**RT-PCR Sanger sequencing**

>CYP15A1\_CL9077\_Contig2\_RTSEQ\_1521BP

ATGATAGCATTTATACTAGTTTTACTCATTGTGGTTTCGCTCAGTGTTATCTACTTTCATCAGCTTGCTAAAAAGAAACCAGAAAATTTTCCACCAGGGCCTCCGACGCTGCCTATATGGGGAGGATATTGGTTTTTGCTTAAGGCACATTATTATCTAACACACAAAGCAGCTGAGTACTTGAGAAAAAAGTACAACTCAGACGTAGTTGGTTTTTATGGAGGCGATTTTCCTATTGTTATTGTTACTAGTCATGCTTTGGTTAAGCAGGCTTTAAATAAAGATGAATTCATTGGCCGCCCCGATATATTTGCGACCAGAAACAGAACTCTAGGCGATCTCTTAGGGATTATATTCACTGATGGACCGCTGTGGAAAGAGCAGAGACGTTTTTCTTTGCGTCAACTGCGTGATTATGGTTTTGGTCGAAGATTTACCGCCACTGAAGATTTATTTGAAAGAGAAGTTAAATCATTATTGGAATTCCTTCACACAGACCCTTCTCCAAATGACTTGGATGTGTGCTCAAAAAAAGGCCGTGTATTAGTGCCAGACCTATTTTACGGGCTTCTCTCCAATGCCATTTTGCACATGCTAGTTGGATACAGGTTTGACGAAAAAGAACTAAGAGAATTAGGACGATCTTCAGTGAGATTTTTGCAAAACACTGATACAACAGGCCGCGCCCTCAGCATCACACCTTGGATTAGATACTTTGCTCCAAAGTTCTTTGGTTCAACTCAAATATTTGAAGAGAACAAAAAAATCAGAGACTTCTGTCAGAGAAGTATTGATCAACGGAAATTAACCTTTTCGAACGACCACAAGACGGACTTTTTAGATTCGTTTTTCAGTAAAATGCAAGAATTACAGAATGAGGGTTTAGATCTTGGTAGTTTTACAGAGAAGCAGTTGGTTTGGACTTTAGTAGACTACTTATTCCCGGCTCCTAATGTCATTGGGCCTTCTCTAAATATGTTATGGATGCATTTATGTATGTTTCCAGAAGTGCAAGTAAAAGTGCAAGAGGAAATTGATCGGGTTGTTGGTAGATCTCGCTTACCAACGCTGGATGATAGAAAAAACATGCCATATACAGAAGCTGTAATTCGTGAATCTTTACGATTTGATCCGGTAGTTCCTATAAACACACCGAGAAAATGCTTAGAGGACACCACATTTGGAGGATATTTTATACCAAAAGGCTCGTTATTGCTGATTTCGCTGTGGAACGCCAACTACGATTCAAAAGTGTGGGATGAACCTGAAGTATTCAGACCAGAACGATTTCTTGATCAAGACGGTCACTTGTTAAAAAAAGACAATATACTTTCTTTCGGTGCTGGAAAAAGATTATGCGCTGGCGAGACGTTCGCAAGAAATTCGATGTTTTTGTTGTTGTCTGGGTTGTTACAAAACTACACGTTTAAACCGGTACACGGAGTACCTGACAGAGAAAGTAAACATTGGGGTTTTATTGTTGATATTCCTCCTTTTTGGGTAGACGCTGTAAGCCGTTGA

>JHE\_UNIGENE14277\_RTSEQ\_1245BP

ATGTTGTGCTTGTTGTGCCAAATTACAGACTGGGAGCGTTGGGTTTTTTTAAGTACCGGTGATGAAGTGTTACCTGGAAACAACGGCATGAAAGATCAGAGTTTGGCATTAAAATGGGTTGCAAATAACATATTGAAGTTTGGAGGGGATCCTAATAAGGTGACTATTTTTGGAGAATCTGCAGGCGGCGTTAGTGCTCACTTACACATGAAGTCGCCGTTAAGCAAAGGACTCTTTCATGCGGCAATTTCTCAGAGCGGCACGGTTCATGTACCTTGGGGATTAGCAAAACCAGGAGAGAATATAAAACAAGCTCAAAAGCTAGCAAAATCTTTTAACTGTCCAATTTCAAGTAGCCAGAGAATGCTTGATTGCTTGAAAAGTATTGATTCTTATGATTTAGTTGCCAAAGACAAAATATTTATGGAATGGGATACAGATCCAATGATTCCGTTTAGACCAGTTGTTGAGCCAGACTTACCTGGTGCATTTTTGTCAGAACATCCCAGCGAGATAATAAAGTCTGGAAAGTCATCACCAGTGCCGTGGATGACAGGAGTGACTACCGAAGATGGCGCATTGAGAGTTCCAGCTATATTTGGTAACCAACATTTGCTTCGGGAGTTGGATGAAGAGTTTAATCGATATGCTCCAATATCTTTGTTCTATAAAGATACCTGTACCAATCAAGACTATGTGTCTGACAAAATCAGAAAATTTTATTTGGGATCAAAAAAAATTGACAATTCTACACGGTATAATATTATAGATATGTATACTGATGGGTGGTTTATGCACGGTGCAGATGAATCTGTAAGACAACATTTGAAGTACACCTCCCAACCAATTTATTATTATTTGTTTGGACACCGCGGTGTTGCCAGTTTTAGCCAAATTTTTGGCGACCCACATCAACGTTATGGCGTATGTCATGCTGATGATTTACAGTATCTATTTCCTGTAGCAGATACCCTGTTTCCAGATCAAAAACAAGATGAGCTAGATAAGCGCGTAACTAACATAGTAACGACGCTTTGGACGAATTTTGCTAAATACCACGATCCAACACCTACAGTAGACTATATTTTACATGCAAAATGGGAACCAGTTAAATCAGAAAAGTTTGAATATTATTACATTGGTGGTGGTGTCCACTCAGGCAATGGTTTGTTGTGGGAAAGAGCACAGTTCTGGAGAAATTTGCCGATTAAATGGAACACTCAGTGCTTAAAAGATGAACTGTAG

