGCATGCCCGAGGACAGCTG
 CTGTGCATCACCATGGTTCGTGACGCCGCGAGGATATGCTGGAAGGGCACCTGCAGCAGCTCTCGAAAAAGGCCGTT
 GGTGACACCCAGGCATCGATCCACACCCGAGAGGACGTGGCCACCGTAAGACGCCTGATCGGCCGAGAGCACAAG
 CTCTATCGCGGAGCGATCGCTCTGTTTCGTGCGTGGCCGCGACCATAACCGAGTTGGAGGAACGCTGCATCACCCCTG
 AGCAACGTGCTGCTCGGCGCCGGCCTGGTGGCCGTCGAACCGCAGAACGAAGTCGCACCGTTGAACAGCTACCTG
 CGCTGGCTGCCCTGCAATTTTCGATCCGAACGAGAAGCGAGCCCTGGAGTGGTACACCCAGATGATGTTTCGCGCAG
 CACATCGCCAACCTGTTCGCCATCTGGGGGCGCACACCGGTACCGGGCACCTGGCTTCACGCTGTTCAACCGT
 GGCGGTGCACCGTTGACCTTCGACCCGTTCAACAAGCTGGACCGGCAGATGAATGCCACGGCTTCATCTTCGGG
 CCAACCGGTCGGCAAGTACAGCTCCCTGACCAACCTCATCAGCCAGATGCTCGCCATGTACCTGCCACGGATG
 TTCGTCGGGAAGCGGGCAACAGTTCGGCCTGCTGGCCGACTTCGCCAAGCGGTTTCGGCTCTCGGTCCACCGG
 ATCCGCTCGCCCGGGCTCCGGGGTACGCTGCGCCGCTTCGCGGACGCCATCAAGCTGGTTCGAGAGCCCGGAC
 CTGATGAAGATCTTGGATGCCGAAGACATCGAGGACTCGGTTACCGTCCAGGGCAACAAGACCGGATCGAGGAC
 GACCAGCGAGACATCCTGGGCGAGATGGAGATCGTTCGCGCGCCTGATGATCACCGGCGGCGAAGAGAAGGAGGAC
 GCGCGCCTGACCCGTGCCGATCGCAGCGCCATCTGCCAGGCAATCCTGGCGGCGGCCAGGACCTGCGCCGCCGCG
 AACCGCACGGTACTGACCCAGGACGTGCGCGATGCACTCTACCAGGCTCCAGGAGCGATGGCACCGCGCCAGAA
 CGACGCGCGGGCTGGCCGAAATGGCGGAAGCCATGCAGATGTTCTGCATGGGCGCCGACGGCGAGATGTTCAAT
 CGCGAAGGCACGCCCTGGCCTGAAGCCGATCTCACCGTGGTGGATTTTCGCGACCTACGCGCGGAAGGCTACGCC
 GCCAGCTCGGAATCGCCTACATCTCGTTGCTGAACACCGTAAACAACATCGCCGAACCGGACAGTTCAAGGGC

CGGCCATCGTCAAGATCACCGATGAAGGGCACATCATCACCAGCACCCGCTGCTGCTGCCCTACGCCATGAAG
 ATCACCAGATGTGGCGGAAACTGGGTGCCTGGTTCTGGCTCGCCACCCAGAACATCGATGACATCCCAGCCTCC
 GGGGCGCCGATGCTGAACATGATCGAGTGGTGGTTGTGCCTGAACATGCCCCCGACGAGGTAGAGAAGATCTCC
 AGGTTCCGCGAGCTGTGCGCCGGCGCAGAAGTCGATGATGCTCTCGGCCCGCAAGGAAAAGCGGCAAGTTCACCGAG
 GCGTGTCTCTGGCCAAGGGCAAGGAGTACCTCTTCCGTGTGGTTCCCCCGAGCCTCTACCTGGCCCTGGCAATG
 ACCGAGAACGAAGAAAAGAACCAGCGCTACAACATCATGCAAGCCACCGGCTGCGACGAGCTCGAGGCGGCCCTG
 CAGGTCGACGCGATCTCGACAAGGCGCGAGGCTGCCGCCCTTCCCCATTATTTTCCAGACCAACCGGCGAGT
 GAGTGCCAGGACGAATGA

>CP82, 285 bp

ATGAGAGCTCTGAATTCGCTGACCCAGAACCTGATCGACAACCTGACCCAGATCCTGCAGAACCCCGAGGAAGAT
 GCCCTGCAGACGCTCAGGATATGCGCTCCTGTACTGATCGAAGAGTTGCAGCAGATTCAACTGAGGGCGGTCGAT
 CGCCGGGATATCGTCCCGCAGATAAAGCAGCTCCTGGATGAATGGCTGCAACAACATCCACAGCCTGATACGGCC
 CAACAGGCGCTCATCGAGGCCGTGGACCCGCGCGGAAACCCACAGCGGAGGCAAGCGTGA

>CP83, 657 bp

GTGAGACTGTTGAAGGGCGGCTGGGCAGCGAAACGATTTCAAGGTCGCCCTGCCCTGGGCGGGGCTGCTGGTC
 TTGCTGGTGCATCCGCCGTTGGGGTAGAGCTTCTGGTGAAGGGGCTGCCAGCCAACACAGCCTCTACGGCGAT
 GCGAAAGCGCGCTGGACGATCAATGAATACGCCGACCTGGAGTGCCCTTCTGCAAGGTTACACCCCGCGGCTT
 AAGCGCTGGGTAGACAGCCATCCGGACGTGAACCTGGTTTTGGCGGCATCTTCCCCTGCAGATGCATGGCGAGGCG
 GCCCGCCACCAGGCTCGCCTGGTGGAGTGCAGCGGGGATCCAAGGCGGCGCCAAAGCCTTCTGGAGCGCTATCGAT
 GCGATCTTCGCTCAGTCGGCCGGCAACGGGGGCGGGCTGGCTGGCGGCACATTGGACTTTCTGAACTGGACCAG
 TCTCGACTGGAGAAATGTGCGAAAGACATGGACCTGGTGGACCAGTTGATTAAGACGGACATCGACACTGCACGG
 TCGAACGGCATTACAGCGACCCCGACCCTGGTCATACGGGACAACCAGACGGGACGAAGCGTGAAGCTGGAGGGA
 ATGGCCGACGAAACCACGTTGCTGTGCGGCGATAGACTGGCTAGCCAAGGATCTCTAG

>CP84, 1188 bp

ATGGACCGAGTTATCATCGTCGGCGGGCGGAGTAGGTGGCACCATGCTCGCCAACCTTCTCGTGGCCAGGCTCTAC
 GCTGAGGTCCTCAGCGGCAGAGTGCAGGTGATGCTGCTATCGGATTCGCCGATCACTACTACAAGCCGGCGTTC
 ATGTACGTCGCCTTTCAGCAGTTCTTCTGGAAGATCTGAAGCGACCGGAACGTTTCGCTGTTGCGCCAGAAGTG
 GAGTTCGAGTGCACAGGTGGTCCGCTTCGATTTTCGCTCGCCAAGAACTGCATACCCGAGTGGCAAGCGGCAC
 GGCTACGACTATCTGGTCAATTGCCACTGGCTGCGGTGCCGCTCCCGAGCGGATTGAAGGCTGAAGGAAGCCGGC
 GAGCACTTCTACCAGTACCAGCCGCGCGCCGGCTGGCGGAGCGCCTTGCCAACCTGGAGTCGGGCCGGATTTTC
 ATCACGGTGAGTTTTCCCGAAAACACCGAACGTCGCCACCAGTGCGGGATCGCGCCTGTGGAGACCACCTGATG
 CTCGATGACTATCTGCGCCGTCGGGGCGTCCGCGAACGTTGAGAGATCGTCTACACCTATCCCACCCTGCCCAG
 CTGCTACGCAACTGCCTGTTCTGCAACGGCCAACCTGCGAGATCCTGCCGAGTCTATTTCGAGCAGCGTGGCATT
 CGTTTTCCAGCGTGGTTTTACCTTGGCCAGGGTCGACCCCGAGCGGCGCATCGCCTATTCCGAAGAGGGCGATGAG
 CAGCCCTTCGACCTGCTCATGGCGACGCCGCCGATTTCGCGCAGTGGATGTCGTCAGGGAGTGTGGCCTGTCGCAA
 TCCGCCCGGACGAAGGCTGGTTGCCGACGAACCATGAAACCTTGCAGGTGATGGCGCCGAGCGGGTGTATACC
 CTGGGCGATACCGTCGATCTACCGGTGAGCAAGGCCGGAGGCGCCTGCCACAACCAGGCGCCGCTGATCGCCAGC
 AACATCGCCGCTGAGATCCGCTCGGCAGCCCTTGCACAACCTACGACGGACGGGTTTCAGGCCGTCGCACAGATG
 GGCCTGAACACCGGCATGCCGCTATGGTACGACTACAGGCACGACGTCAGCCGACCCCGCAACCAAGCTTGGC
 GGTCTGTTGCGCCAGGGTTTTCAATCGCGGGCTGTACTGGGCGGTTCGCTCGCGGAATGCTTTGA

>CP85, 423 bp

ATGGATAGCCATCAGCAGCCTCGCGCCGCGGCGCAGGCCGATATCCCCTGTTCCCCCAGCAGACCCGGGAGGGC
 CTGCAGGCCCTGCTCGACAAGCTGCAGCCACTGATCGAGGGCCACCGCCTGGACAACCTGGTCGACCTGCTCTCG
 TACTTTTCGGATCTCATCGACCTGCTCGACCCGGCCATGGTGGACAGGCTGGCATCGCTCTTCGAGCAGGCCACC
 AATGTCGGCTGGTCCGTCGGCAACGCAGTGCAGGTCGGCCAAGGCCGAGGTGCTGCGTGAGCAAGCGCCGAACCTT
 AAAGACCTATTGCGGCTGTTGCGCGATGCCGATACCCGACCGGCTGGCGCTAGCCCTGGGGACCTTGCAGCAGC
 CTGGGGCGCCAGATTGCCCGGAGCAGGAGATCACCCATGGTGCCTGA

>CP86, 867 bp

ATGGTGCCTGACGACAGCTCAGCCGTGCGAACACCGAGACACACTGGGATCCTTCCGCCCTACATGCAGTTTGCC
 CGGCTACGCCAGCGGCCGGTGGTTCGAGCTGCTCGATCATATCGAGATGCACGCCCCCAGCGGATTTATGACCTC
 GGCTGCGGCACCGGCATTGCCACCGAATTGCTCGCCCGCCGCTGGCCGGATGCCGAGTTGCACGGCGTGGACAGT
 TCCGCGGAGATGCTCGCAGAGGCGGCGCGCTTGCCGATCAAGGCATCCTGGGAACGTGCCAACCTGCAGCACTGG
 TGTGCCGAGCGTCCGGGACGCTGATATTGCGAGCGGCGGTGCTACATTTCAATTGAGCGCCACGGAAGCCTGCTT

CCGCGCCTGCTCGGGCAGTTGAGCCCCAGCGGCTGCCTGGCGGCGCACATGCCGAACCTGGCGCGATGCATCCTGG
 TATCGCCTGATGCTCGACGCGCTGGACAGCGCCGGTCTGCTGGCTCTCCACTCGGCAGCCCAGCGCTGCGCTAC
 CTGATGCAACAGCGCAATGTGCTGTCTTAGACAACACTACTACCGCTGCTGGCACCGCTCTGCGCAGAGGTAGAT
 ATCTGGGAGACCGAGCACCTGCAGGTGGTGGATGGTAACGACCCGATCTTCGACTGGGTGAAGGTGTCAGCCCTG
 CGTCCGGTGTGCTCGGGCAGTTGGACGAGGAGGCCCGGGCGGCTTCTCGATCGTTACCTGGAACCTGCTGCACCGT
 TACTACCCACGGGAGCTAGATGGACGAACGCTGTTCCCGTTTTCGCCGCGTGTTCATCGTCGCCAGCCTTGCGCCA
 CTGAAGACTCGGGCAAACCTCCGCCCTAAGGATGAAGCTTAA

>CP87, 432 bp

ATGCCTCTTCATCACTCTCCCCCTGGCTGGCAGCCACACACGCTGGCCGTTGGCTTACTACTGGTACTGCTGAGC
 GCGCGAGCCAGGCCGAAACCTGGGTCAACCGACAAGGCTCATCCGGTACCACCACCGGATCATCGCGAGTC
 CTGCTCCTGGATGCCAGCAGCACCTTGAGGAGCAGCTGACTGACGCTCTACCAAGGATCCTCAACAAGCTCAG
 GCAGCATTTAGCAGTTACTACAAAGCCCTGCGGGGCGACGCTGCAGGCAGAACTGGTTAAGGCACAACAAGAC
 GTCGCCGATGCGTGGAGTCTCGGTGTGAGAAGATCCCTGCCGTGGTAGTCGACAGGCAGTACGTGGTCTACGGC
 GAGCCGGATGTACC GCGCGCTTGAGCTGATCGCCAAGGCCAGGAGGTGCGCCTGA

>CP88, 939 bp

ATGACCAGCCACAACCTCCGCCGCTGGCAGCGGGCGGCCACCTTCAGCCTCTCGTTCACGGCCTCGGCCGCG
 ATCAACAGCGCCGCATCGTCTCCTCCACCCTTTCGCCCCAGTGCCTCGAATACAAGGTGTCGGGATCTGCTAC
 TGGCTGCTCTGCGGCCACATGGCTGCAAGGTGAAGACGTCGGTCAAGGTCCGCCACTACGTGCTGACGCAGTC
 GTCTCCAGCTATGCGAATACCGGGAGCAACCCCTGGACCGAGGTGTGCGGCGCTGGGCACACCGAATCCACTCGCC
 CAGGCCGGCAATGACGCGACCACCAACTACAAGACCGAGAACAGCATCGGCCGCTTCAAGGAAGCGGATGTGATC
 GGCCATCCTGGCGGAGCCACGTTTCAGCCGGTTCGCCAGCGCCTCTGGGTACGTTTGTCTGGCGCTACCTTCCCG
 CTGGTGCCTACTTCTCAGCACACTGGACGCCATTGGCTGGCGGCATGGAATTCGAGCAGGTGTACCCCGAG
 GCGTTGGTCCCAGGGCTGCGCGAGGTGGGGGAATCTTCTCCGGCGACATGTGGGGGAACCTCTATCCGCGCAGC
 GGATTCCTGCACCAGACCGACGACTACAAGACGGCAGCCGTCATCGCCAGCGCGCCGGCGATATCACCACGCGA
 ATCGGCCAACTCCACGTCTACCTCCCCATGCGCGCAGCCCCAAGGACGGCTACTGGCCGGCGGGCGAGCTGAAA
 GAGGGCGATGCCTCTACCGGGAAATGGCAGGAGCTGACCCCGTCCCTGAGCCTCAACTGCGCGGTGTTTCCCAAC
 TCAGGACCGAAGACGCAAGCCGTCGACGGCGATTACGCCTGGGCGCTCTGGCGTCCCTACTCCTGCTGCCAGCGC
 AAGGGGCGAGATCTTCTCGGCAGTACCGACTTCCAATAA

>CP89, 1566 bp

ATGGCAGGAGCTGACCCCGTCCCTGAGCCTCAACTGCGCGGTGTTTCCCAACTCAGGACCGAAGACGCAAGCCGT
 CGACGGCGATTACGCCTGGGCGCTCTGGCGTCCCTACTCCTGCTGCCAGCGCAAGGGGCGAGATCTTCTCGGCAG
 TACCGACTTCCAATAAGGACACGGAGACGAATCATGCGAATGAACATCACCTCGGTGCGACTGACGTGGCTGCTC
 GCAGCGCAACTTGCCCAGGCCGACGACCCGATCAACGTGTCCAAGACCGGCACGGTGTCTAGCGACGAGGTCCCTC
 TACAGCATTGGCGGCGGCAGCGCGGTGAGCATGGGCAGCGCCGGCCAGATGGACTCGATCGGCGTCCGGCTTCGGC
 TGGAACAACGACATGATGTGCGGAAACATGAACCTGAGCACCACCCTGGAGAACCAGCTCAACGGTGCACACAG
 GGTTCAGAACATCATGGGCTCAGTCATCCAGAACCGACCGCGCGGTGATGTGCTGCCGGCGTTGATCATC
 CAGCGCGCAACCCCTCAGCTCTACAACCTGATCACCATGGCATCCTGCAGGCGCGGATCGACTACGACCGCTCG
 AAAGGGACTTGCAGAGCGATCGCCGAGAAGATGGCTGACATCGCTGGCGAGCAGACCGGCTGGGGGAAAATCGCC
 GAAGGCCAGGCCCTGGGCGCCACGCTGGCCTCTGGCGGGAAAGACGCCGTATCCGCCCTCGAAGCGGTGGAGAAG
 AAGGGCGGCAACGATGGCGTAACCTGGGTGCGTGGAGACAAGGCCGGCGGCTCCGGCCAGAAGCCCATTTCGCATC
 GTCAACGACGTGACCCGGGCGGGCTACAACCTGTTGACCAGCCGCTCAGTGAATGACTCGTCGAGCGTGCCTTCC
 GCCACATGCAACAATGGCCTGGTCTGCAACACCTGGTCTCCCCCAGGAAGCCGCGGCTTCGCCACCCGGGTA
 CTGGGCGAACAACAGCAACAGACCTGCGAAGGCTGCCAGAAGACGGTGACGGCTGCAGGCGTCCGGCCTCACCCCG
 CTGATCCAGGAGACCTACGACAAGAAGCTCCAGTCGCTGCAGGAGCTGCTGTGAAAGACAAACCACTGACTGCA
 GAGAACCTGGCTGCGGCGCGCACCGATGCTCTGCCAATTACCCGCGGCGTCATCGAGGCGCTGCGCGACGAGCGT
 GACCAGGACCTCTGGCGCGCCGCTGGCTGCGATGCTCTCCCTGATGGACGCTGCTCAGCAAGGCACTGCTACTG
 CAGCCCTGATGTTTCCGCGGCCCAAGAGCCCAACGTCGCCGCCAACGGCCTGGCCACCAAGCCGTCGATCAG
 CAGACCAGCCTCCTGCAGCAGGAGATCTCGAACCTCAAGACCGAAGTGAACCTCCGTCGCGAGTTGGCCAGCAAT
 TCGCCCATGCGGGTTCATCGAGCGCGGGCAACAGCGCGCCTCAGGGTCCAGTGGCGTGTTCGAGTCCGGCGCCGAT
 GCTGATCGCCTCGATCGCCTGCAGGCCCCCTCTGCCCGGGCGGCAAGTCCGGAGGGAGACCGTGA

>CP90, 348 bp

ATGGCAGATACGCTCACCCCGAAAGCTCCTCGGCCAGCTACTGGTCCGAGTGCTGATCGTTCGGTCTGGCA
 GTGGTCCGTACGCTGCTCAGCCTCTTCGCCCTGAACCACTTCGGCGGCATCCAGGGCCTGGAGGCTGGCGGCAA
 AGCAACTACTGGAGTTTGTCTCCTGGAGGGCGCTGCTGTACTGCGCCCTGGCCATCGCCTGGTTCCGGCTCAAG

CAGCGCAGGGAAGTCTGAGCGCGCATGAGCGGCAGCGCATTTCGGCGGATCGAGATCCTGGTGCTGTTGCTGATCCTG
CTCATCGAATTCAGCAAAGCCTACTTCCGCACGGGAGGCGCAGCATGA

>CP91, 1536 bp

ATGACCTTCATGACCAATGACTACCTGGAGTATTACCTCACCCCTCCTCGGCTGGATCATCAACAACGGGATCTGG
AACATGATCTCGGATACAGGGCTGTTTCGCGGTGCCCTTCGTGGCCATTGTGATGCGTGAGTGGCTGAAAGTTTCGC
GGGAAGGCGCCGACGAGGGCAACAAGGGCGTGTGTCTCTGGCCCCGATCGAGACGCATATCTACGTCCGGCTAT
ATTGTGGTTCGCCCTTTCGCGGCATCCCCGGTTCGTAACGTGAGCTTCGACACCATCGAGTTCGACCAGGCCCGCGCC
CAGCAGTGCCAATAACAATCTGCCGGCACCGGCGGACACCGGCTGGTTCGAGCTCCTTCAGCAGCCTGGCCGGCAAG
AGTGCAGATGCCGCTCTGGTGGGCGATGATGCACGCCCTGTCCAAGGGCTTCACCGCCGGCGCGGTAGCGGCC
ATTTCCTTTCGCGCACGGATCTGCCGCGAGATGCGTATGGAGGTGGATAACACCCGTGTGAACAACCCGCTGCTGGCA
CAAGAAATCGCTGACTTTTCCAGGGACTGCTACGGACCTTCTCGTGCAGCGGCTGTTTCATGCGGCAACCCGATCTG
GGCTCCGTCGCGGAGGACAACAAGGGCGTACAGGACCTGAACTGGATCGGCTCCCGATTCTGTTGAACACCCCG
GGGTACTACGACACCGACTACTCGAAGAGTCCCCGTGAGTCGTGGCCCTACAACGCCACCCGCGACGCCGGGCTG
CCCCAGGTGGGCGGTGGTGGTGGCTACCCTACCTGCAAGCAGTGGTGGGCTGACTCAGGGATCGGTTTTCGCTGAT
CGGATCAAGGGCCAGGTGGATCCGGACCTGATGACCAGCTTCTCAAGTGGGCGAAATGGCTGAACCAGGACGAG
GTGAGCGAGGCAGTCATCCGCCAGGTGATTTACCGTCCAGCCAGGTCAAGGGCAACGTCTACACCGATTACGGC
GGGCAGGTTGGCGGCACCATCTGGAATGGACTGGCTCGTGCCGGAGGCACCCCTCGGAGTGGCAATGGGTAGCCTG
GCTTACTTCCCGCGATGGATATGGTCCGCCAGGCGCTGCCGATGGTGTGATGTCATTCCTGAAAGTGGCCATGGTC
ATCTGCATTCCGATGGTTCGTGGTTCATCGGCACCTATCAACTGAAAGTTGCCATGACGATGACGGTTCGCTTCTTT
GCAATGATATTTCGTCGACTTCTGGTTTCAGTTAGCCAGATATATCGATAGCACGATACTTGATGCTTTCTATGGT
TCGGGATCACCACATCTTTTCGTTTCGACCCAGTCAATGGGACTGAATACGGCGACTCAAGATGCAATCTTGAACCTC
GCTGATGGGGCGATGTTTTCATTATATTGCCCATGTGTGGGTAAGTACTGCTGTAGGCTGGGCGAGGCTCCAAGTTGGA
GCTCTCCTCAGCGATCTCAGTAATGGAGTCAAAGGGTCCAACAGGCTGGGGCACAGGGTGGTGGCGTAGCTAAG
CAGGCAATATCGTCTTCTCACCCAAAGGGGACTAA

>CP92, 333 bp

ATGATCTGGCAAGCCTTATGGCATATTATGCCACTAGCTATCTGCCGACTGGAGCCCCATGGCAACTCGAAAC
GTCGTCCTTCCCGATCCGCTGGAGCAGGACATCAACGAGCTGGTGGAGACCGGCCGCTATCAAAACCGCAGTGAG
GTCATCCGGGCGAGGCTCCGCTGTTGCTGCAGCAGGAAGCCAGAAATAGCGCCAAGCTCGAAGCCCTCCGCAAC
GCAACATCCAGTGGGCTGATGCAACTGGAGCGCGGCGAGTACGACGAGATCACCAGCGACGACCTGGCCCAATAC
CTCGACGAGCTCGGCAACCAGGCGAGCCACTGA

>CP93, 351 bp

ATGGCCAAGTACCGCATATCCCATGATGCCAAGCGGACATCGTTCGATATCCTGCGCTTCACCCACAACCGATT
GGCGATGCCGCGCGCCGGTGTACCAGGCCCTCATCGGCACCGCCCTGGAAGCGGTTGCGACAGACCCACTGCGG
CTCGGCAGCCTCAGCCGCGAAGAAGAGGGGCCAGGCTGCGCAGCATCCACCTCGTTTACTGCCGCTCGATGCC
AACGTCGGTAAGGTTGTTTCGGCGCAGGCACTTCGTCTTCTACCGGTTGGCGACAGCTCAGGTCTCGAGGTGGTT
CGCGTGCTTTACGACTCGATGGATCTGGATCAACACCTGCCTCCTCGATGA

>CP94, 8514 bp

CTAAAGGCTCAGTCGCAAGCGGTGTGCTGACAATCGAGAGGCACCCGCACTTGGCCATCGATACACTCCACTTC
GACGCCGTCGAGGAAAGCCTCGCGCACGCCGTGGCTTCGCCCTTCTCCGGACTCCACCTGAATCTCGTAGTGCC
CCCCTCCACCTCCAGGCTTACCTCGAAGCCCGACCATGTCACCGAATGCACGGATCAATCAGCAACCAGGCACC
CTGCCGGCGAATTTCCAGTAAACCTTCGAGTCCGGCGCGGTACATCCAGGCGGCAGAGCCGGTATACCAGGTCCA
GCCACCACGGCCGACATGCGGGCGCCTCGGAGTAGATATCGGCGGCCACACATAGGGTTCACACTCGATAGCGTTC
CACCTGTTCCGGTGTGAGCGCGTGGTTGATTGGATTGAGCAAGGAAAGCAATGTCCCCGCCCTGTCCCCCTTTGCC
CTGGCGGACAAATGCCAGGACCGCCACATGGCCGCGTGGCTGTATTGCCCGCCATTCTCCCGCAGGCCCCAGTGG
GTAGCCGCGGATATAGCCGGGATCCGTGCCCTCTCGTTCGAAAGGGGGCGTAAACAGCAGCGCCAATCGATCGAC
TGGACGTAGCAGGTACCTCTCCAGTGCGGTCATTGCCATTCCCGCCCGCAGTGGGTTCGGCGCCCGCCAGGACGGC
CCAGGACTGTGCGATCGAATCGATGCGGCAGGCTTACCATCCTTCGAACCCAGCCAGGTTCCGTTCATCGAAGGT
CGCTCGGCGATACCAGTGGCCGTCCCAGGCTCGCGCTCCATGGCCAGACGCAACCGCCCGGCATGTTTCGCGCCA
GTGACGGGCTCGCTCAGGGTTCACGCGAACGGGCATAGCCATCGAAGCGCGGAGAGTCTCCAGCAGCAACCAGCC
GAGCCAGACGCTCTCTCTGTGCCGCCGGCACCGACGCGATTTCATGCCGTCGTTCCAGTTCGCGGAACCAATCAG
CGGCAAGCCCAACTTACCAGTTCAGCGTTCAGACTGGTCCAGGCTCGTGCACAGTGTTCGAATAGCGACGCGGA
CTGCTCCGACAGCATCGGCTGGAAGAAGGTGTCTGCTCGCCCTCTTGCAACGGCGGCCCTTCGATGAACGGCAG
GACTTTCGTCGAGAATCCCAGTGTGCGCCGTCGCTCGAGATACAGCGAGGCAGCATAACGCCAGCCAGACCCGGT
GTCGGAAATCCGCGTCTTACCCTGTCCCGAGTGCGGCAGCCACCAGTGTGCACATCACCCCTCGCGGAACTG
CCGACCGGCGGCGCGCAGAAGATGCTCGCGGGTTCAGCGCCGGAGCGGCCAGGGACAGAGCCATGCCATCCTGCGAC

TTGATCGCGGAAACCATAGGCGCCGCTGGCCTGGTAGAACGCCGAGCGCGCCAGACGCGACAGGCCAGGGTCTG
GTACAGCAGCCAGCCGTTGAGCAGGATATCCAGCGAACGCTCGGGACTGCTCACCTGAACGGCTCCAAGCAAGGT
CCGCCAGTGCCTACCAACACCCGCCAGCGTCTCTTCCGGATCAGTCCGACGGTATCGCGTGACCAGATCACGGGC
ATGAGCCAGGGAGTCCGCTTGGCCGAATAATGCGACGATTTCCACCACCTCCCCGGTGCCAGCTCGATCGAACA
CTGCTGCGCCATGCACGGGTGAGCCCGGCCCGCTGCATCCGGAAAGTCCCGCCTCGCCGAGCAGCGCCGAGG
CGCCGAGGGGTACCCGAGCGGCCCGAGGAATTCGCGACGATCACCGCTCCAGCTGCTTTGGCGGCCACACAGGTC
GGCGAACAGGACACGCCCGGAAAGGCGGCGTTCCAGGGGTTCGCGCAAGCAGCGCACCGCTTTTCGACATCCTG
GCAGGTCTCGATGAAGGCCGCCGATGTCGCCCGGGCGCTGCCGAGTACCGGTTCGCATAGCTGGTGAACGCAG
CCGTCTGACTTGGCCGAGAGGTTGCGCAGCACCAAGTCCGGAAATCTTGATCGGGTCCGCCAGCGCGACGAATTG
CACCAGATCCATGTCGATGCCCTGGCAGCGATGGCCGAAACGGCTGTAGCCGAATCCGTGGCGTGCCTGTAGAG
CCCATCGTCGCGAATCGGCCGCGCAGTGACGCTCCACAGCGCCCGCTGTCTCGTCGCGGAGGTAGAACGCTTC
TACGCAGGGATCGCCGACCGGATCGTTGGACCAGGGCGTCAGTTGATTTTTCGCGACTGTTCTCCGCCCAAGTATA
GCCACTGCCCTCCGCCGAGACCTGGAAGCCGAACCGGGGATTGGCGATGACATTGATCCATGGCGCTGGTGTGCT
TTCACCCTTTTCCAGAAGAATCACGTACTCCTGGCCGCGACTGCCGAAGCCACCTAGCCCATTGAAGAATCGAG
AGCCTCACCCAGACTCGTCTTATCCGCCCCCCCCCTCGTCGCTGGCCACCAGTCGCGCCGTACCAGCAGTCGCAGC
CGGAGTCGGTATAGGCTTGGAGGAGCACAGGGCGGCCAGTTGACTGGCGATCGGCCCTCGCCGGGCGAGCAGTAC
CACGCGTGCAGCCGCCAGCAACAGCGCCCTGCCCTCCTGGCTCATGAGATCGGCGCGCAAGGTGTGCACCTGACC
GCGCCGCGCCGCGTCTTCCGCCCTCACGGGTACGCGACGGGCTGCTGCGCACGGCGGTCTCGATCGCCACCTGGAG
ATCCTGGATGTAGGACGAAGCGCGCTCATTGACGACTGCCAGGTCCACCTCCAGGCCTTTCGTCCGCCAGTATTG
GTGAGCCCTCAGGATCTGCCGCAATTGTTCAAGGTGCTCGCTGTCTGTCGCAAGTCGCAGAAGCAGGATCGGCAGGTC
TCCGGATATCCCCAGGGGCCAGAGCCCGGACTGAGGCCCTGAACCGTGCCGGATCGACTCGGGCGGCGCACGGTA
ACGTGCGTCGGCATAACAGCAGCGGCGCCGCCAGGCGCTGGAAATCGGGCGGCTCTCCGGCGGCGATATCGAGATC
ACGCAATTGTACCTGCGCCTGGGTCCAGGCCAGCGTCTTGGCGCGGTGCAAGCCGCTGCGCTCGTGGTGTGTTGTC
GATCAGGTGCAAGAGCGCCTCGCGGGTCTCAGCGACCACGATCCAGAAGGACACCCTCGCCATTTCCCCAGGCGC
GATACGCAATCGCCGGCGCAGAGAGAAAACCGGGTCCAGACCCGTCGCCGATAACGGCTGCCGCG
GTCCGCAAGACATCGCCTTCCCGGCGCAAGGTCTTCCGCGCCAAAGGACGGGCGCGTCCGATTCGACAGGTG
GGTCAAGGACCCCTCCACCACCGCAAAATGCGCGGCCAAACCGGCTCTCGGTGCCGGAACAGCCCGGGT
AGCCACTAGGGCGGCGTACTCGGCGACGTAAGTCTGACGAAAAGCTTGGAGAACCCCGGATGGGCATCGTTC
AGCGGCAGCCGGCGCAGGACCAACTCAGCGTAGGAAGTCAGTTTCGATCTCCTGTGAACGACGACCGTTGTTGAC
CAGGGTAATGCGCCGACCTCGCCGTCGTCCTCGCCGAGACTAAGACTTCTAGCACGCTGCTCAGACTACCGTC
GTGGCGGCTGAATTCGCGCCGGTCTTTCGTCGAAGAGGATCTCTCCGCTGACCGGTACCTGCCCGCTCGGTGGGT
GGTGGCCGCCCACGTGCGGCCGTCATGAACGTGCGCAGGAGGACATAGTAGCCCCAGTCTGTCGCGCTCGGATC
TTCTCGCCACCGGGTACGGCGATGTACGCCAGCGACTGTAGCCAGCGCCGAAAGCGGACAGCATTACTGAATA
GCGACCGTTGGAAAGCAGGTGGGTAAGTGGTACTCGCCCGGCGTCAATGCTACGCGCCGAAAGCTCGAGGCTC
GATTCGGCTTCGATGACGAGACGCGCACTTCTCAGCGCGGGATGGGCCAGGAAGACATCGGAGGGAATGCG
CTCCTGGAGCAGCAGCTCAACCGCACGGATCATCGGCTCGCGATGGAAGCGAGTGCATCCGCCCTCATCGAG
GGCGTTGGCGATCGCCACGATGCTCATGCCCTGGTGTGGGCCATATAGCTGTGGACGAGCGCCACCGCGTCCG
GTCGGGCAGCCGCGACGGCGTGAAGTCCAGCGCTTTCGTAGAAGCCGTAGCGCCCGCGCGCACCCAGTTCGGCCAG
GCGCGCGTAGTTAAACAACGCCGACGCGGCTTGATCATCGCCGCCAACCCCGTGGCATAACGGCGCCACCACCAG
GTTCTCGGCCAGACCGCGCTTAAGCCCCAGCCCCGGCACACCGAAGTTCGAGTACTGGTAGGTGAACTCCAGGTC
CCGCGGCTTGAAGGCCGACTCCGAGATGCCCCAGGGAACACCTTTCTTCCGCCCGTAGGCCTGCTGCACCTCCAC
CACCAGGTGATTGCTCTGTTCCAGCAGGCTGCCGACGGGCGCCCGCATGACCAGCGATGGCATGAGATATTCGAA
CATCGAGCCAGACCAAGATATCAGCGCCGATGCCGTCGCCGTCGCCGTCGCGGTGTCGCGTACGACCCAGGCGGAACCATG
GCGGGTAGGGACATCGCCTTTGGCGATGGCTATCAGGCTGCCCAAGCGCGCCTCCGAGGCAACAGGTCTGATGCA
ACTGCTGTCCAGGCTGTTGTGCGCCAGGGAATAACCAGTAGAAAACAGGTACGCTCGTATTGAAGAGGAACGC
GAAATCCATCCCGGCGACGAAGGCCCGGGCCTGCTTCGCCACGCTCCGCACGCGAGCCTCCAGCAACCGGCGCAGC
GGAAAGCAGGCGGTACGCTGGTGTTCGACCACGGAGTTTCCTCAGTGCCTCGAGCCAGAACAGAAGCTCATCAGA
AACTGCGTCCACTCCCCGGGGGGCCGATGCCACGGCATCTCTCACGGCTTTCTCCGCGAGCCGCCGAATCCTGC
CAAGCCCGTCTCGGCGGACTGCGGACCATCGATCTGCGCCTGGATCTCTTCCACGGTCTGACGTAGTCGCCGCCA
ATGTCCGGCGCCACGGGGAAGCCCATCGAGCCCTGCCGACCCAGCGCCAGCGTATCGCCCAACCCGTTGCGCCA
AGCCGGCGACAGCGGCTCGTCGAGCCACTCTTCGCATGCATTGGCCAAGGCGATCAGATGACCGGCCAGGTTGCC
GCTGTGACCCGAGGACACATAGGCCGGCTCAAGCACATGCAGGTCGAGCGTGGCGTACCAGTTGAAGAAAATGCC
CCGATGGCGCGATAGGCGCTGCATGGCCGCCAGGGTCCGCTCCAGGCGCTCAAGGTTTCTGCGTGCCTGCCA
GCCGAAGTCGCGAGCGGCGACCGCGGAAAGCAGATAGAGGCCGATGTTGGTCCGGCGAGGTACGGTGTGCCACCAC
GGGCTTGGCTGGTCTGGAAATGTCGGCGGGTAGCCGGTTATCCTCGGCGCCGACAAAGGTTTCGAAGAATCG
CCAAGTCTGTGCGCGGATCAAACCGCAGCCCCATTGCCTCCTCCGGCGCCAGGACCTTTCGCTTCGACGGCCGCGG
CACTCGACTGCTGTATACCGCAAGGCCCGGCGCCAGTGCCAGAGCAGCATGAAGGGTACGCCCCAGAGCCAGGGA
GGACGGCTGCAAATACAGCACCAAGTGCAGCCCGCGCAAGTATCAGGGAGGTACCGCCAACCATCTGTAGATAGCT
GATAGCCAACCCGGGACGCGGTTTCCCCACCGACTGCGCGGAGGTGGTCCACTCGAGCAGATGGCGACGAGTGC
GAACATCCGCAGCAACGTCCGCACGATCGCATCGCCATGCGCCAAGCCTGATCGGCCAGAAAAGCCAGGGACAG
CAGCGTCTGTAACAGAGGCGCGCAAGTTCCGCGGCCAGGCGCTGAAGTGTGACGACGAGCCGATACCGCGACG
CCGTGGCCACAGTCTTAGGCACACCGGCGAGCCGGGAGTGCCAGGCTCCCAACAGTAGCAGGCTGCCGAA
CAACGCCTGAGGCATCGGCAGCAACCAGGAAAACAGCAGCGCGAGCGCGGCGGAAGCCGCAAGCAGCGAACGGCG

CAGGTTGTCGAGCATCTTGCTGCGGCCGACCCACGGCACTGCCCATTCACCGCGCCAATGACCGATGATCCATGG
 CAGCAGTTGCCAGTCCACCGCGCGTCCAGCGATGCAAGCGTTGAGCGACAACATCGAAGCGCGCCGGCGCTTCCTC
 AACCACCTCCACATCGGAAGCCAGTCCCTGCACGGGCGAATATGCCCTCGAACAATCATGACTGAGAACGCTGTT
 TTCACCGATGCGGCCGGCCATGGCGGCTTCAAAGGCATCTACATCGTAGATAACCTTGCCGGTGTAAAGAGCCTTC
 GCCGAACAGGTCTTGGTAGACATCCGAGACCGCGGCTGCATATGGATCCATTCACCCCGTCCGGAGAACACCCG
 CTGATAAAGCGAGCCTTCTCGGCCAAGCGGCAGTGCCGGCGTAACCCGGGGCTGGAGGATAGCGTAGCCACTAAC
 TACGCGCTGAGTCGCGCCTCGAACAGCGGCTGGTTCAAAGGGTGGGCCATCTTGCCGATCAGACGCCGCAACGT
 CTCACGTGGCAGACGTGTGTGTCAGCATCCAGGGTAATGACGAACCCGACCCCGAAGGCACCGTCCGTCCTGACT
 GCCAGGCTGGCGAAGTGTGTCGCTCGGCCCGCCGCAAGAGGCGGTTACGCTCATGTAGCTTGCCACGCTTGCG
 CTCCAGCCTATCCAGCGCGTTCCTTGCGGATTGAACCGCGCTGCCGGTACAGCAATAGGAAACGCGGCCCGCC
 GGGGGCCGGAGCATGACGCCGGTTGAGCCGTTGATCGCTGCGGGCGCCAGTTTCAGCAGCCGAACGTGCGCGTC
 GAGCACGGACTGTGCGCATCAATGCCATCGGCCAGGAGGGCGAAGCTGAGATCGCCGCGAGTGCCGGTTAGATA
 ATGCACCTCCAGTTGCTCGATCTGCTCCAGCAGCTCCGCTTCGCGGCCAGCAGGGTCCGCACCACGACCAGGGT
 CCGAAGCTCCTCCGGTATTCCATCGGCCAGTTCAGTCCCGGTAGGATGGCAGCTCCCACTCCACCGGTTACCGC
 ACGGTTGACCAACGCCACCGCGCCTCGCTGAACGGAACGAACAGGGCACCTACCAGCGCCAGCCACTGCCACCC
 ACCGTCTCCCAGCCCCGGCACCTGCAGGACGTAGACGGTACGCGGAGCAGAAGCCCGCTGAGCAGCAGCGTTGC
 GCCGACATAGCCGAGGATCCCCAGACGTCCGCCGAGACGACCGAGCCACAATGACGGCGGCGACCGGAAGCCGAT
 ATGGGCTTCGAACGCGCGACGTCCGCCCGCGATCAAGTGGTAGCCCGGCTCGCTCCAGTGTTCGCCAGTATGCC
 GGGCGCCGCGGTGGAGTGTGCCTTCGCCAGCGCCTGTTGCGCGATAGCCAGTTCGCTGAGCGGAGCGCTGCGGGC
 CAGTTGCTCGATGGCGCTGCGATAGAGGTTCCGGGTGGGGAAGTCCATCCTGCCGAAGGAGCCGTCCGCATCCAA
 GCGGGCATCAACCAGGCTCACGCTTTCGAACAGTTTCGCCAGTCGATGGCAGAGATCAGGCGCATGCTGGTAAT
 GACGTTACGCACGCTGACGTTTCGAGGCGCCTGCCGCTGCTGCGCGTGTGCACCGCCTGCTCCACCGAACTGCC
 TTGCTGTTGGAGCCGCTCGTCCAACAGTTGAGCGCTGGATTTGCTTCGGGTCTGATCGCGCAGGCGCCTGGC
 CAACTGGGCGGCGAAGATCTCCGACAAGGCTGCCGGCGAGCGCCGGGCGATGTCCGTTGCCAGTCCCGAGGCGGC
 GCAGCCGGGCGTCAGAAGGGCATCTGCCAGGGCATCGGCTTCGGCCCGCTCGGCCCTTCCTGGCCGATTTGGTC
 CACCAGCGCCGAGTTCTCGACAAGGACATGCGCAAGTGTATCGCCACCGCCCATAGTTCGCCGATGCTCAG
 CGGTTGGACACGCTGGTAGGCGGCGATGAAACCGCGCAACAACACTCAAGATCGAGATGGCTGTCCGTTATGCGCGAC
 GAAAGCCCATGCCAACCCGAAGACCCTCGGGTAGCCAGCAAAGGGGGCCCGACGCGAGCTTGGGCAACTGCCGGTA
 ATAGCCGGGAGGCGAGTGTGTCGCGGATCTCGCGGATCTGCTCTTCCACCACGTGGTAATTTATCCAGCAGCCATTC
 AGCGGCGGGCACACCCTGCGTCTCGCTCCAGTTTCGCTGGCGCTGGCCCGGTATGCCGTCAGCAGCGCCCGCCG
 GTTGTGTCAGCAAGACGCTGCGCAGGGGGCGGACGATGGGAGGACACGCAGTGACCGGCTGGGCTGCGGCCAGGCT
 TTCTCCGTGCTGCTCGAGGCGTTTCGACGCCGAACAGTTCCTCGCTACCGGGCCCGGTGCTTCCACGGCGGGGA
 GGTGCGCCGCCAGCAGAGTCCGCCAAGCAGATCTGCCAC

>CP95, 225 bp

ATGAGACTGACCTTTGAGCAGGCCCCGGCAGCTCATCGAACCTCCTTCTCACCGTTCACGTGCAGTTGCACACGA
 GACCGGGACGGAGCGATGAGCATCCTGCTGGGTAATGCCTTGACGGGCACCATCGAGGCATTCAGCACCGGCATA
 GGCACCGAACAGTGGCGTACACCCGAAGCGGTGACCCAGCTCATCCGTGATCTGCGCCTGGACATCGCCCCCTAG

>CP96, 720 bp

ATGACCAATGACGTTTTCTCCCCTGCAGAACCATCTGCTCGCCGCGCTTACCCAGGAGATACAAGAGCGTCTGATC
 CCGCACCTGGAGCGAGTTACTGCGCTCGGCAAGGTCTCTATGAATCGGGCGATGCCCTCCGACATGTCTAC
 TTCCCCACCGACGCCATCGTTTTGCTGCTGTATGTCATGGAGGACGGCGCCTCCGCGGAGATATCCGTCGTCGGC
 AACGAAGGACTCATCGGCGTGGCGGTGTTTCATGGGTGGGAAAGCACTCCGAGCCGCGCCATTTGTGCAAAGCGCT
 GGGCATGCCTACCGATTGCCCGGACAGAAGCTGAAGGACGAGTTCAATCGGCATGGCGAGATGCTGCAGTTGATG
 CTCCGCTACACCCAGGCGTTGATCACCCAGATGGCTCAGACCGCGGTGTGCAACCGCCATCACTCGATCGACCAG
 CAACTCTGCCGCTGGCTGCTGCTGTCGCTCGACCGGCTACCCAGCAACCAGTTGAGCATGACCCAGGAACTCATC
 GCCAACATGCTGGGGTCCGCCGCGAAGGCGTACCCGAAGCGGCCGGCAAGCTGCAGAAACTCGGCGTGATCAAG
 TACAGCCGAGGGCACATCACCGTTCTCGACCGTCCGCAATTGGAAGCGCTCTGTTGCGAATGCTACGCGGTGGTC
 AAGCGCGAGACCGATCGCCTGCTTCCCTATCTGCCCGCCCGATGA

>CP97, 363 bp

ATGAACATCGACGACGATATCTACGTACCCCGGCTACTTGCCGAAGGTCATCTACCCGAAGGACGGACCTGCGC
 GACTACTTCATCGCCCACGCACCGGCGGAACCCAGGGTGGTTCCAGCCGCGGATGCCGGAAGAACCCTGAAG
 AAGTTGCGCGGCGACAACGGCGTTCAGTACTCCACGTTCCGGGAAGCAAGGAGGACGGCTCAAACAGTTTCACG
 CAACTGAACGTGGAGGAAACCGAAAACCTGGAAGGGAGTTTCGACAAAACAGCGCTATGTCCAGTGGCCATTGGCC
 TGGGCCGACGCCATTCTCGAAGCGCGGCGCGCCCGCACTGCGGGTAAAAAGACTCCGACCTGA

>CP98, 681 bp

ATGTCCAGTGGCCATTGGCCTGGGCCGACGCCATTCTCGAAGCGCGGCGCGCCGCGCCACTGCGGGTAAAAAGACTC
 CGACCTGACCTGGCAGCGATGCGCAGGTGCGCCGCCCTGGGTTTCGCTTGCACAGACGTCGCTGGCCCCGCCC
 GTAGACTGGGAATCCATACCTTCCGGGAGATCTGCCATGGTTGGCTACAGCCACCAGGTATCGGCCGTTTTCAAC
 CTCGGGGCGCAGGCCGAAAGCGCTCGCAAACGTCTGGTTCGACCGAGGCCTCGGCCTCGAACAGTTAAGCATCCTC
 GCGCTGAAGACGTTCCACTTCCAACAACGCGCCGGCGTTTCGTTTCATCCAGGTGCTGTCAAGTGGCGCAGCCGGC
 GCGCTAGCGGGGCTCCTCGTCAGCACGCTGGTTCACATTCGCTCTGACCGAACCGAGGCCAGCCTGTTTCGGTGTAT
 GCACCGTTGGCCTTGTGGGTTGGAGCAGCGCCCTGGGAGCGCTGTTTCGGAGGAGCGGTTCGGCGCATCGGTGGAT
 GTCAGCCAAGTACAGCGGTCCCTTACAGACAGGCTATCGCCCAGGGCCATGTCGTTCTGCTGGCGAATACCCGTTTCG
 GAAATCGAGTCCCTGCTCGTGCCTGATGTCATCGAGAGTTCCTGGGGTTCGGCGTGCACATGGACATCAGTCTG
 ATCTGA

>CP99, 2019 bp

ATGCCACTCTTCAAGCTCGAACACAGTAAGCTCGTACACCCGGACCGATATCGCCTTCTACGTTGTCGGGGTACTG
 GTGCTGGCCGTTTTGGCTCGGCCCTTTTCTGCCCCGAGAAGTGCCTGCTGCTGGCCGCGTTAGGT
 CTGGTGGCATGGTTCGCTGCTGGAATACCTCCTGCATCGCTTTGTCCTCCACGGACTATCACCCCTTTCGCCAATGG
 CACCAGTCCCATCACCAACGGCCCCGGCGCGCTGATAGGGCTATCCACCCTGTCCAGTGCAGCCCTGTTTCATCGGC
 CTGGTCTACCTACCAGCGCTGCTCGCACTCGGCCCTGGAGAGGCTCCTCGCTGGCTTTGGGCATCATGTCAGGC
 TACCTAGCGTACATCCTGACCCATCACGCCGTGCATCACTTCGATCACTCTGGCAACCGCTGGCTGGCTCGCCGC
 CAGCTATGCCACCATCTGCATCACAGCGCACTCTGGCAAGCCGGCACTTCGGGGTTACCTCGGCGTTCTGGGAT
 CGCCTATTCGCCAGCGATCGCCTGCCCCCGAACAGCCTCCGGCAAGTGGCGCAACGTCGCCGAGATCACACC
 CGCCACGCCCGCAGCCTCAGCGCGCGCAAGTTCGTCAAAATTGCTCGGCCAGTTGTTCCGTGGCACAAGTAGCCGT
 ATGAACGCTCGGCTGTGGGACGGCACACTCCTGCAACTGGGGCCACTGCCGGTACTCAGGCCCATTCACCTTG
 GTCTACAGGCATGCGGACGGCGTACAGAAGATGATCCTAAGCAATAGCGACCCACAGCGCCTGGCCGAAAGCCTAT
 TTCCGCGACGACTTCGACATCGAGGGCGACCTCTTCGCTGCCCTGGCGCTCAGGGAGCACATGCAAACCCAGCGC
 AAGGTCTGGCACCGACGCGCACGCCTGTTGTTTCGGCGCCATCATGCTGCCGAGCTCGGTCACTACGGAATCCGAC
 AGACAGAAAGGGTTCTTGGCCAAACAGATTACGACGGGGATGCACTCGGACGCAGAAAAACCCGACGCCACCACC
 TTCCGCTACGACCTGTCCAATGCGTTCTACGGACTCTGGCTGGATCCGGCGATGGTCTACTCCTGCGGCTACTTC
 GAGCAAATCGACGATAGCCTCGAACAGGCTCAACGGGCCAAGCTTGAGCTGATCTGCCGAAACTCCAGTGCAT
 CCCGGCGAGCACCTGCTCGATATCGGTTGTGGCTGGGGCGCGTTGATCCTCCATGCAGCGCAATACCACAGGGTA
 CACGCCCATGGCATCACCCCTAAGCCGGGAACAGCTGGCCCTGGCCCGCAACGAATAGACGCGGGGGCTCCAG
 GCGCTAGTGACGGTGAATGCTGCGACTACCGCGACCTAAAAGGTGACGAGGTATACGACAAGATCGCCAGTGTG
 GGACTGTCCGAGCACCTTGGCCCGGACAACCTGCCGCTATTCTTCGACACGGTACACCGCCTTCTCAAGGATTCT
 GGGCTGTTTCTCAACCAGGGCATCACTCAGTGCCTGGACGGGGGCAACGGACCGCGTACGCCCGCTGATCAAT
 CGCTATCTCTTACCGACGGCCAGCCGGATACCCCTGGGCAGCCTTGTGCGCAGGATGGAACAGGCGCAGTTGGAA
 GTCACCGATGTGCAATCACTGCGCCGTCACTACGGCCTGACCCCTGCGCCTTTGGGTCTCTCGCCTAGAGCAGCGG
 CAGGGGCTTGCCGTGCAATATGTCGGCGAACCCACCTACCGGGCCTGGCGCCTGTTAATGGCCGCCAGCGCGCTG
 GTGTTTCGAGGCGGGGAACTGGGCGTCTTCCAATCGTAACGAGCCGACACAACGGAGCCCCAGCTCTCTGCC
 CTGACCCCGCCGCCCTTGTATCGCGACGACTGCTCCATTACAGAGGCTCAGCGAGGCGAGTGGACGCAACGCCATCC
 GCTACCCGCCTCGCGCAAACGCCGACAGGCCCGGTTCGAGTCGACCCTGCTCGGTACCACGAAAATAG

>CP100, 1194 bp

CTACGGCACGATCTGCCGCGGAGCGTACAGGCTGTAGCTGCACAGTAGCCCGGCAAACCTCCCTCAACGGACGTAT
 CCCGCTGGCTTCCGCTCGGTTACCCAGCGTTTTCAACGCCGATGTAATTCGCCAGGTACAGCCCCGCATCGCT
 CCATGTGCGCTGTAACGCCAGGCGATGCGCGCAGGCTAGCTGCATCACCTGGCTCCTGCCGACAGTGAATGGAA
 CAGGCTCTGCTGCAGATCGCTCAGCCTGTCTGGGTCCCGCACCAGCAAACGGCTGGCGCGCCGAGCAAATGCCG
 GGTGCCCGCATCACAGCGAGCGCTTCTTCGCGTGCAGCGGCCGCAATTACCCGTTTCCCGTATTGGGCCATGAC
 CAGCAGACGATTGCGCAGGATGACTCCGCTGGCTTCCAGATCCAGCGCTCGCTTGTACAGTCCCACTGGATGGT
 GGGCAGCCCACGGTTGACCTGAGCCAGTCCGAGTGTCTCAGCAGACATATCCACGCCAGCCCAGATCAAACCTC
 CCAGGCCTGCACGGAAAGCTTGGCCGAGCCCGGTAGGCATGATGGTTGTTATGCAACTCCTCGCCGCCGACGAG
 GACTCCCCACGGCAGCAGATTGCTCGAATCGTCCGGGCATTGCAAGGTGCGATAGCCGAAAGCATGGCCCAGACC
 GTTGATCACACCGGCAGCCCAGAAGGCGATCCAGATCATCTGCAGCGCCAGACTGTCAGCCCCGCGACGCCGAA
 TAAAACCAAGTCCACACCAGCATGAGGCCAGCCCGCGGCTTCGGAAACCTACTGTAGAGGCGACGCTCCAGCCA
 GTCGTCGGGCGACCCCTCGGCCATAGGTTCTGCAAGTTTCCGGATTGCGAGCCTCGGCTCTATACAGTCTCGGCACC
 TCGCAGCAAACCGTTCGAGCAGCCCTTGAACCTCGGGCTGTGCGGATCGCTCGGGCGTTTCGCGACAGGCATGATG
 CCGGCGATGAACGGCCGTCCACGCACGGGTGTTTCAATCCCGTTCGTCAGCCACAGCCAGAAACGGAAGTGTCTT
 TAGCGCAGGGTGCAATTGCACCGAGCGATGAGCTGAATGGCGATGCAGATATAGCGTCACACTGATGATACTGAC
 ATGGGTACGCGCCAAAGTTCGCGACAATCAGTTGCCACAGCGTTGGCTGTAAGATGCCGTGATACCACAT

>CP101, 357 bp

ATGAGCATTTCATCTTTGACGGCTGGTGAAGCTTTTCGGATGAAGCCCAAGCTATTTCACTAAAGAACATTCTGA
 TTTCACCTCAACGATGGCGATGAAAAGCTCCTTGCCCAAGCAGAAGTGCATCTGCAAACTACTGGTGAAAAAGAG
 GTTCATATCCCTATTGACCAAGCCAGACTTAAGCTTGTGTTACCACACGAATGCGGGCCTATACGTGACTGTCTGA
 CTACGAGTTTATCTCGACTCAAATACTAAACGGGGTCGCTTTAACTTGACCGGGTATCGAATAAGCGACGGCAGC
 CTGATCTACACCAGCGCGGTAACCTATTGAAAAAGTGTATCCAATTCATCCCCGTTGA

>CP102, 1920 bp

ATGTTTCAACTCCTTTCTGGATATCCAGGAAGCCGTCCCCACCCACCAACCAAGCTGCCCCAGGGGTATTCT
 CTCCTTCTCTAAGCAGTACGGAAGTCTGTCGACACGCTCGCCGCCGAGTACTGGAGAACATCTGGCAGCGC
 GCCTCGCTATCCAAGCAGCAATTTCGAGGAGATCTACCGCGGCCACTGGCCAATATGCCGAGCTGGTCCAGCAG
 CTCCCGCTTCAGAAAACCATCACCATGCCATCCAGGCGGGATGATTGATCACGGCTGGAGATCGTGGCCTAC
 GCACTGAAGGTACGGCAGACCTACCTGCTCCCGATCGGCGCAGCGCCGGAGTACAGTACAGCCAGACTGAAGCC
 TGGTTCGGCCGCCGACGCTATGGCGCCCTGGCTCACGACCTAGGCAAGATCGTCTGACCTGCAGGTGGAGCTG
 CAGGACGGCAGTACCTGGCACCCCTTGAACGGACCGATCAACCAGCCCTACCGCTTCAAGTACGTGAAGTCCCGC
 GAATACCAGCTCCACGGCGCTGCCTCAGCACTCCTCATCCACCAACTGCTACCGCGCACTGCACTCGACTGGCTC
 AGTCTTTTTCCAGAGCTGTGGGCTCAATTGATCTACTTGTTCGCAGGGCAGTACGAGCACGCCGGGATCCTGGGC
 GAGATCATCGTGAAAGCAGACACCAGGCCTCCGTTCGCGCAGGAGTTGGGAGGTAATCCGGATCGAGCGCTGGCTGCA
 CCGAAGCAGTCGCTGCAGCGGCAGTTGGCAGACGGGCTACGCTTCTGGTGAAGGACAAAATCAAGCTGAATCAG
 CCGGGCGGCCCGTCCGACGGGTGGCTGACTCAGGACGCACTCTGGCTGGTGGAGCAAGCCCGCGGCCGATCAGTTG
 AGGGCCTACCTGCTGGCTCAGGGAATCGAAGGGGTCCCCTCCTCCAACCGCTCATCTTCAACATGCTCCAGGAC
 CAGGCCGTATCCAGACGAACCGCCGAGGACAAGGCCATCTGGACGGCCACGATAGACAATGGTGTGGGTGGAGA
 AACAGTTTACGCTCCTCAAGATCGCTCCAGCCTTATTGGCTGACCCTGCCGAGCGGCTGATTCCTACAGC
 GGATCACTCGTCATTGAAGAGGGCAACGCTCCTCTGAAAAGCCGAAACGACCTGCGAAATCCCCAACGATTCG
 ATTGAACAGCGCAGGGCGCCAGAAGCCAAGATGACGCTCCGCCAACCTACGCCGAGCGTTGCGAAACCGTCAAAC
 GAGATGCGGGCGATTGCGAAGCCCTCAGCTGAGGATCAGGAAGAAAACAGATGATTTGTACGCGCTTCTTGGTAAT
 ATCAATTCGCCACCAGAAGAGCTAGACACTAGCCACGACTCACCGGCTGCTTCTTCTACGAACACTCGCGGGGAG
 GAGAACCCTACAGCAGCCACTAGGGACCAAGGAGCCAACAGATTGCGCTCCTGAAGCAGTTGAAGATGTATTTATG
 CCTAGCAGAAGCACTGATCTGGGACAGGGATTCTGTTGGCTGGATGAAAATCTGGCATCGCGGCCCGTTCGCTGTT
 ATCAACGACACCAAGGCTTTGGTGCATACCGTCGACGGGACCGCCATGCTGGTACGCCAGGAATCTTCAAGCGC
 TATGTCCAAGAGCATCCGGAGCTTGAAAAACCTGGCCAGGCCAAGGAAACGACCGGCTGGAAGCTGGTGCAGCGC
 GCGTTTCGAGAAACAGGGTCTTACCAGAAAGACCAGTAAGAACCTGAACATCTGGACCATCAAGGTTTCAGGTCCT
 CGCAAGACAAAAGAGCTCAAGGCTTACCTGCTTACGATCCCAAACCTGCTGTTCCCTGTACAGCCTCTGGACAAC
 CCAAGCCTCACGGTCATCACCGATGCCGAAGGGGATGTCTGAATGA

>CP103a, 1284 bp

ATGACGCCGACGAGCTACCGAGGAGTACATCTTCGCGCACGATCTCCGAGAAGCCAGCGGAAGATCTACCGC
 GCCGCAACCAAGCGCTACTCAAGCACTTCGGCCCCACGGCAACCGTACAGGACGTGGATCACAGGGCCGCTCTG
 GGATGGCGGGCAGAGTACTGGAACAAGGCCTGTGGAAGCGGAGCTGGAACACGTAAGTCAAGCCACTGCGCACG
 ATCTGGGGCTACGCCATCGAGCAGGAGCTGGTGCACGACTCCAGGTCACCCATTCCGAAAAGACCACCGTGATT
 CCCCCAGGCGAGCAAGCAAAACTGTCGCCGCCGAAGCCATCCTGCGCGCTCGCAGTTGGCTCAGCATGCAAGTC
 GCGCGGAGCGCTGCACCGGCGATCGTGCACGATCACTCCCGCCTGGTTCTGGCTTTGCACGTTTGGAGTCTTC
 TACTACACCGGCATCCGGTTGAATGCGCTGCTGTGCATCCGCAAGCGGACATCGACTGGGATAATCAACTGATC
 CTCATCCGCGGCGAGACAGAGAAAACCTATAAAGAGTTCGTAGTGCCAATAACGAGGGGCTTGTGCCTCACCTA
 TCGCGGCTCCTGCAGGAAGCCGAGAAAGCCGATTTCGCCGATGACGATCAGTTGTTCAACGTCAACCGTTCTCA
 CCGCATTACAAGAGCAAGACGATGAACCTCCGACCAGGTCGAGGCCATGTACCGGAAGTTGACCGAGAAGGTTGGG
 GTGCGGATGACCCCGCACCGTTTCCGGCACACCCTGGCCACCGACTTGATGAAGGCACCCGAGCGGAACATCCAT
 CTCACGAAGTGCCTGCTCAACCACTCGAATATCCAGACCACGATGAGCTACATCGAGGCCGACTACGACCACATG
 CGTGCCGTGCTGCATGCTAGAAGCCTGGCCCAAGGCGCGCTGGAGAACGTGAGAAAAGTTGGATTACAGCGGCTCT
 CCGCAAGCCTCTGCCAAACCGAAGCCATGCGGGCAACCTCTCGCTCGAGTGGGTGAAGTGCCGCCACCTGAGGCC
 AGGACAGAACCGTCAGAACCAAGGGAGCACACACAAGAGACAGGCATTCAGAGAGGTTCAACCTCGTGGGAAGCA
 GAAGCGGTACCACAGCCACCTGACACCTTCGAGCAAAGCGTGTGTTCACTCTGATGGCTCAACACTTATCGAAC
 CGTGCCGCCACTGCATCCGCGGTTCCCGCCGCAACAAGCGGATCTGGTGAAGGGGATCTGCCGCCGAGACAGT
 CTCGCCTAG

>CP103b, 507 bp

CTACTCAAGCACTTCGGCCCCACGGCAACCGTACAGGACGTGGATCACAGGGCCGCTCTGGGATGGCGGCGCAAG
 GTACTGGAACAAGGCCTGTGCAAGCGGAGCTGGAACACGTAAGTCAAGCCACTGCGCACGATCTGGGGCTACGCC
 ATCGAGCACGAGCTGGTGACGCACTCCAGGTCACCCATTCCGAAAGACCACCGTGATTCCCCCAGGCGAGCA
 AGCAAAACTGTGCGCGCCGAAGCCATCCTGCGCGCTCGCAGTTGGCTCAGCATGCAAGTCGGCGCCGAGCGCTGC
 ACCGGCGATCGTGCACGATCACTCCCGCCTGGTTCTGGCTTTGCACGTTTGGAGTCTTCTACTACACCGGCATC

CGGTTGAATGCGCTGCTGTGCATCCGCAAGCGCGACATCGACTGGGATAATCAACTGATCCTCATCCGCGGCGAG
ACAGAGAAAACCTCATAAAGAGTTCGTAGTGCCAATAACGGAGGGGCTTGTGCCTCAC

12.3.3 Integron TNCP23

Gesamtsequenz von TNCP23, 23061 bp

GTTCCGAAGGCTCTGTTGCAAAGATTGGCGGCAGTCAGAGGTAGGCTGTGCTCTGCGCCGATCAGGCGGCTGCTGCGAA
ATGGTGGTTGAGCATGCCCATGGCCTCCGTCAGCGCCGAGGGCCCAATGCCAAAAGCTCTCTCCACAAGGCGCACCTCGC
CCCTGATGCCGGGCTGCAGGCACCAGGGGCGAGCCTGTCTTTGCGCAGGGCTCGCATGACTTCGAATCCCTTGATCGTG
GCATAGGCCGTGGGGATCGATTTGAAACCGCGCACCGGCTTGATCAGTATCTTGAGCTTTCGGTGATCGGCTCGATCAC
GTTATTGAGATACTTACCTGCCGGTGGGCCGTCTCCCGGTCCAGCTTTCCTTCGCGCTTCAATTCGGTGATCGCTGCAC
CATAGCTCGGCGCTTTGTGCGGTATTGAGCGTGGCAGGCTTTTCCAGTGCTTCAGGCCCTCGCAGGGCCTTGCCAGGAAC
CGCTTCGCTGCCTTGGCGCTGCGGGTTCGGCGACAGGTAGAAATCGATCGTGTGCGCCCCGCTTGTGCGACTGCCCGGTACAG
GTAGGTCCACTTGCCCCGCACCTTGACGTAGGTTTCATCCAGGCGCCAGCTCGGATCAAAGCCACGCCCCAGAACCAGC
GCAGCCGCTTCTCCATCTCCGGGGCGTAGCACTGGACCCAGCGATAGATCGTGTGATGGTTCGACCGAAATGCCGCGTTC
GCCAGCATTCTCAAGGTGCGGATAGCTGATCGGATAGCGACAATACCAGCGCACCGCCACAGGATCACATCACCTG
GAAATGGCGCCACTTGAAATCCGTATCGTTCGGTCCGTCGAATCTCCGCAAGCATGCTCAAGCTTACGATTTTTGCA
ACAGAGCCACACGAGTATTGAGCATAGTCGAGATTGGTGCAGATCACTTCTGATATTGAACTGTCAGGAGCTGGCTGCA
CAACAGCCATTACGCCCAATCAACTGGTGCAGTCGTCTTCTGAAAATGACATTTGGTATCTCTCATAAACGGATGTTTTT
GAGAGAATCTTTCGGCCTTACACGCACGAAAGGCGGCGAAGCTCCGCCGTTAATCCGTCCGCCGGAGATCTCGCCCA
GGCAGGCTGAAGGCCGAGCAAGCCTGACAGGCCCGAAAAGCCCGGCACGGGCGTTCGGCGGCGATGACGGCGGGCGGCA
TCCAGGGTTGATGATGGAAGTGGAGGATATCGACAACCTCTCGCGCAACCAAGACATCGCGGTTCGGACTGCAAGTGATCT
TGAAGCCACGGGCCCCGTCACCCCGACATGGACCTCGATGCCCCAACGGACGTTAGATTTTCGAGTTCTAGGCGTTCTGC
GATGAAGGTTGGATCCCAGCCGGGATTGAAAGTGTGACGTTGGGTGAATCCGAGCCGCTCGTATAGGCCACGCAGGTTTCG
GGTGGCAGTCGAGCCGACGCTTGGCGCACCCCTGCGTTCGCGCGGCATGGCGGCAAGCCTCGATCAGCGCGGAGCTGACA
CCCCGGCCCGCATGTGTCCGTCGACCCGCGAGCTTGTGCAGATATGCGGCCTCCCCCTTGAGGGCGTTCGGCCAGA
GGATCCTCGGCCGACAAGGTGCAACAGCCGACGATGCCGTCGTCGCAACTCGCGACTAGGAGCTCGGATCTCAGGACGA
AGGTCTCCGCGAATGTCCGGTTCGATCCGCGCGACGTCACAGGCGGGCGTTCCCTTGGCGGACATCCACGCCGCGCTCG
TGCATCAGCCGCACAACCTCGTTCGATATCACCCGAGCAGGCGACCCGAACGTTTCGGAGGCTCCTCGCTGTCCATTTCGCTC
CCCTGGCGCGGTATGAACCGCCGCTCATAGTGCAGTTTGATCCTGACGAGCCAGCATGTCTGCGCCACCTTCGCGGA
ACCTGACCAGGGTCCGCTAGCGGGCGGCCGGAAGGTGAATGCTAGGCATGATCTAACCCCTCGGTCTCTGGCGTCGCGACT
GCGAAATTTTCGCGAGGGTTTTCCGAGAAGGTGATTGCGCTTCGAGATCTCCAGGCGCGTGGGTGCGGACGTAGTCAGCGC
CATTGCCGATCGCGTGAAGTTCCGCCGCAAGGCTCGCTGGACCCAGATCCTTTACAGGAAGGCCAACGGTGGCGCCCAAG
AAGGATTTCCGCGACACCCGAGACCAATAGCGGAAGCCCCAACGCCGACTTCAGCTTTTGAAGGTTTCGACAGCACGTGCAG
CGATGTTTTCCGGTTCGGGGCTCAAGAAAAATCCCATCCCCGGATCGAGGATGAGCCGGTTCGGCAGCGACCCCGCTCCGTC
GCAAGGCCGAAACCCGCGCCTCGAAGAACCGCACAATCTCGTTCGAGCGCGTCTTCGGGTTCGAAGGTGACCGGTGCGGGT
GCGATGCCATCCCGCTGCGCTGAGTGCATAACCACAGCCTGCAGTCCGCCTCAGCAATATCGGGATAGAGCGCAGGGT
AGGAAATCCTTGGATATCGTTTCAGGTAGCCACGCCGCGCTTTCGAGCGCATAGCGCTGGGTTTTCCGGTTGGAAGCTGTGCA
TTGAAACACGGTGCATCTGATCGGACAGGGCGTCTAAGAGCGGCGCAATACGTTGATCTCATCGGCCGGCGATACAGGC
CTCGCTCCGGATGGCTGGCGGCGCGTCCGACATCCACGACGCTTCGATCCGACTCGCAGCATTTTCGATCGCCGCGGTGAC
AGCGCCGGCGGGTCTAGCCGCGGCTCTCATCGAAGAAGGAGTCTCGGTGAGATTCAGAATGCCGAACACCGTCCACCA
TGGCGTTCGGCCTCCGCGAGCAGCTTCCACGATGGGGATCGGGCGAGCAAAAAGGCAGCAATATGAGCCCCATACCTACAA
AGCCCCACGCATCAAGCTTTTGCCTATGAAGCAACAGGCAATGGCTGTAATATGACGACGCCGAGTCCCAGCCAGACT
GCATAAGCAACACCCGACAGGGATGGATTTTCAGAACCAGAGAAAAGAAAAATGCGATGCCATAACCGATTATGACAAC
GGCGGAAGGGCAAGCTTAGTAAAGCCCTCGCTAGATTTTAATGCGGATGTTGCGATTACTTCGCCAACTATTGCGATAA
CAAGAAAAAGCCAGCCTTTCATGATATATCTCCCAATTTGTGTAGGGCTTATTATGCACGCTTAAAAATAATAAAAAGCAG
ACTTGACCTGATAGTTTGGCTGTGAGCAATTATGTGCTTAGTGCATCTAACACCTGAGTTAAGCCGCGCCGCGAAGCGGC
GTCGGCTTGGACGAATTGTTAGGCCGATATCGCGACCTGAAAGCGGCACGCAAGACCTCAACCTTTTCCGCCCCGAGTG
AGGTGCATGCGAGCCTGTAGGACTCTATGTGCTTTGTAGGCCAGTCCACTGGTGGTACTTTCATCGGCATAGTAAAAGTAA
TCCCAGATGATCGCCTCCAGCTGTTACAACGGACTGGCCGCCCGGCGATGACGCCCTCAGCCGCTCTGGGCACGAGCC
CTGCGGAGCCTCCGCGATTTTCATACGCTTCGTCTGCCACCAAGCAGGTTTCGAGTCAAGTAACTCATCCCCGATCTCCG
CTAAGAATCCATAGTCCAACCTCCATGACGCGCCCGCCGAGCATTTCAACTATTGCCTCGAGCTCGCCGCGCCTCTCG
CCGGGAAACGTGATCAATATCATCGTGTGCTTGCCTGTTACACGCCCTAGCCGTGCATCGATCGCCAGCCCCACCGAT
CCAGAGCGGCAGATTTTCGCTCATCTGCCGAGCTAGAATTTTGTGTATCAATGTGACCTGCGTTGTGTCCATGCGGCCTA
ACTTTGTTTTAGGGCGACTGCCCTGCTGCGTAACATCGTTGCTGCTCCATAACATCAAACATCGACCCACGGCGTAAACGC
GCTTGTGCTTGGATGCCCGAGGCATAGACTGTACAAAAAACAGTCATAAACAGCCATGAAAACCGCCACTGCGCCGTT

ACCACCGCTGCGTTCGGTCAAGGTTCTGGACCAGTTGCGTGAGCGCATAACGCTACTTGCATTACAGCTTACGAACCGAAC
AGGCTTATGTCCACTGGGTTTCGTGCCTTCATCCGTTTCCACGGTGTGCGTCAACCGGCAACCTTGGGCAGCAGCGAAGTC
GAGGCATTTCTGTCTGGCTGGCGAACGAGCGCAAGGTTTTCGGTCTCCACGCATCGTCAGGCATTTGGCGGCTTGCTGTT
CTTCTACGGCAAGGTGCTGTGCACGGATCTGCCCTGGCTTCAGGAGATCGGAAGACCTCGGCCGTCGCGGCGCTTGCCGG
TGGTGTGACCCCGGATGAAGTGGTTCGCATCCTCGGTTTTCTGGAAGGCGAGCATCGTTCGTTTCGCCAGCTTCTGTAT
GGAACGGGCATGCGGATCAGTGAGGGTTTGAACCTGCGGGTCAAGGATCTGGATTCGATCACGGCACGATCATCGTGCG
GGAGGGCAAGGGCTCCAAGGATCGGGCCTTGATGTTACCCGAGAGCTTGGCACCCAGCCTGCGCGAGCAGCTGTGCGGTG
CACGGGCATGGTGGCTGAAGGACCAGGCCGAGGGCCGACGCGGCGTTCGCGCTTCCCAGCCTTTCGAGCGAAGTATCCG
CGCGCCGGGCATTCCTGGCCGTGGTTCTGGTTTTTTCGCGCAGCACACGCATTCGACCGATCCACGGAGCGGTGTCGTGCG
TCGCCATCACATGTATGACCAGACCTTTCAGCGCCCTTCAAACGTGCCGTAGAACAAGCAGGCATCACGAAGCCCGCCA
CACCGCACACCTCCGCCACTCGTTTCGCGACGGCCTTGCTCCGACGCGGTTACGACATTCGAACCGTGCAGGATCTGCTT
GTCGTTTTTTCAGAAGGCGACTGCACCAGTTCACTGGGCTGGCCGCGTGTGTGCATAGAACTTCTGACCGGGAACGGTTCAG
AAGTTCTATGCACGAAGCGCCGCGAGAGATCGGAATTGCTCAGAACTCTTGTGCACGGCGCGACAAAGCCGGAACCGCCG
AAAATTCGGCGATCAACCGGCAAGCTGCTTGATGCGCTCGGCCAGGCGGCCGAAAGCCTCGTTCACGTATTCACAGCACC
TTGGGTTCTGCGCCCTGCGTGCAGCAGGAGTCTTTGAAGGCTTCAGGTTCGGACAGCCATTCGCCATGCAGGCGGCCAG
CTCGTCGAGCTGAGGCCGGAAGTCTTGGAGACTGCCGCTCGCACGAAACGCTGGTAGCCACGCTCAAGCGTGGCCGCCG
TGGTGAGCAGTTGCGCGCCCATTTGCTTGTGCTGTTTCGGAGAACTCGGCCATGCCGTATAGGGCCGCAAGCCTTTCGCG
CGCTCGGCTTCGGATGCCTTTCATGATGCGGGCGTAGCGGTAGAACCCTGGGAACCTCGCGGGACAGCGCCATGAGCTG
CTGATCGGATGTGCCGACCCAAATCCTGTGCAGGTTCAGGCCCGTACCCCATCATGCGATTGATGATGGCATGGCCCTCGC
TGACACCCTGGGCGGCAAGCTGCTGCATGTGTTGGTCGATCTTCGCGGCCAGTCGGCGGAATTCGTTTCATGCTCATGTCC
GTCACAAAAGGCGCGTTGATTGCCCTTTCGCGCGTGTAGAAGTGCCACCGCCTTCTTATCGAAGGAAACGAAGGTTTCCCGG
CCAAGCCAGTTGCCTTCGTAGGCAATGACGCCATCGGCAAAGTCTCCGCCCCGTCGAGCACCAGCAAGCCAGCCTCCAC
GGCAGGCCGGTTCACTTCCACATTCGCGGGCGGCCAGTAGTGCCCGGATCGCGCTGGCCGCGTTCGGCTTGTGGAAGCCGT
AGACACGCAGCAGCACCCAAACAAATTCGCATAGGCACGGCAGCGCAGCCGCGATCAACTCGGCGTCGGTCAAGACTGCG
GCGGCAACGTCCGCTTGTGCGGGATCGTACGCACAACCGCACGCACAAGGACGTTGGTATCGACTGCGACCTTCATTGCG
TTACCTGCCACCTTTCGCGCCGCGCTCGTTGATTTCTTCGATGGTGGCAACCTTCTGCGTCTTTCGCCGAGCAGCGCC
GACAAAGCTGGCTATCGTCCCTGCGGGCCGTCGCCCTTTCGAGCAGCCCGCAGCCTTTCGCGTCTTTCGCCGAGCAGCGC
TGTCGCTGGCCTGATGCCGAGGTGTTGAGTACGTCCTTCCGAAACGTCACCTTGTCCCGTTCGCGTAACGGTCAATGTG
GTCATGGTGGTTTTGCCCTCGCAATCAAGGTTGATGCTTTCACATAGTAATGCAAAAATGCCTTACCGTCAATGTCCGTCAA
ACGATCATTAGTCGGCCATGCCGGACACTGTCCAGCAAAGTTATTCACAAACGGGTTGTCGGACATTAAGATAGGCGGAC
GGAATGACGGACAAGAGAGGGCGGCAAATGGCACTGATCGGCTATGCGCGGGTATCGACGGCGGAACAGGACACCGCCTTG
CAGACGGATGCGCTACGCAAGGCAGGCTGCGAGCGCGTTTTTCAGGACACGGCTTCCGGGGCCAAGCCGACCGCCCCGG
CTTGGCTGATGCGCTGGCCTACCTGCGCGACGGCAGCTGCTGGCCGTCTGGCGGCTGGATCGGCTCGGGCGCTCTATGC
CGCACCTAATCGAAACGATAGGCGCGCTGGAAGCGCGAGGCGTTCGGCTTCCGTTCTCTGACGGAAGCCATCGACACCACC
ACGCCAGGCGGGCGGCTCATCTTCCACGTGTTTCGGCGCGCTGGGCCAGTTCGAGCGGACTTGATCCGCGAGCGCACCAA
GGCCGGGTTGACTGCCGCCGCGCTCGTGGGAGGAAGGGCGGGCGAAAGCCGGTGTGTCACCGCCGACAAGTTGCAGCGAG
CGCGGGAGCACATCGCCAACGGGCTTAATGTCCGAGAGGCCGCTACACGGCTCAAGGTGAGCAAGACGGCCCTGTACACC
GCGCTGCAATCCACCAGTGCAGCCGACTCCTGATATTCCGTGCAGTCGTTCTTCTGAAAATGACACCACCTTGCCCTTTCC
CTGGCGTTTTTTGTGCGGTGTTTTAGTTGCATGAAATAGAATACTTTCGACTAGAACCCGGAGACATTAACGCCATGAAAGA
CAAGAGCGCCGCGCTGGCCTGCTGCTGGGATATGCCCGCGTCAGCACCGACGACCAGGACTTGACCAACCAACGCGCCG
AGCTGCACGCCGAGGCTGCACGCGCATCTTTGCCGAGAAGATCACCGGCACCAGGCGCGACAGGCCCGAGCTGGCCCGC
GTGCTCGATCACTTGCGCCCTGGCGATGTTGTGACTGTGACCAGGCTTGACCGCCTGGCCCGCAGCACCAGCCGACCTGCT
GGCATTGCCAGCGTATCCAGCGGTCGGCGGGTTTTGCGCAGCCTGGCCGAGCCGTTGGCCCGACACCACCCAGCCCGG
CCGACCGCATGGTTCTGACCGTGTTCGCGGCATCGCCGAGTTCGAGCGTTCCTAATCATCGACCGCACAGGAACGCGC
CGGGAAGCGGCCAAGGCCCGAGGCGTGAAGTTCGGCCCGCCTTACCCTCACCCCGCGCAGATCGAGCAGCGCCCGCGA
GCTGATCGACCGTGACGGCCGACGGTGAAGGAAGCGGCCGAGCTGCTGGCCGTGCATCGTTTCGACCCCTTACCGGGCGC
TGGCGCGTGGCGAGGAAGTGACAAAGACCGAGGCCCGCGACGTGGTGCCTTCGCCGAGGACGCATTCGAGCGAAGCCGAC
GCCCTGGCGGCCGTCGATGATGAACGCCAGGAAGAAGGCCCGCGCTTCTCGATGGCGACGGCCCGGCCCGCCGACCTGCC
GCCCGCCCGTATCGAACGCAGAGCCTGCCGCAAATCCTGGCGGCCCTCCCGATGACGAGCTGGCGAGCTGGCCCGGTG
AGCTGGCCGACCAGGAGCGGGAACGGCGTATTGCGGCTAAATGATGATAAGTGTCTTTACTCATTCGCTCATTTGTGCTAT
GATGCAATGAGTAAGCCATCATCCGCACTACACCGGGAGAACACATGAAAGTCATTGCCGTGCTGAACCAGAAGGGCGGG
AGTGGAACAAACACCATCGCCACCCACCTTGGCCGCGCCTTGAACCTGGACGGCGCGGACGTGCTGCTAGTCGATTCCGA
CCCCAGGGCAGCGCCCGGATTGGTCAGCCGTGCGGGAAGATCAGCCGCTAACCGTGTTCGGCATCGACCGGCCGACCA
TTGACCGGGACGTGAAGAACGTAGCCCGCAAGGTGGATTTTGTGCTGATCGACGGCGCACCCCAAGCGGCCGACCTGGCC
GTGTCCGGCCATCAAGGCGGCCGACTTTCGTGCTGATTCCGGTGCAGCCATCGCCTTACGACATTTGGGCCACGGCCGACCT
GGTGGAGCTGGTCAAGCAGCGCATCGAGGTCACGGACGGAAAACCTACAGGCCGCTTTGTTGTATCGCGTGGCCATCAAGG
GCACCCGCATTTGGCGGAGAAGTTGCCGAGGCGTTGGCCGGCTACGAGCTGCCCATTCGATGCCCCATCACGCGAGCGC
GTGAGCTATCCCGGCACGGCCGCGCCGCGCACGACCGTTCTTGAATCCGAGCCGGACGGCGATGCAGCGGCCGAGGTTCCG
CGCCCTGGCCGCGCAAAATCAAGCAAAAACCTCATTTGATACTTTAAGGAAATAAAGAAATGAGCAAAGCAGCAACCACACT
CAGCGCCGCGCCGAGCGCACGACCGACAATCAAAGCCGCCACGCTTGCAGCCTGGCCGACGACGCCAGCATGA
AGCGGGTCAATTTTTGAATGTGCGCCGACCGACACCAAGCTGAAAATCTACGCAACCCGGCAGGGCAAGACCATCAAG
GAACTATTGACCGAGTATGTCGCCAGCCTGCCGATTGACGCTCAAACACATATTTACTCATTTGAATTTTAGCGGCTAA
AGGGCGAAGCCATGACAAAGAAGCAGCGAGAAGGGCAGGGCGCGCAGATCGGCGAGATCATGGGCGACCTACTGGCC

CAGGCGCAGATCAAAGCGGCGTTGCCGCCCCCAAAGCGCCAAACCAAGAAGATCACGCCGGCCGGCCTCATCTTGACCGA
GCGCGATCAAAGCTGATCGAGGCCAGCGCGGAGATTGCCACTACCCCCCGAGTGGCGAGGACATGGCTTTTACTCATG
CCGTGCTGTGCCAGGTTGGTTTTGCCCCGCGCCAAGGTGGAAGGCCGCGAGTTCATGCGGCAGTCCGGCGCGGCTTGGGT
AATGTCCAGGCCGGCTACCTGGACGAAGGGCATGGCCCCGTTCTGCAACCTATCCCCTATGGCGTCATGCCCCGGCTTGG
CCTGGCGTGGGTTTTCCACCTTTCGCCGTGCGCAACAAAGAGCGGAAATCCCCATCGGTGACAGCGCCGCCGAGTTCTTGC
GGCTCATGGGGATGGAGAGCGACGGCCGCCGTATACGACCTTTCGGAAGCAGATGCACGCCCTTGGCCGCCGCTCGCCTG
CAACTCGGATTCAAAGGGCGTACCTACAACGGCCAGCCAGTGCAGCAGTTCGATGCTTGGGTGGCGAACAAGGACACGCA
GCAGCGGCCCTATGGCCTGGCGTCATGCTGCTGTGAGAGGACTATTACGGCTCCCTGATCGAAAGCGCCGTGCCGCTGG
ACAACCGCGCTTTGACAGCCCTGAAAGGTTCCGCACTGGCGTTGGACGTGTACGCCCTGGCTGGCCCATCGGCTGCACCCG
ATCGAGGGCAGAGGGGTAACGCTGCACTGGAAGTTCGCTGCGCGAGCAGTTCGCCAGGAATAACAAGGGCAAAGACCCGGA
CAAGGATTTCAAGAAGGAGTTTTTTCGGGTGCTGCGCAAGGTGCTGGCCGTCTATCCGCAGGCCAAGGTGAAGCCTGTCA
CCGGCGCGTGTGCTGATCGGCTCGCCACCGCCATTCCCTACAAGGGCGGCCCCACGGTTTLAGCTAAACTTCGTGAAA
TCGCCCCCCCCCTTGCAGCACCGCACCGGCCCGCCAGATCGAGGCGGCCGCTGTTTTCTGGCGTGACCTGACCAGCACC
TACCCCCGAGCGGTGAACTGGGGATAAACCTGTGGATAGCTGCACTTATCCACGTGAAATCGCCCCCCCCAGGTTCTGT
GAAATCGCCCCCCCCCTTTCGGGCTTATCCACGTGAAATCGCCCCCCCCCTAAACCTGTAAGGTAATCTTTTAAGATTTTT
TCCTATAAATACTTGCCTGTAATTGGCAGGCAAATCGGTGGAATACTCGACCGGCAGCGCAAACCGAACCACCGCAACG
CCCTACGGGCGCGCCTGCCCTCCGGTTCGCTTCCCTTCGCCCCGCGCTTCGCGTTCGGCTATCGCGGCCGATGGCC
GCTCAAAAATGGCTGGCCTGCGGCCAGGCATCTACCAGGCGCGGCACGCCGCGCGGTGCCAACTCCACCGCTGCGCCC
ACATCCAGCACCGCGGCCGCTGAAAGGTCGTCAAAGCGGTTTLAGCAGGGAAAAGCAGGCAGGCCGACCGTCTGCGCTCA
ACTCGAACACCTGCGCGAGCTGGAAGGCCGCAAGGTTGAACGCCAAGAAAGAAAGGGCCGCCAGGCTATCGAACTGGCCAG
CATCGCCATATCCGACGATGACAACCGCCAAGCAATGCACCCAAGCCGCACAGGGACGCGCAGGAGGCGGAAAAGAGGGC
CGAGGGTAGGGGATAGGTGCCGCCGACCCCAAAAACGCCGCCACGGGCCCCACAGGGCCGAATTTTCGGCCGCCACGCGCT
CCCGGCCGGGCCGACCCGAGAACCAGGGCGCAAATAACGCTTGCATAAGAACAATAAGAATAATATATTTATTTCTTATCTT
ATCCGCCGAGCCAAGGCCATGACGCAGCAAGCCCCCAAATTTCCGCCGACGTGCGCGAACGCATCATTTGCCGCCGCCG
CCGATCTTTTCGAGCAGTCGGGCCGCGAGACGATGCCACCGTTCGATGCCGTGCGCCGTGCCGCCCGCTGGACATGAAC
GCCGTCAGTCCCGTGAAGGAATGGGCGAGGCCAGCCAGCCAGCCAGCCAGCCAGCCAGCCAGCCAGCCAGCCAGCCAGCC
CGTGCAGCAGGCCAGCGCCGCCGCTGGCGACGATCTGGCAGCAGCCAGGAGCTGGCGAAGCAATCTTCCGCGCAGCG
CACAGGCCGCATGGGAAACCAGCGGGCAGAGCAAGACGCCATGCGGCAAGAGCTGGCCGAGCTTTTCGAGCTCGCAGGCC
GGCGAGCTGGAAGCCTTGCAATCCCGCCTGGCGTCCATCGAGGCCGCCGAAGCGACCGCACGCGCGAAGCTACCGAGCT
GCGCGGCCAACTGGCCGCCGCCAGGAGCAGGCGCACACGGCCGAGGCCCGCGCCAGGAGATCGAGCGCCGCGCCGGTG
AGCTACGCACGGAGCTGGACAGGGCGCACACCAGACCAGCCAGGCCGCCGCCAGCTCGACCAGGTGCGCGGCGAAGCTG
GCGAAGGTGCAGGCCAAGGCCGAAGCCGAACAGGAAGCGCACACCAGGAACAACGCAAGGCCGCGAGCAACCAGCGCACCG
CATGGCCGAACGCCTCACCGCTGCCAGGCCGAACGCGATCAGGCCACGAAAGCCGCCGCGCAGGCCCGCGAGGAAGCCG
CACGCATGGCAGGGCAAATCGACACGCTCAAAGAGCAATCCGCCGCGCTGCTGGCCGATACGCCAGCCGAAGCCAAG
CCGACCAGGAAGAAGCCCGCGCGGAGTGAATGCCTGCCCTCAAGTGTCAATAACCCGCTCGCTGGCCGTTTTGCACA
AGCGCAGACAAAGAAAAGGCCGGAAGCATGGGGCGCTTTCCGGCCTGATATTGACACTTGAGGGGCGGCCAATTTTAGCC
GCTAAAATCATTTACTCATAAAAGGTA AAAACTCAAAAACCTTTTTATTCTTTTTCTGCGCTGGCCGAATGCCGCCAGG
TCGATCACGTCCGCCGTGCGCCTTGTGGCGCCTGCATCGGCCGTGGGCGGCTTGACCCCGGCCGGGGCCGGGCTGGCCTT
TGGCCGGAAGTGTGCCACAGTTCCGCGAAGAACGACCAGGCCAAGATGAAGGGCAGCAGCGGCAGCACCAGGACGAAGC
CGACCAGGCCGGCCAGGGCGAGGCCGACCGGCCGAGGAAGGCCAGCGGCCGGCGCAGCAGATCGAGCAGCGCACCGCCG
ACCAGCCATACGGCGCGAACAGGACGAACACCGCCGAAACAGGGCAGGGAAACAGCCGCCGAGGAACCACGCCAGGGC
GATGACACCGAGAACCGCCGCGATGATGAACGCCATACGTCACTCCCTCAACTATGGTAGGGATTCGCGTCAACAGCCCCG
GCATATTCCGATCGCCAGGTAGTTTCAGCCGCTGAGCAGTTCAGCGAGGGCGCTTCCCGCGCACCCAGGACAATCGGATGCT
CGGCCCCAGGCGCATGACTTCACTCCGGCCTGAGCAGTTCGCGCCCGTGAATGCTGGCTGTGTCCGGTGTCTTGGCCCC
GGTTTCATCGAGCCGCCGCCCTGATAGGCCGCTGCCGCTGTTCTTTCGGGTGTTTTCCGCTCAAACTCAATCGTGGCT
TTGCCAGGCTGTGCTGATGATTTTGGCCGTGTGTAATCGTCAAGTGCACAAAGAGCTTTTTGGCGCTGTTCGCCAGGAA
GGTCTGCCACTTGGGATAGGTGCCTTTGAGCTGCGACAGGTCTTGAATGAACACCCAGAAGGCCAGGCCGTAGCCGCGCA
GCAGTGAACGGCGTCTCGATCTGCTTTCATGTAGCCGAGCTGGCCGAACTCATCGAGCAGGAACGCGACCCGGTGGCC
GGCTGCACGTTACTGGACGTGATCGCGGCAATGATCGACCCGACAAACAAGCGCAGGAAACGCGCATTTGGGGCCGATGCG
GTTGGCGGGCATGACCAGGAACACCGTCATCAATTTCGACTTGTATCGCGGACAGGTGGAAGTCGGAGCGCGATAGCGCCG
CTGCAATGCGCGGATCGTCCAAGAAGGCGGTATGCGTGCGGGCCGTTGAAATCACGTCTCCCGCGCTTGTGCGCCATG
CCCATGATGGTATTCGCGGCCCTGGCCGGGATGCCGAAGCGGCCGTTTCGTCGGCGGCCATCATGCCAGGAGGTGCAA
AAACTCGCCTTACCCGTTGGTCAGCAAGCGGCGCAGCTCGCCAGGTTCCGCCGTTCCGGCTCATCCAGGCTAACAACGT
GAAGCATCAGTCTTGAAGTAGGTTTTTAGCCGACTCATCGAAGAAGTTGGATTTCGGCTTTCTCGCTGCCGATCACTAGG
CAATCGGCCAGCGTGGCGGATTCGCTCACACAATCCGGGTTCCACACGTCCAGGCGATCCAGGACGTTGAAAGCGGCCG
GCCGTCGCCATTGACCGCGAACGGATCGACCACATGCACGGCCTGGCCGAGCGCCCGGCCGGGCGGAGCCGTACGGCCG
CGTTTTTCGCCCTTACGTCGAGAACCAGGGCCGATCCGGGATAGTCCAGGAGGTTTCGGAATCACCGCGCCAATGCCCTTG
CCGGAGCCGGTCCGGGGCACGGTACGACATGGCCGGTAAAGCGGAAACGCTGATCGAGGCCGGCGGGCGCATCCGACAC
CCGGCCAAGGGCGAAGCCGCCCGGCTTACCAGGCGCGACAGGTTGGCCGCCCTGGCGGATTTTCATCGACCGTTCCCAAC
GGCCAGGCGCTGCAACCCAGCGGATGCGTGTGTTATCGACCGCCGCGACCGCCGACCGCCGACCGCCGCAACTGGC
CCGGACGTTGCACCTGGCCGCGCAGGTTTTCAATCGTTGCGCCGAGGATGCGCAGCCGCTTTCTGTGCGGAGACTCCGC
GCCGACCAGGCCCGAGCCAGCCGAACACCCGCCCGCTTCAGATACGTTGCCACTGTTCCGGCAGCCGTCGCGCGCA
GGATGAACCAGCCCGAATGAATGGCGCGAACACGAACAGAAGCAACATGCCGACCATGGAACGAGGAAGGCCAGACCA

ACGGCCGTGCCGACCGTCACAGGGTTCTGCCGTGCGTTGTGCGCCAGCCACGCGCCGACAAAGCAGACCGTGACCAGGTA
GAACAACCAGCCACCGAAAGCCGCCTTGATGCGCTCGCCGAAACCGCCGAAATAGCCGCTCAGGTCGAGCCGCCGAGCT
GTTCCATGCGTTCGCGCCGCGCTGCTGAACTTGGGCGCGATACTCCGCAAGAATCGTTTTCCGCTTGTCGCGTCCCGATG
CCCTTGCCGAACCAACGCCTCGCGTCACGGATTGCTGCACGACATTGACGCCAGCCGTTGCCGCCGCCGCTGGCCGTTT
GCCGTCCAGGCCCGCAGAATCCGGGCGCTGAAATCGTCCAGGCTGCCCGCCGAGGCAAGGCCCGCATTTGCAAGAACA
GGCCCAAATCGTTGCGATAACAGACTAAGGATGTTTGCCGCGCCTGGCGCGTTCGGTTCGCCACCGCAGCGGCTTCCAGT
TCCTTCAACACCGGCAGCAATTCGGCCCACTTGTCCCGGTAGGCTTGCCAATTCGGGCGTTCGTCGCCATCGCCAAATC
CTGCTGCCAACGTCAGGGCTTGCAGGCTGTTTTCCCACTTCTGGAATGCCGCTCTTGCGCATCACAAACGCGCTTCA
CCCAGGCATCCGAATCTTCCGCGCCGTAGAACTTCGCGCCCTGCGCCGGTTCGATTTCAGGAAAACGCGGGCGTGC
GCCGTGTTGCGCAACGACAGCACGAACGCCCAAAAAATACCGCTACGACAGCGGCCACAATTCGCCAAAAATCTCT
AACGTCCATCATGCTTACCTCTATGTGAGGTTGAATTGACGGCTAGGAACGGTTGCCGCCGCTCTCCATCATCGGAA
AAAGCCTCATCGCCTGCCGCTCAAAGCGTGCTTTTTGTAGCGTCAGCGTTTGGCCCATTTAGCGCACCGGCCGCGAGGGT
CAAAGCGCCCAAATCACAGACGCCGATAGCCCGCCATGCCGGACTTTATGACCAAGCCGCCGAGCTGGATTTTCCGGC
GGGTATCTTCTCCTGGCGTTCATCCGAAGGCGTCCCAAATCGCGCTCAATCTGCGCTATTCGTTGCCGCCATCGGGGC
AGCTTGCTTGCTTTCGCTTTTTCGAAATTTTCGAGGCGACAGCCTCAAATCTTCCGCAATGAAGCGTCGTCATGTCGA
GATCGCCGAGGCCAGCGGCAAGGGCAATCTTACCAATGCGTTCAGCGGCCCTGCTTTCCAATTCGGCCAGTTCGCTTG
ATGCGGTTTCAGTTTCGGCCAGCTTGTGCGCCTTGCCTTCGATAACGCTTTTCGTCGCATCGTCATAGCTCCTTTTCGAGAT
TGTGGGTTATGCGCACACGATCTTACCACCGGCGACGCTGTCGGGGAAGGCGCGCGCTGGTATAGTCATGGAGCGAAAG
CGAATGCGCACTTACGGGTTGCTGCGCAACCCTCATGCGGCCGGGGATACCCCGCCACCCCTTTTTCAGCGCTAAAACG
CCAAGGGAAAAAATGGCGATCTACCCTTGAACACGACACGATAGGACGGGCGGCCGGGCATAGCGCCGTGGCCGCTGC
CGCCTATCGTTCCGCGTTCGCTCGCTGGTAGATGAGCGCACCGGAGAAGTGTTCGATTTACCCCGCAAAGCGCGGTGTTGT
CGTCCGAGATAGTCACGCCCGCAGGCGTGCCGGTTCCCGAGCGTGCCGCTTGTGGAATGCCGCCGAGACCGCCGAGAAG
CGAAAAGATGCGCGAGTGGCCCGAGAGTGGCGGGCGGCCCTGCCGCATGAGCTGAACGAAGCCGACCGTAAAGAGCTGGC
AACGCGCATGGGGCAGGCTATCGCAGACCGCTACGGCGTGGCCGTGGATGTGTGCATTCACGCACCAGACAAGGAGGGCG
ACGACCGGAATTTTTCAGTTCATATGCTGGCGACACCGCCAGCATTTCAGGCCGATGGAACGCTAGGCGCGAAGGCCGTC
ATTTAGCTGGCGAACAAGACAGGCGAGAAGCGGGCATTCTTGCACAAGCCAGGGCGACATCGAGATTCGCCAGCA
GTGGGCGGAGCTAACAAAGCAGGCGCTAGAGCGGGCCGGAATCAGCGCCCGCTAGATCATCGCAGTATGCGAGTACGATCAGG
GCGTAGAACTCACACCAACCAAGCACATCGGCAGCGATGCCGTGGCGATGGACAGGCGCGCCTGGAGGCCGACCGCATC
GACATTCACAACGCCGACCGGCAGGAGCAGGCGCGGCGAGATTGTGCGAGCGGCCGGAGATCATCTAGACAAGCTCACGGC
CACGCAAGCGGTATTCACGCGCCGCGATATTGCCGAGAGCTGAACCGCTACATTGACGATGCCGACCAGTTCAGGGCT
TGCTTGCCAGGCTGGAAAAATCGCCGCTTCTGGTTCGAGATGGAACCGGCCAACGGGCGGACCCGGCGAAGTTCCTTACC
CGCGAAATGATCGACACCGAGCGCGGCATGGTGGACAGTGCAGGCGCCTGGCGAGAACCAGGCGAGCATGGCGTTTCCGG
CCCCATCACGAACCGCGGCGATTGACGGCGCAGGCAACCTATCGGCAGAGCAGCAAAACGCCGTCCGGCACGTTCTCAAGC
CGGGCAGCCTGGCCGTGGTTCATCGGCGACCGCGCACAGGCAAATCGTTCTCGATGAAGGTTGCACGCGAGGCATGGCAA
GCGCAGGGCTTCAACGTGCGCGGCGCGGCCCTGGCGGGCAAGGCGGCCGACGAATTCAGGCGGGTAGCGGCATCGACAG
CCGCACGCTGGCATCCCTTGAATTTGCCTGGAAGAACGGAAAAGACAAACTCACTTCCCGCGATGTTCTGGTGCATCGACG
AAGCGGGCATGATCGGCAGCCGCCAGCTTGGCCGCGTGTGAAAGCCGCCGAGCAGGCCGGGGCAAAAGTTCCTCTGCTG
GGCGACGACAAGCAGCTTGCCGCCATAGAGGCGGGCGCGGCTTTCCGGGGCGTGGTGCAGCATGTCGGCGCGGCAGAAAT
CACCGAGGTTTCGACGCCAGAAAGAGGCATGGGCGCGTGCAGCCGGCCAGGAGCTTGCAGCGGTTCCGTTGCCGATGGCT
TGGCGGCCTATGCCGAGCGCGGCCACGTCAAAATCCACGACAGCCGGGACGCCGCCCGGACAGCCTGGCGGGCCGCTTAT
GTCGGCGACCAGGGCAAGGGTAGCCAGATCATCTTGCACAGCAATAAGGACGTGCAGGCGCTCAATGAAGCCGTGGC
CGAGGCCCGCAAGGAACCGCGGAGAGCTGCGCGGACCGCCGCTTTATGACCGAGCGTGGCGGCCGGGAATTTGCCCCAG
GCGACCGCATCGTGTTCCTGAAAAACAGCCGACCTTGGCGTTAAGAACCGCACTTGGCACCGTTCGAGCGTGGCGAA
GATGGAAGCTTCCGCTGCGCCTGGACAGCGGCGAAGCCCGGTTCCAGGCCGCAATATGCCCGCTGCATATGG
TTATGCCGTACAGTTTACAAAGCCAGGGCGTTACCGTCGATAGGGCTTACCTGCTGGCGACCCCTGGCATGGATAGGA
GCCTTGCTATGTCGGCATGACCCGGCACCGCGAGGCGGCGACCCCTGTTTGCAGGAGCCGACGACTTCACAGACCGCCGC
GCCGGCCGCTGGTTCGATCATGGCGCAGCGCCCTACGAGAACAAGCCGGAGAACCAGGGCCAGCTACTTTGCCACTCTGGA
AAACGACAACGGCGAACCGGCACACCATTTGGGGCGTTCGATCTTGAACGCGCCATTGCCGCCAGCGCGCAAGCGAGGCG
ACCGTATCGCCCTGGAACATGGCGGCTCTGAAACCGTGCAGCTGCCAGACGGCACACCGCCGAGCGCAACACCTGGCAC
GTTCCGCGCGCGGCCGAGCTGGCCGCCGCAAGCTGGCCAGGTGCTAGGCCGCGAGCGTCCGAAGGAAAGCACTTTGGA
CTTTGCCGACCGGCGCGGCTTTGACGGTGAAGCGTGGTGCAGCGCTGGCTGGAACGTGGGCGGGCGAAGGTGGCCGAGC
TGGCCGGGAAGATGCGCGACGGCCTGCGCCGCAACCTGGAACGCCACGGCCGCCCGACCTCATGCCCGCGACCGACATT
GCTGGCACGCCAACCGTGCAGCGGCCGACGAGAACGAGCGCACGCCAGAGGACGAGAAGAAGCGCCGGGCGGCCGAGAT
CGCGGCGAAGTTCGGCGAGCAGGTGAGCGAGGAACGCGGCGAGCAGGCGCCGAGCAGCGGCCAGGCGCCGAGCGCC
CGGCACCCGACCCGCTGGCCGGATTCCGCGCCGGTGTGAGCGTGGCGAGGCGGCGAGGCGGCGGCTGGCCCTGGACGTG
GCGAAGGCACAGCTTGCCGTGCGCCAGGAGTTCCACGCGGCCGGGAAAGACCCCGGCACCATTCGGCGGCCATCATGCA
GGAAGGCCAGCAGCGGGCCTTTGCGGGCCTGGCGCAGCCGTCCAGGCCAAGGCCGAGCCGGAGCGCTGGCGGGCCGTTCC
AGGTGAGCGAACAAGACCGCAAGCGGGCAGAGATGAATGCACGCCAAGAAGTCAGCCGGTTCAAGACGCTGGCAGCAGGC
CGCCGCAACCGCATTTGCCGTTACACCGACCGCAGCCCGTCAAGTGGCAGGCATTCGCCGGGCGAGCTGCGCGAGCGCAT
CGAGCGTTCATGCCATGCCGAAAGAGCGTCAGCCGCTGAGCTGGACAAGATGCAGCGGAGCTTGGCGACAGGTATG
CACGCAATTCGCGAGGAAATCACGCGACGCCGACGAGCAGCTGAAACAGGAGCGCGCCGATGGCGGGTGCAGGTTAT
TGAGTTAAAACGCTTTTACTCATTTGCGTTCAGTGTATGCAATGAGTAAATGAGAATTTGAGGTTTACGCCAGGAG
GAAAGACGATGAGCACCGAACCGACGAACGAAGAATTTGCCAAGAGCTATGCAACGAAGATCGAGCAGGCCCGAGGAGCGC

CGCGAGGCGAAAGACCAGGAGCGGGCTAGAGCGGCACGGCCAGGCGGGCCGCGCTGGCATCGCAGAACATCGAGGCCGAGCA
 ACCGCAGGCCAAGCAGGCCAGGGCTTCGAGCTGGACGCGCAGAACCAAGACAGCGCAGAGCAGCGCATCGACCGCAACG
 AGATCAACGGCCAGCAGGCCAAAGACGCTGGCAAAGGAATTGAACCGCGACAACGAGAGCGGGCAGCCAGGTGAAGCAAGCC
 AGGGCGCGGGAAATCGCCGAGCGGTTCAAGGAGAAGGCGGCACGCGACCGGGAGCAGTCCCGCAGTTTCAGCCGCTAAAA
 AGCGGTGCCAGGAAGGCGGCAACCCACCTGGACACCTGACCACAACCCACCTGACATAGAGGTGAAAATCATGGCTACTT
 CCAATGTTACCGGCCGGGCGAGAACCCGGTATATCGAAATATTGCATCACCTTCGGCGTATCGCTGGCCGCGCTCATCCTG
 GCCGGCGGCGTGTGGTCTTTTCTACTGGCAGCACGTGAGCTGCTGCATGAGGGCGACCGGTAGGCACGCGCCTGGA
 ACGCTTGGGCCTGATCGACCGGGAGGGCGCACAGCATGAGCCGCGCTAAAGCCTGGCGGCGTGGCCCTTGCAACCTAC
 ATCGCCCGGGCGCTGCATTTGACCTTGGCGGGCTACACCGTGGCGACCACAGCCGGAACGCCAACCCCTGCGCGCAC
 GCGGGAGCGCATCGAGGACTTCCAGCGCGAGCAAACCGCCATTGCCGAGAACTCGATAAGCGCGGCCAGTGTGCGGCGCG
 GCACCCTGCCCCCGACACCCGGCCGCTGTGCGCGCGGACTGGCCCGCCCTGGCCGAGCGGCCATGCCATCCGTGGTG
 GCCCTGGCGGGCATCGACAAGCCCTATGGCACCGGCCAGAACAATCACGCCTGGCGTATTCTGGCGTTCAACAGAACGC
 GGCTACGGCCGCCCTACCCGCATTTCGCGCTTGGCATCGGGATTGGCCGAAAAGAGGATGCCAAGCGGGCGGACGCGCATCA
 TCTGCGGGCGGCTGGCCGTGAAGGAAACAAGGTGCTGACCGTGGCCATTGTGTGAAGGCCAGGAAGCATTGCGCGTG
 CGCACCGCTGCCGGCGAGTGGCGCGAGGCCCGCGTATCGGCGCGGACATTTCCCGGACGTGGCGCTGATCGAGATCGA
 GGGGACCCCCCTGCCCCGATTCCGGTTGCTGGCGTCATGCCCGCCAGGGGCGAGGACGTGATGGCGATCGGTTCCGCCAG
 GCGGCTACGGCTTCGCCGTGGGCGTGGGCATCGTGGCGTGGTATGGCCGCGATGCCGCGATGCTTTCCCCGATGATTTT
 ATGCTGGTGCAGGCTTCAATCATCGGCGGCAACTCGGGCGGCGTTGTCGTGAACACCAGGGGCGAAGCCGTTTCACTGGT
 GAGCTATGGCTATGGCATCTACACGCAGACCGTGCAGATAGACCGCGCCAGGCAGTTGCGGCCGCGATCGAGCGCCGCG
 TCGTGCGGTAAGCCCTGCACAGAACCCGAAGGCCGGGCGCTGCGCCAGGTGCATACCGGACGCCCGCCGGCGTCTCGATG
 AATCCTCAACCTTTGGAGCAACAGCTATGAAACTTTCGCAATTCTTCCCGCTGGCGGCCGTGGCCGCCCTTCTGATCGCT
 TCGACCGCGCACGCCGGCCAGGATGCCGACCGGGCCCGCTTTTCGATCATGGCCCTGTCCAGGCGGCTTATGACGCCTA
 CCAGGTACGGCGAGCCGGGCGCAGAACAACAATGGACAGCATCGAGGCCGAGCTACCGGAACCCGGCTTGTGCGGCCGAGC
 GGCGCGAGCTGCTGGCGGTGTGCTTGGCACCCCTTCGCGCCCGCGAGGGCGGCCGATTTGGAGAGGCTGCACGCTGAATCA
 GCCTTGGCACAGTTGAAGATGGCAGACTGGAACCGCGACCCGGTAACGGCGACCAGGAACAAGAAGGGCGGCCACTGGCCG
 CCTTTTACAGCTTGGATCTTGCATCGTCACTTCCCTGGCGATGATCCCGGCGGCGTTCATCGTGAAGTGGCGG
 TGTGGCCAGCCCTCGCCTTCAAGGTTTCGAGGCCGGCCACTCGCCGCCAACGGCGGCCATCGACCCATTTCCCGT
 TCTTCGGGCGGTAGCGGCTGCGAATAGTCGGATTTCGGCCAGCAGCTCATCGAGCGTGTAGCGGGCGGCTCATCGGCGG
 GCCTCATCGAGCCAGGCCAGCGTTCAGCTTTCGCGGGCGGCCACGCGGGCCACCAGCTCGCGCACCCAGGCCGGCCAGGCT
 CATGCCGTGCGCTGCCGCGACGGCGGCGAGCTTCGGCTTTCACGTCCGCGAGGAACGGCGGCGCTGATGGTGGCAGCCTGGT
 TCATACGGCCAAATCCAGCGGCAAATCGGAAATGTCTTTCAGGCGCTTGCATCGACCATCACGGCCAGCATGTGCGGCCG
 CGTCCGTTCATGCCCAAGGCTTCTACCGTGGCTTGCAGCTCATAACAGGGCGAAGTGATACACGCAATCAATGTCCCCGTT
 CCCAGGGCGATAGAGGCAAGGCGGCTTGGTGTGCGTTTCGGCCGTGACGACCACCATGAGGCAGACGGCCCTTGGCGTT
 GCGCACAGGTTCAACGCTTCGGAACGGGCGTTCGCGCCCGGTGCTGCGAATTGTCCATTTCATGAAATGCTGGCGT
 GCAGCAGCGGCGAGGCCCGCTTTTCTTCCGCGAGGCTGGCAAGCGTGGTTCACACTGTCATCGACCAGGAGCGCCGGGGCG
 TTGATGGCGCTGTGCTCCTCGGTGTGCGCACACCACACAATATCCGGCGTGTAGTGTAGTGCCTGCCAGGGCGGCCG
 CAGTTCCGGCATCGCCCTTGGCGGCCCGGTGCGAGCGCGACCCAGGTGCGCGTATTGCTCATAACGGGCAATTTCCAGGCGGT
 TACGGCCGGAGACTTGATGCACGTCCCAAATGCCGGGCCGGAGGTGGCCGAGCTTGAGGAAGGTTTCCCGCACGAAGCCT
 GCGCAGATGCCTTCAAACCTGGTGGCTCTGTTGCAAAGATTGGCGGCAGTCAGAGGTAGGCTGTGCTCTGCGCCGATCAG
 GCGGCTGCTGCGAAATGGTGGTTGAGCATGCCATGGCCTCCGTGAGCGCCGAGGGCCCAATGCCAAAAGCTCTCTCCAC
 AAGGCGCACCTCGCCCCTGATGCCGGGCTGCAGGCACAGGGGCGAGCCTGTCTTTGCGCAGGGCTCGCATGACTTCGA
 ATCCCTTGATCGTGGCATAGCCGTGGGGATCGATTTGAAACCGCGCACCCGGCTTGCATCAGTATCTTGCAGCTTTCCGTGAT
 CGGCTCGATCACGTTATTGAGATACTTACCTGCCGTTGGGCGGCTCTCCCGGTCAGCTTTCTTCGCGCTTCAATTCG
 GTGATCTGACACCATATGCTCGGCGCTTTGTCGGTATTGAGCGTGGCAGGCTTTCCAGTGTCTCAGGCTTCGACGGG
 CTTGCCAGGAACCGCTTCGCTGCCTTGGCGCTGCGGGTTCGGCGACAGGTAGAAATCGATCGTGTGCGCCGCTTGTGCGA
 CTGCCCGGTACAGGTAGGTCCACTTGCACCGCACCTTGCAGTAGGTTTTCATCCAGGCGCCAGCTCGGATCAAAGCCACGC
 CGCCAGAACCAGCGCAGCCGCTTCTCCATCTCCGGGGCGTAGCACTGGACCCAGCGATAGATCGTGTGATGGTGCAGCCGA
 AATGCCGCGTTCCGCCAGCATTTCCTCAAGGTGCGGATAGCTGATCGGATAGCGACAATAACAGCGCACCCGCCACAGGA
 TCACATCACCTGGAAATGGCGCCACTTGAATCCGTATCGTTCCGTCCGTCCAATCTCCGCCAAGCATGCTCAAGCTT
 CACGATTTTTGCAACAGAGCC

12.3.4 Geninsel PAGI-4(C)

Gesamtsequenz von PAGI-4(C), 23395 bp

TTTTTCTACGGGGCGAGTTGCACAGGCCTAGGAAGGGGTGTTGCACCTTTTACTTGTCCAGCAGCCGTCTGGGCGGAACAT
 TAGGCCCGCATTGACGTGATGTCAATATGGAATAGCCCCGCCATTTAGGTGGGCTTTTCTGTTTCTAAGGCCCTGAAACC

ATTCTGCAGGCGTAGCAATGCGCCCTCGACGTAATCAGCGATTACAGAGGGTACTGCGGTGTTGGCCTTGAAACTGCGGG
GCTCTGCCAGCATGCCGGCGCTGGAATCTAGGCGCTCTCGGTAATTCAGATTTTCTACAGGCC TAGCGAACTGCTGG
GAGGCGCGGCTACCTTTTCGTCCGGTAGCCGGTCTTTCAGTACCGGTATCGCTAGGCGAGACTGCTTCGGGCGAGTAGATCC
CCATCCACCAGATCCGCTTGTTCAGCGGGAGCCGCGGATGCCGAGGCGGCACGGTTCGATAAGTGTGAGCCATCAGAG
TGAACAGCACGCTTTGGTTCGAAGGTGTCAGGTGGCTGTGGTAGCGCTTCTTCCCGCACGGTTGGACCTCCCTGAATGCCT
GTCCCTGGTATGTGCTCCCTTGGTTCTGCAGGTTCTGTCTGGCCTCCGGCGGGTACTTCACCCATTCGAGCGAGAGG
TTGCCCGCATGGCTTCGGTTTGGCAGAGGCTTGGCGGGAGCCGCTGTAATCCACCTTCTGACGTTCTCTAGCGCGCCTT
GGCCAGGCTTCTGGCATGCAGCACGGCACGCATGTGGTCGTAGTCGGCCTCGATGTAGCTCATGGTGGTCTGGATATTC
GAGTGGTTGAGCAGGCACTTCGTGAGGTGGATGTTCCGCTCGGGTGCCTTCATCAAGTCGGTGGCCAGGTTGTCGGGAA
ACGGTGCGGGGTCATTCGCACCCCAACCTTCTCGGTCAACTCCGGTACATGGCTTCGACCTGGTTCGGAGTTCATCACCT
TGCTCTTGTAGTGCGGTGAGAACC GGTTGACGTTGAACAACCTGGTCGTATCGGCGAATCCGGCTCTATCGGCCCTCTGC
AGGAGCCGCGATAGGTGAGGCACAAGCCCTCCGTTATTGGCACTACGAACTCTTTATGAGTTTTCTCTGTCTCGCCGCG
GATGAGGATCAGTTGATTATCCAGTCGATGTGCGCTTGGGATGCACAGCAGCGCTTCAACCGGATGCCGGTGTAGT
AGAAGACCTCAAACGTGCAAAGCCAGAACCAGGCGGGAGTGATGCGTGCAGCATCGCCGGTGCAGCGCTCGGCGCCGACC
TGATGTTGAGCCAATTGGCGGCGCGCAGGATGGCTTCGGCTGCGACGGTTTTGCTTGGCTCGCTGGGGGGATGACGGT
GGTCTTTCTGAACGGGTTGACTTGGGAGTGCCTACAGCTCGTGTGCTGATGGCATAACCCAGATCGTTTCGAGATGAT
TCGAATACGTGTTCCAGCTCCTCTTCGACAGGCTTGTTCAGGACCTTGCGCCCATCCAGCACAGACCTGTGGTCC
ACCTCCTGTACGGTTGCCGTAGGGCCGAAGTGCTTGAGCAGCGCCTTGGTCGCGCGCGGTAGATCTTCGCGCTGGCTTC
TCGGAGATCGTGCAGCAAGATGTACTCCTCGGTGAGCTGCTGCGGCGTCATTCCACACCTCCTTCGGCATCGGTGATGAC
CGTGAGGCTTGGGTTGTCCAGAGGCTGCACAGGGAACAGCAGTTTGGGATCCTGGAGCAGGTAAGCCTTGAGCTCCTTCG
TCTTGCAGGACCAGAAACCTTGATGGTCCAGATGTTTCAGATTTACTGGTCTTTCGGTGAAGACCTGTTCCTCGAAC
GCGCGCTGCACCAGCTTCCAGCCGGCGGTCTCCTTGGCCTGGGCCAGCTTTTCAACCTCCGGATGCTCCTGGACATAACG
CTTGAAGATTCCTGGCGTGACAGCATGGCGGTCCCGTCGACGGTATGCACCAAAGCCTTGGTGTGCTTGATGAACAGGC
GACGGGCCGTGATGCCAGATTTTCATCCAGTCAACGAATCCCTGTCCAGATCAGTGTCTTCGCTAGGCATAAAATACGTCT
TCAATTGCTTCCAGAGCGCAATCTATTGGTCTTGGTCCCTAGTGGCTGCTGTAGGTTCTCCTCCCGCGTGTGTTCCG
AGGAGAACACCGCGGAGTCGTGGCTAGTGTCTAGCTTCTTGGTGGCGAATTGATATACCAAGAAGTGCCTACAAAT
CGTCTGTTTTCTTCTGATCATCAGTTGAGGGTTTCGCAATCGCCTGTATGCTGTTGACGTTTCGCAATGTCGGCGCA
GGCTGGCGGAGCGTCATCTTTGCTTCTGGCGCCTGTGCTGTTCAATCGGATCGTTGGGGATTTTCGAGGTCGTTTCCG
CTTTTCAGGGGAGGCGTTGCCCTCTTCAACTACGAGTGATCCGCTGTAGGAATCAGGCCGCTCGGCAGGGTCAGCCCAA
TCAAGGCTGGAGCGATCTTGAGGAGCGTGAACCTGTTTTCTCCACCAGCACCATTGTCTATCGTGGCCGTCCAGATGGCC
TTGTCTTCGGCGTTCGTCTGGATGACGGCCTGGTCTGGAGCATGTTGAAGAATGGCGCGTTGGAGGAGGGGACCCCTTC
GATTCCTGAGCCAGCAGGTAGGCTCTCAACTGATCGGCCGCGGGCTTGTCTACCAGCCAGAGTGCCTCTGAGTCAGCC
ACCCGTTCGGACGGGCGCCCGGCTGATTCAGCTTGAATTTGTCTTACCAGGAAGCGCAGGCGCTTGCCTACTGCCG
TGCAGCGACTGCTTCGGTGCAGCCAGCGCTCGATCCGGATTACCCCCAGCTCCTGCGCGACTGAGGCTGGTCTGCCTT
CACGATGATCTCGCCGAGGATCCCAGCGTGTCTGTAAGTCCCTGCGAACAGGTAGATCAATTGGGCCACAGCTCTGGAA
AGCGACTGAGCCAGTCGAGTGCAGTGCAGCGGAAGCAGTTGGTGGATGAGGAGTGTGAGGCGAGCGCCGTGGAGCTGGTAT
TCGCGGGACTTCACGTACTTGAAGCGGTAAGGCTGGTTGATCGGTCCGTTCCAAGGGTGCCAGGTGCTGCCGTCTGCAG
CTCAACCTGCAGGTCGACGACGATCTTGCCATGTGCTGAGCCAGGGCACCATAAGCCGCGGGCGGCCGACCAGGCTTCAG
CTTGGGCTGACTGTGACTCTGGCGCTGCGCCGATCGGGAGCAGGTAAGTCTGCCGCACCTTCAGTGCATAGGCCACGATC
TCCAGGCCGTGATCGATCATCCCGCTGGATGGGCATGGTGTGTTTTCCGAAGCTGGGAGCTGCTGGACCAGCTCGGC
ATAGTTGGCCAATGGCCGCGGTTAGATCTCCTCGAATTGCTGCTTGGATAGCGAGGCACGCTGCCAGATGTTCTCCAGTA
GCTGCCGGCGCCGAGGCGTGCAGAGCAGTCCATACTGTCTCAGAGGCGGGAGGAATCCCCAGCGGCAGCTTTGGTTGGT
GGGTTGGGGACGGCTTCTTAGAGATCCAGGAAAGGAGTTGAAACATGGGAGGCTCCATGACGATTCATGGAGCGGGCTT
TCCGCGAGATCAGGGGCTGGCAACAACGATAAAACAACGTTGCGGGCAAGGGTATTTGTTGGCAATGTGCCATCCC
GGCCTTGTGCTCTGCCGGGGAGGAACGCGCAGGCTCAACCATTTGGGCACCTGCTGATGGATGTTACCCGCTAGCCTTT
TCGTGTTCCGCGGCGCAACGCAGCCATTTCTGCCTTCCGGCAGGCCCTTTCCGGTAGGGCTTTTACCCTTGTGAACCAT
TCCATTACCCCTTCAAGCCCATTTCCCTTTGGGCCATTTGCTCCTGTACAGTTGCTCACCGATGGGGCAGGTGTTGAT
CCAGATCCATGGAGTCGTGAAGCACGCGAACACCTCGAGCACCTGGTTCAGTCGCAACCCGGAAGAAGACGAAGTGCCCTG
GGCCGAACAACCTTACCGACGTTGGGCATCGAGCGGCAGTAAACAGGTTGGATGCTGCGCAGGCCAGCTCCCAGCTCTTC
ACGGCTGATGCTGCCTACCTGTTGTGGGTCTGACGCAACTGCTTCCAGCGCTGCGCCGATGAGTGCCTGGTAACGTCGGC
GCGGGCATCGCCGAAGCGGTTGTGGGTGAAGCGCAGGATGTGATGATGTCGCTGAGCATCATGGGAGATGCGGTAT
TTGGCCATGCTTCAGTGGCTCGCCTGGTTGCCGAGCTCGTCGAGGATTTGGGCCAGGTCGTCGTTGTAAGCTCGTCGTA
CTCGCCGCGCTCCAGTTGCATCAGCCACTGGATGTTGCGTTGCGGAGGGCTTCGAGCTTGGCGCTATTCTGGGCTTCCCT
GTTGCAGCAACAGGCGCAGGCTGCCCGGATGACTTCGCTGCGGTTCTGATAGCGGCCGGTCTCCACCAGCTCGTTGATG
TCCTGCTCCATCGGGTCAGGAAGGACGACATTTTCAGTTGCCATAGGGTGCTCCAGTCCATAGATAGCTAGTGGCATAAT
ATGCCATATGGCTTGCCAAATCACCTTTTTTCGGCGTATAGGTGATAGCAGGATACCTCCCTTTGGGAGCCAGGAGATTGA
TCATGAATGCACACGCCAACAAGGTTTCGCCGCACGGGCCGGTTTCGGTCTGGGCACGTTTGTGCGCTTCTGCCTGCAT
GATCGCCGTCCAGCTCTACGTTGGGTTAAGCGAGTTAGCCTATTCTTGTAGCAACTCTTGTAGTGTACAGAACTTTAT
GTGGCTTGTGGGATCAATGACTCTACTATGTGATTTCTGGTGGGGTATGCCTTAGTTAAAGGGGATATCTCCGCTC
CCAAAGAGTCTCAAAGTCGAGATGTCACAACAATGACTTCTCAAGCTGAAACTGAATCTGTAGCAGAGCTGTTTGACTAT
CAGGACGCTCACCAATACCGGGACTAGCCCCGGTAAATGGCTTTATACTTTTTTAAACCAGTTTTTTAACTCTATTTCCCT
GCTTCTTACCGCGGCTTGAACCTCCTTCGGTCCCTCTGCTCAATCCGTTTCAGTACAGACCTGCTTGAATTCGGACCA
GCCGATCGCTGTATCCACAGCAGTGGTAAACAATGAACATAGAACCATCACGAAGTTCAGGATTCATCTTGAGTTCG

CCGTATTCAGCCCCATAACTGGGTGCGAACGAAAGATGCGGTGATCCCGAGCCATAGAAGGCATCAAGGATCGTGCTGTGCG
 ATGTATCTGGCTAACTGAAACCAGAAATCGACGAACATCATCGCAAAGAAGACGACCGTCATCGTCATGGCAACTTTCAG
 TTGATAGGTGCCGATGACCAGGACCATCGGAATGCAGATGACCATTGCCATCTTCAGGAACGACATCACCATCGGCAGTG
 CCTGGCGGACCATATCCATCGCCGGGAAGTAGGCCAGGCTGCCAGGGCAACGCCGAAGGTTCCAGCGGTTCTCGCGATG
 CCGTTCCAGACCGTACCGCCACCTGCCACCATAGTCGGTATAGACGTTGCCTTTGACCTGGCTGGACGGTGAAATCAC
 CTGGCGGATGACTGCCTCGGTACCTCGTCCTGGTCCAGCCATTTCCGCCATTTGAGGAAGCTGGTTCATCAGGTCCGGAT
 CCACCTGGCCCTTGATCCGATCACGCAAGCCGATCCCTGAGTCAGCCCACCACTGCTTGCAGGTTGGGTAGCCACCACCA
 CCGCCACCTGGGGCAGCCCGGCGTCGCGGGTGGCGTTGTAGGGCCACGACTGACGGGGACTCTTCGAGTAGTCGGTGTG
 GTAGTACCCCGGGTGTTCACGCGCGTATTGTCCACTTCCATTTCGCATCTGCCGCAGATCCGTGCCGCACGGAATGGCCGC
 GACCGCGCCGGCGGTGAAGCCCTTGACAGGGCGTGCATCATCGCCCACCAGAGCGGCATCTGCCCACTCTTGCCGGCCA
 GGCTGCTGAAGGAGGTCGACCAGCCGGTGTCTGCCGGCGCTGGCAGGTTGTAAGTGGCACTGCTGGGCGCGGGCTGGTGC
 AACTCGATGGTGTGAAGCTCACGTTGACGACCGGGATTCCCGCCAGGGCGACCACGATGTAGCCGACGTAGATATGCGT
 CTCGATGCGGGCCAGAGACAGCACGCCTTTGTTGCCCTCGTCGGCGCTTCCCGCGAACTTTCAGCCACTCACGCATCA
 CAATGGCCACGAAGGGCACCGCGAACAGCCCTGTATCCGAGATCATGTTCCAGATCCCGTGTGTGATGATCCAACCGAGG
 AGGGTGAGGTAATACTCCAGGTAGTCATTGGTCATGAAGGTCATGCTGCGCTCCCGTGCAGGAGTAGGCTTTGCTGAAT
 TCGATGAGCAGGATCAGCAACAGCACCAGGATCTCGATCCGCCGAATGCGCTGCCGCTCATGCGCGCTCAGCTCCTTGCG
 CTGCTTGAGCCGGAACCAGGCGATGGCCAGGGCGCAGTACAGCAGCGCCCGCCAGGCGAACAACTCCAGTAGTTGCTTT
 GCCGCCAGGCCTCCAGGCCCTGGATGCCGCCGAAGTGGTTCAGGGCGAAGAGGCTGAGCAGCGTACCGACCACTGCCAGA
 CCGACGACGATCATCACTCCGACCAGTAGCTGGCCGAGGAGCTTTCGGCTGGTGAGCGTATCTGCCATCACGGTCTCCCT
 CCCGACCCCGACTTGCCCGCCGGCGGCAGAGGGGGCTGCAGGCGATCAAGGCGATCAGCATCGGGCGCCGACTCGAACAC
 GCCGCTGGACCCTGAGGCGCGCTGTTGCCCGCGCTCGATGACCCGCATGGGCGAATGCTGGCCAACTCGCGACGGAGTT
 CCAGTTCGGTCTTGAGGTTCCAGATCTCCTGCTGCAGGAGGCTGGTCTGCTGATCGACGGCTTGGGTGGCCAGGCCGTTG
 GCGGCGAGCTTGGGCTCCTTGCGCGCCGGCGAACATCAGGCGCTGTAACAACAGGGCCTTGCTGAGCACGTCCATCAGGGA
 GACATCGGACCGAGGCGCGCCAGGACGCTCCTGCTCAGCTGCTCGCGCAGCGCTCGATGACGCGCGGGTGATTG
 GCAGCGCATCGGTGCCCGCGCAGCCAGGTTCTCGCGGTCAGTGGCTTACTTTTCGATAGCAGCTCCTGCAGCGATGG
 AGCTTCTTGCTGCTAGGTCTCTTGATCAGCGGGGTGAGCCGACGCCTGCAGCCGTCACCGTCTTCTCGACGCTTCCACA
 GGTCTGCTGCTGTTGCTCCCCAGTACCCGGGTGGCGAATGCAGCGGCTTCTTGGGGGGAGGACCAGGTGTTGCAGACCA
 GGCCGTTGTTACAACCTGGCGGAAGGCACGCTCGATGAGTCTTTCACCGAGCGGCTGGTCAACAGGTTGTAGCCCGCCCGG
 GTCACGTCGTTGACGATGCGAATGGGCTTCTGGCCGAGCCGCCGGCTTGTCTCCACCGACCCAGGTTACGCCATCGTT
 GCCGCCCTTCTTCTCCACTACTTCGAGGGCGGATACGGCGTCTTTCGCCAGAGGCCAGCGTGGCGCCAGGGCTGGC
 CTTCCGGGATTTTCCCCAGCCGGTCTGCTCCCAGCGATGTAGCCATCTTCTCGGCATCGCTCTGCAAGTCCCTTTC
 GAGCGGTGCTAGTCGATCCGCGCCTGCAGGATGCCATTGGTGATCAGGTTGTAGAGCTGAGGGTTGCGCGCTGGATGAT
 CAACGCCGGTAGCGACATGACCGCGCCGGTTCGCGTCTGGATGACTGAGCCCATGATGTTCTGGAAGCCCTGTGTGGCAC
 CGTTGAGCTGGTTCTCCAGGGTGGTGTCTCAGGTTTCATGTTTCCGCACATCAGGTCGTTGTTCCAGCCGAAACCGACGCCG
 ATCGAGTCCATCTGGCCGGCGCTGCCCATGCTCACCGCACTGCCGCCGAATGCTGTATAGGACCTCGTTCGTCGAGCAC
 CGTGCCGGTCTTGGACACGTTGATTGGGTGCTCGGCCTGGGCAAGTTGCGCTGCGAGCAGCCACGTCAGCGGACCGAGG
 TGATGTTTATTGCGATGATTGCTCTCCGTGTCTTATTGGAAGTCGGTACTGCCGAGGAAGATCTGCCCTTGGCGTGGC
 AGCAGGAGTAGGGACGCCAGAGCGCCAGGCGTAATCGCCGTCGACGGCTTGGCTCTTCGGCCCTGAGTTGGGAAACACC
 GCGCAGTTGAGGCTCAGGGACGGGGTCAGCTCCTGCCATTTCCCGGTCGAGGCATCGCCCTCTTTCAGCTCGCCGCGCG
 CCAGTAGCCGTCCTTGGGTGCTGCGCGCATGGGGAGGTAGACGTGGAGCTGGCCGATTCGCGTGGTGTGTCGCCGGCGC
 GCTGGGCGATGACGGCCGCTTGTAGTCTGCTGGTCTGGTGCAGGAATCCGCTGCGCGGATAGAGGTTCCCCACATG
 TCGCCGGAGAAGATTCCACCACCTCGCGCAGCCCTGGGACCAACGCTTCCGGGTACACCTGCTCGGGAATGCCATGCCG
 CCAGCCAATGGCGTCCAGTGTGCTGAGGAAGTACGGCACCAGCGGGAAGGTGGCGCCAGGGCAACCGTACCCAGAGGCGC
 TGGCGAACCAGGCTGAACGTGGCCCCGCCAGGATGGCCGATCACATCCGCTTCCCTTGAAGCGGCCGATGCTGTCTCGGCC
 TTGTAGTTGGTGGTTCGCTCATTGCCGGCTGGGCGAGGGGATTCGGTGTGCCAGCGCCGACACCTCGGTCCAGGGGTT
 GCTCCCGGATTCGCATAGCTGGAGACGACTGCGTCAGGCACGTAGTGGCGGACCTTGACCGACGCTTTCACCTTGCAGC
 CATGCGGGCCGACAGCAGCCAGTAGCAGATCCCAGCAGCCTTGTATTTCGAGGCACTGAGGGGAAAGGTTGGAGGAGACG
 ATGGCGGCGCTGTTGATCGCGGCCGCGGCCGTGAACGAGAGGCTGAAGGTGGCGGCCGCGCTGCCAGGCGGCGGAGGTT
 GAGGCTGGTCATCAGCGCGTCTCCTGGCCTTGGCGATCAGCTCAAGAGCGCGCGGTACGTCGGTTCGCCGTAGACCAC
 GTACTGCCTGTGACTACCACGGCAGGGATCTTCTCGACACCGAGACTCCACGCATCGGTGACGCTTGTGTGCTTCA
 CCAGCTCTGCCTGCAGGCGTCGCCCTCGGGGCTCTGTAGCAACTGCTGAAACGCTACCTGAGCTTGTGAGGATCCTTG
 GGCAGAGCGTCAGTCAGTTGCTCCTCAAGGTGTTGCTGGGCATCCAGGAGCAGGACTCGCGATGATCCGTTGGCGGTGAC
 CGGATGGGCTGGTTCAGTGTGATGACCCAGGTTTTCGGCCTGGCTTGGCGCCGTCAGCAGTACAAGTAGTAAGCCAAACGGCCA
 GGGGGCGTGGCCACCAGGCTGGGGGGGAACGATGAAGAGGCATGGGTCTGTACCGGTTTCGAATAGGTACAGGTAGGAGAC
 AGGATCGCTTCCGATAGGGCAGCAGGAAATCATCACTACGTCGCCGGGGTATTTTTTACCCTGTAATGGCGAATGTTG
 GCGCATGGTGCAGAGGAGGGAGCCTGGTAACTCATAAGGTAGAAGTGAGCTTCCAAGCCATCTTTTTTTCAGGTGTTTGC
 GCGGACTGAGCAGTCGCTGTGCAACAGTCATTTTTTGTGCTAAGAGGCAGGAAGGCTGCGCTGAGATTCATACTAGTAA
 AATTAGATAGTTGTTGCTTCTGAAACAGAATTGAAGCGAAATGGGGTAGGTTTTTCTAGGTGAAGGGTAACTCTTGAG
 AATTACAAGGTTGTGACGCCAAATGTTGATTTTTTCTTGGGATGAGGATGGGTGGTGGGGCGGATATAGGTGCTTTTT
 TCTATTTTTCTTAATTGCTCTCATCTATGGGTGTGCTGGTGGAGGTGGGGCGGATGAGATTGGGCAGCACTGCTTTG
 AGAGAGAGCAGAAGATTTCCGGAGTTAATGATAATGAAGAGGGGAGTGTGAGGTTGAATCGGCTGAACTGCCGATCCAATT

GAGGGGCGTGTCTTGAATCAGAGAAGCTGATACGAAAGCCGCCCAATGAACTGGGTATTCACTGAATAAATAATTTTTTA
 GCATGGAGAGGTCTTTTGAATGAAAAAATTACTTTTTATGTGCGACTGTGCTTTTGGTGGCTAGCAATTTTCGCATGTGCT
 GATGAGGGCTCAAATGATGGAAGTGAGATATGTGCGGGCGCAGGGTGGGGTTGAAATAACAAGTCTAGGGGAAGTCTCAA
 GGGTGTGAATGTTGAAGATGTTGTAGTTTGTTCGATTCTTCCAATAATATGAAAGTTCGAGTCAAAGGGCGCCTACTCTCC
 CTCCTCTGCAAAGGATGATCATTTCGGCAATGCCTTACCAGGAACGGTCACTGTTTCTGCCAGCGGAGATAGGAAAGTTT
 ACAACATCTTGCCGGGCAAATCTTTATGCTCCACGTTATGCCAATTTATATCGGGGTTCATGCCGAGATAAGGGGAAAAAT
 CATTCAATTTGGAATGTAAGCCATTGCTCTGAAAGGCTTTCTATCCGGCAAGCGCTGGCTTGCACCTCATGGTCTATCTTT
 TCCGTCTGGTTCAAGGAAAGGAGTGACACATGGCATCCCTCGAACGTACCGCCTACCCTGTTTTGTGCGCTCCTATTCG
 AGGGCCGAGCTTCAGCGTGAATTCAGCTTCTCCGAGGAAGAAGTACAGTGGGTCAAAGTTCGCTAATGCAGCATTCGG
 ACTGAATCTCGTGTCTGTTCAAGACTTTTCCAGTACTCCGATACTTTCCAGAAATCGTGAAGTCCCGGAGCCAGTTG
 TCGATTTTCATCCGCACACAAATAGGTCTACGCAGCAAGGTTGCGCTATCACCTTACAAGTGGATGCAGCTTTACCGCCAT
 ATGAGTGCCGTTTCGGGAAAACTTGGGGTTCGACCGTTCTACGGCTCGGATGGTCAAGACATAGCATCCACGCATGCACA
 GTTGATGGCTCCCCTCCTCGAACAGCGCGCTGACATTATTAATGCGATCATTGACGAGTTGCTGCGCCAAAACTACGAGC
 TGCCCGCCTATTCGACCTTGAATGACCTAGCAGAAGCCGCTCGTGCAGAAGCACAAGAGAAAAATCTTCAACCTTGTGGTA
 GCCAGAGCTCCAATCAAGGTGATCTATAAGCTAAGGGATCTTCTCGACACGGACTTCGGGCGTCCGAGAGTGACCTCAA
 CACTCAAACAGGCACCCAAGAAACCTTCGCGCAAGCATCTGGAGGTAAGTATCGACACCTAGCCTGGCTAGAGAGTT
 TCGGAAACTGGATGCCATTTTTGATGGGATCGTGCATACGAAATTCGCCACTTTGCTGCCAAGCTGCGGCGTCCGGAT
 GTATCTGAACTGAAGGACTGCTCGCTGCCGAAGCGTTACACGCTGATGCTTGTGCTTGTATCTACCGTATGCGGTTGCGAAC
 CCGAGATCACCTGGCCGAGATGTTTCATCCGAAGAATCTCCACGATCCACAAACCGCCCAAGGAGGAGCTGGAGCAAATCC
 AGGCACGTCAACGTGAGAAGTTGGAACAACCTGGCGGCCACCCTGGACGGCGTGGTGCAGATTTCTGGTTCAAGAGCCGGAT
 GACCAGGAGGCTGGTAGCCTGATTCGAGAATACCTCTCCCCCGATGGCAACATGGATCGGTTGCGAGAGGTTTGTGCTGA
 AGTTCAGGCCACAGGAGGTAATAACTACTTGGCGCTGATCTGGAGGCACTTCAAGTCCCATCGTTCACTGCTGTTTTCGCC
 TCAGCCACCTTCTCCAGTTGGAGCCCACCCAGGATCGCTCACTTATCCAGGCGCTTCAGCTCATTCAGGACAGTGAG
 AATCTGCACCGTGAATGGATCGATGAGCATGTGCGACTTGTGCTTTGCATCAGATCGCTGGGTGAAGATCGTGCCTGCCCC
 TACCAGTGAAGGGCCGCCTACCAACCGACGTTATCTGGAGGCTGCGTGTCTCCTACCTGGCCAGTGAAGTGCCTCGG
 GTGATCTGTGCGTACCGGATCGGAATCCTTCCGCGACTCCGTAACAGTGTGCTGCCTTGGGAAGAGTGTCTCCAGCGG
 CTACCGGCATACTGCGAGAAGGTGGGCTTCTACCACAGCGAAGAGTTTGTGCGCTCGCTCAAGAGCCAGTGTGGAGGA
 AACCGCGCAACAGTTAGATGACAAGTTCCCTTCTGTGCGAGGGATGTGTGATCAACGATGCAGCGGAGCCGGTACTGC
 GCGGGTGTGTCACGGGACATCCCGCCTTACGCCATCTCGCTACAGACGGCGCTTATGCAGCGTATGCCAGCCAGGCAC
 GTGCTGGACATTATGGCCAACATTGAGCACTGGATTGAGTTTACGCGGCATTTTCGGACCGATGTCCGGCAACGAGCCAAA
 GCTCAAAGAGCCGGCCGAGCGCTACCTGATGACGATCTTCCGCATGGGCTGCAATCTCGGTCCAGCCAGGCCGCGCGGC
 ATCTGGCCGGTAATGTACACCGCATATGCTGTCTATAACCAATCGCCGCCACTCTCGCTGGAGAACTGGACAAGGCT
 AATCGCGAGTTGGTGGAGCTCTATCTGCAACTTGACCTGCCAAGCTTTGGGGCGATGGCAAAGCAGTGGCCGAGACGG
 TACCCAGTTGCACTTCTATGACGACAACCTACTGGCCGGCTACCCTTCCGCTATCGCAAGATGGGGGCCGTGGCGTACC
 GACACGTGGCCAACAACACTACATTGCAGTGTTCAGCACTTCACTCCCGCCAGGCATCTGGGAGGCGATCTATGTGATAGAG
 GGACTGCTCAAAGTTCAGCCTTAGCGTTCGAGCCGATACGGTCTACTCCGACACCCAGGGCCAGTTCGGCCACAGTATTCGC
 CTTCACTCATCTCCTGGGTATCAATCTGATGCCGCGTATCCGCAACTGGCGCGACCTAGTGATGTGCCGACCGGATCGAG
 GCGTATCGTACAAGCACATAAACCGACTGTTTACCAGCACTGCCGACTGGCACCTGATCGAAACTCACTGGCAGGATCTG
 ATGCAGATTGCGCTGTGATCCAGGCCGGCAAGATTTCTCGCCCATGCTGCTACGTAAACTTGGCTCTTACAGCCGGCG
 CAACAAGCTCTACCTCGCAGCACAGACGCTGGGCAGTGTATCCGCACGATTTTCTGCTCAATTTGGATTGGCAGCCGAG
 AGCTGCGCCAGGAGGTCAGTGCGAACACCAACAAGATCGAGTCTACAACGGCTTCTCCAAGTGGCTCTCTTTTGGCGGC
 GATGTAATTCGCCGAAAACGATCCGGACGAGCAGCAGAAACGTTGCGTTACAACGACATGGTGGCTTCGTCGGTGTATTCT
 GCAGAACACCGTGGACATGATGCGCATCTTGCAAAACACTAGCCCGCAAGGGTGGCAGTTTACCAGTACGAGCAGTGTCT
 TTCTTAGCCCTACTGACAGTAACGTCAAGCGTTTTCGGCGAGTTCAACCTTAAGCTCAACCGCCGAGCCGAGCCCTGG
 ATCAAGGATTCGGTATTCCAACAGGCTGCCGGCTGTTGCGAGTCAACTCGACAGTAAAGCCGCGGAGGAGGCAAT
 ATGATCGAGATTGCGTTCAGCGTCTTTTTCGAGTTCACCCCTACGGTGGAGTGGACATCGCAGCACTGGACAGATGCGAGC
 CGGATTCGATACATCCCAACTTCTACGGCTAGTTGAAGGTTGGATGCATGCCTCTCGGAAATGGGTGGTATCACCGCCT
 TGCGTGACGAACTGCTGAAATTTGCACGCAATGGCACTGACTATCGTTCGAGGGGACTGCCCGGCTGCGCCACCCGAGAAC
 GCGTGTATCTGGGCTGAAGCAGAATCTGTGCGATTGGGCTAGAAGCGCTGGCGACGTGGATTGCTCCGCTCAGGGCTT
 CCTAACTCCCTTGACCAGTCTTGGCCTGAGCATCAGCAGTAGCTCGTTAAACCGTATCAAGCCGAGCCGGAATCAGCCC
 GGCTTGATCAGTGACCTAGCGATTTCGGTAGCCGCTGAGCGATCACGACAAAGAAACGCCGGCATTTGCCGAACGTCGACC
 AGTTCAGCAGCAATTTGACAAGGGGCTGCGTAATCATAAAAATGTATATCTTTACTTGGAGACTATGACTCATCATAACG
 AATCGCTCGCGAAATTCGAAACCTGACTTCTTATAAAGACTTACTGCTTTAGGATTATTTTCGTCCACTTCTAGATGAAC
 TATTGCGGCACCTTGGACTTCAAGAAGGACTTGACCTTTTCTAGAATCTCACTGCCAAATCCCTGTCTCGGCACCTGTT
 CATCGATATAAAATTCATCAATCCAGACCTCAATCCCCCTGAACTCGATACTGTAGCAATTTGCAAGTAGCAATATATCCA
 ATCTGCTTGTGCAAGACAAATAATCCAAACGTTGCCCTTTTCTGAAGATGACAAGAGAGGGCGAAGTGCAGCCAGCCT
 GTCTTGTGATCATCTCAATACCATCGTATAGGTGGTATTTTTTTCATTAGCTCCACGAGTAAGAGCTCATCATCTATTG
 AGGCTGAGATCAACTTGATATTTGAATTTTTGCTCATGGCATCTTCCAGATCTTGGTTCATCATTTACGCCGGCAACGAT
 TACGACTATGGCGCTCATGCGCTTATATGCGTCCGACGAGCTAAAGTTTTTCGCTGAGTATCTTTGGGTCAACTATTGCTA
 GCCAATGACTTAAGGCTAGCACAATATACCGGGTGAAGACTGACCAAAACCGGAGACCACCGCAACGTTTCCACCAGCAGAT
 AATCGCCAAATAAAAAGCGCGTATCCACCGCGTGAAGAGATTGCTCAGCGCATACACCGCCAGCCCTTTGGTGGCAT
 TTCGGAGACATCCTTTGCGATGGAATGGCGCCATTTCCGAACAGCAGCATCAGAGTCCCGCAAGACCCGTAGCCGTGCAT
 AGTTAAACATAAGAACCGAGGGCAGGCTGTGACTCAGGAGCAGGTGATCGTATAGTAGCGTAGCCACCCGCCAAAACT

GCTGAACCTATTAGAAGCAATACTGCTGATAAACTTATCGAGCCTGGTCTCCCTTTGCCGATTGCCACAGCAAAGTAAAC
CCCGACAAAACCAAGGCAATGCCGAGCAGCTCAATCCCTGTTGGCGAATAGCCAAGCAAGAGGATCGATACGACAAGCA
CCAGCAAAGGAGTTAACTGATGAAGCGCAATCGCAGTAGAGATATCGACCGACTTCAGCGGCATTGCGTATAGGAAATAC
ATTCCAAAAATGCATAATCCTGACAGCAGGTTTCAAAGCGCTGAGGTTGTGTCAAAGTCAGATGGTGTAAAGAGAAGAAA
AATCAGCGCAGAATAAAGAAGATTTCCAATGCTCAGGAGAAATATAAATGTAGTCCAGTGAATTCGCATGATGGATCACTG
CCAGCTTGTCCAGGATATTTGAAAGGCTCCACAGCAGTGGAGCCATAAGTGCATAACTAACCAGGTCATTTTCCCTCGAA
GTACCTCTAATATGGTATCGCGACTATCCTTCAATAAAACATGAGAAAAGTCGTGGTGTTCATGGTCAAATATAAAGGTT
CGCTGATAGTCGAAGCTCTCTGAAGTTTCAATCCACAATCTTGTCTAGAATCGCCTCAACCTCATCAAAGCGATGAGA
GTGATTAAGGCGAAGAATTTTCATTGCAATTACCGTAATGGCTGCCTCATCACGGGCAGCATATCTAATCCAGGTTGAAA
GAGACTCGTTTTCAAACGAGTCAAAGAAGCTTACATCTTGGCTGTAGGCTCTTGTGCTGGTCACTTCATCAAATGCGATA
GAGAGAAGAATTGTGAATTCATCCTTCATGAAGTCTTCGATATGAGAAAAGTCCGGAGAGTTCGATCTAATCTCGCGATC
AATCATGTCTTCCGGCATGGAGTAAAGTACGCTATTAATCTTTCTCAGTCCGCGATAATGATTTTGGCTCATCGAGATGCC
ACAGGCATACGAACCTCGATAAATTCATTGCTAAATTTGAATGTGCGGACGGCCAAAACAAGTAGCGCAAGAAGTTTATTGAA
TCAAATTCAGAGCTCATGTATGCCAAAAGAAAGGCCGACGCTCCTCGAGCTTTGAGGGATTCGACTTTATCTGTTCAAT
TGACAAACCCTTCAGCAACTCCAGGGATGACCATTTCGTAGCTTTTAAAGACCAATACCCGACTTAACATTTGACACTTGAA
CGCTCCTTGTTCAGAGGACAAAATTTGAGAACAGCCAGGGAGAGTGCCTATCTATGGCCGAAAAGGTCCTGGGTTGTTT
TTGGTAGGATTCAGTCCGAATAAACCCTTTTAGTTTCGCTAGATACTGTGAAATATAAGATAGTGCCTTCATGATC
CATGTCTTCGGCTTCAATTATTCCTGCCGACGGATGGCTCAGTATCCATAAGTAACCGGAAAGAACTCCGGCTGCTACCT
GTAACGTTGTTGCAGTGTGAGAGTGGCAAGTTTCCCTTGGCCTTTTTCGATGCTTAAGATAGATCCATAACCAATAACTAGAT
TTTTTCGTGCCCCATAAGAAGAACACCGAGGTAATCAGAACCCGACAATATATCACCAGGACGAAGTACTTTTTGTCTTTTC
TGGAGTCATGCAATCATTGCCGAACCATTTCATGTACAGAGAGAATTGCTTCATCGCTTGGGCGATAGGCATAATGGACAG
TTGGTCTATATGTCTCATCGGCAGTTCTGAGCGTCAAAAAGTCAGCAATTTGAAATTTGCCTCGTGATGAGTTACCAAATAA
CCTAAGCTAGGGCCGTTAAATGGCGTCCATGTCTTAACTCTAACAGAGGCCCTGGCTTCTCAATATAGATTTGCTGCTCC
GCATCCATCTGTATGCATTGACGCATCCGTGGGTAGACTTCGCTCGTGACTTCCCAGCCAACTCTGCCGGTTGTTGCG
ACTCACTTATGAACCCATGCACTGACCAAGTATTTACGAACCTACCCCTCTCCCTAGATTTCTGAGAAAATTTGCGAGTCG
TACTCTGCGCATGGATTTGACACCAATCTTGGCTTAGGATAGCCCACTGCTCTTTATTAGAGGGCTTTTTTACA
ATCACCCAATATCTTCCGCTAAATCTAAAAGAGCAGCTTTAACGAAGTGGGATACCAACCCAGGATTCGCGCCATGCG
CCACGAGAGCCGTCACCCCTGAGCCTAGCCTCTTTTTTACAGACAGCATTTGTTCTCTTAAAGTAGTAGTTAGTTTCGCTTA
TGCAGTGGTATGGTTGGGTCATCATATCCGCCCTTCCACGGCTCAATGCATGTGTCTAAATAAAGAGCCCTGCGGAGCG
GCATAATTCTATCAGGGCAAGACTTGAGACATCGGTTGATAGATTTATTAGAACCGTCCCTTACCAAGAATCGGCACAA
GAATGTCGCGATAGTTGATTTGATCAATTGCAGAGTTGATAAATTTTAAAGCCAAAACCTGTAGCAAAAGTACTCAATAAGC
GGTGGTGTTTTTGGATCGATCGCGTAGATTTCTAAAGTAGATAAGTCGTGAACCTTAGAAAAGGAGAGGAAGGAAGGACTG
GGCAATCGTTCCTAGTCCCACAAAGACAATTCGCTGGGGGGGATTAATGAAAAATCCATTCAGCATCCTTACTGTCTA
TTATGAAAATCTGTTTCCCTATGCCTGCATGTCTACTTTGAACTTGGCTGGCATGTCAAATATTTTTTCTGGATCGCCTA
TATTTTCTTTTTAAATCAAATACTTAATCGATAGTTAACTTCGGAGAGGGAGGTGCCAACTGGGCAGGTTTTTAGTCAGCT
CCGTGGCAAGTGACAATGATTTTCACTTGCACATCACGCACTATGCAGTTTTTGGGCTTGCCCGCTTGAAACTCCCTTCT
TATCGCCGCACTCGTTGGAGCTTGCAATCAAGACTGGCAGCCAGGCCAGAGAAGGGGCCAGGCCTTAAACCGCAGTGGAG
CGCTTGACCAGCGTTTTCGGTCGACAAGGCCAGGATCAGATCTAACACTGTTGGCGGCAGCGGTGTTGATGGTTCATGTGTC
CCTGGACGTCTTCTTCTGTTGGGGAAAGAAGAAAAACGTTCTTTCGCGCGCGCGATCAGGATATCGGTGGACTTGATGC
TCGTGCCTTTGCGCCGCTGCTCTTGCCTTCTTGTCCACTGCCTGGATATCGCCGTTGGCCACCAGCGACATCCAGGGCC
AGCTTACGCGACTTTTCGTCTGCCATGGTGAAGTTGGTGGAGCTCCGTCATGAGCTGGATGAAGGGACGACGCTCGACTTC
GAATACCTGTTTGGGTAGCAGCTCGGACAGTTCCCGCGAATCCGGGTATCAGTCACTTGGTCAACTGGTGTCTCCTT
CGCAGAGTAGGTCGGCTGGCCGCTCAGCCCACTCCCGGTCAGCTCGTAACCAAGAAGCAGGACGGTGATAACAGG
TGGAGAGAAATGTTTCCGCTACTTCCAGTGTATGGCTTTTATCAGCTCGTGGCGCGGTAGCTGTTCCGCAAGTGGATGAA
CCAGTAGGCCATGGGGTTGGTGGCGTGTGGGCGAATGAAGAACACCGTCATGAACCTGCGCGCCCTTTCTCGCTTGATCC
CGTCCGACAGATAGCGCTGGATCAGGTAAGTCCCAATCCTGGGAGCTATGTGCTTTTTAAGTGGCGTAGCTGTTCCAGGGG
ACATACTGTTCTAGACCGATACTGGCAATAGCCTTGGCGTTGGCGTGGCGGTCCGCTAGGTACGTGATTAGAAAAGTCGAC
ATTGAAGGTCAGCAGGACCTCAGCATTGCTGAGGTGCTGGAAGATCCATTTGATCTGGCCGAATGGCACGCTCCCGTAGC
CGTACTGATCGAGCAGAAACAGAACGCGCTCGCTTTTTTCAAAGGCCTTGAGGCTTTGCGCAATGGCCGGAAGAGCTTTG
GTGAACCTGGCGGTATGCAGGTGAATGTCTTCCAATGCGGGCCTGATGTCCGCGCTGGCCAGGACGGCGTGCAAGCA
AGCAGTATTCTTCGGCTTTCACATCCACAAAGTGTGCTGCGAGCAGATCGGTGATACTTGTATGCGCCCCACGTTGTTGC
GCACTTCCGACTCCTGGATTGCTTCCAGGGCGATCACCGGGGAGCCGAAGTGGTACCCTGCGCTGTCGTTATATATA
CCTCCACCCTGAAGCCATCGACAATTGATAGGCCAAGCAGTGGCATTGCTGATTCCGCATCAGGACATCGATGTAGGC
CTGGATGTAGTCGTGATGATCTGGTGTGTTGCTGTGTGGGTCGATGGTGGGAAAGGTTTGGGTTGCCAGTCCC
AGCGGTACTTCTCGTCATCCTTGGCCATCGGGTCTCCTTGTTTTTGGTATCAGGCGAGGGTCAGCAGCGGAATTTTCATCC
CAGGTCTGGCCCTTCAGCAGCCGGCCATTAGCTTTCTTTGAAACGCTTACGCCATCGGAGCCCCAGCCGCCCATTTGTTT
GAAAAAGAAAGCAGCGCCAAAGGCATCGCACTGGCGGTGGATGTTATCCACCCTCCTGCTTCATTTGGCCGGGCTTGG
CGCCGACTCGCCGCGGACGATGACCCAATGGATGTGAGTCAAGTTCAGTTACCCAAGTCTTCTAGTAAGGGTTCCGCG
GAGAGGAAACGGATCGCGGCTTGGTGCACGCAGGAGTTCGATTCTGGGCACGCGTACTCCCGGTCCTCGACCGAGAC
CCCCAGCCAAGCGTTGGCCGGCGGTGTGCGCTGCTGAAATAGTCGGCCAGGCGCTCGGCCGCTTAGTGAGGATCTGGA
AGGTGTGCTGTGAGGCTGGTGGATAACCCGCAACACCTGGTTCGATGTAGGTGTCGGCACCTGCTCATGGAACAGGTC
GACATGGAATTGACAAAGTAGATGGTTCGCTTCTTGCCTGACAGGCTCCTGCAGTTTCTTGGGCGCAGGCTGAGGCG
AAAGCCGTTCTCGTAGCCGGCGTGGCCATGGCCTGCAAGCGACGCGCCATGTTCTCGGCATAGCAGTGTTCGAGCCCCG

GCGACACCTTGGTGCAACCCACCACCGGGTTCAGGTCATTTCCGTCCATTCGATGCTGGTCTGCGTACTCATTGCACCG
TCACTCCTGTTCGTGCGTTCGATGTTAGTGAGAAGCTGGCACTTTCAGTCAAAGTTCGTCGGCATTTCAGTTCGAGAGCAGGCCTC
GCAGCGAGGCCGCCAAAGGAGATGGCAGGGTTCGATGTAGCGCATCGCCGATTTGATGTCCTTCCACCCACGTAAGTTCAT
TAACGCCTTAATGTCCAGCCATTGGCCGTGGCCAGGTGGCGAAGCCTCGACGCAATGAGTGGCTGGTGTAAAGGTCAG
CCTGGATCCCCGCACGCTGGAGTATCTGCCGAGTAGGACGATCAGACTGCCAGGATTCAGCCAGCCTCGTTCAAGTTG
CCCCAACGGTCCAGCCGACGAAAAACCATCCCTCGAGCAATCCCTGCTGCACCGATCCAGTTCGAGATAGGCCTGTACTGG
GCACAGCCGCCTCAGCGCAGGTACGTAGTGTAGTGGTCCAAGGTTGTCCCGGTACCCCTTGTCCAAGGCAAAAAACAGCG
TCATGCCAGCACCCGGCTTCGGCTTGAATGTGCTCCACCTGCAAGCGGCACAGTTCATCGCTACGAAAGCCTCGCCAGAAG
CCGATTAGTAGCAATGCCGATATCCCGCCGACAGCGCAAATATCCCGCCAGGTCTTCGGCTTGAAACAGACACATAGCCTC
CTGCTCCAACCACTCAACCGCATGCTCCAGATGCTGTAATTCAGCGCGCGCGCCTGCTTGTCTGGTTCGGGTGCAGGG
TGCGAATTCCTTCAGTACCTGGTGTACGGTTCGGGTCTTGGTGGGATCGGGGAAGCCGTGCTGATATGCCACTGCGCG
AGGGCGCGGAGGCGCTGCTTTAGCGTGTGAGGCTCAGCGTGTGCGGCTAGTCCACCAGGTAACGCACGATGGAGTCACT
CGTGGCCGGAAGAAGCCGCCCCAGGTCACCTCGAAATGTTTCAGCGCCGACTGGTAGCTACGCCGGGTGTTTTCCCGCG
TGCCGGCTTGACAGGTAGCGCTCGACGTCCTTCATCGCCGTGCGTGCCTTTGTGTACTGGGAAACGACCGCGAAGCAGC
CGTTTTTGCCAATCATATTGAATAATCATCGGTTATTTTATCTGAAACAAGCCTTCAAATCCTGCTTTACTTCATGACAA
TTTAGTATGTAATAACATGGTATGTAATCCATTATGAAATCGTAGGAGCAGACCATGGCCCGGGCGGCATCAACAAGGC
ACTGGTTCAGAAAGCCCGCCAGGCCATCCTGGCGGGGGTGAAGAATCCAGCATCGACGCAATACGGGTTCGAGCTGGGCA
ATACCGGCTCGAAAACCACCATCCATCGCTACCTGAAAGAAGTTCGAAGACGCCGACCGCGCCGGAACGCGGCCGATTC
CCGCTCAGCGAGCAGTTGGCCAACCTGGTGGCCAGTTGGCGGATCAGCTCAAGGAGGAAGCGCAGGCCGACATGGCCCA
GGAGCGCAACAACCTGGCACGGGAACGACTCGATTACCAGAACCAGATTTCGGCAGGCCGAAAGCCGTATCCAGCAGCTGG
AAGGTCAGCGCGCTGGGCTCACGGAGCAGTTCCAGGCTGCCCAGCAAGCACTGCTGCAGGAACAACAGCTGCGCCAACAG
GCCGAGGTCGAGAATGCCCGCTGCAGCAAGCCAACCACGACCAGGAAGCGCGCCTGCAAGACCGCGCAGGGCAGATTTCG
CTCGCTGGAGGACAAGCATCAGCATGCCCGTATGCCCTGGAGCACTATCGCCAGGCCAGCAAGGAGCAGCGTGAGCAAG
AGCAGCGCCGGCACGAGTTCGAGGTACAACAACCTGCAACTGGAAGTTCGACAGCTACAGCAGACCCTGATCGTCAAGCAG
GACGAGCTGACCCACCTGAACCGCGACAATGCGCGCCTGCTTGGCAGGGCGCGGCAGCAGCAGAAGGATCAGCATGCGCA
GCAGAAGCTACTGACGCGAGAAGGCTCAGGCTCTGGAGTTCGCCCAGAACAGCTGACCAGCATTTGTACGTACGAATGAAG
CCCTGGAGCAGCGCTGCCACGCTCTGCAGGATGAGGTGACCCGGCTTGGTGAAGCCTCCTCGATTTCAGGCACAGCAAACC
CAGAGCCTGCAGGAGCGTCTGGCTAAAGCCACCGCGCAACTGAAATTGCTCGGGCAGGCACCGCCACGAGCAGCGGTGG
CGCAAGTAGCTCATGATCCGGCACACTGAGGTGAGAAGCGGAGTGGAGGTTTCAGATGACGCTACCCTACGAACGTACCCG
CTCGGTGGTGCAGGCCAGGAGTTTCTCGTTCGAGCTCTCTCGTGACACCACCTTGTTCGGAGTCCATCCGCAATGAGGCTC
GGCGGCTGCTGTGCTACTACCCGAGCAAGGGCGACATGCTGCAGGCCGGCCGGAATGAGGAGCAAGCGGCGGGTTCGATT
TTCGAGCCTGTCTTCAGCTCTTCGATTGAAGACTGAACGGCTACCCTCCTGATATCTGCGCTCAGGCTCAGCCATCGCC
CCAGAATTCGTCACGCCGACACCAGGCCGAACCTCATCCTTCGTGGAATCAGGCTCCTCGTCAACATGGCGTTGACCATGC
GCTCGCGACGTAGGCCGCTTAGTGTGCGGAAAAACCAAAGCTCGCAAAGATGAACCTTGTAGCGCTCGCCATCATGCTTG
GAGCCATACCCCCAGTGTGCCTGAAGGGTTCCAAACTGTTGACCATAACCTTCAACGCTAGTGTCTGGCGGCAACATC
ACAGGTAATGTCTACGACCGTTTCAACCGGTTGAGCGGCAGTGTGCTCCATGATCAGTACCTCCTGCGACGTTGAGGAA
AGGGCCATCCAAAAGCCTCAAAGTCGTTTTCTGCGCTACGAGCGGATCAAAAACGCTGTTCGGCGGATGGGAATGGAGTTCG
CAGCACAAGATAGAGGCGGGTGTGGTTAATGCGATCATCGCCCTAGGGCTTTTCATGATCAAAAAACGCTACTTACAGACC
AAATGAATGAATTTCCCCCTTATCTCGGCATGCC

12.3.5 SpB-Insertion

Sequenz der SpB-Insertion Contig 1, 83175 bp

TTGTGTTACCCGCTTCTCGGACACGGCGCACTATCTCTACGCCCAACTTGCCCCCTGGGCCAGGGATAAGCAGGGCATG
CACGCAGCGGTTCGTACCCGGCAGCGCCGGCATCCAGTCCACCTTTCAGGTTTCGCGCAAGAACATGGGAGACGTGCTCTC
AGCCTTCGCGCCGCGCGCAAGGAGCGCCCGCAAGACCTGGCGGATGAAGGCGAAATCGACTTGTGATCGCCACCGATT
GCATCTCTGAAGGGCAGAACCTGCAAGACTGCGACTGGCTGATTAACCTACGACATTCAGTGGAAACCGGTGCGCATCATC
CAGCGCTTCGGGCGTATCGACCGCATAGGCTCGCCCAACCAACGCATCCAGCTCGTGAACCTTTCGGCCCAACATGGAAC
GGAGGAATACATCAACCTGGAACAGCGCGTTCAGCGGGCGCATGGTGTGCTCGATATCTCGGCCACCGGCGAAGAAAACC
TGATCGAACAGCAGTCCGGCAACGCCATGAACGATCTGGAGTACCGGCGCAAGCAACTGCTCAAGCTGCAGGACACGGTG
ATCGACATGGAAGATCTGTCCACCGGCGTGGCGATCACCGACCTCACCTGACCGACTTCCGCATCGACCTCGCGCAGTT
CCTTAAAAGCCACCCCGGAAGCTGGACACCCAGCCGCTTGGGGCTTTTTCGGTACCACCACGCTGGATGCCGACATTC
CCCCTGGAGTATCTTTGGCTACAAGCCTCGCGCCAGCGCAAAATCCCGCGCTCGTCCGACTACCCGCTCGCGCCGC
ACTACCTGGTGCATGTTCGGCTGACCGGCCACGTATTGCTGCCATACCCGAGCCAAAGCGCATCTTGGATCGCTCAAG
CGCCTGGCGCTGGGGCGAGAACGGCCGGATGACAGTGCCTGCGCGCGCTTCGACAAGGCGCAAAAAGCGGTGAGGACAT
GCGCCACGCCCGAAGCTGCTCGCGGCGGCCGTGGCATCCGTTCGCCGCAAGCATGAGGAACGGGCCGTTGCCAGCCTCT

