>DL\_1 MH515150

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTTTCAATGTTAACGGTTTTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATTTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTTTTTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAGAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_2 MH515151

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTCGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAGAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_4 MH515153

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTCGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAGAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTGGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGATTTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_5 MH515154

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTCGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAGAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCTTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_6 MH515155

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAACACAGTACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCTATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAATAACAATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTTCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTCCCTTTCACTGGGCATCTCAGAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTGGAAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTATTCTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_7 MH515156

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTCGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAAAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_8 MH515157

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTCGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAGAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGATTTGCATAATTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_9 MH515158

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAACACAGTACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCTATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAATAACAATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTTCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGGCATCTCAAAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTCTATTATTCTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_10 MH515159

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTCGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTTCTTTTCACTTGACATTTCAGAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_11 MH515160

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTCGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTCCTTTTCACTTGACATTTCAGAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_12 MH515161

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAACACAGTACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCTATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAATAACAATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTTCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTGGGCATCTCAAAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTATTCTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_13 MH515162

CCGAGGCTCTGCCTTCATGCAAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATTTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTTTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAGAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_14 MH515163

CCGAGCTCTGCCCTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACCATATCCTATATATAAAATACATACTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGGATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCCATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATTTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTTTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAGAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_15 MH515164

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTCGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAAGGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_16 MH515165

GCCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTCGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAAAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_17 MH515166

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTCGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAGAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCCCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_18 MH515167

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAACACAGTACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCTATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAATAACAATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTTCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGGCATCTCAAAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATGGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTATTCTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_19 MH515168

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAACACAGTACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCTATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAATAACAATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTTCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGGCATCTCAAAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTATTCTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_20 MH515169

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTCGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAAAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCTCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_21 MH515170

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAGTTATTCGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAAAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGAAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_22 MH515171

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAACACAGTACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCTATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAATAACAATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTTCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGGCATCTCAGAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTATTCTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_24 MH515173

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAATACAATACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCTATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAATAACGATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCATTTGGCATCTCAGAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGGAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTATTCTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_25 MH515174

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAATACAATACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCTATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAATAACGATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGGCATCTCAGAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGGAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTATTCTTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_27 MH515176

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAACACAGTACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCTATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAATAACAATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTTCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGGCATCTCAGAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTATTCTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_28 MH515177

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAATACAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATACTTTTTTAAAAGACATCCACTGCTCCCCCACATATTTGCCAACAACATTTACAACTAAGAGAAACATAAACCAGTAAATGGAACTTTCCAAAAACATTTCAAAACCACTAAACGACAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACGTTAAGATATACCAAGTACCCACCATCCTATACTTCCGAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATTTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCGTTACCCACCATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGTGTGGGGGGTTTTTTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGACATTTCAGAGTGCATACAGAAAAGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAACGGAAATAGTATGAATGGTGGTTAGATATTATTAAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTTAATCAAAATTTTAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTAACCTTCGGTTTTTGCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTAACTTTCAGCGCTTTAATATATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATCTAGTAC

>DL\_29 MH515178

CCGAGCTCTGCCTTTGTACAAAATGCAATGCATATATGTATTATCACCATTATTCTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATTCAATTCTTAATCAAACATAGACTGCCCCCCCACATATTTGACATCAACATTCACAACTAAGACATACATAAACCAATCAACTGAAACTTCCCAGTAAATTTGAAAAACCACTGAACGACATTTAAGACCGAACACAACCACTCATACAGTCAAGATATACCAAGTACTCAACATTCGATTCACACTCAAATATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTTAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTCGTGGGGGTTTCACTAAATGAACTATTCCTGGCATCTGGTTCCTACTTCAGGTTCAATAATTGTTATAATCCCCCATTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGAGCATTCTTTCCAGAGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCATTTGGCATCTCAGAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAAGAAAATAGTATGCGTGGTGGATAGATATTTACAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAGATTCAATCAAATATTTTAATTTTCTCCTAACTTTTCTATCAATTTTCGGTTTCTGCGCGCGTTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGTAAACCCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTATCAGCGCTTTAATTTATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATATAGTAT

>DL\_30 MH515179

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAACACAGGACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCTATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAATAACAATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTTCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGAGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGGCATCTCAGAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTATTCTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_31 MH515180