>JHEH\_UNIGENE8839\_RTSEQ\_1389BP

ATGTCGTTTCTTAGTAAATCTTTTTTGTTTATAACAACGGTGACGGTGGTTTATCTGGGTATAAAATTATACCCATTGTTCACAATTCCTCCATTACCCGATTTAGACGAAAATGCTTATTGGGGACCAGGAAGCCCACCTACCAAACAAGATACATCTATTCGTCCATTTAAAATTAACGTGACAGATGAGGTGTTGAAAGATTTGAAGTACCGTTTAGAAACAGATCGTCCTTACACTCCACCCTTAGAAGGCATCCAACAACAATATGGATTTAACACAAACCTACTCAAAGAAATTGTTGAATATTGGAAAACTAAATATAACTGGCGCGAACGAGAAAAATTCCTCAACCAATTTCCTCAATATAAAACAAAAATTCAAGGACTGGACATGCATTACATACACGTAAAACCTAAAGTATCACCACAAACTAAAGTACTTCCTATGCTGCTCCTACACGGGTGGCCGGGATCTGTTCGAGAATTTTACAAACTCATACCGCTTCTAACTAAAGAAAGCAAGGATCGCGATTTTGTATTTGAAATTGTCGCTCCTTCTTTACCGGGCTATGGATTTTCGGAAGGATCATCAAAAACAGGCCTAGGTACAAACGAGATTGCAGTGATTATGAAGAATTTAATGGCACGTCTGGGTTTTGATAAGTTTTACGTAGAAGGTGGCGACTGGGGTTCTGTTATTGTTACTGATATGGCAATATTGTTTCCAAAAAATATCTTGGGATTGCATTCAAATTTATGTAGAGCTTCAGGATTTAAATCTTTTTTAAAAGTGTTAGTAGGTAGTTTATATCCTCCTTGGTTTATTGAAAAAGAATACGAACACAAAATGTACCCTTTGACTTCACATTTCTACTTTTTAATAAGCGCATCGGGATATTTCCACTTACAAGCTACTAAACCTGACACTCTCGGTGTTGCAATGGGACAATCGCCTAGTGGTCTTGCCACTTACATCTTACAGATGTTTTCGCTTGGTACTAATACAACTTATATTGCCAGAGAAGATGGAGGTTTAAAAGAAAAATTTACCTACGACGAGCTTTTAGATAATGTCATGATTTATTGGATCACAAATTCATTTACAACAGCTATAAGACTGTACGCAGAATGTGGTCCAAAGGCTTTTACTCTCGCGACAACAAAAATACCAATAAGCGAAGAAGTTCCGTGCGCTTGTGCAAGAATGGGATTTGAAATTAGTTATTTTACCGATTGGATTCTAAAAGATAAATATCCAAACTTGATCCAATCTACGGATTACAAAGTAGGTGGACATTTTGCTGCAATGGAAGAACCTAAACTTTTTGCAAACGATATATTGATGGCTGTTGAAAAAATGGAAAAAATAAGAAACATCAGAAAATAA

>JHEH\_UNIGENE9157\_RTSEQ\_1383BP

ATGGCGTTCCTCCGGAAAGTGTTTTATCTTATTCTTACGTCTTTTATCGTTTATGTAGCGTTTCAAATCAATGCATCATTAGAAATACCTCCAATACCCAATTTAGACAACGAGTATTGGGGACCCGGTTCTCCTACTAAAGATGACATCGCAATAAGACCGTTTAAAATTAACGTTCCCGAACAGGTTCTAGAAATTTTTAAATCTAAGTTAAATCAACCGCTTGCATTAACACCACCGCTAGAAGGAATCCAACAGCAATATGGAATGAATACAGAGTTATTAAAATCAATAGTAGAATATTGGAAAACTCAATACAATTGGCGCGAACGAGAAAAATATTTAAACACGTTTTCTCAATTTAAAACCCAGATCCAAGGCCTAAGCATTCACTTTCTTCACGTGAAGCCCACCGCGACAGATGGGAAAGAAGTCATACCTTTACTTTTAATTCACGGCTGGCCTGGATCTGTCCGCGAATTTTACGATCTAATTCCACTTTTAACCACCCCTCAGAAGAATCATAATTTTGTTTTTGAAGTCATAGTACCTTCGCTGCCTGGATATGGATTTTCGGAAGGATCGTCAAAACCCGGTCTTGGATCAGCACATATAGGTGCTATATTTAAAAAACTAATGCTTCGATTAAGTTTTAATAAATTTTACGTTCATGGCGGTGACTGGGGAGCTATGATTGCACAGTTCATGTCTGGTTTTTATCCAGAACATGTATTAGGAATGCATTCTACTATGTGCTCATCAAACACATTATTATCACAATTGAAAATGTTTATTGGTAGTGTTTATCCTCCTTTAGTAGTAGACGAAAAACATCAGCACCTAGTATATCCACTGAGCAAATTGTTTTCAAACATAGTTTTGGAATCTGGTTACATGCATATACAAGCCACAAAACCTGACACTATTGGTGTTGCTTTGAGCGACTCGCCTATAGGGTTAGCTGCGTATATACTAGAAAAGTTCACAACATGGACCAATCCCGAATGGAAAAATAGAGCTGACGGTGGTCTATTAGTGAAATATAATTATACAGATCTCTTAGACAACGTTATGATTTATTGGGTAACTGGAAGTATTACAACTTCCATTAGATTATATTCAGAAAGCTTAAGCAATAAGTACCTTAATAATCATTGGGAAAGAATACCAGTTCAGGTTCCTACAGCTTGTGCTAGATCCGATAAGGATTTATTCTATACACCAGACGCATTATTGAAGGATACATTTAAAAAACTAGTTCAAGTTAAGGATTTATCAGAATGTGGCCATTTTTGTTCTTTTGAAGAACCGCAGGTAATAGCAGGTGACATTTGGCCTGCTGTAGAAAAATTTCGAGAAGTTCATAAGAAAATTAAGTCTTAA

>JHDK\_CL987\_RTSEQ\_549BP

ATGGCAGATTTCCGCAAGAAAAAACTACTTTACGTTTTTAACGTCTTTTTTGATGTAAACCAAAGTGGGACTATTGATAGAAAAGATTTTGAGTTAGCTATTGAGAAAATTTGTAAGTTGAGAGGATGGGCTCCTGGAACTGAACAATACAAAAAAACGTTTGATAGCCTTATTCAAATTTGGGATGGACTTAGAAACCGAGCTGATGCTAACAAGGACGGACAAGTTAGTGTGGACGAATGGTGTTTAATGTGGGATGACTTTGCTAAAGCACCTAACAATCCTTTGGAATGGCAAACTCAATATCAAAAATTTATGTTTGATTTAGAAGATGCTAGTGGAGATGGTGCTATTGATGCTGAAGAATTCACCAGCGTTTGTTCTTGCTACGGATTAGAAGCTTCTGAATGCAGAAATGCTTTCCAGAAGATGTCTTGTGGAAAAGCCAGTGTTTCTTACGAGCAGTTCCAATCTTTGTGGAAACAATATTTTGTTTCTGAAAATCCATCTGATCCTGGCAACTATATTTTCGGCAAAACCAATTTTTAA