TCACACCTGGCGGCACGCACGCCATGAAGGGCGAGTTTCGCTGGCAGTGACGACTTCGAGGTTGGTGGCATTCTCTCGTCGTG
CTGCCCCGATGAAAAAAGTATTTGATTACAAGGACCCGCATGAGCTTTCGCACCGCCGAACCCGCATTGAAAGATGTCCTC
GATGGAATCGCATCGGGGCAAATCCAGCTTCTGACTTCCAACCGGGCTGGGTGTGGGATGACAACCATATTCGGTTCGTT
GATCGCGAGCCTCTCGCTGTCTACCCGATCGGGCGGGTCATGTTTCTGGAAGCAGGTGGGGTACCCTCAAGCCCCGGC
TGTTTGGCGGCGTCAACCTGCAGCCTGCGCCTACTCCAAAGACCCTCGTACTTGATGGTCAGCAACGCCTGACCTCGATG
TACCTGGCGCTGCGCAGCGGCCAGCCCGTGCCGACGCGCACGGAGAAAGGCGCGAACATTCGCCGCCTGTATTTCCCTTGA
CATGGCCCAATGCCTGGACGAATCGGCAGACCCGGAAGAAGCCGTTCTCTCGGTGCCGGAGACGCTGCAAGTCACGTCCG
ATTTTCGGTTCGAAGGTTGAGCTGGACGTGACGCTCAGCAGCCAGACTTGCAATACAGCCAACGCCTCTTCCCTGTGACATTGCTT
TTCGATATTCAGGGTTTCATGGCTTGGGAAGCCGCTTACAGCAGCTTCCAGCCCATCACCAGTTCGCAGCGGAAGCGATGCAGTTCAT
GCAACGATTCCGCAACGCATCTGGCTACGCTTCCAGCAGTTCAAGGTTCCCGCCATCGAGTACTCAGGACACGCCAC
GCGAAGCCGTGTGCCAGGTGTTTCGAGAAGGTCAATACCGGCGGGCTGACGCTCACCCTTTCGAGCTGATGACGGCCACC
TTCGCAGCCGATGAATTAATCTGCGTGACGACTGGGAGGCCCGGGCGGGAGCGGTTGACCGCCAAGCATGACGTGCTCAA
GGCGGTGGATGGCACCAGCTTTCTCACCAGTGACTCTGCTAGCCAGTTATCAAAGGCACAAGGCACAGGGCAGCCCCG
TCAGTTGCAAGCGCGCCGACGTGCTGCGGCTGCCGTTGGCGGATTTCAAGGCGTTCGAACCCGCGCTGGAGCAAGGGTTC
AAGCGCGCAGCAGAGTTGCTTGCAGAAGAAAAATCTTCGACGACCGAAGCCTTCCCTATGCCACACAGCTCATAACCGTT
GTCGGCCATCTGCGCTCACCTGGCAGACCCGACGACGCAACACGGCGTCAAACAGAAGCTGCTGCGCTGGTACTGGAGTG
GTGTGCTTGGCGAAGTGTACGGTGGCGCCAACGAAACCCGTTTTAGCATGGACATCCAGGATGTGGTGCCTGGGTGCAA
GGCGGCAGCGAACCCGCGCACGGTCCGCGATGCCAACTTCGCACCGACAAGGCTGCTCTCCCTGCAAAGCCGCTCGCTGC
GGCCTACAAAGGGCTGGCCGCTTGTCTCATGAAGCACGGTGGCCGTGATTTGCCAGCGGCACGCCAATTGATCTCAATA
CCTACTTCAACAACGCCATCGACATCCACCACGTCTTTCCCGCGCCTGGTGCGAAAAGCAGAAGCTGCCCAAGGAAAAG
TGGAACAGCGTGGTCAACAAGGCTCCGCTGGCGGCAGGCACCAACCGCTTCATCAGTGGCGATGCCCCAGCGTCTACCT
CGCCCGTATCCAGAAGGCCAAGCAGGTTGCCCCGACAGTCTCGATGAGTTTCTGACTTCGCATGTGATTCGGTACAGG
CACTTCGCTCGGACGACTTTGATACTTTTCATCCGCCAACCGCTGCTGCGCTGTTGAAGCTCATCGAACAGGCCATGGGC
AAAGCCATTGCCGGACGCGACAGCGAAGAAACCATCAAGGCTTTGGCGCGGAACTGTCGTGATGAACCGGACGGATGTC
GTTGCAGCACTGTGTCTTCCCGACAGCGCACGGGTGGATCAGCGCGTCCCAAGAAGCTGTTGCTGGAGAACGGTGCGCC
CACGGCATCCGACAAGCCCTGATCACGGACCGGCTTGAAGAAATCCAGTGGCTTGCAGCTCAAGCCCAACACCATTTG
GCTACCCAGTACCAGGGACGCGCAGCGTGAATACCTGGAAGTACCAGTGGCTTGGCTTGCCTTGCCTGGCAGCTCAAG
CCCGCCAGTCTCGCTCGCCTTGCCGAATTGATGCATCGGGCCGTGCCGTATCCCGTGTGCTGCTTGTGTAAGGCCAGGC
ACTGACCCTCTCGCTGGCGCACAAACGCTGGGCGCAGAACGAGGCAGGTAAGGTCGTGCTCGACGGCGACCCCGTGTGG
CCTCGCTGCCCCACGCAACCGAAGATACCGCCGAGTGGAAGACGCAATAGCCCCCGAAAATCGAGCGCGCCTTCGTGCAG
TCCCTGTGATTGCACGCCAACCCAGACCAGCTGCATGCCCTTATCAGGGTTGGATGGAGCGCGTGTGGGCCCTTGCA
GGCGGCACGGCTGACGGGAACCTACCAGGCTGACACAACCCCGGAACAAGCGGCTGCCCGCTGGCAGGCGCTGGCTGATT
GTGAGCGGCTGGAGAACGAGATCGGCCGCTGCGAGCGCAAGCCACCAAGGAAAAACAACCTGGCGCGCCAGGTAGAACTG
AACCTGACGCTCAAGCGCATCCAGGCCGAACTGGCCGCTGCGCGCCGACAACCTTGAAGATTGAACGAATGACGGAGAAG
ACCATGGA AAAACTCACGGCAGCCAGCCCCGAAGCCAGTCCGCCGACTTGGTGGCGGCAAAATATCGAACAGCTCAAGGC
CCTGTTCCCGGAATTGATTACCGAAGGCGCGGACGGCGTGGCGGTGAATGTGGACGTGCTCAAGGCGTTGGTGGGTGATG
CCAGCGTGACCGACGCCGATGAGAAGTACGGCCTCAACTGGCACGGCAACCGCCGCGCGGCAACTGGCGCTGACGCCC
AGCACGGGCACCTTGCGCCCTGCCCGGAAGACAGCGTGGACTGGGAGACCACCCAGAACCTGATGATCGAGGGCGACAA
CTTGAAGTGTCAAGCTGCTGCAAAAAGAGCTATGCCGGCAAGGTTAAGCTGATTTATATCGACCCGCCGTACAACACCGG
CAAGGATTTTGTGTACCCGGACAATTTTCAGGACAACATCAAGAACTATCTGGAAGTACCCGGACAGGTAGAAGGTGGGC
AGAGAATTAGCAGCAATACCGAGGCCAGCGGGCGGTTTCATACCGACTGGCTGAATATGATGATCCACGACTTAAGCTG
GCAAAAAATCTTCTCTCGATAGTGGATTAATAATTATCTCCATTGACTCTTCTGAAGCCACTAATTGCGGCTAATTAT
GGACAAGTTTTGTCTCAAGAGAACTTCACTGGCTACTCGGCATCATGAACTGAAAGGCAATAACGATGCCCTTCG
CTTTCGCGGATTTACTGAATTTACAGTTGTTTATGCTCGGAATAAAGAAAAATGTGTGTTTTCACCTCCAGTGTCA
GAGGAATCGCTAGATGATTGGCTGGAAGATGAGCGTGGCCTCTACAAGCGCGCTGACACTTTAAGGCGGACAGGGCAGGA
TGCATCGAGGGAGCGCCGTCTTAACGGGTGGTTTTCCAGTCTTTATTGACGAAAAGGGTGAAGTCTACGCGACGCTTGATG
ATGAGCCTCGCTCAGGTTTCAGATTTAACTCTATGGCCAGTTTCAGAGGCAGGCGAAGAGCTCTCTTGGACGTGGAGCAAA
AAGAAAATAAACGATGAAAACCTTAACTTGATTGTTGTTGAAGGTAGGTGAGGAAAAGAAATATCTACAAAAACAACGAGC
CACTCTCGGCGACCTCCCAACCAGCAAGCCAAATCGATTCTCTACAAGCCTGAGTACAGTAGTAGTAATGGAACGGCCG
AAATTTTCATCGTTGCTGGGAAGCAATGTGTTTCGATAGCCCTCCAAAACCTCGCTCATTAATTCGTGACTTTGTAACAATT
GGTACGTCTCCTCAGGACATCATTCTTGATTTCTTTGCTGGAAGTGAACAACCTGGTTCATGCAGTAATGGCACAGAATTT
CTTAGATGAAGGAAACCGTAGATTTATTCTTGTTCAACTCCCCAGTATCTCGATCCGGAGGATAAGGGGCAGAAAAATG
CAGCCGAATTTCTGCGACCAGATCACCAGCCTCGTTCTATCGCAGAACTCACTAAAGAGCGCTTACGCCGCGCAGGCACC
AAGATTAAGGCTGAAAGCTCTGGCTGGCAGGGCGACACCGGCTTCCGCGTCTTCAAGCTCGACACCTCCAATATCCGCGT
CTGGAATCCCAAACCAGACGATCTGGAAGCCACACTATTCGACCATCAGGATCATCTGCTCGAAGGTCGCAGCGAGGCTG
ATGTGCTTTACGAACTGCTGCTCAAGTTGGGGCTGGATCTGTGTGTGCCCATCGAACAGCGCAATATCGAAGGCCCTCAC
GTCCATGCCATTGGCGGGCGGCTGCTGCTGGCGTGCCTGGCTGAGACCATCACCCGCGAACAGGTAGAGCCGCTCGCCCA
GGGCATCATCGGCTGGCACAAGGCGTTGGCCCTGCCGGTGCACACCTGCGTGTTCGCGACAGCGCTTTTGCCGATG
ACGTGGCCAAAACCAATCTCGCAGCCATTCTGGAGCAACACGGCATCCAGAACGTGCGCAGCTTGTAAAGGGGCTTGCCA
TGAACCTGCACCTCGAGCCCAACCTCGACTACCAGATCGAGGCACTCGAGGCTGTATGCGATCTTTCCGTGGTTCAGGAG
GTCTGCCGACCCGAATTCACGGTGACCATGAAATTGCCCGATGACGTGACGTGACTGGGCGTGGCGCAGTCCGACCT
TGGCGTTGGCAACCGCTTGACCCTGCTCGATGACGAGCTGCTCAAGAATCTGGCTGACATCCAGTTGCGCGGTTGGCTTGC
CGCCTTCCAGTTCGCTGACTTCGGGCGACTTCACTGTGGAATGGAGACCCGGCACCGCAAGACCTATGTGTATCTGCGC

TCGATTTTCGAGCTGAACAAACGCTACGGCTTCACCAAGTTCGTGATCGTGGTGCCTTCAGTGGCGATCAAGGAGGGTGT
TTATAAAACCCTGCAGATCACCGAGGAACACTTCAAGGGGCTCTACGCGGGCGTACCCCTTCGATTACTTCTATACGACT
CCGGTAAGCCGGGGCCGGTGCGCAATTTTCGCCACGAGCTCCAACATCCAGATCATGGTGGTGACGGTGGGCGCCATCAAC
AAGAAGGATGTGAACAACCTCTACAAAGAGAGCGAGAAAACCGGCGGGCAGAAAGCCATCGACCTGATCAAGGCAACCCG
GCCGATAATCATCGTGGATGAGCCGCAAAGCGTGGACGGCGGCATGGAAGGCCGTGGCAAGGAAGCACTGGACGCCATGA
ACCCGCTCTGCACGCTGCGCTACTCCGCTACCCATGTGGACAAGCACCACATGGTATTTTCGCTCGATGCCGTGATGCC
TACGAGCGCAAACCTGGTCAAGCAGATCGAGGTGGCGTCCGACCGGTAGAGGACCGGCACAACAGGCCCTTTGTGCGCCT
GGTGAAGGTGGAACAAGCGCGGGCCGCATCAGCGCCAAGGTCGAGCTAGATAAACAGACCGCCACTGGTGTGCAGCGGG
CTGAAGTGACGGTCAGCGACGGCGACGACCTCCAGCAGAGCGCCGATGGCCGCGCATCTATGCCGATTTTCGCGTCCGG
GAGATCAACACGGCCAAGGGCGAAGCGTTTCATGGAGTGCCTACCCCGGTGGCGAGGTGTTTTGCAACCTGGCCAAGC
CCACGGTGATGTGGATGCGCTTGCCGTGCAACCGGAGATGATCCGCGCACGATCAAGGAACACCTGGACAAGGAGAAGC
ACCTGCGCCCCGCTGGGCATCAAGGTGTTGAGCCTGTTCTTCATCGACGCGGTGGACAAAATATCGTCAGTACGATGCGGAC
GGCCAGCCGGTCAAGGGTGTGTATGCGCAGATGTTTCGAGGAGGAATATCGCCGTGCCGCCAAGTTGCCGGCTTACCAGAG
TTTGTTCGCGAGATCGACCTGGAGTCCGCGCCGAAGAAGTGCACAACGGTTATTTCTCCATCGACAAGAAAGGCGGCT
GGACTGACACCGCCGAGAACAATGCGGGTAACCGGGAGAATGCCGAACGCGCCTACAACCTGATCATGAAGGAGAAGGAG
AAGCTGCTGTCTTCGGTACGCGCTGAAGTTCATCTTCTCCACTCCGCCCTCAAGGAAGGCTGGGACAACCCCAACGT
GTTCCAGATTTGCACCTTGCGCGACATCCAGACCGAGCGCGAGCGCCGACACCATTTGCCGTGGCTGCGTCTGTGCG
TCAACCAGGATGGCGAGCGGGTACGCGGCTTTGAGGTCAACACCCTGACCGTGGTGGCCACGGAAAACCTACGAACAGTTT
GCCGAAAACCTGCAGAAGGAAATCGAGAAAGACACAGGCATCCGCTTTGGCATCGTGGAGCAGCACAATTTGCCGCCAT
TGCCGTGACTGGCGCTGATGGGCACGCCGACCGCTGGGCATCGAGCAATCAAGGCAGTGTGGGAGCAGCTGAAAGCCG
CCGGCCATATAGATGCCAAAGGCAAGGTGCAGGATTCAGTGAACCGCGCTGAAGAACGGCACCTTGGAACTGCCGGAC
GAGTTTGATGCGCAAAGGCCAGATTGCTGAAGTGTGCGCAAGGTGTGGGCGGGCTCGATATCAAAAAATGCCGATGA
ACGCAGGCAAGTGGCGCTGCGCAAGGGCAAGGATGGCAAGGCCGTTTATCTGAGTGACGAGTTCAAGGCACTGTGGGACC
GCATCAAGCACCACAAACAGTACCGCGTGCAGTTCGATAACGCCAAGTTGGTGACGGATTCATCGCAGCGTTGCAGAAG
GCCCGGTGATTGCCAAAGCAGCACTGCAATGGCGCAAGGCCGACATCTCTATCGGCAAGGCGGGTGTGCGCGCAGCGGA
GAAAGCGGGCGCGGACCGTGGTGTGCTGACGAGCGGATATTGCGCGGATTTGCTGACCCGACCTTCAGGATCGCA
CCCAGCTCACCGCGCACCATCGTCAGCATCCTGACGGGAAGCGGTGCGCTGAACGATTCAAACGCAATCCGCGCAG
TTCATCGAATTGACTGCCGAAACCATCAACCGCTGCAAGCGCTTGGCCCTGGTTCGATGGCATCAAGTACCAGAAGCTGGG
TGACCAGCATGTCTATGCGCAGGAGCTGTTGAGAAGGAAGAGCTCACCGCTATCTCAAGAACATGCTGCTGGATACCC
AGAAGTCGATCTACGAGCACGTGGTGTACGACTCGACCACTGAGCGGGATTTTCGCCGATGGGCTGGAGAAGAACGACGCC
ATCAAGCTCTACGCCAAGTTGCCAGGCTGGTTCAAAGTGGCCACGCGCTGGGCACCTACAACCCCGACTGGGCGGTGTT
GGTGAAGAAGACGGCACTCAGCACCTGTATTTTGTGGTGAACAAGAGCAGCTGTTCAACGACGATATGCGCGACA
AGGAAAGCGCCAAGATCGAATGCGGCAAGGCGCATTTCACTGCGCTGGAGGGCGGCGAGAACCAGCCGGTATGTGGTT
GCGCGCTCGGTTGGTGTCTTTTGACCGAGGCGGCAAAGGGGTAGGTTCTGCCGTGCGCAGGCGACGATAAGTTTTGCT
ATGCACACGAGCGGACACCGTAGCTTTGAATAAAGGAGTTTTTATATGAGCAATATCCCATTCGACCCGTCGAAATTCAC
GGCACCGAAAGCGAAGCCTCTACCAGTCTGTCTTCTTCGATGTGACGGCAGCATGAGCGGAGAGAAAATCCGCAATG
TGAATGATGCCGTTTCGCGATATGTTGGATACGTTTCAGCGACACCGAGAACGGTGAACCTGAAATCCATGTTGCGATCATC
ACTTTCCGTTCTCAGGTAGCGCTGCATCAGCCGCTTGGCAGCGCCAGCGATATTCATTGGCAGGACCTTTTCAGCTGGCGG
CATGACTCCGCTTGGCACGGCATTGCAAATGGCCAAAGCGATGATCGAAGACAAAAGATGTCAATTCCTTCGCGTGCGTATC
GTCCAACGGTCTGATTTGGTCTCTGATGGTGGGCTAATGATGCGTGGGAAAAACCTCTGAACGCGTTTATTAGCGACGGA
CGCTCTGCAAAATGTGACCGTTTGGCAATGGCGATAGGCGCTGATGCTGACGAGGCGGTACTTGGGAAATTTATCGAAGG
CACCTCGAATCGCCTCTTCTACGCAGAGAACGCCAAGCAGTACGTGACTTCTTCAAGTTTGTCAACATGTGCGTGACCA
TTCGCACGAAGTACAGACGCCAAATAATGTACTTGAAGCGAGCACCATTGACATCCAGCCGGCCACAATCGAAGCAGC
CAGGATAAACAAGACTCTGTGACACAAAAGTTCTTCGACAGAAGATGGAGGGTATTGGTAATGGCACAAGCAATCCGCGCAT
CCAGAAGAACTTGAGCGCTTCGCATATTCGTTACAACAATTTATTGATTGCTCAACGATGCTTCGGCAATCTTAACGG
TGCCTTTGCTTCACTCGGAGACACCTGGCAAGACGAAAAGCGGGCGGATTTGAGGAGGATTACAACCGCGCTCGTTTCAGC
AGTTGCAACACTTCAACGACAACCGCTCTGAGCAGGTTCCATATCTGGCAGCGCTCGCGGCGCGGCTGCGGGATTATTTG
CAAAGCTAAGGGCAGCGAGGTGCAATGGCACAAGTTTCAATTGGGCAAGTGGAGAATTTGGAAAGCTCGTGCGCGATC
TGCAGTCAGTGCAGGAGGCGCTAGAGGCGCATGCCGCAACAAATGCTGTTGCGGAGCAGAAATGCGCAGAGGCTCGT
GAAGAAGCGCAGAACAGCGCAAGCATGTTGGAAAGTGCATCCAGCAGGAGCAAGCCGCCACGCAAAAATGTTGACGGCGC
TGAGCAAGCGCTCGATAGCAGTCAGAGCTCGCTTTCTTCCGCGAGTCTGCGCTATCTGCTTGCCTTGTCTAGCCGCAG
ATGACGATGGACGTTGCCCGGACTGCTCCGCGGAGGACTCTGCCGTGGCTGAAGCAGAAGCCGCTGTTGAGCAGGCTCAG
AGCATGCTGGAGCAAGCAAGAGCAGAGCTTGAGGTGGCGAAAGGAGATCGCATATCCATGGAGCAGCGCTGGATCTTGC
GAATCAGGCCGAGGCGATGGCGGAACATAACCTGGAGCAGACCTACAAGCATGCAATGCGCACTTGGCAACTGTGATC
AGGCGATTGAAGCTGGCACTGCACGCTTGATATCCGCGCAACAAGCACTGGATGCTTATCTCGCGACAAAACCCGTCCGCT
GCGCAATTCATGCTTGGTTGAAATGGGACCCTGCCAAAGATGGCCGCCCTGTGACTCCGGATATGTTGCGAGACCGCAT
GAACCTATCGTCAGAGCAGAGACGATTGCTTCAGGAATATCTTTACGACCGTGTATCCAGCGTATCGCAAGCAGGTCGATA
AATTTCCGAACCAATGGGTAGCCGCCAAGGGTGTGTCAGAGCGAAAACATCGTTCGCACGTAAGGCACGGATACACCTGAGC
GGTGAATTCGGGGAGCAGATAGTTCCGGCACGCACTTGCGCCACTTGGCGGCCGGATCGAGACGCAAGGGCGAACCTTTGT
GGCGGATAACCGGACTACACAAAAACAGATTTGATAGTCACTGACTTGCGGGTCCGGTCAATCTGGGACGTGGTGGAG
GCATGGGGGCTCCTGTGGGAGGCTCGATGGCATTGCAAGTCAAAAGTCCGCGGAAATACCTCTATTCCGAGAAAAGAT
CACATGATTTTTTCAGGCCGAAGGGCACAAGCAAGCAGACGCGCAATGCACTCTTTGCTCAGGAGACATCCACGATTTGCC
AGAAGAAAACAGAAAGAACTGCGCGATGCCCTGCGCGAAGCTGGCTCACCGATGGTGGGAATGCTGCCAAGGAAAAATG

AAATAGATCAGTCCTGTCTTGATTTTCATCCGCCAAAACGAGGAGGAGCAACCATGAAAATACGTTTCGCAATTATTAGCC
ATGACCTTCTCGCGCAAGTTCGAGCTGAGGTTGATGTTCTCCTGCGTGCAGTCAATGTCGGAAAATATGGACGGTGTGGAT
GCGTCCACCGCACGCCTCTTGAGCTGACAGTTAATTGCAGATCGATTGAGTTGTCGAGCAAGAGTGGCGCGCATTTCT
AAGCGAACTCAGGGCCAAGAGCCCCGGAGTTCGAATCGAGCTACCTTTTGCCTGGGACTATTTGCGCACCCCTGTTTCCCA
AAGTCTCGGTAGCTGACCACTATGTTCTCGAACTTCCAATCGATGGTGATATGGAAGAGGAGGAAGCTGATGTTTATGTA
GGCTTTTGAATGGCTGCGATGTGTGCTGGAAAATTTTCGCGAGGGAGTGCCTGATACGTTTCGGCGCGTCCATTGTTGCCG
ATGTACTTGATCCGATTCTCAAGGAAGTCGATTCACTCTGCATTTTCAATGCTGCTTTTCAGCAACAATCGCTCGCCATT
GATCGAACTTTGAATGACGTTTCGCGAGCTTCAATTCAAAGACAGCGGGTGAATCAATGAGTGAAGCGCAAAGGATTTT
CAGAGCATCATTTCCAAGCTACACAAGGCAGTTGCGGACTATCAAGAAGGTTGTGCGCGCATCGACCGAATTCGATAC
CACCAAAAAAGCATTAAAGCGAAGACCAGGAACGCAATCGAAACATAAGGAGGTCGAATTTGGCAGGCAATTTCCAAAG
AGTGGGAAAAGAAATGCAACTGCTATAGCGAACGCAAGCTCGCAGCTCAGACAACAACAACCTGCCTTCGTGGATTTTTGT
GTAGATAAGCCATTGATGGCATCAGAAATTCAGCAGGTTTGTGCTTGGCACGGAGCAAGTCTCTTTTGAAGCTATC
TTGTGTCAGGCCCTAAATTCATCTCATTCCCCTTATCCAGTGTCTTGTTTTTTTCACAAGGCGATGCAGAGCAGAAACGCC
TCGTGCATTGTCTCTTGTACGGTTGCTGCAGGCTTTGCCAGTAGGTCAAGTAGAGTTGACACTGATTGACCCCTGCAG
CAGGGGCAATCGGTGAGCCGTTCCGGCCATTGCTGAAGGTAGAGCAATTTGGTGCCGCAAGGTCATGTTCTTACTCGTTC
GGATGAAATCGAAGCTGCGCTCGGAAAGCTGACGGACGAAATTTGAGGAGTTGATCCAGCAGCGGTTCAATGACAAGGCAT
CCAATGGTTCGAATACAACGCGATCAACCCCGGCAATTCATTACCTTACAAGGTGGTGGTGTCTTTTGTATGTCCAGAG
CAGATGTGCGAAAAATCTCTCTGGTTTTCTTGGCCGATTTTTTGAACCGGTCACGCTGCGCGCTGCTGCCATCGTTGC
AATTGATGAGCAGCGCATGGAAGACCCGGCGATATGAAAAGCTCAACGCCACGCTGAAAAACTCAACCATGCAACTGAATG
ATCTGTTGCAACGCGCTGGGGCTGGCGAGCTGTCATTACATACCAGCCGGAGCAATGGCCGCGACAGGATGTGCTGGAT
GGCTTTCTCGCAAAGCTCGTTGAAGATTGTGCTGCTAAGACGCGCTTCAAGAAAAACGATGCCTGATCTCTGGACGAGCTT
CGGCAAGGGTGAGACGACTCTTGTGCTGCTTTGATATTTCCATCGGCTGGACGACCACAGGCGACTTCGCTCCCTGAGAC
TGGGCGCGACGGACTCCGAGCATCATGTACTGCTTGCAGGGAAGACAGGCTCGGGAAAAATCCAATCTGCTCCATGTTTTG
ATTCACACGTTATGCGAGAAATACCCGACCGAGGAGCTTGATCTTTATCTACTGGATTACAAGGAATCGACTGAGTTCAA
TATTTACGCAACTCCCCAGTCCCACAAGCCCGCCTTGTGCTACGGAAGTGACCCTGAATATGGCGTCACTGTATTTAA
GGCATCTTTGTGATGAATCGAAACGCGTGCACGATATTCAAGTCAAAAAATGTCAACGATTTACAGGAATACCGAAAA
TCAAGCGGGATACGGTTGCCACGCGCTGTAGTCATAGATGAGTTCCAAATTTCTGTCTCAGAAAGTCCGACGTTGGC
AGAAGCTGCTGAGCAGTTGCTGTGCAAGCTCTTGAACAGGGGCGCTCGTTTCGGTATTCACATCCTCTGGCTACTCAGA
CTTTGAAAGGCATCAACGCACAGTCAATCGGAAGCATCATCACCCAGTTGGGATGCCGTATTGCACTGGCTTGTGGGCAG
GAAGACTCCGCAATGATCCTCGGGGGCGGAATTTGGGCAGCCGAGAGCTGCGCAGCCACCTGAAGGCATCATCAACAA
TGCTAATGGTGCCAAATCCGGCAATGTGAAGTTCATGATTCCATTTCGCGGAGAAAAGTGAAGCATCGACGTGATTTGTTGA
CGAAGTTGATAGCGCGTACATCTCTTTCTGGGGTGGCTGAAAAAACAAAATCTTCAGCGGTGCATTCCTTCCGCAGATA
CCGTCTCCCTTTGAATATCAGACAGCTTGTGCGCATGAAGAAGCTCTTCTTTTGGGCGAAAACCTCGCATTCGATTCAAA
ACCGTTGACGGTATCACTTACTCGTCGATCCGCGTTCAATGTTCTATTTCAGCGGCTACAATGACCACATTCACGATGGAC
TCCTGTCCGCTACGCTTTTTAGTCTGACTTTTCGTCGATGGCTTTGATGAAATCGTGTACTTCAACGCGCGCGGGATCCCC
CCAGGAGGAGGATTCTCAGCCGCGAGCGCAGATGCTCGGTGCACGCTCAAGATATTCGACGATATATCCGAGCTACCACT
TCAAGCGATATCAGACGATATTGGGAATCGCCGCGTAGCATTGATTATCGATGGCTGGATTCCGAGAAAAGTACTACAGC
CAGCCCCAGCGTTTTAGATCGCCCAAGCCTGGCGAACCACCTACCCCGGCTGACTTGTAAAGCGTCTCGCCGAGGACGGC
CCAAGAAAGGGGACGTTTTGTATTTATTTTTGTTGACCGTTGGCAGCGCTGTGCCAGTGCCTGCAAAAGACCTTTTCTCCTT
TTTCGAATTGCGCGTGGCGTACTGCATGAATGAAGACGATGCCGGATCGCTTGTGAGTGGCGGTGTTGGTAAGTTCAAAG
GTATTGAAAAACCGAGCCGAGCTGTATTTCGTAACAAAATGACGAATGACATCACATGGTTCCGGCCATATGTTCAAGAA
AGCACTCAATGAAGAGATTTCTGCTCACGTGGTATGGAATCACCGATTTTCGCGCGTCTCTGGGGTTTTGAGAATACCGAC
GGCCCTATTGCGAGCCCTTTCGGGGCGCTCCTACTCGGACATCATTACTCTGGGTACACCCGAGCGATAATGATGC
CAGCGAATTTGATCGAGGCACAGAAGCGTTACGCTTGAATTTGGCCTCAATACGAAGCATGGGGCAAGAGAAAGATCGGA
AGCTTACTAATCAGTTTTGTCTCCAGGTTCCGCAATACCTCTGTGCGCACATGAACATTTGAAAGCTTGGCTGAAAAAGAAA
GCCGCGCCCTGGGCTGCAACGCAAGGATCCGTTTTAAATAGCGAGAAAATTTACCAGCTCAACGACACCCGAGGTATTTA
CGTAGCGCAATGCGGGCGCTGGATGGGGTTGAACAGGAGCCAGGTGAAAAGCTCGTCACGCTCTATCTCAGCCCAGGAA
CTCCGGTGTATGGCCTTTGTCTGGGCGCTCGCGGCGTGTGAGCTACCTGAGCTCAAAAAAGACTCATAGCATCGTCCATC
ATTGGCAAAGCACCTGAAGTCATAGCGTTGCTGCTGAGTGGCTTGTGAGCGACACAGCTCAAAACAGGCTGCGATCCGAGG
CATCTCCAACGGGTTTCGATGTGACATTCCATCTTTTTGGTGTGAGCAACGGATGCCTGCCTTGTGAGCATCCGGCAATTTG
AGTCGGCGCATCACATTTTTGTCAACTCAAAAGACTTCCCTGCTGCATGTATGCAAACCTTTATTTGGCTCTCGGGACCTG
CATGAACTTACCCTTGGCCCTGGGATGATCGCGCTGTTACGAACAAATAACCGAGCTGGCAAAGCAATTTCCAGAAAA
AACACGAATTTGAATCAATTTAACTGGCGGCACAAAATTTGATGTTTTGCTGGCGCGCTCTCTGCTGCACGTGAACCTGGGCG
CTGTTCCGTTTTATTTTACAGCAAGAATCGTTCGCGTCATATTCAATTGACAGTGTTCGGCGCGAAAAAATCAGGCAGATT
GATTCATTCGAGACATTTTTGACCTGAATAGCGATGGTTTTGGAGATTGCAGGCAGTTCCCTTCATGAAGGATATATCGCC
AAGTCGCCAACTTCTGACCGAGACCTTTGGCTGCATCGTGACAAGGTGCGTAGATTTTATAGAGAACTGACCGACTATA
ACAATGCATTCAGGCCATTCGAGATTTGTGCTGACGGCTTCAATTTCAAGCTGGATGACATGGAGGCAGTATCCGTCCAG
GGCTACGGATTAGATCTGAGATTTGAGAAATGGCCTGATTTCCGCAAAATACCTATCTGGCGGCTGGTTTCGAGGAGTTTTGT
TTATTTGCAAGTCAAACCTACGAGGATGCTGGAGTCATTCAAGACTTGGCATCAATGTCAAGCTGAACCTGAATTTAG
AAGAGTCAAAGGCTATTCGAGCTTCGGTGTGTAATACAACGAGCTGGACATCACATTCACCGACGTTTATTCGCTTTAT
ATCGTGAATGCAAGCGGGCAATGTAACGCAAGAGCAGATTATGAAGCTGCAGAACCTTGTGCGCTTCTACGGAGGAAT
TGAAGGTGCGGGTATCGTTGCTGCTGCTCCCAATACTGAGTGCCTGCAAGAAAAAATAAAAGATGCCAGGCTGA
TGCTTTGGAGTGGTGCATCATTTTTCTGAGCAGATAACGGCAATGATGAACAGCATCACTGACCGGGCTGAAGCGAGTGAG

GCAACGCCATGATGCTCCATTTGGTTTGGGACATCTCCGGCAGCATGAGTGAAGGAGGTAAGCCCTTCATCCTGCGAACC
TTGGCCACGACCGTGGCGCAATGGGTGCGGCAGGGCTATGGACAGGCGGAAATCCACCTTTGTGCTTGGAGCAGTGAGGC
ACGCAACATCCCGAACTGGAGCGTCAAGGAGGATCTCCCGGTGGAAATGCTGGTTTTGCCAAGGGGGTACCAATGGCGAGG
CGCTGGTTCAACTGTTGGGTAGCGAGCCGGATGGAAAGGTTCTGATTCTCACGGATGGATTCTGGACAAGAGACGACGTG
AAGACTCTGAGCCGCTGGCAGGAAGGCTTACC GCCGGACACACTGCGCGTCATCCAAAATCGGCGCGGATGCTAACCCGCA
TCTGTCCAAGGGGCTCAAAGGCGCAAAGGTGTTTGTGCGAGAAGAAGTGTCTCCGTGCTCGATAACTGGCTGCAAGCGG
ATGAGGAATGGGCATGACGCTTTGGAAAAGTTTTGGGGCAAGCGTTCGCGGCCCGCACCATATCGCCGAAGGTTTGCCAA
ATCAGGATGCGTGGGCGAAGTTCACCATGTTTGGGGGGATGGCATCGTGTGTCGACGGGGTTGGCTCCAAGCCTTTC
TCCAGCTTTGGCAGCGATGCCGCTTGTCTCGCTGTTGAGATCGCGGCTCTGACTGCTGCCCTGATGGTGAAATCGAACG
CAACTCGTGTTCAGCAGCATCCAAGCTAACTGGCTAAGGCTTGTGCCCCGCTGGAACCTCGCGATTGTGCGGCCACCT
GCCTCTTCGCGTTACGTCTGGATGGCGTGATCCACATAGGAATGCTCGGCGACGGACTTGCAGCCCTTGTCAAGTCCGAT
GGATCAGTCGTTTTCGCTGTGCGAAAACAAGACGCAAGGCTTCTCCAATATCACCACTGCGCTTTCGCCAATGTCTCCGC
CAAAGACTGGCAATATTTGTGCTGTGCGCGGAGCAGTGCATCGCAGTATTGCTCTGCACCGATGGCGTGGCTGACGATT
TGGATAACGCTGACGGGTTTTGTGAGCAGCTTCGTGCAAGCGCATCGAACCTCGCTTCGGTAAGCGCCAACCGGCGCATC
CACGAGATGCTCGAAAACCTGGCCTACGCCCAAGCACAGCGACGATAAAAACCTCGCTGCCTGTGCAGTGAGGAGGTGGC
AGATGAGTGACTCCGAACTCCGGGCTCCTAAGCCACTTGTGGATGAATACGGCAATGTCCATCACATTGCCGATGAGCTT
GCACGCGGTGGACAAGGCGTGGTCTATCGCACCAAGGATGCAGATTTGGCTGTCAAGCAACCGCTGGATGCATCCGGCCA
GCCGGATAAAAACGCCAATCTGCGCGAGCGTTTTCCAACGCATCCGCCTGCTGCCCATACCGCAACGATACCCCGTTTTCC
TGCCACTCGCCATTCTGCGTGACAAGCCGGGCTATGTGATGCGTCTGTTGAACGACATGAAGCCGTTACCCGTTTTTCGAG
TTGGATGGAAGAAGCAAAAAGAAGCTAGAAGATGAAAGGCAAGCCTTGCCGCAATGGCTGACGAAGATTCTTGACAAGGA
CCTGGCGCTTCGACTGCTGCATTACGCCAGCACGGGGTCTACACGTGCTGCTGCGAGCGCTGGCAAAGTGCGCCGCCA
TCCTCGCTCGCCTTACAGCGCGGGACTGGTCTATGGCGACCTTCCCCCAACAATGCGTTTCTTGGTGAAGGCGACACT
CCCGATGTCTGGCTCATAGATGCCGACAACATGCGCCTGGAATTATCCAGCGGCGGCGTGTCCGTCTATACGCCCTGGTTA
CGGTGCGCCGGAGGTGGTGCAGGGCCCGCATCAGTCCC GCCCGCAACGGATTGTTGGGCTTTCGCGGTAATGACCTTCA
AGCTGTGGCTCTATGCCACCCTTTTATCGGCAACAAAGTGTGCAAGCGGTGGACGAGGACGGGGGTTGGGATGCTGAG
TCGCACTGAGCGACGGTGGCGCCACCAATATCGGCAACCGCCGCTATTTACCTTTCGTGGATGACGA
AGATGACGACGCCAACCAGGTGTTGGTGGCTGCCTGCGCGCTTGGTTGCAACAGAAGATTGCGGCGCCTATTTTCAGG
AAACTTTCGGTGCGGGACGGAACTGCCGCACCGCCGACCTCCAATAGCGTTCTGGACACTGGAGCTTGCAAGGGCTGCG
GATCTGTGCTGGACTGCCCCGTATGTGGCATGAGTCATTTTCGTGATGAACACGCGCAATGCCCGTATTGCGGCGCGAC
GCATTCGGCCTTCATTCGCGTCAAAAACGCCGCTTGGGAAATCCTGATTCCC GCCGACGCCACGGCGTTCTGCTGCCGA
AACGGCTGTTCTACCCGTTTTTTCATTCGAGCATCACGACGACACGGTATACGAAGCCGTGCTCAACTTCGCGGCAAAAACC
GCAGTCCCTGTGCGAGGCACGCAGCCTTTCCCGGACAACCTCAGCTTTGAGTTTCGTGGAGGGCGGCAAAATGAAGTTTCAG
GACATTCACCACCAACATCCTGAGTGTCCGCATCAAGCGGTCTGACAACGGCGAAGCCCTGCCAGAGCAGCCTATCTTCTC
GGTGGATGCCAGACCAGCCCACGCGGATGAATTTGAAATTCGCTTGAGAATGCGGTGGCCATCGTCCGCCCTGTGCTTG
CAGCAGATATTGCTGCGCTCAACGCCGAACCTGGCCAGCGGTGCTGCCCTGCTCGCCAACTTGCAAACCCCGCCGCGCAT
GGCAGCGTGAATTTGCAAGTGCCTTTTTTCTACTGGTGAATGCCTGGAAATGGGCGACGTCGAAATCGGCGTGGATGAATA
TGTGAAAAGGGACTGAAGAAGATGGGGCATGGCTTCAAGGGCCAGAGCCCTACGAAAACCTCGGCCAACTTGCAGCT
TTCAGCAAGGCGAAAACAATTTTTTCTTTCTGACCTCTGGCTCTGCCATTTCATGGAGAGCTGGAAC TAGACGGCGAGAAT
GCACCAAACGAAAACAAGGACAGAGGCAAGCCAAAAGAATTCCTTCGGCATTACC GGCGACACTATCCGCTTCGTTGCTAC
TGAAAAGTCAATACCGGGCGGAAATTCATCTTCATCGCCACCCGCTGACCAAGCCAAAAGAACGAGCCTGACCGCGCCT
TACGCCTCGCCAAAGGCAGGCTGCGTTTTTGTGGACTGGACACAGGCGGGACAAGTGCAAAATCTTGCCAAAGCGCAATG
ACAGCACTCACTCAGGACGATGGAAGCTATCTGAAAAGTGGGACGAGTTTGGTGAGGTTGAAGGTGAACTGCTGCTCAA
TCAGGCACTGTGAGTGGCAGCTTGCAGTTCACGATATGGAGCAGAGCGGGACGGGACTGTTACGGTTTCGCATTTGTCG
AAGCCTCTGATTTAGCCATAACCACCTTGGCTGAAAATAAAGTACAGAGCTCGAATCGTAGATGAGTGGCCAGCATAT
TTGCTGAATGAGAACTTGAGTTTCAAAGATTTTGA AAAAAGGCATAAAAAGTGCTCGGATCTCGATAAGAAAGATTGGAGA
AAAATTCATACAGAGCAAAGAGTGGGTTTTCTTTTGCAGTAAAAAACTTTGACAAGGAAAACCCGCTCACTTGCCTCAAAA
CCGAAATTCGCCATCGGTATCCGGCACGCTCATTCTCTCACTCAAAGGTGATGTTGCCCAAATCGAGCGCCGAATGGCC
GCCCGTCAAGCAATCTTGAGGGGACGTAGCGCTAACCTCAGTTGGGTTTTATTGATTGAAGAGCATGGGAAAATTCGACA
AATCCGTGTGCCGCAAAATATTCCACCGCTTACAGCATTGTTGCTGAAGAAAATTTTCGCAATGACCCAACCGTGATGC
AGGAAAAGCCGTTGAGGTGCGATTGAACACACCCGACATCGCGCTTATTCAAGGTCCGCTGGTACTGGCAAGACAACC
GTTATCGCTGCGATTTTGAACGCCTGAACGAGATGGCAGACAAGCGCGGTGTGCGTGTCAAAGGTCAAATCTATTGAC
GGGTTTTAGCACGACGCGGTGGAGAACATGATCGAGCGGCTTTCGCTCAACAGCCTACCCGTGCCGAAATTCGAAAAC
GATCTGGCGCAGCAGAAGATGATTACAGTGCTTTCGAACGCAATCTTGAAAACCTGGTGTGCAATTTAGCCGCTGATTTG
CGCGACCGTAATCCGCAGCTTGTGGGGTGGAGCAGGAAAGGGAGATAAAAAACCTATTCTTGAATATGTCAGGCACC
GACTCGCCATTGGCCGCCAGCCTTGTGAGAAAATCATCGCGCTTGGCATTTCGGTGCTTGGCGAAGACGACGCGCGGC
GGGCGGACAATCTGGCGAAGAACCTGATGCGTGAAGAGCGACTTAACGTGATTCAGGCCAATGGCTTGTGCGGTACGC
CGTCTGCGTGTGCGCTTCGAAAGTTTTGCTGATGATGGTGC GGCAAGGGCGGCGGACGCTTGGACGACCTGAGCGATGT
TCTTGAAAAAAGCGAACGCAAGCTGTAGACGAAGCCAGCCTTTGGCGCAGCGAAGATGGCACGCCGCTTTTTCTGACGG
AATTGGAAGCCCTGAAAAGGAGACTTCTTGTTCGGTTGACCACCCCGGCTTTCGCGTGGAAAAACAACGACGAA
GTGATTTGGCTGGCGAATTTGCCATCCAGCGCATCAAGACCTGAGGTAATCGGTTAAAGATAAAAAATCCGCTGCGCT
GGTGGAGTTTTTGGCCAACTCGAAAGTAATCCCTATGGAATGATGGATGCTGTTTCTGATTACAGCTTTGCTTTTGCTG
CCACTTGCCAGCAAAGCGTAAATCGGGGATGCAAAATGCAAAAAGGCATCATCGGGCGTGATGTCATGAGAACCCTGAAA
GGGATGGAGTACGAGTATGTGATCGTGGACGAGGCCGCTCGGGTATCGCCTCGTGACTTGATGGTGGCTATGGCGCAAGG

CAAGCGCATTATTCTGGTGGGCGACCACCGGCAGTTGCCGCACATCATTGACGAAGAAGTAGCTCGCCAGATGGAGGAAG
GCGAAACGGGTGAGGGGAGAAAATGACTGGCTAAAAAATCCATGTTCCAGTATCTGTTTCAGTACCCGCTGAAGACCCTG
GAGGACGGCGACGGCATCACCCGCCGTGTACGCTGGACAAGCAATACCGCATGCATCCGCTGCTGGGTGGCTTTATCAG
CCGTAATTTCTACGAACGCTTTGATCACACGGAGAGGTTTGGCTCTGGGCGGCCAGAAAAGCGATTTTGCCACGCTCTGC
CCGGCACGAACGGCAAGCCTGCCGTTTGGTTGGATGTGCCAGCACAGAGAGGAAAAACATCAAAAAGGACGGGACCAGTTGG
ACGCGCCCCGAGAAGTCACTGTCATTGCCCGCCAGTTACAGGCATGGATGAGTTCGGATGCAGGGAAAAGATCTCTCCTT
CGGTGTTATTTCTGTTTTATAAGGCGCAGGCCGACAGCATCAGGGAAGAACTCAAAAAGGACGCTTGGCGGGATCGTGAGCG
ATGACAAGCAACTGCGTGTGGAAACGGTAGACTCCTTCCAAGGCATGGAGTTCGATGTCGTCTTCTCTCAATGGTGCGA
ACCTTGCCGCAAAAACCTGGCAGCCAAAGGATGATGACTGCGAGAAAACAAGCCAGAGGGCTGTTTGCCATCTCTGTCTTTA
CAACCGTCTGAATGTGCGCATGAGCCGGCAAAAAGAAATTTGCTGGTAGTCGTGGGTGATACTGTCGCTTGCAAAACAAG
TCGCGGCGGACTTTGTTCCGGGGTTGGTGGATTTTCTTACCTTTGCCAGCGTGAAGGTGTGGTGCTGCCATGCTGAGGC
TCCTGGACTACGGCAAGCCCAATCCCTTCAGCGGCATCATCGGCAAGTCGCGCAATCTCGCATGGCCGGTAAACGCGTAT
CGCGTGACCCTGCCAAGAGCTCCAACGATCGTGATGGCTTGAACGCATTTGAGCGTGTCTCTGAAAAACTTTGATGC
TGTCGGCGCGCTGGATGCAGATGATCTGGCGGCCGAACTTGCAATCCGCTTGATTTAATCAATGGCATTTCTTCTGCGCT
TGCAGGACAAGGGATTTATTGACGAATACAACGCCATCCTTATGAGGAGCACGATGATGGATTAGGCGGCGAAGATAAC
GCTCCGGTCTTCTGTTACCGCGCTTTTGTTCGTGAACTTGCCACCGGTAATACTCTACCTTTCTGCACTGGTTGAACGA
CGGAATCCATTGCAAAAAAAGGAAGGCGAGGAGAATGATTTTGAACAATCCGTTGGGATGCTATTACAAAAGGAAAACA
CGCCACACAACGCGATGTTATCAACGCATTGCGGGGCATGAAGAAAACGCGCGGCAGTTTTTGGCATGGAAGAAAAGATG
CCTCCTGTTTCCAGCAATCACGATAACTGCCGAACCAGAGCTGTATCACCTTGACTGCCCCATCGCCATTCAGAGAGTCGA
TAGCGAGTTCCGCGTTGCTGACCCGTTTGGTAACGGATTTTCTGTTGATTCTTGAAAAAGCCTTTGAGCAGCTCTTGAGC
GAGAAGATAACCTGGCTGGATGGCTGCTCACTTGAAAAAACTACTAAGTAGTTCGACCCGAGAAAACCGGACATCAGA
CCAAAAGAGCCGTTTCGAGACAGATGCCAACTGGCAACGCTACCCGAAGCTCATTGCCAGTTTAAAGACCTGCAAGCAATGC
AGATTTTGAACCTTAGCCAAAATCCATGCATCCATAGAATGGGCGCTGTTCTACGCTGTTCTGTCCGTTCCATTCAAAA
ATGTCATCACAACTCAGACACACCGAACAGAGCCAACATGCTGCGCTCTTGGTGAAGGCAGCGCAACGATAGGGTTT
GAACTGCCATTGCAAGGTTTTCAGACCGATTCTGTGAGGGCAAGCTACGGGAGTTCGAGGTTCGGGGAGCCTATCAAGAGAC
GGTCTTGGCATCGCTTTCAGGCGCGCTTCCAGGCAAGGCACTCCCTTGGCGGGCTTGTCTCCGTGCATCCAGGTT
TCATAAACCGTCTTCTTCCGTCAGCGTCAAGCGCAACGAAAAAGCATAAGGCAAGGGCGCGCATGCTCCAGCAGCAG
GAACTGGCTGATGACCCGTTTATGCGCGAAACAGTCTATGCGCTTGTGCCGGACATTGTTTTTGGCAGACACACCTGCTAT
TGCGCTAGACAAGGACGTGCAAGGTGATGCACTGCTGGATGCCCGCGCCAGCATTTCAGGTGGAGTTGGGCTTCAAGTTGT
TCAATCGCCTGGGCACGAACCTGCAGGACCGACTGGTTACGCGGAGCGTTTTTTTCTGCTTGGCCATGATGGGGATGAT
GCTTTGGCCTATGTTCTAGACCTCTGTGCCCGCTACAAGCCTCATTTCAGAGGAGTTTTGGTAGGCAAGTTGCCGCTGA
CACCAATGACGCGCAGCTCAATAGCACGGCTGAAAGCAAGGCTATTGAGGCTGGTTTCTGTGCGGTCTGCCAGAGGTT
TGCTAACCGTCAAGACATTGGCTGTGCGCCAAACCTTGAGGGTGGCAGTCAATCACTAGGCGCTTGCCTCATCGCGTTT
CTTCTGGTGTCTGACGAGGATGTACTTACCTCAATTTATGACGTACAGCCGCTCTTGTAGATGATATGGCCAGCCTCAT
TATTCGACGTGGGCACGGCAACGAGCCATTGCCCTGCCCAAGGGCGACATCGGGCATCTTCGCAATCAGCTCTTACAA
CTATCAGAACTCATGGAATTTTGAATAATGAATGGACCCACCAACTAGAAACCGAAGCCAGTGGCTTGCCGATTTGA
ACGCGCGTGAGAGCGGGATCAGAACCAAGGAAAGCGAAATCGCCGGCCGCAAAATCTCCGTGGCTGCAGTGAAGGCGAG
GCGACTGCAGAGCGTCAAGCCATCGAGCAAGACAAGGCCAAATTTGACGCGAGCGGAGCAGGCCGTCACGCAGGCCGAGCA
AAAGCGCGATGCAGGCTTTGCCGCTGAACGAGCCGCGCTGAACGATGAGCTGCGTGAAGGCGCGCTCCAGGGCGAAAAGG
AGATCACCCATACCCGAGAAAATAAATAACTGCTCTGGAAGATGAAATTTGCCAGACTGAAAGCGAAGCGCTTGGAGGCG
GTTGCCCATGCCGAAGACGTGCAACGGGAGCGCATCAGAGCGGAAATCGCCAAGGAGCGCGATGCATGGGCAAAAACA
GGATGACGCTCGACATCGGTTGAACTCAGATCGCAGCGAATTTGAAAAGCAAAAAGGCGCACTTTCTGCTTGCAAAAGCG
AAGTCGAAGGTAGGACCGGAGCTTGAGACTTCAGAGCTCAGAGCGAAGCTCGAACGCAAAAGAACAGCGGTTGGAACAGCAGA
CAGAGGCGCAGCAGCAACTGGACGATGAGGTTGAGAGCGTCTTGGAGATCGCCGCAAAACGCTAGAGGCTGCTCAGGA
ATCTGCCAAAAGGAAAACATTCGGCTGCGCGAGGCGCTTTCACACTCAGGACCACTTCTCGGCGCATTCGAGGATTTAA
AGCGGCAACTTGGTGGCAAGACCCGGCTGAAATTTGCGCGCGCTGAACAGCCAAGCCGACGAACTCAAGCGCTTGCGA
GAGGAACTTGCCACCCGCTCTACCGAGGAAATGCGTGAGCGGTATCAAGCCCTTGAATCGGAAGCCAAGAATCAGAAGGC
ACGGGCAGACCAGTTAGAACGGCAACTTGCCACTAATGAGGCTGCGGTGCTGAAATTTGGCGAGCTGCGCCGTCAGGCT
CGGAGCTCAACGCCGAGAACAAATCTCTGGCGCAAAGGGCATCTATCTTCAGAGGAGCAGCCAACGAAGCACAAGCCGAA
CTCAACCGTTTTCGTGACGCTTATGAGCGCCCCGCTGAAGTTGCCGCTCGCTACAAAGAAATTTGAGATGCCGCACATCAG
TGTGGATAAGGTCAAGCAGCCGGTGCAGCACGAGATCGATGAGCTAACTTGGCTCACTGGGATTTGGCAATGCTTGCAGCA
CATATGGGCTACATTTCAATCCGCGTATTTTGAAGCTTTTTCATACAGCGCTCAAAAACAGCTGAATGGTGCAGGCTCACT
GTCCTGGCGGGGTTTTCTGGAACCGGAAAATCAGAATCCCGCGCCTTACTCGCACTTTGGCGGCATTTATTTTCAGACC
GCTGTCTGTCCAACCGAATTTGGGATTCGAGGAATCCATGCTGGGTTTTTTTCAATTCATAGACAACAAGTTTCGATGCGC
AGCCGGTGTGCGCTTTCTCGCGCAAAGTCAAGATATCAGGCCACGAACGATATGAACAGCGTATTTAAACGTTGGCAGAGT
ATGTCGCCGGATCAGCAAAATGGCACTTGACCCTGAGAAGGACAAAAATCTAATTTGAAGCGTTGAAAACAAGCAGATTATCC
AGGATTGCAGGACGCAGTGTGTCTGGTTCTGCTTGTGATGAGATGAATCTAGCACACCCCGAGCTTTATTTTGGGATTTCT
TGAGCAAGCTAGAATGCGGCGTGGCAGAAAAGGTAATGACGTCCCGTTCATCCCGGTGAAAATCGGCGCAGGCATGGAG
CCCTATAAACTTCCCTCGGTGCAATGTGCTTTGGACAGGGACGATGAACCAAGATGAAACCACCAAGTCACTTTTCAGA
CAAGGTGCTTGCATGATCCATCATCAACTTTCCGCGCCGACGGAGCTCAAACGCCGCTGAAGCTTGTCTCCACTTG
ATGACAAAAATCGAGCCCATGACAAAACGCTCGTGGCAGAGTTGGCTAGCGCAAGGCAGCACTTCTCCGACGAT
CAGGTGAGCCGTTCAAGAAATTCATTGAAGGAATCAATGCGCTCTCTCGGCTCACAGGCGTCTCTGGTCCAGCGCT
TTGGCAATCCATTGAATACTACATGGCCAATTACCCGGATGTTCTGTGCTGCACCCGATAAAGATGCGCTTGGCAGGGCTA

TGCATGTGCGCTTCGAGGATCAACTCGTGCAGAAGGTCATGCCCAAGTTGCGGGGTATAGATACACGCGGCAAGAGCAAG
ACGGAGTGCCTGGACAGGATTTCGTGGACAGCTCGTTACAGGAATCGGGAGTAACTCATTCAATCTGGCCGAGGATTTCTGA
TCTCGCCTGCGATCTTGGATATGGTCAGTTTATCTGGCAATCAGCAAACCTAAACGCCGGCGATACTATCTCTGATA
AAAAACCTACGGCTGCTCTGGCGCCGGACGGGAGCGAAGAGCCACATCCACTTTTTATGAAAAGAAATCAGATGCAGCCAAA
CGCCGTAAACTCTGGAGCGCAAAGACACCTGAGCAACGAAAAGAGCTTAGTGAAAAGCTAGAAGCGAATGCCGGAAGGGT
TCCACATAACTCATGACAGTCAATCTAAAAAAATCTATGTGGGTATTCGCGCTAAGGAGAAAAATTTCTAGCGCCTTACT
TGAACAATTAGATTGGTTTTATCGGGCTGCAGATTTTCGATCCGAAAACAGGTTTGGCGTTGCCGCAGGCATTGTCTTCTT
TTTTGAAGAAAATTGCGCAGCCTGTAATAACAGCATAATCCATGATCGGCTTTGGCGTATCACAGAGCACAGCCGTGCT
GCCTCGAACATCTAATGAGATCACTCAACGAGAGCCCGCTCGTGAGCAAGCGTTGATGCCCATTCATGCTGTGCGCGA
GCTCGACGCTAACAGTTTTATAAAACTCAGCAATCGCCAGGGCGTACCATTTCGAGAAAAACTTGTGTTAAGCCCTATA
TGCAGGCTGTGCGTCGTTTTCAATCTGTGATCTGCCCGAAAATCGTCTATTGAAGGCATTTGTTCCGCATCTTGTGAA
CTGCTTGAATTTGCGCTAGATTACCTCGGCCATGAAGACGAGATTCTGCCAAAAATACAATCTTGGCTGCACTCCGAAGA
AGCCCAAGCGATTGGCAACTGGGACAATCTGCCACCCAATAATACGCTACTCTCGCACCCTGATTATCGACGCATTTGGG
ATTCATGGCGGTGGCTACAGACCTTGGATGATGATGTGCTGGCGACTTTGTCCAGGTTGAGGCACGTGACAAAACGATG
CGCTTATGGAGACAATGCGCGCAAATGTGGTCTTCCGAAAACATCTATTTTCTGAGATGCCGCTTATTTTTGACTACGA
GAAGTTTGAGATACTTCCCTGGTCTTCAAACCGCCCTTGTTCATAACATCAAGGAAGAATATTTGCGGGCATAGCCTGC
AATGTGAAATCACCGATCCAGTTTGTGTTGATTTACGTCCTTGCGCCGAGTTACGACTGCGGCGACGTTGCATTCGCA
CAGTCTTTGCCTGATACGTTTTCTGTGGCAGCAATGGAGGCGCGATGATGAGAGCATCGACATCGAACTCTCCACTCCGA
TGCAGTTTGGCTTCATCCGCAATCGATAACCATATCCGGGCCAGACCTCTTATTTGCCAAAGGCAACACATCAGAGA
GCGACCGTGCCTCGCGCATTCACTATTCCGCTGCACGAGATTTTCAGGAATGACACACTCTACTGGCTGGTTCCGGAT
TTTTCTCAACGACTTTGAACCTGAGCTTATCCGTCGCAATCTCAATGCTCGTTTTCTCAACGCTGAACCGTTACCGCGCAG
CGTGGCAGCAGTTTTGCGCTGGCTGATCCAGAAAAATAAAGGGTGAGGGTTATGCCGTCGTTGTTGTAGATACCATTG
GCAACAAGACCTGTGCAGTCAAGCTACTTGCCAAATTCGACGAGAACCTGAAAAACGTTTCCATAACTCGCGGATTT
TATTGGGAGCGCTGTCCACCAGTTATCATTGCTAACGCGGATGATAATAGAACCGAATTTCAAGGCTACGATATTAGCGT
GGTTGATGCCCAAGAACGGTGGCAGCATGCAATTTCCGCTAGCAGGAGCGGATACATCGATCCCGAGCACCTCAAGCGCG
ATCGCGTATCGGAGGCTTCGCGTTCTGCATCAATCAACGGGAAGCCCGTTGCAGTTGGCTCCGCCTACATACCCTC
CAGCAACAAGCAGGTGACATTTCCGCTATGGCGTATGATCAAAATCCAGAACCTTCAATCAAGGTGATGAAAGATGGCCACTA
CCAACGCTTTCACTTGGTTTTACGTTGGGACAACATCAAGCCTGTTGCGGAAAACCCGTTGATTTCCCATTTGCTGAAG
AATTCACACTTCTAGCAGGAAAACAGCATTACTCGTTCCCACTCTACATCGGCAGCAATGCTGACGACCTTGGCTTTTCC
GCTCGTCTCGATTACCCGATTTTTCCGCTAAAAGGTGATGTCTGTGTGATTTAAAACCTTGACCTTTGAATACGGCGCAGA
CACCCCTTATAAGCTTGTGTTCACTCCACGCGCAGAATCAATTCGACCCATGCGGGCAACGTGGCAGCGCATGGACGAAA
TCGTCATCAGCGATGCCCGCGCCAGAATATCCAACGCCGATAACGTGGTCAGATTTGCGGATTTTCCGAAAATCCGGC
AGTAATGAAACTACCGACTTGTCTGACTGGATGCAGAGGGGAATTCACAGCTTGACCGCCATCTTTATATCCGTCCCAA
GCCACGGATAACAGGTGAAATAAGCAGCGCATGGAAGATTGATAAAAAAGGAGGGAAATTTACCTTTGCGGCTTGCATG
CAGTGGAGGACTCCGTTTTTTCATCCATCAGAATAGCTTTATTCATGAATTTGAAATTTGTTGACTTTTTCAGAGGGCAGGAA
ATCTCATTTCGAGCTTCGAGAGCGCGAAGGGAAATACTCTGGCTGGAAAGTGGCTGGCCGACATATAAGGATGCGGTGCA
TTTTAAAGTTTTTTGATAAGGAATCAGAAAAAGACTTAGTCGCAATATTCGCAAGAGCCTTTATTTTCCAGTCAATTCAGG
TTTTGGCGTGATGGTTCGCTCGATCAGTGATCCGGAATGCCCGCAAGATTTTAGCGCCGCAATGAAAATTAATTTGTGAGTAT
CTCGTTGCCCTATTGTGAGAAGATGAGCTTCTGAAATCAGTGAGGGCAGAAAATATATTTCTGCTTTTCTGTATGCATAA
AGATGTGCCTGACGACTGCATTCAGTTGATCTTCGATAAGATCAGAGATGGTAATATTTCTTGAAAAGAGCCTGGTCGGTT
TCGCGCTTGGTGATGTTTTCAAAGCAATGGCAATATGATTTGCTATCAAAACTTGTGAGAATCTGACAGGCGATGTGCTT
CGCATTTTTTCTTACGCCATCTGGCGAGAGCAGAATTTGTTGATAAAAATATGCCTCGCGGACATGCGTAGCATTTCTGAA
TACTCTGAGCATCATGCTTGGTAACATAAAGCAGTGTCCGCCCGAAAATACGAGAAAAGCAGAAATGGACTGCGCGTAAT
GGATTCGTTCTACACCGAGCCACTTGAACTTTTGCTAGGCTGCTGCGCACCCGGCATCTGCAACCTGAAATCAAAA
ATGCTCCTTCAACCGCATCAAAAAATAACTAAAGAATTTGCGAAGCAAATGAGCATGTAACATGAAATCATCTTGCAGTC
GGATATTCCTCTTTTTTCCCGTGTGCAACTCAATCTCCAGAAGCCGAAAGAGCGATGCGCGCCCCGATTTACTTTTATGCAC
TGCGACTTTTACCTCGGCGGGGATGACGGAGCGGACGCGATTACATCTCCAGTGTTTCTGATGGAAATTTCTGATTGAAAT
TTAAGCCTCATGGGTTATTTGACTAATTGATGGTTTTTGTATTAATCAAAAATAGATATGGATTATTTGAGGCCGGAAGA
TCGAAAACCATTTGTGGTTTTGATAAGTAAATAGCCATGTAGCTTCTCGATTTTCTGGGGCTGTGACTTCGCACGTCCA
GATGTTCAAACCACTCGGCTGCTTGCATGTAATTGCAGTCGCTCGAAGCGCTTCTGCACCCACTGCCAATCCTGCAGGT
TCTCCTGTTTTGGCCAGTTTGCCTACCTGCGGGTGTCTTGGGCATAGCGCTGAAATACGCCGGGGCTGACTAGGTAGGCG
GTGTCGCTCACGGTATGCACCAGCGCTTTTCGCATCATTGATGATGAGTCGCCCGGTGGCGATGCCCTGTTTCAGCCACGC
CATGAAGTGTTCGCCGGATGGCTGTGCCGTGAGGATGTGGAGGTCGGCGCGAAGGCGCAGCGCGGCCAGGGTCGGCA
GTGGCGCATCCGAGAGAACGATGGGTGCTTCGTCCGGGGTGGTTTTCCACATCCTGATCGTTGGTTGGCGAGTTTCTTATT
CCTACCATCGCCAGCATGTCTCCATGGCGTCAGGGATGGCCAGGGCCTTGGGCGGAAGGGCCGATGCGATTCCACGACC
TTCCACTGGCGGAGCGTTTTTGGTTTTTCCAAGGCTGACGCCCGCGCGTCCGCGAGAAAAGGGGGGCTGCTGCCCTCGGCAGCTT
CGCCTGCCAGTGCCCGCTCGATCGTCAACATCCCTGCAAAGGGTGTGGTTCGCTCACCAGATTTCCAGATCAGCGCGGGC
GCGAGGCGCAACAGGGTGAACGAGTGAAGTCCAGCCGGTGAACACTGGTACGGTAGCGCGCCAGATCGCTTTGCCGTCCGG
CGTGGACTGCAACATGCCGTGGTCTTGCAGCAGTGAACACGGCGGTGTTGTTTCGAGGGATGCCGTGATACCCTGGG
ATAGCAAGTGCGCCCGAGCTTGTCCGAGACCGTTTTGCTGACAGCACAAGCCATCTTCGGTGAAGCAGCCATCGGAG
GCTTCCGGTGGTTTTCAGCTTCAACTGTTCTTTCGAGAGTACGCAAGCCATCGAGCAGTTCGCTTGCAGCGCGTGTCTT
GGGTGCGGCCATGGCAGTGTGGGGTCGCCACCCAGTTCTGGGCCAGGAAGCCCGTTCGGCTCGACCACCCAGTTTCGC
CCAGCACCCCTGCATGCTCGTACTGCCCGGCCAGGACATAAAGCAGCGCGCCACAGTGATGGGTAGCTGCTGAGCCAG

TCCAGGACTTCTCGGTCAAGCAGTTGGTGGTAGAGCAAACCGCTTGCGGGCCTGTGCAGGGCTACTCGCGATCGTCAGG
GTAGCGGAAGCGGTATGGCTGGTGTAGCGGGCCGTGCCACGGATGCCAGGTATTGCCGTCGGCCAACTCGACGTGCAGAT
CGACGGCGATCTTGCCGATGTCTGTGCAGCAGGGCGGGCTAGGCGATGGCAGCAGTCCACGCTTCGGCTTGCGCAGCTTGG
TCTTCCGGGCTGGCGCCGATGGGCAGCAGATGAGACTGGCGCAGCTTCAGGCTGTAGGCAACGATTTCCAGACCGTGGTC
GAGCATGCCGCTGGGTAGGCATGGTGTATGCGCTTCGGAGGCAGGGAAAAGCTGGACCAGCTCGGCATAACGTTCCAGCG
GCGCACGGTACAGCGCGGCGAACTGCTTGCGCGAGAGCGAGGTGCGCTGCCAGATGTGTTCCAGCAGCTTCTGCCGGCGC
GGTGTGCCAGCAGCGATGCCGGCCGATTCCGGCCAGATCAGCCCTTTCGGGAGGTGGTGGTGGTGTGGCGATGGAGC
GGCAGCGACCCGAGGCCGTTTCCGCTGGAACAGAGAGAGCATATGGATTTCTGGTGGCTGGCCAAGCGGGAGGCCCTTTT
CGCCTTTTCGGGTAGGGCCCTTTCCCTTGCACCCCATTCCTTGGCCCCCTTGACCTTTTGGCCTTTAGAAGCCTTTGGAT
ATAGAGCGGTGAGCATGTGTCTGTCCATCGTCAATGCGGGTATGGCGGGGCCGATTGATGGGGAAGGTGGTGTTCCTCC
GCTCTACGATGCGATCCATTGTTGGATGCTGGAGAGCCGCGGTGAGACCACAGATTGACGAAGTAAGGATATTTCTTTAC
AATACAGGCATTGCGATCAGGAGAGCCGCCATGCCTGCCATTACGAAGTTGCCACGCTGACCTCCAAAGGTCAGATCAC
GCTGCCCAAATCCATCCGGCAGGCCTGGGTGCCGATACCGGCAGCAAGCTCGCGTTTCGAGCTTCGTGGCAGTGAAGTCA
TCGTGACCCGCGCCGATGCCGAGCAGGAGCCCTGCCATTGCCGCTTCTGACCTGCTGGCCACGACATTTGAAGCG
GGCCGGAATGTGCGCGGCTGCCCGAGGATTTGGCTCGCACCATGCTGGAGCACGCGGGCCACAAGGTGGAGCTGGGCGA
TGATTTCAATGAGGACGTGGAATCTGATGCGACAGCATGGCTGGACACTGCTGTTCCACGACAACCTGATCGAGCAGAT
GATGAAGCTGCGTGGGCTGTGCTGCGCGCCAGGAGAACGACCCGGAAGGGTTGGATCGAACGCCAACGTCAAGTTCT
TCCGGCCCTTGGTTAGTTGATACAGGATGTGGTGGCAGTGTCCAGCACGCGACGAGTACCGTCAAGGCAATACCATG
GGGCCGGTCTATCGCCACTGGCGGGCAGCCAAGCTCGGAAGGCGATAACAGGCTGTTCTTCCGCTACGACTCGAAGGCCAA
GATCATCGTGTACGCTGGGTCAACGATGAGCAGACCCTGCGGTCTTCGGGGAGCAAATCAGACCCCTATGCCGTGTTCCG
AGAAGATGCTCGGGCGCGGAACCCGCGGACGACTGGAGCGCATTTGGTAGAGTCAAGCAAGCAGGATTTGGAGCAAATG
GAATAGGCATTTCTCATGTAGCAGGAGACGACCGTGAACACCACTTCTCGCACCCAGCACCCGAGAACGCCCTCGGACGTAC
CCTTGGCCGTGGATGGCGCGCTTATGCGCGGGGCGAGCGGGCGACATCGAGCTGGTGGTATCCAAGGGAGTGGCCGGTGG
CCGGCACCCCGTGTGCTGTGGGCGGTCAAGTGGCTGTGCTGGGGCTGCTGCTATACGTTGCGTTCCTGGTTTCGCCCTC
GTGTTGCTGGGCGTTGTGGCGGCGAGGATGGGCTGCTGCTGCCAATACCTCGGATGACGACGAGTGGTCTTTCACCGATCT
CACAGAATTCGGCAGCAGCCGGGCTACGATCCGAATCTGTACAACGACACGTCGCCACGAGCTATACACCCGACGATGAC
CGGCTTGGCTACTTACGCTTACCTCCGGCAAGCGCCCTGCAACCTTACCCTTACCCTTGGCCAGCGCTCTGCTGCCG
TCTGAAAGCCCTGGATGGCGTGGCCGCTCGAATTCCAACCCAGGTAAGACTCGCGAGCCAGAATCCCGGCGAGTACAAG
GAACATCGTCCCCGTGACGAAGTTCAACAGCAGATCCCCAAAGGCGTTGTTTACGCCCCACCAGTGGATCGAAGTTGGCGT
GTGGCCGGTTCCAACCGAAGCCCCAGCCATAGAGCGCATCGAGGATGGTGTGCTGTCGATCCAGCGTGGCAGCTGGAACCCAG
AAATCGACGAAGAACAGCGCGAACTGCACGACGCTCACAGTAACGACGGTCTTCAGGTCGTAGGTGCCACAACCAGCAC
CAGCGGGATGCAGATGACCAGCGCCATCTTGAGCAAGGCGAGCACCATGGGTAACGCTGGCGCACCACGTCATGGCCG
GAAACGCGGAATCGCCCCGACGGCCATGCCGACGTCGCCAGTGGCCCGCGTTACGATGTTTCGGCAGGGTCTTGTGCGATC
TGGCCGCGGTAGTCCGTATAGACGCTGCCCTGGTTTTCAGTTTCTGCTGCCTCGGCGAGGCGATGGTGGGATCACCGAGTC
GTCCACCTCGGCTCGGCTCAGAAAGCCGGCCAGCCCGCAAGCGATTTCAGCAGGCTTGGGTCTACCTGCCCCAGCAGGC
GTGCGCGCAGGCCATTGCTGCCATCGGCCACCCTGCCTGCAGGACGGATAACCGCCACCCTGGCCACCTGCGCAAGC
CCCGCTGCGGGGTGCTGTGCTAGGGCCAGTCATCGCGTGGTGTGCTGGAGCGGTAGCTATCGTAGTAGCCGCGGTGTC
CGTGA AAAACCTCGACCCGATCCAGGTCACGTGCTGTCATCTGCGCCTCATCGAGGTTTTGGGCGCTGCATGAACAGCTTGG
CGCGCGCCGGCCGTTAGCAGTCTCGCGAGAAATCCGCCACTTCTGAGCCAGCACCCGGTTCGTGATGCGCGTGGCGTCCG
ATCTCCATCCTCATTTGCGCGAGGTCTGTGCCGATGGGATCGCTGCCACCGAGGCCCTGTGACGGCGCGCGAGAGCGC
GTGCATGAAGGCCACCAGACCGGCACCTTCGCCGATTGGTTGTTGAGCGTGTGAAAGACTGCGACCAGCCGGTCCGCC
AGGGTTGTGGCACGCTGACCTGGCACTGCGCCGAGCGCGCGCTGTGCTAGCGGATGGTGTGAGATCCACGTCGATAAAG
GGGATCCGGCGAACATCACCCACGATGGCGAGCAACACCCGGTTCATGATGCGCGCAGTGGAGCAGCCCTTGTGTT
GCCTTCGTGCGCACCCCTCCGACCGGGCTTACGCCATTCTGCAGCATGATGGCAATGAAAGTGCAGCGCAAGCACCCG
TTGCCACCAGTACCGCCAGATGCCGTTATGGACAATCCACGACACCAGCGTCAGGTAGTACTCCAGGTAGTTCGTTGCTGTA
AAAAGCGTCATGACCCGATCTCCCTCAAGCGGCTGCATCAACAGGCTGGCTTCCAGCGCCACAATGGCGGGCGGCGCC
AGCGATCTCGCTGCGCAGCAGTCCCGCCGCGCCAGCCTATCCGCCCGCGTTGGGCTTCGCGCGCCAGCAGGCGGGCGAC
GCATCCAGACCCAGCCGATGGCGGTTGCGCCGTACAGGCACAGTCCGACACCCAGGAAAGTAGCCCGCCGTTGGCCGTGAGC
CACCGCTCCCAACCGGCCACACTGCCAACGAGATAAATGCCGACGATGTTGGTGGCCACCGCGACGGCAACGAGCACCAC
CGTCCACAGCAGCGCTTTCGCCGCGCGTCCGTTGAGCAGCCAGCGTGGGCGCAGCCAATGGCGCGGGCAGGTTTCATGG
GTTGCCCTCCCGGATTGCCCTTCTGGAGCCGGTTCGAGGCGGTGGGAATGGGATCGCCTTCGTAGATGCCACGCGAGCCAG
CCGCGCGCGTGGCGTGGCGTGGATGATGGCCATGGGCGAGTTGTTGCCAGCTCACGGCGCAGCTCCAGCTCGGTCTTG
AGGTTGCGGATCTCTTGGTGCAGCGTGTGCTTTCGTGGTTTACGGCCTCGACCCCAACCTGGTTTCGCCGCGACGTTGGG
CTCCTTCTTGCCGGTACGAGGGTACGCTGGAGCAGCAGTGCCTTCTCCAGCACCGGACGCCAGCGGACCTCCGAGGCCA
GGCGCCGCGCCAGCAAGTCTTGGTCAGGCTCGTGCAGCAGCGCTCGATGACGCCGCGGGTGGTGGGCGAGGTTGCTG
CCGGCCGCGCGCAGGTTCTCGAAGGTGGTATTGCGCGTTCCCGAGACCAGTTCTTGC AAGGCTCCAGCTTGGCCCTCGTA
CTCCTCCTGGATCAGCGGCGTACGCCGACGCCGGGCACCGTTTTCGGTCTTGGTGCAGGCATCGCAGGTGCGCTGCACCT
GTTCCCAAGAACC CGCGTGGCCCATTCGGTGCCTGCTGCGGCAAGTCCAGGTTTGGCAGGACAGGCTCGCGCAACTG
GCGGAAGCGATGGACGACGTGTGCGTTACGCTGCGACCGTTGACCAGGTTGTAGCCCGCACGGGTGACGTCGCCGACCAC
CGGATGCGCCGACTGACCTGACCCCGCGGTTGTTGCCGCTACCCAGGGCACGCGTTCGTTGCCACGGCGGCTCTCTG
CCTGCTCGATCGCCGACACGGCATCGGTGCTGCACCCGATCGCGCAGTGCATGCCTTCGGCCATCTGGCCATCGCCCA
AGCTGTCCGCCCGCGTGTGCGCCATCTTCTCGGCCATGGCACCGCAGGTGACCTTGAACGGTCAAATCCATCCGCTGC
CTGCAGCACGCGGTTGGTTCAGCAGGTTGTACAGGCCCGGATCGGCGCGCTGGATGATCAGCGCAGGCGAGGATGCCACCG

CGCTGGTGGCGCTCTGGATCACGTTGCTCATGATCTGCTGAAAGCCGTTGGTGACGCCGTTGAGCTGTTGCGCAGCGTG
GTTTGGATGCTCATGTGCGCCGAGATCAGGTTGCTGTTCCAGCCCACGCCGACGCCGATCGAGCGCATGCCGGCCGACG
CCCCATGGACACTGCGCTACCGCCGCAATCGAATACATCACCTCGTCGCCGATCACGGAGCCGCCGTTTGAAGCCGG
TCTGCGCCACGCCAGGCCGCTGCCAAGAACGAGCGCGCCAGACAGCACCCCGGTCAATACCCCAGTCAATACCGTGGGA
CGCAGCAGGCGGCACGCCTTGGTGGAGAGGTTTGTGAGTTTTCAGTTTTCAGGACGCTTTCATCGCCGACCCCTCATTTGAAATCGACGC
TGCCGAGGAATACCTGGCCGCGACGCTCGCAGCACGCATAGGGCCGCCACAGTGCACAGGCGTAGTCGCCCTTGTGCGCC
TGAGTCAGAAAGCCGCTGCGGGGGAAGACCGTGCAGGACGAGGACAGGACGGGCGTGAGTTTCTGCCACTTGCCGTCGA
GGCATCGCTTTCCATCAGCGCGCCGAGGCAATATCCGGGCCGCGAGTTGGCGAGCAGCGGCTGATAGACGTGGATTT
GCCCACGGCGCGTGACGATATCGCCGGCGCTGGGCCACCACGCCGCGCCCTGTGGTTCGTCGCCCTGGTTCAGGAAG
CCGCCACGCGGATACACATTTGCCCCAGAGGTTTCATCGTGGTACGCGCGCCGACCTCGCCGCTACCCGGAATCGAGCCTC
CGGGTAGGCCATCTCGGGCACGTTGTAGCGCCAAGCCAGCGTGTCCAGGGTGCTGAGCAGGTACGGCATGAACGCGTGC
CCGCACCCCTCGCAGAAGTAGCCGAAGACGAGACGAACCTGGTTGAACACCTCGGCGCCGGGATGGCCGATGACGTCGCG
TTCTTGAACCTGGCGAGATTGTTTTCGTGGTCTTCGTTGGTGGTGCCTTCCGCCGGCTGTGCGGACGGGTTGGGCAC
GCTCATCGCCGACTTCGACCCAGGGGTTTCGCGCGTGTGCTGTAGCTGGAGACGACCGCATCGGGGATGTAGTGGC
GGACTTTGATGGACGTGCGCACCCGTGCAGCCCGTCCAGGTGCAGTAGAGCCAGTAGCAGATGCCGACGACGCGGTATTCG
AGGCAATCTGGTGTGACTGAGCCAACGATGGAGGCGGTGTTGAGTGCCTAGCTGCCCGTGGCGCTGAGCAGCAGCAC
TGAGGCCACGCCGCGCGCAGGCGGCGCATCCGCTCGAAGGCTCGGGTCATGGCTGCGACCTCCGATGTTGTTTCGATGTG
CGCGACGGCACGGGCCACATCCGGCTCGCCATAGACCACGTAACGCTGATCCACCACGACCGCCGGAATACTGATGACGC
CCAAACTCCAAGCGTCGGTGACGCCCTGGTAGGCGGAAGCGATGCGGCGCTGAAGGTCGGCGCCACCTTGATTCAGTTGG
CGCTTGACGATGGCCGTGGCCTGCTCGGGATCGATGGGCAGTTGTGCGGAAAGCTCGGCTTCGATGCGCGGGCCCTTCATC
CATCTCAATCAGCCGCTCGCCACCCATGGTCTTGACCGGGTGGCGGCTATCGGTAATGACCACCACATCGGCGGGCGAAGG
TGGCTGGGCTGAAAACAGCCAAGGACGCCGGTAGTGCAACGGCCAGGCCAAGGGTTCGCCAGCCTGCTGTGAAGCGGAGT
AAAGATGCTGGCATGTGCGGTGCCCTGGAAGTTGATCAGAGCCATAGTCGAACCGGAACCCGCTGCCGCCCAACAAACA
ATGCGCATCGCGGGCACCCCGCATACTGTTCCGGTGTGCGGTATGAAAAAAGCGGAGGCCGAAGCCCCGTTGTGATC
AGTGAACCACGTGCTTTCTACAAAAGACCCGACTCGGCGAACGAGTACGGCGTGCCTGACCAATCACGAAATGGTTCGA
GTACAGGCGCTGATGAGGCGAAGATGACCCGAGCGCTTCAACTGCTCGGTGACAGCGGATCCGATTTGGATGGCTCGGTGGAA
CCCGAGGGGTGCTGATGGGCGAAGATGACCCGAGCGCTTTCAGTTGCAAAGCGCGCTGCAGCAGCAGCCCTGGATAAAC
CGAGGTGCGATTGATCGTTCCATGGAACATCGGCTCCACGGCCAGCACGTCGTGCATGCTGTTTCATGAATAACAGCAGCA
AGATCTCGTTGGGCTCGGCGACAGCTTCAAGCGAAGGTAGTCCCTGACCGCAGCGGGCCGTTCAAGACGTGGCCCGGCT
TTGAAAACCCGTCGCTCCAGCAGCACGATGGCTTGTGTAACGATCCAGTCTTCGTGCTGAGCGGCAATATCGGAAAGTGA
CTCCAGGCAGGAGTCATTGATGACGACAGACATGGCGAACCTCCAGACAGGGAAATCGAAGGGCGCACATGCCCCAGGAG
GGCAAGCCCTCCTGGGATAGGAAAAAATAAGGGAACAGGGTGCATCCATCACCGCTGCTGCGGTGATCGTTTCGCGGC
CAGGATGCGAGGCGAACGGGTGCGGGTACGCGCAGCGTGTGCGCCGATAGCTCAATGACCGCAGGCTACCTGGGCATGT
CGCCGACAACGTGCGCAGGCATTTTCGGTGGTTCGGTGGAGCGGCGGCATCCTCAGCCACCAGCATGTCCATGGCCGACAGC
AGTGCATCGCCTTCGATCGGCCCGGCGAGCACGATTGCCTGACCGGTTTGGCGATCCTGCAGACGAATCGAAGGCGTTCGC
GGTCACGCCGCCCTTGGTGGCTTCTCGGCCTGAGCGCGAATCACCCATCCGGTTCGCTCGCTGGCCAAACACTGCTCGA
CGGCTGGGTTGAGGCCGGGATAGCGCAGACCCTCGGGCAAGCCCAAGCCGTCGCTACGTGTGTGCGCATAGATCCATTCA
ATGGCCTGCCAAAAGGCCGCATGCCACCTGTCTCGGCGGCGCACTCGGCCAGGCGTGCTCGGCGGAGGCGGGCCGGTTC
GTGCGCGGCCAGCGGCTGGTGGTGCCATTGCAGGGCTACGTCCGCGTTGGCATCCACCAGCGCTTGAGCTGCGGGAAAGT
ACGCTCGACAGAACGGACATTCGAGGTGCGCATAGAGCGTCAGCGTGAATCGGCCCTCGGGGTTGCCATCTGCCAGGGA
GGCCCGGCTACCTGCGCAGCACTGACCGGCGCGGGAGGCAGCGACGCGGGTTCGCTGGGAATGCGGGACACGATCCATAT
CAACAGCAGCGCGATCAATCCAGCGGCCAAGAACCAGGGCCAGCGCTTGTGCGAGCGCCGACGGCGGAACGCCTGCACCG
GCATAGGAATGGAAGGACGTTTCGGTTTCACGGCAGTCTCCGGCGGCTATTGCGGAGGCCACGGCTGGCGCACTTGATG
CCGCGCGCTGGTCGATTTCTCCTCGGCCACTTTGAAGGCGCATCGAGTTCGCTGATCCGCTGTTGCTGATGAGCTGGTA
ACGCTCGGCCCTTCTCCTCGGGTTCCGTCTGCGCGAGCGGAGATAGAGGCTCGGTGGCAGGCCGCAACACACTTCCA
GGCTCTTGGAGAGGATGACGCCCTCGGTGAACTTCCCGGCTTCCCTTGCGCGCGGAAAGCATCAGCGCCTTCTGCGCAGGC
GAGAGTTGCGGGAACCGCGCGATCTTCTCCACCTCATCGGGCGGCATCGACAGGCAGATCCACCCTCGATCATGTTGAG
CATGGGCTCTGCAGCGCGCGCAAGTCGTGATGTTTTGTGTGGCGAGCCAGAACAGGCCCCAGCTTGCGCCACATCT
TGGTGTATCTTACCACGTAGGGTGCAGCAGCGGGTTCCTGGTGTGATGATGTGCTTTCGTCGGTTCGCTGATGATCGGG
CGGCCAGGTAATGATCGCGCTCGGCAATGTTGTTACCGTGTGATCAGGCTGATGTAGGCAATAGAGAGCTGCGCGTT
GTAGCCTTCGCGGGCATAGGTGCGCAGATCCACCAGGGTGTGTCGGCTTCGGGCCACGGCGAACCGTTCGCGGTGCAACA
TTTTGCCGTCCTGCTTGGCAGAACATGTCCATGGCGTCCGCCATCTCCAGCAGTGCACACGCCGATTTCCGGCAGC
GTCGGGTCTGGCTGCGCGTGCAGCAGCGGTTGCGCACATCGCGCGTGAGAACGGTTCGCTTCTCGCCATCTTGTGCTGTG
GCAGTGTCTCGGCGGCATCGAGGATGCACTGACGGATCAGTGAGCGGTTCGGCTCGCGTCATCCGGGCTTCTTCTTTATCTT
CGCCGCCGGTGTATCATCAGCCTCGCGGTGATCTCCAGTTTACCCAGTACGTGCGCGTGTCTCATCTGCCCTCCATGGCCACA
GCATCGGGAGGCAGGCTTTCATCCAGCGCATCGGCGTGCAGCGTCTGCACGTGCTGGGCGTCTCGATCAGCCGGCGCGC
ATCCGCGAACGGCGCCAGGGTAACGCCCGAGCCCGGAGCGAGCTTGACCCGATTCACGGTCAGGCCAGGCGCCGGGCAA
AGTTCGCTGAACAAGCCGAAGCTGTTGCCGGCCTCGACAATGAACAGGCGGGGACGGTAGATCGCCGTGACCTGATTCAG
AGGTTGTTGAGGGTTCGCCGACTTGCCTGAACCTGTCCGGCCGAACAGAAACAGGTGGGCATTCATCTGCCGATCCAGGCG
GTTGAGCGGGTGAAGGTGATCGGCCCGCGCGGTTGAACATCGTGTGATGCGGGGTGCCCGTACCTTGGGCGCGGC
CCCACAGGGCGAGAGGTTTCGCGCGTGGCGGAACATCAGTTGGTGTACCCTTGCGCCGATCTTGGCCGGGTTG
TAGCAGCACGGCAGCCAGCGCAAGTAGCTGTTTCAGCGGTGCCACCTCGCTCTTCGCGAACCCGGTTCGCAACCCGGGCTT
GAGCATGACGTTTCGCCAGGTCGAGGCCGCGCCGATCCAGTTCCGCTCGTTCGCGCCCGCGCAGGTAGAACCGCCAGCGTGC

CACGATAGAGCTTGTGCGCGCTGCCGATCAGGGAGCGGGCTTCATGCACGTCTTGAGCGTCTGCTCGGATGCCAGGGTT
TCGCCCACGGCCTTCTTCGCCAGATGATTGAGATCCGCTTCGAGAACATCCTGCGGGCTGGCGACCAGCGTCAGGCAAAG
GATGGTGTCTCGGGCATCTGGTGAACAACGTGTTGATGGCGTCGCCCTTTCGCGTCTCGCCGGTCAGGTGTCCCGTGC
CTGGCGGCATGCGCAGGCGGTTCGGTGATCAGCACGCGGTGCGGCATGCCGTGCAAAATGCCAGGTGCCGTGCGCCACGTGC
GAACGCGGCTGGCCGAAGAACAGCCGTTGGCTGAAATCCCGTCCGCTCGCCAGCTCGATCTCGCCGTCTCGCCTTCTC
CGCACTGTTCGGGATAGCGCGCAATGTATAGAAGCGCTCCCGGTCTTCGGCCCCAGGCCGAGCAACGTGGGGCGCGGGT
TGAACCAGCGCAGCAACCAGTCATGAACATCTGCCGCGACCATGCGCCGGGCTGAATGCCGGCGTTCGCCAGTCCGCCG
CACAGGCGGTTCGAGACGATATTGAGCATCTGCTCGGGCGTCTGCCCCGACGGCTGTTTTGCCCTTGCCGGTACGCG
GCGGTAGACCACCATGCGCACGCGCCGGTCTGGCCGCGAGCAGCGACCGGTGTGACCACAGTGTCTCGAACAGGCCG
CCGGCTTGGCCACCGCGCGCAGGTGGTGGCCGAAGAAGCGCAGGTAGAATCGCTGAACGCTGTATCACGGGCGCGCGG
TGCACATAGTCGCGCAGGGTCTGCATGTACTGGTCAAAACTGGGCTCGTCTGGGCGTAGAGCTGCAACACCCAGGGAGT
TTCGTCCAGTTCATCGAAACTGTCTGACGCGCTTCTCCAAGGCATCGCGGGCCTGCGCGAGCCAGCCGGGTTCCCGGC
CTTCGGTGCACGCGCACCAGCTCGTAAAAGGCCGCCACCGATTGCCCGTCTCCAGCAACATGGCCTTCGACTGCGGC
AGGAACTCCACCCAGGGCAGTAGTTCCACGAACGACGGCGGACCTCATAACAGCGTCTGCTCGTCTGCCATGGTCGCGG
CCTGTGACCTTGACCCGCGTGCCTGGGTTTCGGGGATGCCGGCCTGGTGCAGTGCCTCGACGTGGCGCTGCCAGCCGTCCG
GCTGCTCGTCATCGCCAGCGCCGGACGCGGCCAGCTTCGGTGCGGCCAGCTTCGGCCAGGGGAGTTTCCAACGCATCAGT
AGTCTCCACGCGCTCGCCTGGCATGGCGTACTGCACGCGCTGGTACAGCGGGAACACAGTCTATAGCCCGAATCGGC
ACCGGGTCCGTGCCCCGCAAAATGGGGATACACGTACATAACGAGGTTCGGGGTGGGCAGGCGCTGGAATGGCGATAGAC
CTCATTGCGCGCGGTGCGCGTGTAGCGCATCTGCTCGGCAGGTACGGCTTGCACGTGCGCCTCGGTGAGCGGACGGCGAA
GGCTCTGGCGCGCATCAAGCAACTGTCTGCGCGCCACCTGGCCGGCGCCACCGCTGCCATCACCGGCGTTCGTTGCCAG
ATGTCCATCATCGTGTGTCGCCGTGGGTGAGCAGCTTTTCTTGTGGTGGCGCAGCCGCCGAGCAGCGCGACGGTCAA
GGCCAGCGCCAGGCCTTGAGCCAGCTATTCAAGTTCGAGAGCATGGCTTTCTCCTGCGCGGTGATCGACCTTCCGGCCT
TCTGGGTGCAAGTTCGATGGCGAGCGGCTTTTCGAGGTGGACGGCGACCTTGGCACCGGGTGCACATAAACGGCAGCGAA
GGCCTGGCCGTAGAGCTTGTGACCCAGCTCGACATGTCTGAACGCCACTGGCGAGAATCCGGCCACGGCTTCTTGGC
CGCTGATGCCCCACGCTGCCGATGGAGCCGTTCGGACCCGACATAGGACGCCCCGCACTGTCGATTCGATCAGTGAAGCC
ACGCGTAGCCACGCGCCGTGATCAGCGCCCTGGGTGAGGACTGCTGCGCATTCGCTGCGCCGCTCGCCGCTGCACACA
GGGAATGCCGTGCGGGTTCGTCATCCAGCCAGGCCGCTGCGTGTGGTGTGTTGCTGTTGCCCTCGCCGCTCGCCTCGG
GAATGGTGCGGATGGTCCCGTTCATGGAACACGAAGGTGATGCTGCGCACCTGGCCGCGCACGAGCAGGCGTCCAGTCCG
CCTGATGCGGTGCCGGAACACGGCTCCGGCCACATCGGGAATGTGATAACCGTTCGCGGTCAAATTTGCCGGCCCCGAC
CAAGACCTTGAAGGGGTACGGATCGTTTACCCTGCCGTGATCGGCACGCGGCCAATCAGCGCTGTCAATTGCCACCGACC
CCATCAGCGTTGAGTTGGTTCGGCACGGTGTAGACGGGCGTTCGCGGTCTTGACGCCAGCGGCGCGTTCGCCCCGCTTCGCC
ACGGTTTTCGCTGTGGTTTCCAGCGTGTCTGTGCGGAACCGAAACTGGTGGGAAAATTTATGCCGCCATTCGACCTGCC
TCGTCCATCGCTTTGTTTTCGCGTCATCAGGCTCCACCCAGCGCATAACCGCTTCCATGCCGGCTCGTTCGCCGTCACGCA
GGCCAGCCCCACCGGCAAAATCGGCATGGCTGCCGCCACGCCCCGCGATGCTGTCCAGGCGTGTGTCAGGTTCGGCGAGC
AGCCCCCTCGGTTCGCTGGCGCGCGTGTCCGCTGCTGTTGGTACGGCGCAGGTTCGAGCGTTCGGATTTCGAGGGCCGA
ACTGATACGCTGGTTCGATGGCGCTCTCGCGCTGGCGCAGTCGCTGATTCTCCTCGCGCTGCGACCTGTTGTTCGGACAGCG
CGGTCTGAAGCTCGGTGCGCAACTGCTTACCTGGGCAACCAGCGTTCGCCACGGTGTGCGCGGGGTATCGCCCTCGATG
CCCAGCGCCTTCAATTTCTCCGGCGTTCGAGCCTGCCGCCGCCATCTGCGCTGGGGCGGCCGACCGCCCTCCAGAGAA
CAGCCGGATGGCGACAAACAGCACCAGCAGGGCCACGGGGATCAGTAGCCACTTCAGGAGTCCGTTACTGCGCATGGCGG
GCCTCCCTGTCTGCTGGCGGCTGCTTTGGGCTGCGGAAGATGCACTGCGGGGTGCAAGCGATGGATCGCCGGCAGCAG
CGACTGCGCGAGGCGGTGCCCGCGCGTACCAGGTACAGGACGGTTCGTGCTCAGATGTTCCGCGTGGGCCGAGCGCCT
CATGTGGAAGGTGGCGGTGAGGAAATCGCCGTGACAGTACGCGCGGATCGAGGTGATCCAGTTCGTTGCTGCTGTTGGTC
AAGCGCACGGCAGTACCCACTGGTCTTCCAGTCCGACGACGCGGACCGCGGACCGCGGCTGCCGGCAAGGTTCGGCATCAG
CGTCCGAGGTTCGAGGTCGCGGCGCAGGTTGACCCGAATAACGCCTGGCAAGGGTTCACAGGTGCGCAGCGCGCTAGAG
GGTTCTGTGCCGCAAAGCGTGTCAACACGACAGGGATTGGCGTTCGCGCCGCGTTCGCGGGTTCGCGCTGATTCTGG
ACGCGCGTCTGGGGTGTATCGGGTCCGTTCAGGCTGACCGCCATAGCGCGCCGGGTTGCTGTGCGCTTCAACGATGCGCAC
CGGCTCCAGCTCAGTTTCGCTGTCTTGGGCGATTCCGCGCAATGTGAGCAGGATCAGCGCGCCCGTGTGCGGCTCCT
GCAATTGCAGCCGTGTTGGCTCAATTGGCTCGCTGGCACGAGGTACACCGCGCCGCGCTCTGCACGCGCAGCCGC
TCACCGACGCCCGCAGGCACGCCACGCGGACGTTTCGGTTCGATGAACACGATGCGCTCCTGGCCGACCTTCAACGGCAC
CGCCAGCGCATGCGCTCCCAACGTAGGATTTCCACCGCTGGACGCGGGGGCGGACCACTGTGGCGGCCACGGCCA
GCAGCCCCAGCAGCGCAGTACAGGATGCTTCATGGGAATTACCTCCTTGAAGCGCTTGCGGCGTCAATCCACAGGCA
CTGGGCGCGTTCGGTTCGCTGATGCGCTGGGGCGTGCCTTCGTAGCAGTCGAGCACCAGGCCGAAGGGTTGCGG
GCGGGATCGACGTCCACCCGCGCGACCTTTACGGGGTAGCGCACCAAGGCGCGTTCGACCTGCTCGCGCCGCTAGTACTC
GTCGGCGCTGATGTCCAATGTACACCCAGTCGCGGTTCGAAATCACACGCACGCGCGCCGTGGGGTGTGTCGCCATAGC
TGCGACCGGGGATTTTCATAGATGCCGCGCACGCGCTGGCGCAGTTCGCCGGTGTGCGGGGTAGTCGTAGTCCGCGCGC
AGGAAGGCCTGGCAGAACGGGGTGGGTACGGCGAGAGCGTGTGGAGATTGCGCGGGTAGTCTTCTTCGCCATTCGTCGG
CCAGCGGTTGAGGGTCTGGAACACGTAGAACGTGAACGCATAGACCGATTTCAGGCGGTACTTCCACCCTTTCGGGGTAC
TGCCGGAGCGCAGGTTCAGGCGGGACGTGGATGGTTCAGGTTCGCGCGGTGCGCTCCACCATCCTCCGCCATGACCAGGGCG
ACGACGACCAGCGCACCCGCGCCGAGGCGGAGCGTCTGATGTGCGCCTGCAGGTGGGTGATCTCGTTCTTGAACGGCT
CATCGTGCGCCCATGCTTCCCTGCGGGTAGTCCAGAAGCAGAGCGGAGATCAGCACATCGTTCGCCACCCAAACC
GGCCATCAGCGGATGGCGCGTGGCAATCCGCCATTGCCACTGCCAGTCCGCAACTGTCGGGACGCCACGCTTGGGCG
GGCGCAGAATGCCGCCCGCATGAACACGCCACGCCACCGCCAGGACAACGAAGTTCGGCGGATGGCAATCGTTCGGG
AACACCCAGGACAACGGAGCGCCGACCACCAGGCCGGCGGCCAGACAGGCCGCGCAAAATCCACAACCTCGTTCGGCGGT

GAGGCCGCGCACGACCACCGGGTGCCTGTTGAGCCGGTGTGGAAGGAACGTGACTGTCCCATCGGCACGGACATGCTGTT
GCTCGGACATGGCCCGTCTCGCTTACAGGATGCCGGTGGCTTCGGTGAGCAGCCAGATGCCGATCACGAGCAGGACAGC
GCCGATGGCGACCGTGAGGCCGAACCTGGCCCCACGTCTTGCGGCCAGTGTGGATTTCCGCGTAGGTGCCGTAGGCGTGAT
AGCACACGCCGATAAACATCGACGCCACCACCAGCAGGGCCACGAGCATGATGATGTCGTAGCCGTAGTTCCCTGATCGTG
TCCATGATGCCGCTGCCAGCGCCGCGGGTTCGGGTTTTCCAACCTGCGGCAGGCCTTGCGCGAACGTCAGCGCGGGCAATGC
GGCGGCACCCAGGACGACGGCGGGCGGTTGGACAAAACGAGTAGTGAGGATGCGGTTTTGCATGGTCAATCCCTTCAGGT
CAGGAGAGGAGGAAGAACGTACGACACGAGGTACATCGCGACGAAGCGGATGCAGACGCCGAGGAACCTGGCGCTGGTTGAG
GCGGTTCTCGGCCACCCACGTAGGCCGTTCCGATGGCCAGACGCCCCAGACGAGCAGAACC CGGAACACGACGCCGA
CCAGGACGGTCGCCATCGCGGATGGTGGGATGCCGCTGTTGGCTTGAATGCCGAGACCTGGGCGCCGTTTCATGGTCTGC
CCTGCGCAGTCGTGCGCAGCGATGGCGGGGACGCCCGCTCAGTGCGGTACTCGCCAGTCAGTTCGGAGAGTTCGCGCTGC
TGGGCGCGCAGCGGTGTGAGATGGGCCAGGATGCCAGCGCGCACACGCTCAAGGTCAGCCAGTAGTCGCGGGTAATCGAA
GTGGTAGCGCTCGCCCGGTGTGATGGGGGTATGCGTTCGCGCTATCTGCGACGGTGCCTCCAGCGCTCGAGCTGACGCA
GCGCGGCAACCAGCTCCTGACGCTGCATCGGGGATTCGGCCAACGCCATCGAAGACTGCCCCATCAGTAGGGCCGTCACG
AGAAAAGTGGGCACGCCGCGATGCGCGGCGCGCAGCCAGATCGGAGCCAACATCGCGCCATTCCTGTGTGATCAGCAATG
GCTTGATCGTGGCGATCAGAGGCGTTTTAGGCCGCAACAATAGGAACCCAACTACCCGATGATCGGAGAGGTACT
TCCCAGAAATGAACAAGGTCAATTGATGTACGATTGACGTACATCGTCAAGAACCTTATCGTGGTGGGAATAGCCTGGC
CATTCCGAGGCGCAATATGACCGCAGCAGTCCATCATCCGGGAGGAGTTCGCGCCAGCGTCTTGAAGCTGTTGGTGTGT
CGCCGACTGAGTTGGCGCGTCAGCTTGCCGTCCCTGCTAATAGGGTCACTCAGATAATCAACGGCAAACGTGGGATCACT
GGTGACTCTGCGCTGCGGTTTTGCTCATTGGTTCGGTGACGCCCCAGAGTTCGGATGAACTTGAAGCACGGTACGACTT
GGAACCTGCAGAGGTTGAATCGGGACGATCTATCAGGTCGCTCCCTACCGGCCAGTCGTTCCGCGCCATAAGACTAACA
AGCATGTGAAAGCTACGTAGGGAAGGTCTTTTTATGACAAAAGGGAGCAAAGACTTTTTCTTACGTTGGTGAGGGCGTTTGG
AGGAGGAGCGGGCATGACTGATGCACCGACAGACATCACATTCACCTATCCACCAGAGCTGTTCAATCTACTGGTGGAT
GTCGTGCCGCTGCTCAATCGCTCGAAGCAGGATGTGCTGGTGTCTTCCGGGGCGCAGGAGTGCCTGACAACATGACTTC
TGACATTGCCGCTCACTTGAGGGCTGCACCGAAGGACGTCAACAAGTACCAGATGGTTCGCACGGTGCCTGACCGCCTCA
ACGCAAAGGGGGAACACGCTCTCCGTGAACGGCGGGAAGTACTGCGGCGCGTGGTGGACTTTCGGAACCTCGATTTCGTGC
TGGCCCGCCGACCCAGCTCAAGGCCAAGGCCCTTGTGCTAGTATCCGCGAAGTTCGTTAACAGAAAAGACGCTTTTCACGCG
CATGAACAATCCCCGCGAAGAAGAACAAGTACGCAAGCTCGCCTCGCCGAGTCGAAGCGGATCGCAGCAGAAAATCGCGAGCGCA
GTTCCAGGATCGAGAATGCCAAGCAGGGTTTTGATGCATTGTTTTGGCACCGCCGCGACGGCGCAGGAACCGGGAAATTG
CTGGAACGGCCCTCAATAATCTATTCCAAGCCTACGGCGTTCCTCATCCATAAAGCCTTCCACTTGGTTGGTGAGGCTGG
CGCAGGGATTGTGAGCAGATTGATGGGGTCAATTGAACTCGGCGGTGTTCTGTACTTTCGTTGAAATGAAGTGGTATCGCA
ATCCGGTGGGAAAACAGAGATTGCAGAGCATCTTGTACGTCTCATGTGAGGGCCGAAGTTCGAGGTATCTTCATCTCT
GCCAGTGATTACACGGAACCTGCGATTACACCGGTACGAGAGTTCCTGCAACACAAAAGTTCGGTTCCTCGACGCTTCA
GGAGGTCGTACGCTGCTTGAGCGACAGGACGACCTCACGATTTTTTACAAAAAAAGTCCAGGCAGCACAGATAACACA
AAAACCCGTACTTCTGCCCTCATGGTAACCAGGGACAAGGTGCGTCATGACAGCAAGTGGAAAGGATATCAATAAGCCGC
CGATCCCCGCGACCGTTGTTACGGCCGCACAGGTGGCGAACGGCCCTGTGATGCCGCCGACGAAAGGCTACTGACCTAC
TCGCCAGGAGAGTGGGAGGGGTTTCGTGAGGAGTGGGCTTATTACTGCCTCACGACGAAGTACGAACACGTTTCAGCGCTT
CTCAGGTGCTGGTGATATGGGTATCGACGTGCTGGGTTGCTGACGGAGAACGCTTCAGGGTATATGGGAAAACCTCC
AGTGTAAAGCACTACGACCATGCCATCAGGCCAGCGATGTATGGACTGAGTTCGGTAAGGTCATCTGGTACTCGTACAAA
GGTGAATACGCGGCCCGCTGCTACTATTTTGTTCGCGCTCGGTGCTGGCACGTGCTTAGCCGCTATTCCTCGAA
TGCAACGAAGTTACGCGAGGAACTGTTTGGCAACTGGGATAAGCATGTGAAAGGTGCGATCACTAGCACGCAAGAAGTGC
TGCTCGATGCGGAACTCCGGGCTATGTGGACACCTTCGACTTCTCCATCTTCGACGCCAAGACTGCGCTTCAGCTTGT
GATGATCATCGTGCCACACCGGTCCACACAGCGGTTTTCGGTGGTGGACTGCCAACCGGGCTGCATCCGAAAAACCTCC
CCAGGAAGTCGTGTACCCGAGAGTTCGCTATGTGACGAGTGTGTTGGCGCATAACAGCAGCAGCACAAAAACAATTTGTGA
CTGACCCCTGCACCTTGTCCGTACCGAAGTCAAGGATCATTTCCGCGCTCAGCGCGAAGCGTTTCATGAGGCGGATCG
CTGCGCGTCTTCGCACGCGACAGTGTACCGCCCGCACATTCGAGTCTTGTAGACGACATCCAGCATGGCGTTATCGA
CACACATGACGGGAACCACGCCGATGGCTACGAAAAAGTCTGCGCCGTACCAAGGCGGCCCGCGACATGCAGATTACGG
CAAACGCTCTCATCACTTGTACGAACCCCAAAGACCGGGATGGGATCTGCCATCAACTCGTGAATGAAGAGCGCCTTCGG
TGGACACGATCATGAGCCAAGAACATAAGCCGATCACCTTCAATGGCCACTTGGAGCCGGTATTCGTGCGGCTCGATT
CTGGGTGCCGCTATCCGCAAACCTACGACCTCCAGCGGCTTGTGCGCCTTGACTACCTTCTTGTTCATAACGGCGATAT
CGACGGCCCCGACAATTTGCACCCACCGACACCAATGCACTCGGCTGAATTGCTCGTGCGCCGAAATGATCGAGCAAT
CGCTGCTTCTAATGATGACCCGCGACCTTGTGGAGCGTGAAGTTACACCCGAGGGAATCAAGTATGGTGCAGGCGAGAAT
GCTGCGACGTTCTGTGCTCAGTATCTTCCAACCTATCTGCTGTCTTAAAGGATCGCGCTGTATGGCTTGTGAAACCAT
TGGTGACCTAACGGACGAACAGTTCAAAGGTATGATGCGCCGCTTCTTCGATAAATGGGTGAGGAATTCAGCGCGTGC
AGCAAAGCCTGGGAGGCGAAGCATGACGTGAGTAACTCCCGGCTTTCGCTTGCCTTCCGCTTTTTTTCGGCCACAGA
AGCCGCCGCAACAGTGACCTTCGGCGCCGGTCTCAACGTTATTTACGGCGCGTCAATACTGGAAAGTCTTTTCATTGTC
GAAGCCATCGACTTCATGCTCGGTGGCAAACACCCCTGCGAGATATCCCTGAGCGCGTCCGGTACGACCTCGTTCTCTT
GGGAATTGAGACCCTTGATGGGAAGTCATTTACGCTCTGGCGCAGCGTGGATGGTGGTGGTTTCGGCTCTACGAAGACT
TGCACCAGACACCGCCGACGCCGACATCCCGTACACGCAACTTGACGAGAAGCACAGCGATAGGAACAGTGCGAATCTT
TCCTCATTCTTGTGAATCTATGTGGCCTTGAAGCAAGCGTGTCCGAAAAAACTCCCGGAACGAAACCATCAGCCTGAG
CTTTCGCAACATTGCGCGCTTGATGATCGTGCATGAGACGGAGATCACACAACAAAGCTCTCCGCTCGTTGATGGCAATC
CCACCGCCAAATACGCCAACTTGGCGACGTTCAAGTTACTTCAACCGGAGCGGACGACTCCGCATTAGTCGCCAGTAAT
AAGAGTGAGCCGGAGGAGTTGTGCGGTGAGGCGCAATTGCATCTTCTCGATCAGCTTCTTGACGACTATCGCGATCGGCT
CAAAGAGTTGACCAAGAGTCCGAAGGAGTTGGAGGAGCAGCTAGAGAAGATCGACACCTCGCTTCACCAACAGGCGGCTC

AGGTAAACACCACGGAAGCTGAATTTTCAGGAGGCTGCCGGGAAGCGGCGAGAAGCTGCGCAAGAACTGGAGGAAAGCCGA
GAGCGGCGTGCAGAGGTTCGGCGCGATGCTTGAACGATTTCAGACTGCTCGACAGACATTACGTGTCCGATATTGAAAGGTT
GCGTGCCATTGAGGAAGGCGGGACGCTGTTTAGCGTACTTTGGCGCCGGGCATTGCCCTCTCTGCGGCGGAAACCCCGATC
ATCATCGCGCCGATGCTGGGTGCAATGGAGACACTGATGCCGTGCTTCAGGCTGCACGAATGGAGATCGCCAAGATCGAA
GTTTTGCGCGCTGAACTTGTAAACGACTGTCCAAAGCCTTGAGCGCGAAGGTGCCAACTTTGATCGCAGGATGCCACTGT
GGTTCGAGAGTTGGAGTCAATCTCAGAGTCCGTTGAAGAATTGATCGCACCTAAGCTTTTCGACCTTCGCAAGTCCATATT
CAGATTTTGGCGACAAGCGGGCCAGGTGCGCGAAGCACTGGCACTCTACGCCACTGTGCAAGACATGGAGCGCCGTCGC
GCCGACCTTGAAAAAGGCACCGAAGAGGAGAAGGCTGGCGCGGTTGCAAACGCAGACCTCTCAACCACGGTGACCCACAG
TTTTGCCAAGACTGTCGAGGGCATACTGACTGCTGGTTGGCACTTCCCAGAGGCTGGGGATGTTTACTTCGATTCCAAGACTC
GGGATCTTGTCAATTGCTGAAAGTTCGCGTAGTGTCTTTTGGTAAGGGCTTCGCGCCATCAGCATGCAGCCTTTACCCTC
GGACTGCTTGGCTTCTGTCTGTGCTCGCCAGACGCCGCACATGGGATTTCGTCTGTGCTCGATTCTCCTTTGCTTGCATACCG
AGAGCCAGACGGAGCGGAAGATGATTTGACTGGTACTGACCTTCAAGAACAGTTCTATGCATATCTTGAAGCGTTGCCTA
GCGACACACAAGTCATCGTTGTTGAGAACACGGATCCGCTGCTGCAATTATGCAGCGCGAGCAGTCCCTTATGTTCCGGC
AAGAACCCGTATCATGGACGGTACGGATTGTTCCCTTATGCAACGGACTCCGCTCAATAAATGAGCATAGAAACGGGAAA
GATACAATAGCATGAGGTGATCGCGAGAATACCCGACCGTTGAAGCTGGGCGTTTTCTGATGGGGATTTCGATTACAGGTA
CTTCTTGAAGCTCCCTGCAGTACGGCTCACGGCCAGTCCCAGCAAGGCCGCGCTCGGCAGCAGGATCAGCAGCGGATGTA
CCGAGATCGGCAAGGCCAGGTACGTGACCCAGGGCAGCACGGCCAGCGGCATCAGACTGGCTTTTGTCTCGGTGGTAGATA
AAGCCGGATTTCGCGGCCCGCCCCGAACCGGGCTACATCGCGGCGCACCAAACCGTCGATCAAACCGATAAATGCCGCCGT
GAAAATCAGCGGCAGCGTGAGCGCCAGGACCAACAAGCGCACCAAAAAAGTGAGTGTGGTGAAGGCAGCGGCGATCAGGT
AGCTCTCGGTCCAGACATAGACCTGGCTGATGAAGTAACGGAAGTTCCGCGCCTGTCTTGGCTGAGCGCACGGGCGCGC
TCTGCGGTCTGGCTCATGCGCTCCAGCAGCCCTGATCGCACGAATACCCATTTCATAACCGGTATCCACCAGCGCATGCGC
CGTGCGCCCCGGCTCCTGCACGACCAAGCTGCGCGTGAAGTGCTCGGACAGGTGCCCAACTCGTACTGCAACATCTGCT
GGGAGTGCTGCCAGCCCTGGTCTTTCCAGAACAGGTGCATGCCGACGCACTCCACGACGATCGAGAACAGCAGCGAGCCG
ATCAGCACCCCGAGCAGCCGGAACGGCAAGGTGATGGTGGCGACGATCAGGCCCTGGCGGCGGTTCTGCTCGCGCTGCGC
AGTGGCTGCGGCATCGCTCATGGCGCGGTCTCTTCTGTTGGCCGTGCCGCCGTGTGCGGTGATGGGTGTGGCGTTGGCCG
CTCATCTAGCAGGTCTCCGGCAAGGCCGCTCTGCAAGACCCGGGATCGGTGAACTCCCACCACTGCGTCTGCTTCCG
TGTAGCTTGACGCATATACCTGCCAGTTGCTGCAAGTCCGCGGCATCACCTCGTCCGGTCCGCGCCGCGAGTGGC
ATGCGCACTTTCCAAAGCTGACCGCCCTGCAGCAGCGCAAGCACTGGCCCTTGGGCAGGGCGACGACGTCGCGATGGCTC
GATCATCGGCACGCTGGACATGCTGATGCGGTCTTGGGTGTTTCGACGTAAGTCTGTGCGCCGCGAATGTCGAGCTGT
CGGTGCGCGCGCTGACGATGGTGGCCGTATAGACCTCGACCTTCGGCAATTGCCGGGTGAGCAATTCAGCGGTAGCCGTC
TCGCGCACGCGCAGCATGAACAGGTTGTTGAAGTTGCCGATCACCTGACCGGCCCTTCGCCCGGTTGCCGATGCGGGCTTC
GATGTCCGAGAGGGTCTGCGTGTACGCGGTGACTTGCAGTCCAGCGCCGCCCTTGTGATCAGCGGCACGAACCTCGT
CGCCCATCAATTCGTTGAACTCGTCCGGCTGGACGTTGATCGGCACGCGGAGCCAGCCGATGCGCCCGCAGGCCGTCG
TCGATCCCGTGTCTGTAGATGTGGCCTGCGACCGAAACAGGTCCGAGAACATGGAATTACCAGCCGTCGCGCGACCTC
GGCGTCGGACAGCGCATCCAGGCCGACATAGACCAGGGCGCGCTTTCGGATCACCTGCATCCAATCGAAGATCGGGCGTG
GGTCCGCCAGGTCCGAGTAGTTCCGGGGCCAGAAGCTGGGCGATCTTCCGCTGGTGAGCTTCTCCAGCAGCGGCAGCAGC
GATGCGACGATCTTGTGCAAGTAGGTCTTGTGCTAGCGTACTGCCGAGCGCAGGCCATCGAGCACCGGATCATAGTTGCC
CGCCTGCGAGAGGTAAGTCTCCAGCGCCACCACGCGCTTTTTCGCGCCCGATCATGTTGCGCGGGATGTTCTTCTCGTTGA
GCTTGGCCTCGATCTGGACGATCACCTCCCAGGCCTTGGGCTCGGTCTTGGCGAAGTAGTGTGGGCGTACTCGATGAAC
AGCGCGTGCATGTTGATGACGTGGCGCTGGATCAGCATGTAGTCCGGGCGCTGGCCAGTTCCACCAGGGCGCGGGCGAT
GATGTTGACGAAGCGCCACGCAAACTCGCGAAATGCCGCGCTGTTGCCCTTCCCCGAGAGCTGCCCTGCAACACGGGTGG
CCACCTCGCTGATGCGCCAAAGCGGGCCACAGCGTTGTAGCGCGCGGAAATGTCGGGCCAGCCAAATGGAAGACATAG
AACTCGCCCTCACGGCCCGGCTTTGGCCTCGACGTACACCCGCTTCAAAGATCGGCATCGCCCTTGGGGTCTATGAC
GATGACCACTCGTGTTCGCGCTCGGCGTTCTTGCAGCGAATGCTTGGGTACGAAACAACCTCGGCCAACCCGCTTGTG
CCACGCGCTGGTGCCAGCACCAGCGAATGCCCGACGCTCACCCAGCGGCAGGCTGACGTCACCTCATCGGGTTTCG
ATGCCGTGACGGCGCGGCAGGCCGCCACAGGCGGCAGCGGGCGCACCGGGTTGAAAGACACATCCAGCCCGTGAGCGC
GGGCAGCCGAGACAGCGGGAACGGCGCAACTCCAGCCGTTCCCTCCAGCCTGCGCGCCAGCCGTTAGGCCGGGCTCAACT
CGACGTAGAGGCGAAACTCCGGTCCGTACGTCTGCATGAGCCGATGAGTGTGTTTCTGCTCCACAGAAAACCCGCGCCCC
ACGAATAGACGCTGCTGGCTGACCGGTACGTCTTGTGGTTCATCAGTAGTGGCGCAAGCGGCGAATGTTGCGCCGGTA
GCGCAGGATGACGCGGGCATCGCGGTAGCGGATGGCACCGTAGGCGCAGAACGCCAGCGCACTGCCGACGCCATGGCCG
GACTCAGCGCGAGCGACCACGGGGCCACCAGGGACAGAAACGCGGCGCCTGCACACGCCGCGACGGTATAGAACTCCACC
GCTGGGCGCAGCAAAACCTCGACCGGCTGTTTTCCCGACATGGCTTTCATTGCTCGATGCGCGTGGCTGTGATCAGCACCG
GGTAATGTGCGAGAGCCAGGCGCTCGGCCAGCTCGTACCAGGCCACAGGCGCGAGGGGTACGCCCGGCACCAGGGCGCGC
AGCCGTGCCAGGCCCTGCACGGTCTCGAGGTTGACCACCAGGCCGACCGCGCCGCGCTCGCGCAGCGAGGTAGCATGGCG
GCGCAGCCAGGCTTGCAGAGCCTCATCGTCCGCGATGACCACGAAAGGCCGAGGCCCGGTGCTTCGATCACCCGCGCGC
CGACGGTGCCGGGCGTGAGCTTGGCACTGCGCACCGGCAACATCGCGGCCCTCGTCCATGGGCGTGGCGGGCACCGGGAGC
ATTGGGATGGGCGGTGGGGCCGACCATCGGCGCGCGGCTGAAGGTTTCAGAGCCTCGTAGTACGGCAGCGCCGACGCGCC
GCCACGGTCTTCGACCACGATCAGCGGCTCGCCGGCACGCGAGGCCAGCGGCAGAGCCGCCAGCAGCATGAGCAGACCTT
TCAGCGTGAAGTTGCTCAGAGGGAGGTTTCGTTCATGGGGATGTCTCCAGGCGCGCAGCGAGGGCCGCGGTGGTTGGGTGCG
TGCCCTGCACACGGCAAGGTGGCGCGACACGCTCCGCTGTAACGGGCGGAGGTTCTCCGCCCGCAGGACGGTGGTAG
CGACCGATTGCCAGCAACAGTCTCCGCGAGTGTGCTCTTTCAGGATTTTCAGCGCGATGGAAGATTTGCGGTA
CGGGTCCAGCAGGTGCGACGCGCTGGCGTAGCGCTGTTGGTGGTAGCCGAGGTTGATCTGGCCAAAGGCCCGGTCGATGC
GCGTGTGCGGCGTGGCGCGCATCGCCTGCTGCAAACCGGGCGCAGGCGTCCGCGCGTGTTCGCTAACGACGCGCACTGGCCA

GCGACGTTGAGCGACCACGGCCACGGGACGATGCGTCCATTGCGTCCGATGCCGCTCTCTTGCAAGGCTACGGCGTAGAG
CACCGTCGAGGGGATGCCTGCGCGCTGTGCGGCAAGCTGGTAAGCCGGTGGCGGAAGCTCCTGGGCATGGGCGGCGCAGG
CGCACAGGCCCGCCACGAGCGCCAGTGCAGCGCAAGCACTGCGAAACGGAGGTGGCCGTACGGCTGGCGCTGCCATTGGC
CGTTACCTCGCGCACGACCGCCGGCAGGTGCGCCGGCAAGCTCAGCGACAGCCACCGCCGCCATCATGGTTGAGCGTG
ATGCCACCGCTGCGCACGCGCGCCGGATCGACGTTTCGCACGCTTGGCCAGTCGCGGATGCGCCTGTCGTCCTGGCGGCT
GCCGACCATGTACAGGTGCAACTCGGTGCCGGAGGATTGCAGGCGCTGCACAAGCTGCCCGCAGGCCGCGCAGCCGTCCT
TGACGAACACGGCCGTGCGGCCTGAACCGCGCAAGGGGTTGGCGCTTGTGCCGGCGCCGGGCTTGTGTCAGGCAGGTTT
ACGCGCTGCATGCCGGGATTTCAGGCGCTGCCAGGCTCGTCTGAGGCGCGCTGGTAGGCAAGCAGCTTCTCGACACGGCG
CGCCATGATGACACCTGCAGTTTGGCGTAGCGGCGCCGTTTCATCGTCCGTTGCGCGCTCGATGCCAGGGCGGACAGCG
GGTCCAGGTTGGGCGAGTAGATGCCAGCGGCCCATCCATCAGTTTCGCGATAGCGCGTCCACTCTGCGGCTGCAGGCC
CAGTCGCTTGCCACCCTGTCGGTCAAGGTGCGAGTGACCAGCGGACGCTCCTGGCTCTGGGCATTGCCGGCGGTGGCCGT
GGCCGGCTGCTGCGCCAGGTGGGCAACTGGGCGAGCGAGCAGAAGCGCGGAAAAAGATGATGGCTGGCTTCATGTCGT
GTCCTAAGCTCAAGGGATCGCCACGCGACGGGTCTGGTTCGCCGGCTGAAAACACGGCGGTATTGCCCTCGACCGCTGTA
AGCGCCATGGGCGAGCGAATCGCCGGGCGAGCAGCACCTCAAGCTGGTTCGGGCGTGAAGTCCCCGTTGCTCGGCGGACG
GACAGGCTGCGCTGGCCGGCGCGAAGTTTCGGCGCCGACTATGCGGAACGGCAGTGGCAGCGGTTCCGGCTTGGCGTTGGG
CCTGCGCGGTGTGCGCGGCTGAGCGGGTGTGCGGTGCGCGCAACGGTCTGGCGGCTTGTGATTTGCTCGACCTCCGTGC
GCAGCGCTGAAGGTGCTCAGCAGCGGCATAGCCGCTCAGCGTTGTCTCGACCTGGGCGAGCGGTGCTTCCAGGAGTTTCG
CGGGTGTCTTTAAGGTCTGCCGCCGTTGCGACGGTTGGACGCTGCTGGATGGCCTCAATGGCTCGGCCAGACCTACCGC
CTGCGCTTCGAGACGTTGCAGGCGGGAATTAAGCAGCTCCTGGTTCGACCTGCTCGTTACCGCCTGGTAGCCGAGAGCGA
CGAAAACGCTGAGGCCGATCAGCCAGAGCCACATCAGGCTCTGCAACATCATGGCGGTGATCGGGCGACGGGGAGACTGC
GCGGCATTCATGGCTGGCCTCCCGAAACCGAAGGCATCAGCGGAAACGCTTCGACCCGCTCGGCAGCAGGCGGTTTCGTGT
GCGTGTTCGGCGGTTCGACTGCCTCCAGCCTGCTCAAAGCAAATCTGCCGTGCCCGGTTCATTCGCGTGCAGTTCCAGGC
CGGGCCAGCCAGGGTAAGCAGCGCATCGCGCAAGGTTCATGGGGCAAGATGCAGGTGCGCCGCGGCGAGCGGCAGCGCAT
ACAACCTCGGTACGGCGTGGGCCATCTCGCAAAGCTGGTAACCACTGCGTTTGTAGCACATGCCCGAGGCCATCGCCACC
GTGGCACGGGCATCCTCCGGCATGGACACATCGATGGTCTGCAACAGCAAGTACGCTGCGCTGCCGAGGGTGCAGCTC
AACCAGCTGTAGCGCCATAGCGCACAGGGAATGAACCTCGGTTGCCCTCGGGTTGGGGAACGAGGCGATTTCCTCTA
TGGCGTCTGGTCCAGTGGCGCGGTCGTGGTGGCGCAGCCGCTGGCCAGGCGAGCCAGGACCGCCAGCCAGCAGCAG
CGCCGGGATACATGGATGGCGGGCATGGCATCGGCTCTTCTGTTGCGATGCCGATACATTGGCGGCGCGATGCCGTGCGG
TCAGCCAGGAATGCGAACTGGGTGGTGGCCGTTTGTGCTTGGGCAAGCGCTCGGCCTTCACGGGAACACTTTGGAAT
GAGAGAAAAACGAGCCCCGCCACGAAGAACCGGACGGGGCTGCAAGGTGGGAAGAAGCAAGCCGGCGGCGCTAGG
CCGGCTTGTGGCGTGGAAATCAGGCGGCGACAGTGTGTCGGGCGAGTGCAGCTCGACGGAATCACCCTCCTGGTTGAGC
ACATCCAGTCCGGATTTCGGGCACGTCGCCCCAGGTGGACTGCGAGACCATGATTTTCTTGGCCATCAGTTCCAGGCAGGT
CATCTGCGAGGAACCGGAGTAGCCAGGTAGATCAGCGCACAGGCTGCTTCTGCCGATGCGCCAGGAGCGGCGTGTG
CCTGCTGGAGCGAGTACACGTTGTAGCCGACTGCATGAACACGATCGTCGGAAAGTCCAACAGGTCCAACCCCGTCTTG
ACCAATTCGGGATTGGTGTGATGAGCACGTCGATACCAGGTCCTCAACTGCTCCGCAATCCAGTCTTCGCGACGGCTGGC
CACGCTTGCAGCGCAGCACCGCCACCCGAAAACCTTCTGCTCCAGCAGCACCTTCAACCGGCTGGTGTGTCGCGTGTG
CGGTATAGACCGTGTAGGCCAGGACCTTGCAGCCCTGGGCCTTCTCTTCTTGCAGATCTCGATCAGCTCACGTCCTTG
GGGCTGATCTCGAACTCGTTGAACTGAGCCGGGACGAACGCCAAGGTGTTGCGTGTGCGCGGATGCACCACGGTTTCCGA
CCGGAAGCAGCAATCCGGCCAGGCCAGCAGCACGTTGAGCACCACCCCCAGCAAGGTGCTATCGCGTGCAGCCAGAGCCT
GTTTCAACTCCGCGGTTCAGCCGACCCGCCAGATCGCGGTAGGCCCGCGGCTTGCAGCGTGTCCATTGCGACCTCACGGAAC
TCTTCGTCATACGGCGGAAGCACGTTGCCGCCGATGTCTCTGAGCTTTCAGGAAGATCGTGAACGGCAGGATGCAGCGCAA
CACGCCCTTGGGGCCGAAGCCTGGGGCCTTGACCGTTTGCAGCTGACTTTCGTGCCTTTCGCGGTCTTGTGCGCCGTG
CGGTGCTTTCGGAATAAATGTCTTCAGGACACCGTGCATGACCGCATGAACGCCATCGCGGCCAGGTTCATGTCGCCGCT
GTGGTGGGTTGATAGCCGCTTTCGATCATTCCGCGGGAAGGCTCGGAACAGCAGGTAGAACAAGATCGTCGCCGATAGCC
GCCATCAGCGTGCAGGTCAGCAGCAAGGTCTTGCAGCCTTCGCTGCCAGCAGCCCATGGCCTTGGCCTTGGGCGACTGC
CACCGTTCTTGTACTCGTGGGCTCGTGCAGGATGAGCAGGTGCAACGTGCCTTGCAGGAGGTAGCGTTTGTGAACTCG
GACGGCTGGTAGCCGCCCTCGCCAAAGCCAAACTCCATATTGGCCATCGCGCGTTCATGCGCGTAGCCTGGCGGTTCGGA
AAACACCAGCTCGCCGTTGCCGTCCATGAGGTTGATGAACTCATGGATGTTGTGCGCCAGCATCGACGCCAGGAACCCGT
CACCGAACTTCTGCATCAGCTTCTGCGCGGTGACTGCCCGATGGTTCGGGATGCGCTTCAAGGCTTTCAGCACGGCCGAG
GACTGGTGCCTGCCGGACAGGCTGCGCGGGCGGATCAGCGTCCACAGGGGCGCGGCGCAATGGCTGCATTCCTGCGGTA
CTCCTCGGCTTCGAGCGCGACCGGGTTGACCGGCTCGCCGTCGAGGTGCGTGTGATGACCGTGCAGGTCAGGACAGCTG
CCAGCTCGCCATGGCGGGTGCAGCGCGGTGGTGAAGACGGGCTTCCAGTGGAAATCCCATCCGATCCGACGCGCCCGAGG
ACAAAGAACTCCTGGCCCGTGGGCTGCACACCCAACTGCTCGCGCAGCTTGTGAGCTTGACCAGCGTGTCCGGGCGGTT
GAGCACCCAGACCTTGGCGCCCGCCACCGTCTCCTGGATCTCACGCCCGCACTTGTAAACCAGGTGCGGGCGGCGAAAGAA
CCAGGGTGCAGGCGGTAGCCTTCCGGGCTTGGACGCGGCGGCTAGCGATGCCGACGGTTCGTTGCCGACGCCCATCTCG
CCGTTGACGATCGCGGCGCGTTCGCCACGATCGATCAGCAGCTCGGCGGCGGCATGGACGACTTCGGCCTGGGCTGGAA
CAGCTTGCCTTGGAGGCTGGCGACGACGAATTGGCGATGCGCCTGCGGTTGGCCGGCATAGACCGGCGGGTTGGCGCGGT
TGAGGGAGTCGAGCAGTTTCGTCGCCGAACTCGCCGACGAATCCTGAAGGCTCAGGGTCAGAGGGGAAGATTCCGCATCG
ACCAGTTGCCCTGTACGGGCGTTGCATCGTTGGCGGTGGTATCGAGATCGAGGGACATGGTGTGCTCCAAGGAAAAATG
GGCATGCGCACCCAAACGGGGCGGATGACATGCCCGTACTTGGGGAAGAGAGACGGCGAACCCTCGGTGGTTGGACAGT
ACAGGCGCTCCTTGGCCCTGCGGTTGACAACCTCGCGGTGACTGCTTGGGCGAGCAACAGCGTGGTGACGCTGCGATCCCA
TTCGGTGTGATCCAAATCTTACGGCCGGGTGTGACCTGGTAAGAAGAAAAACAGACGATCCTCGCCGACTTCAGCGCGG
CATCGTTTGCAGCCTGTCGCTGTCGTCGAGGTGCCCCAATCGCCCGGAGGTGGCGACGCAGGTAGGGAGTCCGGTTG

AGCCGGCCCTGTTCGGACCAGGTCATCGACGCCGACAGGTCATGACCACCTGGCCTGGCGAGAAGCGCAGGCTCGGTGTCTG
GCTGATGGAAAGTGCTTGGGCTGCCATGGAAGGCTCCTGGATATGGAGGGGCCACGGCACCCTCGGGGCGACTGGACC
CCGGTGGGTGGAAAAATCGACGGCGAACCCTCGGCGGTGAAAAACAATCAGCGAATGGTCAACACCTCGCCCCGTGTTCGG
GGAATCAGGCGTCATGTCCCACGCGCGGATGACGGGAACAAACTTGTTCGGTGAAGGATGCGCGTCTCGGCGATCGAGCCGT
CTTCGCGCTCGGTGAATTCGCGCTGGAGCGTCTTGTCTTGTGGGTATCACCTTTGACGACGAGCACGCGCCCCGTCTTG
GATTGCACGACTCCCGAGATCGCGCCTGCGGCCAGAGCCAGGGCGAGATGCCAGTGGGACAAGGCCCGCGCCGGTGGACG
TAGCGTCTGTGCGCGGCCCCCAACTGCGTATCCCGCGACGGCCAGAGGCTTGCAGTCTGCCAACCTCATCGGCGAACT
GCTCCGGCTCCATCGTCACGCGGAAGAAATGCCCCGGCTCCGCCGGGCTGGCGGGGACGATGTACGGCAGGAACGGCCAT
TCGTCGAGCAGTCCCTCGGCTTCGATTTTCGCAAGCCCAATCTGCAGCAACAGACTGCGCACGGCCTTGACGGCATCGGG
TGTCTGCTCACGCTGACGCACCCGTCGCCCCGAAGATCAACCCTGCTTGAACCTGCGTTCACCCGCTCGATAGATCCGCA
GGTTCGGTGTAGTGGCGTGTGAGCCAGCCGACCAGCTCGGCATCGAGCACGTAGCCGGGGACGATGAAGACCAGCACGCCG
CCGTAATGCAACAGGGGACGCGTGCCTGGTAGAACAGCTTTTCGAGGGCGGGCTCGGCCCTGACCTTGATAGCCAAATGTT
GCCGTTGACGTCCTTGGACAGGTGCGCATAACGGCGGATTGAGCCAGAGCAGACCAGGACTGCTTGGAGATCATCGTGT
CCATCAGGTCCGCGTGCAGACAGTGTGACAGACCAGCCAGGGCATGGCGCGCCCGCTCTGCGTCAACTCGACGGCGAAC
GCCTTGGCATGCTCGCGCCCCAGGGCATGAGCCGCTTACGCGATTGCCACGCCTTCGCGGGCGCAGGGATCGAGGATGCA
CATCGGCCATTGGATTACAGAGTTACTGGGCATCAATGCGTTGAGCGCTCTTTCGAGCGTGGGTTTCGTCGGTTCGGGAAGT
ACCCGTTTTTTCAGAAATTGCGGGCGAGCCGCGGGAACATGAGAGCCATGGAAGTCTCCTGGTTGGCGGGGATGATTGGC
GCAGGCACGCCTTGGCGTGCCTGCGCAGGTGGGTCAAGCCGCTACCGTTTTCCGGCGTCCAAATCTTGCCGGATAGGGAT
AGGCGGTGAGCACGTCCTGCGGATCAGCGAGCCGAGCGCCTGGGTGAGCGCCGGCACGTCGATGGCGAGCCGATGGCCC
ACCAAGGCCCGAGGGCGAACGGCAGGCGGGTTCAGCATCTCGCGGCTTTGCAGCAGTTCACGACCGGTTTCGCGCCAGTG
GTCGAGCAATGGCAGTGGGCAGGTGTCTGCACCAACGTCCACAGGCGGTCAAGCCGGTGGTTCGCTATCGCGGGGACGCA
ATGCCAGTGCCTGGCGTTGGCCTTGTTCGGGCTTGCAGCAGCGCCGATCGAACAGCCACACGTTGGACAGCGAACCGAAC
AGCGTTCGCGCGTAGGGCGGGTTCATGCGCTTTTCCAGGCGATCGACGTTGCCGACGAACACCGGGACGCTGCCGCCCTG
GTCGGTGTGACGTGGAACGCTCCAGGCTTGTCTGTCACGCCCCAGGGTTCAGGCGAGCAAGGAACTGCTGGACGGCGG
TGTCCCGCGCCAGATCGACAGGAAGATCAGATTGCCCTGGTTCATCGCCGACGCAAGCGTTCGGCCATCACGTCCGGGCAT
TCGTCGATCAGATACAGCGTGGTGGGAAGAGGTTTTCGGGCTGCTGGTGTCTTCGGATAAGCGGGAACAGCAGCGCCG
CTGGGGCAATTGCTGCCCTTGGGGTGGTAGGGCAACCCGCTGCTTTCAGGCCGTCAGCGTTCGATCGGCGGGGCTGCTTTG
GGTATGCGCCTCTGCGCGTGGTAGGCGCAACGCCTGCACGCCAGTTCGGCGGATTGCTCCGGTTCGAGATCCAGATAGGA
CAGCGGGCACGAGTAGTAGTACGGGTGCATGGATTTCGTCACGCGCTTGTAGCCCCACTGGCCGCCGCTGCGTTGCAGCA
GATCGCAGCGGATATAGCGCAGGGACTGACCTGGCGCGAGATCACGATGTACGCCGTCGGCTTTGGCCGTCACTTGCCTA
ACAGACCAGAGGACGTTGCCACGCAGTGCCTGGGCGATGACCTTACGCTGGTGCCTCGGCTCTTTCGGGTGTGATCAG
TTCCGCGATCAGTTACAGCCGCGATTGGGGGAGAAATACCAGCCCATGAGAGGCTTCGGGAGAAATGAAGCCGGAGGC
TTCCCCGAGGGGAAGGCCCCCGGGCGGGTGGGTGAGGAACACCGCAGATGCAGCGTTCGTAACGCGGGTTCAGTTTC
GGCCTGGCGGCTCCACTCTTGCCTTGAAGTCCAGCGCATAACCCAGTTCGCTCAAGCGAGCGATCTGCGCGCGCAGGG
TGCGGGGTCGATGGTCAATCCAGTTTTCAGGACTCATCCAGTGGCCACAGCAGGCGAACAGCGCGGCATCGCCCTCT
TCGGTACTGCCGGAGGCAGTTCGCGTAGCGGGCGTTCGCGCATCCACACCAAGGGGGTGGTATCGACCAGCGGGTCTGC
GGATGCCTGCACAGGTGCGGGCTTGGCGGGCTGGACGATTTGGCTGGTTCGGCCGGTATTGCCGGGTTACCGCAGGCT
GTGCGCCCAGCTCTTCGTCAGTGGATCGAGGTCCTGAGTGGCGAAGCTGCGTGCCTCGTTCACGGCTCAGTTTGTTCGATG
TCGTAGAGCGTCATTCCGTCACAGCTGGCGCGGATTTGAAACGCATGCCACCACCGACCGGGTAGGACTTCGGGAAGAT
GTACCTGATGATGAATTCGCGTCTACTTGCCTTCGGGGTATTGCTCCAGCTCCGGGTCCTTGACCTCGAACGTACCGA
GGTGCCTGGCGAGGCGACCGACGGTGAAGGGGCGGTTCTTTCGCGCAATGGTGCAGCGTGCAGTTGGCCGGGGACGACA
ATGGGCGAAACCGATTTATCGGATGCCGATGTGGTGCATGATGGTTCCTTACGATTTGGGAAAACGACAAGGCCCGG
CGAGGCTTTCGCGATCAGAACGAAAGCAGCCATGCGGCTCTTCCACTTCCACTTCGCGCTTCGCGCTCGGCGTTCGGCGG
GCTCGGCAAGGTCATCGGACGCGGGGCGGCGCTTCGCGCTTCGCGCGGATGCGTTCGGGTCGCGCGCTTCGGCT
TGCGCGGGGCTCGTCGATAGACCTTGGTGCCGTCGATCTTTCGATCAGGCCGATGTGGATCAGCGTCGATTCAGGCTTGC
GGCCGGTTCCCCAGCGCTTACCCCTTGGTGCAGGATGTACGGATCGATCTTCATGTCGTTGAGACGGAAAGCCGATCAGCA
CCTTGCAGTCCCCTTCGATGGCCTGCACGCACCGGCGAACAGATGCTCGGCTTCAGGGGTGGTAAACGATGGTGTGCAAG
TACCGATACTCCGGTTCATCGACAGGCCCGGCCAGCGCGGCGACGGTGCAGAGAGGAACGGGTTCGCCATCTTTGGGCGT
GACGTCCTTCGACGGCTGAGGTAGCCGATGCCGCGGGTGCATCAGCTCGTGCATGCTGATCGAACCGAGTTCGGCTCGGT
CAAGTGGCTCGGCTTTCGAGCAGTTCGCGCCTTTCAGGGACGCGGGCGGCTTGGCTTTCGCTCGCCCTTTCGCGGATGTAC
GCATCGCCCCACAGGTCGCGGAGGCGAAAGCGCACACGCGGGCGCTGCTTGGGATCGTCAACGCCGATGCAGCGCTCGAC
CAGCTTCTTGGCCTCGGCACCCGAGACCTTTCAGCTCGAAATAGCGATAGCTGGGGTCTTTCGCGAACCGACAGCGCGG
CGATGGTGCATGCCAGAAAAGGCTGCGCACGGCGGCCGCCCGAACAGGCACTTTCAGGACACGCTGGATGTAACCGATG
CCCGAGGTGTGGAGGTCGAAATACGATTTCTCGTTGGACGTTGGTGCATGGTGAATCTCCATAGGGATGAAGCGGAGAC
ACACCAGTCCCACGCTGCGGGGAAAGGTGCGTAACCCCCGCGATGGGTTGATAAGGGCGAAAGCATCCACCACAGAGACTG
GTGGCCGCTCGCGGATGGATGCGGTGCGAGCTGGCTCGGTCACGCAGTGGGAGCTGCGCCGCAACCTCGAAGACCGATGG
TTGCCTGGCATGTGCTGACAACGTCAGCAGGCATGGGCTCAGCATGGCTTCGCTCGCGCGGAGGCAGCCATCAATCG
GCGTCCGGGCGATTCCCTTTGATGAATCTCCAGGCAGAAAAAGGCCCTCTTCCGAATGGAGGGAGAGCCTGTGGGGG
CATGTGCGCTGGTTTTTTTTTCGTGGTGTACGCGAGGTACAGCGCGGCGCCGTCGGGACGCTTCCGCGCCGATCACGCTCAC
ATCGATCAGACGCCAGCGTCCGTCGATGAGCCGCTCCAGCACTTCGCGGAGCATGTGAAAGTACACCTCGTCTGTC
GATCGACAACTCGCCGTCGCGGCGCAGCTCCACCAGTATCGCTGCCGCGTGGTAGAGGATCGTCACTTGGCCG
GCGAACTTCGCGGTGAAACCGTGAACATGATCGCCGGGGCGTTTTTCGATGATCCTGGACGCTTCGGATCGAACCCAGGT
GAAGTCGTGGGCGCCCGCATCGACCAGCATGTGGGTGATGCGCCGGAACCCGTCGGGCGCCGGCATTTCTCCAACCTGCT

CGATGAGCTGACCCAGTTCCAAGCACTGCGGCTCGGGAATGGGCAGCTTGGCCGGCGCGGAGCCGAGGATGTGTGTCTTG
ACGGTGTAGGGAGTGCCGTTCGGACATCATCTCGGTGCGCTCTTCTGGCGTGTCCGCACGCAGGCCGTTCGAAACGGCGACG
GGCATAGGGTTGGACATGCACCTTGGTGCCTTCGCTGGGAACGGTGGTACCAGGCTGGGATCGAGTACCGCCAACTCGC
TGGGCTTGAGCTTGACGACGATGGCGTCTTCGCTGGCTGCTACCACCTTGCCGTTCGAAAGGCTGGGGATCAATGACGAAG
CCCAGTGTTCGAGGACTGTGGTTGATCATCGAACACGCGATACTTGAACGACCCGCACGTTGCGCGGCACATGGCCTGCGAC
CAGCGAAGGCATCAGGGTCTTGATGAGAGAGCGATCCATGTGAATCTCCTTGAGGAAGAACAAGGGATTTCCCGCCCGCAA
GGGAGAGATCCCTTGTGGGTGAATGGGCGCGATGCGTCCGTAGGAAGAAACAACCAGCACGGTTTCCCGCGCTTGCAGCC
TTGAAGGTCTTGGCTGCCTGGGCATGTGTTCGCAACGCCGACGGACATGGGGTAAGGATGGCCCTTGAGTGAGCGGCCCTG
CGCTCAGCAAACCGCACCCGCGCCGACCCGCTTTCCTGCGCCGGGACAAGAAAAGGCCCTTCGAAAGGGGCTGGGTGGTTC
AGGCTTGGTACACGAAGTAGTGTTCGCGCTGACGTGGAAGAACAACGCTTCCACGCTTCGCGCCGGTGTTCGCCACCG
TCGAAAACGACCATTTTCGTAGTCGTCAATGTTCGGTGTTCGGCCAGATCGGCGCTGGCGATATGGCGCATGTGCAGCGTGCC
ACTCAAGCGCTCGAATACCAAGATCTGGCCGATGGCGTTCGTCCTGGCCCATGGCGTTGACGCAGGCTCCAAGCTGATGCT
CGAAGTCGCGTTCGGGCGAGATGAGGTTCGGGAAACATAAAGTGTCTTATGAAATTTGGACCAACCCGGCTCCTAGAAAGG
AGACGGGCTGGCATGGAGGGCAAAGAGGAAGGTGGGCTCGTGGTGTGTTTGTAGGACTCGGCCAGCGGCAAGCCCGGCA
ACACGGGCGCGTTCGGCGTCGAGGATGAGGATGCGCACATCGGCCTGGCCAGCCAGTTCCAGGATGTTTCGCGAGGTCGTC
GGCATGCCCTTGCTGCGGTGCTCCTGCCGAAGCTGCTCGGCGGTGATGCCATCGGCGTTCAGGTTCTGGTCCGTCCA
GGGCGTTGAGATCAGCTTGACGCCGATCGCCGGGCTGTACGGAACCCGAAAGGCGATGAACAAAAAGGCTCCGGCGTGG
CGAGGTCGCCAGATTGGCGAGGTAAGTGGCCGCTTTCCTGGCTGATGTGCGCGCTGCTGATTTCCAGCAGCGGCTGTAG
TAGCCGGTCTCGAACTCAGGCGCTGCACGATTTCCCGCGCGGCTTCGACCGAATAGCTGTCACCGACGTGGATCAGGCG
ACCGTTCGAAGTCTCGCCATGAATGGCATAGACCACGGCACCGATCACGCCTTCGCCGTTAACGCCCTCATCGGCATCGC
ATTCGGCCAGCACCTCGGCGCTTATAGGTTTCAGAGCCGTTTCGTGACCACCCGCGAAATCGCTGGTGACGATGCAGGAAGAT
GAAATCAGTTCCTGGTTCGAAAGATGTTGCTGGCTCGGGTGGATATTTTCGCCAGACATCGCGGCTTCCGTCTCGTAGCT
GATGGACAGCGTTCGGGACGATTTTCAAGTTCAGTAGCCGCGAAACAAGGGATTTGGGATTTCTGAGACATGGGAACGCTCC
AGATTGAATAATGGAGCCAATTTCCCGCCACCGGGAATTTGGACCCGGTGGGTTGAAAAGGGAAAAATTCGTTCAGTTCGGCGCT
GATCGTTGGCTTTGATTACGCCGCTTTACGCTGGCTACGGAAGGAAATCGAGGGACATGGCCGTGTGGGCGCATGTCC
CTCGTGGGAAACCGAAAGACGGGGGTGTGCCCCGAAACGGGCTCACCAAGCTGTAGTTTACCATCAAGTCGGCGATGAC
CTTGGCGGCTTCAGATCGAGGCGTTCGAAAGTCCGACAGCCCGTCAAGTGGCAGCGCTTGAGCATGGCACCCTCGC
GCGCGTTGTAGAAGCTGACCATGGCGGACAGGAACATGCGTTTCGCCGCTGCTCAGGACCGCCGAGGGCATCAATTCAGCAGC
AGCATGTTGGGACGCAGATCCCACCTTGTCTTGGCCTGGTTTCAGACCTTCACGGGTGCCGTCGCCGAACCACTCGGGACC
AGCAATCTCGGCACCACGCTTCCAGGCCTCGAAGAAGGCTTGGGGCGCGGCAGCGAAATGCTGCTCTTCCCGCATGATCT
GATCGACGACGCTCCTGCGGCAGCAGTTGATTTCATGGCGTATTCTCCAGTTGGATCAGGGAATGGCGAGCTGGGACCAG
CCGCCTCTTTTCGAGGGCACGTTGAGCCGCGCATGGCTGCGGAAGTATTTCGTGCGATTTCCCGGAAACGGGACCTTCGGT
ATCGCGCTGCCGATGTAGTGGCCGGCGGCGCTTTGCAAGACTTCGAGCGGCAGGAACTTGGCGCAATAGGTCAAGGCCA
ACTGGCCGAAAGAGGCTTTGTGGGACATGGGTAGGCTCCTTGAAAAAGCGAGGCTTGTCCCTCACGGGATGGCAGCTCC
CGCACGCGGTGGATAAAAAGCATCGGCGTTCACGGGGACGCACGTCGCGAGACTTGATGCGATACGACTGGCGGGTTACG
CGGGGAGAACCCGCGGCAGCCTGAAACCCATGGCTGCGGGCATGTGCTGACGAATCAGCGAACATGCGGGCAGCTTCGTC
CGGGGGGCGTGTGCGTTCAGTTGGAACCGGCATTCGGCCAGCCCGGATTGATGGGCGCGGAGACAGAAAACCCCGCAT
CGAGTGGGGCTGTTCAGGGGTGCGTGGGTGCGTTGGCTCACTCGGGCGTTCGCCAGGACATACTGCTTCCACAGGGCG
AATGCCTCGTCTGTCCCAGTTTCGGCCAGGACCACAATGGGTTGCGCCTGCCGCGCACGCAGCGAAGCGAAATACGCCCTT
ACGGTTCGGCGATGGACTTGAGATTGATGCCATCGATAAACAGCAGCTTGCACCCCTTGATGAACAGCACCTTGTTCGCAA
GGTTCGCGCTCGAACGCGGCTCGTACTTTCTCCGGTTGTTGCATGCGTTCGGTTTCTGTTGCTGTGGCCGGCCATTTGGTTC
GGAACGTTGATCGGCGAGATAAAGGTGCCGAAGGCTCGCTGACCTTCGGCTCGGGAGGGAATAACCACCCGTGGGCTGTT
GCAGGCCCGGTTCGCTCGTTCGAACCGTCTGCTCATCAGCAATCACACCCGCCCATGTCGTGTTGGGGCCGGCATCGTCT
GGCGCACATCCGCGCAAAAAGGGAGCCCGTTTTGCGCCGTTGGGACCCGCGACTGAATACCGTTCACCACAAAAGGCTCT
CCGGGTGGCTTCGCGTTCAGGCAAGCCATTCGGGGGACCTTCGCGAGTAGGCGAGAGAAACACAGACAGCAGAAACAGC
GGGAGACGGTTTCGCGGAAAAGCTACCTTCAGGTCCCGCAGCCGGGGACGGCTGGACGGGACGCGCACACGAACAAGAAGG
CGTTGCGCGCTGGGCGACCCGACGGGGCGTTCGGGACACGGGCCACGCCTTTGAAAACAGGGTTCGGGCCACGGGAAACGG
AGTTCGGTTCAGGCGCCTTTGCGGCTGCTGCTACGCGAGCGCAAGCGCCACGCTTGGGCGGACCGGATTCGACCGGCAGCG
TGCCATTGCAGTTCAGGTTAGCGACTGCACGACCAGAATGGACCGCTCTTGCCGGTTCGTTGGCGCTCGGTGCGCCGAC
TGGGGCATGCTGGCCATGGGGAAGCTTGATGGACAGGGACATGCTGCCGTAAGTGCAGATCAACTGCGAAATCCAGGT
GGTCTGCTTGTGAGGAATACGTCACGGGTGAGCTGTCCGGCCTCGATCATGTGAGCGCCTGCTCCACACCCTGTGG
TGCCGGGGTTCGCAATCGCTGCGGGCACGGCGTGCATCAGCGTGAACGCCGATCCGATGCGCGAATGGAGCGGCCCTTC
TTCACGATGTAGCCACGGGCGATCAGCACGCTGATGATGTTGGCCCCGCTCGCCTCGGTGCGGATGCCGTTGTGTCTTT
GAGCTTCTGTTTCAGACGCGGGTTCGGTTACGAAACGCGCAACGCCCTTCATCGATTTGACCAGTTTCGCCCTGGGTATAGG
GCTTGGGCGGCATCGTCTTGAGCGCCTTGATCTCGACCTCGGCCACCTGGCACGCCAGGCCCTCACGCAGCGGGGGCAGC
ACCTGGCTGCGCGCTGCGGCGTTCGCCGCTCCTCATCCGCTTTCGGGCTTCGGCCAGCACCAACGCCAACCCCTTGATGACCAC
CTGTTTACCAGGTGGCCGCCAGCATCTGCTGCCCGCAGGAAAACCTCAGCCACGGTACGGTTCGAACTCGTGGTTCGGGTAGGA
ACTGCGCCAGGTAATGCGCCCGGATCAGCCGGTACACCGCCAGTTCTTCTCGCTCAGAGCAGAGAGGTTTCGCGGGTTCG
AGCGTCGGAATGATGCCATGGTTCGCGCGTACCTTTCGGTTCGTTCCAGGCGCGGAACGCTGGGAGCGGTCGAGCTGACC
CATGATCGGGCGCAGCGACGCGTTCGGTCTGAGCAGGCTGTCCAGGACGGCGGACCTTCGGCAACATGCTTTTCGGGCA
GGTAGCCGGAGTCCGAGCGTGGGTAGGTCGTTGGCTTGTAGGTTTCGTACAGCGCCTGGGCGATTCACAGCTTTTCCTGT
ACGTCAGCCGAGCTGCCTGGAACAGACCTCCTGAAGCGCCCTCAGATCGAAGCAGCAGCGCGGGCTTCGCGCACGCG
CTCGGTCTCGATCGATAACCACCTGGACGCTGCCCGCAGCGCAATCTGCTGCGCCGCTGCTGGGCGACCGGCTGTGCA

GGCAACGACCGGCGTTCGTCGGTGCAGCCATCGGGCGCAACCCACAGCGCGGCGAAAGCCTGACCCTCTACGGACAGAGAC
ACGTCGATGCCCCAGAACGGCACCGACTTGAAAGCCGCGATTTTCGCGGTTCGCGGTCCACGACCAGCTTCAGGGTTCGGGGT
CTGGACACGTCCGACCGACAGCACGCCGTTCGTAGCCTGCTTGGCCGCCGAGCACAGTGAAAAGTTCGGCTGAGGTTTCATGC
CGACGAGCCAGTCTGCCCCGGAACGCGCCAGCGCCGAGTAATACATCGGCAGCGTATCGGACGACGGTTCGCAGCTTGCCG
AGCGCGGTTCGGATCGACGCATCGTTGAGTGCCGATAGCCACAAACGCTCGATGGGACCACGGTAGCCGCACAGGTCGAT
GATCTCGCGGGCAATCAGCTCGCCCTCGCGGTTCGGCATCGGTGGCGATGACGAGATGGGTTCGCCAGAAAGCGCCT
TGACGACCTTGAATTGCGTGGCGGTCTTCGGTTTTCGCTCGACCCGCCACTGCTGGGGAATGATGGGCAACTGCTCCAGC
GACCAGCGCTTGAGCGCCGCGTCATAGACCTCGGGGGCTGCCGCTTCTACGAGATGGCCGATGCACCAGGTGACGGTGAC
GCCGAGCCGTTGAGGCGAGCTTCACCACGCTGCGTCGCGGAGAAATCGGCAATATCCTTGCCTGGGAGGGCTTCT
CGCACAAAGAACAGCCGCATATCCGTCCATCCGATTTCCGTGGTTTCATTGAGTTGCTGGAATCGAGGATGCCGGCACC
CAGGGGCGAGCAGCAAACAAGTCGCAAGCGGTGGCGACCACTTTCACGGGATGGAATGGCTCGGGCGGAGATAACGTGCAG
CCGGGGTGTGCGGGGCGGGAGCCGCGATTTTTCGGGAGCGCGTGGAAAGCCGGTGGACGTTGATGGAGCTATCCCCGGGGA
TAGCTCGCAGGTGCATGGACAGCAGCGAAGCACCGCAACCGCCTCCATGCCGGATCACTTCTCGCCTTGACCTCCTTCG
GCGCAGTCGGTTCCTGGGCTGCTTGGGGCTTCGGCTGCGCGTCTGCGCGGTTTTGGGGCTGAGGGTCACGGACTCGACG
CGAAACGGCAGGATGCCGACGCTGCGTGCCTGATCTGCCAGGTCTGCGCGGCTGATCTTCGTTGTCCTCCAGGGCTC
GCGCTCCATGCGGCCGACGACCAGCACGCGCATGCCTTTCTGGTACAGATCCTTCCAGTGCAGGACGTCACGGTGCAG
TTTCCACCGGTGCCAGAAAGCCGCCGCGATCCTCGAAGTCGCCGCTTTGGTGGAAACGGGGTGTGCAAATACAGCTTC
AGCCGCGTAAGCGCCGCGGCTCGTTCGTTGCCGTTGGGGAACCTCCCGTACTCGGGCGGGAGCCAATGTTGCCTTCGCC
CCAAAAGTGCCTGCTCATGTTGCAATCTCCATGGTGGTTGAAATACTCGTGCCGCGTTCGGCTTCGGGCGCGTACTGGGGA
GTCCGGTGCCATCACCGGTACGCATTCCAGATGGGATGGACTTGAGCCTGCGCAGGTAGGCGTCTCCGCCCTCGGCCG
CTTGCTGGCGCATTCCTGTGCCTGCCTGCCAGGGTGTGCAGCAGACTGATCTGCATGTTCAACGTGATGCGCTGAAGCT
CGATCGCGTGCAGCTCGGCCAGCAGATTGACCGGGCTGCCGGTTCGCCATCAATTCCTCCACAGGGCCACACCCATG
GCTGAGCGGTTCGTTTTCGCGCCAGCGCAAAAACGCCGTGCCTGCGCCAGTGGTTTTGCTGGACCAACTCCACGGGCAGCAG
GTGGAAGGGATGCCCGACTGCCTGTTGCAGCACCTGCCGCTGCGTCAAGCCAATCAACTCGTCGCGCATGGCGAAGCACT
GGCTGGCCAGGCCTCAAGATCCCCCTTACCCTTAAAAGGCTTCAAAGGGCTTTTAGAGAGGCAGCGTGTTCAGCTTC
ATGAAGCTGCCTGTTGAGGCGCCAGGAAGTACGGGGTTCGCGGTTCCGATCGCTCATGCCTGCTCGCCCTCGATCTCG
CCGGCGCTGACTTCGGGTGCTGTGTTCAGTGGCCAGCTCGTTCGTTGCCGCGCTCGTTCGTTGGGGCGGGCGCTGCAGCAGG
ACTCTCGGCACGCTGTTGAGGCCACGGCGCACGATGGGCGGCGCAACTTCGAGCGGCGGTGCCTTCCAGCAGCTCCT
GCGGCAGTTTCGCCGAATTTCTCCAGCGCCGCCGAGCTGCGGCGTTCCTTTGATACGAAATCGTCGCGCGTACAGCCCCGAA
TAGCGGTATTGCTGGGCCAGCGAGAACAGGCTGCGCAGTGCATGGGCGCCCTCGTTGAGCCAACGCTCCAAGGTGCTGCG
GTCGATGAGTGCCGTGTGGTGGGCGAGGATCAGTTTTGCGGGCGATGTCGTCGATATTCGGCCAGCAGATAGACGGCGGCAA
AGCCGAGCTGCGCATTGACGAACAGCGGCAACTTGACGGGCTGAACGTTGAGGTTTTTCGCCAGGCTGAGTGCCGGCGGC
ACGCTCGCCAGTGCCTGATCCACCTGCTCGCGCAGCGATTGCAGCGTGGTCTTGGTCTGGTCGAGCTTGACCTCGATGCG
CAGCATCCACCAATCCGAGTACGGGTTCGTCCTGTTCCGAACCGCGCCGATCTTGTTCATTTGGGCGATGATAGCCGTTCA
GGCCAACGATGCCCGGTTCGCCCTCGGGCGGCGCCCGCCATGCCAGATGCGCGAAGCGTGGTGCCTGTGAAGCGTCAGC
GACATCGCGCTGCGCAGGGAGCCGAGATTAGTTGCAGTGGTTTCATTGGTTGCCATGGTGTCCGCTCGTTGTGTGAAAG
GAGCGGTTCAGCTTCGGCAGGAAGCGGAAGGCCGTCAGTCAACAAACCGAAACCTGCCAGACCCCGGTTTCAGCGCGTGGT
GCCGCTGCGGCGCGAGCTATCCCCTGGGGATAGCTCCATGGAGCGCAACGAACGCTGCACGTCGGGATCAGGGCGGGAC
AACGCAGATGCTGCTGCAGATGTTTCGAGGCCAGGCTTGGGACTGCACGGCATCCGCCCAACGGTGAACATATCCCAGG
GGATAGCTCTATTGGCATCCATGGGCGTCCACTTCACGGCCTTGTTCAGCCGGCTCACTTGTGCTGGCGAGCAGGTCGCGAG
CCGCTCGATGTGCTGCCTGGCGACTTCTGGTGGTACCGGCTTACCCTGCGTTCGACCGGATGTGGGTGGTGGCCGTT
CGTTTGGCGGAGCGGGTGCCTGGTGGCGGGTCTTTCTTGGCCAGGCATTGAACTCGCCGTGGATGGCTCGCTGGATGATG
CCGAATAGATACCCAGCGGGATTGCGGATGCGGTGGTTCGTAACGCGCGGCCCATTCGTCAGCACATCTGCCTCAG
CGAGGCATCAACCTGCTGCAATGCCACTTGGCACCCGCTGCTGTTCCGCTTCAGTTGCGCAAAGCGCTTGGGCCATT
GCAGATCGTCCAGCGCGCGCCTGCGCAGTAGTACGATTTTCATTAATAACAATACTACTACTGACTGACGGGCTGCTTC
GGATTCCGAAGAGAGACGCTTCGGCGGGTTTTCGGCTCTGCTTCGGAATCCGTAGAGGGGCGTTTCGCCATTCCGAAGAAA
GCTCGGAACCCCTTCTTCGGAATCGTGCAGTGGCGTCTTCTGTGGATAACTATCGCTGGCCGTAAAAGTCTTGGTTGGCGA
GACGTTTCGGCCATCACCTGCAACCGTGCAGGGAGGGTGGTTCGGCCAGCAATGGGTCTTCACCGATTTCCTTGAGCGTG
TGCAGGCCCACGATCTGCACGGCCTTGGCAGAATGGCCGAGCGCCTGGCTGACGAGTTGCAGGTAGTCGGGGTCGAGCTG
CATGGCCTCGAACGGTGTTCAGGGACTCGTTCGTCAGCACGTCAGATTGCCGAGGATGCGGCCGGTCTTGGGGTCACGCC
GTCGCTGAACCAGGCTCAGCCAGCGGGTTCAGGCGCATCAGTGTGACGCGCCGCTGCTACGGTTTCATGCGAGGCTTGGCC
GCGCAGGGCATGGACGCCAGCCAGGGCCGCAACTGCTCGTAGGTGGGAAATGCAGTCACGCCATCGTCTTGGATCAG
CCGGAACACTTGCAGGGCTTTTCGTTCCAGCGGTGTCAAGCGCGGTCAAGGAACAACCTGCGTGGCACCGTCTCGTGC
GGTTGCCACTGAACAGAAAAGCATCGCCGGAGGTGGGCGTGGGCGACTGTGCAGGTGTAGACGCAGGTGCGCTGGGGGCG
GGCTTGGGGGCAAGGTCTTTTCAGCGCAGCATCGAACAGTTCTGCCAGTGCAGTGGGACCTTGGCGTTCGGACTCGTGATG
GGGTTTCGTCATGGCCATGACTCAAGCCAATCCCTGATCGACCCAGCCTTTGATCGAGGCCAGACCACCGACAGAGGCA
GCGACATGCCTTCGGCCAAGTCCATGGCGGCATCGAGGATGGAGGTTTTCGTCTTCGAGATCGACGGTTCGCTGTTGGTC
ACGGCCTTCCATCGCCGCCACAGCTCCGTGTCTGCTCCTCGTCCAGCACGGGGTTCGCCCCCTTTCGCTTGGGCGAGC
GAGGATTTACGGCGAAGCGCTACTTCTGATGCGTCAAGCCATAGAACTTGTGACCATCTCGGTGCTCGCGCCAGTC
TGAGCATCGATCGACTGTGGCGATTTCTTCTCCAGCTTGTGCTGCTGCGGAGCAGCCGCCGAGCACTTCGCGGTTG
ACCCTCACTGAGCACACGAGACGTTGGCGTGGCCAGCAGCTGATTAGCGCGGATGCTTGGGGCGTCCAGCTCTGC
CTCGCCAAACCCATTAGTTTTGAGCGCGGCTTGCCTTCCCATTCGCGAGTTCATAGAGGGCCTGGGCAATGACAGCCTGGT
TGAGTGGGTGTGCTGTGGACATGCTGGCCTCCCTCGCTCAGGTTCCAGAGTCCGCAGCGCCGCTTCGAGATCGAGCAGG

CGGCGGGCCAGTCGCAGCAGGCGGAACAGCTTGACCAGCGCGGCGTTCGCTCAATCGTCGGGTTACGTCACCTGGCCGTG
CAGCAGCGCTGGCAGGTTCGATGACGAGTTGCCCGTTGTCCAGACCGACGTCGGCGGGCTGCTGACCGGCCAGGCAAGCCA
ACAACGCATGGACGGCACGGCCAGCGGGCGCTGGGTTGGTGGTGCGAACACGGCAGGCGAAGCCGATGCCGTCTGGGCGG
TCATCGATGCACTCGCCCAGGTCTACCTCGACCGCAATCTCGCGGGCAAACCTGCGCGACGTGGATGCGCAGGTGTTCCGGG
TGTGTCCAGGCCGGGGGCGATGTACCAGACATCCGAGATCGGATAGAGCCCGCCAGCCTGCACCGGGATGGACTGCAAGA
CATTGCGCCGAGAAGTCGTGCGGCAGTGCATCGCCAACTGGTTGGCGACCATGCGCTGGATGAACTCAAGCCGTTCCGGTT
GTCGGCGCCGGGGAGACAATGTGCTTCTGAAGCAGGTGCATCTGCCGCGGACTGACCGCGCCGAATGACTGTCATC
CGCGTCGCTCTCGCCCCTCGAGGGCGTTGCCGTCCGCTCGTGGCAGGTGGCGCGGTATTGGCAGGTGGGCGCGCGATGG
CCTCTGGCTCTGGCAAGGCAGGCGGTGTGACGGCGGGCGTCCGCTCGCTGACCAAGGCACGCTGGCGGCTCTCGGATTCG
GTCATGTCCAGAGCGAGCACGTGTAATCGACGTTTCAGCAATTCGGTCATCTGGCCGATCAGTCTGCTGTACGCGCTG
CGCAGAGAACTCGTCAGCCTGGACATCGAATTGCGACAGCACTTCTGAAAGAACTCGTCGAAGTCTGAAACCAGTGAGC
GGCCTTTGGCGTAGTGCTCCCAGGTGCGCTCGCAGGCCTTGCGCATGACCGACAACCGCTCGACCTGGTGACGCCCCAGG
CCGGCGTAGAGCACGGTCCGGATTGCGGGCAGCAGGTAGCGTACCGCGTCCGGCCATCCGGCTGATGTGCGACTGCTGCAC
GGGGTATCCGTCCGGCGCCAGGCGGGCCAGCTCGGACTGGCTCAGGGTGGAGCCGCTTTCCAGTTCGTAGAACTCGC
GCGCTTTCTCGACGCCCAAAGCGCGCTCGATGAAGGTGAGGCCACCGCGCAGTTCGTTTTCCGAAGATGCCCGGTGAGC
GCGACGATCTCGCCACGCTCGGGCCATGGGCGGAACAGGCATGAGACCCGAAAAAACGTTTCGTCCCTGGTCTCCGACCA
AAGTTCGCGCAGGATTGCCAGTCGCGTGTGGCCGCTTGCAGGATGATGTAGTGATCGTCGCGGGCCCGGGGTGATGG
CCGGAGCCGCGTCCAGGCCACGTTCCGCGGATGGATGCCTTGATTTCTCGTACACCGGATTGCGCTTCTTGCGCGGGTCCG
TGGTTCGTAGGGGCGCAATTGGTTCGAGCGTCCAGCACCATGGGCGTGTCCGGCATCGGGTTCGCTCAAGGTCGTTGCTGACGG
GCCGCTGCGCTCGAACCCGGACGCAAGCAGTTTCCCGGCCATCTGCTGGGAGGTGATCTCAGTCATGGCCGCCCCCTGC
GCTTGGGATCGGGTCTCGCGCTCGGCACGACGGATCTGCGCACGGGCGTTGAGGGCTGCCCGGTGATCGCTGGCCGTCCGA
ACTGGTGTAGATCGCGGCGCAGCCTGCCTTGGTGAACCTGAGGTGACCGCCCGCCGTGCGCTTGACGTGCCAGCCTTCGC
CGACGGCGAACTCGATCAGGGCGCGCAGCCGGCTGTGACCTCGGGCCAGTTCATGTGCGTTGGCCATGGGGCCCTCCGGT
ATCAAGAGGCTGTGGCGGACGGCCGGACACTGCGGTAATTCGATCCTGCCACTGTGGGAGCAATTCGCCGGCAAGATCGC
GCATGGTGGCGAGCGCGGGGAGCGACTCTGCCACTGGCTGACGGTACTCGAGCCGATGCACCGGCAGGCCGCGCGTC
CGCGCAGCTGGAAGCTCAATGGCCGGCAGTCCGTTAGTCCGATGACCAACACCGGATGTCCGCGATGGTTCTGGAACAGATCGCG
CAGCGCCTGTGATCAGGCGGGCGTTGGCGGACACCGGATGGACCGGTTGATGACGAGTGCAGTGGCGTGGCTGCGTCCGA
TGCCAGCTGCCGTTACGGTGAATGTCTCCAGCAACTGCATGGTGGCGCGCCGAGCTCGCGGGCGGAGAAATTTCT
GGGGTACGGGTGACAGTGCAGGTTCGAGGCCAGCACCGCCATCTCCAGCAGCACCGAGCGCGGCCCTGGGTGTGAT
CAGCACAGGTTCGTAGAGGGGATTGAGCGCCGGAAGCAGATGCCGAGCCGCAAGCGCCCGTCCGGCGCGTGCAGCAGCA
AAGTGTTCAGTTCGCTCGGTGGTTCGTTGGAGAGCACCAAGTCCAGGCCCGCGATGATCGTGCGGGACACAAGCTGGTCCG
AGGTTCGCGCTCGTTGAAGGCCAGCAATTCATAGATGCCGCCCGCGCGCGGTGAGCCAGTTCATAGTATGAGGACAAGGT
GGGCTGCACATCGAGGTTCAGCAACAACACGCGCAGTCCGGCGTCCGAGCGAGACCGCCGAGGTTTCGACGCGGTGGTGG
TCTTGGCGACCCACCTTTGGTTGAAATGATGGATACGACCTGCATGGCGTTCCTCGTGTCAAGATGAAAAGTCCGCGGG
AGAACGGGTTCAGGCCCGGCTGTTGACGCGCTCGTCGATCCACTGATCGATTTTCGATAGAGTCCCAGCCACAGCGCGCAC
GCCAGACGCAGCGCCTGCGGGAACCTGGCGCTTCTTCATCAGGTTGTAGATGTGGGCGGTTTGAACCGGATTTTCGCTT
CGACTTCTTCAGGCGCAGGATGCGGGCGCTCGTTTGGCTGCAGTACAGATGTTTGCAGATGGCAGTCACTCCTGAAACGC
TCAGTGGCGTTTTGTTGGCGTGACCTCTATTCAATAGACACGGCTGCGAAAAGACATTGCAAAATGCAATCTCCGCGACTGC
ACATACAAGCTGGCAAATCTCAGCGGGAGGCGCTACGCAGCCGGCGCCTGGCGGTGGCGAACTTACCCTTCAATGTCCGC
TCCGCGATGCCATGGCGCCGCTGTGATGGGCGACACGCGCTGACCACGGCCTCCTGCGTCTTGAAGCTGGAGTACGG
CGTGCCCGATGGCGACTGGCCGAGCATCAGTCCAACAGGCCGCAACGATGTTCAGGTAGGTGGCCTCGGCTCGATCAC
TGATCGGAGACTGCGCGCATGCCGGAATCACCGTGGGCTGCTTGAGCAGCGCGTCATGCTTGTCTTCAACTCGCGAAGC
TGACGTTTGGTCTGTTCCAGGACGGATTTCAAAGCTGGCCTGCGCTGACACAGCATGGCTTGCCTGTTTCCAGAGAGATGAA
GGGATGGGTGATGCGTTCGCGGGGAGAAGAGAACCGGGCCGCTCGGGGTAGTGTGGCGCATCCGACACTTCA
GATCGACATGGCGTACCCTCAGATCAGGCGATTCAATCAACGCGGTGTGCGCGCTCGTGTGATGCTGCTGCCGGAAGGGC
AGTTCCTCGTTGAGGATGCCGTATAGATGCGGTTCGTTGATACAGCCGAGTTCGCCCCAAACGTTGGACAGTCCAGCGACTG
CGGCAGATTCATCGGCGACGAGACCGAAGCCAGGATCGCCTGCTCGTATCGCAGCAGTCCGGCCAGCGGATGGACGCTT
CGAGCGGGCGGTAGAACACCTTTGATGTTGGTGCATCATTTTTGTTCTCGTGCATGCTCCGTCTCCTTCCAGGAGAAGAA
CTACAGGGCCGACTGCTTTTGCAGCCGCTCCTCATGGTCCGCTGTTGTCCGCGCAAGACGCGAGTGTGACGCCCGCTTT
TGATTACTTCTGATCAGTTCCGCGCAACGAGTAGGCGTTGTGTGCTCGATGTACAAAAATCCATTTGAGCACAAGAAAAGCG
AGCGTCAGTCCGGCTCGACAGTGCAGCTTGCCTATCAGGATCGTGAGAAGTGGCGGCTCACGCAAAACCGTATCGGTA
TGGTCTGATACGGCAGCGGTTTTGAAAAGCTGCGAGCGGTCGGAATCTATTGATCCGGGCTTGGGATTGGCTGCGGAAAT
CCGCTGGCGTCATATCCGATGGGGATACTGATATAGCGAGATAGCATCACAGAGAAGTCACTATGGTACTGCCAAGCG
CAGATTCGACGCTAAACACGGCCTACCAACACTTGGAAAGTGCAGGTTGGCGGGTGGTCATGCAACGATCGACCTATTGG
TTCCCTGCTTGGACCTTGACCGGACGGGCTGCCGTCCGGCCTCAGCTCAACGGGCGACCAGATCTTCCGGCGTATCAACC
AACATTGCCGTTTTTACCAGGCGCTCTGCAGTCTGCCTGGCCAGCACCGGAGATACTTCCGATTGCTCTGCAAGCTCATC
GGTTTTCTATGGCATGTGCGGGCAGCAGTGCAGTGCAGATGTCAGGTTGGTCCGATCGACTGCCTCGATGACTGGACACT
TGCCAGGGCATCGTATGGCCGACGAGTGCCTGATAGATGTGCCAGGTGTGATGCCGCGCGGCACCAGCTTCCAGGACA
GCCTGAATCAGCTTGCCTTGTGATGGGTTGAGTTGCCAGTCCGGGACGCGCTGTCCACGGTGACCCAGATGGATCGACAG
GAGATTTGCCACCTGAATCTCGTAAGTGCAGCGCGGGACTTGCCAAACAGCTTGGCGTAGTCCGCCACCAGGAT
TGTGGGATGCCTCAACATCTCCAGCAATTGCAAGCGCTGCGCTGACCTTGACAGCGTGGGTGCGCGTACTCGGGC
AGATGCACCGCCGAAAGTCGATAGACGGAAGCTGGAACCGCTGGCGCATCCGGTGCAGCGCAACGATCAACTGAGGGGC
GTTTGGATTTCATGGCGGGCGGCTGCGCTGCCGCTGTCCGGCAATCGTGGGCAGACCTGCAGCGTGTGTTAGGTTGCC

