***Sequence Information***:

>HAP1\_GERM

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGGCTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCCCCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATTACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP2\_GERM\_NY

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCCCCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATTACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP3\_GERM

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATTACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP4\_GERM\_FL

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATTACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP5\_NCUBIQUITOUS

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP6\_NC\_NCL

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGAAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP7\_NC\_CQC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGAGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP8\_MTP

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTAC-GACC

>HAP9\_GSC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCCCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP10\_GSC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCTTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGGCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP11\_FSL

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCTGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP12\_MTP

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACACCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP13\_GSC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATCGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP14\_NCL

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGTTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP15\_MTP

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATAGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP16\_CDI

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTTCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP17\_CQC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTCACAGACC

>HAP18\_MLC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGTGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP19\_MLC\_GSC\_WRC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP20\_CQC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATTTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP21\_GSC\_MTP

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP22\_MLC\_CDI

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP23\_NCL

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCGCCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP24\_MLC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTCCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP25\_CDI

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCTGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP26\_CDI\_NCL

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP27\_POC\_NCL\_HPC\_CQC\_GSC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCCCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP28\_CDI

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCCGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCCCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP29\_GSC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCCCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP30\_HPC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCCGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCCCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP31\_CQC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGTTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGACTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCCCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP32\_POC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGACTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP33\_CQC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCCCCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCCCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP34\_CQC

ATCCGCGCGGAGGCTCAGCCAGCCCGGCG-ACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCCCCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP35\_SC

ATCCGCGCGGAG-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCTTTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP36\_SC

ATCCGCGCGGAG-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCACTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP37\_SC

ATCCGCGCGGAG-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP38\_JAFL

ATCCGCGCGGAG-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTTCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP39\_JAFL

ATCCGCGCGGAG-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATTTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP40\_JAFL

ATCCGCGCGGAG-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGACTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP41\_JAFL

ATCCGCGCGGAG-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP42\_IRFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTCTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGATGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATTTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP43\_IRFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGATGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATTTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP44\_IRFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATTTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACTATGCTACTTACAGACC

>HAP45\_IRFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATTTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCCATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP46\_IRFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATTTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTTTGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP47\_IRFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCGCCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATTTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP48\_IRFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATTTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP49\_HRNY

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCGTTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP50\_VIVA

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGTGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP51\_PRNY

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTCACTGCCCACGCCTTTGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGGGGCTTTGGGAACTGACTAATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATGAACAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCGGGCGTTGAGGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACTGTCTACCCACCATTGGCAGGAAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGCGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTATCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTTCTTATCACAGCCGTTCTCCTCCTTCTCTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP52\_CKFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCATGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGTTTTGGGAACTGACTGATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCCGGAACAGGGTGAACTGTCTACCCCCCACTAGCAGGCAACCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATTTTTTCTCTCCACCTCGCTGGGATCTCTTCCATTCTTGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTCACAGACC

>HAP53\_TBFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGTTTTGGGAACTGACTGATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCCGGAACAGGGTGAACTGTCTACCCCCCACTAGCAGGCAACCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATTTTTTCTCTCCACCTCGCTGGGGTCTCTTCCATTCTTGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTCACAGACC

>HAP54\_CKFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGTTTTGGGAACTGACTGATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCCGGAACAGGGTGAACTGTCTACCCCCCACTAGCAGGCAACCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATTTTTTCTCTCCACCTCGCTGGGATCTCTTCCATTCTTGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTCCTTATCACAGCTGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTCACAGACC

>HAP55\_CKFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGTTTTGGGAACTGACTGATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCCGGAACAGGGTGAACTGTCTACCCCCCACTAGCAGGCAACCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATTTTTTCTCTCCACCTCGCTGGGATCTCTTCCATTCTTGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTCCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTCACAGACC

>HAP56\_CKFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGTTTTGGGAACTGACTGATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCAGACATGGCCTTCCCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCCGGAACAGGGTGAACTGTCTACCCCCCACTAGCAGGCAACCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATTTTTTCTCTCCACCTCGCTGGGATCTCTTCCATTCTTGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTCACAGACC

>HAP57\_CKFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGTTTTGGGAACTGACTGATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCCGGAACAGGGTGAACTGTCTACCCCCCACTAGCAGGCAACCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATTTTTTCTCTCCACCTCGCTGGGATCTCTTCCATTCTTGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTCACAGACC

>HAP58\_TBFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGTTTTGGGAACTGACTGATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCCGGAACAGGGTGAACTGTCTACCCCCCACTAGCAGGCAACCTCGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATTTTTTCTCTCCACCTCGCTGGGATCTCTTCCATTCTTGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTCACAGACC

>HAP59\_CKFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGTTTTGGGAACTGACTGATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCCGGAACAGGGTGAACTGTCTACCCCCCACTAGCAGGCAACCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATTTTTTCTCTCCACCTCGCTGGGATCTCTTCCATTCTTGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTCACAGACC

>HAP60\_CKFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGTTTTGGGAACTGACTGATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCCGGAACAGGGTGAACTGTCTACCCCCCACTAGCAGGCAACCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATTTTTTCTCTCCACCTCGCTGGGATCTCTTCCATTCTTGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCACCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTCACAGACC

>HAP61\_CKFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGTTTTGGGAACTGACTGATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCCGGAACAGGGTGAACTGTCTACCCCCCACTAGCAGGCAACCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATTTTTTCTCTCCACCTCGCTGGGATCTCTTCCATTCTTGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTCCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTCACAGACC

>HAP62\_TBFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGGGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGTTTTGGGAACTGACTGATTCCCCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTTCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCCGGAACAGGGTGAACTGTCTACCCCCCACTAGCAGGCAACCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATTTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTTGGAGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAGCCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTATGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTCACAGACC

>HAP63\_DEFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGGTTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATAAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP64\_DEFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGGTTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGTTACTTACAGACC

>HAP65\_DEFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGGTTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP66\_DEFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGGTTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP67\_DEFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGGTTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGAGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP68\_APFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGAACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP69\_APFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP70\_GATX

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTACCCCCCTCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTGACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACTATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP71\_GATX

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTGACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACTATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP72\_APFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTATCGCAGTATCAGACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP73\_APFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATTCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTATCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP74\_APFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATTACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTATCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP75\_APFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGTGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTATCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP76\_DEFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCGGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTATCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP77\_APFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGAAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTATCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP78\_APFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTATCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP79\_APFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGACGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTATCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP80\_EMLA

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGTGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP81\_EMLA

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATAAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGTGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP82\_OSMS

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCCTCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGTGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP83\_EMLA

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGGCTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP84\_GATX

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP85OSMS

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAATTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP86\_OSMS

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTGGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP87\_DEFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCCGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC

>HAP88\_DEFL

ATCCGCGCGGAA-CTCAGCCAGCCCGGCGCACTACTTGGAGATGACCAGATTTATAACGTAATTGTTACTGCTCACGCCTTCGTAATGATTTTCTTTATAGTAATACCAATTATGATTGGAGGGTTTGGGAACTGACTGATTCCTCTAATGATTGGGGCCCCCGACATGGCCTTCCCACGAATGAATAACATGAGCTTCTGGCTTTTGCCCCCATCATTCCTGCTCCTCCTCGCCTCTTCAGGCGTTGAAGCTGGGGCTGGGACAGGGTGGACCGTCTACCCCCCACTGGCAGGCAATCTAGCCCACGCAGGCGCATCTGTCGACCTAACAATCTTTTCTCTCCACCTCGCCGGGATCTCTTCCATTCTCGGGGCCATTAACTTTATCACCACAATCCTAAACATGAAACCGCCCGCTGTCTCGCAGTATCAAACGCCCCTCTTCGTGTGGGCCGTCCTTATCACAGCCGTCCTTCTCCTTCTTTCACTGCCCGTCCTCGCGGCCGGCATCACCATGCTACTTACAGACC