>PHM\_UNIGENE12481\_RTSEQ\_1455BP

ATGATGATCTACATTTTGATCGCGTTGTTGGTTTTGACTTTGACCTTTTGGTGTCTGCAAAGAAAGCTACCGCCTGGTCCGTGGGGTCTACCAATTCTTGGTTATCTACCGTTTTTAAATCCGAATGCTCCACACGAGACGTTAACCGAACTAGCGAGAAAATATGGAAAAATTTATGGGCTACGACTGGGAAGCATTTACACTGTTGTTTTATCCGATCCTGCAATGATTCTTAGTGCTTTCTCCAAGGATAAGCTTACAGGACGAGCTCCTCTTTATGTTACTCATGGTATTATGGGTGGATATGGTATTATTTGCGCTGAAGGTAATATGTGGAGAGTACACAGGAAATTTACCGCAAAGTGTTTGAGGTTATTTGGGGCAACTAAATCTTCTGGTTTGAAAATGCAAAATTTGGAGGAATTAATTATGAAAGAGGTTCAAGACTGTCTAAGCAATCTTAGGGAAGATTTAACGGTGGATCCTGCTAAATATCTTCAACATAGCGTAGGTTCAATTATGTGTCGTTTGGTTTTTGGCAAGGCTTGGAGTAAAGATGATCCCACGTGGCTTTGGCTGCAACACTTGCAAGAAGAAGGAACTAAGTTGATAGGCGTAGCTGGTCCGCTTAATTTTTTGCCGTTTCTGAGATTTGTTCCCGCCTACAAGAAGGCAATGCACTTTTTACTCGACGGCAAACATAAGACTCATAAGATTTACGAGGAACTGATACAACACCAAAAACAAACGTTTGAAGTAAAAGGCGATGCTAATCCCGAGAACGTAATACAAGCGTTCTTACGTGAGCTGCAAACAACAAACGATGCAGAATATTTCACCAATGAGCAATTCTACCATCTACTTGCAGACATTTTCGGAGCAGGGTTGGACACAACGTTAACTACTTTACGTTGGTTCTTTCTCTATATGGCGGCTTACCCAAACGTCCAAAAAGAAATCCAAAAGGAATTAGACACTGTTCTTATTAACCGTCTACCAACGCTTAAAGATGCCCAAGTACTACGTTTGACGCAAGCAGCCATCGCCGAAACTCAACGTATTCGATCAGTTGTTCCACTTGGTATCCCACACGCAACCACTGATAGCATTGAATTATTTGGTTATTGCATCCCCAAAGGCACCATGGTCGTACCCTTACAATGGGCTATTCACATGGACCCAAACACGTGGAAAAATCCCCAAGATTTTAACCCCAATCGGTTTTTAAACGAATTCATGCACTTCTCCAAACCAAAGGAATTCATTCCTTTCCAAATTGGTAAACGCGTGTGCTTGGGAGAAGATTTGGCCAACATGATCATGTTTCTGTTCACCTCGAGCATCCTCCAACAATTCGAAGTGTCAAAACAAGAAGATCAAGTGGATTTGGATGGTGAAATTGGTATTAGCCTCACGCCCAAGTACCAAATTCTTTCTTTTAAATTAAGATCCTGA

>SAD\_CYP315A1\_UNIGENE15996\_RTSEQ\_1422BP

ATGATTTGCCGGTTCAATAAAATCACGCACGCACACGTATTTAAAATATCACCAATTAGATGTGAAAGTTCGGCCACGGTGCTGTTAGATTATCAAAATATACCGACGGCGAAGGGGCTACCTCTGATAGGAACGACGCTAGCCCTAATAAGTGCGGGAGGTGCGCCTCGTCTACACATCTACGCAAACAGGCGACACCAGCAACTCGGACCAATTTTTAAAGACAAAATCGGACCCGTAAGTGCAATTTTTTTATCCGATCCCGAATTAATGCGCTCGGTTTTCGCGCAAGAAGGAAAATGCCCGATACATTTGCTACCCGAAGCTTGGAGTTTGTACAACGAAAAAAACGGCTGCTCCCGCGGGCTGTTTTTCATGAACGGGGAGGAATGGCTCAACAATCGCAGGATTATGAATAAGTTGTTGTTAAAAGGCGACACACGATGGATCGAACGTGCCTGTGAAATCGTAAGCGAGGATTTAGTGCAACGCTGGAAAAAATTAACTTCTCACGAAGAAGTACTTCCACAACTGGAAGCGGAACTGTACCGATGGTCCCTAAACACAATCGTCGCCGTACTATTGGGAGAAAACGACTACGAAAAGCAAAAGACTGAACTCGATACCCTCTTAGAGGACCTGTCAAGAACCGTCCATTTAATCTTCGAAACCAGCGTTAAATTCCAGGTGTTCCCTGCTACAATTGCACAAAAACTGGCGCTACCCTCTTGGAAAAGGTTTTCGAAAACCGTCGACAATGCTTTGCGTCTAGCCAACGAATTACTCGCCGTTTTAAGAAAATCGAGTTTGGACGACCAAGGGTTGTTATCGCGAATGCACCGGGAGGCCATCGACGAAAAAGACATCACGCGCATTATAATTGATCTGGTTCTGGCCGCCGGTGACACAACCGCTTACACCATGTCCTGGATTTTATACTGCTTAGCAAAAGATCCCCAAGTGCAACAAAGCGTGCTCGAGCGTAGCAACCAAACGACGCACTTAAAGAACGTCATCAGAGAGACGCTGCGTTTGTACCCGGTCGCGCCGTTTCTAACCCGCGTGGTTCCACAAAACACTTTAGTAGCTGGTTACGAAATACCGGCAGGTACCTTAATGATTTTCTCGATTTACACCAGCGGACGCGATCCCAGATACTTCCAAAATCCGAACGTCTTCCATCCTGATCGTTGGTTACGCGAAAACAGCACGGCGAACATGCAACAAGTCTGCATACCCTTCGGATTTGGTGCGCGCTCGTGCATCGGAAAAAAAATCGCCGATTACCAGCTCCAAACCTCCATAGCAAGAATTCTCCAAAATTTCACTCTGGGTTTGGCCAACAAGGAGGAAGTTGACATGGTCTTAAAAATGGTGGCCGTGCCTTCGAAACCTATAAGACTGAAGCTCGATCGTATCTAG