TGCTGGCAACTTCGACCTGATTCTGCTCGAACAAGTCCAGGCGGTTCGGCCAGTCTTGATCATGACGCGGCGTGTCTCG
 ACGTACTCGGCGTGGTTGTAGGTTCGCGCTGATCCGATCCGGATTCGGCATGCGAAAAGTTGGGCGTCTACCCACTTGGGCGG
 ATAGCCCAATTCATTGAGCGCGGTTCGAGATGGTGGCGCGAACGCCGTGCCAGTGGCTTTCATAGCCCATGCGCT
 TGAGCGCGCCATTGAGCGTGTCTCGCTGAGAGGTTTTTTTCAGGCACCAATCACCGGGAATGAGATAGACCTGCGCTGGC
 TTCAGATTTCCCAGCAGATGACGAACGACTTCTTGTGCCTGCAATGACAGTGGCAGCATGTACGGCGGGATGTCGGCGAA
 ACGCTGGGCGTCTCTTCTTGGTGGAGCTGCTTGCCTTGGCTTGGAGCTGACAACCGGGATGATCCACAGACCGCGCTCCAGAT
 CGAATGATCGGGCGTGGCGTAGCGCAATTCACCGGTGCGCACGCCCGTGGAGCAGCAGACGTAGACCCAGTTGCGTA
 TTCAGGCGGCGTGTACTTGCACAACGTCTGCAGCATTGCCGGCAGTTCGGGCATGCGCAAAAAGGGGTTGTTCTCCAC
 CGGCGGCGAGCGGCATCGCCACCACATCCAAATCCTTGGCCGGTTGTCGCCCATGTTGGACACCACCAGGCGGTAGG
 TGAATAGCTGGCTGAACCAGGTGCGCAGCTTCTCGGCGACCGACAGCAGCCACGCTTTTCCACTTGCCTGATGATGTC
 AGCAGGTGGGCGCGGGTACGTCGTAGACGGTCAGGTGGCGCAATACGGGAAACACATCCTTGGCGAAGACGCGTCCGAT
 CTGTTTTGGGCGTGTCTTGGCGACCCTCATTTTTCCAGAGAGAGGCTGCGGTGGGCCAGCCATTTGTCGTAGATGGCCTGGA
 AGGTGTGCTCGCCCGCCAGGACGATGGCGTGGCGCTTGGCTTGGCTCCGAATGCGGGTTGATGCCCTTGGCCAGCATG
 GCCCGGGCCTCGTCGCGCAGATTGCGAGCGTCTTTCAGGGAAAGCGCGGGATAGCCACCAGGACATGCGCTCGCGCTT
 GCCGCCCAAGTGAAGCGGAAGTGCCAGGCCTTGAAGCCGGTGGCGGAGATGTAAAAGTAGAGACCGTTCGAAATCGACAA
 GCGAATACGCCTTGGCGGTACCTTGGCCTGTGCAACCTGGAGGTCTGAAAGCATGAGTCCAACCTTGCAGGCGAGTT
 GGATGCCATGTTCCCGACGGAACCCCGGCTCCTCCAGCAACAATACGGTTTTGGGGACCTCCGTATTGCCAGTGTACCGC
 TCAACGTACCAGTTAGAACCAGGCTGGGAGTGGATTTGCTGGATGTCGGTGGATTGAGATCAGGTAATAATCTCAATCCT
 GACAATGACTTACGACGTTCCCTGGCGTTCCGTGGAAGTCCCTGGAAGTTCGAAG

Sequenzen der ORFs aus dem Contig 1

>BR1, 1065 Basen, unvollständig

GTGTTACCGCCTTCTCGACACGGCGCACTATCTCTACGCCAACTTGGCCCTGGGCCAGGGATAAGCAGGGCATGCA
 CGCAGCGGTGCTACCGGCAGCGCCGGCATCCAGTCCACCTTGGCAGGTCTGCGCAAGAACATGGGAGACGTGCTCTCAG
 CCTTCGCGCCGCGGCCAAGGAGCGCCCGCAAGACCTGGCGGATGAAGGCGAAATCGACTTGTGATCGCCACCATTGC
 ATCTCTGAAGGGCAGAACCTGCAAGACTGCGACTGGCTGATTAACACGACATTCAGTGAACCCGGTGGCATCATCCA
 GCGCTTCGGGCGTATCGACCGCATAGGCTCGCCCAACCAACGCATCCAGCTCGTGAACCTTGGCCCAACATGGAAGTGG
 AGGAATACATCAACCTGGAACAGCGCGTTCAGCGGGCGCATGGTGTGCTCGATATCTCGGCCACCGCGAAGAAAACCTG
 ATCGAACAGCAGTCCGGCAACGCCATGAACGATCTGGAGTACCGGCGCAAGCAACTGCTCAAGCTGCAGGACACGGTGT
 CGACATGGAAGATCTGTCCACCGGCGTGGCGATCACCGACCTCACCTGACCGACTTCCGCATCGACCTCGCGCAGTTCC
 TAAAAGCCACCCCGGCAAGCTGGACACCCAGCCGCTTGGGGCTTTTGGCGTACCACCACGCTGGATGCCGACATTTCC
 CCTGGAGTGTCTTTTGCCTACAAGCCTGCGGCCCGACGGCAATCCGCCGCGTCTGCGACTACCCGCTCGCGCCGCAC
 TACCTGGTGCATGTGCGCGATGACGGCCACGTATTGCTGCCCTACCCGAGGCCAAGCGCATCTGGATCGCCTCAAGCG
 CCTGGCGTGGGGCGAGAACGGCCGGATGACAGTGCCTGCGCGCGCTTCGACAAGGCGACAAAAGCGGTGAGGACATGC
 GCCACGCCCAGAAGCTGTCTCGCGGCGCCGTGGCATCCGTGCGCGCAAGCATGAGGAACGGGCCGTTGCCAGCCTCTTC
 ACACCTGGCGGCACGCACGCCATGA

>BR2, 1788 Basen

ATGAGCTTTCGCACCGCCGAACCCGCATTGAAAGATGTCTCGATGGAATCGCATCGGGGCAAATCCAGCTTCCTGACTT
 CCAACGCGGCTGGGTGTGGGATGACAACCATATTCGGTTCGTTGATCGCGAGCCTCTCGCTGTCTACCCGATCGGCGCGG
 TCATGTTTTCTGGAAGCAGGTGGGGTACCGTTCAAGCCCCGCTGTTTTGCCGGCGTCAACCTGCAGCTGCGCCTACTCCA
 AAGACCCTCGTACTTGGTTCAGCAACGCCTGACCTCGATGTACCTGGCGCTGCGCAGCGGCCAGCCCGTGGCAGCGG
 CACGGAGAAAGGCGCAACATTCGCCGCCTGTATTTCTTGCATGGCCCAATGCCTGGACGAATCGGCAGACCGCGAAG
 AAGCCGTTCTCTCGGTGCCGGAGACGCTGCAAGTCACGTCCGATTTCCGGTTCGCAAGGTTGAGCTGGACGTGACGACGCCA
 GACTTGCAATACAGCCAACGCCTCTTCCCTGTGACATTGCTTTTCGATATTCAGGGTTTCATGGCTTGGGAAAGCGGCTT
 CAGCGCCCATCACAGTTCGCGAGCGGAAGCGATGCAAGTTCATGCAACGATTCGCAACGACATCTGGCTACGCTTCCAGC
 AGTTCAAGGTTCCCGCCATCGAGCTGACTCAGGACACGCCACGCGAAGCCGTGTGCCAGGTGTTGAGAAGGTCAATACC
 GCGCCGCTGACGCTCACCTTTTCGAGCTGATGACGGCCACCTTCGCGAGCCGATGAATTCATCTGCGTGACGACTGGGA
 GGCCCGGCGGAGCGGTTGACCCCAAGCATGACGCTGCTCAAGCGGTTGGATGGCACAGCTTTCTCACCGCAGTGCATC
 TGCTAGCCAGTTATCAAAGGCACAAGGCACAGGGCAGCCCGTTCAGTTGCAAGCGCGCCGACGTTGCTGCGGCTGCCGTTG
 GCGGATTTCAAGGCGTTGCAACCCGCGCTGGAGCAAGGGTTCAAGCGCGCAGCAGAGTTGCTTGCAGAAGAAAAATCTT
 CGACGACCGAAGCCTTCCCTATGCCACACAGCTCATAACCGTTGTGCGCCATCTGCGCTCACCTGGCAGACCGCACGACGC
 AACACGGCGTCAAACAGAAGCTGCTGCGCTGGTACTGGAGTGGTGTGCTTGGCGAACTGTACGGTGGCGCCAACGAAACC
 CGTTTTAGCATGGACATCCAGGATGTGGTGCCTGGGTGCAAGGCGGCAGCGAACCGCGCACGGTCCGCGATGCCAACTT
 CGCACCGACAAGGCTGCTCTCCCTGCAAAGCCGCTCGCTGCGGCTACAAAGGGCTGGCCGCTTGTCTATGAAGCACG
 GTGGCCGTGATTTCCGCGAGCGGCACGCCATTGATCTCAATACCTACTTCAACAACGCCATCGACATCCACCACGCTTTT
 CCCCAGCCTGGTGCAGAAAGCAGAAGCTGCCCAAGGAAAAGTGAACAGCGTGGTCAACAAGGCTCCGCTGGCGGCAGG
 CACCAACCGCTTCATCAGTGGCGATGCCCCAGCGTCTACCTCGCCCGTATCCAGAAGGCCAAGCAGTTGCCCCCGACA
 GTCTCGATGAGTTCTGACTTCGCATGTGATTCCGGTACAGGCACCTTCGCTCGGACGACTTTGATACTTTTCATCCGCCAA

CGCGCTGCTGCGCTGTTGAAGCTCATCGAACAGGCCATGGGCCAAAGCCATTGCCGGACGCGACAGCGAAGAAACCATCAA
GGCCTTTGGCGCGGAACACTGTCGTCATGA

>BR3, 795 Basen

ATGAACCGGACGGATGTCGTTGCGAGCACTGTGTCTTCCCGACAGCGCACGGGTGGATCAGCGCGTCCCCAAGAAGCTGTT
GCTGGAGAACGGTGCGCCACGGCATCCGACAAGCGCCTGATCACGGACGCCATTGAAGAAAATCCAGTGGCTTGCCGCAC
TCAAGCCCAACACCATTGGCGTACCCAGCTACCGGGACGCGCAGCGTGAATACCTGGAAGTCACCGTGCCTGGCTTGACC
CTGCGTGGCACCGTCAAGCCCGCCAGTCTCGCTCGCCTTGCCGAATTGATGCATCGGGCCGTGCCGTATCCCGTGTGCT
GCTTGTGCAAGGCCAGGCACTGACCCTCTCGCTGGCGCACAAACGCTGGGCGCAGAACGAGGCAGGTAAGGTCGTGCTCG
ACGGCGACCCCGTGTGGCCTCGCTGCCCCACGCAACCGAAGATACCGCCGAGTGAAGACGCAATAGCCCCCGAAATC
GAGCGCGCCTTCGTGCAGTCCCTGTGATTGCACGCCAACCCAGACCAGCTGCATGCCCTTATCAGGGTTGGATGGA
GCGCGTGTGGCCTTGACGGCGGCACGGCTGACGGGAACCTACCAGGCTGACACAACCCCGAACAAGCGGCTGCCCGCT
GGCAGGCGCTGGCTGATTGTGAGCGGCTGGAGAACGAGATCGGCCGCTGCGAGCGCAAGCCACCAAGGAAAAACAACCTG
GCGCGCCAGGTAGAACTGAACCTGACGCTCAAGCGCATCCAGGCCGAACCTGGCCGCTGCGCGCCGACAACCTTTGA

>BR4, 384 Basen

ATGACGGAGAAGACCATGGAAAAACTCACGGCAGCCAGCCCCGAAGCCAGTCCGCCACTTGGTGGCGGCAAATATCGA
ACAGCTCAAGGCCCTGTTCCCGGAATTGATTACCGAAGCGCGGACGGCGTGGCGGTGAATGTGGACGTGCTCAAGGCGT
TGGTGGGTGATGCCAGCGTGACCGACGCCGATGAGAAGTACGGCCTCAACTGGCAGCGCAAACCCCGCGCGGCAACTG
GCGCTGACGCCACCGGCACCTTGCGCCCCTGCCCGAAGACAGCGTGGACTGGGAGACCACCCAGAACCTGATGAT
CGAGGGCGACAACCTGAAGTGTCAAGCTGCTGCAAAAGAGCTATGCCGGCAAGGTTAAGCTGA

>BR5, 1662 Basen

GTGCTCAAGCTGCTGCAAAAGAGCTATGCCGGCAAGGTTAAGCTGATTTATATCGACCCGCCGTACAACACCGGCAAGGA
TTTTGTGTACCCGGACAATTTTTAGGACAACATCAAGAACTATCTGGAAGTACCAGGACAGGTAGAAGTTGGGCAGAGAA
TTAGCAGCAATACCGAGGCCAGCGGGCGTTTTATACCGACTGGCTGAATATGATGTATCCACGACTTAAGCTGGCAAAA
AATCTTCTTCTCGATAGTGGATTAATAATTATCTCCATTGACTCTTCTGAAGCCACTAACTTGCGGCTAATTATGGACGA
AGTTTTTGGTCAAGAGAACTTCATCGGCTTACTGCCGACTATCATGAATCTGAAAGGCAATAACGATGCCCTTCGCTTTCG
CGGATACTCATGAATTTACAGTTGTTTATGCTCGGAATAAAGAAAAATGTGTGGTTTTTCAACTTCCAGTGTGACAGGAA
TCGCTAGATGATTGGCTGGAAGATGAGCGTGGCCTCTACAAGCGCGCTGACACTTAAAGGCGGACAGGGCAGGATGCATC
GAGGAGCGCCGCTCCTAACGGGTGGTTTTCCAGTCTTTATTGACGAAAAGGTTGAAGTCTACGCGACGCTTGATGATGAGC
CTCGCTCAGTTCAGATTTAACTCTATGGCCAGTTTCAGAGGACGGCAAGGCTCTCTTGGACCTGGAGCAAAAAGAAA
ATAAACGATGAAAACCTTAACTTGATTGTTGTTGAAGGTAGGTCAGGAAAGAATATCTACAAAAACAACGACCCACTCT
CGGCGACCTCCCAACCAGCAAGCCCAAATCGATTCTCTACAAGCCTGAGTACAGTAGTAGTAATGGAACGGCCGAAATTT
CATCGTTGCTGGGAAGCAATGTGTTTCGATAGCCCTCCAAAACCTCGCTCATTAATTCGTGACTTTGTAACAATTGGTACG
TCTCCTCAGGACATCATTCTTGATTTCTTTGCTGGAAGTGAACAACCTGGTCATGCAGTAATGGCACAGAATTTCTTAGA
TGAAGGAAACCGTAGATTTATTCTTGTTCAACTCCCCAGTATCTCGATCCGGAGGATAAGGGGCGAAAAATGCAGCCG
AATTCTGCGACCAGATCACCAAGCCTCGTTCTATCGCAGAACTACTAAAGAGCGCTTACGCCGCGCAGGCACCAAGATT
AAGGCTGAAAGCTCTGGCTGGCAGGGCGACACCGCTTCCGCGTCTTCAAGCTCGACACCTCCAATATCCGCGTCTGGAA
TCCCAAACCAGACGATCTGGAAGCCACACTATTGACCATCAGGATCATCTGCTCGAAGGTCGACGAGGCTGATGTGC
TTTACGAACTGCTGCTCAAGTTGGGGCTGGATCTGTGTGTGCCCATCGAACAGCGCAATATCGAAGGCTTACGCTCCAT
GCCATTGGCGGCGGCGTGTGCTGGCGTGCCTGGCTGAGACCATCACCCGCGAACAGGTAGAGCCGCTCGCCCAGGGCAT
CATCGGCTGGCACAAGGCGTTGGCCCTGCCGGTGCACACCTGCGTGTTCGCGACAGCGCTTTGCCGATGACGTGG
CCAAAACCAATCTCGCAGCCATTCTGGAGCAACACGGCATCCAGAACGTGCGCAGCTTGTAA

>BR6, 3006 Basen

ATGAAACTGCACTTCGAGCCCAACCTCGACTACCAGATGCAGGCCATCGAGGCTGTATGCGATCTTTTTCCGTGGTCAGGA
GGTCTGCCGCACCGAATTCACGGTGACCATGAAATTGCCCGATGACGTGCAGATGTCACTGGGCGTGGCGCAGTCCGACC
TTGGCGTTGGCAACCGCTTGACCCTGCTCGATGACGAGCTGCTCAAGAATCTGGCTGACATCCAGTTGCGCGGTGGCTTG
CCGCCTTCCAGTTGCTGACTTCGGGCGACTTCACTGTGGAATGGAGACCGGCACCGGCAAGACCTATGTGTATCTGCG
CTCGATTTTCGAGCTGAACAAACGCTACGGCTTACCAAGTTCGTGATCGTGGTGCCTTCACTGGCGATCAAGGAGGGTG
TTTATAAAACCTGCAGATCACCGAGGAACACTTCAAGGGGCTCTACGCGGGCGTACCCTTCGATTACTTCTATACGAC
TCCGGTAAGCCGGGGCCGGTGCACAATTTGCCACGAGCTCCAACATCCAGATCATGGTGGTGCAGGTGGGCGCCATCAA
CAAGAAGGATGTGAACAACCTCTACAAAGAGAGCGAGAAAACCGGCGGCGAGAAGCCCATCGACCTGATCAAGGCAACCC
GGCCGATAATCATCGTGGATGAGCCGCAAGCGTGGACGGCGGCATGGAAGGCCGTGGCAAGGAAGCACTGGACGCCATG
AACCCGCTCTGCACGCTGCGCTACTCCGCTACCCATGTGGACAAGCACCACATGGTATTTCCGCTCGATGCCGTCGATGC
CTACGAGCGCAAACCTGGTCAAGCAGATCGAGGTGGCGTCCGGCCACGGTAGAGGACGCGCACAAACAGGCCCTTTGTGCGCC
TGGTGAAGGTGGAAAACAAGCGCGGCCGATCAGCGCAAGGTCGAGCTAGATAAACAGACCCGCACTGGTGTGCAGCGG
GCTGAAGTGCAGGTGACGCGACGGCGACGACCTCCAGCAGAGCGCCGATGGCCGCGGATCTATGCCGATTTTCGCGTCCG

CGAGATCAACACGGCCAAGGGCGAAGCGTTCATGGAGCTGCGCTACCCCGGTGGCGAGGTGTTTTTGCACCTGGCCAAG
 CCCACGGTGTATGTGGATGCGCTTGCCGTGCAACGCGAGATGATCCGCCGCACGATCAAGGAACACCTGGACAAGGAGAAG
 CACCTGCGCCCGCTGGGCATCAAGGTGTTGAGCCTGTTCTTCATCGACGCGGTGGACAAATATCGTCACTACGATGCGGA
 CGGCCAGCCGGTCAAGGGTGTGTATGCGCAGATGTTGAGGAGGAATATCGCCGTGCCGCCAAGTTGCCGGCTTACCAGA
 GTTTTGTTTGGCGAGATCGACCTGGAGTCCGCCGCCGAAGAAGTGCACAACGGTTATTTCTCCATCGACAAGAAAAGCGGC
 TGGACTGACACCGCCGAGAACAATGCGGGTAACCGGGAGAATGCCGAACGCGCCTACAACCTGATCATGAAGGAGAAGGA
 GAAGCTGCTGTCTTCCGTACGCCGCTGAAGTTCATCTTCTCCACTCCGCCCTCAAGGAAGGCTGGGACAACCCCAACG
 TGTTCCAGATTTGCACCTTGCGCGACATCCAGACCGAGCGGAGCGCCGCCAGACCATTTGGCCGTGGCCTGCGTCTGTGC
 GTCAACCAGGATGGCGAGCGGGTACGCGGCTTTGAGGTCAACACCCTGACCGTGGTGGCCACGAAAACACGAACAGTT
 TGCCGAAAACCTGCAGAAGGAAATCGAGAAAGACACAGGCATCCGCTTTGGCATCGTGGAGCAGCAACATTTGCCGCCA
 TTGCCGTGACTGGCGCTGATGGGCACGCCGACCGCTGGGCATCGAGCAATCAAAGGCACTGTGGGAGCACCTGAAAGCC
 GCCGGCCATATAGATGCCAAAGGCAAGGTGCAGGATTCAGTGA AAAACGGCGCTGAAGAACGGCACCTTGGAACTGCCGGA
 CGAGTTTGATGCGCAAAAGGCCAGATTGCTGAAGTGTGCGCAAGGTGTGCGGGCCGGCTCGATATCAAAAAATGCCGATG
 AACGCAGGCAAGTGCCTGCGCAAGGGCAAGGATGGCAAGGCCGTTTATCTGAGTGACGAGTTCAAGGCACTGTGGGAC
 CGCATCAAGCACCAACAACGTACCGCGTGCAGTTCGATAACGCCAAGTTGGTGACGGATTCATCGCAGCGTTGCAGAA
 GGCCCCGGTGATTGCCAAAGCACGACTGCAATGGCGCAAGGCCGACATCTCTATCGGCAAGGCGGGTGTGCCCGGACGG
 AGAAAGCGGGCGGGCGACCGTGGTGTGACGAGGCGGATATTGAGCTGCCGGATTTGCTGACCGACCTCAGGATCGC
 ACCCAGCTCACCCGGCGCACCATCGTTCAGCATCTGACGGGAAGCGGTGCGCTGAACGACTTCAAACGCAATCCGCAGCA
 GTTCATCGAATTGACTGCCGAAACCATCAACCGCTGCAAGCGCTTGGCCCTGGTTCGATGGCATCAAGTACCAGAAGCTGG
 GTGACCAGCATGTCTATGCGCAGGAGCTGTTGAGAAAGGAAGAGCTCACCGGCTATCTCAAGAACATGCTGCTGGATACC
 CAGAAGTGCATCTACGAGCACGTGGTGTACGACTCGACCACTGAGCGGGATTTGCCCGATGGGCTGGAGAAGAACGACGC
 CATCAAGCTCTACGCCAAGTTGCCAGGCTGGTTCAAAGTGCCACGCCGCTGGGCACCTACAACCCCGACTGGGCGGTGT
 TGGTGGAAAGACGGCACTCAGCACCTGTATTTTGTGGTGGAAACCAAGAGCAGCCTGTTACCGACGATATGCGCGAC
 AAGGAAAGCGCAAGATCGAATGCGGCAAGGCGCATTTCACTGCGCTGGAGGGCGGGGAGAACCCAGCCCGGTATGTGGT
 TGCGCGCTCGGTTGGTGTATCTTTTGACCGAGGCGGCAAAAGGGGTAG

>BR7, 735 Basen

ATGAGCAATATCCCATTGACCCGTGAAATTCACGGCACCGAAAAGCGAAGCCTCTACCAGTCGTGCTTCTTCTCGATGT
 CAGCGGCAGCATGAGCGGAGAGAAAATCCGCAATGTGAATGATGCCGTTCCGATATGTTGGATACGTTTACGCGACACCG
 AGAACGGTGAACCTGAAATCCATGTTGCGATCATCACTTTCGGTTCTCAGGTAGCGCTGCATCAGCCGCTTCCAGCGCC
 AGCGATATTCATTGGCAGGACCTTTCAGCTGGCGGCATGACTCCGCTTGGCACGGCATTGCAAAATGGCCAAAGCGATGAT
 CGAAGACAAAGATGTCAATTCCTTCCGCGTGCATCGTCCAACGGTTCGATTTGGTCTCTGATGGTGGCCCTAATGATGCGT
 GGGAAAACCTCTGAACCGGTTTATTAGCGACGGACGCTCTGCAAAAATGTGACCGTTTGGCAATGGCGATAGGCGCTGAT
 GCTGACGAGGCGGTACTTGGGAAAATTTATCGAAGGCACCTCGAATCGCCTCTTCTACGAGAGAACGCCAAGCAGCTACG
 TGAATCTTCAAGTTTGTCCACCATGTCCGGTGAACATTTCGCACGAAGTCACAGACGCCAAAATAATGTACCTGAAGCGAGCA
 CCATTGACATCCAGCCGGCCACAATCGAAGCACGCCAGGATAAAACAGAACTCTGTGACACAAAAGTTCTTCGACAGAAGAT
 GGAGGGTATTGGTAA

>BR8, 270 Basen

ATGGCACAAGCAATCGGCGATCCAGAAGAAGTGGAGCGCTTCGCATATTCGTTACAACAATTTATTGATTCGCTCAACGA
 TGCTGTGCGCAATCTTAACGGTGCCTTTGCTTCACTCGGAGACACCTGGCAAGACGAAAAGCGGGCGCGATTTGAGGAGG
 ATTACAACGCGCTCGTTTACGAGTTGCAACACTTCAACGACAACCGCTCTGAGCAGGTTCCATATCTGGCAGCGCTCGCG
 GCGCGGCTGCGGGATTATTTGCAAAGCTAA

>BR9, 1311 Basen

ATGGCACAAGTTTCAATTGGGCAAGTGGAGAATTTGGAAGACCTCGTGCGGATCTGCAGTCAGTGCGCGAGGGCGCTAGA
 GGCCGCATGCCGCGAACAATTTGCTGTTGCGGAGCAGAAAATGCGCAGAGGCTCGTGAAGAAGCGCAGAACAGCGCAAGCA
 TGTTGGAAAGTGCCATCCAGCAGGAGCAAGCCGACCGCAAAAATGTTGACGGCGCTGAGCAAGCGCTCGATAGCAGTCAG
 AGCTCGCTTTCTTCCGCTGAGTCTGCGCTATCTGCTTGCCTTCTCAGCCGACGATGACGATGGAGCTTGGCCCGACTG
 CTCGGCGGAGGACTCTGCCGTTGGCTGAAGCAGAAGCCGCTGTTGAGCAGGCTCAGAGCATGCTGGAGCAAGCAAGAGCAG
 AGCTTGAGGTGGCGAAAGGAGATCGCATATCCATGGAGCAGCGCGTGGATCTTGGCAATCAGGCCGAGGCGATGGCGGAA
 CATAACCTGGAGCAGACCTTACAAGCATGCAATGCGCACTTGGCAACTGTGATCAGGCGATTGAAGCTGGCACTGCACG
 CTTGATATCCGCGCAACAAGCACTGGATGCTTATCTCGCGACAAAACCCGTCGCTGCGCAATTCATGCTTGGTTGAAAT
 GGGACCCTGCCAAAGATGGCCGCCCTGTGACTCCGGATATGTTGCGAGACCGCATGAACCTATCGTTCAGAGCAGAGACGA
 TTGCTTACAGGAATATCTTTACGACCGTGTATCCAGCGTATCGCAAGCAGGTCGATAAAATTTGGAACCAATGGGTAGCCGC
 CAAGGGTGTATGCAGAGCGAAACATCGTTCGCACGTAAGGCACGGATACACCTGAGCGGTGAATTCGGGGAGCAGATAGTTC
 GGCACGCACTTGCGCCACTTGGCGGCCGGATCGAGACGCAAGGGCGAACCTTTGTGGGCGATAACGGACGCTACACAAAA
 ACAGATTTGATAGTCACTGACTTGCGGGTTCCGGTCATTCTGGGACGTGGTGGGGCATGGGGGCTCCTGTGGGAGGCTC
 GATGGCATTGCAAGTGAATGCGGCAAGGCGGAATACCTCTATTTCGAGAAAGATCACATGATTTTTCAGGCCGAAGGGC
 ACAAGCAAGCAGACGCGCAATGCACTCTTTGCTCACGAGACATCCACGATTTGCCAGAAGAAAAACAGAAAGAACTGCGC

GATGCCCTGCGCGAAGCTGGCTCACCGATGGTGGGAATGCTGCCAAGGAAAAATGAAATAGATCAGTCCTGTCTTGATTT
CATCCGCCAAAACGAGGAGGAGCAACCATGA

>BR10, 345 Basen

ATGAAAATACGTTTTCGCAATTATTAGCCATGACCTTCTCGCGCAAGTTCGAGCTGAGGTTGATGTTCTCCTGCGTGCAGT
CAATGTCGAAATATGGACGGTGTGGATGCGTCCACCGCACGCCTCTTGAGCTGACAGTTAATTGCAGATCGATTGAGT
TGTCCGAGCAAGAGTGGCGCGCATTTCTAAGCGAACTCAGGGCCAAGAGCCCCGAGTTCGAATCGAGCTACCCTTTGCCCT
GGGACTATTTGCGCACCCCTGTTTTCCCAAAGTCTCGGTAGCTGACCACTATGTTCTCGAACTTCCAATCGATGGTGATAT
GGAAGAGGAGGAAGCTGATGTTTTGA

>BR11, 231 Basen

ATGTTTTGATGAGGCTTTTTGGAATGGCTGCGATGTGTGCTGGAAAATTTTCGCGAGGGAGTGCCTGATACGTTTCGGCGCGTC
CATTGTTGCCGATGTACTTGATCCGATTCTCAAGGAAGTGCATTCACTCTGCATTTTTCAATGCTGCTTTTTACGCAACAAT
CGCTCGCCATTGATCGAACTTTGAATGACGTTTCGCGAGCTTCAATTCAAAAGACAGCGGGTGGAAATCAATGA

>BR12, 2685 Basen

GTGGAATCAATGAGTGGAAAGCGCAAAGGATTTTCAGAGCATCATTTCCAAGCTACACAAGGCAGTTGCGGACTATCAAGA
AGGTTGTGCGCGCATCGACCGCGAATTCGATACCACCAAAAAAGCATTAAGCGAAGACCAGGAACGCAATCGAAACATAA
GGAGGTGCAATTGGCAGGCAGGTTTTTCCAAAAGAGTGGGAAAAGAAATGCAACTGCTATAGCGAACGCAAGCTCGCAGCTC
AGACAACAACAACCTGCCTTCGTGGATTTTTGTGTAGATAAGCCATTGATGGCATCAGAAAATTCAGCAGGTCTTGTGCT
TGGCACGGAGCAAGTCTCTTTTTGAGAAGCTATCTTGTGTCAGGCCCTAAATTCATCTCATTTCCCTTATCCAGTGCTCTTG
TTTTTTCACAAGGCGATGCAGAGCAGAAACGCCTCGTGCATTGTCTCTTGTACGGTTGCTGCAGGCTTTGCCAGTAGGT
CAAGTAGAGTTGACACTGATTGACCCCTGCAGCAGGGCAATCGGTGAGCCGTTCCGGCCATTGCTGAAGGTAGAGCA
ATTGGTGCCGCAAGGTCATGTTCTTACTCGTTCGGATGAAATCGAAGCTGCGCTCGGAAAGCTGACGGACGAAATGAGG
AGTTGATCCAGCAGCGGTTCAATGACAAGGCATCCAACCTGGTTCGGAATACAACGCGATCAACCCCGGCAATTCATTACCT
TACAAGGTGGTGGTGTCTTTTTGATGTGCCAGAGCAGATGTTCGAAAAATCTCTCTGGTTTTCTTGCCCGCATTTTTGAAAA
CGGTCCACGCTGCGGCGTGTGCCCCATCGTTGCAATTGATGAGCAGCGCATGGAAGACCAGGCGATATGAAAAGCTCAACG
CCACGCTGAAAACCTCAACCATGCAACTGAATGATCTGTTGCAACGCGCTGGGGCTGGCGAGCTGTCAATTCACATACCAG
CCGGAGCAATGGCCGCGACAGGATGTGCTGGATGGCTTTCTCGCAAAGCTCGTTGAAGATTGTGCTGCTAAGACGCGCTT
CAAGAAAACGATGCCTGATCTCTGGACGAGCTTCGGCAAGGGTGAGACGACTCTTGCTGGCTTTGATATTTCCCATCGGCT
GGACGACCACAGGCGACTTCGCTCCCTGAGACTGGGCGCGACGGACTCCGAGCATCATGTACTGCTTGCAGGGAAGACA
GGCTCGGAAAATCCAATCTGCTCCATGTTTTGATTACACGTTATGCGAGAAAATACCCGACCGAGGAGCTTGATCTTTA
TCTACTGGATTACAAGGAATCGACTGAGTTCAATATTTACGCAACTCCCCAGTCCCAAGCCCGCTTGTGCTACGG
AAAGTGACCCTGAATATGGCGTCACTGTATTAAGGCATCTTGTGGATGAACTGGAAACGCGTGCACCGCATATTCAGTCA
AAAAATGTCAACGATTTTCAGCGAATACCGAAAAATCAAGCGGGATACGGTTGCCACGCGTCTGCTAGTCATAGATGAGTT
CCAAATTCTGTTCTCAGAAAGTCGCCAGGTGGCAGAAGCTGCTGAGCAGTTGCTGTGCAAGCTCTTGAAAACAGGGGCGCT
CGTTCGGTATTACATCCTCCTGGCTACTCAGACTTTGAAAGGCATCAACGCACAGTCAATCGGAAGCATCATCACCCAG
TTGGGATGCCGATTGCACTGGCTTGTGGGCAGGAAGACTCCGCAATGATCCTCGGGGCGGGAATTTGGGCAGCCGAGA
GCTGCGCAGCCCACCTGAAGGCATCATCAACAATGCTAATGGTGCCAAATCCGGCAATGTGAAGTTCATGATTCATTTCG
CCGGAGAAAGTGAGCATCGACGTGATTTGTTGACGAAGTTGATAGCGCGTACATCTCTTTCTGGGGTGGCTGAAAAAACC
AAAATCTTCAGCGGTGCATTCCTTCCGCAGATACCGTCTCCCTTTGAATATCAGACAGCTTGTGCGCATGAAGAAGCTCT
TCTTTTGGGCGAAAACCTCGCATTCGATTCAAACCGTTGACGGTATCACTTACTCGTGCATCCGCGTTCAATGTTCTAT
TCAGCGGCTACAATGACCACATTCACGATGGACTCCTGTCCGCTACGCTTTTTAGTCTGACTTTTCGTCGATGGCTTTGAT
GAAATCGTGTACTTCAACGCGCGCGGGATCCCCCAGGAGGAGGATTTCTAGCCGACGCGAGATGCTCGGTGCACGCCCT
CAAGATATTCGACGATATATCCGAGCTACCACTTCAAGCGATATCAGACGATATTGGGAATCGCCGCGTAGCATTTGATTA
TCGATGGCCTGGATTCCGAGAAAAGTACTACAGCCAGCCCCAGCGTTTAGATCGCCCAAGCCTGGCGAACCACCTACCCCG
GCTGACTTGTAAAGCGTCTCGCCGAGGACGGCCCAAGAAAGGGACGTTTGTATTTATTTTTGTTGACCGTTGGCAGCG
CTGTGCCAGTGCCTGCAAAGACCTTTTCTCCTTTTTCGAATTGCGCGTGGCGTACTGCATGAATGAAGACGATGCCGGAT
CGCTTGTGAGTGGCGGTGTTGGTAAGTTCAAAGGTATTGAAAACCCGAGCCGAGCTGTATTCGTAACAAAATGACGAAT
GACATCACATGGTTCGGGCCATATGTTTCAGGAAAGCACTCAATGA

>BR13, 1764 Basen

ATGAAGAGATTTCTGCTCACGTGGTATGGAATCACCGATTTTTCGCGCTCTCTGGGGTTTGAGAATACCGACGGCCCTAT
TGCGAGCGCCCTTGCGGGCGCTCCTACTCGGACATCATTATCCTGGGTTACACCCGACGGATAATGATGCCAGCGAAT
TGATCGAGGCACAGAAGACGTTTACGCTTGAATTGGCGTCAATACGAAGCATGGGGCAAGAGAAAGACTGGAAGCTTACT
AATCAGTTTGTCTCCAGGTTCCGCAATACCTCTGTGCGACATGAACATTTTGAAGCCTGGCTGAAAAAGAAAGCCGCCG
CCTGGGCTGCAACGCAAGGATCCGTTTTAAATAGCGAGAACTTTACCAGCTCAACGACACCGAAGGTATTTACGCTAGCG
CAATGCGGGCGCTGGATGGGGTTGAACAGGAGCCAGGTGAAAAGCTCGTACGCTCTATCTCAGCCCAGGAACTCCGGTG
ATGGCCTTTGTCTGGGCGCTCGCGGCGCTGAGCTACCCTGAGCTCAAAAAAGACTCATAGCATCGTCCATCATTTGGCAA

AGCACCTGAAGTCATAGCGTTGCCTGCTGAGTGGCTTGAGCGACACAGCTCAAAACAGGCTGCGATCCGAGGCATCTCCA
 ACGGGTTTCGATGTGACATTCCATCTTTTTGGTGAGCAACGGATGCCTGCCTTGTGAGCATCCGGCAATTTGAGTCGGCG
 CATCACATTTTTGTCAACTCAAAGACTTCCCTGCTGCATGTATGCAAACCTTTATTGGCTCTCGGGACCTGCATGAACT
 TACCGTTGACCCCTGGGATGATCGCGCTGTTACGAACAAATAACCGAGCTGGCAAAGCAATTTCCAGAAAAACACGAA
 TTGGAATCAATTTAACTGGCGGCACAAAATTGATGTTTTGCTGGCGCGCTCTCTGCTGCACGTGAACTGGGCGCTGTTCCG
 TTTTATTTTGACAGCAAGAATCGTCGCGTCATATTCATTGACAGTGTTCGGCGCGAAAAAATCAGGCAGATTGATTCAAT
 CGAGACATTTTGCACCTGAATAGCGATGGTTTGGAGATTGCAGGCAGTTCCTTCATGAAGGATATATCGCCAAGTCGCC
 AACTTCTGACCGAGACCCTTTGGCTGCATCGTGACAAGGTGCGTAGATTTTATAGAGAACTGACCGACTATAACAATGCA
 TTCAGGCCATTCGAGATTTGTCTGACGGCTTCAATTTCAAGCTGGATGACATGGAGGCAGTATCCGTCCAGGGCTACGG
 ATTAGATCTGAGATTTGAGAAATGGCCTGATTTCCGCAAATACCTATCTGGCGGCTGTTTCGAGGATTTGTTTTATTTGC
 AGTGCAAACCCTACGAGGATGCTGGAGTCATTCAAGACTTGCGCATCAATGTCAAGCTGAACTTGAATTTAGAAGAGTCA
 AAAGGCTATTCGAGCTTCGGTGTGTAATACAACGAGCTGGACATCACATTCACCGACGGTTATTTCGCTTTATATCGTGGA
 ATGCAAGGCGGGCAATGTAACGCAAGAGCAGATTATGAAGCTGCAGAACCTTGTGCGCTTCTACGGAGGAATTGAAGGTC
 GCGGTATCGTTGCCTGCTGTGTTCTCCCAAATACTGAGTCGGTCAAGAAAAAATAAAAAGATGCCAGGCTGATGCTTTGG
 AGTGGTGCATCATTTTTCTGAGCAGATAACGGCAATGATGAACAGCATCACTGAGCGGGCTGAAGCGAGTGAGGCAACGCC
 ATGA

>BR14, 489 Basen

ATGATGCTCCATTTGGTTTGGGACATCTCCGGCAGCATGAGTGAAGGAGGTAAGCCCTTCATCCTGCGAACCTTGGCCAC
 GACCGTGGCGCAATGGGTGCGGCAGGGCTATGGACAGGCGGAAATCCACCTTTGTGCTTGGAGCAGTGAGGCACGCAACA
 TCCCGAACTGGAGCGTCAAGGAGGATCTCCCGGTGAAATGCTGGTTTGCAGGGGGTACCAATGGCGAGGCGCTGGTT
 CAACTGTTGGGTAGCGAGCCGGATGGAAGGTTCTGATTCTCACGGATGGATTCTGGACAAGAGACGACGTGAAGACTCT
 GAGCCGCTGGCAGGAAGGCTTACCGCCGGACACACTGCGCGTCATCCAAATCGGCGCGGATGCTAACCCGCATCTGTCCA
 AGGGGCTCAAAGGCGCAAAGGTGTTTGTGCGAGAAGAAGTGTCTCCGTGCTCGATAACTGGCTGCAAGCGGATGAGGAA
 TGGGCATGA

>BR15, 717 Basen

ATGACGCTTTGGAAAAGTTTTGGGGCAAGCGTTTCGCGGCCCGCACCATATCGCCGAAGGTTTGCCAAATCAGGATGCGTG
 GGCGAAGTTCCACCATGTTTTGGGGGATGGCATCGTCTGTCCGACGGGGTGGCTCCAAGCCTTCTCCAGCTTTGGCA
 GCGATGCCGCTTGTCTCGCTGTTGAGCTCGCGGTCTGACTTGTGCCCCTGATGGTGAAATCGAACGCAACTCGCTGTTC
 AGCAGCATCCAAGCTAACTGGCTAAGGCTTGTGCGCCCCGCTGGAACCTCGCGATTGTGCGGCCACCTGCCTCTTCGCGTT
 ACGTCTGGATGGCGTGATCCACATAGGAATGCTCGGCGACGGACTTGCAGCCCTTGTCAAGTCCGATGGATCAGTCGTTT
 CGCTGTGCGAAAACAAGACGCAAGGCTTCTCCAATATCACCACTGCGCTTTCGCAATGTCTCCGCCAAAGACTGGCAA
 TATTTGTGCTGTGCGCGGAGCAGTGCATCGCAGTATTGCTCTGCACCGATGGCGTGGCTGACGATTTGGATAACGCTGA
 CGGGTTTGTGAGCAGCTTCGTGCAAGCGCATCGAACCTCGCTTCGGTAAGCGCCAACCGGCGCATCCACGAGATGCTCG
 AAAACTGGCCTACGCCAAGCACAGCGACGATAAAAACCTCGCCTGCCTGTGCAAGTGGAGGTTGGCAGATGAGTGA

>BR16, 1350 Basen

ATGAGTGAATCCGAATCCGGGCTCCTAAGCCACTTGTGGATGAATACGGCAATGTCCATCACATTTGCCGATGAGCTTGC
 ACGCGGTGGACAAGGCGTGGTCTATCGCACCAAGGATGCAGATTTGGCTGTCAAGCAACCCTGGATGCATCCGGCCAGC
 CGGATAAAAACGCCAATCTGCGCGAGCGTTTCCAACGCATCCGCCTGCTGCCATACCGCAACGTATCCCGTTTTCCCTG
 CCACTCGCCATTCTGCGTGACAAGCCGGGCTATGTGATGCGTCTGTTGAACGACATGAAGCCGTTACCGTTTTTCGAGTT
 GGATGGAAGAAGCAAAAAGAAGCTAGAAGATGAAAGGCAAGCCTTGCCGCAATGGCTGACGAAGATTCTTGACAAGGACC
 TGGCGCTTCGACTGCTGCATTACGCCAGCACGGGGTCTACACGTCGTCGTCGCGAGCGCTGGCAAAGTGCGCCGCCATC
 CTCGCTCGCCTTACAGCGCGGGACTGGTCTATGGCGACCTTCCCCCAACAATGCGTTTCTTGGTGAAGGCGACACTCC
 CGATGTCTGGCTCATAGATGCCGACAACATGCGCCTGGAATTATCCAGCGGCGGCGTGTCCGTCTATACGCCCTGGTTACG
 GTGCGCCGGAGGTGGTGCAGGGCCCGCATCAGTCCCGCCCGCAACGGATTGTTGGGCTTTCGCGGTAATGACCTTCAAG
 CTGCTGGCTCTATGCCACCCTTTCATCGGCAACAAAGTGTGCAAGCGGTGGACGAGGACGGGGTTGGGATGCTGAGTC
 GCAGCTGAGCGGCGACAGGTGCGCCCAACATATGGAAGATCGGCATACGCCGCTATTTACCTTTCGTGGATGACGAAG
 ATGACGACGCCAACAAGGTGTTGGTGGCTGCTCGCGCTTGGTTGCAACAGAAGGATTCGCGCGCCTATTTTCAGGAA
 ACTTTCCGTGCGGGACGGAACTGCCGCACCGCCACCTCCAATAGCGTTCTGGACACTGGAGCTTGAAGGGCTGCGGA
 TCTGTGCTGGACTGCCCCGTATGTGGCATGAGTCATTTTCGTGATGAACACGCGCAATGCCCGTATTGCGGCGCGACGC
 ATTCGGCCTTCAATTCGCGTCAAACGCCGCTTGGGAAATCCTGATTTCCCGGCGAGCCACGGCGTTCTGCTGCCGAAA
 CGGCTGTTCTACCGTTTTTCATTCGAGCATCACGACGACCGGTATACGAAGCCGTGCTCAACTTCGCGGCAAAAACCGC
 AGTCCCTGTGCGAGGCACGCAGCCTTTCCCGGACAACCTCAGCTTTGAGTTGCTGGAGGGCGGCAATGA

>BR17, 3369 Basen

ATGAAGTTTCAGGACATTTCCACCAACATCCTGAGTGTCCGCATCAAGCGGTCTGACAACGGCGAAGCCCTGCCAGAGCA
 GCCTATCTTCTCGGTGGATGCCAGACCAGCCCACGGGATGAATTTGAAATTCGCTTGGAGAATGCGGTGGCCATCGTCC

GCCCTGTCGTTGCAGCAGATATTCGTCGCGCTCAACGCCGAAGTGGCCAGCGGTTCGTGCCCTGCTCGCCAACTTGCAAAC
 CCCGCCCGGATGGCAGCGTCGAATTGCAAGTCGCTTTTTTCTACTGGTGAATGCCTGGAAATGGGCGACGTCGAAATCGG
 CGTGGATGAATATGTGGAAAAGGGACTGAAGAAGATGGGGCATGGCTTCAAGGGCCAGAGCCCTACGAAAACTCGGCC
 AACTCTGCAGCTTTCAGCAAGGCGAAAAAATTTTTTCTTTCTGACCTCTGGCTCTGCCATTCATGGAGAGCTGGAAC
 GACGGCGAGAATGCACCAAACGAAACAAGGACAGAGGCAAGCCAAAAAGAAATTCCTTCGGCATTACCGGCGACACTATCCG
 CTTTCGTTGCTACTGAAAAGTCAATACCGGGCGGAAATTCATCTTCATCGCCACCCGCTGACCAAGCCAAAGAACGAGC
 CTGACCGCGCCTTACGCCTCGCCAAAGGCGAGGCTGCGTTTTGTGGACTGGACACAGGCGGGACAAGTGCAAAATCTTGCC
 AAAGCGCAAATGACAGCACTCACTCAGGACGATGGAAGCTATCTGAAAAAGTGGGACGAGTTTGGTGAAGTTGAAGGTGA
 ACTGCTGCTCAATCAGGCACGTGCAGTCGGCACGTTGCAGTTCACGGATATGGAGCAGAGGCGGGACGGGACTGTTACGG
 TTCGATTGTGCAAGCCTCTGATTTAGCCATAACCACCTTGGCTGAAAATAAAGTACCAGAGCTCGAACTCGTAGATGAG
 CTGCCAGACTATTTGCTGAATGAGAACTTGAGTTTCAAAGATTTTGAAAAAGGCATAAAAAAGTCTGCGGATCTCGATAA
 GAAGATTGGAGAAAAATTCATACAGAGCAAAGAGTGGGTTTTCTTTTGCAGTAAAAAACTTTGACAAGGAAACCCGCTCAC
 TTGCGCTCAAACCGAAATTCGCCATCGGTATCCGGCACGCTCATTCTCTCACTCAAAGGTGATGTTGCCCAAATCGAG
 CGCCGAATGGCCGCCCGTCAAGCAATCTTGAGGGACGTAGCGCTAACCCCTCAGTTGGGTTTTATTGATTGAAGAGCATGG
 GAAAATTGCACAAATCCGTGTGCCGCAAATATTCCACCGCTTACAGCATTGTTCGTAAGAAAAATTTCCGCAATGACC
 CAACCGTGATGCAGGAAAAAGCCGTTGAGGTGCGATTGAACACACCCGACATCGCGCTTATTCAAGGTCCGCTGGTACT
 GGCAAGACAACCGTTATCGCTGCGATTTTAGAACGCTGAACGAGATGGCAGACAAGCGCGGTGTGCGTGTCAAAGGTCA
 AATTCATTGACGGGGTTTTCAGCACGACGCGGTGGAGAACATGATCGAGCGGCTTTCGCTCAACAGCTACCCGTGCCGA
 AATTCGAAAACGATCTGGCGCAGCAGAAGATGATTACAGTGCCTTCGAAACGCAATCTTGAAAACTGGTGTGCAATTTA
 GCCGCTGATTTGCGCGACCGTAATCCGCAGCTTGCTGGGGTGGAGCAGGAAAGGGAGATAAAAAAACCCTATCTTGCAATA
 TGTCAGGACCCGACTCGCCATTGGCCGCCAGCCTTGTGAGAAAAATCATCGCGCTTGGCATTTCGGTGCTTGGCGAAG
 ACGACGCGCGGGCGGGGCGACAATCTGGCGAAGAACCTGATGCGTGAAGAGCGACTTAACGTGATTCAGGCCAATGGCTT
 GTTGCCGTACGCCGTCTGCGTGTGCGCTTCGAAAGTTTTGCTGATGATGGTGCGGCAAGGGCGGGGACGCTTTGGACGA
 CCTGAGCGATGTTCTTGAAAAAGCGAACGCAAGCTGCTAGACGAAGCCAGCCTTTGGCGCAGCGAAGATGGCACGCCGT
 CTTTTCTGACGGAATTGGAAGCCCTGAAAAGGAGACTTCTTGTTCGGTTGACCACCCCGGTCTTTCGCGTGAAAAA
 CAAAACGACGAAGTGAATGGGCTGGCGGAACCTGCCATCCAGCGCATCAAGACCGTAGGGTACTCGGTTAAAGATAAAAA
 ATCCGCTGCGCTGGTGGAGTTTTTGGCCGAACCTCGAAAGTAATCCCTATGGAATGATGGATGCTTTCTGATTACAGCT
 TTGCTTTTCTGCTGCCACTTGCCAGCAAAGCGTAAATCGGGGGATGCAATGCAAAAAAGGCATCATCGGGCGTGATGTCAAT
 GAGAACCTGAAAGGGATGGAGTACGAGTATGTGATCGTGGACGAGGCCGCTCGGGTATCGCCTCGTGACTTGATGGTGGC
 TATGGCGCAAGGCAAGCGCATTATTCTGGTGGGCGACCACCGGCAGTTGCCGCACATCATTGACGAAGAAGTAGCTCGCC
 AGATGGAGGAAGGCGAAACGGGTGAGGGAGAAAATGACTGGCTAAAAAAATCCATGTTCCAGTATCTGTTGAGTACCCGC
 CTGAAGACCCTGGAGGACGGCGACGGCATCACCCGCCGTGTCACGCTGGACAAGCAATACCGCATGCATCCGCTGCTGGG
 TGGCTTTATCAGCCGTAATTTCTACGAACGCTTTGATCACACGGAGAGGTTTGGCTCTGGGCGGCCAGAAAGCGATTTTG
 CCCACGCTCTGCCCGGCACGAACGGCAAGCCTGCCGTTTGGTTGGATGTGCCAGCACAGAGAGGAAAACATCAAAGGAC
 GGGACCAGTTGGACGCGCCCCGAGAAGTCACTGTCATTGCCCGCCAGTTACAGGCATGGATGAGTTTCGGATGCAGGGAA
 AGATCTCTCCTTCGGTGTATTATTCGTTTTATAAGGCGCAGGCCGACAGCATCAGGGAAGAACTCAAAGGCAGCTTGGCG
 GGATCGTGAGCGATGACAAGCAACTGCGTGTGGAACGGTAGACTCCTTCCAAGGCATGGAGTTGATGTCGCTTTCCTC
 TCAATGGTGCGAACCTTGCCGCAAAACTGGCAGCCAAAGGATGATGACTGCGAGAAAACAAGCCAGAGGGCTGTTTGGCCA
 TCTCTGTCTTTACAACCGTCTGAATGTGCCATGAGCCGGCAAAGAAATTTGCTGGTAGTCGTGGGTGATACTGGTGCCT
 TGCAAAACAAGCTCGCGGCGGACTTTGTTCCGGGGTTGGTGGATTTCTTACCTTTGCCAGCGTGAAGGTGTGGTGCCTG
 CCATGCTGA

>BR18, 1956 Basen

ATGCTGAGGCTCCTGGACTACGGCAAGCCCAATCCCTTCAGCGGCATCATCGGCAAGTTCGCGCAATCTCGCATGGCCGGT
 AAACGCGTATCGCGTGACCCTGCCAAGAGCTCCAACGATCGTGATGGCTTGAACGCATTTGAGCGTGTGATCCTGAAAA
 TACTTGATGCTGTGCGCGCGCTGGATGCAGATGATCTGGCGGCCGAAACTTGCATTCGCTTGATTTAATCAATGGCATT
 CTTCTGCGCTTGCAGGACAAGGGATTTATTGACGAATAACAACGCCATCCTTATGCAGGAGCACGATGATGGATTAGGCGG
 CGAAGATAACGCTCCGGTCTTTCGTTACCGCGCTTTTGTTCGTTGAACTTGCACCCGTTAAATCCTACCTTTCCTGCACT
 GGTGTAACGACGCAATCCATTGCAAAAAAAGGAAGGCGAGGAGAATGATTTTGAACAATCCGTTGGGATGCTATTAC
 AAAGGAAACACGCCACACAACGCGATGTTATCAACGCATTGCGGGGCATGAAGAAACGCGCGGAGTTTGTGGCATGGA
 AGAAAAGATGCCTCCTGTTTACGAAATCACGATAACTGCCGAACCAGAGCTGTATCACCTTGACTGCCCCATCGCCATTC
 AGAGAGTGCATAGCGAGTTCCGCGTTGCTGACCCGTTTGGTAACGGATTTTCGTTGATTCTTGAAAAAGCCTTTGAGCAG
 CTTCTTGAGCGAGAAGATAACCTGGCTGGATGGCTGCTCACTTGAAAAAACTACTAAGTAGTTCTCGACCCGAGAAACC
 GGACATCAGACCAAAGAGCCGTTTCGAGACAGATGCCAACTGGCAACGCTACCCGAAGCTCATTGCCAGTTTAAAGACCTG
 CAAGCAATGCAGATTTTGAACCTTAGCCAAAATCCATGCATCCATAGAATGGGCGCTGTTCTACGCTGTTCTGTCCGT
 CCATTCAAAAATGTGATCACAACACTCAGACACACCGAACAGGCAACATGCTGCGCTCTTGGTGAAGGCAGCGCAAAC
 GATAGGTTTTGAACCTGCCATTTGCAAGGTTTTCAGACCGATTCGTGAGGCGAAGCTACGGGATTCGAGGTCGGGGGAGCC
 ATCAAGAGACGGTTCTTGCATCGCTATGCTTTCAGCGCGCATGAGGCGATCCCTTGCAGCGGCTTGTCTCCGTTG
 CATCCAGGTTTTATAAACCGTCTTCTTCCGCTCAGCGTCAAGCGCAACGAAAAAGCACATGGCAAGGGGCGCGCGGATGC
 TCCACAGCAGGAACTGGCTGATGACCCGTTTATGCGCGAAAACAGTCTATGCGCTTGTGCCGGACATTGTTTTTGGCGACA
 CACCTGCTATTGCGCTAGACAAGGACGTGCAAGGTGATGCACTGCTGGATGCCCGCGCCAGCATTCAGGTGGAGTTGGGC
 TTCAAGTTGTTCAATCGCCTGGGCACGAACCTGCAGGACCGACTGGTTCACGCGGAGCGTTTTTTCTTCTGCTTGGCATGA

TGGGGATGATGCTTTGGCCTATGTTCTAGACCTCTGTGCCGCCGTACAAGCCTCATTTCGAGGGAGTTTGGTAGGCAAGT
 TGCCGCCTGACACCAATGACGCGCAGCTCAATAGCACGGCTGAAAGCAAGGCTATTGAGGCTGGTTTCTGTGCGGTCCGT
 CCAGAGAGTTTGGTAACCGTCAAGACATTGGCTGTGCGCCAAACCTTGCAGGGTGGCAGTCAATCACTAGGCGCTTGCCT
 CATCGCGTTTCTTCTGGTGTCTGACGAGGATGTACTTACCTCAATTTATGACGTACAGCCGTCCCTTTGTAGATGATATGG
 CCAGCCTCATTATTCGACGTGGGCACGGCAACGAGCCATTGCCCTGCCCAAGGGCGACATCGGGCATCTTCGCAAATCA
 GCTCTTACAACACTATCAGAACACTCATGGAATTTTGA

>BR19, 1746 Basen

ATGCGTGAGCGGTATCAAGCCCTTGAATCGGAAGCCAAGAATCAGAAGGCACGGGCAGACCAGTTAGAACGGCAACTTGC
 CACTAATGAGGCTGCGGTGCTGAAATTGGCGAGCTGCGCCGTCAAGGCTCGGAGCTCAACGCCGAGAAACAAATCTCTGG
 CGCAAAGGGCATCTATCTTCGAGGGAGCAGCCAACGAAGCACAAGCCGAACTCAACCGTTTTCGTGCAGCTTATGAGCGC
 CCCGCTGAAGTTGCCGCTCGCTACAAAGAAATTGAGATGCCGCACATCAGTGTGGATAAGGTCAAGCAGCCGGTGCAGCA
 CGAGATCGATGAGCTAACTTGGCTCACTGGGATTGGCAATGCTTGCACACATATGGGCTACATTTCAATCCGCGTATTT
 TGAAAGCTTTTCATACAGCGCTCAAAACAGCTGAATGGTCGCCGCTCACTGTCTGGCGGGGTTTCTGGAACCGGAAAA
 TCAGAACTCCCGCGCCTCTACTCGCACTTTGGCGGCATTTATTTTCGAGCCGCTGTCTGTCCAACCGAATTGGGATTTCGA
 GGAATCCATGCTGGGTTTTTTCAATTCATAGACAACAAGTTCGATGCGCAGCCGGTGTCTGCGCTTTCTCGCGCAAAGTC
 AGATATCAGGCCACGAACGATATGAACAGCGTATTAACGTTGGCAGAGTATGTCGCCGGATCAGCAAATGGCACTTGAC
 CCTGAGAAGGACAAAAATCTAATTGAAGCGTTGAAACAAGCAGATTATCCAGGATTGCAGGACGCAGTGTGTCTGGTTCT
 GCTTGATGAGATGAATCTAGCACACCCCGAGCTTTATTTTTCGGGATTTCTTGAGCAAGCTAGAACTGCGGCGTGGCAGAA
 AGGGTAATGACGTCCCGTTCATCCCGGTGAAAATCGGCGCAGGCATGGAGCCCTATAAACTTCCCTCGGTGCGCAATGTG
 CTTTGGACAGGGACGATGAACCAAGATGAAACCACCAAGTCACTTTCAGACAAGGTGCTTGATCGATCCATCATCATCAA
 CTTTCCGCGCCCGACGGAGCTCAAACGCCCGCTGAAGCTTGTCCACTTGATGACAAAAATCGAGGCCAGCGCTACACA
 AAACGTCGTGGCAGAGTTGGCTAGCGCAAGGCAGCAACTTCTCCGACGATCAGGTGAGCCCGTTCAAGAAATTCATTGAA
 GGAATCAATGCCTCTCTCGCGGTACAGGCCGTGCTCTCGGTACCCGCTTTGGCAATCCATTGAATACTACATGGCCAA
 TTACCCGGATGTTTCGTGCTGCACCCGATAAAGATGCGCTTGCAGGGCTATGCATGTCGCTTCGAGGATCAACTCGTGC
 AGAAGGTGATGCCCAAGTTGCGGGGTATAGATACACGCGCAAGAGCAAGACGGAGTGCTGGACAGGATTTCGTGGACAG
 CTCGTTACAGGAATCGGGAGTAACTCATTCAATCTGGCCGAGGATTTTCGATCTCGCCTGCGATCTTGGATATGGTCAGTT
 TATCTGGCAATCAGCAAACCTAAACGCCGCGGATACTATCTCTGATAAAAAACCTACGGCTGCTCTGGCGCCGGACG
 GGAGCGAAGAGCCACATCCACTTTTTATGAAAGAATCAGATGCAGCCAAACGCCGTAAACTCTGGAGCGCAAAGACACCT
 GAGCAACGAAAAGAGCTTAGTGAAAAGCTAGAAGCGAATGCCGGAAGGGTTCCACATAACTCATGA

>BR20, 3345 Basen

ATGACAGTCAATCTAAAAAAATCTATGTGGGTTATCGCGCTAAGGAGAAAAATTTCTAGCGCCTTACTTGAACAATTAGA
 TTGGTTTTATCGGGCTGCAGATTTTCGATCCGAAAACAGGTTTGGCGTTCGCCGAGGCATTTGTCTCTTTTTTGAAGAAAA
 TTGCGCAGCCTGTAAATAACAGCATAATCCATGATCGGCTTTGGCGTATCACAGAGCACAGCCGTGCTGCACTCGAACAT
 CTAATGAGATCACTCAACGAGAGCCCGCTGAGCAAGCCTTTGATGAGCCCATTCATGCTGTCGCGAGCTCGAGCCTAA
 CAGTTTTATAAACTCAGCAATCGCCAGGGCGTACCATTTCGAGAAAAAATGCTGGTAAAGCCATATGCAGCTGTGC
 GTCGTTTTCAATCTGTGATCTGCCGAAAATCGTCTATTGAAGGCATTTGTTTCGCCATCTTGTGAAGTCTTGAATTT
 CGCCTAGATTACCTCGGCCATGAAGACGAGATTCTGCCAAAAATACAATCTTGGCTGCACTCCGAAAGCCCAAGCGAT
 TGGCAACTGGGACAATCTGCCACCCAATAATACGCTACTCTCGCACCGTGATTATCGACGCATTTGGGATTCATGGCGGT
 GGCTACAGACCTTGGATGATGATGTCGCTGGCGACTTTGTCCAGGTTGAGGCACGTGACAAAAACGATGCGCTTATGGAGA
 CAATGCGCGCAAATGTGGTCTTCCGAAAACATCTATTTTCTGAGATGCCGCTTATTTTTGACTACGAGAAGTTGAGAT
 ACTTCCCTGGTCTTCAAACCGCCCTTGTTCATAACATCAAGGAAGAATATTTTCGCGGCATAGCCTGCAATGTGAAATCA
 CCGATCCAGTTTGTGTTGATTTACAGTCTTTCGCGCCGAGTTACGACTGCGGCGACGGTGCATTCGCACAGTCTTTGCC
 GATACGTTTCTGTGGCAGCAATGGAGGCGCGATGATGAGAGCATCGACATCGAACTCTTCCACTCCGATGCAGTTTGGCT
 TCATCCGCAATCGATAACCATATCCGGGCCAGACCTCTTATTTGCCAAAGGCAACACATCAGAGAACTGCGACCGTGCCG
 CTCGCGCATTCATATTCGGCTGCACGAGATTTTCAGGAATGACACACTCTACTGGCTGGTTCCGGATTTTCTCAACGAC
 TTTGAACTTGAGCTTATCCGTGCGCAATCTCAATGCTCGTTTCTCCAACGCTGAACCGTTACCAGCGCAGCGTGGCAGCAGT
 TTTTCGCGCTGGCTGATCCAGAAAAATAAAGGGTGGAGGTTATGCCGTCGTTGTTGTAGATACCATTTGGCAACAAGACCT
 GTGCAGTCAAGTACTTGGCAAATTCGACGAGAACCTGAAAAACGCTTTCACATAACTCGCGGATTTTATTTGGGAGCGC
 TGTCCACCAGTTATCATTGCTAACGCGGATGATAATAGAACCGAATTTCAAGGCTACGATATTAGCGTGGTTGATGCCCA
 AGAACGGTGGCAGCATGCAATTTCCCGCTAGCAGGAGCGGATACATCGATCCCGAGCACCTCAAGCGGATCGGCGTATCG
 GAGGCTTCGCGTCTGCAATCAATCAACGGGAAGCCCGTTGCAGGTGGCGTCCGCTACATAACCTCCAGCAACAAGCA
 GGTGACATTTCCGCTATGGCGTGCATCAATCCAGAACTTTCAATCAAGGTGATGAAAGATGGCCACTACCAACGCTTTTCA
 CTTGGTTTTACGTGGGACAACCTATCAAGCCTGTTTCGCGGAAAACCCGTTTCATTCCCATTTGCTGAAGAATTCACACTTC
 TAGCAGGAAAACAGCATTACTCGTTCCCACTCTACATCGGCAGCAATGCTGACGACCTTGGCTTTTTCCGCTCGTCTCGAT
 TCACCCGATTTTCCGCTAAAAGGTGATGTCCTGTGTGATTTAAACTTGACCTTTGAATACGGCGCAGACACCCCTTATAA
 GCTTGTGTTCACTCCACGCGCAGAATCAATTCGACCCATGCGGGCAACGTGGCAGCGCATGGACGAAAATCGTCAATCAGCG
 ATGCCCCCGCGCCAGAATATCCAACGCCGATAACGTGGTCAGATTTGCCGATTTTCCGAAAATCCGGCAGTAATGAAACT
 ACCGACTTGTCTGACTGGATGCAGAGGGGAATTGCACAGCTTGACCGCCATCTTTATATCCGTCCCAAGCCAGGATAAC
 AGGTGAAATAAGCAGCGCATGGAAGATTGATAAAAAAGGAGGGAAATTTACCTTTGCGGCTTGCATGCAGTGGAGGACT

CCGTTTTTCATCCATCAGAATAGCTTTATTCATGAATTGAATTTTCGTTGACTTTTCAGAGGGGCAGGAAATCTCATTTCGAG
 CTTTCGAGAGCGCGAAGGGAAATACTCTGGCTGGAAAAGTGGCTGGCCCGACATATAAGGATGCGGTGCATTTAAAGTTTTT
 TGATAAGGAATCAGAAAAAGACTTAGTCGCCAATATTCGCAAGAGCCTTTATTTTCAGTCATTTCAGGTTTGGCGTGATG
 GTCGCTCGATCAGTGATCCGGAATGCCCGCAAGATTTTAGCGCCGCAATGAAAAATTAATTGTGAGTATCTCGTTGCCCTA
 TTGTCAGAAGATGAGCTTCTGAATCAGTGAGGGCAGAAATATATTTCTGCTTTTCTGTATGCATAAAGATGTGCCCTGA
 CGACTGCATTTCAGTTGATCTTCGATAAGATCAGAGATGGTAATATTTCTTGAAAAGAGCCTGGTTCGGTTTCGCGCTTGGTG
 ATGTTTTCAAAGCAATGGCAATATGATTTGCTATCAAACTTGTGAGAATCTGACAGGCGATGTGCTTCGCATTTTTTCT
 TACGCCATCTGGCGAGAGCAGAATTTTCGTTGATAAAATATGCCTCGCGGACATGCGTAGCATTTCTGAATACTCTGAGCAT
 CATGCTTGTTAACATAAAGCAGTGTCCGCCACGGAATACGAGAAAGACGAATGGACTGCGCGTAATTGGATTTCGTTCTA
 CAACGGAGCCACTGAACTTTTGTAGGCCCTGCGCACCCGGGCATCGTCCAACCTGAAATCAAAATGCTCCTTCAA
 CCGCATCAAAAAATAACTAAAGAATTTGCGAAGCAAATGAGCATGTAAGTAAATCATCTTGACGTCGGATATTCCTCT
 TTTTTCCCGTGTGCAACTCAATCTCCAGAAGCCGAAGAGCGATCGCGCGCCCGATTTACTTTATGCACTGCGACTTTACC
 TCGCGGGGATGACGGAGCGGACGCGATTACATCTCCAGTGTTCGATGGAAATTCGATTGA

>BR21, 1935 Basen (revers komplementär)

CTAATTGATGGTTTTTGAATTAATCAAAAATAGATATGGATTATTTGAGGCCGGAAGATCGAAAACCATTTGTGGTTTGA
 TAAGTAAATAGCCATGTAGCTTCTCGATTTTTCTGGGGCTGTGACTTCGCACGTCCAGATGTTCAAACCACTCGGGTGC
 TTGCGATGTAATTGCAGTCGCTCGAAGCGCTTCTGCACCCACTGCCAATCCTGCAGGTTCTCCTGTTTGGCCAGTTTGGC
 TACCTGCGGGTGTCTTGGGCATAGCGCTGAAATACGCCGGGGCTGACTAGGTAGGCGGTGTGCTCACGGTATGCACCA
 GCGCTTTCGCATCATTGATGATGAGTCGCCCGCTGGCGATGCCCTGTTTTCAGCCACGCCATGAAGTGTTCGCCGGATGGC
 TGTGCCGTTCGAGGATGTGGAGGTTCGGCGCGAAGGCGCAGCGCGGCCAGGGTTCGGCAGTGGCGCATCCGAGAGAACGAT
 GGGTGTCTTCGTCGGGGTGGTTTCCACATCCTGATCGTTGGTTGGCGAGTTTCTATTCCTACCATCGCCAGCATGTCT
 CCATGGCGTCAGGGATGGCCAGGGCCTTGGGCGGAAGGGCCGATGCGATTCCACGACCTTCCACTGGCGGAGCGTTTTGG
 TTTTCCAAGGCTGACGCCCGCCGTCGCGAGAAAGGGGGGCTGCTGCCTCGGCAGCTTCGCTGCCAGTGGCCGCTCGAT
 CGTCACCATCCCTGCAAAGGGTGTGGTTCGCTCACAGATTCCCAGATCAGCGCGGGCGCGAGGGCGCAACAGGGTGAACG
 AGTGAGTCCAGCCGGTGAACACTGGTTCACGGTAGCGCGCCAGATCGCTTTGCCGTCCGGCGTGGACTGCAACATGCCGTGG
 TCCTGCAGCACGTTGAACACGGCGGTGTTGTTTCGAGGGATGCCGTGATAACCTGGGATAGCAAGTGCGCCCGCAGCTT
 GTCGAGACCGTTTTGCTGACCAGCCACAAGCCATCTTCGGTTCGAGCCAGCCATCGGAGGCTTCCGGCTGGTTTCAGCTTCA
 ACTGTTCTTTCGAGCAGGTAGCGCAAGCCATCGAGCAGCTTGCCTTCGAGCGCGTGTTCGGTTCGCGCCATGGCACGTGTG
 GGGTTCGCCACCCAGTTCTTGGGCCACGGAAGCCCGGTTCGGCTGCACCACAGTTTCGCCAGCACCCCTGCATGCTCGTA
 CTGCCCGGCCAGGACATAAAGCAGCGGGCCACAGTATGGGTAGCTGCTGAGCCAGTCCAGGACTTCTCGGTCAAGCA
 GTTGGTGGTAGAGCAAACCGCTTGCGGCGCTGTGCAGGCGGTAATCGCGATCGTTCAGGTCAGCGGAAGCGGTATGGCTGG
 TGTAGCGGGCCGTGCCACGGATGCCAGGTATTGCCGTTCGGCCAACTCGACGTGCAGATCGACGGCGATCTTGGCGATGTC
 GTGCAGCAGGGCGGGCTAGGCGATGGCAGCAGTCCACGCTTTCGGCTTGCAGCTTGGTCTTCCGGGCTGGCGCCGATGG
 GCAGCAGATGAGACTGGCGCAGCTTTCAGGCTGTAGGCAACGATTTCCAGACCGTGGTTCGAGCATGCCGCTGGGTAGGCA
 TGGTGTGCGCTTTCGGAGGCAGGGAAGCCCTGGACCAGCTCGGCATAACGTTCCAGCGGCGCACGGTACAGCGCGGGCAA
 CTGCTTGCAGCAGAGCGAGGTGCGCTGCCAGATGTGTTCCAGCAGCTTCTGCCGGCGCGGTGTGCCAGCAGCGATGCCG
 CCGATTCCGGCCAGATCAGCCCTTTCGGGAGGTTCGGTGGTGGGTGCTGGCGATGGAGCGGCAGCGACCCGAGCCGTTTC
 CGCTGGAACAGAGAGACATATGGATTTCTTGGTGGCTGGCCAAGCGGGAGGCTTTTCGCTTTTCGGGTAGGGCCTTT
 CCCCTTGCACCCAT

>BR22, 318 Basen

ATGCCTGCCATTACGAAGTTGCCACGCTGACCTCCAAAGGTTCAGATCACGCTGCCCAAATCCATCCGGCAGGCGCTGGG
 TGCCGATACCGGCAGCAAGCTCGCGTTTCGAGCTTCGTGGCAGTGAAGTTCATCGTGACCCGCGCCGATGCCGAGCACGAGG
 ACCCTGCCATTGCCCGCTTCTGACCCCTGCTGGCCCACGACATTGAAGCGGGCCGGAATGTGCGCGCCTGCCCGAGGAT
 TTGGCTCGCACCATGCTGGAGCACGCGGGCCACAAGGTGGAGCTGGCGCATGATTTCAATGAGGACGTGGAATCTGA

>BR23, 459 Basen

ATGCGACAGCATGGCTGGACACTGCTGTTCCACGACAACCTGATCGAGCAGATGATGAAGCTGCGTTCGGCTGTGCTGCC
 CGCCAGGAGAACGACCCGGAAGGGTTTTGGATCGAACGCCAACGTCAGTTCTTCCGGGCCCTTGGTTTCAGTTGATACAGG
 ATGTGGTGCCGAGTATCCAGCACGCGACGAGTACCGTCAAGGCAATACCATGGGGCCGGTCTATCGCCACTGGCGGCGA
 GCCAAGCTCGGAAGGCGATACAGGCTGTTCTTCCGCTACGACTCGAAGGCCAAGATCATCGTGTACGCTGGGTCAACGA
 TGAGCAGACCCTGCGGTCTTTCGGGAGCAAATCAGACCCCTATGCCGTGTTTCGAGAAGATGCTCGGGCGCGGGAACCCCG
 CGGACGACTGGAGCGCATTGGTAGAGTCAAGCAAGCAGGATTGGAGCAAACCTGGAATAG

>BR24, 366 Basen

GTGAACACCCTTCTCGCACCAGCACCAGCAAGCCCTCGGACGTACCCTTGGCCGTGGATGGCGCGCTTATGCGCGGGG
 CGAGCGGCGCACATCGAGCTGGTTGGTATCCAAGGGAGTCCGGTGGCCGGCACCACCGTGTGCTGTGGCGGTCAGC
 TGGCTGTGCTGGGGCTGCTGCTATACGTTGCGTTCTGGTTTCGCCCTCGTGTGCTGGGCGTTGTGGCGCAGGATGGGCT

GCTGCTGCCAATACCTCGGATGACGACGAGTGGTCTTTACCGATCTCACAGAATTGCGCAAGACGCCGGGCTACGATCC
GAATCTGTACAACGACACGTCCCACGAGCTATACACCGACGACTGA

>BR25, 1521 Basen (revers komplementär)

CTACTTCAGCTTACCTCCGGCAAGCGCCCCGTCACCCCTTACCGCCCCGCTTGCCAGCGCTCTTGCTGCCGTCTGAAAGCC
CCTGGATGGCGTGCCCGGCTCGAATTCCAACCCAGGTAAGACTCGCGAGCCAGAATCCCGGCAGTACAAGGAACATCGTC
CCCGTGACGAAGTTCAACAGCAGATCCCCAAAGGCGTTGTTTCAGCCCCACCAGTGGATCGAAGTTGGCGTGTGGCCGGTT
CCAACCGAAGCCCCAGCCATAGAGCGCATCGAGGATGGTGCTGTGATCCAGCGTGCGAGCTGGAACCAGAAATCGACGA
AGAACAGCGCGAACTGCACGACGCTCACAGTAACGACGGTCTTCAGGTCGTAGGTGCCACAACCAGCACCAGCGGGATG
CAGATGACCAGCGCCATCTTGAGCAAGGCGAGCACCATGGGTAACGCTGGCGCACCACGTCCATGGCCGGAAAACGCGGC
AATCGCCCCGACGGCCATGCCGACGTGCGCAGTGCCCGCGTTACGATGTTTCGGCAGGGTCTTGTGATCTGGCCGCCGT
AGTCGGTATAGACGCTGCCCTGGTTTCAGTTTCTGCTGCCTCGGCGAGGCGATGGTTCGGATCACCGAGTCGTCCACCTCG
GCTCGGCTCAGAAAGCCGGCCCCAGCCCCGCAAGCGATTTCAGCAGGCTTGGGTCTACCTGCCCCAGCAGGCGTGCAGCG
GCCATTGCTGCCATCGGCCACCACCTGCCTGCAGGACGGATAACCGCCACCACCTGGCCACCTGCGCAAGCCCCGCGTCGC
GGGTGCTGTGCTAGGGCCAGTCATCGCGTGGTGTGCTGGAGCGGTAGCTATCGTAGTAGCCGCCGTTGTCCTGAAAAAC
CTCGACCCGATCCAGGTCACGTCGTGCATCTGCGCCTCATCGAGGTTTGGGCGCTGCATGAACAGCTTGGCGCGCGCCGG
CCCGTAGCAGTCTCGCGAGAAATCCGCCACTTCTGAGCCAGCACCAGGTCGTGATGCGCGTCGCGTCGATCTCCATCC
TCATTTGCCGAGGTCTGTGCCGCATGGGATCGCTGCCACCGAGGCCCTGTGACGGCGCGCGAGAGCGCGTGCATGAAG
GCCCACCAGACCGGCACCTTCGCCGATTGGTTGTTGAGCGTGCTGAAAAGACTGCGACCAGCCGGTCGCCGAGGGTTGTGG
CAGCTGACCTGGCACTGCGCCGAGCGCGCGCTGTGCTAGCGGATGGTGTGAGATCCACGTCGATAAAGGGGATGCCGG
CGAACATCACCACCACGATGGCGACGAACACCCGTTCTCGATGCGCGCAGCTGAGAGCACGCCCTTGTTCCTTCGTCG
GCACCCTCCGCACGGGCCCTTCAGCCATTCTGCACGATGATGGCAATGAAAGGCAGCGCGAAGACACCCGTTGCCACCAG
TACCGCCCAGATGCCGTTATGGACAATCCACGACACCAGCGTCAGGTAGTACTCCAGGTAGTCGGTTCGTA AAAAGCGTCA
T

>BR26, 372 Basen (revers komplementär)

TCAAGCGGCCTGCATCAACAGGCTGGCTTCCAGCGCCACAATGGCGGGCGGCCAGCGATCTCGCTGCGCAGCAGTCGCC
GCCGCGCCAGCCTATCCGCCCCGCGTTGGGCTCGCGCGCCAGCAGGCGGCGACGCATCCAGACCCAGCCGTAGGCGGTT
GCGCCGTACAGGCACAGTCGCCACACCAGGAAGTAGCCCGCCGTGGCCGTCAGCCACCCTCCCAACCGGCCACACTGCC
AACGAGATAAATGCCGACGATGTTGGTGCCACCAGCGACGGCAACGAGCACCAGTCCACAGCAGCGCTTTCGCCGCGC
GTCGGTTGAGCAGCCAGCGTGGGCGCAGCCAATGGCGCGCGGCAGGTTTCAT

>BR27, 1419 Basen (revers komplementär)

TCATGGGTTGCCCTCCCGATTGCCCTTCTGGAGCCGGTTCGAGGCGGTCGGGAATGGGATCGCCTTCGTAGATGCCACGCG
AGCCAGCCGCGCGCGTGGCGTGGGCTGGATGATGGCCATGGGCGAGTTGTTTCGCCAGCTCACGGCGCAGCTCCAGCTCG
GTCTTGAGGTTGCGGATCTCTTGGTTCGAGCGTGTGCTTTTCGTGGTTTCACGGCCTCGACCCGCAACTGGTTTCGCCGCGAC
GTTGGGCTCCTTCTTGCCGGTTCAGCAGGGTACGCTGGAGCAGCAGTGCCTTCTCCAGCACCAGCCAGCGCGACCTCCG
AGGCCAGGCGCCGCGCCAGCAAGTCTTGGTTCAGGCTCGTCGCGCAGCGCCTCGATGACGCCGCGGGTGATGGGCGAGCAG
GTGCTGCCGGCCGCGCGCAGGTTCTCGAAGGTGGTATTGCGCGTTCCCGAGACCAGTTCCTGCAAGGCTCCAGCTTGGC
CTCGTACTCCTCCTGGATCAGCGGCGTTCAGCCGACGCCGGGACCGTTTCGGTCTTGGTGCAGGCATCGCAGGTGCGCT
GCACCTGTTCCCAAGAACCCTCGTGGCCCATTCGGTGCCTGCTGCGGCGAAGTCCAGGTCTGGCAGGACAGGCTCGCG
CAACTGGCGGAAGCGATGGACGACGTGTCGGTTACGCTGCGACCGGTTGACCAGGTTGTAGCCCGCACGGGTGACGTGCGC
GACCACGCGGATGGCCGACTGACCTGCACCGCCCGCGTTGTTGCCGCTACCCAGGGCACGCCGTCGTTGCCACGGCGCG
TCTCTGCCTGCTCGATCGCCGACACGGCATCGGTGCTGACACCGCATCGCGCAGTGCCATGCCCTTCGGCCATCTGGCTC
CAGCCAAGCTGTCCGCCCGCGTGTGGCCATCTTCTCGGCCATGGCACGGCAGGTCAGCTTGGAAACGGTCGAAATCCAT
CCGTGCCTGCAGCACGCGGTTGGTTCAGCAGGTTGTACAGGCCCGGATCGGCGCGCTGGATGATCAGCGCAGGCAGCGATG
CCACCGCGCTGGTGGCGCTCTGGATCACGTTGCTCATGATCTGCTGAAAGCCGTTGGTGACGCCGTTGAGCTGGTTGCGC
AGCGTGGTTTGGATGCTCATGTGCGCCGAGATCAGGTTGCTGTTCCAGCCACGCCGACGCCGATCAGAGCGATGCCGGC
CGCACGCCCCATGGACACTGCGCTACCGCCGCAATCGAATACATCACCTCGTCGCCGATCAGGAGCCGCCGTTTGA
AGCCGGTCTGCGCCACGCCAGGCGCTGCCAAGAACGAGCGCGCCAGACAGCACCCCGTCAATACCCAGTCAATACC
GTGGGACGCAGCAGGCGGCACGCCTTGGTGGAGAGGTTTGTGAGTTTCAGGACGCTTCAT

>BR28, 948 Basen (revers komplementär)

TCATTGGAAATCGACGCTGCCGAGGAATACCTGGCCGCGACGCTCGCAGCACGCATAGGGCCGCCACAGTCCCCAGGCGT
AGTCGCCTTGCTGCGCCTGAGTCAGAAAGCCGCTGCGGGGGAAGACCGTGCAGGACGAGGACAGGACGGGCGTGAGTTCC
TGCCACTTGCCCGTCGAGGCATCGCTTTCCATCAGCGCGCCGGCAGGCCAATATCCGGGCCGCGAGTTGGCGAGCAGCGG
CTGATAGACGTTGGATTTGCCACGGCGCGTGCAGATATCGCCGGCGCGCTGGGCCACCACGGCGCCGGCCTTGTGGTTCGT
CGGCCTGGTGCAGGAAGCCGCCACGGGATACACATTGCCCCAGAGGTTTCATCGTGGTACGCGCGCCGACCTCGCGCCTA
CCCGAATCAGCGCCTCCGGGTAGGCCATCTCGGGCACGTTGTAGCGCCAAGCCAGCGTGTCCAGGGTGTGAGCAGGTA

CGGCATGAACGCCGTGCCCGCACCCCTCGCAGAAGTAGCCCCGAAGACGAGACGAACTGGTTGAACACCTCGGCGCCGGGAT
 GGCCGATGACGTCCGCGTTCTTGAACCTTGGCGAGATTGTTTTCTGTTGGTCTTCGTTGGTGGTGCCGTCTCCGCCGGCCCTGT
 GCGGACGGGTTGGGCACGCTCATCGCCCGGACTTCGACCCAGGGGTTCTCGCCGGTGTGCTGTAGCTGGAGACGACCCG
 ATCGGGGATGTAGTGGCGGACTTTGATGGACGTGCGCACCCGTGCAGCCCGTCCAGGTGCAGTAGAGCCAGTAGCAGATGC
 CGACGACGCGGTATTTCGAGGCAATCTGGTGATGCCACTGAGCCAACGATGGAGGCGGTGTTGAGTGCGTAGCTGCCCGTG
 GCGCTGAGCAGCAGCACTGAGGCCACGCCCGCGCGCAGGCGGCGCATCCGCTCGAAGGCTCGGGTTCAT

>BR29, 447 Basen (revers komplementär)

TCATGGCTGCGACCTCCGATGTTGTTTCGATGTGCGGACGGCCACATCCGGCTCGCCATAGACCACGTAACGCT
 GATCCACCACGACCGCCGGAATACTGATGACGCCAACTCCAAGCGTCCGGTACGCCCTGGTAGGCGGAAGCGATGCGG
 CGCTGAAGGTGCGGCCACCTTGATTGAGTTGGCGCTTGACGATGGCCGTGGCTGCTCGGGATCGATGGGCAGTTGTGC
 GGAAAGCTCGGCTTCGATGCGCGGGCCTTCATCCATCTCAATCAGCCGCTCGCCACCCATGGTCTTGACCGGGTGGCGGC
 TATCGGTAATGACCACCACATCGGCGGCCAAGGTGGCTGGGCTGAAAACAGCCAAGGACGCCGTTAGTGAACGCGCCAGG
 CCAAGGGTTGCCAGCCTGCTGTGAAGCGGAGTAAAGATGCTGGCAT

>BR30, 495 Basen (revers komplementär)

CTACAAAAGACCCGACTCGGCGAACGAGTACGGCGTGCCCTGACCAATCACGAAATGGTTCGAGTACGCGCACGTCGATAA
 GCGCCAAGGCGGTTCAACTGCTCGGTCAGCAGCGCATCCGATTTGGATGGCTCGGTGGAACCCGAGGGGTGCTGATGAG
 GCGAAGATGACCGCAGCGGCTTCAGTTGCAAGCGCGCTGCAGCAGCAGCCGTTGGATAAACCGAGGTCGCATTTGATCGT
 TCCATGGAACATCGGCTCCACGGCCAGCAGCTCGTGCATGCTGTTTCATGAATACAACGACGAAGATCTCGTTGGGCTCGG
 CGACCAGCTTCAAGCGAAGGTAGTCCCTGACCGCAGCGGGCCGTTCAAGACGTGGCCCGGCTTTGAAAACCCGTCGCTCC
 AGCAGCAGCATGGCTTGCTGAACGATCCAGTCTTCGTGCTGAGCGGCAATATCGGAAAAGTGAATCCAGGCAGGAGTCATT
 GATGACGACAGACAT

>BR31, 765 Basen (revers komplementär)

CTACCTGGGCATGTGCGCCACAACGTGCGCAGGCATTTTCGGTGGTTCGGTGGAGCGGCGGCATCCTCAGCCACCAGCATGT
 CCATGGCCGACAGCAGTGCATCGCCTTCGATCGGCCCGGCGAGCACGATTGCCTGACCGGTTTGGCGATCCTGCAGACGA
 ATCGAAGGCGTTCGCGGTCACGCCGCCCTTGGTGGCTTCTCGGCCTGAGCGCGAATCACCCATATCCGGTTCGCTCGCTGGC
 CAAACACTGCTCGACGGCTGGGTTGAGGCCGGGATAGCGCAGACCCCTCGGGCAAGCCCAAGCCGTCGCTACGTGTGTGCG
 CATAGATCCATTCAATGGCCTGCCAAAAGGCCGCATGCCACCTGTCTCGGCGGCGCACTCGGCCAGGCGTGCCTCGGCG
 GAGGCGGCGGTTTCGTGCGCGGCCAGCGGCTGGTGGTGCCATTGCAGGGCTACGTCCGCGTTGGCATCCACCAGCGCTT
 GAGTTCGCGGAAGTACGCTCGACAGAACGGCATTCTGAGGTCGGCATAGAGCGTCAGCGTGAATCGGCCCTCGGGGTTGC
 CCATCTGCCAGGAGGAGCCCGCTACCTGCGCAGCAGTACCGGCGCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG
 GACACGATCCATATCAACAGCAGCGCATCAATCCAGCGGCCAAGAACCAGGGCCAGCGCTTGTGCGAGCGCCGACGGCG
 GAACGCCTGCACCGGCATAGGAATGGAAGGACGTTTTTCGGTTTTAC

>BR32, 2910 Basen (revers komplementär)

CTATTGCGGCAGGCCACGGCTGGCGACTTGATGCCGCGCGCCTGGTTCGATTCTCTCGGCCACTTTGAAGGCCGCATCGA
 GTTCGCTGATGCCGTGTTGCTGCATGAGCTGGTAACGCTCGGCCCTTCTCCTCGGGTTCCGTCTGCGCGAGCGCGAGATAG
 AGGCTCGGTGGCACGGCCCGAAACAGCACTTCCAGGCTCTTGGAGAGGATGACGCCCTCGGTGAACTTCCCGGCTTCTCTT
 GCGCGCGGAAAGCATCAGCGCCTTCTGCGCAGGCGAGAGTTTCGCGGAACCGCGCGATCTTCTCCACCTCATCGGGCGGCA
 TCGACAGGCAGATCCACCACTCGATCATGTTGAGCATGGGCTCTGCAGCGCGCGCAAGTCGTCGATGTTTTGTGTGGCG
 AGCCAGAACCAGGCCCCAGCTTGCGCCACATCTTGGTGTATCTTACCACGTAGGGTGCAGCAGCGGGTTCTTGGTGTGAT
 GATGTGTCTTTCGTTCGGTTCGCTGATGATCGGGCGGCCAGGTAATGATCGCGCTCGGCAATGTTGTTTACCCTGCTGA
 TCAGGCTGATGTAGGCAATAGAGAGCTGCGCGTTGTAGCCTTTCGCGGGCATAGGTCGCCAGATCCACCAGGGTGTGTCG
 GCTTCGGGCCACGGCAACCGTTCGCGGTCGAACATTTCCCGTCCGTCCTTGGCAGAACATGTTCCATGGCGTCGGCCAT
 CTCCAGCAGTCGCACACGCCGATTTCCGGCAGCGTTCGGGTCCTGGCTGCGCGTGCAGCGCGTTGCGCACATCGCGCG
 TGAGAACGGTTTCGCTTCTCGCCATCCTTGTGTGGCAGTGCTCGGCGGCATCGAGGATGCACTGACGGATCAGTGAGCGG
 TCGGCTCGCGTCATCCGGGCTTCTTCTTTATCTTCGCCCGCGGTGATCATCAGCCTCGCGGTGATCTCCAGTTCACCCAG
 TACGTGCGCTGCTCATCTGCCTCCATGGCCACAGCATCGGGAGGAGGTTTTCATCCAGCGCATCGGCGTCGAGCGTCT
 GCACGTGCTGGGCTCTCGATCAGCCGGCGCGCATCCGCGAACGGCGCCAGGGTAACGCCCGAGCCCGGAGCGAGCTTG
 ACCCGATTACGGTCAGGCCCCAGGCGCCGGGCAAAGTCGCTGAACAAGCCGAAGCTGTTGCCGGCTCGACAATGAACAG
 GCGGGGACGGTAGATCGCCGTGACCTGATTCAAGAGGTTGTTGAGGGTTCGCCGACTTGCTGAACTGTGCGGCCGAACA
 GAAACAGGTGGGCATTCATCTGCCGATCCAGGCGGTTGAGCGGGTCGAAGGTGATCGGCCCGCCCGCGGTTGAACATC
 GTGATGCCGGGTTGCCCGTACCTTGGGCGCGGCCACACGGGCGAGAGGTTTCGCCGCTGCTGGGCGAACATCAGTTG
 GGTGTACCACTTGCGCCGATCCTGGCCGGGTTGTAGCAGCACGGCAGCCAGCGCAAGTAGCTGTTACGCGGTGCCACCT
 CGTCTCTTTCGCGAACCGGCTGCAAACCGGCGTTGAGCATGACGTTTCGCCAGGTCGAGGCCGCGCCGATCCAGTTCGGC
 TCGTTCGCGCCCGCGCAGGTAGAACCAGCGGTGCCACGATAGAGCTTGTGCGCGCTGCCGATCAGGGAGCGGGCTTTCATG
 CACGTCTTTCGAGCTGCTCGGATGCCAGGGTTTTGCCACGGCCTTCTTCGCCAGATGATTGAGATCCGCTTCGAGAA

CATCCTGCGGCGTGGCGACCAGCGTCAGGCCAAAGGATGGTGTCTCCGCGCATCTGGTTCGAACAACGTGTTGATGGCGTCCG
 CCCTTGCGCGTCTCGCCGGTCAGGTGTCCCCTGCCTGGCGGCATGCGCAGGCGGTTCGGTGATCAGCACGCGGTGCGGCAT
 GCCGTGCAAAATGCCAGGTGCCGTGCGCCACGTTCGGAACGCGGCTGGCCGAAGAACAGCCGTTGGCTGAAATCCCCTGCCG
 TCGCCAGCTCGATCTCGCCGTCTCGCCTTCCCTCCGCACTGTTCGGGATAGCGCGCAATGTATAGAAGCGCTCCCCTGCT
 TCGGCCCCAGGCCGAGCAACGTGGGGCGCGGGTTGAACCAGCGCAGCAACCAGTCATGAACATCTGCCGCGACCATGCG
 CCGGGCCTGAATGCCGGCGTTTCGCCAGTCCGCCGACAGGCGGTTCGACAGCAGATATTGAGCATCTGCTCGGGCGTCTGCC
 CGCGACGGCTGTTTTGCCCTTGCCCGGTACGCGGCGGTAGACCACCATGCGCACGCGCCGGTCTGGCCGCGCCAGCGC
 AGCCGTGTGACCACAGTGTCTCGAACAGGCCGCGCCGGCTTGCCACCGCGCGCAGGTGGTGGCCGAAGAAGCGCAGGTA
 GAACTCGTGAACGCTGTATCACGGGCGCGGGCTGCACATAGTCGCGCAGGGTCTGCATGTACTGGTCAAAACTGGGCT
 CGTCTGGGCGTAGAGCTGCAACACCCAGGGAGTTTCGTCCAGTTTCATCGAAACTGTCCTGCAGCGCTTCTCCAAGGCA
 TCGCGGGCCTGCGCGAGCCAGCCGGGTTCCCGCCTTCGGTGCCAGCGGCACCAGCTCGTAAAAGGCCGCCACCGATTG
 CCCGTCTCCAGCAACATGGCCTTCGACTGCGGCAGGAACTCCACCCAGGGCAGTAGTTCCACGAACGACGGCGCGACCT
 CATAACGCGTCTGCTCGTCTGCCATGGTTCGCCGGCTGTGACCTTGACCCGCGTTCGGGGATGCCGGCTTG
 TGCAGTGCCTCGACGTGGCGCTGCCAGCCGTCCGGCTGCTCGTCATCGCCAGCGCCGGACGCGGCCAGCTTCGGTGCGGC
 CAGCTTCGGCCAGGGGAGTTTCCAACGCAT

>BR33, 450 Basen (revers komplementär)

TCAGTAGTCTCCACGCGCTCGCCTGGCATGGCGTACTGCACGCGCTGGTACAGCGGGAACACAGTCGTATAGCCCGGAA
 TCGGCACCGGGTCGGTGCCTGCCAAATGGGGATACACGTACATAACGAGGTTCGGGGTTGGGCAGGCGCTGGAATGGCGA
 TAGACCTCATTGCGCGCGGTGCGCGTGTAGCGCATCTGCTCGGCAGGTACGGCTTGACAGTTCGGCTCAGCGGACG
 GCGAAGGCTCTGGCGCGCATCAAGCAACTGTCTGCGCGCCACCTGGCCGGCGCCACCGCTGCCATCACCGCGTTCTGTT
 GCCAGATGTCCATCATCGTGTCTGTCGGCTGGGTTCAGCAGCTTTTCTTCTGCTGGTGGCGCAGCCGCCGAGCAGCGCGACG
 GTCAGGCCAGCGCCAGGCCTTGAGCCCAGCTATTCAAGTTTCGAGAGCAT

>BR34, 1410 Basen (revers komplementär)

CTATTCAAGTTTCGAGAGCATGGCTTTCTCTCGCGGGTGCACCTTCCGGCCTTCTGGGTTCGAAGTCGATGGCGAGCG
 GCTTTTCGAGGTGGACGGCGACCTTGGCACCGGGCTGCACATAAACGGCAGCGAAGGCCTGGCCGTAGAGCTTGTGACC
 CAGCTCGACATGTCTGAACGCCACTGGCGAGAATCCGGCCCCACGGCTTCCCTGGCCGCTGATGCCACGCTGCCGATGGA
 GCCGTGCGCACCCGACATAGGACGCCCTGCCACTGTTCGGATTTCGATCAGTGAGGCCACGCCAGCGCCAGCCGCCGCTGATCA
 GCGCCTGGGTGCCGAGGTACTGCTGCGCATTGCTGCGCCGCTTCGCCGCTGACACAGGGAATGCCGTGCCGGTTCGCTGATC
 CAGCCCAGGCCGTCGCGTTGTTGGTTGTTTTGCTGGTTGCCCTCGCGATCCTTCGGGAATGGTTCGGGATGGTCCCCTCATG
 GAACACGAAGGTGATGCTGCGCACCTGGCCGCGCACGCACGAGAGCGTCCAGTTCGCTGATGCGGTGCCGGAGAACACGG
 CTCGGGCCACATCGGGAATGTGCATACCGTTTCGCGGTCAAATTTGTCGGCCCCGACCAAGACCTTGAAGGGGTACGGATCG
 TTCACCGTGCCTGATCGGCACGCGGCCAATCAGCGCTGTCAATTGCCACCGACCCCATCAGCGTTGAGTTGGTTCGGCAC
 GGTGTAGACGGGCGTTCGCGCTTTGACGCCAGCGCGCTGCGCCCCGCTTCGCCACGGTTTTCGCTGTGGTTTCCAGCG
 TGCTCTGTGCGGAACCGAAACTGGTGGGAAAATTTATGCCCGCATTTCGACCTCGCTCCATCGCTTTGTTTCCGCTCA
 TCAGGCTCCACCCAGCGCATAACCGCCTTCCATGCGCGCCTGTCGCCGTCACGCAGGCCAGCCCAAGGCAAAATCGGC
 ATGGCTGCCGCCACGCCCGCGATGCTGTCCAGGCGCTGCTGCAGGTTCGGCGAGCAGCCCTCGGTCTGCTGGCGCGCGC
 TGTCCGCTGCTGTTGGTTCACGGCGCAGGTTCGGATTTCGAGGGCCGAAGTGCATACGCTGGTTCGATGGCGCTC
 TCGCGCTGGCGCAGTTCGCTGATTCTCCTCGCGCTGCGACCTGTTGTTCGGACAGCGCGGTTCGAAAGTTCGGTTCGCAACTG
 CTTACCTGGGCAACCAGCGTTCGCCACGGTGTGCGCGGGGTATCGCCCTCGATGCCAGCGCTTCAATTTCTCCGGCG
 TGAGCCTGCCGCCGATCTGCGCTGGGCGGCGCCGACGCACCGCTCCAGAGAACAGCCGGATGGCGACAAACAGCACC
 AGCAGGGCCACGGGGATCAGTAGCCACTTCAGGAGTCCGTTACTGCGCAT

>BR35, 930 Basen (revers komplementär)

TACTGCGCATGGCGGGCCTCCCTGTGCTGCTGGCGGCTGCTTTGGGCTGCGGAAGATGCACTGCGGGGTTCGAAGCGAT
 GGATCGCCGGCAGCAGCGACTGCGCGAGGCCGTGCCCGCGCTACCCAGGTACAGGACGGTTCGTGCTCAGATGTTCCG
 CGTGGGCGGAGCGCCTCATGTGGAAGGTGGCGGTGAGGAAATCGCCGTGCAGCATGCGCGGATCGAGGTTGATCCAGTC
 GTTGTCTGCTGTTGGTCAAGCGCACGGCAGTACCCACTGCTTCCAGTCCGACGAGGCGACCCGCGACCCGCGCTGCCG
 GCAAGGTTCGGCATCAGCGTCCGAGGTTCGAGGTTCGCGCGCAGGTTCACCCGAATAACGCTGGCAAGGTTCCACGGTG
 CGCAGCGGCGCTAGAGGTTCTGTGCCGCAAAGCGTGTCAACACGACAGGGATTGGCGTTTCGCGCCGCGTTCGTCGGGT
 GTCCGCCTGATTCTGGACGCGCTCTGGGGTGTATCGGGTCCGTTCAGGCTGACCGCCATAGCGCGCCGGGTTGCTGTGCG
 CTTCAACGATGCGCACCGGCTCCAGCTCAGTTTTCGCTGTCTTGGGCGAGTTCCGCGCAATGTTCGAGCAGGATCAGCGCG
 CCCGTGTGCGGCTCCTGCAATTGCAGCCGTGTTGGCTCAATTGGCTCGCTGGCACGCGAGGTACACCGCGCCGCCGCGCT
 CTGCACGCGCAGCCGCTACCGACGCCCGCAGGCACGCCACGCGGACGTTTCGGTTCGATGAACACGATGCGCTCCTGGC
 CGACCTTCAACGGCACCGCCAGCGGCATGCGCTCCCAACGTAGGATTTCCACCGCTGGACGGCGGGGGCGCGACCACT
 GTGGCGGCCACGGCCAGCAGCCCCAGCAGCGCGAGTACAGGATGCTTCAT

>BR36, 693 Basen (revers komplementär)

TCATGGGGAATTACCTCCTTGAGGGCGCTTGCGGGCGTCATTCCACCAGGCACTGGGCGCGTCGGCTCCGGTGCCTGATGC
 GCTGGGGCGTGCCTTCGTAGCAGTCGAGCACCAGGCCGAAGGGGTTGCGGGCGGGATCGACGTCCACCCGCGCGACCTTT
 ACGGGGTAGCGCACCAAGGCGCGTTTTGACCTGCTCGGGCGCCGTAGTACTCGTTCGGCGCTGATGTCCAATGTCACCACCCA
 GTCGCGGTTCGGAAATCACACGCACGCGCGCCGTGGGGTTGTGCGCATAGCTGCGACCGGGGATTTTCATAGATGCCGCGCA
 CGCGCTGGGCGAGTTTCGCCGGTGTGCGGGGTAGTTCGTAGTCCGCGCGCAGGAAGGCTGGCAGAACGGGGTGAGGTAC
 GCGGAGAGCGTGTGGAGATTGCGCGGGTAGTCTTCTTCGCCATTCGTTCGGCCAGCGGTTGAGGGTCTGGAACACGTAGAA
 CGTGAACGCATAGACCGATTTCAGGCGGTACTTCCCACCACTTTCGGGGTACTGCGGGAGCGCAGGTCAGGCGGGACGTGGA
 TGGTCAGGTCGCGCGGTGCGCTCCACCATCCTCCGCCATGACCAGGGCGACGACGACCAGCGCACCCCGCGCCGAGGCGC
 AGCGTCTGATGTGCGCCTGCAGGTGGGTGATCTCGTTCTTGAAACGGCTCAT

>BR37, 411 Basen (revers komplementär)

TCATCGTGCGCCCCATGCCTGCCCTGCGGGTAGTCCAGAAGCCAGAGCGCGAGATCAGCACATCGTCGCCACCCAAC
 CGGCCATCAGCGGATGGCGCGTGGCAATCCGCCATTGCAACTGCCGGTACAGCCAAGTGTGCGGGACGCCACGCTTGAGG
 CGGCGCAGAATGCCGCCGCCGATGAACACGCCCAGCGCCACGCCAGGACAACGAAGGTGCGCGCGATGGCAATCGTGCG
 GAACACCCAGGACAACGGAGCGCCGACCACCAGGCCGGCGCGCCAGACAGGCCCGCAGCAAATCCACAACCTCGTCGGCGG
 TGAGGCCGCGCACGACCACCGGGTGCCTGTTGAGCCGGTGTGGAAGGAACGTGACTGTCCCATCGGCACGGACATGCTGT
 TGCTCGGACAT

>BR38, 360 Basen (revers komplementär)

TTACAGGATGCCGGTGGCTTCGGTGTAGCAGCCAGATGCCGATCACGAGCAGGACAGCGCCGATGGCGACCGTGAGGCCGA
 ACTGGCCCCACGTCTTGCGGCCAGTGTGGATTTCCGCGTAGGTGCCGTAGGCGTGATAGCACACGCCGATAAACATCGAC
 GCCACCACCAGCAGGGCCACGAGCATGATGATGTGCTAGCCGTAGTTTCTGATCGTGTCCATGATGCCGCTGCCAGCGCC
 GCGGGTTCGGGTTTTTCCAACCTGCGGCAGGCCTTTCGCGAACGTCAGCGCGGGCAATGCGGGCGCACCCAGGACGACGGCGG
 CGCGTTGGACAAAACGAGTAGTGAGGATGCGGTTTTTGCAT

>BR39, 234 Basen (revers komplementär)

TCAGGAGAGGAGGAAGAACGTCAGCACGAGGTACATCGCGACGAAGCGGATGCAGACGCCGAGGAACTGGCGCTGGTTGA
 GCGGTTTCTCGGCCACCCACGTCAGGCGGTTTCGGATGGCCCAGACGCCCCAGACGAGCAGAACCAGCGAACACGACGCCG
 ACCAGGACGGTGCCTATCGCGGATGGTGCATGCGCGCTGTTGGCTTGAAATGCCGAGACCTGGGCGCCGTTTCAT

>BR40, 384 Basen (revers komplementär)

TCATGGTCTGCCCTGCGCAGTCGTTCGGCAGCGATGGCGGGGCGAGCCGCTCAGTTCGGTACTCGCCAGTCAGTTTCGGAGA
 GGTTCGCGCGGCTGGGCGCGCAGCGGTGTGAGATGGGCCAGGATGCCAGCGCGCACACGCTCAAGGTTCAGCCAGTAGTCGC
 GGGTAATCGAAGTGGTAGCGCTCGCCCGGTGTGATGGGGGTATGCGTTCGCGCTATCTGCGACGGTTCGCTCCAGCGCGTC
 GAGCTGACGCAGCGCGCAACCAGCTCCTGACGCTGCATCGGGGATTCGGCCAACGCCATCGAAGACTGCCCCATCAGTA
 GGGCCGTCACGAGAAAAGTGGGCACGCCCGCATGCGCGGCGCGCAGCCAGATCGGAGCCAACAT

>BR41, 489 Basen (revers komplementär)

TCAATTGATGTACGATTGACGTACATCGTCAAGAACCTTATCGTTCGGTGGGAATAGCCTGGCCATTCAGAGGCGCAATAT
 GACCGCAGCAGTCCATCATCCGGGAGGAGTTCTCGCCAGCGTCTTGAAGCTGTTGGTGTGTCGCCGACTGAGTTGGCGC
 GTCAGCTTGGCGTCCCTGCTAATAGGGTCACTCAGATAATCAACGGCAAACGTGGGATCACTGGTGACTCTGCGCTGCGG
 TTTGCTCATTGGTTTCGGTGCAGCCCCAGAGTTCTGGATGAACTTGAAGCAGCGTACGACTTGGAACTTCAGAGGTTGA
 ATCGGGACGATCTATCAGGTTCGCTCCCTACCGGCCAGTCGTTTCGCGGCCATAAGACTAACAAGCATGTGAAAGCTACGT
 AGGGAAGGTCTTTTATGACAAAAGGGAGCAAAGACTTTTCTTACGTTGGTGGAGGGCGTTTGGAGGAGGAGCGGCGCATGA
 CTGATGCAC

>BR42, 996 Basen

ATGACTGATGCACCGACAGACATCACATTCCACTATCCACCAGAGCTGTTCAATCTACTGGTGGATGTCGTGCCGCTGCT
 CAATCGCTCGAAGCAGGATGTGCTGGTGTCTTCCGGGGCGCAGGAGTGCCTGACAACATGACTTCTGACATTGCCGCTC
 ACTTGAGGGCTGCACCGAAGGACGTCAACAAGTACCAGATGGTTTCGCACGGTGTGACCGCCTCAACGCAAAGGGGGAA
 CACGCTCTCCGTGAACGGCGGGAAGTACTGCGGGCGGTGGTGGACTTTGCGAACTTCGATTCGTGCTGGCCCCGCCACCA
 GCTCAAGGCCAAGGGCCTTGTGCTAGTATCCGCGAAGTTCGTTAACCAGAAAAGACGCTTTCACGCGCATGAACAATGCCC
 GCGAAGAAGAACGACAAGCTCGCCTCGCCGAGTGAAGCGGATCGCAGCAGAAAATCGCGAGCGCAGTTCCAGGATCGAG
 AATGCCAAGCAGGGTTTTGTATGCATTGTTTTGGCACCCCGCGACGGCGCAGGAACCGGGAAATGCTGGAAACGGCCCT
 CAATAATCTATTCCAAGCTACGGCGTTCTCATCCATAAAGCCTTCCACTTGGTTGGTGGAGGCTGGCGCAGGATTTGTCG
 AGCAGATTGATGGGTCATTGAACTCGGCGGTCTTCTGTAATTCGTTGAAATGAAGTGGTATCGCAATCCGGTGGGAAAA
 CCAGAGATTGCAGAGCATCTTGTACGTCATGTCGAGGGCCGAAGTTCGAGGTATCTTCATCTCTGCCAGTGATTACAC
 GGAACCTGCGATTACACGGTACGAGAGTTCTGCAACACAAAAGTTCTGGTTCTCTCGACGCTTCAGGAGGTCGTACGCC

TGCTTGAGCGACAGGACGACCTCACGGATTTTTTACAAAAAAGTCCAGGCAGCACAGATACAAAAACCCGTACTTC
TGCCCTCATGGTAACCAGGGACAAGGTGCGTCATGA

>BR43, 1008 Basen

GTGATGCCGCCGAGCAAAAGGCTACTGACCTACTCGCCAGGAGAGTGGGAGGGGTTGCTCGAGGAGTGGGCTTATTACTG
CCTCACGACGAAGTACGAACACGTTTACGCGCTTCTCAGGTGCTGGTGATATGGGTATCGACGTCGCTGGGTTTCGCTGACG
GAGAACGCCTTACAGGTATATGGGAAAACCTCCAGTGTAAAGCACTACGACCATGCCATCAGGCCAGCGATGTATGGACT
GAGTTCGGTAAGGTCATCTGGTACTCGTACAAAGGTGAATACGCGGCCCGCTCGCTACTATTTTGTTCGCGCTCGG
TGCTGGCACGTCGCTTAGCCGCCTATTCTCGAATGCAACGAAGTTACGCGAGGAACTGTTTGCGAACTGGGATAAGCATG
TGAAAGGTGCGATCACTAGCACGCAAGAAGTGTGCTGCTCGATGCGGAACTCCGGGCTATGTGGACACCTTCGACTTCTCC
ATCTTCGACGCCAAGACTGCGCTTTCAGCTTGTGATGATCATCGTGCCACACCGGTCCACACAGCGCTTTCGGTGGTGG
ACTGCCAACGCGGCCTGCATCCGAAAAACCTCCCCAGGAAGTGTGCTGTACCCGAGAGTGTGATGTGACGCAGTTGTTT
GCGCATAACAGCGAGCACAAAAACAATTGTGACTGACCCCTCGACCTTGTCCGTACCGAAGCTCAAGGATCATTTCCGC
CGTCAGCGCAAGCGTTTCTATGAGGCGGAGTGTGCTGCGCTTTCGACGCGACAGTGTACCGCCCGGCACATTCGAGTC
CTTGCTAGACGACATCCACGATGGCGTTATCGACACACATGACGGGAACCACCGCATGGCTACGAAAAAGTCTGCGCCG
TCACCAAGGCGGCCCGGACATGCAGATTACGGCAAACGCTCTCATCACTTGTACGAACCCCAAGACCGGGATGGGATC
TGCCATCAACTCGTGAATGAAGAGCGCCTTCGGTGGACACGATCATGA

>BR44, 507 Basen

GTGGACACGATCATGAGCCAAGAACATAAGCCGATCACCTTCAATGGCCCACTTGAGGCCGTTATTCGTGCGGTCTCGAT
TCTGGGTGCCGCCTATCCGCAAACCTACGACCTCCAGCGGCTTGTGCGCCCTTGACTACCTTCTTGTTCATACCGGCGATA
TCGACGGCCCCGACAATTTGCACCCACCGACACCAATGCACTCGGCTGAATTGCTCGTGCCGGAAATTTGATCGAGCAA
TCGCTGCTTCTAATGATGACCCGCGACCTTGTGGAGCGTGAAGTTACACCCGAGGGAATCAAGTATGGTGCAGGCGAGAA
TGCTGCGACGTTCTGTGCTCAGTATCTTCCAATATCTGCTGTCTCTAAAGGATCGCGCTGTATGGCTTGTGCAAACCA
TTGGTGACCTAACGGACGAACAGTTCAAAGGTATGATGCGCCGCTTCTTCGATAAATGGGTGCGAGGAATTCAGCGCGTC
GAGCAAAGCCTGGGAGGCGAAGCATGA

>BR45, 1878 Basen

ATGACGTCAGTAACTCCCGGCTTTCGCTTGGCTTCCCTCGGTTTTTTTCGGCCACAGAAGCCCGCCGCAACAGTGACCTT
CGGCGCCGGTCTCAACGTTATTTACGGCGCGTGAATACTGGAAAGTCTTTCATTGTGCAAGCCATCGACTTCATGCTCG
GTGGCAAACCCCTGCGAGATATCCCTGAGCGCGTCCGCTACGACCTCGTCTCTTGGGAATTGAGACCTTGTATGGG
AAGTCATTTACGCTCTGGCGCAGCGTGGATGGTGGTTTTCCGGCTCTACGAAGACTTGCACCAGACACCGCCGACGCC
CGACATCCCGTACCGCAACTTGACGAGAAGCAGCAGCGATAGGAACAGTGCGAATCTTCTCATTTCTGTGTAATCTAT
GTGGCCTTGAAGCAAGCGTGTCCGAAAAAACCTCCGGAACGAAACCATCAGCCTGAGCTTTCGCAACATTCGCGCGCTTG
ATGATCGTTCGATGAGACGGAGATCACACAACAAAGCTCTCCGCTCGTTGATGGCAATCCCACCGCCAATACGCCGAACCT
GGCGACGTTCAAGTTACTTCTAACCAGGAGCGGACGACTCCGCATTAGTCGCCAGTAATAAGAGTGAGCCGGAGGAGTTGT
CGCGTGAGGCGCAATTCATCTTCTCGATCAGCTTCTTACGACTATCGCGATCGGCTCAAAGAGTTGACCAAGAGTCCG
AAGGAGTTGGAGGAGCAGCTAGAGAAGATCGACACCTCGCTTACCAACAGGCGGCTCAGGTAACACCACGGAAGCTGA
ATTTACAGGAGGCTGCCGGGAAGCGGCGAGAAGTGCAGCAAGAACTGGAGGAAAGCCGAGAGCGGCGTGCAGAGGTCGGCG
CGATGCTTGAACGATTCAGACTGCTCGACAGACATTACGTGTCCGATATTGAAAGGTTGCGTGCATTTGAGGAAGCGGG
ACGCTGTTTAGCGTACTTGGCGCCGGGCATTGCCCTCTCTGCGGCGCAACCCCGATCATCATCGCGCCGATGCTGGGTG
CAATGGAGACACTGATGCCGTGCTTCAGGCTGCACGAATGGAGATCGCCAAGATCGAAGTTTTCGCGCTGAACTTGTAA
CGACTGTCAAAGCCTTGAGCGCGAAGGTGCCAACTTTGATCGCAGGATGCCTACTGTGGTTCGAGAGTTGGAGTCAATC
TCAGAGTCCGTTGAAGAATTGATCGCACCTAAGCTTTTCGACCTTTCGCAAGTCCATTCAGATTTTTCGCGACAAGCGGGC
CCAGGTGCGCGAAGCACTGGCACTCTACGCCACTGTGCAAGACATGGAGCGCCGTCGCGCCGACCTTGAAAAAGGCACCG
AAGAGGAGAAGGCTGGCGCGGTTGCAAACGCGAGACCTCTCAACCACGGTGACCCACAGTTTTCGCAAGACTGTGAGGGC
ATACTGACTGGTTGGCACTTCCCAGAGGCTGGGGATGTTTACTTCGATTCCAAGACTCGGGATCTTGTCAATTGCTGGAAA
GTCGCGTAGTGCTTTTGGTAAGGGCCTTCGCGCCATCACGCATGCAGCCTTACCCCTCGGACTGCTTGTCTTCTGTCTG
CTCCGACAGCCGCGACATGGGATTCGTGCTGCTGATTCTCCTTTGCTTGCATACCGAGAGCCAGACGGAGCGGAAGAT
GATTTGACTGGTACTGACCTTCAAGAACAGTTCTATGCATATCTTGAAGCGTTGCCTAGCGACACACAAGTCATCGTTGT
TGAGAACACGGATCCGCTGCTGCAATTATGCAGCGCAGCAGTCCCTTATGTTTCGGCAAGAACCCGATCATGACGCGT
ACGGATTGTTCCCTTATGCAACGGACTCCGCTCAATAA

>BR46, 750 Basen (revers komplementär)

TTACAGGTACTTCTTGAAGCTCCCTGCAGTCAGGCTCACGGCCAGTCCCAGCAAGGCCGCGCTCGGCAGCAGGATCAGCA
GCGGATGTACCGAGATCGGCAAGGCCAGGTACGTGACCCAGGGCAGCACGGCCAGCGGCATCAGACTGGCTTTTGTCTCGG
TGGTAGATAAAGCCGGATTTCGCGGCCCGCCCCGAACCGGCGTACATCGCGGCGCACCAAACCGTGCATCAAACCGATAAA
TGCCGCCGTGAAATCAGCGGCAGCGTGAGCGCCAGGACCAACAAGCGCACCAAAAAAGTGTGAGTGTGGTGAAGGCAGCGG
CGATCAGGTAGCTCTCGGTCCAGACATAGACCTGGCTGATGAAGTAACGGAAAGTTCCGCGCCTGTCTTGGCTGAGCGCA

CGGGCGCGCTCTGCGGTCTGGCTCATGCGCTCCAGCAGCCCTGATCGCACGAATACCCATTCATAACCGGTATCCACCAG
 CGCATGCGCCGTGCGCCCCGGCTCCTGCACGACCAAGCTGCGCGTGAAGTGTCTGGACAGGTGCCCCAACTCGTACTGCA
 ACATCTGCTGGGAGTGTGCTGCCAGCCCTGGTCTTTCCAGAACAGGTGCATGCCGACGCACTCCACGACGATCGAGAACAGC
 AGCGAGCCGATCAGCACCCCGAGCAGCCGGAACGGTGAAGTGGTGCAGGATCAGGCCCTGGCGGCGGTTCTGCTC
 GCGCTGCGCAGTGGCTGCGGCATCGCTCAT

>BR47, 2184 Basen (revers komplementär)

TCATGGCGCGGTCTCTTCGTTGGCCGTGCGCCCCGTGTCGGTGTGGGTGTGGCGTTGGCCGCCCTCATCGAGCAGGTCTGT
 CCGGCAAGGCCGCGTCTTGAAGACCGGGGAGCTGGTGAACCTCCACCCTGCGTCTGCTTCGCTGTAGCTCTGACGCATA
 TACCCTGCCAGTTGCTGCAAGTCCGCCGGCATCACCTCGTCCGGGTCCGGCGCCGGCAGTGGCATGCGCACTTTCCAAAG
 CTGACCGCCCTGCAGCAGCGGAAGCACTGGCCCTTGGGCAGGCCGACGACGTGCGATGGCTCGATCATCGGCACGCTGG
 ACATGCTGATGCGGTCTTGGGTGTTTCGACGTAAGTCTGTGCGCGCCGGAATGTCCGAGCTGTGGTTCGCGCCGCTGACG
 ATGGTGGCCGTATAGACCTCGACCTTCGGCAATTGCCGGGTGAGCAATTGAGCGGTAGCCGTCTCGCGCACGCGCAGCAT
 GAACAGGTTGTTGAAGTTGCCGATCACCTGACCGCCCTTCGCCCCGTTGCCGATGCGGGCTTCGATGTCCGAGAGGGTCT
 GCGTGTACGCGGTGACTTGCAGTCCAGCGCCGCCGCCCTTGTGATCAGCGGCACGAACCTCGTCCGCCATCAATTCGTTG
 AACTCGTCCGGCTGGACGTTGATCGGCACGCGGAGCCAGCCGATGCGCCCCGAGGCCGTCGTCGATCCCGTGCCTGTGTA
 GATGTGGCCTGCGACCGAAACCAGGTTCGGAGAACATGGAATTACCGACCGCTGCGGGCAGCTCGGGCTCGGCACGCGCAT
 CCAGGCCGACATAGACCACGGCGCGCTTTCCGGATCACCTGCATCCAATCGAAGATCGGGCGTGGGTTCGGCCAGGTCGGAG
 TAGTTCCGGGGCCAGAAGCTGGGCGATCTTCCCGCTGGTGGAGCTTCTCCAGCAGCGGCAGCAGCGATGCGACGATCTTGT
 GAAGTAGGTCTTGTCTGATGCTACTGCCGAGCGCAGGCCATCGAGCACCGGATCATAGTTGCGCGCCTGCGAGAGGTACT
 GCTCCAGCGCCACCACGCGCTTTTCGCGCCCGATCATGTTGCGCGGGATGTTCTTCTCGTTGAGCTTGGCCTCGATCTGG
 ACGATCACCTCCAGGCCCTTGGGCTCGGTCTTGGCGAAGTAGTGTGGGCGTACTCGATGAACAGCGCGTTCGATGTTGAT
 GAGTGGCGCTGGATCAGCATGTAGTCCGGGCGCTGGCCAGTTCCACCAGGGCGCGGGCGATGATGTTGACGAAGCGCC
 ACGCAAACCTCGCAAATGCCGCGCTGTTGCCTTCCCCGAGAGAGTGCCTGCAACACGGGTGGCCACCTCGTTCGATGCGC
 CCAAAGCGGCCACAGCGTTGTAGCGCGCGAAATGTGCGGCCAGCCCAAATGGAAGACATAGAACTCGCCCTCACGGCC
 CGCGCGTTTGGCCTCGACGTACACCCGCTTCAAAAAGATCGGCATCGCCCTTGGGGTCTATGACGATGACGACCTCGTGT
 CGCCGTGCGCGTTCTTTCGCGCAATGTCCTGGGTACGAACAACCTGGCCAAACCGCGTCTTGGCCACGCGCGTGGTGGCC
 AGCACCAGCGAATGCCCGACGCGCTCACCCAGCGGCAGGCTGACGTCCACCTCATCGGGTTTCGATGCCGTGCAGGCGCGG
 CAGGCCGCCACAGGGCGCAGCGGGCGCACCGGGTTGAAAGACACATCCAGCCCGTGAGCGCGGGCAGCCGAGACAGCG
 GGAACGGCGCGAACTCCAGCCGTTCTCCAGCCTGCGCGCCAGCCGGTAGGCCGGCGTCAACTCGACGTAGAGGCGAAAC
 TCCGGTTCGGTACGTCTGCATGAGCCGATGAGTGTGTTTCTGCTCCCACAGAAACCCGCGCCCCACGAATAGACGCTGCTG
 GCTGACCGGTACGTCTTGTGTTGATCATCACGTAGTGCGGCAAGCGGCGAATGTTGCGCCGTTAGCGCAGGATGACGCGGG
 CATCGCGGTAGCGGATGGCACCGTAGGCGCAGAACGCCAGCGCACTGCCGACGCCCATGGCCGGACTCAGCGCGAGCGAC
 CACGGGGCCACCAGGGACAGAAACGCGGGCGCCTGCACACGCCGCGACGGTATAGAACTCCACCCTGGGGCGAGCAAAC
 CTCGACCGGCTGTTTCCCCGACAT

>BR48, 549 Basen (revers komplementär)

TCATTGCTCGATGCCGGTGGCTGTGATCAGCACCGGGTAATGTGCGCAGAGCCAGGCGCTCGGCCAGCTCGTCACCGGCCA
 CAGGCGCGAGGGGTACGCCCGGCACCAGGGCGCGCAGCCGTGCCAGGCCCTGCACGGTCTCGAGGTTGACCACCAGGCCG
 ACCGCGCCGCGCTCGCGCAGCGAGGTAGCATGGCGGCGCAGCCAGGCTTGCGAAGCCTCATCGTCCCGATGACCACGAA
 AGGCCGAGGCCCGGTGCTTCGATCACCCGCGCGCAGCGGTGCCGGGCGTGGAGCTTGGCACTGCGCACCGGCAACATCG
 CGGCCTCGTCCATGGGCGTGGCGGGCACCGGGAGCATTGGGATGGGCGGTGGGGCCGACCATCGGCGCGCGGCTGAAGG
 TTCAGAGCCTCGTAGTACGGCAGCGCCGACGCGCCGACCGTCTTCGACCAGATCAGCGGCTCGCCGGCACGCGAGGC
 CAGCGGCAGAGCCGCCAGCAGCATGAGCAGACCCTTCAGCGTGAAGTTGCTCAGAGGGAGGTTTCGTCAT

>BR49, 606 Basen (revers komplementär)

TCATGGGGATGTCTCCAGGCGCGCAGCGAGGGCCGCGGTGGTTGGGTGCGTGCCCTGCACACGGGCAAGGTGGCGCGACA
 CGTCCCGCTGTAACGGGCGGACAGGTTCTCCGCCCGCAGGACGGTGGTAGCGACCGATTGCCAGCAACCAGTCTCGCCA
 GTGGTGTGCTGCTCTTTCCAGGATTTCCAGCGCGATGGAAGATTGCGGTACGGGTCGAGCAGGTCGCACGCGCTGGCGTA
 GCGCTGTTGGTGGTAGCCAGGTTGATCTGGCCAAGGCCCGCGTTCGATGCGCGTGTGGCGGCTGGCGCGCATCGCTGCT
 GCAAACCGGCGCAGGCGTCCGCGCGTGTGCGTAACGACGCGACTGGCCAGCGACGTTGAGCGACCACGGCCACGGGACG
 ATGCGTCCATTGCGTCCGATGCCGCTCTCTTGAAGGCTACGGCGTAGAGCACCGTTCGAGGGGATGCTTCGCGCGTGTGC
 GGCAAGCTGGTAAGCCGGTGGCGGAAGCTCCTGGGCATGGGCGGCGCAGGCGCACAGGCCCGCCACGAGCGCCAGTGC
 GCAAGCACTGCGAAACGGAGGTGGCCGTTACGGCTGGCGCTGCCAT

>BR50, 738 Basen (revers komplementär)

TTACGGCTGGCGCTGCCATTGGCCGTTACCTCGCGCACGACCGCCGGCAGGTCGCCGGGCAAGCTCAGCGACAGCCACC
 GCCCGCCATCATGGTTGAGCGTGTATGCCACCGCTGCGCACGCGCGCCGGATCGACGTTTCGACGCTTGGCCCCAGTCCGCG
 ATGCGCCTGTCTGCTTGGCGGCTGCCGACCATGTACAGGTGGAACCTCGGTGCCGGAGGATTGACAGGCGCTGCACAAGCTG

CCCGCAGGCCGCGCAGCCGTCTTTGACGAACACGGCCGTGCGGCCTGAACCGCGCAAGGGGTTGGCGCTTGTGCCGGCGC
 CGGGCTTGTTCGTAGGCAGGTTACGCGCTGCATGCCGGGATTTCAGGCCTGCCAGGCCTCGTCGTAGGCAGCGCTGGTAG
 GCAAGCAGCTTCTCGACACGGCGCGCCTCGATCTGCACCTGCAGTTTGGCGTAGCGGCCTTCATCGTCGGTGCAGCGC
 CTCGATGCCCAGGGCGGACAGCGGGTCCAGGTTGGGCGAGTAGATGCCAGCGGCCATCCATCAGTTCGCGATAGCGCG
 TCCACTCCTGCGGCTGCAGGCCCCAGTGCCTTGCACCCCTGTCCGGTCAAGGTGCGAGTGACCAGCGGACGCTCCTGGCTC
 TGGGCATTGCCGGCGGTGGCCGTGGCCGGCTGCTGCGCCAGGTGGGCAACTGGGCAGACGCGAGCAGAAGCGCGGAAAA
 GATGATGGCTGGCTTCAT

>BR51, 642 Basen (revers komplementär)

TCAAGGGATCGCCACGCGACGGGTCTGGTGCCTGGCCTGAAACACGGCGGTATTGCCCTCGACCGCCTGTAAGCGCCATG
 GGCCGAGCGAATCGCCGGGACGACACCTCAAGCTGGTGCAGCGTGAAGTCCCGTTGCTCGGCGCGACGGACAGGCTG
 CGCTGGCCGGCGGAAGTTCCGGCGCCACTATGCGGAACGGCAGTGGCAGCGGTTCCGGCTTGGCGTTGGCCCTGCGCGG
 TGTGCGCGGCTGAGCGGGTGTGCGGTGCGCGCAACGGTCTGGCGCGTCTTGATTTGCTCGACCTCCGTGCGCAGCGCCT
 GAAGGTCGTGAGCAGCGGCATAGCCGCTCAGCGTTGTCTCGACCTGGGCAGCGCGTGTCTCCAGGAGTTCGCGGGTGTCT
 TTAAGGTCGTGCCCGGTTGCGACGGTTGGACGCTGCTGGATGGCCTCAATGGCCTCGGCCAGACCTACCGCTGCGCTTC
 GAGACGTTGCAGGCGGGAATTAAGCAGCTCCTGGTGCACCTGCTCGTTACCGCCTGGTAGCCGAGAGCGACGAAAACGC
 TGAGGCCGATCAGCCAGAGCCACATCAGGCTCTGCAACATCATGGCGGTGATCGGGCGACGGGGAGACTGCGCGGCATTC
 AT

>BR52, 579 Basen (revers komplementär)

TCATGGCTGGCCTCCCGAAACCGAAGGCATCAGCGGAAACGTCTGCACCGCCTCGGCAGCAGGCGGTTTCGTGTGCGTGTCT
 CGGCGGTGCGACTGCCTCCAGCCTGCTCAAAGCAAATCTGCCGTGCCCGGTCATTTCGCGTGCAGTTCCAGGCCGGGCCA
 GCCAGGGTAAGCAGCGCATCGCGCAAGGTCATGGGGCCAAGATGCAGGTGCGCCCGGCAGCGGCAGCGCATAACAATC
 GGTACGGCGTGGGCCATCTCGCAAAGCTGGTAACCACTGCGTTTGGAGACATGCCGAGGCCATCGCCACCGTGGCAC
 GGGCATCCTCCGGCATGGACACATCGATGGTCTGCAACAGCAAGTACGCTGCGCTGCCGAGGGTGCCAGCTCAACCAGC
 GTGTAGCGCCATAGCGCACGACGGGAATGAACTCGGGTGCCTCGGGTTGGGGAACGGAGGCGATTTCTCTATGGCGTC
 TGGTGCCAGTGGCGGGTTCGTGGTGGCGCAGCCGCTGGCCAGGGCAGCGGCCAGGAGACCAGCGCCAGCAGCGCCGGG
 ATACATGGATGGCGGGCAT

>BR53, 2280 Basen (revers komplementär)

TCAGGCGGCGACCAGTTGTGCGGCCAGTGCACCTCGACGGAATCACCGTCTGGTTGAGCACATCCAGTCCGGATTTCGG
 GCACGTGCCCCGAGGTGGACTGCGAGACCATGATTTTCTTGGCCATCAGTTCAGGCAGGTCATCTGCGAGGAACCGGAG
 TAGCCAGGTAGATCAGCGCACAGGCTGCTTCTGCCCGATGCGCCAGGAGCGGCGTGTCTGCTGGAGCGAGTACAC
 GTTGTAGCCCCACTGCATGAACACGATCGTCGGAAGTCCAACAGGTCCAACCCCGTCTTGACCAATTCCGGATTGGTGA
 TGAGCACGTGATACCACGGTCCAAGTCTCCGCAATCCAGTCTTCGCGACGGCTGGCATCCACGCTTTCGCGCAGCACC
 GCCACCCGAAAACCTTCTGCTCCAGCAGCACCTTCAACCGGCTGGTTCGTGTGCGGTGTGCCGGTATAGACCGTGTAGGC
 CAGGACCTTTCGCGCCCTGGGCCTTCTTCTTCTTGCAGATCTCGATCAGCTCACGCTCCTTGGGGCTGATCTCGAACTCGT
 TGAAGTGCAGCCGGGACGAACGCCAAGGTGTTGCGTGTGCGCGGATGCACCACGGTTTCCGACCGGAAGCAGCAATCCGGC
 CAGGCCAGCAGCACGTTGAGCACACCCCCAGCAAGGTTCGTATCGCGTTCGCGCCAGAGCCTGTTTCAACTCCGCGGTTCAG
 CCGACCCGCCAGATCGCGGTAGGCCCGGGCTTTCGCGCGTTCATTGCGACCTCACGGAATCTTCGTATACGGCGGAA
 GCACGTTGCCCGGATGTCTCTGAGCTTCAGGAAGATCGTGAACGGCAGGATGCAGCGCAACACGCCCTTGGGGCCGAAG
 CCTGGGGCCTTTCACGTTCTGACACTGACTTTTCGTGCCTTTTCGCGGTCTTGTGCGCCGTGCCGGTGTTCGGAATAAAT
 GTCCTTTCAGGACACCGTGCATCGCGCATGAACGCCATCGCGGCCGAGGTCATGCTGCCGCTCGTGGTCCGGTGGTAGCCGT
 CTTTCGATCATCCGCCCGGGAAGGGCTCGGAACAGCAGGTAGAACAGATCGTCGCCGTAGCCGCCCATCAGCGTGCCGGTC
 AGCAGCAAGGTCTTGCAGCCTTTCGCTGCCAGCACGCCATGGCCTGGCCTTGGGCACTGCCACCGTTCTTGTACTCGTG
 GGCCTCGTTCGCGCATGAGCAGGTGCAACGTGCCTTTCGCGCAGGTAGCGTTTTCGTAAGTTCGGACGGCTGGTAGCCGCCCT
 CGCCAAAGCCAACTCCATATTGGCCATCGCGCGTTCATGCGCGTAGCCTGGCGGTTCGAAAACACCAGCTCGCCGTTG
 CCGTCCATGAGGTTGATGAACATCATGGATGTTGTGCGCCAGCATCGACGCCAGGAACCCGTCACCGAATCTTCGATCAG
 CTTCTGCGCGGTGACTGCCCCGATGGTTCGGGATGCGCTTCAAGGCTTTCAGCACGGCCGAGGACTGGTTCGCTGCCGGACA
 GGCTGCGCGGGCGGATCAGCGTCCACAGGGGCGCGCCCAATGGCTGCATCTTCGCGGTACTCCTCGGTTTCGAGCGCG
 ACCGGGTTGACCGGCTCGCCGTGAGGTGCGGTGATGACCGTCCGCGAGTCAGGGCACGCTGCCACGTCGCCATGGCGGGT
 GCGCCGCGTGGTGAAGACGGGCTTCCAGTGAATCCCATCCGCATCCGCACGCGCCCCAGGACAAAAGAACTCCTGGCCCCG
 TGGGCTGCACACCCAACTGCTCGCGCAGCTTTCGATGAGCTTTCAGCAGCGTTCGCGGGCGGTTGAGCACCCAGACCTTGGCG
 CCCGCCACCGTCTCCTGGATCTCACGCCGCCACTTGTAAACCAGGTGCGGGCGGCAAAAAGAACAGGTTGCGCGGTTAGCC
 TTCGGCGTTGAGCACGGCGGCGGATGCGATGCCGACGGTTCGTTTCGCGCAGCCATCTCGCCGTTGACGATCGCGGCGC
 GTTCGCCACGATCGATCAGCAGCTCGGCGGCGGCATGGACGACTTCGGCCTGGGCTGGAACAGCTTTCGCTTTCGAGGCTG
 GCGACGACGAATTGGCGATGCGCCTGCGGTTGGCCGGCATAGACCGCGGGTTCGCGCGGTTGAGGGAGTCGAGCAGTTTC
 GTCGCCGAACCTCGCCGACGAAATCCTGAAGGCTCAGGGTCAGAGGGGAAGATTCCGCATCGACCAGTTCGCCCTGTACGG
 GCGTTGCATCGTTGGCGGTGGTATCGAGATCGAGGGACAT

>BR54, 312 Basen (revers komplementär)

TCAGTACTCGTTGGGCAGCAACAGCGTGGTGACGCTGCGATCCCATTCCGGTGATGATCCAAATCTTCAGGCCGGGTGTGA
CCTGGTAAGAAGAAAACAGACGATCCTCGCCGGACTTCAGCGCGGCATCGTTCTGCCGCTGTCGCTGTCGTCGAGGTTCG
CCCCAATCGCCGCCGAGGTGGCGACGCGAGGTAGGGAGTCGGGTGAGCCGGCCCTGTCGGACCAGGTTCATCGACGCCGCA
GGTCATGACCACCTGGCCTGGCGAGAAGCGCAGGCTCGGTGTCTGGCTGATGGAAAAGTGTCTGGGCTGCCAT

>BR55, 1122 Basen (revers komplementär)

TCAGCGAATGGTCAACACCTCGCCCCGTGTCGGGGAATCAGGCGTCATGTCCCACGCGCGGATGACGGGAACAAACTTGT
CGGTGAGGATGCGCGTCTCGGCGATCGAGCCGTCTTCGCGCTCGGTGAATTTCCCGCTGGAGCGTCTTGTCTTGTGGGTA
TCACCTTTGACGACGAGCAGCGCCCCGTCTTGGATTGCACGACTCCCAGATCGCGCCTGCGGCCAGAGCCAGGGCGAG
ATGCCAGTGGGACAAGGCCCGCGCCGGTGGACGTAGCGTCTGCTGCGCGGCCCAACTGCGTATCCCAGCAGGCCAGA
GGCCTTGCAGTCTGCCAACCTCATCGGCGAAGTCTCCGGCTCCATCGTCACGCGGAAGAAAATGCCCGGCTCCGCCGGG
CTGGCGGGGACGATGTACGGCAGGAACGGCCATTGCTCGGCAGCTCCTCGGCTTCGATTTCGCCAAGCCCAATCTGCAG
CAACAGACTGCGCACGGCCTTGACGGCATCGGGTGTCTGCTCACGCTGACGCACCCGTCGCCGAAGATCACCACCTGCT
TGAAGTGCCTTCCACCGCTCGATAGATCCGCAGGTCCGGTGTAGTGGCGTGTGACCCAGCCGACCAGCTCGGCATCGAGC
ACGTAGCCGGGGACGATGAAGACCAGCACGCCGCCGTACTGCAACAGGGGCAGCGTGCCTGGTAGAACAGCTTTTCGAG
GCGGGCTCGGCCCTGACCTTGATAGCCAATGTTGCCGTTGACGTCTTGGACAGGTGCGCCATACGGCGGATTGAGCCAGA
GCAGACCGAAGGACTGCTTGGAGATCATCGTGTCCATCAGGTCCGCGTGCAGACAGTATCGACCAGACCACGGGCATGG
CGCGCCCGCTCTGCGTCGAACTCGACGGCGAACGCCCTTGGCATGCTCGCGCCCCAGGGCATGAGCCGCTTCAGCGATTGC
CACGCCCTTCGCCGGCGCAGGGATCGAGGATGCACATCGGCCATTGGATTAGAGTTACTGGGCATCAATGCGTTGAGCG
CTCTTCGAGCGTGGGTTTCGTCGGTCCGGGAAGTACCCGTTTTTTCACGAAATTCGGGGCGAGCCGCGGGAACATGAGAGCC
AT

>BR56, 651 Basen (revers komplementär)

TCAAGCCGCTACCGTTTTCCGGCGTCCAAATCTTGGCCGGATAGGGATAGGCGGTGAGCACGTCCTGCGGATCAGCGAGC
CGAGCGCCTGGGTGACGCGCCGGCACGTCGATGGCGAGCCGATGGCCACCAAAGGCCCGAGGGCGAACGGCAGGCGGGTC
AGCATCTCGCGGCTTTGCAGCAGTTCCAGCACGGTTTTCCGCCAGTGGTTCGAGCAATGGCAGTGGGCAGGTGTCCTGCAC
CAACGTCCACAGGCGGTCAAGCCGGTGGTTCGCTATCGCGGGGCGCAATGCCAGTGCCTGGCGTTGGCCTTGTGCGGGCT
TGACGCAGCGCCGATCGAACAGCCACACGTTGGACAGCGAACCGAACAGCGTTTCGCCGGTAGGCGCGGGTTCATGCGCTTT
TCCAGGCGATCGACGTTGCCGACGAACACCGGGACGCTGCCGCCCTGGTCCGGTGATGACGTGGAAGTCTCCAGGCCCTTG
CTCGTACGCCCGAGGGTCAGGCGAGCAAGGAACTGCTGGACGGCGGTGTCCCGCGCCAGATCGACAGGAAGATCAGAT
TGCCCTGGTTCATCGCCGACGCAAGCGTCCGGCCATCAGTCCGGGCATTCGTCGATGCGATACAGCGTGGTGGAGAAGGG
TTTGGCGGCAT

>BR57, 402 Basen (revers komplementär)

TCAGGCCGTCAGCGTCGTAGCCGGGGCTGCTTTGGGTATGCGCCTCTGCGCGTGGTAGGCGCGAACGCCTGCACGCCAGT
CGGCGGATTGCTCCGGTGCAGATCCAGATAGGACAGCGGGCACGAGTAGTAGTACGGGTGCATGGATTTCGTCAGCGGC
TTGTAGCCCCACTGGCCGCCGCTGCGTTGCAGCAGATCGCAGCGGATATAGCGCAGGGACTGACCTGGCGCGAGATCACG
ATGTACGCCGTCGGCTTTGGCCGTCACCTGCGTAACAGACCAGAGGACGTTGCCACGCAGTGCCTGGGCGATGACCTTCA
CGCTGGTGCCTCGGTCTCTTGGCGGTGTGATCAGTTCGCGATCAGTTCAGACCGCGATTGGGGGGAGAAAATACCAGCCC
AT

>BR58, 699 Basen (revers komplementär)

CTACGCGGGTTGCAGTTCCGGCCTGGCGGCTCCACTCTTGGCTCTTGAAGTCCAGCGCATAACCCAGTTTCGCTCAAGCGAG
CGATCTGCGCGCGCAGGGTCCGGCGGTTCGATGGTTCGAATCCAGTTTACCGGACTCATCCAGTGGCCACAGCAGGCCGAAC
AGCGCGGCATCGCCCTCTTCGGTACTGCCGGAGGCATGCCCGTAGCGGGCGTCGGCGCATCCACACCAAAGGGGGTGGT
ATCGACCAGCGGGTCTGCGGATGCCTGCACAGGTGCGGGCTTGGCGGGCCTGGACGATTTGGCTGGTTTGGCCGTTATTG
CCGGCGTTACCGCAGGCTGTGCGCCAGCTCTTCGTCAAGTGGATCGAGGTCCTGAGTGGCGAAGCTGCGTGCCCTCGTCA
CGGCTCAGTTTGTGATGTGCTAGAGCGTCATTCCGTCCAGACTGGCGCGGATTTCGAAAACGCATGCCACCACCGACCGG
GTAGGACTTCCGGGAAGATGTACCTGATGATGAATTTCCCGTTCGTAATTGCTTCCAGCTCCGGGTCCCT
TGACCTCGAACGTACCGAGGTGCGTGGCGAGGCGACCGACGTTGAAGGGGCGGTTCTTTCGCCGGAATGGTGCAGCGGTG
AGTTGGCCGGGGACGACAATGGGCGAAACCGATTTATCGGATGCCGATGTGGCTGCCAT

>BR59, 915 Basen (revers komplementär)

TCAGAACGAAGCAGCCAATGCCGGCTCCTGCTTCTCCACTTACCTTCCGGGCTCGCGCTCGGCGGGCTCGGCAGGCTGAT
CGGCAGCGGGGCCGGCGTCTCGGCTTCGGACCGGATGCGTCTGGGCTGGCGGCGTCTCGGCTTGCAGCGGGCTCGTC
GGATAGACCTTGGTGCCTGATCTTGCATCAGGCCGATGTGGATCAGCGTCGATTCAGGCTTGCAGCGGGTTCGCCAGC
CGGTTACCCCTTGGTGCAGGATGTACGGATCGATCTTCATGTGCTTGGACGGAAGGCGATCAGCACCTTGCAGTCCCTT

CGATGGCCTGCACGCACCGGGCGAACCCAGATGCTCGGCTTCAGGGGTGGTAACGATGGTGTGCGAAGTACCGATACTCCGGT
 TCATCGACAGGCCCGGCCAGCGCGGGCAGCGGTGCAAGAGAGGAACGGGTTCGCCATCTTTGGGCGTGACGTCCTTCGGACG
 GCTGAGGTAGCCGATGCCGCGGGTATCAGCTCGTGATGCCTGATCGAAGCCAGTTCGGCTCGGTCAAGTGGCTCGGCCT
 TGAGCAGTCGCGCCTTGAGGGACGCGGGCGGCTTGGCCTTTCTGCTCGCCCTTGTGCGGGATGTACGCATCGCCCCACAGG
 TCGCCGAGGCGAAAGCGCACCCAGCGGGCGGCTGCTTGGGATCGTCAACGCCGATGCAGCGCTCGACCAGCTTCTTGGCCTC
 GGCACCCGAGACCTTGACGTCGAAATAGCGATAGCTGGGGTCTTTGCGGAACCGACCAGCGCGGGCGATGGTGCATGCCA
 GAAAAGGCTGCGCACGGCGGGCCGCCCGAACAGGCACTTACGGACACGCTGGATGTAACCGATGCCCCAGGTGTGGAGG
 TCGAAATACGATTTCTCGTTGGACGTGGTGTCTCAT

>BR60, 813 Basen (revers komplementär)

TCACGCAGGTACAGCGCGGCGCCGTCGGGACGTCTCCGCGCCGATCACGCTCACATCGATCAGACGCCAGCGTCCGTCGT
 CGATGAGCCGCTCCAGCACTTCGCCGAGCATGTGCAAGTACACCTCGTCGTGCCGATCGACCAACTCGCCGTCGCGGGCGC
 AGCTCCACCGCATAGGTATCGCTGCCGCGCTGGTAGAGGATCGTCACCTGGCCGGCGAACTTCGCGGTGCGAAACCGTGAA
 ACTGATCGCCGGGGGCGTTTCGATGATCCTGGACGGCTTCGGATCGACCCAGGTGAAGTGTGGGGCGCCGCATCGACCA
 GCATGTGGGTGATGCGCCGGAACCCGTCGGGGCGCCGGCATTTCCTCCAACCTGCTCGATGAGCTGACCCAGTTCGAAGCAC
 TGCCGCTCGGGAATGGGCAGCTTGGCCGGCGCGGAGCCGAGGATGTGTGTCTTGACGGTGTAGGGAGTGCCTCGGACAT
 CATCTCGGTGCGCTCTTCTGGCGTGTCCGCACGCAGGCCGTCGAAACGGCGACGGGCATAGGGTTGGACATGCACCTTGG
 TGCCCTCGCTGGGAACGGTGGTACCAGGCTGGGATCGAGTACCGCGAACTCGCTGGGCTTGAGCTTGACGACGATGGCG
 TCTTCGCTGGCTGCTACCACCTTGCCGTCGAAAGGCTGGGGATCAATGACGAAGCCAGTGTGAGGACTGTGGTTGATC
 ATCGAACACGCGATACTTGAACGACCGCACGTTGCGCGGCACATGGCCTGCGACCAGCGAAGGCATCAGGGTCTTGATGA
 GAGAGCGATCCAT

>BR61, 279 Basen (revers komplementär)

TCAGGCTTGGTACACGAAGTAGTGTTGCGGCTGACGTGGAAAGAACACGTGCTTCCACGTGTCGCCCGGGTGTGGCCAC
 CGTCGAAAACGACCATTTTCGTAGTCGTCAATGTGCGGTGTCGGCCAGATCGGCGCTGGCGATATGGCGCATGTGCAGCGTG
 CCACTCAAGCGCTCGAATACCAAGATCTGGCCGATGGCGTCTGCTGGCCATGGCGTTGACGCAGGCTCCAAGCTGATG
 CTCGAAGTCGCGTGCGGGCGAGATGAGGTTCGGGAAACAT

>BR62, 738 Basen (revers komplementär)

CTAGGACTCGGCCAGCGGCAAGCCCGGCAACACGGGCGCGTTCGGCGTCGAGGATGAGGATGCGCACATCGGCCTGGCCAG
 CCAGTTCAGGATGTTTCGCGAGGTCGTCTGGCATGCCCTTGCTGCGGTGCTCCTGCCGAAGCTGCTCGGCGGTGATGCCA
 TCGGCGTGTCTCCAGGTTCTGGTCCGTCAGGGCGTTGAGATCAGCTTGACGCGGATCGCCGGGCTGTACGGAACCCGAAA
 GCGGATGAACAAAAGGCTCCGGCGTGGCGAGGTCGCCAGATTGGCGAGGTAAGTGGCCGCTTCCCTGGCTGATGTGGC
 CGCTGCTGATTTCCAGCAGCGGCTGTAGTAGCCGCTTCGAAACTCAGGCGCTGCACGATTTCCCGCGCGGCTTCGACC
 GAATAGCTGTACCCGACGTGGATCAGGCGACCGTTCGAAAGTCTTCGCCATGAATGGCATAGACCACGGCACCGATCACGCC
 TTCGCCGTTAACGCCCTCATCGGCATCGCATTCGGCCAGCACCTCGGCGCTTATAGGTTTCAGAGCCGTTTCGTGACCACCG
 CGAAATCGCTGGTGACGATGCAGGAAGATGAAATCAGTTCTGGTTCGGAAAGATGTTGCTGGCTCGGGTGGATATTTTCGC
 CAGACATGCGGGCTTCCGTCCTCGTAGCTGATGGACAGCGTGCAGGACGATTTTCAAGTTCAGTAGCCGCGAACAAAGGG
 ATTGGGATTCTGAGACAT

>BR63, 393 Basen (revers komplementär)

TCACCAGCCGCTGTAGTTACCATCAAGTTCGGCGATGACCTTTCGGCGTTCGAGATCGAGGCCGTCGAAGTCCGACAGCC
 CGTCGAAGTGGCAGCGCTTGAGCATGGCACCGCCCTCGCGCGGTTGTAGAAGCTGACCATGGCGGACAGGAACATGCGT
 TCGCCGCTGCTCAGGACGCGGAGGGCATCATTGAGCAGCAGCATGTTGGGACGAGATCCCACTTGCTCTTGGCCTGGTT
 CAGACCTTACGGGTGCCGTGCGCGAACCACTCGGGACCAGCAATCTCGGCACCACGCTTCCAGGCTTCGAAGAAGGCTT
 GGGGCGCGGACGCAATGCTGCTCTTCCCGCATGATCTGATCGACGACGTCCTGCGGCAGCAGTTGATTCAT

>BR64, 213 Basen (revers komplementär)

TCAGGGAATGGCGAGCTGGGACCAGCCGCTCTTTTCAGAGGCACGTTGAGCCCGCATGGCTGCGGAAGTATTCGTGCG
 ATTCCCAGCAACCGGACCTTCGGTATCGCGCGTCCGATGTAGTGGCCGGCGGCGCTTTCAGGACTTCGAGCGGCAGG
 AACTTGCAGCAATAGGTCAAGGCCAACTGGCCGAAAGAGGCTTTGTGGACAT

>BR65, 246 Basen (revers komplementär)

TCACTCGGGCGTTTCGCCCAGGACATACTGCTTCCACAGGGCGAATGCCTCGTCCTGTCCAGTTCGGCCAGGACCACAA
 TGGGTTGCGCCTGCCGCGCACGCAGCGAAGCGAAATACGCCTTACGGTCGGCGATGGACTTGAGATTGATGCCATCGATA
 AACAGCAGCTTGCCACCCTTGATGAACAGCACCTTGTGGCAAGGTCGCGCTCGAACCGGCTCGTACTTCTCCGGTTG
 TTGCAT

>BR66, 2013 Basen (revers komplementär)

TCAGGCGCCTTTGCGGCTGCTGCTACGCGAGCGGAAGCGCCACGCTTGGGCGGACCGGATTCGACCGGCAGCGTGCCAT
 TGCAGTCAGGGTAGCGACTGCACGACCAGAATGGACCGCTCTTGCCGGTGCCTTGGCGCGTCGGTGCGCCGACTGCGGG
 CATGCTGGCCCATGGGGAAGCTTGATGGACAGGGACATGCTGCCGTACTGCGCGATCAACTGCGAAATCCAGGTGGTCTG
 CTTGCTGAGGAATACGTCCAGGGTGAGCTGTCCGGCCTCGATCATGTGCGAGCGCCTGCTCCACACCGCTGTGGTGCCGG
 GGTCTGCAATCGCTGCGGGCACGGCGTCGATCAGCGTGAACGCCGCATCCGATGCGCGAATGGAGCGGCCCTTCTTACG
 ATGTAGCCACGGGCGATCAGCACGCTGATGATGTTGGCCCCGCTGCGCTCGGTGCCGATGCCCGTTGTGTCTTTGAGCTT
 CTGTTTTAGACGCGGGTTCGGTTACGAAACGCGCAACGCCCTTCATCGATTTGACCAGTTTCGCCCTGGGTATAGGGCTTGG
 GCGGCATCGTCTTGAGCGCCTTGATCTCGACCTCGGCCACCTGGCACGCCAGGCCCTCACGCAGCGGGGGCAGCACCTGG
 CTGCGCGCTGCGGGCTGCGCCGCTCATCCGCTTGCGGCTCGGCCAGCACAAACGCCAACCCCTTGATGACCACCTGTTT
 ACCGGTGGCCGCCAGCATCTGCTGCCCCGAGGAAAACCTAGCCACGGTACGGTCGAACTCGTGGTGCGGTAGGAACTGCC
 CCAGGTAATGCGCCCGGATCAGCCGGTACACCGCCAGTTCCCTTCTCGCTCAGAGCAGAGAGGTTTCGCGGGTTCGAGCGTC
 GGAATGATGCCATGGTGCGCCGTGACCTTGCCGCTGTTCCAGGCGCGCAACGCTGGGAGCGGTGAGCTGACCATGAT
 CGGGCGCAGCGACGGGTTCGGTCTTGAGCAGGCTGTCCAGGACGGCGGGCACCTCGGCAACATGCTTTTCGGGCAGGTAGC
 CGGAGTCCGAGCGTGGGTAGGTCGTGGCCTTGTAGGTTTCGTACAGCGCCTGGGCGATCTCCAGCGTTTCTGTACGTCC
 AGCCCGAGCTGCCTGGAACAGACCTCCTGAAGCGCCCCAGATCGAACAGCAGCGGGCGGGCCTTCGCGCACGCGCTCGGT
 CTCGATCGATAACCACCTGGACGCTGCCCCGAGCGCAATCTGCTGCGCCGCTGCTGGGCGACCGGCTGTTGCAGGCAAC
 GACCGGCGTTCGCTCGGTGCAGCCATCGGGCGCAACCCACAGCGCGGCGAAAGCCTGACCCTTACGGACAGAGACACGTGC
 ATGCCCCAGAACGGCACCGACTTGAAAGCCGCGATTTTCGCGGTGCGGGTCCACGACCAGCTTCAGGGTTCGGGGTCTGGAC
 ACGTCCGACCGACAGCACGCCGTCGTAGCCTGCTTGCCGCCGAGCACAGTGAAGAGTTCGGTTCAGGTTTCATGCCGACGA
 GCCAGTCTGCCCCGCAACCGCCAGCGCCGAGTAATACATCGGCAGCGTATCGGACGACCGTTCGCAGCTTGCAGCGCGG
 GTGGGATCGACGCATCGTTGAGTGCCGATAGCCACAAACGCTCGATGGGACCACGGTAGCCGACAGTTCGATGATCTC
 GCGGGCAATCAGCTCGCCCTCGCGGTTCGGCATCGGTGGCGATGACGAGATGGGTTCGCCCTTCGCCAGAAGCGCCCTTACGA
 CCTTGAATTGCGTGGCGGTCTTCGGTTTTGACCTCGACCCGCCACTGCTGGGGAATGATGGGCAACTGCTCCAGCGACCAG
 CGCTTGAGCGCCGCTCATAGACCTCGGGGGCTGCCGCTTCTACGAGATGGCCGATGCACCAGGTGACGGTGACGCCGGA
 GCCGTTGAGGCAGCCTTACCACGCTGCGTTCGCGCCGAGAATCCGGCCAATATCCTTGCCCTGGGAGGGCTTCTCGCACA
 AGAACAGCCGCAT

>BR67, 444 Basen (revers komplementär)

TCACTTCTGCGCTTGACCTCCTTCGGCGCAGTCGGTTCCTGGGCTGCTTGGGGCTTCGGCTGCGCGTCCGCGCGGTTT
 TGGGGCTGAGGGTACGGACTCGACGCGGAACGGCAGGATGCCGACGCTGCGTGCCTTGATCTGCCAGGTCTCGCGCGGC
 TGATCTTTCGTTGTCCGTCCAGGGTTCGCGCTCCATGCGGCCGACGACCAGCACGCGCATGCCTTTCTGGTACAGATCCTT
 CCAGTGCAGCGACGTACGGTGCAGATTTCCACCGGTGCCCAGAAGCCCGCGATCCTCGAAGTGCAGCGCTTTGGTGG
 GAACGGGGTTGTGCAATACACGTTTCAGCCGAGTAAGCGCCGCGCTCGTGCCTTGGGGAATCCCGGTACTCG
 GCGGGGAGCCAATGTTGCCTTCGCCCCAAAAGTGCCTGCTCAT

>BR68, 528 Basen (revers komplementär)

TCACCGGTACGCATTCCAGATGGGATGGACTTGAGCCTGCGCAGGTAGGCGTCTTCCGCTCGGCCGCTTGTGGCGC
 ATTCCTGTGCCTGCCTGCCCAGGGTGTGCAGCAGACTGATCTGCATGTTCAACGTGATGCGCTGAAGTTCGATCGCGTGC
 AGCTCGGCCAGCAGATTGACCGGCGTGCCTGCTCGCCATCAATTCCTCCCACAGGGCCACACCCATGGCTGAGCGGTC
 GTGTTTGCGCCAGCGCAAAAACGCCGTGCCTGCGCCAGTGGTTTTGCTGGACCAACTCCACGGGCAGCAGGTGGAAGGGAT
 GCCGACTGCCTGTTGCAGCACCTGCCGCTGCGTCAAGCCAATCAACTCGTGCAGCATGGCGAAGCACTGGCTGGCCAG
 GCCTCAAGATCCCCCTTACCCTTAAAAGGCTTCAAAGGCCTTTTAGAGAGGCGAGCGTGTTCAGCTTCATGAAGGCTGC
 CTGTTGAGGCCCAGGAAGTAGCGGGTTCGCGGTTTCGGATCGCTCAT

>BR69, 801 Basen (revers komplementär)

TCATGCCTGCTCGCCCTCGATCTCGCCGGCCTGACTTCGGGTGCTGTGTGCTAGTGGCCAGCTCGTCCGGTGGCGGCCCTCGT
 CGTTGGGGGCGGGCGCTGCAGCAGGACTCTCGGCACGCTGTTGCAGGCCACGGCGCACGATGGGCGGGCGAACTTCGAG
 CGGCGCGTGCCTTCCAGCACGTCTGCGGCAGTTCGCCGAATTTCTCCAGCGCCCGCCGAGCTGCGGCGTCTTTGATAC
 GAAATCGTGCAGCGTACAGCCCGAATAGCGGTATTGCTGGGCCAGCGAGAACAGGCTGCGCAGTGCATGGGCGCCCTCGT
 TGAGCCAACGCTCCAAGGTGCTGCGGTGATGAGTGCCGTGTGGTGGGCGAGGATCAGTTTTCGGGGCGATGTCGTCGTAT
 TCGGCCAGCAGATAGACGGCGGCAAAGCCGAGCTGCGCATTGACGAACAGCGGCAACTTGACGGGTGAACGTTGAGGTT
 TTCGCCAGGCTGAGTGCCGGCGGCACGCTCGCCAGTGCCTGATCCACCTGCTCGCGCAGCGATTGCAGCGTGGTCTTGG
 TCTGGTTCGAGCTTGACCTCGATGCGCAGCATCCACCAATCCGAGTACGGGTTCGCTCCTGTTCCGAACCGCGCCGATCTTG
 TTCATTTGGGCGATGTAGCCGTTTCAGGCCAACGATGCCCGGTGCCCCCTCGGCGGGCGGCCCGCCATGCCAGATGCGCGA
 AGCGTGGTGCCTGTGAAGCGTTCAGCGACATCGCGCTGCGCAGGGAGCCGAGATTCAGTTGCAGTGGTTCATTGGTTGCCA
 T

>BR70, 1245 Basen (revers komplementär)

TCACTTGCTGGCGAGCAGGTCTCGCAGCCGCTCGATGTGCTGCCTGGCGACTTCTGGTGGTACCGGCTTACCCTGCGTTT
 GGACCGACGATGTGGGTGGTGGCCGTTTCGTTTTGGCGGAGCGGGTGCCTGGTGGCGGGTCTTTCTTGGCCAGGCATTGAAC
 TCGCCGTGGATGGCTCGCTGGATGATGCCGAATAGATACCCAGCGGGATTGCGGATGCCGTGGTTGCTACAACGCGCGGC
 CCATTTCGTCCAGCACATCCTGCCTCAGCGAGGCATCAACCTGCTGCAATGCCACCTTGGCACCCGCTGCTGTTCCGCCT
 TCAGTTGCGCAAAGCGCTTGGGCCATTGCAGATCGTCCAGCGCGCGCCTGCGCAGTAGTACGTATTTTCATTAATACAA
 CTACTACGTACTGTACGGGCCTGCTTCGGATTCCGAAGAGAGACGTCTGGCGCGGGTTTCGGCTCTGCTTCGGAATCCGT
 AGAGGGGCGTTCCGCATTCCGAAGAAAGCTCGGAACCCCTTCTTCGGAATCGTGACTGGCGTCTTCTGTGGATAACTAT
 CGTGGCCGTAAGTCTGGTTGGCGAGACGTTCCGCCATCACCTGCAACCGTGACGGGAGGGTGGCTCCGGCCAGCAAT
 GGGTCTTACCATTTCCTTGAGCGTGTGCAGGCCACGATCTGCACGGCCTTGGCAGAATGGCCGAGCGCCTGGCTGAC
 GAGTTGCAGGTAGTCGGGGTCGAGCTGCATGGCCTCGAACGGTGTGAGGGACTCGTCGTGCAGCACGTACAGATTGCCGA
 GGATGCGGGCCGGTCTTGGGGTCACGCCGTGCTGAACCAGGCTCAGCCAGCGGGTCAGGCGCATCAGTGTACGCGCCCGT
 GCTACGGTTTTCATGCGAGGCTTGGCCCGCGAGGGCATGGACGCCAGCCAGGGCCGCAACTGCTCGTAGGTGGGAAATGC
 AGTCACGCCATCGTCTGTGAGCATCAGCCGGAACACTTGCAGGCGTTTCGTTCCAGCGGTGTCAAGCGGCGGTCAAGGA
 ACAACTTGCCTGGCACCGTCTCGTGCCTGGTGGCCACTGAACAGAAAAGCATCGCCGGAGGTGGGCGTGGGCGACTGTGCA
 GGTGTAGACGCAGGTGCGCTGGGGGCGGGCTTGGGGCAAGGTCTTTCAGCGCAGCATCGAACAGTTCTGCCAGTGGCAT
 GGGACCTTGGCGTCGGACTCGTGATGCGGGTTCGTCCATGGCCAT

>BR71, 561 Basen (revers komplementär)

TCAAGCCAATCCCTGATCGACCCAGCCTTTGATCGAGGGCCAGACCACCGACAGAGGCAGCGACATGCCTTCGGCCAAGT
 CCATGGCGGCATCGAGGATGGAGGTTTCGTCTTCGAGATCGACGGTTCGTGTGGTTCACGGCCTTCCATCGCCGCCAC
 AGCTCCGTGTCTCTCCTCGTCCAGCACGGGTCGCCCCCTTGCCTTGGCGAGACCGAGGATTTACGGCGAAGCGC
 TACTTCTGATCGTCAAGCCATAGAACTTGTGACCATCTCGGTCTCGCCAGTCTGAGCATGCGATGCGATGCGATGCG
 CGATTTCTTCTCCACGTCTTGTGCTGCTGGAGCAGCCGCCGAGCACTTCGCGGTTGACCGTCACTGAGCACCACGAG
 ACGTTGGCGTTGGCCAGCACGCTGATTAGCGCGGGATGCTTGGAGGGCTCCAGCTCTGCCCGCCAAACCCCATTAGTTT
 GCAGCGGCGAGTTGCCATTGCGCAGGTCATAGAGGGCTGGGCAATGACAGCCTGGTTGAGTGGGTGTGCTGTGGACA
 T

>BR72, 1629 Basen (revers komplementär)

TCAGGTTCCAGAGTCCGCAGCGCCGGCTTCGAGATCGAGCAGGCGGGCCAGTCGCAGCAGGCGGAACAGCTTGACCA
 GCGCGGCGTTCGCTCAATCGTTCGGGTTACGTACCCCTGGCCGTGCAGCAGCGCTGGCAGGTCGATGACGAGTTGCCCGTTG
 TCCAGACCGACGTCGGCGGGCTGCTGACCGGCCAGGCAAGCCAACAACGCATGGACGGCACGGCCCAGCGGCGTGGGTT
 GGTGGTGCGAACACGGCAGGCGAAGCCGATGCCGTTCGGGCGGTTCATCGATGCACTCGCCAGGTTACCTCGACCCGAA
 TCTCGCGGGCAAACCTGCGCGACGTGGATGCGCAGGTGTTTCGGGTGTGTCCAGGCCGGGGCGATGTACCAGACATCCGAG
 ATCGGATAGAGCCCGCCAGCCTGCACCCGGATGGACTGCAAGACATTCGCCGAGAAGTCGTGCGGCAGTGCATCGCCAA
 CTGGTTGGCGACCATGCGCTGGATGAACTCAAGCCGTTTCGGTTGTCGGCGCCGGGAGACAATGTGCTTCTGAAGCAGGT
 CGCATCTGCCCGCCGACTGACCGCGCCGAATGACTGTTCATCCGCGTTCGCTCTCGCCCGTTCGAGGGCGTTGCCGTGCGC
 CTCGTGGCAGGTGGCGCGGTATTGGCAGGTGGGCGCGCATGGCCTCTGGCTCTGGCAAGGCAGGCGGTGTCGAGGGCGG
 CGTCCGCTCGCTGACCAAGGCACGCTGGCGGCTCTCGGATTTCGGTTCATGTCCAGAGCGAGCACGTCGTAATCGACGTTCA
 GCAATTCGGTTCATCTGGCCGATCAGCTCGTCTGTACGCGCTGCGCAGAGAACTCGTCAGCCTGGACATCGAATTCGCGAC
 AGCACTTCTGAAAGAACTCGTCAAGTCTGAACCAGTGAGCGGCCTTTGGCGTAGTGCTCCAGGTGCGCTCGCAGGC
 CTTGCGCATGACCGACAACCGCTCGACCTGGTGAACCGCCAGGCCGGCTAGAGCACGGTTCGGGATTGCGGGCAGCAGGT
 AGCGTACCAGCGTTCGGCCATCCGGCTGATGTGCGACTGCTGCACGGGGTATCCGTTCGGCGGCCAGGCGGCGGGCCAGCTCG
 GACTGGCTCAGGTTGGAGCCGCTTTCCAGTTTCGTAGAACTCGCGCGCTTCTCGACGCCAAAGCGCGCTCGATGAAGGT
 GAGGCCACCGCGAGTTTCGTTTTCCGCAAGATGCCCGGTGAGCGCGACGATCTCGCCACGCTCGGGCCATGGGCGGAACA
 GGCATGAGACCCGAAAAAACGTTTCGTCCCTGGTCTCCGACCAAAGTTCGCGCAGGATTGCCAGTTCGCGTGTGCCGCCA
 TTGCGGATGATGTAGTGATCGTTCGCCGGGCCCGGGGTGATGGCCGGAGCCGCTCCAGGCCACGTTTCGCGGATGGATGC
 CTTGATTTCTCGTACACCGGATTGCGCTTCTTGGCGGGTTCGTGGTTCGTAGGGGCGCAATTGGTTCGAGCGTACAGACCA
 TGGGCGTGTGGCGATCGGGTTCGCTCAAGGTGCTTGTGACGGGCGGCTGCGCTCGAACCCGGACGCAAGCAGTTTGGCC
 GCCATCTGCTGGGAGGTGATCTCAGTCAT

>BR73, 876 Basen (revers komplementär)

TCATGTGCGTTGGCCATGGGGCCTCCTGGTATCAAGAGGCTGTGGCGGACGGCCGGACACTGCGGTAATCGATCCTGCC
 ACTGTGGGAGCAATTGCCCGCAAGATCGCGCATGGTGGCGAGCGCGGGGAGCGACTCTGCCCACTGGCTGACGGTAC
 TCGAGCCGATGCACCGGCAGGCCGCGCGTTCGCGGCACGCGGATAAGCCTCAATGGCCGGCACGTCGGTAGCCAACACACG
 GATGTGCGCATGGTTCTGGAACAGATCGCGCAGCGCCTGCTGGATCAGGCGGGCGTTGGCGGACACCGGATGGACGCGGT
 TGATGAGCAGGTGCAGCTGCGGTGGCTCGATGCCAGCTGCCGGTACGGTGCATGCTCTCCAGCAACTGCATGGTGGCC
 CGCCGCAGCTCGCGGGCGGCGAGAATTTCTGGGGTACGGGTGACAGTGCAGGTCGGAGGCCAGCACCGCCATCTCCAG
 CAGCACCGAGCGCGCCCTGGGTGTGATCAGCACCAGGTGCTAGAGGGGATTGAGCGCCGGAAGCAGATGCCCGAGCC
 GCAAGCGCCCGTCCGGCGCGTGCAGCAGCAAAGTGTTCAGTTCCGCTCGGTGGTTCGTTGGAGAGACCAAGTCCAGGCC

GCGATGATCGTGCGGGACACAAGCTGGTTCGAGGTCGCGCTCGTTGAAGGCCAGCAATTCATAGATGCCGCCCAGCGCGCG
 GTGAGCCAGCTCATAGTATGAGGACAAGGTGGGCTGCACATCGAGGTCGAGCAACAACACGCGCAGTCCGGCGTCCGCAG
 CGAGACCGCCGAGGTTTCGAGCGGTTGGTGGTCTTGCCGACCCACCTTTGGTTGAAATGATGGATACGACCTGCAT

>BR74, 213 Basen (revers komplementär)

TCAGGCCCCGCTGTTGACGCGCTCGTCGATCCACTGATCGATTTTCGATAGAGTCCCAGCCCACAGCGCGACGCCAGAC
 GCAGCGCTGCGGGAACCTGGCGCTTCTTCATCAGGTTGTAGATGTGGGCGCGTTTGAAACCGGATTTTCGCTTCGACTTCT
 TCCAGGCGCAGGATGCGGCGCTCGTTTGGCTGCAGTACAGATGTTTTCGCGACAT

>BR75, 756 Basen (revers komplementär)

TCAGCGGGAGGCGCTACGCAGCCGGCGCCTGGCGGTGGCGAACTTACCCTTCAATGTCCGCTCCGCGATGCCCATGGCGC
 CGCTGTGATGGGCGACCAGCGCGCTGACCACGGCCTCCTGCGTCTTGAAGCTGGAGTACGGCGTGCCCCGATGGCGACTGG
 CCGAGCATCAGCTCCAACAGGCCGCAACGATGTTTACAGGTAGGTGGCCTCGGCTCGATCACTGATCGGAGACTGCGCGCA
 TGCCGGAATCACCGTGGGCTGCTTGTAGCAGCGCGTCATGCTTGTCTGCAACTCGCGAAGCTGACGTTTGGTCTGTTCCA
 GGACGGATTTCAAAGCCTGGCGTTCGACCAGCATGGCTTGCCTGTTTCCAGAGAGATGAAGGGATGGGTGATGCGCTCG
 CTGCGGGAGAAGAGAAAGCCGGGCGCTGCTCGGGGTAGTGTGGCGCATCCAGCACTTCAGATCGACATGGCGTACCCT
 CAGATCAGGCGATTCAATCAACGCGGTGTGCGCGCTCGTGATGCCGTGCTGCCGGAAGGGCAGTTCCTCGTTGAGGATGC
 CGTCATAGATGCGGTCGGTGTACAGCCGCGAGTTCGCCCAAACGTGGACAGTCCAGCGACTGCGGCAGATTCATCGGCGAC
 GAGACCGAAGCCAGGATCGCCTGCTCGTATCGCAGCATCCGGCCACGCGGATGGACGCTTCGAGCGGGCGGTAGAACAC
 CTTTGATGTTGGTGCATCATTTTTTGTTCCTCGTGCAT