CCGAGCTCTGCCTTTGTACAAAATGCAATGCATATATGTATTATCACCATTATTCTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATTCAATTCTTAATTAAACATAGACTGCCCCCCCACATATTTGACATCAACATTCACAACTAAGACATACATAAACCAATCAACTGAAACTTCCCAATAAATTTAAAAGCCACTGAACGATATTTAAGACCGAACACAACCATTCATACAGTCAAGATATACCAAGTACTCAACATTCGATTCATACTCAAATATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTTAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAAATGAACTATTCCTGGCATCTGGTTCCTACTTCAGGTTCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGAGCATTCTTTCCAGGGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCATTTGGCATCTCAGAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAGGGAAAATAGCATGCATGGTGGATAGATATTTACAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAGATTCAATCAAATATTTTAATTTTCTCCTAACTTTTCTATCAATTTTCGGTTTCTGCGCGCGTTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGTAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTATCAGCGCTTTAATTATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATATAGTAT

>DL\_32 MH515181

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAATACAATACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCTATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAATAATAATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGGCATCTCAGAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTATTTTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_34 MH515183

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAATACAATACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCCATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAATAACGATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGGGCGTTCTTTCCAGGGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGGCATTTCAGAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTATTTTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_35 MH515184

CCGAGCTCTGCCTTCATGCAAAATACAATACATATATGTATTATCACCATTATTTTATTTCAAACATATCCTATATATAAATACATACAACTCTTAAAAAACATACACTGTTTTCCCACATATTTGTCATCAACATCTATAACTAAGAAGAACATAAACCAATAAATGAAATATTCCAACAACAATTAAATACCACTGAACGATAGTTTAAGACCGAACACAACTCTCATACAGTTAAGATATACCAAGTACCCAACATCCTATACTTCTAAATTATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTCCTATATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTTGTGGGGGTTTCACTAATTGAATTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTCAGGTCCAATAATTGTTATAATTCCCCATTCTTTCATCGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTCAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGAGCGTTCTTTCCAGAGGATAGGGGGTTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCACTTGGCATTTCAGAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTGAAGGTAAATAGTATGAATGATAGAAGACATTGATAGAAGTATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAAGTTCAATCAAATATTTCAATTTTCTCCTAATTTTTCTATTATTCTTCGGTTTTTTCGCGCGTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATACTCCTGCAAACCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTTTTAGCGCTTTAGTTTATGCATGTTATATTACTTAATGTGTGTATATGCAGTAT

>DL\_36 MH515185

CCGAGCTCTGCCTTTGTACAAAATGCAATGCATATATGTATTATCACCATTATTTTATATCAAACATATCCTATATATAAATACATTCAATTCTTAATCAAACATAGACTGCCCCCCCACATATTTGACATCAACATTCACAACTAAGACATACATAAACCAATTAACTGAAACTTCCCAATAAATTTGAAAAACCACTGAACGACACTTAAGACCGAACACAACCATTCATACAGTCAAGATATACCAAGTACTCAACATTCGATTCACACTCAAATATTTAATGTAGTAAGAGCCCACCATCAGTTGATTTCTCAATGTTAACGGTTCTTGAAGGTCAAGGACAATTATTCGTGGGGGTTTCACTAAATGAACTATTCCTGGCATCTGGTTCCTACTTCAGGTTCAATAATTGTTATAATCCCCCATTCTTTCATTGACGCTTGCATAAGTTAATGGTGTTAATACATACTCCTCATTACCCAACATGCCGAGCATTCTTTCCAGGGGATAGGGGGTTCTCTTTTTTTTTTTCCTTTCATTTGGCATCTCAGAGTGCATACAGAAATGACAGACAAGGTTGAACATTTTCCTTGCTTAAGGAAAATAGCATGCATGGTGGATAGATATTTATAGAAGAATTGCATAACTGATATCTAGAGCATAAGATTCAATCAAATATTTTAATTTTCTCCTAACTTTTCTATCAATTTTCGGTTTCTGCGCGCGTTAAACCCCCCCTACCCCCCCAAAACTCCTAAGATCTCTAATATTCCTGTAAACCCCCCCGGAAACAGGAAAAGCTCTAGAAGTGACTATCAGCGCTTTAATTTATGCATAAAATATTACTTAATGTGTGTATATATAGTAT