>SHD\_CYP314A1\_CL7713\_CONTIG2\_RTSEQ\_1479BP

ATGCTGTTTGACATTTCACGAATTCAAGATGTTTTTGCGATATTCGCTTTAATAATTTTATATCTGCTTGTTGGATATCGTCCACCTTGGTTATGGAAACACTATGAGAAAGATCGAAAAACCATAAATACTGTTCCAGGACCTTTTTCTTTGCCTTTTATAGGCACTCGTTGGATTTATTGGTTTGGCAATTACTCTTTTACAAAAGTACATGAAGTATATGCAGATTTATTTAAACGATATGGTTCAATTATTAAGGAGGAAACTTTATTTAACATTCCTGTTATTAGTATTTTAGACCGTAACGATATTGAAAAAGTTTTAAAATCTAGCGGAAAGTTTCCAGTAAGGCCTCCTACAGAAGTAATAGCTTATTATAGAAAAACTCGTCCTGATAGATATGCTAGTGGTGGACTTGTTAATGAACAGGGTATGGTATGGCATCATTTACGCACAAATTTAACTTCAGAACTTACTAGTCCACGAACCATAGCAAGCTTTATACCTCAAATTGATGAAATAGTTGAAGAATGGTGCTATTTAATCAAACAAATGAGAATTGAAGGAAAACAAATTGATGACCTAAAACCTTTAGCTGAAAGGTTGGGGCTTGAAGTTACTTGCGCTTTGGTATTAGGACGTCGAATGGGATTTCTGTTGCCTGATGGTATATCACCAAATGCTCAAGCATTGGCAGATGCTGTTCATCAACACTTTTTAGCATGTCGTGACACCTTTTATGGACTGCCATTTTGGAAAGTATGGACAACTCCTGCATATATGCATTTGGTGGAAGGTGAGGAAGCAATTTACACTTTTGCATTGGAATTAATTGCTAGTGCTAATGAGGAAACCAAGGAAAGTGTTGTTTTTCAGTCTGTTTTGAAAGCTTCTGTGGACGATCGAGAAAAAACTGCAGCAATAGTTGATTTTATAGCTGCAGGCATTTACACTTTAGGCAACTCAATTGTATTTTTGTTACATTTGATGGGCAGTAATCCAGAATGTCAGAAAAAATTGATTGAGGATCTCAACAAAGGTTCTACTACTTATCTTAAGGCTTGCATTAATGAAGCTTTTCGATTGATTCCAACAGCATACTGTTTGGCTAGAGTCTCTGAACAAGATCTGGAATTGTCAGGTTTTCACATTAAAGCAGGAACTGTTTTGTTATGTCATACGGGTTTAGCATGTAAGAATGAAAGTAATTTTAAAGATGCTTGTAGTTTTAAACCTGAACGTTGGATAGAAGAGTCGAAAGCAAGTACTATATCAACCGCAACCTTTTTAGTAACACCTTTTGGTGTTGGAAAACGTATATGTCCAGGTAGAAGATTTGTAGAACAAGTTTTAACCTCTTTGCTAATCAATGCAGTGGAACAATTTATTATCTCGCGTGACAATGATCTAGAGTTACAATTTGAATTTATATTAGCTCCAAAGGGACCAGTAAAAGTCTTTTTTGAAGATCGCCACTAA

>DIB\_CL5335\_CONTIG10\_RTSEQ\_1506BP

ATGTTGTATTTTAACACACACAAAAAAAATATTTTTATACGTATTTTAAGCACTCGTTATGGGTCCACAAAGAGCTTCCTTCACATTCCAGGACCTTTATCACTGCCAGGTATTGGTACATTATATCAGTATTTACCTCTTATGGGTCCTTATAAATTTGACCGATTACACTGGAACGGTTTCAAAAAGTTGAAGAAATATGGTCCAGTTATTCGCGAACAAATGGTACCTGGTGTTAACGTTGTTTGGCTGTTTAAGCCTGAGGATATTGAGATAATGTTTCGTTCTGAAGGGAAATATCCTCAAAGGAGGAGCCATCTTGCTTTAGAAAAGTATCGTTTGGATAGACCCAATGTGTATAACACTGGGGGTCTTTTACCAACTAACGGTCCTGATTGGTTAAGGTTAAGAAGTATTTTTCAAAAAGGTTTAAGCAGCCCAAGTGCTGTACATAACTTTTTACCTGAATCAAATGAAATTATTCAAGAATGGTTGTACAGATTGGAGGAAATATGTAAAACACCAGATTTAATTTATGCTAATGAACTGTCTCGATTGTTTCTAGAATTAATTTGTCTCGTTGCTTTGGATTTGCGAATGAACAGCTTTACCAAAAGGGAATTACGACCCAATTCTCGATCGTCTAAATTGATGAAAGCTGCTTTAACCACAAATAGTTGCATTTTAAAGACTGATAATGGACCACAACTTTGGCGTAAGTTTGAAACTCCGTTATACAAGAAATTGCGAAAATCTCAGGAATTTATGGAAGAGGTAGCTATAGATTTGCTCTCATTAAAAATGTCTTTCTTTAAGGAAGACAATAAAAAATCAGGATCATTGCTGGAGAGTTATTTGTCTTGCCCTGATTTAGATTTTAAGGATATTATAGGTGTTGTCTGTGATTTTCTACTGGCAGGTGTTGACACAACTTCTTATACAACTAGCTTTATTCTGTATCATCTGGCAAAGAATAGGCTTAGCCAAAGCACGTTATTTCAAGAATGTAGAAGACTTTTACCTAAGCCAGATAGCCCTGTGACTAAGGAGGTTTTAAGTCAAGCTCAATATGCAAAGGCTGTTATAAAAGAATCATTACGTTTAAGGCCGATATCAATAGGGATAGGACGTGTTCTTGACAAAGAAGCACAGTTCTCTAACTTTACCGTTCCACGTGGGACTGTTGTAGTTAGCCAAAACCAAGTATCTTGTCGTTTGAAAGAATATTTTACAGATCCAAATGAATTTAGACCTGAAAGGTGGTTGAAAAATCACAAGTACTATCAACAGCCACATCCATTTCTGGTAATACCATTTGGACACGGTGCTCGTTCTTGTATTGCCAGAAGGTTGGCTGAACAAAACATGCTTGTATTTATTTTAAAGTTAACCAGAAACTTTAAATACCGGTGGGATGGATCTGATATCGATACAAAATCTTTCTTGATAAATCAACCAGATGGACCAATATCATTAATAATGGAAAAACGTTCCGAAGATTCATGA