>BR76, 1929 Basen (revers komplementär)

TCAACGGGCGACCAGATCTTCGGGCGTATCAACCAACATTGCCGTTTTTACCAGGCGCTCTGCAGTCTGCCTGGCCAGCA
 CCGGAGATACTTCCGATTGCTCTGCAAGCTCATCGGTTTCTATGGCATGTGCGGCGACCAGTCGAGCTGCAAGATGCAGG
 TTGGTCCGATCGACTGCCTCGATGACTGGACACTTGCACAGGGCATCGTATGGCCCGCAGCAGTCGCTGATAGATGTGCCA
 GGTGTGATGCCGCGCGGACCAGCTTACAGGACAGCCTGAATCAGCTTGCCTTTGATGGGGTTGAGTTGCCAGTCCGGGA
 CGCGCTGTCCACGGTGACCCAGATGGATCGACAGGAGATTGCCAGCCTGAATCTCGTAAGTGATCCAGCGGCGGGACTTG
 CCAACCAGCTTGGCGTAGTCGGCCACCGACAGGTTGTGGGATGCCTCGAACATCTCCAGCAATTCGAAGCGCTCGCGCTG
 CACCTCTGACAGCGTGGGTGCGCGCTACTCGGGCAGATGCACCGCCGAAAGTCGATAGACGGAAGCTGGAACCGCTGGCG
 CATCCGGTGCAGGCGCAACGATCAACTGAGGGCGTGGATTTCATGGCGGGCGGCTGCGCTGCCGCTGTCCGGCAATC
 GTGGGAGACCTTCAGCGTATGGTTCAGGTCGCTGGCAACTTCGACCTGATTCGCTCGAACAAAGTCCAGGCGGTC
 GGCCAGTCTTGCATCATGACGCGCGCTGCTCGACGTAATCGGCGTGGTTGTAGGTCGCGCTGATCCGATCCGGATCCGG
 CATGCGAAAGTTGGGCGTCTACCCACTTGGGCGGATAGCCCAATTCATTGAGCGGGTCGAGATGGTGGCGCGAACGCCG
 TGCCAGTGAGCTGGTCTTCATAGCCCATGCGCTTGGAGCGCGCCATTGAGCGTGTTCGCTGAGAGGTTTTTTTTCAGGCA
 CCAATCACCGGGAATGAGATAGACCTGCGCTGGCTTCAGATTTCCAGCAGATGACGAACGACTTCTTGTGCCTGCAATG
 ACAGTGGCACGATGTACGGCGGGATGTGCGCGAAACGCTGGCGCTTCTTCTTGGTGAGCTGCTTGCCTTGTGAGCCTG
 ACAACCGGGATGATCCACAGACCGCGCTCCAGATCGAACTGATCGGGCGTGGCGTAGCGCAATTCACCGGTGCGCACGCC
 CGTGAGCAGCAGCAGACGTAGACCCAGTTGCGTATTTCAGGCGGCGCTGTACTTGCACACGCTTCGACGATTTGCCGGCA
 GTTCGGGCATGCGCAAAAAGGGTTGTTCTCCACCGGCGGCGAGCGGCATCGCCACCACATCCAAATCTTGGCCGGTTG
 TCGCCCATGTTGGACACCACCACCGAGGCGTAGGTGAATAGCTGGCTGAACCAGGTGCGCAGCTTCTCGGCGACCGACAG
 CGAGCCACGCTTTTTTCACTCTGCCGATGATGTCCAGCAGGTGGGCGCGGGTGACGTCGTAGACGGTTCAGGTGGCGCAATA
 CGGGAAACACATCTTGGCGAAGACGCGTCCGATCTGTTTGGGCGTGTCTGCGGACCCCTCATTTTTCCAGAGAGAGGCTG
 CGGTGGGCGAGCCATTTGTGCTAGATGGCCTGGAAGGTGTGCTCGCCCCGACGAGATGGCGTGGCGCTTGCCTTGGC
 CTCCGAATGCGGGTTGATGCCCTTGGCCAGCATGGCCCCGGCCTCGTTCGCGCAGATTGCGAGCGTCTTTCAGGGAAAGCG
 CGGGATAGCCACCGAAGGACATGCGCTCGCGCTTGGCCGCCAAAGTGAAGCGGAAGTGCCAGGCCTTGAAGCCGGTGGCG
 GAGATGTAAAGTAGAGACCGTCGAAATCGACAAGCGAATACGCCTTGCCGGTACCTTGGCCTGTGCAACCTGGAGGTC
 TGAAAGCAT

Sequenz der SpB-Insertion Contig 2, 61461 bp

TGGAGCGGGCGAAGGGAATCGAACCCCTTGGAGCAGAGCGTCACAATGTGTTGCTATGCGGCTAAAATCTGCGGACTGCTAGT
 TCGGATTCGTGCCTTTGTGTTGCATTGATTTTCGACACTTTTTTCGACACCTATTTTAAGAGCAGATTAGCTTAGTATTTTT
 CTCAGTCTGAAATGCAAATATCAGTTGTGCCGTTGGTACTAGTTTTTTCGCTTCAAAGATGTGCTTGTAGCATCGGA
 ATTTAGCCGTAGGCGTGTGAAATCTCATCAAGAAGAGGCGCGGCTGCTTTTTTCTAGTTGAGAGAATGCAGTATGTT
 TGCCAACCATCCATTGCTGATAACGCTTTCCAGAAAGTCCATTGAGATGCGGGGATCCAGCTTTGTGCTTTACGATCTTG
 AGGACACTTCTTTCTATTCTGGAACGCTCTAGGAATCCAATGCTCATAAGCTCACCTTGATCTCTTCAAGAACCCTTTA
 GCCCACCTTATTACAATTTTCGCATATTGCAATGCATTGTTCTCGGGTGTGCTTGGTGGGTATACTCCCCGTGTGGATGC

ATGTCTTGACTCGCACAGCATAGCATATTTCTGATTTTTTTCAGCGGCAAGCCTTTATCTTGTCCATTAAGAATAAGGCTGT
AGGGAGCATGCCTTGAGAAATCTAATCCGTTGCTTGACTTCCATGAAGCGGAAATTTCCAATATTTCTACTTGGCTACATAT
AATAGCCCTGCCTCGTATACCGGCGAGCAAGAGTCATCCATTAGTGATAAGTGAGAGTCTGTACAATTTTTTATGAGGTT
CTCTATATCTATTTTTTGGCTTTGGTGTATTCTCCAGGAACTCCTAGGTTCTCTAGAAAAGTTTAGGTGGCCAGTAATTTGGTT
TCGACTGTAGGTATATATGCCATGCAACAAGTGGCCCTCTTTGTACATTTCTGAAAATTTCTGTGCGGCCATAAACGGAA
AGATCAATCTCCCGGTCTGTTACTAGAGCGCTGTGAGTAATTTAGAAAATTCGTTGAGGTGCGCTGCAGCCTTGTCTGT
GACGATGCACAATATGTCAGCGTCGCTCGCGTAATCAAAGTCTTCTCTGATAATCGATCCAAAGTACCGCAAATCTAATA
TTCCGGATTCTTTTCGTCTTCATCGTCTTGAGAAAATCTAAAGAATACTGAAACCAAAAGACCAATAATCACATATCTTA
GTGATATCGCAGCTACAGAGAATAAGAAAAGGTATCTTTAAGGTGAATCTGTTGCCTCGTAAGGTATACCGAGAAAATTCG
CTAGTTGAAAGCTTTAATGCTTGAAGTAATACGGGGTGGCATTGCCGGATGTGAGAAGCTCGGTAGAGTTTCCGTTGTA
AAGAAATATAAAGGCGGACATTGCAATAATTAAGCAAGCAGAATGCTGCAATCTACCAGGGCGCTCACCGTTCCCC
ATACGAGGCCGGATATTTTTGATATGCACCACTGTAAGAAGAAGCCAGTCTCTCAATGTGGCCGTATTTCTCTCGATAG
AATCTATCTTTTCCCAAGAATGCAGATAAGTGAATTTTTCGCTTGCTGCAATTTCTTTTCTTATATAGAAGCTCTCGTC
TTCTGCATTGCCAAGCTCGCGGGCGTCAACTCGTAGATTTCTCAACAGGTCTCGTTGGATGTTTGGCTCTCTGGGAGGT
TTGGTATTATCTCCTTGGCGTCAATTATTGTTCTGTAACATTGAGTAATTGAACACGCAGCCGATAAAATTTGATTCT
TTAAAGTTGCAGTCTATAAATTTTGTGCGGTGAAGTTACAGCCTACGAACGTTACGTTTCTAAAGTAGCAGCGAACAAA
TACTGTTGATCTAAAAGAGCAGGTCTCGACCCTTGGGTTTTTCCAGTCGAGCCAGGTTCTCTATGTAGTCATTATCAA
AAACTTCATTGCTTAAGGAGGTGAAGCTTTTTGAAAAGTGCTCGCGAGAAGTTTTTCAATTAGGTTTCATGAACAAGCCT
CATGGCACTGCGCTCCTTGACGAAAATCTTCTTTCTGTTGATCCGCAATTTTATCGGTAAGTGTAACTCGCTTCGTCTGT
ATTCCGGGCTGGTCTGCCGATCTCTGGGGCGATCTCGCCGCTGATCAGCCATAAGCGATAGCGGGGACAGCGCTTGA
AGCACTTCTAGTTTCTCAGTGTCTATCCGAACGCTCTTGAAGCGAACGCTATGCCACCCTGGAAGCCGATCTCGCTTTC
CTTACCAGCCGATCCATTCCGGCTTTAGATATAAGCGTTCTAGCTCTGCTCTGTATTGATTCCATAAAGGTCTAACAG
GCTCTTGTGGAATAGTTTCACTGGAAAATATAGTGGACAAATTCAGTGAAATATTTCACTGGGTTTTTCGACCATTGGA
ACGAATAGTGACGGAACAAGCATGGAAGTGAAGAGCTGAACCCAGCGCCCTGATAGGGCCGAGCAGGACATAGAACC
GATTGAGCATTGGGCGGAGCGCAACCGCATGAGTTTCCGCATCGCCCGCGCTGGGTGTACCGCGGCATCTTGCCTCGG
TGAAGTTCCGCAAGTTGCGGATGGTCAACAGCGCGCTGCTGCTAGCTGGCTGCTGCAACAGGAGTGGGTGGCATGAGCA
ACGGCAAGGAGAATTGGAACCTCGACCTGTGCGGCTGCCACCTTCGCGCAGATGTGCGGCTGACGTATGACGAAGCG
GCTCAGTGGGCGAAGACGGCACCGTCCCGAGCATAACAGATGGGCTGCTTCCGCATGATCAACCTGATCCCGTCCCGCG
CGATCTGGAGCGCGCAAAGCCACCTTGCAGCGAGGGGACTACAGCCATGAGTAACTCACCGATCTCCCTGGATGCTCAG
AGCGCGCTGCCTTATCTGGGCAAGACCGTCTCGTGAAGTGGGCTGGGAGGACGACCCCGAAAACGGTCTGGCGCGTGT
GCGCATCATCGGCGTCTACTGCCGCGGAGGGCGTGGTGAACCGCACTTTCATGACGGTGCCGGTGGGCGTAACCG
ACGAATTCGCAATGAGACCTTCTGGGACACCATTTCGCAGATCAGGGTATGCGGTACCGCGACCGGCAGGGTTCCGGC
AACGTAAGTGGGCGCATCGCCCGCCCTGAAACATCCCGGTGAGGGGCGCGCTCCCGCTCGTGGAAACAGCTCCACCCT
TCCGGCGAACGGAAGCACGGGCGGAGCGAACCCCTGACCGCGCGCCGCAAAACAGCCTCGGCTTGGGAGGGCGGTGCA
GCTCTTCCGCACCGCGCTCCCGAGCCCTCGGCGGCGAGAGCGGGATGACAAGGGCGGAGCCCTTGGTGTGGAATGGCGT
CAGCCATTGACGGAATTCATCGATCAGAGCGTCCGTTATTGGCGTGCAGTGTCTGTTCCGTCATATTCGTTCCATTGCGT
ATACATCAAGTTTTTCAGCCATCAAATCAAACAATTAGCCGCGCCCTCGGCTGTTGATTCAATACCGATATCCCACTGCA
AATCCTTGATTGCGCAGATGAACTGGCGAGCGCGCTGTTTATCCGTGCCGGGTCAACTCATGCCTGCGAAAAGGCAACG
GAGGCAGCGCAATGCAACTACCCGACTGGACCCTGGAGTTCTGTGCTGATGGTGTGCTGGCCTATCTGCTGGGCGCGCTCTCG
GCCCTGGGTTCTTCCACGCCTGCCGTGGCGTTTCTTACTGATGTGCTGAACCGGGACGTACGCCGCGCCCCCGGCCGA
GAGCGCAAGGCACCAGCGGTAGGCCGGGGCGCGGACGTCCTGTAACACGTGCGAAAGCCCAACTACCAACGTTTCA
ATTGCTAGCTATTTGGAGTGTTTAACATGGCAAGCCCTATCACATGCTGCGCATTACCTGAAAGCCCAATGGCGAGTTTCA
GTGGAGTCGGAGAGCGCTCGCTGTTCTTCTGATGACCCAGCGCAAGCATTGATTGACCTGTCCAACGTCCGGTTGCTCGC
CTGGCGCTCGACACCGTTCCGAGTTGTACAACCGCATGATTCGCCCTGAAGTCAATGGCGCTGTTGAGCAGCGGAAAG
AGTTCTGTCAAATTTGCTGGCCACCAGTGGGCCAAGGGCAGGGTAGGGCGCGACTCGGGCTATCAGTACCGTCTGCGA
GCCGACATGGGCGTGTATCCTGCTGATCAAGAACCACAACGTGAAGTCTGAGAACATCGGGGCTCACCTCAAGTTGAGAT
TTCCCTCACGCCCTGGATGGGCGGATCCGCAATCACTCCAACGCTGATGGATGACCTGGCGGGGCTCTGCTGACGC
ACTGCGAAACCAATCAGTGTGCCGTGCACCTCGCCCTGGATGTGAGGGGTGGGAGCCTCCGCGCGACATCGTGGAGCAC
ATGCATTGCCGGTGCATCGGGTGCGCCAGATTACCGGGATTGAGCGCATTGAGTTCGACAGCAGCGCCTCTGTTTACGG
TCGCGGTGAGACGTACATGTTCCGCTCTGCCAGTGGCCTGCAACTGTGCATCTACAACAAAACCTCCAGGCACGCGCA
CCGACAAACTCGATTACTGGAGCAAGGTATGGGCGTCTGATGATGGTGTGATCCGTTCCGTTGATGGTGACCCGGCGTACAAG
CCTGAAGAGGATGTTTGGCGTCTTGGAGTTCCGCTTCCACCATTCCGTCATTGAGCAGTTCTCCGAAGGCTCCACGCTGTC
CTCTGGTGAGGTGATCGGTTGCCGCACCTATGCCGCGCTATGTCCGACCTGCAAGCCCTCTGGCGCTACGCTTGCAGCA
ACTTCCGCTCTTCAAATCGAAGTCCCGCTCGATCCGTTCTGGACCCTGATCTTCCAGGATGCAAGGTTCCAGGTGGAA
GCCGATCCGCTGATTGATCGCACCGAGTACCGCCGCTACTACAAGACCGCACAGGGCTTCTCCGGCAAGAACTGCGGAGAT
GTTTCTGGGCCAGTTCTGTGAGCCTCATCGCACGGGAGCGGTGAACATAAAAAAGGCTATTGAGGTGCGCAAGACGCTGC
CGTTCTGGCACGTGATCGAGGATCACTACAAGGCCAAGGGCTTACGACTGTGACCTCGAAAAGCACATGCGCAAGCTG
CTGAATGACCGGTATTTGCGACGGGGTACTCCATCTAGTGACCATACCAAGCTCCCGGATGGTCTGTTTGTGAT
GTAGAGCCGATCAAGGGCAAGCGTTTCCGCAAGCGGTTCAAGACCAAGATGGAAGCGCAGCAGATCGAGGCCAATGCTCG
CCAGAAGTGCTCTGAGAATCCGAACCTGGACGATCAAGCCCAAGGACCGCCGAGGCTCTCCGAATTGGTTCGAGCTCTGGT
ACGACTGCATGGCCAGACTCTGGCAACCGTAAAGCGTTCGCTGGCGCTGATGAGCAAGGATTTGGGTGAC
CCGGTGGCGGTGTCCCTGGAGCCGGCGAAAGTGGCCTGTGTGCGCTCCTTGCAGGTCGTAAGGCATGTCGGGCAAGTA
CGCTAACAAATCGCCTGGGCTACCTCAAGTGCATGTACAACGAACCTCCGGCAGCTGGGCACCATCGACTACGAGAATCCTG

TTGGGCGAATGCGCCCGTTGAAGCTTCAGGAGAAGCCGCTGTGCTACCTGACCAAGCATCAGGTATCCGAGCTGCTGGCT
GCGCTCGATGCTCGTACTACGTCGCCGCATCCGAAGATGGTTCGCTCGCATTTCGCTCGCGACAGGTGCTCGATGGGGCGA
AGCGCAGGCACTGACCCTGGATCGGTTGAAGGGCAACACGGTGTATCTCGCCAACACCAAGTCGAAGCGCGTTTCGCTCGG
TTCCGATTTCCGAAGGGTTGGCCAAAGAGATTCGCCAGCACTGGCAAACCCACGGGCGGTTACCAACTGCCTCGGCGTA
TTCCGCATCGTGCTGCTGTCTACATCGATCAAGCTTCCGAGAGGCCAAGCCAGCCATGTGCTACGCCATACGTTCCGAAG
TCACTTCATCATGAACGGCGGGCACATCGTGACGTTGCAGCACATCCTGGGGCACGCTCGCTATCGATGACGATGCGGT
ATGCTCATTATCTCACGATCATCTGTCCGAAGCGCTCAGATTGAATCCTCTCAGTTTTTGTAGAGTCTTCGTCGAAGA
TTTTGATGGTGTGAGCTTTCTTGGCTTTCTGGTGGGTTAAGACTTGTGGATATCTGCAAAAGGCACTGGACAAAATAG
TCTGTGAGTATGCGCAAGAAGCCGATGGAGATGAGCGCTAGAAGCGCTAGAGGAAGCTCTGAAAAATAGTACATCGAG
ATTCTTGCATCCACTCCGATAAAAAGTTCTTGATTCAATAAAGAAGGCGGCTGCGGACGCTGGGCTTGAAGAGAGAAGAAA
TCTGCACAAGGGATTTGTTGAGCGAAATTATACTCGATGGAAAGAGGGATTTGACTCGTTAGAAGTTTTAATAGAAATCT
GCTCGGAAGCCGGGGAATCTAACGCTCAACGGCTTGGGTCAAACGAGCTAATTCATGACAATCGCTATGGCGCCTTGATG
AGGCTGCATGCTAAGGGTTGCTTGGTGGCCCGGAGATATTCTGTCTGCTTTTTAAACGGTTTCGCAGATGGAGCTCATGC
ACGATGGCGCGCTTTGCATGAACTGTGCGTTACTGCAATGTTCTGGGACGGTGTGATGAAGGTACTGTGCGAGAAGTACT
TCTTGCATGAGTGTGTTGAGTCTATAAAGGTGCGCTGATGCACCGAAAGTATGAAGACCGGCTTCAAGCCAAGGGTGT
AATGACGAAGAGCTGGCTGAATTAAGGCACCTTCATGATTGAGTGGTCGAGAAATATGGGCAGGATTTTTAAAAATTCATA
TGGATGGGCTGAGGCTTTTTTAAACAAGAAGCGTGTGAATTTCTTGATATTGAAGAGTATGTAGGGCTTGATCATTTGGC
GCCATACTATAAATGGGCTAGCCAAAATATACATGCAACGGCAAAGACGCTGACTTGCCTTGAATGGTTGAAGCG
AAAGAGGAGGGGTTGCTGGCGGGGCGGAGCAACTCGGGTCTGACAGACCCAGCTCATTCATGGCAATTTCCCTGGTTCA
GCTGACTACGGTTCTGTTGAGCGTTGACCCCAACCTAGATGATTTGGTGGAGCATGAATATGATCAAGACACTGATCGATG
AGATTGGCGACGCTTTTCTCCGGGGTGTGTCCTTGATGAGTAGTAGGCCCTTCATCGTCACTTTTTTCGACACCTTT
GCGGCCCGGAAAAGCAAAGCCCGAAACGCTAGGCATTTTCAGGGGCTTGGCAAGGGATTTCTGGAGCGGGCGAAGGGAA
CATCATCGTGTTCCTCAACTCGTTGATTGATAACGAGTTTTTCCGCACTCGGCGAACCGAGATGGACATAATATGGACTGA
AAACCACGCTTGGTCAACGCGCGCTCCGAGCAAGTCCAGTGCAGCCATGGACAGCCAGCAGTAGCCAATGTACCCGAGC
GCTCAACGTCACGAGGCGGTTTCATCTCCCTTTGGCAGGAACTCCTCGCGGGCGGCTGCAGAAACCGCTTCATGGGCTC
AGAGGGTTTCGGGCTGCGGCGCAGCAGGTAGGTAGCAGCATGAGGCGGCTGCGGCGCAAGGGCGAAGCGTTATGTCCG
GCGGTTTCAGGGTCTGCACCTGCGAGGCAATGGCGAAACCTAGGCCATAACCGGCACCCAGAGTACGATCAGCCCT
AGGCTCGTCACTGATCTACCAGCTTGGAGCGGCTTGGACGCACCTTGAAGCACCGCTGGATCTGGTGGTGGCGGCCCGA
TCCCGCGTCCGGATGGCACAGTACCAACGGAACCTTCAAGGCTTCATCCAATGGCACTTCCGCGTGCGCCAACAAAGGGT
GGCGCACGGGCACGATCACCGACAGAGGATCGGTCCACACGGGCTCGGCGACAAGGCCCTTCGCTCACCGCGTCCGACAGC
GCAAAGCCGATGTCCAGCAGATCGTTGTGCAGGCCCTTGGAGTGTGCGCGAAAAGGCGACTCGAAGACCGCAATCTCCAG
TTCGGGCTCTTCTCGCGGCTGCGCGCCAGCAAGGTGGCAATGTGGGGCTGCGCAAGCTGTGCGAGATGGCGATGCGCA
GATAACCCTGATAGCCCTGCGCCGCCGCTTTGCGGCACTCACCGCTGCTCCACGGTGGCCAGCACACGCCGGCACTCA
CCGAGGAACACTTGACCGGCCAGGTTCAGTCCGCTGCTGGTGCAGGCTGCGGTCGAACAACTGCACGCCGAGCGTGGCTTC
GAGATTGCGCATTGCGCGGACACAGGCGATTGTTCTACGCCAAGGCGCTCGGCCGCTCGCGGAAATGCAGTTCTTCCG
CGACCGCAACGAAATAGCGCAGTAGTCTGAGTTCCAATGCGGCCCTCCTGTTTGCCTCGTTCTTGGCTGCGTCCACCTCA
TGCGGATTGCGCCTCGCTTTCTCCTTCGATGATTGGCAAGAGGTTCCGGCGTTCGATGCTTGCTTATTCGGATAGGCAGA
TCGCATCCGAAAATTACGGAGGTTGAGGCGGAACGCTACCTGGCCGAAGACCTGAGAACCTCAATCACCGGACGCTGCA
CTACCGCTGATCCACAGGTTTCAGTTCAATCAATTTCCCGGTTGCGACTCCACACGCACCTCGCGCGATTTGCCGGCCCC
TTCCACTGACAAGACCACCATCGCCGACCTTCCCGTCTGATGCGCGGAGCAGCTTGGCCACATCGTCCGTCGCT
TGCCATCAACATCGATGATGCGGTGCGCCGGCACGATGCCTTGGCGGTGACTTCGACACCCGCGAGGCCGGCTTGTGC
GCTGCCGAACAGGGGTAACACGCAACACGAACACGCCCTTGGTTCGGTTCAGTGAAGCAGACGCTGATTGAGCTGTTT
GTCACCTCAATGCCACGCGCCGAGGATGTACTTACCGCTCTTATGAGTTGCGGGACTACGCGCATGACGGTGTGTT
CCGGCAGCGGAAACCAATCCCGGCCAGGCGCGGAGGGCTATAGATCGCCGTGTTGATCCGATGAGCCTTCTTCCG
GAATCGAGCAGCGGCCACCGGAGTTGCCAGGTTGATGGCGCGCTCGGTCTGGATCAGGTGATCGATGCGCCGCGCC
CGCTTCTCCGGGTAACGAGCGGTGAGCGCGGAGACGATGCGGTTGGTGGAGCTCCAGTCCAGGCCAAGGGGTTGCCGA
TAGCGAACACCTTCTGACCCACCTTGGAGTCCGCACTGGTGGCGACCGGCACGGCCGGCGGCTTGAACCGGACGCCA
ATCTTGGACACGGCGATGTGCTGCGCTGGGCTCGTCCCCACCAGCGCGGCTGGTAGTTCGCGGCCATCGGCGAGTTTGGC
CGTGGCTTCCAGAAGCACCTGGATGACGTGGAAGTTGGTGACGAGCTGGCCGGCATCGTCCAGATAAAGCCCGAACC
TGCCGCGCGGATGGAAAAGACATTGCGAGTCCAGACGTCGCGCACCGCTGCGCGGTGGTGGATGTAGACCACCGAAGCG
CGGATTCTTCCGAACAGTTTCGATGGTGGCTTTCTCGTCCGCCCGCAGATGCGCACGCGCGTACGGTGGATCTGCCG
CTCGCGGACTGAACCAGGCTCGATGGCGGGCAGGAACTGCCACAGCAGCATGAGCGTGGCAATACAGGCGGTGATGA
AGAGCCAGCGCCGATGAAGGGGTTCCGGTGCGGGGCGTGGGTACGGGTGCGGGTAGGCCATGAGAAGTCTCCTGTTGATA
GGCAATCAGCGCCACAGCCCGCTCGGGTGCAGCGCGGGCGGGCGGCTCACAGCGGATTCGGCAAGAAATGGGGCGC
GTGGAATGGCAACGCTGATGCTGGCCAGGCGCAACGTCAGCAGGCGTGCGATACGCTCTTGGCTTGGCGGATGCGTGC
GCAAGCAGGAGGGCTCGGGATTGCCCCATCCCGGCCACAGCCAGGCACGCCAGGAGCGGCTGACCCGCTCGATTTTCGCC
AGCGCGGACGCCAGCCCTGCGGGTGCCTCGTTCAGTTCCGCGCGAGGCGGTTCAGCGTCAACTCACGCACGCGAGACAA
GCCGAGCTGTGCGAGCAGGGCCAGCTGGGGCGATGCGGCCAATAACAATAGACCAGGCCAATAGACCTCCGCCGCGCCAA
CCAGCAGCGCGGGCAGGTTGAGCAGGATCGCGATTTGTCCATGAGGGCCAGCAGGCTCGTGAGGCGACTGACGGAATCC
GCCACCTCATGACGCGCAGATCCTCATTGGTGTGTCGCGCATCTCGTGCAGCAGCACACCCGCCAGCTCGCGTGGGCT
CAGGCTGCGCAGCAGGCCATCGGTGAGGGCGATCGATGCCTCCTGCTCGATCCGGTGGCGAAGGCTTACGACGGCAC
TGGGCACATAGTGCAGCACCGGCGTGGCGGGCAAACCGGCACGGCGGGCAGCTCGCGCAACAGGGCCACATCTCGTGG
GCTTCTTGGGGTGAAGGCCCGTACGCGGTACAGGCGCAAGCTCAGCGCCGACCGGCTACCGGTTCCAGCAGCAACGC

ACCTGCAACGGCAAACAGCGGAGCCACAGGCCGCTTCCCCAAACGGCAGTCTCCCTGCTGCGGCTGCGATCCCAGCA
GGGTGAGGACCAACAGCCCGGTCTGCAGGCGGTTGAGCCAGCGGTGTTGCAACAGCGCCGTGCGCGGATCAGTGGGATGA
TGACGGGTATGCTCAGAGGTCTCGGCGGCGCGGTGCGCCGCTTGCAGCAGCCAGTAGGTCGCACCCAGAGCCAGCG
TGGCGCCTGCCGGCGCGGCTATCTTTGCGGGGCTCGCCTCGGGGTCAAGGATCACGAACTTGCAGCGCCAGCGGATCAGA
CCGATGAGGATCACGGTCTTGACCTGGATGATGCTGTCCCAGCAGCGCCACGCGCACAAATGGAATGCTTGAACCTCCAT
CGCGATCAAGAGCGTCATGATCATGCCGAACACACTCTGGAATACCTTGTGATCCAGGGGATGAAAGGCATCGAGGACCA
GCAGCGTGAAGACGATGGCGATGAGCTGGAACAGCGACACCACGATGATGACGGCAATTACCAGCGACAGAACGAGGGCG
ACGACCTGCTCGAAGCGCTCGTATAAACTCATGATGGCCATTGGTCACGGAAGACCTGAAATGGATTGCGGCCCTGTTGA
CTTCATGCAGATGGACTCCCTGCGACATTGCCGCTGTCGAGACGGCGCGCATCGACTGATGTCTTCAATCAGCTC
GGTCGACATGCCAAGCGTCGACATCACCTGTTCCGCCAGCCCAATAGCTGCGGCAAAAGGATGCTGATACACGCGCAGCT
TGGGCATGGCGCAAATGCATCGGCCGCGGTGCTACTTCTGCATGACACCCACAAGGTCAGCGCCGGACGGCGCTCGGCA
ATCGCCTGGGCGATGCGCAACGCTTGGTGGGCATGGGCGAACGTCAGCACCACCATGTGCGCATGCGTCAAGCCGGCAGC
CAGCAAGGTATCGGGCCGACTGGCATCGCCATGGAACACCGGCGCGCCGGCGGCACGCGCGGCTCGACCTTCTGCGCGT
CCGCCTCCAGTAGCAGATGCGCCACGCGGCGTGGCGAAGAATCTCGCTGACTGTCAGGCCAAGCTCGCCCGCGCCGCAA
ACGATGACATGGTCTCGATATCGCGCCGTCTGCGCGGCGATCTCGACTTCTTACGCTGGGGTGGCTGAATGACGCGCC
GGTGGCGCTCAAGAACCGGGCAAGTACATCGTGATGGCGGATCAGTAGCGGTGCCAGGGCCATGCTGAGCACCAGCGCAA
CTAGCATGGGTTGTACGACGGTTCGCGGGGATCAGATGCTGCTGCAAGACCATGCCAACACAGCAGGGCGAACTCGCCG
CCATGCCCCAACGCTATGCCCGTGCGCCAGGCATCGAGGGCGGACAGGCGCGTCCCGCAAGGCCAGGGTGTGAGCC
GATCTTGACCGGTACCAGCACTGCCAGCCACGCGAACACCGCCAGTGGTGCCGAAAGAATCTGCGTCCGCTCCAACCTGCA
GGCCGATGGTCACGAAGAACACCCCGACAAACACATCGCGAAACGGTTTGGAGGTGGCTTTCCATGTGGTGACGGAAGTCC
CTCTCGCCAGCACCATGCCGGCCAAAACGCACCCAGGGCGGCGGATACGCCGACCAGCGTGTGACGACGCGGCGGCGAGC
CACCACCACGCACAAGGAAACCAGCACGAAGGATTCTTCGTGGCCCTGCCGCGCCACCCAGCCCAGCAGGCCATGCAACA
GACGACGGGAGGCGAGGGCCGCTGCCGCGAACAACATCAGCACGCCAACACTTCGAGCAGCACGCTCTCGATCTTCGGC
GACTCGCCGCGCGCCAGATCGCCAGCAGGGCCAGCAGGGGCACGCTGGCCAGGTCTTGAAGACCAGCACGGCGATGGC
GCTGCGGCCGTGGCGGGTGGTGAGCTCGCCTTGGTCGGCCAGCTGTCGGCTGACCAGCGCCGTGGACGACATGGCCGCG
CAGTGTGAGCAACGCGCTCTGAACCTGCCAGTCCAGCCACATCAACATCAAGTCAAGTGGCGTGGCGACAGCGCAT
ATCTGCAAGCTGCCGGCCGCAATACGGTTTTACGGGAAAGCCAGAAGTCCCGAGGGAGAACTCCAGCCCAACCTGAA
CAGCAGCAGGGCCACGCCAGCTCGGACAGAAAATCAAGCGCTTCTCCCGCGCGACTACACCGCTGACCCAGCGGGCCCA
GCAAGGCGCCGACGCGGAGGTAACCCAGCAAGGCGGGTACTCTGAACGCCCGCTGCGCACCCGCGGAGGCTGCATGCC
GCCAGCAGGATCAGGGTGGCGCCGAGCAAGTCTGCATCGGTGAGCGCCACCTGTGAGATGCCAGCGCACGATGTC
CTGCGCGCCCAAGGCGCGGCTGACGCCGATCTCCCGCCACCTGGAACAGGGCGAGCGTCCGAAATGCTGCGGATGC
CGAACTGCGCGGCCAGGTGGGGTCTGCCTCGGTATTGACCTTGGCCAGCCTGACCCTGGGTTCGAGCTGGCGCGCCGCT
TGCTGGAACCTGCGGGGCCATCATCTTGCACGGCCCGACCAAGGTGCCAGAAATCGACCAACAGTGGCAGGTGCTGCG
CTCCACGTGGCGGAGAACGTCGCCGTGGTCAACTCGATGGGTTCCCGCTGAACAAGGGCTGCTGGCAGCGGCCGAGT
TGGGATGTTCCGATAGCTTCGACGTCGGTACGCGGTTGATGGACTGGCAATGCGGACAGACGAGGTGAAGATTATCTTC
ATGGTTCCGCTCCTTGGACCACAGTGAGGCTGCCGCGCTTCGGGTACAGACAATGCCGACCAATCAACGCCCTTGGAGCC
AATCGTTCCCGCTCTTTGCTTACTCCGGCCTCTTCCAAATGAGCAGCGATGAACGCTTCGGCCTGCATGAGCCACCTTTGG
ACAGTATCTTCTTACTAGGAATCAGCAGGATTTAGAGACGCTGCTGGCATCCAGCCGTCACACGGATAAGCAGAAA
AATGCGCCGCCACAAACGCGGCATGTCCTTACAGAGGTGCAATGCAAAAAGCGAACTCGCTCGACCGATCAACTAGCTCCT
CCTGTTCCGCGATCGTTGCGGCATCGGGATGCTGACTGTCAGCGATGATATCGGCCAGCCTGAGTGTGTCATCGGGCTGA
TAAAATTGCAAGACTTCTCTTCCACCATGGCCTCGGCGACGCTTGGGCATCCGGTTCGACCGGCGCGTCCAGAGAAAC
GAATTGCCAAATTGCGGGCTGCTTGGCACTTCGTTATCCAGGACGGCGAACAGATGCTTCAAAAAGACCGGTGTAAGCCT
CTTTTCCCGCCAGCAGGATGGCAATCCACCTCAGCTCGGACAATCGCTTCCATCCACCAAGTTCGCGCAGCGTCCGATAA
TCGGCGGTAAATCGCCGACGGCCGACAGATAAGCCAGCTCAGCCCTTGCAGCAGCCCTCAAGTTCGACAGTGAAGCAT
TCGGGTCGCTCGCCCTCATGGGCGGCTGATGCGGGTTTTGCGGCAATCCGCACCTTGAGCTCGCGCAAGCGCTCGCGT
GTGCTTTGCGCTTGATTTGATCCTGAGCATGCAGTCCGTCAAAATGCTTCTTGGCCTGACGGAACAACGACTGTGCGAGC
ATCTGCGCAGGGGCGTCACTCGTCATGTGATGAGTAACGCTGACAGTCTTTTTTGGCGGGCAGGTGCATATAGCCACT
GGCCAGAAATTGCCGCTTGTGTCGCGATCAAGGACGATTTGAAGTTGCGCTGAATCTTTAGTGTGTTTGTGCGAGCA
ATGGCTTGAAGGCGTGTGTCGATCACATTTCCCAAAGCTCTCTGCCAAGGTTTCATGAAACTCTTTGTGATAGCTCGATAG
CTATATTGCATCTGCATGTATGACTCCTTCGATGTCATTTCTATGGAGGTATGAATCGAGGATGCTCATATCCATAGAAT
TTAGTTTGACCCGCTCTTATCCCTGGCGGTTTTTGCAGAACGCAACTCAAGAACAAGGCGTGCACCATAGACTGCC
GCATAGAAGCCCAACAGCCAGCCTGCGGCCAGGAATGACTCGACCGGACGGGAAAAAATATCCACAAGACGATAGCGCC
AAGGACAATCGAGAGCAGTCCACTGAAGGCAAGCCAAATTTACCCCTTGATTTCTTGACGCGAGCCGAACGGCGGCGGATA
TCTCCAGCACACCGGTGAAAATCGCCAGAACCCACGCTAGCCCATAAAAAAGAAGCCAAGACTATCGTGGCGACCCAA
GGAGCAACCAGGACGACGACGCCCGTAAGTATGCCGACAATGCCGCTGAACAGCAGCCAGCCCCAGCGCTCTTTTTTCTG
GATATGGCGCACCGCTGCAAAACAAGTTGAACGCGCCATTGACCAAGGAAAAATGCGCCGAACATGATGGTCATGGCCAA
GAGCCGATTGTGGCATCCAGAACGCGAGGGGCTGCGAAAATCAATGCCAAGACACCGCGCAACGCAAAAAGCCACCAATTT
TGGCTCAGCGAACACAGTGTCTTGGTGGGGTTCATCCGCACTGGAATCGGGCATGGTGTCTGTGTTTCATGCTATATCTCCT
AAAGATCTAATGGGGTGAAGAAGCAAACTCCTGAGCCAAGAGAGGGGGCGGACGCGCCCTCTTACGCCCTATCCAGC
GGTTTCAGAACAACTTGGACAGCTTTGCCTTGATTTTCATCGAGCCAGCCTTTTCCGCGCCTCCCCAGCCGCTTTTTGC
TTGACTTTCTTGGTTCAGCATAACAGGGGCTCAAAGTCTTCTTCCATAAACCAGCAGTCTTGCATTTCCAACCTG
CTGCCGCTTTCGTTCAATAATGTCTCCAGGCGCTCATTGGACGCTTCCGCTCCGCTGACCATCTTACCAAGGTCTCGG
CGCGCTTACAGGACGACCTGGCGCGCAGGGCGGGCAGCGGATGCACGCTGCGCGTCTGACACCAGCGTGTGAGCGCTGCC

TGCAGCGCGGCTTTGGCTTCTTCAATCTTGCCCTGATCGATCAGCGGCACGACTGACTTCACGGCTGCGGGATAGGACGC
CAGAGGGATGTTGGTGACCGCGATCACGATTTCACTGGCCAGCAAAGCCAGCACGTGACGTGCTTGCACCTCGCCAT
GTTTGAGGGCATCCAGCGCCTCGTCGGTCATCGCCTCAATGGTTTCCGTGTTGGCGAACAAAGTCGTGCACGATGGTGCGC
ACATCAACGGGGGCCAGGGCGAGCGTGGGTTTCGCGCGCAACGATCAGCTCCAGCTTTCCCGTCACTTCGGCCAGCGTTGC
CAATGCGCGTGCAGCGTCCTTGCCGTCAAGTGCGGCCAGCGCTGATTTGGTCAAGCGCAAGGCCGAGACGGCCATCGA
GGACTTGTTTACGTTTGTCTGCCGCTGCGAGTCCGTTTCTTTCTGAACCTCAGGCTGTACCTCCGTGACGACTTCAGGC
TTGGACTCTGGACTGACAGGAAGGCTGCTTACCGCGCCTGTTTCGTTTATTCCTTCGTTCGTTCGTCGATTTGGGATTCGGTGT
TTGCTCATTTCATGGTGATATGCCTCGTATGAGATAGTGAATAAGGCGAATCTATTGGGGCTGACTGCGAACATCGCGAG
ACTGACCCGACAGAGCGAGTCAGCCCTTCATCACCTCAAAACAGCTTTTGGATGCGCGTCTTCAACTCGTCGAACCATCCC
TTGCCGCTTTTGGCACCAGCGACTTTTGTCTCAATGGACTTCACCTGATCGAAGATGGGTTTGAAGTCCGCTTCTTGGC
ATAACCCAGGATCTGCGCCATCTCGATCTCCGTGCGCACGGACGACAGCAAGGTGCTGAGCTCCTCGTTCTGCTTGGCAT
CGCGCCTGTGGTCTCGGCCAGCTTTTTCAGCTTTTGGCATCGCGGCTTCGGCCCGTAGCACGGGCAGAGGAAAGGCGACC
GAGGTACCACCAGCGTGTTCAGTGCTCGGGCAGATTCCGCTTTGGCGTTGTTCGATCTTGCCGCTGTTCGATGAGCCGTGC
GGCCGACTTGATCGCTGCCGGGTACGTTGCCATCGGAAGGTTGTTCGTTTGGATTACGATTTTCGCTGGCCAGATTGGCAA
CGATGGGCCGGGCTTTTGCACCTCGCCATCACCAACAACCTCCGAGACAACCTGACCGCTTCTTTTACCATTCCACG
TTGGCGTGGATATCGTGGGTGATGACGCGTACATCGACCGGCGCCAAAGCAAGTTTGGCGTCGCGTCCAATACCAGTTC
CAGCTTTCCGCTGGCCAGTTCAGCGCAGCAAGCGCCTCCTTGGTCTTCTTTGCATCAAGGAGGTTCAAAGCCTCCTGGG
TCTTGGTGAGCGCCGTGATGGCGTCTTGAGTGAGCTCGGCACGCTTTTTATCGGCTTCCCGGGCGGCTTGTCTATCTACC
TGTGGCTGTGCCGCTTGGATGCGGCAGAGGGTGTGTCAGCTCCTGGGCTAGAACCTGCCGCGATTGGGCCAGAGCCGG
TCCGCTCAGTCCGACGACGACCGCCAGGGCAAGTGCAGGAGAAGGTGATTGTGGCTGTTTGATATTTCATGATCTTGGGCT
CTTGATTGAAGTTAGTTGACTGAGATTTCAATCTGTTTTCGTTTGGCTTGGCTGCTCGGCCTTGACAAGCCGCACTTCCAGCAC
GCCGCTTTTCATGGAAGCCGTCACCTTGGTTCGGATCAACGTTGTTCAGGCAAGACAAAGCTGCGCACAAAGCGGCCATACG
CACGTTTCGATGCGGTGGAACCTTCTTGCCCTGCTCCTCTTTTTCCAGTTTTCGCTCGCCGCTGATGGTGAGCACACCGTTT
TCCGCGCTGACGCGCACGGCATCCTTGGGGACCTCCGGCAGATCCAGCTTGGAGGGAATGCGTTCATCCTCGTGTGAT
GTCCGCTTGGTGGCCAGTCCGCCGTGGTTCATGGCTTCGTTGCCGGTACGGGCGCCCTGTTCGTTGGGTTATTCGTTCCGA
ACATCGCTCGCCAGGCTTTTGAATTCATCCAGTTCGCGAAGGGGTCACCGAGTCAATGCAGACATATCGGTTCTC
CTTGAACAATGCCGCAATTTGGATGACGCACTGAACAGAGCCGTCGTTTACTCTGAATGGCATACTACTGTTTTC
GTTCCGAACAAGTCTTGGTCAATTGACGGATATCGCTTTTCGTCGAGCGTTTCCCGGCCAGCAGCTCGCGCGCACAGC
GCTCCAGCACCGCGCGGTTGATGTGAGAATCCGGTAGGCGCGCTCGAACACGCCCATCACGATGTTCGCGGATAGCCTGA
TCGATGCGCGCCTGGGTGATTCGGCCACCCGGCAACCGCCGTGGGCCAGTTCAGGTGTATCGAGAAAAGCGGGGCGGCTG
CGCCTCGAAGGGCATGTAGCCCAGGCCCTCGTCCATGCCAAAGCGGGTGTATGTTCACGGGCGATGTTCGGTGGCTCGCG
CCAGATCGTCCGCCGCCCGGTAGACAACCTCGCCGAACACCAGCTTTTTCGGCGGCACGCCCGCCAGCAGTACGGCGATC
TTGTGCTCGAGATCGGTACGCGTTCATCAGGAAGCGGTCTTTCGGTGGGGCGCTGCAAGGTGTAGCCCAGCGCGCCGATGCC
GCGCGGGATGATCGAGATCTTGTGTACGGGGTTCGTTTTCGGGCGAGCGCCAGCGCCACCAGCGCATGGCCATCTCGTGT
GGGCCACGGTTTCCCGCTCCTTGGGATTGAGCACTCGGTTCTTCTTCTCCAGGCCCGCCAGCATGCGTTCGATGGCGGGC
GTGAAATCCTGCAACTCCACGGCGGACGCTTTGCGCCGGGTGCGCGCCAGCGCGGCTCGTTGACCAGTTTCGCGAGGTC
TGCACCCGAAAAGCCCGTGGTTCAGCGCAGCCACCTGTTTCGAGATCGATATCCTGAGCCAGCGTCACTTCTTGACGTGGA
CTTTTCAGGATGTCCAGCCGTCCCTTCTTGTTCGGGCGGTTCCACCAGCACCTGGCGGTGCAAGCGGCCGGCACGCAGCAGC
GCCTGGTTCGAGGATTTTCGGGGCGGTTGGTGGCGGGCAGGATGATCAGCCCCACCGAGCTGTGCAAGCCGTCCATCTCGGT
GAGCAGCTGGTTGAGCGTCTGCTCACGCTCGTTCGTTGGCCGCGGATGGGCCCGCCGACGCCGCGCGCGGGCCAGCGCAT
CGAGCTCGTTCGATGAAGATGATGGCCGGCGCCTGCCCGCGGGCTGCTCGAACAGGTTCGCGCACGCGCGCTGCACCCACG
CCGACGAACATCTCGACGAACCTCCGAGCCTGAGATGGAAGAAGACGGTACCCTGGCCTCGCCCGCCAGGCCCTTGGCCAG
CAGGTTCTTGGCCGTCGCGGGCGGGCCAAACGACGAACACACCTTTTCGGGATGCGCGCGCCGAGGCGGCCGTAATCTGCG
GGTCTTTCAGGAAATCGAGCATCTCAACCAACTCCGCTTGGCTTCATCGACGCCAGCAGCATCGGCAAGGTTCAGGCCA
GTGTTCTTCTCCATGAATACCTTGGCACGGCTCTTGGCGATGCTCAGGAAGCCACCCATGCCCTTCTCGCGCAAGCG
GCGGAACAGGAAGAACCAGACGCCGAAGAAGGCCACCGCCGGCAGAATCCAGGAGAGCACATCACGTAGCCAGGTGCTTT
CCACCACCCGCGCATAGGGCACGTCGTACTTGGACAGCCGCTCGGCCAGGTTCGGGTTTCGACACGGGTGGCCACGATGGTG
GTCTTGGCCCGGCTGTCCGGCGATTTTCAGGCGCCCGGTGACCGTTCGGTTCGACACCAGCACTTCGGCGACGCGCCCTC
GGCCAGCGCCTTCTCGAATTCGCTGTAGGGCACGGGCTCGACGGTCTTGGCCGCTGCCAGTAGTTCTGCAGCGTCAGCA
GCAACAGGCCGGCGACGATCCAGTAGCCAATGTTCCATTGATCTTTCTTTTCCATGGGCAATGTTCTTCGCAAGTCGTGT
CGTAGAGAATGGGGTGAACAGACGGGCCACCCGTCGCGCAAGCGGATGGCCAGCGGGCGGGCGCGCAACGCCCTTCGC
CGATATCTCGCCGACGCATCACGAGCGGCATCAAAAAGGGATTCCAGCCGCGTAGACAGCGCGGTGTCGTACACCTCCA
CATTGAACTCGAAGTTGAGGCGCAGGCTGCGCGCATCCCAATTGGCAGAACCAGGCAGCACCCTGGCCGTCTATCAGC
ATCAGCTTGTGTGGTTCGAACGGGCCAGGCCGTTTCGAAGATGCGTACACCGTGTCCAGCACCTGCCAGTAGTGGGCGCG
CGCGGCCCATTCACACCGTGGGATGGTTCGCCGTTTTCGGGGCGTTCAGCACCTCGACCGCGACGCCGCGCAACCGCGCCGTGC
TCAGCGCCGCGATCATCGGCTGATCGGGCACGAAGTAAGGTGTCCAGATGCGCACCGAATGCTTCGCCGCGCTCAAAGCG
CCCATGAAGGTCCAGCGCATCCTGTCCAGGGCCTCATCGGGACCGGCTCGATGCGCGCGGCCAAAGAGGTTCCCTTGTCTC
ATCAGCCGTTGCGGGCGGTTTCGCCCCAGAAACCTTGTGAGCCGCTCGCCCGTGGTATTCGCACCAATCATCGGTGAAGC
ACCGCATCAGATGCGCAACCACCGGCCCGCGAGACGAAAGTGAATTCGTGACAGGCTGCTCCGGCGCATCGGGCCG
CAATACGGGCTGAAGATGTTTCATGCGCGCGGTGAAACCCGCTCGCCATCGATCACCAGCAGCTTTCGGTGTATTGCGCAG
ATGCGCGCATGAGGCGCGGGAATCAACGTCGGTGTGAACGTCGCCGCGGGAACCGCGCGGCTTGAAGGCGCGGTT
AGGCGCTGCGGGCCTCCAGCGGGCATAGACGTCGTTCGATCAGCACCCGCACTTGCACGCCGCGCTCATGAGCCCGCGCGC
AGCGCATCGACGAACCTGCGCCCGATGCCTTGGCTGTTCGAAGATGTACGAAGCCAGCGCGACGCTGTGCCGCGCCGACTC

GATGGCAGCGAGCATGGCCGGGTAGGCCTGCTCGCCATCGACGAGCGGCTCGATGCGGTTGCCGCTGGTCAGCGACTGGC
CGGTGGCACGTCCCACCAGGTGCGCCAGGCCGGCAAACGGCGCCGATACGGCCTGGGGCATCGTAGGCACGAGGTCCTGC
CGAACAGCAGGATCTGCCCCCGAAACAGCCGCCCGCCGCTGGTAACGGTTGATGCCGAACAGCCATACAGCAG
CGAACCGCCCAACCGGAACAGCGCGATCAGCAGCACCCACAGCGTGGCCGATCGAGGGTCACGTTTGTAGATGACCGCGT
GCCCCGCTGTGGGGATAGCGACCGCCAGCGACACGAGGGTGGCTGCCCATGTAGCCCGTTGGGGTCGGACACGACAGCC
TCCCATCGCTCAAGATCCGCCGCCCGCTGACTTCTTCTTGCGCGCAGGCTTGCTCTCGCCGTTCCGGCGGTGCCTCGGCCA
CGTTCGCTGCATCGGGCTTTTTCAGGCTCGGCCGGCTGCGCGGCTGGCTCCTGGCGCTCGAAGACCACCCGTTCCGGCCTTG
TCATCCCAGCGGGCGCTGGCGTGTATCGGCCTTGCCGATGCCACCACCGAGCATCTCGCGTGCCAGCGCGGTTTCCAGCTC
GCTGCGGATCAGCCGTTGAGCTCGCGCGCGCCGAACCTCGGGTTTGTAGCCTTCCCTCCGGAAGTGGTCGATCAAGGTCT
GGTCGAAGGTCAACGTACGCCCTGGCTGGCGGGCTGCGGGCCACACGATCGAGCTGCAGGCCGAGATAGGCGGATC
TCCTCCTTGCCCAGCGCATGGAAGACGATGATCTCGTCGATGCGGTTGAGGAACTCGGGGCGGAAGTGTCCGCGCAGCAC
GTCCATCACCTCGGACTTGGTCTTCTCGTATTCTCGCCGGCGGGCCACGGGCTTCCAGCCGACGCTGGATGATGTCCG
AGCCCAAGTTCGAGGTGGCGATGATGATGGTATTGGTGAAATCCACCACCCGGCCCTTGCCGTCGGTGAGCCGCCCGTCCG
TCGAATACCTGCAGCAGGATGTTGTAGACGTGCGGGTGCCTTTTTTCGATCTCATCGAGCAACAACACGCTGTAGGGTTT
GCGACGCACCTTCTCGGTGAGCTGGCCGCCCTCGTCATAGCCACATAACCCGGAGGCGGCCACCAGGCGTGCCACGG
TATGGCGTTTACCCTACTCGGACATGTGATGCGCAGCAGCGCCCTCATCGCCATAGATGGACTCGGCCAGTGCCCTTG
GCGAGTTCCGTTTGGCCACACCCGTCGGCCCCGAGGAACAGGAAGGTGGCCACTGGCTTGCCGCTTCCGCGCAGGCCCGC
GCGCGACAGCCGACGGCATCGGCCACGGCACGTACTGCTTTCGTCCTGGCCCCACCAGGCGCTCGTGCAGCCGCTGCTCCA
GATGCAGCAGCTTCTCGGCTTCTTCCACCGTCAGCTCGTTGACCGGAATGCCGGTCAGGCGGAGACGATCTGCGCGACA
TGCTCGGCCTTGACTTCGGCGCTGCCCGAGGCGCGCTCGCGTTCCCATTCCTCGACGAGCTTCTTGAGTTCAGTCTCCTT
GGCCTCGATGCGCTTGCCAGCTCGGCGGCCTTGTCGTAAGTCTGCTTGGCGGAAGCCACATAGTCTTGCTCACGCCGCGAGCT
GGTGCAGTTCGGACTCCAGCTCTTGCACCGCCACCGGGCGGGCCGTTGGCCGACAGCTTACGCGTGCGGCCGCTGGTCCG
AGCAGGTGATGGCCTTGTGAGGCAAAAAGCGCGCGGTGATGTAGCGGTCCGACAACCTCGGCGGCGGGCATGATCGCATC
CTCGGTGATGCTGACCTTGTGGTGCGCCTCGAAGGTGTGCGCAGGCCGCGCAGGATCATCATGGTCTGCGCTACCGTCCG
GCTCGGGACCACATCACCGCTGGAAGCGACGCTCCAGCGCGGCGTCTTCTCGATGTAATCTGATACTCGTTGAGCGTG
GTGGCCCGGATCAGGTTTTCAGTTCGCGCGGCCCATCGGCTTGAACACGTTGGCCAGTGCAGCCGCTTCCGCGCTTCCGCGC
ACCCTGGCCTGCACCGACGATGGTGTGCACTTCGTCGATGAAGAGAATCAGCTCGCCCTGGTGTGCTCGTACTTCTTGA
GCACCTTCTGCACGCGCTCCTCGAACTCGCCGCGGTAATTTGGCGCCGGCCACCATGGCATTGATGTTGAGTTCACCAGG
CGCTTGTGCGCAGCGTCTCGGGCACTTTCGCCGGCGACCATGCGCTGCGCCAGCCCTTTCGACGATGGCGGTCTTGCCGAC
GCCGGGCTCGCCGATCAGCACCGGGTTGTTCTTCTTGCGCCGGGCCAGCACTTCGATGGTCTGCTCGATCTCCTGCGCGC
GGCCGATGACCGGATCGAGCTTGCCTCGCGCGCCATCTTGGTGAGGTGCGCGAATACTTGTGAGTTCGGCGGTGTTG
GTCGGCGTCTCGGCGCGGCCATCCTCGGCCCTTTCGCCACCACCTTGCTTACCTGCTGGCGCAGCGCTTGCGGCGTGAG
GCCGTAACGGCGCAGCAGGTTGGCCGCCAAACCTTCGCCTTCTCGGCGAGCCCGATCAGGAAATGCTCCGGCCCGACAT
AAGAGTGGCCGAGTTTGGTGGAGGCCACGAAAGCACGGCTGAGCGCGTCTTGAACCGGGCGACACGCCGATCTCGCC
TCGAACGGCTTATCGCCGCGCTTGGCTTCGGATTCGATCTGGCGCTTAAAGGTATCGACCTTGTATCTTGAACGCCCCAG
GATGGTCTTGACCACGTGCTGTGCGATAGCGCCAGCAGGTTGTCGGTATCGACTTCGGCGCGCCCGAACTCTGCAG
CGTGTGCGGGCGGCTCCTGCAATAGGGCCTCGGACTGTTGCTGATAACGGCTGGCGAGCCACTGCCGCGACGGCGCGCG
GTGCCCGTACCGGCCGGGGCGGGTTTCGCCGAACGAGGCATCGACGACCTCGTCCGGTATCGGCCGCCATGGACGGTGGCTC
GTCACCGATGCGGAAGAAGTCTGCTGCCAAGGAAGTCTTCGAACAGCCCGCTGCGCGAGCCGAACAAGGCTTCCAGCGGTG
AGACGGTGGCTTTTGTGGCGCACAGTGGCGATAGTATCGTCACACAACAGCATGGTGTGTTGGCGACCATTGAGA
TTGGCTTCCACCCGCACCGTGGCGGGCTGGCCGACACTTGGCATTGTTTTCTGGCCATGCTGATGCTCCTGTAAAGATT
GATCTGACGAGGACCGCCGATCACGGTGCCTCATCTCTTGTGGTTTTTGTAGAAAAACGCGCTGCCCCGCTCAGCCGT
TGATCGGGATCGAGCGCCCTGCTGGGGCTACTGGCCTCGCCTTTCCATCGTATCGTGAGCAGCCGTTCTTGA
GCGGCCCTGATCGTGTCTGTTGGCATCGGCCGCGAGTTTCAGAGCGCTGAAAGCTGCGCTAGGAGCGCTCCACCCG
ATGGAACCGCCGCTTCTTCTGTTTCTGCTCCTGACGCTTTTACCAGCGCACAGCAGCATCGTGTGTCGAGCGTATCT
GGATGTCTTTTTCTCGATGCCGGTACTTCCAGGGCGATCTTGTACTGCTTGTGCGTCTCCTGGATGTCCAGCGCCGGC
TTCAGCATGCCCGGCCAGTCCGACGGCCAGCGTGGCATGGCCAGCGTGGGAAAACCGAAGCCTCGAAAACGCGTCTCGAA
CAGGCGGTGATCTCGCGATGCAATTGCAGGATGGGACTGACGGGCCACCCGCCACCGGCAGGTGATTCGCTGCACCCG
GGAGCGAGGAGTGTCTGTTGTTCTTCTGCTCCTTCTTGAACCAGTTCAGGGAGCCAATTTCTTGAATCAATGTCC
ATGTCACACCTCCAGAAGAAAAATTGAAGACTCTCGCTCACTCCGTTTGCCTGCGGCGACGGACAGCGCGCCAGACGAC
ACGGAGTGTTCGCTGACTTTGGCTGCTCATCTGTGCGTATCACCTCCTTCTTCTGCTGCTTGGATCTGATCATTGAT
CCATCGATCGATTTCACTTTGACGAAACCGCCACGTCCCGCCGACCTTGAAGGCCGAATCTCCCCGTGCGAGGCGAGCC
GGTAAAGCGTCCGCTTGGCGACTTTCAAGTAGGCAGCCAACTCGTCGAGTGTGAAGATCGCTGCTGGCGCGCTGTCATA
CCACCCCAACAAGTTCGTCGTCACGCGGCCTCGCCTGAGGAAGTCTTGAAGACTTTGCAAGATATTGCGCCTAACAT
GCCGAAAGTCAAGAGTCAACATCCAGCGATCTGCTGGCCGATTGATGTGACTCAATCGTAAGCAGCCAGGAAACAAATGT
TGGCTGCCACCGCGATGGTGTCTCCCAAGTCATCAATCTGCAGCCATGTGAAAGGGGAAGTCCATGAACGAGATTGCCCG
AGTCCGGGTGGATCTGGCCAAGCGGGTTATCTAGGTGCATGCGGTGGATGCGCGCGTGGTGGTTGCCAAGGCGCTGGCCG
CTGACAAGTTTGCGGCCTGGTGCGCGGAGCTGCCTCCCGGCTGCCTGGTGGCCCTGGAGGCTGCGGCGGTGCGCATCAC
TGGGACCGCAAGCTGCGCGGCTATGGGCTGGATGCGCGGCTGATTGCAGGCCACTTCGTCACGCCCTACCGCATGGCCGG
CAAGGACGCAAGAAGCGGTGCGGCCGATGCCGACGCACTGCGAGGCGGCAACCCGCCGCACATGCGCTTCTGTGCCG
TGAAGCCCGCCGCGCAGCGCTGCTGGCCAGCCATCAGTACGCAAACTCCCGATTCCTCAGCAGCTTATTCCTGCT
TGCCTAGGGACGACCATGTAAGCGGCAGATGGTGGAGTCTTTCGACCAGCAGCTACGCGAGCAGCCCGGAGGTGGGG
ATGCCCTTGGCGATGATCTCCGCCGGGACCGGCGCCTGGGTGAGCGTTCGGCACCTATGCGCAGGTCCACTTGGCCGGGA

TGTGGCACTCGACCGTGAACACGCCCGGGCTGTAGTCCAGCTTCTCGCTGATGCGCTTGAGCGCACAGCCGCACGCGCAG
CGGGTGTCTCGGGCTCGTGGTGGCAGTCCACGCGCGGAGGTCCGCCGGCAAGGCGGTGCGCTTAGGCATCGCGCCAGG
CGTAGCCGGCGGGCTTCTTCTTCCAGCAGTTCCTAGAGCTGCGCCTCAGCCGCGGCAAGGTCGGCGTCCAGAGCCTCGT
CGAACAGCGCGCGTGTTCGGCATCGAGCTGCTCGCTTCTTGCCGAACTTCAGGCGTCGCAGCTGGGCGATCTCGAAC
GAGAGCTTCGCCGTAGGCGCTGACATGGGCGAAAAGCATCCGAGCATCACCCCCAGGATGGCTCTCATCTCGATACAGA
GGTGAATCCTCCGCACTATTCGGCTCCCTACGATGATATGGACTGATCACATCGGTAGGGAGAAAAGCATGAACTTACGCC
ATCTTCGCTGCTTCATCGCCGTAGCCGAGGAACTGCACTTCGGCCGGGCTGCTCGACGGCTGCACATCGAACAGTCTCCA
CTGTGCGCACGATCCGCCAGATGGAGGCGGATTTAGGGGTGCCGCTGCTCAACCGCTTGCCACGCAGTGTTCGTCTCAC
ACCGGCGGGACAGGTCTTCTCGAAGAAGCCCGCGCGTACTGCTGGCCTTCGAGCAAGCGCAGACCAAGGCACGCGCG
CAGCGAACCAGCGGAACACGCTGCGCATCGCACTATCTGGTGACATGGGCGAGGCCCGCTGTCGGCGTGTGCTTGCCTT
TGCCCGGAGGAGGCACCACAGGTTCGGCATTCGGATATTTGAAACGCCACTGGCGCAGTTGGTGACTGGACTGCGCAACGA
CTTGATGACGCAGGTTTTGCAATTGGCTGGTGAATGGACGCCGGCATCGTCGCCATGCCGGTGTGGCGAGACCCGCTGG
TGGTGGCTTTGCCCGCCAGGCATCCGCTGCTGGCTTTCAAGGAAAGTGGCGCTGGAGGAAAGTGGCGAGCTATCCGCTGGT
CTGTGCGATCCCCAGGTTCGGAAGGTTGCAGCCGGCAGCGCAACGGCTGCTCCGCACGGTGGATGCGCAGCCGACGGT
AGCCGAGTACGTCAAGACCCATTCCCTGATGCTGGCTCTCGTGGCCGCCGGTACGGCGTGGGCTTTTCGAGCGCGGCGC
ATCTGGCGGGTGGCCATCAGGCCGATGTCGTGCTGCGGCCGCTGGCCGACGAGACCGCTTCGCTGACGACCTATCTACTG
CGACCCGAAGGCGAAATCATGGAGCCGCTGCGGCAGTTCATCGACCCGCTGGAGCGTGTGCGACGCCCGCAAGGCACCGA
TCAACGCCCGATGTGACGCGGGGATTTTGGACGGTACGATTCCTTTTCGGTCTGGACCTTGACCCGCATTGCATCGGCGG
CCGACCTTTTGCCTCACGGGCATGGATGGCGAATCGGGCCTATCCACCCGGCATCAAGCAAGGCACCTTCAAGCTGTGCA
GGTCACAGCAGTGACGCAGAACGCATGAGCCCTTGTGATGCAAACCGGCTCAGCCGGAAGTCGCATTGGCGCTTTACC
CCGCCCGTATTCTACGAAAACCTTTGCCCTGGTTTTCCGGTAAAGCGCGGCATCCCTTCTGATCGAACTTGGATGCGCG
GCTTTTCAGACCGTTGCGCCGGTAAACAAGATTTTTTCGAGGTGCATTATGGTTGAGGTGTAGCGGGCACCGCAAGGAGGT
TTGCCCCCTGCGTAAACGCTCGGCGACATCGCCGACCCAACGTCACCACGATGCCGACCGGCTCGCGCTTCATCGGGTT
CTTTGGGCAATCGCTGCGCCCATGTGGGCCGCGCGCGCTTGGCATGTGTGATCCGACGATGGGAAGAGCGCGATATGCC
GAAATCGAGCAGCCACGCCTTTGGCGCAAAGACGTAACCGACCGATCGAGGCGGCCGCTCCGCTGGTGGTCTCCTGC
GCTTCGAGCAGCTATTTCGGAAGCGCTGGAGCAGTGCATGCGCAATTCGCCCGTGGCAAGCCCGCAATCCCGCTGGCCGCTGCTG
CGCTGTATGCCGAGCGCATCTTCGACGCGCTGACGCATGGCGAATTCGCCCGTGGCAAGCCCGCATCGTGTGGACTC
GCAGCGGCCGCGCTCGACGACCCCGAGTTGACCGTGCACCAGTGGACTTGAAAGCGTGGATGTCGCAAGTTCTACCCCG
GCGATCGGCCCGGGTTTTTTGTTTTGACGGCATCGAACGCGCGGTGCATCCGGCGGTGAGCGTGGACACGCTCAACATTTCTG
CTGGCCGATCGCGAAGCAGCGAAGTCGCAACTTGCCGAACTTGCCCTGGTGCATGAAAACGCTGCGCACCGCGCACGAAGC
ACTGGCGAAGGAACATGCCACGCGCGCGGCCAACGACGAACAGGCGCGGAGCCTGGCCTGCGCAGCGAGACGACTTACC
TCAACATCATCGGCGGACTGCTGACGCTGCTGCTGGGCAATTCGCCGTAGGCGCGGCCTATTCGTCGTTCCGACGATG
GATGCCGTGGTTCAGCGCGCTGATCGCACACCATGAGGGGCGGCCGGTCTCAGCGAGCGGACGCTGTGGAGCAAGCTCGC
GCAGGCGCGGCCACCTGGAGGCGTTCGCGCTGACGACGCGGCCAGCATGATGCCGATGCGGCGCACTGCAATTGCAGTC
GCTGCTTCTGCAATTGCAGTGATTTTCGGCGACCGCGGTGTATTGAATACGAGGCACTTTCGAAACAGCGCCAGTGAGCGT
CAAGGAGTGTCTCTCATGTCTTCGACAGACCACCGCGCCGCGAGTGCAGGCGGAGCACCGCATCTGCGTTCGCGCCGAAGT
CGAGGCCAAAACCGGCTTCAAGCGCGCGCACATCTACAGCCTGATGAAAGAAGGCAAGTTCCCAAGGCGCTGCGCTTGG
GCGTTCGCGCCGCTGGGCTGGGACTCGGCGGAGGTTCGAGCAATGGATCGCCGATCGCCTCGATGAGCGCGCCTGACGCTTT
TCCTCGGTACATGCCATTC AACCGGGAGAGGCCCATGCAGGTGGTGTCCATCATTTTCGACCAAGGGCGGCGTCCGGCAAGA
CCACGACGGCGGCAACCTGGGCGGCTTCGACGCCGACACCGGGCTGCGCGTGTGCTGCTGGACCTGGACGTGCAGCCC
ACGCTGTGAGCTACTTCACGCTGGCCGAGCGCGCGCCGGCCGGCATCTACGAGATGCTGGCCTACAACGAGCAGCGCGC
CGAGCAACTGGTGTTCGCGCACCCGCGATCGAGCGGCTTGACCTGGTGTCTTCGAACGACGACCGCGGCGAGCTGAACACGC
TGCTGCTGACGCGCCCGATGGCAGATTGCGGCTGCGCCACCTGCTGCCACGCTGGCGCCGACTACGACCTGCTGCTG
ATCGACACCCAGGCGCGCGAGCTGCTGGAGATGGCGGCTGCTGGCCTCGAATTCGGCGCTTTTCGCCGCTGACGCGC
GGAATCCTTCGCGCGCGCGAGCTGCGGCGCGCACGCTGCAACTCATCGAGGACATCGCGCGTACCCGCTGACCCACCTCGGCA
TCGAGCCGCGCGCTGCACCTGCTCATCAACCGGTGCATCCGGTGTGCTCGAATGCGCGGCTGATCCAGCAGGCGCTG
CGTCAGGTATTCCAGGAGCAGCCTGGCGTGCAGTGTGGACACCGACGTGCCGGCGATTGAAGCCTATCCGCGCGCCGC
GACGCGGACTGCCGGTGCATCGGGTGAATAACCGCCAGCCGGCGGGCCGACGGCACCTGCCGATTTGGAGACCATGC
GCGCGCTGGCCGGCGAGCTGTTCCCGGCGTGGCAGGAGCGCTTTGCGCTCGTACCAGGCGGAGGCGACGCGGGAGGGCC
GGCCATGGCCAGCGCACATAACCTGGCCCGCGCCACAAGCGGCTGCGAGGGCTGATCGAGTTTCGCCCTGGGAGAAGGTT
GGAAGGTGGTGCACCCGCGGCGGGCACCTGCTGTTACGAAGCAAGGCTGCGCGCGATCTACACCAGCTCGACGGCG
AGCGACCACCGCGCGGAGCGCAACGCCCGTGCAGCTTCGCCGCGCCGACCGACAGGCGCAGGAGAATGGCCGTGGCTG
AGCTGACGCGCAGGACATGGCTGCCAAGCTGCTGGCCACCGGCTTCGAGCGCAGCGGCCCTTCGCGCCGACCTTGAGC
GACCCCATCGCCGACACCGCGATGGTGGTGCAGCTGGACCAGTTGCGGCCCTACGACCACGACCACCGCTGACGCGCAA
CCCGGCCTATGCGGAGATCAAGGCGTCCATCCGCGAACGTGGGCTGGACGCGCCCCCGCATCACGCGCAGGCCGGGGC
AGGCGCACTACATTATTCGCAACGGCGGCAACACGCGGCTGGCGATCCTGCGCGAGTTGTGGAGCGAGACCAAGGAGGAA
CGCTTCTTCCGCAATTGCGTGCCTGTTCCGCCCGTGGCCGGCGCGCGGCAAAATCGTGGCGCTGACCGGGCATCTGGCCGA
GAACGAGCTGCGCGGCGGCTGACCTTCATCGAGCGGGCTTGGGCATCGAGAAGGCGCGGAGTTCTACGAGCAGGAAA
GCGGCCAGGCGCTGTGCGAAAGCGAACTCGCGCGGCGACTGACGGCCGACGGCTATCCGGTGCAGCAGTACACATCAGC
CGCATGAACGATGCGGTGCGCTATCTGCTGCCGCGCATCCCGACGCTGTTGTACGGCGGATTTGGCCGGCATCAGGTGGA
CCGGCTCGCAGTGTGCGCAAGGCGTGCAGCGCACCTGGGAGCGGCGCTGGGCGGCGGCTGACCGTGGACTTCCG
CTTCGCTGTTTTCAGGATGTGCTGTGCGAGTTGCACACGCGAGGGCTTCTCGCCCCAGCGGCTGCAGGACGAACTG
GTGGGTGAGATGGCCGAGCTGCTGGAAGCGGACTACGACACGCTGGCATTGGAGGTTCGATGACAGCGAAAGCCGTCAGCG

AGTATTGACCAGCGAGCCGGCCGCGCCGAACCCGGCAACGCCTGTGCGACCTGCGGCGCCAGCCATCACGCCGCAACTGT
CGCCCGCGGCGCCAACGCCACGGGACACCTCGCCCGTTCGCGCCACCCGGCAGAGACACCCCTCGGCACCACCTGCCGCTGCA
CCAAACGCCCGGGACGGGCAGCGCGACGAGCGCCTGCAGGGGCACATCGTGACGCCGGCCCAACCACCGAGCGCCTGCA
GTCCATCCAGCGGATGGTTCGCGGATCAGCTCGGCGACAAGCTACCCGACTTCGAGGCAGATGCGCTGCGTGCGATCCCGG
TGCAGGTTGGCGGGCTCTTTCCCATCTCGGATGTCTGGTACATCGAGCCGGGCTGGACGTGCCGGATCGCCTGCGCGTG
CATATCTCGCAGTTCGCTCGCGAGATCGCGGGGAAGCGGCGGTGGGCGACCACATCGAAGCCAGCGATGGCGGCATCGG
CTTCGTCTGCGTGACGCCGGCCGTGGGCCAGGCGAAGGCGCTCCCGCGTTCGCGCGTGCGATGCTGACCCTGCTGCACG
CGCTGAGCACCCGCCCGCACCCGCGACCCGGCTGGACAGCGCGCGCTGGCCGATGACCTTGGGCCGCTGCTGCATGGT
CACGGCGGCTTGGTCACGCGCCTGAGCGATGCCGGCTGGTAAAGCTGTTCGCTGCTGCGCCTGGCGCGTCCGGCTCGGCT
GGATCTGGAAGCCGGCGTAGCGAGCCAGGATTCTGAGCGCAGGAGGCTCCCGTATGTCGGCACCCGCCACCCGCTCAACCA
GGCCGTGATCGCCAGGCCCTGCATGACCTGCGCAACGGCCAGTTGCGCCGCTGCAAGGCCATGGGCTTCGGTGAGGAGG
AGCTGGATGCGCTGAAGCACCCAGAACTCGTGAGCATGCTGGTGAATGCCACGGTGTGCTGGTGTTCGGTGTCGGTGAAC
CGGGAAGTGTGAAGCGGCTGCTGAGCCAGGTGCACGACGTGGAGCGGGAGATCGCCACGGTGGACCGCATGCTGCGCCT
GGGGCGAGCACGGAGATGGTCAGCAAGTTCTACGGCCTCACGCATCAGGAAGTGGCGCTGCGCCGCGACATCCTCGGGC
TGCCCAAGCGTAAGGGTCGGCATCCGGTGTGACGAGGCGCAGGACGTGGCCCTGTGGGAACGCTGGAAGGCCGGC
ACGGAGCGGCACATCGCACTGAACGACGACATGGCGATGCTGGCGTGACCATGGACCTGGCCGAGGCCATGACCCTGCC
CATGTCCGTGATCTGGTCGGCGATACGGAAGTGGTTCGACCGGGCTGGTGTAGGTTCATGACGACGGGCGACGCTCCAC
GGCGTGATGGCCCGTTGCGCTGTGCGCGTTGTTGACGAGGCGCTGCGGCACCTTGAGCCGAAGGAACCGGCGCAGGGC
ACGGCGCCGAGCCAGGACGGCTTTCTCTACAGCGCAACCCGGCAGGAGCGTGCCCGCGCGTGTGTTCTTCGACCGGCG
CCTGACGCCGCTGGAGCGCAATGCCTGGCAGGTGTTCCGCCTGCAGCTCAACGACGACGGCGTGACCGCCCTTTCCACCT
ACGACCAGCTCCGCCCATATCTGGCGTCCATGCCCTGTGCGGCGCAAGCCTCGCACGAGACCGTGGCGCGCGCCTTGACG
CTGCTGCGGCTGACGCGCTGGCTCAGCCTGGTTCGCGGCGGGCGCGATCCCAAGACCGGCCGTATCCAAGGCAACCTCTA
CGTGCTGCACGACGAACCGCTGTACCCCTTCGAGGCGATGCAGCTGCACCCGGACTACCTGGGCTGGTGAGCCAGGCGC
TCACGCACGCGGCGAAGGCGGTGCAGGTTCGTTGGGATGAACACGCTGCGGGAGATCGCCGAAGACCCGCTGCTCAGCGG
CGCAGCTGCCGACCCGCTCTGCAAGTGTGGCGCAGCGCATGGCGCGGCATGGCTGGACGACGCCAGGTTATCCACAGGA
GGTGGCGGACCAAGTCCGAAGAAGGCCAGGAAGCCCTTCTTCGGAATGCTGCGCGCCGCTTCGGAATCCGAAGCAG
GACCGAAACCCCGCCGCGGCTCTCTTTGGATTCCGAAGGAGGACCGTACAGTACGTAATGATCGTATAAATGAAGTA
CGTACAGTACCGCGCGGAGGGCCTTGCAAGACTGCGGCTGCCCGAGCGTTCCTGCGCTTGAAGGACGACGAGCAGGCG
CGGCGCGCTGGTGGCGCTGCAGCAGGTGGACGAGGCGCAGAGGCGAGGCGGCTTCTCGACGAGTGGGCGGCACGCTGCCACA
ACAGCGCGGTACGCAACCCGGCCGGCTACCTGTTTGGCATCATCCAGAAGGCGATCCGCGGGGAGTTCAAGGCCCTGGGCC
GGAGAAAGTGCATCGACGCGCCAGCGCCCCCGTACCTGCGCCCTCGTCACCGCCAGCATCCCGTTCGCGCTGATCCCGA
GGTGGCACGTGCCTACCTGGCTCAGCTCCGAGAAGCCTTTCGCTGATCGCTGATGTTGACTATCCCCAGGGGATAGCTGGA
ACAAACACCCTTCCGCCGTGCTCGATTGCTGCCCGCCGAACGACAGGCGAAACTGTGCGCTGTGAATCAAACGAGGACAG
CCACGCACGAGCCCGGCCAACGATGGATATGACGACTTTCCCGTCAAAACGCACTGCAACCCTACAGCCAGACGTTTC
AGCGCTTGCTGGGCGAGATGCCTGTTGCGCCTTCAACAATACGAGCGCCTCATGAAAGCCATCGTGGCCACCACGAGATT
TCAGGCCCGGCGCATTCGCTGGAGGCCATTCGCGCAGCGCGGATTGAAGATGCCCGCAGCAAGACCCCTGGGCACGTTGAT
CGGACAACCTGTTTGGTTTCGATGTCGTCACCGATGGAAATGGCGGCGAGGAACGCGACGACGATCTTCCCGGCGACGTA
TCTCCTTTTCGACGCGCGTGCAACTGAGCCTGTCTGCGCAGGACTACGCCAAGACCCAGGCCGACCTCAAAGACCTGGTA
TCGCTGCGCAACACACTGGTGCACCACTTCATCGACCAGCACGATCTATGGACCGTGGACGGGTGCCGCGCTGCACAGGA
CGAACTCGGTTCCGCTACACGCGCATCGATCAGCACTTCGAGCAGTTGCGCGGCTGGGCCGAGCACATGGATCAGGCGC
GGCGCCTGGCAGCGGAATTCGTCCACTCGGATGTGTTCCACGACCTGGTGGTCAATGGCATCGCGCCGGACGGCACGGTG
GACTGGCCGGCCCGGCATCGTTTCGTGCGTACGCGAGGCGCCGCGCAGTTGGCCGTCGAGGGCTGGACACCGATCGC
CGCCGCTGGCCGCTGGATCGCGGACCGGCATCCCGGAGCAGCTTCAGCAATTCAGGCTGCAGCAGTTGGCGGCAGTGG
TGACAGAGTGGCCGATGTTTCGAGCTTCGCTACCGTTCGAGTGGAGGGCAACGGCCGCTGTTACAGACCTCGCGAGGCA
TAGCCCCGCGACGCGGTCTCACCTCCGCGCGAGTTCGCGAACGACTCCGCCGAGCTATCCCCAGGGGATAGCCGGCACACA
CAGCCTTCCGCGCAGAACAACCCGGGCGCGCATGGGCTGCGGTTTGTGACTGACAGCCTTCCGGCCGATGCCGATACTG
GCGACTCGCCCTTACCGCGAGTTCGCTCTCATGGCCAACGAACGCACAGAACCCTGCAACTGAATCTCGGATCGCTGC
GCAGCGGATGTCGCTGACGCTGCACACGACACCGCTTCGCGCATCTGGCACGGCCGTGCGCCGACCGAGGGGCGCCCC
GGCATCATCGGTCTCAACGGCTTCATCGGCGCCATGAACAAGATGAAGCGCGGCGCGGAGCAGGACGACCCGTACTCGGA
CTCGTGATGTTGCGGATCGAGGACAAGCTCGCCGACACCAAGACCCGCTTCGAGACCTGCGCGAACAGGTGGATCAGG
CCTTGGCCGACGTGCCAGCGGCGCTGTCCCTGGGCGAGAACATGAACGTGCAGCCGGTGAAGCTGCCGCTGTTTCGTGAAC
GCCCAGCTCGGTTTCATGGCGGTGTATCTGCTGGCCGACTACGACGACCTGGCACGCAAGCTCATCTGGCGCACCACAC
GGCGCTGATCGACCGCAGCACCTTGGAGCGCTGGCTCAATGATGGTGCACGCGCTGCGCAGCCTGTTCTCGCTGGCC
AGCAGTACCGCTACTCGGGCAGCAGCGCGGACGACTTCGCGGCGAAGAACCGGCGGCGGAGCGGCGCTGGAGAAGTTC
GGCGAGTTGCCGAGGACGTGCTGGAAGGCACGCGCCGCTCGCGCTTCGCGCCACCCATCGCGCGGCGGTCGAACAAGCC
CGGCACGCCGCTGCTGCGCCTGCCATCGTGCCCGATGCGCAGGCTCCACCGGTGGCGCAGCCGATGGTGGCGGGGCG
ATGAGGGTGTGGCGCATGACAGCATCGCCCCCTATCAGCCACTCCACGCGCTTCGTGGCGCTGGAACAGGCGGACTTCC
AGCGGTGGAACACGCAGGCTACCTAAAAGGCCTTTTACAGCCTTTTAAAGGGTAAGGGGAGTCTGGAGACCTGGGCCAGC
CAGTGCAGCGCTGCGCGACGACGATGATTGGCTGGCGCAGCGGCGCGTGTGCCCCAGGCGCGCCTATCCATTCAG
TCTGCTCGACGTGCAACTGGCCAGCAGGCTTCGCGCAGGACGACCTTCTGCGCTGGCGCAACCTCGACCGTTCTCT
CCATGGGCGTGGCGTTGTGGGAGGCCCTGTGGCCACCCCGCAGCGCCGCTGCTGATCGACGATCTGTACGCGATC
GAACTGCAGCGCATCGTGCTGAACATGCAGATCAGCCTGACCACAGCATCGCCCGCAAGCCCTGGAATGCGGCAACAA
GGCCGCGCAGGCCGAAGCGGCTTACCTGCGGCGGCTCCACGGGCATACCGCATCCGTTCCACCACCACCAAGGAGTCTC

CATGAGCACGCACTTCGTGCGCGAGGGCAACATCGGTTCTGCGCCGGACTACCGGAATTTCCGAACGGCAACGACGAGC
CACGCCGGCTGCTTCGCCTGAACGTCTACTTCGACAACCCGATCCCCGAAGAAGGACGGCGAGTACGAAGATCGCGGCGGC
TTCTGGGCGCCCCGTGGAGCTGTGGCACCCGCGACGCCGAGCACTGGAAGACGCTATAACCAGAAAAGGCATGCGGGTGTGGT
CGAGGGCCGCACCGTGCAGCGACGAATGGGAGGACGCCGACGAGAACGAGCGCGTGACGTTCAAGGTCGAGGCGCGGCGCG
TGGGCATCCTGCCGTACCGCATCGATTCCGGTGGCGCTCAGCACCAAGCCGGCCGGCGGACAGTAATTCGCCCCATCGCCGT
TCCCCGAGGGGCGACTGTAGCAACCGTCATACGCCCGCGATGCACCAGCGAGCTATCCCAAGGGGATAGCTCCAAGGTCG
TCCACGGAGTTCAGCCGCCCTCCCGAAACGACGCTCTTGCTGTGCCAGCTCCTACGATCTATGCACACCCTGCGGCAA
CGAACCCCTGCCGATCACAAAGCGGTGTCTGCATCAATCGACTTCCTTGCTGCCGGCATCTCTGGCCCCGCCAAGCTG
ACGCCCATCCGATGAACCCGCACATTTCCAAGGAGGCTTCATGCGCCTTTTCTGTGCGAGAAGCCGTCCCAGGGCAAGGA
CATCGCCCGTGTGCTGGGTGCCGGTCAACGCGGCAACGGCTGTACAGCGCGGGTGTCTGCTGACCTGGTGCATCG
GTCATCTGGTAGAGGCGGTTCCGCCCCAAGGCTACGGCGAGCAATACAAGCGCTGGGCCATCGAGCAACTGCCCATTTCTT
CCTGAGCGTTGGCGTGTGAGCCCAAGGCGGCGACCGCAGCGCAATTCAGGTCGTGCAGCAGCTCGTCGCCAAGGCGGG
CGAGCTGGTGATAGCGACCGACGCCGACCGCGAGGGCGAGATGATCGCCCCGAGATCATCGACCTGTGCGGCTACCGCG
GGCCGATTAGCGCCTGTGGCTGTGCGGCTCAACGATGCGTCGATCCGCAAAGCGCTGGGTGCGCTCAAGCCGTCCGCC
GAGACGCTGCCGCTGTATTTCTCCGCACTCGCCCCGATCGCGCGCCGACTGGCTGATCGGCATGAACCTGAGCCGGCTGTT
TACGCTTCTAGGTGCGCAGGCGGGCTACACCGCGTGTGTGCTGGGGCGCGTGCAGACGCCGACGCTGAAGTTGGTGC
TGGATCGTGATCGCGAGATCGCGCGATTCTGCTCCATGCCGATTGGGCGCGTGGATGTGCTGCTATCCATGCCGCGCG
TCCTTACC CGGAGCTGGATAACCGCCCCAAGGCAGCACGGATGCAGCGGGTCTGCTGCCCTCAGCAGCCGTGGCGCAGCA
GGCTGCGGATCGCATTGCGCGGCGACGCGATGCGCAGGTGCTGTGCGGTGGACACCGAGCGCGTGCAGGACCGCCGC
TGCCATTGATCTGGGCACCTTGCAGGAAGTGTGTTGCGCTCAGCTCGGCCCTCGATGTGCAGGAGACGCTGGACATCGCG
CAGGCGCTGTACGAGACGCACAAGGCGACGACCTATCCGCGCAGCGACTCGGGATATCTGCCCGAAAGCATGCTCGCGGA
AGTGCCGGCGGTGCTCGATGCACTGCTCGCCACCGATCCCAGCCTGCGGCCCTTGATCGGCCAGCTCGACCGCAACCAGC
GTTGCGCGCCTGGAACGACGGCAAGGTGTGCGCTCACCACGGCATCATCCCGACGCTGGAGCCCGCAACCTGTGCGCC
ATGAACGAGAAGGAAGTGGCCGTCTACCGGCTGATCCGCGCTCATTACCTCGCGCAGTTCTTCCCGCACCATGAGTTTGA
CCGGACGGTAGCGCAGTTCTCGTGCAGCAGTGCAGTGCAGTGGCGCCCGTGGGCAAGCAGATCGCCGTACCAGGCTGGCGCG
AGGTGCTGGCAGCGCCGGGCGGACGATCCGACCGGAGGATGCGCAGCGCAGCAGGTCGTCGCGGCGCTGCGCGGCTGCG
GGCTGTCTGCCCCGTGCGCAAGGTGGATCTCAAGGCGCTGAAGACGCTGCCCGCCAGCCCTACACCGCTGCGCGGAGCT
GATCAAGGCCATGAAGACTGTGCGCAAGTTCTGTGACCGACCCGCGGCTGAAACAGAAGCTGCGAGATAACACCGGCATCG
GCACCGAGGCGACACGCGCAACATCATCAACGGTCTGATCGGTGCGGCTACCTGGTCAAGAAAGGCCGCGCCGTCCGC
GCTTCCGACGCGGCATTACGCTCATCGACGCGGTGCCCTTGGCCATCGCCGACCCCGGCACCACGGCGGTGTGGGAGCA
GGCGCTGGACATGATCGAGGCGGCGCAGATGGCGCTGGACACCTTCATCGAGAAGCAGTCCGTGTGGGTGCGCCAGCTCG
TGCAGCAGTACCGCGGCGCAACGCTCTCGCTCAAGCTGCCCGCGCGCCGGCTGCCCGCAGTGCAGGCGCACCGATGCAG
CAGCGCACGGGCAAGAGCGGCGCGTCTGGTCTGTTGCGCTACCCGACTGCAAGGGCACGTTGCCGATCGAGTCCCC
GACGGGCGGCGCAGCGCACCGCGCAAGCGGCGCGCTGCCCTCAAGGCGTCTGATCTCGCTTCCCCCTGCCGCGCCGG
CCACTTCACTGGCGGCGAGGCAACGTCGCCGACCGCGCGGGACTCCAAAGCGCGCGTCTCTTCTGCAACGGTGTGCGC
GCCCCGTCTGCCCGCCGTGCGGCGACGGGGCGAGAAGGTCATTGCTCCACGAATCGCGCCCGCCGCATTTCCCTTGATCG
GTGTGCTTGCCTCGGTACGAGGGGCTTCTGACGCTTGGCCCGCGCGAGCCGTGAGGAGGCCCTTGGGCGGAGGG
TATTCGGTGCCTGCGGTCACGAGGGGCTTCTGACGCTTGGCCCGCGCGAGCCGTGAGGAGGCCCTTGGGCGGAGGG
ACGAAACGGGCGGGTGCATTGCTGACGCAGCGAACGGCTTTGACGACGGCCTGCGCTGACGCAGCCACAGGTGGTTTT
TCCATTCTTTCAGCCGAAGGCCCGTGTGGCCTTCGGCGCCCTGGTCTTTGCCTTGTCCCGTGCAGCGGGCCATTGCCCT
AAAGCGGGCCGTCCGCGATTTCGGTTTTTCCCTGCGACGGCAGCCATGCTTCGCGCCCATCTCACGCCATGCGTTGCTGAC
AGTCGTGACGGCATGCCCTGGCAGTCTCGGTCTTCAAGACTGCAACGCGGTTCGCCGCTGCAGCCATCCAGTCCGCTT
CGCATCGCCACCGCGACGCTCGCCGGCTGGCGAGCATGCTATTTCTCAACCACCGAGGGGAACCCATCCCCCTGCG
GGGATCGCTGCTCCCCGACCCACCAAGGAGCAGCGCATGTCTGAACCTCCGCACTCTCTGCAACCGCAGTGCAGCAG
TGGTGCCTGGCGCTGACCTGGACCGGCAAGCGTTTTGCCGCTACAGGTGCTGCGCAGCGCGGCCACTACATCGGCA
CACAAGACGACGAAGGACCGGTATCGCGGGAGTCCGTGAGTATTTCCCGACCCACCTCGCAGCACAGCGCGCCCTGGAT
ACCCATGCCTGGACACAGCGCGCTCACCCCTGATTCCCACCTTCAAGGAGTTCTCTCATGAATCTGTCTTTACCCGAAG
ACGTGCTCGATCAGATGGCGCTGGAACAGGCGCACTTCGACGCTGCACCGCAGGCTTCTTCGAGGCTGGAAGCGCGGC
GCGCAGATCGCCGGCCACGAGTGGTTGCGGCGACGGCACACGCAAGGTCGACGCTGCCACCACCAAGTGGGACCTGCG
GCCAACATGCTGATGCTCAACGACGCCCTGGGCGTGTGAGCAGCGGTCAACGCATGTTCTGTCCGCGATGGTGAAGT
TCTACAACCTCCCGCGAGGGCGGCGCGATGCTCAAGCGTTGCGGCTTCGAGGGGCTGTCCGACTTCGGCGGCTCGATCTG
GAACGGCGCCAGGTTCATGCTGACCTCACGCTGCACTACAACGGCTGGTGAGCCGCGCTGGCAACCCACCGTCTTTTCA
TCCCACCCACGAGGGACATGCGTCTCGTTCCGGGGCCATGTCCCTCTCTTTTCGAGGAGCGGCCATGTCCCGAATC
ACCATCTTCCACTGACCTGCACCGCCCGCCACCAGGGCGGCCCCGACGCCGCGGCCGGCTGACCGGTTGCCACTTCATCCA
CTCGCTGGGGTTCAATCCCCGGCAGGGGATTGCCCTCGGCCATCTCTGCTGGAGGAATCCCATGTCCCATTCCAACAATC
CCTTCGCCCCGCGGTACGATGGCCTGTCCGTGCGAGCGGCTGCTGGCGATTTCCTACGACGACGACTGCCCGCTGAGCTAC
CTGCCGCTGCAGTCTCGCAGTGCACCTGCCGGACAGCCAGGTCGAGCGCCATGCCTGCGTCTTCTGCGACGACTTCGC
GCTGATCACCGAGGGCCAGAAGCTGCCGCCCCGAGCTGGACGCGCAGTGCCCCAGCCACGGTATCGCCCCGAAACCTCGTCT
ACGCCGTTCATGGCCGAAGAAGCCGGCCAGCCGCTGCAGCTCGGCGATACTACTCCGAGGAAGCCGCGCGGAGGTGGTA
CGCCCTCTCGCTTCGAGACCGGGTTCTACAGCCGCTGCCTGGGAAATCAGTTCCGGCGACATACCAGGAGGCCGGTTCG
CTTCCCTCGCCGAACCTGGCGGACATCGCCACCGGAGCGGTTTTCTGTTGCTGGCCCTCCGATTCCTACAGCCCGCGG
TCGGCGTGAAGCTGATCGCCACGCCCTGGACGGATGCGAACCTGCAGCATGTCGAGGCGATCACCGCCGAAGAGCTGCGG
CAGGAGCACCGGGCCAAGGGCGTGCAGGAGTCCCTCGTGGAAGTGTGACCTGGCTGCGCTCGCCGACGTTTCGCATGTT

GGTGTTCGATGCCGACGCGCCAGTGTCTGGACGGGCTGACGCTCTACGACGACGAGTAACCCGCAACCCATTCGAGCCCC
ACGTCGGGGCTCTTCTTTTTTCGCGGAACGCGGTGCCGGCGCATTGCCGATTCCCAACGGACGGTCGCCGCCATGTGCCG
ACGCTGGCCGCATGTTTCGCTGGCGTTGCCGGCAGCATGCCAGGCAGTCGAGACCTTCAAGACTGCCGGCGCGGTTTCGCCG
TGCTGGTTGCTTCGTTCTCCGGGCGCACCCCGCTCCATCCACCTCACCTCAAGGGACAGACCTCCCTTGCGGGCGGGAG
TCCCTTGGTTGCCACAAGGAGTCTCCCATGGATACCCAAGCCATCCGCGCACAGATGCCGACGCTCGTTGTTCGGTTCATG
TGCCTTCCAACGTCCGTTTCGTTCAAATTC AACATCTTCGACGGCCAGCCCAAGGTTTCGACGCTGGGCTTTCACATCGAC
CCGAAGCCTTTCGAGGGCAAGGTCATCGCCACCACCGACGAGGCCATCGTCGTCAAGACGGGACGAGCCGAGTTTCGCGGT
GCTCGATCGCACGCTCGTGACCGAAGTCCCCGACGAGGGCGCCAAGGTCAGGTCGAACCCATATGTCAGACGCCGCTTCG
ACGGTCAGCGGGGACACGCTCCCGAGGAGCAGACCTGACCTACCAGGACGGCCAGCCATACACGGTGAAGCGGTTTCGTTG
CTCGGTTCCGACCCGGCGAAGTGTCCGATCCCCGAGCCGCGCTGCCCTTGTTCAGGAACTGGTTCGACCAACTGGAGCA
GTTGCCCGCTCCCGACGGTTTCCGGCGCGTCAACCACATGCTGGTGGATGCCGGCGCGGGGACATCACCTGGGTCGATC
CGCTGCCCGCCGACATCATCCGACGCGCCGGCCATCGGCTTACCCTGCGCCACGACGAAGTTCCAGGGTCGCGTACC
GTGCTGTATGAGCGTGGCCTCGACCTCTACGCGGTGGAGCTGACCCGCGACGGCGAGCTGGTTCGAACGGGTCGATGAGGT
GTTCTTCGACACCCTCGGCGAGACGCTGGAACGGCTGATCGACGACGGGAGTTGGCGGCGCATCCGCGTGCAGTGCCTGT
CGTGTCTGAAGGCTATCCGGCACTGATCTCACAGCAGCTTCCCGCCCTCGCGGGGAAAGCCTCTTTTCTGCCCCCTGG
AGATCACACCCATGACTGTTTCGATTCAAAGGCACGGAGCTGCGGCCCGTGTCTCGCCGAAGCGGTGGCGAATCAATGCCG
GTCATCCTGGTCAAGGATCAGGGCGTGTACTTCTGCGCGAGTGCGGCGAGCGCCGACCCGATGGTTCGCCAGAAGACCAT
CGCCTATGCCGCTGGCTGCAACCCGGATGTTCGATGCCTTCGATGACTGGTGGGAGCTGGCGCGCGCCGAGTTTCGGTGGCG
ACGACTTCCGGCGAGTTCTTCGATCCGACGAGGGCGTGTTCGCGCGCATCCTGCGCAGCGAGGACGACCTCGACGTGTCC
GCCTCCGCGACACACCTATCGCTGCAGGCGGTTCCCTCCACGCCCAGCGGTAAGTACCAGCCCATCCCTGGCCCCCGCTC
CGGGGGCCTCTTTCTTCCCGCAATGCGGACAGCCGCGAGTGCAGATTGCCGCTCGCTGCGCGCCGTCCCGGGCGCGACG
CTTCCGGCCATGTTCCGCTGACGTCCGTGACGACATGCCAGGCAGCCACGATCTTCAAGGCTGCGACGCGGTTCCGAC
CGTGTAGATCACCCAGTTTCGCACCGGCATCCATGCGCGAACGGCCATCGGTTCTCGATGGCGATGCCACCAAGCTGTTC
CTTCAACCCACGCGGGGGTTCCACACCTTCCCCGCTGGGTGGGTGTGTCTCCGCCTCATTTGTTCTCAGGAGATTACC
ATGACCACTTCCACCGCAAGTCCACTTTCGATTCACATCACCAGGCTCGGGTATCTCAATCGCATCCGCGAAGTGAA
AGCCAAGAAGGGGACGCTTCTTCCGCTGCGCATCGACATCGCGCCCTGAACCGGTTCCAGCGATGACGCTCTCGTACGTGCGTT
TCGACACGCGCGTATCGGGATCGGAAGCGCAGCACCTGCTGCGCCGCTGCATTACGGCGGTTCGACGCTCCGAGAGAAGGTG
ATGATCGGCTTCCGCTGGGCGACCTGTGGACCGACACCTTCACTACTCCAAGGGCAAGCGTGCCGGCGAGCGGGGT
GAGCCTCAAGGCCCGCCTGCTGTTTCGTCAGTTGGATCAAGGTCGACGGCAAGCTCGTCTACAAGGCCGAACCCAAGCCGA
CCGAGACCGACGAGCGGGACCCGGAAGTCCCTGTGACGTCCGACGCGCCCGCGCGCAGCAAGCCTCGGCACCGGAGCCT
TCCAAGCCCTCGCCGATGCTGCCGACGACGCTGCCGATGCCCCGCAATTGGCCGTTGCCGAGTCGTTCTGATCCGCAAG
GCCCCATCCCCGGGGCCTTGTCTTCTTCTTCGTGACGAGGACCTTCATGATCACCATCCCCGGCCAACTGGCCATCAAG
ACCATCCACGGCAGGAACGGCGACTTCAACGTGCGCCGCTGGCGACCTCGATCGGCGAGTTTCGTCGTGAAGAACGCCGA
GCTCGATCAGTACCGCGAGGGCAAGTACGACGGTGTATTTTCGTATCGTCGAGATTTCGCCCTCCACGTACAACGCCAAG
GCCGATGGTTCATCGAGATCCGCGCCCATCTGGGCGGGATGACGCTGTCCAACATCGACGCCCTAAGCCGCGACGAAGCC
CGCCGGCTGAGTCCGCGAGGAAGTTCGATCCGATCGACGAGGAAGCGCAGGCGCCCGTTCGGGCAACGCCCCCGCCAAAGCC
GAAGGCGAAGCCGCGCAGTCCGCGCGATCCCTGGTTCGATACCACGCGGTTTCGGCAGCGAACCAGGCTCCCGTGTCCGCTG
CGGCCTCGGCCGAGGACGACGCGCGGCTGTTTCGGTGCCTTGTGGCCCTGGGCGAGACCGTGAAGCTCGATGCGACC
GTGGATCGTGTGCTGCGTCAGCAGCGAGACCGTCTCGACAAGCTGGGCTACGAGTTTCGCTCCGTTGTCCAGGACTG
GCACCTCAAAGCTGCCTGATCCATCCGCGCCTTTCGCGGCATACCGCCGCCCGCGGGGTTCTCCCCGACGGGGAGGG
CTCCGGCCTTTTCTTCAAGGAGACCCTCATGGGCTGGACCTTCGTTTCGTGACGACGCGGATCAGATGATCCGCGAGCTGC
TCGCTCCGCGAGGCGTCCGAACGCGCTTGTGCGAAGTTCATCGACCACACGCTGGACGGCGACGTTCTGTGGACCGTGGTT
CGCGTACCGCCAGGCGAGGCGGGCTCATGGCCCTCGCGCCGCTGAGTCCATCTGCTACATCGGCTGCCATCTGCTGGA
AAGCGCGGGCCTCGAGTGGGGCTACAAGTCCCTCGATGAGTCCGTCCGTAATACTACTACTCTGCTGCCGCTGCGCTATC
TCGACATGGCGCCGGTGCAAAGCCCCGAGTGGCGCGAGCGGGTTACCAGCTTCCACGCGGGCCGCTGTCTAGCGGCAC
GCATCTTCTTACCACAACGGGGCGAGCATGGCCCCGCGGGCTGTGGTTGCTCCTTCATTTCCAAGAGGACATCACCAT
GCCTGCACCTTCTTCCACGAACCGCTGTACCGCATCGACGAATGCCCCGACCTCATGGCCGACGGTTGCGTCCGGTGACG
AGCAGGACAATCTCGTCTTTCTGTGATCTGGGCGCGGACACCCCGGTTTCAGGAGTTCTTCGCCCCGCTGACCCCTCAGC
CGGGATGAACAGGGACTGGATCAGTTCCACGTATCACCGAGCAGGGCGCATCCATCCCGGTTTCGTCGGCAACGTCGA
GAACCTAGAAAAGCGCATCACCCGCGCCTATCGGCGAACGCTGTTTCGGTTCGCTGACGAATGTGTGGCTGTTTCGATCGTC
GCTGCGTGAAGCCAGACAAGGCCAACGCCAGCGCGCTGGCGCTTCTGCCAGGGATTTCGCTCACCGGCTCGACCGGCTG
TGGACGCTGGTGCAGGACACCTGCCCGCTGCCACTGCTCGACCACTGGCGCGACACCGTGTGGAGCTGTTGCAGACAG
GCGGATGCTGACCGGTTCTCCCTTGGCCCTCGGGCCGCTGGAAGGGCATCGGCTGGCCCTCGATGTCCCGCGCTGACGA
AGGCGTTGGGCGAGCTGATCCGCAACGGCACCTTCGGCGCCACGAGTACGAAGTGGCCGCGAACGACCCGCTTCGGCGT
GTGGCGTGAGCCATCCAACGGGCATGCGCGCCGCGGCTGCCCGCTTCCCTCATCCATCATCAGGAGTAATCCATGGCA
CTCATGTTTCCGCGCCTGGCGCGCAATTTTCATCCGTAACGGCTACTTCCCCACCGACGAGCCGACGCTGGAGCGGGCCTT
GTCCGCACTGGCGCCGTTCTCCGGCTCCATGTCCATCCTCGATCCCTGCGCCGGCGAAGGCGTGGCGATTGCCGAAGCGG
CCCACGCCCTCGGGCGCGAGCAGGTCCAGGCCTTCGCCGTGAGTACGACGCCGAGCGGGCCCGCCACGCACGGCAACTG
GTCGATCGTGCATCCACGGCGACTTGTGACATGCTGATCTCGCGCCAGTCTTCGGGCTGTTGTGGCTGAACCCGCC
GTATGGCGACTGAGCAAGGACGTGAACGGCAACATCGGCTATCAGGGCCAAGGCGGTGCGCGGCTGAAAAGCTGTTCT
ATCAGCGCGCTGCCGCTGCTGAGTACGAGTACGGCGCGTGTGATCTTCGTCGCGCTCCTACGTGCTCGACGCGGAGCTG
GTCGGATGGCTGACGCGCACTTTCGCGACCTGCGCATCTACCGTTCGGTTCGAACGCGAGTTCAAGCAGGTTGGTGTATCTT
CGGTCGAGGATTTCGTCAACGCGACACAGGCATCGGATTCGGTCAAGGCCACCCGCGGTTGCTGCTGCAGATCGGACAGG

GCGACGCCGAAGCCGAGGAAGTGCCTGCGCTCGAATGGCCGTTCTGCGGTACACCGTCCCTGCCAGCCCGGCCGAGCCTGAG
CACTTCTATCGCGTGACGATGGAGCCCGAGCAGTTCCGCGATGAAGTCGGCCGGCTGCAAGGACTCTGGCCGGCGCTCGA
TACCCACCTGGGCGCCGCGCAGCAATCGCTGCGTCCGCCCCGCGCGGGCCTTGTCGACTGGCATCTCGCCCTGGCCTTG
CCGCAGGCGCGATCTCCGGCGTGGTGACGTCCAAGAGCGGGCGCGTGTCTGTCGTAAGGTGATACCCACAAGGAGAAG
ATGCTCCAGACGGAGTACACCGAGCGCGACGACGGCTCCGTGGCCGAGACCGGCATCTCACCAGCAAGTTTCGTGCCGGT
CATTTCGTGCATGGGACTTGACGCTGGGCTCGCCACGTGGGGCGAAGTGTGACTATCCGCTGATCGCTGTTCCCTGACG
GTTACCGTTCGCTTTCATCCACCCACCGGGTACGTTGCCCGATGGGGTGCCGTGGCCCCATCTTCAGAAGGAGATA
CCACCATGGCACTCGCAGTCTCAACCTCGCGTCCCAAGCAGCCTTTTCGCCCCGGCAGGTGGTTCATGACCGCCGGCGT
GACGAGTGGTCCGACAAGGCCGGCTCAACCCACGCGTACCTGCGCCGCAATCTTCATGGCGAATGGGGCGACCTGAG
CGACAGCGATCGGCGGAGAAGCAGCGCCGCGTGAAGTCCGCGGAGGATCGTCTGTTCGCTCCTACCAGTACGCGCG
ACCTGAAGCTCTGGATCATCACCGAATGGGATCGCAGCGTACGACGCTGCTGCTGCCAGCGAATACTGATCCGCATCC
AGCGGTCTCGCGCCGCTTTCATTCTTCCCACCCGGGGCATGTACCCGCCCCGTGGGGGAGGTGCATGCCCCATTTCTTTG
GAGCATCACCATGTCCATCGTTCTCGAAACCGTTCCCTTACCGCTGATGACCGCCTGTGCAGGGCGACCTGCTCGAAG
CGGCCGCTTACCCCTCAGCTCAGCCTGCAGGACTTCGTATCGGAGTTTCGGCGACGAAGTCTCGATTCGCTCAACCGC
GCCAATCTCCGGTCTACACCGGCCAGGTGCGGGTGCATCGGCAACTGATCTCGCCGCGCTCAAGCGCAAGCTGTTCC
GGCGAAGCCGATGTGGTCCATGCCGTACCGAGCTGTTGGTTCGATCGTGGCGAACCGCCGCGATCGTCAATGGCGAGA
TGGGCTGCGGCAAGACGACGGTGGGTATTGCCACCGCCCGCTACTCAATGCCGAAGGCTACCGCCGTACCTTGGTTCG
TCTCCGCCGCACCTGGTCTACAAGTGGCGGCGGAAATCCAGGAGACGGTGGCCGGCGCAAGTCTGGGTGCTCAATGG
CCCGGACACGCTGGTCAAGCTGCTGAAACTGCGCGAGCAGTTGGGCGTGCCGGCGCAGGGCCAGGAGTCTTCGTCCTGG
GCCGCGTGCGGATGCGGATGGGGTTCCACTGGAACCTGTCTTCGTTTCGCCGGCGCACGCTCACCAGCGACCTGGGGCC
TGCCAGATTGCGGGCATGTTCATCACCGACCTCGACGGCGAGCCGATCAACCCGGTTCGAACTCGAAGCCGAGGAGTCCCG
CCGCAAGTGCAGCCACTGCCGTGCACCGCTGTGGTTCGTTGATCCGTCCGAGAGGCTGTCCGCCAGCGACCAGTCTCGA
CCGTGCTCAAGGCACTGAAGCGTATTCCAACCATCGGGGAAGTACCCGCGCAGAAGTGCATGCAAAAAGTTCGGTGACGCC
TTCCTCGCGTCGATGCTCGGGGACAACATCCACGAGTTTCATCAACCTGATGGATGGCAACGGCGAGCTGGTCTTCTCGGA
CCGGCAAGCCCATCGCATGGAACGTGCGATGGCAACATGGAGTTTCGGCTTCGGCGAGGGCGGCTACCAGCCGTCCGAGT
TCATCAAGAGGCAGCTTCCCCAAGGCACGTTCCGACTGCTCATCGCCGACGAGGCGCATGAGTACAAGAACGGCGGTTCC
GCACAGGGCCAGCCATGGGGGTGTTGTTCGGCCAAGGCGCGCAAGACGCTGCTGCTCACCAGCAGCTGATGGGGCGGCTA
CGGGCAGACCTGTTCCACTGCTGTTCCGAGCCCTGCCGGGGCGGATGATCGAAGACGGCTACCGCCGAGCAAGAGCG
GCAGCATGACGTGCGCCGCGATGGCGTTCATGCGCGATCACGGTGTCTTGAAGGACATCTATTCCGAGAGCACTGGCAGC
GCGCACAAGACGGCCAAGGGCACCAAGGTATCGGTGCGCACGGTCAAGGGCCGGGCTTCGGTCCGAAGGGCGTGTGCG
TTGCGTCTGCGGTTACGGTCTTCTCAAGTTGAAGGACATCGGTGGCAACGTGCTGCCGCCCTACGACGAGGAGTTC
GCGAAGTTCGCGATGGACACGGCGCAGGCCGCGGCTACCGGATCTGGCGGGTGGCTGACCCAGGAGCTGAAGCAGGCC
CTGGCGAAGCGCGACACGACGCTGCTTGGTGTAGTCTCAACGTGCTGCTGGCTGGCCGGACTGCTGCTTCCGGTTCGGA
AACCGTGGTGCATCCGCGCACGCGCAACACCTTGGCGTTCGTTCCGGCTCAGTTCAACGAGCTGGAGGTGATGCCAAGG
AACCGGAGCTGATCGAGATCTGCAAGCAGGAGAAGGCAGAAGGGCGCAAGACCCCTGGTCTATTTCGTTTACACCGGCACG
CGCGACACCACGTGCGGTTTGAAGGTGCTGCTGGAGCAGGAAGGCTTCAAGGTGGCGGTAAGTGCAGCGGAGCGTGGATGC
CTCCCGCCGCAAGACTGGATCGCCGAGCAGTTGGACCAGCGCATCGACGTGCTCATCACAATCCCGAGCTGGTGA
CCGGCCCTGGACTTGGTGGAGTTCCCGACCATCGTGTTCCTCCAGTCCGGCTACAACGTGTATTTCGTTGACGAGGCCGCC
CGGGCTCATGGCGCATCGGCCAGAAGCAGCCGGTGGCGGTGATCTACCTCGGCTACGCCAACTCCTCGCAGATGACCTG
CCTGGGGTTGATGGCCCGAAGATCATGGTGTGCGAGACGCTCGGGCGACGTGCCCGAGTCCGGACTCGATGTCCTGA
ACCAGGACGGCGACTCGGTGGAGGTGGCACTGGCACGGCAGCTTGTACGGTCTGATCCATGTGCTCATGCCGGCGGCC
CTCGGGTTCGCGGCTTTCCTTCCACGGCCCTTTCGGGGCGTTCCTTTCGGCGTATGACAGTCCATGGCGCCGCCCTCCA
TGTATTTCGGCGGGCGTCAAGTTCGTTTGTTCGTCGCCGAGGCCAAGCGCGCGATGGTGGAGCGTCCGTGTTCCAG
GGAAGCCCTCCATGCAACCATCCATCCGCGCTGTTACCCGCTGGCCCTCGCCGCTGGCTGCTGCGCGGACGCTGT
TCGCCGTGCGGCTGCGCCACGACCGCCGCGCGTCTGCGCAGCGGTGCCGGCCGATCGCCAACTCGCCGCTGCGCGGAG
CCGGGTTTCGTTCCGGTGGCCCGCTACGGCCGCTACACCTGGTTCGAGCTGGTGCCGGAACCTGCGCAGCGTGTCTCTT
GCAACAGGCGGTGGAGGTCTCGATTCCGCCCATGCTCGATGCCAGCGTGGGCGATGCCATGCGCCATGTGCTCCTGCGCT
CGGGCTACCGGCTTTCGATGCGCCCGAGGCCCGCGCTTACCGCTGCTGCTGCCCGCCGACACCTGCGCCTGGGC
CCGCTGATGCTGCGCGATGCCTTGTGACCCCTTCCGGCCCGCCGCTGGGAGCTGTGGTTCGATGACGTGACCCGCCAAGT
CTGCTTACCGCGCACGGTGTCTCCCGCTTCTTTCCGCCAACCCGCGCCGACCGCCACGTCCGTGCCGGACGACGATC
GGCCCGAGGAGATGCAGCCATGACCTTTCGCCAAGCGCCATCCGAGCGCAATTCGCGACGCGTGGTCAAGATCGCCG
CGGCCTTTCGGTGTGCTCATCAGTGTGTAGCACTCATCAACAGCGTCCGCTGTGCGGCTCGCCGAACAGACCCAG
AGCAGCGCACAGGATGCGCAGGTCAAGGCGCTGGGCTGCGCGTGGCCGATCTCGAACGACAGGCCGATGCGGACAAGCG
CCGGCCGGCGCCGATCAGCCAGGCCGAATTCGCCAACGGGCGGCGAGGCGTGGACGAACGGATGACCGCCCTCGAAGAGG
CCGACGAGGCGAGGGCCCTGGCCGTGACCTGCAGACGCTGCAGGCGCGCTGAACGGAATCCAAAACCCGCTGGAGAAG
ACCAGGCGAGGTGGCATCCGCCGCTCGCCCGCACGCTCCGCTTGGCAGCAAGCCCAAGGTGCCGGAGCCGCCGTTCCGGGT
GCTCGGCGTGGAGTGCAGGAGGCGAGCGCTTTCGTGTCGATCACCTCCACCGCCGCGGACTCGCTCGCGGGCGCCGGC
TGCTGCGCGAGGGCGATGCCGAGGGCGGCTGGCAACTGCGGTCTATCGAGGCGCAGGCGGGCGTGTTCAGGTGAACGGC
CAGACGACGCGCTGCGGTTGCCGTAGGAGGTGTATGACCCACGCTCACTTCGTTTCGCTGCCCCGGGGGGCTTC
AGCTCCTTTCGAGGCGCTCGCGGAGGCTGACCATGAACCTGCGGCGCTGCTGCTGCGCTGCGCTGCTCCTGTTTCGCGCTT
CGGCGCATCCGCCACCGCCCGGCTGACCACTGCGCATGTTGCCCCAGGTCAGGTCAGCCGGGCGCTGATGCCCGC
TCGACGAGAGGCGAGTGCAGGAGTGGGGCTTACCCCGAGGAGTGGACCCGTTACCGGCTTTCGATGTCAGGGGGCGCTC
GGGGTCTATTCCGCCAGCTCGATCCGCTCACGGCGCTCGGCATCGAGGCCCGCAGCGAGGAGCGCAGGGCGCTACGC

GGAGTTGCAGGTGCAGGCCGAGGCCCGGGCGCTCGGCAAGACGCTGGCCTACCAGCGGGCCTACGACGCGGCGTGGCGGC
GCCTGTTTTCCCGGCCAGCCGCGCTGAGCCTTCCCGGCGCCAAGGCGCAGGGTGCCGGCAACACCGGCTCCGGGCGCCTG
GCCGTCTTCGTCAAGGCCGACTGCGCACCGTGCAGCGCAGCGCTGCAGCAGTTGCAGGCGGGCCACGGCCTTCGACCT
CTACATGGTTCGGCAGCCGTCAGGACGACGCGGCATCCGGCAGTGGGCCACCCAGGCGGGCATCGACCCGGCCAGGGTGC
GCGCCCGCACCATCACGCTCAACCACGATGCGGGGCGCTGGCTGTGCTCGGCCCTGCCCGGCATTCGCCGGCCGTGGTG
CGCGAGGTGAACGGCCAATGGCAGCGGCAATAGGTACTCCGGGCCGGGAGCGTCGGCCATCCCGGCTCACCATCCGCTGC
GCCAGCGCCGCGCTGCTGCTCGCCACCGGGCGCTGGACGTTGGCCGCCCTCGCGCGGGAAGTGCCGCCCGCCGGCCTATCA
ACTGGCGGCGCATCGTGCAGACGTGCCGGCGGGCGGTGCTGTACGCGGTGGCCTTGCAGGAGAGCGGCGCCATGCTGCGCG
GGCGCCTGATCCCTGGCCGTGGACGCTCAACGTCCGGCTCGCCACAGCGCTATGCCACCCGCGGGAGGCTGCGCG
GGGCTACGCCGGCACTCGCCAGCACGCGGCAATCGCATCGACGCCGGCCTCGGCCAGTCAATTCGGCTACCACAC
GCATCGCTACACGCAGCCTTGCAGCTGCTGGACCCGTACCGCAACCTCGCCATCGCTGCGGAAATCTGCGCGAACAGC
ACACGCCGGGCGAGGACTGGCTGCTTGCATCGGCCGCTACCACCGGCCCGCGGGCGGGCACCCGCGGCGCGCTACC GG
CGCAGTGTGCATCGGCACCTGACCCGTGTGCTCGACCCCGACGTTCCCGTTCGAACCTCCAGGCCACCACGCCATGAAC
CACATCGTCTCATCGCCGCCATCGGGCTGCTGTCCACGACCACCGTCTTCGCCAGACCCGCTCCGCGCCGCTGATCGT
CGTGAAGACCACGGCGGCGCCTCCGCGCTGCCGTAACCGGTGCTGAATCCTCAGCCGGATCAGGCCACACCGCCGA
CCCCGATGCCGGCCCTCGCGTGGGCAACGCGGCCGACGCCGAAGCCGCCATGCTGCCGGTGCCTCGACGCAACTGTGCG
CCGGGCGAGGTGCAGCGCCGCGTTCATCCGGGCGCCGGCCTGACGGCGCTGTTCTGATCGGCGACGACGAGCGTTGCGG
CGCCTGGCTGCGGCAGCGGCAGGTGGCGCTGCGCGAGCTGCAGGCCGTGGGCTGGTGGTCAACGTGGAGTCGATGGCCG
CGCTGACGGCGCTGCGCAGGCTGGCTCCCGGCTGACCCCTTCGCCGGCCTCCGGCGACGACCTGGCCCAGCGCTGGGC
CTGCGCCACTACCCGGTGTCTCATCAGTCCACCGGCATCGAGCAGTAGGTGCGCAAATGGCCCAACCGCATGCGGTGCGAG
GTTCTGCTGCGGCCAGCGGTGGAGCTTTACACCGTGGCGGTTTGACCCGGCGCCGCGATTCTGTGCCTGGTGGCACCGTG
GTCGCTCGCGCTGAACCCGCTGCTCGGCCTGGGCTCGGCGCTGGCTTTCTGACCTTCGGCGCGATTGCTGCGCGATG
CCTGGGCGATCCTGCGCTATCGCCGCAACATCCGCCGCTGCCGCGCTACGTGATGACCAGCCGCGACGTGCCGGTGGT
CAGCAACGGCTGTTTCGTGGCCAGGGCTTTTCGCTGGGAACAGCGGCACACGCACCCGGCTGATGCAGACCTATCGGCCGGA
GTTCCGCGCTACGTGCAGCCGACGGCGATCTACCGGGCCCGCCGGCGGCTGGAGGAGCGGCTTGGATTGCGCCGTTTC
CCGTCTCGACGCTGGCGCGCGTGGCCTGGGACGAGCTCAACCCGGCGGACCATGCCGTCGGTTCGGCGGACTG
CCACGCTGCATGGCATCGAGCCGACGAGGTGCAGCTCACCTCCCGCTGGGCGAGCGGCTGGCCGACACCTGTTGCT
GGGACACCACGCGCTGGGCAAGACGCGGCTGGCCGAGCTGTTTCATCACCCAGGACATCCGCCGCAAGGTTCCGCGGCGAGC
ACGAGGTGGTGCATGCTTTCGACCCCAAGGGCGATGCGGACCTGTTGAAGCGCATGTACGTCGAGGCCAAGCGCGCCGGG
CGCGAAGGCGAGTTCTACGTCTTCCATCTGGGCTGGCCGGACATCTCGGCGCGCTACAACGCCGTGGGCCGGTTCGGGCG
GATCTCCGAGGTGGCCACGCGGATCGCCGGCAGCTCTCCGGCGAAGGCAACAGCGCCGCTTCGGCGAATTCGCCGTCGGC
GTTTCGTCAACATCATCGCGCGCGCCCTGGTGCAGCTGGGGCAGCGCCGGACTACCTGCTGATCCAGCGCCACGTCATC
AACATCGACGCGCTGTTTCATCGAGTACGCCCAGCACTACTTCGCCAAGAACGAGCCGAAGGCTGGGAGGTGCATCGTCCA
GCTCGAAGCGAAGCTGAACGAGAAGAATCCCGCGCAACATGATCGGGCGGAGAAAGCGGCTGGTGGCCCTCGAACAGT
ACCTGTCCCAAGTGCATCTATGACCCGGTGTGCTCGACGGCCTGCGCAGCGCCGTGCGCTACGACCCGACCTACTTCGAC
AAGATCGTTCGCTTTCGCTGCTGCCGCTGCTGGAGAAGCTCACCCAGGCAAGATCGCGCAACTGCTCGCACCGAACTATTC
CGACCTGTCCGACCCGCGCCGATCTTCGACTGGATGCAGGTTCATCCGCAACCGCGGCTGGTCTACGTGGGGCTGGATG
CGCTGTCCGACGCGCAAGTGCAGCGCGCGGCTGGGCAACTCGATGTTTCAGCGATCTGGTCTCGGTCGCCGGCCACATCTAC
AAGTTCGGCGTGCAGACGGGCTGCCCGGCGCCGCGGGCGCCAAAGATTCCGATCAACGTCCACGCCGACGAATTCAA
CGAACTCATGGGCGACGAGTTTCATTCGATGGTCAACAAGGGCGGCGGTGCCGGCTGCAGGTGACGGCTACACGCAGA
CCTTGAGCGACATCGAGGCCCGCATCGGCAATCGTGCCAAGGCCGGCCAGGTGGTGGCAACTTCAACAACCTGTTTCATG
CTGCGCGTGCAGGACCCGCCACCGCCGAGCTGCTGACGCGCAACTGCCAAGGTGCAGGTGTACGCCACGGCGCTGAT
GAGCGGCGCCACCGACAGTCCGATCCGACGCGCAATACCGCTTACGTTCAACACCCAGGACCGCATCAGCAGCAACA
GCGTCCCGTTCATCGAGCCGGCGCATGTGGTGGGCTGCCAAGGGGCGAGTGTTCGCGCTGACCGAGGGCGGCAACCTC
TGAAAGTCCGCATGCCGCTGCTGCGCCGACCCCGACGAAGCCATGCCGAAGGATCTGCAGGACTGCGGCTGCGCTACAT
GCGACAGCACTACGTCGAGGCGAGGACTGGTGGGAGAACCAAGGCATCCCCGGCCTGCAGGACAAGGCGCTGCCCGACG
ACCTGCTGGACGACTTCAAGCAGATGGCCGCGGCTGAAGAGGCCGAAGCATGAGCGATCCGGCCGTCGCGGCCCAACGCC
AGCAGCAACGACAGCAAGGCTGATCGCCGGCCTGGTACGCTGCCGTTCCGCTTCTTCGGCGTGTGTGCGGCGCGCTG
CTGCTGTGCATCCTGATCGAATGCGTCCGCATGCACTTCTTTCGGCCGAGCAGGGCTGGCGCCACGCGCAGGGCATGCT
GCACTACGAGCTGGATCAGCTTTCCACGCAATTCACCCGACGCGCTGGTGCAGGAGCCGGGGCGCACCCGCGCACCCGGC
TGGTTCGAGCAGGGCTACGACTGGCTGTTTCGTGAAAAGCGGTCTGCTGGACTGGATACGCGACGCTCGGCGCAGGCCAGC
GCCGGCAGCCATCGCCGACCAAGGACTTCCGCTACTACCTGGGCTGGTCTCCGTGAACGTGAAGAGCTACCTGATCGC
GGCGGCTACACGACACTGGTCTTCTCGTGCAGGCTGCTGGTGTGCTGCTGACCTTGCCGCTGTTCTGATGGCCGCT
TCGTCGGGCTGGTGGATGGCCTGGTGCAGCCGGGACATCCGCCGCTTCGGCGCGGGACGCGAGTCGGGGTTTCATCTATCAC
CGCGCCAGGGCCAGCCTGATCCCGCTGGCCGCTGCTGCCGTTGGGTGACTTACCTGGCACTGCCGGTTCAGCGTGAACCCGCT
GCTGATCCTGCTGCCAGCGCCGCACTGCTCGGCGTGGCGGTGTGCATTGCTGCCGGCGACGTTTAAAGAAGTACCTGTGAC
CTGGGTGCCGCTGCGATGGAGTATGCGCCGTCAAGTTTCGTAGCGACATGTGGATCAGTTTGAACATGCTCCTCCGCTGTACG
TAGCAGCCACTCAATCTGCCGCCGCGCGGTGGAGATGACCTGACCAAAAAATCCGAGCCTCGACATGCGGTTTCACGATTGT
CCGTAGGAAAGTCCGAAGACCGACTGCCGCCGACGAGCAGAACCTGAATCGGAGAACCAGATACTTTGCCAGTTTCGTGCG
CTGTAACCAATCGTTGCAGTAATCATCGTGATTCAGCGCGTGGCTCGGCCGCTTGAACCTGCATCAACAGGTAATGTCC
GCCAGGTTCTCGTTGAGGACAGGTCGGGGGCGCTGTTGGCCTTGTACCTGTGATAGGTTCTTCAGGAGACATCTTCCA
CTTGCCGCTCCGAATGTACTGTTTCGAGCTGAATAGCGAGTATTCGGGACCGAATACCCACAGGTTTCGCTCCAGGGCTTTG
TGCACGACGGCTTCCGTCGTAGCGGCGTCACGAGCGAGCGCTCCAGTTGATCAAGGAAGACCTGGCGAGCCGCTCGCTTG

CTGTACAAGGAAGGCCATCTCTGCCAAGCCAAATTCATCAAGGCGCTCGGCTACCCAGCGACATCGCCCGGTGTTGCTT
CTGCGATGTGCTCCAGGAGGATGCGGTAGTCGGAACGCTCCATCGCTTCCAACAGCACATTTACCACCGGCTCGACTTTG
CTCTCCGGCTCGCCGTAATACTTGTGCGAGAATCTTCTTGATCGCGCGGTTCGGCAAATACACGCTTGTGCTCTGGCAGAGC
CGACAAGCGCGCGAGGATCGCTCTCTGCAAGCGGGCCTGCGCCAACCTGAATTTTCGCGCCGGTACTGCTGCTCATAGGCTT
CTCGCAAGATGGGCTGGACGTAGCCCTCAACCTCTCTCAGAAGCTCGCTGTTCTCGACCGCCGCATCCAGCCCGCCGTG
ATGTGGTTCGCGCAGTCCATCTGCTTCGATCTCGCCGTAGAGCTTTTCGACGAGCTTGGATGGAAAGTCATCTCGTTGATC
AAGGCCGAAGAACCAGGCCGCCAACGGCCTTGCCGTCCACACGCAGAGTATGCCTGGCTGACGCAACCCGGACTTGC
CGTCGCTGATGGAGAAACGCAGCTTTACCTTACCGGCACTTGGAAAGCTCCTCTTCTGCTCCGAGTAGCTACCGGATACA
TCATCGAAGTCGAGCCGCTTGGCGTCGATCGTGATTGCAAAGTCATCCTGTCGCCCGTAGTCTGCAAAAGGATCTGGCC
CAGCCGATTGGCATCCGGATAAGCCAGGCCCTGATGCAGATCGCTCAGCGTGAATTGCTGCCATGCAGTTCGGCCAC
AAGGATCGCTTTGCAGGCCGATATTCAACTGTTCAATGTCTTCGACTTGGGACAGATCGTCCAGCCGCAAGGTGATACAG
CACAATCGACCGCGCGCACGGGTTTCAAGCGTCATCACCGCTGCGGCCATGAGCCCGCGAACTTGCCGATACCCTTGGC
CCCCTTGACCAAGCGATTTTTCCCGGCCGTGCGCTCACCGCGCCGCAACGCCGATCAGATGCGATCGACAAATAGTGCC
GGCGCAGTTCTTCTCGGTTCATGCCAGTGGCGTCATCCTGGATGACGAGAGGGTACCACCTCAGAGGTTTCGGGAGGAGG
ATCGTTATCTGCTCCGCGTCCGCGTCCCATGCGTTGTCCACGAGTTCCTTCAGCGCTCGCTCGGACGAGGAGTATTCCTG
ACTCAACAATGTGGCGAGGCGGGAATCCACCTGGAAGCGCAGATGAGCACGGCTCATATCGGAATCTCCGTGGGCGAACA
GCGGTAACCTCAATTACGCCTTGACCTCAAAGCGCAGGTAATCCGCGAGCCGTTTCGACTCGCTGACTTCGTCATGGGGCA
CCAGCAGGTAACCTCAGGGCTTGGTGCCTACGTTCCGCGCGTGCATCGGAAGCGTGCCTGCACCACCGCATGGCGGCAGCG
GCCTTGGCCTGAACCTCCTGGGTGTTGATGTGCGGCACGTGCCTTGGTCTCCACCATGAAGATGGTTCGCGTCCGTCTCGGC
CACGAAGTCGGGGATGATTCCGGCTGCTCGGTGCCGAGCTTGTAGTAGATCTGGAAGTGCCTTCGCGGGCTTGAGCC
ACTTCGTCGCGTTCGCGCTCCAGGATGATGGCGAAGCGCCGCTCGGTATCCGAGTCGAACTTCTGCAGCGGATACAGACAA
CGCGCGAAGCCACCGAAGAGCATCTGCTTGATGCGACTGGTCTCGGTACGGTCTCCCGGAAAGTGGTGGGCGCTCTGGCC
TGCCGTGGCGGTGTAGTTGCACGGCTTGAGTTCGGTGAAGCCGCGACTGACCTGCACCTCGTACTCGGTTCGCTCCTCCC
AGAAGTGGGCCATCATCTGCGCGTGGATTTCCCGTGCATCAAGCGCGGTACAGATCCAGCACGCTGATGGCTTCGTTCC
TCGGACAGATAGCCGCGCAGGTGCTGCACCATCTGGCCCGGAGGTCGTAGAGCAGATCGGCGTGGGTGAAGTAGTCGAT
GTCATCGAAGTCCACGGGCGTGGACGATGTAGTCTCCGGCCGAGGCTCCTTCGACTCGCTGACTTCGTCATGGGGCA
ACTGCTCGTTGGTCCGCGAGCATCTGCCGACGATCTCGCGCTGGCCCGGCTGGAGATGGAGTGGCTGCATCCAGCTTG
AAGGCGTGAAGCCGGTTCGTGACCTCGCCGGTCCGACACCACCGCATGCGCGGGATGTCGATGGTCTGCTGCACCACGAT
CTCGGTGGTCTTCGCCACCACGGCGGACAAGTCAAGTGCGGGGACTGATTCATCCACGCCCGCCAGCAATTCGCCCTTGCA
GCGGCTTCAACCGCTCTGCCACCTCCGCGAGGATTTCTTCTGCACTTCGGGTTTCAGCAGCGCGCTGCTGGTTGGCACC
AGATCGCGCTTGACCTCGTACTTGGCGATAACCTCCATAACCATTTCGTGCGGCTTGCTCTCCGCTCCGTGGTGAACAC
CGTTTTGGGCACAGGGACTTCCGCGCCACTGTGAGTGGTGAAGCCCTGTGACCACGACCGGTGCTTCCGTCAAACCGA
GACGCGCCGATGCACCTGATTGCACCTGCACGCTGACCTTCTTGTGCTCGGCGCTCGGCGCATCGAGGATGACGTGCTTC
AGGCGAATCGGCGAGTCCGCGCGGTTGGCCTCGTCGATGATCTCCTGGAATTTGTGCTGCGCGACGATGTTCAAGCGATC
CACCGACGCGACGCCCGTTCGCTTGGCGTAAGGCAGGCGCAGGCCGCGCCGATGGACTGCTCGATCAGCGTGCGGGCAT
TAGCCGCGCGCAGCGGCACGATGGTGTAGAGGTTGGTACGTCACGTCACGCTTCCCTTCAGCATGTTGACGTGAATCACGATC
TCGGTCCGCTCGTCCACGCTCTCCACGGCCAGTAGGCGCGTGCATCTCCTCTTCTTCCGCGCCGGTACGGCTGGAATC
GACCTGAATCACCTTGCCCTGGTAGCGCCCTCGTAGAAGGCTTCCGATTCAGAAAGCGCCAAGAGTTGCCCGCGGTGCG
TGGTATCGCGAGCGATGACGAGCATGAAGGGCTTGACCGGCTTGACCGCTTCTCGCGCGCATAAGTGAGCAGTTTCGACC
TTGGTTCGCTCTCGTGCAGGCGCACGCGCTTTCAGTTTGGTCTTCTCGATCTCCTCGGGCGTGTGCGCCTTGGCGTCGAA
GTTGCGCTGGGTGACCACGGCCGGCTCCTTGACGAAGCCATCCTCCATCGCCCGCGCCAGCGGGTAGTCCATCACACGCT
TCTTGAACGGCACCGGCCCGCGGCTGGACTCGACGAACGGCGTCCGCTCACTTCCAGACCGAATAGCGGCTGGAGTTCC
TTGATAGAGCGCACCTCCGGCGCTGGCCCGGTAGCGGTTCGACTCGTCCATCAGCAGCACCGGTCAGACAGGTTGGCCAG
ATGGTTGAAGTAGCTTCGCCAGCACTTCTTGCATCCGCTTGATGCGCGGCTCTTTCGCCCGCGCACCTCGGATTTGA
TCTTGGAGATGTTGAAGATGTTGATGCGCACGTCGTGAGCGAAGCCATCGACTGCTCATCCACCGCGCGCGGCTGCG
TCGTAGTTGTGCGCGGTGATGATCAGCGCGGTTGCTGCGCGAATTCGGCGATCCCCTTGAACACGTAATTCGGCGTGT
GCGCGTGAAGTCCGTGATGAGCTTGTGTAGATCGTCAGGTTGGGCGCGAGCACGAAGAAGTTGTTGATGCCGTGCGCCA
GGTGCAGGTAGGCGATGAAGGCTCCCATCAGCCGCGTCTTGGCCACGCCCGTGGCCAGCGCGAAGCACAACGACGGAAAC
TCCCCTCGAAGTCTTCAATGTTGGGAACCTTGCCCTTTCAGCGTGGAGAGAATGGCCGAGACATCACGCTCGTGACCCAA
TAGCTCGGGCGCAGCATCGAGCGCGCGAGCGAGCTTGTAGAGGACTCGGCTGGGGCGGGCGGAGAGACAGACGGCCGG
TAACGGCGTGCAGGACGCGGGTGTCTATTTCGTTCTCCCCAACAGGCCGCCCTGTCCCGCTTGGCGAGGGCCGCTT
TTCTGCTCTTAGTGTCTTTCGACGCTATTGCCAGGGGCCGAGGCTCGGCTTCTCAATCTCCGCCATTGGCAGGTTGGTC
ACATTCAGGCTGTAGTCGTCACGGCCCAATGGCAGCGGGCCAGCACCATCTTCGGGATCTTCTTCAACGTCAGGTTCCGG
CCAGCGCTCCGCCGCTTTGGTCCCGTGACGCCGTGGAAAGCGGCACAGCACACCAGCAGGCTCCGCTCCGGGCCGACTT
CATCGGCCAGGGCTTGCAGTTGCTCAGCGGACAGGTTCTGCGTGGTGACATAGATGAAATCGCGCTCGCTGGAGTGGCCG
TGCTGCCACCAGTGCCTTCTGACGGCGCGTAGTTGAAGCCTTCCAGCTTGGCCAGCGCTCGGCCAGTTGCGCAGCGTT
GTATTCGGGGTTGATCACCGGGTTGCCCCAGCGGTGCTTGGACGATCAGGCTGGGGGCAAGACGGTAATAGCGGAAGCCGC
CGCCGCCGTGCCAACTTAGAGCCTCTGTGACGCGCCCTTATCTTCGCCGTCAATTACCTTCTTGCAGCGGAAATGATG
TGTGTATGGCAAGTTTCTCAAGCTCCACCATTATCCAGCGCCGTCCATTTTATGAGCGGCTGCTCCAGTGGTACCAGA
TCCCAGCAATGAGTCAAGAACCAGTCTCCTGGATTTCGTTGAAATACTAAGAATACGGGAAACCAAGTCTTCTGGCTTCG
GGGTTTTCAAGTCTTGAACGCCCTCCAAAACAGATCTTGTAGCTAGCTTAGTTGTGCGAGTGTGCAAGTCTGACCAG
ATTGTTGGCCAAGGGCGCTAGGAGCGTCCGGGAGCATATTCTTGTGTGAAGGAACCCAGCAGTACTCCGCCGCTCTC
CCTTTGCTTCCAACAAGCTCTCCCTTCGCTATCAGCTCATCAACACCCCTTTTCCCATTGCCCATCGGGCTTCTTGGC

CGTCATCGTGAATGGGGTAAACATCCACGCCGTCTGGCCCCCTTGATCGGGAAATACATCGACGGGCGGTTCGATCCGAAGA
 CTATTCTTCCCGTTTTTCTTTAGGAGACGGTCACGGTACGGCCTGTCCGATTCCGCGTCCGGCTGCCGGTATGCATTTAA
 GATTGACTCATCCTGCTTCGGTTCGAAAATTAATCGAGTCAGGATTCTTTACATAGCAAAGAATGTATTCATGATCTGGGG
 AAAGGGCGCCCTTGTGTGATTTGGGCTGTTCGACCTTCTTCCAGATAAATGACGTAACGAAACACTTGCACCAAAAATC
 TCGTCGCACAAGACCTTAAGATAGTGAGCCTCGTTGTTCATCAATAGAAAATCCATAGCGAGCCATCGTCCGAAAGCAGACG
 CCTGATGATTTCTAGCCGATC

Sequenzen der ORFs aus dem Contig 2

>BL1, 195 Basen (revers komplementär)

CTAACTCGCTTCGTCGATTCCGGGCTGGTCTGCCCCGATCTCTGGGGCGATCTCGCCGCTGATCAGCCATAAGCGATAGC
 GGGGGAACAGCGCTTGAAGCACTTCTAGTTCCTCAGTGCTCATCCGAACGCTCTTGAAGCGAACGCTATGCCACCGCTGG
 AAGCCGATCTCGCTTTCCTTACCAGCCGATCCAT

>BL2, 216 Basen

ATGGAACCTGGAAGAGCTGAACCCAGCGCCCTGATAGGGCCGAGCAGGACATAGAACCATTGAGCATTGGGCGGAGCG
 CAACGGCATGAGTTTCGGCATCGCCCGCGCCTGGGTGTACCGCGGCATCTTGCCCTCGGTGAAGTTCGGCAAGTTGCGGA
 TGGTCAACAGCGCGCTGCTGCGTAGCTGGCTGCTGCAACAGGAGTGGGTGGCATGA

>BL3, 222 Basen

ATGAGCAACGGCAAGGAGAACTGGAACCTCGACCTGTGCGGCATCGCCACCTTCGCGCAGATGTGCGGCGTGACGTATGA
 CGAAGCGGCTCAGTGGGCAGAAGACGGCACCGTCCCAGCATAACAGATGGGCTGCTTCCGCATGATCAACCTGATCCGCT
 TCCGCGCCGATCTGGAGCGCGGCAAAGCCACCTTCGACGCAGGGGACTACAGCCATGAGTAA

>BL4, 390 Basen

ATGAGTAACTCACCGATCTCCCTGGATGCTCAGAGCGCGCTGCCTTATCTGGGCAAGACCGTCCCTCGTCGAACTGGGCTG
 GGAGGACGACCCCGAAACGGTCTGGCGCGTGTGCGCATCATCGCGCTGTAATGCGGCGTACTGCGGCGGAGGGCGTGCATGACGAAC
 CGCACTTCATGACGGTGCCTGGTGGGCGTAACCGACGAATTCGCGAATGAGACCTTCTGGGACACCATTTCGCACGATCAGG
 GTGATGCGGTACCGCGACCGGCAGGGTTCGGGCAACGTAATGCGGCGCATCGCCCGCCTGAAACATCCCGTTCAGGGGC
 CGCGCTCCCGGCTCGTCGGAACAGCTCCACCGTTCGGGCGAACGGAAGCACGGGCGGAGCGAACCCCTTGA

>BL5, 111 Basen

ATGCAACTACCCGACTGGACCCTGGAGTTCGTGCTGATGGTGCTGGCCTATCTGCTGGGCGCGCTCTCGGCCCTGGGTTT
 TTCCACGCCTGCCGTGGCGTTTTCTTACTGA

>BL6, 1293 Basen

ATGGCAAAGCCCTATCACATGCTGCGCATTACCCTGAAGCCCAATGGCGAGTTCGTGGAGTCGGAGAGCGGTCGCCTGTT
 CTTTCGATGACCAGCGCAAGCGATTTCATTGACCTGTCCAACGTCCGGTTGCTGCGCTGCGGCGTCGACACCGTTCGCCAGT
 TGTACAACGGCATGATTTCGCCCTGAAGTCATGGCGCTGTTTCGAGCAGCCGGAAGAGTTCGTCAAATTTGCTGGCCACCAG
 TGGGCCAAGGGCAGGGTAGGGCGCGACTCGGGCTATCAGTACCGTCTGCAGAACGCCGACATGGGCGTGATCCTGCTGAT
 CAAGAACCACAACGTGAAGCTCGAGAACATCGGGGCTCACCTCAAGTTCGAGATTTCCCTCACGCCCTGGATGGGGCGG
 ATCCGCAATCACTCCAACGCCTGATGGATGACCTGGCGCGGGCTCTGCTGACGCACTGCGAAACCAATCAGTGTGCCGTG
 CACCTCGCCCTGGATGTGCAGGGGTGGGAGCCTCCGCGCGACATCGTGGAGCACATGCATTGCCGGTGCATCGGGTGGC
 CCAGATTACCGGGATTGAGCGCATTGAGTTCGACAGCAGCGCCTCTGTTTACGGTTCGCGGTGAGACGTACATGTTCCGGCT
 CTGCCAGTGGCCTGCAACTGTGCATCTACAACAAAACCTCCAGGCACGCGCCACCACAAACTCGATTACTGGAGCAAG
 GTATGGGCGTTCGCTGAATGGTGTATCCGTTCCGGTGTATGGTGACCCGGCGTACAAGCCTGAAGAGGATGTTTGGCGTCTTGA
 GTTCCGCTTCCACCATTCGGTTCATTTCAGAGTTCCTCCGAAGGCTCCACGCTGTCCCTCTGGTGAGGTGATCGGTTGCCGCA
 CCTATGCCGGCCTATGTCGCGACCTGCAAGGCCTCTGGCGCTACGCTGCGCAACTTCGCTCTCTCAAATCGAAGTCA
 CGCCTCGATCCGTTCTGGACCTGATCTTCCAGGATGCAAAGGTCCAGGTGGAAGCCGATCCGCTGATGATCGCACCCGA
 GTACCGCCGCTACTACAAGACCGCACAGGGCTTCTCCGGCAAGAAGTTCGAGATGTTCCCTGGGCCAGTTCGTGAGCCTCA
 TCGCACGGGAGCGCGTGAACATAAAAAAGGCTATTGAGGTTCGGCAAGACGCTGCCGTTCTGGCACGTGATCGAGGATCAC
 TACAAGGCCAAGGGCTTACGACTGTTCGACCTCGAAAAGCACATGCGCAAGCTGCTGAATGACCGGTATTTGCGACGGGG
 GTACTCCATCTAG

>BL7, 987 Basen

GTGACCATCACCAAGCTCCCGGATGGTTCGCTGGTTTTGTTCGATGTAGAGCCGATCAAGGGCAAGCGTTTCCGCAAGCGGTT
 CAAGACCAAGATGGAAGCGCAGCAGATCGAGGCCAATGCTCGCCAGAAGTGTCTGAGAATCCGAACTGGACGATCAAGC
 CCAAGGACCGCCGAGGCTCTCCGAATTGGTTCGAGCTCTGGTACGAGCTGCATGGCCAGACTCTGGCAAACGGTAAAGCGC
 TGCGTGGCGATTCTGCGGCTGATAGCGAAGGATTTGGGTGACCCGGTGGCGGTGTCCCTGGAGCCGGCGAAAAGTGGCCTG
 TGTGCGCTCCTTGCAGGTTCGCTAAAGGCATGTCCGGCAAGTACGCTAACAATCGCCTGGGCTACCTCAAGTCGATGTACA
 ACGAACTCCGGCAGCTGGGCACCATCGACTACGAGAATCCTGTTGGGCGAATGCGCCCGTTGAAGCTTCAGGAGAAGCCG
 CTGTCTGACTGACCAAGCATCAGGTATCCGAGCTGCTGGCTGCGCTCGATGCTCGTACTACGTGCGCCGATCCGAAGAT
 GGTGCTCGCATTTCCTCGCGACAGGTGCTCGATGGGGCGAAGCGCAGGCACTGACCCTGGATCGGTTGAAGGGCAACA
 CGGTGATCTTCGCAACCAAGTCAAGTCGAAGCGCTGCTCGGTTCCGATTTCCGGAAGGGTTGGCCAAAGAGATTCGCCAG
 CACTGGCAAACCCAGGCGCTTACCAACTGCCTCGGCGTATCCGCATCGTGTCTACATCGATCAAGCTTCC
 GAGAGGCCAAGCCAGCCATGTGCTACGCCATACGTTTCGCAAGTCACTTCATCATGAACGGCGGGCACATCGTGACGTTGC
 AGCACATCCTGGGGCACGCTCGCTATCGATGACGATGCGGTATGCTCATTATCTCACGATCATCTGTCCGAAGCGCTC
 AGATTGAATCCTCTCAGTTTTTTGTTAG

>BL8, 1071 Basen

GTGAGCTTTCTTGGCTTTCTGGTGAGGTTAAGACTTGTGGATATTCTGCAAAAAGGCACTGGACAAAATAGTCTGTGAGTA
 TGCGCAAGAAGCCGATGGAGATGAGGCGCTAGAAGCGCTAGAGGAAGCTCTGAAAAATAGCTACATCGAGATTCTTGCAT
 CCACTCCGATAAAAGTTCTTGATTCAATAAAGAAGGCGGCTGCGGACGGTGGGCTTGAAGAGAGAAGAAAATCTGCACAAG
 GGATTTGTTGAGCGAAATTATACTCGATGGAAAGAGGGATTTGACTCGTTAGAAGTTTTAATAGAAAATCTGCTCGGAAGC
 CGGGGAATCTAACGCTCAACGGCTTGGGTCAAACGAGCTAATTCATGACAATCGCTATGGCGCCTTGATGAGGCTGCATG
 CTAAGGGTTGCTTGGTGGCCCGGAGATATTCTGTCTGCTTTTAAACGGTTTCGAGATGGAGCTCATGCACGATGGCGC
 GCTTTGCATGAACGTGTCGGTTACTGCAATGTTCTCGGACGGTGTGATGAAGGTAAGTCTGTCGAGAAGTACTTCTTGCATGA
 AGCTGGCTGAATTAAGGCACTTCATGATTCAGTGGTCGAGAAAATATGGGCAGGATTTTAAAAATTCATATGGATGGGCT
 GAGGCTTTTTTAAACAAGAAGCGTGTGAATTTTCTTGATATTGAAGAGTATGTAGGGCTTGATCATTGGCGCCATACTA
 TAAATGGGCTAGCCAAAATATACATGCAACGGCAAAGACGCTGACTTGCTCGCTTGGAAATGGTTGAAGCGAAAAGAGGAGG
 GGTGCTGGCGGGGCGGAGCAACTCGGGTCTGACAGACCCAGCTCATTCAATGGCAATTTCCCTGGTTCAGTGTACTACG
 GTTCTGTTGAGCGTTGACCCCAACCTAGATGATTTGGTGAGCATGAATATGATCAAGACACTGATCGATGAGATTGGCGA
 CGTTTTTCTCCGGGGTGTGGCCTTGCATGA

>BL9, 948 Basen (revers komplementär)

TCACGAGGCCGGTTCATCTCCCTTTGGCAGGAACTCCTCGCGGGCGGCTGCAGAAAACCGCTTCATGGGCTCAGAGGGTT
 CGGCGCTGCGGCGCAGCAGGTAGGTAGACAGCATGGGCGGCGTGCAGGCAAGGGGCGAACGGTTATGTCGGGGCGGTTT
 AGGGTCTGCACCTGCGAGGCAATGGCGAAACCTAGGCCATAACCGGCACCGACCAGAGTCAGCATCACGCCTAGGCTCGT
 CACCTGATCTACCAGCTTGAGCGGCTTGGACGCACCTTGAAGCACCAGCTGGATCTGGTGGTGGCAGCCCGATCCCGCCT
 CCGATGGCACAGTACCAACGGAACTTCAAGGCTTCATCCAATGGCACTTCCGCGTCCGCAACAAGGGGTGGCGCAG
 GGCACGATCACCGACAGAGGATCGGTCCACACGGGCTCGGCGACAAGGCTTCGCTCACCGCTCCGACAGCGCAAAGCC
 GATGTCCAGCAGATCGTTGTGACGCGCTTGGAGCTGCTGCGCGAAAAGGCGAGCTCGAAGACCGGAATCTCCAGTTCCGGCT
 CTTCTCGCGGCTGCGCGCCAGCAAGGTGGCAATGTGGGGCTGCGCCAAGCTGTGCGAGATGGCGATGCGCAGATAACCC
 TGATAGCCCTGCGCCGCGCCTTTGCGGCACTCACCGCTGCTCCACGGTGGCCAGCACACGCCGGCACTCACCGAGGAA
 CACTTGACCGGCCAGGTGAGTTCGCTGCTGGTTCGCGCTGCGGTGCAACAACCTGCACGCCGAGCGTGGCTTCGAGATTGC
 GCATTGCGCGGACACAGGCGATTGTTCTACGCCAAGGCGCTCGGCCGCTCGCGGAAAATGCAGTTCTTCCGCGACCGCA
 ACGAAATAGCGCAGTAGTCTGAGTTCCAATGCGGCTCCTGTTTGCCTCGTTCCTGGCCTGCGTCCAC

>BL10, 1152 Basen (revers komplementär)

TCAATTCGCGGGTTCAGCTCCACACGCACCTCGCGGATTTGCCGGCCCGTTCCTACTGACAAGACCACCACATCGCCGA
 CCTTCCCGTCTGCTAGCCGCGCAGCAGCTTGGCCACATCGTCCGTCGCTTGCATCAACATCGATGATGCGGTGCGCC
 GGCACGATGCCTTGCAGGCTGACTTCGACACCCGCGAGGCGGCTTGTGCGCTGCCGAACCAGGGGTAACACGCAACAC
 GAACACGCCCTTGCTTCCGCTCAGTGAAGCAGCAGCTGATTGAGCTGTTTCGTCACCTCAATGCCACGCGCGGACGGA
 TGTACTTACCGGTTCTGATGAGTTGCGGGACTACGCGCATGACGGTGTCCACCGGCAAGGCAACCAATCCCGCCGAG
 GCGCCGAGGGGCTATAGATCGCCGTTGATGCCGATGAGCCTTCTGCGGAATCGAGCAGCGGCCCACCGGAGTTGCC
 AGGGTTGATGGCGGCGTGGTCTGGATCAGGTGATCGATGGCCGGGCGCCCGCTTCTCCGGGTAACGAGCGGTGAGCG
 CGGAGACGATGCCGGTGGTGGAGCTCCAGTCCAGGCCGAAGGGGTTGCCGATAGCGAACACCTTCTGACCCACCTTGAGG
 TCGGCACTGGTGGCAGCGGCACGGCCGGCGGCTTGAACCGACGCCAATCTTGAACGCGGATGTCGTGCGCTGG
 GCTCGTCCCCACCAGCGCGGCTGGTAGTTCGCGGCCATCGGCGAGTTTGAACGTTGGCTTCCAGAACCCCTGGATGACGT
 GGAAGTTGGTGGACGAGTGGCCGGCATCGTCCAGATAAAGCCCGAACCGGTGCCGCGGGCATGGAAAAGACATTGCGA
 GTCCAGACGTGCGCACAGCTGCGCGGTGGTGTAGTACACCAGCGAAGCGCGGATTTCTTGAACAGTTTCGATGGTGGC
 TTTCTCGTCCGCGCCAGATCGCCACGCGCCGTCACGGTGCATCTGCCGCTCGCGCGACTGAACCAGGCTTCGATGG
 CGGGCAGGAACTGCCACAGCAGCATGAGCGTGGCAATACAGGCGGTGATGAAGAGCCAGCGCCGGATGAAGGGTCCGGT
 GCGGGGCGTGGGTACGGGTGCGGGTAGGCCAT

>BL11, 966 Basen (revers komplementär)

TCAGCGCCACAGCCCGCTCGGGTGCCAGCGCGGGCGGGCGTACAGCGGATTCCGGCAAGAAATGGGGCGCGTGGAA
 ATGGCAACGCTGATGCTGGCCAGGCGCCAACGTCAGCAGGCGTGCATACGCTCTTGGCTTGGCGGATGCGTGCGCAAG
 CAGGAGGGCTCGGGATTGCCCCATCCCGGGCACAGCCAGGACCGCCAGGAGCGGCTGACCCGCTCGATTTTCGCCAGCGC
 GGACGCCAGCCCCTGCGGGTCCCGCTCAGTTCCGCGGAGGCGGTCAGCGTCGAACACAGCACGCGAGACAAGCCGA
 GCTGTGCGAGCAGGGCCAGCTGGGGCGATGCGGCCAATAACAATAGACCAGGCCAATAGACCTCCGCGCGCCAACCAGC
 AGCGCGGGCAGGTTGAGCAGGATCGCGATTTGTCCCATGAGGGCCAGCAGGCTCGTGAGGGCGACTGACGGAAATCCGCCAG
 CCTCATGACGCGCAGATCCTCATTGGTGATGTGCGCGATCTCGTGCGCGAGCACACCCGCCAGCTCGCGTGGGCTCAGGC
 TGCGCAGCAGGCCATCGGTGAGGGCGATCGATGCCTCCTGCTTCGATCCGGTGGCGAAGGCGTTGACGACGGCACTGGGC
 ACATAGTGCGGCACCGGCGTGGCGGGCAAACCGGCACGGGCGGGCAGCTCGCGCAACAGGGCCCACATCTCGTGGGCTTC
 TTGCGGGTGAAGGCCCGTACGCGGTACAGGCGCAAGCTCAGCGCCGACGCGGCTACCGGTTCCAGCAGCAACGCACCTG
 CAACGGCAAACAGCGCGAGCCACAGGCCCGCCTTCCCCAAACGGCAGTCTCCCTGCTGCGGCTGCGATCCCGACCAGGGTC
 AGGACCAACAGCCCAGTCTGCAGGCGGTTGAGCCAGCGGTGTTGCAACAGCGCCGTGCGCGGATCACTGGGATGATGACG
 GGTCAT

>BL12, 498 Basen (revers komplementär)

TCACTGGGATGATGACGGGTGATGCTCAGAGGTCTCGCGGGCGGGTCCGCGGCTTGGCGAGCAGCCAGTAGGTCGCAC
 CCAGAGCCAGCGTGGCGCCTGCCGGCGCGGCTATCTTTGCGGGGCTCGCCTCGGGGTCAAGGATCACGAACCTTGGCGGCC
 AGCGCGATCAGACCGATGAGGATCACGGTCTTGACCTGGATGATGCTGTCCCAGCAGCAGCCACGCGCACAAATGGAATG
 CTTGAACTCCATCGCGATCAAGAGCGTCATGATCATGCCGAACACACTCTGGAATACCTTGTGATCCAGGGGATTGAAGG
 CATCGAGGACCAGCAGCGTGAAGACGATGGCGATGAGCTGGAACAGCGACACCACGATGATGACGGCAATTACCGCCGAC
 AGAACGAGGGCGACGACCTGCTCGAAGCGCTCGTATAAACTCATGATGGCCATTGGTTCAGGAAGACCTGAAATGGATT
 GCGGCCTGTTGACTTCAT

>BL13, 1716 Basen (revers komplementär)

TCATGCAGATGGACTCCCTGCGACATTGCCGCTGTGCGAGACGGCGGGCGCATCGCACTGATGTGTCTTCAATCAGCTCGG
 TCGACATGCCAAGCGTCGACATCACCTGTTCCGCCAGCCCAATAGCTGCGGCAAAGGATTGCTGATACACGCGCACGTTG
 GGCATGGCGCGAAATGCATCGGCCGCGGTCGTAATCTGTCATGACACCCACAAGGTCAGCGCCGGACGGCGCTCGGCAAT
 CGCCTGGGCGATGCGCAACGCTTGTGGGCATGGGCGAACGTCAGCACCACCATGTGCGCATGCGTCAAGCCGGCAGCCA
 GCAAGGTATCGGGCCGATGGCATCGCCATGGAACACCGGCGCGCCGGCGGCACGCGCGGCTCGACCTTCTGCGCGTCC
 GCCTCCAGTAGCAGATGCGCCACGCGGGCGTGGCGAAGAATCTCGCTGACTGTCAGGCCAAGCTCGCCCGCGCCGAAAC
 GATGACATGGTCTCGATATCGCGCCGTCGCGGGCGATCTCGACTTCTTCAGCCTGGGGTGGCTGAATGACGCGCCCGG
 TGCGGCTCAAGAACCGGGCAAGTACATCGTGATGGCGGATCAGTAGCGGTGCCAGGGCCATGCTGAGCACCAGCGCAACT
 AGCATGGGTTGTACGACGGTCGCGGGGATCAGATGCTGCTGCAAGACCATGCCCAACAACAGCAGGGCGAACTCGCCGCC
 ATGCCCAACGCTATGCCCGTGCGCCAGGCATCGAGGGCGGACAGGCGCGTCCGCCGCAAGGCCAGGGTGTGAGCCCGA
 TCTTGACCGGTACCAGCACTGCCAGCCACGCGAACACCGCCAGTGGTGCCGAAAGAATCTGCGCTCCGTCCAACCTGCAGG
 CCGATGGTCACGAAGAACACCCCGACAACACATCGCGAAACGGTTTGAGGTGGCTTTCATGTGGTGACGGAAGTTCGCT
 CTCGCCCAGCACCATGCCGGCCAAAACGCACCCAGGGCGGGGATAACGCGACCGGCTGTGCAGCAGCGGCGGACGCCA
 CCACCACGCACAAGGAAACCAGCACGAAGGATTCTTCGTGGCCCTGCCGCGCCACCCAGCCAGCAGGCCATGCAACAGA
 CGACGGGAGGCGAGGGCCGCTGCCGCGAACAACATCAGCACGCCCAACACTTCGAGCAGCAGCTCTCGATCTTCGGCGA
 CTCGCCCGCGCGCCAGATCGCCAGCAGGGCCAGCAGGGGCACGCTGGCCAGGTCCTGAAAGACCAGCACGGCGATGGCGC
 TGCGGCCGTGGCGGGTGGTGAGCTCGCCTTGGTCGGCCAGCTGTGCGGCTGACCAGCGCCGTGGACGACATGGCCCGCCGA
 GTGCTGAGCAACGCAGCGCTCTGAACTGGCTGTCCCAGCCACATCAACATCAAGGTCAGTGGCGTGGCGACAGCGATCAT
 CTGCAAGCTGCCGGCCGCAATACGGTTTTACGGGAAAGCCAGAAGTGCCCGAGGGAGAACTCCAGCCCAACCATGAACA
 GCAGCAGGGCCACGCCAGCTCGGACAGAAAATCAAGCGCTTCTCCCGGCGGACTACACCGCTGACCGACGGGGCCAGC
 AAGGCGCCGACGGCGAGGTAACCCAGCAAGGCGGGTACTCTGAACGCGCCGTGCCACCGCCGCGAGGCTGCATGCCGC
 CAGCAGGATCAGGGTGGCGCCGAGCAAGTCTTCAT

>BL14, 441 Basen (revers komplementär)

TCAGCGCCCCACCTGTGCAGATGCCAGCGCACGATGTCTGCGCGCCAAGGCGCGGCTGACGCCGATCTCCCGCC
 CACCCTGGAACAGGGCGAGCGTCGGAATGCTGCGGATGCCGAACGCGCGCCAGGTGGGGTTCTGCTCGGTATTGACC
 TTGGCCAGCCTGACCCTGGGTTTCGAGCTGGCGCGCCGCTTGTGGAACGCGGGGCCATCATCTTGCACGGCCCGCACCA
 AGGTGCCCAGAAATCGACCAACAGTGGCAGGTCGCTGCGCTCCACGTGGCGCGAGAAGCTCGCCGTGGTCAACTCGATGG
 GTTCGCCCCTGAAACAAGGGCTGCTGGCAGCGGCCGAGTTGGGATGTTCCGATAGCTTCGAGTGGTACGCGGTTGATG
 GACTGGCAATGCGGACAGACGAGGTGAAGATTATTCTTCAT

>BL15, 1167 Basen (revers komplementär)

TTATTCTTCATGGTTTCGCCTCCTTGGACCACAGTGAGGCTGCCGCGCTTCGGGTACAGACAATGCCGACCAATCAACGC
 CTTGGAGCCAATCGTTCCCGTCTTTGCTTACTCCGGCCTCTTCCAAATGAGCAGCGATGAACGCTTCGGCCTGCATGAGC
 CACCTTTGGACAGTATCTTCTTACTAGGAATCAGCAGGATTTTCCAGAGACGCTGCTGGCATCCAGCCCCGTCCACACGGAT
 AAGCAGAAAAATGCGCCGCCACAAACGCGGCATGTCTTCCAGCAGGTGCAATGCAAAAAGCGAACTCGCTCGACCCGATCAA
 CTAGCTCCTCCTGTTCCGCGATCGTTGCGGCATCGGGATGCTGACTGTGAGCGATGATATCGGCCAGCCTGAGTGTGTCA
 TCGGGCTGATAAAATTCGAAGACTTCCCTCTTCCACCATGGCCTCGGCGACGTCTTGGGCATCCGGTTCGACCCGGCGGTC
 CAGAGAAACGAATTCGCCAAATTGCCGGCTGCTTGCACCTCGTTATCCAGGACGGCGAACAGATGCTTCAAAGACCCG
 TGTAAGCCTCTTTTTCCCCGGCACGGATTGCCATTCCACCTCAGCTCGGACAATCGCTTCATCCACCACGTGCGCGAGC
 GTCGGATAATCGCGCGGTAAATCGCCGACGGCCCGCAGATAAGCCAGCTCAGCCTTGCAGACAGCCTCAAGTTTCGACAG
 TAGAGGCATTCGGGTGCGCTCGGCCTCATGGGCGGCTGATGCGGGTTTTGCGGCAATCCGCACCTTGAGCTCGCGCAAGC
 GCTCGCGTCTGTGCTTTGCGCTTGATTTGATCTGAGCATGCAGTCGGTCAAAATGCTTCTTGGCCTGACGGAACAACGAC
 TGTGCGAGCATCTGCGCGAGGGCGTCAGCTCGTCATGTGATGCAGTAACGCTGACAGTCTTTTTGCCGGCAGGTGCAT
 ATAGCCACTGGCCAGAAATTCGCGCTTGATCTTGTGCGGATCAAGGACGATTTGAAAGTTGCGCTGAATCTTTAGTGTGTT
 TGTGCGCAATGGCTTGAGGGCGTGTCTGATCACATTTCCAAAGCTCTCTGCCAAGGTTTCATGAAACTCTTTGTGCGATA
 GCTCGATAGCTATATTGCATCTGCATGTATGACTCCTTCGATGTAT

>BL16, 612 Basen (revers komplementär)

TTATCCCTGGCGCGTTTTGCGAAGACGCCAACTCAAGAACAAAAGCGTGACACCATAGACTGCCGCATAGAAGCCCAACA
 GCCAGCCTGGCGCCAGGAATGACTCGACCGGACGGGAAAAAATATCCACAAGACGATAGCGCCAAGGACAAATCGAGAGC
 AGTCCACTGAAGGCAAGCCAAATTTACCCTTGATTTCTTGACGCGCCGAAACGGCGGGGATATCTCCAGCACACCGGT
 GAAAATCGCCAGAAGCCACGCTAGCCCATAAAAAGAAGCCAAGACTATCGTGGCGACCCAAGGAGCAACCAGGACGA
 CGACGCCGTAAGTATGCCGACAATGCCGCTGAACAGCAGCCAGCCAGCCAGCGCTCTTTTTCTGGATATGGCGCACCGCT
 CCAAACAAGTTGAACGCGCCATTGACCAAGGAAAATGCGCCGAACATGATGGTCATGGCCAACAGAGCCGATTGTGGCAT
 CCAGAACGCGAGGGCTGCGAAAATCAATGCCAAGACCCGCGCAACGCAAAAAGCCACCAATTTTGGCTCAGCGAACACA
 GTGCTTTGGTGGGGTCATCCGCACTGGAATCGGCGATGGTGTCTGTGTTTTCAT

>BL17, 888 Basen

TCAGAACAACCTTGGACAGCTTTGCCTTGATTTTCATCGAGCCAGCCTTTTCCGCGCCTCCCCAGCCGCTTTTTGCTTGA
 CTTTTCTTGAGTTCAGCATAACAGGGCTCAAAGTCTTCTTCTTTCCATAAACCAGCAGTTCGCCATTTCCAACCTGCTGC
 CGCGCTTTCGTTCAATAATGTCTCCAGGCGCTCATTGGACGCTTCGCTCCGCTGACCATCTTCTACCAAGGTCCTCGGCGCG
 CTTCAGGAGCAGCCTGGCGCGCAGGGCGGGCAGCGGATGCACGCTGCGCGTCTCGACCAGCGTGTGAGCGCTGCCGTGCA
 GCGCGGCTTTGGCTTCTTCAATCTTGCCTGATCGATCAGCGGCACGACTGACTTCACGGCTGCGGGATAGGACGCCAGA
 GGGATGTTGGTGACCGGATCACGATTTCACTGGCCAGCAAAGCCAGCACGTCGTCACGTCGCTGTTGCACCTCGCCATGTTT
 GAGGGCATCCAGCGCCTCGTCGGTCATCGCCTCAATGGTTTCCGTGTTGGCGAACAAAGTCGTCACGATGGTGGCGACAT
 CAACGGGGCCAGGGCGAGCGTGGGTTGCGCGCAACGATCAGCTCCAGCTTTCCGTCACTTCGGCCAGCGTTGCCAAT
 GCGCGTGCAGCTCCTTGGCGTCAAGTGGCGCCAGCGCTGATTTGGTCAGCGCAAGGCCGAGACGGCCTCATCGAGGAC
 TTGTTTACGTTTGTCTGCCGCTGCGAGTCCGTTTCTTTCTGAACCTCAGGCTGTACCTCCGTGACGACTTCAGGCTTGG
 ACTCTGGACTGACAGGAAGGCTGCTTACCAGCGCCTGTTTCGTTTATTCTTTCGTTTCGTCGATTTGGGATTCGGTGTGTTG
 TCATTCAT

>BL18, 915 Basen (revers komplementär)

TCAAACAGCTTTTGGATGCGCGTCTTCAACTCGTCGAACCATCCCTTGGCGCTTTTGCCACCAGCCGACTTTTGCTCAA
 TGGACTTCACCTGATCGAAGATGGGTTTGAAGTCCGCTTCTTGGCATAAACCAGGATCTGCGCCATCTCGATCTCCGTG
 CGCACGGACGACAGCAAGGTGCTGAGCTCCTCGTTCTGCTTGGCATCGCGCCTGTCGGTCTCGGCCAGCTTTTCCAGCTTT
 TGCCATCGCGGCTTCGGCCCCGTAGCACGGGCAGAGGAAAGGGCAGCCGAGGTACCACCAGCGTGTTCAGTGTCTGGGCGA
 GTTCCGCTTTGGCGTTGTGATCTTGCCTGTGATGAGCCGTGCGGCCGACTTGATCGCTGCCGGGTACGTTGCCATC
 GGAAGGTTGTGCGTTTGGATTACGATTTGCTGGCCAGATTGGCAACGATGGGCCGGGCTTTTGCACCTCGCCATCACC
 CAACAACCTCCGAGACAACCTGACCGCTTTCTTTACCGATTCCACGTTGGCGTGATATCGTGGGTGATGACGCGTACAT
 CGACCGCGCCAAAGCAAGTTTGGCGTCGCGTCCCAATACCAGTTCCAGCTTTCCGCTGGCCAGTTCCAGCGCAGCAAGC
 GCCTCCTTGGTCTTCTTGCATCAAGGAGGGTCAAAGCTCCTGGGCTTGGTGAGCGCGCTGATGGCGTCTTGAGTGTGAG
 CTCGGCACGCTTTTTATCGGCTTCCCGGGCGGCTTGTCTATCTACCTGTGGCTGTGCCGCTTGGATGCGGCGAGGGGTG
 CTGCAGCTCCTGGGCTAGAACCTGCCGCCGATTGGGCCAGAGCCGGTCCGCTCAGTCCGACGACGACCCGCCAGGGCAAGT
 GCGGAGAAGGTGATTTGTGGCTGTTTGTATTCAT

>BL19, 459 Basen (revers komplementär)

TTAGTTGACTGAGATTTCAATCTGTTTCGGTTTGGCTTGTCTCGGCCTTGACAAGCCGCACTTCCAGCACGCCGCTTTTCA
 TGGAAAGCCGTCACCTTGGTGGATCAACGTTGTGAGGCAAGACAAAGCTGCGCACAAAGCGGCCATACGCACGTTTCGATG
 CGGTGGAACCTTCTTGCCTGCTCCTTTTTTCCAGTTTGGCTGCGCGCTGATGGTGGACACACCGTTTTCCGCGCTGAC
 GCGCACGGCATCCTTGGGGACCTCCGGCAGATCCAGCTTGAGGAGGAATGCGTTCTCATCCTCGCTGATGTCGCCCATTTG

GTGCCAGTCCGCCGTGGTCATGGCTTCGTTGCCGGTACGGGCGCCCTGTGCTGGGGTATTGTCGGAACATCGTCGCC
 AGGCGGTTTTGCAATTCATCCAGTTCGGGAAGGGGTCCCACGGAGTCAATGCAGACAT

>BL20, 1818 Basen (revers komplementär)

TCAGTTCCGAACAAGTCCCTTGAGTCAATTGACGGATATCGCTTTCGTCGAGCGTTTCCCGCGCCAGCAGCTCGCGCGCAC
 AGCGCTCCAGCACCGCGCGGTTGATGTGCGAGAATCCGGTAGGCGCGCTCGAACACGCCCATCACGATGTCGCGGATAGCC
 TGATCGATGCGCGCCTGGGTCGATTTCGGCCACCCGGCAACCGCCGTGGGCCAGTTCAGGTGTATCGAGAAAGCGGGGCCG
 CTGCGCCTCGAAGGCGATGTAGCCAGGCCCTCGTCCATGCCAAAGCGGGTGATCATGTCACGGGCGATGTCGGTGGCTC
 GCGCCAGATCGTCCGCCGCCCGGTAGACAACCTCGCCGAACACCAGCTTTTCGGCGGCACGCCCGCCAGCAGTACGGCG
 ATCTTGTGCTCGAGATCGGTACGCGTCATCAGGAAGCGGTCTTCGGTGGGGCGCTGCAAGGTGTAGCCAGCGCGCCGAT
 GCCGCGCGGGATGATCGAGATCTTGTGTACGGGTTCGGTTTCGGGCAGCGCCAGCGCCACCAGCGCATGGCCCATCTCGT
 GATGGGCCACGGTTTCCCGCTCCTTGGGATTGAGCACTCGGTTCTTCTTCTCAGGCCCGCCACGATGCGCTCGATGGCG
 GCGGTGAAATCTGCAACTCCACGGCGGACGCTTTGCGCCGGGTGCGGCCAGCGCGGCCCTCGTTGACCAGGTTTCGCGAG
 GTCTGCACCCGAAAAGCCCGTGGTCAGCGCAGCCACCTGTTTCGAGATCGATATCCTGAGCCAGCGTCACTTCTTGACGT
 GGACTTTCAGGATGTCCAGCCGTCCCTTCTTGTGCGGGCCGGTCCACCAGCACCTGGCGGTGGAAGCGGCCGCGCACGCAGC
 AGCGCCTGGTCGAGGATTTCCGGGGCGGTTGGTGGCGCGGAGGATGATCAGCCCCACCGAGCTGTGGAAGCCGTCCATCTC
 GGTGAGCAGCTGGTTGAGCGTCTGCTCACGCTCGTTCGTGGCCCGGATGGGCCCGCCGACGCCGCGCGCGGGCCAGCG
 CATCGAGCTCGTCGATGAAGATGATGGCCGGCGCCTGCCCGCGGGCCTGCTCGAACAGGTCGCGCACCGCGCTGCACCC
 ACGCCGACGAACATCTCGACGAACCTCCGAGCCTGAGATGGAAAAGAACGGTACCCTGGCCTCGCCCGCCACGGCCTTGGC
 CAGCAGGTTCTTGCCTGTCGGGGCGGGCAACCAGCAACACACCTTTCGGGATGCGCGCGCCGAGGCGGCCGTAATCCT
 GCGGGTTCTTCAGGAAATCGACGATCTCAACCAACTCCGCCTTGGCTTCATCGACGCCAGCGACATCGGCAAAGGTCACG
 CCAGTGTCTTCTCCATGAATACCTTGGCAGGCTCTTGGCATGCTCAGGAAGCCACCCATGCCCTGCTTCTCGGCGAA
 GCGCGGAAACAGGAAGAACCAGACGCCGAAGAAGGCCACCCCGGAGAATCCAGGAGACACATCAGTATGGCCAGGTGC
 TTTCCACCACCGCGCATAGGGCACGTCGTAACCTTGGACAGCCGCTCGGCCAGGTCGGGTCGACACGGGTGGCCACGATG
 GTGGTCTTGCCTCGGCTGTCCGGCGATTTTCAGGCGCCCGGTGACCGTTCGGTCCGACACCAGCACTTCGGCGACGCGCC
 CTCGGCCAGCGCCTTCTCGAATTCGCTGTAGGGCACGGGCTCGACGGTCTTGGCCGCTGCCAGTAGTTCTGCAGCGTCA
 GCAGCAACAGGCCGGCGACGATCCAGTAGCCAATGTTCCATTGATCTTTCTTTTCCAT

>BL21, 1431 Basen (revers komplementär)

CTAGAGAATGGGGGTGAACAGACGGGGCCACCCCGTTCGCGCAAGCGGATGGCCAGCGGGCGGGCGCGCAACGCCTTCGCCG
 ATATCTCGCCCGACGCATCACGAGCGGCATCAAAAAGGGATTCCAGCCCGGTAGACAGCGCGGTGTCGTACACCTCCACA
 TTGAACTCGAAGTTGAGGGCGCAGGCTGCGCGCATCCCAATTGGCAGAACCCAGGCAGCACCCTGGCCGTCTATCAGCAT
 CAGCTTGCTGTGGTTCGAACGGGGCCAGGCCGTTTCGAAGATGCGTACACCGTTCAGCACCTGCCAGTAGTGGGGCGCGCG
 CGGCCATTGCACCGTGGGATGGTTCGCCGTTTTCGGGGCGTTCAGCACCTCGACCGCGCACGCCGCGCAACCGCGCCGTGCTC
 AGCGCCGATCATCGGCTGATCGGGCAGCAAGTAAGGTGTCCAGATGCGCACCGAATGCTTCGCCCGCTCAAAGCTGCC
 CATGAAGGTCAGCGCATCTGTCCAGGGCCTCATCGGGACCGCCCTCGATGCCGCGCGCCCAAGAGGTTCTTGTGCTCAT
 CAGCCGTTGCGGGCGGTTTCGCCCCAGAAACCTTGTGAGCCGCTCGCCCGTGGTATCGCACCAATCATCGTGAAGCAC
 CGCATCAGATGCGCAACCACCGCCCGCGCAGACGAAAGTCAAATCGTGACAGGCCTGCTCCGGCGCATCGGGCCGCCA
 ATACGGGCTGAAGATGTTTCATGCCCGCGGTGAAACCCGTTCTCGCCATCGATCACCAGCAGCTTTCGGGTGATTGCGCAGAT
 GCGCGGCATGCAGGCGCGCGGGAATCAACGTCGGGTTGAACGTCGCCCGCGGAACGCCGGCGGTTGCAAGGCGCGGTAG
 GCGCTGCGGGGCTCCAGCGGGCATAGACGTCGTCGATCAGCACCCGCACTTGCACGCCGCGCTCATGAGCCCGGCGCAG
 CGCATCGACGAACTGCGCCCCGATGCCTTGGCTGTGCAAGATGTACGAAGCCAGCGCGACGCTGTGCCGCGCCGACTCGA
 TGGCAGCGAGCATGGCCGGGTAGGCTGCTCGCCATCGACGAGCGGCTCGATGCGGTTGCCGCTGGTTCAGCGACTGGCCG
 GTGGCACGTCCCACCAGGTGCGCCAGGCCGGCAAACGGCGCCGATACGGCCTGGGGCATCGTAGGCACGAGTCTTCCCG
 AACAGCAGGATCTGCCCCGGAACAGCCGCGCGCCCGCGCTGGTAACGGTTGATGCCGAACAGCCATACAGCAGCG
 AACCGCCCAACGGCAACAGCGCGATCAGCAGCACCCACAGCGTGGCCGATCGAGGGTCAGTTCGTAGATGACCGCGTGC
 CCCGCTGTGGGGATAGCGACCGCCAGCGACACGAGGGTGGCTGCCCATGTTCAGCCCGTTGGGGTTCGGACAC

>BL22, 2769 Basen (revers komplementär)

TCAAGATCCGCCCGCCGCTGACTTCTTCTTTCGCGCAGGCTTGTCTCGCCGTTTCGGCGGTGCCTCGGCCAGTTCGCTG
 CATCGGGCTTTTTAGGCTCGGCCGGCTGCGCGGCTGGCTCCTGGCGCTCGAAGACCACCCGTTTCGGCCTTGTATCCAG
 CGGGCGCTGGCGTGATCGGCCTTGCAGATGCCACCACCGAGCATCTCGCGTGCCAGCGCGGTTTCCAGCTCGCTGCGGAT
 CAGCCGCTTTCAGCTCGCGCGCGCCGAACCTCGGGTTTGTAGCCTTCTCCGCGAAGTGGTTCGATCAAGGTCTGGTTCGAAGG
 TCAACGTCACGCCCTGGCTGGCGGGGTTGCGGGCCACACGATCGAGCTGCAGGCCGACGATATGGCGGATCTCCTCCTTG
 CCCAGCGCATGGAAGACGATGATCTCGTCGATGCGGTTGAGGAACTCGGGGCGGAAGTGTCCGCGCAGCACGTCATCAC
 CTCGGACTTGGTCTTCTCGTATTCTCGCCGGCGGCGCCACGGGCCCTTTCAGCCGACGCTGGATGATGTCCGAGCCCAAGT
 TCGAGGTGGCGATGATGATGGTATTGGTGAATCCACCACCCGGCCCTTTCGGTTCGGTTCAGCCGCCCGTTCGTAATACC
 TGCAGCAGGATGTTGTAGACGTCGGGGTTCGCTTTTTTCGATCTCATCGAGCAACAACACGCTGTAGGGTTTTCGACGCAC
 CTTCTCGGTGAGCTGGCCGCCCTCGTCATAGCCACATAACCCGGAGGCGCGCCACCAGGCGTGCACGGTATGGCGTT
 CACCGTACTCGGACATGTGATGCGCAGCAGCGCGCCCTCATCGCCATAGATGGACTCGGCCAGTGCCTTGGCGAGTTCG

GTCTTGCCACACCCGTCGGCCCGAGGAACAGGAAGGTGGCCACTGGCTTGCCGCTTCGCGCAGGCCCGCGCGACAG
CCGCACGGCATCGGCCACGGCACGTACTGCTTCGTCCTGGCCACCAGGCGCTCGTGCAGCCGCTGCTCCAGATGCAGCA
GCTTCTCGCGTTCTTCCACCGTCAGCTCGTTGACCGGAATGCCGGTCAGGCGGAGACGATCTGCGCGACATGCTCGGCC
TTGACTTCGGCGCTGCCCGAGGCGCGCTCGCGTTCCCATTCCTCGACGAGCTTCTTGAGTTCAGTCTCCTTGGCCTCGAT
GCGCTTGCCAGCTCGGCGGCTTGTCTACTGCTTGCGCGAAGCCACATAGTCTTGCTCACGCCGAGCTGGTGCAGTT
CGGACTCCAGCTCTTGACCCGCCACCGGGCGGGCCGTGGCCGACAGCTTACGCGTTCGGGCCGCTGGTGCAGCAGGTCG
ATGGCCTTGTTCAGGCAAAAAGCGCGCGGTGATGTAGCGGTCCGACAACCTCGGCGGCGGCGATGATCGCATCCTCGGTGAT
GCTGACCTTGTGGTGCCTCGAAGGTGTTCGCGCAGGCCGCGCAGGATCATCATGGTCTGCGCTACCGTCGGCTCGGGCA
CCATCACCGGCTGGAAGCGACGCTCCAGCGCGGCTCCTTCTCGATGTACTTCTGATACTCGTTGAGCGTGGTGGCGCCG
ATCAGGTTTCAGTTTCGCGCGCGCCATCATCGGCTTGAACACGTTGGCCACGTCAGCCCGCTTCGCGCCACCTTGCC
TGCACCGACGATGGTGTGCACTTCGTCGATGAAGAGAATCAGCTCGCCCTGGTGCTCGGTCACTTCTTGAGCACCTTCT
GCACGCGCTCCTCGAACTCGCCGCGGTACTTGGCGCCGGCCACCATGGCATTGATGTTGAGTTCACCAGGCGCTTGTGCG
CGCAGCGTCTCGGGCACTTCGCGGCGACCATGCGCTGCGCCAGCCCTTCGACGATGGCGGTCTTGCCGACGCCGGGCTC
GCCGATCAGCACCGGGTTGTTCTTCTTTCGCGCGGGCCAGCACTTCGATGGTCTGCTCGATCTCCTGCGCGCGGCCGATGA
CCGGATCGAGCTTGCCCTCGCGCGCCATCCTGGTGGAGTTCGCGCAATACTTGTTCGAGTTCGGCGTGTGGTGGCGGTC
TCGGCGCGCCATCCTCGGCCCTTTGCCGACCACCTTGTACCTGCTGGCGCAGCGCTTCGCGCGTGAGGCCGTAACG
GCGCAGCAGGTTGGCCGCCAAACCTTCGCTTCTTCGCGAGCCCGATCAGGAAATGCTCCGGCCCGACATAAGAGTGGC
CGAGTTTCGTTGGAGGCCACGAAAGCACGGCTGAGCGCGTCTTGACCCGGGGCGACACGCCGATTCGCCCTCGAACGGC
TTATCGCCGCGCTTGGCTTCGGATTTCGATCTGGCGCTTAAGGTTCATCGACCTTGATCTTGAACGCCCCAGGATGGTCTT
GACCACGTCGCTGTTCGGATAGCGCCAGCAGCAGGTGTTTCGGTATCGACTTCGGCGCGCCCGAACTTCGACGCGTTCGGG
CGGCCTCCTGCAATAGGGCTTCGGACTGTTTCGCTGATACGGCTGGCGAGCCCACTGCCGCGACGGCGCGCGGTGCCCGTA
CCGGCCGGGGCGGGTTCGCCGAACGAGGCATCGACGACCTCGTTCGGTATCGGCCGCCATGGACGGTTCGCTCGTCACCGAT
GCGGAAGAAGTTCGCTGCCAAGGAAGTCTTCGAACAGCCCGCTGCGCGAGCCGAACAAGGCTTCAGCGGTGAGACGGTTC
GCTTTTGTGGCGCACCAAGTTGGCGATAGTGCATCGTACACAACAGCAT

>BL23, 609 Basen (revers komplementär)

TCAGCCGTTGATCGGGATCGAGCGCCCTGCTGGGGCGTACTGGCCTCGCGCTTTTCCATCGTGATCGTGAGCACGCCGT
TCTTGAAAGCGGCCTTGCATCGTGTCTGTTGGTTCGATCGGCCGGCAGGTTTCAGAGCGCGCTGAAAGCTGCCGTAGGAGCGC
TCCACCCGATGGAACCGCCGTCTTTTCGTTTCTGCTCCTGACGCTTTTACCAGCGCACACCAGCAGCACGTCGTTGTGCGAG
CGTGATCTGGATGTCTTTTCTTCGATGCCGGTACTTCCAGGGCGATCTTGTACTGCTTGTTCGGTCTCCTGGATGTCCA
GCGCCGGCTTCAGCATGCCCGGCCAGTCCGACGGCCAGCGTGGCATGGCCAGCGTCGGGAAACCGAAGCTCGAAACCGC
TCGTCGAACAGGCGGTTCGATCTCGCGATGCAATTGCAGGATGGGACTGACGGGCCACCCGCCACCGGCAGGTCATTGCG
CTGCACCGGGAGCGAGGCGAGTGTCTGTTGTTCTTCTGCTCCTTCTTGAACCAGTTCAGGGAGCCAATTTCTTGAAAT
CAATGTCCATGTACACCTCCAGAAGAAAATTGAAGACTCTCGCTCAC

>BL24, 282 Basen (revers komplementär)

TCACTCCGTTTGCCTGCGGCGACGGACAGCGCGCCGACGACACGGAGTGTTCGCTGACTTTGGCTGCTCATCTGTGC
GTATCACCTCCTTTCTTCTGCTTGGATCTGATCATTGATCCATCGATCGATTTCACTTTGACGAAACCGCCACGTC
CCGCCGACCTTGAAGGCCGGAATCTCCCCGTGCGAGGCGAGCCGGTAAAGCGTCCGCTTGCCGACTTTCAAGTAGGCAGC
CAACTCGTCGAGTGTGAAGATCGCCTGCTGGCGCGCTGTTCAT

>BL25, 378 Basen

GTGGATGCGCGCGTGGTGGTTGCCAAGGCGCTGGCCGCTGACAAGTTTGGCGCCTGGTTCGCGGAGCTGCCTCCCGGCTG
CCTGGTGGCCCTGGAGGCTTCGCGCGGTGCGCATCACTGGGCACGCAAGCTGCGCGGCTATGGGCTGGATGCGCGGCTGA
TTGCAGGCCACTTCGTCACGCCCTACCGCATGGCCGGCAAGGGACGCAAGAACGGTTCGGCCGATGCCGACGCGATCTGC
GAGGCGGCAACCCGCCCGCACATGCGCTTCGTCGGGTGAAGCCCGGCGCAGACGCTGCTGGCCAGCCATCAGCTACG
CAAACCTCCCATTCACTCACGCGCTTATTCTGCTTGCCCTAGGGACGACCATGTAA

>BL26, 177 Basen (revers komplementär)

CTATGCGCAGGTCCACTTGCCGCGGATGTGGCACTCGACCGTGAACACGCCCGGCGTGTAGTCCAGCTTCTCGCTGATGC
GCTTGAGCGCACAGCCGACGCGCAGCGGGTGTTCGCGGCTCGTGGTGGCAGTCCACGCGCGGAGGTCGCCCGGCAAG
GCGGTGCGCTTAGGCAT

>BL27, 153 Basen (revers komplementär)

CTAGAGCTGCGCCTCAGCCGCGGCAAGGTTCGGCTCCAGAGCCTCGTTCGAACAGCGCGGTTGTTTCGGCATCGAGCTGCT
CGCTCTTCTTGCCGAACCTCAGGCGTCGAGCTGGGCGATCTCGAACGAGAGCTTCGCCGTAGGCGCTGCAT

>BL28, 909 Basen

ATGAACTTACGCCATCTTCGCTGCTTCATCGCCGTAGCCGAGGAACTGCACTTCGGCCGGGCTGCTCGACGGCTGCACAT
 CGAACAGTCTCCACTGTGCGGCACGATCCGCCAGATGGAGGCGGATTTAGGGGTGCCGCTGCTCAACCGCTTGCCACGCA
 GTGTTTCGTCTCACACCGGCGGGACAGGTCTTCTCGAAGAAGCCCGGCGCTACTGCTGGCCTTCGAGCAAGCGCAGACC
 AAGGCACGCGCCGACGGAACAGCGGAACACGCTGCGCATCGCACTATCTGGTGACATGGGGCAGGCCCCGCTTGTCGGC
 GTTGCTTGGCCTTTGCCGCGAGGAGGCACCACAGGTTCGGATATTTGAAACGCCACTGGCGCAGTTGGTGACTG
 GACTGCGCAACGACTTGTATGACGCAGGTTTTGCATTGGCTGGTGAAATGGACGCCGGCATCGTCGCCATGCCGGTGTGG
 CGAGACCCGCTGGTGGTGGCTTTGCCCCGCCAGGCATCCGCTGCTGGCTTCAAGGAAGTGCCGCTGGAGGAAGTGGCGAG
 CTATCCGCTGGTGTGTGCGATCCCCAGGTCTGCGAAGGTTGCAGCCGGCAGCGGAACGGCTGCTCCGCACGGTGGATG
 CGCAGCCGACGGTAGCCGAGTACGTCAAGACCCATTCCCTGATGCTGGCTCTCGTGGCCGCGGCTACGGCGTGGGCTTT
 TCGAGCGCGGCGCATCTGGCAGGTTGCCATCAGGCCGATGTCGTCGTCGCGCCGCTGGCCGACGAGACCGCTTCGCTGAC
 GACCTATCTACTGCGACCCGAAGGCGAAATCATGGAGCCGCTGCGGCAGTTCATCGACCCGCTGGAGCGTGTTCGGACGCC
 CGCAAGGCACCGATCAACGCCCGATGTGA

>BL29, 759 Basen

ATGCCGAAATCGAGCAGCCACGCCTTTGGCGCAAAGACGTACTACCGACCGATCGAGGCGGCCGCTCCGCTGGTGGGCTCT
 CCTGCGCTTCGAGCAGCGTATTCTGGAAGCGCTGGAGCAGCGTGCCATGCCGGAGCCCCGGCGAACTCCCGCGCTGGCCGC
 TGCTGCGCCTGTATGCCGAGCGCATCTTCGACGCGCTGACGCATGGCGAATTGCCCGGTGGCAAGGCCGGCATCGTGTG
 GACTCGCAGCGGCCGGCGCTCGACGACCCCGAGTTGACCGTGCGCCACGTGGACTTGAAAGCGTGGATGTTCGAGTTCTA
 CCCCCGCGATCGGCCGGGTTTTTTGTTTTCGACGGCATCGAACGCGCGGTGCATCCGGCGGTGAGCGTGGACACGCTCAACA
 TTCTGCTGGCCGATCGCGAAGCAGCGAAGTCGCAACTTGCCGAACTTGCCCTGGTGCATGAAACGCTGCGCACCGCGCAC
 GAAGCACTGGCGAAGGAACATGCCACGCGCGCGGCCAACGACGAACAGGCGCGGAGCCTGGCTGCGCAGCGAGACGAC
 TTACCTCAACATCATCGGCGGACTGCTGACGCTGCTGCTGGGCAATTCGCCGTCAGGCGCGGCTATTCGTCGTTCCGCA
 GCATGGATGCCGTGGTCAGCGCGCTGATCGCACACCATGAGGGGCGGCCGGGCTCAGCGAGCGGACGCTGTGGAGCAAG
 CTCGCGCAGGCGCGGCCACCTGGAGGCGTTCGCGCTGA

>BL30, 219 Basen

ATGTCTTCGAGACCACCGCGCCGGCAGTGCCGGCCGAGCACCGCATCCTGCGTCGCGCCGAAGTCGAGGCCAAAACCG
 CTTCAAGCGCGCGCACATCTACAGCCTGATGAAAGAAGGCAAGTTCCCCAAGGCGCTGCGCTTGGGCGTGCAGCGCCGTTG
 GCTGGGACTCGGCGGAGGTCGAGCAATGGATCGCCGATCGCCTCGATGAGCGCGCCTGA

>BL31, 867 Basen

ATGCAGGTGGTGTCCATCATTTTCGACCAAGGGCGGCGTCCGGCAAGACCACGACGGCGGCCAACCTGGGCGGCTTCGCAGC
 CGACACCGGGCTGCGCGTGTGCTGCTGGACCTGGACGTGCAGCCCCACGCTGTTCGAGCTACTTCACGCTGGCCGAGCGCG
 CGCCGGCCGGCATCTACGAGATGCTGGCCTACAACGAGCAGCGCGCCGAGCAACTGGTGTTCGCGCACCCGCGATCGAGCGG
 CTTGACCTGGTGTCTCTGAACGACGACCCGCGGCGAGCTGAACACGCTGCTGCTGCACGCGCCGATGGCAGATTGCGGGT
 GCGCCACCTGCTGCCACGCTGGCGCCGCACTACGACCTGCTGCTGATCGACACCCAGGGCGCGCGCAGCGTGTGCTGG
 AGATGGCGGTGCTGGCCTCGAACTTGGCGCTTTTCGCCGGTGCAGCCGAAATCCTCGCGGCGCGGAGCTGCGGCGCGGC
 ACGCTGCAACTCATCGAGGACATCGCGCCGTAACGCCACCTCGGCATCGAGCCGCGCGCTGCACCTGCTCATCAACCG
 CGTGCATCCGGTGTTCGATGCGCGGCTGATCCAGCAGGCGCTGCGTCAGGTATTCAGGAGCAGCCTGGCGTGCAGCG
 TGCTGGACACCGACGTGCCGGCGATTGAAGCCTATCCGCGCGCCGCGACGCGCGGACTGCCGCTGCATCGGGTGAATA
 CGCCAGCCGGCGGGCCGACGGCACCTGCCGATTGGAGACCATGCGCGCGCTGGCCGGCGAGCTGTTCCCGCGTGGCA
 GGAGCGCTTTGCGCTCGTACCGGCCGAGGCGACGCGGGAGGGGCCGCCATGGCCAGCGCACATAA

>BL32, 237 Basen

ATGGCCAGCGCACATAACCTGGCCCCGCGGCCACAAGCGGCTGCGAGGGCTGATCGAGTTCGCCCTGGGAGAAGGTTGGAA
 GGTGGTGCACCCCGCGGGCACCTGCTGTTTACGAAGCAAGGCTGCGCGCCGATCTACACCAGCTCGACGGCGAGCG
 ACCACCGCGCCGAGCGCAACGCCCGTGCAGCTTCGCCGCGCCGACCGACAGGCGCAGGAGAATGGCCGTGGCTGA

>BL33, 1650 Basen

ATGGCCGTGGCTGAGCTGACGCCGAGGACATGGCTGCCAAGCTGCTGGCCACCGGCTTCGAGCGCAGCGGCCCTTCGGC
 CGCGACCTTGAGCGACCCCATCGCCGACACGCCGATGGTGGTGCAGCTGGACCAGTTGCGGCCCTACGACCAGACCCAC
 GCGTGACGCGCAACCCGGCCTATGCGGAGATCAAGGCGTCCATCCGCGAACGTGGGCTGGACGCGCCCCCGCGATCACG
 CGCAGGCCGGGCGAGGCGCACTACATTATTCGCAACGGCGGCAACACGCGGCTGGCGATCCTGCGCGAGTTGTGGAGCGA
 GACCAAGGAGGAACGCTTCTTCCGATTGCGTGCCTGTTCCGCCCGTGGCCGGCGCGGGCGAAATCGTGGCGCTGACCG
 GGCATCTGGCCGAGAACGAGCTGCGCGGGCGCCTGACCTTCATCGAGCGGGCCTTGGGCATCGAGAAGGCGCGGAGTTT
 TACGAGCAGGAAAGCGGCCAGGCGCTGTTCGAAAGCGAACTCGCGCGGCGACTGACGGCCGACGGCTATCCGGTGCAGCA
 GTCACACATCAGCCGATGAACGATGCGGTGCGCTATCTGCTGCCGGCGATCCCGACGCTGTTGTACGGCGGATTGGGCC
 GGCATCAGGTGGACCGGCTCGCAGTGTGCGCAAGGCGTGCAGCGCACCTGGGAGCGGCGTGCCTGGGCCGGCCGCTG

ACCGTGGACTTCGCTTCGCTGTTTTAGGATGTGCTGTGCGAGTTCGACACGCAGCCGGAGGGCTTCTCGCCCCAGCGCGT
 GCAGGACGAACTGGTGGGTGAGATGGCCGAGCTGCTGGAAGCGGACTACGACACGCTGGCATTGGAGGTCGATGACAGCG
 AAAGCCGTCAGCGAGTATTGACCAGCGAGCCGGCCGCGCCGAACCCGGCAACGCCTGTGCGACCTGCGGGCGCCAGCCATC
 ACGCCGCAACTGTGCCCCGCGGGCGCAACGCCACGGGACACCTCGCCCCGTGCGGCCACCGGCAGAGACACCCCTCGGCACC
 ACCTGCCGCTGCACAAACGCCCGGGACGGGACGGGACGCGACGAGCGCCTGCAGGGGCACATCGTGACCCGGCCCCAACCA
 CCGAGCGCCTGCAGTCCATCCAGCGGATGGTTCGCGGATCAGCTCGGCGACAAGCTACCCGACTTCGAGGCAGATGCGCTG
 CGTGCGATCCCGGTGCAGGTTGGCGGGCTCTTTCCCATCTCGGATGTCTGGTACATCGAGCCGGGCTGGACGTGCCGGA
 TCGCCTGCGCGTGCATATCTCGCAGTTCGCTCGCGAGATCGCGGGGAAGCGGCGGTGGGCGACCACATCGAAGCCAGCG
 ATGGCGGCATCGGCTTCGCTGCGTGACCGCGGCTGGGCCAGGCGAAGGCGCTCCCGGCGTTCGCGCGTGCATGCTG
 ACCCTGCTGCACGCGTGCAGCCGCGCCGCCACCCGCGACCCGGCTGGACAGCGCGCGGCTGGCCGATGACCTTGGGCC
 GCTGCTGCATGGTACGGCGGCTTGGTACGCGCCTGAGCGATGCCGGGCTGGTAAAGCTGTTCCGTCTGCTGCGCCTGG
 CGCGTCGGCTGCTGGATCTGGAAGCCGGCGTAGCGAGCCAGGATTCCTGA

>BL34, 561 Basen

ATGTCGGCACCGCACCCGCTCAACCAGGCCGTGATCGCCCAGGCCCTGCATGACCTGCGCAACGGCCAGTTGCGCCGCTG
 CAAGGCCATGGGCTTCGGTGAGGAGGAGCTGGATGCGCTGAAGCACCCAGAACTCGTGAGCATGCTGGTGAATGCCACGG
 TGTGCTGGTGTTCGGTGTTCGGTGAACCGGGAAGTGTGGAAGCGGCTGCTGAGCCAGGTGCACGACGTGGAGCGGGAGATC
 GCCACGGTGGACCGCATGCTGCGCCTGGGGGCGAGCACGGAGATGGTCAAGTTCACGGCCTCACGCATCAGGAAGT
 GCGCTGCGCCGCGACATCCTCGGGCTGCCAAGCGTAAGGGTCGGCATCCGGTGTGCGACGAGGCGCAGGACGTGGCCC
 TGTGGAAACGCTGGAAGGCCGGCATCACGGAGCGGCACATCGCACTGAACGACGACATGGCGATGCTGGCGCTGACCATG
 GACCTGGCCGAGGCCATGACCCTGCCCATGTGCGGTGATCTGGTTCGGCGATACGGAACCTGGGTGACACAGGGGCTGGTGTA
 G

>BL35, 1194 Basen

ATGACGACGGGCGACGCTCCACGGCGTGATGGCCCGTTGCGCTGTGCGGCTTGTTCGACGAGGCGCTGCGGCACCTTGA
 GCCGAAGGAACCGGCGCAGGGCACGGCGCCGAGCCAGGACGGCTTTCTCTACAGCGCAACCGGCACGAGAGCGTGCCGC
 GCGGTTGTTCTTCGACCGGCGCCTGACGCGGCTGGAGCGCAATGCCTGGCAGGTGTTCCGCTGCAGCTCAACGACGAC
 GCGGTGACCGCCTTTCCACCTACGACCAGCTCCGCCATATCTGGCGTCCATGCCCTGTGCGGCGCAAGCCTCGCACGA
 GACCGTGGCGCGCCTTTCGACGCTGCTGCGGCTGACGCGCTGGCTCAGCCTGGTTCGGCGGCGCGCGGATCCCAAGACCG
 GCCGTATCCAAGGCAACCTCTACGTGCTGCACGACGAACCGCTGTACCCCTTCGAGGCGATGCAGCTCGACCCGGACTAC
 CTGGGCTTGGTGAGCCAGGCGCTCACGCACGCGGCGAAGGCGGTGCAGGTGCTGGGCATGAACACGCTGCGGGAGATCGC
 CGAAGACCCGCTGCTCAGCGGGCGCACGCTGCCGACCCGTCTGCAAGTGTGGCGCAGCGCATGGCGCGGCATGGCTGGA
 CGACGCCAGGTTATCCACAGGAGGGTGGCGACCACGAATCCGAAGAAGGCCAGGAAGCCCTTCTTCGGAATGCTGCGCGC
 CCGTCTTCGGAATCCGAAGCAGGACCGAAACCCGCGCCGACGGCTCTCTTTGGATTCCGAAGGAGGACCGTACAGTACG
 TAATGATCGTATAAATGAAGTACGTACAGTACCAGCGCGGAGGGCCTTGCAGAACCTGCGGCTGCCGAGCGTTTCCTGC
 GCTTGAAGGACGAGCAGCAGCGGCGCGCTGGTGGCGCTGCAGCAGGTGGACGAGGCGCAGAGGCGAGGCCGTTCTCGAC
 GAGTGGGCGCGCAGCTGCCACAACAGCGCGGTACGCAACCCGCGCCGCTACCTGTTTGGCATCATCCAGAAGGCGATCCG
 CGGGGAGTTCAAGGCTGGGCCGAGAAAGTGCATCGACGCCAGCGCCCCCGTCACTGCGCCCTCGTACCCGCGCAG
 CATCCCGTGGGCTGATCCCGAGGTGGCACGTGCCTACCTGGCTCAGCTCCGAGAAGCCTTTCGCTGATCGCTGA

>BL36, 861 Basen

ATGGATATGACGACTTTCCCGTCCAAACGCACCTGCAACCCTACAGCCAGACGTTTCAGCGCTTGTGGGCAGATGCCT
 GTTGGCGCTTCAACAATACGAGCGCCTCATGAAAGCCATCGTGGCCACCACGAGATTTTCAGGCCCGGCGCATTCGCTGG
 AGGCCATTCGCGCAGCGCGGATTGAAGATGCCGCGACCAAGACCCCTGGGCACGTTGATCGGACAACTGTTGGTTCGTAT
 GTCGTACCCGATGGAAATGGCGGCGAGGAACGCGACGACGATCTTCCCGGCGACGTGATCTCCTTTCGACGCGCGTGCA
 ACTGAGCCTGTCTGCGCAGGACTACGCCAAGACCCAGGCCGACCTCAAAGACCTGGTATCGCTGCGCAACACACTGGTGC
 ACCACTTCATCGACCAGCAGCATCTATGGACCGTGGACGGGTGCCGCGCTGCACAGGACGAACTCGGTTCCGCCTACACG
 CGCATCGATCAGCACTTCGAGCAGTTGCGCGGCTGGGCCGAGCACATGGATCAGGCGCGGCGCTGGCAGCGGAATTCGT
 CCACTCGGATGTGTTCCACGACCTGGTGGTCAATGGCATCGCGCCGACGCGACGCGTGGACTGGCCGCGCCGCGCATCG
 TTCGTGCGCTACGCGAGGCGCGCGCAGTTGGCCGCTCGAGGGCTGGACACCGATCGCCGCGCTGGCCGCTGGATCGCG
 GACCGGCATCCCGAGCAGCTTCCAGCCAATTACGGCTGCAGCAGTTGGCGGCGAGGTGGTGCACGAGTGCCGCATGTTTCGA
 GCTTCGCTACCGTGAGGTGGAGGGCAACGGGCGCCTGGTACAGACCTCGCGAGGCATAG

>BL37, 789 Basen

ATGGCAACGAACGCACAGAACCCCTGCAACTGAATCTCGGATCGCTGCGCAGCGCGATGTCGCTGACGCTGCACACGCA
 CCACGCTTCGCGCATCTGGCACGGCCGTGCGCCGACCGAGGGGCGCCCCGGCATCATCGGTCTCAACGGCTTCATCGGCG
 CCATGAACAAGATGAAGCGCGGCGCCGAGCAGGACGACCCGTAATCGGACTCGTGGATGTTGCGGATCGAGGACAAGCTC
 GCCGACACCAAGACCCGCTGTGCAGACCCTGCGCGAACAGGTGGATCAGGCCTTGGCCGACGTGCCAGCGGCGCTGTCCCT
 GGGCGAGAACATGAACGTGCAGCCGGTGAAGCTGCCGCTGTTTCGTGAACGCCAGCTCGGTTTCATGGCGGTGTATCTGC

TGGCCGACTACGACGACCTGGCAGCAAGCTCATCCTGGCGCACACACGGCGCTGATCGACCGCAGCACCTTGGAGCGC
 TGGCTCAATGATGGTGCACGCGCTGCGCAGCCTGTTCTCGCTGGCCCAGCAGTACCCTACTCGGGCAGCAGCGCGCA
 CGACTTCGCGGGCAAGAACGCGGGCGGCGAGCGGGCTGGAGAAGTTCGGCGAGTTGCCGACGACGCTGCTGGAAGGCA
 CGCGCCGCTCGCGCTTCGCGCCACCCATCGCGCGGGTGAACAAGCCCCGGCACGCCGCTGCTGCGCCTGCCATCGTG
 CCCGATGCGCAGGCTCCCACGGGTGGCGCAGCCGATGGTGCCGCGGGCGATGAGGGTGCTGGCGCATGA

>BL38, 549 Basen

ATGACAGCATCGCCCCCTATCAGCCACTCCACGCGCTTTCGTGGCGCTGGAACAGGCGGACTTCCAGCGGCTGGAACACGC
 AGGCTACCTAAAAGGCCTTTTACAGCCTTTTAAGGGTAAGGGGAGTCTGGAGACCTGGGCCAGCCAGTGCAGCGCTGC
 GCGACGACGTGATTGGCCTGGCGCAGCGGCGCTGCTGCCCCAGGCGCGCCTATCCATTAGTCTGCTCGACGTGCAA
 CTGGCCCAGCAGGCCACTGGCGCAGGGACGACCTTCTGCGCTGGCGCAACCTCGACCGTTCTCCATGGGCGTGGCGTT
 GTGGGAGGCCCTGCTGGCCAACCCCGCAGCCGGCCTCGCTGATCGACGATCTGTACGCGATCGAACTGCAGCGCATCG
 TGCTGAACATGCAGATCAGCCTGACCCACAGCATCGCCCGCAAGCCCTGGAATGCGCCAACAAGGCCGCGCAGGCCGAA
 GCGGCTTACCTGCGGCGCTCCACGGGCATACCGCATCCGTTCCACCCACCACCAAGGAGTCTCCATGA

>BL39, 384 Basen

ATGAGCACGCACTTCGTGGCGAGGGCAACATCGGTTCTGCGCCGGACTACCGGAATTTCCGAACGGCAACGACGAGCC
 ACGCCGGCTGCTTCGCTGAACGTCTACTTCGACAACCCGATCCCGAAGAAGGACGGCGAGTACGAAGATCGCGGCGGCT
 TCTGGGCGCCCGTGGAGCTGTGGCACCAGCGACCCGAGCACTGGAAGACGCTATACCAGAAAGCATGCGGGTGCTGGTC
 GAGGGCCGACCGTGCAGCAGCAATGGGAGGACGCCGACGAGAACGAGCGCGTGACGTTCAAGGTCGAGGCGCGGCGCT
 GGGCATCCTGCCGTACCGCATCGATTCCGGTGGCGCTCAGCACCAAGCCGGCCGGCGGACAGTAA

>BL40, 2016 Basen

ATGCGCCTTTTCTGTGCGAGAAGCCGTCCCAGGGCAAGGACATCGCCCGTGTGCTGGGTGCCGGTCAACGCGGCAACGG
 CTGCTACAGCGGCGCGGGTGTGCTGCTGACCTGGTGCATCGGTCATCTGGTAGAGGCGGTTCCGCCGAAGGCTACGGCG
 AGCAATACAAGCGCTGGGCCATCGAGCAACTGCCATTCTTCTGAGCGTTGGCGTGTGAGCCCAAGGCGGCGACCGCA
 GCGCAATTCAGGTCGTGCGAGCAGCTCGTCGCAAGGCGGGCGAGCTGGTGATAGCGACCGGACGCCGACCGCGAGGGCGA
 GATGATCGCCCGGAGATCATCGACCTGTGCGGCTACCGCGGGCCGATTAGCGCCTGTGGCTGTGCGGCTCAACGATG
 CGTCGATCCGAAAGCGCTGGGTGCGCTCAAGCCGTCCGCGAGACGCTGCCGCTGTATTTCTCCGCACTCGCCGATCG
 CGCGCCGACTGGCTGATCGGCATGAACCTGAGCCGGCTGTTTACGCTTCTAGGTCGGCAGGCCGGCTACACCGCGTGCT
 GTCGGTGGGCGCTGCAGACGCCGACGCTGAAGTTGGTTCGTGGATCGTGATCGCGAGATCGCGGATTCGTCTCCATGC
 CGTATTGGGCCGTGGATGTGCTATCCCATGCCGCGGCTCCTTACCCGCGAGCTGGATACCGCCCGAAGGCAGCACG
 GATCGAGCGGGTTCGCTGCCTTACGAGCCGGTGGCGCAGCAGCTGCCGATCGCATTCGCGCGGACGCGATGCGCAGGT
 CGTGTCCGTGGACACCGAGCGCTGCGCGAGGCACCGCCGCTGCCATTTCGATCTGGGCACCTTGCAGGAAGTGTGTTCCG
 GTCAGCTCGGCCTCGATGTGCGAGGAGCAGCTGGACATCGCGCAGGCGCTGTACGAGACGCACAAGGCGACGACCTATCCG
 CGCAGCGACTCGGGATATCTGCCGAAAGCATGCTCGCGGAAGTGGCGGCGGTGCTCGATGCACTGCTCGCCACCGATCC
 CAGCCTGCGGCCCTTGATCGGCCAGCTCGACCGCAACCAGCGTTTCGCGCGCTGGAACGACGGCAAGGTGTGCGGCTCACC
 ACGGCATCATCCCGACGCTGGAGCCCGCCAACCTGTGCGCCATGAACGAGAAGGAACTGGCCGTCTACCGGTGATCCGC
 GCTCATTACCTCGCGCAGTTCTCCCGCACCATGAGTTCGACCGGACGGTAGCGAGTTCTCGTGCGGCAGTCACTCGCT
 GCGGCGCTGGGCAAGCAGATCGCCGTACCCGGCTGGCGCGAGGTGCTGGCGACGCCGGGCGGACGATGCCGACGGCG
 AGGATGCGCAGCGCAGCCAGGTGCTGCCGGCGCTGCATGCGGGCCTGTCTGCCCCGTCGGCAAGGTGGATCTCAAGGCG
 CTGAAGACGCTGCCGCCAAGCCCTACACGCAGGGCGAGCTGATCAAGCCATGAAGACTGTGCGCAAGTTCTGTGACCGA
 CCCGCGGCTGAAACAGAAGCTGCGAGATAACCACCGGCATCGGCACCGAGGCGACACGCGCCAACATCATCAACGGTCTGA
 TCGGTGCGGGCTACCTGGTCAAGAAAGGCCGCGCCGTCCGCGCTTCCGACGCGGCATTCACGCTCATCGACGCGGTGCC
 TTGGCCATCGCCGACCCCGGCACCACGGCGGTGTGGGAGCAGGCGCTGGACATGATCGAGGCCGGCCAGATGGCGCTGGA
 CACCTTCATCGAGAAGCAGTCCGTGTGGGTGCGCCAGCTCGTGCAGCAGTACCGCGGCGCAACGCTCTCGCTCAAGCTGC
 CGCCGGCGCCGGCCTGCCCGCAGTGGCGCGCACCGATGCAGCAGCGCACGGGCAAGAGCGGCGGCTTCTGGTCTGTTCG
 CGCTACCCGGACTGCAAGGGCACGTTGCCGATCGAGTCCCCGACGGGCCGGCGCAGCGCACCGCGCAAGCGGCGCGCTGC
 CTCGAAGGCGTCTGA

>BL41, 393 Basen

ATGAATCTGTCTTTACCCGAAGACGTGCTCGATCAGATGGCGCTGGAACAGGCGCACTTCGACGCTGCACCGCAGGCCTT
 CTTTCAGGCGCTGGAAGCGCGGCGCGCAGATCGCCGGCCACGAGTGGTTCGGCGACGGCACACGGAAGGTCTGCAGCGTG
 CCACCACCAAGTGGGACCTGCGGCCCAACATGCTGATGCTCAACGACGCCCTGGGCGTGTGAGCAGCGGTCAACGCATG
 TTCCTGTCCGCGATGGTGAGCTTCTACAACCTCCCGCAGGGCGGCGCGATGCTCAAGCGTTGCGGCTTCGAGGGGCTGTC
 CGACTTCGGCGGCTCGATCTGGAACGGCGCCAGGTTCATCGCTGACCTCACGCTGCACTACAACGGCTGGTGA

>BL42, 717 Basen

ATGTCCCATTTCCAACAATCCCTTCGCCCGCGGCTACGATGGCCTGTCCGTGCAGCGGCTGCTGGCGATTTCTTACGACGA
 CGACTGCCCCGCTGAGCTACCTGCCGCTGCACGTCTCGCAGTCGCACCTGCCGGACAGCCAGGTCGAGCGCCATGCCTGCC
 TCTTCTGCGACGACTTCGCGCTGATCACCGAGGGCCAGAACGTGCCGCCGAGCTGGACGCGCAGTCCCCAGCCACGGT
 ATCGCCCGAAACCTCGTCTACGCCGTCATGGCCGAAGAAGCCGGCCAGCCGCTGCACGTGGCGGATACCTACTCCGAGGA
 AGCCGCGCGCGAGGTGGTACGCCGCTGCGCTTCGAGACCGGGTTCACAGCCGTGCCTGGGAAATCAGTTCGGCGCACA
 TCACCGAGGAGGCCGGTTCCTCGCCGAACCTGGCGGACATCGCCACGCCGAGCGGTTTTCTGTTCGTGGCCTTCCGC
 ATTCCCTACAGCCCGCGGTCGGCGTGAAGCTGATCGCCACGCCCTGGACGGATGCGAACCTGCAGCATGTCGAGGGCAT
 CACCGCCGAAGAGCTGCGGCAGGAGCACCGGGCCAAGGGCGTGCCGGAGTCCCTCGTGAAGTGTTCACCTGGCTGCGC
 TCGCCGACGTTTCGCATGTTGGTGTTCGATGCCGACGCGCCAGTGTGGACGGGCTGACGCTCTACGACGACGAGTAA

>BL43, 798 Basen

ATGGATACCCAAGCCATCCGCGCACAGATGCCGACGCTCGTTGTCCGGTCATGTGCCTTCCAACGTCGGTTCGTTCAAATT
 CAACATCTTCGACGGCCAGCCCAAGGTTTCGACGCTGGGCTTTCACATCGACCCGAAGCCTTCGAGGGCAAGTTCATCG
 CCACCACCGACGAGGCCATCGTTCGTCGAAGACGGGACGAGCCGAGTTCGCGGTGCTCGATCGCACGCTCGTGACCGAAGTG
 CCCGACGAGGGCGCCAAGGTGCAGGTGCAACCCCTATGTTCAGACGCCGCTTCGACGGTCAGCGGGCGGACACGCCCGAGGA
 GCAGACCGAGTTCACCGCCGACGGCCAGCCCTACACGGTGAAGCGGTTTCGTGCTCGGGTCCGCACCGGGCGAAGCTGCCGA
 TCCCCGAGCCGCGCTGCCCTTGTGTCAGGAACCTGGTTCGACCAACTGGAGCAGTTGCCCGCTCCCGACGGTTCGGGCGC
 GTCACCCACATGCTGGTGGATGCCGGCGCGGGACATCACCTGGGTGCTGATCCGCTGCCCGCCGACATCATCCGCACGCC
 GCCGGCCATCGGCTTACCGTGCACACGAAGTTCAGGGTTCGCGTACCGTGTGATGAGCGTGGCCTCGACCTCT
 ACGCGGTGGAGCTGCACCGCGACGGCGAGCTGGTTCGAACGGGTGATGAGGTGTCTTCGACACCTCGGCGAGACGCTG
 GAACGGCTGATCGACGACGGGAGTTGGCGGCGCATCCGCGTGCAGTGCCTGTGCTGCTAAGGCTATCCGGCACTGA

>BL44, 366 Basen

ATGACTGTTTCGATTCAAAGGCACGGAGCTGCGGCCCGTGTGTCGCGAAGCGGTGGCGAATCAATGCCGCGTCATCCTGGT
 CAAGGATCAGGGCGTGTACTTCTGGCCGAGTGCGGCGAGCGCCGACCCGATGGTGCAGAAAGACCATCGCCTATGCCG
 CTGGCTGCAACCCGGATGTCGATGCCTTCGATGACTGGTGGGAGCTGGCGCGCGCCGAGTTCGGTGGCGACGACTTCGGC
 GAGTTCCTTCGATCCGCAGGAGGGCGTGTTCGCGCATCCTGCGCAGCGAGGACGACCTCGACGTGTCGCTCCGCTCCGCGAC
 ACACCTATCGCTGCAGGCGGTTCTCCACGCCAGCGGTAAGTGA

>BL45, 552 Basen

ATGACCACTTCCACCGACAAGTCTACTTTCGATCTGCACATCACCGCCCTCGGGTATCTCAATCGCATCCGCGAAGTGAA
 CCCCAGAAAGGCGATGCGTTTCTGGCCGAGTGCGGCGAGCGCCGACCCGATGGTGCAGAAAGACCATCGCCTATGCCG
 TCGACACGCGCGTATCGGGATCGGAAGCGCAGCACCTGGTGCGCCGCTGCATTCAGGCGGTCGACGCCGAGAAGAAGGTG
 ATGATCGGCTTCCGCTGGGCGACCTGTGGACCGACACCTTCACCTACTCCAAGGGCAAGCGTGCCGGCGAGCAGGGGGT
 GAGCCTCAAGGCCCGCCTGCTGTTTCGTCAGTTGGATCAAGGTTCGACGGCAAGCTCGTCTACAAGGCCGAACCCAAAGCCGA
 CCGAGACCGACGAGCGGGACCCGGAAGTCCCTGTGACGTCCGACCGCGCCCGCGCAGCAAGCCTCGGCACCGGAGCCT
 TCCAAGCCCCTCGCCGATGCTGCCGACGACGCTGCCGATGCCCCCGCATTTGGCCGTTGCCGAGTCGTTCTGA

>BL46, 612 Basen

ATGATCACCATCCCCGGCCAACCTGGCCATCAAGACCATCCACGGCAGGAACGGCGACTTCAACGTCGGCCGCTGGCGAC
 CTCGATCGGCGAGTTTCGTTCGTCGAAGAACGCCGAGCTCGATCAGTACCGCGAGGGCAAGTACGACGGTGATTTTCGTCATCG
 TCGAGATTCGCCCCCTCCACGTACAACGCCAACGGCCGATGGTCATCGAGATCCGCGCCCATCTGGGCGGGATGACGCTG
 TCCAACATCGACGCCCTAAGCCGCGACGAAGCCCGCCGCTGAGTCCGCGAGGAAGTTCGATCCGATCGACGAGGAAGCGCA
 GCGCCCCGTGCCGGCAACGCCCGCGCAAGCCGAAGCCGCGCAGTCCGCGCGATCCCTGGTTCGATACCACGC
 CGTTTCGGCAGCAACCGGCTCCCGTGTCCGCTGCGGCCCTCGGCCGAGGCAGACGACGCGCGCTGTTTCGGTGCCTTGTGG
 CCCCTGGGCGAGACCGTGAAGCTCGATGCGACCGTGGATCGTTCGTCGTCGTCGTCAGCAGCGAGACCGTCTCGACAAGCT
 GGGCTACGAGTTCGCTCCGTTGTCCAGGACTGGCACCTCAAAGCTGCCTGA

>BL47, 366 Basen

ATGGGCTGGACCTTCGTTTCGTCAGACGCGCGATCAGATGATCCGCGAGCTGCTCGCTCCGCAGGCGTCCGAACGCGCTTG
 CTGCGAAGTCATCGACCACACGCTGGACGGCGACGTTCTGTGGACCGTGGTTCGCGTCACCGCCAGGCAGGCGGGCGTCA
 TGGGCTCGCGGCCGGTGGTTCATCTGCTACATCGGCTGCCATCTGCTGGAAAGCGCGGGCCTCGAGTGGGGCTACAAG
 TCCCTCGATGAGTCCGTGCATCCGTAATACTACTCGTGCCCGCTGCGCTATCTCGACATGGCGCCGGTGCAAAGCCCCGA
 GTGGCGGAGCGGGTTACCGCTTCCACGCGGGCCGCGCTGTCTAG

>BL48, 594 Basen

ATGGCCGACGTTGCGTCGGTGACGAGCAGGACAATCTCGTCTTCTGTGTCGATCTGGGCGCGGACACCGCCGTTTCAGGA
 GTTCCCTCGCCCGCTGACCCTCAGCCGGGATGAACAGGGACTGGATCAGTTCCACGTCATCACCGAGCAGGGCGCATCCA

TCCCGGTCTTCGTCGGCAACGTCGAGAACCTAGAAAAGCGCATCACCCGCGCCTATCGGGCAACGCTGTTTCGGTTCGCTG
ACGAATGTGTGGCTGTTTCGATCGTCGCTGCGTGAAGCCAGACAAGGCCAACGCCAGCGCGCTGGCGCTTCTGCCAGGGA
TTCCGCTCACCGGCTCGACCGGCTGTGGACGCTGGTGCAGGACACCTGCCCGCTGCCACTGCTCGACCACTGGCGCGACA
CCGTGCTGGAGCTGTTGCAGACACGGCGGATGCTGACCGGTCTCCCCTTGGCCCTCGGGCCGCTGGAAGGGCATCGGCTG
GCCCTCGATGTCCCGGCGCTGACGAAGGCGTTGGGCGAGCTGATCCGCAACGGCACCCCTCGGGGCCACGCAGTACGAACT
GGCCGCAACGCACCGCTTCGGCGTGTGGCGTGA

>BL49, 1110 Basen

ATGGCACTCATGTTTCCGCGCCTGGCGCGCAATTTTCATCCGTAACGGCTACTTCCCCACCGACGAGCCGACGCTGGAGCG
GGCCTTGTCCGCACTGGCGCCGTCTCCCGGCTCCATGTCCATCCTCGATCCCTGCGCCGGCGAAGGCGTGGCGATTGCCG
AAGCGGCCACGCCCTCGGGCGGAGCAGGTCCAGGCCTTCGCCGTCGAGTACGACGCCGAGCGGGCCGCCACGCACGG
CAACTGGTCGATCGCTGCATCCACGGCGACTTGATGGACATGCTGATCTCGCGCCAGTCTTCGGGCTGTTGTGGCTGAA
CCCGCCGTATGGCGACCTGAGCAAGGACGTGAACGGCAACATCGGCTATCAGGGCCAAGGCCGTGCGCGCTGAAAAAGC
TGTTCTATCAGCGCGCGCTGCCGCTGCTGCAGTACGGCGGCGTGTGATCTTCGTGCTGCCGTCTACGTGCTCGACGCC
GAGCTGGTCGGATGGCTGACGCGCCACTTTGCCGACCTGCGCATCTACCGTGCGGTCGAAACGCAGTTCAGCAGGTGGT
GATCTTCGGTCGAGGATTTCGTC AACCGCGACCCAGGCATCGGATTCGGTCAAGGCCACCCGCGGTCTGCTGCTGCAGATCG
GACAGGGCGACGCCGAAGCCGAGGAACCTGCCGCTCGAATGGCCGTTCTTCGCCGTACACCGTCCCTGCCAGCCGGCCGAG
CCTGAGCACTTCTATCGCGTGACGATGGAGCCGAGCAGTTCGCCGATGAAGTCGGCCGGCTGCAAGGACTCTGGCCGGC
GCTCGATACCCACCTGGGGCGCGCGCAGCAATCGCTGCGTCCGCCCGCGCGGGCCTTGTGCGACTGGCATCTCGCCCTGG
CCTTGGCCGCGAGGCGCGATCTCCGGCGTGGTGACGTCCAAGAGCGGGCGCGTGTCTGTCGTCAAAGGTGATACCCACAAG
GAGAAGATGCTCCAGACGGAGTACACCGAGCGCGACGCGCTCCGTGGCCGAGACGCGCATCTCACCGACAAGTTCGT
GCCGGTCATTTCGTGCATGGGACTTGACGCTGGGCTCGCCCACGTGGGGCGAAGTGTGACTATCCGCTGA

>BL50, 306 Basen

ATGGCACTCGCAGTCTCAACCTCGCGTCCCAAGCACGCTTTTCGCCCGGGCAGGTGGTCATGACCGCCGGCGTCGACGA
GCTGGTCCGACAAGGCCGGCTCAACCCACGCCGTACCTGCGCCGCCATCTTCATGGCGAATGGGGCGACCTGAGCGACA
GCGATCGGCGGCGAAGCACGCCGCGCTGAAGTCCGGCGAGGATCGTCTGTTCTGTCCTACCAGGTCACGCGCGACCTG
AAGCTCTGGATCATCACCGAATGGGATCGCAGCGTCACGACGCTGCTGCTGCCAGCGAATACTGA

>BL51, 2286 Basen

ATGTCCATCGTTCTCGAAACCGTTCCCTCTACCGCTGATGACCGCCTGTGCAGGGCGACCTGCTCGAAGCGGCCGCTTC
ACCCCTCACGCTCAGCCTGCAGGACTTCGTATCGGAGTTTCGGCGACGAACTGCTCGATTTCGCTCAACCGCGCAATCCTC
CGGTCTACACCGGCCAGGTGCGGGTGCATCGGCAACTGATCCTCGCCGCGCTCAAGCGCAAGTGTTCGCCGCGCAAGCC
GATGTGGTCCATGCCGTACCGAGCTGTTGGTTCGATCGTGGCGAACCGCCGCGATCGTCAATGGCGAGATGGGCTGCGG
CAAGACGACGGTGGGTATTGCCACCGCCCGCTACTCAATGCCGAAGGCTACCGCCGTACCTTGGTTCGTCTCCGCGCGC
ACCTGGTCTACAAGTGGCGGCGCGAAATCCAGGAGACGGTGGCCGGCGCAAGGTCTGGGTGCTCAATGGCCCGGACACG
CTGGTCAAGCTGCTGAAACTGCGCGAGCAGTTGGGCGTCCGGCGCAGGGCCAGGAGTTCCTTCGTCTGGGCCGCGTGGC
GATGCGGATGGGGTTCCACTGGAAACCTGTCTTCGTTTCGCCGGCGCACGCCTCACGGCGACGTGGGGGCTGCCAGATT
GCGGGCATGTATCACCGACCTCGACGGCGAGCCGATCAACCCGGTCAACTCGAAGCCGAGGAGTCCCGCCGAAGTGC
AGCCACTGCCGTGCACCGCTGTGGTTCGTTGATCCGTCCGAGAGGCTGTCCGCCAGCGACCACTCTCGACCGTGTCAA
GGCACTGAAGCGTATTCCAACCATCGGGGAAGTACCGCGCAGAAGCTGATGCAAAAAGTTCGGTGACGCTTCCTCGCGT
CGATGCTCGGGGACAACATCCACGAGTTCATCAACCTGATGGATGGCAACGGCGAGCTGGTCTTCGCGACCGGCAAGCC
CATCGCATGGAACGTGCGATGGCCAACATGGAGTTCGGCTTCGGCGAGGGCGGCTACCAGCCGTCCGAGTTCATCAAGAG
GCAGCTTCCCCAAGGCACGTTTCGACCTGCTCATCGCCGACGAGGCGCATGAGTACAAGAACGGCGGTTCCGCACAGGGCC
AGGCCATGGGGGTGTTGTGCGCCAAGGCGCGCAAGACGCTGCTGCTCACCGGCACGCTGATGGGCGGCTACGGCGACGAC
CTGTTCCACCTGCTGTTCCGAGCCCTGCCGGGGCGGATGATCGAAGACGGCTACCGGCCGACGAAGAGCGGCAGCATGAC
GTCGGCCGCGATGGCGTTCATGCGCGATCACGGTGTCTTGAAGGACATCTATTCGAGAGCACTGGCACGGCGCACAAGA
CGGCCAAGGGCACCAAGGTATCGGTGCGCACGGTCAAGGCGCCGGGCTTCGGTCCGAAGGGCGTGTGCGTTGCGTCTCTG
CCGTTACAGTCTTCCTCAAGTTGAAGGACATCGGTGGCAACGTGCTGCCGCCCTACGACGAGGAGTTCGCGCAAGTTCG
GATGGACACGGCGCAGGGCCGCGGCTACCGCATCTGGCGGGTCCGCTGACCCAGGAGCTGAAGCAGGCTTCGGCGAAGC
GCGACACGACGCTGCTTGGTGTAGTCCCTCAACGTGCTGCTGGCCTGGCCGGACTGCTGCTTCGGTCCGAAACCGTGGTG
CATCCGCGCACGCGCAACACCTTGGCGTTCGTTCCGGCTCAGTTC AACGAGCTGGAGGTGATGCCCCAAGGAACGCGAGCT
GATCGAGATCTGCAAGCAGGAGAAGGCAGAAGGGCGCAAGACCTGGTCTATTCGGTCTACACCGGCACGCGCGACACCA
CGTCCGCTTTGAAGGTGCTGCTGGAGCAGGAAGGCTTCAAGGTGGCGGTAAGTGCAGCGAGCGTGGATGCCCTCCCGCCG
GAAGACTGGATCGCCGAGCAGTTGGACCGCGGCATCGACGTGCTCATACCAATCCCGAGCTGGTGAAAACCGGCCCTGGA
CTTGCTGGAGTTCGCGACCATCGTGTTCCTCCAGTCCGGCTACAACGTGATTCGTTGCAGCAGGCCGCCGGCGCTCAT
GGCGCATCGGCCAGAAGCAGCCGGTGCAGGCTGATCTACCTCGGCTACGCCAACTCCTCGCAGATGACCTGCCCTGGGGTTG
ATGGCCCGAAGATCATGGTGTGCGAGAGCACGTGGGCGACGTGCCCGAGTCCGGACTCGATGTCCTGAACCAGGACGG
CGACTCGGTGGAGGTGGCACTGGCACGGCAGCTTGTACGGTCTGA

>BL52, 570 Basen

ATGCAACCATCCATCCGCGCTGTTACCCGCTGGCCCTCGCCGCTGGCTTGCTGGCCGGCAGCCTGTTTCGCCGTCGGCTG
CGCCACGACCCGCCGCGCCGTCTGCGCCAGCGGTGCCGGCCGCATCGCCAACCCGCGTCGCGCCGGAGCCGGGTTTCGTTC
CGGTGGCCCGCTACGGCCGCTACACCCTGGTTCGAGCTGGTGGCCGAACCTGCGCAGCGTGATCTCTTGCAACAGGCGGTG
GAGGTCTCGATTCCGCCCATGCTCGATGCCAGCGTGGGCGATGCCATGCGCCATGTGCTCCTGCGCTCGGGCTACCGGCT
CTGCGATGCGCCGAGGCCGCGCGCTCTACGCGCTGCTGCTGCCCGCCGACACCTGCGCCTGGGCCCCGCTGATGCTGC
GCGATGCCTTGCTGACCCTTGCCGGCCCCGCTGGGAGCTGTGCGGTGATGACGTGACCCGCCAAGTCTGCTTCAGCCGG
CACGGTGTCCCGCCTTCCTTTCCGCCAACCCGCCCGCCACCGCCACGTCCGTGCCGGACGCAGATCGGCCCGAGGAGAT
GCAGCCATGA

>BL53, 648 Basen

ATGACCTTTCCCAAGCGCCATCCGAGCGCAATTCCCGCACGCGCTGGCTCAAGATCGCCGCGGCCTTCTGGCTGCTGCT
CATCAGTGCTGTAGCACTCATCAACAGCGTCGGCCTGTGCGGGCTCGCCGAACAGACCCAGAGCAGCGCACAGGATGCGC
AGGTCAAGGCGCTGGGCTGCGCGTGGCCGATCTCGAACGACAGGCCGATGCGGACAAGCGCCGGCCGGCCGATCAGC
CAGGCCGAATTCCCAACGGGCGGCAGGCGCTGGACGAACGGATGACGCGCCTCGAAGAGCCGACGAGGCGAGGGCCCT
GGCCGTCGACCTGCAGACGCTGCAGGCGCGCTGAACGGAATCCAAACCCGCTGGAGAAGACCAGGCAGGTGGCATCCG
CCGCTCGCCCGCACGCTCCGCTTGCGACGAAGCCCAAGGTGCCGGAGCCGCCGTTCCGGGTGCTCGGGCTGGAGCTGCGC
GGAGGCGAGCGCTTTCTGTGATCACCTCCACCGCCGCGGACTCGCTCGCGGGCGCCCGGCTGCTGCGCGAGGGCGATGC
CGAGGGCGGCTGGCAACTGCGGTCTATCGAGGCGCAGGCGGGCGTGTTCAGGTGAACGGCCAGACGCAGCGGTCGCGG
TGCCGTAG

>BL54, 798 Basen

ATGACCCCCACGCTCACTTCGTTTCGCTGCCCCCGGGGGGCTTCAGCCTCCTTGAGGGCGGCTCGGGCGGAGGCTGACCAT
GAACCTGCGGCGGTTGCTCGCTGCCGTCGCTCTGTTTCGCCGCTTTTCGGCGCATCCGCCAGCCGGCCCCGGTGACGAACT
CGCGCATGGTGGCCGCCAGGTGCAGCCGGGCGCTGATGCCGCGCTCGACGAGAGGCAGTCGCGGGAGTGGGGGCTTCAC
CCCGAGGAGTGGACCCGTTACCGGCGTTTGATGCAGGGGCGGCTCGGGGTCTATTGCCCCAGCTCGATCCGCTCACGGC
GCTCGGCATCGAGGCCCCGAGCGAGGAGGAGCGCAGGCGCTACGCGGAGTTGCAGGTGCAGGCCGAGGCCGGCGCGTCC
GCAAGACGCTGGCCTACCAGCGGGCCTACGACGCGGCGTGGCGGCGCCTGTTTCCCGGCCAGCCGCGCTGAGCCTTCCC
GGCGCAAGGCGCAGGGTGCCGGCAACACCGGCTCCGGGCGCCTGGCCGCTTTCGTCGAAGCCGACTGCGCACCGTGC
GCAGCGCTGCAGCAGTTGCAGGCGGCGCCGACCGCCTTCGACCTCTACATGGTTCGGCAGCCGTCAGGACGACGCGCGCA
TCCGGCAGTGGGCCACCCAGGCGGGCATCGACCCGGCCAGGGTGCGCGCCCGCACCATCACGCTCAACCACGATGCGGGG
CGCTGGCTGTGCTCGGCTGCCCGGCGATCTGCCGGCCGTTGGTGCGCGAGGTGAACGGCCAATGGCAGCGGCAATAG

>BL55, 621 Basen

ATGGCAGCGGCAATAGGTACTCCGGGCGGGAGCGTCGGCCATCCCGGCTACCATCCGCTGCGCCAGCGCCGCGCTGCT
GCTCGCCACCGCGGCTGGACGTTGGCCGCCCTCGCGCGGGAAGTGCCCGCCGGCCATCAACTGGCGGCGCATCGTG
CAGACGTGCCGGCGGGTGTGTACGCGGTGGCCTTGAGGAGAGCGGCGCCATGCTGCGCGGGCGCCTGATCCCCCTGG
CCGTGGACGCTCAACGTCGCCGGCTCGCCACAGCGCTATGCCACCCGCGCGGAGGCTGCGCGGGGCTACGCCGGGCACT
CGCCAGCACGCGGCAATCGCATCGACGCGGCTCGGCCAGGTCAATCTCGGCTACCACACGCATCGCTACACGCAGC
CTTGCGAGCTGCTGGACCCGTACCAGCAACCTCGCCATCGCTGCGGAAATCCTGCGGAACAGCACAGCCGGGCGAGGAC
TGGCTGCTTGCCATCGGCCGCTACCACCGGCCCCGCGGGCGGGGACCCCGCGGCGCTACCGGCGCAGTGTGCATCGGCA
CCTGACCCGTTGCTCGACCCCGACGTTCCCGTTCCAACCCCTCCAGGCCACCACGCCATGA

>BL56, 534 Basen

ATGAACCACATCGTTCCTCATCGCCGCCATCGGGCTGCTGTCCACGACCACCGTCTTCGCCAGACCGCTCCGCGCCGCT
GATCGTTCGTCGAAGACCACGGCGGCGCCTCCGCGCTGCCGTAACCGGTCGCTGAATCCTCAGCCGATCAGGCCACAC
CGCCGACCCCGATGCCGGCCCTCGCGTGGGCAACGCGGCCGACCCGAAGCCGCCATGCTGCCGGTTCGCTCGACGCAA
CTGTGCGCCGGGCGAGGTGCAGCGCCGCTCATCCGGGCGCCGGGCTGACGGCGCTGTTCTGATCGGCGACGACGAGCG
TTCGCGCGCCTGGCTGCGGCAGCGGAGGTGGCGCTGCGCGAGCTGCAGGCCGTTGGGCTGGTGGTCAACGTGGAGTCGA
TGGCCGCGCTGACGGCGCTGCGCAGGCTGGCTCCCGGCTGACCCTCTCGCCGGCCTCCGGCGACGACCTGGGCCAGCGC
CTGGGCTGCGCCACTACCCGGTGTCTCATCAGTCCACCGCATCGAGCAGTAG

>BL57, 2157 Basen

ATGGCCCAACCGCATGCGGTTCGAGGTTCTGCTGCGGCCAGCGGTGGAGCTTTACACCGTGGCGGTTTGCACCGGCGCCGC
GATTCTGTGCCTGGTGGCACCGTGGTTCGCTCGCGCTGAACCCGCTGCTCGGCCTGGGCTCGGCGCTGGCTTTCTGACCT
TCGGCGGATTCGCTGCGCGATGCCTGGGCGATCCTGCGCTATCGCCGAACATCCGCCGCTGCCGCGCTACGTGATG
ACCAGCCGCGACGTGCCGGTGTGATCAGCAACGGCTGTTTCGTCGGCCAGGGCTTTTCGCTGGGAACAGCGGCACACGCACCG
GCTGATGCAGACCTATCGGCCGGAGTTCCGCCGCTACGTGAGCCGACGGCGATCTACCGGGCCCGCCGGCGCTGGAGG

AGCGGCTTGAGTTCGCGCCGTTTCCCGTCTCGACGCTGGCGCGCGCTTGGCCTGGGACAGCCCGCTCAACCCGGCGCGA
 CCACTGCCGTCGGTCGGCGGACTGCCACGCCTGCATGGCATCGAGCCGCACGAGGTCGACGTCACCTGCCGCTGGGCGA
 GCGCGTCGGCCACACCCTGGTGTGGGACACCACGCGCTGGGCAAGACGCGGCTGGCCGAGCTGTTTCATCACCCAGGACA
 TCCGCCGCAAGGTCCGCGGCGAGCACGAGGTGGTGTATCGTCTTCGACCCCAAGGGCGATGCGGACCTGTTGAAGCGCATG
 TACGTCGAGGCCAAGCGCGCCGGGCGGAAGGCGAGTTCTACGTCCTTCATCTGGGCTGGCCGGACATCTCGGCGCGCTA
 CAACGCCGTGGGCGGTTTCGGGCGGATCTCCGAGGTGGCCACGCGGATCGCCGGGACGCTCTCCGGCGAAGGCAACAGCG
 CCGCGTTCGCGAATTCGCCTGGCGCTTCGTCAACATCATCGCGCGGCCCTGGTCGAGCTGGGGCAGCGGCCGGACTAC
 CTGCTGATCCAGCGCCACGTCATCAACATCGACGCGCTGTTTCATCGAGTACGCCAGCACTACTTCGCCAAGAACGAGCC
 GAAGGCCTGGGAGGTCATCGTCCAGCTCGAAGCGAAGCTGAACGAGAAGAACATCCCGCGCAACATGATCGGGCGCGAGA
 AGCGCGTGGTGGCCCTCGAACAGTACCTGTCCCAAGTGCATCTATGACCCGGTGTGACGCGCTGCGCAGCGCCGCTG
 CGCTACGACCCGACCTACTTCGACAAGATCGTCGCTTCGCTGCTGCCGCTGCTGGAGAAGCTCACCACCGGCAAGATCGC
 GCAACTGCTCGCACCGAACTATTCCGACCTGTCCGACCCGCGCCGATCTTCGACTGGATGCAGGTCATCCGCAAACGCG
 CGGTGGTCTACGTGGGCTGGATGCGCTGTCCGACGCCGAAGTCGCGGCGCGGCTGGGCAACTCGATGTTACGCGATCTG
 GTCTCGGTGCGCGGCCACATCTACAAGTTTCGGCGTCGACGACGGGCTGCCCGGCGCGGCGGGCGCCAAGATTCGGAT
 CAACGTCCACGCCGACGAATTCAACGAACCTCATGGGCGACGAGTTTCATTCGGATGGTCAACAAGGGCGCGGTGCCGGCG
 TGCAGGTGACGGCCTACACGACAGCCTTGAGCGACATCGAGGCCCGCATCGGCAATCGTGCCAAGGCCGGCCAGGTGGTC
 GGCAACTTCAACAACCTGTTTCATGCTGCGCGTGCAGGACCCGCCACCGCGAGCTGCTGACGCGACAACGCCAAGGT
 CGAGGTGTACGCCACGGCGCTGATGAGCGGCGCCACCGACAGCTCCGATCCGCACGCAATACCGCGTTCACGTCCAACA
 CCCAGGACCGCATCAGCAGCAACAGCGTGCCTGTGATCGAGCCGGCGCATGTGGTGGCGCTGCCAAGGGGCGAGTGTTC
 GCGCTGACCGAGGGCGCAACCTCTGGAAAGTCCGCATGCCGCTGCCTGCGCCCGACCCCGACGAAGCCATGCCGAAGGA
 TCTGCAGGAGCTGGCCGGCTACATGCGACAGCACTACGTCGAGGCGAGGACTGGTGGGAGAACCAAGGCATCCCCGGCC
 TGCAGGACAAGGCGCTGCCCGACGACCTGCTGGACGACTTCAAGCAGATGGCCGCGGCTGAAGAGGGCCGAAGCATGA

>BL58, 750 Basen

ATGAGCGATCCGGCCGTCGCGGCCCAACGCCAGCAGCAACGACAGCAAGGCCCTGATCGCCGGCCTGGTACGCTGCCGTT
 CCGCTTCTTCGGCGTGTGTGCGGCGCGCTGCTGCTGTGCATCCTGATCGAATGCGTCGGCATGCACCTTCTTCTGGCCCCG
 AGCAGGGCTGGCGCCACGCGCAGGGCATGCTGCACTACGAGCTGGATCAGCTTTCACGCATTTACCCCGCAGCGCGCTG
 GTGCAGGAGCCGGGGCGCACCCGCGCACCGGCTGGTCGAGCAGGGCTACGACTGGCTGTTTCGTGAAAAGCGGTCTGCTGGA
 CTGGATACGCGACGCTCGGCGCAGGCCAGCGCCGCGCAGCCATCGCCCGACCAAGGACTTCCGCTACTACCTGGGTCTGG
 TCTCCGTGAACGTGAAGAGCTACCTGATCGCGGCGCCCTACACGACACTGGTCTTCTCGTGCAGGCTGCTGGTGTGTGC
 CTGACCTTGGCGCTGTTTCTGATGGCCGCTTCGTGCGGCTGGTGGATGGCCTGGTGCAGCGGACATCCGCCGCTTCGG
 CGCGGGACGCGAGTCGGGGTTCATCTATCACCGCGCCAGGGCCAGCCTGATCCCGCTGGCCGTGCTGCCGTGGGTGACTT
 ACCTGGCACTGCCGGTCAGCGTGAACCCGCTGCTGATCCTGCTGCCAGCGCCGCACTGCTCGGCGTGGCGGTGTGCATT
 GCTGCGGCGACGTTTTAAGAAGTACCTGTGA

>BL59, 1764 Basen

TCAGTTTGAACATGTCTCCGCTGTACGTAGCAGCCACTCAATCTGCCGCCGCGCGGTGGAGATGACCTGACCAAAAATCC
 GAGCCTCGACATGCGGTTACAGATTGTCCGTAGGAAAAGTCGGAAGACCGACTGCCGCCGACGAGCAGAACCTGAATCGGA
 GAACCGAGATACTTTGCCAGTTCGTGCCTGTAACCAATCGCTTGCACGTAATCATCGTGATTCAGCGCGTGGCTCGGCCG
 CTTGAACTCGATCAACAGGTAAGTTCGCGCCGAGGTTCTCGTTGAGGAGCAGGTCGGGGCGCCTGTTGGCCTTGTACCTG
 TGTAGGTCTCTCCGAGGACATCTTCCACTTGGCGCCGAATGTACTGTTTCGAGCTGAATAGCGAGTATTCGGGACCGAAT
 ACCCACAGGTTTCGCTCCAGGGCTTTGTGCACGACGGCTTCCGTCGTAGCGGCGTCACGAGCGAGCGCTCCAGTTGATC
 AAGGAAGACCTGGCGAGCCGTGCTTGTGTACAAGGAAGGCCATCTCTGCCAAGCCAAATTCATCAAGCGCTCGGCTA
 CCCCAGCGACATCGCCCGGTGTTGCTTCTGCGATGTGCTCCAGGAGGATGCGGTAGTCGGAACGCTCCATCGCTTCCAAC
 AGCACATTTACCACCGGCTCGACTTTGCTCTCCGGCTCGCCGTAATACTTGTGAGAATCTTCTTGATCGCGCGGTGCGC
 AAATACACGCTTGTGCTCTGGCAGAGCCGACAAGCGCGGAGGATCGCTCTCTGCAAGCGGGCTGCGCCAACCTGAATTT
 CGCGCCGGTACTGCTGCTCATAGGCTTCTCGCAAGATGGGCTGGACGTAGCCCTCAACCTCTCTCAGAAGCTCGCTGTTT
 TCGACCCGCCGATCCCAGCCCGCGTGTATGTGGTTCGCGCAGTCCATCTGCTTCGATCTCGCCGTAGAGCTTTCGCGAGCAG
 CTTGGATGGAAAGTCATCTCGTTGATCAAGGCCGAAGAACCAGGCCGCCAAGGCTTGGCGTCCACACGCGAGAGTGA
 TGCCTGGCTGACGCAACCCGGACTTGGCGTCGCTGATGGAGAAACGCGACTTTACCTTACCGGCACTTGGAAAGTCCCTCT
 TCCTGCTCCGAGTAGCTACCGGATACATCATCGACGTCGAGCCGCTTGGCGTCGATCGTGATTCGAAAGTCATCCTGTG
 CCCGTAGTCTGCAAAAGGATCTGGCGCAGCCGATTTGGCATCCGGAATGAGCCAGGCCCTGATGCAGATCGCTCAGCGTGA
 TTGTCTGTCCTGCAAGGTTCCGGCCACAAGGATCGCTTTGACAGCCGATATTCAACTGTTCAATGTCTTCGACTTGGGAG
 AGATCGTCCAGCCGAAGGTGATACAGCACAATCGACCCGCGCGACGGGTTTCAAGCGTCATCACCGCTGCGGCCATGAG
 CCCGGCGAACTTGGCGATACCCTTGGCGCCCTTGACCAAGCGATTTTTCCCGCCGTCGCTCACCAGCCCGCGAACGCC
 GATCAGATGCGATCGACAAATAGTGCCGGCGCAGTTCTTCTCGGTTCATGCCAGTGCCGTCATCCTGGATGACGAGAGGG
 TCACCACTCAGAGGTTTCGGGAGGAGGATCGTTATCTGCTCCGCGTCCGCGTCCCATGCGTTGTCCACGAGTTCCCTTCAG
 CGCTCGCTCGGACGAGGAGTATTCCTGACTCAACAATGTGGCGAGGCGGGAATCCACCTGGAAGCGCAGATGAGCACGGC
 TCAT

>BL60, 2736 Basen

TTACGCCTTGACCTCAAAGCGCAGGTAATCCGCGAGCCGTTTCGACTCGCTGACTTCGTCATGGGGCACCAGCAGGTA
TCCAGGGCTTGGTGCCTACGTTTCGCCGCGTGATCGGAAGCGTGCTTGCACCACCGCATGGCGGCAGCGGCCCTTGGCCTGA
ACCTCCTGGGTGTTGATGTCCGGCACGTGCCTTGGTCTCCACCATGAAGATGGTTCGCGTCCGCTTCGGCCACGAAGTCCGG
GATGTATTCGGGCTGCTCGGTGCCGAGCTTGTAGTAGATCTGGAAGTGCCTTCGCGGGCTTGAGCCACTTCGTCGCGT
CGCGCTCCAGGATGATGGCGAAGCGCCGCTCGGTATCCGAGTCAACTTCTGCAGCGGATACAGACAACCGCGGAAGCCA
CCGAAGAGCATCTGCTTGATGCGACTGGTCTCGGTACGGTCTCCCGAAGTGGTGGGCGCTTCGGCTGCCGTGGCGGT
GTAGTTGCACGGCTTGAGTTCCGGTGAAGCCGCGACTGACCTGCACCTCGTACTCGGTGCCTCCTCCAGAAGTGGGCCA
TCATCTGCGCGTGGATTTCCCGTGCATCAAGCGCGGTCACGATCCAGCAGCTGATGGCTTCGTCTCGACAGATAG
CCGCGCAGGTGCTGCACCATCTGGCCCGGAGGTTCGTAGAGCAGATCGGCGTGGGTGAAGTAGTCGATGTCATCGAAGTC
CACGAGGGCGTGGACGATGTAGTCCCTCCGGGCGCTGCTCCTTGAGCCCGACCTCGGCGGCCAGAGTGAAGTGCCTGG
TCCGCGAGCATCTGCCCGACGATCTCGCGCTGGCCCGGCTGGAGATGGAGCTGGCTCACATCCAGCTTGAAGGCGTGGAA
CCGGTTCGTGACCTCGCCGGTCCGACACCACCGCATGCGCGGGATGTCGATGGTCTGCTGCACCACGATCTCGGTGGTCTT
CGCCACCACGGCGGACAAGTCAAGTGCGGGGACTGATTCATCCACGCCCGCCAGCAATTCGCCTTCGACGCGGCTTCAACC
GCTCTGCCACCTCCGCGAGGATTTCTTCTGCACTTCGGGTTTTCAGCAGCGCGCTGCTGGTTGGCACCAGATCGCGCTTG
ACCTCGTACTTGGCGATAACCTCCATAACCATTTCGTGCGGCTTGCTCTCCGCTCCGTGGTGAACACCGGTTTGGGCAC
AGGGACTTCCGCGCCACTGTCAAGTGGCTGAAGCCCTGTGACCACGACCGGTGCTTCCGTCAAACCGAGACGCGCCGATG
CACCTGATTCGACCTGCACGCTGACCTTCTTGTGCTCGGCGCTCGGCGCATCGAGGATGACGTGCTTCAGGCGAATCGGC
GAGTCGCGCGGTTGGCCTCGTCGATGATCTCCTGGAATTTGTCGTGCGCGACGATGTTCAAGCGATCCACCGACGCGAC
GCCCCGTGCGCTTGCCGTAAGGCAGGCGCAGGCCGCGCCGATGGACTGCTCGATCAGCGTGGCGGCATTAGCCGCGCGCA
GCGGCACGATGGTGTAGAGGTTGGTACGTCACGTCCAGCCTTCTTTCAGCATGTTGACGTGAATCACGATCTCGGTCCGGTCCG
TCCACGCTCTCCACGGCCAGTAGGCGCGTGATCATCTCCTTCTTCCGCGCCGGTACGGCTGGAATCGACCTGAATCAC
CTTGCCCTGGTAGCGCCCCTCGTAGAAGGCTTCCGATTCAGAAAGCGCCAAGAGTTGCCCCGCGTGCCTGGTATCGCGAG
CGATGACGAGCATGAAGGGCTTGACCGGCTTGACGCGGTTCTCGCGGCATAAGTGAGCAGTTTCGACCTTGGTTCGTCTCG
TGCAGGCGCACGCGCTTCCAGTTTGGTCTTCTCGATCTCCTCGGGCGTGTGCGCCTTGGCGTCAAGTTGCGCTGGGT
GACCACCCGGCTCCTTGACGAAGCCATCCTCCATCGCCCGCAGCGGGTAGTCCATCACACGTTCTTGAACGGCA
CCGGCCCGCGGCTGGACTCGACGAACGGGCTCCCGTCACTTCCAGACCGAATAGCGGCTGGAGTTGTTGATAGAGGCA
ACCCCGGCGCTGGCCCGGTAGCGGTGCGACTCGTCCATCAGCAGCACCAGGTGAGACAGGTTGGCCAGATGGTTGAAGTA
GCTGTGCGCCAGCACTTCTTTCATCCGCTTGATGCGCGGCTCTTTGCCCGCGCACCTCGGAGTTGATCTTGGAGATGT
TGAAGATGTTGATGCGCACGTGCTGAGCGAAGCCATCGACTGCTCATCCACCGCCGCGCCGGTCTGGTTCGTAGTTGTGCG
CCGGTTCGATGATCAGCGCGGTTGCTGCGCGAATTCGGCGATCCCCTTGAACACGTACTTCGGCGTGTGCGCGTGAAGTC
CGTTCGATGAGCTTGTGATAGATCGTCAGGTTGGGCGCGAGCACGAAGAAGTTGTTGATGCGGTGCGCCAGGTGCAGGTAGG
CGATGAAGGCTCCCATCAGCCGCGTCTTGCCACGCGCGTGGCCAGCGGAAGCACAACGACGGAACTCCCCTCGAAG
TCCTCCAATGTTGGAACTCTGCCTTCAGCGTGGAGAGAATGGCCGAGACATCACGCTCGTGACCCAATAGCTCGGGCGC
AGCATCGAGCGCGCGAGCGAGCTTGTAGAGGACTCGGCTGGGGCGGGCGGAGAGACAGACGGCCGTTAACGGCGTGCA
GGACGCGGGTGCAT

>BL61, 645 Basen

TTATTCGTTCTCCCCAACAGGCCCGCCCTGTCCCGGTTGGCGAGGGCCGCTTTTCTGCTCTTAGTGTTCTTGACGCTAT
TGCCAGGGGCCGAGGCTCGGCCTTCTCAATCTCCGCCATTGGCAGGTTGGTTCATTCAGGCTGTAGTCGTCACGGCCC
CAATGGCAGCGGGCCAGCACCATCTTCGGGATCTTCTTCAACGTCAGGTTCCGCCAGCGCTCCGCCGCTTGGTTCGCCGT
GACGCCGTGGAAAGCGGCACAGCACACCAGCAGGCTCCGCTCCGGGCGGACTTCATCGGCCAGGCTTGCAGTTGCTCAG
CGGACAGGTTCTGCGTGGTGACATAGATGAAATCGCGCTCGCTGGAGTGGCCGTGCTGCCACCAGTGCCTTCTGACGGC
GCGTAGTTGAAGCCTTCCAGCTTGGCCAGCGCCTCGGCCAGTTGCGCAGCGTTGATTCGGGGTTGATCACCGGGTTGCC
CCAGCGGTTCGTTGACGATCAGGCTGGGGGCAAGACGGTAATAGCGGAAGCCGCCCGCCGCTGCCAACTTAGAGCCTCTG
TGACGCCGCCCTTATCTTCGCCGTCAATTACCTTCTGAGACCGGAATGATGTGTGATGGCAAGTTTCTCAAGCTCC
ACCAT

>BL62, 246 Basen

TTATCCAGCGCGTCCCATTTTATGAGCGGCTGCTCCAGTGGTACCAGATCCCGCAAATGAGTCAAGAACCCAGTCTCCT
GGATTGCTTGAATACTAAGAATACGGGAAACCAAGTCTTCTGGCTTCGGGGTTCAAATGCTTGAACGCCCTCCAAAAC
AGATCTTTGATGAGCCTTAGTTTGTGAGTTCGTGTGCAAGTCTGACCAGATTGTTGGCCAAGGGCGGTAGGAGCGTCCG
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
 GCCAAAGGCATCAATCCCAAGGTGACCGTAAGCACAAGCTCCGCGCTGTCCGCTTGGCGACGGAGAACAGCTTC
 AAGGCAGTGTATCTGCAGTGGCTCGCACACCGCAGGCTGGAGCTCAAGGAGGGGCGGCAGAGCACGCTGTCACAG
 ATCCAGCGTATCTTCGACAAGGATGTGTTGCCTCCCCTTGGCACCGTAACCATCTTCGATATCCGCCGGTCCAAT
 CTGCTAGACGTCTTCGCCACGATCGAGCAGCGGGGCTTCACAACCGCGGAGAAAGTGCGTACCTGGTTCGG
 CAGTTGTTCCGCTTTGCCATGGTGAAAGCCGAAGGGTTGGTGGGTAAACCTGCGTCCGATCTGGATGTAGTTGCA
 GCGCCCAAGCCCCCGTTGCTCATAACCCGTTCTGCGCTTGACAGAGTTGCCCGAACTGCTGCGCAAGCTGCGC
 TGTTATAGAGGCAACATCACCACGCAGCTGGGTATTGCTGCTGTTGCTGACCGGCGTGCGCACCGGCGAGCTG
 CGCTTGGCGACCCCGGATCAATTGACCTTGAACGTGGCTTGTGGATCATTCTCTCTGAAGTGGTCAAGCAACTG
 CAGGACGGCATGCGCAAGCGCGGAAAGCGGGCCGAGGACATTCGGCCCTACATCGTGCCGTTATCGGTCCAGGCC
 ATAGAGATCGTTGCTACCTGCTGGAGCAGGTCAAACCTGCGCAGCGCCACCTGCTGGCCACCGTGGCGACTTG
 AAGAAGCGCATTAGCGAGAACACGCTGAATGCAGCGCTCAGGCGCATGGGCTACGAGGGGCTGCTCACCGGCCAT
 GGCATTCGCGGCACGCTCTCCACGGGACTCAACGAGATCGGCTACCCCAAGATTTGGGTGGATGCCAGCTCTCG
 CACGCGGATCCCAACAAGTTCAGCGCGACCTACAACCACGCCCTGTATGTGGAGCCGCGTGGAAAGATGATGCAG
 GACTGGGCAGATCGGCTCGATCTGCTGGAGCAGGGGATGCTGCAAGGCTGCCAGCTTGCATCTGGCCATCCACATC
 AACGGTACGCAGGTTTCAAGTGAAGTGAAGGCTTCTGCGCATAGAAGGAAGTGCAGGGACAAGCGTTGGCAAC
 TCAGCTCAGCGGAATCTTGGTGGTGAAGCCACCTGGAAGACGGGCCAGCGCATGGCCTAGGGACAATCTGAAGAA
 GACTTCTGATTTTTGGTAAAATACCGGTGCGTATTTTCGGCCCATCGTGACCGGCTGTTTCGGTATCGTGATGAAA
 GGCGAGTCCCTGCGGCGGAAAAACACGGAGGAAGAAGTGCATCGTAACCGATGCGACTACAATCCAACCCCCGC
 GCAACCGGGCTGGAAACACCGGTACAGAGTTAGCGAAATGAGCGGTACGTTTATCGAAGTCCGCGAGGCTGTGTC
 GGGGTGGGGCAGGTAACCTGCCATCCCTACCGCATCAGTGATACGGCTTACTCAGCTCATGTACAGCATCGACGAA
 TACCTTTACGACCTCCGGGTGACATATTGGTGAATGCCGTGGCCAGATTGAACACATGCCCGCTACCACTGCC
 GAAGCGGGCCAGAATATCGGCCACCTCAGCCCGGATCCGCTTCGTCGGAGCATAAAGTGCCTGGATCCAGGTT
 ACCTTGCAAGTCCACCCGATCACCGATGCGACGGCGTGCATCATCAATGTTGGTGGTCCAGTCCAGCCCTAGCGC
 ATCAGCCCCGGCTTCCGCCATCGCTTCCAACCATTGGCCACCGTTCTTGGTAAATAAGATAACCGGGACCCGTCG
 TCCCTCACTTTCACGAATCAGACCATCGACGATCTGCTTCATGTACCTCAGCGAAAACCTCCAGATACAGGGGACC
 ACTGAGCAGCGCCGCCCAAGTATCGAAGATTTGCACTGCCTGAACTCCGCTGCGGATTTGCTCATTCAGATAGCC
 GGTACGGTCTGCGCAAGCTTATCGAGGAGCGCATGCAATACCTCCGGCGTGGCGTACATCATTTGCTTGATATG
 TCGGAAATCTTTACTGGAACCCCCCTCAACCATATAGGTGCGCAGGGTCCACGGACTGCCGGAGAAACCGATTAG
 TGGCACTCGACCTGCTAGAGCGCTGCGGATCTCCTTTACCGCCGCCAAAACATAGCCAGATCAGAGGCCGCATC
 GTAGAGCCCAAGCCCCATTGCAATCCGGGATCGTCAAGATATCGGAAAAGAGGATAGCCGCATCGAGATCGTAGCG
 TCCAGCGGCTCGAGTGTACTTACCTTACACAGCCAGCTCTCGGTTTTTGCACAGGCTTAGAAAAGTACCAGCTCTTGC
 CCGGGTGTGACGGTACTCCGGCAAATAGCGACCCGCTGGCGCATCATCCACACCGGAGTCACATCTACCGGCTC
 ACGCAGCAGCGCCCGAAGCAAACGGTTCGTTTTTTCAGCTCAGCCATCGTTTTTAAACGCCCTTTTTCTCTGTTCAATC
 AATCGCGACATTGCAACCCCTACCTACCATCAGATTTTCCAGGATTCGGATCAGAGTGGCCAGCCTATGGGCTGAT
 CATTCTTTATTATAGAAACATGTTGCTTATTTGGAAACAGCCATGCTACAGTTTTATTTAGCCTAGGTTGGCTCCT
 GCCACATCGCTTCTTTGGACGGGGATGAGCATAGGAATGCGCCTGGCAGCTGGTGAATTAGTCAAAGGACGAAC
 GCCCTTCGATGTCGCTACGGAATACGGCGCAGCGTGGTTCAGACGCTTGGGATTCAAAATCCTTGGCACAAACCA
 TTGGCGGACAAACAACGATCAGTGTCCGCTGAATGTAATAAATGCTCAGGCGAGGCGGATGAACCAGAGACAGG
 AGTGCAGCGACAACCAAGTTCATCGCCTTCGCCTTCGCTGGTTCTGGCTTGCCTTACTTGGGCCAGTATCGCTT
 TAGCCGTGTTGGGCGCCCTATTGCCGGGGTTGCCAACACCGTGTTTATGCTGATCGCGGCATGGAGTGTTCCTCC
 GCTGTTCCGCCAACTACGCCGCTGGCTGGAGCAGCACCCGCTGTTCCGGTACCCTGCGCAACTGGGAACAGG
 GTGGAGTGATAGACCGCGGCTCAAAATGGATGGCCAGCGCTGGCATGCTGGTGTCAATGGCGATTGTGCTGCTCA
 GTATCAACCAACCGCTCTTGTGGTGCCAATCATTGCCACCATATCACCGGCGCGGTTATAGTCTGGTCCAGGC
 CCGAGCAATCTCCGATGAATAGCAGCCAATTAATGAAGCAGTTTACGACAAAACAACTATTAACAAAAAACA
 AAACGCCCTATCAATTCTACGCCCTTGACGAGCTAGTACAGCCAAAGACTCAATAAAATCATCAGCAAACTTTC
 GGATGAATCACAACCTATCTTTGAACCCACCAAAAACAAATAGAGGAAGCTAAAGATGAACAAGATCATCGGGGG

CTTTGAAGTAGGGGTTGTGATTGATGGTAGGCTCACCTCCAAAAACACCCAACCCAAATCACCAGAACATCTAT
TTTTGAGCATTAAATCGGAATATTTTTGTAATTTAAGTAACAACACTACTAATCCAGTCAAGGCAACTACTAAAACCTG
ATTCTAGTGAGGGATGAGAATGCTTTTTGGAAGAAAAGTCAAAAAGTCTTTCTGATGAAATAACCAATTTATTTATC
TGCACCTTATGAGTGGGCAACCCATCCAATTCAGGGTAGACAGCTTGATTAATCAACACCCAGACCTTGTTGAGTG
TTTGGAGGATATTCAGGGAAAATGGATTGATCAGCAGTCAGGCCTCGCACCGAGTGAGCCAGAATCTACTAGCGA
CGAGTTGGCTGCCAATTTAAGGAGCTGTCTGCTTAACGCTCAAGCAGAAAATATCTTATCTTCGCCACGAGCTAGA
ATCATCCAGGTCACCTTCTTGATGAGGCCAGCCATGAACTTGAGAGCTACAGAGCAGAAGAAAATAATCTGGGACCT
AACAAAGCAAACACTTACCGAGGGATGTTGGGAGCTAATTGTAATTGATGGAGATATAGACAATCCAGCGAATAA
ATTGCGTTTTCTCAAGCAATTCAGAGAGCTCATTGGTTATTCGACAGAAGAGTTCCTTGACGGCTGGGATAGCTA
CGTTTCGATCGTTACCCCTGATGATCTCAAAAGAGTCAAAAAGCTCTAGATGACTACGTCGAATCGGAACTT
TGACTCATTCTACGTGGTTGAGTATCGGATGCGTCACAAGATAAAAAGGCGATACCTGGTATCGCGAGAAGGGCCG
AGGAGTTTACGGATCCAAGTGGTCAGCTTTGGCGCATCATAGGGGCACCTTCGTGACATCTCAGATGAGAAGCTCGC
TGAAGCTATGCACGCACGAGAATTAGAAAATATTCAAGCGACCTATGGGCAGATATCCAAAAGTTGTGGCGCAAT
CAAAGGTATCGCAGACCAAACCAATATGTTGGCGCTAAATGCAGCAATTGAGGCAGCTCGTGCTGGTGATGTTGG
GCGAGGTTTTTTCAGTCGTAGCGGATGAAGTGAAGAAGCTGGCCGGGCGAACTCGCGAAGCCACCCAGAAGATCCA
GGAAATGCTTTTCAGATTCCAAGGCTTTTTAGCAATATGCCCTAAATAAACCGCTCGCCCTTTTATACCATGCGAG
TTTCATAGCACCTCCTAAGCAGGGATCAGTGAAGCTAAGCCTCCAATCCTGAAAATCACTTCCCGGAATAGGCT
TGCTGATGAAAAATCCTTGGACTTCTCACATCCCCACTCTGCAAGCATCCCCATCGCAATTTTCGACTCAACCC
CCTCAGCCACAACCTCAAGTCCAAGGTTATGGGCAAGATCAATCGTAGATCTAACAATTGCGGCAGAATCATCAT
CACTACCCAGGTTTCATGACGAATGACTGATCTATCTTTATATAGTTAACCGGCAATTTCTTAAGATACGAAAGAG
AGGAATATCCAGTGCCAAAATCATCAATAAAAAAGTTTAAATCCGAGATCACGAAGCATTFTTTAGAACCATTTGAG
AGTTTGCTATATCTTCCATAAGACAGCTTTTCGGTCAATTCGAACTGTATCCAATCGGGATGAGCCCCCAAGTTT
CCAAAGACTCTGATATGTGCGCCATTAGGTTAGGGTCGCGGAGGTCATGCGATGAAAGATTAAGTCAATCGGAA
CAGCTTCTCCAGAGCTATGCCACACATAACTCTCACGAAAAGCCGCGCCTATAGCCCAATAGGTAAGGCGCGTAA
TCAAACCTGATCTCTCGGCGAAATAAATAAACTGATCTGGACTCATTAAACCCGTGACTTGGATGCCGCCATCGAG
CCAGCGCTTCAGACCAACAATCCTCCGCGTCCCCACTCCATCTTTGGCTGAAAAGACCAAGAACAACATCATCTA
AATTGATCGCGCGCGTCACTCTGTCTCATCAATTTAGGCGCTTGGCGGTTATCACTATCAAGTACCCAGCTATA
TAGCTATTTTGTAACTTCTTGGCGTGCCCCATAATGCGCAACATTGGCTCGTCTAAGCAGTGACTCGGGGTAC
TTCCATGGCCAGGAAACAATGCGATACCGATGCTGCAGTCAATTTCCAAGAGTAGATTGGAGAGTTCTATGGGTT
CACCGAGTATTTGGAGGACATTTTCGTGCGACGCTCGTAGCGCGGCCGGCATCCGCTTAGTCTGTTAAACAGCGT
GCAAAAGTTTTCCAGATTCCCGGGGTAAACAGCGTCCAATAGTTTCCACCCGGTGTGTGCAACCATCCGGTCTTT
TGGCTGGAGAATCTGGGGTGATATCAATGGACATCATTGCCGAAATTCGGCGCCGACATCTGGTCACTGGCGAGA
CCATCAGTGTATAGCTCGTAGCCTTAATCTTTCCCGACCTACTGTTTCGCAAGCACCTGCGCAGTACTACCGCTC
AGGTCTACCAGCGCCAACAGCAACCTGCGCCCAAGCTTGGTCACTTCCAATCAACCCCTGAGGCCTGGCTCAATA
CAGAACGTCACTTGGCCAGATCACAGCGACGAACAGCTCGACGTCTGTATGAAGACCTACAGGTAGAAGGCTATC
GCGGCGCCTATGACAGCGTGCAGCGGCTGGTGAAGCAGTGGAAAGCTCTGAAAACCGCTCCAGGGGCCGACAAG
CGTTTTATCCCCTTGCTGTTTGCACCTGGGGAGGCTTGTGAGTTCGACTGGAGCCACGAACAGCCGAGATCGCCG
GCGTCATGCAAACGATCAAGGTGGCGCAATTTTCGCTCTGCCATAGTCGAAAAATGTTTGTGGTGGCCACCCGC
GAGAGACCCAGGAGATGGTGCTCGATGCGCATAACCGCGCCTTTGCGTCTTTTGGCGGCTACCCGACGGGTTA
TCTACGACAACCTTAAACCGCAGTGGATGCGATCTTGGTTCGGCAAGGATCGAATCTTCAACCGGCGCTTCTGG
CGTTGGCTAATCATTACCTGTTTGAACCTGTAGCCTGTACGCCTGCTGCTGGCTGGGAGAAGGGCCAAGTTGAGA
ATCAAGTCGGCAACATACGCGAATGGCTGTTCACTCCCCTGGCACGATTTGCCAGCTTTGCGGACTTGAATCATT
GGTTGGCCACAGCGTACGAGGCTGGCTCAGCGTAAACACCCGACTGAACGCAGCCGACGATCGCCGAGTGT
TTGTTTCAGGACAGCAAGCGCATCTACGGGTTATTGATGCCCCCTTTCGATGGTTATGTTGAGCAAAATGCGCATGTTT
CCAGTACCTGCTTGGTACGCGTTGACCGTAACCAGTACAGCTTACCCGCTCAATGGGCAGGAAAAGTACTTCCG
TACGGTGTACGGCCGATGAAATACGCATCGTGGCTGACGATCAGCTGATTGCCCCCATGCTCGCCGCTTTGGGC
GCGACAGCTGGTGTATGACCCCTGGCATTATCTGGCGGTAAGTGGCAAGAAAACCCGGAGCTTTGCGAAAACGGCG
CCCCTTTTGTGACGTGGGACTTGGCAGAGCCGATCAAGCAGGTGCGTGAGTACTTGGCTCAAGCAGAGTCGCGGCG
ACCGAGCCTTTGTGATCTCTTGTACTGGCTCGCGACGTTGGCCTGGAGGCCCTGCAAGTGGCCTGCGAGCTGG
CATTAGAGTCTGGAGTGTCAATGGTTTCGCACGTGATGAACGAGCTGCGTCCGCTTACCTCAGTAGCACGTCCTG
TAGAGTTGACCTTGGCCGAGGCCCTGCAATTCGCAATTGAGCCCTTGGCTGATTGCCAGCGCTATGAGCAACTGC
GAGGTAATCAGCATGCCTACTGATCGTATTTCTGAACTCAAAAACCTGCACCTGCATGGTATGGCGAGTGCTTTA
CAAGAGCTGCTTGTGAAGCCTCACGTGCGCCTGCGCGGCCAGAGCTTTGGCTCGATCGATTGATCGAAGCCGAA
CAGGCGGACCCGCAAGTGCGCCGTTTTGAGCTATCAGCTCAAAGCGGCTCGCTTCCCAATCCACCGTGACTGGGC
GGCTTCGACTGGCAAGAAACACCATTGATCCGTGAATCCATCGAGCAACTGGCCGAGGGAAACGTTTCATGGACGGT
GCGCACAACCTGATTTTGGTGGGAGGCACCGGCACTGGCAAAAACCCACCTGGCCACCGCTTGGGAGTTGGGGCC
ATCCATCAAGGCAAGCGGGTGCCTTTTTACAACGCTGTAGACCTAGTCAATCACCTGGAGCGGGAAAAGCAACAA
GGCAAGGCCGGCAACCTTGGCAAAACACTGCAGCATATCGACGCCGTGATCTGGATGAGCTGGGCTATCTGCCG
TTCCCTGACTCGGGTGGGGCGCTGTTGTTTCACTTGTGATCAGCCAGCTCTACGAGAAGACTTCGTTGATCGTGACC
ACCAATTTGTCTTCGGAGAGTGGGTGAGTGTGTTTGGTGCAGCCAAGATGACAACGGCGCTATTGGACCGTCTG
ACTACCACTGCGAAATCCTTGAGACGGTAATGACTCTTTCCGCTTCAAACAACGGAAAAGGCCGTGAAAAAA
GCTTGGCAACTGGAACCTTTTGGACGCTTACCTGGAAAACCTTTTCAACGCTGTTTGGACAGCCTTAGTTCAGTAA
AGCGGAGAACGATGACTCCGCAATATGGGCAACCAACTGCCTTTCCCAAGCGCCCTGTGAGTCTGGCAGCCAC

ATCCTGTAGTAATAGATCCCCCTCTCGATACCCCTAACGTTTCAGTAATCTCTCGAAAGTTGTGACCTCAATGTG
CAGTAATGCAACTGGATCATTCCCCTTGTTGGCGATATCGATCGCAGTGCCAAGTGCTTCCCTGAGAGACAGACG
GTTGGGGAGATTAGTTAGACCATCAAAGTACGCCATTCTGCGAATGCGTTCCCTCTGCTTGCTTATGCTCTGTGAT
GTCAGTTATAAACCCCTCCAGGGCGAGCACCTTCCCTTCTTCCGAATACACTCCACACCCCTGTTCACAAACCCA
TTTGATGCCACCTCCAGCCAAGTTGAGCCGATAAATGAATTGATAAGGGGGCTTTTCTACGCAACGCTCCTGGCAC
CTGACGTTTTTGAACAGGAACGTGCTCGGGGTGGATGATGTCCACCATTGCAACTTTACCTTCCATGAATTCGGA
GGCTGTATACCCTGTGAGCTCTAAGCAGCCCTCGCTGATTAGCTCAACGCTCCAGCCTGCGTCGTTTCGACATCG
ATACACCACGCCCCGTAATTTCCGATCAATGTCTCCAGTGCGCGCCGGCTCTCGCGCAATTCCTTATTCGCTAA
ATATTCGCGGGAGATTGCCTCCTCCAACCTGCTCAGGCTCAAGCGAAGGCTCAACAGACTCTCAACTTGATGGGC
CAACAATCGCAGAGCGTCAACCTGCGAAGCGCTCAAGTGCCGCGCCTCAGTATCAGCCACCGACAGCACCCAAT
CACGCGGCTCCCACCTGCGGTAATCGGAAGGCCGCATAAAAAATCAATGTAAGGAGGGTTGGACACGAGCGCACA
CTGGCTAAGGACTGCATCAGCTCGGGCACTCTGTATCACTACGAGCTCATTCCCTTGACGCAACGACGTTGCCGAA
TGATTGGCATCGGAGCATTTCGCTGGCTTCGAATCCTAGCTTTGATTTGAACCACTCTCGCTCATAATCAAGAAA
GCTAAGCATGGCTATTGGCATCTGACAGGTGAGCGCAGCAAGCCTAGTCAACTCGTCAAACTCAGGCTCGGGGGG
GGCATCAAGAACCCCGCAGCGGGCGAAGCGCCTGGACGAGATCTAAAGCTCCGTCTGCGGCAGCAGTGACCCAGT
CGTCATAAGATATGCATCTCTATCAAAAGACCCTTGAGGCGAGGGCCGAAAGCTTGCTCAGATTGCCCTGGCGG
CTATCCCTGCTTCCATAGAGGGGCATCGAAGGGTTGTCGACACTGGTTAAGTATAGCCACCAGACCAGGAACCC
CACCCCGGTGTGAGGATAGTTGTGCGGTGAGCCATGAAGGCAGAGCATCTGGAGGATGCCATGCTGTATCT
GTGATGAGGGCGGGCCCTCGGATTGCGCGATCAGGCGGTGATTCCAAACCACCCATGGAGCTGGTCAAACAGG
TGATAAGGCAATGCCCTGGAAGTGGGGCGATTTCATTGAACCGTAGTGGGTAGAAACCGAACTACTCTGCATCCT
GTCGAGTTCGGATTTCCACCCCCACAGCTCCTCTCTACAACCTGTCCAGTTAGAAAAGCTAGACACGTCCGCTCAAT
CGCCTTCGCCAGCATATCCGACATTTTGTGATCGCAGCCGATTTCTGGATGAGATCATTTCTCACCTCGATATA
GGCGTTAGGGACTCCGACCAAGATGCCATGGCGATCTAAAGTGAACCAGTCGTTTTCTTGAAGCTATAAGGTTT
ATTGTCAGCCACTCGAAACACATCCTGTTGCCCGATGGCCTGAATGAGCTGGAGCGGCAGCCTGTCATCATGCTT
CCACATTACACCGACTTGGCAACTGCGGAACGTATTGTCCAGAGCGGGCGAGAAGGAGTGAATTTGAGATGATGGC
CTTGGCCCTAGAGACCTTCCCTCAACCCAGCTCAGCGAGCCCTTTTCCACCGGATGCCGAGCAGTGTCTCAGC
TACATCCCCTGTCAGCTTTCATTCAAGTTGAGTTTCAAGTTGAGTTTCAAGTTGAGTTTCAAGTTGAGTTTCAAG
GGGATCATGCTTTTTTCTGTTGTAATCAAGAAAAAGCCGGGAATAGTTTCGAGACAATCGCCGTTGCGCCAAGCTT
TTTTGCAACCGACAGCGTTAGGTCCCTGGATCCGAGGTCTGGCAAAAATGGGTTTTGAGGAAGGCCTCCGGCAG
ACCCAGATTATCCCAGGCCGCGGAATGCGCCGCCACCGTGTTCGCACAGCAGAACGATATCCACGTTCTCGCC
GCCCGGTGTGACCGAGACCGGCTCACTCGCATAGCGCGGATTTTCATCCGCTTCTATCGTACGTAAGTTTCAT
TACAGCGTTCTCAGGTGGAACGACTTGGCGTCCATGACCCCGAGAAGCCCTCTTTCCGTTGCGCGGCCTAAG
CCAGAGAGCTTCTGCCACCCAGGGCAGGTAAAGATCAGCATGATCACAACGATTGACGAAAACCGTGCCAGCA
TCGAGCTGGTTCGCTAAGCCAAGGCCACAGTGCAGATCGCTCGTCCAGACACTAGCGGTGACACCGTATTTGCTG
TCGTTTCATCAAGCGAATAGCTTCTGCATCGCCGCACACCGTCTGAACGCAGGCGACAGGACCAAAAAGTCTCCTCC
TGCATGATGTTTCAATTCGCTGTGAGGCCAGTCAAAAGAGTGGGGCCAAGTAGCAGGAAGCGTCTCGACCGAA
AACTCCAGCCAGGCTCTACATACGCCTGAGCCCCATCGCGATGGCTCCACGAATTTGGCTACGAATGAAATCT
GCCGCCGAAGCCTTAACGACGGGGCCAATCGTGGTTGCTGGATCCATGGGGTGCCCCAGCTTGTACTTCCGCATC
TCGTTGCGGAAACACTCGAGGAACGGATCTCGAATCGCTTCGTGCGAGATAGATACGCTCTACCGAACAGCAGGAT
TGACCGGCGTTAGAGAAACAACCGTCCGCAATCTCGGCTGCTGCCGTTGCAATATCTGCATCCGGTCTGACATAG
GCGGGATCCTTGCCCCAAGCTCCAAATGGACATGGGTCAAAGTGCCTGCCGCTGCTGCGTGGACGGCAAGGCCG
CCGCCGACTGACCCGATGAAGTTACCCCTTTGACAACACCCGACTTGATAGCAGTTGTAACCTGGTTCATGACCA
AGCTCAAGCACTGGAGCACCCCTGCAGGCCACCGATTGCTCATAAGCCTCTTTGACAATCCTCCCAATGAGG
GTTGTCTGAGCGGCTGCTTCAAGATCACTGTATTGCCACCAAGGATTGGTGTGACGATCAGCCAGGGCAGCAGA
CCGACAGGGTAGTTCCAAGGAGCTATCGAAAGATGTACTCCTTGGCCGTTCCGGCGCACAAAACCGTACCTGT
GCATCCGAAGGATATCTTTGCTGCTCAAGCTCTTCGAGCGCCTCAATCTGCGCCAGTGTACAGCCTTGAACCGA
TGAGCCTCATTTGCTGCTGCGTGCAGGCCGTTCAATCGACAGTGCAGACTGCCAGGGACAAAATCATCAGCAGCTTG
AGCAGTTTCATCCGCAAGAGCTTCAACCAACTGCGCGGTTCTAGTTTGGACGACAGCTTCCAGGTCTTGAATGCT
GTTTCGGCAGCATTGAGCGCAGCGGCCACTTCTGCATCGCTGGAAGTGTTCACACCAGCAGTTTTCGACCATCG
ATTGGGGAAAAGACATTAAGGCGGTACGTTTGTCTCCTTGCAGATTGTTTTTATAACGAGAAATTAACTTTCGT
GAATTTTGTACTGCAACCCAGGAAGTCACTGAGCTGGGGTAAAGCCTTCCCTGACAGTTTTGGCCGAACCGCTCG
TCGACAATACGTACGCGCCGAATCACTCACCATACGCGCCATCTCGTAGCGATTTTTGAAGCGCCGCCAGGGACA
GTACTTAGCAGCAGGGCTGCATGTCCAAGATCCCCTCCCTGGGCCAGCCCTGGCCACATCTCATCCTGACTTAC
GGAAAAGACTAACAGACGTAATTCAGATAAGGCAACATGTTTCTCATTTCGGATACGAATGCGCCAATAAATTCAT
CCTATGCCAGATATGGCGACATATGAATCGCTTCTAGGCGTCTAAAGGCGTAGCCCTTCTAGGGCTCGGTGCCAC
GGTTGCCGAGCTTTCAGGCATAAGTGGGCAACCTTGAGTCGAGCAACGTCCCCAACTCGCAGCCCCGGGCCGTA
TAGCAGCGCAAACACGGTTTCATAAATCAAACCGCGGTGTGCGCCTTTGGGACGATCAGGTAACGCGTGTGT
TTCCAGCAGCCGACGTGCCTGGGCGAGATTGAAGATATACGGGATGCGTTGCCCGCTGCTCCACTGCGGATCAGT
GCTTACCGGCGTCTGCTCATCAGCTCCTGCATCACCAGTCAGCCGAAGAAGTGCAGTATGCCAAGCGGATG
ATTGTAGCTATGGAACCTTGATCGCTGCCTGCATCGGACCGCTGCCGTAAGCGCTGCCGTTGCCATGAACAGGG
CTTTAGGGATGCGACCAACCGGACATGCCTGATCGGCGCAGATGGCGGCTCCGTGCGGCGTAAATACCCCGAAC
GGCTGACCCCGAGTACCCGGCAGAGCCTTGTGGTTCATGGCCTTCTGTTGCTCCTGAGCGATCACTCGATGGATCA
CTTTCCCGGGCAAAGAAGGCCGATGCTTCTAAGAAACACCTTCGACAACCTGTAGCGTGAATCCAAACTTGGCT

GCTCGACGGTACAACCCTTTTACCGCACGTTCCCGATACCTCCGCTCATAGTGATCGGCACCTGGATTCTGATAA
GCCATGCCGAAGCGCATTGCGTTGTAGAACAGGATGGCGATCTTTCGAGCGGTAGCAGTCACTGCCCTTGGCCTTG
CCGATGCGCGCAGACAAGCGTCCGGTAGAGCGCGCCCAATGCCGTATTTCGTTTTGCCGATGGTACACGCGGCCAGG
CGCAAGTGCCTGTAACCCGGTTCTTGGTCTTACCGGTATGCGCTGACAGTACCTTGCCGCCGCTGATCCGACAG
CCAGGTGCCAGGGTACGCCAGGAGGTGAAGTGATGAGCGGTACGCCAGCGACTCAGGTCACTACCGCACTCAGCC
ACCAAGCGCAGCGCCAAGTAAGGGCCGATGCCATGGACCTGGGTCAAGTGCAGCGCAATCAGATGGTAGAGCAAG
GTGCGTACGTGCAAGTTGAGCGCATTTCGGCTGCCGAGTGGCGTACGTGGTTTTGGTAGCGGCTCGCTGGGCGGG
GACTTCTGTGGGAGAGCCACTGCAAGCTCTGGGCAATCTGCTGATCGCAGATTTCAAGCTGTACCTGATAGGCA
TCGTACATGGCTAACGCTTTCGCGCAAAGCAAAGACATGCTCCGGCTGGTAGTTGCCAGCCAGGGCACCTGGATG
GTCTCAACGCTCGACTTGCAGCGGATATCTGGTTGCCAGTGTGCGAGCGTTTCGCTCGTGGCGACAATCGCACG
GATGATCCCATGCCTGTAGCACCGGTAATGTGCGCGACCACATGGTGCAACTGCAGATTCATGTGCGTGAGTGCC
TTCTGCATGTGCTGGATATGCGCAGCGGCCAATCGAGGTGGCGTGCTCGCAAGCGTAGATAACTGCGTAACCGG
GCGATCTCTCGATCAGGATGGAAGCTGGCACGCGCAAGCCACAGGAGTGCAGGCGCTGGATCCATTGCGCATCG
TTAGCGTCCGTTTTGCGCCCAGGAACGGCGTGGGCATCCCGCGCATTGGCCAGCACGACATGCAGGCCATGGGTT
TCCAGAATCTCGTAGACCGCAATCCAATACACCCCGGGCGACTCCATCACCCTGTGGTGATCCCGAGATCGACC
AGCCAATCGACCATGCGTTCCAAGTCCGCGGTAACGCCTTGAAGGTTTGCAGTGGCTCTCAGTGAAGTCCGGCA
GGCACCGCCGCAACATGGAAGCACGAGCCGATGTGATGCCGGCTGCGCGGTGATGAATAACCGGCAGGCCATGA
CGCTCGGAACTGGACTTTTTTCATGAGTTCCTCCAATCACAGGAAATGCTGGGCGGGGACTCGGATCAAATCACA
TGCCTAACCGGGTACGAAACGCGCCACCCTAGCGGGTTCGCGAGCTTCCCCCGGGTCACTTTTTTTGACGGG
GACTTAGCCTCCAAAAGCAGGCGACCCTGTCCAGCGGTGTGAGTGTAGTGGGCGTGTTCCTAACCCAAATGGGG
CGCGGAGCGCCGGGGAAGCGGTTTTTTAACAGATCGTTATCTGCTTCAGCTGACGATTCTCGGCCCTCGAGTTGG
CGGATCCGCTGCTGCTCGGGTGTGAGCGGCTTACCTATTCCAGGCTGCCCGGATAGCTCCGCTTCGTACTGCTGA
ACCCAACGGCGAACCAGCGCTCTCGCCAAGATCCATGTCCCGGCAGATCTGGGGAACGGCCAGACCTTGCTCCCTA
ACCATCTGAACGACTTGCAGCTTGAAGCTGGCGTGAATCCTCTGCGCTTACTGCTCATAATGATTCCTCTGTC
GGTGGATTTTCCACCTATCGAGGTGTCCAGTGAATATAGACCACCACATGTTGAGCCCTCGATAAGAGGCCCT
CGTGTATGGCGCCAGTCCGTGCTCGGCTGCGGATAATCGCCGGTCTGAAGGAACTCCGAAAACGCATCCGTCGG
GCGATAGCGTGGCCCTAATGTAGGGGGCGTGTGCCCGACAGAGTCTCCTAGCTGTTTCTATGACAATGAGGGGC
TCCACGAGGCACCGATTCCGAAAACGACCAGTATTTTTGCACTTAACTTGTGATTTTTAAGCGCTAGCTTGAT
TCGTTTTACAGTTTTCGTATAAAAAGTTCTTGCAGGGAAACATGTTTTCGTTTTAGGATACAAAAAAGCAACAGTAAAG
GTGGCTGGATCATGAGCAACACCAAAGAATATGACCTGGTAATTTGTTGGGGCAGGCCCCATCGGCCCTGTACGCAG
CCTACTATGCTGGTTTTAGGGGGCTCAAAAACGGCGCTGTTTCGATGGCTTGGCCGAGGTCCGGCGGCGAGGTGGCGA
CAATGTATCCGGAGAAGCTGATCCACGATGTTGCGGGTTTTTCCGCCATCAAGGGGGGCGACTTCGTGAAAAACC
TCTTGGAGCAGTCGCGAGCGCCAGGATTACGACCTCTATCTCTGAGCTAATTTGTCGGTCTGGAATACCTCTCGG
ACGACACCTACAGCATCACGACCGACCGAGGAAATCATTACCCGCAAAGGCTGTGGTCAATCGCCGCTGGTCTGG
GGAAGTGTACGCCACGTTTCGCTTCCGTCTGGAAGAGGTCGACTCTCCAGCATCATGCATTTCTGTACCTGATC
TGTCGGTACTCGATGGAATGATGTGCTAATTTGCCGGTGGTGGCGATAGTCCCGTCCGACTGGGCCATCGCTGCGG
CACCCCGCGCCAAATCGGTCAGTGTCAATCACCCTCGAGCCCGCTTTCGAGCCCACGAAGCAAGTGTGAATGAGA
TGTACGAAAGCGGTGTGCGTGTGTTGCGCCGGGTGAGGTTGCGGGCTACCACGAAGAAAAATGGGCAGGAGTTTC
TTGAGCTTTGGAGTGGGGATAACAAAGAAATCCTGGGCTTCGACAGGTTTTGTAATGGCGCTGGGTTTTCCACTCCG
ACTTAGGGCCGATGGAGAGTTGGGGGCTCGGGATCGAAGGCTTTCGAATTCCTGTGAAGCCAAATATGGAAACCA
ATATGTCTCGCGTTTTTCGCCATCGGCGATGTGAGCGAGTACCCAGGCAAGGTGCGTCTGATTCGGTCCGTTTTG
GCGAGGCGGCGATCGCGGTGAATCACGCGGCTGCCGTAATTTTCGGCCGAATATCGGTGCTGCCAGCCATAGTA
CGAATGAGGTGAACCTATGCTTATGTTATTTCTGATCCGTCATACAAAGCAGAGACCAGGCTGTGTAGATGT
TTGCCCGGTGACTGACTTTATGAAGCAGAGGGCGTCTCTGGATTTCAGCCGATGAATGCACCGAGTGTGGAGC
ATGCGAGTCTGTCTGTCCGGTAACGGCCATCGCCTATGTGACGACAGAGATGATGATCAGGACCTGCGGAAAGC
CCGCGAGTTCTTCAGCACAGTATTGCCCGGATGCGACGCCCCAATCGGAAGTCCAGGGGTGCTCAAAAAGATCGG
TCAGATCAAAAGTGACCACCCAAGAGTTCTACAGAAAAATAAAGGTTTGGATTAGATTTAGTTGGTTCTGGTGCA
GACTAATAAAAACAATAAGCCTTGATAGTAGCAGGTGATAAAGATGAACGAAGAAAAACAATAAGCAAGTCTTGAAA
CTCCAGGAGTTCATTGAGAAACACAATATCGACACGGTTAGGCTGGGTGCTGTTGATATAGATGGAGTCTGGCGC
GGGAAGCAAGTCCGAGCAGAGTACTTTCTGAACAAAGCGGCTCTTGATGGAATCAGATCTCGAATATCTTGTTTT
GGATGGGATGTGCGCGATCACCTTGTGATGGATTGGCGTTTTACTGGTTGGGATTCCGGGTATCCGGATATTGCT
CTAATCCCTGATCTTTTACTCTCTCGCTGGTCCCTTGGCAGGCAAAAACCTGCATCCGTCCTTTGCGATATTGAG
CATCTCAATGGCCAGTCTGCTGAACCTTTTCGCCCAGGAATCTCCTGCGCAAAGCAACCGAAAAAGCAGAGCAGCTT
GGCTACAAGTGCCACGCGGCTTACGAGTTTTGAGTTTCTACCTTCTGAACGACTCTATTGGCAGTATTGCGGCAGAT
CAGTGGCGCAGCATTAAATCCAGTGGAAAAGAGTGGCCACTGCTACAGCATGCTCCATCACTCTAGTTCTTCGGAC
ATCATAGGTGAAGTTTCGCAAGTACATGCGTGATGCCGGGATCGTACTAGAGGCGACGAACAGTGAACATGGCCCCG
GGCCAGTACGAGATCAACATTAAGTATGACGATGCGCTCAAAGCAGCGGATGACGCAATTTTTGTGAAAAACGGC
ATCAAGGAGATCGCTGCAAAGCATGGCATGACGGCGACCTTCATGGCGAAGCCCAATGCAGAGTGGTCCGGTTCCG
TCCGGTCAATGTCCACATTAGTCTGTGCAACTTAATAACAGGTGCCCGAGCATTGCCAATCCCGAGAATCCTGCT
CGTTTGTGCGAGGTCGGTTATAACTTCTCGCAGGATGTTGAGCTTGCAGAGAAATTTTCGGCCATCTATCTG
CCGAATCAACTCCTACAAGCGGACGGCTGGCGCATCTGGGCGGGTGGTAATTCGCTTGGGGATTCGACAAC
CGCACTGTGTGCGACCGTGCATCACATCAGCCGGCGCGGCCGCTCGGGTCGAGAACCAGATCCCTGGTCCGAT
ACCAACCCTTATCTGGTTATTGCGGCCAGCCTCTTGTGCGGTCTCTATGGCATCGAGAACAACCTCAAGCCGAAA

GACCCCATCCTCGGTAACGCTTACAAAGTATCGCCGGAGCTCGCACGTCCGCTCGCGGCGTCATTGGAAGAGGCT
ACCAATATCTTCCGCGAGAGTGAAATGGCACGAGTGTTATTCCCTAAAGAGTTCGTTGAGCATTATTTCCAGATG
AAAGTTTGGGAGATCAAGCAGGCTAATGGTTTTCTGTAATAATTGGGAATTGGCGGCTTATCTCGACATTATCTGA
TGGGGCACCCACATACCGGCCCTTCAAAAATAGAAGGCGACTAGTTAAAGATTAAAATAAAAGGATATGCAGATGA
AAGACGTAAATGAAGTAGCAAGGAATTTTGATTTTCATGGCGAGGCACTTGATGATATTTTCGACACTTACTCCA
CGCTTCGTATGGATGCCCTGTGGGGCGCAGTGAGAACTACGGTGGTTTTCTGGTTCCTAACCAAGAGTGACGATA
TTTTCGCTGCGGAACAGGATCCGGAGGCCTTCTCGGTATATCCCTCTATGATGGTTCGGTTCGTTTCGGAGGGGA
TTCAGCTTCTCCGATTGATATCGACCCGCCGGAGCATAACCGCTTACCGCCGATTTCTCTGCCGCTGTTACAGC
CGCAAGAGTGAAGAACTCGAGCAGCCTATTCCGGATACGGCGCGAAATTGGCCGAGGAATTCGCCAAGGAGG
GCTCTGGTGCCGATGCGTCTACCATTATTCTCGGCCGCTTCCAACAATCATTTTTGTAGTCGCTTGCAGTTACC
CTGAGCAGGATTGGCCGAAATTCGATAAATGGGTTGACGACATCATTATGAGCGAGTCGAAAAGCCGGAAAGTCG
CAAATCAGGCCAGTAAAGATGTGTTTCAGCTATTTTGAGAACCTGCTCGATAACTGGAAAAGATGACAGTGAGTCGG
CCAATTTGATCGACTATCTCTGCCGCGCAAGATCAATGGTCCGCCGCTCACCAGAGACGAGTTGCTGCGCTATT
GCTATCTCCTCTTCCCTGGCTGGTCTGGATAACACTGCTTGGTCTATCCGAGCTGGTCTTTGGTATCTCGCAACA
ATCCAGCAGATCAGCAGAAGCTACGCGATAACCCTGATCTAATCCCGCTCGCTTGCGAAGAGTTTCTGCGGACTC
TATCTCCAGTTTCCAGTAATGGCGCGTACTTGCCTGAAAGATAACCGTTATTTCGCGATCAGGAGATCAAGCGGGTG
AGCGTGTAATGCTCGTTTTTCCGGTGTGGTAACCGAGACGAGGAAGTTTTCCGAATCCGATAAGATCGATATTG
AGCGCCAAGAAAACCGGCACCTGGCATTGGCGGTGGAATTCATCGGTGCCCTGGCTCGAACCTTGGCGTCCGG
AACTCGTTGTAGGTATTGAAGAGTTCCTGCGTGTGTTCCCCAGTTCAAACCCGAGATCCGTCGAGAAAATGGC
ACGGTGTCCGACCCTTGAAGCTCGTTTTTAAACGGGAGAAGAAAAATGAAAGTAACTGTTGATAACGACCCT
GTCAAGGTCATGCGCGTTGTGTCTATTTCCGCCCTGAAGTCTTTGAAAATCGATGACGAAGGTTATTCTAAAGTGA
AGGCCGGTTGCGAAGTTGTACCGGCAGAGCTCCAAGAAAGCGTGAAAAAGGCATGTGCCAATTGCCCTGAACTCG
CGATAAAGATTTCTTGAGCTAAAGTTAAGGGGCGGATCTATGGAAAAGCTTAGAATTTCTATTTGCGATGGCAAC
ACGGCAGCTGATCGAGCTTCTTTCAAGAAGTTTGTCCGATATGCTCCAAGCAAACTTTGAGCTGATGCTGAAG
CGTTGCAGTTACAAAATACAGACGGATATTGCTTATCCGGCGGATCCGGATCCCTTCGCGTGTCCCATTAGGG
GCTTATGATGGAATTTCTTTACTGGCTCCAATCCACATATAACAAGCAGGATCCAGGAGTCTTACGGCAATA
GAATTTGCCAAGGCGCCTTTGAATCTGGTACTCCGATGTTTCGGTGTGCTGGGGATGCAATTTGCAACTGT
GCCGAGGAGGAGAAGTACTTCCGAGTCGAGCTGCTGATTGCGTGTGCGAGGCACCATTGCTTCGGGATTTCAA
CTGACCGAACACGGATGTTCCACCCCATGCATCAGTCAAGACCAGCTGAATTCGATGTTTTTTTTCTTTTCATTCC
GATGAAGTCATTAGGCTCCCCTATGGAGCCATTGTGACGGCCGCAATCGCAACTTCATTACAGGCTGTGAGATC
CGGTATGGAAAATCCACGTTCTGGGGGGTTCAGTACCATCCAGAGTTATCGGGGCTGGATCAGGCAGGATTCCTT
AGAGAGAGCGCAGGGGCACTCGTGGCGGATGGCCGTTATGAGTCGCTTGAAGCATGTCGAGCAGCTGCACAAGCA
ATGTCGCGCTTTTCAAGATGGAGTCGAAATTTCCGAGGAGGATATGATTCAATTCGAAACCATCAACATGAATTCG
TTCGAGTTCAGACCACTCGAGATCTTAAATTTGGCTCACGCATCTCGTCATCCGACTGCCAATGCAAGTTGGCG
GTAGGGATGGAGCAAGGTGATTGATCTAATGATAAACACCACATCTCATAAGAGTTGTGTGAAGTGTAAACAGCG
GAGAATAAAAATTTATGTCATCGCCTGTATCAGTACAACCAAGGGAAACCTTGGGCCGATTGGAATAGCCATGAT
GGTAGTTGCGACTGCAGCGCCATTGACTGTGATGGTAGGAGTGAGTCCGTTGATTATCGGGCTCGGAAATGGCGC
CGCGGCGCCCATGAACGCTATCATCGTTGGCATTGTGATGCTTCTATTTGCCGTTGGTTTTCTGCTCGATGTCGAA
GTATATTGAGAACGCAGGAGCGTTCTACGCTTACATACTCAAAGGAATGGGTAGAGTAACTGGTTTTGGGGCGGC
GTCACTCGCTGTGTTCTTATACGCTTATCTTGATCGCCCTTGGAGCCTATATCGGGGTGGTTTTGAGTGATGC
GCTTTCCGACTTATTAATGTAGAATTGCCTTGGTGGCTATACACTATTGGTGTGTCGCGTTTTGTGGGGCTACT
AGGTTATAGAAATATTGAGGTGAGTACCAAGATACTGGTGTGCGCTTATATTGAAAATTAGTGTGATTCTGCT
CCTCAACCTGGCGGTGATCGGCTCCATTGGGTGGAATGTTTTGGATTTCGAGATCCTTGAAGTCTTACGTTCTCT
CTCTGAGTCCCCTGGCCTTGGTATTTTGTTCGCGATCTTCCGTTTTCATCGGATTTGAGTCGAGCTAGTCTATCG
CGAAGAGGCTAAAAATCCCGAGCGTTTCGATCCCGTGGGCGACGTATATCGCAGTGATATTCATCTACTCTCTA
TTTTCGTTTTCCATGTGGTGCCTGGTGGAGCGGTTAGGTGTGAGGATGTGGTTCGTATATCTACAGAAAATGCTGA
AGGGATGATTTGGATCTGGTACTGGTTACTTGGGGGGGGGATGCATGATTTTGGCTCAGGTTTTGCTCATCAC
CAGTCTATTTGCGGTGGTGAATTTGATTACAATATTATCGCACGTTATAAATACGTCCTTGGTAGTTGCGGAGT
GCTTATGGCGAATCTCGCCAAGGTTTCATGCAACTCATTATCACCTTATGTTGCATCTGCAGTTCAGACCTTTAT
TTCGGTAAGCCTTCTCCTAGCTGCCGCTCTTGTGGGGCTTGTATCCTGTTACGGAGATTTACGCTTGGGGTCCCGC
CGCCGTACTTTGGGATATATGATCATCGTCTGCTTGGCCTGCCTTTCCGTCATTTGCTTCTTTGCTAAACATCC
CGAAAGTAAGAATGTCTGGAAAACGAAGATTGCACCAGGACTTGCAGTGGTAGGGCTGATTGGATTTCATGTACAT
CGCGTTCAGCAACTTGTCTGCAGTACCAGGTTAGTCAAGGATATGATGCGATTAATGTCAGGATTTGTCAGCTCGAT
TATCGTAGCGTTTTGTTATCGGGAGCGGAGGCGCCGCTTATGAAGCTGAAAAGCAGCAAGGCTTTGATGCCAT
TCTGAGCCATATGAACTGAAGCTCTGAAGTGATGCTGGCCTACTGTCCGGCAACCAAGGTAGGTCAGTATTCGAT
TTGACACTTCTGTGAGCCACAGCCAAAAGTTGAGTTTTAGTGGTGGAGTACAAAATGGAAAAAACTACTACGAGT
CCTGTAGGCGCTACCTATTGGCGGAGCAGAGCTGAAAATGTTGAGTTTTGAGGGCCGATGTCTGATTGACGGGAAG
TTAATTGAAGCCATTCCGGGACAACTTTTACTGTGTGTCCCTGTGGATGGGCGCGTGTGACGAAAAGTAGCT
GAAGGTGGAGAAGCTGATATCAACAAGGCTGTTGCTGCCGCCCGGGCTGCCTTTCAAGACCGCGTTGGGCGGGG
CAGTCGCGATCTTCCGTAACACGACGCTCCAAGCCTTTGCTGCGCTAATCCGCCTTCATCGAGACGAATTTGGCG
CTCTTGGAAACGCTCGATATGGGGAAACCCATTTACAGATCGCGGAGCTTGTGTCGAGGACGTTGGCGAACTGT
TTCGATTGGTACGCTGAAGCCATCGATAAGCTATATGAGCAGATTGCCCGACGGCTGAAAATGACTTGGCGCTT
ATAACCCGTGAACCGTTGGGTGTGGTCCGATCGTACCCTGGAACCTTTCCCATGCTCACCCTGCATGGAAG

GTGGCACCAGCGCTGGCGACCGGAAATTCAGTAGTCTCAAGCCGGCCGAACAATCGCCACTAACAGCCATTTCGT
CTGGGCCAGTTGGCGCTAGAGGCAGGCATTCCTGAGGGAGTGTTC AACGTTGTGCCCGGATTTGGCCGGTCTGCC
GGTAAGGCGCTTGCCTGTACATGGATGTGCGATGGCATTTCCTTCACTGGATCCACGGCGACGGGACGACTGCTG
ACTGAGTACGCTGCAAAGACCAATCTGAAGAGGGTTTGTCTGGAACCTCGGGGGCAAGAGTCCAAATATCATTTCTC
GCCTCTACGGTGACATTGAGAAAGCAGCGGTGACCGCGGCTGAGAGCATGTTCAACAATCAGGGGGAGGTATGC
ATTGCGCCCTCCCGCTTGATCGTCGAGCGCTCGATCCACAAGCAGGTTCGTTGAGATTGTTGCCGAAATTTGCTAGG
CAGCGTCAGCCTGGGGATCCGCTTGATCCGGCTACGCGTATTGGTGCTCTGGTAAATGCCAGCATGCTGACCGG
GTGATGGGCTTCATCGAACGGGCAAAGACGGACGGAGCCACGCTTGCTGCGGGCGGGACGCGTTCGTTGACCGAA
ACCGGTTGGTTCTTATGTGGTGCCGACAGTTTTTGGACAATGTCTCCAATGATATGGAGATCGCCCGTGAAGAAAT
TTCGGTCCAGTGTGCTGCGGTGATTCTGTTTCCAGCGTGGACGAAGCAGTCTCAGTCGCCAACGATAGTCCCTAT
GGCCTTGGTGACGGGGTGTGGACTGATAGTTTTATCCGACGCACATAAGATATCCCGCAAGCTGCGAGCAGGGGTT
GTTTTATGTCAATTGCTACAACGACTGTGACATAACTACCCCTTTTTGGGGGGTCAAGCAATCTGGCAATGGGAGG
GATAAATCTCTTTATGCTCTTGATGAATACACCGAACTGAAAAACAATTTGGATTTCGGCTGTAGTCGTGAGTGGCC
ATGCGGTATGCATGGCCAACCTGCTGCTCAGAGCTTGTCTGATATTACGTTTCGTCAAATTAGAACGTAGGATC
TACTACGCTCAACATTGTGGGTTTCGGTTAAAGGTTTTCTATGTGCGTGCTTGATGCTCGTAGTGTCTTGAAGGCG
GAACCAATTTTTCTTCGGATTTAACTTCTATATGGTGGTATTTATTTATTAACGCAGGCGGTGGCTTTTCGACT
TCTTGGCCACCCTCCTGTGTACGGCCTGCAAGGATTATTTACGGGCTACGCACGCAACTTGTGATGTGTGCG
AGCGTAGTGCCTAGTCCGTAACCTTCTCGAAACCATAAGTCGTGTGCGAAATACTTCTTTCGAGTGTCTCTAAA
ATACTGTAGCCACCGTGGCCCTTTGATCATCTACGACTAAACAGCAAGAGAATTACGTCATGGCACTTACCCTT
GAAAAATCGCTAGGCGCATGACGGATGAGTTCAAGAAAGATTGCTGCGTCAATCTAGGCATAGGTAATCGAATG
TCGGCCGTCGAACACGTACTTAATGTACCTTCGAGCATGAGCGATGTGCAAGCGCTGGTGCAGGTTGCGGTTTCGC
AACCGCATCGGCCACCTTACCCTCAATAGACCGAATGGCTTGAATGCTCTGAGTCTGCTCTTGAACAGTTGTAT
GCCTGGGAACAGGATCCGTACATTCTCGCCGTGGTGCTGCGCGCCACAGGGGAGAATGCCTTCTGTGGCGGCGAC
ATTACATGCGATACGACCGCCACCAGTTAGGCGGCAAAAGGCATGAGATTTTCTCGCAGAGGAATATTTCCCTC
TGCGAATAACATCCAAGCCTATCCCAAGCCTGTCTGGCACTGATGGATGGCTTCGTGCTCGGCGGATATATGGGG
CTGGTTCAAGGCGCTCACTGCGGGTGATCACTGGACAAGTGAAGATAGGCATGCCGGAAGTAGGCATCGGTTTC
TTTTCAAAGCGTCGGCGGTAGTTACTTCTGCGCGCTTGCCCGGAGTTAGGCATTTATCTGGGCATCACCGGA
TTGCAGGTGCGCGCCCGCATGCGCTCTATGCACGCCTAGCCGACTGGTGCTGCCAGAGAGAGGTCGCTGAA
CTGGATCGCTGCCTAGATCAAATGAGCTGGACTGCGCATCCACAGGAGGCCCTGCGTGCCGTGCTTGCCACACTT
TGACGAACAAGCTTCTAGGCTCGGAGCTCAAGGCTTTACGTCGGTTCATCGACGCGTACTTCGCTCTGCCCCGAC
TTGCCGTGATTCGCACAGCACTGCTGGGGGAAAACCGCCCTGAGTTTCAAGATTGGGCTGAGGAAACTGTCAAG
GTTCTTGACAGTCGCTCACCGCTGTCCAAGGCCGTTACCTTGAACCTGCTGCGCTGCGGTGCAAGCTGTCCCTG
GCCGACTGTTTCGCCCAAGAATTGCATCTGGGCTACCAGTGGCGTGACAAAAGGCTACTTCATGGAGGGTGTGCAT
GCCTCGATCATCGACAGGAACGAGGCCCGGGCTCGAATCCACCTACCCTGGAGGGGCGTGATCCACACAGGCG
CAAGCTATCTTCGCCGGCGTCAAGTCCGCGGCTGAAAAAATCCGGCGCACGGTCAGAACTCCACAGAATAAGAGA
GATGCTCAATGCACGAACCTCGAAGTATTCTAGTGAAGGCATGATCCGCGACGTTGCCTGTGCGCGCACCGTGC
CTAAGGCCCAACATATTCAAAAAGTGCCTGCATTGTGCGATGCCCTGGTGCACAAAATGCGGGACCAGGGCATGT
CCGGTTTTGGTGGTTCCCGAACTAAGGGGGCGGCAGCTATATCAATAACGTCGCCTATGCTCTGGTTCGAGGAGGGGA
CCTCTGTGCGCAGTTCCGTGCGGCGGTTGACGTGATTTCATAGTTCTGTGCGCTTGGCGCTTGGCCCTGAGTTTCG
ACACTCAGGCAGTGAAGGGATTCTGGCTAACTGACTTGAACAACGGCCAGGCCATTGTGACTACTGCTTGGCCG
AACCGCTGGCCGGCTCCGCGACACCAATCTGGGCCACTGCGCCGAGTTCCGCGATGGCCAATTTGGTGCTAAATG
GTGCCGACCTCCTCTGTGATACCCCTTTGCGCATGGCATGCGCTTACCCGGGAAGCCTGCGCCTTTTTTATTTCGA
TGAAGAGATGCCCGGTGAGAGCCCTGGTAGCCGTCACATCGTGGTGCATGCAACGCCAAGATTCTGTGCTAGAG
GGACAGTGGCAGCGTCGATTTTTGCCAAGGTCTAGATGTGATGAATTCGTTCTGCGATATCGCCGTGGTGTGCGAT
CGGCCCCGATTGCTGCGCAAGAGCGGCAGCGTACCCTGCTGCTGTAAACCAGCTGGGTCACTTGGGCAACTC
CAATGGCGAGCTGAAATCCCTGGCCCCGGGCAAGCTGCTCAAGGCCACGGTGCACAAGGAGTAACCGCAGTTGGT
GATCTTCGGCAAGCAAGTCGAGGCAGTCAAGCCTGACTGGCCAGATGCTTCCCTGAGCTGGAAAAAGACCCGCGG
CGAGACTCCACTGATGCCACGCAGCCTCTATTGCGGTTCCACCTAAAAGAAATGCCGTTAACACATGGCAGGACGGG
ACGGGTTAAAAGAAATTTACTGGAGACTTAAATTCACATTGGTGTTCCTACTCGAGACCCATGCCGGCGAAA
CGCGGGTTGCCGCGACGCTGAGACCATCAAGAAGCTGGTGAAGCAAGGCCACCAGGTCACCGTGCAGAGCGGAG
CTGGCATTAGCGCCAGCATTCCGGATGCGGCCTACCAGGCGGTGCGTGCCTCATTGGCAGCGCCGCCCGCCCT
TGGGCGCCGATCTGGTGTGAAAGTGGTAGCGCCGACCGACCGCAACTGGCCACATGAAAGCCGGCGCGGTGC
TGGTTCGGCATGCTCAACCCGTTTCAGCAACGAGACCATCGCGCGCATGGCCGCCCGCGGCATCACCGCTTCGCCC
TCGAGGCCGCGCCGCTACCTCGCGCGCGCAGAGCCTGGATGTGCTGAGCTCGCAGGCCAACATCGCCGGCTACA
AGGCCGTGCTGCTGGCCGCCACCCTACCCGCGCTTCATGCCGATGCTGATGACCGCCGCCGGTACGGTGAAGG
CCGCCCGCGTGTGATCCTCGGCGCCGGTGTGCGCGCCTGCAGGCCATCGCCACGGCCAAGCGCTGGGTGCGG
TGATCGAGGCCTCGGACGTGCGTCCGGCGGTGAAGGAGCAGATCGAGTCGCTCGGCGCCAAGTTCTGTCGACGTGC
CGTGTGAGACCGACGAGGAGCGGAGTGCAGCGCAAGGCGTTCGGCGGCTATGCGCGGCCGATGCCGGCGTCTGGA
TGGCGCGTCAGGCCAAGGCGGTGCACGAGCGCGCAAGCAGGCCGACATCGTCATCACACCAGCGCTGATCCCGG
GGCGCAAGGCAACCGCACTGCTGCACGAGGCGCCACCGTGGCCGAGATGAAACCGGGCTCGTGGTTCATCGACCTG
CCGCGCGCAAGGCGGCAACTGCCCGCTGACCGTGCAGCGAGGTTGGTGGTGCAGCAGCGGCTGACCATCGTGC
GCCACAGCAACCTGGCCGCGCTGGTGCCGGCCGATGCTCGCGCTGTATGCGCGCAACCTGGACTTCCCTCA
AGCTGGTTCATCGACAAGGATGGCCAGTTCCACCTCAACCTCGAAGACGACATCGTCGCCCGCTGCTGATGTGCA

CCGGCGGTCAAGTCGTGCGTAGCAACGGCGCTCCCTCCGCGACCGCTGCTGCGCAAACCGAGAAAGAGAACGCAT
AAGGATAGAAACCATGGACCTGATTTCCGACGGCATCTACAACCTGATCATCTTCGTGCTGGCCATCTATGTTGG
CTACCACGTGGTGTGGAACGTACCCCCGGCCCTGCACACCCCCGCTGATGGCGGTGACCAACCGCATTTCCGCGAT
CGTCATCGTGGCGCCATGCTGGCCGCGGGCTGACCGTGACCCGCTGGGCAAGACCATGGGCACCCCTGGCCGT
GGCCCTGGCCGCGGTCAACGTGTTCCGGCGGCTTCCCTGGTTACCCGGCGCATGCTGGAAATGTTCAAGAAGAAAAGC
GCCGAAAGCCGCTGCAGTGGAGAAGCATTGATGAGCATGAACCTGATCACTGTTCTCTACCTGGTCGCCTCGATC
TGCTTTATCCAGGCGCTCAAGGGCCTGTGACACCCGACCGTTCCGGCGCGGCAACCTGTTCCGGCATGCTCGGC
ATGGCCCTGGCCATCGCCACCACCGTCGGCCTGATCTACAAGCTCGGTGCGCTCTCTTTGAAAGACGGGGGCGCC
ACCCAGGGCATCGGCTACGTGCTGGTCCGGCTGATGCTGGCGGCGGCAACCTGTTCCGGCATGCTCGGCATG
GAAATGACCAAGATGCCCAGCTGGTCCGCTTTCATGCACAGCATGATCGGCCCTGGCCGCGTATTCATCGCCATC
GCCGCGGTGGTTCGAGCCGAGTCGCTGGGCATAGTCGCGGCGCTGGGTGATGCGATTCCGGCCCGTTAACCGTCTG
GAACTGTTCCCTCGGCGCGCCATCGGCGCCATCACCTTCTCCGGTTCGGTGATCGCCTTCGGCAAGCTGTCGGGC
CGTCTTGATTTGGCAGGAAGTTCCGCTGTTCCAGGGCGCGCCGGTGCAGTTCAAGGGCCAGCACTGGATCAAC
CTGGCGGTTCGGCCTGGCGATCCTCGGCCTGGGTCTGCACTTACCTTACAGCGGCAGCCTGAGCGCCTTCGCCATC
CTGCTGGCCCTGGCCTTCGTATCGGCGTGCTGATCATCATCCCATCGGCGGCGGACATGCCGGTAGTGGTG
TCGATGCTCAACAGCTACTCGGGCTGGGCGGCGGGGATCGGCTTCTCGTGAACAACTCGATGCTGATCATC
GCCGGCAGCCTGGTCCGTTCCCTCGGGTGCATCCTCTCCTACATCATGTGCAAGGCGATGAACCGCTCGTCTCTC
AACGTGATCCTCGGCGGTTTCGGCGGCGGACTGAAGCGGCGGCCCCCGGGTCCCAGGAAGCGCGCCCGGTT
AAGTCCGGCTCGAGCGACGACGCCGCTTCCCTGCTGACCAACGCCGACACCGTGATCATCGTTCGGGTTACGGC
CTGGCGGTTCGCCGTGCCAGCACGCGCTGATGGAAGTGGCGGAGAAAGCTGACCCACCGTGGCGTCACCGTGAAG
TACGCGATCCACCCGGTGGCCGGGCGCATGCCGGGCGACATGAACGTGCTGCTGGCCGAGGCCGAAGTGCCTTAC
GAGCAGGTGTTTCGAGATGGACGACATCAACTCCGAGTTCGGCCAGGCCGACGTGGTGTGCTGGTGTGCTGGCGCCAA
GACGTGGTCAATCCGGCGGCGAAGAACGATCCGAAGTCCGGATCGCCGGCATGCCGATCCTCGAGGCCTACAAG
GCCAAGACCGTGCATCAACAAGCGCTCGATGGCCAGCGGCTACGCCGGCCTGGACAACGAAGTGTCTACCTG
GACAAGACCATGATGGTCTTCGGCGACGCCAAGAAGGTGATCGAGGACATGGTCAAGGCCGTCGACTGATGTCGC
CCCCGAAATGATAAAGCAGGCCCTCGCGCTTAACTGCTCGTTCGTTCAAGCGGAGCGGCTACTGTTCCGGCGAT
GGTGGGCTTTGAGATTTTACCAGCCCTTGGCCCTGATGGCCTTGGACGGTGATCTAGCAACAGCCACGGATGC
CTAAGTGCATGTGCATGGCTGTCAAGCGCCTTCTACGGCTGAAATCGGTTGTCTGCAGTCATCATGAACGTTG
CACTGCAATGTATCGGAACGCCGGGTTAAGCGTAAATCCGTTGGAGAGTACCCAAACGCTACCACCTGACTCGCT
TCGCTATGAATGACGTTAGAGCCCAGCAATAGCTGAGCACTTAGCCACTGAGCACGTTCAAGTGCAGCAAAACAGGG
TTGTGCCGGGACGCTCGTAGTCACGGGTAACGCTTTCGGCGTAGCCGAAGCCATGGGTAACATCAGCTGCGTGC
GCTCCAGGGCCTGGCACTGGCTCTTCTCGTGAACAACAAAGTACCAGGGCATTCTCAGGTGGACTCAGGTGCTGAC
GTCACGACGTTCGGAAGTTTCTCGATGAAGAACGGGTGCTTGGACAGCTTAAACCTGGCCCCAGCCGAAGAGCC
GAAAGTACCGCTGCACGCTGTTCTTGGAAATGCTAGTTTCCGGGGCTACCGTTCGCACTCGCCGTTTCGATGAAGC
GAACGCCATTTGCCACGGAGACCTGGTTCATCCTCACGCGTTCGGCAATCGCCTTGTTCGGTTCGCCGTCGGAA
CTGCAGTGGATGATGCACGCCCGGCTGCTCTGTGCCGAGAAGAGAGCAGCTGCGTAAGAACGACTGCACCTGCG
AAAGTGCCTCACTCAATAGCCATTCGGTCTTCGGTCTGCCCGTTCGATCGCGGTATATGGCCCCATTAATGA
CCGTATTAACCATCAGGACATTTACAGGGCCATCTACCCTACGTAGGCATGTGGCTGCTCTGAGTCGAATAAAA
TGCTGTGCGCCGCACCCAGTGTACAGGGTCGTAATAAGCGCTGAGCAGCTGTAGCTTACCTGAAAACGACAAAAGA
TGAATCTTGTCCAGGATGCTGCCTCCATCCTCCAACCTTCGTCAGGTTGGATGCAGTTACTGTACAGTTCAGT
ACAAATTTGTGATCTTCTTTGAAGTCCGAACACAGGCTTTCAAGGTGCATGCCTGGTGTATTCGAGCGTCGCCGG
ATTGCTTCCAGGTAATGGTTCGTGCCCCGTCGCTTGGGGTTTGCTGTGGAAAGGAATTTTGTGCTGGAACCT
GCAGGATATCTGCGATCTTGAGAGCGACCGAACCTGAGCTTGGCTTTGCCGGTCTCAATTTTGGACAATTTGTG
AGGCCGAAATGCCAAGCTCACGGGCAAGCGAACCTGAGGCTGATCCCCCTCAAGTTGCGCTGATTTCTGATTTTAC
TCTCAATAGACACGTTGAGCTGTTTCTTTTGTGTTAAGCGAAAGGCACGAGTACCTTACGATGAGCCATGAGCC
TAGCACAGTGTGCTATTTTTGAACACGTCGTTGTCTTTTTCGTGACGCTTTTTCCCTTTTTCGGCGCCACTGGTGAGC
GTGGCGAAAGACGTTTTGCCTACAGCAAGAGTGAGTGGCTCCTAGGCTGCAAAAATGCCTGATTTGAGTTTACAGCGG
CCGTTTTCACTCAGGCGGTTTCGAGCTGGTGGAGCTAGAGCGTCAATGTGTTGCTTTTTCGGCGATAAACGATTCGCG
GCCGCAACTCTAGGCTGTTGAGTCTTAATTTCTTTGGGAGGAAAACCCCGGCGGGAAGCGCCGGGGTTTTTGTGAT
GCTCAATATTTGAGCATCAGACCGCCGTCGACGATGAGGTCCGTTACCGGTGATGTAGGAGGCTGCATCGGAGAGC
AGGAACATGGCGGCATTTGCCATATCGTCAGCAGCACCTACGCGCCCCATCGGAACGTAGTCACCGGCATTTCTG
ACCTTATCCGCGGTATCCAGCGCGCCTGCATGGGGTTTTGGGTGATGCCGGGATAAATGGTGTGGAGCGGATG
CCTTCAGCGGCGAGTTGCATGGCGATCGACTTGGAAATTCGCGGGGATACCGGCTTTCGATGCCGCATAGGCGTCC
TGCGGAGCGGTATCGCCACGCAGGCATTGACTGTGGAGAAATGCACCATCGAACCGCCACCCGATTTCCGCATG
TAGGGGACTGCTGCGCGAATGGTGTGGACTAGGGATTTTAGGTGATTTCCATGACCTTGTCCCAAATGTGCGAGG
TCGATGTGCGAGCAACGATACGTCCTTACCGAACAGAGTACGCCGGCGATGTTGGCCAGGTAGTCGATACGGCCG
AATTATTTGAAGGCAGCACCTACCGCCTCGCTCACGAAGCGCATGTGAGTCAGGTACCTTGTGCATAGATGAGC
TTGTGCTTGTTCAGCTCTGCCGGCTTTCCCTTACGTCGATCGCTAGCACGGACGCACCGGCTTCGAGCATT
TTCAGGGAAAGCGCCAGGCCCATGCCGCCGCGGACCGGTGATGACGGCTACGCGACCAGTGAAGTCGATTTG
ATCATGTGAACCTCCGTTTGTGTTGTTTTGAACTCGTTTGCCTGAAGTAGTGCCTAGTGTCTCTTTAGGCTCT
AATGTATCAAAAAGGAAACATGTGTACTTATATGTAAGTGTGTTGCTCTCTCTCAACGCGCTGGGCTTTTCGTGAG
ATCGCCGTGAGTAGTTCCAATCAGGAGCGCGGTGCAGCGCCGCAAGCAAATGACAAGCAGGACTAGTAGCAACG
CAGTCTCTGCGTGCCCTTGCATAGAGGGCGCTTTCAGTCCGTTAGGCGTTTCTGGTGCGTAAGGCCGCCCTAAG

GAGGCGGACTCCGAAATGCTCCATTTCTCTGGAGTCCGAAGGGGATGAACAGATCGTTGCTGATCTGGACGAAT
 TTCCTAGGTGAGACGTTTTATGCCGCTGCACCAGCGTGTGGCCTGGTGATCTGGACGGTTTATAGATCGGGCGCTTA
 GTACGCCAGCCAAGCTGGCAGTTGATGAAGGGTGAAAGTCCCTACGAGAGATGTCATGACGAGACACCTCGACCC
 CGAGTCAGGTGCCGGCCATCGCGAAGTGTCCGGTGGAGCCATATGCGTAATGTTCCGCACGTACGGATTTGCGCGG
 GGCGCAGGGGGGGGGGGGCTCATTCCGACCCGCACTGAAGGCCGATTTCGTGATGCTTCTGCTAGCGGGCGGACT
 CTGACCATCGTGCCTTCCGGGATGCAGTTACCTTGGCGCAAGGCTGATTTTTTTGAGAAAACGTTGTTGCCATTTT
 GGAAAGCAAGGTATTAATGGAACGTTTAAATGGGTTTTGACCAACCTGCCTCACAAGCTAGGTCTGACCGGCAG
 AACGCAGAAACATACAAACGACAAAAGGGAGCCCCCACAAATGCCAAGGCCAGTTGTTGCCATGCCCCGATGTA
 TTCGTGAGTTGGAAAATACGGCTTGGCACTGCGCACAACTCAATATGTTTCGCGCGGTAACCAAGTCGCCAAC
 TCATGACGCTAATCGTTCCCGCACTCGTTCGAGGGCAATGATGTCGATGCCCTGCTCGACCGCTCGACGGACTCA
 TCGTGAGCGGATCGGCAACAAATGTTTCATCCGTGCTCTATGGCGAAGCGGCAGAAGAGAACGATGGGGCGTTTG
 ATCAGGCGCGGATGCAACCAGCATCCATCTTATCCGCGCCGCCATTGAACGCGGGATGCCACTGCTTGCATCT
 GCCGGGGCATAACAGGAGCTGAACGTCGCACTAGGCGGGACGCTCGGCCGAGACATCCACGAAAAATTGGGGCATTT
 TCGATCATAGGTGCGCGGAAGGTTCTCGCGACGATCGATTTCGCTATTTCGCCATTTCCATTTCCATCGAGGAAGGCA
 GCTGCATCGCCCCGGGTGCTAGGTGCCAATAAAGCCATGGTCAATTTCGCTGCATCGGCAGGCAATTGAGCGCCTGG
 CTCCCGGCTTGTGCTCGAGGCTAGAGCCGAAGATGGCAGCATCGAGGCGGTTTCAGTCAAAGACGCACGTGGCT
 TTGCCTTGGGCGTCCAGTGGCATCCCGAATATTGGGCAGAAACCGACAGCTCCTCGAGAAGCTGCTCGAAGCAT
 TCGGAGATGCAGTGCCTAGCTATCAGAAAGCAAAGCCACCTAACGTTTTGCTGTCTGCAGATAGAGCGTCCAA
 TCGCCAAAGCGACACCCAGCTCAAACCTAACCCACATGCATCAGGAATAAGAACAATGCGCGCAGCCGCTATGAA
 TCATTCCAGGGCAAAATTACCGTTTCAGACCATGCCGGATCCGGAACCCAGCGAGTTCCGGTCCGTCATCGAGGTC
 AAGGCGAGTGGCATCTGTGCAAGTGATTGGCACGGTTGGGTGCGGCACGACACTGATATCGTGCTGCCCATGTA
 CCCGGTCATGAGTTTCGCTGGCGTTGTGCTGCCGTCGGGCGTGGTGTAAACGAAGTGAAGGTGGGTGATCGCGTC
 ACCATGCCCTTCATGGGCGTATGTGGTTTCATGCCGAGAATGCTCGTCAGGTAACGAGCAAAATGTGCGATCACCAG
 TTCCAGCCGGGCTTCAAGCACTGGGGCTCGTTTTGCGCAATATGTTGCTATCGATATGGCAGATCGCAATCTGGTT
 GCGCTGCCGGAGGCGAGTGCCTTCAGTACGGCCGCTGGGCTAGGCTGCCGCTTCGCCACCTCCTTCCGCGCCATG
 GCCTTCCAAGCAGGATCGAACCAGCCGCGGCTGGGTCGCGCAGCGGTCGCGCGGCGTGGCCATCGGCGGATA
 ATGATTGCGAGGCACTTGGTGCCAAATACCATCGTATCGACATTCGCGATGACAAGTGCAGGATGACAAGTGGCTCGCGC
 CTCGCGCTGCCAGGACAATCAATGCCAGGCGAGTGCACAATGTAGCAAGTGTATAGCCGATTTGACCGCGCGC
 GGCGCACATGTGTGCGTGCATGCGCTGGGTAGTGTGTGACCTGCAGAACTCTATTGAAAGCCTTAGGAAGAGG
 GGAAGCATCTTCAGGTGCGTCTGCTGGCCGGCGATCAGGCTCTGCCGGCTATTCCCATGGGACGCGTCTGTGCTC
 AAAGAACTCCAACCTTGGGCGAGCTATGGCCTGCAGCCGACAAATACGGCGACATGCTGGCCATGATTGAGGCC
 GGTAAAGTTAAAGCCTGAAAAGTTGATCGGGCGGACCGTTACTCTGGAAGAGGCTACAACCATTTTGCCGAAGATG
 GATAGTTTTCCAAGAACGAGGGGTGGCGATCATTGATCGTTTTTAAAGACGCTTAGTGCATAACACGACTGGCTCT
 TGACGTCGTCGGGACTGCCCATATGCACGAACCTGGAATGAGGAAGGATGTAATGGCTTCAGTTTCCGGGCGTGT
 TACTCATCGATTAGCCATTGAGCTGAATCTGGTAGGGTTTTCCATCAGGCAGTTTAGGTAGGAGTCACTCTGGAT
 CGGAGCGTCGATCAGCTTGTGCCAGCTTTCCATAGTGTGACAGGTCGCTAGGGGTGAACAGCTCCAGCATGTGCT
 GTGCTGATCTGCGGTCTGGTTATTCAATTTTAAATGCGAGCTCAATAAACTATGACAGCACTGATCTCATCTCCA
 ATTATCCACTTCCGGTCTGTTACCATGCTCGCGGAGTCTTCATCTATGACGACTCAGGCAAGAGCTATATAGACG
 GATCGGGCGGGGCAATGACAGTTTTCGATTGGCCATGGTGTGCCGGAAGTTCTGTCTGCCATGAGTCGCCAGGCGC
 AGCAAGTCTGTTTCACTTATCGGACACATTTTACGAGCACCGCTGCAGAGGAATGGCGAAAAGAAATAGTGGCGC
 TAGCGCCCGGCGATTTGAACAAGGTCTTCTTTGTTAATAGCGGATCTGAAGCGACCGAGCTCTCCATGCGAACTG
 CCATTCAATACTGGCAGGCGCGGGGCCAACCGAAGACGAAAATCCTGGGTCGAGCCATCAGCTATCACGGAA
 TGACAATGGGCTCATTGTGATGTCGGGGCACGCTGCGCCGCGGACTACTCAAACCTGCTCCATCAATTTG
 CCGTTGCGCCGCCCTTACGCTTACGCTTCAAGTGCAGGTCGCAATGATGGCAGCTTCGTTGCGTTCGGGAG
 AAATCATTACAGGAGCAAGGTGCGGACACCATTGCAGCTGTGATCGTAGAGCCCATAGTAGAGCCGCTGGGGGAG
 CATTGACGCCACCGATTGGATACCTAAAAGCTCTACGTGAAATCTGTGATCGGCACAGTATCCTGCTTATATCCG
 ACGAAGTATCACAGGTATGGGCCGTACAGGGACGTGGTTTCGGGTGCGAGCACGATGGGATCGTTTCTGACATCA
 TCGCAACAGGGAAGGGTATGAGTTCCGGCTACACTCCAATGGGCGGTGTGATAAATCGCGACGGCATAATGGAAG
 CACTGGGAGAGAGGGTAAAGCTATTCCGGCCACACCTTCAGTGCCAACCCGCTGAGCGCAGCGACGTGCTTGGCTG
 TGATCCGCTACATGAAGGAGCACGCGATCCTTGACAACGTTGACGCGGGTCGGTTCAGCTTGAATCTGGGCTGA
 AGGATCTTTCCGTACGTTATCCTTGGATGGCCGATGTGCGCGGGCGCGCCTTCTTGGGGCTTCGAGTTCGTCA
 AGGACGCCACTACGAAGGAGCCGATTGACGCGGCTCGGCAACCGAACCTGCGCTTCGCGCAGCACTGCTTCGATG
 CTGGTCTCATTGCTTACCCGGCCGGCATAGCGCCGCTCAATAACTCGGCACTCCTCGCCCCGCCCTTGTATCT
 CGGCCAGCGAAACTGAGGAGCTGCTGTCCCCTTGGAAATCGGTCTGCAGAGATTTGGTAAACGAAATGGGTCTCC
 CGGCATAAGGCGATCCATCGCCGGTAGCGCTCAGGGAAACCGCGAGCGAGGACAGATTAACAATAGCTATTTCACT
 GGGGCTCGGTTGCACAACTGCCTCCGATTAACGCAGAAACCCGGTTTTTTGACCGGGTTTTCTGCGTTTTACAGGCG
 CACATCTCCTGTGTGCGCCAGCGAGTGTGACGTGTTCATCCATAGGTTTCGACAGGGCGAACAAAGATGACCAGTTG
 CGCGGTGTTCTTCGCCAGGCCCGGAAGCGGGACCTCACGTAGCCGAACCTGCCGCTTGATCACTCGGAACAGCTG
 TTCGACCGTGGCCTGTCCCTTTGGCCTTCTCGATCTTGGCTTACCTTGTCCAGCGCGCTACGCTTGTTCAACT
 GCTTGTAAAGTGTCTCGCGGGCGGCGGATCAGCCAAATGACCTGACCGCTTTCATGCTCGGGACGTTTCTCCGTC
 CGGTTGACGCGCATCGGACAGGCCACATTTCTCCTCGCGCTGACAGCTGCTTGCATGATGCGCCTTTCATGCGC
 CGGATGCGCCTTTCATGCGCCTTTCATGCGCCTTTCATGCGCCTTTCATGCGCCTTTCATGCGCCTTTCATGCGC
 CGGATGCGCCTTTCATGCGCCTTTCATGCGCCTTTCATGCGCCTTTCATGCGCCTTTCATGCGCCTTTCATGCGC

AAACGTCTGCAAGCTCTGAGCTCGCTTCTTGGCGAGATCGACACTTGCATCGCAACCACATGAAACCGTGAGCCG
ATGTTGACTCAGGTAGCACGTAAATAAATGATCGGCAGCCCTCGTGCTCCACGCTGTTTCATATTCATGGGAATC
CATCTCGATCAGGAACAACCTTTTTGCGGGTCTGCTTGGCGCTTGCCGGCGTACTCGGCATCGGTGAAGGTCATTTG
CTTCATCGAAAACTCGGCGGGTGGGAGTCCGGGTATTTTTCCAAAATCAGGAAGTCTCCTTCAGAGTTTCCCTTA
GAGGGGCTTCTCGGGTGCCTAATTAGAAAAGGCTGTGGCCAGATTCTCGAAGAATGGCCCCGGATGCCCTCGT
TGGACTGGGGGTTTCAGGATAATAATTCTTCAAGCCACTCGATTGAACATTTTCGGCTTTTTATGTTTATCCGGT
TGATGAAGTGATCTTTATGGTTTCTAGGATATCTGTCTAATTTGGTTCTGTAGGGCTCGATGATTTTGTCTGGCT
TATCAAGATCTCTAGGGATGGTCTGAAGTAGCCATGTATTTCCCGGCATACCACCTAGCGCAACTTTTAAACTC
GCCAAATGATCAAAAAACAATCAATTCGACGAGTATTTCTTACGTTTTTCGCCACCCGACCCCACTCCGGTGGCC
ATTTCCCGCATTACAGGCGCACCTCTCCTGCATTCGTGAGTAAATGTCGGCGGCCATCCACAGTTTCGACGAG
CGAACAGTGTACCAGTTGCGCCGTGTTTTTGGCCAAGCCGCGAAAAGCGCACCTTGGTGTAAACGAACCTGGCGCT
TGATTACCCGGAACGGATGCTCGACCTTGGCGCGCACCTGAGCCTTGGCCTTTTTCAATCTTGGCCTTGGCTTTGT
ACAGCACGCTGCGCTTATCGAGTTTTTTGTAGGTGCTGCGGGTGGCCACCTGCCAGATAACTTCACGTCCTT
CATGCTCGGGCCGCTTTTTCGACACCGGTGTAGCCTGCATCGGCGCAGACCAGTTTTTCGTCGCCATGCAGCAATT
TGTCCACCTGGGTGACATCCGCCACATTGGCCGCCGTGCCACTACGCTGTGCACCAGACCCGATTCGTCATCGG
CGCCGATGTGGGCTTTCATGCCAAAATAATACTGGTTTTCCCTTCTTGGTCTGGTGCATTTCCGGGTGCGCTTGC
CGTCTTGTCTTGGTTCGAACTGGGCGCATTGATCAGCGTTGCATCGACGATGGTGCCCTGGCGCAGCGACAGGC
CGCGGTGCGCCAGATAGCCATTGATGACAGCGAGGATGCCGGCCGCCAGCTCGTGTTCCTCAGCAAGCGGCGGA
AGTTGAGAATGGTGGTTTTCGTGGGGATGCGCTCCAGGTTACGCCCGCAAACCTGGCGCAGGATCGTGGTTTCGT
ACAGCGCTTCCCTCCATCGCTGGATCGCTGTAGCCGAACCAGTTCTGCAGCAGATGCACACGCAGCATCGCCATCA
ACGGGTAGGCCGGACGGCCACCTTACCTTTCCGATAATGTGGTCTCGATCAAAGCAATCAAGCCCTTCCACGGCA
CCACCCGATCCATCTCGATCAGGAACAACCTCCTTGGGGTTTTGCTTGGCGCTTGCCAGCGTACTCGGCGTGGCGA
AGGTCATCTGCTTCATCGGGAACCTCGGTGGGTGGGGTGGCGGTATTTTGCCAAATCAGAAAAGTCTTTTTTCAGAG
TTTCCCTAGGCGTGGTTCGGGTGATCTTGATTTTTGTCTATGTGGGTTTTGTTGGGTAGGAGTGTGTTTTTCTGT
ATTTATTTATTTTTGGTTATTTTTCTTTTTGTTGGGTTTTGATTTGTGTAGGGGGTGGTAAATGAGACAGTAGGCT
AAAAATAAAGGCTGCGTGGGAAAGGCTGGATCTGATTGCATCGGGAAGATTTGTGGTGGTGGCGGTTTTCTA
TTTTCTAGACGCTGATTATACTTTCCGTAAGAGATTTGAAAGATGCATCTGGCCTTTGGTGCAAAATTTCTAGATG
CAAAATAAGAATAAAAAGAGGTTGCGCTAATGAGTAGATTGGGATGTCAAGGTATATCGCTAAAACGAGCAGCGC
TGGCCGCGGGATTTGGCCTGTTTGCAGCGTATTCATCACTAACGCATGCGGATTCAGATTCAGATGGTGGGCTA
GGGTAGGTCCTGGCTACATAAGTCTTGATGAAGATGTGACGCTAAAAGCAAATGGTACAAAAGATTCCAGGCGCCC
ATGCTGAGATGACAAACGACACCACATTGTTAGCAGAAATCGGCTACAAGCTGGATCGTAATTTGGTCCGTTGGGT
TCACCTTTGGATAACCCCCCAAAAACAAAAGTTACCGGAAAAGGTAAGTCTGTAAGGGTTAGGTACGTTAGGGAAG
GCAAAGTATGGGCTGCAGGGTTATCGCTTCAGTATCAGTTTAAATTCGAAGGACGATTTCCGCCCTATTTGGGT
GCGGGTATATCCCGCCGCGTTCAGGATAGTTGTCTGTGAGTTGATTTCGATGAGTCTTGGTGGTGGGCGAAAGT
AGAGCCGTGTGGCGGTTATTCGATAGAGCACCGGGAGTGGGTGGTGGCGCAGATGATGCCGCCCTTGAACCGGA
CGGTGCCGGAGCTGGTGAAGCGCAGAGGCATTACTGATGCCACCCTGTATGCTTGGCGCAAACAGGCCAGAGCAG
CGGGAGCAGTGGTGGCGGAGATGGACAGCAGGCCGACCAGTGGTGCAGCCAGGACAAGTTTCGGGTGGTGTGG
AAAGCGCCAGCCTCAATGCGGCTGAGCTGGCGGAGTACTGCCGGCGCAAAGGCTGTATGTGCAGCAGATCAACG
CCTGGCGCGAAGCCTGCGAGCAGGCCAACAGCCTGGCTCAGCCGAGCAAGACCCGGCGCAACGCGAAGAGGAAA
AGGCCGCGAAGAAGCGCATCAAGCAGCTGGAGCGTGAACCTGCCGGCGAAGGATGCGGGCTGGCAGAAAACCGCGG
CTCTGCTGGTGTTCGAAAAAAGCCGAGGCGCTCTGGGGGAAGGACGAGGACGAATGATCAGCGCCCCGGATCG
CCGTGAAACGCTGCAGTTGATCGAGGACGCCGTGGCGGTGGGAGCGCGGGCGCAGGCCTGCGCCGAACTGGG
CCTGTACGCTGCGACGCTGCAGCGCTGGCAGCACTGCCGGAGGATCGGCGTCTTTCGGCACTGCGAGCGGCACC
GGCCAACAAGCTGAGTCCGCAAGAGCGCCCGCTGGAGTTCGCAACCAGCCGAGTTTGCAGCCTGCC
GCCGAGCAGATCGTGGCGCGGCTGGCCGATCAGGGCACCTGGCTGGCCTCGGAGTTCGACCTTACCCGGGTGCT
GAAGGACGCCGAACAGCAGCATCCGCGCGGCCGTAGCCGCCACCAGGTGAAACGAGCGCTGACGACCCATGTGGC
CGACGGCCGAACAGCTGTGGTGTGGGACATCACCTGGCTACCGACCACGGTCAAGGGCCGTTACTTCTACTG
GTACATGATCAAGGACGTCTACAGCCGAAGCTGGTGGCCAACGAGGTGCATGAAAAGTAAAAGCGCCGAGCAGGC
CGCCAGCTGCTACGCCAGGCTGCCTACGTGAACAGCGGGCAGGCCAGCCGCTGGTACTGCACTCGGACAACGG
CAGCGCGATGAAGGGCTCGACCATGCTGGCGGCCATGCAGAACCTGGGTGTGATGCCCTCGTTCAGCCGCCCGG
GGTGAGCAATGACAACGCCTATGCCGAGGCCCGGTTCCGCACGGCGAAGTACTGCCCGCTGTGGCCGAGCGGCC
CTTCGACACGCTGGAGCAGGCCAGAAAATGGGTGAACCGCTTCTGTGGCCTGGTACAACCATGAGCATCGCCACAG
CGCCCTGAAGTTCTGTGACCCCGGCGCAGCGACATAACCGCCAGGCCGAAGAGTTGCTGCGCAAGCGTATCGAGCT
GTACGAGGCGGGCGCTGCACGGCACCCGGAGCGCTGGAGCGGCAACATCAGGAACCTGGGTGCTGGCACCATCGT
GTGCCTGAACCCGGAGCGGGAAGCGGTACTGCAGCAAACATCAAAGGCAGCGTGACACGCTCACGCGACAACCTAC
CTTGAANAATCGCCGATATCCTACTTGGTGTATATTGAGCTCCGAAGATTCTGCGGTGCAAGGTTTTGGATGTTGATA
ATTCGTGGGGAAAATTCATTCAGGTGGGCGCGGAGTTCTGGGCTGATGAAAAATATGGTGTCTTTGTTGATCTGA
AAAAATTCGACTTGAAGCAGAATCATCCGGAACGCTGAATGGAATTCCTGTAACGGCAGAGAAGACTCTTGATC
CGTAGTCTTTACACGGGGCTTGTAGTTAAGTTCTAGGCGGCGTGTGAATGTGGTGTGATTTTATAGAGTTAAT
GCTGGCGAGATCGAAAGTATTGAATTTGTTTATGGCTGTTTTTAGGGTTGGTAGTCTTGGCCCGGGTTATCGA
AATTTGGCCCATGACCTACTTTTTTGGATTGGTATTTAAAGACGAAAATTCGGTAACAATTAATTTCCGGTGG
GTAGAAAAATGAAAATTCGCCAAATCAGAAATGCCACCTTAGTTATCGAGTACGGCGCAAGAAGTTCTTATAG
ATCCTTGGTTGGCCGAAAAGGGAGCCTACCCCGGTTTTCCGGCGGACGCTGAACAGTCACCTGCGTAACCCGACTG