>SRO\_UNIGENE10748\_RTSEQ\_1110BP

ATGGGTTCGAACTTTTCTTTATCTTCAATTACACTGACTGCTTTTGAAATCATAAATGAAATTTTTATTGCCGTTGGTACTGGATTGACCGGTATTGTAATTTTGCTAAATCACGGTGTGAAAAGCAACGAAGTTTTAAAAACGGTTCTTATTTCAACTGTGACGATAAGTTGTTTGTTTTTTTACTTTCAATCAAACGAAAGTACAGAACCATCAGCTGATAAAGTTGTTTTTATTACTGGATGTGATTCTGGCTTGGGTTATTCGTTTGCGCAACATCTGTGTGAATTGGGTTTTACTGTTTTGGCGGGTTGTTTAAGTTTAGATTCTAAAGGGGCACGAAAATTAAGGTCTTTATTTGGAGATAAAATTAAACATATTGAATTGGATGTTACAAGATCCACCAGTGTTGAAGTGGCCGTTGACGTTGTAAACGAAATTCTTAAAACTCACCCGAATTATGAACTATGGGCAATAATCAACAACGCAGGTGTTATGGTTTTTGGCGAATTTGAATGGTTAACTGAGAAACTTGTTCAAAAACAACTTGATGTTAATCTTTCGGGTACGTTTAGGTTCACAAAAGCATTTTGTCCTTTACTACGCCAACACAAAGCTAGGCTTATCAACATTTCAAGTCACTGTGCTTTAGCGTCTCTTCCAGGCTTATCAGTGTACGGAGCTACCAAAGCAGCTCTAAAAGGTTGGAATGACGCTCTACGAGTGGAGTTGAACAAATATGGAGTGGATGTTATTCTTTTTGTGCCGGGTTCGTTTATACAACAAAGTAATATAATGGCATCACAAGTGGAAAGTTGTTTTGAAATGTATAATGCTTTTACGAAAGAGCAATTACAATTTTATGGAGATTATTTTAATCGGTATAGCAACTACTTAAATGTGTTGGCTGGTCCCAAAATTGTTGAAAAGATTGACGACGCTTATCTATATTTTAAATTAGAAAAAGCTTTATTGGACATGCCACCATCGCCTGTATACATTCACGAAACATTTTACTATAGCGTGTATCACATGCTTTTTAAATACAGCCCTATTAGAGTTAGAGATTATTTAATCAAGCGGTTTATGCAAATGCCTTCCTATATTTAA

>SRO\_UNIGENE21598\_RTSEQ\_1182BP

ATGAGTGGACCGTTTAAAAGACGAGCTTCTCTTAAGAAGCCGGTTTCTTTGGGTTTAGTGAAATCTGCAGCTACTCGTAGGAGGTCGTCCGTTACAGCTTTAGCACCCATTCCTCAAGTACAACAAGATGTTCCGTGGGATCTTCTAGAAAGATGTTTTTTACCTGTTCTTTTTTGTCACGCTGCCGCTGTAGTTGTTAGTTATACCCTTAGTGTACTTCGAATATGGCAAGTAACAGCGTTTTCGTTATTTATATGGTTTACAATAGTTATGCTGGGGGTGGTGCTGTTTTATCACAATCTAAAGGTTGCTACAGTCGGGAAAGCAGTATTAATAACTGGTTGTGACTCACGAATAGGAAGTGCTCTTGCCAGAGTTTTAGACGATCTTGGATTTACTGTCTTTGCAGGATTTCAAAATGCGATGGATAATCCGGTTGCAAACGAATTAAAAGAAGAATCTTCAGGCCGTCTACATATTTTACAATTAGACGTATCATCAGAAACACAAATTTTAGCAGCATCTCTATACGCAACTGCACATTTACCAGACGGCGCCGATGGTTTATGGTCTGTAATACATGCGGCTTCCTGGATTGCTTTAGGAGAAATTGAATGGATTCCTGTTGACATCATACGAAAAGCTACTGATATCAATTTTATTGGCGCTACCCGTTTAATGCAAGTCATGCTACCTTTAGTAAGAAGAGCAAAGGGTCGTATTGTTCTTGTAACCTCAGGACTTTCAAAAGTTGTGTCACCTGTACGTGGAGTTCATTGCGCACTTCAAGCAGCGTTAGAAGCAGAAGCTGTTTGTCTCAGACAAGAATTAAAACCCAGAGGAGTTGATGTTATTGTTGTTGCACCAGGAGAATACTCATCGGGAAGCTCTTGGGTAACTGAAGAAGGAATTCGCGAACAAGCTCGAGAAATGTGGGAACAGCTAATGGAAGAACAAAGACTCGAGTATGGAGAAGAATATTTTGAAACCGCTGTAAGAAGTTTAGAAAAATACACAAAATCTAAGGATGCTGATTTATCACCAGCACTTCGTGCTTTATCCGATTCGGTAATAAGGACTTTCCCGTTACAAAGATACACACCGATCAACAGACAAGAAAAGGTTCAAGCAACAATCGCCACTTATCTACCAAGATCTATTTACGACATTATTTATTCATAA

>FPPP\_UNIGENE19505\_RTSEQ\_915BP

ATGTCAATGAAAAATTTATTTGATTTAAATTCAGAAGATTTATCATCGTTCTTTCAATCTTTTGACATCGTTCTATGTGATTGTGATGGTGTTTTGTGGTTGGGGCACATACCAATACCTGGAGTAGAAGAAACGCTTTCTACTCTAAAAGAGTGTGGCAAAAAAGTTTATTTTGTCTCTAATAACAACACTGGAGGAGTAAAACATGTTTTAAATGGTTTGCACAAAATTGACGAAAATATCGAAGAAAACGATGTGGTCATTCCAGTACAAGCAATTATATCGTTTTTGAAAGAGCTCAACTTTAATAAGAAACTCTTTGTATTAGGCACCAAAGCTATGAAACAGAGTATCGTGGATGCTGGTTTTTCTTTGGCTGACTCTGAGAGTACAGACTTCATGGAGATGATACACACGTATAGGGACGATAAAAAACTAAATAAAGATATAGGTGCATGTATACTTGACATAGATTATGAGTTATCATATAAGAAGTTGACAGAGTTTATGGTTTATCTCAATGATAAGGATGTTCTTTTTATAGTTGGTGCTACTGATAGATACCTGCCACTTTCAAGTAACAAGACTCTAATAGGACCTTGGTATTTTGAAAATATGCTACAAGAAAACACTAATCGTACTTCGATGCAATTTGGAAAACCATCGTTGAACCTTAATAAATTCATATTGAAGAAGTATAATATTAAAGATCCTTCTAGAGTTTTGGTTATTGGAGATTCGTTGGATCAGGATATTCAATTTGGTATAAACTCAGGTTACCAAACGCTGTTGGTGTTAACGGGCGTTACTAATTTAAAACACTTGGAAAACTGTGCTACTGATAAAACTCCTGACTATTACATAAATAGCGTGGTTGATCTTAAATCCTTGATTAAAGATAAATTAGAAATGTAA

>FPPP\_CL2037.CONTIG1\_4\_5\_RTSEQ\_918BP

ATGTCCTCAAGAGACTTAACCAGTTTGTCTGCCTCGGAGTTAAGAAATTTCTTGAATTCGTTTGACACAGTTTTATGCGATTGTGATGGTGTACTATGGAATGTTGGAAATTCCATACCAGGAGTGACAGCAGCTCTCCAAAAGTTTAAACAATGCGGAAAAACGGTCGGTTTTGTTTCCAACAACAACCTATACGGCACTAGAGGTCTTTACAAAACCATCAAAAAGTATGATAATGAAGTTGAAATGAAGGATGTTGTTGTACCTGCTCAAGCAATTGTTGCTTATTTCAAAAGTATTCACTTTGAGAAAGAGATATTTATATTCGGAAGTGCAGCTATGAAAGAGGAATTTGAAGAAGCAGAGCTAAAAGTCGCAAACAAAAAGATAAGTACAAGCAGAAACATAAATGACCTAGTCAAAGAATTAAAAGCAAATAATGAGAGTATTGGTGCAATCGTGTTTGATTACGACATCTTTATAAATTATTTAAATCTGGTACAAGCCGTCATAATTCTTAAAGAAAGTAACGTTATTTTCGTCACTGGTGCAACAGATGATAAAGTGTATATTGATGATAATTTAGTAGTACCAGGACCCCAATCGTTTTTAAACGCTTTATTAAGCGTCTGTGACAGAAATCCGATCCAATTTGGCAAACCATCAGAAAATCTAGCTAAATTCATCAAATTGAAGTACAACATTCAAAACACATCACGAGTTTTGTTTGTGGGAGATTCACTTGCACAAGACATTGAGTTTGGTGAAGCTTGTGGCTTTCAAACTTTATTGGTATTAACAGGAGTATCGACATTAGCTGATGTAGAAAACAGCAAAAATATAAAAGAAGTGCCAAATTATTATATCGATAGTTTATCAAGCGTTAAAGAAGTCATAGAGAATAAGTTAAGCATATAG

>FOHSDR\_CL8545\_CONTIG2\_RTSEQ\_765BP

ATGGTCGCGTCTATGTCAAGGTGGGTCGGAAAAGTCGCTGTTGTTACAGGGGCTAGTTCCGGAAGCGGTGCCGCAATCGTAAAACGATTGCTGGAAGAAAATGTCATAGTTGTAGGTATTGCAAGACGCAAAGAAAAAATTGAAGCTTTAAGTGACTCAAAAAACTTGCATGCTATAAAGGCCGATGTAACAAAAGAAGAAGAAATTTTGCAAGCGTTTAAATGGATTAAAGACAATTTGGGACCTATTCATATTTTGGTTAATTGTGCTGGTATAATCAGAATGACAAATTATCTTGACGGCGACACAAAACATTGGAAAGAAATGATGGATACTAATTATCTTGGTTTGTGCATATGTACAAGGGAAGCTGTTAAAGATATGCGAGCTAATAACGTTGATGGTCATATTATTCATATTAACGATATTGCCGGATACAAGTTAATAGGTGTAGAGCATATGAACGTCTATTGTGCGAGTAAATACCCAGTAACTGCTGCTTTAGAAGCATTGAGAGTTGAATTAAATGCAATCAAAAGTAAAATTAAGATTTCCGGAATCAGTCCAGGGTATGTAACCACAGAACTGCTCGATGCTTGTACTAAAGTCCAACCAGAAATGAAAAAGTTTTTTGAAGAGTTTGACGATGCAACTGTGTCTTTGTCAGCTGAAGACGTAGCTGATACTGCAATTTATCTGTTATCTACTCCTCCTCACATTCAGATCCATGATATAATCATACGACCTGTTGGGCAAGACTTTTAG

>FOHSDR\_UNIGENE12692\_CONTIG2\_RTSEQ\_750BP

ATGGTTTTGTCTATGGAAAGATGGGTTGGAAAAGTTGCTTTAGTAACAGGTGCGAGTGCTGGATGTGGCGCAGCTATTGTAACTCAACTGGTAGAAAATGGGCTTAAGGTTATTGGATTTGCTAGACGCAAAGAAAAAGTTGAGGAGATTGCTAAGTCCTTAGAAGGAAAACCGGGTAAGCTATACGCTTACAAGGGTGATATTACAAAAGAAGACGACATACTGAACTGCTTTAAATGGACTAAAGAGAATGTAGGTCCAATCAGTGTACTAGTAAACAACGCTGGAATTAAAAGAAACACCAATTTAACCAGCGGAGATACAGAGCTCTGGAGAGAAACTTTTGAAACAAACGTTATCGGTCTTTGCATTGCCACAAGAGAAGCGGTGAAAGAAATGCGGACTAATAACATTGATGGTCATATCATTCATATTAACAGCTTAGCTGGTCATAGAATCTCTACTGTTGTTGTTACAAACGTATATCCTGCCAGTAAGTTTGCAGTTACAGCCTTAACTGAAACTTTAAGGCAAGAACTGAACACCATTGGAAGCAAAATTAAAATAACTAGTATTAGTCCAGGAGCTGTTAAAACTGAGTTCAGACAAGCATCCAATTTAAAAGAGGACGAAGAAAAGTTAGCTAAGAAGCCTATTTTGGAAGCAAATGATGTGGCGGATGCGGTTACATATGTTTTGTCGACGCCTCCGCATGTACAAGTGCACGATATTTTAATTCATCCGTTGTAA