CTGACTTGGTCGTACCGATGGAAGAGATTGTTAATGTTGACGCCGTCATTCTGACACACGATCACCCCGATCACT
GGGACGAAGTCGCTGCCAATGCCATTCCGAAGGATAAAACCTTTCTTTGTTTCAGCATTTCGCTGATCGTGAATCTA
TTCGTCGTGCAGGATTTACCGATGTCCGTGTCTTACCGGAAACCCGGAGTTCGAAGGGGTAAAACCTGATCAAGA
CTCCAGGCCAGCATGGCTCTGATGAAGGCGTACAAGCAGCTTACGACCTGTTGCTTGAAAATATCCGGGGTGGTGT
TTAAGCATTCCGATGAAAAGACGCTCTACATTGCGGGGGACACTATCTGGAACCAATATGTGCGAGGCCAACCTGA
AGGAATATAAACCGGACGTAATTATATTGAATGCGGGCGACGCGCAGGTGCCGCAATACGGCAACATTATCATGA
ACAAGGAAGATGTGTTGTCCGTTTGTACTGCCGCACCCGAGGCCGTCGTAATTGCGAGCCATATGGAGTCGGTGA
ACCACGCCATGTTGACCAGAACAGAGTTGAGAGGCTTTCTAAAAGAAAATGGTATGTCCAGTCGCGTACTCATCC
CTGAGGATGGTGAGACTTTTGTCTCTCTAAAGGCAGCACGTAATCCACTGCAGCGAACACAAGTATAGGTAGAAA
TAACATGTCAATTGAAGCTAACAAAAAGATAGCGCAGCAATTCTACGATGCGATCAATGCCGCGAAATTCGACGC
GCTCTATGATCTTTGTAGTGAGGACTTCGTATTTTACAATCAGGTCGATACGCCTCATCAAGGTGTCGACGGATT
CATTAAACGCCGAGAAGCGGAATTTTACGCGTTTTGAGTCGTTTTAGGTTTTCCCATTGAGTGTATGGTGGCTGAAGA
TGACAAAGTTGCCGTTTTATTTGATCTTTGAACCTTCCGGACAAAAGAAGGAATGCTTGGGGGTTCCACCTTCGGG
AAAGGGGTGCCGAATCTCCGTTTTCTGCCTTTTACTATTGTCAACGGTAAAATTTGTTGAGAAAGAGAGCGCATT
CGATGTGGCTGATATTCGGCGACAGCTTTCTGAGGTTTTGAATCAGCCTGTGAGAAGTCGTAACGAAAAGTGT
ACTAAACAGGGCGGTTCTGGCATTTCAGGGCCGCTCATTTTTATTTTGCCTTTGATAGTCTGAAAATTTTACGTCA
GATGTGCGTTAGGCTAGCAAGGCTGGGGCGAGTTAAAGAATAGTCTGAATATTCTTTCGCCATTCCCTTGAGAA
ATTCCGTATTCTTCTTAAAATGCTGCCTCAGCGTACAAGCCGATTGAAAGCCGACCATTTCGCAATTTCTCTCG
ACACCGTGTGAGGTGGTTTTCCAGTAGTTCCTGGCTGCGTTGCAATCGCTGTATCATCAGCCAATCCCTAAAGAT
AAACCGGTGGACTTGAGGAAGTGTCTGGTGAAGGTGCGACGGCTCATCCCTGATCGTTCCGCGAGTGTATCTAGG
TCATGCTTTTTCTGACAGGTTTGCACACAGGTAATCAAGAAGGTTGACAATCGTTGTGTCCCTGTTGGATGCCGCA
ATTGGCTGTTCAATGAACTGAACTTGCCCTGCCTTCACGGTATGGTGGGATGACCATGCGTTGGGCAACTCGGTTG
GCTATGTTACTTCCATAGATCTGGCGTACGATATGTAAGCAGCAGTCGAGGCCTGCGCCCGTTCCAGCCGAGGTA
ATGAGCCCATCATCGTCGACATAAAGCGCGTTAGGGTCCAATTTACATCGGGAAAACCGGGCCGTGAAGTCGCCCT
TCAACTTCCCAGTGAGTCGAAGCACTGCGGTTGTTAAGAAGACCCGCATAGGCCAGCACATATCCGCCAAGGCAA
AGCCCAACGATCGTTGCACCGCTTCGTGAGCCGATACGAGCCGCTAGCAGAGCGACTGTGTGTTTTTCCGCA
GGGTGCGCGCCAGAAAGGTATTACGATAAATACGGCTATCTCTAGAACGCTTAGGCCATAACCTGTATCAATTTGC
AGCCCGAAGTTGGAATTAAGGATGCCGGTTTTCCACCGAACAAATACGAAGGTCGAATAGGTCGACATGTCGCAAG
AAATTTCCAAAACAATGCAGGGCACTGAGAGCTGATAAGGAGCAAATTCATCACAGGCCACGACGGCTACTATT
GGCAAGGATCCGTTTGGAGCCTGCTTGACCACAGTTTTTCGCTTTGGACTTTCATTTCGCCATCGCTCCTTTGCC
CACCGACGCCCTTGGTTGGCGACAAAACACGACGATTGAGAAAATACCCGCGAGCTCTTTGAAAACCTGACTGGTT
CTCCACTGCTCGTCAACGTTAACCGAACTATTGTAGTGGGGCAATTAGCCTTGGTTATTACTGGACTGTGAATCC
ATGCTGGATAGTTTCTCAGTCATATTGGTCTGTGTGCGCCAGTACAACTGGCAAGAGGTAGTCGGTGCAG
TCCGATACGAGAACGAAGTGGCGAATCATCTTGGCCCCGAGTCATGCGTTGGACGTCGTGAGGCGGACAGCGAAG
CGTTGACAGGGGAAACGACAGGCCAGCCATTGAGCCGCGAAATCATAAGTCCCAGGATGCCGACGCTATACAGAT
GAGCGGAAGGCGACACGGAGCAGGGTGTCAATCGCAAGCCCTGTGACGATCCCGCGCGTTCGAAGACCCTGAGCA
TGTCGGGAAGCTTCTTGCACAGGAACTGGGAGGTCTCAACGGTGCCCGGCAGCAGTAAGCCGGGCGGGGCGGGAA
AGGGTACCGCTTTCGGCGGCGCGTGCCTCTGCGACAACCAGCAGGTGCGGACCGGGCGGCTCGACGAACTCGTGTG
GCAGCAAGTGCCTGCGCTGCTGGCCATCCTGACCGACTGAAGACCGAGTACCAACGCCGCTGGACGTTCTCGA
GCAGACCGAAAGGGAGAGTGCAGATACGGCGGCGCTGGAGCGACAGAAGTCCATCTGGAGAAAAGGCAAGTCACG
GCTCATTGACAGCTATGCGGAAGGGGTGATCGATAAAGCGGACTTCGATCCGAAGATCCGGCAACTGAAGATCAA
GCTCGAACAGATCGAGCATCAGATCGAAGAGTCCCAGGCTACGAGGCGGGACAATTCGAGCTGTTTCTCGTGAT
CAATCGTCTCGAAGATTGCGCGCCGCTCAATGCGCGATTGAGCATGATCGACTTCGCCACGAAACGGGAGAT
CATCCGCGCGTAAAGTAAAACGCATAGAGATCCACAAAGAAATCATCGTCTGCTTTTCGAGGCGAGGCGCG
AATGTGACTGGAGGGTTTCGTGGACGGGTGATCAATGCCGGCCAATTGTTGATTGCGGAATGGGCCAGACTTGAT
GGGCCGAGCGGTGCCGGCGACAAGGCGGAAGTGGATGTGGAATCGAGCAGCAACTCCGTCGCGAGTTGTTGCAA
CTACTGGATTGCGACGTTTTGGGGTGGAGAGACCGCCATGTCTCGCAGGGAGCCAGTGGTGTGGGGCATCGAC
CCTAACGACGGCACCGAGCTTCTCAAACGCTTGAAAGGTTTCGGCTATCTCGGTTGGTTTTGATGGGCAATGCT
GTCCCGGTGTTGGGCGTGGCATAATTCGCCGTAATACTGCCTCCGGCTCGGACCGCATTCGCTGGGCAGAAGGG
CTGCCTGGCCTGGGCAACTGATCGATTTGGATTTACGTGAGCGACAGCTCGACGCGATCAGTGTGGGATGGTCA
ATACGGCTTTTGAAGTTCGGCAGGTTTTAGTGCCCGGCCGAGCGGATCCACACACGCACGACATGGCCGGCGTGCA
GCAGCTTGGCAGCCATGCGGCTGCCCACGGCGCAAGGCCGAGAACCTTGATGTTGGGCATATCGATGGACTTCC
AGATGATGCTGCGGTGCAAGGTTAAGTGCGGCTCGTGAATTTAGCCGCCACTCGCTTCATGCCCTTGGCTTTGCGC
GCGGCCTCGACCATGCCGTTGAGCCAAGCCTGGTGACCGTTGATCATCGGGTTGCTCGGGTTCGTTGGCCAGAGCT
GCGGCTGGCTTACCTTTCTGCGTCTCCTGGGTGAGGATGCGCACTCGTCCAGCCGAGAGGTCTTCCAGCAACCAG
GCGTGGTGCACGTCCAGGCGCTCGTCGCTACCTTCTTCTCCCGCCTGCGGTGCCAGGCCAGGCGCGCCGGCTGG
CCCGGTACCGAGGCGAAGTGTGCTCGACCACTTGGGCTTCGACCGGGAAACCGAAGGTTCTTGAAGAAAAAGCGCACA
CCTTGTTCAGCTCCGGGCCTTTATCGTCTGATAAACTGATGTCCGAGGAGTTGGCGTAGTAGGTCGACCACATC
GCTGGCAAATTCAGCAGTGGCCACAGCTCGGCCACACTCAAGCCGGCGACTATGACCTCGTTGGAGCAGAAGTTC
TCGGTGAACCCCGTACGTAGCCTCGCGGCCAGATTATATCGTCTCATGTTTCGGTCTCTTATCGGATTGACGAGG
GATCCAACCGCGAAGGCGATGATCGGCGGTTTCGCGGACCATCATGTCAGGTTCAATAAGTAAGAAAAATCGCG
ATCCTTGATGTGGTGTATAAGAATGCTGGATATCAGGGCTTGATAGTTACTTATTTTCAGGTCACCTCGAGGTAGGG
GTTGTTGAGAGGTACTTCTCAAACAGGTGTGCGGATCTGACACCAGATAGCCATGCAGTCGCCGCGACTTGGC

TGGTCCCGTCACTTCGCACGTCCAAATGTTTCAGCCCATTATCCTGCTTGCATGTCATTTGCAATTTCTCGAAGCG
CTTCTGCACCCACTGCCAGTCTGCTACCTGGTCTGCTTGGCGAGTGTGCTGTTTGGCGGTGTTCTTGTGCATA
GCGCTGAAACACACAGGGGCTGACCAAAAAGCCGTATTGGCCACGGTGTGCACCAGCGCCTTGGTGTCAATTGAT
GATCAGCTTGGCGCTTTGGATACCGTGCCCGCAGCCAGGCCAGAAAAGTGTTCGCCGGACCGCTTCCGCCGTTCTC
AGTGGGCGAGGGCATTGGGGGCGGTTGCATTGCATCACTTTCTGGGCAAACGTTGGCGGTTCACTGACACTTGA
TGTTGAGAGCGGTTGAATCACCGTCTCCGGCGGGGGCGGTTCCCTTATCAGGTGCGCTGAGCAATGCCAGCAGGTC
GTCAACGCCGTCGGCAGCGGGCTCAGTAGAGGACGTAAGTGTGGTGTCTGCCCGCAGGTGAGCTATCACAACATC
GCTGGATGGCTCTGCGGGAGCGTCATTGGATTCCATCTCTATCAAGACGGTGCCTGTAACCGTTCCGGGCGATT
CTCTCCTTCCCAGATTAGGGCAGGAGCCAAACCGCAGCAGTGTGAACGTTATGCGCCAGCCGGCTGTGCTGGTAAC
GGTAGCCCGCAGATCGCTTTCCATCGGGCGTGGGTTGCAGCATGCCGTGGTCCCTGCAGCAGTTGAACACCGGC
GGTGTGTTGGCGGGAATGCCATCGATGCCTTGGGCCAGCAGATGGGCGCGCAGCTTGTCCGAAACCGTCTTGCT
GACCAGCCACAGAGCATCCTGGGTGAGCCAGCCGTCCGAAGCCCCGGACTGGTTGAGTTTTAGTTTCTCTTTCAA
TAGGTAACGCAGGCCTTCAAGCAGCTTGCCTTGCAGGGCGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
GCCGAGTGCCTGAGCAACCGAGGCACGGTCCGCTGAATCACCAGCTCGCCAGCGTGCCTGCATGCTCGTACTG
GCCGGCTAGTACGTACAGCAGCGCGGACCAGAGAGGGGGATAGCGGCTGAGCCAGTCGAGAATCCTGTATCGAG
CACCTGCCGATAGAGCAGGCCCGTTGCCGCGTGTGCAGGCGGTAATCGCGATCCTGGCGGTAGCGGAATCGGTA
GGGCTGGGACAGCGGGCCGTGCCAGGGATGCCACTGGCTGCCGTGCCGTACTCGAGCTGTAGGTGCAGCGCGAC
CTTGCCGATGTATGCAGCAGCGCGGCGTAGGGCAGTGGCGGCGGTCAGGCTTCCGCTGAATCACCTGATCCTC
GGGCGTGGTACCGGTGGGCAGCAGATACGACTGCCTTAGCTTGAAGCGCATAACCGCAGGATTTCCAGGCCGTGGT
CAGCATGCCGCCGAGTAGGCGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
CAGCGGCGCGAGGTATAGCGCGGTGAACGCTGGCGTGACAGCGAGGTGCGCTGCCAGATGTGTTCCAGCAGGCG
TTGCCGACGGGGCGTGGACAGCAGGGCGGTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
AGTAGCCGGCGCGCCGGCGGTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
GCTGCTCAGGGGCTTTTGGCCTTTTTCGGGTAGGGCCTTACCCTTGGCCCCATTCCTTGGCCCTTTTCAAACC
TTTGGCCTTTACGGAAGACTTTGGGTATAGGCCAGTGGCTCATAACGAACCACAACCAATGCGGCTTGGTCAAG
TCGGATTGAGGCAGGAAGGGCAGCTGTGCCGAATCAGTGTGCCGCTTTCCTTTTCGCGGAAGGAGGTGCCGTG
CTCAGCCAGATTGACGTGGTAAGGAAAAAGCCTTACCCTTAGGCGTTGCTATCGGGAGAGTACGATGCTGAG
ATCCATGAAATCGCCACGCTGACCTCCAAGGGTACGATTACGCTGCCCAAGCCCATCCGGCAGGTGCTGGGTGTG
GACACCGGCGCAAAGGTGGCTTTTGTATCTGCGCGCAGGCGAAGTCATTGTGTCCCGAGCGGACGCTGAGCATGAA
GACCCGGCGATCGGAGCCTTCTGGGCTGTTGGAAGCGGACATCCGGGCCGGCCGGCATGTCCAGGCGCTGCCG
GAGGATCTTGCAGGGGCTATGCTGGCGAACCGGGCCGGTGGTGAATCTCGATGAGGATATCGAAGGCGACGTG
GCGTTGTGATGCAACGACATGGCTGGACGATGCTGTTTACGAGGGTGTGATCGAGCAGTTGCGCAAGCTGCAGG
CTGCCGCGGAGCGAGCCGAACCGGAGCGACCCGCAAGGGTTCGAGGCCAATGCCAACGTAAGTTGTTCCGGGCGC
TGAGCCAGTTGATTATGGACGTCGTACCGAGCGATCCCTCGCGCGACGAGTTCGCCAGGGCAACACCTTGGGGC
CGGCTTACCGCCACTGGCGGCGGGCGAAGATCGGACGGCGATTCCGCTGTCTTTCGCTACGACTCCAGGACGA
AGGTGATCGTGTTCGCTGGGTCAACGACGAGCAGACCCTGCGGTGCGCAGGCAGCAAATCCGATCCCTATGCGG
TGTTTCGAGAAGATGCTGGGACGAGGCAATCCGCCCGATGACTGGAACGCATTGGTGAATGCGAGCCACCAGGATT
GGAGCAAACCGGGGTAGCCACCCAACACATACAGCAGGTGACGACGATGGACACGAAAACCCCTCATCAGCAACGC
AGAACGCTTCCGCCGTCGGATCGGCGGGATGTGGCGGGGCTTCGTTTCGTCGCGAACATCAGGTGCGCCGGCTGGTT
GGTGGCGCGCGGCTGTCCGAGGTGCGGCGACGGGGCTGCTTTGGGGTTTGAAGCTGGTGTGCTGGGCGCGCT
GCTGTATATCGGCTTCTGGCTGACGCTGTTGCTTGTATTTCGCGCTGGTTCGCGCTTCTATTCGCCGTCGTAACCT
CTCTGACGAGGAAGAACCAGGATGGCGCATGGGACTGTCTGGGTATGGCCTTATCGTGGTGATACGCGCATTGA
CCCAGGCAACCTGACGATGACTAAACGACCTTGTAGCCGCTTTGCTTCCGCTGATTTGCTCCATCTGATG
GTTGACCATCACTGAGCGAGATTGCTGCTGCTGACGACCCGAGTCCGCAATCCAGAATCCGGAATCCGGGTA
CACGATAAACATCGTCGCCATCACGAAGTTGACGATCATGTCCCCGAAGGTGTTGTTTCAGGCGATCAGTGGATC
GAAGTTGCGATGCGGGCGATTGATCCCCAGCCCCATCCGTATAGGGCATCCAGGATCGTTCGAGTCGATCCAGCG
CGCGAGCTGGAACAGAAATCGACGAAAAACAGCGCAACTGCACGATGCTGATGGTGACCACGGTCTTGGAGGTC
GTAGGTGCCGATCAGCAGCACCAGTGGGATGCAGATCACCAGTGCATCTTGGAGCAGGGCCAACACCATCGGCAG
GGCCTGGCGCAGGGCATCCATCGCCGGGAAGAAGGCCATGGAGCCGATGCTCAGACCGACGTCACTGACCGCGCG
GGTGGCGACATTGGGGACGCTCATCTCGATCTGGCCCGTAGTTCGCTGTAGACCGTACCTTGAATTGAGCTTCTG
CTGCCTGGGCGAGGCGATGGCGCAATCACCAGTTCGTCGACCTGCTCCTGCGACAGGAAGCTGGCCAGCCACC
GATTCGGCTCAGCAGGCTGGGATCTACCTGTTGCAACAGGCGGGCGCGCAGTCCGTGGCTGTCTGACCACCATG
CCGACAGGTGCGATAAACCAGCGCCGCTGGGCACCTGTGCGAGGCCCGCATCGCGGTTGCTGTGTAAGGCCAAC
CTCGCGGGGTGCTTGGCGCGGTAGCTGTGCTAGTAGCCCGCCGTGTGCGAGGAAGTAGCGCGAACCGATCCACGT
CACGTGCTGCATCTGCTCCTCGTTCAACGCCTGACGATTTCATGAAGAGCTTGGCCCCGCGCGGTTCCGTAGCAGTC
ATGGGTGAAATCGCTCACCTCCTGGGCCAGGACTGGGTGCGCGATGCGCGTAGCGTGCACCTCCATACGCATCTG
CCGCAAGTCGCTGCCGAGGGGATCGCTGCCACCGCCGACCCGGTGGAGCGCACGCGAGGCGGTTGTCATGAAGGC
CCACCACACCGGCACCTTGGCCGACTGGTTGTTGAGGGTGTGAAGGACTGCGACCAGCCGGTGGCCGAGGGCAG
TGGCACGTTGACCTGGCATTGCACCGAGCGGGTGCATCGAAGTGCAGGGTGTGATACTCAGTTCGATAAACCG
GATGCCCGCAACAGGATGACCAAGTGCAGGACGAAATACGCGTTCTCGATGCGCACGGCTGACAGCGCGCTTT
GTTGCCCTTCGTCGGCACCTTCGGCGCGGGCCTTGAGCCACTCTGGAGCAGTGGCCAGGACGATGGCCAGGAA
GGCGCCGCTGGCGATCAGCAGGCCAGATGCCGTTGTGGACGATCCAGCTCACCAGGTCAGGTAGTACTCCAG
GTAATCGGTGGTGTAGAGCGTCATCGCAACCTCCGGTTCATCCCGCTGCAGGAACGGGCTGATTTCCAGTGGCGG

CACCGCGACGACGGCGGCCATTTTCGGCCCCGAGCAGGGCCGGCTGAGTGCCGGCGTCCGGCTCGCGTGCCAGCAC
 GCGGCGACGCATCCAGAGCCAGCCCCAGGCGGTGCCGGCATAGAGCAACAGGCGCCAGGCCAGGAAATGCGAGCT
 GTGCGCGGTTCAGCCAGGCTTGCCAACCGTGCATGCTGCCGGCCAGGTGGATGCCGATGACATTTGGTGCGGACGGC
 GGCCAGCAGGACGACGAGGGCCACAGCAGCACCAGGCCTGCGCGCCGCAACCACACCATGTTTCACGGGGTGCCCT
 CCAGCTCGTGGCGGTTCGCTGCAGTTGATCGAGCCGGTCCGGGAATCGGGTGCCTTCGTAGATGGCGCGAGAGCCG
 GCGGAGCGTGCCTGTGTGCTGGATAATGGCGGTGGGCGAATTGCTGGCCAGTTTCGCGGCGCAGTTCCAGCTCG
 GTTTTTCAGTTGTGGATCTCGCGGTTCGAGCAGGTTCGCTTTCCTGCGACACCGCTTTCCTGCGCCAGGTTCATTGGCC
 GCGACGTTCCGGTCTCCTTGCGCCCGGTTCAGCAGCGTGCCTGTCAGCAGCAGGGCTTTTTTCGAGCAGCTGGACAGC
 GCGATTTCCGAGGCCAGGCGCCGCGCCAAAATGTCTTGATCGGGCTCGTCGCGCAGTGCCCTCGATCACGCCGCGG
 GTGATGGGCGAGAGGCACTGCCGGCCGCTGCAGGTTGTCGAGGCTCAGGGGACGGCTGCCGTCATCAGCGCC
 TGCAGCGCTGCGAGCTTGGTTTTCGTATTCTCCTGGATCAACGGGGTGAGACCCACGCCCGCGTGGTCACGGTC
 TTGTTGCAGGTCTCGCAGGTGCGCTGTTCTGCTCGCCAGCACCCGCACGGCCAGGCCGCGGCGAGCCGCCGCT
 GAACTCCAGGTCTGGCAGGTTCAGGTTTCCGCCACACTGGATAGGATTGATCGCGCTGGCGTCATCGACATCGCGC
 CCGTTGACCAGGTGTAGCCGGCGCGGGTACGTCGCTGATGACCGAATCGGGTTCGCCGACGCCCGCGGCA
 TTGGTGCCTCCGACCCAGGTTACGCCGTCGTTGCCGCGGCTGGTTTTCGGTCTGCTCGATGGCGGATACGGCGTCG
 GTACTGGCGACCGCTTGGGTGAGCACCATGCCGTCGGCGAGCTGGCTCCAGCCACCTGGCCGCCAGCCAGCTCG
 GCCATCTTCTCGGCCATGGCGCGGCGAGGTTCAGTTTGGAGCGGTGCAAGTCCAGGCGTGCCTGCAGCACGCCGTTG
 GTGAGCAGGTTGTAGAGTCCGGGATCGGCCCGCTGGATGATCAGCGCCGCAAGGAGGCGACTGCGGCGGTGGCG
 TTCTGAATGACCGACGACATGATGGTCTGAAAGCCATTGGTTCAGGCCGTTCAACTGGTTCTGGATGGTGGTAGAA
 ATCGACATGTCGCCGCACATCAGGTTGCTGTTCCAGCCGACGCCAACGCCAATGGAGCGCATCGCGGACGTGGGC
 GTCATCGACACGGCGCGACCGCCGCCAATCGAATAGAGCAGTTCGTCACCGATCACCGCGCCCTGGTGTTCACG
 CCGTACTGGTTGACGCTGGTCTGGGCGGATGCGCCGACGCAGACCAACACCCACGGTGCCGCCAGCAGGGCGAGG
 TAGCGGCGGAGACAGGGCGAGGAAACAAAGCGGTTGGTTCATGGCCGGCCTCAGTTGAAATCGACGCTGCCAAGAA
 ACACCTGGCCTTCGCGTTTTGCAGCAGCTGTAGGGCCGCCACAGCGCCAGGCGTAATCGCCTTGTGCGCCTGTA
 CGCGGGCGTTCGCTGTGCGGGAAGACCGCGCAGGTCGCGGAAAGCGTTCGGCGTCAGCTCCTGCCACTTGCCCGTCT
 GCGGCTCGATTTTCGAGCACACCGGCTGAGGATCGCCGCGCGCTTGGCGTTTCGCGAGCAGCGGCTGGTAGACGT
 GGAGTTGGCCCGCGGGGTGACGATATCGCCGCGCGCTGGGCCACCCAGGCGCTGCCAGCTAGCTCGCTCGCTCT
 GGTGCGAAAACCGCCGCGCGGGTAGACGTTGCCCCAGAGATTGCCGTCGGTTCGGGCTGCCGATCTCGCGCATGC
 CAGGTGTCAGCGCCTCCGGGTAGAGCATCTCGGGGAGGTTGTAGCGCCACGCGAGGGTGTTCGAGGGTGTCAACA
 GGTAGGGCATGAAGGCGGTGCCAGCGCCTTCGAGCTGTAGCCGAAACTGGAAGCGAACTGGCTGAACACATAGC
 CGCCGGGATGGCCGATCACGTCGGCGTTCCTTGAACTTGGCCAGGTTGTTTTTCGTGATGTTGATTGGTTCGTGCCGT
 CGCCGCCGGCCTGCGCCGTGGCGTTGGGCGGGCTCATCGGGCGCACCTCCAGCCAGGGATTGGCACCAGGTGTTGG
 CGTAGCTGGACACCACCGCTCCGGCACGAAGTGGCGCACCTTACTGAGGTCTCCACTGAGCAACCGGAACTGG
 TGCAGCGCAGCCAGAAGCAGATGCCGACCACGCGGTATTCCAGGCAGTCCGGCGAGAGCGTCGAGGCGGCGATGG
 TCGCCGTGGTGTAGCGCGAACGACGGTTCCTCCATCGTCAGCAAAATGGTGGCGATGCCGGCACGACGCGGGAAG
 CACGCATCATGGCTGCGTCTCCGGTTCGATGAGCGCGACCGCCTTGGCGACGTCGGCTCGCCATAAAC
 CACATAACGGTGATCCACGATCACCGCAGGAATCGTTGTACGCGGAGGCTCCAGGCATTGACCACCCCTGATA
 GGCCGCGCCGAGGCGTTGTTGCAGCTCGACGCCCGCGCTGTTCAAGCGCTGTTGCACCAGGGCGGCGCCATGCGGA
 GGGATCGGCAGGTAAATGCGCCCCAGCTCGGCCTCGATACGTGCGGGTTGATCCAGCTCGATCAGCCGGGCATC
 GCTGGTGGCTTGACCCGGGTGCCGGTATCGGTGACGACCAGTATTTTCAGCGCCTGCGCCAAGGGCGCGAGCAA
 CGCGGCGCACAGCGCTGCGGCACAGGGGAACGAGTGAATAGGAGCCGGCAGGGACGTTTGGCTGACATGTCGAA
 GGACCCTGAGGTGGACTGTGCGGATAGTTGACTCGCAGGCTGGGGGCGCGACGACAAACAAACGGGAATCGCGGC
 GCGCCGATTAATCGCAGGCGGCGCACGCCAAAGTGGCGCGCCGACTCCATGCAAGTGGGAGAACGTCGCGTTCGCG
 ACGAGGACTACAGCAGGGCATTGGCCCGGAACGAGAACGGCTGGCCTTTGCCGATGATGAAGTGCATCCAGCAAG
 CGCACGTCACGTACTCCAGTGCACTTTTTCAGGCGCTGGGTTCAGGCGCTCATCCGAGGATGAGGGCTCTGAGCAG
 CCCGAGGGGTGTTGGTTCGCGCGATCAGAGCGGACGCGTTATGAGCAGTGCCTGTAACCACACAGGGGGA
 TGGATCTGAGCAGTATCGATGGTGCCTCTGAACAGCGTTTTACAGGCGATGACCTGATGCTTGGCGGTTCAGAAAA
 ACGGCGACGAAGACTTCGCTGGGTTCCGGCATCAGTTTTTCAGGCGCAGGTAGTCGCTGGTGACCTGTGGGTCCGAC
 ATCTGCGGGCCATCGACGAACAGCCTGCGCTCCAGAATGGCAATGGCTTGGGCGATGATGCGGTTCTCATAACGCG
 AGAACCGATGAGAGCCCGGTTCTGCTGGGGTGTGAGACGGGCTTGGGATGTGAGCATGGCATAGACCTCCGTG
 GGAGAGTCCGGAGGTACGCCCGTGGAGGGCTTGGCTCCGAGGACGATAGGGATGGTGTGAGATGAGCGGGGCAT
 CGACCACCGCTTGGCGGCGGCTGTTTCGACAGGGGATGCGCAGCGAACGGGGCGGGTTCAGCGCGCAATGCGGCG
 CCGTAGCCTTGCAGACCCTGGCTACCGACTTGCCTGCTCAGTCGAACCGAGTGCGGCGAGGTGTACGACAAAGAA
 TTGGCAATCGGCGTGTCCGCTTTGGTCTGGGCTCGCCTGCTTGTGCTAGCGGGGCGCATAAAGAGCGTTGAGGAT
 GCAAAATGGGCGACATTGACTCTGCGTGAGGATGCGTCATGACTACCACGCTGCAAGCCGCTTCATTGAACGGTT
 CCGCGAGCCCAATACCCCGTACCTGTGCGCGGAGAAGGTTGGCGATGTATTTGGTTTTTCAGGTGTATGAGCTGGC
 CGAGCGTGCACACGTGCACCGCAGTGCCCCGAGCACCCGACCCAGGCTGCTCAGCTGCAGAAGTACCTGCATGA
 AATGGTGCAGTTTTTGGGCGTGGCCACCGAGATGAGCGGCGACCTTGGGCGTGCGGCCTTCTGGTGCAGCAATGA
 GCCGTTGCGGGCCTTTGGCTACAAGACCGCTGCTGACCTGATTTCAGGAAGGACGGGGCGATGCGCTGATCGCCTA
 TCTGGACTCCCTTGCAGCGGCTGCCGCTGGATGATCTCTAGAACCCTCGGCGAAGACGGGGACGGGGCCTTTTAT
 CGGGTCATCGTACCGCCTACGATGGTTGTGCGGCTGAGCAGCTGGCTCCGCGCAAGCTGGTGTGCTGGCTGGGCG
 CGTTCGCCGGGACGGCCTGTCCGCGCTGTGGTACCTGGGCGCGCATCAGGTGACGCCCGGACCTTCAGCGCTAT
 CGCCGAGCGGCTGCCGGGACGCAATTCAGGCGCAGTGCAGGCGAAGGCGATGATGCCGGCCTGGATGGTGGC

GGCGCTGAGCAGCTATGAGCGCGGGCAGGTTGCGCCTGGCTGAGGCGCACCTCAACTCAGATGATTGTGGATGAG
CTGGTGTTCGCGCTTCGGCAGCGCCGGCATCGAGCAGGCCATGAGCGCCTGGCAGTACCCTGGGGCCACACCAG
CTGTGCACGTACGCCGTGAGATTGACGCTGCGCCTCGCGGAAATAGCGCACCTGCGGGCTATCGCCTTCCGTCTG
CAGGGCACGCAGGCTGGTGACGGAGCGATCCGTGACCCACAGCCATTTCCCGCTGGCTGGTGCCGCTGCGACTTG
GCGTGCCAGGTGTTTCGATTTTCGACGAGATAGCCCTGCGCTGAGGTAAATAGACGCAGGATGTCTGATAGGGCTGCGG
CATATCGAGGGGACGGGTTCCGGAGAAGTGCCTGATTCTGCCAGAGATGGGCCGCTTGTTCATGCTGTGGATTCC
TCAATGGGGCGGGCTGCGGGTGGATCCAGTCTTGCAGGAGTGGGTGATGCCACGCGCCCGGTCGATGTGTTCCGG
GATCTTGAGCGCGGGCTCGAGTTTCGCTGATGCCGTGTTGCTGCATGAGCTGGTAACGCTCGGCTTTTTCTTCCGG
TTCGGTTTTGCGCGAGGGCAGATAGAGGCTGGGCGGCACCGCACGAAACAGCAGTTCATGCTGCGCGACAAAAT
CACCCCTCCGAGAACTTGCAGGCTCCTTGCAGGGCCAGAGCATCAGGGCCTTTTGCAGGGGCTGAGCTCGCG
GAACTTGGCGATTTTCTCCACCTCGTCCGGCGGCATGCCAGACACAACCACCCTCCATCATATTGAGCATCGG
CTCGGGCGCTTTGGGCAGGTCGTCGAGGTTCTGCGTGCAGCCAGCAACCAGGCACCCAGTTTTTCGCCACATCTT
GGTGATCTTGACGATGTAAGGCGCGAGCAACGGGTTCTTGGTGATGATGTGCCCTCGTCGGTGACGTTGATGAT
GGGGCGCCGAGGAACTGGTCGCGTTCGCGCATGTTGTTGACCGTGTGATCAGTGAGATGTAGGCGATGGAAAG
CTGCGGCTTGTAGCCCTCGCGGGCATAGGTGGCCAGGTCGACGATGGTGATGTGCGCTTCCGGCCAGGGCGTGCC
GGGGCGGTGCAACATCTCGCCATCGCTGCCCTGGGTGAACATGTCCATCGCATCGGCCATTTCCAGCAGCCGGG
CCGGCGCAGCTCGGGCAGGCTGGTGTGCGGGCTGCGCTCGCGCAGCGCATCGCGCAGTTCGCGGTAAGCACCGT
GCGCTGCGCGTCCATGCACAGCCGAGCGGGCTCGAGGATGCACTGGCGGATCAGGCTGCGATCCGCGCGGGT
GCGCGCTTCTCCTTGTCTCGCCACCGGTGATCATCAGCCGTGCGGTGATCTCCAGCTCGCCGAGCACGTGCGG
CTGTTCAACGCCCTCGGTGCGCGCGTGGTCTTCGTCCAGGGCATCGGCATCGAGCGTTCGACCTGGCTGGGGCT
TTCCATCAAGCGCTGTGCGTTCGGCGAACGGCGCCAGACTGACGCCCCGCGCCAGGCGCGAGCTTGACCCGATG
GCTGAGGCCAGCCGCGCGGCAAAATCGCCGTACAGGCCAAAGGAGTTGCCCGCTCGACGATGAATAGCCGCGG
CCGGTAAATGGCGGTGACCTGGTTGAGCAGGTTGTTTCAGCGTGGCCGACTTGCCGGAGCCGGTTCGGGCCGGC
AAACAGGTGGGCGTTTCAATTTGCCGGTTCGAGGCGATTGAGCGGGTTCGAAGGTGATCGGCCCGCCGCGGTTGAA
CAGGGTGTGCGGGGTGGCCGGTGCCTGGCTGCGTCCCCACAGCGGGCGCCAGGTTTCGCGCATGTTGGGCGAA
CATCAGTGGGTGACCATCTGCTGTCTGCTCTTTCGCGGCTGACACAGGGCAAGCCGCGCAGGTAGGTGTT
GAGCGGGGACCTCATCTCTTCGCGCACCGGCTCGAAGCTCGCGCCGAGCAGCATGTTGCCAGTTGCGCGCC
GCGGGCGTCCAGTTCCGCTGGTTCGCGCGCCGCGCAGGTAAGAGGTTCATGGAGCCGCGGTATAGCTGTGGGCG
GCCGATCAGGCTGCGGGCCTGCTGCACATCGGCGCGCGCTGCTCCGAGGCGAGGGTGTGCGCAATGGCCTTGC
GCCCAGGTGGTTGAGGTGCGCTTCGAGCACGTCTCGGGGTGATGACCAGCGTCAGGCACTGGATCGTGTCTTC
CGGCAGTTGGTTCGAACAGCGCTTGCCTCACCTTTCGCGGTTTCGCGGTGACATGGCCGGTGTGCGGTGG
GCTGCGCAGGCGGTTCGACGGCGATGGCGGGTGCAGCATCCATCGAAATACCACTGGCCCTGAGCGACCTCCGA
GCGCGGCTGGTGAAGAACAGGCGCTGGTGAAGTCCGTGCCGTGGCCAGCTCGACCTCGCCGGGCTCTTGTTC
ATCCGGGTAGCGGTTCAGGGCATAGAAGCGTTCGCGGTCTGCGACACTTTGGCCGAGCTGGGTGCGATGGGGGT
GAACCAGCGCAACAGCCAGGCGTGGATGTCCGCTGCGCCAAGCCGGCGGGCGCGCACGCCGGCTGGGCCAGGCC
GCCGATGAGGCGCTCGCAGACCCGGTTGAGCGCCTGCTCGGGCGTCTGTCCGTGGCGCTGTGGGGCTTGCCGGC
ACGGCGGTAGACGACCAGCCGGGTGCGCCGGGTTCGCCGCGCCAGGGCAGGCGGGTACGGTGTGGTCTCGAA
CAGGCCACCCGGCTTGGCGATGGCCTGCAGGTGATGGCCGAAGAAACGCAGGTAGAATCGGTGAAGGCGCTGCC
CTGGGCGCGGGGCTGGATGTAGGCGCGCAGTTCGTGAGGTTAGCGGTCCCAGCTGGGGTTCATCTGGGCGTAGAA
CTGCACGACCCAGGGGTTGTCTCAAGCTCGTTCGAAAGCATCTGCAGCACGTTTTCAGGGTGTGCGCACCTG
CAGCAGCCAGCCGGGTTTCGCGCCCCCTCGGTGCCGACCGGGAGCAGTTCGTAGAAGGCGGGCAGCCAGGTGCCGTC
ATCCAGCAGCATGCATGCGACTGCGGCAGGTAATCGGCCACGGCAGCAGATCGGCGAACGAGGGCGCAACCGC
GTAGAGCCCTGCTCTGCTGGCTGGGTGGCCAGCCTGCGCACTGTGCGCAGTTCGCGGGCTCGGCAATTCGCTG
GGGTTTCAGTTCTTCGACGTGGCGCGCCAGGCGCTGCAAGTGGCGGGTGCCTGACCTGCGCGCCGCGCGT
GAACCACGGCCAGGCCATCAGTAGTCTCCAGCCGTTTCGCCAGGCGAGGGCGTACTGCCTCGCTGTTACAGGGG
AACAGGGTGGTGTAGCCGGGCACCGGCACCGGGTTCGCTACCGGCCAGGTGGGGAAACACGTACATCAGCAGATCG
GGATTGGGCAGGCGGTGGAATGCGGGTAGATCTCGTTGGCCCGCTGCGCGTGTAGCGGGTTCGACGGTCCGGC
GCGGCCTGTACATCGGCCTCGCTCAGCGGCCGGCGCAGTGCCTGACCGCATCGAGCAGTTGCCGGGCGCTGCCA
CCGCCGGTTCGACGTTCCAGATATCGAGCATGCTGCGCTTGTGCTGTGGCAGCAGCGCTTCTTGTGGTGGCG
CAGCCACCGAGCAGCAGCGCCATAGCCAGCAGGGCCAGGCCGTGAGTCCAGGTTTCGCGATGGGGCAGCCCTCC
AAGGCGGTGATCGACGCGGGCAGCCGGCTGGGTTCGTAGTCGATGGTCAGGGGTTGTTTCGAGGTGCACGGCCACTG
GGCGCCGGGTTTTGACGTAGACCGCCGCGAACGCTGGCCGTAGAGCTTGTGACCCAGGCGGACATGTCTGCAC
GCCACCGGCGAGGATGCGGCCATGGCTTTCGTTGGCGCCGATGCCACGGTGCCGACCGAGCCGTGCTGCTCAT
GTAAGAACTGGCCGCTGTGAGCGTCGATCAGCGAGGCTACACCGGCACCGGCCGAGTGCATCAGGGCTTGGCT
GCCGAGGTAATGCTGGGCGTTGCTGCGCCGCTCGCCGGATACGCAGGGGATGCCATGCGGGTTCGCTGATCCAGCC
CATGCCGTCTGGGTATTGCTGCCGTTGTGGGTTCGGGGTTCGCCGCGCGCTCGTCTGCTTTTCGGCAATGTGCG
GATGGTGGCGTCTCGAAGACGAAGGTGACCGAGCGGATTCGCCACGCACACAGGAGAGGGTCCAGTCAACCGA
GGCGGTGCCGCTGACACGGCGCCGGCCACATCCGGAATGTGCATACCGTTGGCGGTGAGGTTGTCCCGCCCGAT
CAAGACTTTGAAGGGGTAGGGGTGCTTGACGGTGCATCGATCGGTACGCGGGCGATCAGCGCCGTATGGCGAT
CGAGCCATCAGGGTGCAGTTGGTTCGGCACGGTGAACCCGCTGCTCTCCGCTACACCCGCTGCGCGGGCAGC
GGCTTCGACGGCGGAGCTGGCGGTGCTTTCCAGTGTCTTTCGCGGTGCCAAACTGGTGGGAAAGTGAAGCT
GCCGGCAGTGGCGGTGGTGCAGGACTGACCGTGCACCGGCTTTCGGCTCGATCCAGCGAGGGTATCGCC
CGGCAGGCCGTCGCTTGGCTCGAGCCCCAGGCCAACCGGCAGATCGGGCTGGTCTCTTTCGGATGCCATCGAG

CCGCTGCTGCAGTTGCTGCAGCAAGCCCTGGGTTTGGCTGGCGTTTCGCTGCTGAGTTGCTGGCGATCCTGATGCAA
CTGGTTGCGTTTCGCTGTGAGTGCCTCTGGATGCGCTGGTTCGATGGCCCCCTTCACGTTGGCGCAAGCGCTGGTT
CTCGTTCGCGCTGCACCTTGTGTGCTACTCAGCGCCGTCTGCAACTCGGTGCGCAGCTGGCGGACCTGGGCGACCAG
CGTCCGACCGGTGTGCGCGGGGTGTGCGCCCTCGATGCCGAGCGCTTTGGCTTCATCAAGCGTGAGCCGGCTGGC
ATCTTCCGCTGTGCTGGGCGCGTCATTGCCGGCGGAGAACAGCCTGACGGCGACGAACACCAGCAGCAGCGCCAG
GGGATCATCAGCCACTTGAGCAGGCCATTACTGTGCATCGCGGCCCTCCGTGCTGCTGCGGCACGGGCAGGTTGA
GGGTGGCGTTCGATGGGCGCAATGCTCGGCAGCAGGGCCTGTGCCAGCCCGTGTCCACGGGTGACGAGGTAGACGA
CGGTGGTGTCTCCGGCGTGCCTCGTCCGCCCCAGGGTCAATGCTGGAAGGTGCGGGTGAAGAGTGGCCCTGCA
GCGCGCTGGGTCGGGTGCGAGCCAGTCCGCTATGGTTGCGCAGGCGCACGGCGCTGACCCACAGGGTGTCCA
GGCGCCAGGCCCGCAGCGCTGGGCTGTACCAGGAGGGTGGGAGCAGGGTGTGAGCGCCAGGTGCTGGCGCA
GGGTGACGCGCTGACGCCCCGACGGGTTGACGGTGCAGCGGGGCGTAGAGGTTCTGGGCGGCGTAGCGGG
TCAGGATGACGGGCTGCGGCGTGGCTGCGACGGGAGGCGTTTGGTGGTACTGTCATCATCGGCCCGGAGGCAGCCG
CGATTGATGTGGCCGATGCAGCCTCAATGATGCGCACCGGCTCCAGAGGCGGCTGACCGTCTGGGCCGGTTCCG
CGGCGATGTGAGCAGCATCACGGTGCCTGCTGCGGCTCCTGCAGCTGCAGCCGGGTGCGCTCGATCGGCTCGC
TGGCCAGCAGGTAGATGGCACCGGCGGCGCTCTGCACACGTAGGCGATTGCCGACCGAGGCAGGCACGCCGACGC
GGACATTGCGCTCGACGAAGACGATGCGTTCCTGATCGACCAGCAGCGGCAGGGCCAGGGCAAGCGTTCACAGC
GCAGGAGTTCCGTGGCCTGGGCGGCGCTGAACGGGGCCAGCGCAACGCCGCGAGGGCCAGGGCAAGAGGCGGT
TCATGGCGTGTTCCTCCGAGGCAGGGGCGGGCGTGGCCGCCGGATCGACAGGAGTGGCAATGCGCTGCGGCGCGCC
TTCGTAGCAGTTCGATGGCCAGCCCCGAACGGGTTGCGCTGCGGGTTCGACATCGCTGCGCAGGACCTTCAGCGGATA
GCGCACCGAGGGCGCGTTTTCGACTGCTCCGAGGCGTAGTACTCGTTCGGCCGTGATATCGAGGTTTCAGCACCATT
ACGGGTGGAGACGCTTCGACGCGCAGCGTGGGGTTGTGCGCCGTAACCGCGGCGGGGAATCTCGTAGATGCCGCG
CACGCGCCGGCGCAGCTCGCCGCTGTTGCGGCGGTACTCGTAGTCTGCTGCAGGAACGCTGGCAGGCAGGCGT
GAGGTAGGGCGACAGCGCGTGCAGGTTACGCGGGTAGTTCGTGCTGCCATTGGTTCGGCCAGCGCTGCAGCTGCTG
CCAGACGTAGAAAGTGAAGGCGTACACGCTCTCGGGCGGCACGTCCACCAGGGGCGCGTGTGCCGAACGCAG
GTCTGGCGGCACATGGATGGTCAAATCGCGCGGGGCGCTCCACCAGCCGATGCCCATGACCAGTGCACGATCAC
CAGCAAGCTGGCCCCGAGTGCAGGGTCTGATGGGATCGACCCGAGCAGTTCGTTCTTGAACCGGCTCAC
GGCGCTGTGCTCCTGCGCTGCTCCAGTAACCGGAGCGAGTACCAGCCGTTGGCCGTGAGTGAAGTTGCAAGC
GGCGGCAGGTTGAGTGCATCCACCCTGCAACTGCCGTTACAGCCAGGTTTCGGGACGGCCGCTTGAGCCGCG
CGCAGCGCGCCGCGCCGATGAAAATCCCCGCGCTGACCGCCAGCAGGATGGCCGTGGGAACGATGGCGATCGTC
GCGAACAGGATGGCCAGCGTAATGCCGCCCCAGGCCAATCAGGCCCGACAGGCTGCGCAGACCCACAGCTCA
TTCGCCGTCAGCCCGCGCACACCACCGGGTACGGTTGAGACGGTGGGGCAGGAACAGCACCGTCCCGTCCAGG
CGGATATCTTCAGTCATCTCGGCATGCCTTGGTTGAGAGCAGCCGATGGCTTCGGTTCAGCAGCCAGATGCCGAC
GACAAGGAGGATCGCGCCGACTGCCACGGTTCAGGCCGAATGGCCCCAGGTGAGCGACCAATGTGGATCTCCGC
GTAGCGGGTGTAGGCGTGGTAGCAGACCGCCAGCAACATCGAGGCGACACCAGCAGGGCGATCAGCATCACGAT
GTCGTAGCCGTAGTTCTGCAGCGTTTGCAGAATGCCGGTCCGCGACGCCGCGCAGGGTTCTCCAGGGTGGGCG
GGCGGCTTGGGCGAGTGGCGACAGCACACCAGCAGCGGCAGTGCGCCAGGCCAGCGAAGGGACGGAGGAGAAG
GGGGCGGGCGAGCGGCTTCATGATGACGACCTCTTACGAAAAGCAGGAAAAAGGTGAGCACCAGGTACAGCACGAC
GAAACGCACCACGACGACCAGGAACCTGACGGTGGGAAAAGCTGTTCTTCGGCCAGCCGACGTAGGCGCTGCGTAT
CGCCCAAACGCCCCATAGGAGCAGCACGGCGAACACCGCACCCGAGCAGCACGGTTGCCATCTCGGCCGGGGTAT
GCCGCTGTTGGCCTGGAACCGCGCGGTCTGCGCGGCTTCATGGCGCCACCTGCGTTCGATAGCGGCGGCAGGC
TGGCGGTAATCACCGAGCAGCACGGCGGGGTGCGCGGCTGTGCACGCGAGGGCGTCAGGTAGTCGCGAATGCCG
CCGCGCACGCGCTCAAGGTGCGGCGGCGAGACGGCCGTAGTCGAAGTGGTAGCGGGTACGTTTCGTTTCACCGTT
GCGGCTGTTGCGCAGCAGTTCGCTCGACGCTGTGATGGTGGCGCAGCGCGGCGGCGAGGGCGTGCCTGTTGCGG
GTGGCATCGTGGCGCTGGCGTACCAGGAAAAATATAGACCGAGTACGAGCGCCAGGGCGAGCCAGTGCCTGA
TGCCTGTTGGCTGGAGGGAGCAGTCGCTTGGACATGGGGCAATCCACGATTGGCGAGCAATGGCGAGATGCTCCT
CAGCAATCGCGGGTATGCTGCAATCAATGCGGGATTGGTTCGTGATCGGCTTGTGGCTACCCTGGCGTGGTAT
GCCGAAGCACGTGCAAGTGCGAATCAGGTTTCCGACGGCCAGCTTCCCGCATTCTCGACAGGCGCCCATTCAGCG
CATGCCGTTTCAGGTGATGGACAGTGGAGAAAAAATTGGCATACTGGCCGAAAATGAGAATTTTCTTGTGGAATT
AGGAAAATCTTGGCCACCTGAACCGAAGGAAGGATTATGTGATGAACGCCGCTGGTACTCGCTTCTCATCCAGC
AGCTGGGACTCACGGCGGTACCACTACGTCTGCCTGCCATTGTACAGCCGGTACGCGCATTGAGTTCATCGGCC
ACACCTTGGCCGTGCCGCGGGTATCGCACCTGCGCCGGATGATCTGCTTGGCCAGTGTGTTTCGCCCTCAAGC
ACGAGGGACTCAACCTGGCGGTACTCGCCCAGGCGCTGCCGAGAATTCCGGCCGAGCGTTCGAGCAGGCCTACC
AGGCTGCGCCCAACGGGATCTATATCCGGAAGGCTGTTACCTCAGGGAGGCTTTACCGGTGAGCCATCGCGC
AGCATGCCCGGTCCGGGTGCCGTACAGCCCGCTGTTTGCATCCGGAGCGCTACATCACGCGGCCGGGCGAGCGCA
ATGCGAAATGGCGCATCGAGTTCAACGGTCTGGGCGATCTCACCTACTGCGCTACGGTTGAGCGAACCCCGCTCA
TCACCGAGCTGCTGGCCCATGACATCCTCGGCAGGGCCAAAGCCTTCATCGAATCGCTGCCCCCGATCATGATGG
ACCGGGCGCTCAACTGGGCTACTGACAGGACCAAGGATTCTTCGCCATCGAGCGGGAGGCGCCGACGGAAAG
ACAAATCCCGGCGTTTCATCCAGCTGCTGCGCCAGGCCATGAGCGCCAGCCGCTGACAGAGGACTACCTGGTGA
GCCTGCAGAATGGGACGGTCTCCAACCCCTCGATATGGTGCAGCGTTCAGGCATGAGCAGAACCACCTCTCCG
ATGTTACCCAGGGCCGCTCGGGGTGACGTATCTGCCACCCCGGAGCTGTCGGGAGCTGATGGAGAGCC
TGATGGGTTTTGGCAATGAGGCCCCGACCCAGATCCACTGGTGGCCGCGCATCATCTGTTTGGCTTCG
TGCTCATTTCATCCCTTCATGGATGGGAACGGGCGTTTGTCTCGGTTCTGATCCACCAAGCGCTATGCGCGCCG
GCGCGCTGGAAAATGGGTTGCTGTTACCCGTTTCGGTGGCGATGAAACGCCAGGAACGCCAGTATCTGGAGACGC

TCCAGTCCTTCTCCCGGCCAGTGCCTGATTTCTGGGACGTGCAGTGGATTGACTTTGGCCAATACGGTTTCGAGT
TCCGCGGGGACAGCGTGGTGTATCGCTTCTGGGATGCGACTCCCTGCGTTGCCTTCACCCCTGGAGATGGCCAGGG
TGGCGCTTGAAGTCGAGCTGCACAAGGAAACGGCCTTCTGGCGTGTACGACACGGTCTACCGGGCCGTGGACG
AACGCTATGACCTGCGTGGGAGTGATCTCGCCAACCTGGTGTATGTGCTTGTCCAATGATGGGATCGTCTCCA
ACAACCGGGCGCAAGCAGTATCAGTACAGGGTTGCGGAAGAGGTCTTCAACTTCATCGAACAGATGGCCAGCAGG
TGTTGGCGGGCAGCGGGTTCGAGGCCGAAGCCGAAGACAAATAAGCGTCCGCTGCCGCGCAGCTAGAGGTGCTTC
TTGAAGCTTGCTGCGGTGATGTTCACTGCCAGGCCGAGCAGCGCCGCGCTCGGTAGCAGCACCAGCAGCGGGTGC
ACGCTGACAGGCAGGGTGAAGTAGAGGATCCATGGCAGGACTGCCAGCGGCATCAGGCTCGCCTTGGCGCGGTG
TAGATGAAGCCCGACTCGCGGCCGGCACCAGACTTGCGAATATCGCGGGCACCAGGCCATCGACCATGCCGACG
AAGGCGGCCAGCAGAAACAGTGGCAGCGTCAGCACCAGGACCAGCAGCCGAACCATGAACGTGAGTGTGGTGAAT
GCCGCGGCATCAAGTAACGCTCGCTCCAGACGTAGACCTGGCTGATGTAGTAGCGGGCGTCTCGGGCATCGTCA
TGGCTGGGGGAGCGTGAGCGCGCTGATGCCTGGCTCATCCAGTCGAGCAGGCCGGTCTTCACGAAGAGCCATTGG
TAGGCGCTCTCGACCAGCTGGTGCAGCGGTGCGCCCCGGCTCCTGCACCAGCGCGCTGCCGGTGAAAATGGTTGGAG
AGGTGGTTTCAAGTTCGTAGTCGAGCATGCCCTGGGCGTGACCCAGCCCTGGTCCGGCCAGAACAGGTGCATGCCG
ACGCATTGATGATGATCGACAGCAGCAGCGAGCCGATCAGCAGCCGAGCATGCGCAGTGGCAGGGTGCAGATG
CCAGCGAGCAAGCCTTGTGGCGAGTCTGCTCGCGCTGGGTGGTGGCGGCCGGATCCTTCATGGACGTGCCTCGC
CGTCGACGGCAGTGTCCGGGGCGGCCAGGTGGCGGAAGCCGTCGAGCAGGTGCTCGGGCAGCGGCTGATCCTGCA
GGCCTGGCAGGCTCTGGTTCTCCACCAGTCGCCGGCCTCGGCATAGTGTGGCGCATGTAGCCGGCGAGCTGCT
GGAGATCCTCGGGCAGGGCTTCATCCGGATCGGGGGCCGGCAGCGGCATGCGGATCTTCCACAGCTGGCCGCCCT
GCAGCAGGGCAAAGGCCTGGCCCTTGGGCAGGCCGACCACGTGGGCGGGCTCGATCATCGGCACGCTGGCCGGTGC
TGATGCGGTCTGTGCGTTGGAGGTGAAGTCGGTCCGGGCTCGCACATCCGAGCTGTGCGTGGCGCCGCTGACCA
GCGTCGTGGTGTAGACGTCCACTTTGGGCAACTGGCGGGTGGAGCAGCTCGGCGGTAGCGGTCTCGCGCACCCCTCA
GCATGAACAGGTTGTTGAAGTTGCCGATGACCTGGCCGGCTTTGGCGCGGTGGCCGACACGCGCCTCGATGTGCG
TGAGCGTCTGGGTGTAGGCCGTGACCTGCAGGCCGGCACCCCGCCTTTGTTGACCAGTGGCACGAACTCATCGC
CCATCAGTTCATTGAATTCGTCCGCATGGACGTTGATCGGAACCCGGGCACCCGCCAGGGCGTCAGGCAGCCAT
CATCGATGCCAATTTGTAGATATGGCCGGCCAGCCAGACACCAGATCGGCAACATCGAGTTGCCGACAGCGCGG
CGACCTCGGCATCCGACAGGGCATCGAGGCCGACATAGACACCAGCGCCTTTGCGGACGATGTGATCCAGTCCGA
AGATCGGTTCGCGGATCGGCCAGATCCGCATAGTTCGGTTCGAGCAGTTGCGCGGTTTTGGCCGTGGTGAGTTTTT
CCAGCAGCGGTAACAGGCTGGCGACGATCTTGTGAAATAGGTCCGGTTCATAACGCACGGCACTGCGCAGGCCGT
CGAGCACCGGGTTCGTAGACGCGGACTTGGCAGAGTACTGCTCCAGCGCGACCACCCGCTTTTCCCGGCCGATCA
TGTTGCGCGGGATGTTTTTGTGCTTTCAGCCGCTCCTTCGAGCTGCACGATGATGTCCAGGCCCTTCGGTTCGTGCT
GGGCGAAGTAATGCTGCGGTACTCGATGAACAGGGCGTGCATATTGACGACGTGCCGCTGGATCAGCAGGTAGT
CTGGGCGCTGGCCCAGCTCGACCAGGGCGCGGGCGATGATGTTGACGAACCGCCACGCGAACTCTCGGAACGCTG
CGCTATTGCCCTCGCCGAGAGTTCGCCGGCGATGCGTGTGGCGACCTCCGAGATTCCTCCGAAGCGCCCCACGG
CGTTGTAGCGCGCTGAAATCCGGCCAGCCCAGGTGGAAGACATAGAACTCGCGTTCGCGCCCGGTGCGCTTGG
CTTCCACGTACATGCGCTTGGCAGGTGCGCATCGCCTTTGGGATCGAACACGATCACCACCTCGTGTGCTCGCCG
CAGCGTTACGCCCGCGAATGTCTGGGTACGAACAGCTCGGCCAAGCGGGTCTTGCCGACCCGGGTGCGGCCCA
GCACCAGCGAATGACCGACCCGTTCCGCAAGCGGCAGGCTGACATCGACTTCGTTCCGGCTCGATGCCATGCAGGC
GGGGCAAGCCGCGACCCGCTGGCAACGGGCGCACCCGGTTGAGGGCGATGTCCAGGCCGTGAGCTTGGCCAGCT
TCGACAGCGGAAACGGCGGAACTCCAGCCGCTCCTCCAGGCCGCGCGCAACTGGTAGGCCGGGCTGGGTTGCA
CGTAGCGGCGAAACTCGGGTCTGAAGGTCTGCGTCAGGCGGTGCGTGTGCCGTTGTTCCACCTGAATCCGCGGC
CGATGAACAGCCGTTGCTGGCTGACAGGCACATCGCGACTGGTTCATACATAACCGGCGAGGCGGCGAATGTTG
GCCGCTAGCGCAATGACACAGCGCATCAGCAGGCGGATCGCGCCGAAGGCGAGGAAGGCCAGTGCAGTGCCTG
GGCCAACTCGTGGGCTCAGCGCAGCGACCCAGGGGGCCACCAGGACAGCAGCGCGGCGGCGAGCATGCCA
CGGTGTACAGCTCCACGGCTGGCCGTAGCAGCACCTCGATCGCGTGGGGCTGGGCCATGGCCGCTTCACTGT
TCGATGCCGGTTGCCGTGATCAGCACCGGGTAGTGACGCAAGCCGAGGCGCTCAGCAAGGTGCTGCGCCGCCACC
GGTGACAGCGGCAGCCCCGGCACACGCGCCGAGCGCGGCCAGGGTCTCGGCCGAGGTGATGTTGACGACCAGG
CCCACGGCGCCGAGTTCGCGCAGGCGCTGCGCCCGCTGCTGCAGCCAGGCGCGGAGCGTTGGTTCGTCGCCGACG
AGAAAAAGCGGCGGAGCCAGGCGATTTCGATCAGCGCGCCGCGCACAGCGCCGGGCGACAGCCGATGGAGCGC
ACCGGGAGCATGCTGGCTTCGTTGACCACCCAGCTGGCGGACGCGGAATCTCAATCAGTGGTGCCTGACTACG
GTGCGCGGCTGCAGGTTTCAAGGCTTCGTAGTACGGCAAGGCCGAGGCGCCACCAGATCATCGACAATGATCAGC
GCGTCGGCCAGGACGAGCACCGGCAGCCAAGGCAGAGAGAGGCGAGGCGACGAGAACGGGCGAGGGCTTTCATGGCA
GGTTCCTCCGGGAGCTGATTTCCAGTTGGGGGGCGCCAGCAGCGGGCCAGGTGCTGGCCGACGCTGTGGCGGT
AGCGTGCGGCCGGCGCGCCAGCGGGGCGGTGTAACGACCGATGGCGAGCAGCCAGTCTCACCCTGCGACGCT
GTTGCTCGCGCAGGATCTCGGCGGTGATGGCCAGGTTGCGGTAGGGATCGAGCAGGTGCGAGGGCTGTGCGTAGC
GCTGTGGGTGGTAGCCGAGATTGATCTGGCCGAGCCCCGCTCAATGCGCGTGGCCGGAGTGCCTTGGAGTGCCCT
GGCGCAGCCCGGTGCAGGCCTCGGCGCGGGTGGCGTAGCGCTGCGACGTGCCGGGACGTTGAGCGTCCACGGCC
AGGGCACAGGCGGCCTCTCACGCGGGTGCCTCTCTTGCAGCGCCACGGCGTACAAGACAGTCGAGGGAATCC
CAGCGCGCTGCGCGGCGACCTGATAGGCCGGCGGCGAAATTCACCTGCCCGGACGGTGCAGGCGACACACAGG
CCAGCAACGCGAGCAGGTCGGCTCGACATTAGGCTGCCGCTGCCATTGGTTCGCAACCTGGCGTATCACC
CGGTAGGTCGCTGACAAACCCAGCAGCACCAGCCGCCGCTGCTGATTGAGCGTGACCTGGCCGCTGTGCAC
CTTGGCTGGGTGATGCCAATGCGCTGCGCCAGGCGCGGATACGCGGTTCATCGGCGCCGCTGTGACGACGTA
GATGTGCAACGCCCTACCGGCGGCCTGCAGCCGAGCGCGGCTTGTATCGCAGGCCGGGCGAGCGCTCTCGACGAA

CAGGGCGAGCCGTCCGCTCGCTGCTGGCACCCTGGCGAGAATGCCGGGCCGGCGTCCGGCAGGATGACGCGCG
CATATCGGCGTGGAGTCGCTGCCAGGCGTTCGTAAGCCCGTTGGTAGGCGAGCAGCTTCTCGACGCGCTGCGC
TTCGGCCCGCGCCTGCAGCTCCGCGTAGCGCTGCCGTTCTGGTTCGGAGCGCGCTTCGATGCCCAACCGCAGTCAG
CGGGTCGAGGTGCGGTGAATAGACCCCGAGCGCCCCAGCATCAGGTTCGCGGTAACCGCTCCATTCTCGACGTT
CAGGCCCAATCGCGGGCCTGCTGCTCGGCGGCGCGTTCGATGGCCAATGGGCGCTCGCGGTTGGGCTGTTGTC
GCTGCCGAGGGTTGGCGCGCTCTGGGCCAGGCTGCTGGTCAACAGGAGGAGCAGGGCGGGGGCGATAACGACGCGG
CCTCATCTAACCTCTACCGCGCCGGAATCGGCAGGCGACGACTGTGTCACCGTGCCGGAACACGGCGGTATT
GGGTTTCGATGGCTTCGAGATTCAGCCGGCCTCGGTCTCGCCGGGGCGCAGCAGGCGAACCTGCGCGAGCGCGTC
GGCGGGCTGGCAAAATCGAGACGAACCTGCTCGCCGGGGCGCAGCTCCGTGCCGATCACCCGGAATGGTGGCTC
CACGGCCTTGGGTTTGGCTGGTGGCGGGCGCGTGGGTGGGACGAAGTCGGTGGTGCAGGCGGAGGCGTGTAG
GCGCATTTCCAGCTGCTCGATACGTGCTTGCAGCGGCAGCAGGTTGTCCGCTGCCGGCTGGCTACCGAGCGCTTC
CTCGATCACGCTCAGCCGCTGTTCTAACGCCTGACGCTCAGCCTCGTAGCGCGCTGGGGCAGGGCGACCGGCTG
ATGCTGGGCGTGTTCGACCTGCTGGATCAGTTCGGCCAGGCGCTTTTCCAACACGGCGACCTGCAGGCTCGGTGC
GTGGGTTTCGACCTGGGTGCCAGACCCGACAGCGCGACGTGGTTGATCACGACGGCGGCGCTGATCAGCAGCAG
CCAAGTGACCACGGCGACGCGCATCAGGGTGCCGTGCTGGCGAGGTTCACTGCCGGGCATCGTCGTCATGGCTGC
AGCTCCCCGGCGGCACCTTGAGGGGAATGCTCTCGGCTATGGCCGGCGCGCTTCGACAGGCGTTGCGTGAGGC
TGGCTGAAACAGACGCTGCGCGTGTGTGGTGCAGCTGCAGCGTTTCGCGCTGGCCCCGCCAGGGTCAGCAGGGCA
TCGCGCAGTTGCAGTGGGCCGAGGTGATAGTGCGCCCGGCAGTGGGAGGCCGCCAACGCATCGATGTCGCGT
CCGCTGCAGAGCTGATAGCCGGAGCGTTGCAATACATGCCGCAGCGCATCCCCGACGTTGGCGTGCAGCGTGCCG
GGAATGGACACGTCGACCACCTGCAACAGCAGATCCTGCTGGGCGGCCGTCGGAGTCAGCTCGACCAGGGTATAG
CGGCCGTAGCGAACGACCGGGACGTGCTTCGGTGCCGGAGCCGCGACCTCAGCGGGAACGGGAATGGGCGCTGGT
GGCGTTGCGCAGCCGGCCGCGAGTGGCGCCAGCAGCAGGCAACTGCCGTAGGAACGGAGGGCGTGCATGGCTCGG
CTCTCGGCAAGGTCTAGCCGAGACCATCGCCACTGCGCGAGGTTCGAGTCAGCTAACAAATGGGAATCGCTGTGTTG
CCGTTTTTACAGGGAGGCCCAAAGCGAGCAACTGACCCAGCGGCGATCAAAAAACCAGCAGGTGAACCCGAGGCC
CCATGCGTCGAGGAATTCGGATCTTATCGAAAGGGTTATGCACAGTTTTTGTGGATAACTCGAAGCGGGTTTTGTG
CGTTTTCGCAAGCAGTATTCGGCATAGTCGGGCATAGTCGGCGGATTCGGCGAGGTCAGAGAGCTGGAGGAGGGCGCT
AGTGCAGCTGTTGTTTCGGCCGACAACGAGTACAGGCGCCGCGTTCGCGATAGGCAACAACCGCCGAGCCGCTG
TAAAAACGCAGCAAGCAATGAAATCAACTTCCGGTGGATTTTCTCAGTGTCCAGGAGGCCCGCCGAGCCCAAT
CAGGCGCAATTGATGATTCTGGTTGCTATGGCACTTTTCGGCTTCGGTGCGCCTGCTGGAGGGCGGCAAGAGTGGT
AAAACAGGCCTCAGGCCTTCATCGCTGCCATCAGGGCACCGCTGCCCAACACGTTCAACACGCGTTTGAGATTGT
AGGCGAGCACATGCAGGCTCATCTCGGTACTCACCCGGTCGAGCGTTCTGGTGGAGAAAGTGGGTGGCGCCCATCC
AGGACTTCAGCGTGCAGAACGGGTGCTCAACCGTTTTGGCGCGGATCCGCATCATCTCGGGCGCTTGATCCAGGC
GACTCTGCATCGCCTCGAGCACTGCCTCATGCTCCCAGCGGCTCACTCGACGCTGTGGGCTCGGTGTACATTGCT
CTTTCAACGCACAACCCTGGCAGTGCGAACCTCCAGTAGCGGTGCAGCTTCAGTCTTTCTCGACGCGTGAGAACC
GCCAGATAAGGCTTTGCCAGCTGGGCATCGGTACTCGTTATTGGCTGCGTCATAGATGAAGTCACCTTTGCCGA
AGCGGCCCGCGCTGTGCTCCCGAGGTTCAGCGCCTTGGGCACGAAAACGGTGATTCCAGCCTCATGGCACGCCA
GGATTTCTTCGCTTTGAAATACCCTCTGTGCGCGACCCGCCGAGAGTTTCTTGACGCCCATGGCCTCTCGCGCCT
GCTTGGCCATGGTGCTTAGCTGGTCTCGATCAGCCCCATCGTTTCGTTACTTTCGTGGGTTCAGATCAGGTGGTGT
TCGCGTCGACCGCCGCTGTACGTTGTAGCCGACCACGCCGGTGCCCCGGTCTTCATTGAGCGGGCATCGGGAT
CGGTTCAGGGAGATCTGTTTATCCGGTGTTCGTTGAGCTGAACCTCGATTTCTTGAGCTCCTGCAGCTTAGT
TCAAGGTCGCGATCTTGTGCTGGAGGCGTTCGGCTTTGACCTTCGCCACGGCAGGTTCCTGACGATCAGCGGTAT
CCAGTGCAGTTCAGGTAGCGATTGATGCTGGATCGATCTCCTCCATTGCGCGCTGAAGCTTGGCGCTGGTGAAT
TGGCTGCGGTTGTTGACCGCTTGAACCTGCTGCCATCGATGGCCACAAGCGCTTCAGAGAACAGGCCAAGCT
GCTGGCACAGCACCACGAACCTGCCTACAGACGCGCGGATGCTTTGCGGTTATCCTTGCAGGTTAGCGATGG
TCTTGAAGTCCGGCATCAACCGTCCGGTTCAGCCACATCAACTCAACGTTGCGCTGAGCCTTCAGGCTTCAAGCGCGC
GACTGGACTGGATGCGATTGAGGTAACCGTAGATGTAGATCTTCAGCAGGTTCGGCAGGATGGTAGGCCGGCTGC
CGTTTTCCGCCGGGACGACGCCCTCGAAAACCCAGCTGGCCAAGGTTCAGATTTCATCGACGAAAAACATCGACCACC
GCACCGGGTTGGTGTCCGCCACATAGTCATCCAGGCTCTCGGGAAGCAGCGCGCTTTGGCCTCGATGCTCTCCCT
GGATAAAACGCTTCATTGGCGCCCCCGCTGATTGCAATCCATCAAATCATAGCAAGGTTCGATGCCAACGTTTTT
ACACAGCCTGGGCCAAAAGCAGCCCGCGGACTGGCGGTTATCGACCCGGCCGGCGGGCTTTATTACTTTACC
TGATCGAGACAATATCGGCAGTGTCTGCTGGATCCCTGACGGAGTTCACCCAAGGACAATTTCTCGGCGACTT
TTTTGGCAGACAGCTTAGTTTTGTAGCCCTTGGCATCACTTGGGTGATTTGAGGCTGCCATGCGCTTGCCGGTCT
TGACGACATACAGACGCTTGTACCAGGCTTCAACTCAAACCATAACGATCCAATCGCCACCTGAGGCTTTGAAG
GATCAGGGACAGGCTCCCAAGACAATGAGCCATCGTCGTGCTCGATAACCCTATAGCAAAGGCAAGCGCGCTAC
CACGCCGTTTTCGCTGAGGCCCATGCTTGGGCTGCGGTCTCATAGCGCACCTACTTTCCAAGCATGTGACCCAGA
CGCTCGGTGACGCATGCACAAGAAAACCTCCCTCTAAGCTACTTTCCACTGCGTAACCAATTTATCTTGCCCATCT
TAGTCTCGTCTAATAGTCCGATATGCCTTTTTAGATGCTACTGATTCGGCTCCAGCACGTTGCTTGGGTGAGTG
AGCAAAAACCTCCAACCCACGCCGTAATTTCCGCATCCCGATGCGGCTGTTTCAGAGGAACCGGAACGTTAGTGT
CCCATGGTGGCCGATGCAACCCCTTGGATTTCAGTCCGCTTTTCGACCCAGGCTGTGTCAAAGACTGCATGGGATA
ACCTTGCACCCAGTCAACCATGAAGGTGCGAAGTGAACGATGGGTTTTGAACAACCTAGCTGAGCTACGCGACC
GCCTGCGGTCGAAAAGTGCAGGTAAGACTGATAGTACGAAGCCGCGTATGCGGAAGCCTTCTCTTACAGACGA
AGCCTAGCGAGCAAGATCCTGCGATGGAAGCGATCTGGCGATTGCAGAAGCACTTTCCATTGGCCTTCCCGGTCA
ATCCGGCCCCAAGGCTCCGCTAAAGGAGGGCATTTCAGGATGCCGAGCAACACCTGGAGCTGCTCGGAATAT

CCAGCGAACAGCTCAAGCAGGGCATCGCTGCCTGGTGCAGAGGAAGTCGATACTGGGCAAGCATGACGGAGAATG
CGCCGCGCTTGGACTTAAGCGGCCAGGCAGTTGGTATGGTGCAGGCGGCTCAGGCGCTGCATGCGAAGCAGCAGG
CTAAGCGACAGCGCGGACAAGCACGACGTAATCAGACAAAGCCGAAAGAGTGTATACAGGACAAGGCCCTCGTTA
CCCCTGTGGAACAGATTGTGGATTAACATCACTCGCGCTCGGCACCGAGTCGCCCAATCACTGACAAGGTGCGCG
AGGCGATGATGAGGCGGTTTGAAGAGCGGCAAGTGGCCCGTACCGCCTGTGAGGTGTGCCCGCTGCCGGCCAAAA
GCGGGTGGTTCAGGCCGTGAAAATATGAAAAATAAATCAGTCCCCTTTTCCACTGAGAATCGCCACCAAATGGCGG
CCCTTTGCTATATCCACCCGGTTGGAAAGCGTCGACTCATTGCGCTACAACGTGTAATGAGCGCCGAAGTTCTG
CCAATGTGAGCGCCTGACAGATTTTGGGTGCGCATATTTAAAAGGCGGGAAGGCTGGGGCTGCTCATGCAATGCA
CGGTTAGAAAACATAAAAATTTCTAAAACCAAGAAAGATTCGGAAATCTGATAGGGAAATATGAGTAAGTTCGAAT
TGAAGCACTCACCATTGAGCGAATGATAGCGCATACGATTTTCTCGGACAAAAGATGGAGTGTGGTTAAGCC
TCAACTGTCCAATGATTTAATTCGCTGGATGTGACTCTAGGGATTTGGTGCAAATTCGAGTGACGGATGCCCT
AGGCAGCACATCTCATGCGATAGAGATTAATGTGAGAAAGTCAGGTGACGGTTCCCTTCATGCAAAAAGCCGCTGC
AATTATCAGAATGAATGATTTGGGTTTTGTAGCTAAATCCAAAGTTATTGCGAGCGACCTAGCTGACGCCAAAC
TAATCCCAAATGGCCTGGCGGGATATTGATCGTATTAATGGTAAAGTCGGCAAAAATCAAAGCCCGTATGCTGC
AGTTATTAAGCCGAAACCGATAAAGGTTTTAATATTGAAGAGGTGAACGGCTCCGTGAGCTTGACACTTATTAA
GAAGATGCTCTTGTCTCAAACACAACGTCTGTACAAGATTGGGATCGTTGTTGAAATTTCTTATCAGGCCCGGT
GAATAATCTTTATTCGCCGGAGAATTACAGATATTTTTGTTGATCACCTGCTCACCAGTACCGAAACAAAATC
CGCAGCAGCGTATTTCTATAATGCTTTCTTGGGCATGAATATCGTAGGTTCTTCTAAGTATCAGACTCGGAAGTT
TTATGAGACGACCAAGGCGTTCATTAATGCACTTCCAATAAATTCCTCAGAACCGCGCGCTTTATTGGAGGCGCT
ACGCTCTGATCTGCGCAGCAATAAAGGAATATGTGATTGCTACATTTGCGGAAGAGCATCTCCCTAAGGAGCA
AAGGGAAGAATACAAAAAACGATGTCCGCAACCGGGCTCCCTGACACGGCGATGATAAAAAGATCTTGCTTACAT
TAAAGCGAAACTACGTCCGCCTCGTAGAATTGATTTCAGCACGGGTATCAAATTCAGGTTCAGCGGATGTGGA
CTTTAGCGAGCATGTTCAAGTGGAACTCAAGCAGGAGGCTATACACAAGTTCGAATAAAGGGCGTAGTCGAAGG
ACAAGAGTAATGGAGCTCGAGGAGTTTAGATGTGGCTAACAGATGCCAGCCTAGCTTGCAGGATGGGGGGAC
TTTGTCCGTGAAACTGTTAAAGCGATCTCTAAATCCGAAAGCATAACTCTTCAAATACTGAGCAGTAGAGTCAAA
GAAATAGACTCTGCGATTGGCAAGCTGTCCGAGAAAACCTTACAAGAACCCGATGTCCGATATGACAGACCTCGT
GGTGTTCGAGCTGTTTGCCTGTAGTCCGACGTTGAAAAGCTGTGTGCTTCGTTAGCATACATCCAGAATGG
AAAATTCAGAAATCTCGGGATACCTCTAAGGAGTATGAACAAGCCCCAGAAAAATTTGGCTACCATCCACCAT
TTCGAAGTGCCTGCTAAAATTGACTTTGATACTGATGGGGTTCTCATTCCGGCAGATACGTGTTGTGAACTTCAA
GTAAGAACTTTGATGCAGCACGCTTATGCGGAGGTAGTACATGATAGTATTTACAAAAGCTCCTGGGGTGCGCCT
AGTAGAGCGATTAGGTTTTGTTTCAAGTAGTGGCGCTGATTGAGACTGCGGATCATCTTTTTTGTGAAACTATG
AATATTTTAGAGTTGGAGACTAAGGGCCGCGGTGAGCTGCTAGAGCAGCTTACGGGTCTTTACGACTCAAAAATA
AATATCAAGGGATTCAAAGATCAGAAGTTCAATATGATGGTTTTGGAAGAGCTTAAAAATTTCAATGATGATGCG
ACTGTTCCAAAGCTTTTCAAGCTTTCTAGATGAGCGGAATTATATTCCTGACAGGATAAGTGTAGAGTCAAGTCT
GACGATTTCTGGTCTCAGCCAGTTTCAATGCTGGCGTATTTTTCTAGTGCATGATCATTCATATCTGGTAAAAGAC
GCTTGGCCATTCTCTGAGTCTGAGGACGCGTTAGCTATGGTTTTACAGCGATCTCGGGAAGAAGTTTGCAAACATA
GAAGCTTTGCTTTTTGATCTTCAAGTTTGAATAATCTTCTCATATACATTCGGCGCATATTTTCATGGCAATAATGG
ACAGGCCACGGTTTTTGGCTTGAAGGATGAAGTGAAGTGAATAAATCGTGGCCTGCCCTACCCTATCATTAT
TCTACTAATCTACTTCGACCCGGCAAAAGTTTCGATCTCTTCGAGCGATAGATTATTTTCAGAGATTAGAGCCTGCA
TCTTACTGAATGCCGTTTTCTGAGTACTCTGGCTGAACTTGCTTACCTCAATAACAACCTCCCTCTATCTCAGCAA
ACTTCTGGCCGCCAAAAAGCTTGCTTTTTTCTCAGCTTTTCCGCCCCGCACTCACAAGTACGATGTCTGTTCTCG
GTCCAGCTCCGGCTTTGAGGCTGTACAACCTTATCCCCAATCTCGAGGCTGTATGGAGGAGAACGTGTACGTTCT
TGTCAACTCCCCACCTGGCCAAAAGTGATAAACCGCTGCATACATGATTTTGGCTTAATTTGGGTTAGTCCCTT
CTGCCCGCATCGCCGTGAAAAGGCGACGGTGGACATCTGCCCAGATTTTGACCGTTCATCGCAAGCCACATCAT
GAATGACGGAAGCTTTTTCTGTACGCACCTTCAAAGGCCCGCTATTATTGACCATGCAAATCCCGGTATCGAAG
CGCCGTCTACTTTTTGAACCCTTTGGTGATATCCAAACAGTAGAGTCCGGCCCCACATACTTGAAGTCAATTAAGCA
GTAGCATACCCCTGTGGTCTGGGAGCCATGTAGTATCTGGCCCTCCGGAAAAATCCTGTTTCTCGACAACCTGCGC
GTACACCACAGCAAAAAGGTGAGCGCCTGGGTGCGCCAGCCGAAAGAGCAAAATCGAACTGTTCTTCTTGGCCGCA
TACGCCCGGAGTTGAATCTGACGAGTATTTGAATTGGGATTTGAAACATCAGGTTTCGTACGGGCTTGGCCGGC
CGTAATCAGGACGAACTGGAAGGGCGTGTTCGCTTGGTCATGAGACGATTGCAATTACGCCCCCAAAGAAATCCGT
TCTTATTTCCGCCATCCACGTATCGCCTACGCAGTATGATTTGGTGTATTTGATTGCCGGTTAATAGCCTGTGCG
CGAGCGGCTGCTTTGGGGCGAATCGGTGATTTGCCACGGCAATGGAAGCGAGGATTCAGATCGACACTCACCTG
AAAAAATTGCGGCGCACCCGGACACTCGCGTCGCCCCGTAATATCGAGGTAAAGATGCAGGCAGCCTAAGGGCTGC
CAGCATGGACACATCGCTCAGTTTCGAACAAGCTGCCGTGCCAAGGCCACCTCCACCAGTGCCTCCTGATTTC
AGGACATCGAGTCCGGATTTCGGGCACGTCTCCCGATGTGCTCTGCGAGACCATGATCTTCTTGCCCATCAGCGCC
AGGCAGGTCTGCGAGGTGGCTGCGTAGCCAGGTAGATCACCTGACTGCCAGCTTCTGGCCGATACGCCAG
GAACGGCGTGCAGGCTTGTGTCAGCGAATACAGTTGTAGCCCGACTGCATGAAGACAATCGTGGGGAATCCAGC
AAATCCAACCCGGTTTTTACCAGTTCCGGATTGGTGTAGGACGTCGATGCCACGGTCCAGTTGCTCGGCAATC
CAGTCTCACGGCGAGAGGCATCCACGCTTGCAGGTAGTACCGCCACCTTGAAGCCTTCTGCTCCAGCAACAGC
TTGAGCCTGGAAGTGTATCGCGTGTGCTGTATAGACACTGTAGACCAGGGTCTTGGACCTTCCGCTTCTCC
TTGTGGCAGATCTGATCAGCTCGCGCTCCTTGGGCATCACCTTAGTTTCGTTGAACTGGGAGGCAACGAATGCC
AACAGCTCGCGCTGCGCGGATGGGTGACGGTCTCCGCGCGAAAGCACGTTGTCGGCCAGCCAGCAGTACATTG
AGCACCACGCCAACAGCGTCTGATCACGTTTTGCCAGGGACTGTTTCAGCTCCTGGCTCAGCCGTGACGACAGG

TTGCGGTACGCATTGGCCTGCTCGTCATCCATGGCGACCTCGCGGAACTCCTCGTTCGTAGGGCGGCAGCACGTTG
CCGCCGATGTCCTTCAACTTGAGGAAGACCGTGAACGGCAGGACGCAGCGCAACACGCCCTTGGGACCGAAACCC
GGCGCCTTGACCGTGCACCGAGACCTTGCTGCCCTTGGCCGTCTTGTGTGCCGTGCCCATGCTCTCGGAATAG
ATGTCCTTGAGCACGCCATGGTCGCGCATGAATGCCATTGCCCGGACGTCATGCTGCCGCTCTTGGTCGGCCGG
TAGCCGTCTTCGATCATCCACCCAGGCAAGGCGCGGAACAGCAGGTAGAACAAGTCGTCGCCGTAGCCTCCCATC
AGCGTGCCGGTGAGCAGCAGCGTCTTCCGTGCCTTGGCCGCAACACGCCCATGGCCTGGCCCTGTGCGGAGCCA
CCGTTCTTGTACTCGTGCGCCTCGTCGGCGATGAGCAGGTGCAACGTGCCCTGGGGAAGCTGCCGCTTGATGAAC
TCCGATGGCTGGTAGCCGCCCTCGCCAAAACCAAACCTCCATCGACGACATCGCACGCTCCATGCGCTGGGCTTGC
CGGTCCGAGAAGACCAGCTCACCGTTGCCATCCATCAGGTTGATGAACTCGTGGATGTTGTCCCGAAGCATCGAG
GCGAGGAAGGCATCGCCGAACATCTGCATCAGCTTCTGCGCGGTGACCTCGCCAATCGTGGGAATACGTTTCAGC
GCCTTGAGCACGGCAGAGGACTGGTCGCTGGCGCACAGCCTTCTTGGACGAATCAGCGTCCACAACGGGGCGGCG
CACTGGCTGCACTTGGCGCGGTATTCCCTCGGCTTCGAGTTCGATCGGATTGATCGGCTCGCCGTCGAGGTCGGTG
ATGACCTGGCCGAGTCAGGGCAGGCGCCTACGTCGCCGTGCCGGGTGCGATGCTGGGTGAAGACCGGCTTCCAG
TGAAAGTCCATCCTCATCCGCACTCGGCCTAGGACGAAGAACTCCTGACCCTGGGGCGAGACGCCCAACTGCTCG
CGCAGTTTCAGCAGTTTGACCAGCGTGTCCGGGCCGTTGAGCACCCAGACCTTGGCACAGGCCACCGTCTCCTGA
ATCTCTCGACGCCACTTGTACACCAGGTGTGGCGGGGAGAGCACCAGGGTGGCGGGTAGCCTTCGGCGTTGAGC
ACGGCGGGGTGGCAATGCCACCGTCTGTTGCCGAGCCCATCTCGCCGTTGACGATAGCCGCGGCTTCGCCG
CGGTGATCAACAGCTCGGCAACCGCATGAACCACATCGGCTTGGCGCCGGAACAACCTGCCGTTTGGAGCCGGCG
ACGACAGACTGCCGATGTGGCCGCGCCTGGCCGGCGTAGACCGGGCGGGTGGCGCGATTGAGAGAGTCGAGCAGC
TCGTCGCCGAACCTCGGACACGAAGTCTGCAGGCTGAGCGTGAGAGAAGACTCCGCGGCTTCGAGCAGGTCGCC
TGCACCGCGGTATCGGGAAGGGTTTCAAGATTGAGGGACATGGTGATGCTCCAAGGAAAAATGGGGCATGCACCCG
CCCCCGGGCGGTGACATGCCCGGGGGAGGAGAAAAACGCTGACGGCCGAGTCAGTGCTCGGACGCCAGCGCGA
TATGGGTGGCGTGCCTGCTGCCTCAGTGACGATGCAGATGCTCAGTTCACGGTGAACCACGTAGGACGATTCGA
GCCGAGCAGCCGATTGCAGGGCGGGCGTTGTTTCGCTTGCCTGCGTGTGCTGACGTCGCCCAATCGCCACGGG
TGTGGCGCTGGAAGTACGGCAGGGGATCGAGGCGACCTTCCCGCATGAGGCGGTCGATGCCGGGACTGAAGATCA
ATGTGCCCTATCGTGAACAGCAGGGGAGGCGGTTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG
GATGGCCCCCGTGGGAGCCATGTCGCCGATGGGTGGGTGGGTGAAGACTATTGCTCCCGTCAGATCAGATCGTGC
TCTGGGCAGTTGAACGAGGGTGTGCCAGCGGCCAGGCCGCTTGTGATACACGGAAGATGGCGTTGCGCCTTC
TGTGGGATGAGAACAGCGAGACGCTGAAGCGCCCGATGGCGGTGAGTGATGGTGATGATGCGGCCACGCTGGC
CGAGTCGGGGACAGATCCCAGGCACGAATCACCGGCACGAACCTTGTGAGTGAGGATGCGCGTCTCGGCGATGGA
GCCGTCGTCGCTTCGCGGTATTCCGTGCTGGTGGTTTTCTGCTTGTGGGTATCGCCTTTGACGGCCAGGATGCG
GCCACTCTTGATTGCACGACACCCGAGATCGCGCCGGCCGCGAGGGCCAACGCTAGGTGCCAGTGGGACAAGGC
ACGCGCCGGGGCACGAAGGACTGCTGCGCGGACCGAGATGCGTCTCGAACGACGGCCACAGGCCCTTGCAGGCG
CTGCACTTCTCGGCGAACTGCGCCGTTCCATGCTGATGCGATAGAAGTACTCGGGCTCGGCCGAGGCCGCGGG
GACGACGTAGGGGAGCAACGGCCACTCGGCTGGAAGCTCTTGGCGCTCGACTTCGCTTGGCCGATCTGCAGCAG
CCGGGCGCGGATGGATTTACCTCGTCGCCACCAGTTCGCGCTGGCGGATTTCGGCGCCGAACACGACAACCTTG
CTTGAAGTGCCTGTCACCGCTCGGTGGATGCGCAGGTCGGCGAAGTGTGCGGTGAGCCAGCCGACAGTTCCTG
GTCGAGTACGTAGGACGGCACGATGAAGACGAGAACGCCCCGTAAGTGCAGCAGCGGCAGCGTCTTCTGATAGAA
CAGCTTCTCCAGCCTGGCGCGGCCTTTGCCGTCGTAGCCGATATTGCCGTTGGCGTCTTTCGACAGCTCGCCATA
AGGCGGGTTGAGCCACAGCAGGCCGAAGCTCTGTGCGGCGAGCACTGCATCCATCAAAATCGCCTTGATGACGTC
ATCGACCAGCCCGCTGCATGGTTTTGCGCGTTCGGGTGCTACTCCACCGCATAGGCGGTGGTCTGATCAGCCC
GAGGGCATGCGCGGCTTCCGCTATGGCGACGCCTTCGCCGGCGCAAGGATCGAGAATGCACATCGGCCCATCGCT
GGTGTCAATCGGCTGAGCGTTCTTTGAGGGTGGCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT
TGCAGTCTGGGAACATGAGAGCCATGGGAGTCTCTGATTGGCGGGGATGGAGAAGGGCAATACGGGGACGTC
ATTGCTTGCAGGTGCATCAAGCCACAGCTTGCAGCGCCAGGTCGGTGATTGCCGGTGCCTGCGGTTAGGCGG
TGAGTACGCCCGCGGCGGATCAATTGCCCCAGCGCGTCAGTCAGCGCTGGAACGTCAGCTGCAGGTGTATTCCGC
GCACTGGCCCAAGAGCCACCGACAGATCCTGGAGCATGTTGTGATCGCGCAGCAGCGTCAGTACCGGTGCTTGCC
AGTGATCCAGCAACGGCAATGGGCAGGTGTCCCTGACCAGTTGCCACAGGCGTGACGTCGGATCGGTTACCGAGT
GCGGCAGCAGCGCCAGTGCCTGGCCGAGCTTGTGCGGCTTACGACGCGCCGGTGAACAGCCAAAGGTTGA
CCATCGAGCCGAACAGCGTGCGGCGATAGGCACGGGTGAGGCGTTTTTCAAACGCTCGACCGTGCAGATGAAGA
CGGGGACAGAGCTCCCTTGTGCTGGTGATGAGGTGGAACGTTCCAGCCATCCTCGTCGCGGCTCAGGTCAGTC
GGGCTTGAAGTGTGATAGCGGTATCCCGCGCCAGACTGAGATAAAGATCAGGTTTCCCTGTTCTGTCACGGA
TGCAGGCGTCAGCCATCAGGTCGGCGCACTCGTCGATGCGATACAGCGTGGCAGGCGATAAAGGGGACAGCATGG
TGATGTCCTCGATGAAGTGAAGGGAAACACCGCCCGAGGGGCGAGGCGTGCCTCGGGTAGATGATGAAACT
GGCTCGGAGTCCAGGTTGTGAGGGGTGAAGCAAAGCACTGGCGCTGTGTGGTGAAGCTCACGCAGCCTGTTGGTC
AGGCTGCCGATTCCATTGCTGTGACTTGAAGTCGAGCGGTAGCCAGTATGCCAGGCGCGGATCTGTACACG
CAGTGTGCGGCGGTGATGGTCGAGTCCAGTTTACCGACTCGCCAGCGGCCACAGCAGGCCGAACAAGGCGGC
ATCGTCGCTGTGCGGACTGCCGGAGGCAGCGACCGCAGCGGGCGGCGTCCACGCCGAAGGGCCTGGTATCGAT
CAGTGGGTCCGTCGCTGCCCGTACGGGAGCGGACTCTGGTTCTGGCGTTCGCCCGGTTGTCAGCGAATGCGCGGC
CAGCTCCTCGTCCAGTGGATCGACTTCTTGGAGGCCAAAGGCACGGGCTCGGCTTGTGCTGATGCTGCTGCTG
CGAGAGCGTCAATCCGTCAGGCTGGCGCGGATCTGAAGCGCATGCCGTCACAGGTGGGATAGGCTTTCGCATC
GATGTAGCGGATGACGAACCTCCCGTCGTAATTCCTTGGGGTACTGCTCCAACCTCCCGTTCGACGGCAAAA
CTTGCCAATGGCTGTGACGAGGCGGCCGACGTTGAACGGCCCGTTGCGACCGTGGATGGTGGCTAGCGTGAGTTG

GCCAGGCACGACGATGGATGATGCAGATAACTGCAGGGCTGCTGAGGCTGCCATGACGGGTCTCCTTGTGATGAG
TGTGAGGATGCTGGGCATCCATGAGAAAAGAGCGGACCACGCCACCAGGGGCGAAGTCCGCGCGGCCCTCAGGCC
TTCAGCTGTTGCATGCCTTCGGCCAGCATCCACAGTGCAGCGGTTGAGCCGCACGTTCTGGTCGATCCCCTGAACC
GGCCGGGTACTCTGGCGGGCGGCCATGGGCGCTGCGTCCGTTCAAACCGCCTTTGACGAGGTTCTCCTGAATGCGA
TTGAAGGTGGACCACAGGTGCGTGCCTCCGGTCATCGACCGGTGCGGGGCATCAGCACCTGTGCCTCGGTGATCGGC
ACTACCTGGTTGGGCGTGTGCTACTTGTAGCGCCAGTGCAGCGGGCCAAAGACTTCTTGTCTGCCTTCGTCCAGG
GTGATCAGGCGCATCGCGTGCAGCGACGCTGCACCTGTTTGAAGCCGTGGAGGACCTCGTAGGCACCTTCGATC
ACGTGCTCGGCGACATTGCCTTTGTGATGCACACGGACATCGGCGAGGGTGTACCAGCAGACCAAGCCGTTGTGG
CAGACGAACCTGAACATGCCGGCGAGCATCTGGTAGCTGCTGGTGCCTGCGTGCAGATTGAGGAGGATGATTTCA
TTCGCTTCGTTGCCATTGATCTGGCTGGCGTGGCGAAGGCGGATCATGTGCTTGGTGAATTCGCGCGGCTCCTCG
TGGCGCACGCGGGTCTGGCACACCATGAAAGGCTGGAACCTTCTCCGCGCAGCTCGGCAAGTACCAGGCGGTTG
GGGATGTAGCTGTAGCGCTCGGACCGGCTCTCATGCGGGGTGTCCGCAAAGATCGACGGTGCACCGCGCGAATC
TGCTCATCGGACAGCGGATGATCAGCGCGCAGTATCGGCGAGCGGGGAGCGAAAACGAGAGGCGAGTTGCATGGCC
GTTCTCCTTGAGAATTGCGGCAATCGCATGCGCGGCTGGAAGCCGGCACCTGTGATTGCATGGGATGAAGAAAG
CCCCGAAGGGTGGGGCGATGACGGGAGGTGGTGCATGTCGCGGACACCGAGGTGCCGGGGCATGGAGGCGAGG
GAGGAATGGCTGGGCTGGGACAGGCCAGCGGGTCAAGACGAAGCCACCGCACGGGCTCCTCGACAGGGGCTT
GGGTGGGGCGGTGGGTTGTGGATTAACGCTTTCATCCTCGGCGTGAACCGCCTCGTCTGACGCGAGAGCGTCTT
CGTGAGCGGGCGCTGCGGATTCCAGCGGATAGACCTGTACACCATCGACTTTGATCAGGCCGATGCGCATCAGCT
TCGACTTCAGGCTGCCGCCACTTCACCGGCGTGTCTCGCCTTTGCTACGGACGTAGGCTTCGGCCTTCATGTGCT
TGAGCGTGAAGGCCAGCAGCACCTTCTTGTTCGCTTCAACGGCCTGAATACAGCGCTGCACCAGGTGCTGAGCGC
TGTGCTCGGCGACGGTGGTCTCGATATAGCGATACTCGGGGTGCTCGACCGGGCCGGCCAAAGCAGCGATGGAGC
ACGACAGGAATGGATCACCGCCGTTCCGGGATCATCCTGGGATTGTTCAAGTAGCCGATAACCGGGGTCAGCAGCT
CGTGATACTCGATTTGCTCGAGGGTACCGCGTTCCAGCAACTCGGCCTTGAGTAGCCGGGCTTTATGCTGGCCG
CCGGATCACCCGAGGGCCGGCGGAACGGATCGATCCACAGGTGCGCGAGACGAAAAGCGGACCAGCGGCCGTTGCT
GGTGCATCATCGATACCGATGTAGGGCAGAACGAGTTGCTTGGCTTCGGCGCCGGACACGCGTACGTCGAAGTAGC
GCCGGTTCGGGTTTGTGCGAGCCCGGACAAAGCCCGCCACGGTGCATGCGAGAAATGGCATGGCTTTGCGGCCAC
CTTTTACCAGTACTTCGCAACACGCTGGATGTAGCCGATGCCCCGAGGTATGGATGTCGAAGTACGACTTCGGGC
TGGAAAGTAGTGCTAGTCATGGTGAATCTCCATTAACCTTGGGAGCAAGAAAAGCGAAGACACACCGCAACCAATGCGG
GGAGGTGCGTAACCCCGCGGTGGGTTGAGGAACATCTGCATCCACCACCGAAAAGCCGGTAGTCTGCTCGCGCGAG
GGATGCGGTGCGAACGGGGTTCGGTTCACGCGGAGGAAAACCGCGGGCAGCCTTGAAGACCGAAGCTGCCTGGCATGT
CGCTGACGACGTGAGCGGAACATGTGGGGGAGGATGGCGCTATGCGAATCCCTTGGCCATGGGGAATCGGCAACT
GACGGCGACCTTATTGCTGAGCCGGCGCAATAGAGATAGGCTTGGTGGGAATGTGGATTGTGCTTTTTTTCAGTC
AGTTGGCCATCTGGACAGGCCGATCTGGTTGTACGGATCTTGGCGCGAGCATTTTTACAAGTGATTCAGGCGA
TCGCATACATGGCAGCGTGGCGGGACGGCGACGCTGCCTTCCAGCTAGATCGACGATGGGATCGGCTTGTGTCTT
TCTTATTCCCGAAATTTGCTGAGCAGCTGATCACCACGCCGTGACCGACTGCTGGCTAGCTAGAGCATGTAAGCA
CTTGTGCGACCGCAGCTGAAGCTGATGTGAGCAGGTGGTTTCATCTTGAACGAGGTGCGCACGAGGACGCTTCAT
AGGTGAGACCGTTTTCGGGCCGTAGACGGGGCTGGCGTATCGATGGGGCGCGAAAAGAAGACCCCGCGAACC
AGGGCTGTGAAGTGGGACGTCAGTTGCCACCTGGTGTGGTAGCGCTGGCGTGAGGGACAGCTGTGTGGAGGTGG
CGGACAACCTCCAGGTGCTCCTCGCTGTTTCCAGGATGTGCGTGAACACCATGGCTTTTCGGGTGCAAAATGCTTGC
AGTCATTGCCACCAGGCTCAGCTCGGCCACCAGCCATGGTTGATCTCCTGCTGCTTAGTGCCGGACAGGTTTCGA
TTCAGGCAGGCACTGCACCTGGATGCGCCGCCAACTGCCATCGTCGATCAATTGCTCCAGCGTTTCTCCGAGCGA
GTCGAAGAACACTTGATCGATGCGTTCGACGAGTTCTCCATCTCGTTTCAGCTCGATCACATAGAGGTCATCGGA
GCGGTCGTACAGCAGGGTACCCTGCCCTTGAAGTTTCGCGCTCGCAACGGTGAAGCTGATCGCCGAGGCGTCTT
GATGATGTCTCGGTTAGCGGATCGACAACGGAAAATGCCCGTGCAGCAGCATCCACCAGCAAGTGGTGTGATG
GCGGAAACCGTTCGGGAGCCGGCAGCTGTTTCAGAGTGGTTGATGAGTTTCTGCAACTCTGGGACGCTGGCTGCGG
GAGTGGCAGTTTGGCGGGGGCGGATCCGAGTATGTGCGTTTGCATTGTGAAGGGCGTGCCGCTGCGGCGTACTC
GGTACGTTCTTCCGGTGTGTCCGCGCGCAGACCATCGAAAACGGCGTTCGGGCATACGGCTGGACCTGCACCTTGGC
GCCCTCAACAGGCACTTCGGTTCAGCAGTGCAGCATCGAGCACTGCGAATTCGGCCCCGGCCGATCTTGCAGCAGT
GGCATCGCCGGTGTGCGGATTAACCTTGCCTCGAACGGTTTTCGGGTCGATGTGGAAGCCCCACGTCGAGACCTT
GGGTTGCCCGTCAAGATATTGAACCTGAAGGTACGGACATTGCGGGGAACATGACCGGCGACCAGAACGGGCAT
TTGTGCGCGGATGGCTTGGGTATCCATTGGAAGCTCCTTGATTA AAAAGGGACTCCCGCCGCAAGGGAGGGTGT
CCCTTGGGGGTGGATGGCGGACTGGCGCCGATAACAGTGCAACCAGTGCGGTAAACCGCACCGCAGCCTTGA
GGGTCTTGGCTGCCTGGGATGTTGCCGGCGACGCCAGCGAACATGCGGGCCACGATGGGGCGCAGGTGAGCGTTT
TGCGCGAGGCAAACCGAAGCCACTGGGCACCGTATTGACCGTTTCTAACAGAAAAGGCCCTTCGGCGAGGGGC
TCATGGGAAAGACTGCGGAGCACTTCGAGTTCCAGGCGCTACACTTGGTACAGCGCGAGCCCCGTCGAGCGTGGGG
GCATCGGCATCCAGAATTAGGATGCGCACGTCGGCAGCGGGCCGCTGATGCAGGATTTCCAGCAATGACGGCGGG
ACGCTCTGGCCCAGATGCTCTTGC CGCAACTGCTCAGCGGTGATGCCTTCGACGTGCAACAGGTTGGCGCTCGTC
CAGGGCGTGGCGATCAGCTTACCCCCGACAGCCGGGGAGCAGGGAATGTGGAAGGGCAGCAACAGCAGGCCGGTG
GGCGTTTCCGATCCGCCATGTCTCCAGGTAGCGAATCGCATCCTCGGTGACATGCGCGTTGCTGATCTCCAG
CATCGACTGTAATGCCAGTCTCGAAACTTAGCGGTTAGCCGTTGCAACACTTCGCGAGCGGCTTCCAGGTTTGGTATCG
CCGATGTGCGGTGATGCGCCGTTGTCTGCTCAGCGTAATGCTGTAGAGCACAGACAGAATCGTACCAGGTTCCGCTG
CAGAGCGCGTGCAGCTCCGGCGAACCTCCTGACCTTTAGTGACGAGCAGAAATCGTCGCTGAAGATGCGAGCGA
CGGTGGATCAACTGTTCTGCTCCGGCACATGGCTTTGTGAACGATGCAACGGCAGGTAGGTTCATCGGGCAGCGGTCG

TCGTAGCCGATGACGGCAACTCGCTGAATATGAAAGCCGTGGTAGCCACGGGTAAAAGGATTGATCGGGCTGTT
ATGGTGTGCTCCTGTGCGAAAAAGACGGAGGGACATGCCCCCAAGGGACGCATGTCCCTCGTGGGCTAGGAAAA
AAGGGAGGCTGAGAGCCGAGGCTCACCAGCCGTGCTAGTGGAGCACCAGGCCGGCGATGACCTTGCGGCGTTCC
AGGTCGAGACCGCCGAGATCGGCAAGCCCTCGAACTGACAGCGTTTGGAGCATCGCGCCGCTTCACTGGCGTTA
TAAAAGCTGACCATCGCGGAAAGGAACAACCGTTGGCCGCGCTCAGTACGCCCAGGGCGTCTTGGAGCCGTGT
ACATTCGGTTCGAGATCCCACTTGGCTTGGCTTGTGTCAGCCCGGTGTGAGTGGCGTGGCCGAACCACTCGGCA
CCGGCGATTTGGACACCGCGTTTCCATGCCTGCAAAAATGCCGCAGGGGCATTGTGCAAAATGCAGAAATTTCCCGC
GCGATCTGATCAAGGACGTCTGGAGGTAAGACTGACTCATGATGTTCTCCCGATGGGTAGGGTTCAGGGATGGA
GACGTTGATGCCAGCGCCCTGTGCTCAGGGCTGCTCTGCAGACTTCGTATGAGCGGAAGTACTCGACGGACTCGC
GCGAGACCGGGCCGTTGTGCTCAGCAGTGGCGATGAAGTGGCCGGCGCCGCTTGGCCGACCTGCAAGGGCAGGC
GTTTACCCACGTAGGTGAGGGCCAGATAGCCGATGGATTTCGGCTCGGGCCTGGGTGGCAGTGGGTGACGCGGGAT
GTGCATGGGACATGGAAGAGCCTCCTGGCTGGAATGGAGCAAGGCACCAACGCCTTGCAGGCGTTCGTCCGCAAG
CTGGTGGGGGCGGACTGGTTCGGTTCGGCGCGGAGGATTCCGCGGTGCAGCCGAGGATCCGTGCTGCGGGCATGG
TGTCGACCGAGGTGACGACACATGGGGCAGCTTCGAGCTGCTAGGGGAGCGAGTTCATCGGGAAAATGGGAAACC
GGCAGCTTCCCCTTACTGGCGAGCACAACCGGTGACTCGGGCGTGGTTCAGCGGAAGAAAAGAACGCTCCCAGGG
AGCGTTCATGCGTCAGGTGAGGCTGTGACCTCAAGCAGTTTGGCGTTCAGTGCAGAACTCAGTGAACGACCGCG
CCGGCCAGCTTCGGTTGAGAGCCATGGCTCAGCGCATATGGCAGCAGCGCCCTGACAACCTGGGCGGGATCCTGC
GAGCAACCTACAGCGATGAACGTGGCGAGCGTCTGCGCATCCTCATCTTCTCGACCCCTGTCATAGCGGTTCATCA
AAGATGTAGTCGGACACGAGTTCGGTGCAGTTCGCCAGGCGTGGCGTTCAGGTACAGGCAGTTCCTTACGCAGT
GCCTCCACCGCATACTCCCCGGTTACCTTCCAGGCTGGCGTTCAGGGTATCGACCAGAACCAGTTCGTGCGCAC
TCGGCCAAGGGGGGATAACTCTCGCTATGGAGAATTGCACCGTGGCCGACGCTTACCTGATCCGGCGTAAACGCCT
TTAGCCATGTGCCGTAGCCAGTGGTTCGCATCGAGGCGATGCTCCTCCAGCAGAAAAGGCTTGTGCTGCATGCAGA
TAGCTTTCCACCACGAACCTATTGTGTCAGCGTGCCTTTCGATGAACCAGATGCCACGCTCCTCCAGGGCGGCACGG
GTTGATAGTCCATTTCAGCGGAACTGCTCCCAGTAGCGGTGGTATCCCGCGGGTTCCTTCCAGTTGCGAAAC
CAGGCGAGTGGAGCGCATGGCAGCTCATTGAGCAGATCCGCGTTCGACGAGGACAGGCAGGTCTCCGCATACAAC
TCAGTGAATTCAGTGTGCT
TGAATGCGCAGGTGATCTTCTTCTCATTGAGCAGATGCTGGCGATCTGGCAGGCGGGCATCATCTGCTGCGGT
AACAGTACGATCTGATGCTTGGAGAAGGTTGGCGCCCTGCCGATGGGCAGGCCCTGCAGAAAAACAGCCCATTCGC
GTCGGTGGAGCCTCGAGGTGAGCAGCACCTGACCTACCGGCGTTCGCGCCATGACAAAACGCATATCTGTCAGC
GGCCGCCGATCTCTACACCGTTGAGCGATACCTGTACAGGAAAAGGCTTCGCACAAGACTGTGAGCTGATACTCG
ACCCATTGCGGCAAGGTGAGATGGGGCTGCGGTGATTGCACACCGTCCAGGCGAATCTCGGTGCCGATCCGTGCG
GGCGCGGATAGACCTCAATGGCGTCCCGCGAATGATGCTCGCCGTGCGGGCGTGAAGGCCTGGTTGCCTGAA
TGCACCGACAAATGCTCAGCGAAGTACAGCGTGCACAAGACGCCGAGACCGAATGCATTCCTCCGCTGCTTGCAC
GCCTGATCCCAGCCGACTCGGCGATGAAGATCAGCGTTTGCAGGTGCGCGATACCGTACCCTTGTGCTGACG
ATGAGGGTGTTCGCGTGGCGATGACTGCGATGTGACTGGCCCGCGCGGGCGTGGTTCGTGAGCAGCTCGCCG
AGCATGCTGTGCGCCGTGAACCGGTGACGCAGGTTGGCGATCAGGCGATGCTGGTTGGTTTTGAGGCAGATAGTG
CTCATGGGATGACTCCTGATAGAAGGTGTGCCGTGGGCCCGCAATGGAAAACGCCGGCGCAAGACGAACGCTGG
CGGTGGCGGGGGGACTAGTGCAGTGCAGAAATGGCATCGACGCCGAGGAGGGCGCCCGTCCGCGAGAGACGATG
CAGAGCGGACTGGTTCGGTGCCTGCAGGGCAGTACAGCCTTGAAGACCGGGGCTGTGGGAAAGCGCTACCAGGGC
AGCGATACCGACGAGAAGAATCGTGTAGCTGGTTCGGCCCGGTACAGGGACTATGGGAAAACCGCTGGCTCCGCGT
TTATGCCTGTGTGTTCTGCACGGCCGGTCTACGAGGGGGAGCGGCTTAGTGCATGGGGCATTCGCGGGTAGGTGG
GGTTGAGGGGATTTTCGGTTGATTTCAGTGGCGACGATTCGCGTGCAGTGGGCGGGCAGGCAGGAGAACGGTGC
GAAGGCTTGACCTTCGGTGTGCGAGGAAGACACCACTGTGAGTGCATGACGGGCGTGGCCGTGCTCAAAGCCA
TCCGCTGTGCGACGCGATTGCACCTGACCCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT
AAGGAACCCGTTGTTTTGCGCGGTGGGTGCGGCACTGAATACCATTGACCCGAAGGGTCTCCTGGGGGCTCGTCT
CTGCTATCTAGACAAGGCACCAGGGGACCCTTCATCGCGACAATCAGCAGATCAACCTGTCCGTGCAACGGACCG
TGGACGAGTACGCTTCCCGTGCACCCAGCGACACGCTGGCGACGAGCACGCTTGCAGAAGGAGGGGGCGTGTGCT
GGGTTCCCCGCGGGCGGAGGTGTGCGCATCGACCGTGGTTCGATACGATGGGGAGACGAACCTGCGACCTATTT
GGGATCTGCCGCGGCTTGGTGAAGTGTGCGCTTGGCGTGGCCTGCCGGCCATTCGACGGGCGAGGGTGCCT
TTGCAATCGGGATAGCGGCAGCAGGACCAGAATGGACCGGTCTTGGCGGTGCGTGGCGCTGGCGCTGCCGCAC
AGCGGGCAGGCGGGACCCTCGGGGAGTTTGTGATGGCCAGGGTGGCCGCGGGTACTGCTGCACCAATTTGGTGTATC
CACGTGGATTGCTTGGCGACGAAGGTCTCCAGCGTTCATGTCGCCGGCTTCGATCATGTCCAGGGCTGCTCCCAG
ACCGCGGTGCTGCCGGGATCGGTGATGGCCGCTGGCACCAGCATCGATCAGCCTGCCCGCCGCTCGGAGGCACGC
ACGGTGCACCTTTCTTGGAGCAGGTAGCCGCGCTCGAGCAGGCCTTTGATGATGCTGGCGCGCTGGCTCCGGTG
CCAATGCCCGTGGTCTCTTTTTCAGCTTTTGTCTTCAACCGCGGGTGGTGACCGACTTGGCGACGCCTTTTCATGGCC
TTGATCAGATCGCCTTGGGTGTAAGGTTTTTGGTGGCTGCGTCTTGGAGGGCTTTCAGATCGACGTGATTGACCTGG
CAAGACAGTCTTTCGCGCAAGGCTGGCAACACCTGGCTGCGTGGGACCGCTTCGCCGTGGCGTGTTCGCTTCC
GGCCCGCCAGCACCTGATGCCAGCCGGGGATGATCACCTGTTTGCACCGGCTTCAGGGTTCGGCCCGGCAC
AGCAACTGCGCCGTGCTGCGGTGCAACTCGTAATGTGGCAGAACTGCGCGAGATAGTGCAGCGGATCAGCCTG
TAGACCAGCCAGCCCTTGTGCTTATGGCCGCGAGTTCGCCGGCTCCAGCGTGGGATGATGCCGTGGTGGGCT
GATACTTTGCTGCTGCTTCCAGGCCGTGAGCGCTGAGTCCGGTTCAGCTGCTCCAGCAACGGGCGCAGGCTGGGA
TCGGTGGTGGATGCGAGTACGCGGACCTCGCGGAGCATGCTTTCGGGCAAGTAACCCGAATCCGAG
CGCGGATAGGTGCTGCGCTTGTGCGTCTCGTACAGCGCCTGGGCAATGTCCAACGCTCCTGACGCTCCAGAGCC

AGTTGCCGCGAGCACACGTCCTGCAGCGTGCCAGGTGCAAGGGCAGTGGTGGCGCCTCACGCACGCGCTCCGTT
GTGACGGCGACCACCTGGGGCGTGCCGGCTACCGGTAGGCGATCGGGCGCTTGTGGGCCGTCGCTGCTGCAGG
CAGCGGGCCCGCATCATCGCTGCAGCCATCCGCGGGGATCCAGGTGGCGAGGAAGCTGTGCCCGCCTGTCGATAGC
CCGACCTCGATGCTCCAGAACGGCACCGAGACGAAGCGCGGATCTCGCGGTTCGCGGGTTACCACCAGGGCCAGC
GTCGGTGTCTGCACCCGGCCGACCGAGAGTACGCCGTGCTAGCCGGCTGACGCCCCAGCAGGGTAAAACAGGCGG
CTCAGGTTTCATGCCGACCAGCCAGTCCGCTCGGGAGCGCGGAGCGCCGCTGCGTACAGCGGCAGCGCCTCGCTT
GAGGGTTTCAGCGCGCCCAGCGCCTTGCGAATGCTCGCGTCGTTGAGCGCCGACAGCCACAGCCGTTGGATGGGC
CCGCGATAGCCGCACAGGTCGATGATCTCGCGAGCGATCATCTCGCCTTCGCGATCCGCATCGGTTGCGATCACC
AGCTCGCTGGCCGTCGCCGACCAGCTGCTTGACGATCTTCAATTGCGCGGGCGGTTGCCGCTTTCGGCTCGACCCGC
CAGCGCTCGGGAATGATGGGGAGCTGCTCGAGCGACCAGCGCTTGTACTGCTCGCCGAGGCTTCCGTTGGCCGC
GCTTCGATCAGGTGACCAATGCACCAGGTACCACGGTACCCGCTCCGTTGTAGCAGCCGCTGCCGCGTTGGCCA
GCCCCAGCACACGGGCGATGTCTTGCCTGGGATGGCTTCTCGCAGAGGAACAGGCGCATAACGGCCTCCAGGG
CGTGATGGTTATCGACTGGCTCTCAGCATGGCCATCCGCGGCCACACTGGCAGCAAATAACGTGACAGCGGCAGC
GCCCCAGTTGTGCGGTGGTAGGGCGATCTTTCAGGGATATGAACAGGGCCGGCTGTGTGCACTCACC CGCAGCTT
CGTTCACGGCGGGCGGGACCTCAGTGGAACTCCCTGGAATATCCCTGGGGATAGTTCCAGGGAGGTCCTTTT
CGGTACTACTCGGCCGGCTGGGCGGGCTCGCTGGCCTGTTTCGGGCTCAGGCTTACGGCATCGATCCGGTACGGC
AGGATGCCGACACGCCGCGCCTCGATCTTGAAGGTACGCGCTCGTTCGTCGCGCTCTCCACTCATCGCGT
ACGGTGCGGCCTTCCACCAGGACGCGCATGCCTTCTGGTACAGCGTTCCTCAGTGCTCAGCCTCGCGGTGCCAC
AGTTCACGGGAGCCAGTAGCCACC CGCATCGTATAGCCATCCTTGGTTCGGAACCGGATGTGCGAAATACACG
TTCAAACGCAACAACCCGCTGGGCTCGTCTGTTGCCGCTCGGAAACTCCCTGAACTCCGGCGCAGAACCGATGTTG
CCTTCGCCAACAAAGTGCGTGCTCATAGTGACTCCTTGGAAACAAGTGGTGC GGATGGACGCAGCGCTTCCGGGG
CGCGCTGCAGGTAAAGCGATTTCGGCCTGGGCCACCTTGCTGGCGCACTCGTGAGCTTGCCGGCCAGCGTGTGCA
GAAGGCTGATCTGCATGTTTCAGCACGATGCGCTGGACCTCCATGGCATAGAGGTCATCGATCAGGGTGTGCGGGC
TGGTGGCGCTGGCGATCAGCGCTTGCCAGAGAGCCACTCCCATGGCCGAACGATCAGGCTTGCGCCAGCGCAGAA
ACGTCGTCCTGCGCCCGTGGTCTGCTGGGCCAGCTCCACGGGACGAGGCGGAAGGGGTAGGCATTCGCTGCG
CCAGGACGCGCGCTGCCGACGCTGATCAGCCCATCGCAAGCCTGTGGCACTGGCTGGCCACTGGCTAAGTG
CCCCCTTACCTTTAAAAGGCTGAAAAGGCTTTTAGAGAGCGGCGCTGTTCCAGCTTGAGGAAAGTCAGCTGTT
CCAGGGGGTAAAAGCGCGGGCTGCCGAGAACTCGAAGTCGAGGTCATGCGGGTGCCCTCGTTATCGCCGGC
GGCGGCCAGGGTGATATCCGCGCTTTCAGGCAGGACATCATCGTCACTGGCATCCGCGGCATCCTGCGGTGCCGA
GGCGGCCAGCGCCGAGCGCCGGATGATCGGCGGGGCATAGCGCGAGCGCAGCGTGCCTTCGAGCACCTCCTGCGG
CAGTTGCCCGAGCTTCTCCAGGGCGGCACGAGCGGGCGCATTCCTTGGCCGCGAAGTCATCCCGGGTGCAGCCGA
GTAGCGGTACTGCTGCGCCAGCGAGAACAGGCTGCGCAGGGCGTGCGCCCTCGTTGAGCCAGCGCTCAAGCGT
GCTGCGGTGATCAGCGCGGTGTGGTGGGCCAGGATCAGCTTGCCTGCCAGGTGCTCGTAGTCGGCCAGCAAGTA
CACCGCGAGGAAGCCTAGCTGCGCGTTGACGAACAGCGGCAGCTTACC GGCTGCAGCTTCATGTTCTCGCCAA
CGACAAGGCTGGCGGCACGTCGGCCAAGGCTGGTGCAGCTGTTACGCAAGGCTGCAGGCTGTCCTTGGTCTG
CGCCAGCTTTTCTCGAGCCTCAGCATCCACCAGTCTGAGTAGGGATCGTCTGCTCGGGCCACGCTTGATCTT
GTTGGCGATGGCGATGAAACCGTTCAAGCCTACGATGCCGGGCTTGCCCTCGCTGGCCGCTCGGCCGTGCCAGAT
GCGCGAGGCGTGATGGGTGTGCAGCGTCAGCGACATGGCACTGCGCAGCGATCCGAGATTCAGTTGCAAGGAGGT
GTCGGTGGCCATGGGGACGACTCGCATGAAAGGAACGAGTCGCCAGCTTGGCCAGCGCGCGGAAGGCGGTGAGTC
AACAAAGCGCAGCCGAGGCTGCCGGCTTTCGCGAGCGGAAGGCTGCCTGTTGCAACTATCCCTGGGGATAGTT
GCATGGAGAGCCAGGGAGGATTACTCGACCATCATTTGGGGTGAACAGGGCATGCAGCTGGGCGAGATGCGTGT
GCACCACCTCGGGGTTTGCCTTTCGGGTTGCGGGAGGCGGATCGGGCGGTGACGACCTGGTGTCTTGTCTGTCGG
CCAGGCTTTGAACTACCCCGAATGGCGGCTGGATGATGCCGAACAGATAGCCGGCAGGTTTACGCACC CGC
TGCTGCGACAGGACGACGCCCCATTCATCGAGCAGCGCTTGTGCTGCTCGGCTGACTGTCGAGGCTACCA
GCGCGCCGGCCTGCTGTTTCATCGCGCAGCGCCAGAAAGCGTTACAGGAGGCGCAGATGCGGGTGTCTCGCGCAT
GCGCGTCAGTACGTACAGATTTTTTTTATACGAATACTCAGTACTTCAGTACGGTCTTGGATTCCGAAGAG
GGTTGGTTTTGCTGGTGTTCGCGCCTGCTTCGGAATCCGAAGACGGCGGCTCGCCATTCCGAAGAAGGGCGTTTT
CACCTTCTTCGGATTCTGTGGATGGGCCGACCTGTGGATAACTTTCTGAGGGCTGACGCCGCCCTGGGCCATGC
GCTGCACCAACACCTGCAGCCGCGTCCGCAACACGCGGCCGCTGAGCAACGGGTCTTCGCTGATGTCCTGAATGG
TGCGGTAGCCACCCGCTGCACCGCCTTGTGGCATGCTCAAGCGCATGGCTCACCAGCCCAGATACTCGGGAT
CGAGCTGCATGGCTTCGAACGGCGTGAGGGCTCGTCTGTCAGGACGTACAGATTGCCCTTGATGCGCCCGTCT
TGGGATCGCGCCGGCGGCACGAGACTGAGCCAGCGTGTGAGGCGCAGCAGCTCAGCGCACGCGCCACGTTTT
CGTACGACGCCTGCTGCGCGCAGGGCGTCGAGGCCAGGTAGGGACGCGAGCTGATCGTAGGTGGGAAATGCCGTCA
CGCCATCGGGCTTGTAGCATGAGCCGGATGATTTGCCAGGCATTGCGCTCCAGCGGCGTCAACCGCTGTCGAGAA
ACAGCGCCCGGGCACGCTTTCATGGCGATTGCCGCTGTAGAGGAATCCATCGCTGGCGGGTGTGTGCTCCCGGT
TGGGAGGACAGGTGCCGAGGGCGTCTGCGAGCAGCGTTGAAAGAGCGGGCGGGACCTGCCTGCGCGACCATGGCCT
TACACCAGGCCTTGGTTCGATCCAGCTTGGCATGGCCGCCAGATCACGGACATGGGCAAGAGAGGGCTTCGGCC
AAATCCATCGTCAGTTCAGCATTGTACTGTGCTACCCAGCGCGATGCCGCGCTCGGTGATGCCGGCCTTCAT
TGCTCCACAGGGCCATCTCCTGTTCTTTCATTGAGCACCAGGATGCCGCCCCCTGCGCTTGGGTAGGCAAAATGATG
TCGCGGCGCAGGGCAGCTCCTGATGGGTGAGGCTAGAACTTGTGACCATCTCGGTACTGGCCCCAGGCGC
AGCATCGCATCAATCGTGGCGATCTCCTGCTCGATGTCTGCTGCTGACTGCTGCTGACTGCTGCTGCTGCTGCTGCT
TTGACCGTACAGAACACAGGGGACCTGGGCATTGGCCAGCAGGCTCACCAGCGCGGTTGCTTCAGTACGCTCC
AGTTCGGCTCGCTGAAACCCATCGACTGGCAGCGGCGAAGTTGGCCATTGCGCAGATCGTGCAGCGCCTGTGCA

ACCACAGCTTGATTAAGCGGATGAGGTGTGCACATGGTTCCCTCCGGCCTGTTTCAGGGGTTGGCCTCATCTGGA
TTGGCCTCCAGATCCAACAGTCGGCGTGCCAGCCGGACCAACCGGAACAACCTTGACCAAGCCGTTATCGCTCAGA
CGGGGAAGGGCGTCTGCGTGCCTGACGCCGCTCCCAACAACAGTGCCCCAGGTGGTTCGTCACCGCCGATCA
TCCTGATCGAGCGCCGCGGTGTGGGGGCGACTCAAGGCGCGTAACAATGCCAATACCATCTGGCCGAAGGCCGGT
GGCGACACGCCTGGTTTGGGGCGCAATGCAGGTGAAGCCGATGCCGGCCTGGACTGCTTCGATGCAGTCGAGCAGC
TCGGCTTGCTCGGCGATCTCCTGGGCGAATTGGGCGATGTGGATGCGCAGGCGATTGGGCGAATCCAGTCCCAGC
TCCGATGTACCAGACGTCACTGATCGGGAACAGTCCGCCGGCTTGACCCGGAATCGCCTGCAGCACCGTGTCCGTG
AAGGCAGGCAGAGCATCACCGGTATGCTCGGCGAGCATGTGTTGGATGCCTTGACGGCGCTCGGTGTTTCCGGCT
GGTGAGACGATATGGCCCTGCAGGCGCGCTTCGGGGTCATGTTACCCGGAAGAAGCGCCTGGTGTGTTTCCGGCT
ACTGACGGTGGCGTTGAAGCCATGTCTTTGTTGCGGTGCGGCTCTGGAAGCGCCTGCGGTTCATTGCCCTGAGCG
CCATCCAGCGATGGAGTGGTTGCACACCCGGTGTGGACGATGGTTGTGGATTCAACTGGCAACTGGGGCGGACTG
TTGACCGCACGCTGGCGGTGCTCGGAGCTGTGCACATCCAGCTCCAACACGTTGTAGTCGATATCGAGCAGCTGC
GACATCTGGCCGATCAGCTCGTCTGGACGCGGCCGACGAAAAGCTATCGGGTTGAACATCGAAGGGGGTGAGG
ACGTCGTGGAAGAGCGTCTCGAAATCGACAGCCAGCGTTTTTCTGCTCGCATGTTTTTCCAGGTGAGCTCGCTG
GCTTTACGCAATACCGCCAAGCGCTCGACTTGATGCCTGCCAAGGCCGTTGTACAAGACGTTGGGAATGGTGGGC
AGCAGGTAGCGCACGGTGTCTTGCATACGGCTGATGTGCGATTGCTGGATGGGATAGCCGTCGTACTIONGAGGCGA
CGGGCCAGCTCCGACTGCGACAGCGACTTACCCTTTCCAGCTGGTAGAGCTCGCGGGCTTTTTCAACGCCGAGC
GCGCGCTCGATGAACGTCAGGCTGCCGTGCAGTTCGTTCTCCGCCAAGTGCCCGGTCAGGGCGACGATCTCGCCA
CGCTCCGGCCATGGCCGGAACAGGCAGGGAATGCGGAAGAAGCGTTCCGGCCTTGGTCTCCGACCACAGCTCGCGC
AGGATCGCCAGGCGGGTGTGCGCCGTTGCGAATGATGAAATGCTCGGCACCCGGGCGTCGGGTGATCGGGCGC
GGGGCATCGAGGCCCGCTCACGGATGGATGCTTTTTATTTTCGTGCTAGATCGGGTTACCGCTCAGGCGTGATCA
AGCTCATAGGGGCGCAGGTTCATCGAGCGTGACCACCATCGGGCGTTCGGTACCCGGGTCGCTCAACACCTGTGCG
GCAGGGCCGGCGGAGAAAACCCCTTCGGCCATCAATTTGCCGGCCATTTCTGAGGCGTGACAGTCGCCATAATG
GCCTCCCTATTTACTCCGGGTTGCCCGGAGGTGCTTGCCTTGAGCGGGTGAAGATTGGCGGCAGGCCTGGCTT
CACGAGCTTTAGCTGCCAGCAGGCGTACGACGGACGTCACGCTCCAGCCTTACGCAAGGCGAATTCATCAGAACCAG
GAGCCGCTGGTCCCTCGGCGGCTTTAGAGATGCTCGACATGACGCGCTCCTGCGCAGCGACCCGCTCACG
TGCCAAACTGCTCTTGCATTTGGGGAAGAAGCTCACTTGCAGGGCGCATGATCTCCAGCGCCCGGTCGCT
GACGCCCCGCTCGGGCGTGGTATTTCGGCCCTGTGCACGGGTTGGCTCGCGGTTGCCGCACCGGGAAGGCTTCGA
TCGCGGGCAGTTCGGTGGCCAGTATCCGAACCTCGCTGTGCTCACGAAAAGATCAGCCGACGCGTCTGCTGCACCA
ACTTGGCGTTCGACGAGACGGCTGGCACGCGATTGAGCAGCAAAATGCAGGGGGCGGCGGCTGGATGCCCAGATAGC
GGTACGGGGCGATGGCATCGATAAGCTGCAGCGTTCGCGGCTGGAGTTCGCGCGCCGCAAGATTTCCGGGGTGA
TTGGGGAGACGGCCAGGTCTGCGGCGAGCATGGCCATCTCCAGCATGACACTGCGGGCGCCCTGCGTATCGATCA
GCACCAGGTGCTAATGCGGCCGGAACAGCGACAGCAGGTTGCGCAGCCGCAAGCGCCCATCTGCCGCTGCAGCA
GCAGGGTTCACAGCTGCTGGTGTCTGCTGTTGGACAGCACCACGTCAGGTTATGAACGGATGTCTGTGAGACCA
ACTGCGCCAGCGACTGCTCATTGAATGCCAGCAGCTCGTAGATACCGCCAGCGGCGCGCTGGGTGAGCGCTAGT
AGGACGATAGCGTTCGGCTGGACGTCGAGGTCGATCAGTAGGACCCGCCGACCGGCGTTCGGCGATAAAGCCGCCA
GATTGGCGCAACGGTTCGTTTTACCGACCCACCTTTTCGTGCAAATGATGGCGATCACGTGCATGGCTCGCTCCC
TGTCCGTAGTGGAGCCGCGTCAAACGCGCTCTTTTTAGGCGCTCGGTGATCCAACCTGTCGATTTTCGACGGAGTCCC
AACCGACGGCCCGAATCCCCAGGCGCAAGGCCCTGGGGAACCTTGCTTCTTTTCATCAAGTTGTAAAATATGGGCGC
GCTTGAAGCCGGTCTTTGCTTCAACTTCTGCGCGGCGGAGGATGCGATGCTCGGTAGTCGCGGTTTGTCTAGTGG
ACATAGTAGTCACTCCTTTATGCTTGGCAGCACTCGTAGGGGTGACTGGCATTAGAAGAGCGTCACTCCGTTGGC
GCATCAAACAATCGGATCGTGTGACCACCGACTTCAACGAAGCACTGCAGCCTTCGCTGCCAGTTGCCATCGT
CCAGCCGACCCGAGGGGGCCACTATTGAAATGGCTTAGCGAGTAAATCAATATCGAAAAGTACAGCACTCTGCT
GTGAAAATGAGGAAGTGGAGAGCCCGTATTTTTGGGTCACTGAGATGACCCAAAAGTTGGCTTAAGATGTTAGT
GGTTCTCATCTGTTTCTGGGCCGATTCGACCGGACATCCAGTACGCTGGGCTGTGGAGTGGACATTTGTTCTGTGA
TGGGTGGACCTTAAAGGTCCGACCAGCGACGAATAAAGATCCTGACGGCCAAGCCCTGGGCCAGATCGTGAGCTT
TGCGACGCCCCCATCACTCAATAGCCAATTCACCAATTTGCCGGGCGCGATCGATGAACCTGCTGAGGGCCCTCCG
AGCGTGGCTTATCGAGTAGCGTGTGAACGTTGCTGTGCTCGGTACATCGTCCGTGACAGGACGGATGATCACAT
CAGGGTGACTIONTACAGCATGATTTGCGAGGCCAGGCCAATACCGATGCCGTAGCCAGCGGCGACCAACATCACCA
TGGGTTCTGTGCCCGAAACATATTCGGCAGACGTGGGGAACGGCAAGGTGGCTTCGTAGAACCAGCGATGAATGA
CGTCTATCCACCTGAACACAGCACAGGATGGCACAGAATCAAGGTGTCCGAGCAACCTCCTGGAGCGGAATTT
TCTCCAAGGAAAGCAGAGGGTGGTTTTGCGGGGATGGCAATGATCGGACGATCTGTCCAGACGACTTCTTTGACGA
GCTCTGCGCTGAGCTCGGTATGTACAGTGAAGCCAGCATCGATCTGGTTCATGCATCAATGCCCTTGACCATCTCGT
GGACAGTCATTTCAACGATCTTACCTCAGTGAAGGGTTCCTTCTCCCGGCAACGCGCCAACAACCTTGGTCCAGGT
AGGGCTGTGCGAGACTATCTGCCAGGCCGATGCGCAGCCGGCCGCGATAGCCTTTCTCAGCCGCACGGACACGAC
TCTGCGCGTCTTCCACCAGGCTGAGTATGCGTGTGCTTCATCCCGGAACACTTACCCGGCCCAAGTCAAACGCA
AGCCTGCCTTCGTGCGTTGGAATAAACTGGCCCCAACCCGACTCCAGCTCTTTGATGGTCCGCGAGAGGGGGG
AGGGCTCGATATGGACTCTGGCTGCGGCCCGGAGAAAGCTCAGTTCTTCGGCGACGACCAGGAAGTAGCGTAGGT
GACGTATCCGATGCAATAGCCTCCATGCTTGTGCTGGGCTCCTCTTGGATGGGCGCAGACATCCCTCTCGTGGG
CAGGACGGTCCGATGCTTCCGCTTTGAAGAGTCTCTTTGAAGCTCCGTTGGTGGTATTCTTGCTCTCTGCTATCC
CCGATGGTCCGTTGCTGAGTACAGACAGGACACTCTTTGCGCTGCGGGAGGATGGCCGGCGGCTGATGGCA
GAATGGCCTCATCCGACAAAAGTGCAGACCATCAAGAGAAGGACAAGTTCCCCCAGACCCCACTGAGCCGGCGA
AATGTGCGCAGCAAGGCCAATCATCGACCTCAAACCCACCCGAAAAGAAAAATCACAGGCAGGGGTTGCCCTAGCAC

CTCAAACAAGTCCATAATTGCGTCCGCTGCCAAGGCAGCAGTTGCGGAAAATCCTTTTAAATCAAAGGTTGGAG
ACTTGGTTCTAGTCTCGTTTTCCCGCTCCA

Sequenzen der einzelnen ORFs

>SG1, 1410 bp

ATGGCACTCACAGACGTGCGCGTCCGGCAGGCTCGCCCCACTGGCAAAGACTACACCCTCCCTGACTTTGATGGC
CTTTTCATTGGCGGTATCCGCCAAGGGTGGCAAGTCGTGGCACTTCAGGTACTACTGGGCCGCTAAACAGAAGCGG
ATGTCCCTGGGCACCTATCCGGCGGTTAGCCTGCGGGAGGCGCGGGCGTTGCGCGATGAGGCCCGTGCCTTGGCC
GCCAAAGGCATCAATCCCAAGGTGACCCGTAAGCACAAGCTCCGCGCTGTCCGCTTGGCGACGGAGAACAGCTTC
AAGGCAGTGTATCTGCAGTGGCTCGCACACCCGAGGCTGGAGCTCAAGGAGGGGCGGCAGAGCACGCTGTCACAG
ATCCAGCGTATCTTCGACAAGGATGTGTTGCCCTCCCCTTGGCACCCTAACCATCTTCGATATCCGCCGGTCCAAT
CTGCTAGACGTCCTCGCCACGATCGAGCAGCGCGGGGCTTACACAACCCGCGGAGAAAAGTGCCTACCTGGTTCCGG
CAGTTGTTCCGCTTTGCCATGGTGAAAGCCGAAGGGTGGTGGGTAACCCTGCGTCCGATCTGGATGTAGTTGCA
GCGCCCAAGCCCCCGTTGCTCATAACCCGTTCTGCGCTTGACAGGTTGCCCGAACTGCTGCGCAAGCTGCGC
TGTTATAGAGGCAACATCACACGCAGCTGGGTATTCGTCTGCTGTTGCTGACCGGCGTGCACACCGGCGAGCTG
CGCTTGGCGACCCCGGATCAATTCGACCTTGAACGTGGCTTGTGGATCATTCTCTCTGAAGTGGTCAAGCAACTG
CAGGACGGCATGCGCAAGCGCGGAAAGCGGCGCAGGACATTCCGCCCTACATCGTGCCGTTATCGGTCCAGGCC
ATAGAGATCGTTCGCTACCTGCTGGAGCAGGTCAAACCTGCGCAGCGCCACCTGCTGGCCACCGTGGCGACTG
AAGAAGCGCATTAGCGAGAACACGCTGAATGCAGCGCTCAGGCGCATGGGCTACGAGGGGCTGCTCACCGGCCAT
GGCATTGCGCGCACGCTCTCCACGGGACTCAACGAGATCGGCTACCCCAAGATTTGGGTGGATGCCACGCTCTCG
CACGCGGATCCCAACAAGGTGAGCGGACCTACAACCACGCCCTGTATGTGGAGCCGCGTGGAAAGATGATGCAG
GACTGGGCAGATCGGCTCGATCTGCTGGAGCAGGGGGATGTCAAGGCTGCCAGCTTGCATCTGGCCATCCACATC
AACGGTACGCAGGTTGAGAATGAAAGTGAAGGCTTCTGGCGATAGAAGGAAGTGCAGGGACAAGCGTTGGCAAC
TCAGCTCAGCGGAATCTTGGTGGTGAAGCCACCTGGAAGACGGGCCAGCGCATGGCCTAG

>SG2, 1062 bp

ATGGCTGAGCTGAAAAACGACCGTTTGTCTCGGGCGCTGCTGCGTGAGCCGGTAGATGTGACTCCGGTGTGGATG
ATGCGCCAGGCGGGTGCCTATTTGCCGGAGTACCGTACACCCGGGCAAGAGCTGGTGACTTTCTAAGCCTGTGC
AAAAACCGAGAGCTGGCGTGTGAAGTAACACTGCAGCCGCTGGAGCGCTACGATCTCGATGCGGCTATCCTCTTT
TCCGATATCTTGACGATCCCGGATGCAATGGGGCTTGGGCTCTACTTTGAAGAGGGTGAGGGGCCGAGGTTTAAAG
AAAATATCCGTACAGAACTGAAGTGGCTGATCTGACGGTGCCAGATGCGGCCCTCTGATCTGGGCTATGTTTTG
GCGGCGGTAAAGGAGATCCGCAGCGCTCTAGCAGGTCGAGTGCCACTAATCGGTTTCTCCGGCAGTCCGTGGACC
CTGGCGACCTATATGGTTGAGGGGGGTTCCAGTAAAGATTTCCGACATATCAAGCAAATGATGTACGCCACGCCG
GAGGTATTGCATGCGCTCCTCGATAAGCTTGGCGAGACCGTAACCGGCTATCTGAATGAGCAAATCCGCAGCGGA
GTTTCAGGCAGTGCAAATCTTCGATACTTGGGGCGGCGTGCCTCAGTGGTCCCCTGTATCTGGAGTTTTCGCTGAG
TACATGAAGCAGATCGTCGATGGTCTGATTCTGTGAAAGTGAAGGACGACGGGTCCCCTGATCTTATTTACCAAG
AACGGTGGCCAATGGTTGGAAGCGATGGCGGAAGCCGGGGCTGATGCGCTAGGGCTGGACTGGACCAACCAATT
GATGATGCACGCCGTCGCATCGGTGATCGGGTGGCACTGCAAGGTAACCTGGATCCAGGCGCACTTTATGCTCCG
ACGAAGCGGATCCGGGCTGAGGTGGCCGATATTCTGGCCCCGCTTCCGGCAGTGGTAGCGGGCATGTGTTCAATCTG
GGCCACGGCATTACCAATATGTGACCCGGAGGTCGTAAAGGATTTCTGTCGATGCTGTACATGAGCTGAGTAAG
CCGTACTACTGA

>SG3, 456 bp

ATGAACCAGAGACAGGAGTGCAGCGACAACCAAGTTCATCGCCTTCGCCTTCGCTGGTTCCTGGCTTGCCTTACT
TGGGCCAGTATCGCTTTAGCCGTGTTGGGCGCCCTATTGCCGGGGTTGCCAACCACCGTGTATTATGCTGATCGCG
GCATGGAGTGCTTCCCGCTGTTCCGCCAACTACGCCGCTGGCTGGAGCAGCACCCGCTGTTCCGGTGACCGCTTG
CGCAACTGGGAACAGGGTGGAGTGATAGACCGCGCTCAAAAATGGATGGCCAGCGCTGGCATGCTGGTGTCAATG
GCGATTGTGCTGCTCAGTATCAACCAACCGCTCTTGTGGTGCCAATCATTGCCACCATATCACCGGCGCGGTT
ATAGTCTGGTCACGGCCCCGAGCAATCTCCGATGAATAGCAGCCAATTAATGAAGCAGTTTGCAGCAAAAACAAC
TATTAA

>SG4, 987 bp

ATGCTTTTTTGGAAAGAAAAGTCAAAGTCTTTCTGATGAAATAACCAATTATTTATCTGCCTTATGAGTGGGCAA
CCCATCCAATTCAGGGTAGACAGCTTGATTAATCAACACCCAGACCTTGTGAGTGTGTTGGAGGATATTCAGGGA
AAATGGATTGATCAGCAGTCAGGCCTCGCACCGAGTGAGCCAGAATCTACTAGCGACGAGTTGGCTGCCAATTTA
AGGAGCTGTCTGCTTAAACGCTCAAGCAGAAATATCTTATCTTCGCCACGAGCTAGAATCATCCAGGTCACTTCTT
GATGAGGCCAGCCATGAACTTGAGAGCTACAGAGCAGAAGAAATAATCTGGGACCTAACAAAAGCAAACTTACC
GAGGGATGTTGGGAGCTAATTGTAATTGATGGAGATATAGACAATCCAGCGAATAAATGCGTTCCTCCAAGCAA
TTCAGAGAGCTCATTGGTTATTTCGACAGAAGAGTTTCTTACGGCTGGGATAGCTACGTTTCGATCGTTACCCCT
GATGATCTCAAAGAGTCATAAAAGCTCTAGATGACTACGCTCGAATCGGAACTTTGACTCATTTACGTGGTT

GAGTATCGGATGCGTCACAAGATAAAAAGGCGATACCTGGTATCGCGAGAAGGGCCGAGGAGTTCAGGATCCAAGT
GGTCAGCTTTGGCGCATCATAGGGGCACTTCGTGACATCTCAGATGAGAAGCTCGCTGAAGCTATGCACGCACGA
GAATTAGAAAATATTCAAGCGACCTATGGGCAGATATCCAAAGTTGTGGGCGCAATCAAAGGTATCGCAGACCAA
ACCAATATGTTGGCGCTAAATGCAGCAATTGAGGCAGCTCGTGCTGGTGTATGTTGGGCGAGGTTTTTCAGTCGTA
GCGGATGAAGTGAAGAAGCTGGCCGGGCGAACTCGCGAAGCCACCCAGAAGATCCAGGAAATGCTTTCAGATTC
AAGGCTTTTTAG

>SG5, 753 bp

ATGACAGAGCTACGGCGCGCATCAATTTAGATGAGTTGTTCTTGGTCTTTCAGCCAAAGATGGAGATGGGGACG
CGGAGGATTTGTGGTGCTGAAGCGCTGGCTCGATGGCGGCATCCAAGTCACGGGTTAATGAGTCCAGATCAGTTT
ATTTATTTTCGCCGAGAGATCAGGTTTGATTACGCGCCTTACCTATTGGGCTATAGGCGCGGCTTTGCGTGAGAGT
TATGTGTGGCATAGCTCTGGAGAAGCTGTTCCGATTGCAGTTAATCTTTCATCGCATGACCTCCGCGACCCTAAC
CTAATGGCGCACATATCAGAGTCTTTGGAACTTGGGGGGCTCATCCCGATTGGATACAGTTCGAATTGACCGAA
AGCTGTCTTATGGAAGATATAGCAAACCTCTCAAATGGTTCTAAAAATGCTTCGTGATCTCGGATTTAAACTTTTT
ATTGATGATTTTGGCACTGGATATTCCTCTCTTTCGTATCTTAGGAAATGCGCGTTAACTATATAAAGATAGAT
CAGTCATTCGTATGAACCTGGGTAGTGATGATTCTGCCGAATTTGTTAGATCTACGATTGATCTTGCCCAT
AACCTTGGACTTGAGGTTGTGGCTGAGGGGGTTGAGTCGAAAATTCGATGGGGATGCTTGCAGAGTGGGGATGT
GAGGAAGTCCAAGGATTTTTTCATCAGCAAGCCTATTCCGGGAAGTGATTTTCAGGATTGGAGGCTTAGCTCCAC
TGA

>SG6, 1506 bp

GTGATATCAATGGACATCATTGCCGAAATTCGGCGCCGACATCTGGTCAGTGGCGAGACCATCAGTGTATAGCT
CGTAGCCTTAATCTTTCCCGACCTACTGTTTCGCAAGCACCTGCGCAGTACTACCGCTCAGGTTTACCAGCGCCAA
CAGCAACCTGCGCCCAAGCTTGGTCAGTTCCAATCAACCCTTGAGGCCTGGCTCAATACAGAACGTCACTTGCCA
CGATCACAGCGCAGAACAGCTCGACGTCTGTATGAAGACCTACAGGTAGAAGGCTATCGCGGCGCCTATGACAGC
GTGCAGCGGCTGGTGAAGCAGTGGAAAGCTCTGAAAACGCGTCCAGGGGCGCACAAGCGTTTATCCCTTGCTG
TTTGACCTGGGGAGGCTTGTGAGTTCGACTGGAGCCACGAACAGGCCGAGATCGCCGGCTCATGCAAACGATC
AAGGTGGCGCAATTTGCGCTCTGCCATAGTCGAAAATGTTTGTGGTGGCCTACCCGCGAGAGACCCAGGAGATG
GTGCTCGATGCGCATAACCGCGCCTTTGCGTTCCTTTGGCGGCGTACCGCAGCGGGTTATCTACGACAACCTTAAA
ACCGCAGTGGATGCGATCTTGGTCGGCAAGGATCGAATCTTCAACC GGCGCTTCCTGGCGTTGGCTAATCATTAC
CTGTTTGAACCTGTAGCCTGTACGCTGCTGCTGGCTGGGAGAAGGGCCAAAGTTGAGAATCAAGTCGGCAACATA
CGCGAATGGCTGTTCACTCCCTGGCACGATTTGCCAGCTTTGCGGACTTGAATCATTTGGTTGGCCACACGGTGC
CAGGAGCTGGCTCAGCGTAAACACCCGACTGAACGCAGCCGACGATCGCCGAGTGTTTTGTTCAGGAGCAAGCG
CATCTACGGGTTATTGATGCCCCCTTTCGATGGTTATGTTGAGCAAATGCGCAGTGTTCAGTACCTGCTTGTA
CGCGTTGACCGTAACCAGTACAGCGTACCCGCTCAATGGGCAGGAAAAGTGACTTCCGTACGGTGTACGGCCGAT
GAAATACGCATCGTGGCTGACGATCAGCTGATTGCCCGCCATGCTCGCCGCTTTGGGCGCGACCAGCTGGTGTAT
GACCCCTGGCATTATCTGGCGGTACTGGACAAGAAACCCGGAGCTTTGCGAAAACGGCGCCCTTTTGTGACGTGG
GACTTGCCAGAGCCGATCAAGCAGGTGCGTGAGTACTTGTCAAGCAGAGTTCGCGGCGACCAGCCTTTGTGCGAT
CTCTTGTACTGGCTCGCGACGTTGGCCTGGAGGCCCTGCAAGTGGCCTGCGAGCTGGCATTAGAGTCTGGAGTG
ATCAATGGTTTCGCACGTGATGAACGAGCTGCGTGGCTTACCTCAGTAGCACGTCCCGTAGAGTTGACCTTGCCC
GAGGCCCTGCAATTGCGCATTGAGCCCCTTGTGATTGCCAGCGCTATGAGCAACTGCGAGGTACTIONCAGCATGCC
TACTGA

>SG7, 744 bp

ATGCCTACTGATCGTATTTCTGAACTCAAAAACCTGCACCTGCATGGTATGGCGAGTGCTTTACAAGAGCTGCTT
GCTGAAGCCTCACGTCGGCCTGCGCGGCCAGAGCTTTGGCTCGATCGATTGATCGAAGCCGAACAGCCGGACCGC
CAAGTGCGCCGTTTGTAGCTATCAGCTCAAAGCGGCTCGCTTCCCAATCCACCGTGACCTGGGCGGCTTCGACTGG
CAAGAAACACCATTGATCCGTGAATCCATCGAGCAACTGGCCGAGGGAACGTTTATGGACGGTGCGCACAACTTG
ATTTTGGTGGGAGGCACCGGCACTGGCAAAAACCCACCTGGCCACCGCTTGGGAGTTGGGGCCATCCATCAAGGC
AAGCGGGTGCCTTTTACAACGCTGTAGACCTAGTCAATCACCTGGAGCGGAAAAGCAACAAGGCAAGGCCGGC
AACCTTGCCAAACAACCTGCAGCATATCGACGCCGTGATCCTGGATGAGCTGGGCTATCTGCCGTTCCCTGACTCG
GGTGGGGCGCTGTTGTTTCACTTGATCAGCCAGCTCTACGAGAAGACTTCGTTGATCGTGACGACCAATTTGTCC
TTCGGAGAGTGGGTGAGTGTGTTTGGTGACGCCAAGATGACAACGGCGCTATTGGACCGTCTGACTCACCCTGC
GAAATCCTTGAGACGGGTAATGACTCTTTCCGCTTCAAACAACGGAAAAGGCCGTTGAAAAAGCTTGA

>SG8, 1236 bp

ATGACGACTGGGTCACTGCTGCCGAGGACGGAGCTTTAGATCTCGTCCAGGCGCTTCGCCGCTGCGGGGTTCTT
GATGCCCCCCCCGAGCCTGAGTTTGCAGGTTGACTAGGCTTGTGCGCTCACCTGTCAGATGCCAATAGCCATG
CTTAGCTTTCTTGATTATGAGCGAGAGTGGTTCAAATCAAAGCTAGGATTCGAAGCCAGCGAAAATGCTCCGATGC
CAATCATTGGCAACCTCGTTGCGTCAAGGAATGAGCTCGTAGTGATACAGAGTGGCCGAGCTGATGCAGTCCCT
AGCCAGTGTGCGCTCGTGTCCAACCCCTCCTTACATTGATTTTTATGCCGGCCTTCCGATTACCGCAGTTGGGAGC
CGCGTATTGGTGTGCTGTGCGTGGCTGATACTGAGCGCGGCACTTGGAGCGCTTCGAGGCTTCGAGGTTGACGCTCTGCGA
TTGTTGGCCCATCAAGTTGAGAGTCTGTTGAGCCTTCGCTTGAGCCTGAGCAAGTTGGAGGAGGCAATCTCCCGC

GAATATTTAGCGAATAAGGAATTGCGCGAGAGCCGGCGCGCACTGGAGACATTGATCGGAAATTTACCGGGCGTG
 GTGTATCGATGTCGAAACGACGCAGGCTGGAGCGTTGAGCTAATCAGCGAGGGCTGCTTAGAGCTCACAGGGTAT
 ACAGCCTCCGAATTCATGGAAGGTAAAGTTTCAATGGTGGACATCATCCACCCCGACGACGTTCTGTCAAAAA
 CGTCAGGTGCCAGGAGCGTTGCGTAGAAAAGCCCCTTATCAATTCATTTATCGGGCTCAACTTGGCTGGAGGTGGC
 ATCAATGGGTTTGGGAACAGGGGTGTGGAGTGTATTCCGAAGAAGGGAAGGTGCTCGCCCTGGAGGGGTTTATA
 ACTGACATCACAGAGCATAAGCAAGCAGAGGAACGCATTTCGAGAATGGCGTACTTTGATGGTCTAACTAATCTC
 CCCAACCGTCTGTCTCTCAGGGAAGCACTTGGCACTGCGATCGATATCGCCAACAAGGGGAATGATCCAGTTGCA
 TTAATGACATTGAGGTGACAACTTTTCAGAGATTACTGAAACGTTAGGGTATCGAGAGGGGGATCTATTACTA
 CAGGATGTGGCTGCCAGACTGACAGGGGCGCTTGGGAAAGGCAGTTGGTTGCCATATTGCGGAGTCATCGTTC
 TCCGCTTTACTGACTAAGGCTGTCAAACAGCGTTGA

>SG9, 777 bp

ATGAACCAGTACGTGACGATAGAAGCGGATGAAATCGCGCGCTATGCGAGTGACGCGGTCTCGGTACACCCGGGC
 GCGGAGAACGTGGATATCGTTCTGCTGTGCGAACACGGTGGGCGGCGCATTCCGGCGGCTGGGATAATCTGGGT
 CTGCCGGAGGCCTTCTCGAAACCCATTTTTGCCAGGACCTCGGATCCAGGGACCTAACGCTGTGCGTTGCAAAA
 AAGCTTGGCGCAACGGCGATTGTCTCGAACTATTTCCCGCTTTTTCTTGATTACAACAGGAAAAAGCATGATCCC
 GGCTGCATTGACTCGATATTGGCGGAATTCGATTCCGGTAATCTGAACTGAACTGAAGCTGAACGGGATGTA
 CGTGAGCAAGTCGCTCGGCATCCGGTGGAAAAGGCCGCTCGCTGACTGGGTTGAGGGAGAGTCTCTAGGGCCAAG
 GCCATCATCTCAATTCCTTCTCGCCGCTCTGGGACAATACGTTCCCGCAGTTGCCAAGTCGGTGTAAATGTGG
 AAGCATGATGACAGGCTGCCGCTCCAGCTCATTAGGCCATCGGGCAACAGGATGTGTTTCGAGTGGCTGACAAAT
 GAACCTTATAGCTTCAAGGAAAACGACTGGTTCACTTTAGATCGCCATGGCATCTTGGTCGGAGTCCCTAACGCC
 TATATCGAGGTGAGAAATGATCTCATCCAGAATGCGGCTGCGATCGACAAAATGTCCGATATGCTGGCGAAGGCC
 ATTGAGCGGACGTGTCTAGCTTTCTAA

>SG10, 1455 bp

GTGACTTCCCTGGGTTGCGAGTACAAAATTCACGAAAGTTAATTTCTCGTTATAAAAAACAATCCGCAAGGAGACAAAC
 GTGACCGCCTTTAATGTCTTTTTCCCAATCGATGGTTCGAAAACGCTGGTGGGAAACACTTCCAGCGATGCAGAA
 GTGGCCGCTGCGCTCAATGCTGCCGAAACAGCATTCAAGACCTGGAAGCTGTCGTCCAAACTAGAACGCGCGCAG
 TTGGTTGAAGCTCTTGCAGGATGAACTGCTCAAGCGTGTGATGATTTGTCCCTGGCAGTCTCACTGTGCGATTGGA
 CGGCCTGCAGCGCAGGCAATGAGGCTCATCGGTTCAAGGCTGTAACACTGGCGCAGATTGAGGCGCTCGAAGAG
 CTTGACGACGAAAGATATCCTTCGGATGCACAGGTGACGCGTTTTGTGCGCCGGAACGGCCAAGGAGTACATCTT
 TCGATAGCTCCTTGGAACTACCCTGTGCGTCTGCTGCCCTGGCTGATCGTCACACCAATCCTTGGTGGCAATACA
 GTGATCTTGAAGCACGCCGCTCAGACAACCCTCATTGGGAGGATTGTCAAAGAGGCGTATGAGGCAATCGGTGGG
 CCTGCAGGGGTGCTCCAAGTGTCTTGGCTTGGTCAAGGCTGATGACAGGTTACAACGCTATCAAGTCCGGTGTGTCAA
 GGGGTGAACTTCAATCGGGTCAAGTCCGCGGCGGCTTCCCGTCCACGCAGCAGCGGCAGGCACTTTGACCCATGTC
 CATTGGAGCTTGGGGCAAGGATCCCGCCTATGTGACACCGGATGCAGATATTGCAACGGCAGCAGCCGAGATT
 GCCGACGGTTGTTTTCTAACGCCGCTCAATCCTGCTGTTCCGGTAGAGCGTATCTATCTGCACGAAGCGATTTCGA
 GATCCGTTCCCTCGAGTGTTCGCAACGAGATGCGGAAGTACAAGCTGGGGCACCCATGGATCCAGCAACCACG
 ATTGGCCCCGTCGTTAAGGCTTCGGCGGCAGATTTCAATTCGTAGCCAAATTCGTGGAGCCATCGCGATGGGGGCT
 CAGGCGTATGTAGAGCCTGGGCTGGAGTTTTCCGGTCGAGGACGCTTCTGCTACTTGGCCCCGACTCTTTTGACT
 GGCCTGACAGCCGAAATGAACATCATGCAGGAGGAGACTTTTTGGTCTGTGCGCTGCGTTCAGACGGTGTGCGGC
 GATGCAGAAGCTATTGCTTGTGATGAACGACAGCAAATACGGTCTGACCGCTAGTGTCTGGACGAGCGATCTCGAC
 TGTGGCCTTGGCTTAGCCGACAGCTCGATGCTGGCACGGTTTTTCGTCATCGTTGTGATCATGCTGATCTTTAC
 CTGCCCTGGGGTGGGCAAGCTCTCTGGCTTAGGCCGCGCAACGGGAAAGAGGGGCTTCTCGGGTTCATGGAC
 GCCAAGTCGTTCCACCTGAGAACGCTGTAA

>SG11, 879 bp

ATGCAGAAGGCACTCACGCACATGAATCTGCAGTTGCACCATGTGGTCCCGACATTACCGGTGCTACAGGCATG
 GGATCATCCGTGCGATTGTGCGCAGCGAGCGAAACGCTGCGACACTGGCAACCAGATATCCGCTGCAAGTCGAGC
 GTTGAGACCATCCAGGGTGCCTGGCTGGCAACTACCAGCCGAGCATGTCTTTGCTTTGGCGCAAGCGTTAGCC
 ATGTACGATGCCTATCAGGTACAGCTTGAATCTGCGATCAGCAGATTGCCAGAGCTTGCAGTGGCTCTCCCAG
 CAGAAGTCCCCGCCAGCGAGCCGCTACCAAAACCAGTCAACCGCACTCGGCAGCCGAATGCGCTCAACTTCGAC
 GTACGCACCTTGCTCTACCATCTGATTGGCGTGCACCTGACCCAGGTCCATGGCATCGGCCCTTACTTGGCGCTG
 CGCTTGGTGGCTGAGTGCAGTACTGACCTGAGTGCCTGGCGTACCGCTCATCACTTCACTTCCCTGGCTGACCCTG
 GCACCTGGCTGTGCGATCAGCGGCGGCAAGGTAATGTCAGCGCATACCGGTAAGACCAAGAACCAGGGTTACAGCG
 CACTTGGCGCTGGCCGCTGTGACCATCGGCAAAACGAATACGGCATTGGGGCGGCTCTACCGACGCTTGTCTGCG
 CGCATCGGCAAGGCCAAGGCAAGTACTGCTACCGCTCGAAAGATCGCCATCCTGTTCTACAACGCAATGCGCTTC
 GGCATGGCTTATCAGAATCCAGGTGCCGATCACTATGAGCGGAGGTATCGGGAACGTGCGGTAAGAGGGTTGTAC
 CGTCGAGCAGCCAAGTTTTGGATTACGCTACAGGTTGTGCAAGGTGTTTCTTAG

>SG12, 444 bp

ATGAAAAGTCCAGTTCCGAGCGTCATGGCCTGCCGTTATTTCATGACCGCGCAGCCGGCATCGACATCGGCTCG
 TGCTTCCATGTTGCGGCGGTGCCTGCCGACTTCACTGAAGAGCCAGTGCAAACCTTCAAGGCGTTTACCGCCGAC

TTGGAACGCATGGTCGATTGGCTGGTTCGATCTCGGGATCACCACAGTGGTGATGGAGTCGCCCGGGTGTATTGG
 ATTGCGGTCTACGAGATTCTGGAAACCCATGGCCTGCATGTTCGTGCTGGCCAATGCGCGGGATGCCACGCCGTT
 CCTGGGCGCAAACCGACGCTAACGATGCGCAATGGATCCAGCGCCTGCACCTCTGTGGCTTGTCTGCGTGCCAGC
 TTCCATCCTGATCGAGAGATCGCCGCGTTACGCAGTTATCTACGCTTTCGAGCACGCCACCTCGATTAG

>SG13, 318 bp

ATGAGCAGTAAGCGCAGAGGATTTCGACGCCAGCTTCAAGCTGCAAGTCGTTTTCAGATGGTTAGGGAGCAAGGTCTG
 GCCGTTCCCCAGATCTGCCGGGACATGGATCTTGGCGAGACGGCGGTTTCGCCGTTGGGTTTCAGCAGTACGAAGCG
 GAGCTATCCGGGACGCTTGGAAATAGGTAAGCCGCTGACACCCGAGCAGCAGCGGATCCGCCAACTCGAGGCCGAG
 AATCGTCAGCTGAAGCAGGATAACGATCTGTTAAAAAACCGCTTCCCCGGCGCTCCGCGCCCCATTGGGTTAGAA
 ACACGCCCACTACTACTGA

>SG14, 981 bp

ATGAGCAACACCAAAGAATATGACCTGGTAATTGTTGGGGCAGGCCCCATCGGCCTGTACGCAGCCTACTATGCT
 GGTTTTAGGGGGCTCAAACGGCGCTGTTTCGATGGCTTGGCGAGGTCGGCGGGCAGGTGGCGACAATGTATCCG
 GAGAAGCTGATCCACGATGTTGCGGGTTTTTTCGCCATCAAGGGGGGCGACTTCGTGAAAAACCTCTTGGAGCAG
 TCGCAGCGCCAGGATTACGACCTCTATCTCTGAGCTAATTGTCGGTCTGGAATACCTCTCGGACGACACCTAC
 AGCATCACGACCCGAGGAAATCATTACACCGCAAAGGCTGTGGTCATCGCCGCTGGTCTGGGGAAAGTGTACG
 CCACGTTTCGCTTCTGCTCTGGAAGAGGTCGACTCTCCAGCATCATGCATTTTCGTACCTGATCTGTTCGGTACTC
 GATGGAAATGATGTCGTAATTGCCGGTGGTGGCGATAGTGCCTGCGACTGGGCCATCGCTGCGGCACCCCGCGCC
 AAATCGGTCACTGTCATTCACCGTCGAGCCCGCTTTCGAGCCACGAAGCAAGTGTGAATGAGATGTACGAAAGC
 GGTGTGCGTGTGTTGTCGCGCGGGTGGAGGTTGCGGGCTACCACGAAGAAAATGGGCAGGAGTTTCTTGGAGCTTTGG
 AGTGGGGATAACAAAGAAATCCTGGGCTTCGACAGGTTTGAATGGCGCTGGGTTTCCACTCCGACTTAGGGCCG
 ATGGAGAGTTGGGGGCTCGGGATCGAAGGCTTTCGAATTCCTGTGAAGCCAAATATGGAAACCAATATGTCTCGC
 GTTTTTCGCCATCGGCGATGTGAGCGAGTACCCAGGCAAGGTGCGTCTGATTGCGGTTCGGTTTTGGCGAGGCGGCG
 ATCGCGGTGAATCACGCGGCTGCCGTAATTTTCGGCCGAACCTATCGGTGCTGCCAGCCATAGTACGAATGAGGTG
 AACTAA

>SG15, 1383 bp

ATGAACGAAGAAAACAATAAGCAAGTCTGAAACTCCAGGAGTTCATTGAGAAAACAATATCGACACGGTTAGG
 CTGGGTGCTGTTGATATAGATGGAGTCTGGCGCGGAAGCAAGTTCGGAGCAGAGTACTTTCTGAACAAAGCGGCT
 CTTGATGGAACCTCAGATCTCGAATATCTTGTGTTGGATGGGATGTCGCCGATCACCTTGTGATGGATTGGCGTTT
 ACTGGTTGGGATTCCGGGTATCCGGATATTGCTCTAATCCCTGATCTTTTACTCTCTCGCTGGTCCCTTGGCAG
 GCAAAAACCTGCATCCGTCCTTTGCGATATTTCAGCATCTCAATGGCCAGTTCGCTGAACCTTTCGCCCAGGAATCTC
 CTGCGCAAAGCAACCGAAAAGCAGAGCAGCTTGGCTACAAGTGCCACGCGGCTTACGAGTTTGGATTCTACCTT
 CTGAACGACTCTATTGGCAGTATTGCGGCAGATCAGTGGCGCAGCATTAAATCCAGTGGAAAAGAGTGGCCACTGC
 TACAGCATGCTCCATCACTCTAGTTCTTCGGACATCATAGGTGAAGTTCGCAAGTACATGCGTGATGCCGGGATC
 GTACTAGAGGGCGACGAACAGTGAACATGGCCCCGGCCAGTACGAGATCAACATTAAGTATGACGATGCCGCTCAA
 GCAGCGGATGACGCAATTTTTGTGAAAAACGGCATCAAGGAGATCGCTGCAAAGCATGGCATGACGGCGACCTTC
 ATGGCGAAGCCCAATGCAGAGTGGTCGGGTTTCGTCCGGTCATGTCCACATTAGTCTGTTCGAACTTAATAACAGGT
 GCCCAGCATTGCCAATCCCGAGAATCCTGCTGCGTGTGTCGGAGGTCGGTTATAACTTCTTCGAGGCATGGTT
 GAGCTTGCCAGAGAATTTTCGGCCATCTATCTGCCGAATATCAACTCCTACAAGCGGACGGCTGGCGCATCCTGG
 GCGGGTGGTAATTCGTCTTGGGGATTTCGACAACCCGACTGTGTCGCACCGTGCATCACATCAGCCGGCGCGGCC
 GCTCGGGTCGAGAACCAGGATCCCTGGTGCCGATACCAACCCCTTATCTGGTTATTGCGGCCAGCCTCTTGTGCGGT
 CTCTATGGCATCGAGAACAACTCAAGCCGAAAGACCCCACTCCTCGGTAACGCTTACAAGATTCGCCGAGGCTC
 GCACGTCGCTCGCGGCGTCATTGGAAGAGGCTACCAATATCTTCCGCGAGAGTGAATGGCAGAGTGTATTTC
 CCTAAAGAGTTTCGTTGAGCATTATTCCAGATGAAAGTTTGGGAGATCAAGCAGGCTAATGGTTTCGTGAATAAT
 TGGGAATTGGCGCGTTATCTCGACATTATCTGA

>SG16, 1161 bp

ATGAAAGACGTAAATGAAGTAGCAAGGAATTTTGGATTTTCATGGCGAGGCACTTGTGATGATATTTTCGACACTTAC
 TCCACGCTTTCGTATGGATGCCCTGTGGGGCGCAGTGAAGACTACGGTGGTTTCTGGTTTCTAACCAGAGTGC
 GATATTTTCGCTGCGGAACAGGATCCGGAGGCCTTCTCGGTATATCCCTCTATGATGGTTCCGTCGGTTTCGGAG
 GGGATTTCAGCTTCTCCGATTGATATCGACCCGCCGGAGCATAACCGCTTACCGCCGATTTCTCTGCCGCTGTTTC
 ACGCCGCAAGAGCTGAAGAACTCGAGCAGCCTATTTCGGGATACGGCGCGGAAATTTGGCCGAGGAATTCGCCAAG
 GAGGGCTCTGGTGGCGATGCGTCCCTACCATTATTCTCGGCCGCTTCCAACAATCATTTTTAGTCGCCTTGCAGGT
 TACCCTGAGCAGGATTGGCCGAAATTCGATAAATGGGTTGACGACATCATTTATGAGCGAGTCGAAAAGCCGGAA
 GTCGCAAATCAGGCCAGTAAAGATGTGTTTCAGCTATTTTGGAGAACCTGCTCGATAACTGGAAAGATGACAGTGC
 TCGGCCAATTTGATCGACTATCTCTGCCGCGCAAGATCAATGGTTCGCCGCTCACCAGAGACGAGTTGCTGCGC
 TATTGCTATCTCCTCTTCTGGCTGGTCTGGATAACCACTGCTTGGTCTATCCGAGCTGGTCTTTGGTATCTCGCA
 AACAATCCAGCAGTACGAGCAGTACGAGCTACGCGATAACCCCTGATCTAATCCCGCTCGCTTGCAGAGGTTTCTGCGG
 ACTCTATCTCCAGTTTCAGGTAATGGCGCGTACTTGCCTGAAAGATACCGTTATTTCGCGATCAGGAGATCAAGGCG
 GGTGAGCGTGAATGCTCGTTTTTCGGTGTGGTAACCGAGACGAGGAAGTTTTCCCGAATCCGGATAAGATCGAT

ATTGAGCGCCAAGAAAACCGGCACCTGGCATTGCGGGTGGAAATTCATCGGTGCCTTGGCTCGAACCTTGGGCGT
 CGGAACTCGTTGTAGGTATTGAAGAGTTCCTGCGTGTGTTCCCCAGTTCAAACCCGAGATCCGTCCGAGAAA
 TGGCACGGTGTCCGACCCTTGAAGCTCGCTTTTTTAA

>SG17, 885 bp

ATGGAAAAGCTTAGAATTCTTATTTGCGATGGCAACACGGCAGCTGATCGAGCTTCTTTCAAGAAGTTTGTCCGA
 TATGCTCCAAGCAAACACTTTGAGCTGATGCTGAAGCGTTGCAGTTCACAAATACAGACGGATATTGCTTATCCG
 GCGGATCCGGATCCCCTTCGCGTGTCTCCACTTAGGGGCTTATGATGGAATTCCTTTACTGGCTCCAATTTCCAC
 ATATACAAGCAGGATCCAGGAGTCTTACGGCAAATAGAATTTGCCAAGGCGGCCTTTGAATCTGGTACTCCGATG
 TTCGGTGTGTTGCTGGGGATTGCAATTGGCAACTGTTGCCGAGGAGAAGTACTTCGAGTCGAGCTGCTGAT
 TGCGTGTGCGAGGCACCATTGCTTCGGGAGTTCAACTGACCGAACACGGATGTTCCCACCCCATGCATCAGTCA
 AGACCAGCTGAATTCGATGTTTTTTTCTTTTCAATTCCGATGAAGTCATTAGGCTCCCCTATGGAGCCATTGTGACG
 GCCCGCAATCGCAACTTCATTACAGGCTGTGAGATCCGGTATGGAAAATCCACGTTCTGGGGGGTTCAGTACCAT
 CCAGAGTTATCGGGGCTGGATCAGGCAGGATTCTTAGAGAGAGCGCAGGGGCACTCGTGGCGGATGGCCGTTAT
 GAGTCGCTTGAGCATGTGAGCACGCTGCACAAGCAATGTGCGCTTTTCAAGTGGAGTCGAAAATTTCCGAGGAG
 GATATGATTCAATTCGAAACCATCAACATGAATTCGTTTCGAGTTCAGACCACTCGAGATCTTAAATTTGGCTCACG
 CATCTCGTCATCCCAGCTGCCCAATGCAAGTTGGCGGTAGGGATGGAGCAAGGTGATTGA

>SG18, 1431 bp

ATGTCATCGCCTGTATCAGTACAACCTCAAGGGAAACCTTGGGCCGATTGGAATAGCCATGATGGTAGTTGCGACT
 GCAGCGCCATTGACTGTCATGGTAGGAGTGAGTCCGTTGATTATCGGGCTCGGAAAATGGCGCCGCGGCCCCATG
 AACGCTATCATCGTTGGCATTGTGATGCTTCTATTTGCCGTTGGTTTCGTCTCGATGTCGAAATATATTGAGAAC
 GCAGGAGCGTTCTACGCTTACATACTCAAAGGAATGGGTAGAGTAACTGGTTTGGGGGCGGCGTCACTCGCTGTG
 TTCTCTTATACGCTTATCTTGATCGCCCTTGGAGCCTATATCGGGGTGGTTTTGAGTGATGCGCTTTCGGACTT
 ATTAATGTAGAATTGCCTTGGTGGCTATACACTATTGGTGTGCTGCGTTCGTTGTTGGGGCTACTAGGTTATAGAAA
 ATTGAGGTGAGTACCAAGTACTTGGTGTGCGCTTATATTGAAAATTAGTGTGATTCTGCTCCTCAACCTGGCG
 GTGATCGGCTCCATTGGGTGGAATGGTTGGATTGAGATCCTTCAAGTCTCTACGTTCTCTGATCCCCCT
 GGCCTTGGTATTTTTGTTTCGCGATCTTCGGTTTCATCGGATTTGAGTCGACGGTAGTCTATCGCGAAGAGGCTAAA
 AATCCCCGAGCGTTTCGATCCCCTGGGCGACGTATATCGCAGTGATATTCATCTCACTTCTCTATTTTCGTTTCCATG
 TGGTGCCTGGTGAGCGCGGTAGGTGTGAGGATGTGGTTTCGTATATCTACAGAAAATGCTGAAGGGATGTATTTG
 GATCTGGTACTGGTTACTTGGGGGGGGGATGCATGATTTTGTCTCAGGTTTTGCTCATCACCAGTCTATTTGCG
 GTGGTGATTTTCGATTACAAATATTATCGCACGTTATAAATACGTCCTTGGTAGTTGCGGAGTGCTTATGGCGAAT
 CTCGCCAAGGTTTCATGCAACTCATTTCATCACCTTATGTTGCATCTGCAGTTCAGACCTTTATTTTCGGTAAGCCTT
 CTCCTAGCTGCCGCTCTTGTGGGGCTTGATCCTGTTACGGAGATTTACGCTTGGGGTGCCGCCCGGTACTTTG
 GGATATATGATCATCGTCTGCTTGGCCTGCCTTTTCGGTCAATTTGCTTCTTTGCTAAACATCCCGAAAGTAAGAAT
 GTCTGAAAACGAAGATTGCACCAGGACTTGCCTGAGGCTGATTGGATTTCATGTACATCGCGTTCAGCAAC
 TTGTCTGCACTGACCGGTAGTCAAGGATATGATGCGATTAATGTCACGATTGTCAGCTCGATTATCGTAGCGTTT
 GTTATCGGGAGCGGAGGCGCCGTGCTTATGAAGCTGAAAGCACCCAAGCGCTTTGATGCCATTCTGAGCCATATG
 AACTGA

>SG19, 1509 bp

ATGGAAAAAATACTACGAGTCTGTAGGCGCTACCTATTGGCGGAGCAGAGCTGAAAATGTTGAGTTTGGGGC
 CGATGTCTGATTGACGGGAAGTTAATTGAAGCCCATTTCGGACAAAACCTTTGACTGTGTGCCCTGTGGATGGG
 CGCGTCTGACGAAAGTAGCTGAAGGTGGAGAAGCTGATATCAACAAGGCTGTTGCTGCCGCCGGGCTGCCTTT
 CAAGACCGGCGTTGGGCGGGCAGTCGCCGATCTTCCGTAAACGCACGCTCCAAGCCTTTGCTGCGCTAATCCGC
 CTTTCATCGAGACGAATTGGCGCTCTTGGAAACGCTCGATATGGGGAAAACCCATTTTCAGCATCGCGGAGCGTTGAT
 GTCGAGGACAGTGGCGAACTGTTTCGATTGGTACGCTGAAGCCATCGATAAGCTATATGAGCAGATTGCCCGGACG
 GCTGAAAATGACTTGGCGCTTATAACCCGTGAACCGTTGGGTGTGGTCCGATCGTACCCTGGAACTTTCCC
 ATGCTCACCCTGCATGGAAGGTGGCACCAGCGCTGGCGACCGGAAATTCAGTAGTCTCAAGCCGGCCGAACAA
 TCGCCACTAACAGCCATTTCGTCTGGGCCAGTTGGCGCTAGAGGCAGGCATTCTGAGGGAGTGTCAACGTTGTG
 CCCGGATTTGGCCGGTCTGCCGGTAAGGCGCTTGCCTGTCACATGGATGTCGATGGCATTCTTCACTGGATCC
 ACGGCGACGGGACGACTGCTGACTGAGTACGCTGCAAAGACCAATCTGAAGAGGGTTTGTCTGGAACCTCGGGGGC
 AAGAGTCCAAATATCATTCTCGCCTCCTACGGTGACATTGAGAAAAGCAGCGGTGACCGCGCTGAGAGCATGTTT
 AACAATCAGGGGGAGGTATGCATTGCGCCCTCCCCTTGCATCGTTCGAGCGCTCGATCCACAAGCAGGTCGTTGAG
 ATTGTTGCCGAAATTGCTAGGCAGCGTCAGCCTGGGGATCCGCTTGCATCCGGCTACGCGTATTGGTGCTCTGGTA
 AATGCCCAGCATGCTGACCGCGTGTGGGCTTCATCGAACGGGCAAAGACGGACGGAGCCACGCTTGTGCGGGC
 GGGACGCGTGCCTTACCGGAAACCGGTGGTTCTTATGTGGTGCCGACAGTTTTTGAACAATGCTTCCAATGATATG
 GAGATCGCCCCTGAAGAAATTTTCGGTCCAGTGTGTCGGTGATTCTGTTTCCAGCGTGGACGAAGCAGTCTCA
 GTCGCCAACGATAGTCCCTATGGCCTTGGTGCAGGGGTGTGGACTGATAGTTTATCCGACGCACATAAGATATCC
 CGAAGCTGCGAGCAGGGGTTGTTTATGTCAATTGCTACAACGACTGTGACATAACTACCCCTTTTGGGGGGGTC
 AAGCAATCTGGCAATGGGAGGGATAAATCTCTTTATGCTCTTGTGTAATACACCGAACTGAAAACAACCTTGATT
 CGGCTGTAG

>SG20, 1116 bp

ATGAGCGATGTCGAAGCGCTGGTGCAGGTTGCGGTTTCGCAACCGCATCGGCCACCTTACCCTCAATAGACCGAAT
GGCTTGAATGCTCTGAGTCTGCTCTTGAACAGTTGTATGCCTGGGAACAGGATCCGTACATTCTCGCCGTGGTG
CTGCGCGCCACAGGGGAGAATGCCTTCTGTGGCGGCGACATTCACATGCGATACGACCGCCACCAGTTAGGCGGC
AAAAGGCATGAGATTTTCTCGCAGAGGAATATTCCCTCTGCGAATACATCCAAGCCTATCCCAAGCCTGTCTTG
GCACTGATGGATGGCTTCGTGCTCGGCGGATATATGGGGCTGGTTCAAGGCGCGTCACTGCGGGTGATCACTGGA
CAAGTGAAGATAGGCATGCCGGAAGTAGGCATCGGTTTCTTTCAAAGCGTCGGCGGTAGTTACTTCTGCCGCGC
TTGCCCGGCGAGTTAGGCATTTATCTGGGCATCACCGGATTGCAGGTGCGCGCCGCCGATGCGCTCTATGCACGC
CTAGCCGACTGGTGCCCTGCCAGAGAGCAGGTCGCTGAACTGGATCGCTGCCTAGATCAAATGAGCTGGACTGCG
CATCCACAGGAGGCCCTGCGTGCCGTGCTTGCACACTTTGCAGCAACAAGCTTCTAGGCTCGGAGCTCAAGGCT
TTACGTCCGGTCATCGACGCGTACTTCGCTCTGCCCGACTTGCCGTGATTTCGCACAGCACTGCTGGGGGAAAAC
CGCCCTGAGTTTCAAGATTGGGCTGAGGAAACTGTCAAGGTTCTTGACAGTCGCTCACCGCTGTCCAAGGCCGTT
ACCTTGAACTGCTGCGCTGCGGTGCAAGCTGTCCCTGGCCGACTGTTTCGCCCAAGAATTGCATCTGGGCTAC
CAGTGGCGTGACAAAGGCTACTTCATGGAGGGTGTGCATGCCTCGATCATCGACAGGAACGAGGCCCGGGCTCG
AATCCACCTACCCTGGAGGGGCGTGATCCCACACAGGCGCAAGCTATCTTCGCCGGCGTCAAGTCCGCGGCTGAA
AAAATCCGGCGCACGGTCAGAACTCCACAGAATAAGAGAGATGCTCAATGCACGAACTCGAACTGA

>SG21, 462 bp

ATGCACGAACTCGAACTGATTCTAGTGCAAGGCATGATCCGCGACGTTGCCTGTGCGGGCACCGTGCCTAAGGCC
CAACATATTTCAAAAAGTGCCTGCATTGTGATGCCCTGGTGCACAAAATGCGGGACCAGGGCATGTCGGTTTG
GTGGTTCCCGAACTAAGGGGCGGCAGCTATATCAATAACGTGCGCTATGCTCTGGTTCGAGGAGGGGACCTCTGTC
GGCAGTTCCGTGCGGCGGTTGACGTGTATTATAGTTCTGTGCTTGGCGCCTGGCCCTGAGTTTCGACACTCAG
GCAGTGAAGGGATTCTGGCTAACTGACTTGAACAACGGCCAGGCCATTGTGAGCTACTGCTTGGCCGAACCGCTG
GCCGGCTCCGCGACCCCAATCTGGGCCACTGCGCCGAGTTCCGCGATGGCCAATTGGTGCTAAATGGTGCCCGA
CCTCCTCTGTGA

>SG22, 1215 bp

ATGGCAGGACGGGACGGGTTAAAAGAAATTATTCACTGGAGACTTAAATTGCACATTGGTGTTCCTACTCGAGACC
CATGCCGGCGAAACGCGGGTTGCCGCGACGCTGAGACCATCAAGAAGCTGGTGAGCCAAGGCCACCAGGTCACC
GTGCAGAGCGGAGCTGGCATTAGCGCCAGCATTCCGGATGCGGCCTACCAGGCGGTGCGGTGCGTCCATTGGCAGC
GCCGCGCCGCTTGGGCGCCGATCTGGTGTGAAAGTGGTAGCGCCGACCGACGCCGAACTGGCCACATGAAA
GCCGCGCGGTGCTGGTGGCATGCTCAACCCGTTTCAACAACGAGACCATCGCGCGCATGGCCGCCCGCGGCATC
ACCGCCTTCGCCCTCGAGGCCGCGCCGCGTACCTCGCGCGCGCAGAGCCTGGATGTGCTGAGCTCGCAGGCCAAC
ATCGCCGGCTACAAGGCCGCTGCTGCTGGCCGCCACCCTACCCGCGCTTCATGCCGATGCTGATGACCGCCGCC
GGTACGGTGAAGGCCGCCGCGTGTGATCCTCGCGCCGGTGTGCGCCGGCTGCAGGCCATCGCCACGGCCAAG
CGCCTGGGTGCGGTGATCGAGGCCCTCGGACGTGCGTCCGGCGGTGAAGGAGCAGATCGAGTCGCTCGGCGCCAAG
TTCGTGACGCTGCCGTGTGAGACCGACGAGGAGCGCGAGTGCAGCGCAAGGCGTCGGCGGCTATGCGCGGCCGATG
CCGGCGTTCGTGGATGGCGCGTCAAGGCCAAGGCGGTGCACGAGCGCGCAAGCAGGCCGACATCGTCAACACC
GCGCTGATCCCGGGGCGCAAGGCACCGACCCTGCTGCACGAGGCCACCGTGGCCGAGATGAAACCGGGCTCGGTG
GTCATCGACCTGGCCGCGGCGCAAGGCGGCAACTGCCCGCTGACCGTGCAGGAGCAGGTGGTGGTGCAGCACGGC
GTGACCATCGTCGGCCACAGCAACCTGGCCGCGCTGGTGGCCGGCGATGCCTCGGCGCTGTATGCGCGCAACCTG
CTGGACTTCTCAAGCTGGTTCATCGACAAGGATGGCCAGTTCCACCTCAACCTCGAAGACGACATCGTCCGCCG
TGCCTGATGTGCACCGCGGTCAGTTCGTGCGTAGCAACGGCGCTCCCTCCGCGACCGCTGCTGCGCAACCGAG
AAAGAGAACGCATAA

>SG23, 318 bp

ATGGACCTGATTTCCGACGGCATCTACAACCTGATCATCTTCGTGCTGGCCATCTATGTTGGCTACCACGTGGTG
TGGAACGTACCCCGGCCCTGCACACCCCGCTGATGGCGGTGACCAACCGGATTTCCGCGATCGTCATCGTCGGC
GCCATGCTGGCCGCGGCGCTGACCGTGAACCCGCTGGGCAAGACCATGGGCACCCCTGGCCGTGGCCCTGGCCGCG
GTCAACGTGTTCCGCGGCTTCTGGTTACCCGGCGCATGCTGGAAATGTTCAAGAAGAAAAGCGCCGAAAGCCGT
GCAGTGGAGAAGCATTGA

>SG24, 1464 bp

ATGAGCATGAACCTGATCACTGTTCTCTACCTGGTGCCTCGATCTGCTTTATCCAGGCGCTCAAGGGCCTGTGCG
CACCCGACCAGTTTCGCGGCGCGGCAACCTGTTTCGGCATGCTCGGCATGGCCCTGGCCATCGCCACCACCGTCCGGC
CTGATCTACAAGCTCGGTGCGCTCTCTTTGAAAGACGGGGGCGCCACCCAGGGCATCGGCTACGTGCTGGTCCGGT
CTGCTGGTTCGGCGGACCCGCCGGCTCGATCATGGCCAAGCGCGTGGAAATGACCAAGATGCCCGAGCTGGTCCGCC
TTCATGCACAGCATGATCGGCCTGGCCGCGGTATTTCATCGCCATCGCCGCGGTGGTTCGAGCCGAGTCGCTGGGC
ATAGTCGCGGCGCTGGGTGATGCGATTCCGGCCGGTAACCGTCTGGAATGTTCTCGGCGCGGCCATCGGCGCC
ATCACCTTCTCCGGTTCGGTGTGCTTCCGCAAGCTGTGCGGCGGCTCTGTATTTGGCAGGAAGTTCCGCCTG
TTCCAGGGCGCGCCGGTGCAGTTCAAGGGCCAGCACTGGATCAACCTGGCGGTCGGCCCTGGCGATCCTCGGCCTG
GGTCTGCACTTACCTTCAGCGGCGAGCCTGAGCGCTTCGCCATCCTGCTGGCCCTGGCCCTTCGTATCGGCGTG
CTGATCATCATCCCGATCGGCGGCGCCGACATGCCGGTAGTGGTGTGATGCTCAACAGCTACTCGGGCTGGGCG

GCGGCGGGTATCGGCTTCTCGCTGAACAACCTCGATGCTGATCATCGCCGGCAGCCTGGTTCGGTTCTCGGGTGC
 ATCCTCTCCTACATCATGTGCAAGGCGATGAACCGCTCGTTCTTCAACGTGATCCTCGGCGGTTTCGGCGGCGCG
 ACTGAAGCGGGCCGGCCCCGCCGGTGGCCAGGAAGCGCGCCCGGTTAAGTCCGGCTCGAGCGACGACGCCGCCCTTC
 CTGCTGACCAACGCCGACACCGTGATCATCGTTCCGGGTTACGGCTGGCGGTGCCCCGTGCCAGCACGCGCTG
 ATGGAACGGCGGAGAAGCTGACCCACCGTGGCGTACCGTGAAGTACGCGATCCACCCGGTGGCCGGGCGCATG
 CCGGGGCACATGAACGTGCTGCTGGCCGAGGCCGAAGTGCCTTACGAGCAGGTGTTGAGATGGACGACATCAAC
 TCCGAGTTCGGCCAGGCCGACGTGGTGTGGTGTGCTCGGCGCAACGACGTGGTCAATCCGGCGGCGAAGAAGCAT
 CCGAAGTCGCCGATCGCCGGCATGCCGATCCTCGAGGCCTACAAGGCCAAGACCGTGATCGTCAACAAGCGCTCG
 ATGGCCAGCGGCTACGCCGGCCTGGACAACGAACGTGTTCTACCTGGACAAGACCATGATGGTCTTCGGCGACGCC
 AAGAAGGTCATCGAGGACATGGTCAAGGCCGTCGACTGA

>SG25, 99 bp

ATGTTACCCATGGGCTTCGGCTACGCCGAAGGCGTTACCCGTGACTACGAGCGTCCCGGCACAACCCTGTTTGCT
 GCACTGAACGTGCTCAGTGGCTAA

>SG26, 546 bp

GTGTCTATTGAGAGTGAAATCAGAAATCAGCGCAACTTGAAGGGGATCAGCCTCAGGTCGTTGCCCGTGAGCTT
 GGCATTTTCGGCCTCACAATTGTCCAAAATTGAGACCGGCAAAGCCAAGCTCACGGTTTCGGTTCGCTCTCAAGATC
 GCAGATATCCTGCAGGTTCCAGCATCAAAATTCCTTTCCACAGGCCAAACCCCAAGCGACGGGGCGACGAACCATT
 ACCTGGAAGCAATCCGGCGACGCTCAGAATACACCAGGCATGCACCTTGAAAGCCTGTGTTCGGACTTCAAAGAA
 GATCACAATTTGTACTGGAACGTGACAGTAACTGCATCCAACCTTGACGAAGTTGGAGGATGGAGGCAGCATCCT
 GGACAAGAATTCATCTTTGTGCTTTTCAGGTAAGCTACAGCTGCTCAGCGCTTATTACGACCTGTGACACTGGGT
 GCGGGCGACAGCATTTTATTTCGACTCAGAGCAGCCACATGCCTACGTAGCGGTAGATGGCCCTGTAAATGTCCCTG
 ATGGTTAATACGGTCATTTAA

>SG27, 753 bp

ATGATCAAATACGACTTCACTGGTTCGCGTAGCCGTCATCACCGGTGCCGGCGGCGCATGGCCCTGGCGCTTTC
 CTGAAAATGCTCGAAGCCGGTTCGCTCCGTGCTAGCGATCGACGTGAAGGGAAAGCCGGCAGAGCTGGAAGCAAGC
 GACAAGCTCATCTATGCACAAGGTGACCTGACTGACATGCGCTTCGTGAGCGAGGCGGTAGGTGCTGCCCTCAAT
 AAGTTCGGCCGTATCGACTACCTGGCCAACATCGCCGGGCTACTCTGGTTCGGTAAGGACGTATCGTTGCTCGAC
 ATCGACCTCGACATTTGGGACAAGGTGATGAAATCGACCTAAAATCCCTAGTCCACACCATTTCGCGCAGCAGTC
 CCCTACATGCGGAAATCGGGTGGCGGTTTCGATGGTGCATTTCTCCACAGTACAATGCCTGCGTGGCGATACCGCT
 CCGCAGGACGCCTATGCGGCATCGAAAGCCGGTATCCCCGCAATTTCCAAGTCGATCGCCATGCAACTCGCCGCT
 GAAGGCATCCGCTCCAACACCATTTATCCCGGCATCACCCAAACCCCATGCAGGCGCGCTGGGATACCGCGGAT
 AAGGTCAAGAATGCCGGTACTACGTTCCGATGGGGCGGCTAGGTGCTGCTGACGATATGGCAAATGCCGCCATG
 TTCCTGCTCTCCGATGCAGCCTCCTACATCACCGGTACCGACCTCATCGTCGACGGCGGTCTGATGCTCAAATAT
 TGA

>SG28, 753 bp

ATGCCAAGGCCAGTTGTTGCCATGCCCGCATGTATTTCGTGAGTTGGAAAATACGGCTTGGCACTGCGCACAAACT
 CAATATGTTTCGCGCGGTAACCAAGGTCGCCAACCTCATGACGCTAATCGTTCCCGCACTCGTCGAGGGCAATGAT
 GTCGATGCCCTGCTCGACCGCGTCGACGGACTCATCGTGAGCGGATCGGCAACAAATGTTTCATCCGTCGCTCTAT
 GCGGAAGCGCGCAGAAGAGAACGATGGGCGGTTTGTAGCAGGCGCGCATGCAACCAGCATCCATCTTATCCGCGCC
 GCCATTGAACCGGGATGCCACTGCTTGCATGCTGCCGGGCAATACAGGAGCTGAACGTCGACTAGCGGGCAGC
 CTCGGCCGAGACATCCACGAAAATTGGGGCATTTCGATCATAGGTCGCCGGAAGTTCTCGCGACGATCGATTTC
 GCTATTCGCCATTCCATTTCCATCGAGGAAGGCAGCTGCATCGCCCGGGTGTAGGTGCCAATAAAGCCATGGTC
 AATTCGCTGCATCGGCAGGCAATTGAGCGCCTGGCTCCCGCCTTGTCGTCGAGGCTAGAGCCGAAGATGGCAG
 ATCGAGGCCGTTTCAGTCAAAGACGCACGTGGCTTTGCCTTGGGCGTCCAGTGGCATCCCGAATATTGGGCAGAA
 ACCGACAGCTCCTCGCAGAAGCTGCTCGAAGCATTCCGAGATGCAGTGCCTAGCTATCAGAAAAGCAAAAGCCACC
 TAA

>SG29, 1041 bp

ATGCGCGCAGCCGTCTATGAATCATTCAGGGCAAATTAACCGTTCAGACCATGCCGGATCCGGAACCCAGCGAG
 TTCGGTTCGGTTCATCGAGGTCAAGGCGAGTGGCATCTGTGCAAGTGATTGGCACGGTTGGGTTCGGGACGACACT
 GATATCGTGTGCCGATGTACCCGGTTCATGAGTTTCGCTGGCGTTGTCGCTGCCGTGCGGCGTGGTGTAAACGAAG
 TGGAAGGTGGGTGATCGCGTACCATGCCCTTCATGGGCGTATGTGGTTTCATGCGGAGAAATGCTCGTCAGGTAAC
 GAGCAAATGTGCGATCACCGATTCCAGCCGGGCTTCAAGCACTGGGGCTCGTTTTCGCAATATGTTGCTATCGAT
 ATGGCAGATCGCAATCTGGTTGCGCTGCCGGAGGCAGTCGCTTTCAGTACGGCCGCTGGGCTAGGCTGCCGCTTC
 GCCACCTCCTTCCGCGCCATGGCCTTCCAAGCACGGATCGAACCCGGCCAGTGGGTTCGCCGTGCACGGCTGCGGC
 GCGTGGCCTATCGCGATAATGATTGCCGAGGCACTTGGTCCAATACCATCGTATCGACATTGCGGATGAC
 AAGCTGGAACCTGGCTCGCGCTCGGCGCTGCCAGGACAATCAATGCCAGGCAGGTCGACAATGTAGCAAGTGTCT
 ATAGCCGATTTGACCGGCGGCGGCACATGTGTGCGTTCGATGCGCTGGGTAGTGTGTGACCTGCAGAAACTCT
 ATTGAAAGCCTTAGGAAGAGGGGAAGCATCTTCAGGTCGGTCTGCTGGCCGGCGATCAGGCTTCGCCGGCTATT

CCCATGGGACGCGTCTGTGCTCAAAGAACTCCAACCTCTTGGGCAGCTATGGCCTGCAGCCGCACAAATACGGCGAC
 ATGCTGGCCATGATTGAGGCCGGTAAGTTAAAGCCTGAAAAGTTGATCGGGCGGACCGTTACTCTGGAAGAGGCT
 ACAACCATTTTGCCGAAGATGGATAGTTTCCAAGAACGAGGGGTGGCGATCATTGATCGTTTTTAA

>SG30, 1308 bp

ATGACAGCACTGATCTCATCCTCCAATTATCCACTTCCGGTCTTACCATGCTCGCGGAGTCTTCATCTATGAC
 GACTCAGGCAAGAGCTATATAGACGGATCGGGCGGGCAATGACAGTTTCGATTGGCCATGGTGTGCCGGAAGTT
 CTGTCTGCCATGAGTCGCCAGGCGCAGCAAGTCTGTTTCACTTATCGGACACATTTTACGAGCACCGCTGCAGAG
 GAATTGGCGAAAGAAATAGTGGCGCTAGCGCCCGCGATTGAAACAAGGTCTTCTTTGTTAATAGCGGATCTGAA
 GCGACCGAGCTCTCCATGCGAACTGCCATTCAATACTGGCAGGCGCGGGCCAACCGACGAAGCAAAAACTCTG
 GGTGAGCCATCAGCTATCACGGAATGACAATGGGCTCATTGTGATGTGCGGGCACGCTGCGCGCCGCGCGGAC
 TACTCAAACCTGCTCCATCAATTTGCCGTTGCGCCGCCCGCTACGCCATATCGCTTCGAAAGTGCCAAATGATGGC
 ACGTTCCGGTGCCTGCGTCTGGGAGAAAATCATTACAGGAGCAAGGTGCGGACACCATTGCAGCTGTGATCGTAGAG
 CCCATAGTAGGCGCGGCTGGGGGAGCATTGACGCCACCGATTGGATACCTAAAAAGCTCTACGTGAAATCTGTGAT
 CGGCACAGTATCCTGCTTATATCCGACGAAGTGTATCACAGGTATGGGCCGTACAGGGACGTGGTTCCGGTGCAG
 CACGATGGGATCGTTTCTGACATCATCGCAACAGGGAAGGGTATGAGTTCCGGCTACACTCCAATGGGCGGTGTG
 ATAATTCGCGACGGCATAATGGAAGCACTGGGAGAGAGGGTAAAGCTATTCCGCCACACCTTCAGTGCCAACCCG
 CTGAGCGCAGCGACGTGCTTGGCTGTGATCCGCTACATGAAGGAGCACGCGATCCTTGACAACGTTGCAGCGCGG
 TCGGTTTCAGCTTGAATCTGGGCTGAAGGATCTTTCCGGTACGTTATCCTTGGATGGCCGATGTGCGCGGGCGCGG
 CTTCTCTGGGGCTTCGAGTTTCGTCAAGGACGCCACTACGAAGGAGCCGATTGACGCGGCTCGGCAACCGAACCTG
 CGTTTCGCGCAGCACTGCTTCGATGCTGGTCTCATTGCTTACCCGGCCGGCATAGCGCCGCTCAATAACTCGGCA
 CTCCTCGCCCCGCCCTTGTCTATCTCGGCCAGCGAAAAGTGGAGGCTGCTGTCCCGCTTGAAAATCGGTTCTGCAG
 AGATTTGGTAACGAAATGGGTCTCCCGGCATAA

>SG31, 486 bp

GTGCACAGCGTCTGGATACGGCGGCCAACGTGGCCGATGCCAGCCGGATCAACAAGCTGCTGCACGGCGAGGAG
 AATGTGGCCTGTCCCGATGCGCGCTACACCGGGACGGAGAAACGTCGCCGAGCATGAAAGCCGTGAGGTCATTTGG
 CTGATCGCCGCCCGCCGACACTTACAAGCAGTTGAACAAGCGTAGCGCGCTGGACAAGGTCAAGCGCAAGATC
 GAGAAGGCCAAAGGGACAGGCCACGGTGAACAGCTGTTCCGAGTGATCAAGCGGCAGTTCGGCTACGTGAGGTC
 CCGCTTCCGGGGCCTGGCGAAGAACACCGCGCAACTGGTCATCTTGTTCGCCCTGTGAACTTATGGATGACACG
 TCAGCACTCGCTGGCCGACACAGGAGATGTGCGCCTGTAAAACGCGAAAACCCGGTCAAAAAACCGGGTTTCTGCG
 TTAATCGGAGGCAGTTGTGAAACCGAGCCCCAGTGA

>SG32, 264 bp

ATGAAGCAAATGACCTTACCAGATGCCGAGTACGCCGGCAAGCGCAAGCAGACCCGCAAAAAGTTGTTTCTGATC
 GAGATGGATTCCCATGAATATGAACAGCGTGGAGCACGAGGGGCTGCCGATCATTATTTACGTGTACCTGAGT
 CAACATCGGCTCACGGTTTTCATGTGGTTGCGATGCAAGTGTGATCTCGCCAAGAAGCGAGCTCAGAGCTTGCA
 ACGTTTTACCGCCGACCTAGAGGGTATGCCCGCTGGTTGA

>SG33, 981 bp

ATGAAGCAGATGACCTTCGCCGACGCCGAGTACGCTGGCAAGCGCAAGCAAACCCGCAAGGAGTTGTTTCTGATC
 GAGATGGATCGGGTGGTGCCTGGAAGGGCTTGATTGCTTTGATCGAGCCACATATCCGAAAGGTGAAGGTGGC
 CGTCCGGCTACCCCTTGATGGCGATGCTGCTGCTGTCATCTGCTGCAGAACTGGTTCCGGCTACAGCGATCCAGCG
 ATGGAGGAAGCGCTGTACGAAACCACGATCCTGCGCCAGTTTGGCCGGCTGAACTGGAGCGCATCCCCGACGAA
 ACCACCAATTCTCAACTTCCGCCGCTTGTGAGAAACACGAGCTGGCGCCGGCATCCTCGTGTATCAATGGC
 TATCTGGGCGACCGCGCCTGTGCTGCGCCAGGGCACCATCGTGCATGCAACGCTGATCAATGCGCCAGTTCCG
 ACCAAGAACAAGGACGGCAAGCGCGACCCGAAAATGCACCAGACCAAGAAGGGAAAACAGTATTTATTTTGGCATG
 AAGGCCACATCGGCGCCGATGACGAATCGGGTCTGGTGCACAGCGTAGTGGGCACGGCGGCAATGTGGCGGAT
 GTCACCCAGGTGGACAAATGCTGCATGGCGACGAAAACGTGGTCTGCGCCGATGCAGGCTACACCGGTGTGCGAA
 AAGCGGCCCGAGCATGAAGGACGTGAAGTTATCTGGCAGGTGGCGGCACGCCGAGCACCTACAAAAAACTCGAT
 AAGCGCAGCGTGTGTACAAAGCCAAGCGCAAGATTGAAAAGGCCAAGGCTCAGGTGCGCGCAAGGTGAGCAT
 CCGTTCCGGGTAATCAAGCGCCAGTTCCGGTTACACCAAGGTGCGCTTTCGCGGCTTGCCAAAAACACGGCGCAA
 CTGGTGACACTGTTGCTCTGTGCAACCTGTGGATGGCGCGCCGACATTTACTGACGAATGCAGGAGAGGTGCGC
 CTGTAA

>SG34, 183 bp

ATGAATACGCTGCAAACAGGCCAAATCCCGCGGCCAGCGCTGCTCGTTTTAGCGATATACCTTGACATCCCAATC
 TACTCATTAGCGCAACCTCTTTTTATTCTTATTTTGCATCTAGAATATTTGACCAAAAGGCCAGATGCATCTTTC
 AATCTCTTTACGGAAAGTATAATCAGCGTCTAG

>SG35, 465 bp

GTGCGGCAGATGATGCCGCCCTTGAACCGGACGGTGCCGGAGCTGGTGAAGCGACAGGCATTACTGATGCCACC
 CTGTATGCTTGGCGCAAACAGGCCAGAGCAGCGGGAGCAGTGGTGGCCGGGAGATGGACAGCAGGCCGACCAGTGG

TCGAGCCAGGACAAGTTTCGGGTGGTGTCTGGAAAGCGCCAGCCTCAATGCGGCTGAGCTGGCGGAGTACTGCCGG
 CGAAAGGCCTGTATGTTCGAGCAGATCAACGCCTGGCGCGAAGCCTGCGAGCAGGCCAACAGCCTGGCTCAGCCG
 AGCAAGACCCGGCGCGAAGCGAAGAGGAAAAGGCCGCGAAGAAGCGCATCAAGCAGCTGGAGCGTGAAC TGCGG
 CGCAAGGATGCGGCGCTGGCAGAAAACCGCGCTCTGCTGGTGTTCGCAAAAAAAGCCGAGGCGCTCTGGGGGAAG
 GACGAGGACGAATGA

>SG36, 1050 bp

ATGATCAGCGCCCCGGATCGCCGTGAAACGCTGCAGTTGATCGAGGACGCCGTGGCGGTGGGAGCGCGGCGGGCG
 CAGGCCTGCGCCGAACCTGGGCTGTCTGCTGCGCAGCCTGCAGCGCTGGCAGCACTGCCCGGAGGATCGGCGTCTCT
 TCGGCACTGCGAGCGGCACCCGGCCAACAAGCTGAGTCCGCAAGAGCGCCCGCGTGTGGAGGTGCCAACCCAG
 CCCGAGTTTGCCAGCCTGCCGCCGAGCAGATCGTGGCGCGGCTGGCCGATCAGGGCACCTGGCTGGCTCGGAG
 TCGACCTTCTACCGGGTGTGAAGGACGCCGAACAGCAGCATCCGCGCGGCCGTAGCCGCCACCCTGGTGAACGA
 GCGCTGACGACCCATGTGGCCGACGGCCGAACCAGCTGTGGTGTCTGGGACATCACCTGGCTACCGACCACGGTC
 AAGGGCCGTTACTTCTACTGGTACATGATCAAGGACGTCTACAGCCGAAGCTGGTGGCCAACGAGGTGCATGAA
 AGTGAAAGCGCCGAGCAGGCCGCCAGCTGCTACGCCAGGCCTGCCTACGTGAACAGCGGGCAGGCCAGCCGCTG
 GTACTGCACTCGGACAACGGCAGCGCGATGAAGGGCTCGACCATGCTGGCGGCCATGCAGAACCTGGGTGTGATG
 CCCTCGTTCAGCCGCCCGGGTGAGCAATGACAACGCCTATGCCGAGGCCCGGTCCGACGGCGAAGTACTGC
 CCGCTGTGGCCGGAGCGGCCCTTCGACACGCTGGAGCAGGCCAGAACTGGGTGAACCGCTTCGTGGCTGGTAC
 AACCATGAGCATCGCCACAGCGCCCTGAAGTTCGTGACCCGGCGCAGCGACATAACCGCCAGCGGAAGAGTTG
 CTGCGCAAGCGTATCGAGCTGTACGAGGCGGCGCGTGCACGGCACCCGGAGCGCTGGAGCGGCAACATCAGGAAC
 TGGGTGCTGGCACCAATCGTGTGCCTGAACCCGGAGCGGGAAGCGGTACTGCAGCAAACATCAAAGGCAGCGTGA

>SG37, 180 bp

ATGTGGTGTGATTTTATAGAGTTAATGCTGGCGAGATCTGAAAGTATTGAATTGTTTATGGCTGTTTTTAGGGTT
 GGTAGTTCTTGGCCCGGGTTATCGAAATTTGGCCCATGACCTACTTTTTTGATTGGTATTTAAAGACGAAAATT
 GCGGTAACAATTAATTTTCCGGTGGAGTAG

>SG38, 771 bp

ATGAAAATTCGCCAAATCAGAAATGCCACCTTAGTTATCGAGTACGGCGGCAAGAAGTTTCTTATAGATCCTTGG
 TTGGCCGAAAAGGGAGCCTACCCCGGTTTTGGCGGGACGCTGAACAGTCACTGCGTAACCCGACTGCTGACTTG
 GTCGTACCGATGGAAGAGATTGTTAATGTTGACGCCGTCATTCTGACACACGATCACCCCGATCACTGGGACGAA
 GTCGCTGCCAATGCCATTCCGAAGGATAAACCTTTCTTTGTTGATTCGCTGATCGTGAATCTATTCGTCGT
 GCAGGATTTACCGATGTCCGTGTCTTACCAGAAACCCGGAGTTCGAAGGGGTAAAACTGATCAAGACTCCAGGC
 CAGCATGGCTCTGATGAAGGCGTACAAGCAGCTTACGACCTGTTGCTTGAATATCCGGGGTGGTGTTTAAGCAT
 TCGGATGAAAAGACGCTCTACATTGCGGGGGACACTATCTGGAACCAATATGTCGAGGCCAACCTGAAGGAATAT
 AAACCGGACGTAATTATATTGAATGCGGGCGACGCGCAGGTGCCGCAATACGGCAACATTTATCATGAACAAGGAA
 GATGTGTTGTCCGTTTGTACTGCCGCACCCGAGGCCGTCGTAATTGCGAGCCATATGGAGTCGGTGAACCACGCC
 ATGTTGACCAGAACAGAGTTGAGAGGCTTTCTAAAAGAAAATGGTATGTCCAGTCGCGTACTCATCCCTGAGGAT
 GGTGAGACTTTTTGCTCTCTAA

>SG39, 411 bp

ATGTCAATTGAAGCTAACAAAAAGATAGCGCAGCAATTCTACGATGCGATCAATGCCGCGAAAATTCGACGCGCTC
 TATGATCTTTGTAGTGAGGACTTCGTATTTTACAATCAGGTCGATACGCCCTCATCAAGGTGTCGACGGATTCATT
 AACGCCGAGAAGCGGAATTTGACGCGTTTGTAGTCGTTTAGGTTTCCATTGAGTGTATGGTGGCTGAAGATGAC
 AAAGTTGCCGTTTATTTGATCTTTGAACCTTCCGGACAAAAGAAGGAATGCTTGGGGGTTCACCTTCGGGAAAAG
 GGGTGCCGAATCTCCGTTTTCTGCCTTTTGACTATTGTCAACGGTAAAATTTGTTGAGAAGAGAGCGCATTTTCGAT
 GTGGCTGATATTCGGCGACAGCTTTCTGAGGTTTGA

>SG40, 999 bp

ATGAAAGTCCAAAGCGAAAACCTGTGGTCAAGCAGGCTCCAAAGACGGATCCTTGCCAATAGTAGCCGTCGTGGCC
 TGTGATGAATTTGCTCCTTATCAGCTCTCAGTGCCCTGCATTGTTTTTGGGAATTTCTTGCCAGATGTCGACCTA
 TTCGACCTTCGTATTTGTTCCGGTGGAAACCCGCATCCTTAATCCAACCTTCGGGCTGCAAATGATACACGTTAT
 GGCCTAGACGTTCTAGAGATAGCCGATATTATCGTAATACCTTTCTGGCGCGACCCTGCGGAAAAACCACAAGTC
 GCTCTGCTAGACGCGCTGGTATCGGCTCACGAACCGGTCGAACGATCGTTGGGCTTTGCCTTGGCGGATATGTG
 CTGGCCTATGCGGGTCTTCTTAACAACCCGAGTGCTTCGACTCACTGGGAAGTTGAAGGCGACTTCACGGCCCGG
 TTTCCCGATGTGAAATTTGACCCCTAACCGCGCTTTATGTCGACGATGATGGGCTCATTACCTCGGCTGGAACGGGC
 GCAGGCCTCGACTGCTGCTTACATATCGTACGCCAGATCTATGGAAGTAACATAGCCAACCGAGTTGCCCCAACGC
 ATGGTCATCCACCATAACCGTGAAGGCAGGCAAGTTCAGTTCATTGAACAGCCAATTCGGGCATCCAACAGGGAC
 ACAACGATTGTCAACCTTCTTGATTACCTGTGTGAAACCTGTCAGAAAAGCATGACCTAGATACACTCGCGGAA
 CGATCAGGGATGAGCCGTCGCACCTTACCAGACACTTCTCAAGTCCACCGGTTTATCTTTAGGGGATTGGCTG
 ATGATACAGCGATTGCAACGCAGCCAGGAACCTACTGAAACCACCTCACACGGTGTGAGAGAATTCGGGAAATG
 GTCGGCTTTCAATCGGCTTGTACGCTGAGGCAGCATTTTAAAGAAGGAATACGGAATTTCTCCAAGGGAATGGCGA
 AAGAATATTCAGACTATTTCTTAA

>SG41, 489 bp

GTGCGGACCGGGCGGCTCGACGAACTCGTGTGGCAGCAAGTCGTCGCGCTGCTGGCCCATCCTGACCGACTGAAG
ACCGAGTACCAACGCCGCTGGACGTTCTCGAGCAGACCGAAAGGGAGAGTGCCGATACGGCGGCGCTGGAGCGA
CAGAAGCTCCATCTGGAGAAAGGCAAGTCACGGCTCATTGACAGCTATGCGGAAGGGGTGATCGATAAAGCGGAC
TTCGATCCGAAGATCCGGCAACTGAAGATCAAGCTCGAACAGATCGAGCATCAGATCGAAGAGTCCCGGCGTAC
GAGGCGGGACAATTCGAGCTGTTTCTCGTGATCAATCGTCTCGAAGAATTTGCCGCGCCGTCAATGGCCGATTG
AGCATGATCGACTTCGCCACGAAACGGGAGATCATCCGCGCGCTGGTAAAACGCATAGAGATCCACAAAGAAGAA
ATCATCGTCTGCTTTTCGAGGCAGGCGCCGAATGTGA

>SG42, 393 bp

GTGACTGGAGGGTTCGTGGACGGGGTGATCAATGCCGGCCAATTGTTGATTGCGGAATGGGCCAGACTTGATGGG
CCGAGCGGTGCCGGCGACAAGGCGGAAGTGGATGTGAAAATCGAGCAGCAACTCCGTCGCGAGTTGTTGCAACTA
CTGGATTGCGACGTTTGGGGTGAGGAGACCGGCCATGTCTCGCAGGGAGCCAGTGGTGTGGGGCATCGACCCCT
AACGACGGCACCAGCGACTTCCTCAAACGTCTGAAAGGTTTCGGCTATCTCGGTTGGTTTGATGGGCAATGCTGTC
CCGGTGTGGGCGTGGCATATTCGCCGGTAAATACTGCCTCCGGCTCGGACCGCATTGCGTGGGCAGAAGGGCTG
CCTGGCCTGGGCAACTGA

>SG43, 516 bp

ATGAGCGATATAATCTGGCCGCGAGGCTACGTACCGGGGTTACCGGAGAACTTCTGCTCCAACGAGGTCATAGTC
GCCGGCTTGAGTGTGGCCGAGCTGTGGCCACTGCTGAATTTGCCAGCGATGTGGTCGACCTACTACGCCAACTCC
TCGGACATCAGTTTCTACGACGATAAAGGCCCGGAGCTGGAACAAGGTGTGCGCTTTTTCTTCAAGACCTTCGGT
TTCCCGGTGCAAGCCCAAGTGGTTCGAGCACTTCGCCTCGGTACCGGGCCAGCCGGCGCGCCTGGCCTGGCACGGC
AGGGCGGGAGAAGAAGGTAGCGACGAGCGCCTGGACGTGCACCACGCCTGGTGTGCTGGAAGACCTCTCGGCTGGA
CGAGTGCGCATCCTCACCCAGGAGACGCAGAAAGGTAAGCCAGCCGAGCTCTGGCCAACGACCCGAGCAACCCG
ATGATCAACGGTCAACCAGGCTTGGCTCAACGGCATGGTTCGAGGCCGCGCGCAAAGCCAAGGCATGA

>SG44, 1803 bp

ATGCTCTCGCTGCTCCAGCGCAAACGGGTATCACCAACCGCCGGCGCGCCGGCTACTCCAGCCAGCGACTCCCCA
AAACGGCTGACACAGCCGGAGTCAGCCACCGCCCTGCTGTCCACGCCCCGTCGGCAACGCCTGCTGGAACACATC
TGGCAGCGCACCTCGCTGTACGCCAGCAGTTACCGCGCTATACCTCGCGCCGCTGGAGCGCTACGCCTCGTTG
GTCCAACAATTCGCCGCTCCGAGAGTCAACCACGCCTACTCCGGCGGCATGCTGGACCACGGCCTGGAAATC
GTCGCGTATGCGCTCAAGCTAAGGCAGTCGTATCTGCTGCCACCGGTACCACGCCGAGGATCAGGTGATTTCAG
GCGGAAGCCTGGACCGCCGCATCGCCTACGCCGCGCTGCTGCATGACATCGGCAAGGTGCGCGTCGACCTACAC
GTCGAGTACGGCGACGGCAGCCAGTGGCATCCCTGGCACGGCCCGCTGTCCAGCCCTACCGATTCCGCTACCGC
CAGGATCGCGAGTACCGCCTGCACAGCGCGGCAACGGGCCTGCTCTATCGGCAGGTGCTCGATGACAGGATTCTC
GACTGGCTCAGCCGCTATCCCCCTCTCTGGTCCGCGCTGCTGTACGTACTAGCCGGCCAGTACGAGCATGCAGGC
ACGCTGGGCGAGCTGGTGATTACAGCCGACCGTGCCTCGGTTGCTCAGGCACTCGGCGGAGATCCGGCACGCGCC
ATGGCGGCACCCAAGCACGCCCTGCAACGCAAGCTGCTTGAAGGCCTGCGTTACCTATTGAAAGAGGAACTGAAA
CTCAACCAGTCCGGGGCTTCGGACGGCTGGCTGACCCAGGATGCTCTGTGGCTGGTCAGCAAGACGGTTTTCGGAC
AAGCTGCGCGCCATCTGCTGGCCCAAGGCATCGATGGCATTCCCGCCAACAACACCGCCGTGTTCAACGTGCTG
CAGGACCACGGCATGCTGCAACCCACGCCGATGGGAAAGCGATCTGGCGGGCTACCGTTACCAGCACAGCCGGC
TGGGCGCATAACGTTACACTGCTGCGGTTGGCTCCTGCCCTAATCTGGGAAGGAGAGAATCGCCCGAACCCTTC
ACGGGACCGCTCTTGATAGAGATGGAATCCAATGACGCTCCCGCAGAGCCATCCAGCGATAGTTGTGATAGCTCA
CCTGCGGCGAGCACCACTTACGTCTCTACTGAGCCCGCTGCCGACGGCGTTGACGACCTGTGTCGATTGCTC
AGCGCACCTGATAAAGGACCGCCCCCGCGGAGACGGTGAATTCAACCGCTCTCAACATCAAGTGTCAAGTGAACCG
CCAACGTTTTGCCAGGAAAGTGATGCAATGCAACCGCCCCAATGCCCTCGCCACTGAGAACGGCGGAAACGCG
TCCGGCGAACACTTTCTGGCCTGGCTGCGGCACGGTATCCAAAGCCGCAAGCTGATCATCAATGACACCAAGGCG
CTGGTGCACACCGTGGCCAATACGGCTTTTTTGGTACGCCCTGTGTGTTTACGCGCTATGCACAAGAACACCCG
CAAACAGCAGCACTCGCCAAGCAGGACCAGGTAGCAGACTGGCAGTGGGTGCAGAAGCGCTTCGAGAAAATTGCAA
ATGCATCGCAAGCAGGATAATGGGCTGAACATTTGGACGTGCGAAGTGACGGGACCACGCAAGTCGCGGCGACTG
CATGGCTATCTGGTGTGATCGATCCGCGACACCTGTTTGGAGGAAGTACCTCTCAACAACCCCTACCTGCAGTTGACC
TGA

>SG45, 318 bp

ATGCCTGAGATCCATGAAATCGCCACGCTGACCTCCAAGGGTCAGATTACGCTGCCCAAGCCCATCCGGCAGGTG
CTGGGTGTGGACACCGGCGCAAAGGTGGCTTTTTGATCTGCGCGCAGGCGAAGTCATTGTGTCCCGAGCGGACGCT
GAGCATGAAGACCCGGCGATCGGAGCCTTCCTGGGCCTGTTGGAAGCGGACATCCGGGCGCGCCGGCATGTCCAG
GCGCTGCCGGAGGATCTTGCGCGGGCTATGCTGGCGAACGCGGGCCGGGTGGTGAATCTCGATGAGGATATCGAA
GGCGACGTGGCGTTGTGA

>SG46, 459 bp

ATGCAACGACATGGCTGGACGATGCTGTTTACAGAGGGTGTGATCGAGCAGTTGCGCAAGCTGCAGGCTGCCGCG
GAGCGAGCCGAACGGAGCGACCCGCAAGGGTTCGAGGCCAATGCCAACGTAAAGTTGTTCCGGGCGCTGAGCCAG

TTGATTATGGACGTCGTACCGAGCGATCCCTCGCGCGACGAGTTCCGCCAGGGCAACACCTTGGGGCCGGCTTAC
CGCCACTGGCGGGCGGGCGAAGATCGGACGGCGATTCCGTCTGTTCTTTCGCTACGACTCCAGGACGAAGGTGATC
GTGTTTCGCTGGGTCAACGACGAGCAGACCCTGCGGTGCGGCAGGCAGCAAATCCGATCCCTATGCGGTGTTTCGAG
AAGATGCTGGGACGAGGCAATCCGCCCGATGACTGGAACGCATTTGGTGAATGCGAGCCACCAGGATTGGAGCAAA
CCGGGGTAG

>SG47, 354 bp

ATGGACACGAAAGCCCTCATCAGCAACGCAGAACCGCTTCGGCCGTCGGATCGGCGGGATGTGGCGGGGCTTCGTT
CGTCGCGAACATCAGGTGCGCCGGCTGGTTGGTGGCGCGCGCCCTGTCCGAGGTGCGGGCAGCGGGCTGCTTTGG
GGTTTGAAGCTGGTCGTGCTGGGCGCGCTGCTGTATATCGCGTTCTGGCTGACGCTGTTGCTTGTATTTCGCGCTG
GTTGCGGCTTCTATTGCCGGTTCGTAAACTCTCTGACGAGGAAGAACCAGGAATGGCGCATGGGACTGTCTGGGTAT
GGCCTTTATCGTGGTGATACGCGCATTGACCCAGGCAACCCTGACGATGACTAA

>SG48, 1503 bp

ATGACGCTCTACACCACCGATTACCTGGAGTACTACCTGACCCTGGTGAGCTGGATCGTCCACAACGGCATCTGG
GCCGTGCTGATCGCCAGCGGGCGCCTTCGCCATCCCGTTCCTGGCCATCGTGCTCCAGGAGTGGCTCAAGGCCCGC
GCCGAAGGTGCCGACGAAGGCAACAAAGGCGCGCTGTACGCCGTGCGCATCGAGAACCGCATATTTCGTCGCCATC
GTGGTCATCCTGTTTCGCGGGCATCCCGTTTATCGACGTGAGTATCAACACCCTGCAGTTTCGATCGCACCCGCTCG
GTGCAATGCCAGGTCAACGTGCCACTGCCCTCGGCCACCGGCTGGTTCGAGTCCCTTCAGCACCCCTCAACAACCAG
TCGGCCAAGGTGCCGGTGTGGTGGGCCTTCATGCACACCCTCGCGTGCCTCACCAGTTCGGCGGGTGGCAGCG
ATCCCTTCGCGCAGCGACTTGCGGCAGATGCGTATGGAGGTGACGCTACGCGCATCGCCGACCCAGTCCCTGGCC
CAGGAGGTGAGCGATTTACCCATGACTGCTACGGACCCGGCGGGCCAAAGCTCTTCATGAATCGTCAGGCGTTG
AACGAGGAGCAGATGCACGACGTGACGTGGATCGGTTTCGCGCTACTTCCTCGACACGGCGGGCTACTACGACAGC
TACCGCGCCAAGACACCCCGGAGGGTTGGCCTTACGACAGCAACCAGCGATGCGGGCTTCGCACAGGTGCCCAGC
GGCGCGGGTTATCCGACCTGTGCGCAATGGTGGTCAGACAGCCACGGACTGCGCGCCCGCCTGTTGCAACAGGTA
GATCCAGCCTGCTGAGCCGAATCGGTGGCTGGCCAGCTTCCTGTTCGAGGAGCAGGTGACGACTCGGTGATT
CGCGCCATCGCTCGCCAGGCAGCAGAAGCTCAATCAAGGTACGGTCTACAGCGACTACGGCGCCAGATCGAG
ATGAGCGTCCCAATGTGCGCACCCGCGCGGTGAGTGCAGTTCGGTTCGAGCATCGGCTCCATGGCCTTCTTCCCG
GCGATGGATGCCCTGCGCCAGGCCCTGCCGATGGTGTGGCCCTGCTCAAGATGGCACTGGTGATCTGCATCCCA
CTGGTGCTGCTGATCGGCACCTACGACCTCAAGACCGTGGTACCATCAGCATCGTGCAGTTTCGCGCTGTTTTTC
GTCGATTTCTGGTTCCAGCTCGCGCGCTGGATCGACTCGACGATCCTGGATGCCCTATACGGATGGGGCTGGGGA
TCGAATCGCCCGCATGCGAACTTCGATCCACTGATCGGCCTGAACAACACCTTCGGGGACATGATCGTCAACTTC
GTGATGGCGACGATGTTTATCGTGTTACCCGGATTCTGGATTGCGGCACTCGGCTGGGCTGGCGTACGAGCAGGC
AATCTCGCTCAGTTGATGGTCAACGCATCAGATGGAGCAAAATCAGGCGGAAGCAAAGCGGCTAACAAAGTTCGTT
TAG

>SG49, 330 bp

GTGAACATGGTGTGGTTGCGGCGCGCAGGCCTGGTGCTGCTGTGGGCCCTCGTCGTCCTGCTGGCCGCCGTCGCC
ACCAATGTCATCGGCATCCACCTGGCCGGCAGCATCGACGGTTGGCAAGCCTGGCTGACCCGCGCACAGCTCGCAT
TTCCTGGCCTGGCGCCTGTTGCTCTATGCCGGCACCGCCTGGGGCTGGCTCTGGATGCGTCGCCGCTGCTGGCA
CGCGAGCCGGACGCCGGCACTCAGCGGCGCCTGCTGCGGGCCGAAATGGCCGCGCTCGTCGCGGTGGCCGCACTG
GAAATCAGCCCGTTCTGCGAGGCGGGATGA

>SG50, 1404 bp

ATGACCAACCGCTTTTGGTTTTCCTCGCCCTGTCTCCGCCGCTACCTCGCCCTGCTGGCGGCACCGTGGGTGTTGGTC
TGCGTCGGCGCATCCGCCAGACCAGCGTCAACCAGTACGGCGTGCAACACCAGGGCGCGGTGATCGGTGACGAC
GTGCTCTATTTCGATTGGCGGGCGGTGCGCGCCGTGTCGATGACGCCACCGTCCGCGATGCGCTCCATTGGCGTTGGC
GTCGGCTGGAACAGCAACCTGATGTGCGGGCAGATGTGATTTCTACCACCATCCAGAACCAGTTGAAACGGCCTG
ACCAATGGCTTTTCAGACCATCATGTGTCGGTCAATCAGAACGCCACCGCCGAGTTCGCTCCTTGCCGGCGCTG
ATCATCCAGCGGGCCGATCCCGGACTCTACAACCTGCTCACCACCGGCGTGTGCAGGCACGCTGGACTTCGAC
CGCTCCAAACTGACCTGCCGCGCCATGGCCGAGAAGATGGCCGACGTGGCTGGCGGCCAGGTGGGCTGGAGCCAG
CTCGCCGACGGCATGGTGCTCACCCAAGCGGTGCGCAGTACCGACGCCGTATCCGCCATCGAGCAGACCAGAAACC
AGCCCGGGCAACGACGGCGTAACCTGGGTGCGGAGGCACCAATGCCGGCGGCGTTCGGGCAGAACCCGATTTCGCGTC
ATCAGCGACGTGACCCGCGCCGGCTACAACCTGGTCAACGGGCGCGATGTCGATGACGCCAGCGGATCAATCCT
ATCCAGTGTGGCGGAAACCTGACCTGCCAGACCTGGAGTTACCCGGCGGCTGCCGCGGCTGGGCCGTTGCGGGTG
CTGGGCGAGCAGGAACAGCGCACCTGCGAGACCTGCAACAAGACCGTGACCACGCCGGGCGTGGGTCTCACCCCG
TTGATCCAGGAGGAATACGAAACCAAGCTCGCAGCGCTGCAGGCGCTGATCAGCGGCAGCCGTCCCTTGAGCCTC
GACAACCTGCAGGCGGGCGGCGAGTGCCTCTCTGCCATCACCCGCGGCGTGTGAGGCACTGCGCGACGAGCCC
GATCAAGACATTTTGGCGCGGCGCCTGGCCTCGGAAATCGCGCTGTCCAGCGTGTTCGAAAAAGCCCTGCTGCTG
CAGCGCACGCTGCTGACCGGGCGCAAGGAGCCGAACGTGCGGCGCAATGACCTGGCGCAGAAAGCGGTGTTCGAG
GAAAGCGACCTGCTGCAGCCGCGAGATCCACAACCTGAAAACCGAGCTGGAACCTGCGCCGCGAACTGGCCAGCAAT
TCGCCACCCGCTTATCCAGCGACACAGCGCACGCTCCCGGCTCTCGCGCCATCTACGAGGGCGACCCGATTC
CCGACCCGGCTCGATCAACTGCAGCGACCCACGAGCTGGAGGCACCCCGTGA

>SG51, 936 bp

ATGATGCGTGCTTCCCGCCTGCGTGCCGGCATTGCGCCACCATTTTTGCTGACGATGGGAGCACCGTCGTTTCGCGCTC
 ACCACGGCGACCATCGCCGCCTCGACGCTCTCGCCGGACTGCCTGGAATACCGCGTGGTCGGCATCTGCTTCTGG
 CTGCGCTGCACCAGTTCGGTTGCTCAGTGGAGACCTCAGTCAAGGTGCGCCACTTCGTGCCGGACCGGTGGTG
 TCCAGCTACGCCAACACCGGTGCCAATCCCTGGCTGGAGGTGCGCCGATGAGCCCGCCAAACGCCACGGCGCAG
 GCCGGCGGCGACGGCACGACCAATCAACATCACGAAAACAACCTGGCCAAGTTCAGAAGCGCCGACGTGATCGGC
 CATCCCGCGCGCTATGTGTTTCAGCCAGTTCGCTTCCAGTTTCGGCTACAGCTGCGAAGGCGCTGGCACCGCCTTC
 ATGCCCTACCTGTTGAGCACCCCTCGACACCCTCGCGTGGCGCTACAACCTCCCGAGATGCTCTACCCGGAGGCG
 CTGACACCTGGCATGCGCGAGATCGGCAGCCGACCGACGGCAATCTCTGGGGCAACGTCTACCCGCGCGCGGT
 TTTCTGCACCAGAGCGACGACTACCTGGCAGGCGCCGTGGTGGCCCAGCGCGCCGGCGATATCGTCACCCGCGCG
 GGCCAACCTCCACGTCTACCAGCCGCTGCTCGCAACGCCAAGGACGGCTACTGGCCAGCCGGTGCCTTGTCTCGAA
 ATCGACGCGCAGACGGCAAGTGGCAGGAGCTGACGCCGACGCTTTCGCCACCTGCGCGGTCTTCCCGCACAGC
 GACGCCCGCTACAGGCGCAGCAAGGCGATTACGCTGGGCGCTGTGGCGGCCCTACAGCTGCTGCAAACCGCGAA
 GGCCAGGTGTTTTCTTGGCAGCGTCGATTTCAACTGA

>SG52, 438 bp

ATGTCAGCCAAACGTCCCTGCCGGCTCCTATTGCACTCGTTCCCCTGTGCCGCAGCGCTGTGCGCCGCTTGCTC
 GCGCCCTTGGCGCAGGCCGCTGAAATACTGGTCGTCACCGATAGCCGGCACCCGGTGAAGCCACCAGCGATGCC
 CGGCTGATCGAGCTGGATCAACCCGCACGTATCGAGGCCGAGCTGGGGGCGCATTACCTGCCGATCCCTCGCAT
 GCGCGCCGCTTGGTGAACAGCGCTTGAACAGCGCGCGGCTCGAGCTGCAACAACGCCCTCGGCGCGCCCTATCAG
 GGGTGGTCAATGCCTGGAGCCTCGGCGTGACAACGATTCTGCGGTGATCGTGGATCACCGTTATGTGGTTTAT
 GGCGAGCCGGACGTGCGCAAGGCGGTGCGGCTCATCGAAGCGCACCCGGAGGACGCAGCCATGA

>SG53, 501 bp

ATGCTCACATCCCAAGCCCGTCTCGACACCCAGCAGAACCAGGCTCTGCATCGGTTCTCGCGTATGAGAACC
 ATCATCGCCCAAGCCATTGCCATTCTGGAGCGCAGGCTGTTTCGTCGATGGCCCGCAGATGTCGGACCCACAGGTC
 ACCAGCGACTACCTGCGCCTGAAACTGATGCCGGAACCCAGCGAAGTCTTCGTCGCCGTTTTCTGACCCGAAG
 CATCAGGTTCATCGCCTGTGAAACGCTGTTTCAGAGGCACCATCGATACTGCTCAGATCCATCCCCGTGTGGTGGTT
 CAGCGGGCACTGCTGCATAACGCGTCCGCTCTGATCGCGGCGCACCAACACCCCTCGGGCTGCTCAGAGCCCTCA
 TCCTCGGATGAGCGCCTGACCCAGCGCCTGAAAAGTGCCTGGAGTACGTGGACGTGCGCTTGCTGGATCACTTC
 ATCATCGGCAAGGCCAGCCGTTCTCGTTTCGCGGCCAATGCCCTGCTGTAG

>SG54, 372 bp

ATGACTACCACGCTGCAAGCCGCTTCATTGAACGGTTCGCGGAGCCCAATACCCCGTACCTGTGCGCGGAGAAG
 GTTGGCGATGATTTGGTTTTTCAGGTGTATGAGCTGGCCGAGCGTGCACACGTGCACCCGAGTGCCCCGAGCACC
 CGACCCAGGCTGCTCAGCTGCAGAAGTACCTGCATGAAATGGTGCAGTTTTGGGCGTGCCACCAGAGATGAGC
 GGCGACCTTGGGCGTGCGGCCTTCCTGGTGCGCAATGAGCCGTTGCGGGCCTTTGGCTACAAGACCCTGCTGAC
 CTGATTCAGGAAGGACGGGGCGATGCGCTGATCGCCTATCTGGACTCCCTTGCCGGCGGTGCCGCTGGATGA

>SG55, 246 bp

ATGGTTGTGCGCCTGCAGCACGTGGCTCCGCGCAAGCTGGTGTGCTGGCTGGGCGCGCTGCCGGGCAGGCGCTGTCC
 GCGCTGTGGTACCTGGGGCGGCATCAGGTGACGCCCGGACCTTCAGCGTATCGCCGAGCGGCTGCCGGGCAGC
 GAATTCAGGCGCAGTGCCAGGCGAAGGCGATGATGCCGGCCTGGATGGTGGCGGCGCTGAGCAGCTATGAGCGC
 GGCAGGTTGCGCCTGGCTGA

>SG56, 387 bp

ATGAACAAGCGGCCCATCTCTGGCAGAATCAGGCACTTCTCCGGAACCCGTCCCCTCGATATGCCGCAGCCCTAC
 GACATCCTGCGTCTATTTACCTCAGCGCAGGGCTATCTCGTCGAAATCGAACACCTGGCACGCCAAGTCGCAGCG
 GCACCAGCCACGCGGAATGGCTGTGGGTACGGATCGCTCCGTACCAGCCTGCGTGCCCTGCAGACGGAAGGC
 GATACGCCGACGGTGCCTATTTCCGCGAGGCGCAGCTGCAACTCGACGGCGTACGTGCACAGCTGGTGTGGCCC
 AACGGTGAATGCCAGGCGCTCATGGCCTGCTCGATGCCGGCGCTGCCGAACGCGCAACACCAGCTCATCCACAAT
 CATCTGAGTTGA

>SG57, 2868 bp

ATGGCCTGGCCGTGGTTACGCGCCGGCCGCGAGGTCAAGGCACCCGCGCCACCTGCAGACGCCTGGGCGCGCCAC
 GTCGAAGAACTGAACGCCACCGAATTGCCGAGCCCGGCACTGCGCACAGTGCAGCGGTCGGCCACCCAAAGCC
 GACGAGCAGGCGCTCTACGCGGTTGCGCCCTCGTTCCGCGATCTGCTGCCGTGGGCGGAGTACCTGCCGAGTCG
 CAGTGCATGCTGCTGGATGACGGCACCTCGGTGCGCCGCTTCTACGAACTGCTCCCGGTGCGCACCGAGGGGCGC
 GAACCCGGCTGGCTGCTGCAGGTGCGCGACACCCTGGAAAACGTGCTGCAGGATGCTTTCGACGAGCTTGAGGAC
 AACCCCTGGTCTGTCAGTTCTACGCCCAGGATGACCCAGCTGGGACCGCTACCTCGACGAACTGCGCGCCTAC
 ATCCAGCCCCGCGCCAGGCGCAGCCTTCACCGAGTTCTACCTGCGTTTCTTCGGCCATCACCTGCAGGCCATC
 GCCAAGCCGGGTGGCCTGTTTCGAGGACCACACCGTACCCGCTGCCCTGGCGCGGGCAGACCCGGCGCACCCGG

CTGGTCGTCTACCGCCGTGCCGGCCAGGCCCCACAGCGCCACGGACAGACGCCCCGAGCAGGCGCTCAACCGGGTCTGCGAGCGCCTCATCGGCGGCCTGGCCACGCGCGCGTGCAGCGCCCGCGGCTTGGCGCAGCGGACATCCACGCC TGGCTGTTGCGCTGGTTACCCCCCATCCGACCCAGCTCGGCCAAAGTGTGCGAGACCCGCAACGCTTCTATGCC CTGACCCGCTACCCGGATGAACAAGAGCCCGGCGAGGTCGAGCTGGCCAGCGGCACGGACTTCAGCCAGCGCCTG TTCTTACGCCAGCCGCGCTCGGAGGTCGCTCAGGGCCAGTGGTATTTTCGATGGGATGCCGCACCCGCGCCATCGCC GTCGACCCGCTGCGCAGCCACCCGAGCACCAGGATGTCACCCGGCGAAACCCGCAAGGGTGGAGGCGATCAACCGG CTGTTTCGACCAACTGCCGGAAGACACGATCCAGTGCCTGACGCTGGTCATCACCCCGCAGGACGTGCTCGAAGCG CACCTCAACCACCTGGGCCGCAAGGCCATTGGCGACACCCTCGCCTCGGAGCAGGCGCGCGCCGATGTGCAGCAG GCCCGCAAGCTGATCGGCGAGCCGCCACAAGCTATACCGCGGCTCCATGACCTTTTACCTGCGCGGCCGCGACCAG GCGGAACTGGACGCCCCGCGGCTGCAACTGGGCAACGTGCTGCTCGGCGCAGGCTTGCAGCCGTTGCGCGAAGAG GATGAGGTGGCCCCGCTCAACACCTACCTGCGCGGCTTGCCTGTGTCTACGACCCGGCAAGGACAGACAGCAG TGGTACACCCAGCTGATGTTTCGCCAACATGCGGCGAACCTGGCGCCGCTGTGGGGACGCAGCCAGGGCACCCGGC CACCCCGGCATCACCTGTTCAACCGCGGCGGGCGGGCCGATCACCTTCGACCCGCTCAATCGCCTCGACCCGGCAA ATGAACGCCACCTGTTTCTCGCGGCCCCGACCCGCTCCGGCAAGTCGGCCACGCTGAACAACCTGCTCAACCAG GTCACCCGCTATTTACCGGCCGCGGCTATTCATCGTCGAGGCGGGCAACTCCTTTGGCTGTACGGCGATTTTGGC GCGCGGCTGGGCTCAGCGTACATCGGGTCAAGCTCGCGCCTGGCGCGGGCGTCAGTCTGGCGCCGTTTCGCCGAC GCACAGCGCTTGATGGAACGCCAGCCAGGTGCAGACGCTCGATGCCGATGCCCTGGACGAAGACCACGCGGCG ACCGAGGGCGTTGAACAGCGCGACGTGCTCGGCGAGCTGGAGATCACCCGCACGGCTGATGATCACCGTGGCGAG GACAAGGAGGAAGCGCGCATGACCCGCGCGGATCGCAGCCTGATCCGCCAGTGCATCCTCGACGCCGCTCGGCTG TGCATGGACGCGCAGCGCACGGTGCTTACCCGCGACGTGCGCGATGCGCTGCGCGAGCGCAGCCGCGACACCAGC CTGCCCGAGCTGCGCCGGGCCCGGCTGCTGGAAATGGCCGATGCGATGGACATGTTACCCAGGGCAGCGATGGC GAGATGTTTCGACCCGCCCGGCACGCCCTGGCCGGAAGCCGACATCACCATCGTCGACCTGGCCACCTATGCCCGC GAGGGCTACAACGCGCAGCTTTCCATCGCCTACATCTCACTGATCAACACGGTCAACAACATCGCCGAACGCGAC CAGTTTCTCGGCCGCCCATCATCAACGTACCCGACGAGGGGCACATCATCACCAAGAACCCTGTTGCTCGCGCCT TACATCGTCAAGATCACCAAGATGTGGCGAAAACCTGGGTGCCTGGTTCTGGCTGGCGACGAGAACCCTCGACGAC CTGCCCAAAGCCGCCAGGATGCTCAATATGATGGAGTGGTGGTTGTGTCTGGGCATGCCGCCGAGCAGGTTG GAGAAAATCGCCAAGTTCCGCGAGCTCACCCCGCGCAAAAGCCCTGATGCTCTCGGCCCGCAAGGAGGAGGGCGC AAGTTCTCGGAGGGGTGATTTTGTGCGCGCAGCATGGAACCTGCTGTTTTCGTGCGGTGCCCGCCCTATATCTC GCCCTCGCGCAAACCGAACCAGAAAGAAAAGCCGAGCGTTACCAGCTCATGCAGCAACACGGCATCAGCGAACTC GACGCCGCGCTCAAGATCGCCGAACACATCGACCCGGCGCGTGGCATCACCTCACTGCCCGCAGGACTGGATCCAC CCGCAGCCGCCCATTTGA

>SG58, 420 bp

ATGCGCAAGACCTGGACTGACGGCCTGGCCCTGCTGGCTATGGCGCTGCTGCTCGGTGGCTGCGCCACCAGCAA GAAGCGCTGCTGCCACACGACAAGCGCAGCATGCTCGATATCTGGAACGTCGAGACCCGGCGGTGGCAGCGCCCGG CAACTGCTCGATGCGCGTCAGGCACTGCGCCGGCCGCTGAGCGAGGCCGATGTACAGGCCGCGCGGACCGTGCAG ACCCGCTACACGCGCACGGCGGCCAACGAGATCTACCCGCGAGTTCCACCCGCTGCCCAATCCCGATCTGCTGATG TACGTGTTTCCCCACCTGGCCGGTAGCGACCCGGTGCCGGTGCCCGGCTACACCACCCTGTTCCCCCTGTACCAG CGAGTGCAGTACGCCCTGCCTGGCGAACGGCTGGAGGACTACTGA

>SG59, 1422 bp

ATGCACAGTAATGGCTGCTCAAGTGGCTGATGATCCCCCTGGCGCTGCTGCTGGTGTTCGTGCGCCGTCAGGCTG TTCTCCGCCGGCAATGACGCGCCAGCACAGCGGAAGATGCCAGCCGGCTCAGCTTGATGAAGCCAAAGCGCTC GGCATCGAGGGCGACACCCCGCGCGACACCGTGGCGACGCTGGTTCGCCAGGTCCGCGAGTGCAGCCAGGTTG CAGACGGCGCTGAGTGACAACAAGGTGCAGCGCGACGAGAACCAGCGCTTGCGCCAACGTGAAGGGGCCATCGAC CAGCGCATCCAGAGCGCACTCGACAGCGAACGCAACCAGTTGCATCAGGATCGCCAGCAACTCAGCAGCGAACGC CAGCAAACCCAGGGCTTGGTGCAGCAACTGCAGCAGCGGCTCGATGGCATCGGCAAGGAGGACCACGCCGATCTG CCGGTTGGCCTGGGGCTCGAGCCAAGCGACGGCCTGCCGGCGATAACCCTGCGCTGGATCGAGCCGGAAAGACCGG CGTGACGACGGTCACTCGCGCACACCACCGCACTGCCGGCAGCTTCACTTTCCACAGTTTGGGCACGCGCAG AAGACACTGGAAGCACCCGCGAGCTCCGCCGTCGAAGCCGGTTCGCCGCGCAGCGGTGTAGCGGAGACGACGGCG GTTTACACCGTGCAGCAACTCGACCCCTGATGGGCTCGATCGCCATGACGGCGCTGATCGGCCGCTACCGATC GATGGCACCGTCAACGACCCCTACCCCTTCAAAGTCTTGATCGGGCGGGACAACCTCACCGCAACGGTATCGAC ATTCCGGATGTGGCCGGCGCCGTTGGTTCAGCGGCACGGCCTCGGGTGACTGGACCCCTCTCCTGTGTGCGTGGGCAG ATCCGCTCGGTACCTTCGTCTTCGAGGACGGCACCATCCGCACATTGCCGAAAGACGACGAGCGCGGGCGGCAAC CGCCAGACCCACAACGGCAGCAATACCCAGGACGGCATGGGCTGGATCAGCGACCCGCATGGCATCCCCCTGCGTA TCCGGCGAGCGGCGCAGCAACGCCAGCAGTACCTCGGCACGCAAGCCCTGATCACTGCGGCCGGTGGCCGGTGTGTA GCCTCGCTGATCGACGCTGACAGCGGCCAGGTTTCTTACATGAGCAGCGACGGCTCGGTTCGGCACCGTGGGCATC GCGCCAAACGAAGCCATGGGCCGATCCTCGCCGGTGGCGTGCAGGACATGTCCGCTGGGTCAACAAGCTCTAC GGCCAGGCGTTTCGCGCGGTCTACGTCAAACCCGGCGCCAGGTGGCCGTGCACCTCGAACAACCCCTGACCATC GACTACGACCCAGCCGGTTCGCCGCGTTCGATCACCCGCTTGGAGGGCTGCCCATGCGCAAGACCTGGACTGA

>SG60, 876 bp

ATGAACCGCCTCTTGCCCTGGCCCTCGCGCGTTCGCGCTGGCCCCGTTTCAGCGCCGCCAGGCCACCGAACTC

CTGCGCTGGGAACGCTTGCCCTGGCCCTGCCGCTGCTGGTTCGATCAGGAACGCATCGTCTTCGTCGAGCGCAAT
 GTCCGCGTCGGCGTGCCTGCCTCGGTCGGCAATCGCCTACGTGTGCAGAGCGCCGCCGGTGCCATCTACCTGCTG
 GCCAGCGAGCCGATCGAGCCGACCCGGCTGCAGCTGCAGGACGCCGACACCCGGCACCGTGATGCTGCTCGACATC
 GCCGCCGAACCGGCCAGGACGGTCAGCCGCTCTGGAGCCGGTGCGCATCATTGAGGCTGCATCGGCCACATCA
 ATCGCGGCTGCCTCCGCGGCCGATGATGACAGTGCCACAACGCCTCCCGTGCAGCCACGCCGACGCCCGTCAATC
 CTGACCCGCTACGCCGCCAGAACCTCTACGCCCCGCTGCGCACCGTGAACCCGTGCCGGGCGTCACGCGCGTC
 ACCCTGCGCCACGACCTGCCGCTCGACACCCTGCTGCCACCCTGCCGGTACAGGCCACGCGCTGGCGGCCCTGG
 CGCCTGGACACCCTGTGGGTGAGCGCCGTGCGCCTGCGCAACCATAGCGCGCACTGGCTCGACCCGGACCCACGC
 GCGCTGCAGGGGCACTTCCTCACCGCGACCTTCCAGCATTGACCCCTGGGGCCGAGCGGCACGCCGGAGGACACC
 ACCGTGCTACCTCGTACCCGTGGACACGGGCTGGCACAGGCCCTGCTGCCGAGCATTGCGCCCATCGACGCC
 ACCCTCAACCTGCCCGTGCCGACGACGAGGAGCCGCGATGCACAGTAA

>SG61, 675 bp

GTGAGCCGGTTCAAGAACGAAGTGCTGCGGCTCGATGCCACATCAGGACCCTGCGCATCGGGGCCAGCTTGCTG
 GTGATGCTGGCACTGGTCATGGGCATCGGCTGGTGGAGCGCCCCGCGGATTTGACCATCCATGTGCCGCCAGAC
 CTGCGTTCCGGGACGACGCGCCCCCTGGTGGGACGTGCCGCCGAGAGCGTGTACGCCTTCACTTTCTACGCTCTGG
 CAGCAGCTGCAGCGCTGGCCGACCAATGGCGACGACGACTACCCGCGTAACTGCACGCGCTGTGCCCTACCTC
 ACGCCTGCCTGCCAGGCGTTCTGCGAGCAGGACTACGAGTACCGCCGAACAGCGGCGAGCTGCGCCGGCGCGTG
 CGCGGCATCTACGAGATTCGCCGGCCGCGGTTACGGCGACAACCCACGCTGCGCGTGCAGGCGTCTCCACCCGT
 GAATGGGTGCTGAACCTCGATATCACGGCCGACGAGTACTACGCCTCGGAGCAGGTCAAACGCGCCCTGGTGGC
 TATCCGCTGAAGGTCTGCGCAGCGATGTGACCCGCGAGCGCAACCCGTTCCGGGCTGGCCATCGACTGCTACGAA
 GGCGCGCCGACGCGATTGCCACTCCTGTGATCCGGCGGCCACGCCCGCCCTGCCTCGGAAAAACACGCCATGA

>SG62, 396 bp

ATGACTGAAGATATCCGCTGGACGGGACGGTGTCTTCTGCCCCACCGTCTCAACCGTCACCCGGTGGTGGTG
 CGCGGGCTGACGGCGAATGAGCTGTGGGTCTGCGCAGGCCCTGTCGGGCCTGATTGGCCTGGCGGGCGGCATTACG
 CTGGCCATCCTGTTGCGGACGATCGCCATCGTTCACCGCCATCCTGCTGGCGGTGAGCGCGGGGATTTTCATC
 GGCGGGCGCGCTGCGCCGGCTCAAGCGCGGCCCTCCCGAAACCTGGCTGTACCGGAGTTGAGTGGTGGATC
 GCACTCAACCTGCCCGCCTTGCAACCTTCACTGACGGCCACCGGCTGGTGAATCGCTCCGGTTACTGGAGCACG
 CGCAGGAGCACAGCGCCGTGA

>SG63, 363 bp

ATGAAGCCGCTCGCCCCGCCCTTCTCCTCCGTCCCTTCGCTGGCCTGGCGGCACTGCCGCTGCTGGGTGTGCTG
 TCGCCACTCGCCCAAGCCGCCCTGCCACCCTGGAGAACCCGTCGCGCGGCGTGGCACCGGCATTTCTGCAAACG
 CTGCAGAACTACGGCTACGACATCGTGTGATGCTGATCGCCCTGCTGGTGGTTCGCTCGATGTTGCTCGCGCTCTGC
 TACCACGCCTACACCCGCTACGCGGAGATCCACATTTGGTTCGCTCGACCTGGGGCCAGTTTCGGCTGACCGTGGCA
 GTCGGCGCGATCCTCCTTGTGCTCGGCATCTGGCTGCTGACCGAAGCCATCGGCGTGTCTGTA

>SG64, 234 bp

ATGAACGCCGCGCAGACCGCCGCGTTCAGGCCAACAGCGGCATCACCCCGCCGAGATGGCAACCGTGCTGCTC
 GGTGCGGTGTTCCGCGTGTGCTCCTATGGGGCGTTTGGGCGATACGCAGCGCTACGTGCGGCTGGGCCGAAGAA
 CAGCTTTCCACCCGTCAGTTCTGGTTCGTCGTGGTTCGCTGCTGTACCTGGTGTGACTTTTTCCTG
 CTTTCGTAA

>SG65, 372 bp

ATGTCCAAGCGACTGCTCCCTCCAGCCAACAGGCATCACGCACTCGGTCTGCCCTGGCGCTGCTACTCGGTCTA
 TATTTTTCCGGTACGCCAGCGCCGACGATGCCACGCCGAACAGGCACGCTCGCGGCCGCGCTGCGCCAACTC
 GACAGCGTCGAGCGACTCGTCGCGCAACAGGCCGAACGGTGCAAGACGAACGTACCCGCTACCACTTCGACTAC
 GGCCGTCTCGCCGCCGACCTTGAGCGCGTGCAGCGGCGCATTCGCGACTACCTGACGCCCTCGCGTGCACAGCCG
 CGCGACCCCGCGTGTGCTCGGTGATTACCGCCAGCCTGCCCGCTATCGAAACGCAGGTGGCGCCATGA

>SG66, 1506 bp

GTGATGAACGCCGCTGGCTACTCGCTTCTCATCCAGCAGCTGGGACTCACGGCGGTACCACTACGTCTGCCTGCC
 ATTGTACAGCCGGTACGCGCATTGAGCTCATCGCCACACCTTGGCCGTGCCGCCGGGTATCGCACTGCGCCG
 GATGATCTGCTTGGCCACGTGTTGTTTCGCCCTCAAGCACGAGGGACTCAACCTGGCGGTACTCGCCAGGCGCTG
 CCGAGAATTCGGCCGCGAGCGTTTCGAGCAGGCCTACCAGGCTGCGCCCAACGGGATCTATATCCGGAAAGCCTGT
 TACCTCAGGGAGGCCTTTACCGGTGAGCCCATCGCGCAGCATGCCCCGGTCCGGGTGCCGTACAGCCCGCTGTTT
 GATCCGGAGCGCTACATCACGCGGCCGGGCGAGCGCAATGCGAAATGGCGCATCGAGTTCAACGGTCTGGGCGAT
 CTCACCTACTGCGCTACGGTTGAGCGAACCCCGCTCATCACCGAGCTGCTGGCCATGACATCCTCGGCAGGGCC
 AAAGCCTTCATCGAATCGCTGCCCCGATCATGATGGACCGGGCGCTCAACTGGGCCTACCTGCACGAGACCAAG
 GATTCTTCGCCATCGAGCGGGAGGCGCCGACGGAAGACAAATCCCGCGTTTCATCCAGCTGCTGCGCCAGGCC
 CATGAGCGCCAGCCGCTGACAGAGGACTACCTGGTGGCCTGCAGAAATGCGACGGTCTCAACCCCTCGATATG
 GCTGCAGCGTTACGGCATGAGCAGAACCACCTCTCCGATGGTACCCAGGGGCGCGTCCGGGTGACGTATCTGCCG

CCACCCCGGAGCTCTGCCGGGAGCTGATGGAGAGCCTGATGGGTTTTGCCAATGAGGCCCGACCCAGATCGAT
 CCACTGGTGGCCGCCGCATCATCTCGTTTGGCTTCGTGCTCATTTCATCCCTTCATGGATGGGAACGGGCGTTG
 TCTCGGTTCTGATCCACCAAGCGCTATGCCGCGCCGGCGCTGGAAAATGGGTGCTGTTACCCGTTTCGGTG
 GCGATGAAACGCCAGGAACGCCAGTATCTGGAGACGCTCCAGTCTTCTCCCGGCCAGTGCCTGATTTCTGGGAC
 GTGCAGTGGATTGACTTTGGCCAATACGGTTTCGAGTTCGCGGGGACAGCGTGGTGTATCGCTTCTGGGATGCG
 ACTCCCTGCGTTGCCTTACCCTGGAGATGGCCAGGGTGGCGCTTGAAGTCGAGCTGCACAAGGAAACGGCCTTC
 CTGGCGTGTACGACACGGTCTACCGGGCCGTGGACGAACGCTATGACCTGCGTGGGAGTGTATCTGCCAACCTG
 GTGATGATGTGCTTGTCCAATGATGGGATCGTCTCCAACAACCGGCGCAAGCAGTATCAGTACAGGGTTGCGGAA
 GAGGTCTTCAACTTCATCGAACAGATGGCCCAGCAGGTGTTGGCGGCGCAGCGGGTTCGAGGCCAAGCCGAAGAC
 AAATAA

>SG67, 750 bp

ATGAAGGATCCGGCCGCCACCACCAGCGCGAGCAGACTCGCCAACAAGGCTTGCTCGCTGGCATCGTACCCTG
 CCACTGCGCATGCTCGGCGTGTGATCGGCTCGCTGCTGTGTCGATCATCATCGAATGCGTTCGGCATGCACCTG
 TTCTGGCCCGACAGGGCTGGCGTACGCCCAGGGCATGCTCGACTACGAACTGAACCACCTCTCCAACCATTTTC
 ACCCGCAGCGCGCTGGTGCAGGAGCCGGGGCGCACCGCGCACCAGCTGGTCGAGAGCGCTACCAATGGCTCTTC
 GTGAAGACCGGCTGCTCGACTGGATGAGCCAGGCATCAGCGCGCTCAGCTCCCCAGCCATGACGATGCCCGA
 GACGCCCCGCTACTACATCAGCCAGGTCTACGTCTGGAGCGAGCGTTACTTGATCGCCGCGGCATTACCCACTG
 ACGTTCATGGTTCGGCTGCTGGTCTGGTGTGACGCTGCCACTGTTTCTGCTGGCCGCTTCGTTCGGCATGGTC
 GATGGCCTGGTGCGCCGCGATATTCGCAAGTTCGGTGCCTGGCCGCGAGTCGGGCTTCATCTACCACCGCGCCAAG
 GCGAGCCTGATGCCGCTGGCAGTCTGCCATGGATCCTTACCTCACCTGCCTGTGACGCTGCACCCGCTGCTG
 GTGCTGCTACCGAGCGCGGCGCTGCTCGGCCTGGCAGTGAACATCACCGCAGCAAGCTTCAAGAAGCACCTCTAG

>SG68, 2175 bp

ATGGCCAGCCCCACGCGATCGAGGTGCTGCTACGGCCAGCCGTGGAGCTGTACACCGTGGCAGTCTGCGCCGCC
 CCGCGCTGCTGTCCCTGGTGGCCCCCTGGTTCGCTCGCGCTGAGCCAGCGATTGGCCTGGGCAGTGCACCTGGCC
 TTCTCGCCTTCGGCGCGATCCGCCTGCGTGTGCTGCTGGTTCATATTGCGCTACCGGCGCAACATTCGCCGCTG
 CCGCGTTATGTGATGACCAGTTCGCGATGTGCTGTCAGCCAGCAACGGCTGTTTCATCGGCCCGGATTTCAGGTGG
 GAACAACGGCACACGCACCGCCTGACGCAGACCTTACAGCCCCGAGTTTTCGCCGCTACGTCGAACCCACGCCCGCC
 TACCAGTTGGCGCGCCGCTGGAGGAGCGGCTGGAGTTCGCGCCGTTTCCGCTGTGCAAGCTGGCCAAGCTCACC
 GCCTGGGACATCGCCCTCAACCCGGTGCGCCGTTGCCAGCGGTTCGGCGGCTTGCCCCGCTGCATGGCATCGAG
 CCGAACGAAGTCGATGTGAGCCTGCCGCTTGGCGAACGGGTTCGGTCATTTCGCTGGTGTGGGCGCGACCCGGGTC
 GGCAAGACCCGCTTGGCCGAGCTGTTTCGTGACCCAGGACATTCGGCGGCGTAACGCTGCCGGCGAGCACGAGGTG
 GTGATCGTGTTCGATCCCAAAGGCGATGCCGACCTGCTCAAGCGCATGTACGTGGAAGCCAAGCGCACCCGGGCGC
 GAACGCGAGTTCTATGTCTTCCACCTGGGCTGGCCGGATTTACGCGCGCTACAACGCCGTTGGGGCGCTTCGGA
 AGAATCTCGGAGGTTCGCCACACGCATCGCCGGGCAACTCTCCGGCGAGGGCAATAGCGCAGCGTTCCGAGAGTTC
 GCGTGGCGGTTTCGTC AACATCATCGCCCGCGCCCTGGTTCGAGCTGGGCCAGCGCCAGACTACCTGCTGATCCAG
 CGGCACGTCGTC AATATCGACGCCCTGTTTCATCGAGTACGCGCAGCATTACTTCGCCCAGCACGAACCGAAGGCC
 TGGGACATCATCGTGCAGCTCGAAGGACGGCTGAACGACAAAAACATCCCGCGCAACATGATCGGCCGGGAAAAG
 CGGGTGGTTCGCGCTGGAGCAGTACCTGTGCAAGTCCGCGTACGACCCGGTTCGACGGCTGCGCAGTGGC
 GTGCGTTATGACCGGACCTATTTGACAAGATCGTGCACAGCCTGTTACCCTGCTGGAAAACTCACCACGGGC
 AAAACCGCGCAACTGCTCGCACCGAACTATGCGGATCTGGCCGATCCGCGACCGATCTTCGACTGGATGCAGATC
 GTCGCAAAACGCGCGTGGTCTATGTGCGCCTCGATCCCTGTCCGATGCGCGAGGTGCGCGCCGCTGTGCGCAAC
 TCGATGTTTTGCCGATCTGGTTCGGTTCGCGCCGATATCAAAATTCGGCATCGATGATGGGTGCTGACGCC
 CTGGCGGTTGCCCGGTTCCGATCAACGTCCATGCGGACGAATTAATGAAGTGGGCGATGAGTTCGTTGTTGCCA
 CTGGTCAACAAAGGCGGGGGTGCAGGTCACGGCTACACCCAGACGCTCAGCGACATCGAGGCGCGT
 GTCGGCAACCGCGCCAAAGCCGGCCAGGTTCATCGGCAACTTCAACAACCTGTTTCATGCTGAGGGTGCAGGAGACC
 GCTACCGCCGAGCTGCTCACCCGCCAGTTGCCCAAAGTGGACGTCTACACCACGACGCTGGTTCAGCGGCGCCACC
 GACAGCTCGGATGTGCGAGGCCCGACCGACTTCACTCCAACGCACAGGACCGCATCAGCACCGCCAGCGTGCCG
 ATGATCGAGCCCGCCACGTTGGTTCGGCTGCCAAGGGCCAGGCTTTGCCCTGCTGCAAGGCGGCCAGCTGTGG
 AAGATCCGATGCCGCTGCCGGCCCCGATCCGGATGAAGCCCTGCCCGAGGATCTCCAGCAGCTGCGCGGCTAC
 ATGCGCCAACACTATGCCGAGGCCGGCGACTGGTGGGAGAACCAGAGCCTGCCAGGCTGCAGGATCAGCCGCTG
 CCCGACGACCTGCTCGACGGCTTCCGCCACCTGGCCGCCCGGACACTGCCGTCGACGGCGAGGCACGTCATGA

>SG69, 528 bp

ATGAAAGCCCTGCCCGTTCTCGTCGCCTGCCTCTCTGCTTGGCTGCCGGTGCCTCGTCCCTGGCCGACGCGCTG
 ATCATTGTGATGATCGTGGTGGCGCCTCGGCCTTGCCGTAACGAGGCCCTGAACCTGCAGCCGCGCACCGTA
 GTCAGCGCACCACTGATTGAGATTCGCGCTCCGCCAGCTGGGGTGGTCAACGAAGCCAGCATGCTCCCGGTGCGC
 TCCATGCGGCTGTGCCCCGGCGCTGTGGCGCGGCGCTGATCGAATCGCCTGGGCTGCCGCCGCTTTTTCTCGTC
 GGGCAGACCAACGCTCGCGCGCCTGGCTGCAGCAGCGGGCGCAGCGCCTGCGCGAACTCGGCGCCGTGGGCTG
 GTCGTC AACATCACCTCGGCCGAGACCCTGGCCGCGCTGCGGGCGCTGGTGGCGGGGCTGCCGCTGTACCCGGT
 GCGGGCGACGACCTTGCTGAGCGCCTCGGCTTGCCTACTACCCGGTGCCTGATCACGGCAACCGGCATCGAACAG
 TGA

>SG70, 564 bp

ATGTCGAGCCGCACCGTGTCTCGCGTTGCTGGCCTGTGTGCTGGCCGGCACCCTCCGGGCAGGTGAATTTCCGCCG
 CCGGCCTATCAGGTGCGCCGCGCAGCGCGCTGGGATTCCCTCGACTGTCTTGTACGCCGTGGCGCTGCAAGAGAGC
 GGCACCCGCGTGAGAGGCCGCTGGTGGCCCTGGCCGTGGACGCTCAACGTCGCCGGCAGCGCATTGACGCGGGGCTC
 ACCCGCGCCGAGGCCTGCACCGGGCTGCGCCAGGCACTCAAGCGCACTCCGGCCACGCGCATTGACGCGGGGCTC
 GGCCAGATCAATCTCGGCTACCACCCACAGCGCTACGCACAGCCCTGCGACCTGCTCGATCCCTACCGCAACCTG
 GCCATCACCGCCGAGATCCTGCGCGAGCAACACGTCGCAGGTGAGGACTGGCTGCTCGCCATCGGTCTGTTACCAC
 CGCCCCGCTGGCGGCGCGCCGGCCGCACGCTACCGCCACAGCGTCGGCCAGCACCTGGCCCGGTGCTGGGCGCC
 CCCCAACTGAAATCAGCTCCCGGAGGAACCTGCCATGA

>SG71, 726 bp

ATGAGGCCGCGTCGTATCGCCCCGCCCTGCTCCTCTGTTGACCAGCAGCCTGGCCCAGAGCGCGCCAACCCCTC
 GGCAGCGACAACAGGCCAACCGCGAGCGCCATTGGCCATCGAACCGCCGCCGAGCAGCAGGCCCGCGATTGG
 GGCCTGAACGTCGAGGAATGGACGCGTTACCGCGACCTGATGCTGGGGCCGCTGGGGGTCTATTCACCGCACCTC
 GACCCGCTGACTGCGTTGGGCATCGAAGCGCGCTCCGACCAGGAACGGCAGCGCTACGCGGAGCTGCAGGCCGCG
 GCCGAAGCGCAGCGCGTCGAGAAGCTGCTCGCCTACCAACGGGCTTACGACGACGCTTGGCAGCGACTCCACGCC
 GATATGCCGCGCGTCATCCTGCCCCGACGCGCCGGCCCGGATTCTCGCCAGTGGTGCCAGCAGCGAGCGGACGGCTC
 GCCCTGTTCTGTCGAGGACGCCTGCCCCGGCCTGCGATCAAGCCGCGCTGCGGCTGCAGGCCCGCGGTAGGGCGTTC
 GACATCTACGTCGTCGACAGCGCGCCGATGACGCGCGTATCCGCGCCTGGGCGCAGCGCATTGGCATCGACCCA
 GCCAAGGTGCACAGCGGCCAGGTACGCTCAATCACGACGCGGGGCGCTGGGTGTCGCTGGGGTTGTCAGGGCAG
 CTACCGGCGGTGATACGCCAGGTTGGCGACCAATGGCAGCGGCAGCCCTAA

>SG72, 654 bp

ATGACGACGATGCCCCGGCAGTGAACCTCGCCAGCACGGCACCCCTGATGCGCGTCGCCGTGGTCACTTGGCTGCTG
 CTGATCAGCGCCCGTCTGATCAACCACGTCGCGCTGTGCGGTCTGGCGACCCAGGTGAAACCCACGCACCG
 AGCCTGCAGGTGCGCGTGTGGAAAAGCGCCTGGCCGAAGTATCCAGCAGGTGGAACACGCCAGCATCAGCCG
 GTCGCCCTGCCCCAGGCGCGCTACGAGGCTGAGCGTCAGGCGTTAGAACAGCGGCTGAGCGTGATCGAGGAAGCG
 CTCGGTAGCCAGCCGGCAGCGGACAACCTGCTGCCGCTGCAAGCACGTATCGAGCAGCTGGAAATGCGCCTCAGC
 ACGCCTCCGCCTGCACCACCGACTTTCGTCCACCCACGCGCCGCCGACCAGCCAAAACCCAGGCCGTGGAGCCA
 CCATTCCGGGTGATCGGCACGGAGCTGCGCGCCGGCAGCAGTTCGTCTCGATTTTGCAGCCGCCCGGACGCG
 CTCGCGCAGGTTGCGCTGCTGCGCCCCGGCAGACCGAGGCGGCTGGAATCTCGAAGCCATCGAACCCAATACC
 GCCGTGTTCCGGCACGGTGACGACAGTTCGTCGCTGCCGATTCCGGCGCGGTAG

>SG73, 528 bp

ATGCACGCCCTCCGTTCCCTACCGCAGTTGCCTGCTGCTGGCCGCACTGGCGGCCGGCTGCGCAACGCCACCAGCG
 CCCATTCCTCGTTCCCGCTGAGGTGCGGGCTCCGGCACCGAAGCACGTCCCGGTCGTTTCGCTACGGCCGCTATACC
 CTGGTCGAGCTGACTCCGACGGCCGCCAGCAGGATCTGCTGTTGCAGGTGGTCGACGTGTCCATTCCTCCGGCAGC
 CTGCACGCCAACGTCGGGGATGCGCTGCGGCATGTATTGCAACGCTCCGGCTATCAGCTCTGCAGCGGACGCGAC
 ATCGATGCGTTGGGCGGCCTCCCACTGCCGGCGGCGCACTATCACCTCGGCCACTGCAACTGCGCGATGCCCTG
 CTGACCCTGGCGGGGCCAGCGCGAACGCTGCACGTCGACCACAGCACGCGCAGCGTCTGTTTCAGCCAGCCTCAC
 GCAACGCTGTGCAAGCGGCGCCGGCCATAGCCGAGAGCATTCCCTGCAAGGTGCCGCCGGGGAGCTGCAGCCA
 TGA

>SG74, 1431 bp

ATGAAGCGTTTTATCCAGGGAGAGCATCGAGGCCAAAGCGCGCTGCTTCCCGAGAGCCTGGATGACTATGTGGCG
 GACACCAACCCGGTGCGGGTGGTCGATGTTTTCTGTCGATGAACTCGACCTTGGCCAGCTGGGTTTCGAGGGCGTC
 GTCCCGGCGGAAACCGGCAGGCCGGCCTACCATCCTGCCGACCTGCTGAAAGATCTACATCTACGGTTACCTCAAT
 CGCATCCAGTCCAGTCGCCGCTTGAACGCGAGGCTCAGCGCAACGTTGAGTTGATGTGGCTGACCGGACGGTTG
 ATGCCGACTTCAAGACCATCGCTAACTTCCGCAAGGATAACGGCAAAGCAATCCGCGGCGTCTGTAGGCAGTTC
 GTGGTGCTGTGCCAGCAGCTTGGCCTGTTCTCTGAAGCGCTTGTGGCCATCGATGGCAGCAAGTTCAAGCGGTC
 AACAAACCGGACCGCAATTTACCAGCGCCAAGCTTCAGCGGCGAATGGAGGAGATCGAGTCCAGCATCAATCGC
 TACCTGACCGCACTGGATAACCGCTGATCGTCAGGAACCTGCCGTGGCGAAGGTCAAAGCCGAACGCTCCACGAC
 AAGATCGCGACCTTGAAAACCTAAGCTGCAGGAGCTCAAGGAAATCGAGGTTTCAGCTCAACGAAACACCGGATAAA
 CAGATCTCCCTGACCGATCCCGATGCCCCGCTCAATGAAGACCCGGGGCACCGGCGTGGTTCGGCTACAACGTACAG
 GCGGCGGTGACGCGAAGCACCACCTGATCGTGACCCACGAAGTAACGAACGATGGGGCTGATCGAGACCAGCTA
 AGCACCATGGCCAAGCAGGCGCGAGAGGCCATGGGCGTCAAGAACTCTCGGCGGTGCGCCGACAGAGGGTATTTTC
 AAAGGCGAAGAAATCCTGGCGTGCCATGAGGCTGGAATCACCGTTTTCTGTCGCAAGGCGCTGACCTCGGGAGCG
 ACAGCGGCGGGCCGCTTCGGCAAAGGTGACTTCATCTATGACGCAGCCAATAACGAGTACCGATGCCAGCTGGG
 CAAAGCCTTATCTGGCGGTTCTCACGCGTCGAGAAAGGACTGAAGCTGCACCGCTACTGGAGTTCGCACTGCCAG
 GTTGTGCGTTGAAAAGACCAATGTACACCGAGCCACAGCGTCGAGTGAGCCGCTGGGAGCATGAGGCAGTGCTC
 GAGGCGATGCAGAGTCGCTGGATCAAGCGCCCGAGATGATGCGGATCCGCCCAAACGTTGAGCACCCGTTTC
 GGCACGCTGAAGTCTGGATGGGCGCCACCCACTTCCCTCACAGAACGCTCGACCGGTTGAGTACCGAGATGAGC

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
ATGCAAAAAGCCCGCTGCAATTATCAGAATGAATGATTTGGTTTTGTAGCTAAATCCAAAGTATTGCGAGCGAC
CTAGCTGACGCCCCAACTAATCCCAAATGGCCTGGCGGGATATTGATCGTATTAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAA
CAAAGCCCGTATGCTGCAGTTATTAAAGCCGAAACCATAAAGGTTTTAATATTGAAGAGGTGAACGGCTCCGTC
AGCTTGACACTTATTAAGAAGATGCTCTTGTCTCAAACACAACGTCTGTACAAGATTGGGATCGTTGTTGAAATT
TCTTATCAGGCCCGGTTGAATAATCTTTATTCGCCGGAGAATTACAGATATTTTTTGTGTTGATCACCTGCTCACC
AGTACCGAAACAAAATCCGCAGCAGCGTATTTCTATAATGCTTTCTTGGGCATGAATATCGTAGGTTCTTCTAAG
TATCAGACTCGGAAGTTTTATGAGACGACCAAGGCGTTCATTAATGCACTTCCAATAAATTTCTTCAGAACCGGGC
GCTTTATTGGAGGCGCTACGCTCTGATCTGCGCAGCAATAAAGGAACTATGTCGATTGCTACATTTGCGGAAGAG
CATCTCCCTAAGGAGCAAAGGGAAGAATACAAAAAACGATGTCCGCAACCGGGCTCCCTGACACGGCGATGATA
AAAGATCTTGCTTACATTAAGCGAAACTACGTCGGCCTCGTAGAATTGATTTGAGCAGGGTATCAAAATTCAG
GTTCCAGCGGATGTGGACTTTAGCGAGCATGTTCAAGTGAACCTCAAGCAGGAGGCTATACACAAGTTTCGAATA
AAGGGCGTAGTCAAGGACAAGAGTAA

>SG78, 966 bp

ATGGAGCTCGAGGAGTTTAGATGTCGGCTAACAGATGCCAGCCTAGCTTGCAGGATGGGGGGACTTTGTCCGT
GAAACTGTTAAAGCGATCTCTAAATCCGAAAGCATAACTCTTCAAATACTGAGCAGTAGAGTCAAAGAAAATAGAC
TCTGCGATTGGCAAGCTGTGCGAGAAAACCTTACAAGAACCAGATGTCCGATATGACAGACCTCGTGGGTGTTGCA
GCTGTTTGCCTGCTTAGTCCGGACGTTGAAAAGCTGTGCTTCTGTTAGCATTACATCCAGAATGAAAAATTCAG
AAATCTCGGATACCTCTAAGGAGTATGAACAAGCCCCAGAAAAATTTGGCTACCAATCCCACCAATTCGAAGTG
CGTGCTAAAATTGACTTTGATACTGATGGGGTTCTCATTCCGCGAGATACGTGTTGTGAATCAAGTAAAGAACT
TTGATGCGACAGCCTTATGCGGAGGTAGTACATGATAGTATTTACAAAAGCTCCTGGGGTGCCTAGTAGAGCG
ATTAGGTTTTGTTTCAAGTAGTGCGGCGCTGATTGAGACTGCGGATCATCTTTTTTGTGAAACTATGAATATTTTA
GAGTTGGAGACTAAGGGCCGCGGTGAGCTGCTAGAGCAGCTTACGGGCTTTTACGACTCAAAAAATAAATATCAAG
GGATTCAAAGATCAGAAGTTCAATATGATGGTTTTGGAAGAGCTTAAAAATTTTATTGATGATGCGACTGTTCCA
AAGCTTTGAGCCTTTCTAGATGAGCGGAATTATATTCTGACAGGATAAGTGTAGAGTCAAGTCTGACGTATTC
TGGTCTCAGCCAGTTTTCAATGCTGGCGTATTTTCTAGTGCATGATCATTATATCTGGTAAAAGACGCTTGGCCA
TTCTCTGAGTCTGAGGACGCGTTAGCTATGGTTTTACAGCGATCTCGGGAAGAAGTTTGCAAACTAA

>SG79, 747 bp

ATGCCGGCAAGAAGAACAGTTTCGATTTGCTCTTTGCGGTGCGGCGACCCAGGCGCTCACCTTTTTGCTGTGGTGT
CGCGCAGGTTGTGCGAGAAACAGGATTTTTCCGGAGGGCCAGATACTACATGGCTCCCAGACCACAGGGGTATGCTA
CTGCTTAATGACTTCAAGTATGTGGGGCCGACTCTACTGTTTGGATATCACCAAAGGGTTCAAAGTAGACGGC
GCTTCGATAACCGGATTTGCATGGTCAATAATAGGCGGGCCTTTTGAAGGTGCGTACAGAAAAGCTTCCGTCATT
CATGATGTGGCTTGCATGAACGGTCAAATCGTGGCAGGATGTCCACCGTGCCTTTTACACGGCGATGCGGGCA
GAAGGGACTAACCAATTAAGGCCAAAATCATGTATGCAGCGGTTTATCACTTTTGGCCACGGTGGGGAGTTGAC
AGAACGTACACGTTCTCCTCCATAACAGCCTCGAGATTGGGGGATAAGTTGTACAGCCTCAAAGCCGGAGCTGGA
CCGAGAACAGACATCGTACTTGTGAGTGCGGGGCGAAAGCTGAGAAAAAAGCAAGCTTTTTTGCGGCCAGAAGT

TTGCTGAGAGTAGAGGGAGTTGTTATTGAGGTAAGGCAAGTTCAGCCAGAGTACTCAGAAACGGCATTTCAGTAAG
ATGCAGGCTCTAATCTCTGAAAATAATCTATCGCTCGAAGAGATCGAACTTTTGCCGGTTCGAAGTAGATTAG

>SG80, 270 bp

ATGTTTTCAAATCCCAATTCAAATACTCGTCAGGATTCAACTCCGGGGCGTATGCCGGCAAGAAGAACAGTTCGAT
TTGCTCTTTGCGGTTCGGCGACCCAGGCGCTCACCTTTTTGCTGTGGTGTACGCGCAGGTTGTCGAGAAAACAGGAT
TTTCCGGAGGGCCAGATACTACATGGCTCCCAGACCACAGGGGTATGCTACTGCTTAATGACTTCAAGTATGTGG
GGCCGGACTCTACTGTTTGGATATCACCAAAGGGTTCAAAAGTAG

>SG81, 2301 bp

ATGTCCCTCAATCTTGAAACCCTTCCCGATAACCGCGGTGCAGGGCGACCTGCTCGAAGCCGCGGAGTCTTCTCTC
ACGCTCAGCCTGCAGGACTTCGTGTCCGAGTTCGGCGACGAGCTGCTCGACTCTCTCAATCGCGCCAACCCGCCG
GTCTACGCCGGCCAGGCGCGGCCACATCGGCAGTCTGTGTGTCGCCGGCCTCAAACCGGCAGTTGTTTCGCGGCGCAA
GCCGATGTGGTTCATGCGGTTGCCGAGCTGTTGATCGACCGCGGCGAACGCGCGGCTATCGTCAACGGCGAGATG
GGCTGCGGCAAGACGACGGTGGGCATTGCCACCGCCCGCTGCTCAACGCCGAAGGCTACCGCCGACCCCTGGTG
CTCTCCCCGCCACACCTGGTGTACAAGTGGCGTCGAGAGATTAGGAGACGGTGGCCTGTGCCAAGGTCTGGGTG
CTCAACGGCCCCGACACGCTGGTCAAACCTGCTGAAACTGCGCGAGCAGTTGGGCGTCTCGCCCCAGGGTCAGGAG
TTCTTCGTCTTAGGCCGAGTGCAGGATGAGGATGGACTTTCCTGGAAGCCGGTCTTCAACCAGCATCGCACCCGG
CACGGCGACGTAGGCGCCTGCCCTGACTGCGGCCAGGTCATCACCGACCTCGACGGCGAGCCGATCAATCCGATC
GAACTCGAAGCCGAGGAATACCGCCGCAAGTGCAGCCAGTGCGCCGCCCGTGTGGGACGCTGATTCGTCCAAAGA
AGGCTGTGCGCCAGCGACCGATCCTCTGCCGTGCTCAAGGCGCTGAAGCGTATTCACCGATTGGCGAGGTCACC
GCGCAGAAGCTGATGCAGATGTTCCGGCGATGCCTTCCTCGCCTCGATGCTCGGGGACAACATCCACGAGTTCATC
AACCTGATGGATGGCAACGGTGGAGTGGTCTTCTCGGACCGGCAAGCCAGCGCATGGAGCGTGCATGTCGTCG
ATGGAGTTTGGTTTTGGCGAGGGCGGCTACCAGCCATCGGAGTTCATCAAGCGGCAGCTTCCCCAGGGCAGGTTT
GACCTGCTCATCGCCGACGAGGCGCACGAGTACAAGAACGGTGGCTCCGCACAGGGCCAGGCCATGGGCGTGTG
GCGGCCAAGGCACGGAAGACGCTGCTGCTCACCGGCACGCTGATGGGAGGCTACGGCGACGACTTGTCTACCTG
CTGTTCCGCGCCTTGCTGGGTGGATGATCGAAGACGGTACCAGCCGACCAAGAGCGGCAGCATGACGTCGGCG
GCAATGGCATTTCATGCGCGACCATGGCGTGTCAAGGACATCTATTCCGAGAGCATGGGCACGGCACACAAGACG
GCCAAGGGCAGCAAGGTCTCGGTGCGCACGGTCAAGGCGCCGGGTTTCGGTCCCAAGGGCGTGTTCGCTGCGTC
CTGCCGTTACGGTCTTCCCTCAAGTTGAAGGACATCGGCGGCAACGTGCTGCCGCCCTACGACGAGGAGTTCGCG
GAGGTGCGCCATGGATGACGAGCAGGCCAATGCGTACCAGCAACCTGTGCTCACGGCTGAGCCAGGAGCTGAAAACG
TCCCTGGCGAAACGTGATACGACGCTGTTGGGCGTGGTGTCAATGTACTGCTGGCCTGGCCGGACACGTGCTTT
CGCGCGGAGACCGTACCCATCCGCGCACGCGGAGCTGTTGGCATTTCGTTGCCCTCCAGTTC AACGAACTAGAG
GTGATGCCCAAGGAGCGCGAGCTGATCGAGATCTGCCACAAGGAGAAGGCGGAAGGTGCAAGACCCTGGTCTAC
AGCGTCTATACAGGCACACGCGATAACCACTCCAGGCTCAAGCTGTTGCTGGAGCAGGAAGGCTTCAAGGTGGCG
GTACTACGCGCAAGCGTGGATGCCTCTCGCCGTGAGGACTGGATTGCCGAGCAACTGGACCGTGGCATCGACGTC
CTCATACCAATCCCGAAGTGGTGAACCCGGGTTGGATTTGCTGGAGTTCACCGATGCTTTCATGCAGTCCG
GGCTACAACGTGTATTTCGCTGCAGCAAGCCGCACGCCGTTCCCTGGCGTATCGGCCAGAAGCTGGCAGTCAGGGTG
ATCTACCTGGGCTACGCAGCCACCTCGCAGATGACCTGCCTGGCGCTGATGGCCAGGAAGATCATGGTCTCGCAG
AGCACATCGGGAGACGTGCCCGAATCCGGACTCGATGTCTGAATCAGGATGGCGACTCGGTGGAGGTGGCCCTTG
GCACGGCAGCTTGTTCGGAAGTGA

>SG82, 297 bp

ATGCCCATGGCACACCAACCGCCTCCCTGCTGTTTACGATAGGCACATTGATCTTCAGTCCCGGCATCGACCCG
CTCATGCGGGAAGGTGCGCTCGATCCCTGCCGTACTTCCAGCGCCACACCCGTGGCGATTGGGGCGACGTACGC
GACACGAGTGGCAAGCGAACAACGCCGCCCTGCAATCGGCTGCTCGGCTCGAATCGTCTACGTGGTTTACCCTG
GAACTGAGCATCTGCATCGTCACTGAGGCAGACCCGAGCGCAACCCATATCGCGCTGGCGTCCGAGCACTGA

>SG83, 1110 bp

ATGGCTCTCATGTTCCCCAGGCTCGCACGGAATTTCCGCAAGAACGGCTACTACCCGACCGACGAAGCCACCCTC
GAAAGAACGCTCAGCGCATTGACACCCAGCGATGGGCCGATGTGCATTCTCGATCCTTGCGCCGGCGAAGGCGTC
GCCATAGCGGAAGCCGCGCATGCCCTCGGGCGTATCAGACCACCGCCTATGCGGTGGAGTACGACCCGGAACGC
GCAAACCATGCACGGCGGCTGGTGCATCACTGCATCCAAGGCGATTTGATGGATGCAGTCTCGCCCCGACAGAGC
TTCGGCCTGCTGTGGCTCAACCCGCTTATGGCGAGCTGTGCAAGGACGCCAACGGCAATATCGGCTACGACGGC
AAAGGCCGCGCCAGGCTGGAGAAGCTGTTTCTATCAGAAGACGCTGCCGCTGCTGCAGTACGGGGGCGTTCCTGTC
TTCATCGTGCCGTCCTACGTACTCGACCAGGAACTGGTCCGGTGGCTCACGCGACACTTCGCCGACCTGCGCATC
CACCGAGCGGTGGACACGCAGTTCAAGCAAGTTGTGCTGTTTCGGCCGCCGAATCCGCCAGCGCAACTGGTGGGC
GACGAGGTGAAATCCATCCGCGCCCGGCTGCTGCAGATCGGGCAAGGCGAAGTGCAGCGCAAGAGCTTCCAGCC
GAGTGGCCGTTGCTCCCTACGTGCTCCCGCGGCTCGGCCGAGCCCGAGTACTTCTATCGCATCAGCATGGAA
CCGGCGCAGTTCCCGAGGAAGTGCAGCGCCTGCAAGGCTGTGGCCGTCGTTTCGAGACGCATCTCGGTGCCGCG
CAGCAGTCTTGCCTGCCCGCGCGTGCCTTGTCCACTGGCACCTAGCGTTGGCCCTCGCGGCCGCGCGATC
TCGGGTGTCGTGCAATCCAAGAGTGGCCGCATCCTGGCCGTCAAAGGCGATACCCACAAGCAGAAAACCACCAGC

ACGGAATACCGCGAACGCGACGACGGCTCCATCGCCGAGACGCGCATCCTCACTGACAAGTTCTGTGCCGGTGATT
CGTGCCTGGGATCTGTCCCCGACTCGGCCACGCTGGGCCGCATCATCACCATCCACTGA

>SG84, 657 bp

ATGTCTGCCCCTTTATCGCCTGCCACGCTGTATCGCATCGACGAGTGGCCGACCTGATGGCTGACGCCTGCATC
CGTGACGAACAGGGAAACCTGATCTTTATCTCAGTCTGGGCGCGGGATAACCGCTATCCAGCAGTTCAGGCCCGA
CTGACCCTGAGCCGCGACGAGGATGGGCTGGACACGTTCCACCTCATCACCAGCAAGGGAGCTCTGTCCCCGTC
TTCATCGGCACGGTCGAGCGTTTGGAAAAACGCTGACCCGTGCCTATCGCCGCACGCTGTTCCGGCTCGATGGTC
AACCTTTGGCTGTTTCGACC GGCGCTGCGTAAGGCCCGACAAGAGCTCGGCCAGCGACTGGCGCTGCTGCCGCAC
TCCGTAACCGATCCGACGTCACGCCTGTGGCAACTGGTCAGGGACACCTGCCCATTTGCCGTTGCTGGATCACTGG
CAAGCACCGGTACTGACGCTGCTGCGCGATCACAAACATGCTCCAGGATCTGTGGTGGCTCTTTGGCCAGTGCGC
GGAATACACCTGCAGCTGGACGTTCCAGCGCTGACTGACGCGCTGGGCGAATTGATCCGCCGCGGCGTACTCACC
GCCTACCCGCCACGGCAGCCGGCAATCACCACCTGGCGCTGCAAGCTGTGGCTTGA

>SG85, 672 bp

ATGGCAGCCTCAGCAGCCCTGCAGTTATCTGCATCATCCATCGTTCGTGCCTGGCCAACTCACGCTACGCACCATC
CACGGTCGCAACGGGCCGTTCAACGTCGGCCGCTCGTTCACAGCCATTGGCAAGTTTGCCGTC AAGGACGCGGAG
TTGGAGCAGTACCCCGAAGGCAAGTACGACGGGGAGTTCGTTCATCCGCTACATCGATGCGAAAGCTATCCACC
TGTGACGGCATGCGCTTCGAGATCCGCGCCAGCCTGGACGGAATGACGCTCTCGGGCATCGACAAACTGAGCAAG
GCCGAGGCCCGTGCCTTTGCCTCCAGGAAGTCGATCCACTGGACGAGGAGCTGGCCGCGCATTCGCTGACACCCG
GCGGCAACGCCAGAACCAGAGTCCGCTCCCGTACGGGCAGCGACGGACCCACTGATCGATAACAGGCCCTTCGGC
GTGGACGCGCCCGCGCTGCGGTGCTGCCTCCGGCAGTCCCGACAGCGACGATGCCGCTTGTTCGGCTGCTG
TGGCCGCTGGGCGAGTCGGTGA AACTGGACTCGACCATCGACCGCCGCACACTGCGTGTACAGATCGCGCGCCTG
GGCATACTGGGCTACGCGCTCGACTTCAAGTCACAGCAATGGAATCGGCAGCCTGACCAACAGGCTGCGTGA

>SG86, 828 bp

ATGCAACTCGCCTCTCGTTTTGCTCCCGCTCGCCGATACTGCGCGCTGATCATCCGCTGTCCGATGAGCAGATT
CGCGCGGTGGCACCGTCGATCTTTGCGGACACCCCGCATGAGAGCCGGTCCGAGCGCTACAGCTACATCCCCACC
GCTTCGGTACTTGCCGAGCTGCGCGGAGAAGGTTTCCAGCCTTTTCATGGTGTGCCAGACCCGCTGCGCCACGAG
GACCGCCGCAATTCACCAAGCACATGATCCGCTTCGCCACGCCAGCCAGATCAATGGCAACGAAGCGAATGAA
ATCATCCTCCTCAACTCGCACGACGGCACAGCAGCTACCAGATGCTCGCCGGCATGTTTCAGGTTTCGTCTGCCAC
AACGGCTTGGTCTGCGGTAACACCCTCGCCGATGTCCGTGTGCATCACAAAGGCAATGTGCGCCGAGCACGTGATC
GAAGGTGCCTACGAGGTCTCCACGGCTTCGAACAGGTGCAGGCGTCGCGGACGCGATGCGCCTGATCACCCCTG
GACGAAGGCGAGCAAGAAGTCTTTGGCCCGCTCGGC ACTGGCGCTCAAGTACGACACGCCCAACCAGGTAGTGCCG
ATCACCGAGGCACAGGTGCTGATGCCCCGACGCGTCGATGACCGGGCAGCGACCTGTGGTCCACCTTCAATCGC
ATTCAGGAGAACCTCGTCAAAGGCGGTTTGAACGGACGCGAGCGCCCATGGCCGCCGAGATACCCGCGCGGTT
CAGGGGATCGACCAGAACGTGCGGCTCAACCGCGCACTGTGGATGCTGGCCGAAGGCATGCAACAGCTGAAGGCC
TGA

>SG87, 885 bp

ATGACTAGCACTACTTCCAGCCCGAAGTCGTA CTTCGACATCCATACTCGGGCATCGGCTACATCCAGCGTGTT
CGCGAAGTACCGGTA AAGGTGGCCGCAAAGCCATGCCATTTCTCGCATGCACCGTGGCGGCGCTTGTCCGGCCT
GCACAAAACCCGACCCGCGCTACTTCGACGTACGCGTGTCCGGCGCCGAAGCCAAGCAACTCGTTCCTGCCCTAC
ATCGGTATCGATGATCACCAGCAACGGCCGCTGTTCCGCTTTCTGCTCTCGGCGACCTGTGGATCGATCCGTTCCGC
CGGCCCTCGGGTATCCGGCGGCCAGCATAAAGGCCCGGCTACTCAAGGCCGAGTTGCTGGAACGCGGTACCCCTC
GACGAAATCGAGTATCACGAGCTGCTGACCCGCGGTATCGGCTACTTGAACAATCCCAGGATGATCCCGAACGGC
GGTGATCCATTCTGTGCTGCTCCATCGCTGCCTTGGCCGGCCCGGTCGACGACCCCGAGTATCGCTATATCGAG
ACCACCGTCGCCGACGACAGCGCTCAGCACCTGGTGCAGCGCTGTATT CAGGCCGTTGAAGCGAACAAGAAGGTG
CTGCTGGCCTTACGCTCAACGACATGAAGGCCGAGGCTACGTCCGTAGCAAAGGCGAGCACGCCGGTGAAGTG
GGCGGCAGCCTGAAGTCGAAGCTGATGCGCATCGGCCTGATCAAAGTCGATGGTGTACAGGTTCTATCCGCTGGAA
TCCGCGAGCGCCCGCTCACGAAGACGCTCTCGCGTCAGACGAGGCGGTTACGCGGAGGATGAAAGCGTTAATCCA
CAACCCACCGCCCCACCCAGGCCCTGTGAGGAGCCCGTGCGGGTGGCTTCGTTCTGA

>SG88, 225 bp

GTGGGGAATGTGGATTGTGCTTTTTTTCAGTCAGTTGGCCATCTGGACAGGCCGATCTGGTTGTACGGATCTTGG
CGGCGAGCATTTTTTACAAGTGATTCAGGCGATCGCATACATGGCAGCGTGGCGGGACGGCGACGCTGCCTTCCAG
CTAGATCGACGATGGGATCGGCTTGTGTCTTTCTTATTCCCGAAATGCTGAGCAGCTGATCACCACGCCGTGA

>SG89, 168 bp

ATGGCTGGTGGCCGAGCTGAGCCTGGTGGCAATGACTCCGGCAAGCATTTTCGACCCGAAAGCCATGGTGTTCACG
CACATCCTGAACAGCGAGGACGACCTGGAGTTGTCCGCCACCTCCACACAGCTGTCCCTCACGCCAGCGCTACCA
GCACCAGGTGGCAACTGA

>SG90, 798 bp

ATGGATACCCAAGCCATCCGCGCACAAATGCCCGTTCTGGTTCGCCGGTTCATGTTCCCCGCAATGTCCGTACCTTC
AAGTTCAATATCTTCGACGGGCAACCCAAGGTCTCGACGTGGGGCTTCCACATCGACCCGAAACCGTTCGAGGGC
AAGGTAATCGCCGACACCGGGCGATGCCATCGTTCGTAAGATCGGCCGGGCGAATTCGCAGTGTCTGCATCGCGCA
CTGCTGACCGAAGTGCCTGTTGAGGGCGCAAGGTGCAGGTCCAGCCGTATGCCCGACGCCGTTTCGATGGTCTG
CGCGCGACACACCGGAAGAACGTACCGAGTACGCCGACAGCGGCACGCCCTTCACAATGCAAAACGCACATACTC
GGATCCGCCCCCGCCAAACTGCCACTCCCGCAGCCACGCTGCCAGAGTTGCAGGAATCATCAACCAGCTCGAA
CAGCTGCCGGCTCCCGACGGTTTCCGCCACATCACCCACTTGCTGGTGGATGCTGGCGCACGGGCATTTTCCGTT
GTCGATCCGCTACCCGACGACATCATCAAGACGCCTCCGGCGATCAGCTTACCCTTGCAGCCGGAAGTTCCAA
GGGCAGGTGACCTGCTGTACGACCGCTCCGATGACCTCTATGTGATCGAGCTGAAACGAGATGGAGAATCGTC
GAACGCATCGATCAAGTGTCTTTCGACTCGCTCGGAGAAACGCTGGAGCAATTGATCGACGATGGCAGTTGGCGG
CGCATCCAGGTGCAGTGCCTGCCTGAATCGAAACCTGTCCGGCACTAA

>SG91, 714 bp

ATGAACAGCCCGATCAATCCTTTTACCCGTGGCTACCACGGCTTTCATATTCAGCGAGTTGCCGTCATCGGCTAC
GACGACCGCTGCCCGATGACCTACCTGCCGTTGCATCGTTACAAAGCCATGTGCCGGACGAACAGTTGATCCAC
CGTCGCTGCATCTTCAGCGACGATTTTCGTGCTCGTCACTAAAGGTGAGGAGTTGCCCGGAGCTCGACGCGCTC
TGCAGCGGAACCGGTACGATTCTGTCTGTGCTCTACAGCATTTACGGTGACGACAACGGCGCATCACGGCACATC
GGCGATACCCAGACCCTGGAAGCCGCTCGCGAAGTGGTTCACCGCCTAAGTTTCGAGACTGGGCATTACAGTCA
TGCTGGGAGATCAGCAACGCGCATGTCAACGAGGATGCGATTTCGCTACCTGGAGGACATGGCGGATACCGAAACG
CCCACCGGCCTGCTGTTTCGTCGCTTCCACATTTCCCTGCTCCCCGGCTGTCCGGGTGAAGCTGATCGCCACGCCC
TGGACGAGCGCAACCTGTTGCACGTGCAAGGCATCACCGCTGAGCAGTTGCCGCAAGAGCATCTGGGCCAGAGC
GTCCCGCGTCAATTGCTGGAAATCCTGCATCAGGCGGCCGCTGCCGACGTGCGCATCTAATTTCTGGATGCCGAT
GCCCCACGCTCGACGGGCTCGCGCTGTACCAAGTGTAG

>SG92, 393 bp

ATGAGTCAGTCTTTACCTCCAGACGTCCTTGATCAGATCGCGCGGAAATTCGCAATTCGACAATGCCCTGCG
GCATTTTTGCAGGCATGGAACGCGGTGTCCAAATCGCCGGTGCCGAGTGGTTCCGGCGACGGCACTCACACCGGG
CTGCAGCAAGCCAAGAGCAAGTGGGATCTGCGACCGAATGTACAGCGGCTCAACGACGCCCTGGGCGTACTGAGC
GGCGGCCAACGGTTGTTTCCCTTTCCGCGATGGTCAGCTTTTATAACGCCAGTGAAGGCGGCGCGATGCTCAAACGC
TGTCAGTTCGAGGGGCTTCCGATCTCGCGGTCTCGACCTGGAACGCCGCAAGGTTCATCGCCGGCCTGGTGCTC
CACTACGACGGCTGGTGA

>SG93, 408 bp

GTGTCGTCGACCTCGGTGACACCATGCCCGCAGCACGGATCCTCGGCTGCACCCGGAATCCTCCGCGCCGACC
CGACCAGTCCGCCCCGACCAGCTTGCAGGACGAACGCCTGCAAGGCGTTGGTGCCTTGCTCCATTCAGCCAGGA
GGCTCTTCCATGTCCCATGCACATCCCGCGTCAACCCACTGCCACCCAGGCCCGAGCCGAATCCATCGGCTATCTG
GCCCTGACCTACGTGGGTAAACGCCTGCCCTTGCAGGTGCGCCAAAGCGGGCGCCGGCCACTTCATCGGCACTGCT
GACGACAACGGCCCCGCTCGCGCGAGTCCGTCGAGTACTTCCGCTCATAACGAAGCTGCAGAGCAGGCCCTGAGC
ACAGGGCGCTGGCAGCAGCGTCTCCATCCCTGA

>SG94, 1563 bp

ATGAGCACTATCTGCCTCAAACCAACCAGCATCGCCTGATCGCCAACCTGCGTCAACGCTTACGGCGCACAGC
ATGCTCGGCGAGTCTGCTACAGAACGCACGCCGCGCGGGCCAGTCACATCGCAGTCAATCGCCGACGGCAACACC
CTCATCGTCAGCGACAACGGTAGCGGTATCGCCGACCTGCAAACGCTGATCTTCATCGCCGAGTCCGGCTGGGAT
CAGGCGTTGCAAGCACGGGAGAATGCATTCCGCTCGCGCTTGTGTCGACGCTGTAATTCGCTGAGCATTTGTGCG
GTGCATTCAGGCAACCAGGCCTTCAACGCCGCGACGGCGAGCATCATTCGCGGGCAGCCATTGAGGTCTATCCC
GCGCCCGCACGGATCGGCACCGAGATTGCCTGGACGGTGTGCAATCACCGCAGCCCCATCTCACCTTGCCGCAA
TGGGTGAGTATCAGCTCACAGTCTTGTGCGAGGCCTTTCCTGTACAGGTATCGCTCAACGGTGTAGAGATCGGG
CGGCCGCTGACAGATATGCGTTTGTGATGGCGCAAACGCCGGTAGGTGAGGTGCTGCTCGACCTCGAGGCCCTCA
CCGACGCAATGGCGCTGTTTTCTGCAGGGCCTGCCATCGGCAGGGCGCAACCTTCTCAAGCATCAGATCGTA
CTGTTACGCGACGAGATGATCGCCCGCTGCCAGATCGCCAGCATCTGCTCAATGAGAAAGAAGATCACCTGCGC
ATTCAGGCCGCGATCAAGGAGGCATACCGGCAAGCGTTGCTCGACGCCAAGGCGCAACTGACCAGCACTGAATTC
ACTGAGTTGTATGCGGAGACCTGCCTGTCTCGTCAAACGCGGATCTGCTCAATGACGTGCCATGCGCTCCACTC
GCCTGGTTTTGCAACTGGGAAGGCAACCCCGCGGGATACCACCGCTACTGGGAGCAGTTTTCCGCTGAATGGACTA
TCAACCCGTGCCGCCCTGGAGGAGCGTGGCATCTGGTTCATCGAAAGCGACGCTGACAATGAGTTTCGTGGTGGAA
AGCTATCTGCATGCACGACAAGCCTTTCTGCTGGAGGAGCATCGCCTCGATGCGAACCCTGGCTACGGCACATG
GCTAAAGGCGTTACGCCGGATCAGGTAAGCGTCCGGCACGGTGAATTTCTCCATAGCGAGAGTTATCCCCCTTG
GCCGAGTGCAGCAACTGGTTCGATACCCATAACGCCAGCCTGGAAGGTGAACCGGGGAGTATGCGGTG
GAGGCACTGCGTAAGGACGACTGCCTGTACCTGACGCCGACGCCTGGCAACGTCACGGAATCGTGTCCGACTAC
ATCTTTGATGACCGCTATGACGAGGGTCGAGAAGATGAGGATGCGCAGACGCTCGCCACGTTCAATCGTGTAGGT
TGCTCGCAGGATCCCGCCAGGTTGTGAGGGCGCTGCTGCCATATGCGCTGAGCCATGGCTCTCAACCGAAGCTG
GCCGGCGCGGTGCTTCAGCTGAGTTTCGACTGCAACGGCAAACTGCTTGGAGTCAACGCTG

>SG95, 120 bp

ATGAAGGGTCCCCTGGTGCCTTGTCTAGATAGCAGGACGAGCCCCAGGAGACCCTTCGGGTGCAATGGTATTCA
GTGCCGGCACCCACCGGCGAAACAACGGGTTTCCTTTTTGTGCGTAG

>SG96, 2019 bp

ATGCGCCTGTTTCCTCTGCGAGAAGCCATCCCAGGGCAAGGACATCGCCCGTGTGCTGGGGGCTGGCCAACGCGGC
AGCGGCTGCTACAACGGAGCGGGTACCGTGGTGCCTGGTGCATTGGTACCTGATCGAAGCGGCGCCACCGGAA
GCCTACGGCGAGCAGTACAAGCGCTGGTTCGCTCGAGCAGTCCCCATCATTCCCGAGCGCTGGCGGGTCGAGCCG
AAAGCGCAACCCGCGCGCAATTGAAGATCGTCAAGCAGCTGGTCGGCCAGGCCAGCGAGCTGGTGCATCGCAACC
GATGCGGATCGCGAAGGCGAGATGATCGCTCGCGAGATCATCGACCTGTGCGGCTATCGCGGGCCCATCCAACGG
CTGTGGCTGTGCGGCTCAACGACGCGAGCATTTCGCAAGGCGCTGGGCGCGCTGAAACCCCTCAAGCGAGGCGCTG
CCGCTGTACGCGAGCGGCGCTCGCGCGCTCCCGAGCGGACTGGCTGGTTCGGCATGAACCTGAGCCGCTGTTTACC
CTGCTGGGGCGTCAGGCCGGCTACGACGGCGTACTCTCGGTTCGGCCGGGTGCAGACACCGACGCTGGCCCTGGTG
GTAACCCGCGACCGCGAGATCGCGCGCTTCGTCTCGGTGCCGTTCTGGAGCATCGAGGTTCGGCTATCGACAGGC
GGGCACAGCTTCCTCGCCACCTGGATCGCCGCGGATGGCTGCAGCGATGATGCGGGCCGCTGCCTGCAGCAGGC
ACGGCCCAACAAGCCGCGGATCGCCTACGCGTAGCCGGCAGCGCCAGGTGGTCGCGTACAACGGAGCGCGTG
CGTGAGGCGCCACCCTGCCCCTTCGACCTGGGCACGCTGCAGGACGTGTGCTCGCGCAACTCGCTCTGGACGTG
CAGGAGACGTTGGACATTGCCAGGCGCTGTACGAGACGCACAAGGCGACGACCTATCCGCGCTCGGATTCCGGGT
TACTTGCCCGAAAGCATGCTCGCCGAGGTGCCGGCCGTACTCGCTGCCATGCTCACCACCGATCCCAGCTGCGC
CCGTTGCTGGAGCAGCTCGACCGGACTCAGCGCTCACGGGCTTGAACGACAGCAAGGTATCAGCCACCACGGC
ATCATCCCAGCGCTGGAGCCGGCGAACCTGGCGGCCATAAGCGACAAGGCGCTGGCGGTCTACAGGCTGATCCGC
GCGCACTATCTCGCGCAGTTTCTGCCACATTACGAGTTCGACCGCACGACGGCGCAGTTGCTGTGCGGCGGCCAG
ACCCTGCAAGCCGTTGGCAAACAGGTGATCATCCCCGGCTGGCATCAGGTGCTGGCCGGCCCGGAAGCGGACAAC
GCCACGGCGAAGCGGTCCCACGCAGCCAGGTGTTGCCAGCCTTGC CGGAAGGACTGTCTTGCCAGGTCAATCAC
GTCGATCTGAAAGCCCTCAAGACGCAGCCACCAAAACCTTACACCAAGGCGATCTGATCAAGGCCATGAAAGGC
GTGCCAACTGGTACCACCGCGGTTGAAGCAAAAGCTGAAAGAGAGACCACGGGCATTCGGCAGCCGACCCACG
CGCGCCAGCATCATCAAAGGCTGCTCGAGCGCGCTACCTGCTCAAGAAAGGTGCGCACCGTGCCTGCTCCGAC
GCGGCGGGCAGGCTGATCGATGCGGTGCCAGCGGCCATCACCGATCCCAGCACGACCGCGGTCTGGGAGCAGGCC
CTGGACATGATCGAAGCCGGCGACATGACGCTGGAGACCTTCGTGCGCAAGCAATCCACGTGGATCACCCAAATG
GTGCAGCAGTACCGCGCGGCCACCCTGGCCATCAAACCTCCCCAGGGTCCCGCTGCCGCTGTGCGGCAGCGCC
ACGCGCCAACGCACCGGCAAGACCGGTCCATTCTGGTCTGCTGCCGCTATCCCGATTGCAAAGGCACCCTGCC
GTCCAGAATGGCCGGCAGGCCAGCGCCAAGCGCAGCACTTACGCAAGCCGCGGCAGATCCCGAAATAG

>SG97, 396 bp

ATGAGCACGCACTTTGTTGGCGAAGGCAACATCGGTTCTGCGCCGGAGTTCAGGGAGTTTCCGAGCGGCAACGAC
GAGCCCAGGCGGTTGTTGCGTTTGAACGTGTATTTGACAATCCGGTTCGGACCAAGGATGGCTATGACGATCGC
GGTGGCTACTGGGCTCCCGTGGAACTGTGGCACCGCGAGGCTGAGCACTGGAAAACGCTGTACCAGAAAGGCATG
CGCGTCTGGTGGAAAGGCCGACCGTACGCGATGAGTGGGAGGACCGGGACGAGAACGAGCGCGTGACCTTCAAG
ATCGAGGCGCGGCGTGTGCGCATCCTGCCGTACCGGATCGATGCCGTAAGCCTGAGCCCGAAAACAGGCCAGCGAG
CCCGCCAGCCGGCCGAGTGA

>SG98, 552 bp

ATGACCTCGACTTCGATTCTGCGGCAGCCCGCGCTTTTACCCCTTGAACAGGCTGACTTCTCAAGCTGGAA
CAGGCCGCTCTCTAAAAGGCTTTTACAGCCTTTTAAAGGTAAGGGGGCACTTACCCAGTGGGCCAGCCAGTGC
CACAGGCTTTCGCGATGGGCTGATCGAGCTGGCGCAGCGCCGCTCCTGGCGCAGGCGAATGCCTACCCCTTCCGC
CTGCTGCCCCGTGGAGCTGGCCCAGCAGACCAGGGCGCAGGCACGACGTTTCTGCGCTGGCGCAAGCCTGATCGT
TCGGCCATGGGAGTGGCTCTCTGGCAAGCGCTGATCGCCAGCGCCACCACGCCCCGACACCCTGATCGATGACCTC
TATGCCATGGAGGTCCAGCGCATCGTGTGAACATGCAGATCAGCCTTCTGCACACGCTGGGCCGGCAAGCTCAC
GAGTGCGCCAGCAAGGTGGCCCAGGCCGAATCGCTTTACCTGCAGCGCTCCCCGGAAGCGCTGCGTCCATCCG
ACCACTTGTTCCAAGGAGTCACTATGA

>SG99, 807 bp

ATGGCCACCGACACCTCCTTGAACCTGAATCTCGGATCGCTGCGCAGTGCCATGTGCTGACGCTGCACACCCAT
CACGCTCGCGCATCTGGCACGGCCGAGCGGCCAGCGAGGGCAAGCCCGGCATCGTAGGCTTGAACGGTTTCATC
GCCATCGCCAACAAGATCAAGCGTGGCGCCGAGCAGGACGATCCCTACTCAGACTGGTGGATGCTGAGGCTCGAG
GAAAAGCTGGCGCAGACCAAGGACAGCCTGCAGGCCTTTCGCTGAACAGGTCGACCAGGCTTGGCCGACGTGCCG
CCAGCCTTGTCTGTTGGGCGAGAATGAACGTGCAGCCGGTGAAGCTGCCGCTGTTCTGTCACCGCGCAGCTAGGC
TTCCTCGCGGTGTACTTGTGGCCGACTACGACGACCTGGCACGCAAGCTGATCCTGGCCACCACACCGCGCTG
ATCGACCGCAGCAGCTTGGAGCGTGGCTCAACGAGGGGGCGCACGCCCTGCGCAGCCTGTTCTCGCTGGCGCAG
CAGTACCGCTACTCGGGCTGCACCCGGGATGACTTTCGCGGCCAAGAATGCCCGCCGCTCGTGCAGCCCTGGAGAAG
CTCGGGCAACTGCCGCAGGAGGTGCTCGAAGGCACGCTGCGCTCGCGCTATGCCCGCCGATCATCCGGCGCTCG

GCGCTGGCCGCTCGGCACCCGAGGATGCCGCGGATGCCAGTGACGATGATGTCTGCCTGAAAGCGCGGATATC
ACCCTGGCCGCCCGCGGATAACGAGGAGGCACCCGCATGA

>SG100, 1164 bp

ATGGTTCGCGCAGGCAGGTCCCGCCGCTCTTTCAACGCTGCTCGACGACGCCCTGCGGCACCTGCCTCCCAACCGG
GAGCACACACCCGCCAGCGATGGATTCCCTCTACAGCGGCAATCGCCATGAAAGCGTGCCCCGGGCGCTGTTTCTC
GACACGCGGTTGACGCCGCTGGAGCGCAATGCCTGGCAAATCATCCGGCTCATGCTCAACGCCGATGGCGTGACG
GCATTTCCACCTACGATCAGCTGCGTCCCTACCTGGCCTCGACGCCCTGCGCGCAGCAGGCGTCTGTACGAAACC
GTGGCGCGTGCAGTGCACGCTGCGCCTGACACGCTGGCTCAGTCTCGTGCGCCGCCGGCGCGATCCCAAGACC
GGGCGCATCAAGGGCAATCTGTACGTCTGACGATGCCAGCAAGGCCCTCACGCCGTTTGAAGCCATGCAGTCCG
GAGTATCTGGGGCTGGTGAGCCATGCGCTTGAGCATGCCAGCAAGGCGGTGCAGCGGGTGGGCTACCGCACCATT
CAGGACATCAGCGAAGACCCGTTGCTCAGCGGCCGCGTGTGCGGACGCGGCTGCAGGTGTTGGTGACGCGCATG
GCCCAGGGCGGCGTACGCCCTCAGGAAAGTTATCCACAGGTGCGGCCCATCCACGAATCCGAAGAAGGTGAAAAC
GCCCTTCTTCGGAATGGCGAGCCGCCGCTCTTCGGATTCCGAAGCAGGCGCGAACACCAGCAAAAACCAACCCTCTT
CGGAATCCGAAGCAGGACCGTACTGAAGTACTGAGTATTTCGTATAAAAAAATCTGTACGTACTGACGCGCATGCG
CGAGAACACCCGCATCTGCGCCTGCCTGAACGCTTTCTGGCGCTGCGCGATGAACAGCAGGCCGGCGCGCTGGTA
GCCCTGCAGCAAGTGCAGGCCGAACAGCGACAAGCCGTGCTCGATGAATGGGCCGTGCGCTGTGCGCAGCAGCGG
GTGCGTAAACCTGCCGGCTATCTGTTTCGGCATCATCCAGGCCGCCATTTCGCGGTGAGTTCAACGCCCTGGGCCGGA
CAGGACAAGCACCAGGTGCTCACCGCCGATCCGCCTCCCGCACCCCGAACGGCAAACCCCGAGGTGTTGCACACG
CATCTCGCCAGCTGCATGCCCTGTTGCACCCCAATGA

>SG101, 561 bp

ATGTCGACACCTCATCCGCTTAATCAAGCTGTGGTTGCACAGGCGCTGCACGATCTGCGCAATGGCCAACTTCGC
CGCTGCCAGTCGATGGGTTTTAGCGAGCGGGAACCTGGACGTAAGCAACCGGCGCTGGTGAGCCTGCTGGCC
AATGCCCAGGTCCCTTGGTGTCTGTGACGGTCAATACGGCCGCTCTTCGGCGCTGGTTCAGCCAGATGAACGAC
ATCGAGCAGGAGATCGCCACGATTGATCGCATGCTGCGCTGGGGCCAGTACCGAGATGGTTCAGCAAGTTCTAC
GGGCTGACCCATCAGGAGTCCGCCCTGCGCCGCGACATCATTTGCTACCCAAGCGCAGGGGGCGGCATCCGGTG
CTGAATGAAGAACAGGAGATGGCCCTGTGGAAGCAATGGAAGGCCGCATCACCGAGCGCGGCATCGCGCTGGGT
GACGACAGTACAATGCTGGAAGTACGATGGATTTGGCCGAAGCCCTCTCTTTGCCCATGTCCGTGATCTGGGCG
GCCATCGCAAGCTGGATCGACCAAGGCCTGGTGTA

>SG102 1668 bp

ATGGCGACTGTCACGCCTCAGGAAATGGCCGGCAAATTGATGGCCGAAGGGTTTTCTCGCGCCGGCCCTGCCGCA
CAGGTGTTGAGCGACCCGGTGACCGACACGCCGATGGTGGTACGCTCGATGACCTGCGCCCTATGAGCTTGAT
CCACGCCTGACGCGTAACCCGATCTACGACGAAATAAAGCATCCATCCGTGAGCGGGCCTCGATGCCCGCCG
CCGATCACCCGACGCCCGGGTGCCGAGCATTTCATCATTTCGCAACGGCGGCAACACCCGCTGGCGATCCTGCGC
GAGCTGTGGTTCGAGACCAAGGCCGAACGCTTCTTCCGCATTCCCTGCCTGTTCCGGCCATGGCCGGAGCGTGGC
GAGATCGTTCGCCCTGACCGGGCACTTGGCGGAGAACGAACTGCACGGCAGCCTGACGTTTCATCGAGCGCGCGCTC
GGCGTTGAAAAGCCCGCGAGCTCTACCAGCTGGAAAGCGGTAAGTCGCTGTGCGAGTCGGAGCTGGCCCGTCCG
CTCAGTACGGACGGCTATCCCATCCAGCAATCGCACATCAGCCGATGCAAGACACCGTGCCTACCTGCTGCC
ACCATTCCCAACGTCTTGTACAACGGCCTTGGCAGGCATCAAGTCGAGCGCTTGGCGGTATTCGCTAAAAGCCAGC
GAGCTCACCTGGGAAAAACATGCGAGCAGGAAAACGCTGGCTGTGATTTTCGAGACGCTCTTCCACGACGTCCTC
ACCCCTTCGATGTTCAACCCGATAGCTTTTCCGTGCGCCGCTCCAGGACGAGCTGATCGGCCAGATGTCGCGAG
CTGCTCGATATCGACTACAACGTTGGAGCTGGATGTCGACAGCTCCGAGCACCCGCGTTCGCGTCAACAGT
CCGCCCCAGTTGCCAGTTGAATCCACAACCATGCTCCACACCGGGTGTGCAACCACTCCATCGTGGATGGCGCT
CAGGGCAATGACACCGCAGGCGCTTCCAGAGCCGACCGAACAAGACATGGCTTCAACGCCACCGTCAGTACAG
AAACCAGCACCAGGCGCTTCTTCCGGTGAACATGACCCGAAGCGCGCCTGCAGGGCCATATCGTCTCACCAGCC
GGAAACACCGAGCGCCTGCAAGGCATCCAACACATGCTCGCCGAGCATAACGGTGTGCTCTGCCTGCCTTCACG
GACACGGTGTGCGAGGCGATTCCGGTGAAGCCGGCGGACTGTTCCCGATCAGTGACGCTTGGTACATCGAGCCG
GGACTGGATTGCCCCAATCGCCTGCGCATCCACATCGCCCAATTCGCCAGGAGATCGCCGAGCAAGCCGAGCTG
CTCGACTGCATCGAAGCAGTCCAGGCCGCGATCGGCTTACCTGCATTGCGCCCAAACAGGCGTGTGCGCCACCG
GCCTTCGGCCAGATGGTATTGGCATTGTTACGCGCCTTGGAGTCGCCCCACACCGCGGCGCTCGATCAGGATGAT
CGGCGCGTGGACGACCACCTGGGGGCACTGTTGTTGGGAGGCGGCGTCAGCGACGACGACGCCCTTCCCCGTCTG
AGCGATAACGGCTTGGTCAAGTTGTTCCGTTTTGGTCCGGCTGGCACGCCGACTGTTGGATCTGGAGGCCAATCCA
GATGAGGCCAACCCTGA

>SG103, 864 bp

ATGCACGTGATCGCCATCATTTCGACGAAAGGTGGGGTCGGTAAAACGACCGTTGCCGCCAATCTGGGCGGCTTT
ATCGCCGACGCCGGTTCGGCGGGTCTACTGATCGACCTCGACGTCCAGCCGACGCTATCGTCTACTACGCGCTC
ACCCAGCGCGCCGCTGGCGGTATCTACGAGTCTGCTGGCATTCAATGAGCAGTCGCTGGCGCAGTTGGTCTCACAG
ACATCCGTTTATAACCTGGACGTGGTGTCTCCAACGACGAGCAGCAGCAGTGGGAACCCCTGTGCTGCACGCG
GCAGATGGGCGCTTGGCGCTGCGCAACCTGCTGTCTGTTCCGGCCGATTACGACCTGGTGTGATCGATACG
CAGGGCGCCCGCAGTGTCTGCTGGAGATGGCCATGCTCGCCGACAGCCTGGCCGCTCTCCCAATCACCCCGGAA

ATTCTGGCGGGCGGGAACTCCAGCGCGGCACGCTGCAGCTTATCGATGCCATCGCCCCGTACCGCTATCTGGGC
 ATCCAGCCGCCGCCCTGCATTTGCTGCTCAATCGCGTGCCAGCCGTCTCGTCGAACGCCAAGTTGGTGCAGCAG
 ACGCTGCGGGTGTATCTTTCTGTGAGCACAGCGAGGTTTCGGATACTGGGCACCGAACTGCCCGCGATCGAAGCCTTC
 CCGCGTGGCGCAACCGCGAGCCAACCCGTGCACAGGGCCGAATACCGACGCCCGAGCGGGCGTCAGGCACCGGGC
 GCGCTGGAGATCATGCGCGCCCTGGCAAGTGAGCTTCTTCCCAATGGCAAGAGCAGTTTGCACGCGTGACCGGT
 CGCGTCGGCAGGAGGCCGTACATGTGCGAGCATCTCTAA

>SG104, 219 bp

GTGACTACTATGTCCACTGAGCAAACCGCGACTACCGAGCATCGCATCCTCCGCCGCGCAGAAGTTGAAGCAAAG
 ACCGGCTTCAAGCGCGCCCATATTTACAACCTTGATGAAAGAAGGCAAGTTCCCCAGGGCCTTGCGCCTGGGGATT
 CGGGCCGTGCGTTGGGACTCCGTGCAAAATCGACAGTTGGATCACCGAGCGCCTAAAAGAGCGCGTTTGA

>SG105, 900 bp

ATGCGGATACGTACCTACGCTACTTCTGGTTCGTCGCCGAAGAAGTGCAGCTTCTCGCGGGCCGCAGCCAGAGTC
 CATATCGAGCCCTCCCCCTCTCGCGGACCATCAAAGAGCTGGAGTCGGGGTTGGGGCCAGTTTATTCCAACGC
 ACGAAGGCAGGCTTGCCTTTGACTTGGGCCGGTGAAGTGTTCGGGATGAAGCACGACGCATACTCAGCCTGGTG
 GAAGACGCGCAGAGTCGTGTCCGTGCGGGCTGAGAAAGGCTATCGCGGCCGGCTGCGCATCGGCCCTGGCAGATAGT
 CTCGCACAGCCCTACCTGACCAAGTTGTTGGCGCGTTGCCGGGAGGAAGAACCCTCACTGAGGTGAAGATCGTT
 GAAATGACTGTCCACGAGATGGTCAAGGCATTGATGCATGACCAGATCGATGCTGGCTTCACTGTACATACCGAG
 CTCAGCGCAGAGCTCGTCAAGGAAGTCGTCTGGACAGATCGTCCGATCATTGCCATCCCGCGAAACCACCTCTG
 CTTTCTTTGGAGAAAATTCGCTCCAGGAGGTTGCTCGGCACACCTTGATTCTGTGCCATCCTGTGCTGTGTTCA
 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
 CTTTCGTAGCGGGCTCGTCGAGGCGCTGGAACAGGTCGATCTCTTCGTCCGGCATGAAGTGCAGGCAATCGCCGCCAAG
 AACCACAGCAGGTGCGCGCGTACCAGGTGGGCGATCTGCGGATAGCGGTGGAAGACCTGGGAAATCAGGTCTTGCCCGAG
 GTATTGGGCGCCTTCCGGGTGCGCGCGCAGTTTCGTCCATCAGTTTCGTGCAACGCTCGAGGAACAGCCCGTGGTTTTCTT
 CCGGCACCTGCTCGGCCTCGCCAGGGCGCCGAGGATGTTGCGCAGGTGCTGGAGCAGGGCGAGGTGGTGTCTCGAGGTAG
 GAGTTGGCCATGACGGGTCTCTGGAAAAAGCTGGGCAGTATAAAGGGTTTTCGCGGCGCCGGCCAGTTTTCAGCAGGATCG
 CCGGGGACTGGCTCTGGGCGCCGGGTTTTCCAGTTGCCGGCGTTTCGTGTGAGGCGCCGCTGGTTCCTGCTCCAGGCGC
 CAGCGCTGCTGGTCCAGTTGCTGCTGGCGGATCAGGTTGTCCTGCATCTGTGCTGCTGCCGTTGCCGCTGCAGGTTCTG
 CTGCTGGCGTTGCAGTTGATCTGCTGCAGTTGCAGGCGTTGTTTCGTGCAAGCGCTGGCGCTGTTCTTGAGCTGGCGTT
 GCGCTGTTTCGCGAGCGCGCTGCACCGCTGCTGGTTCGCGCTGCACGCCATAGGGCGCAGGCGGTCGCGGCTGCGCCGGG
 GGCAGGAGGAGAAACGAGGCTGCCAGGCGGTTGGCAAATAGCTTGCAGCATGATGGCTCCCGTACGTCAGGATGTGCC
 GTCGATTCTAGCCAATCGCCCGGTTTTGGGTGGGTGAAGACGACAAAAGGCGCCGGAAGGCGCCTTTGTGCGTTGCGACCG
 TCGTTTTGCCGCGGAGTGTGACGCGATCCTGCCGTCGGCCAGTTGCAGTTCTCCTTGGCGAAGTCGTGACGTCGATCA
 CCTTGCGCCGTGCCGCTTCGGCCTGGTGCAGGGCCTGCGCCTGCTCGGCGCTCAGCACGCCGGCGGGCGCCGGCATCG
 ATCGGGTTCTGCCCCGCTTGGCGCTGGACCCTGCCTTCTTTCGATCGCCTTGTGCAGGGTTTTCTCCAGCGCGGCGCTTTC
 GCGTACCGCGTGAAGGCGTGGGCGAGGGCACCGACCGGTTCTGCGGGTCTTTCGGCAGGAACGCGCCGGCGAGGATCG
 CCTGCAACGCCGGTTCGTGTCGCGACGGCCGAGGATTTCCGCGATCTCGGCGTCCAGTTTCGTGCCCCGCCCTTTGTGC
 CGGCGGCCGAACGGCAGTACCAGGACCTTACGCGCGCAGCCGAAGAAGCGGCTGGGGAAGTTGTTTCAGCAGGTCCTCCAG
 CGCCGCTCGGCCTTCCGAGGTTTTCTCCATGGCCCAGCGCAGCAGCGGATGCAGGTAGTCCGGGTTGCCAGGTCGT
 GGTAGCGCTTGAGCGCCGCCGAGCCAGGTAGAGATAGCTGAGGACATCGCCGAGACGCGCGGAGAGGCGTTCTTTCGCG

TTCAGTTCGCCGCCAGCAGCATCATGCTGAAGTCGGCGAGCAGGGCGAAGGACGCCGCCAGGCGGTTACAGCGCGGGAA
 GTAGGGACGGCTGATGCGGTCGCCGGGCGGTTGCCGAGGTGGCCGCAGCTGAGACTGAGGAGGAAGCTGCTGGCGGCGT
 TGCCGACGGCGAAGCCGATGTGCTTACCAGCAGCGCTGCAACTCGCGGGCGGCTGGTCTTGTCTCGCGTGGGCC
 AGTTCCATTTCTTGTAGCACGTACGGATGGCAACGGATCGCGCCCTGGCCGAAGATCATCAGGTTGCGCGAGAGGATGTT
 CGCGCCTTCCACCGTATGAAGATCGGGCGGCCCTGCCAGGAACGACCCAGGTAGTTGTTTCGGGCCATGATGATGCCCT
 TGCCGCCATGGATGTCCATGGCATGGGCGATGCACTCGCGGCCGCGCTCGGTGAGGTGGTACTTGAGGATCGCCGAAAGC
 ACCGAGGGCTTCTCGCCGAGGTCCACCGCGTTGGCGGTGAGGATTTCGCGCGCTGTCCATCAGCCAGGCGTTGCCGCCGAT
 GCGGGCGAGCGCTCTGGATGCCTTCAAGGGCGCGATCGGCACGTTGAACTGCTCGCGGACCTGGGCGTAGCGACCGC
 TGACCTAGCTGGCCTTGGCCGCGTGGTGGCCACCGCGGAGATGGAGCGTCCGACCGACAGGCAGTTCATC
 AGCATCATCCAGCCTTTGCCGATCATTTCTTCCCGCGATGTACTCCAGCGGCAGAACACGTTCTTGGCGGAGTT
 CGGACCGTTTATGAAGGCGGCGCCAGCGGCACGTGGCGGCGGCCGATCTCGACCCCGGGGTGTGGTGGGGATCAGCG
 CCAGGGTATGCCAGGTCTCTCGTCGCCAGCAGATGGTCCGGGTCTGGCACTTGAAGGCCAGGCCGAGGAGGGTG
 GCCACCGGGCCGAGGGTATGTAGCGCTTTTCCAGGTGAGGCGAGGCCGAGCACCTCGCGACCTTCCCATTGCGCCCT
 GCAGACGATGCCGACGTGGTTCATGCCGCGGCATCGGAGCCCGGTAGGGGCCGGTGGGGCGAAGCAGGGGATGTCGT
 CGCCCTTGGCCAGGCTCGGCAGGTAGCGCTGGCGCTGCTCGTGGTGGTAGTGGAGCAGCAGCTCGGCCGGGCCGAGG
 GAGTTGGCACCATCACCGTCGAGGCCAGGTGCGCGCTACGGGTGGCGAGCTTCATCACTACCTGCGAGTGGCGAAGGC
 GGAGAAGCCCTTGGCGCCGACTCCTTGGGAATGATCAGGCCGAAGAAGCCGTGCTGCTTGATGAAGGCCAGGCTTCTT
 CCGGCAGGTCCATGCGCTGGCCGATGTCCAGTCGCTGACCATGGCGCAGAGTTCCTCGGTTCGGGCCGTCGACGAAGGCC
 TGCTCTTCTCGGTGAGTTGCGCCTTGGGGTAGTCGAGCAGTTTCTGCCAGTCCGGGCGGCCGCTGAACAATTCGCCATC
 CCACCACACGGTGGCCGCTCGATGGCCTCGCGCTCGGTGTGGACATCGGGCGGAGGACTTTCGGAACCAGGCCAACA
 GCGGACCGCTGAGCACGCGCCGGCGCAGGTCCGGCAGGGCGAGGGGAAGCGCCACCGCCAGCCAGAGCAGCCAGAAGACC
 AGCAGCAGCCAGCCGGGCGCGTGGCTGAACACGCCCATCAGGATCAGGTAGGCGGCGTATGCCGAGCGCGGGAGCGGG
 TGGGGTACGCCGATGGGCGAGGTAAGCGACACCGAGTACCAGTACGACTAACCAGAGCAACAACATGCCGAATCCTCCAT
 GAAGACGCCAGGCGGCGTCTCGAGCTTAGCCCGTTTGGCCCGTTTGGCGGCAGGGCCGGTTCAGCTTGCCCGGTTTGTCA
 CGTTATAGGCGAAAATTCCCGTTTAGACTGGGACAAATTGCCCGCCGGGAGCCCGCCATGCAGTCTACCTACAATCCG
 CCGCCTTCTGTGATAGTGACACCCCGGTGGTGGTGGAGTTTCGCGAATAATCCCGGGGAATTCGGCGAAAACCGCGTGC
 GCGCGGTGCGGCTGTACTACGCGGTACGCGAGGGGTGCGCTACAACCCCTACGTGTTACGCCGATCCGACAGCCCT
 GAAGGCCAGCCACGCGCTGCAGCAGGGCGAGTCTATTGCGTGGCCAAAGCCATCTGCTCGCCGCTGCGCTCGGCATT
 GCCGGATTCCGGCGCGGATCGGCCCTGGCCGACGTCCGCAACCACCTGGCCACGCCGCGCTGCTGGAGGCGCTGCGCAGC
 GAGGTGTTGCCATGCACGGCTATAACGAACGTACCTCGAGGGCCGCTGGGTGAAGGCCACCCCGGCGTTCAACCGTGC
 CTTGTGCCGCGCCTTCGACGTGCTCCGCTGGAGTTTCGACGGCGTTCGCCGACAGCGTCTTCCATCCATTCACCGCCAGG
 GCGAGCGCTACATGGAGTACCTGGCCGATCACGGCCAGTTCGCCGACCTGCCGAGGAACTGTTCTTCTCCACTTGCAG
 CAGCACTATCCGCACCTGTTCTCCGGCCCGCCGCTGGCCCTGGACGGCGATTTCCAGGCCGAGGCCGGCAAGATGAAGG
 GCGTCGATAGTACCATCAGCCGGCGCGTCTTCTTCTTCCGTTCCATCCTCGGTAGGGTGGCGCATGTCGTCGGGCGCT
 CCGGCGACCCATCCGCCGATCAACCGAAGAGGGAACGCAGAGTATGTTGACCATCTGGGGCCGGAAGAACTCGAGCAAT
 GTGCGCAAGGCGCTGTGGTGCGCCGAGGAGGCTGGCCTGGAGTACCGGACGGTGGATGCCGGCGGGCGTTCGGCTGGT
 GGATGAGCCGGCGTTCCGTGCGATGAATCCGAACGGTCCGGTGGCGGTGATCGAGGACGACGCTTCGTCCTCTGGGAGT
 CCAACGCCATCGTCCGCTACCTGGCCGCCCGCTATGCGCCGGGCGACCTCTATCCGAGGACCCGGTGGCCCGCGCCGAC
 GCCGACAAGTGGATGGACTGGACCACCTCGACTCTCGCCGGGCGGTTCCGCGACCTGTTCTGGGGAAACGCTGCGTACGTC
 GCCGGAGCAACGCGACGAGGCCCTGATCGCAAAGGCGTTGACAGCTCGGGCGAGTTGCTGCGGGTGGCCGACAGACCC
 TGCCCGGCAACCCCTGGCTGTCCGGCGAACGCTTCGGCATGGGTGACATTCCTTGGGCTGTTTCATCTACGCTGGTTT
 GAGATGCCCATCGAGCGCCCGCCGCTGCCACCTCGAGGCGTGGTACCTGCGCTTGCAGCAGCGCCCGGCGTTCCGCAC
 CGCGTAAATGACCAACTGACCTGAGCCGCTACTGTTGCAATTTGTTACCCGTAGCCTTATCTAGCTCTTCTCTTCC
 CTTCCGACACGGGAACCTAATGAGTTCCGCTTGTCCATCCGTTGACGAAAACCTACGGCAACGTTTCCAGGCC
 CTAAGGGCATCGACCTGGACGTGCGCGAAGGTGATTTCTTGCCTTGTTCGCCCCAACCGCCGGGCAAGTCCACCAC
 CATCGGGATTCTCTCGACCTGGTGAACAAGACCAGCGGTTGGTTCGGTGTTCGGCCACGACCCGCAAGGACCCGG
 CCGCCCTCAAGCGTTGCCTTGGCGTGGTGGCCGAGGAGTTCAACTTCAACCAGTTTCGAGAAGGTCTTCGACATCGTCTG
 ACCAGGCCGGCTACTACGGCATCCCGGCGAAGATCGCCAAGGAGCGCGCCGAGCGCTACCTGACCCAGCTGGGGCTGTG
 GGACAAGCGCAACGAAGCCTCGCGGATGCTCTCCGGCGCATGAAGCGGCGCTGATGATCGCCCGCGCACTGGTCCACC
 AGCCGCGCCTGCTGATCCTCGACGAGCCACCAGCGGGTTCGACATCGAGCTGCGTGTTCGATGTGGAGCTTCTCACC
 GAACTCAACCAGGAAGGCATCAGCATCATCCTCACCACTACCTGGAAGAGGCGGAGCAGCTCTGCCCAACATCGC
 CATCATCGACCAGGCGAGATCGTGCAGAACCAGCATGCGTGACCTGCTGATGACCTGCATTCGAAACCTTCTCTGC
 TCGACCTGAAGAAGCTCCAGGCCCTGCCCGGACTCTCGACGGCTACCCGACGCGGCTGGTGGAGCATCACACCTCGAA
 GTGCAGGTGGAGAAAAGCCAGGGCATCAACGATCTGTTCCGCCAGTTGGGGCGACAAGGCATCGAGGTACTGAGCTGCG
 CAACAAGACCAATCGCCTGGAGGAGCTGTTCTGTGCTGGTGGAGAAGAACCCTGACGAGGATCGCCCGATGAGCAGCGA
 GCTGAGCGCAACCTGGTTCGCCCTGAACACCATCGTCTACCGCGAGGTGCGCCGCTTACCCGGATCTGGCCGAGACCC
 TGCTGCGCGCGGCGATCACCATGGTCTTACTTCTGTGATCTTCCGCAATTTGATCGGCCGGCAGATCGGCGATATGGGC
 GGCTTACCTACATGGAATACATCGTGGCCGGCCTGATCATGATGTGGTGGATCACCAACGCTACGGCAACGTGGTGT
 GAGCTTCTTGGCAGCAAGTTCCAGCGCTCGGTGGAGGAGCTGCTGGTGTGCGCCGATCGCCGACACCATCTCTCTG
 GCTACACCATCGCGCGCTACTGCGCGGCTGGCGGTGGGGGTGATCGTGACCATGCTGTGCTGTTCTTCCAAAGCTG
 CAGGTGCACCACTGGGCATCACGGTGTGTTGGTGGTGGTACCAGGACCAATTTCTCTCCCTGGGCGGTTTCATCAACGC
 GGTGTTCCGCGCAACTTCGACGACATCTCGATCATCCCGACCTTCTGCTGACGCCGCTGACCTACCTGGGCGGGTGT
 TCTACTCGATCAACCTGCTGCCCGCTTCTGGCAGACCGTGTGCTGGCCAACCCGATCTGCACATGGTCAACGCCCTT