>ALDH\_UNIGENE21948\_RTSEQ\_1494BP

ATGGAAAATCCGAAAGTTTTAGTAGAAGAGGTAAGAACGGCGTTCAAAAGTGGACGCACAAAATCTTTAGCTTTTCGAGAACAACAGCTAAAAAACTTAATTCGTTTCTTCAAAGAAAATAACGATGAGATTATAACTGCGCTACACGTCGACATGAAAAAGAATGAACATGAAGTCATATTGTTTGAAACTGAAGGTAGCTTGAAGAAAATAATGTACACTCTTGAAAATTTTCGAAACTGGGCAGAGTTTGAAAGACCACCCAAATTTCTTTTAAATTTGATGGATGAAGTTGTAATTTATAAAGAACCTTATGGTGTTGTTCTTATTATTGTACCTTGGAATTATCCTGTATTTCTCACTATGGCACCATTAGTTTCTGCTATAGCAGCTGGTAATTGTGTTGTTATTAAACTATCTGAAATGTCACTTGCAATTAGTAATTTAATGGTAAAACTGCTTCCAAAGTATTTAGACCAAAATTGTTACAAAGTAGTTATTGGGGAGCCTGAAGAATCCAGCCGCCTATTAGAACAAAGATTTGACTACATATTTTTTACTGGTTCTTCAAGAGTCGGAAAAATTGTACATGCAGCTGCTAGTAAACATTTAACACCAACAACTTTAGAAATGGGCGGAAAATGTCCTGTTTTTATTGATGATAACGCTGATGTCAGCATAGCAGCTCATCGTATCCTATCGGGAAAATTTGTTAACGCTGGACAAACCTGTGTAGCACCAGATTATGTATTGTGTAACAGAAGCGTTGGGCAAAAATTTATAAGTGAAGCAAAAAAGGTGATTAAAGAATTTTATGGAGAAGATGAATCTAAATCTTCTTTTTATCCGCGTATTATTAACAATATTCATTTTGATCGTCTGTCAAAATATTTAAAAATAGACAAAATTGCGTATGGTGGAAAATCTGATAAAAACGATCTTTTTATCCAACCAACAATCTTGGATGACGTTAAGCCTACTGACGATGTCATGCAGGAGGAAATATTTGGTCCTATTTTACCTGTTGTTTATGTAGAAAATGCCCAAAAAGCTATTGATTTTATTAATTCGAGAGAAAAACCCTTAGCTTTATACGTTTTTACAAAAAATAGAAGTATTTACAAATCGTTTTTGGAGAACACTTCTAGTGGAGGTGTGACAATTAATGACGTTTGTATGCACGCGCTAATTGATAACGTACCATTTGGAGGAGTAGGATTTAGTGGAATGGGTTGCTGCAACGGACAATACGGTTTTGATATATTTGTCCACAAGAAAAGTGTTCTTGTTAAGAAATTGAATTCTTTTCAAGAAAAATTATGTAGTTTACGTTACCCTCCTTATTCGGATTCTAAGACAAACAAAATAATCCAAGTGTTAAACTTTCGTACGCCTTTTTCAACCAAATACTTTTCGTATCCTTTAATTTTTTCGTTTGTTGTATTGTCCGCTATATCTTTTAAGTATATGATAAATTTTTACAATAAGAAATAG

>JHAMT\_UNIGENE9200\_RTSEQ\_810BP

ATGAATTACCCAGAATTATACCTCAGTTTTGAAAGTTTTTCGAACCAAGGTTCAGAAGCACTTATTAAAAAGTACTTTAAGTTAGGTGGTTCAAAAAAAGATGGTGAAACTAACGTATTGGACATTGGGTGTGGACCCGGAAACATCACCCAAAACGTTGTTGTCCCGATCTTCAAAAATTGCGCTCGCAAAATGGTAGGCATCGACGTATCGCAAAAAATGGTCGATTTCGGAAACGCAACGTACGGCAACGACTGGTTTTCGTTTAAAGTGTGTGATCTCGAAAAAGAAACTCCGCAAGAATTCATTTCTTATTTCGATTACGTGTTTTCGTTTTGGGCCTTGCAATGGATTCAAGATCAAAGGCAACTGTATAAAAACATTTACAAAATAATGAAACCCGGGGGTCACATCTTCTTAACTTACATAGCGCAAAGCAAACTGTACGATATCTACCAGTCGGTTTGGCACAAACCGGAGTACGCCCCCTACATCACCAATTTTCAACAAGCTCAATCGTGCTTCCAAAAATCGAAGGATCCCAAAAAGGAGCTGGAGGTGTTCGTAAAAGAAGCCGGTTTCGACGTCAACATGATAAAAATAGAAACAGTTCAACTAAACAGCTCCTTCACTGACTTCAAAAACTTTTTAGCTTCTATCAGTCCGGTTTCACATCAAATTCCGGAAAATCTTAGAGAGAAGTTTTTGATGGATCATGTGCAAGAAGTTGATAGGAATCCAGGAGCTGAGCCTCCCAACGATTACTGCATGGTTTTTGATCTATTTGTTGTTTATGCTAAGAAAAATTGA