CGCTACGGCATCCTCGGCGTCTCCGACATTCGCATCGGGCTGGCCATCGGCTTCATGCTGCTGGCCACCGCGGTGCTCTA
TCTCGGCTGCGTAAGGCTGCTGGTGGAGCGGGCGCGGCATGCGCCAATGAAACGCTCGAAGGCATGAAACAGAAGCCCCG
TCATGGGGGCTTCGCGTTCATCGGCGCGGGGCGAGCGAAATCGATGACGAAACGGGTCCAGCCGTCGGCAGACTCGCAGC
GGATCTCGCCGCCGTGGGCTGGACGATGGAGCGGCAGATCGCCAGGCCGAGCCGGCGTGTTCACCCCTGGCCTTCGCGG
CGCGCCGGATCGGCACGATAGAACCGGTGAAACAGGGCGGGCAAGCGCTCGGGAGGAATCGCCGGACCCTGGTTCTCCAC
GCTCAGGCGTTCGGTTCGCGGAGACGGATACGTATCTCGCCGCCATCGGCGGTGAAGCGCAGGGCGTGTTCAGCAGGTTGG
CCAGCACCCGCCGAGCATGCCGCGGTTCGCCGGGAGGCTCAGGCTGCCTTGGCGCAGCAGGGCGGATATCGTGGTCTTCC
GCCAGCGGTGGTAGAACTCCAGCAGCGAGTCGACTTCCGCGCCAGGTCCAGGGCCTGGCGGTGGGCGCCAGCAGGCC
GTGGTTCGGCTTGGCCAGCAACAGCATGTCGTTGACCATCGCGGTGAGCCGTTCAGCTCCTCGAGGTTGCCGTGCGGG
CTTCGCGATAATCCTCCAGCGAGCGTGGGCGGACAATAACACCTGGGTTCAGCAGACTGGTGGGTCAGCAGCTGAGCGGGTGC
AACTCGTGGGCGATGTCGGCGGAGAACGCCGAGAGGCGCTGGAAGGCTTCTTCCAGGCGGCCAGCATGGCGTTCAGCTC
GCCGGCCAGTCCGCGCAGCTCCTCTGGCATCCGGCTGGCGTTCGAGGCGGGTGGTGGAGGAGTTGGCGGAAACCCGCGCGG
CGACTTCGCGCATCCGTTCGAGCGGGCCAGGCTGGCGCCGGTGGCCAGGCGCCGAGCAGCGCCGTGGCCAGCGCCGAC
AGGCTCATGGTTCAGCCAGATCAACTGGCGCATGCGTTGAGGAAGTGTGGTGGTACTGATGTCGAGGATCACGGTAAG
TCGCGGCGAAGCGTTCGTTGCCGGGCTCCAGCGGGGCGCCGAGTTCGCGGTTGGCGGGCAGGCCGGGATGCGCAGGCTGCG
GCAGGCGCTCGAACCAGAGGTTGCCATCCGGGCCGTTTCAGACGAGGCGGAGGTCGGGATGGCGTCCAGTTCGCGCAGC
AGTTCGCTTCGCGGCGGCGCATCTGTTGTTCCGAGCCGAGGCGCGCAGCTCATCGGAAACACCGCGAGCTTGGCGGA
CATCGCCATATGGTTCGAGCTCGACGAAATGCTCGTCGATGGCCCTGCTGAAGATCAATCCGGCGATCAGCGAGACCGCCG
CCGTGCAGGCGGCGAACAGCAGGCTCAGGCGGACGCCGAGGGACATCCGCGAGCCGAACCCGGCGCTCATTCGTGCGCT
CTTCGAGAACGTAGCCCATGCCGCGCACGGTATGGATCAGGCGCTGCGGGTAGTCGTCGTCGACCTTGGCGCGCAGGCGG
CGGATGGCCACCTCGATGACGTTGGTATCGCTGTGCAAGTTCATGTCCAGACCTGCGAGGCGATCAGCGACTTGGGCGAG
CACCTCGCCGCTGCGCCGAGCAGCAGTTCGAGCAGGGCGAACTCCTTGGCGGTGAGGTTCGATCCGCTTGGCCTGGCGTT
GCACCCGGCGGCGCAGCAATCGAGTTCGAGGTCGGCCAGTTCAGGGTGGTCTCCTGCAACTGCTGGCTGCCCCGGCGC
AGCAGGTTGCGCACCCGGGCGAGCAGTTCGACGAAGGCGAACGGCTTACCAGGTAATCGTCGGCGCCTTGTTCGAGGCC
GCGCAGCGGTCTCTACGGCATCGCGGGCGGTTCAGGAACAGCACCCGGTACGGTTCATCCCGCGTTCGCGCACGCTGCGCA
GGATCTGCGCCGTCAGGCGCCGAGCATGACCTGAGGATCAGCAGCTAGTTCGCGCGCCAGGCGGAGTTCGCGCGCCAGGCGG
CCCTCGTTGCCATCGTCAGGTCAGGTCGACGGCGAAGCCTGCTCGCGGAGCCCTGGCGAGTTCGCGCGGCTGCGCGG
TTCGTCTTCGACGATCAGCAGTTTCATGTTTCATCCCTCGTTACATTTGCCGGCCATGCCAGGTTTCTGACAGCATCG
TAATCAGTGGGTAACGGGGGCGACAGTGGCCCCCGCGCAGACTACAGGGGAACCTCATTTCGAGGAGACTTCCCATGCGTAC
CTTACTGCCTCCACCCTCGCTTTCCTGCTGGTCTTCGCCCCGACCGTTCGGCCATGGCCGACAGCGGCGGCGACATCG
TCTTCGAGCGCATGCAGGCCAGGCCGCCAAGGCTCGTTCGCGCACACCAGGAGAAACTGGCGAAGCAGGCCGGAAGCGACG
AAGAAGGACAAGGAAAACCTGCTGATCGCCAGTTCCTTCCACCCCGGCTCCACACGGGATGACGGAGGGCTCCGATCCCGT
CTTACCCTGCCACCGGTTCCCTGGTTTCCGGTTCGCGGGCTTTTTATGCCCCGTCGGTGGCGCTGGGCGATCTTAGCCTTC
GCGGTCCGCAACGGCGGAAGCTGACAAAGATGTAATGCTCCCGACAGCCAGCCGGCAGGCGCAGCGACACAGGATAGGC
GACATCAACCCGATGGAGATTCCCCGTATGTTTCCGCGCCGCTGCTTCCCGCTTCCCTGATCGTCTTCGCGGTGCTTTT
CGGTGCCAGCGCCAGGCTTCGCGGGCCACGGCCAGGCTTCGGCAAGCCGGCCAGGCCGCGCAGGCCAGCCGCGAGCA
TCGAGGTGGTTCGCGGACATGTACTTCAAGCCGCGGGCGATCGAGGTCAAGGCCGGCGAGACGGTCCGCTTCGTGCTG
AAGAACGAAGGCAAGCTGTTGCACGAGTTCAACCTGGGAGACGCGGGCGATGCATGCCGAGCACAGGAGATGCTGGA
GATGCAGCAGTCCGGGATGCTCACCCGACCGGCATGGCGTTCGATGGACCATAGTCAGATGGGCCACGGCATGGCCGGCA
TGGACCATGGCCGGATGATGAAGCACGACGACCCCAACAGCGTTCGTTGGTTCGAGCCGGGCAAGAGCGCCGAGCTGACCTGG
ACCTTCGCCAAAGCCACCCGGCTGGAGTTCGCCTGCAACATCCCCGGCCACTACCAGGCCGGGATGGTTCGGTCAACTGAC
CGTGCAGCCCTGAGCCGGCGGACGGCCGGCGTGAAGATGCCGGCCGATCCGTATACACTTGGCCGCCCGCCAGTTCGCGG
CGCGGCGCGGGGAAGGGCCCTTCGCGCATCATCCAGAGGTTTCCCTCATGCAGCATCCCGCGAACAATTCGCGCGCTG
GGCAAGACAGCGAATCGTCTCCAGCTACACGCGTTCGCTGTTCCTCCCATTTACGCAAGCCGAAATGGGCGGAGCT
TGGCCTGAGCGCCGAGACTCTGCCTTATCGCGGCGTGGATATCTGGAATGCTACGAGCTGCTTGGCTGACCCCGGCGG
GCAAGCCGGTGGTGGCGATCGGCGAGTTCGATCCCGCGGACTCGCCGAACATCATCGAGTCGAAGTCGTTCAAGCTC
TACCTCAATTCCCTCAACCAGTCCGCCTTCGACAGTTCGCGAGGCGCTCCGTACGGTGTGGAGAAAAGATCTCTCGTCCGC
TGCCGGGGCGCCCGTGGGCGTTCGCGCTGCGCAGCCTCGACGAGGTGGCCGAGGAGGGCATCGGGCGTTCGCCGGGGCGCT
GCATCGACGAGCTGGACATCGCCGTCGACGGCTACGAGCAGCCGCGCCGGAACCTGCTGCGCTGCGACGCCGGGCGGATC
GTCGAGGAGCAGCTCTACAGCCACCTGCTCAAGTCCAACCTGCCCGGTACCCGGCCAGCCGACTGGGGCACCTGGTGGT
CGACTACCAGGGCCCGGCGCTGGACCCGGCCAGCCTGCTGGCCTACCTGGTTTCTTCCGCCAGCACAGGACTTCCAGC
AACAGTGCCTCGAACGCATCTTCTTCGACCTGACGCGCTGTTGAGCCGCGAGGCGCTCAGCGTCTACGCGCGCTACGTA
CGCCGTGGCGGCCTGGATATCAATCCCTACCGCAGCCTGGCGGAGGTTCGACCCGACAACCGACGCTTGGTTCGCCAGTA
ACGCCTCGCAACACGCGGATACGAAAAGCCCCGGCCATGCCGGGGCTTTTCATTTCCGGCAAGTCGTTTCAGATACCCATG
TTGGCCAGGCTCTGCACGATGGAGCGGAGCGTTCGGCGGAGGGTTCGGGTGGCTGACCTCGAAGCGCTCGACGGCGAGGTT
GACCCCATCGACCAGGCTGCCTTTCGTTGAGGGCGTTCCTCGTTGGCCAGTTTCAGTTCGATGTCCCTGATCAGGAGTTCCA
GTTTCGGCGCGCTGCTCTTCGTTTCAGCGGGCGTTGTTGCTCCAGTTGCTTCGCGCAGGGCGGACAGTTCGCGCAGCAGACTC
TCTTTCGGCATGGTATTTCCCTCGACGTACAAGTCTTCGGTGGACCTCCGGCGGGCGCCGAAAGGTTCCGTCCATGCCGAA
CAGATTAACCTGTTCGGGCGCAGATGTGCGCGATCCGGATCAATCCGCGAGCAGGCGTTCAGCAGCGGGAAGAAGTTCGCTC
AGTTCGGGGTTCGCGCATGGCCGGGTCCTTGGCCAGGTCGTCGAGGCGGCGCAGGGTTCAGGCCGCTTGGGTCATAGGGCGC
CTTGATATAGGCGCGGCGGACGCTCGTCAACGGCCGCTTGGCCGATACGTCAGCACCAGGCTGTGCCGGGAGGCGGCGACAGG
TGGCGTGGTAGCTCGGGTCCACCGCGCAGAGGAAGCGCTTGGCCGATACGTCAGGCGCACCCGGTTCGCCAGCCGACTCT
GGGAACAGCTCGCGCAGCAGGCGTTCGCCGAATTCCTCGTGGCGCAGGTCCTCCTCGTTCGATCTGCGCCGGGTCTTCGTA

GAGGTGGCCGATATCGTGCAGCAGGGCGGGCGACTACAAGGCTGTCCGAGCAGCCGGCGGCTCGGCCAGGTTCGCACACT
GCAGCGCTGCTCGGCCTGGCTGACTGCCTCGCCATAGGGCTCGGCGCCATGGCTGGCGAAGCGTTCGGCCAGTTCGTCCG
AGAAAGCGGTGACGGGCGCGGCTCATGGTTTTTCTCCTTTTCAGGCGGGACGGCGAGGTCGTGCAGGCAGGGTTGCAGC
TCGCCCAGGTGATCGATCACGGAATGCACGCCCAGGCGGTACAGTTCAGGGTGGCGTCGGCGCGCAAGCGGTTCGCGCTC
GGTGTGTCCGAGAGCGTCCCAGTCCGGCCGGCGAGAGGCCGACGACGGCCCGCTGGCGGCCAGGCCGATGGTCCATAGCC
CGGCATTGAGTCCGGCCTGGAGTTGACGCGGTTGGGCGCTGACCAGCACGACGGCTCGAGGGCGCTCGATGCCCAGCCGG
GCGAGGGCCTGCCAGCAGCCATCGGGGGCCGGCCAGGGGCGCGCCGGCGAGGGGGATCAGGGCGTCCGCTCGGCCGAG
CGGCGCGCAAGGCGCTGGCAGACCGATTCCGGTAGCTCGTCCTGCCAGGCGTAGGGAATCCGTGTTCGTCCAGGCTCT
CCAACAGGGCCACGGCACCGGGCGATAGCTTCGGCCTGTTCCCGGGCGCTTCGTGAGGGCTTGCTCCAGGCGCTGGCGC
TCGCTCTTGTTCGGTTTTGCGCCGAACAGGAAGCTTTGTGCCTCGGCGAAGGGCAGCAGACTGGCGTCGCGGAGGTGTT
GGCAGGGCTATGCGGATGGCTGCGCAGCAGCGCCAGGGACAGGGTCCGGGCGCCGAAATCCACCAGGCGCGGAGAGT
CGAAGAGCAGGGCGGTGAAGCGCGGGAGTTGGTCGGAGCTGGGCATGCGAAAGGCGTCTGGCAAATGGTCTAGGCCAGCC
TAGAGGGGTTTTGTGACGCTGCCGTGACGTTTTTCGTGGCAGTGGCGATAGGCCGACGGGCTGCCGTTATAATCGGCCGGT
CTGAATCAGCGAGGCCGTATGCCGGTGCATCAATCTCGTCAGTACCTGCGCATCCGCGACCAGCTCGCCGCGGATATCG
CCCAGGGCGTGTGCAGGTGAAACTTCCCTCCGAGCGGGAGTTGGCCGAGCGCTTCTGTGTACCCGCATCACCTTTCGC
GAAGCCCTGCAGCAACTGGAAACCGAAGGCTGGTCTATCGCGAGAACC GCCCGGCTGGTTCGTGCGCCGCCCGGAT
CCGCTACAACCCGACCCGTACCACCGGCTTCATGGAATACGTGACGCCCAGGGACGCCAGCCGCTACCAGACGTTGC
ACGCCGAGCGGCGAGCAGCCGGCGCCTGGCTGGCCAAGCGGATGGGGCTGGAGGACAGCGCGCCGTTGATTTCTCGCAA
CGGCGCCGCTGGGTGGACGAGCGTCCGGTGTGATCGAACTGATCGCCCTGGATGCCGGTGGTGGCCAGGCTGTGGA
CCACGACCTCGATACTTCGCTGATGAGCCTGTGCGCGAGCGTTTTCGGCCTGCAGCCGACGCGCTGCCAACTGGCGATGC
ACCCGACCGCGCTGAACGCGGCCAGGCCGAGCCGCTGCAACTGGCGCCGGGTTCCGCCGGCGCTGTACCTGGAGCGACTG
AGTTACGCGGAGGGGCGAGGGTGGTTCGAGTTCGACCAGGAGTTCGGCGCCCGGACGCTCTGGAGATCGTGCTCGACGC
GGCCTATCCGGGCGCCTGAGTCAGGCGATCGCGGCGCGTATGCTGTCCGGCACGGGCGTGAACGGTTTTCCCGGTGGCG
CACCCAGACCAGCTTGCAAGTGGCCTTCGCCATAGGTGCCTTTCGGGATCTTCAGGGTGTGCAGGCGATGTTCCAGTACCA
GGCTGTGGTGGCCAGCCTGCCGGCGTACAGTTCACACCACCGGTGGCCGGATGCACCACCGGCTTCAGGTAGGTGTGC
AGGCTTTGACAGCAGCCGCCCCCTCGGCAGCGCCTCCAGGTCGATGCCAGGGTTTCGAACCAGGCCACCCGGGCTC
TTCCAGTACTGAAATAGAGGGTGTGTTGACGTGCCCGTAGCTCCATGTGCCCCAGCCAGCCAGGATATGGGCCG
TGTGTAGCAATTGTCTGTGAGCCATCTCGTAACCTTCTAGTCTCAAATCGATGCGAGCCTATATACTGCGCGCACGCT
GAAGCCGCGCTGGCGGCCAAGACTAGTCATGCAAAGGAGATACAGCAATGCGCGCCCGGCGGCTGAACTGGATCGAACGT
AGTGCCGAATCCTGGCTTGCGCCAGCCTCGCATTGGCACCCACGCTGTCCCTGGCGGCCAGTGAAGAAGACCCCTGGGA
AAGCATCAACCGTCCCATCTTACCTTCAACGACACCCTGGACACCTATGCGCTGAAACCCTGGCCCAGGGTTACCAGA
AGGTCAACCCGAACCTTCGTTTCAGGACGGCGTGCACAACCTTCTTCAACAACCTCGGCGACGTGAAGAACCTGGCCAAAC
CTGTTGCAGGCCAAGTTCCACAATGCCGGCGTGGACACCAGCCGCTGCTGTTCAACAGCACCTTCGGCTGGCCGGCTT
GATCGACGTGGCGACCCCGATGGGCTGCAGCGCAACGATGAGGACTTCGGCCAGACCCTGGGTTATTTGGGGCGTCGGCA
GCGGCCCCGTACGTGATGCTGCCGTTCCCTCGGCCCGAGCAGCTGCGCGATGCCCCGGCGAAGATCCCGGACATCTATGTC
AGTCCCTACCCTACATGGACGACGTACGCGCGCGCAACGTGATGTTCCGGCATCAATACCGTGCACACCCGTGCCAACCT
GCTGAAGTCGGAACAACTGATCAGCGGCGACAAGTACATCTTCATCCGCAACGCCTACCTGCAGAACCCGCGAGTTCAGG
TCAAGGACGGCGAGGTGGAGGACGACTTCTAAGTCGACCCGCTTCGTGCGACACCTGGAAAGGCGGCCCTTGGGTGCGCT
TTCGTGTTTTAGTGGATCGCGACGATGCTCAGCCCCAGGCTATGCCGACCCGGGCCGAGGCGTTCGACGCGCACCCAGC
GGGCTTCCAGTTCAGGCCGGTGGAGCGTCTCGTGGGTGGACGGGATGCTCACCCGACGGTGGTTCGCCCAGGACGATTCG
CTTTGCGCTTCCAGCAGCAGCCGCTGGCGGACAGGTCCCGGCACAGGGCCACCAGCTCGTGGCCTTCGACGCGGATGGT
GACCGGGGTGTCGAGCTTCATGCGGATGAAGTTCGCGCTTCTCGCTGTAGTTGTGCTCGATGGGCTGCATGGGCTGATCCT
CATGTTGCGGGCGATGGGAGGGCGACTGGCAATCCTGGCGATTATCGTCAAAGTTTATACCGTGCAGGACGGGATCGGACG
GACAAGGGCGGATTTCCGGCAAAGGTCAACGGCTTGAACGATGCTCAACGGATGGGAGTACCGTTCGCGCTTGTGCAACC
CCGTAGCCGCGCTGTTGTCACTTACAATAAGCGCCTAGGACCCACTGTTTCCGGCGCGCTTTCGCTGGATGACCCATGCA
TAAAGTCAGTGCCACGCTGCTGATCATCGATGACGACGAGGTGGTGCGCGAAAGCCTCGCCGCTACTTGGAAAGACAGCA
ACTTCAAGGTGTTGAGGCCCTCAACGGTTCGAGGGCCTGCAGATCTTCGAAAAGCGAACAGCCGGACCTGGTCAATTTGC
GATTTGCGCATGCCGACGATCGACGGCCTCGAACTGATCCGCCGATCCGCCAGACCCTTCGGAAAACCGCGATCATCGT
ACTTTCCGGAGCCGGCGTGTGAGCGATGCGGTGGAAGCCTTTCGCGCTGGGCGCGCCGACTACCTGATCAAGCCCTGG
AAGACCTCGCGGTGCTCGAGCATTTCGGTGCGCCGGGCCCTGGATCGCGCTACCTGCGGGTGCAGAACAGCGCTACCCG
GACAAGCTGGAAGCCGCCAACCCGCAATTGCAGGCCAGCCTGAACCTGCTTCAGGAAGACCAGAACCCGGCCGCCAGGT
GCAGATGAACATGCTTCCGGTGCAGCCGTGGAGCATCGAGGGGCTGGAGTTTTCCACCGGATCATTCGCTCGCTGTATC
TCTCCGGCGACTTTCGTGACTACTTCCGGGTGCAGGACGACGCGTGGCGTTCACCTGGCCGACGTTTCCGGCCATGGC
GCTTCTCGGCCTTCGTACGGTGTGCTGAAGTTTCATGACCACGCGCCTGCTCTATGAGTCGAGGCGCAACGGCACGCT
CCCGGAGTTCAAGCCGTCCGAGGTGCTGGCGCACATCAACCCGCGCCTGATCAACACCAAGTTGGGCAAGCACGTGACCA
TGCTCGGCGGGGTCATCGACCTGGAGAAGAACAGCCTGACCTACAGCATCGGCGGCCACCTGCCGCTTCTGTGTTGTTTC
GTCGAAGGGCAGGCGAGCTACCTGGAGGGCCGTGGCCTGCCGGTGGGCTGTTCGACGATGCGACCTATGACGACCCGGT
CATGGAGTTGCCGCCTTCCCTCAGCCTGTGCTGTTTTCCGATGGCATCCTCGATGTGCTGCCAGGAGCTACGCTGAAGG
AGAAAGAGGCTTCGCTACCGGAACAGGTGGCAGCCGCCGGAGGCACCTCGACGGGCTGCGCCAGGTCTTCGGGCTGGCC
AACCTGGCGGAGATGCCGGATGATATCGCCTTGTGGTGTGAGCAGGAACCTTGCATGAGTACCGGTAATAATCCAGTTT
GCCGAAGACAAGCCTCCTTCGTTCTGAAATTCGTGCGTGGTGGTCCGCTCACCTGTGCTCGGCCCTGGATTCCACCAT
CGAAAAGATCTTCGCTGCGCTGAATTTTTTCGGCGATCATCATGCTTACGGAAACCCAGAGCATCGATAGCACCCAGC
TCGGCCTGCTGGCCAAGCTGTCCATCCTGTGCGCGCAGAAAATCGGTCTGTTGCCACGCTGGTACCACCAATCCGGAC

ATTACCCGTCTGTTGCAGTCGATGGGCTTCGATCAGGTGTTCAATATCGTTCGATCGTCCGATTCGGTGCCCGGAATGCCT
 GTCCGACCTGCCGCCGAGGACCAGTCGGAAGATGTGGTGCAGCGACAAGGTTCTGGAGGCGCACCAGCATCCTGATGGGCC
 TCAACGAATCCAACCGCGAAGCCTTCCACGACCTGGTCAGCGCCCTGGAGCGCCATTAACCGGTCGATCCCTTCCCAGAT
 TCCTGCTGAATCCTCCGCTGCGCCGGAACGGGACGCCCTGCATGCGCGTCCCGCCGGCAGCGGCATCAGTGGCGGGTCCG
 CCAACTGGTATTCGAGCTTTTCTGGTTCGCGTGCGAACAGGCGGATGCCTTTCGGCGAGCTTTTTCGGTGGCCATGGCGTCC
 TCGTTCATCTGCCAACGGAAGCGCTCTCGTCGAGCACCTGGCGCGGCTCGCCTTCGCCCCGGCAGCAGCAGGCGCGGCAG
 CTCGCCCTGAGCGTCAGCCAGTTGTTGCAGCAGGTGGGACTGATGGTCAGGCGGTTCGAGCCGGCCAGTTGCTCGATCT
 GGCCGAGATTGCGGAAGCTGGCGCCCATCACCACCGTCTTGTAGCCGTTGGCCTTGTAGTAGCGATAGATGCGCGAGACC
 GACTGCACGCCGGGACTCCTCGGCGCCGACGTAGTCGCGGTTCTCGCTCTTCTGTACCAGTCGTAGATGCGCCCCGACGAA
 CGGCGAGATGAGGAACACCCCGGCGTCCGCGCAGGCCACCGCTGGGCGAAGGAGAACAGCAGGTCAGGTTGGTCTGGA
 TGCCCTCGCGTTCCAGAGTCTCGGCGGCGCGGATTCTTCCCAGGTGGAGGCGATCTTGTATCAGCACCCGCTCGCGGTCCG
 ATGCCCTGTTTCGTCGTACAGCTCGATCAGGCGGTGGGCGCGGGCGAGGGTGGCCTCGCTGTCGAACGACAGGCGCGGCTC
 GACTTCGGTGGAAATACGTCCGGAATGACTCCGAGGATGTCCTTGCCGACTGCCACGGCGAAGCGGTCGCAAGCCAGTC
 CGGCGTCGCGCCGCTACCCGCGGTAGCCTGTGCAAGGTGCTCGGCGTAGCGCGCAGGGCGGGCGGCTTGAGCAGCAGC
 GACGGGTTGGTGGTGGCGTCCACCGGCTTCAGGCGGGCAATGGCATCGAAGTCGCCGTTGTCGGCGACCACCGTGGTGT
 TTGCTTGTAGTTGTTCCAGCTTCAAGTTCATGGCGAGGTTCTTGTAGGTTGGTTCCTTGGGAAGAAGAATCCCCGACCTTA
 CCCGAGCCGCGAGGCGCGGCTCAATGGGAGCTATCGCCCCGCCAGAAGTTCAGCGCCTGGTCGAAAACCCGAGCGGATC
 GCGCGCCTTGTGCACGTCCACCGAGAGCAACTGGCGGAATCGCCGGGAGCCGGGGAAGCCCTGGGCCAGGCCGAGGATAT
 GCGGGTACAGTGCATCGCGCCGCTTCGGCCTGGTGTGCTCGATGTACGGACGACAGCGGAGCAAGCCCTCGCTG
 CGACTGAGCGGCGCGCTTCGCTGCCGAACAACCTGGCTGTCCACCGCGGCCAGCAGGTAGGGGTTGTGGTAGGCCCTCGCG
 ACCGAGCATCACGCCGTGCAAGGTCTGCAGGTGCTCGCGCGAGGCTCTAGGGTCTTGATGCCGCCGTTGAGGACGATCT
 CCAGGTCCGGGAAGTCTTCTTCAATTGCGCCGCGACCTCGTAGCGCAGCGGCGGCACCTCGCGGTTCTCCTTGGGCGAG
 AGCCCTTCGAGGATGGCGATCCGTGCATGCACGGTGAAGTCCGGCAGCCGGCTTCGCGCACCTGGCCGACGAAATCGCA
 GAGCTCGGCATAGCTGTGCGCCCCGTTGATAACCGATGCGGTGCTTACCCTCACCGTATCTCCACCGCATCCAGCATCG
 CCTTACGCGAGTCCGCCACCGCGCCGATGCCCCATCAGGCGAGGCGCCGATCATGTTGTGCTGGACCCGGTTCGCTGGGG
 CAACCGACGTTGAGGTTGACCTCGTCGTAGCGCCCTTTCGCGCAGCGCGCAGGCCGCCAATTCGCGCGGCACACT
 GCCCCCCAGTTGCAGCGCAGTGGGTGCTCGCATTCGTAGCGAGGAAGCGCTGCGGTCGAGCAACCGCTGCGAGCAACGCG
 CGGTGGTGACCATCTCGGTGTAGAGCAAGGTGTGACGGGACAACCTGGCGCAGGAAGAAGCGCGAGTGGCGATCGGTCCAG
 TCCATCATCGGCGCAACCGGAGAAGCGGCGTGTAGAGGGCGGCGGGGGCGTGGTTCGGTCTTGGGCGCATCGGGACTTCGGT
 AGGGGGAGCGGAGCAGGGCGAGGGATTTTATCAGGGATGG

PAGI-2(C) flankierende Sequenz rechts, 27284 bp

GATCCGCCGGGCATAGCCGAGCAGCACCTGGCCTTCGGCGGTGAGGCGGGTCTGCCTTCCGTCGCGCTCGAACAGCGAGC
 GCTGCAGGACGTCTCTTCGAGCCGCTTTCATCTGCATGCTGACCGCCGACTGGGTGCGATTACCCGCCCTCCGCGGGCGCGG
 GTGAAACCACCGTGCTCGGCGATGGCGACGAAGGTGCGGAGCAATTCCGTATCGATGCCGGGCTGGTAGCTCATTCATCA
 ATCTCCAAGATGCATTGCATAAGAATGATTCGTTGGATTGATCCTATGCCTGGCGGGACACTGTGCCTATCCCGAACGGA
 GGGCAAGACGATGAAAGGTCAACAGGATTATTTTCGGCAGTCACTTCCACGCTGCATCCATCCCGCCTCGACCGCTGCGC
 CGTCTGTTGTGGCGTTCGCTGGCGGCGCTGGTTGCAGTTGGCCCCGAGCGCCGGAACTGCTGAGGATGAGCGACGAAGCG
 CTGAAGGACCTCGGCCTGAGTCGGGCGGATATCTTCCAGGAGGGCGAGCGGCATTTCTGGGACGACCCGCTGCGTCGGCA
 TTGAGCGAACCAGCGCGCGCCAGGCTGGCACGGCGCGGAGGCGCGATAGACTCGCAGTCTCCTTCATCGACTGGGG
 CGCTCCATGAGTCTTTCGCTTTCCCTCGCCGAAGCCCGCCGCTGGCCCTGGCCCGCAGGGCTTCGACGCTCGGCGGAC
 GCGCCGCGAGCTGCAGCGGCGGCATCTGCGCGAAATGCTGCGCGCCTTGGCCTGTTGAGATCGATTCCGGTGAATGCGC
 TGGTGCCTCGCACTACCTGCCGCTGTTTTCCCGTCTCGGTCCCTACTCCATGACGCTGCTCGACGAGGCGGCTGGAGT
 GTCGGCCGTCACCGCCAGTTGTTTGAATACTGGGGGACAGAGGCTCGCTGCTGCCGCTGGAACACTACCCGTTGATGCG
 CTGGCGGATGCGCCAGGCGCCGACCGCCAGGGCATCTACCAGCAACTGGCACGTTTCGGCCGGGAACAGCAGCCACTGA
 TCCGCCAGGTGTTGCAGGCGGTGCGCGAGCAAGGTGCGCTAGGTGCCGGCAGCCTGAGCACGCGGCAGGAGCGGGCCGGT
 CCCTGGTGGGACTGGAGCGCGGAAAAGCATGCGCTGGAATGGCTGTTTCGCCGCGGCGAGCTGACGGTGGCCGACGGCG
 CGGCTTCGAGCGGCTCTATGACCTGCCGGAGCGGGTGTTCGCCGGAATTGCTGGCGCGCCCCGAGCTTTCGGAGGCAC
 AGGCCCAGCGGAGCTGTTGCGGATGGCGGCGAGCGCCCTGGGCGTGGCCACCGAAAAGACCTGCGCGACTACTATCGG
 CTGAGCCCAGGCGAGAGCCGCGCGCCTCGCCGAACCTGGTGGAGGCTGGCGAGCTGCTGCCGTTCCGGTTCGAGGGCTG
 GAGCCAGCCGGCCTACTGCCCGGCGAACCGCAGGTGCCGCGGCGGCTAGGCGCCAGTGCCTTGTCTCGCCCTTCGACT
 CGTTGGTCTGGGAGCGGGCGCGGGCCGAGCGCCTGTTTCGATTTCCGCTATCGCCTGGAGATCTACACGCCGAAGGAAAA
 CGCGTGTACGGCTACTACGTGCTGCCATTCCTGTACAACGGCCGCTTGGTTCGGCCGCTGACCTCCGCGCCGAGCGGGC
 GCGCGAGCGCCTGGTGGTGCATGCGTTGCATGCCAGGCGAACGGCATGGACGATGCCGCCCTGCACGAGCTGGCCGAGC
 AGCTGCGCAGCATGGCCGCTGGCTGGGCTGGCGACGGTGGCGATCGAGGGGCGCGGGGAGTTGGCGGTACGCTTGC
 GGGTGTGCTCTAGCGAGCGCTCCCGCCGGGCGGCGGGAGCGGCCGCGCGCTCAGCGGCGCACCTGCTTACGGGTT
 TCGGCGATCAGGAAGGCCAGCTCCAGCGACTGGTTCGGCGTTTCAGCCGCGGGTTCGAGTGGTGTGGTAGCGGTCGCTGAG
 GCCGTCTTCGGTGTGCGGAACCGCCGATGCACTCGGTGACGTTCTGCCCGGTCATCTCGATGTGGATGCCGCCG
 CGTAGCTGCCTTCGGCCTGGTGCACCTCGAAGAAGTGGCGGACTTCGGCGAGCACGCGGGCGAAGTTCGCGGGTCTTGTAG

CCGCTGGAGGCCTTGATGGTATTGCCGTGCATAGGATCGGAACTCCACAGCACCTGGCGGCCCTCGCGCTGGATGGCCTG
GATCAGGCGCGGCAGGTGGTCGCCGACCTTGTCGGCACCACATCCGCACGATCAGGTTGAGGCGGCCGGATCGTTGTCCG
GGTTGAGAATATCGATCAGGCGGATCAGCTCCTCGCTGTCCATGCTCGGCCCGACCTTGACCCCGATCGGATGCCCACG
CCGCGCAGCATCTCGACATGAGCGCCGTCGATCTGGCGGGTGCGGTTCGCCGATCCAGAGCATGTGCGCCGAGCAGTCGTA
CCACTCGCCGGTCAGGCTGTGCGGGCGGGTCAGGGCTTCTCGTAGTTTCAGCAGGAGCGCTTCGTGGGCGGTGAAGAAGC
TGGTTTTCGCGGAGCTGCGGCGCACTGTCCAGGCCGAGGCGCGCATGAAGGCGAGGGTTCGTTCGATGCGGTTCGGCGAGT
TGCTGGTAGCGCTCGGCCAGCGCCGAGTTGGCGATGAAATCGAGGTTCCAGCGGTGCACCTGGTGCAGGTTCGGCGAAGCC
GCCCTGGGCGAAGGCGCGCAACAGGTTGAGGCTGGCGGTGGACTGGTGGTAGGCCTGCAACAGGCGCTCCGGGTCCGGCA
CGCGGCTCTTCTCGTCGAAGCCGATGCCGTTGACGATGTCGCCCGATAGGCGGGCAGGGTACGCCGTTCTGCGTTTTCC
TCGCCGGAGGAGCGCGGCTTGGCGAACTGGCCGGCCATGCGCCCGACCTTCACTACCGGGCAGCCGCGCGCAAGGTCAT
TACCACCGCCATCTGCAACAGTACCTTGAAGGTATCGCGGATCTTCGCCCGGAAAATTCGGCGAAGCTTTCGCGCAAT
CCCCGCCCTGGAGCAAGAAGGCGCGTCCGGCGGTGACTTCGGCGAACTGCCGGCGCAGCTCGCGAGCCTCGCCGGCGAAG
ACCAGCGGCGGGTATCCGGCGAGGGTCTGCTCGACCCTGGCCAGGTGCGCGGCATCGGGGTACTCGGGTTGTTGCTGGAT
CGGCTTGGCCCTCCAGCTCTCGGGGCTCCAGGACTGGCTCATCTACGACTCTTGGCAATGCTCGGGAAAAGCGGATTGCGG
CATGGTAGAGCAGCTCGCCGCGAGCGCCGAGCGATCGTTGCAATAGCGGAAATCCATCGTCGGGCCGGCTTTGCTATGC
TGCGGTGCTTTTTCGGGAGCGCCTGGCGATAGCCGGCGAAGCGGCGGGGGAGGTGAGTGGTGAAGCAAGACGCTGCT
GGTCGAGGAGCGCGACGAATACGGGGTTCATCCGGGTTCATCGAGTCCGGCGACTATCGCTTCTCGAGTTCGGCGACGGTG
TCGAGCAGAGCTGCGTGTTCATGCCCGATCCAGCCTGGCTGGAATACGACTACACCCGCGCCATGCTGCTCGGCGGGCTC
TGCCATTGCAACCGCGCTCGCGCGTGTTCCTCGGTTTTCGGCGCCGGCAGCCTGACCCAGGCCTGCTGCGCCACCTGCC
GCTGGAGGAGGCCGAGGCCATCGAGCTGCGCCCGCGATTCCGCGCCTGGCCCGCAGCATCTGGGGCTGCGCGACGACC
CGCGCCTGCGATTGCGCATCGGCGACGCACTGGAGAGCCTGGGCGAATGCGCGGAGGCCGACCTGATCTTCTCGACCTC
TATACCGATACCGGCCCGTTCGGCCGCGCACCTGGCCTGGAATTTCTCGGTGCTGCCAGGAGCGCCTCGCCGAGGATGG
CTGGCTGGTGATCAACCAGTGGAGCGGCACCGATGGCAAGCCGCTGGGCGCGCCGCTGCTGCGCGGGCGCTATCACCATC
ATTACTGGGAGTGTCCGGTGGCCGAGGGCAACGTGGTGATGCTGGTGC CGGCGAACCCTGGCCCTCGAACTCGACCAGGAA
GCCCTGCGGACGCGTGC CGCGCGCTGGAGCCGCAACTCGGCTATTTCGTTGCAAGGCTATATCGACAGCCTGCGCCCGGC
CCAGTAGCCAGGCGCGCAAGGCCGACTAGCGCTTTCGAAAGCGTCCCGGGCGCGCTTCTGGAGAGCGCGCAG
GCCTTCTTGGCGTCTCGTGTGCGAGCAGGCGCTGGCGGCTTCGGCGAACGCGAGCGGCGGCTTCGCTTCCCTCCA
GCAGGGCCTGGCGCGCCGAGCCGAGGGTGGCGCGCACGCCAGCGGCGCCTGGGCCCGCAGCCGTTTCGGCGAGGGCGATG
GCGTGGTTCGAGGAGTCTCCGGGGCGGTGACTTCTGCAACCAGGCCGAGACGATAGGCTTCGTGGGCGTCAATTCGTC
GCCGGTTCGAGCAGCCAGCGCATGGCGTTGCCCCAGCCGGCGACCTGGTGCATGCGCAGTGTGCGGCCACCGAACGGGAGGA
TTCCGCGCTGCACTTCGAGCTGGGCGAAGCGCGCTTGGTGGCGCAGAGGTTGATGTCGGCCGCCAGCATCAGTTTCGATG
CCGATGGTGTAGCAGTAGCCTTGCACGGCCACCAGCGGCTTGTTCGGACCGCGCCGCGCAAGGTGCCCCAGGGATC
GACGGCGCCTTCGGGGAGTTTCAGCCCTGGCGGAAGGTTCGCCGACATTCGGCAGGTTCAGCCCGCGGTTGAAATGCT
CGCCGTGGGCGAAGAGCAGGGCACAGCGCAACTGGTTCGTCGGCCTCGTATTCGCGAGCGCGGCGACCAGGTTCGTCGAGC
ATCGGCAGGTTCGAAGGCGTTGCGCTTGGCCACGCGGTTCGAGGCCGAGCAGCAGCAGGTGGCCGCGCCGTTTCGCGGCTGAT
GCGTCTGGGAGGGTGTGCTTCATGCGGCGGTTTTCTGGCGGGGGCGGGCAACGTCGGTATAGACGCTTCGAAATCGGGA
TGTCATTGTCAGTCTCTCCGATGACGCATGTCGGAACAAACGCACACAAACGTCAAAATTCGGTATGATGCGCGCCGG
TCAAAACTGACCCCGTTTCAGGACCTGCATTTTTTCGGAGCGCTGTGCTCTGGCTGTGTATCCGCTCTGCGGATTTCTTTA
CGTAATCTTCTAATTCAAAAGCAATCTCGCAAATCCCCGCCCCAGCTGCCTGGGTGGCCGTTTCGGCCGTACAGGGCATG
AGCAGCCATGGGTTCATGGGTCTTTGCGGATGTATACGAGGCAAAACCATGACTCAGGAAAACCGTTCGGCTTCGCCGCGCTC
GGTATTCACCCCAATGTGCTCGCGGCAATCGTCGCCGTAGGCTACGAAGAGCCTTCGCCTATCCAGGCTCAATCGATTCC
GCTGATCCTCGAAGGCCACGACATGATCGGCCAGGCGCAGACCGGTACCGGCAAGACCGCCGCTTCGCCCTGCCGCTGC
TGTCGCGCATCGAACCCGAGCCGCGAGCCGAGCTGCTGGTGTGCTGGTTCGCGACCCGCGAGCTGGCCCTGCAGGTTCGCC
ACCCTGTCGAAACCTATTCCAAGCAATTGCCGGGCTCGGCGGCTGCTGCGGCTTACGGCGCCGCGCCATGGGCGCGCA
GCTGAAGGCCCTGCGCCAGGGCGCACAGATCCTCGTTCGCTACCCCGCCGCGCTGTGCGACCCACCTGCGCCGCGACGAGA
AGCTGCTGGCCACCGTCCAGCGCCTGGTGTGTCGACGAAGCCGACGAGATGCTCAAGCTTCGGCTTCATGGACGACCTGGAA
GTGATCTTCGAGGCGCTTCCCGAATCGCGCCAGACCGTGTCTTCTCGGCGACCCCTGCCGGCGTCCATCCGTGGCATCGC
CGAGCGCCACCTGAAGCAGCCCAAGCACGTCAAGATCGCCGCAAGACCCAGACCGTGGCGCGCATCGAGCAGGTCCACC
TGATGGTCCATGCCGACCAGAAGGCCGGTTCGATCCAGCGTCTGCTGGAAGTCGAGCAGTTTCGACGCGCTGATCGCCTTC
GTCCGCACCAAGCAGGCCACCCTCGACTACGCCGAATTCGTCGAGCGCCAGGGCTACCGCGCCGCGCGCTCAACGGCGA
CATGCCGACGGCCAGCGCGAGCGGGTTCATCGAGTTCGCTGAAGGACGGTTCGCTGGACATCGTCATCGCCACCGACGTTG
CCGCCCGGGGCTGGACGTACCGCGCATCACCCACGTGCTGAACATCGACATGCCCTACGACCCCGAGTCTACGTGCAC
CGCATCGGCCGTACCGGCCGTGCCGGCCGGGAAGGGCGCGGCTGTTGCTGGTACTCCGCGCGAGCGGCGCATGCTGCA
GGTGATCGAGCGGGTACCGGGCAGAAGGTTCGGCGAAGTCCGCTGCGCGGATGCCGAGACCGTGTGGAGGCCCGCCTGG
CGCGCCTGGCCGCGAGCCTGACGCCCTTGTCTGACAGCGCCGTCGAGCAGCGCGGCGGGTGC GCGACGAGCTGTGCCGT
CGCCTCGGCTGCGATGCCGAGACCCTGGCCGCGCATTCGTTGGCACGCCTGACCGCCGGCAAGGCGCTGGACCTGGAGTC
GGTGCGCCGCGAACAGCCGCTGACCCCATCGGCACCGCGCGAGCGTTCGGACCGTGGCGAACCGGGCGAGCGTCCGGAGC
GCAGCGGCGAGCGTTCGATGGCGCCGCGAGCGAAGGCCGCTGCCCGCTGCCGCACTGCCCTCGGCGCGCGCACGGG
GTTGCGGCGAAGAACCTGCTGGGCGCGATCCTCAACGAGGGCGGCTGTCCCGGAGGACATCGGTCGATCCAGATTTCG
CGATACTTCAGCTGATCGAGTTCGCCGAGGCCAATCTCGAGCGCCTGCTGACCAAGCTCAAGGACACCCCGCTCGCCG
GCAAGGCCCTGCGCCTGCGCCTATCGCGAGGACTGAGGTCCAGCGCGATGAACAAAAGCCCCGCTTCGGCGGGGCTTT
TTCATGGGCTTGATGTTTTGTTGGCCAGACTGTTTTTCGCGCCTGCCCGCTTCTCGTTTCGTCACCCCGGGCGAGCCCC
TCTGGCAAGCGTCTAAAGGAAACAAAGGACTCGCCCAGCCGCCAGGGCAGGCACACGTCGTGCATGTCAGACCTGCACA

TACCGAGGCCCTGATCCGCCCTATCCATGACATCGCGGATAACGCCTATGGCGTTATTTCGCGCTACAGGACTATGTGC
CTCGGATTTCTGGCTGCCAGCCGAGTCCACCCAGCTTTCGCGCGGGAAGCCGATGCTCTCCGCCAGTCCCCGAGAAAC
CCTGTCAATCGAAGCGATAGATATCCATCCCCAACGAGCCAGGGTAAAGCCGCTGTGCTCGACCGCATCCCGCCGCCG
CCCGCGCCCGGGCGAAGAACAGTGGCAGCAGGTGCTCGTTCGCTGGGGTGGTTTCGCGCGCCAGGGCGCCTGCCGGCG
GTAGTTCGTGAAGCGCGGCCTCGTTCGCTGGCCTGGAGCTTTTCCACCATCCAGTACCGGAACTCCCGCGCCAGGGCGCGA
TGGCTTCCGGCCCGGCGCGCCAGTCCAGTTCGCCCAGGTTGTGGGTGATGCTGCCGGAACCGATCAGCAGCACGCCCTCC
CCGCGCAGTTGGCGCAGGGCCTGGCCGACGCGGCTCTGCAGGGCCGACCGAGGGCGGCTCGGCAGGGACAGCTGGAGCAC
CGGGATGTCCGCCTGCGGGTACATCAGGCTCAGCGGCACCCAGGTGCCGTGGTGAATGGTTCGCTGTGGGTTCGCGCTGGG
CCGGCAGGCCGGCCCTGGAGCAGTTCGATCGTCCGCTGTGCCAGCTGTGCCAGCGCCGCTCGCTTTGGCCGGGTAGCGCACGGCG
TAGAGGGGGCGGCGAAAGCCGTAGAAGTTCGTGCCAGATATCCGGCACCGCGCGCCGCTTACCCGCAGGTTCGTCGCTTTTC
CCAGTGCAGCGAAACCACCAGGATCGCCTTCGGCCGCGGCAGCTCTGTAGCCAGGCGCGCAGTTGTACGCCCGCTGGCGC
CCGGTTCGAGGGCGAGCATCGGTGAGCCGTGGGAAATATAGAGAGTTCGGTAGCATGATTACCTCGTGACTCGGATGAGC
CATGTTCCCTCGATCAATCGAAAACCAGTATATGTTTTTGGAGTACCTATCGACCCAGGCGTTAGGTTCGCGGCTCTC
GCGCGCTACGCCGTTGGGCTTTTCGCCCAGTAGCGCCGATCGTTCGAGGATCGCCCGGTCACGCTCGAACGCCAGGGGCA
GGCGTTCCTGAGGAAGTCCACCCAGGTGCGGATCTTGGCGTCCAGGTAGCGCTCGAGGAGTACAACACGAACACCTCG
CGGACATGCAGTCGATGGCCCGGCAGTAGCCGCAACAGGCTGCCTTCTGCAGCGCGCGGGCGGCGACGAAGCCGGGCGAG
CAGGCAGACCGCGAGCCCGGCCGCGCGGCGGCGCAGGCGGCTCGGGAAGGTTGACCTTGAGCGCTTCGTCGAGATCGA
GCAGCGTTTCGCGCGTTCGCCGACGAAGGCCAGCCCTGCGGGCAGGACGGCGCGCCACGTTTCAGGCAGCGATGCCGC
AGCAGGTCTCCGGCGTGCCTGGCACGCCATGCCGTGCCAGGTATTCGGCGCGGCACAGACCAGCTGAACACCTGGCC
GAGATCGCGGGCGACCCAGGGTTCGAGTCCGGCAAGGTTTCGGCCGAGGGTTCGATCAGCAGCTCCAGGCCCTTCTCGAGCAGGG
CCGGGGTGCCTGGGCCAGCGTTCGAGTTCGACGGAGACGTTCCGGATGGCCGTCCAGGTAGTCCACCAGTAGCGGCATCAGG
TGCTCGAGGCCAGTTTCGGTTCACCGCGTGGAGGCGCAGGCGACCGCTGGCGTGGGACTGGCTGTCTTCGACGTTCCGCCG
GGCGGCGGCGACCGTGCCTAGGATCTGCTTGAATGCTCGTAGTAGCGCAGACCGCTTTCGGTACCCACGACGCTGCGCG
TATTGCGTTGCAGCAGGCGCGCCGAGAGCGCTGTTTCGAGCCCGGCACCTGGCGCGAAACGGTTCGCCGAGAGGTCCCC
AGCGCTTGGCGGCCTGGGTGAAGTTCGCGTTCACCCAGCGGACGAAGGTTCCGATACCTTGCAGCAGGTCCATTTTC
CAACTCTTCGCGCGTTCGCCCGCCGCGCGGCGCTCAGCCCGACCGCGGCTCGGACGTTGGGTTCAGCCGCGCCAGCG
CCTTGTAGAGGTTGACCAAGGTCAGCGACCCGCTTCGCTGCCTGGCAGCTTCGCTGTTTCCAGCAGTTGCGCG
TGGCTGTGCAGCACGCTGAGGAAGTCCACCGCGCCGCGCGGTATTGCTCGCGGGCGCTTCGAGGGCGCGCGGTTCTG
CGCCACGGCTTCGCCGAGGCGCTCCTGGCGGCGCTGGTTGGCGGCGTAGTTCGTCATCGCGTTCGCTCGACTTCTGCCAGG
CACGCAGCACGGTGCCTGGTAGTCGATGGCGGCTTCTGCTGCTGTGCCCTCACGTAGCTCCAGGCGTCCGCGCAGGCGT
CCGCCTTCGAAGATCGGCAGGCTGAACGCCGGGCCGATGGCGAACTGGCGATGGTCCAGTTCGCCCAGGCTGGACAGTTG
CAGGGATTGAAACCGAAGTTGCCGTTGAGCGTTCGCGGATAGAAGTCCGCCTTGGCCACGCCGATGCTGGCGGTAG
CCGCGTGCAGGCGCGCTTCGGCACGGCGGATGTCCGGGCGGCGCTGGGCCAGTTCGGACGGCAGGCCGACCGGCACGCTG
CCCGGCGGACCGGAATCGCCCCGCGCCGGGCGGAGTTTCGGCGAGCAGGCTGCCGGGGCTGGCGCCGACAGGTAGCCGAG
GGCGTTGACCAAGTTCGCGCTGGTTCTTTTCCACCTCGGGCAGGCGTGCCTCCATGCTGGCCACCTGGGCCAGCGCTGGG
CTACCTCGAGGTCGGTAGCGACGCCGTTGGCCAGGCGCGTTCGCGGTGAGTTCCAGGCTTCGCGCGTGCAGTTCGAGGTTG
TCGCGGATGATCGCCGACGTTCTGTTTCGCCACGCAACTGGATATAGTTCGCGCGCGGCTTCCGCCAGCACCCGAGACCTG
CACGTCGCGCAGTTTCGTTCTCGCTGGCTTCCACCGTTCGCGTTCGGCGGCTTCCAGCTTCGCGTTCGCACCGCGCCCGAAGT
CCAGCTCCCAGGAGGCGTTCGAAGCCGGCCAGGGCGTGGTTGTAGTTGCCTTTTGGCGGCTTGGCCGAGGGATCGAACAGG
CCGGCGCTGGTGGTCCGCTGGCGCTGGTAGGTGCCGCTGGCGTCCACCGAGGGCAGGGCGTCCACCGCCAGGCTGCGACG
GATCGCGCGGCTCTGCTGCAGGCGCGCCGCGGCGCTGCGCAGGTCGAGGTTGGCACGCTGGACCCGTTGCAGCAGGGCGT
TCAATTGCGCGTTCGTCGAACAGCGTCCACCATTTGGGCTGCGAGCGGCGCGGCGGCGAGGTTGGTGGGGTTGCCGGCAGCG
GCCTGGAGACCAATTCGCGGGGCGCAGGGCGCTTCGCGCGGTTGAAGTTCGGGGCGAGGCTGCAGGCGCCGAGCGCCAG
GCTGGCAATAAGCAGGAGCGGAGTGCCTTTTCATTGCTGGGCGACCTCGCGGAGCGGTTGCCGTTGTCGATTCGATCCG
TGCTTCCACCGACATGCCCACACGCAACTTGCCTGCCATGGCCTGGCGCGGCTCGAGAACGATCTTACCCGGATCCGCT
GGACCACCTTGGTGAAGTTGCCGGTGGCGTTGTCCGGGGCGATCGGCGCGAAGCTCAGGCGGTTGCCCGGTTCGATGCTG
TCGACATGGCCGCGCAGAACCTCGCCGGGGAAGGTATCGACGCGGATCTCCACGGCCTGTCCGGGAGAGACGTTGGGTGAG
TTGGGTTTCTGAAATTGCCGACCACGTAGGCTGCTGCAGTGGCACACCAGCCAGCAGCGGCTGCCCGGCGTGACAT
AGGCGCCGACGCGCAGTTGGCGGCGGCGCAGCTGGCCGTTCGAAGGGCGCGGAGTTTCGAGTAGGAGAGGTCCAGTCCG
GCCTGGTTCGCTCGCGCTGCATGCGTTGCAGGTTCGCCACGGGCTGGCCGACGCGGGCTTCGAGGACGCTCACCTGCTT
GCGCGTGGCATCCACTGCGGCTGGCCCTCGGCCAGCCGGGCGCTGGCGGTATCGATCCGCGATTGCGCTGCTGGGCGT
TCTGCAGGCTGCCGGCGCCCTTGTGTCGAGGCTGCTGTTAGCGGCTTTGCTCGTGACGGGCGAAGACCAGCTCGGCCTGC
TCGGCGCGGACCTTGGCCCGCGCCTGTTTCGATCAGCGCCTGCTGGCGTTGCAGGTTGGCTTCGGCATTGGCCAGGTTGGC
CTCGGCACCGAGCACGTCGGCTTCGGCGGCGGCCAGGGCGGTTCGGAAGTTCGCGGTTCGTCGAGGCGGGCGAGCAACTGGC
CGGCCTTGACCGGCTGGTTGTCTTCGACCGAAGCTCCTGGACGAAGCCGGCGACTTTTCGGCGCGACCCAGGGTGAATCG
GCGTGCACATAGGCGTTCGTCGGTTCGCTGTCACGACCCGTGGGGCGAGCAGGTGGAACAGCAGGTAGACCAGTAGGGTCCAG
GACCAGCAGGGCGGCGAGCAGCAGGCTGCCCTTTCGCGAAGTTCGATGAACGACATACAGCGACCTTTCAGTGTGTGGGAGC
GACCGGGCGGGGCGGGTAGGCCCGTTGCGGCAGGATCGGAATCAGGATCAGCAGGGCGCAGGCCAGGCCGGCCATCGCCA
GCAGCAGTCGGCGTTGCCACGACCTGGGCTGTTGGCGGGCTGTTTCGGCCAGGTGCTGCCAGTTCGCGCCGGAGTTCG
GCGCCCGTTGCAGGCGGCGATCTGTTGCAGGCGCAGTTCGACGGCCTGGGACGCAATTCGCCAGGTGATCCACAGGCG
TTGGAGTGGTAGTTCGCGGGCGGTTGCCAGGGCGGATCACCCGGTTGGCGACTACCCCGGAGAAGCCGCGGACGG
TGTTGAACCGAGCCGAGGCGAAGGGTCCCTCGATGGGCGCGATGACGCTGGTGGAGAGCATCAGCAGCGGAATCACCGCC
ATCGGCTGGCCGACCACCAGTAACAGCATCGGCAGGTAGAAGTCTCGCGCACCCAGTCCGCCGTTCAGTTGGCTGAAGCT

CAGGCAGGCACCCGGCGCACAGGCACAGGCCCGCAGGCCAGCACCCAGCGGCAGTTCGACCCGCGGGATGTTGCAGAGGGCCG
CCACCAGCGGCAGCGCAGAGCTGCGGAAGGGCCACCAGCAACACCATGGGTACGCTCTGCAGGGGGCGGTAGCCGCGG
ATCTCGGCGAGGAATTCGGTTCGGCACGCCCATGCTCGCGCCGAGCACCACCAGCACGCCGGCCAGGGTGATCAGGGCGAA
GGTCAGGTTGCGGCGCTTCAGCAACTGCAGGCGGAAGAACGGCAGCGGGTGGCTCCATTCGTTGACCAGGAACAGCCCCA
GCAGGAGGCTGCCGCTGCCAGCAGCAGGCAGATCAGCGGCGACTCGAACCAGTCCAGGCGTTCGCCTTGCAGCAGACCG
ATCACCAGGGCGCAGATCGCCGGGAAGCCGGTGAGCAGGCCGATGCCGTGCAACTGGCGGAAGCGTTCAGGCGCACCGG
GTCCTGGAGGATGCCATGGGACACCGCGGCCATCGCCACCAGGCACAGTGAATGACCTGCCAGAACACCCACTGCCAGC
CGACGTATTCGAACCAGAACGCCGCCAGTGGCAGGCCAGGTTGGGCCCGAAGGTCGCGGTGAGGGCATAGGCGCCAGG
CCATAGAGCTTTATCCCGGGTGGCAGGAAGCGTAGCGCCACGGTCATCAGCATTTGGCGGCAGGCAGCCGCGAAGCCGCCA
TTGCAGGGTGGCAGGACCAGCAGGCTCTCGAGGTTCCGGCGCAACGGACAGAGCAGGCGGCAAGCGTTCAGGCGCACCG
TGGCGAAGAGCGTGAAGCGGCGCAGGGAAAAGGTCACCGAACACCAGGGCGCGAATGCCATGGCGGCGACCTGGGTGGCT
TCGTAGAGCACGGTCAGCCAGGTGCCTTCGTTCATGGCCAATGGCGAGTGCGCCGCGCACATCGGTTCATGGCGATCTCGGT
GACATGACCATTGAGACCGGCGGTGAGCGAGGCGAGCAGCACGCCGAGCAGGCTACCACGATGCGCGCGCCGAAAGGCT
GGGCGGCGGGGGCTGCGGTTGGCGTGGCTGGCCGAGCGGGTGGCGAGCGAAGTTCATCGCGACCTCGCTACGGCGAGGG
TGGGGAACAAGGCATGGGCGGAACTCTTCTGATTTCCGCCGAGTCTAGGAGCGTCCCGTAGTGTGAAAATTGAAAT
GATCGAAATGAATCAGTGCATTTTGTGCATCTGTTTCAGTTGGAGCCAAGCAGCGGATGGGGATCGCTCTGCACCTCCTC
GCAAATCCGCTTGATCGTTTGGCCGAACCAGCGGTGCGCGGGATCGTTGTGAAAGCGTGGATGCCAGGCTGGACCACCA
TCACGGTCTTCAACGGCACCCGGGATGTGCAACTGGCGCAGGCCAGGCCAGTCCGTTGGCCCGCCACAGGGAATGCTCG
GCGATCGGCAGCAGCAGGTTCGGAGCCGGGCAGGGCGAAGATCGCCGAGTGAAGGTCGGGCTGATCAGCTTGACGTGCGG
CTTCAGGCCGAGTTCTCCAGGGCCTGGTCCAGCGGTCCATGGTTGAGGCCACGACGCGAGACGGCGATATGCGGAAAAG
CGACGAACCGCTGCGGAGTGATCTCGCCGTGCAAGATCGGGTGGCCCTGGCGGGCCAGGCCGACGAAGCGGGTGGTGAGC
AACTGCTGGGTCTTGACCTCGGGTTCATCCAGGACGAGGCGCCGATGTAGAGGTTCGATGCGGTTCTGCCGAGTGCCCTC
GTCGTGATGTCCGACTCCTGCACGAAGCGCAGGGTGCAGCGCGGCGCCTCCTCGGCGAAGATCTCCAGCAGGCGTATCG
ACAGACCGCCGACCAGGGTGTGTTGGAAACGCAGGGTGAAGCAGCGCTCCAGCTTGTCCAGTTGGATGGTCTCGCGAGTG
TTGAACAGGTGCGCGGCCCTGGTCCACCAAGTTGCCGGACCTGCTCCTGCAAGTTCAGGGCACGGGGCGTGGGCACCAGCTT
GCGGCGGCGCGGACCATGATCGGGTCCGCTACCGCTCCGCTCGGAGGTTGAGGGTACGGCTCATCGCCGTTGGGCTGA
GGTGCATGCGGCGCGGCTCCGACCAGCTGCCCTCTTCGAGAAGAAGCTTGGAGGGCCAGGAGATTGATCAGATCGGGA
AGATGCATGGAGTGAAGTATAAAGCACGCTGGCATGCGCAGGGTGCAGTCTTTCGTTCTCCCATGGGATGCGTTTCGCTGCA
TTGCTGGATTGCGTTTCGCGGTGCCTTTACGCGCACCCGGTGGCTGCCGAAGAATGCCGGTGCACGCTCTATCCGAGGATTT
GCCGATGTTCCATACGCTCCTGGTTCGCCATCGACGGCGGCCCGCAGACCCGTCGATTCGCCGAGCTGGCGCGGCAGGCCG
CCGCGCCGGGCGCGCGGGTCCACCTGCTGTGCGCGGTGGACGCGCGGCTATGCGTTGCCGGGCCGGCCGACGCTGCTCGAC
TATCCGCCCCGCGCGCACGAGTGCGAAGAGGCCCGGCAGGTGCTCGACGAGGCTTGTGCGCTGCTAGCCGGGTGCGAGCT
GGAGGTACGGGCGAGCTGCGTGCCGGCGACCCGGTGCAGGTGATCCTGGGCGAGGCGCGGCGCCTGGGCTGCGAGCTGA
TCGTCATCGGCCATCGGCACCTGGGACGGCTGGAGCGCCTGCTCGATCCTTCGGTGGCGACCGGGTATCCGCGAGGCG
CCGTGTCCGGTGTGGTGAAGTGCAGGAGGAGATGCGCAGGGGAGTTGACCTGCCGGCCGATTGTGCGCCACCTTGCAGG
TTTTTCCCACGAATGCGGAGGACAGGATGCAGGCGGATTTTTTGGCACGCCCGCTGGGCGAACAACCAGATCGGCTTCCAC
CTGGACGAGATCAATCCCTACCTGATGCGCCACCTGTGCGGGTGCAGACTGCAAGCGGGCGAACAGATCCTGGTGGCGTT
GTGCGGCAAGACCCTGGACCTGGCCTGGCTGGCCGCCAGGGACTGGAGGTGCTGGGGGTGGAGCTTTTCGGAAAAGGCCG
TGAGCGACTTCTTCGAGGAGCACGACCTGCGCCCCGAGATCGATCAACTGGATGGTTTCCGCGCTACCGGGTCCGCGG
ATCACCCCTGCTGCAGGGTGATTTCTTCGCTTGCAGGCAGAGCACCTGGCGCAGTGCAGGGCGTTCACGACCGCGCCG
GCTGATCGCCCTGCCGCGGAGATGCGCGAGCGCTATGCCGGCATCTCCAGGCGGTTCCTGCCGACGCGCAGCCTCGGCT
TGCTGGTACCATCGACTACCCGACGGCGGAGATGGCCGGTCCGCGCTTCGCGGTGCCGACGAGGAGGTGCGTGGCTAC
TACGCTGGCGGTTGGCGGATCGAGAACTGGAGCGCGGCGACGTGCTCGGCGTCAACTGGAATTCCTCGAGCGCGGGGT
GTCCTGGCTGAGCAGGCGCTACCTGCTGGAGAGAGGCTGAAACGGGGCGCCGCGCGCCCTCCATTTTTTCAGCG
GAGTTTCGTCAGCAGCACCAGCAAGGGTGTGCTCAGGACGCTCCTGGCCGAGCCGCTTGGAGCGGGCGGCGGACCCGCTCC
CGGGCTCCGGGTTGTCGTCGTTGCTTGAACGGCATCTCGATGGTGAACGCCAGGAGTTCGATAGTTGCCCGACGAAG
TTGCAGGCCAGCGCCAGGTTGGCCTGGCCCGGCGCACTGCGTGGGTAGCCATGGCGGATCTGGAATTCGCCGCGCGCCAT
CAGTTCTCGCGGAAGCGTTGCTCGAGCCGTTCCAGGCGGGGCGTATAGCCCGGGTTCGCCCTCGCAGCCGGCGGCGAATA
CGTGGGGGATTTCTCGTCGCGGTGGATGTGAGGAACAGGTTCAGCCATGGCGCTTCATCTCTGCTGGACGAACCAG
ACTTCCGGGCTGCGCTCGGCGCTCGGCTCCAGCCAGGCCCGGTTGAGATCCTGGCCGGCGGCGTGGTGGCAGGTTGCC
GTGGAACGCGCCGTCGGGTTTCATGTTCCGGCACAGGTACAGGTTCGGCCTTTTCAGCAGGCGCTGCATTTCCGTATCGT
CCGGCCGCTGCAGGCGCTCGATCAGGCCTTCCATGAACCATTTCGGCCATGTGTTCCGCGGATGCTGCTGGGCGATGACC
CACAGCTTCAGGTGGCTGTGCGGATGGCGCCTGACCCGCGCAATTCGATGTGCGGCCCTTGCACGCTGGTGGCAGCGG
GAGCCGTTTCAGCGCCCTCGATGCCGAGCGCACGTTTCAGCAGGCGGGCATGCCGTTCCGCGGCTGTAGGGCTCGAAGTAGG
CGAAGCGGACTTCGCTTTCTCCGGTTCCAGCTGGAAATGCAGGCCGCTCGGCGTTCGATATTGCGACGGCACGCGGAACCAG
CGTTCGCCATCGTACGAGGCGACTGCCTGGTAGCCGCTCCAGGCATGGCTGTAGGCCGACTGGCCGGCGTGGACCAGGGT
GAAGCAGTGTGCGTGGCGGGGAGCCATGCCCTCGACCTTGAAGTGAACCACTGGAAATGCTGGCTGGCCAGGTTCGGGAC
GGATCGCCAGGCGGATCCGGCGGGGATCGCTGGCATCGATGACCTGGATGTTGCCGCTGTGCAAAATCGGCGCGGATCTGC
ATGGGAACCTCATCGGGCGAAATCACGGACCCGCATGTTCCGGGGCTGGCTCGCGGCTGTCAAAGCGACCATGGATAGGT
GGCTTTCCGGGCATAAAAAAAGGGCGACCGATGGTTCGCCCTGTCCAAAGTGTGAAAGCGGATCAGCGTGCCTGGCGG
CAGCGCTTCGATACGATCTTCCAGCGCGGGTGGCTCATCAGCAGGCGGGCCAGGCGGCTGCTTGGAGCCGCCATTGATGC
CGAAGGCGTTTCAGGGTGTGCGGCATCTGCACCGGCACGCCCTGTTCCGAACCGAGCGGTTGCAGCGCGGCGATCATCGCG
CCGGTGCAGGCGAGGTGGGCGCCGGCGGCGTCCGCGCGGCAACTCCGCGGCGGCGGAGAACCATGACGATGATGCTGGC

GAGGATGCCGAGCACCAGTTTCGGCGAAGATGGTTCGCGACGAAGTAGCCGATGCCCGGGCCGTCCTCGTTCTTCAGGATGG
CCTTGTTCGACGAAGTTGCCGAAGATCCGCGCGAAGAACATCACGAAGGTGTTTACCACGCCCTGGATCAATGCCAGGGTG
ACCATGTTCGCCGTTGGCGACGTGACCGATCTCGTGGGCGAGGACGGCTTTACCTCATCGGGCGAGAAACGTTTCGAGCAG
GCCCTGGCTGACCGCGACCAGCGCGTTCGTTCTTGTTCAGCCGGTGGCGAAGGGCTTGGCCTCGTAGGCGGGGAAGATGC
CGACCTCCGGCATCTTGATGCCGGCTTCGCGGGACAGCTCTTCGACGGTTCGAGCAGCCACTGTTTCGTGACGGGTGCGC
GGCTGGCTGATGACTTCGGTACCGGTGCTCATCTTCGCCATCCACTTGGAGATGAACAGCGAGACCAGCGAACCGGGCGAA
ACCGAACACGGCGCAGAAGACCAGCAGGCTGCCGTAATTCTGGCCGGTGAAGCGGTCCACCCCGAGCAGTTTCAGGGTGA
TGCTGGCAATCACCAGGACTGCCAGGTTGGTGGCCAGGAACAACAGGATGCGCATCATGGTGTAAAGCTTCTCCTCACGG
CTGAAGGCACGGAGCGCGGTTTCGAGGCGCCGGGGCGGGCGAACGGCTCCTGATAATCATGCGGGGTTATATAAGGGG
CGTCCATGGCGATTCAATCGAGGGACTATTTCAAACGTGTTCGCTTCGCGGCCAGCTTGCCTCGAACAGCAGGCGG
GTCAGCCCGGCCAGGCGTTTCGCCGTTCGCCCTGCGCCAGCGCCTGGCGCAACTGGTTGGCCAGGCTGGCTGTTTCGCGGGC
CACGCTGGCCGGCGCCTCGGCCAGCGCCGCCGCGGGGGACGATAACGGGTAAGTCTTAGGAAGGCCCTTTTCGCTGA
GCACCGCCTGGTTCGAGAGCCTCGTAATGAATGGTGTGGCGAAGCGCAGGTAGCCTTTCCTCGGCCGAGCCAGAGCAACGCG
CCCAGACAACCTTTGGTTCGCTTTCGCTCGGCAGGCCGAACTCGTCCGGCGCCTCGCGGCCGATCAGGTCTTCGACGTAGAG
CGCGGTCTTCGCGGAAACGCCTGGTAGAGAAGCAGGAGGCCGCCAGCGGGCTCCTTGTGGAAGTCGTGATCTGCAGGT
CCATGGATGGGTTCGCCGGCAGGGCGGCCAGCGCGCCGCGGGAGCGGGGGGTTACTGCTGGTAGCCCTTGGAGGAAG
CTGCCGATGCGCAGGATCGCCTGCTCCAGGTGCTCGACGCGGGGCGAGGGTGACCACCCGAAAGTGGTTCGGGCCACGGCCA
GTTGAAGGCGGTGCCCTGGACGATCAGCAGTTTTTTCGAGAGCAGCAGGTTCGAGGACGAACTTTTCGTGCTTGTGGATCG
GGCAGACCTTCGGATCGATCCGCGGGAAGGCGTACAGCGCGCCCATCGGCTTCACGCAGCTGACGCCGGGGATGTCGTTG
AGCAGTTCCAGGCGCGGTTGCGCTGCTCCAGCAGGCGCCCCGGCGGCAGGACCAGATCGTTGATGCTCTGGTAGCCGCC
CAGGGCGGTTCGGATCGCGTTCGCGCCGGGACGTTGGCGCACAGGCGCATGTTGGCGAGGATGTCGAGACCTTCGATAT
AGCTCTGTGCCCGCTGCTTGGGCCCGGAGATCGCCACCCAGCCGGAGCGGAAGCCGGCCACCCGGTAGGATTTGGACAGG
CCGTTGAAGGTTCAGGCAGAGCACGTCCGGCGCCAGCGAGGCGGTGGAGACGTGGACGGCGCCGTCGTAGAGGATCTTGT
GTAGATCTCGTCGGAGAACAGCACCAGGTTGTGCTGGCGGGCCAGTTTCGACCATGCCTTCCAGCACTTCCCTGGAATACA
CCGCGCCGGTGGGGTTGTTTCGGGTTGATGATACCATCGCCCTGGTGTTCGGCGTATCTTCGCTTTCGCTTCCAGG
TCCGGCCACTGTTGGCCTGCTCGTCGCACAGTAGTGCACCGGCTTTCGCGCCGCGAGGCTGACCGCGCGGCTCCACAG
CGGGTAGTCGGGAGCGGGGATCAGCACCCTCGTCGCCGTTGTTTCAGCAGCCCTGCATGACATCAGTCACTGTTCCGACA
CGCCGTTGCCGAGGTAGATGTCCTCGATGCCGACGCTTCCACCTGCTTCTGCTGGTAATACTGATCACTGCTTTCGCG
GCGCTGAACAGGCCCTTGGAGTCGCTGTAGCCCTGGGCGGTTCGGCAGGTTGGCGATGACGTCCTGGAGAATTTCTTCGGG
AGCTTCGAAACCGAACGGCGCCGGGTTGCCGATATTCAGCTTGGAGGATGCGGTGACCCCTTCTCCTTAGGCGTTTGGCGT
GCTTGGACACCGGCCCGCAATGTCATAGCAGACGTTGGCGAGCTTGTTCGATTTGCTGACCTGCATGATGTGTCGAGTC
CCGAAGTGAGCGAACACCGTGGAAACAGGCTGCGAAAAGCCCGCTGGATCGCGGCTTGGCAGGCTGTAACGCGGATGACAG
ACTGGCGTCTATAAGGAGCACGCATGATACGTGCGGCCCGTCCCCGGAAGAGGAGCGCCGGGCATTTTTTCAGATCGCG
AGGTAGAGCCGATGAGCAAGATCGACAAGCCCTGGACTCCTGGCGGAGGAGTTGACCGAAGAGCAGTTCCACATCTGT
CGCCTGGGCGGTACCGAACCGCCTTCAGTGGCGAATACCACGCCACCAAGACCCCGGGATCTATCATTGCACCTGCTG
CGGCACGGCGTTGTTTCGACTCCGACGCCAAGTACGACTCCGGCAGCGGTTGGCCGAGCTATTTCCAGCCGGTGGACGCCG
AGGCGGTCCGCGAACTGGACGACTTCAGCCACGGCATGCATCGCATCGAGGTCCGCTGCGGTTCGCTGCGATGCCACCTG
GGCACGCTTTCGGGATGGCCCCCGGCCACCCGGGTTGCGTTACTGCATCAACTCGGCCCTCGCTGAAGCTGGTGGCGCG
GGAGAGCTAGAGAGCGACGACCCGCTTTTGGTTCCGGTTCGTTTTTTCATTCAATCAATTTGTGTGCAATTGAGTTGCGAGC
TACTTTGTTTCGAGACCCACCCTCAACAAGGAAGACAAGCCATGAGCGATTTCGCTGCTGAGCATTCCCTGCACCACCATC
AAGGGCGAACAGAAGACCCTGGCCGACTTCGGCGGAAGGCGCTGCTGGTGGTGAACACCGCCAGCAAGTGGCGGCTTTCAC
CCCGCAGTACCAGGGGCTGGAGGCCTTGTGGGAAAATAACCGTGAGCGCGGACTGGTGGTGTCTGGCTTCCCTGCAACC
AGTTTCGGCAAGCAGAACCGGGCGACGAGGGCGAGATTTCGAGTTCTGCGAACTGAACTACGGGGTGGCTTCCCGCTG
TTCAGGAAGATCGAGGTTCAACGGCGCCGGCCACCCGTTGTTTCGTCAGCCTGAAGAAGCGCGCGCCGGGCTGCTCGG
CAGCCAGGGCATCAAGTGAACCTTACCAAGTTTCTGATCGGCCGCGATGGCCAGGTGGTGAAGCTGATGCGCGCTATGCGCGTACCA
CCAAGCCGGAGGAGCTGAGCTCGGCGATCGAGGCGCTGCTTGAATGAGCACCAGGGGAAAAGTCCGCAAGGCGGATGGCG
TCGAAGAATCGCTGCTGCTCGACAACCAGCTGTGTTTCAAGCTGTACGCCGCTCGCGCGCGGTGATCCGCGGCTATCGG
CCGCTGCTCGAACAGATCGGCCTGACCTACCCGACGACTGCTGCTGACTCCGGAACCTGACGCCCTTGTCAAGCGTCTCG
GGAGCAGCCGACGGTGAAGGCCTTGGGCGACCGCCTGCTGCTGACTCCGGAACCTGACGCCCTTGTCAAGCGTCTCG
AACAGCTCGGCCTGGTGGATCGCCGTCGCGCCAGTACGATGAGCGGGAAGTGCACCTGACGCTGACGGTGGCGGGGATC
ACCTTGGCGAACGGGTCAATTCGCTGCGCCAGCAGCTGATCTGCAGCACCAGGTTTCGACCTCAACGAGATGTTTCGACCT
GCACCAGCGCCTGGGCGGATTGCTGTGCGGCTTCCGCTGCTGGTGGTAGGAGGCTAGCCGTCGTGCGGAGGCCGGCTAGTGC
CTCGCGGTGAGCGGGCACCAACGGTTCGAGGATGGCTTTTCAGTTTCGTCGCGGTGGAAAGGCTTGGCCAGGTAGTCTCCAT
GCCGGCGGCACGACAACGTTTCGCGCTCGTCCGGCAGGGCGTTGGCGGTTCAGCGCGATGATCGGCAGGCCGCCAGCGT
CGCTGTGCGGGATCTGCCGGGTCGCTTTCGTAGCCGTCATCACTGGCATGTTGCAGTCCATCAGGACCAGGTTCGATGGGA
TGCTCCTCCAGCATCTTCAGGGCATTTCAGCCCGTGTTCGGCGATCCATACCTGGCAGCCGAGCTTGTGACGAGGCCCTT
GGCGACCAACTGGTTGACCGGGTGTCTCCACCAGCAGGACCCGGGTGTTGCGCTGTTCTCCCGTGGTGTCCGAGGGCGC
TCGACGGGGCTATGGCAGTGTGTTTCGAGCACGTGTTTCAGGGCCTGGTACAACCTGGTTGCGACTCAGCGGCCCTGGCCAGT
TGGCGCAGCGGCACAGGCGGGCGGGCCAGCTCCGGTTCGAGGAACTGCCGTAGGCGGTGACCAGCAGGATCGGCGTACC
GATGCTCGGACGAGTCCCATCAGACAGTCCGGGCAATCCGATATCAGTACGTCGAGCGAGTGGCCGAGCAGGCTGTCGT
CGTCTCCAGACGCTTGTACTCCAGGCCAGCGCGCCAGCAGGTTTTCAGCAGCTGCGCCAGCCGCTGTTGGCCGAG
CATTGCGGATCACCCGGCCGCGAGCGCCAGCCTGCAGCGGAGGGCTGACCGGCCAGCGGCAGGCCGACGCTGAA
CAGGCTGCCAGGCCGACCGTCCAGCTCCACCGTCCAGCTCGCCCTGCATGGCCTCGCACAGCTTTCGCGGTGAGGGCCAGG

CGAGGCCTGTGCCGCCGTATTGGCGGGTGATACCCGCGTCGGCCTGGGTGAAACGGTTGGAAGATGCGATCCAGCGCCTCC
TGGGCGATGCCGATGCCGGTGTGCGGCACACTGATGCGCACACCCTCGGCGGTGGCTTCCACGCGAACGTCGACCCGCC
CAGGCGGGTGAACCTCAGCGCGTTGGACAGCAGGTTGCTGACGACCTGGCGAATCCGCGTCGGGTGCCGGAACTGGG
CGGGCAGGGCGGGTTCGACCAGGCAGGTGAGCTCCACGCCGGCCGCGGGCTTCTGCGAGAGGAGGCTGGCGGTGCTTCC
ACCAGGACGCCAGGTGGAACGGGATCTGTTCCAGGACCAGTTGCCCGGCTCGAACTTGAGAGGTCGAGCACGTCTGTT
GAGCAATCCACCAGCACCTTGCCGGAGTCGTGGGCGATCGACAGCTGCTGGCGCTGTTCCGGGGTGAGCGGGCCGTCGA
GGCTCAGCGAGAGCATGCCGAGCAGGCCGTTAGCGGGCTGCGGATCTCGTGGCTCATGTTGGCCAGGAAGCTGGCGCG
GCCTGGGCCATATCGAGAGCGGTCTGGCGGGCTTCTTCGAGTTCCTGGTTGGATAGCGTCAGGCGCGCTTGGCAGCCTT
CAGCTCGGCGGTACCGGGGAGGACGATGCTTCCAGCTCCTCCAGGTACTGGGTGAGGCGGTCTCCGCTCCCGGGCT
GTTTCGATCTTACCAGATGCGCCGAGCTGGCGGTTGATGACTCCACCAGCACGCGATCTCGTCGCTTCTGTTGCC
TTGGGGCAGGGCAGGCGCATGCGTGGCGGAGCGTGGATCGTGTCCGCTGAGGGCCTGGATCAGGCTGACCAGGGGCTT
GGTCAGCAGGGTATAGAAGAGCACCAGCAGGATCAGCGACAGCAGCAGGCTGCGCACGAAGCCGGAGAGCAGGGTGATGC
CGGCGCAGCGAGGAAGTCGTTGCCGAACACGAAGGTGTCGATTTCCAGGTGTCAGTACGCCGAGGGCTCGCCCGGCGCA
TGGTCGACATGCAACGGGTCTCGTAGACCCGCTTGTGGCCGAAGAGGAAGTCGCTGAGCGGCCGAGGCGGCTTTCGGC
GGATTGCGCGAGGGCTGGCCAGCGGCAGGCCGAGGTGTCGATGATTTCCGCGCGGACCACGGCGGGCGAACGGAGCA
GGCCGAGGACCAGCTCCTGGGCCAGCTCCGCATCGATGTTGTAGGCGATTCGCGCGCGGGGTTGTGGCTGACGTCCAGC
AGCGCGCACTTCGCGATTGATGGATGCGTCTGGCTGGCATAATCGACGCCAACCTGAATCAGGCTGAGCAGGGTTCC
CAGGATAAAGGCCACCAGCACGGTGAGGCTGGCCTGTTTGAACGACAGGCGATGGGTGAGCGCTATATCCATGGGGGCGG
GGATCAGCCTTGGCGAGGTTCTGCCGCTAGCATAGCCATCCCAGCCGCTGTCGCGGGTTCCTGGGCGCAACCGATGAT
CGATCCGTCAGCTCAGTCCGATCCGAGGAGAACAGAGTGGATTCCCATTGAGCGATTTTCTTGGCCGCGCCGAAAGCGT
GCTCGCGCGCCTGGAGCCGCTGCTGCCGGCCGTACGCGAAGCCGTCGACTGGGAGCGCAGCCTGGCGGCGCGCTGGCACC
GCGACGGCCGTAGCGGCTACCTGCAGCCGCTGGAGGTGAGCCTCGACCTGCGCCTGGCCGACCTGCTGGGCGTAGAGCGG
CAGCGCGAGCAACTGGAACGCAACACCCGCCAGTTTCGTGCGCCGCGCAGCCGGCCAAACCACGCTTGGCTTGGGGGGCCCG
CGGACCGGCAAGTCTCCCTGGTTTCGTGCGCTGCTGGCCGAGCTGGCCGGCGCCGGGCTGCGCCTGATCGAGATCGAGC
GCGACCACTGGCCGACCTGCCGCGCGTGGTCGAGCAACTGCAAGGCTGCGCAGCGCTTCGTAAGTGTCTGCGACGAC
CTCTCGTTTCGATACCGCCACCTCCAACCGCCGACTACCGGCTACTCAAGAGGCTGCTCGACGCTCGTGGAACAGGCGCGGAA
TGTGCTGCTTACGCCACCTCCAACCGCCGACTGGTTTCGAGAGAAGCAGAGCAGACGAGCAACGAGAACTGGAAGATGGTGG
ACGGCGAGCTGCATCCCAACGAAGCGGTGGAGGACAAGATCGCCTTGTCCGACCGTTTCGGCCTGTGGCTGTCTGTTCTAT
CCCTTACCCAGGAGCATTTCCTCAGCGTGGTTTACCACCTGGGTGGACGTGCTCGCGGAGAAGGCCGGCTGGCCTGGAG
CTGGAGCGAGGAAGTGGAGAAGGAAGCGATCCGCTGGGCGCTTGGCCGCGGCAACCGCAACGGCCGTTGCGCCTATCAGT
TCTCCCGCTACTGGGTGGGCAAGCAACTGCTGGAGCGCCAGGCATGATCGATCTGCAGCAATCTGGCGCCGGCTGGCCG
GCTACGCCCTGCTGGCGGCGCAGGCCGAGGCGCTGTTCCGCGACGAGCGCGATTTTCATCGCAACCGCCGCGCAGTTCTCC
GCCTTCTCTTCCATGAGCTGGGCGACCTGAACTGGGCCGCTTCTATCTGAACCGCAACGAGGAAGTGGTCTGGGACC
GTTCCAGGGCAAGGTGCGCTGCGTCCGCATCCCTTCTCCAAGGGCGTCTGCGGCGCCGCGCGCTACCCGGCTGACCC
AGCGGGTCGACGACGTCCACGCGTTTCCCGGCCACATCGCCTGCGACAGCGCTTCCAGCAGCGAACTGGTGGTGGCCCTG
CTCAAGGACGGCCGCTGGTTCGCTGTGCTCGATCTGGACAGCCCAGCGTGGGACGCTTCAGCGCCGAGGACCAGGCCGG
GATCGAAGGCCTGGTGGAGATATTCTGCGCCTGACGGACTGCTGAGCGACGCGTTCAGGCTTTCGCTGCGAGCTTGTGCG
AGGGTCCGTCGTTTCCCCGGCAGCAGCGCTTGCATCGCCGGGCGTTCGAGCATCCGCGCGAAATGCGCGGCGAGGGCCGG
CCAGCGTTCGTCGTCAGGTTTTTCGCCGGCGTGACGCAGGTTGACCAACTGGCTGGCGATCGCCAGGTGCGCGAGGGTCA
GTCGCTCGCCGACGAAGAAGGCCCGCGCGTTCGAGATGGTTTTCCAGGTAATCGAAGTGCCTGGCAGCTTTTCTCCAGC
GCGCGACGCACGTGCTTCTCCTCGCAGGCTGGCCATCGCCGGCTTGGATATCCGGTTGCGGAAGATCGTCAGCGTGGC
CAGGGGAGCGATCTCGTAGTCGGCGTATTTTTCCAGCCAGCGCACCCGCTGCGCGGCTGGCGGGGGCGTCGCCCTGGAGAT
TCGGCGGTTTCGGGATAGCGTTCTTCCAGGTACTGGCAGATCAGCTGGAGTCGGCGAGGGCCAGGTGCGCGTTCGCGCAAC
GCCGGGATGCGGGCCAGGACTGATCTCGCAGTACCAGGCCGCTGGGCGGCAACGGGGCGATCGCTTCCAACGTTGATGTC
GAGGCCCTTTTCGGCCAGGAGCAGGCGGACCTTGCAGGACGAACGGAGCAGTGGGGCTCCGTAGAGTGTGTCAGGCTCATAA
CGATTTCTCGGTCGATATGAGCCTGGGTTATAGCACGGCTGCCGTAGGCAGGCCGGAATCAGTCGATCGTACGCTTCTTCTT
CTTCCACAGGTGCTTGCATCGAGGGCCTTCAATCCCTCGTTGAGTTCGCTGGGCTCCTCGCTCGCCGGCTGGCTGTTGT
TCAGCACCATCGCTTGGCGCGGGCCAGCTGCGTTTTCCATCTGCTGACGCTCCGCTGGTAGCGCGCCAGCTCGGGCTGC
TTGCGCAGGTAAGTGGGCGCGCGTTCGAAGGCCAGGCGCGCTGGCGCGGTTCTGTTCTGCTGACAGGCTGCTGGCCGAG
ATTGCCGAAGAAGTTCGATATGACGGCGCACAGGAGGTGGCGAATCTCCTTGACCCAGATCTGCGCCTCGCTGCGCGGCA
GGTGGCCGCTCCTGGGTGAAACGGGTGAGCTGGGCATGACGGGCTTCGAAGAGGAAGCGGACTTCTTGGCCTTGTCTCG
GTCAGGATCGCCTGGGGCGGATTGCGCACCGGGATCGACTCGCCCTTGGCGACCAGCGCGCAACTTCTTATAACGAGC
CTTGAGCCCGCATCGGCTTTCTTCTGACGCGCCAGTTGCTGCTCGCTGAGGCTGAGCTCGATCTGGTTCATCAACAGCT
TCAGCGACGGGCTGACGAAGTGGCCGGGAAGGCTCTCGGAAATCTGCGCGCAGCGCCGGACCCGGTTCGTTGAGTTCGGCT
TTCAGGCGCGCTTTCTCCAGCTTGGCTGTTTTCCACCACGTGGTTGATATAGCCAATGGCGATTAGGAGGGCGATCCCGCC
GATGATGAGGGCGGTAATGAGGAGTGGCGACACCTTGGGACTCCGCTGTAAGAATTTTCTCAGTCTAATGTCTTGGTGTCT
ACCACTGATAGCAGCAGCTCATTATTTGCACAGAAGTCTTTGATTTAAAAAATTTTCTCAGAAGGGTTGACGCTCCCC
GGACGCTCCATAAAATGCGCGCCACTTCCAGCGTGAAGCCAAACGCGAAACACTGGAAGCCGGAAGATCTGTTGTAAGT
TCCGGGCGCGCTCCCTTCTGCTAGTGGCCTAGGACACCGCCCTTTCACGGCGGTAACAGGGGTTTCGAGTCCCTAGGGG
ACGCCATTGCGGGAATAGCTCAGTTGGTAGAGCACGACCTTGCCAAGGTGCGGGTTCGCGAGTTCGAGTCTCGTTCCCGC
TCCAATTTCTACAACCTGGCTTCGGCGGGGTTGGTGAAGTTAGGCGTCAAAGGTTTCGGTTTCGGCCGAACGGGCAACAA
GTTGTAACGCGGGAATAGCTCAGTTGGTAGAGCACGACCTTGCCAAGGTGCGGGTTCGAGTCTCGTTTCCCGC
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
 TCTGGTGTCTGCCTCGGGTTTTCCAAACGCAGCAACCCTGCTTGGCGGCCAACCCACCGGCGAAACCGGTGAGGCCGCG
 AGAGGCTCCGATCACCTATGGCAAGGTGCAACAATGGACAGTGGGTTCGCTCCGTTGGCGGCTCCAACCGCCCGTACTG
 CGTTGGGGCTGCCGATCTGCACGGCTATTTCCGTATAGCTGCGGGTCTCGCCGAATGGAATGGTGAGCAGGGCGGACCA
 ACCTTTTTCTGAAATTCGGTACCTTGAAGTGCAGCGGGAGTTTCAACCGGGAACGTTTGGCCGAAAAATATTTCCGCAA
 CTGGCGTTCGGTTTTCCGCCAGGAGGGAGCTGTCTCGGAGAGCCGCATCTCGTCCAGCGGTAAGTTCGGTTGGGACGCTCAT
 GCTGCCAAAGAATCGCGACCAGAAAGGCATCGTCCCTGGCTACCAGGGTCAAGTGTCCCGACCGGCGATTCCATTTTTCTG
 TAGCTATGGGGCATGTAGGTGTCTCTTCGGCAGGCTCGCCAGTGTACTACGCAATGGGATTTCAACAGGGAAGCCTGC
 AAATGGCAGGCGAGGCGGGGCGGAGCGCTATCGGCCGATGGATGGCCGCTGCTTCCAGGCATGCCGTCGCCCCCTTGG
 AGCCAGGCCGAGCGCCTCGAAGTGTGAGATCTGGGAGGCGATTTGCCGAGCAAAGTGGGTGTCAATTGGTTTTGCCATCT
 CATGGGTTCCGACGAGGCCTCGAGCAAGGGTTGTAACGGTTTTTGTCTGGCCAATGGGCTCTTTCGCTAAAAAGGCTGCCG
 CCCTTCTGCTTGGTTGCCGTTCTCGGATCCCGCGCAGCCCGGTGGGTGTGCCAAATTTCTCGCGGTTTGGATCGCGCCG
 ATTGCCGCGGCCTACGAAGCCCTTGGTTCTTCTCCCCGAAACTTTTTCGTTCCGACTCCGAATATCGCGCTTCGCCCAGC
 GCCGCTAGTTTTCCCCTTCCGACAAAGCAAGCGCTCTGGCTCAGGCATCTCCTGATCCGGATGCATATCGCTGAAGAGGG
 AACGTTCTGTATGTCCACATTTGGCCAACCTGACCGAGGTTCTGTTCCGCCTCGATTTTCGATCCCGATAACCGCCGTTTAT
 CACTATCGGGGCCAGACTCTCAGCCGGCTGCAATGCCGGACCTACATTTCTCTCCAGGCCAGCCAACCTGGCCCGCTGCT
 CAAGCCCGCGATCGCGTGGTGTGGCGTTGAACGACTCGCCTTCGCTGGCCTGCCTGTTCTTGGCCTGCATCGCGGTGCG
 GCGCCATTTCCCGCTGATCAATCCCAAGTCCCGCGAGCAGGCCCTGGCCGATATCGCTGCCGACTGCCAGGCCAGCCTG
 GTGGTGCCTGAAGCCGATGCACCGTGCCTGAGCGGCTCTTTGGCGCGGTTGACCTGCGTGCAGGCCCGCGGTTCGCCCTT
 GCTCGACGATTTCTCGTGGACGCGCTGGTCCGCCCTCGCGACCTCGATTGGAGTGCCTTCCATCGCCAGGACCCGCGG
 CAGCCTGTTTTCTGCAATACACCTCGGGTTCCACCGGGGCGCCAAAGGGGTGATGCACAGCCTGCCAACACGCTCGGT
 TTCTGCCGGGCGTTTCGCTACGGAGTTGCTGGCATTGCAGGCGGGAGACCGGCTGTATTTCGATTCCCAAGATGTTCTTCGG
 CTATGGCATGGGCAACAGCCTGTTCTTTCCCTGGTTTCAGCGGAGCCTCGGCGCTGCTCGACGATACCTGGCCGAGCCCGG
 AGCGGGTTCGGAGAACCTGGTTCGCCTTCCGCCCCGGGCTCTGTTTGGGGTGGCGCCATCTATGCTTCGCTGCGTCCG
 CAGGCCAGGGAGCTGTTGAGCAGCGTGCCTGGCGTTTTCCGCGGCTCGCCGCTGCCGCGCGGCGAGTTTCGAATTCG
 GGCCGCGCACGGGCTGGAGATCTGCGACGGCATCGGGGCTACCGAGGTCCGCCATGTGTTCTTCGCAACCGCCCGGGCC
 AGGCGCGTGGCAGACAGCAGCGGGCTGCCGTTGCTGCTATGAGTCCCGGCTGGTGGACCGCGAAGGACACACTATCGAG
 GAAGCGGGCCGCAAGGCGTGTGTTGGTGCCTGGCCCTGGGCTGAGTCCGGGTTACTGGCGGGCCAGCGAAGAGCAGCA
 GCGCGCTTCGACGGTGGCTGGTACCGCACCGGCGACCTGTTTCGAGCGCGACGAGTCCGGTGCCTACCGTCACTGTGGGC
 GGGAAAGACGATCTGTTCAAGGTGAATGGCCGCTGGGTGGTGGCGACCCAGGTTCGAGCAGGCGATTCGCCGTCATTCGCCG
 GAAGTGAGCGAGGCGGTTCTGGTTCTTACCTGCCGGCTGCACGACGGCTTTCGCTCCGACCCCTGTTTCGTCACCCCTGGCCAC
 TCCGCTGGACGACAACCAGATCCTGCTGGCGCAGCGCATCGACCAGCATCTCGCCGAACAGATTCCCTCGCACATGCTGC
 CCAGCCAATTGCATGTGCTGCCGGCCTTCCCGCGCAACGACAACGGCAAGTTGGCGCGCGCCGAGCTGCGCCACCTGGCC
 GACACCCTTTATCACGACAACCTTCCGGAGGAACGGGCATGTTGATTACGGCTGTGGGGGTGAACCTGCCCCATCCTAT
 GTGTGTCTGGAGGGCCGCTGGGAGGCGCAACGCCCTCGCGCCAGGGCGACGAGATGCTGATGCAGCGCTTGTGCGCGC
 GGTTCCGCAAGCCCTGAACGAGGCGGCGGTCAAGCCGAGGAGATCGACCTGATGCTCGGCTCGCCCTGCTTCCCGACC
 ATCTGATCGAGAACCAGCAGATCATGGCGCCGAAGATTGGCCATCCGTTGCAGAAGTCTTCGCGCGAATCGCGCGCAT
 GTCTTCGACCTACCGACTCGAGCCTGGCCCGCGCCCTCTACGTGGTGCATACCTCGCCAGCAGGCGTATCGCAA
 CGTCTGGTTCGTGCGCGGCAATCCAGCCAGGATTGGAAGTGGACAGCGAGTCCGGCTTCGCCCTTCCGACGGCGCC
 TGGCGCTGCTTCCCGGCCGACCGGCAAGGCGCGTTCGTCGCGGTGCGCTGGGCGGTGATCCGGCGCAGGAATGGCTG
 CCGCTGAGCATTCCGCTGAATACCGATATTCGCCAGGTAGGCGACGTCAAGGGACACCTCAACCTGCCGGCCCAACCTGG
 ATTGCCCGAAGCGGTACGCGCCGATTACCCGCTTGGCCGGGACTTCCCGCAACTGAACTGGGTGCGCGAGGAATGGT
 TCGGCCAGGGACGGCCGATGGTTCGTTGCTGGGGCCGTTCAACTGGCGTGCACACTGCGCGCGGCACAGCGCGACCGT
 CTGGATGAACTGCTGCTGATCAGCTTCGATCCGTTCCGCATGGTGGTGGAGGGCGTACCCTGGAACCTGGCGGGAGAAGC
 TCATGCATAAGGTCAAACCTGGCAGCGATCACCTGTGAACTTCCGGCTCGCAGCTACGAAAACGACGATCCGGTGTTCGCT
 GCGGTACCGGACCTCAGCGAGTCTGGTGGCAATTCTGGGGCGTCAATCGCGGGGCTATTTTCGACCCGCGAAGCGCGA
 GAACGAGTTACGCTGGTGGTCCGGGCGCGGAGCGCCTGCTGCGTAGCAGCGATAACCGCGCGGATAGCTGGACATGC

TGATCTGTTTCGGCTTCCCTCGCCGATCATGACCGACGCCGGCGATGTCTGCCGGACCTGCGCGGACGTCTCTACCCGCGC
ATGGCCAACGTGCTGTCCAAGCAGCTCGGCCTGAGTCGGGCGCTGCCATTGGATTTCGACAGATGGAGTGCGCCAGCTTCCCT
GCTCAACCTGCGCCTGGCAGCGAGCATGATCCGCCAGGGCAAGGCCGAGAAAAGTGTGGTGGTGTGCAGCGAGTACATCT
CCAACCTGCTCGACTTCACCTCGCGTACCTCGACCCTGTTTCGCCGATGGCTGCGCGGTGGCCCTGCTGACCCGCGGGCGAC
GATGACAGCTGCGACCTGCTGGCTTCGGCCGAACACAGCGACGCTACGTTCTATGAAGTGGCCACCGGTGCTGGCGCCT
GCCGAAAACCCGACCGGGCGAGGCCAAGCCGCGGCTTTATTTCTCGTTGTTTCAGCGACGGCCAGAACAAGATGGCCAGCT
TCGTCCCGACCAACGTGCCGATCGCGATGCGCCGGGCGTTGGAAAAGGCCCGGCTGGGCAGCGATGACATCGATTATTTTC
GTCTTCCACCAGCCAGCGCCGTTCCCTGGTCAAGGCCCTGGGCCGAGGGCATCGGTGCCCGTCTGAGCAGTACCAACTGAC
GATGGGCGATACCCGGCTGATGATCTCCGTTTCCATCCCGTACACCTGATGACCGGCTGCGCGAGGGCAAGATCCGCC
CCGGCGATCGTATCGTATGGCCGGCGCAGCCACTGGCTGGGGTTCGCCGACCGTCTGGCAATTGGCGAGGTGCTG
GTGTGCTGAGGCATCGCCATGTTGAACCACGGTGTCCGAGGAGGGCTGCACATGGGTAATCCGATCCTGGCCGGGCTGGG
TTTTAGCCTGCCGAAACGCCAGGTGAGCAATCATGACCTGGTAGGGCGCATCAATACGTCGGACGAGTTTCATCGTCAAC
GTACCGGCGTGCGCACCCGCTATCACGTGAGCCGGAACAGGCGGTGAGCGCGTGTGGTGCCGGCGGCGCGCCAGGCC
ATCGAGGCTGCCGGGCTGCTGCCGAGGACATCGACCTGTTGCTGGTGAACACCCTGTGCGCCGACACCACGACCCGTC
CCAGGCCTGCCTGATCCAGCCGCTGCTGGGCTGCGGCACATCCCGTACTGGATATCCGGGCACAGTGCAGCGGGTTGC
TGTACGGCTTGACAGATGGCTGCGGGGAGATCCTCGCCGGGCTGGCACGGCATGTCTGGTGGTCTGCGGCGAGGTGCTG
TCCAAGCGCATGGACTGTTTCGGACCGCGGCCGAACCTGTGATCCTGCTGCGCGACGGTGCAGCGCAGTGGTGGTTCAG
CGCCGGCGAGAGCCTCGACGACGGCCTGCTGGACTTGCCTGGGCGCCGACGGCAACTACTTCGACCTGCTGATGACTG
CGGCGCCGGGCGAGTGCCTCGCCGACCTTCCCTCGACGAGAATGTCTGCGCGAGGGCGGGGGCGAGTTCCTCATGCGCGGC
CGGCCGATGTTTCGAGCATGCCAGCCAGACCCTGGTACGGATCGCCGGCGAAAATGCTCGCGGCCCATGAGCTGACCCCTGGA
CGACATCGACCATGTGATCTGCCATCAACCGAACCTGCGCATCCTCGATGCGGTGCAGGAGCAACTGGGCATTCGCCAGC
ACAAGTTTCGCGGTGACCGTGGATCGTCTGGGCAACATGGCTTCGGCCTCGACCCCGGTACGCTGGCGATGTTCTGGCCG
GACATCCAGCCGGGACAGCGGGTGTGGTCTGACCTACGGCTCCGGCGCGACCTGGGGCGCGGCGCTGTACCGCAAACC
TGAGGAGGTGAACCGGCCATGTTGAGGCTTTTCGGCTCCCGGTCAACTGGATGATGACCTGTGCTGTTGGGGGACGTTCA
GGTGCCGGTGTCTGCTGCGTCTCGGTGAGGCGAGCTGGGCGCTGGTTGAAGGAGGGATCAGCCGGGATGCCGAATTGG
TTTGGGCGACCTGTGCCGCTGGGTGCGCCGACCCGCTCCAGGTGACTACTGGCTGATCACCACAAGCACTACGACCC
TGGGCGCTGCTGCCCTACCTGTGTCCGCGGCTGCCGAACGTACAGTCTGCGGCTGCGAGCGGATGCCAGGCTCGGAA
GTCGAAAGCGCGGTGCGGGTGGTTCGAGCGCTTGAACCAGCAACTGTTGCGTGCAGGACGCGGTTGCGGAGGCCTGTG
CCTGGGACGCTCTGCCGGTTCGCGCGGTGGCCGACGCGGAGTGGCTGGAGCTGGGACCAGCGCATCGCTGCAGGTGATA
GAGGCCACCGCCACAGCGACGATCACGTGGTTTTCTACGACGTGCGACGCCGACGCTGTTCTGCGGCGATGCCCTGGG
CGAGTTCGACGAGGAGAGGGGGTGTGGCGGCGCTGGTGTTCGACGACATGGAGGCTTACCTGGAGTCCCTGGAACGTC
TGCAGCGTCTGCCGACCCTGCTGCAACTGATCCCGGACACGCGGCTGCTGCGGGGGCGGCTGGCCGCGGATGGGGCC
GAGTCGGCCTATAACCGAGTGTCTGCGCCTGTGCCGGCGGTTGCTCTGGCGCCAGTCCATGGGCGAATCCCTCGACGAACT
GAGCGAGGAGCTGCACCGCGCCTGGGGTGGGCGAGCGTGCAGTTCCTGCCCGGCGAATGCACCTGGGGAGCATGCGCC
GGATGCTGGAGATTCTCTCCCGCCAGGCGCTGCCTCTGGACTGAGACGGGACATCCATTGCGGCGATCGCCGCCGACGGC
AGCGGTGCAATTTGGGGGAAAAGGGGGGTTACCGATGATGAACATGCCGTTGCGCGCTAGCGTTCGCGCAGGCCAGTGC
CATGGGCGCGAGGAGGTGGCTCGTGTAGCGGGGTTGGCTATCGACTGGAAGAAAAGTCTGGAGTACCGCACGCTGGTGC
AGGCGCTGTGATCTGGCGCATGGCCGGCGCAACCGGATGCTGTTTCGACTGCTTCGACGTGGACAGCAAGGCTGCGCGG
CGTAGCGTGGCGATCCTTTCCAGCTGCCTGCGCATCGAGTGTGGGGGCGCGATGTGGTGTGCGGGCGTTGAACTCCAA
CGGACGCGCCTTGTGGCGCCGTTGAGCGAGGCTGTCCGGCCAGGTACCTGCTTTCGTTGACGGCGACACCCCTGCACT
GGCGCTTCCCCAGGAAGAGTGCATGCGGACGAGTGGCGACGCTGCATGGCTGTCCAGCCTGGAGGCGTGCGCCGCG
GTGCTCGGAACGCTGGGCGACGCGGAGGGGGCCGCGCTGCTGGGCGGCTGTTCAGCTTCGACCTGGCCGAGCAGTTGTA
ACCTTGGCGGCGCCGGCCGAACCTGCGCGCAGTTCGGGACTACCTGTTCTGTTGCGGAGTGTGCTGCTGGACATCG
ATCACCTGCGCGCCGGACTTCGCTGCGAGGCGTTCGTCACAGTCCGCGGCGGACGACCGGTTGGCCGCCAGCTGCGC
CAGTGTGCCGACGAATTCATGCGCGCTGGAGGAGGCTTCGAGTGCCTGCGCGGTGGCAGGCTACGGCCGCGCAACTACCA
GGTGCACCTGGACGATGCGAGCTTTGCCCGCCAGGTAGAGCGCCTGCAGGCCCACGTGAGGGCCCGGCGAGCTGTTCCAGA
TCGTACCGTTCGCGCAGCTTTCAGCATGCCGTGTGCGGACCCCTGGCGGGCTATCGCCAGTTGTGCTGCGCAACCCGAGC
CCGTACCGCTTCTTCTCGATGCGGGGACTTCTGCCTGTTTCGGCGCTTCGCGGAGTTCGGCATTGAAGTACGACGCGGA
GAGTCGCGAGGTGGAACCTCTATCCCATCGCCGGCACCCGCGCGGACGCGATGCCCGGGGCGCCATCGATGCGGAAC
TGGACAATCGCCTGGAAGCGGAGTTGCGCCTGGACGCCAAGGAGATCGCCGAGCACATGATGCTGGTGCACCTGGCGCGC
AACGATCTGGCGCGGCTGTGCCGACGCGGTACGCGGAGGTGCGCGACATGCTCAAGGTGATGCTACAGCCACGTGAT
GCACCTGGTCTGCGCGGTGGCTGGCGAATGCATGGCGAATGGATGCGCTGCATGCCCTACCGTGCCTGCCTGAACATGG
GCACCTGGTTCGGTGCGCCGAAGGTCCGTGCCATGCAGTTGCTGCGGCAGTACGAGGATGGCTATCGCGGCGAGTACGGT
GGCGGATCGGCATTCTCGACAGCGCCGGCAACCTCGATAACCAGCATCGTTCATCCGCTCCGCCGAGGTCCGCGAAGGTAT
CGCCCGGGTCCGGGCGAGGCGCCGGCGTGGTGTGATTTCGGATCCACGGCTGGAGGCCGAGGAAAACCCGCAACAAGGCGC
TGGCGGTGCTGACCGCCGTTGGCCGCTGCCGAACCGGAAAAGGGGAGAGCGCGATGCGCATCACGCTGTTGGATAAATTCGA
TTCCTTACCTACAACCTGGTTCGAGCAGTTCTGCCTGCTCGGCGCGGAGGTCCGGGTGATGCGCAACGATAACCGGTTGC
CGACGATCCAGGCGGCAATTGCTGGCCGACGGTTGCGAATGCTGGTGTGTCGCCGGGGCCCGGTGCGCCGGAAGACGCC
GGCTGCATGCTGGAATGCTGCGCTGGGCCCCGCGGGCGCTTGCCTGCTGCGGCTGCTGCTGCGCCACCAGGCGCTGGC
GCTGGCCCGCGGTGGCGCGGTGGGCGAGGCGAGGAAGCCGCTGCACGGCAAGAGCACGTCCCTGCGTTCGATCAGCGTC
ACCCTGTTTCGACGGCATCGCTGACCTGCGCGCTACCCTGCTGCTGGTGGTTCAGTTCGCTGCGCGAAGGTTCC
GACTGCTGGCCGATGCCGATGGCGAGATCGCTGCGGATGGCCGATCCCGCAATCGACAGCTGGGCTTGCAGTTCATCC
CGAGTCGATTCTCACACCACGGCCAGCGTCTGCTGGAGAACGCTCTACTCTGGTGCGGCGCGCTGGCGGTACGCGAGC

GCCTTCGGGCCTGAGCGGCGCTGCGCCGTTTCGACGATGCTCGGTTGCCAGGCCGGCGCATCGTCGAAACGCTGGCGGCC
 GAGTTCGCGCAGGCGCTGGCGGGCGCTTTCGAGAAAGCGCAGGAAGCTGCGCTCGGATTCCAGCGCGGTGTTGTAGTAGC
 AATACACCTTGGTGTGCATGCCGCCCGGTTTCGTAGAGTTTCGCTGAGGACTGCCAGGGTACCGTTGCCGAGGCGTTCCTCG
 ACGAAATAATGCGGCGCGATGCCCCATCCGACGCCGGTTCACCAGACGCAGCATGTCTGTCGAAAGTTTTCCACGAAGAG
 CACCTTGTCTGCTGACCGGCCGACGAGGTTTCAATGCTGCCCCGAGCGGCTGCCGAGGCTGATCTGCCGGTAATTTGGCCA
 GGCTCGCGATGCTGTGCAGGGAGGCATTGCACAACGGGTGCTGCGGATGGGCGACGACGAACGCCTTGGTGTAGCCGAGC
 ACGCACTGGTTGAAGCGGGAGATCTTCAGTTTCTCGTCGATGGTGTATGGCGATATCGATTTCCGCGTTGTCTGCTTGTAT
 CGTCGCCAGGCTATCGGCGGGCGAGGTGCGTATCAGGCTGACCATGTTGAAATCGTCGAGCAGTACGCTGCTCACCGTAT
 CGCAGAACGACGGCGGGATGGCGGTGTCCAGCAACACCCGGAGATTGCGCGGACCCTTGTGAGATTGAAGGCGATGTCG
 CCGATCAGCTGCTGGTAGTTTCCAGCAGGCTGCGCATGTAAGGGATCAGGCGAAGCGCCTGCTCGTGGGTTTCGACCTTGTA
 GCCGTCCCAGCGGACGACTCCACGCACAGGTCGATTTCCAGGTTGCTGACCGCCGAGCTGACCGCGGTGTGCGACTTGC
 GCAGGATCCGCGCAGCGGAGGAAATCGAACCAGGAGGCGATGACCTGGAGGAACATGTTACGCTGATTTCAGGTTATGAATA
 GGCATCCCTTATTCTTTTATTGGGTGGCGCGTCCGCTTCCCTTGATCGGGTCAAGTTGCCGCTACTGTGGAAGAAGCG
 TCGAGGACTCGATAGATAGCGCCCGAGTGTTCAACTTGTCTTCTGGATGACGTTTTTCATCGGGGAAACCTCCCGTCCGT
 CAGTGAAGCGCAAGGGCTGGCGTGCAGGGTGAATCGGCCGCCGCTCGCTTCTGCGCGGGCGGCACGGCACGGGG
 AGTCGTCGTTTTGGAGGTGAGGGATGACGGCTCTGTTTTAGGATATTTTTATAATTATGTGAAAGAAGAGCTTATTTCAA
 CGAAATATGTTTTCATATTGCTCGTAAATTCGACGAAAAGAAAATCCGGATATTTACCGTTATTTAACGTTAATACCAAG
 GGCCTAATACCAAAGTATTAACGCTGGCATGCCGGCATGTCGTGTTCCGGTTCGTGGAGCGAGCCGAGCCAGGGACGTTCT
 AAGAAACGAAAAAATTATGTCGCGTAGGTCTAACGACCGAAACCTATGTCCTTTGTTAGCGTAGCCACCGGCCAGGCCG
 TACGGATGCCGGGATGGCCCTGGCGCGACCTATGCGGTTAGAATCCGCGGCCCTTGCAGGCCGATC

pKLC102, flankierende Sequenz links, 8500 bp

GGATCCGCCCCGAAGACCTGCACATCAGCCTGGTTCGAAGCCGGCCCCGCGGGTGTGCCGGCGCTGCCCCAGCGTATCAGC
 CAGCCGGTACACCAGACCCTGAGCAAGCTCGGCGTACGGGTGATGACAGGCTCCGCGGTGAGCAAGGTAGATGCGGACGG
 CCTCTGGACCGGCGACGGCGAATTCGTCCCAGGCGACGCTCAAGGTGTGGGCGGCGGGCATCCGGGCTCCGGCCTTCTCTCA
 AGGAACTCGACGGCCTGGAAAGCAACCGTATCAACCAACTGGTGGTCCGCCCCGACCCTGCAGACCACCCGCGACGACGAC
 ATCTTCGCCTTCGGCGACTGCGCCGCCTGTCCCCAGCCGGCGCAACCCGGGAGAGCAACCCGCGCAACGTGCCGCCACGCGC
 CCAGGCCGCGCACACCAGCAGGCTCGCTGCTGGTGAATCGCTGCGTGCCTGCTCGAAGGCAAGCCGCTGGGCGAATATC
 ACTACCGGACTACGGTTCGCTGATCTCGCTGTGCGCTTCAGCGCGGTTCGGCAACCTGATGGGCAATCTGATGGGTAGC
 GTCATGCTCGAAGGCTGGCTGGCGCGGATGTTCTACGTATCGCTATACCGCATGCACCAGATGGCGTTGTACGGTCCGCT
 GCGCACCCGATGCTGATGCTTAGCGGCCGCTGCGCAGCAGCCGACGCAACCGCTCAAGCTGCACTGAGCCATTACGCCCC
 GTTTTCCGCTCGGCGCGGGCGTTCCTTCAACAGCGAAGCTGCGCAACTGCGCCAGCCGACTGGCGGTACGCTGCATGTC
 CGCAGGCAGGTCGCTGCCCTCGACCAGGTCCGGCAGCGCCTTTTCGGCACTCAGGAAAAAACCCGGTTCATTGTCGTAAA
 GGACGTCGACGAGATTGATGAAGCGCTGCTGGGCGGCGACCGAACAGCGCGCCATCGGCGGTACGCCCTCCAGCACCCAG
 GTAGAGAAGCGTTTCGCCGAGGGCAAGGTAGTCCATCACCGCGTTGGCGCCTCGCAAAGGTTCGGCGAAGGCGAACCCACAC
 CAGGTTCGCCGACACCAGCGCGCGCCTGCAACGTCCTCGCGCCGCTTTGCAGGGTTCACGCGTTGCGAGGGCTCGGGCGCGG
 ACAAGCCCAGCTCGTCCAGGCAAGCGCATGAGGCTGGCCAGCAATACCCGCCGCTGGCATAACCCGAAAGCGATCTCCTGC
 CGCGGCGAAATCGTCCGGTAGTCCCGGGCGCCGCTACTTCCAGCACTTCCATGCGCGTCTCGATCAACCGGATCGCCGG
 CAGGAAGCGTTTCGTGGTAGAGCGGATTGGGCGAGCAGTTGCCGCGGAGCGTAGTTGGAGGTGCAGACCAGGGTGCATCTCC
 TGCGGAACAGCTCCCTGAACAGGCGTGTATCAGCATCGCGTCGCCAATGTCGTGGACATGGAATTCGTGCAAGCAAAGC
 AGCCGGCAGTCTCCTAGCAGTTCGTGAGCGCACCCGCCAGGGCATCGGGCCGCCCTTGGCGGCGGAACATACCGTGCATG
 AAGCCGGCGAAAGAACGCATGGAATGCGTCCGGCGCAGGCCCTGCAAATCGGCGCTGCGAAAGAAGCCATCCATCAGCC
 AGCTCTTGCCGCGCCCCGACCGGCCCCACAGGTAGAGGCTGCGCGGCGCTTGCCGGAATAGCGACGGACCTCGACGCAAG
 CGCTCCGCCAATCGATCGAGATGAAGAATGGCATTGCCCTGGGCTGCGTCCAGCACATAGCCGCGCCGTTGCGCCTCTTG
 GTGGAATAGCGGGCTACGGGCGTTGTGGGCTTGGTGCAGGTCATGGGTGAACGCCACGAAAAAGAACCGAAAGACACAC
 TCCGTTGATGCTCAGCCTGAGAGGGCCCTTAAACCGAGAACGGCATTCTAGCGCTGCGTCTTGCCTGCTCCAGCCGCC
 AGACCGAACCGGCGGCGATAGTCGGACAGGCCCTTTGATCATGACCGCCACGGTTCGCGATACGGAATCGCGCTCAGCCGC
 TACTTCCGCCCCACTGTTTTCCGCGCTTCCGCTGCGGACCCATTATCACCAGGTTTTCCTACAGCAGTCTCCTCCAGT
 CCCCTACGAAAACCAAGAAGTTCTACCGGCCAAAGCCAGAAAACCTACGATTGTCGCGGTTTTCAGCTTCCGCTCAGGCTAT
 CGCCACTCGACTCTCCGCTTGAACCGATCGTTCTGCACATGCTGCGGATATCGGCTTCTTTCTCTGCAAGAACC
 CGCTCCGGGCGGATTGACCATGCATCCAGCTTTTTCCGCGTAACCAGGCTAGCCTTTCTTTCCACCTCCCTCTCCAAAAC
 CTTCCGGCAGTTCCACTTCGATTGTTCCATCCCTCAGGGCCGGACCGCTGCTCCGTACGGGCTCATGGGAATGGCCATG
 TTGTCGTCCTGCCTTGCCAATGCCGCCCGGATGCGGGCAGGCGCTGCGTACGTTGAAAAGCCGACGCTGAACCTGCC
 CGCGCCGGTGAACCTGGACGCCGAGCGCCCCAGCCCCGAGGACGGCGTATCACGGGCTGCCGAAAGAGGGCGGCCGACGG
 TGCTGGTCAAGCGCTTCCAACCTCAGCGGCAACAGGCGATTTCGACGATCGATGCTGCTGGCGCTCTGCACGACCTGCCG
 GGCCAGGAACCTCAATCTGAGCCAATTGCACGCCGCCGCCGCCGATCGGCGATTTCTATCAGGAAAAGGATATGTGCT
 GCGCGCGCCTTCTCCCGGCACAGGAAATCCAGGATGGAACGGTACGCATCGAAGTGTCTGAGGGACGCTACGGCAGGA
 TCGAACTGCACAACACGTCGCCGAACGCTGGACCGGTTCTACTCCGCCCTTGAAGCGACTCGAACGAGATACCGCGGTC
 CAGGGCTCGGAGCTGGAGCGTGCCTTCTGCTCCTGAGCGACATTCCCGGCCCTCCAGGCCAAAGGCACCTGCTGCCGGG

CCAGGCGCAGGGAACCACGGACTTGC GCGTCGAGGCCCGCCCGCCCGCTGGTTCGGCGGCAGGCTGGAGGCAGACAAC
ATGGCGGCCGCTACATGGGGGAATATCGCCTGGGAACCACCCTCGACTTCAACAGCCCCGCTGCGACTGGGCGACCAGGCG
AGACTGAGCCTGCTGGGCAGCGACCGGCACCAACGCTACTACCGTGCAGCCTATCAACTGCCCTTGGTTCCCGAGGCAC
GCGCATCGGACTGGCCACGCCGAGACGACCTATCGACTGGTACGCGATTTCTCGCGCCTGGACGCCCATGGCCGGGCCA
TTACCGACAGTCTGTTTCGTCAGCCAGCCCCTGCTGCGTAGCCGACGCTTAAGCCTGTCCACCCAGTTGCAATATGAAAAC
AAGCGACTTTCGCGATGACCAGGAGCGTACCGGGAGGCATAGCCGCAAGGAGATCCGCTGTGGACCGCCAGCATCAGCGG
AAACGCCCAGGACCCTTGTTCGGCGGTGGACAGAGCGGCTTCTCGCTGGCCTATGCCACGGCCAGCTCGCCATCGACT
CCGGCGAAGAGCGGCTGCTGGACCCTACACCATCGGTACCGCCGGCAGCTTCGACAAGATCATGCTCAACGCCGTACGC
CTGCACAGCCTGGGCGACCCCTGCAGTTGTTTCGCCCAACTCAACGCCCAGTGGAGCGGCGCAACCTCGACAGCGCGGA
ACAGTTCGACATGGGCGGCCCTACGGCGTTTCGGGCTTCCCCCTGGGCAGCTACAAGGGCTACGGCGACGAAGGCTGGC
AAGCCAGTGCAGGAGCTGCGCTACAGCCTGGCTCCGGGCTGGCAGCTGAGTTTCGTTTCGTCGACCAGGGCGCGGTGAAATTC
CTCAAGCACCCCAACACCACGGAAGGCAATCGCAACCGCATGGCCGCCGTCGGCAGCGGCGCAACCTGGTACGGAACGGA
TCACCAGGTACGCTGACCGCCGCTGGCCCTGAGCCAGGAAAAACAACATCGAGCCCAGCGCACTCCCCGGCTGTGGT
TGCAAGCGACCCGCTACTTTCGAGCAAGCTCCCGCCGCCATGCCGGCGGGCCCCACTGAAAAGGAAAAGCCATGAACAAG
AGCTATACGCTGGTCTGGAACCAGGCCACAGGCTGTTGGAACGTGCAAGCGAAGGTACCCGTCGGCGCAGCAAGAGCGG
ACGCGGCAAGGCGCTCGTAGTCGCGGAGCGTCACTGCTCGGCTGTTCTGCCAGGCCCCCGCTTCGCCCTGCCAGCG
GCGCCACGGTCGTTTCAGGCGATGCCGGATTCCAGACATCCACCGATGGCCGGCATAATGGTTCATCGACCAGCAGAGCCAC
AAGCTGATCACCAATTGGAACGAGTTCAGCGTCCGTCGCGATGAGCGGGTCAGCTTCCACCAGCCGGGCCAGGACGCCGT
CGCCCTGAACCGGGTATCGGCCGCAACGGCAGCGATATCCAGGGGCGGATAGATGCCAACGGCAAGTCTTCCTGGTCA
ATCCCAACGGCGTGGTCTTCGGCAAGTCCGCCAGGTCAATGTAGGCGGCCTGGTGGCTTCCACCCTGGACCTGGCCGAC
AGGGACTTCTCGCCGGCAACTACCAGTTCTCCGGCGACTCCGGCGCAACCGTAAGCAATGCCGGCAGCCTGCAAGCCAG
CGAAGGCGGCAGCATCGCCCTGCTGGGCGCCCGGGTCAGCAACGACGGCGTATCCAGGCGCAACTCGGCGACGTGGCCC
TGGGCGCAGGCCAGGGCATCAACCTCAATTTTCGACGGCGACGGCCTGCTCAACCTGCAGGTGGACAAGGGCTCGGTCGAC
GCTCTCGCACACAACGGCGGCCTCATCCGCGCCGATGGCGGCCAGGTGCTGATGAGCGCCCGCAGCGCCGACAGCCTGCT
CAAGACCGTTCGTCACAACAGGGCACTCTCGAGGCCAGGACGCTACGCAGCGCGGAAGGACGCATCGTCTTCGACGGCG
GCGAACAGGGGACCGTGGGGTGGCCGGCAAGCAGGACGCGCCCATCGGCGGAGGCAATGGCGGCCTGGTGTGCTGAAC
CAGGGCGCAACCTCGAGATACAGCGAACCGCAGGTGGACACCCATGCCGACCAGGGCGCAACCTGGAGGAT
TCTCTCGCACGAGGTACGCTAGCCGCTGTCGGCCAGGCAACGCTGCCGGTATGGTTCCGGCAGGTCCATGTAGCGC
AGGGCCAGCCGGGGCAATGCGTCCGATAGCAACGGCGTACCATCGTTACGACAGCAGCCGGCCGTCGACCTCGCCGCC
GGCGCAACGGTACCTCCGCAGTGCAGAGCCAGAGCGGCGCAACATCGGCTCGGGCGCAATGGCATCAGCGTCGTGCA
AAGCCAGAATGGCGCAATATCGGCGCCGGCGGAGTGGCATCAGCGTCGTGCAGAGCCAGAACAGCCCCAATATCGGCT
CGGGCGTCAATGGCGTACTGTCGTGCAGAGCCAGAACGGTGCAATATCGGTTCTGGCGCAAGTGGCATCACCGTTGTG
CAAAGCCAGAATGGCGCAATATCGGTTTCAGGCGGAGTGGCATCAGCGTCGTGCAGAGCCAGAGCGGCCCCAGCATCGG
CTCGGGCGTCAATGGCGTACAATCGTGCAGAGCCAGAGCGGTGCCAACATCGGCCCGGCGTCAGCGGAATCGATGTG
TCCAGACCCAGACTTCCCCAACCTGAGCCCAGGCGCAATGGCTCCAGCATCGTCCAGGTCCAGACGCTACCCGATATC
GCCGCCGACCGCGCAATGTGCATGTGTCGTGCAGGTCCAGACCGGCGGTAACAAGTCTTCGGCAACTCCGCCACCAACGT
CAGGTACGTACCGTTTCAGGCCCGGAGCAACGAGAATGTGCGTTCCGGCCTGGCGAATCCAAGCAGCGCGGGAAAAGGCC
CGACGTTGCATGCCGATACCCTGGCCCGCAACCTTTCCACAAGCAACGTGCAAGTGGTTCGCCACCCGGGGCAACGCGCAT
GTCGGCGCGCCGCTGTCTGGGACAGCGGCAACGGCCTGACGCTAACCGCCGAGCGCGGGGACCTCAGGATCAATGGCGC
GCTGACGGCCAGGGGGAAAACGCCAGCCTTACTCTCAATGCCGGGCGAGCCCTCTCCGTATCGACGACAGCCTCTCTC
TCACTGGCCAGGGAGCCCGGGTTCGAATTCATTCGGACAAGGGTTATGCCCTGGCCGAAGGCACCCGGATCACCTGTCC
GGCAAGAACGCAGGATTCGCGCCCAATGGGCGGACTACAGCGTGCATCCAGGACCTGCAGCAGTTGCGCGGCATCGATAG
GGACCTGGGCGGACGCTATGTCTTCGGCAATCGAATCGCAGGCGGCACTCCAGCTTCTGTCGATAGGCAACGCGAGCG
CCTTCGGCGGTACCTTCAGCGGCTGGGCAACACCATCGATAATCTCGCCGCTACGGCACCGCGCCTACTCCGGCCTG
TTCAGCGTCAACCGGGCACCCCTCCGCAACCTGAACCTGGAACGCAATTTCCGCCGATGGAGCGACAGGCCACCCATACAA
CGTCCAGGTTCGGTAGCCTGGCCGCCGTCACCTCGGTGTCATCGACAATGTGAACGCCAGCGACATCCGTTATCGCCGCGG
CCTCGAAGCTGAACAGCCTCGGCGGGCTGGTGCAGTGAACCTGGGCGATATCGACAACGCCAGCGCCAGCGGCACGCTG
GTCGGCAACCGCCACACCTATGCTCTGGGCGGACTCGCAGCCGAAAAACATCAGCACAGCCAGGGGCGTGGCCAGCATCTC
CAACAGCCGGGCCGATTTTGCCATCTCCGGCCAGTTGAAGGACCATGCCAGCCACTACGGCGCGGGGGCCCTGGTAGGCA
GGAACCGCGGCGGCCTCATCCGAGCAGCGGCAGTACGGGAACGCTGTGCTGAGCGGTACGGAATGAACCTGGGAGGA
CTGGTTCGATAACAGCTCCGCCGGCGGACTGGCGGACGATCCGCTCCGTCGACGCTCAGGCAACGGACAGCACGGCCT
GTACGGAGGGCTCATCGCCCTCAACGTAAACAGTGGTATCGCCCACGCCACGGCCAGCGGCAAGTCCGGGGCACAGACG
CGGAAGCACTGGGCGGGCTGATCGGCCGGAACCTGAACGCGGCCATCAACAACGCCAGCGCCATGGCGATGTCAGCCTG
CAAGACGGTTCGCTACCTGGGAGGCTGATCGGCCACAACCAGGCAAGTTCGGCCAACGTGAGTCCAGCGGCAACCT
GAGTGGTGGGTCGCTGCTCCAGGCCGGCGGCTGATCGGTCTCAACGCCAATGCCTCGCTGGTCAATGCCTCCGCCAAGG
GCAATGTGCTACCCGCGGAGCAGAAGCGGTTGGCGGTCTGCTCGGAGAAAACCTGTACGGCTCCGTCATCAACGGCTCC
GCCAGTGGCGAAGTACCCGACGGCAGCGGCAAAAACCTGGGTGGCTGATAGGGTCCAACCTCGGCGGCAATCATTTCCAA
CCTGAAGCCCTCCGGGTGGGTAAACGCAGGGGGCAACAGTACGTTGGGAGGGCTGATCGGCCACAACCGGGGGCGGCAACC
ACAGCACCTGGCGGCATCCGGCAATGTACCGGGGGCAAGGGCAGTCCGCTCGGCGGACTCGTTCGGCTATAACGATGCC
GCCTCGTGACGAACGCTCTCGGCTTCGGGCAACGTACGCGCCAGTGGTTCCAGGGCCATCGGCGGGTTGATCGGCAGTGA
CCTGCGAGGTTTCGCTGATGCTCGCCAGCAGTGAATCGTGAACGACAAGACCGGCCACAACCTGGGAGGGTTGGTTCG
GCCGCGGTGAAAACACCTCGATCCGCTCCGCCAAGGCCAGCGGTGCGGTGAGCGGAGCGCCGGGATCAGGGCCGGCGGA
CTGGTCCGCTCCCTGGAGGGCTGGCAGGCTCTCATCTGGGGCCCTCGGCCGGCGGATGTGACGGCGGGCTACGATAG

CTATATTGGCGGGCTGGTGGGCTTCAGCACCGCCACCATCAGCGGGCGCTTCCGCTTCCGGCAAGGTCGGAGGCTCGGGTC
 TGCTGGGCGGCCTGGTCGCCTGGAACCAGGGGAATGTCATGGGTTCTTCGGCCAGCGGCAGGCTGGAGCCACAAATCCCC
 AACCAGATCCATGGCGGACTGATCGGCATCAATTTTGGCTGGCAGTCTTGGAACTCGGTATACGGGGCTGCGGGCAGCCGT
 TCCAATGATAGGTGCGCACTACAACCTGTGAATCGATTCTCCCGGTACCCGTACCGGGAGGCTTCTGTTCGATGGAGCG
 GCCGGGCTCAGGGCCCGCCGCTCCAGACGCTCGATGAATGCCATGCGGGAAAGGCCAGGCGTCGGAGAAAACAGGGCTGG
 AAGAGCGGCCCTCCTCCTTCCCACAGGCCAGCATTCGGAAAATAAGGGTACAGAAAACGAAAAAGCCCACCTTCGCAGGT
 GGGCTTTTTTCGTCTTGAATA

pKLC102 flankierende Sequenz rechts, 10181 bp

TGGTGGGTCGTGTAGGATTCGAACCTACGACCAATTGGTTAAAAGCCAACTGCTCTACCGACTGAGCTAACGACCCAAAGT
 ATGAGGTGGTCGGGGTAGAGAGATTGGAACCTCCCGACATCCTGCTCCCAAAGCAGGCGGCTACCGGACTGCGCTATACC
 CCGATTGGAAGTTGGCTCCGCGACCTGGACTCGAACCAGGGACCCAATGATTAACAGTCATTTGCTCTACCGACTGAGCT
 ATCGCGGAACGCTTTTTCTTCAAACCTTGACGCTTCCGGTGTGCTGGATTTCGCGTCTCAGAGGCGCGCCATTTTACGGA
 TCGCGCGGGCATGTCAACCTCTGATCCAAAAAGTTTTTCTTTTCCACGAGCGGCAAAAACGGCCCTTCCACTGCA
 TGCGGCAGCGCTCTCGCTCCTACCGGACGCCCATGAAAAAGCCCCGCCGAAGCGGGCTTCCCTGTCCGTCCACGAAGA
 GGTGAGGCGAAGACGATCTCGTCGCCTTCCACCTTCGCCGAGATACTGGCACCCGGCGGAATTTGCCGGCCAGGATCAG
 TTGCGCCAGCGGGTTCTCGATCCAGCGCTGGATGGCCCCGCTTCAGCGGGCGTGCGCCATAGACCGGGTCGAAGCCGACGG
 CGATCAGCTTGTCCAGCGCCTCCTGGCTCAGTTCCAGGCTCAGCTCGCGCTCGGCCAGGCGCTTGCAGGCGACCGAGC
 TGGATCTCGGCGATGCCGGCGATCTGCTCGCGAGCCAGCGGCTCGAATACCACCACTTCGTCGATCCGGTTGATGAATTC
 CGGACGGAAGTGCGCATTGACCGCGTCCATCACTGCGGCACGTTGCGCCTCGCGGTCGCCGGCCAGCTCCTGGATCTGTG
 CCGAACCAGAGTTGGAGGTCATCACCACCACGGTGTGCGGAAGTCCACCGTACGCCCGTACTGTGCGGTGAGGCGTCCG
 TCCTCGAGCACCTGGAGGAGAATGTTGAATACATCCGGATGGGCCTTCTCCACCTCGTCCAGCAGCACCACCGAGTAAGG
 CTTGCGGCGGATCGCCTCGGTGAGGTAGCCGCTTCCCTCGAAGCCGACGTAGCCCGGAGGCGCGCCGATCAGGCGGGCCA
 CCGAGTGTTCCTCCATGAACTCGGACATATCGATCCGCACCAGCGCCTCCTCGGTATCGAAGAGGAACTCGGCCAGCGCC
 TTGCACAACCTCGGTCTTGCCACCCCGGTGCGGGCCGAGGAAGAGGAACGAGCCGCTCGGCCGGTTCCGATCGGCCAGGGC
 GCGCGCGAACGGCGCACGGCGTTGGACACGGCGACTACCGCCTCGTCTTGGCCGATCACTCGCCGATGCAGCTCCTGCT
 CCATGCGCAGCAGCTTCTCGCGCTCGCCCTCGAGCATCTTCGACACCCGGGATAACCGGTCCACTTGGAAAACCACTTCGGCG
 ATTTCTCGTTCGGTACCTTGTGCGCAGCAACTGGTTCTCGGTCTTGCCGTGCTGGTCGACCATCTGCAGGCTGCGTTC
 CAGGTCCGGGATGGTCTGGTACTGGATGCGCGCCATGCTCTCGAGGTGCGCCTTGCGCCGCGCCGCTCCATCTCCTGCT
 TGGCCTGCTCGATCTTCTGCTGGATCTGCGCCGAGCCCTGCACCTCGGCCTTCTCGGACTTCCAGATCTCCTCGAGGTG
 CGGTATTTCGCGCTCGAGCTTGACGATATCCTCCTCAGCTTGGCCAGGCGCTTCTGTTGGTTCGTCGCTTCTCCTTCT
 CAGCCTCGCGCTCGATCTTTCAGCTGGATCAGGCGACGGTGCAGAGTCCAGTTCCTCCGGTTCGAGTTCGATCTCCA
 TGCGGATGCGGCTGGCGCCCTCGTCGATCAGGTGATGGCCTTGTCCGGCAGTTGCCGATCGGTCGATGAGCGGTGCGAC
 AGCTTGGCCGCGGCGATGATCGCGCCGTCGGTGTGCTCACCCCGTGGTGCACCTTCATAGCGTTCTTGGAGCCACGGAG
 GATGGCGATGGTGTCTTCTCGCTCGGTTGCTCCACCAGCACCTTCTGGAAGCGGCGCTCCAGCGCGGCATCCTTCTCGA
 TGTACTGGCGATACTCGTCGAGGGTAGTAGCACCGACGAGTGCAGCTCGCCGCGGCCAGAGCCGGCTTGAGCATGTTG
 CCGGCGTCCATGGCGCCTTCCGCTTGGCCGGCGCCGACCATGGTGTGAGTTCGTCGATGAACAGGATGACCCGGCCTTC
 CTGCTTGGCCAGTTCTGTTGAGGACCGCCTTTCAGGCGTTCCTCGAACTCGCCGCGGAACTTGGCACCGGCGATCAGCGCC
 CCATGTCCAGGGCCAGCAGGCGCTTGTCTTTCAGGCGTTCGGCACTTCGCCGTTGATGATGCGCTGGGCCAGGCCCTCG
 ACGATGGCGGTCTTGGCGACCGCGGTTTCGCCGATCAGCACCGGGTGTCTTGGTCCGCCGCTGCAGGACCTGGATGGT
 CCGGCGGATCTCGTCGTCGCGACCGATCACCGGGTCGAGCTTGCCTTCTCGGCCGCGCTTGGTTCATGTCGACGGTGTACT
 TGTCCAGCGCCTGGCGGACTCCTCGACGTTTCGGGTCGTTACCCGCTTCGCCGCCACGAGGTTGGCCACGGCATTTCTCC
 AGCGCCTTGGCGGACACGCCCTGGCCGAGCAGCAGCTTGGCGAGCCTGGTGTCTCGTCCATCGCGGCCAGCAATACCAG
 CTCGCTGGAGATGAACTGGTCGCCCTTCTGCTGGGCCAGGCGGTTCAGCCTGGTTGAGCAGGCGTGCAGATCCTGGGACA
 GGTTCACGTCGCCGGTTCGGGCTCTGGATCTTCGGCAGCGGTCGAGTTCCTTGTGTTGAGGCCGCTGCGCAGGGCGGGGATA
 TCGAAGCCGACCTGCATCAGCAGGGGCTTGCATCGAACCGCCTTGTGCTCGAGCAGGGCGGAAAGCAGGTGCACCGGCTC
 ATTCGATGGGTCGTCCTTCTTATAGAGCGGGCCGAACGATGGGTGTCCCTGATGAAGAAAAGCCCGCCGAGATGAC
 TCAGTAGATAAAGGGCGATTTTCCGCGGTTCAAGCGACCGGACCGTGCATCGGTTCGTCGCGGATGATGATGATGATGATG
 GCCTAGTCTTGGAGCCAGACCAGGCTGGCAAAACGGCCGTTACGCGACGAGCGGCGGTAGGAATAGAAGCCGCGGATC
 GCTGAAGGTGCAGAAGCCACCGCCATGCACGGCGGTGACGCCATGGGCGCCCAGGCGGATCCGCGCGAGTCCGGTAGATGT
 CGGCCATGAAGCGGCCCCGATTGGCGCTAGGTACGAAAAGCCGAGCGCGCCTCGGCGTGCAGCAGCAGAAATGCATCGCGG
 ACCTCGCCGCCGACCTCGAAGGCCTGCGGGCCGATCGCCGGCCCCAGCCAGACCAGCAGTTCGTCGCCGGGCACGCCAG
 GCTGTCCACCGTTCGCTCCAGCACGCCCGCCGAGCCCGCGCCAGCCGGCATGGGCCCGCCACGCGGGTGGCCGAGC
 GGTGCGAGAACAACGCCGGCAGGACGTCGGCGGTTCATGATCGTACAGGCGACGCCCGGCATCGCGCTCCAGTGGCGTCC
 GCCCTGAGCACCCGGCTCGGGTTCGGCCTCCACCACCGTCACTCCGTGCACCTGGTCCAACCAGCTCGGCCGGCATTTCCAG
 ACGCTCGGTTCAGGCGTTCGGCGGTTTTCTTCCACGGCGCGCGGATCGTCGTCGACGTGGGCGCCAAGGTTTCAGACTGTCGA
 AAGGTGCTGGCTGACCCCGCCACTGCGCGTGGTTCACGAGGCCCCGACACGGGCCCGCGCCGCGCCAGTTCGGGGTTCAGC
 CAGGCGTTTCATCCGACGAACGCCTCGCGATCCTGGCGCAACAGGCTGAGCAGCCAGAGGAAGTCTTCCGGCAGCGGCGAC

TCCCACTTCATGCGCACGCCGGTGGCCGGGTGATCCAGTTCGAGGAAGCGCGCTGCAGCGCTGCCGGGGAACTCGCG
AAGAGTCTGGACCAGGGTCTGGCTGGCCACCGGGGAATCCTGAAGCGCCACCCTAGACCGGATCGCCGACCAGGGGAT
AGCCGATATGGCTCATGTGCACGCGGATCTGGTGGGTACGCCGGTCTCCAGCTTGACCCGGGTATGGGTGTGCGCACGG
AAGCGTTCAGCACGCGGTAATGGCTGACCGCCACCTTGCCGGCGTGCAGCACCGCCATCTTCTGCCGCTGCACGCCATG
CCGTCCGATCGGCGCATCGATGGTGGCCACCGGAGGTGATCACGCCGATCACGATCGCCTCGTAGATGCGGCTGACCGACC
GTGCCTGCAGTTGCGCCACCAGCTTGGTGTGGGCCTCCAGCGTCTTGCCACCACCATCAGGCCGGTCTGTGCTTGTCC
AGGCGGTGGACGATCCCGGCGCGCGGCACATTGGCGATGTCCGGGACATGGTAGAGCAAGGCATTCAGCAGGGTGGCGTC
CTGATGGCCGGCAGCCGGATGGACCACCAGGCCCGCGGGCTTGTGATCACCAGGATGTGCTCGTCTCGTAGACGATTT
CCAGCTCGATGTCTGTGCGAGCCACTCGCCCTGGCTTCTGCTCGGCCCTCAGGACGAGTTGCGCGCCGCTGTGGACG
ATGTGCGCGGGCGCAGCACGGCGCCGTCGACGGTCAGGCGTCCGTCCTTGATCCAGCCGACAGCGGAGCGGGAGTG
TTCGGGAAAAGCTGGGCGGCGATCTGGTCGAGACGCTGGCCACCCAGCTCGAACGGCACCTCGGCCGCGCTTGAATCA
TATCGGACATGAGTAGGAGACGATGCTCAGCGCGGCTTTTGGAAATCGGCTACGCGCTGTGGTTAAATACGGGGTCTTTGT
CCCAGGGGGTGCCTGGGGCGCAATCATAACAGACGGTTGAGGCCAAGCCGACCGTCCCAGGGACGCAAGCCGCCATGCA
AGTGAACACCTGCTGCTGATCGCCATCCTCGCCCTCACCGCAGCCTGCTCCTCGAACAAAGGAGACTGTGACGAGAACC
TGAGCGAGAGCCAGCTGTACCAGCAGGCGCAGGACGACCTCAACAACAAGAGCTACAACAGCGCCGTCACCAAGCTGAAA
GCCCTCGAATCGCGCTATCCCTTCGGCCGCTACGCCGAGCAGGCCAGCTCGAGCTGATCTACGCCAACTACAAGAACAT
GGAGCCGAAGCCGCCCGCGCCGCCGAACGCTTCATCCGCTGCATCCGACGACCCCAACGTCGACTACGCCTACT
ACCTCAAGGGCCTGTCTCTTCGACCAGGACCGCGCCCTGCTGGCGCGCTTCTGCCGCTGGACATGACCAAGCGCGAC
CCGGGCGCCGCCCGCGACTCCTTCAACGAGTTCGCCCAGCTCACCAGCCGCTTCCCCAACAGCCGCTACGCCCCGACGC
CAAGGCGCGCATGGTGTACCTGCGCAACCTGCTGGCGCCCTACGAAGTGCACGTCGGCCACTACTACCTGAAGCGCCAGG
CCTATGTGCGCCGCCCAACCGCGGTGCTACGTGGTAGAGAACTTCCAGGAAAACCCCGGCCGTCGGCGATGGCCTGGCG
ATCATGGTTCGAAGCCTACCGTGCCTGGGTCTCGACGACCTGGCCAGCACCAGCCTGGAAAACCTCAAGCTCAACTATCC
GGATAACGCCAGCCTCAAGGATGGCGAGTTCGTGCGCCGCGAAAAGCGAGGCCGACACCCGCTCCTGGCTGGCCAAGGCCA
CCCTGGGCCTGATCGAAGGCGGCGAGCCGCCCGCCGACATGGAACCCAGGCCGCAAGGACGTGATCAAGCAGTACGAG
GATGCCGAGCGGGAGATTCGCCGCCAACTGAAGCCGGAACCCAGGATCACAGCGCCGACGACGAGAAGCCGGAGAGCGA
TGAGCAGAAGACTCCGGCCGCTCCTGGTGGAGCTACATGCTCCTCGGTCCTTCGATGATCGCAGCAACCCAGGAAAGG
GAGGCGCAGGCTCCCTTCTTTTGGCCCGCCATGCCTCTCCAGCCGCAACCGCCGACAGCCTTCCGACTTCCCGGC
TGGGATCGAGCCGGCGGCTTGGCTAAACTGCAGCTTCTCCAGCCTCCGAGATCACCATGGGCTTTTCCGCTCCCTGTT
CTGGATCGCCCTGATCGCCATCGCGTCTGCTGCTGGCGTTCGCTTTACCCGTCCTACTCCGCGCCAGCAGCAACGTCCGC
AGGACGAGCCGAGCGCATCGCCGATGGTCCGCTGCGCCATTTGCGGCGTCCACGTGCCGACAGCAACGCCCTCGCCAC
GAACAACGCTGGTATTGACAGCCAGGCGCACCTGCGCCAGGACCAGGGCGACCGTGCAGCGTGAACGGCTACGGCTGAGCG
AGGAGCAGGGGCAACGCATCCTCCGCTGTACCACCTGTACCCTGACCCTGACCATCGGCTGGTACTGGTCTGTGATCTCC
AGCGAACTGGAAGATCAGGTCTCAAGCTCGTCCACCCTGAACTGTTCCATGTGCGCAGTTGGTGTACTCTGGTCTTCAA
CATCCTGGTGCAGCTGTTCTGCGCCGCTGCGGGCAATTGCTGCCGATCTTCATCCTCGCGCTCACCGACGTGCTGATGC
TTTGGCGCCTGTTCTACGCAGGTGGCGGCGTGGCCAGCGGCATCGGCAGCCTGCTGGTGGTGGCGGTGCGCAATTGCCAAC
ATCCTGCTGCGCGGGCGCATCGGCCTGGTTCATCGCGCGCGGCCAGCCTCGGCCTGCTCTACCTGACCTTCTTCCCTCAG
CCTGAGCAGTCCGGACGCCACCAACCACTACGTCCAGGCCGGCGGCTCGGCACCCTGTGCTTCGCCGCGCGCTGGTGA
TCCAGGCTCTGGTGCGGCGCCAGGAGCAGACCGAAACGCTGGCCGAAGAACCGCGCCGAGACGGTTCGCCAACCTGGAGGAA
CTCAACGCATTGATCCTGCAGCGCATGCGCACCGGCATCCTCGTGGTGCATAGCCGTCAGGCCATCCTCCTCGCCAACCA
GGCCGCCCTCGGCCTGCTCAGGCAGGACGACGTGCAGGGCGCCAGCCTGGGCCGCCACAGCCGATGCTGATGCACTGCA
TGAAGCAATGGCGCCTGAATCCCAGCCTCCGTCGCCGACGCTCAAGGTGGTGGCCGATGGCCCAGCGGTGCAACCCAGC
TTTATCAGCCTCAACCGCGAAGACGACACGACGTCGCTGATCTTCTCGAAGACATTTTCGAGATCGCCAGCAGGGCGCA
GCAGATGAAAGTGGCCGCTCTCGGCCCTGACCCGGCATCGCCATGAGATCGCAACCCGCTGGGCGCGATCAGCC
ACGCCGCAACTGCTGAGGAGTCAGAGGATCAGAGGATGGATGCCCCGACCGCCTGACGACAGATCACCAGGACCTGCG
AAGCGGATGAACCTGGTTCATCGAGAACGTCCTGCAGCTCTCCCGTCCGCCAGGCGCAACCCAGCAGCTGACCTGAA
GGAGTGGCTTCAGCGGTTCTGTCGACGAATAACCCGGCAGGCTGCGCAACGACAGCCAACTGCACCTGACGCTCGGTGCCG
GCGACATCCAGACCCGCATGGACCCACATCAGTTGAACCAGGTGCTGAGCAACCTGGTGCAGAACGGTCTTTCGCTACAGC
GCCAGGCGCACGGGCGCGGCCAGGTCTGGCTGAGCCTCGCGCGGACCCGGAGAGCGACCTGCCGGTGTGGAAATCAT
CGACGACGGTCCCGGCGTACCGGCGGACAACTGAACAACCTGTTTGAACCTTCTTTACTACAGAAAAGCAAAGGCACCG
GCCTGGGCCTCTATCTCTCCCGGAGCTCTGCGAGAGCAACCAGGCACGGATCGACTACCGCAATCGCGAGGAAAGCGGC
GGCTGCTTCCGCATCACCTTCGCCCACCCGCGCAAACTCAGCTGACGGAAGCCGACGATGAGCCGACAAAAAGCCCTG
ATCGTCGACGATGAACCGGATATCCGCGAACTGCTGGAAATCACTCTCGGCCGATGAAGCTGGACACCCGACGCGCCG
CAACGTCAAGGAAGCCCGGAGTTGCTGGCCCGCGAGCCGTTTCGACCTGTGCTTACCAGCATGCGCTGCCGACGGCA
GCGGCCTCGATCTGGTCCAGTACATCCAGCAGCGCCATCCACAGACCCCGGTGGCCATGATCACCAGCTACGGCAGCCTG
GACACCGCGATCCAGGCGCTCAAGGCCGGTGCCTTCGACTTCTTACCACAAACCGGTGACCTCGGTGCTTGGGGAGCT
GGTGGCAACCGCCCTGCGCTTGGCGCAACCCGGAAGCCGAGGAAGCGCCGGTGGACAACCGCTGCTCGGCCGAGTCCGCCG
CGATGCGCGCCCTGCGCAACCCAGATCGGCAAGCTGGCGCGCAGCCAGGCGCCGGTCTACATCAGTGGCGAGTCCGGTAGC
GGCAAGGAGCTGGTGGCGCGCCTGATCCACGAGCAGGGGCCACGTATCGAGCGGCCGTTCTGTCGGGTGAACTGCGGCGC
GATTCCTTCCGAACTGATGGAAAGCGAGTTCTTCGGCCACAAGAAAGGCAGCTTCACTGGCGCTATCGAAGACAAGCAGG
GCCTGTTCCAGGCCGCCAGCGCGGCACTCTGTTCTCGACGAAGTCGCCGACCTGCCGATGGCCATGCAGGTCAAACCTG
CTCCGGCGATCCAGGAAAAGCCGTCGCGCGGTCGCGGCCAGCAGGAGGTCGCGCTGACGCTGCGCATCCTCTGCGC
CACCCACAAGGACCTCGCCGCCGAAGTCGGCGCGGCTTCCGCCAGGACCTTACTACCAGCTCAACGTATCGAGC
TGCGCGTACCGCCGCTGCGCGAACGCCGCGAGGACATCCCGCTGCTCGCCGAACGCATCCTCAAGCGCCTGGCCGGCGAC

ACCGGCCTGCCGGCCGCCAGGCTGACCGGGCAGCAGGAAAAGCTGAAGAAGTACCGCTTCCCGGGCAACGTCCGCGA
 GCTGGAAAACATGCTGGAGCGCGCCTATACCCTGTGCGAAGACGACCAGATCCAGCCTCAGACCTGCGCCTGGCCGATG
 CGCCGGGTGCCAGCCAGGAAGGCGCCGCGAGCCTGAGCGAAAATCGACAACCTCGAGGACTACCTGGAAGACATCGAGCGC
 AAGCTGATCATGCAGGCACTCGAGGAGACCCGCTGGAACCCGACCCGCGGGCCAGCGCCTGGGCCTGACGTTCCGCTC
 GATGCGCTACCGCCTGAAAAAGCTGGGCATCGACTGAAAAGTAAAAGGCTGTCCGAAGACAGGCCTTTTGGTTTTTCGCT
 CCTCAGAGGGCAGCAGCCGGGGCGTAGGGGACCGGGTCGATGATCGGTTCCCGCCCGCTCATGAGATCCGCCAGCAGACG
 GCACGACCGCGGTGCCAGGACCAGCCCGTTGCGGTAGTGCCCGGTTTTCAGCCAGAGCCCGTCAAGCCAGGCACCCGGAC
 CGATATAGGGGATGCCTTCGGGAGAGCCCGGGCGCAACCCCTGCCAGTGGGCCACCCGGCTGCATGTCCGCCAGTTCCGGC
 AACAGTTCTGCCGACAGCCCTGAGGCTTTCCAGCGCCTCGTCGGTCCGGCTCTGTGGAAGCCCGAATGTTCCAAGGT
 GTGCGCATCAGGATGTGGCCGTGCGCGCCGGAATCGCGTAGCAGCCCTTGCCAGCACCATTGCGCGGCAAGAAATCCG
 CCGCGCACTTGTAGAGGATCATCTGCCCTTTCACCGGTACCACGGGCAGTTCCAGGCCAAGCGGCTTCAACAACCTCGCCG
 CTCCAGGCGCCCGCCGAGCAGCACCTTGTGCGCACGGATCTCGCCACGCGAGGTCGCCACGCCGAGCACTCGATCGCC
 GTCGCGCAACCAGCCGCGCACCTCCGTCTGCTCATGCAGTTTCAGATTGGCGAATTGTTGAGGGATGCCCGCAATGAGC
 GCGCCAGGCGAGGATTGCGCACATTGGCCACGCCGACATGTAGACCGCCGCTGGAAGCCGGCGCCAGCCGGGCACC
 GCCGCTAGGCCTCCTCGATC

SpB-Insertion flankierende Sequenz links, 5404 bp

GATCGAGCAGAACTGCCGATGACCAGCTTGTCCACGTCGTCGCGGTCCGGCATCAGGTAGCGGGCGCAGTCGTCGAAGG
 AATGCCCGTGATAGTAGCCGGAGTAGTAGCTGTAGCGCCCCACCCGATGTTTCGGGTTGCTGACCTGTTCCGAGAGCAGC
 TTGCCCTGAAGGGGCTCTCGAAATAGTTGCCCATGACCGTCGTCCCTGTCCGTCGAAACCGCCAAGGGTAGCGCCTGGT
 GGGATAGCGGGCCAGCCTGGCGTGACGGCTGGCAGCCGCGTCGGCGTTCAGCAGGCCGACTGCTGAACGGCCAGGCCTG
 GAAAGGCTCCGAATAGTGCCTGCCGTGACGGAAGGCGAAGGGGAGTGCCTGGCTTGTGGTGCAGTTCTCATTTGTCGA
 CGTTGAGGCAAAGCATCTGGATGTCTGTGCCACCAACAGCCGGTTCAGGTAATCGATGCTCTTGCCTGGCGCAGGTTA
 CGCGTCAGCGGGCCGGGGCAAGCAGGCGCGCTCCAGGCCAGGTAATCGCAGAGGCCGGCGTCGACTTCCGGCGAAGCA
 CTGGCGAGCGTCCGATGATGCGTTCGCGGTGACGCGGATGCGCACGCCGCTGTGCGCTAGCCGGGCGAGGGACGCCA
 GGTACTCCGCCGAGGCGGGTTTCTGCTCGTCGATGGCCAGCAGCAGGCAGAGTTCGACCTGGTGCTGCTGCAATTGCCCTG
 GCCGAGGCCAGGATCCGCTCGCAGACCCCGGCGTTGCCAGGCTGCTGGCATGCAGGGGAATGAAGTTCTTGCCGAGCAG
 TTCGAGGTCCGTTGTTGCGCGGTGCACGCACAGGAGGCGTGCAGCAGGTGCTTGACCGCCGCTCGGCAAGCAGCGGGC
 GTGCGCCGAAAGGAAGGCCGACAGGTGACGCGCTGGCGCCGTTCCGCGAGGGAGAGCTTGTGCGGACCAACCGCGCC
 TTCTCGCATAGATGCCATGGGCGAAGAGCTCGAATCCGTCGTCGATCACGGTTGCCGAGGCAGAGCCATTTCAATGG
 CGGGGGCTTCTGTCTGTGTCGAGTCAAGTGTGCTTATGGGCAAAATCTCGCAAGGCGCTCGGGCATGGAGCCCGC
 ACGCAGGTTGAGGGGTACTAGCAGGAGACGACCTACCTCCCAAGAAATCAAGGTTCTCGTGGGCAAAACCCAGGGGCA
 GGTAGGGGATCGGCTCGGTAATCGGCCGCCGAGGGTACTTCCGTTGTCGCCAGGCCAGGCTGGTTGGTGGCGGCTTTTCT
 CTGGTCTGTGAGTGGTTCCGCTGTTACCGATTTTTTCCGAGTGCCTTTGTGTTGCGGCATCGATCATTGGCGTCAGTCGG
 CGCCGATGCTGTGATGAAGCCCTGGATCAGCGGCGAGGCTTGTGTTTGCGCCAGACGAAATGGATATCGCTGGAGTCC
 AGGCCGGCTACCGGTTCCGGCATGGAACCCCGTCCGCGGAGGGCATGCGTGCAACGAAGCTCTCCGGCACGCGAGGCCAA
 GCCGAGACCGGCTCGATGCAGGCGAAGAGGCTCGGGTAGGACTCGATTTCCAGGGTTGCACGCGGCTGGATAACCGCTTT
 CCGCCAGCCAGCGGTGACCTGGCGGCGGTAGTGCAAGTGTGGCCGAACACATAGAGTTCGAGGCTGGCGAGGTCCTCG
 GGAGTGGGTGCCGGCAGGTGCGCGGGAGTGACCCGCAACAGGCGCTCGCGGAAGGCCAGGCGGCTGGCCAGCAACGGGTG
 TTCGATGGGGCCGTCGGTACGATCAGGTCCAGCTCTCCCTCCATCAGCAGGCGCTCGAGCAGCAGCAATGCTCCGGGC
 GGATGTGAGTTCAACGCCCGGCGACTCGCGGCGGTAGCGGGCCAGGCGCTGGGGCAGATGATTGGCCAGGGCCACGTCC
 AGTGCGCCGACCCGTAGCGCGCCGTGCGCCTGGTCCCGGCGAACAGCGCAGCGGCTCGTCGCCAGCGCCAGCAGGCG
 CGTGGCGTGGCGGTACAGCAGGCGGCCCTCGGGGGTACCAGCAGGCGATTCCCTTTCGCGATTGAACAGGGCTACGCCGA
 GTTGTCTTCCAGTTCCGCGCAAGCGGGTAGTGATGTTTCGACGGCACGCAATGCAACTGTTCCGGCCGCGGCTGCGATGGTG
 CCGCGTTCCAGCACCGCGCAGAAGAATCCGAGTTGGGAGAGTTTTACATCATTTCTTTAAGTGAGTACTTTGCTGATTA
 TTGATTACTTTTAATGAGTGAAGGCCACCCTAGCATGGACCTCGCGATCGCTTCCAACCCCATTTACAGAGGAAAGATT
 CCATGACCTACACGTAAGTTTCAGTTTCAGTTCGACGTTCCCTCCGACAAGCGCGAAGCGTTCCGCCGCGGAGGCTGTTTCGAT
 GCCAATGGCTCGTTGCAGAAATGAACCGGGCACCTTCGCTTCGAGGTGATCCGCGACGAGAACAACCGCAACCGCTTCTA
 CCTCGACGAGGTGATCAAGACGAGGCGGCTTCTCCAGCATTGCCGCAACGAACCAATCGCGGCTTCTATGAACGTA
 TCGACAGCTATGCCTTCGGTCCGCTTTTCTGTTCAAGGGTACCAGGTCGAGGGTTGATTCCCGCTCGGGCGGCTCGCC
 GCCGGATTCCACGGAGAATTTCCATGCGAATCCTGCACAGCATGCTCCCGGTGGCCGATCTCGAGGCGCGCTGGAGTTC
 TACACCGCGCCCTGGACATGCGCCTGCTGCGGCGCCGGGACTATCCCGAAGGCCGCTTACCCTGGCCTTCGTCGGCTA
 CCAGGACGAGTGCGCGGCGGCTGCCCTGGAGTTGACCCACAACCTGGGACCGGGACGGCTACACCCAGGGCGACGGCTACG
 GCCACCTGGCCATCGAAGTCCGGGATGCCGCGTCACTGCGCCGGGCCAGGGCGCTGGGCTATCGGGTACCCCGCGAG
 GCCGGGCCGATGCAGCACGGACGCAGCGTATCGCCTTCTCGAAGACCCGGACGGCTACAAGGTGGAACGATCCAGAA
 GGGTACCCAGTTTCGATTGAGCCCGGACAGGGGGCGACATAGCGGCTGCTGTGCTTCCGGCTCAGTCGCTGGCGTCGAA
 TGCGGCGTGAAGGCCACTATTCTCGCGCCACGCGCCACTGAAGGTCTGTGCTGGAAGTATTCGGCGGGAACGCCGG
 GCAACGCCAGGCCGCTTTCCACCCGAAAGCCGAAGCGCGAGTAGTAGGTCGGTTCGCCAGTACCACGCAGCCACCCGCG
 GGCAGCAGTCGCAACTCGGTGAGCAGGCGCCGGACCAACTGCGAACCAGGACCTGGCGCTGTCGCCCGGGCGCCACCGA

TAGCGGCGCGAGGCCGTACCAGCCGCCCGCTTCGCCATCGATGGTCACTGGTGAGGCAGCGATATGGCCGATCACCTGGC
 CGTTTCGCTTCGGCCACCAGCGAAAACGTGAGCGCGCCGGCACGGCGCAGGGCGTCGATGATGTACTGCTCGGTATGGCTG
 CTGTGCGTTTTCGTTGCGGAACCGCGCTTCGGTCAGGCGAGCGATGGCGTCGATGTCGCCGGGCGTTTCCGCACGGATGGA
 AATATTCATGCAAGCACTCCTCGGAACCCCCGCTTGTCCCGCGGGGGCAATGGAAAAAGGAAGGGGTCAGCGATTGTC
 CGCCTGCGGGCGCACGGCTTTCAGCCCGGCCATGGATATCCGGTAGGGCTGCCCTGGCGGGAGTGACCAGGCCCTTGT
 TCTTCAGCCTGGAGAACACCGCCAGGGTGCAGTCGAGCAGCAGGTGGCCGTGCGGGTTGTAGCACTCGACCGGGTGATC
 TTGCCCGAAGCGTCGCGAAGGAAGGCGATATGGCCGCCCTGGGCCAAGGCGTGAAGCGTCCGTTGTTCCGGCTTGAAAC
 GTTCATGTGCGGTAGAACCTGTAATCATCGGTGTGACAACCGCGCCGACGGCGCGAAAAGGCGCGTGCAGCCATGGCGA
 AGGCAGATAACCGGCGACACCTCGTGCGGGATGACGAAGTGGCGGTTATCGGATGACTACTATCTCCAACATGCAAGCCT
 CGGATCGGGGAGGGCGCAGCCACGAAAGCGTGTGCGATGCGGCGAGTCTAACGAAGCTGGCGAAGCGACGGCAAGGAAC
 GCCTGCGTCGCCATGCCGCTGTGCGACGCTTGCGGCTTGTGAGGGAGTTCGCCTCGCCCCGCGCGGTCCGCGCTTTCA
 TTATCGGGGGAAGCGGGAGGTATCCATGTTTTGCGACGGCGCTGACGCTGTTTCATGTCTTCGTTGGCAATTCTCGCCGTCG
 CCTCGATGAGATGCGGCACGCACCTGGTGGACGAGGGCGACAGCGTCGAGCAAGTCTGGAAAAGGTGCGGGCAACCGCTG
 AGCAGGATCGTCAACGAGCCTGCCCTGCGCAACAACGGCGTGCCCAAGTTGAATGCCGCACGCACCGAATTCTGGGTGTA
 TGGCCCCAGTGGAGGCGTCTACCGACACTTGCCTTCATCGATGGCAAGCTGGTCGAGATTCGGCTCGAGCGGAAGTGAT
 ACGAGGCTGTTGAGGAGTTATTCTACAGATAATTAATAATTTGCTGCGGAACACCGTGAAAAGAGCGCTGAGAGAGAAGA
 CGAGCCGGGTGCGGGCCCAGGTGGATGCGTCTTCCGTGCGTAGGAATTGCCGATATCGGGCGCGGGGCGGAAGGTTG
 CGGGCCACCCTGATCGCATACTGAAAAGTTGGCGGCGTAATCTCCGCGATTTTCAGGCGAGGACGCTCGTGTGAAAGT
 TATTGGTCTGTTGCTTCCCTTTTCATCTGTGGAGGCATGGCCATGGGAGAGCCAGGGGGGCGGATGGGTTTTCCGCT
 GTCGCGAGCGGTGATCCGGGAGCGAACCCCGAAGCGCAACTGGACGAGGAGCCTCAGGAGGTCAGCGAAGCGCCGCTTA
 TCGCGTGGATGACCTCACCTTCCCTGTACCTCACCCATGAGGTCTATCTGGAACCCCTACGTTTCTCGCCGTCGAAAAGTCC
 TGGGCGAACGTTTCGTACGTGCGCTGCTGGAACGAAACCTATTCCGGCCGCTCCCCGCTGAATTTCTGGGAATACGACGGG
 GCGACTTCTCGCCCTCAACGACCCGGCACGTGTGTTGGCCGAGGGAAAAGTTGCGCAGCGAGCAGCGCATCGGGCAAGC
 GCCCTGCCGCTGCCCTGGATATCGATCTGGACAGTTGGAGCGGGCCTACTCGCTGATGATGTAAGGAGAGGAACCT
 TCCGGCTGCGTCTCCGCCGAAATCCATGGGGGCGCTTCCGATCTTTCCGGGCTTACGCGGTAAAGCCTGAAAACAGAA
 AGCCCCGGCACTGGTTGGTGTGAGGGGCTTTTGCATTGGGATC

SpB-Insertion flankierende Sequenz rechts, 3126 bp

TGGAGCGGGCGAAGGGAATCGAACCCCTCGTCAATGAGCTTGGGAAGCTCAGGTAATGCCATTATACGACGCCCGCTCGGAT
 GGGTTTTGCGGCCAGGGCGCCTTTTTTACCAGATGCGCGGCGGCAAGTGAAGCCCGGGGCGGGTTTTTGTGATTTTCGCT
 GGGTTTTTCCGCCAGGGGAGCGGGGCTCCCGTGGCGGTGCGGTTAGCTGGCGAGGGCGGCGAGGGGGACGCTGGCGCC
 GTTGGGCTGGGGCGGTAGATCGGGTTGAGCGGCTGCGTGCCTGCGGGCGGAGGAAGGCGAGCGGGCGTCTGGGTCT
 GTTGCCAGGCGGCTTGTGCTCGACGTGATGAAGTGGCCGGCATTGCGGATGGTGTGGAATTCGCGGCTCGCGGATCAGT
 TGGCCGAACTGGCGGGCTTTCGTGGGGCGTGGTGTAGATGTCCAGCTCGCCGTTTCATGAACAGCACCCGGGATCTCGATGCC
 GGCGAAGCTCTCGGTATAACTATCGGCGTTCAGGCGCAGCACTTCGCGGATATGGAAGTGCATCTGGTGGTATTCGTGCT
 CGTCCAGGCTGCTGACGTGGCGGAAGTTGTAGCGCTTGAACAACCTGCGGCAGGTAGCGGCCGATGGTTTTGTTGACCAGG
 TTGCCGATCTGGGTGCGATCGCAGGCGGCGAGGTAGTTCAGGCGCGATGCAGGTAGTTCGAGCATGGCCGGGTTGAGCTG
 AGGCGAGAATGAGTTGACCACCGCCCTGCGGATCCGTCCGGGACGCTGCGCCAGGGCCAGCAGGGTGGCGACGCCGCCCC
 ACGAGAACGACATCACTACCTCGGCACGGAAGCGTTCGATCAGTTCCAGCAGGATCCTGGCCTCGCATTCCTTGTGATC
 GCGTGTGGTTTTTCTGTTATGGGGTTTTGGACTGGCCGGCATAACGGCTGGTTCGTAGAGACCACGTTGTAATGCGGCTGCAG
 GTACTTCACGGTCTGGGCGAAGGACGCTGTGGTGCACAGCGAGCCGTTGACCAGGATGATGGTCTGCTGCGCCGCGGGGT
 TGCCGTAGAACTCGGTGTGAATCCTGTATTGCCCGTGGATCTCGATGATGGCTGTTTCCGGCCTCATGTGCTTCCCTCCT
 GGAATCGTTTCGATGGGAACCGCGGCACCTGCTTGTGCGGGCAATACAAAATGCTCATGGGCAGATGAAAAGCGCCTCCCA
 ATGACAGTTGAATGTCATTCGGATGGATTTGATAAACTTTTGAATTTTCAACGACTTACAGGCAAAATAGAGAGCGTCCGAA
 ATCCTCTCGGATTTTGGCGAAGCGGCTATTGGCCGGGCGAGGAAAGGCCGGCGCCGAAAGCGCGGGCAGTACCGGGGCTTT
 CTTGGAAGTCTGTTGTGACTGGTCACTCACAACGTGAGCGTCAAGTAAAGCAGCCGGCGTCCGGACTGCAAGCCCTGTTT
 CGTTTTGGATGGGGGAAGGGGGCTGGAATCCGACGAAATGCCGCGAGGCAAGTACCGATGCTGCGATTTCCGGATGCC
 GGAAGGAAGGGGACGGCGCGCCGCCCCGCGGCTTCAATTTGAGCAGGCTGGCGATGACTTCCGGCTACGCGCCCG
 ACGTGCACCGGCGAGCTCTGCGGGGCGAGGAAGCGGAGGCTCCAGCCACTTCGGCTGCGGATAGTAGGCGAACAGT
 AGCTGCCGCGCTTGGGGTGTGATCAGCCGGGCGGCCAGGCCGGGCGTACCAGGGCAGCCCTGGCTGCGCCCGCAGG
 CGACCGAGCCCGGAACACCCTGGGATCGGCGTAGGCAGCGGAATGCATGACGATGGCGCGTTCCTTCGCTCTTGTGCTT
 GAAGCCCGGCTCCAGGCCAACAGGCGCAGCGACTGGCCGTGCTTGGCCGTATAGAGCTGGCCGGTCTGGAACAGCCCGA
 TCGACGACTGGTAGCTGTTCCGGCCGGTTGGAGAAGGAGGTGGCAAGGTCATCGCCGCTGTTCTTGGCGTGGGTCACCCAC
 TCTTCGAAGAGCAGCTTGCGGGCTTCAGGTGCAATACCCAGAGACGCTTGTGCGCGACGGCCGCGAGTAGTCGATCAC
 CGTCAGCAGGCGGTTGTGCGCCGCCCTGGCTGGCACTCGCGCAAGCATAGGCGGTAAGGGCCAGTTTCAGAGGTCGGCAGGC
 TGGCCTGGGGAGCGAGTTTCTGCAGGTCCTTGGCGGAGGGAAGTGGCATGGCGAATACCGGCCCGCTGGCCAGTGCGCAA
 AGGGTGGCGCCCGCCAGGCTCAGCCTGCGCAGGGCGGCACGGAGGAAGGTTGGCATAACGAGCAGTATTCCCATCGGTTCA
 GTGTGGTTTTTACCAGGATGAGAGGCATTGTGCTCGATTTTTGAAACAACCTGCCGACTACTTTTTAAGCGATTTTCGTGCGA
 TTGTTCCGGTGTTCCTGCGGATCACCGTGAATCGGAGTCGCTGTGGGTGTCCCGGTCGAGGCCAGTTCGGTGTATCAC

CAGGGTGTGCGGACGTCCATGGCACCGAGCATTTTCGCGGACGAAGGTCGGGTCCATGCGGATCTTGCCCAGTTGCTCGG
 AGGGTGTGAGGCCCTGTCCCGGGTTGCTCACCTGGACCACCGACCAGCGCAGGTTTCGGCGAGGTCTCGCTGATTTCTTCC
 GGGGTTCGGCTTTTCCAGCAGCGAGAACACCGCCATGCCGGTTTTCGGGGCGTGCCGGCAACTGCACCGGTGCGGTGCCGAT
 GCGCTGGCCGCGCGATAGACATAGGCGCGCTGGTTCGGCGCGGCTGATCAGCACCGACAACGGACCGCGTTCGCGCGCCGG
 GGTTCGTTCCAGGCGATTTCTCCGGGCTCCACCGGCAGCGTACCGGTTCGCCCCGTCCGCTACCGTTCGGTGCAGCAGGCCG
 GGGTGGTTCGACTTCCTTCGGCGCGCTGCTGGCGTTGGAAATGATTACCGTGGTGGAGCTGAATCCGGTGCAGGCGTAGAG
 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
TGCCTTGGAACTTGTCCCG
>C36for
GCTGGACCCACTCATTACAG
>C37for
TTCATTGCCGATCGCCTGCC
>C38for
GATCGATGCCGGTGAAGTGC
>C39for
CGCATCAGCACTGCGGAACG
>C40for
GGACACGAACGGCTACTACG
>C41for
CATGACTTGGCGCCCCTTGC
>C42for
GGCTACAACCTGGTCAACGG
>C43for
AGCAACACCGGAGAGAACCC
>C44for
AACCCTTGGCCTGGCCATCG
>C45for
ATGACTCCTGCCTGGAGTCG
>C46for
CCCATCCATTCCGATGCAGG
>C48for
GATTAAGGGCCTGGTGCTGG
>C49for
TGGGGTCAAGAGTGCCAAGC
>C50for
CTGATCCTGCTGGACATCGC
>C51for
TGCAGGCGCACATCAAGACC
>C52for
TCAACCGCCATCCCGTTGTGC
>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
ATCGCGGTCCGAAGTATCG
>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

AAGCGGCCTGTGCCAAATGC
>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
CATCGGGTGC GTT GATGACG
>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
TCTGACGGTGCAGTTCACC
>C90rev
CACGTGTTTCCACGTGTCGC
>C91rev
GCGTGGAGATCAGCTTGACG
>C92rev
GATTGATGGTCTCCAGCGCG
>C93rev
CGACAGTCCTTGAAGTGGC
>C94rev
TTTCGAGGGCACGTTGAGCC
>C95rev
ACATGCTGCTTCCACAGGGC
>C96rev
CACGCTCATGAACGACTGGG
>C97rev
TCGTCCATCAGCAGGATCGC
>C98rev
GTTGAGAATGCCGCACTCGC
>C99rev
CAGCGTGTGCTTTTGC GACC
>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
GCTGTTTCAGGATGTGCTGTTCG

>Primer 610mpf
TTCTCGGGTGATGCTTGGTGGG

>Primer 610mpr
GCTTCTCACATCCGGCAATGCC

>186mpf
AACTGTCGTCATGAACCGGACGG

>186mpr
TCTCCAGCCGCTCACAATCAGCC

>P729f
TATGCTGAGCGGAAGCAGCG

>P729r
GCGCATTTCAGCGCTACATGC

>P710f
CCACGGAGAGTTTCCATGCG

>P710r
TTGTAGCCGTCCGGGTCTTCG

>P711f
TCACCTGGCCATTCGCTTCG

>P712r
GGAACAACGGACGCTTCACG

>P714f
GGATGGGTTTTCCGCTGTCGC

>P714r
AGCCCGGAAAGATCGGAAGC

>P716f
ATCGGTATGCTAGACGGCCC

>P716r
ATGCCCTACGGATGGAAGGC

>P723f
AATCGGCGATCACCGATGGC

>P724r
ATACCCGGCAGCAGTCTTGC

>P727f
GCGTGCTGGATGATTTGGCC

>P727r
GCAAAGCCCCTCATAGGTGC