>CYP18A1\_CL2776\_CONTIG3\_RTSEQ\_1587BP

ATGTTTGTGTACGGTTTTTGGTTATTGTGGGGTGTTGTGTCGTCGCAAATATCGGCCAGTGTTTTAAGCGTATTTTTTGTTGTGTTATTAATTGTTCGAATTATACAAATGATCCAACAAACGCAGTCGTTACCACCGGGTCCCTGGGGTCTACCTATTGTCGGATCGCTGCCGTTCCTGAAAGGCGATCTTCATCTACACTTTCGTGACTTAACGCAAAAATACGGCTCTCTACTGTCTACCCGTTTGGGATCACAACTAATAGTAGTGTTAAGTGACTACAAAATGATAAGGGACGCGTTTCGCAAAGAAGAATTCACTGGCAGGCCGTCCACTGAATTTACTAGCATACTAGAAGGCTACGGTATAATTAACACGTCAGGAAAACTGTGGAAAGACCAACGAAGGTTTCTGCACGACCGTCTAAGACGTTTCGGCATGACTTACATCGGCGCCAGAAAAACGCAAATGGAAAATCGCATCATGACCGAAGTCGAAGAATTCCTGTGCATTTTGCGCGCCAAAAAGAACAGCCCGATCGACTTCAATCCGATTCTTGCCGTATCAATTTCGAACGTCATCTGCGACATCATAATGTCTGTGCGATTCTCGCACAACGACGCTCGTTTCCGCAGATTCATGGATCTCATCGACGAAGGCTTCAGGCTATTCGGTTCCCTAGAAGCGGCCGTCTTTATACCAATCTTACGTTACCTACCCGGGTTGCAAAAAACTCGCCAGCAAATCAGTAAGAACCGACAAGAAATGGGTCAATTCTTACAAGAAACAATTAACGAGCATCGTAGAACTTTTGATCCTAGCCATTTACGCGATCTTCTCGACACCTACCTTTTTGAAATTCAAAAGGCGAACGAAGAAGGCACCGGCCATCACCTTTTTGACGGACGCGATCACGATCGCCAAATGCAACAAATCATGGGTGATTTATTCTCAGCGGGGATGGAAACCATCAAAAACACTTTATTATGGTCCATCTTGTTTATGCTCCACTATCCAGAAGTGATGAAATCGATTCAAGAAGAGCTCGATCAAGTGATTGGACGCAAGCGTTTACCAAAACTCGAAGATTTGTCTTATCTGCCTGTGACCGAAGCGACAATCTGCGAAGTGATGAGGGTTTCGAGCATAATTCCCATGGGCACAACGCACGCACCCACACACGATATTCACTTGAACGGCTTCAGCGTACCTCACTACGCTCAGGTGGTGCCTCTTTTGCACGCAGTTCACATGGATCCAAATTTGTGGGACGAACCTGACAAATTCAACCCGTCTAGGTTTATCGATGGGGAAGGCAAAGTCAATAAGCCAGAATATTTCATACCCTTTGGTGTAGGACGGCGGATGTGTTTGGGAGAGATTTTAGCCCGAATGGAAGTGTTCCTGTTCTTCTCCACGTTACTTCACACGTTCGATCTTAGCGTGCCCGAAGGAGAAAAGTTACCTAGTTTAAAAGGCAATGCGGGCGTCACAATATTTCCAGATACGTTCAAAGTATGTGTCAAGCCAAGACCGTTAGAAGGCGAATACACATCATCGACGATACGATCAGCTGGCAGCCATTAA

>SPO\_UNIGENE19886P26\_RTSEQ\_PARTIAL\_1038BP

ATGCGCTTCCACAAGCTCTTCGGAGGAGACCGCAACAATTCACTTGCCCTCTGTGATTGGTCCTCATTGCAGAAGACACGACGAAGTATTGCTCGCATTTACTGCGCTCCAAAATTCACTTCTTTGCAGTACGACGATGTCAATAAAGTCGGTTGCGAAGCTGTCGAAGTGCTGCTTTCCGAATTGCAGAAGGAACCGATGGGACAACCGGTACAAGTAAAACCACTAATTTTGGCGGCGTGCGCAAATATGTTCACCCAGTACATGTGTTCAATAAATTTCGATTACCGAGACTTGGAGTTCCAAAAAATCGTCAGATACTTCGACGAAATATTTTGGGAAATCAATCAAGGTTACGCTGTCGATTTCCTGCCGTGGTTACTTCCGTTCTATTCGGGTCACATGAAGAAGATATCAGATTGGGCTAGCGAAATTAGGAAATTTATTTTGTCGCGGATTATTGATCAGCACAGAGCTTCTTTGGATCGTAACGTGCCGCCAAAAGATTTCACCGACGCCCTCCTGTTACACCTAGATGAAGACCCAAACCTGAATTGGCAACACATTATTTTCGAATTAGAAGATTTTCTAGGTGGGCATTCCGCCGTCGGCAATTTAGTAATGGTTACTCTCGCCGCTATAGTGAAATACCCGGAAATTGCTAAACGAATTCAAGCCGAAGTTGATTTAGTAACAGCTGGTACGAGATATCCAAATTTATTCGACAGAAGTGCCATGCCGTTTACGGAAGCTACCTTATGGGAAACTTTAAGAACGGCATCTTCACCTATTGTCCCTCATGTTGCAACGACAGACACGGAAATTGACGGCTATACCGTTAAAAAAGGCACGATGGTGTTTGTAAACAACTACGAGCTTAATGTTGGTGCCGATTATTGGAATCAACCGCACGAATTCAAACCGGAACGGTTTATTTCCGAAGACGGAACTGTAGTCAAGCCATCCCATTTCATTCCTTTCAGCACGGGAAAACGCACATGCATCGGCCAACGACTTGTTCAGTGCTTCAGCTTTGTA

>SPOT\_UNIGENE12798\_RTSEQ\_PARTIAL\_1011BP

GGACACCATTTCGATAGCAGACCCAACTTCGAACGCTACCAGCACCTATTCGGCGGCGACAAACAGAACTCTTTGGCCTTTTGCGACTGGTCGGAGAAACAGCGCGTAAGACGCGAGATGCTCAAGACGTACACGTTTCCGCGCGCAGCCTCGAACAAGTTCGCCTCACTCGAGGAGATCATCGAGATGGAGACGTCCAACATGGTGGCGCGCGTCGGCACCACCTGCATAAAAAAACTGATTCTGCACAGCTGCGCCAATATCTTCACGAACCACTTTTGCAGCAAGGATTTCGCCTTCGGCGACGAGCGTTTTGGTCGAATGATCGAAAACTTTGACGAAATCTTCTATGAAGTCAATCAGGGTTACGCCGCCGATTTTTTGCCGTTTCTTATGCCGTTGCATCAAGCTCGCTTGGAGAAGATGAGCGAGCTAGCTCACGAAATCCGTTCGTTTCTTGTGGAGAACGTTGTCGCAGGACGCTACGAAAATTATTCTGGGTACGAGCCCGCTGATTACGTCGAGAGTCTGATTAAGCACGTGAAAGACGAAGAAGGTTCGTACTTCAACTGGGAGTGCGCGTTGTTTGCTTTGGAAGACATCATAGGCGGGCACTCAGCTGTCGGAAACTTTTTAGTAAAGCTTCTCGGGTACCTGGTGCAAAACCCGCGCGTACAAGTCGAGATACAAAAAGAACTGGATGGGCTCGGTTTTAAAGCGTCGATTTCGGACCGCGCCTCGATGCCTTACACCGAAGCCACAATCCTAGAAGCTATCAGATTGATAGCGTCTCCGATCGTACCCAGAGCAGCCAACCAAGACACTTCCATCAACGGTTTCAGAATACCAAAAGGCACCCTCGTCTTCCTCAACAACTACGACTTAAGCATGTCGGAAAAACTATGGGACGAACCCGAACAATTCAAGCCTGAAAGATTTATAGTCAATAACCACATCATCAAGCCCGAGCACTTTTTACCTTTCGGCGGTGGCAGACGCAGCTGCATGGGT